Analyse und Vergleich von Muskelmodellen zum Einsatz in der Mehrkörperdynamiksimulation

Diplomarbeit

im Studiengang Informatik

angefertigt am Fachbereich Informatik

 der

Technischen Universität Darmstadt



von

Bianca Henning

Betreuer: Dipl.-Tech. Math. Maximilian Stelzer

Leitung: Prof. Dr. Oskar von Stryk

Darmstadt, März 2006

Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis									
1.	Einf	ührung							
	1.1.	Einleit	ung	1					
		1.1.1.	Kontraktion	1					
		1.1.2.	Muskelmodelle	2					
	1.2.	Grundlagen							
		1.2.1.	$Muskelarten \dots \dots$	2					
		1.2.2.	Aufbau des Skelettmuskels	4					
		1.2.3.	Muskelposition	5					
2.	Мос	lelle		7					
	2.1.	Black-	Box-Modelle	7					
	2.2.	. Konzeptionelle Modelle		8					
	2.3.	Mathematische Modelle							
		2.3.1.	Analytische Modelle	9					
		2.3.2.	Semianalytische Modelle	11					
3.	Met	ethoden							
	3.1.	Modellierung mit partiellen Differentialgleichungen							
		3.1.1.	Finite Elemente Methode	13					
		3.1.2.	Finite Differenzen Methode	15					
		3.1.3.	Finite Volumen Methode	16					
	3.2.	Modellierung mit gewöhnlichen Differentialgleichungen und differential-							
		algebra	aischen Gleichungen	17					

		3.2.1.	Mehrkörpersysteme	17		
4.	Mus	Muskelmodelle				
4.1. Beschreibung von Muskelmodellen				20		
		4.1.1.	Muskelmodell nach Hill	20		
		4.1.2.	Muskelmodell nach Huxley	22		
		4.1.3.	Physiologisch basiertes Modell	29		
		4.1.4.	Neuronales Netzwerk Muskelmodell	32		
		4.1.5.	Distribution Moment Modell	34		
		4.1.6.	FEM-basiertes Muskelmodell des Gesichts	36		
		4.1.7.	Graphische Modelle	39		
		4.1.8.	Ermüdungsmodelle	46		
	4.2.	Klassi	fizierung der Muskelmodelle	66		
		4.2.1.	Klassifizierung nach Strukturtiefe [Zah92]	67		
		4.2.2.	Klassifizierung nach Ein- und Ausgangswerten	70		
		4.2.3.	Klassifizierung nach Anwendungsart	74		
	4.3.	Bewer	tung der Modelle	77		
5.	Erge	ebnisse		87		
	5.1.	Einsat	zmöglichkeit in biomechanischen MKS-Modellen	87		
		5.1.1.	Eigenschaften des am Fachgebiet entwickelten biomechanischen			
			MKS-Modells	87		
		5.1.2.	Anwendbarkeit der vorgestellten Modelle auf das am Fachge-			
			biet entwickelte biomechanische MKS-Modell	90		
	5.2.	Implei	mentierung von Ansätzen des Dynamischen Modells nach Liu .	93		
	5.3.	Visual	lisierung der Bewegung	98		
6.	Zus	ammen	fassung und Ausblick	101		
Lit	terati	urverze	ichnis	107		
Α.	Anh	ang		109		
	A.1.	Mathe	ematische Notation	109		

Abbildungsverzeichnis

1.1.	Muskelarten (nach [BD03])	3
1.2.	Muskelstruktur (nach [wik] und [SA]) \hdots	4
2.1.	Beispiel für ein einfaches Modell [Ale03]	9
3.1.	Hüft-Endoprothese [Obe] und halbe Hüft-Endoprothese als FE-Struktur	
	[Sch99]	15
3.2.	Veranschaulichte Modellvorstellung eines Mehrkörpersystems [Sch99]	18
4.1.	Hauptkomponenten des Hill-basierten Modells	20
4.2.	Bindung der Aktin- und Myosinfilamente [SA]	23
4.3.	Spannungsverhalten bei schneller Muskelkontraktion (nach $[\rm NH98])$.	25
4.4.	Querbrückenkopf mit elastischer Feder (nach [NH98])	25
4.5.	Verhalten des Querbrückenkopfes (nach [NH98])	26
4.6.	Reaktionspfade des Huxley Modells zwischen 2 Zuständen (nach [Zah92])	28
4.7.	Physiologische Untermodelle (nach [Dor98])	30
4.8.	Schematische Darstellung einer Muskelfaser und relative Lage der T-	
	Tubuli mit Kalziumkanälen und SR (nach [SA])	31
4.9.	Beispiel für ein Neuronales Netzwerk (nach [RFA99])	33
4.10.	Datenakquisition [KGB98]	37
4.11.	Emotions-Editor mit Ergebnissen [KGB98]	38
4.12.	Konstruktion der Control Cross-Section [LJtZq03]	41
4.13.	Wirkungslinien des Muskels mit seinem Ursprung und Ansatzpunkt	
	(links: nach [Ned], rechts: nach [GKBT98])	43
4.14.	Feder-Dämpfer System mit Punktlast (nach [Wöl00])	44

4.15.	Hills Modell mit Schnensteifigkeit k_T und Pennationswinkel α [ZTS86]	49
4.16.	Mechanisches Modell zur Kraftgenerierung (nach [Vig04])	52
4.17.	Zusammenhang von Kraftentwicklung und Kalziumkonzentration bei	
	Wexlers Ermüdungsmodell des menschlichen Quadrizeps (nach $[Vig04]$)	55
4.18.	$\beta\text{-Effekt} (\text{nach} [\text{LBY02}])$	57
4.19.	γ -Effekt (nach [LBY02])	58
4.20.	\mathcal{F} -Effekt (nach [LBY02])	58
4.21.	Zusammenhänge zwischen $B, \mathcal{F}, \mathcal{R}$ und den Zuständen der motori-	
	schen Einheiten (nach [LBY02]) $\ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots$	59
4.22.	Kurven der Lösungen des Basismodells ($B, \mathcal{F}, \mathcal{R}$ konstant) (nach	
	$[LBY02]) \dots \dots$	61
4.23.	Kurve der motorischen Einheiten von Typ I $[{\rm LBY02}]$ \hdots	65
4.24.	Klassifizierung von Muskelmodellen nach Strukturtiefe (nach [Zah92])	67
4.25.	Schematische Modellierung nach Hill [RFA99]	71
4.26.	Beinstreck-Übung mit Gewicht (nach [Vig04])	76
5.1.	Modell mit 5 Muskelgruppen (nach [Hat75])	88
5.2.	Mechanisches Ersatzmodell (nach [Spa98])	89
5.3.	Szenario (nach [Bog]) mit entsprechendem mechanischen Ersatzschalt-	
	bild	94
5.4.	Ergebnisse bei Veränderung des Ermüdungsfaktors	95
5.5.	Ergebnisse bei Veränderung des Erholungsfaktors	96
5.6.	Ergebnisse bei Veränderung des Gewichts	96
5.7.	Ergebnisse bei Veränderung des Unterarmwinkels	97
5.8.	Ergebnisse bei unterschiedlicher Unterarmlänge	97
5.9.	Anfangsstellung des Arms bei einem Winkel von 20° mit Abwärtsbe-	
	wegung	100

1. Einführung

1.1. Einleitung

Im menschlichen Körper gibt es über 600 Skelettmuskeln [Bag02]. Diese machen fast die Hälfte des Körpergewichts des Menschen aus und ermöglichen die Körperhaltung und jegliche Arten von Bewegung. Die Muskeln verbinden die Knochen miteinander, indem sie von einem Knochenende über Gelenke hinweg zum nächsten Knochen laufen. Sie reagieren auf Nervenimpulse und können damit willkürlich gesteuert werden.

1.1.1. Kontraktion

Muskeln können sich zusammenziehen (Kontraktion) und dehnen (Relaxation). Man unterscheidet zwischen verschiedenen Arten der Kontraktion.

Eine Kontraktion wird hervorgerufen durch Aktionspotentiale, die vom Gehirn ausgelöst und von Nerven weitergeleitet werden.

Bei isotonischer (gleichgespannter) Kontraktion findet keine Veränderung der Spannung des Muskels statt, mit der der Körper den Widerstand überwindet, was zur Folge hat, dass sich der Muskel verkürzt [wik]. Im Gegensatz dazu wirkt der Muskel bei isometrischer Kontraktion (gleichen Maßes) gegen den Widerstand, ohne ihn zu bewegen. Isometrische Kontraktion wirkt bei statischer oder Haltearbeit, wobei die Muskellänge unverändert bleibt und somit keine äußerlich sichtbaren Bewegungen ausgeführt werden. Als isokinetische (gleichschnelle) Kontraktion wird die Kontraktion bezeichnet, bei der der Widerstand mit einer gleichbleibenden Geschwindigkeit überwunden wird.

1.1.2. Muskelmodelle

Zur Darstellung und Berechnung von Muskelkontraktionen und deren Auswirkungen werden Muskelmodelle verwendet. Zur Modellierung von Muskeln dienen die in Kapitel 3 vorgestellten Methoden. Es gibt wie in Kapitel 4 beschrieben verschiedene Arten von Muskelmodellen. Die Daten, die aus der entsprechenden Muskelmodellierung resultieren, können zur Bewegungsanalyse verwendet werden. Daraus gewonnene Informationen werden beispielsweise in biomechanischen und biomedizinischen Untersuchungen oder in der computergestützten Chirurgie genutzt. Des weiteren kann das Design biomechanischer Modelle verbessert und eine Bewertung der Modelle durchgeführt werden.

Heutzutage ist es möglich, anhand von funktioneller Elektrostimulation mit dem Einsatz von Neuroprothesen Funktionen zurückzuerlangen, die Menschen aufgrund von Krankheiten oder Unfällen verloren haben. Hierbei werden niederfrequente Reizströme mit kurzen Impulsen angelegt, welche Aktionspotentiale in den naheliegenden Nerven oder Nervenenden auslösen und eine Kontraktion des entsprechenden Muskels hervorrufen [Sze05]. Muskelmodelle dienen dazu, das Muskelverhalten von intakten Komponenten vorherzusagen und an die Prothesen weiterzuleiten, so dass die aus den angelegten Impulsen resultierende Bewegung realitätsnah simuliert werden kann.

Aufgrund des vielfältigen Einsatzgebietes ist es erforderlich, Muskelmodelle aufgrund ihrer Funktionalität und Komplexität hin zu untersuchen und zu bewerten.

1.2. Grundlagen

1.2.1. Muskelarten

Von Funktion und Aufbau her lassen sich Muskeln einteilen in Skelettmuskeln, in die glatte Muskulatur und in Herzmuskeln [wik].

Die Skelettmuskulatur wird auch als quergestreifte Muskulatur bezeichnet und ist durch willkürliche Steuerung für die Bewegungen eines Lebewesens verantwortlich. Die glatte Muskulatur hingegen wird vom vegetativen Nervensystem gesteuert. Zu ihr zählen beispielsweise die Muskulatur des Darms oder die inneren Augenmuskeln. Herzmuskeln arbeiten ständig und werden ebenso unwillkürlich gesteuert. Da sowohl die glatte Muskulatur als auch die Herzmuskeln nicht in direkter Verbindung mit der menschlichen Bewegung stehen, wird in dieser Arbeit lediglich die Skelettmuskulatur in Betracht gezogen.

Die Skelettmuskeln lassen sich anatomisch aufgrund ihrer Form differenzieren in spindelförmige, mehrköpfige, federförmige und mehrbäuchige Muskeln [Bur04], wie in Abbildung 1.1 dargestellt ist. Die unterschiedlichen Muskelformen beruhen auf den Anforderungen, die an die entsprechenden Muskeln gestellt werden.



Abbildung 1.1.: Muskelarten (nach [BD03])

Bei den spindelförmigen Muskeln handelt es sich um Bewegungsmuskeln. Sie besitzen einen Muskelbauch, der sich zu den beiden Enden hin verschmälert. Es liegt eine relativ geringe Anzahl an Muskelfasern vor, diese verlaufen parallel zur Längsachse des Muskels. Spindelförmige Muskeln sind für die Ausführung von Bewegungen zuständig. Dazu zählen auch die mehrköpfigen Muskeln, bei denen die Muskelköpfe an verschiedenen Stellen des Skeletts ansetzen (z. B. Bizeps).

Die gefiederten Muskeln hingegen sind überwiegend am Rumpf zu finden und sorgen für die Stabilisierung des Skeletts. Sie lassen sich weiterhin aufteilen in einfach und doppelt gefiedert, wobei gilt, dass eine umso größere Muskelkraft erzeugt werden kann, je stärker die Fiederung des Muskels ist. Mehrbäuchige Muskeln besitzen lediglich einen Muskelkopf und eine oder mehrere Zwischensehnen und bilden die geraden Bauchmuskeln.

Des weiteren gibt es Ringmuskeln und Hohlmuskeln, wobei Ringmuskeln beispielsweise um die Augen verlaufen und für ein zeitweises Verschliessen zuständig sind, wohingegen sich ein Hohlmuskel in der Speiseröhre oder im Herzen befindet.

1.2.2. Aufbau des Skelettmuskels

Der Skelettmuskel besteht wie in Abbildung 1.2 zu sehen aus Muskelfaserbündeln und Sehnen, wobei sich die Sehnen an den Enden der Muskeln befinden und die Knochen untereinander verbinden [CR03]. Die Muskelfaserbündel sind aus parallel angeordneten Muskelfasern (Muskelzellen) zusammengesetzt. Eine Muskelfaser wiederum besteht aus einem Bündel von längsgerichtet angeordneten Myofibrillen (zusammenziehbare Faser des Muskelgewebes), welche aus dicken und dünnen Myofilamenten gebildet werden. Die dicken Myofilamente sind die Myosinfilamente, bei den dünnen handelt es sich um Aktinfilamente. Die funktionelle Grundeinheit des Muskels stellt ein Sarkomer als eine Einheit der Myofibrille dar und ist ca. ein 2000stel mm lang.



Abbildung 1.2.: Muskelstruktur (nach [wik] und [SA])

Durch die parallele Anordnung der Myofibrillen in einer Muskelzelle ist unter dem Lichtmikroskop ein sich wiederholendes Muster von hellen und dunklen Streifen erkennbar. Aus diesem Grund werden Skelettmuskeln auch als quergestreifte Muskeln bezeichnet.

1.2.3. Muskelposition

Die Muskelposition ist durch die Position des Ursprungs und des Ansatzpunktes relativ zu den Knochen beschrieben [LJtZq03]. Der Teil der Skelett-Muskeln, welcher Gelenke umspannt und sich somit während einer Kontraktion mit bewegt, wird als Ansatzpunkt (insertion) bezeichnet. Der Teil, der an Knochen hängt und während der Kontraktion fixiert bleibt, ist der Ursprung (origin). Mit den Verbindungspunkten zwischen den Muskeln und Knochen kann die Muskelposition bestimmt werden. Als Muskelpfad bezeichnet man die Verkettung der Punktfolge vom Ursprung bis hin zum Ansatz. Ändert sich die Skeletthaltung, so erfolgt ebenso eine Änderung der Muskelposition bzw. der Verbindungspunkte des Muskels mit dem Knochen, was eine Änderung von Länge, Position und Beugung der Muskeln mit sich bringt, welche wiederum durch die Verbindungspunkte festgelegt sind. Der Muskelpfad ist aufgrund dieser Änderungen zeitabhängig [Gue97].

2. Modelle

Modelle liefern Informationen über Beziehungen zwischen Ursache und Auswirkung. Mit deren Hilfe erlangt man Verständnis der modellierten Mechanismen. Man unterscheidet zwischen direkten und inversen Modellen. Direkte Modelle liefern üblicherweise eine eindeutige Lösung, wohingegen inverse Modelle mehrere mögliche Lösungen von der Auswirkung zur Ursache bzw. zu mehreren Ursachen hin liefern. Die Eindeutigkeit der Lösung ist auch hier nicht gegeben.

Nachfolgend wird eine Unterteilung verschiedener Modellarten vorgenommen. Zunächst werden die Black-Box-Modelle beschrieben, welche lediglich Beziehungen zwischen Ein- und Ausgabewerten darlegen. Konzeptionelle Modelle hingegen stellen auf Erfahrungswerte beruhende funktionelle Zusammenhänge dar. Im Unterschied zu den konzeptionellen Modellen werden die Beziehungen in mathematischen Modellen durch lineare oder nichtlineare Gleichungssysteme, Differentialgleichungen oder einer Kombination von Differential- und algebraischen Gleichungen dargestellt.

2.1. Black-Box-Modelle

Die auch als Regressionsmodelle bezeichneten Black-Box-Modelle legen eine Beziehung zwischen Ein- und Ausgabe dar, die mit Hilfe einer Menge von mathematischen Funktionen zu bestimmen ist [NH98]. Dies geschieht in zwei Schritten. Zunächst werden mathematische Funktionen ermittelt, die die Beziehung zwischen bekannten Ein- und Ausgabepaaren beschreiben. Weiterhin sind Funktionen zur Vorhersage von Ausgabewerten für gegebene Eingabewerte zu bestimmen. Anwendung finden diese Modelle bei der Bestimmung von Mengen, die nicht oder nur schwer meßbar sind. Sie können gegebenenfalls dazu dienen, mögliche funktionale Beziehungen zwischen Ein- und Ausgabe zu beschreiben. Eine Darstellung der internen Dynamik der aktivierten Muskeln ist anhand von Black-Box-Modellen in der Muskelmodellierung nahezu nicht möglich [Dor98]. Komplexe Verhalten der menschlichen Skelettmuskulatur sind damit nicht effizient zu modellieren.

2.2. Konzeptionelle Modelle

Konzeptionelle oder konzeptuelle Modelle sind abstrakte Modelle und dienen dazu, funktionelle Zusammenhänge aufzuzeigen und Konzepte darzustellen, wobei die Realität durch Abstraktionen meist stark vereinfacht dargestellt wird [Ale03].

Sie bestehen aus Hypothesen und Prozeduren, die die Hypothesen unterstützen oder widerlegen können [NH98]. Große Konzepte können hiermit in kleine Schritte unterteilt und individuell behandelt werden. Hypothesen können allerdings nicht bewiesen, sondern lediglich widerlegt werden. Für die Übereinstimmung mit einem Konzept ist es daher erforderlich, eine große Anzahl von Hypothesen vorzuweisen, die dieses Konzept nicht widerlegen und somit unterstützen.

Ein Beispiel für ein allgemeines konzeptionelles Modell ist ein Zustandsübergangssystem [Ale03].

Da konzeptionelle Modelle keine mathematischen Auswertungen unterstützen, werden sie selten in der Biomechanik genutzt [Ale03].

2.3. Mathematische Modelle

Mathematische Modelle werden durch Gleichungssysteme beschrieben und stellen ein formalisiertes Abbild eines realen Systems dar [Ale03]. Wesentliche Parameter von natürlichen Phänomenen werden erfasst und zur Vorhersage des beobachteten Systems genutzt.

Man kann die mathematischen Modelle wie folgt in analytische und semianalytische Modelle unterteilen [NH98].

2.3.1. Analytische Modelle

Analytische oder Analysemodelle basieren auf vorhandenem Wissen und/oder mathematischen oder physikalischen Gesetzmäßigkeiten [NH98]. Sie beschreiben eine interne Darstellung des betrachteten Systems. Mit deren Hilfe werden die Zusammenhänge in einem deterministischen Modell mathematisch dargestellt. Unabhängig von der gewählten mathematischen Prozedur liefert ein Analysemodell die zu einem speziellen Problem gesuchte Lösung.

Innerhalb der analytischen Modelle wird weiterhin unterschieden zwischen einfachen und realistischeren Modellen, Optimierungsmodellen und inverser Optimierung.

2.3.1.1. Einfache Modelle

Zur Ermittlung genereller Prinzipien verwendet man einfache Modelle [Ale03]. Ein Beispiel hierfür stellt das Laufmodell in Abbildung 2.1 dar. Hierbei wird der Oberkörper stark vereinfacht durch eine Punktmasse im Hüftgelenk dargestellt. Das Modell besitzt lediglich ein Hüftgelenk und zwei Kniegelenke, Ober- sowie Unterschenkel werden als starr definiert.



Abbildung 2.1.: Beispiel für ein einfaches Modell [Ale03]

2.3.1.2. Realistischere Modelle

Durch das Hinzufügen von Feder-Dämpfer-Systemen und zusätzlichen Freiheitsgraden können einfache Modelle zu realistischeren Modellen erweitert werden. Zur Berechnung von Spannungen in den Knochen wird z. B. die Finite-Elemente-Methode verwendet, die in Kapitel 3.1.1 behandelt wird [Ale03].

Physikalische Modelle

Zu den realistischeren Modellen gehören die physikalischen Modelle. Sie stützen sich auf physikalische Gesetzmäßigkeiten und dienen der Nachbildung physikalischer Eigenschaften eines realen Körpers [CGC]. Mit deren Hilfe kann gezeigt werden, dass ein bestimmter Mechanismus tatsächlich funktioniert [Ale03]. Oftmals werden sie für die Beobachtung lebender Tiere und Pflanzen eingesetzt, vor allem dann, wenn sich diese Beobachtungen für Menschen schwierig erweisen. Oftmals ist es zweckmäßig, Modelle mit anderer Größe als in der Natur zu verwenden, was einen Abgleich der Änderungen erfordert, um die Reynolds-Zahl des Modellsystems an das natürliche System anzupassen. Die Reynolds-Zahl kommt aus der Ähnlichkeitstheorie und wird in der Strömungslehre verwendet. Sie stellt das Verhältnis von Trägheits- zu Zähigkeitskräften dar (z. B. für strömungstechnische Untersuchungen) [wik] und muss bei Original und Modell identisch sein.

Ein physikalisches Modell, welches sich zur Nachbildung des mechanischen Verhaltens deformierbarer Objekte eignet, stellt das Masse-Feder-Modell dar. Für die Darstellung des mechanischen Verhaltens hat sich die Finite Elemente Methode durchgesetzt, auf die in Kapitel 3.1.1 näher eingegangen wird.

2.3.1.3. Optimierungsmodelle

Bei der Verwendung von Optimierungsmodellen wird zunächst eine mögliche Lösung zu der gegebenen Aufgabenstellung gesucht. Diese wird anhand von mathematischen Optimierungsverfahren schrittweise verbessert, bis ein optimales Ergebnis erreicht wird. Zur Simulation der Bewegung können sowohl bestimmte Bewegungsmuster als auch das vorgegebene Bewegungsmodell optimiert werden.

2.3.1.4. Inverse Optimierung

Im Unterschied zu den zuvor beschriebenen Modellen, bei denen ein Problem gegeben und eine bestmögliche Lösung gesucht ist, geht die inverse Optimierung von einer gegebenen Struktur mit einem Bewegungsmuster und einer bestmöglichen Lösung zu einem Problem aus und stellt die Frage nach der Problemstellung [Ale03]. Betrachtet man z. B. eine Hand, die von einem Punkt zu einem anderen geführt wird, so gibt es eine große Anzahl möglicher Trajektorien und viele mögliche Geschwindigkeiten, mit denen die Bewegung ausgeführt werden kann. Mit einer gegebenen optimalen Lösung läßt sich die Aufgabenstellung bestimmen.

Die inverse Optimierung wird zur Erforschung der Belastungsverteilungen von Muskeln angewandt. Die Anzahl der Muskeln im menschlichen Körper oder im Wirbeltier ist weitaus größer als die Anzahl der Freiheitsgrade durch Gelenke, deswegen ist es unmöglich, Kräfte in individuellen Muskeln aus Beschleunigungsmessungen von Körperteilen und von auf die Umgebung ausgeübten Kräften eindeutig zu berechnen.

2.3.2. Semianalytische Modelle

Im Vergleich zu den analytischen Modellen liegt bei semianalytischen Modellen ein System vor, welches nicht mit rein mathematischen Verfahren beschrieben werden kann [NH98]. Zur Modellierung sind zusätzliche Hypothesen nötig.

3. Methoden

Eine realitätsnahe Abbildung komplexer Systeme ist anhand von Lösungsverfahren für partielle Differentialgleichungen möglich. Weiterhin kann eine Systemmodellierung als Mehrkörpersystem erfolgen, woraus gewöhnliche Differentialgleichungen und differential-algebraische Gleichungen resultieren. Hierbei wird das System in wenige große Blöcke unterteilt, die durch Gelenke oder Kraftelementen wie z. B. Federn miteinander verbunden sind. Da diese Methoden auch zur Muskelmodellierung verwendet werden, werden sie im Folgenden näher erläutert.

3.1. Modellierung mit partiellen Differentialgleichungen

Zu den Lösungsverfahren zur Modellierung mit partiellen Differentialgleichungen gehören die Finite Elemente Methode und die damit verwandten Finite Differenzen und Finite Volumen Methoden, bei denen jeweils das Gesamtsystem in Einzelteile zerlegt wird, auf die die gewünschten Berechnungen angewendet werden.

3.1.1. Finite Elemente Methode

Ein numerisches Verfahren zur näherungsweisen Lösung partieller Differentialgleichungen mit Randbedingungen stellt die Finite Elemente Methode (FEM) dar. Diese Methode dient dazu, die grundlegenden Beziehungen zwischen Kraftentwicklung und Verformungen von komplexen Strukturen darzustellen [HMS02]. Ausgegangen wird bei der FEM nicht von der Differentialgleichung selbst, sondern von einem Variationsproblem, welches eine Umformung einer Differentialgleichung darstellt [Sch]. Ein Variationsproblem bezeichnet die Aufgabe, die Funktion zu finden, durch die ein extremaler Ausdruck ermittelt wird. Beispielsweise läßt sich ein Gleichgewichtszustand darstellen als Zustand mit minimaler potentieller Energie. Bei einer Differentialgleichung hingegen werden alle in einem Punkt wirkenden Kräfte betrachtet. Herrscht ein Gleichgewichtszustand, ist die Summe aller Kräfte gleich Null.

Ein komplexes belastetes reales Element wird wie in Abbildung 3.1 beispielhaft dargestellt durch ein Modell aus endlichen Teilgebieten (finiten Elementen, FE) angenähert, wobei diesen vereinfachende Annahmen bezüglich ihres elastischen Verhaltens zugrunde liegen [HMS02]. Die Elemente werden durch ihre Knoten definiert, welche End- bzw. Eckpunkte oder eventuelle Zwischenpunkte darstellen. Verschiebungen und Drehungen der Knoten sorgen für Verformungen der Elemente und ihre inneren Kräfte. Die Elemente sind lediglich durch ihre Knoten verbunden. Deswegen müssen die inneren Kräfte, die im Kontinuumsverband auf ein Element wirken, durch statisch äquivalente Knotenkräfte ersetzt werden. Hierbei muss das Kräftegleichgewicht von inneren und äußeren Kräften gelten, was bedeutet, dass die Resultierende der Knotenkräfte eines Knotenpunktes gleich null ist oder der dort auftretenden Belastung bzw. den Auflagerreaktionen entspricht.

Nach der Auswahl der Differentialgleichungen und Randbedingungen aufgrund ihres Einflussbereichs anhand von Gewichtungsfunktionen folgt die Integration über das Lösungsgebiet, wobei das Integral durch die Summe über die einzelnen Integrale der Finiten Elemente ersetzt wird [wik]. Die Integration erfolgt meist numerisch. Da die Ansatzfunktionen innerhalb des Elements, die nur für kleine Teilbereiche aufgestellt werden, nur auf wenigen der Elemente ungleich Null sind, entsteht ein dünnbesetztes lineares Gleichungssystem, welches effizient mit iterativen Lösern zur schrittweisen Verbesserung zu lösen ist (z. B. Jacobi- und Gauss-Seidel-Verfahren) [wik].

Ursprünglich wurde die Finite Elemente Methode in den 50er Jahren zur Lösung von Festkörper-Problemen entwickelt. Des weiteren wird sie angewendet

• in Verformungs- und Spannungsberechnungen in Statik, Dynamik und Plastomechanik

- in Sickerströmungsberechnungen, Hydraulik
- in Wärmeleitung, Temperaturverteilungen
- in der Elektromagnetik, z. B. in der Elektro- oder Magnetostatik

Heutzutage arbeiten viele kommerzielle Computerprogramme nach der Methode der Finiten Elemente.



Abbildung 3.1.: Hüft-Endoprothese [Obe] und halbe Hüft-Endoprothese als FE-Struktur [Sch99]

Je genauer die Lösung sein soll, das heißt je größer die Anzahl der finiten Elemente, desto höher ist der Rechenaufwand der FEM.

3.1.2. Finite Differenzen Methode

Unter der Finite Differenzen Methode (FDM - Finite Difference Method) versteht man das einfachste numerische Verfahren zur Lösung partieller Differentialgleichungen durch Taylor-Reihen Annäherung [Hek]. Zunächst wird das Gebiet, für das die Gleichung gelten soll, durch senkrecht aufeinander stehende Linien in eine endliche (finite) Zahl von Gitterzellen zerlegt [wik]. Durch Differenzen werden die Ableitungen an den Gitterzellen approximiert, was zu einer Umformulierung der partiellen Differentialgleichungen in ein System von Differenzen-Gleichungen führt. Diese werden mittels verschiedener Algorithmen implizit oder explizit gelöst. Bei expliziten Algorithmen wird eine Zustandsgröße lediglich anhand von Werten der alten Zeitstufe berechnet, wohingegen bei impliziten Algorithmen die Zustandsgrößen der benachbarten Gitterpunkte zur neuen Zeitstufe berücksichtigt werden [FDM].

Anwendung findet die Finite Differenzen Methode bei hydrodynamischen Simulationen, z. B. in der Meteorologie und in der Astrophysik [wik]. Ein Beispiel hierfür ist räumliche Diskretisierung zur Ozeanmodellierung (z. B. MOM - Modular Ocean Model). Es werden zeitliche und örtliche Ableitungen gebildet, woraus die Wellenhöhen berechnet werden können.

Diese Methode ist weniger aufwendig als die FEM, dafür aber nicht so flexibel. Anders als bei der FEM wird hier von der partiellen Differentialgleichung (PDE -Partial Differential Equation) ausgegangen. Bei komplizierten Randbedingungen ist die FDM umständlich. Sie wird unter anderem verwendet zur Berechnung von Gasoder Flüssigkeitsströmungen.

3.1.3. Finite Volumen Methode

Die Finite Volumen Methode (FVM) ist ein numerisches Verfahren zur Lösung von Erhaltungsgleichungen [wik]. Sie wurde für die Raumfahrt entwickelt und stellt ein spezielles Finite Elemente Verfahren dar. Als Erhaltungsgleichungen bezeichnet man spezielle partielle Differentialgleichungen, denen ein Erhaltungssatz, z. B. der Energieerhaltungssatz, zugrunde liegt. Eingesetzt wird diese Methode beispielsweise in der numerischen Strömungsdynamik zur Lösung der Euler- und Navier-Stokes-Gleichungen der Gasdynamik. Im Folgenden wird das Vorgehen der Finite Volumen Methode beschrieben.

Zunächst wird das Gebiet, auf dem die Gleichung untersucht werden soll, in eine endliche Zahl an Gitterzellen (Volumen) zerlegt, wobei in jeder Zelle der Erhaltungssatz gilt. Eine erhaltene Größe wird verändert, indem ein Ab- oder Hinzufließen (z. B. von Energie) über den Rand der Zelle erfolgt. Diese Flüße werden anhand von Approximationen berechnet, was zu einem Gleichungssystem führt, welches die Veränderung mit der Zeit beschreibt.

Vorteile dieser Methode sind die Flexibilität der Gittergeometrie sowie das Zulassen von unstetigen Lösungen, wie sie z. B. in der Gasdynamik aufgrund von kompressiblen Strömungen vorkommen [Hek].

3.2. Modellierung mit gewöhnlichen Differentialgleichungen und differential-algebraischen Gleichungen

Anhand von Mehrkörpersystemen wird eine Modellierung mit gewöhnlichen Differentialgleichungen und differential-algebraischen Gleichungen ermöglicht.

3.2.1. Mehrkörpersysteme

Ein Mehrkörpersystem (MKS) besteht aus einer Menge endlich vieler Körper [Ger04]. Untereinander sind diese Körper auf physikalische und/oder geometrische Art miteinander gekoppelt. Eine geometrische Kopplung wird dabei durch Zwangsbedingungen beschrieben und erfolgt durch träge Körper, Punktmassen oder trägheitslose Körper, wohingegen die physikalische Kopplung durch ein bekanntes Kraftgesetz wie die Feder-, Dämpfer- oder Gewichtskraft erreicht wird.

Mehrkörpersysteme werden zur Modellierung von dynamischen Problemen verwendet, die bei Systemen auftreten, in denen die Verformbarkeit in Verbindungen zwischen den starren oder nahezu starren Körpern konzentriert ist und nicht gleichmäßig im ganzen System auftritt [Sch99]. Von Interesse sind bei diesen Problemen die Bewegung und die daraus resultierende Belastung.

Mehrkörpersysteme bestehen wie in Abbildung 3.2 ersichtlich aus verschiedenen Elementen:



Abbildung 3.2.: Veranschaulichte Modellvorstellung eines Mehrkörpersystems [Sch99]

• Starre und flexible Körper

Die Körper repräsentieren die Trägheit des Systems gegenüber Bewegungen, indem sie die Massen darstellen, die zur Analyse des Systems nötig sind.

• Kraftelemente

Sie dienen der Modellierung eingeprägter Kräfte und Momente.

• Gelenke

Gelenke repräsentieren Antriebsbewegungen oder schränken die Freiheitsgrade ein und gelten als unverformbar und masselos. Die Bindungen der relativen Bewegungen der Befestigungspunkte an den Körpern werden erfasst, somit die Zwangskräfte und -Momente.

• Umgebung

Mit der Umgebung ist es möglich, eine Globalbewegung des Systems zu modellieren. Sie kann entweder als ein Körper oder ein fiktives Koordinatensystem betrachtet werden.

Als Mehrkörpersystem modelliert werden beispielsweise Raumfahrzeuge, Flugzeuge, Eisenbahnen, Autos, Roboter und vieles mehr.

4. Muskelmodelle

Muskelmodelle sind mechanische Modelle und dienen dazu, Muskelfunktionen zu verstehen und Muskelverhalten vorherzusagen [Zah92]. Mit ihrer Hilfe können freie optimale Bewegungen bestimmt und Belastungen und Beanspruchungen von Extremitäten beurteilt werden. Belastungen entstehen durch äußere Kräfte, die auf einen Körper oder ein Bauteil wirken, wohingegen eine Beanspruchung die aus einer äußeren Belastung resultierende innere Auswirkung ist.

Auch das menschliche Gesicht besitzt zahlreiche Muskeln, daher dürfen auch die Generierung und Darstellung verschiedener Gesichtsausdrücke nicht außer Acht gelassen werden.

Wünschenswerte Charakteristika von Muskelmodellen sind Glaubwürdigkeit und Lenkbarkeit. Ein glaubwürdiges Modell macht Vorhersagen, die glaubwürdige Tatsachen des Systems präsentieren, welches das Modell darstellen soll. Die Lenkbarkeit eines Modells sagt aus, wie leicht sich das Modell mathematisch manipulieren und interpretieren lässt.

Die Haupttendenzen in der Muskelmodellierung gehen zu den Hill-typischen makroskopischen und Huxley-typischen mikroskopischen Cross-Bridge Modellen, auf welche neben anderen in der Literaturrecherche gefundenen und untersuchten Modellen in diesem Kapitel eingegangen wird.

4.1. Beschreibung von Muskelmodellen

4.1.1. Muskelmodell nach Hill

Eines der grundlegenden Modelle zur Muskelmodellierung stellt das Muskelmodell von A. V. Hill aus dem Jahre 1938 dar [RFA99]. Da dessen Implementierung sehr einfach ist, ist es weit verbreitet, obwohl ihm deutliche Grenzen gesetzt sind.

Hauptkomponenten

Das Modell beinhaltet drei Arten von Elementen, ein kontraktiles Element (contractile element, CE), ein serielles Element (series element, SE) und ein paralleles Element (parallel element, PE), wobei CE und SE meist seriell hintereinander geschaltet sind, wie in Abbildung 4.1 a) dargestellt. Abbildung 4.1 b) zeigt eine weitere klassische Struktur des Muskelmodells nach Hill.



Abbildung 4.1.: Hauptkomponenten des Hill-basierten Modells

Hierbei repräsentieren die SE- und PE-Komponenten die passiven weichen Bindegewebe einschließlich der Sehnen und nicht aktiven Muskelfasern, die CE-Komponenten stellen die aktiven Muskelfasern dar.

Die Kraft-Längen-Beziehungen der passiven Elemente lassen sich wie folgt darstellen:

$$F_{SE} = \frac{F_{SE_{max}}}{e^{SE_{sh}} - 1} (e^{SE_{sh}\Delta L_{SE}/\Delta L_{SE_{max}}} - 1)$$
(4.1)

$$F_{PE} = \frac{F_{PE_{max}}}{e^{PE_{sh}} - 1} (e^{PE_{sh}\Delta L_{PE}/\Delta L_{PE_{max}}} - 1)$$
(4.2)

 F_{SE} und F_{PE} stellen die an den SE- und PE-Komponenten anliegenden Kräfte dar, $F_{SE_{max}}$ und $F_{PE_{max}}$ entsprechend die maximalen SE-/PE-Kräfte. Als ΔL_{SE} und ΔL_{PE} wird die Längenänderung bezeichnet. SE_{sh} und PE_{sh} sind Funktions-Parameter der Muskelgestalt (shape).

Kraft-Längen- und Kraft-Geschwindigkeits-Beziehung

Da die aktiven *CE*-Komponenten für die Kraftgenerierung verantwortlich sind, werden diese durch zwei Eigenschaften repräsentiert, und zwar durch die Kraft-Längen-Beziehung und durch die Kraft-Geschwindigkeits-Beziehung. Diese Beziehungen stellen zusätzliche Hypothesen dar, aufgrund derer das Hillsche Muskelmodell zu den semianalytischen Modellen gezählt wird.

Die Kraft-Längen-Funktion sieht wie folgt aus:

$$f_{FL} = e^{-0.5 \left((L_{CE}/L_0 - 1.05)/0.19 \right)^2}$$
(4.3)

 L_0 bezeichnet die Ruhelänge der kontraktilen Einheit, L_{CE} die Länge des CE.

Die Kraft-Geschwindigkeits-Funktion lässt sich darstellen als:

$$f_{FV} = \frac{0,1433}{0,1074 + e^{-1,409 \sinh(3,2 V_{CE}/V_{max} + 1,6)}}$$
(4.4)

wobei für die maximale erreichbare Geschwindigkeit V_{max} gilt:

$$V_{max} = 0,5 \ (U+1) \ V_0$$

 V_{CE} steht für die Geschwindigkeit der Verkürzung bzw. Verlängerung der CE, die maximale Geschwindigkeit bei einer gegebenen Aktivierung U wird als V_0 angegeben. U repräsentiert den Aktivierungsgrad der CE-Komponenten.

Die zahlenmäßig angegebenen Konstanten sowohl in der Kraft-Längen- als auch in der Kraft-Geschwindigkeits-Funktion sind für alle Muskeln gleich.

Hierbei handelt es sich um eine generalisierte Form der Kraft-Geschwindigkeits-Charakteristik. Wohingegen Hills klassische hyperbolische Formulierung lediglich in der muskelverkürzenden Phase gültig ist, verliert diese auch in der verlängernden Phase nicht an Gültigkeit.

Generierte Kraft

Die totale vom CE generierte Kraft F_{CE} lässt sich anhand folgender Formel berechnen:

$$F_{CE} = f_{FV}(V_{CE}) \cdot f_{FL}(L_{CE}) \cdot F_{max} \cdot U \tag{4.5}$$

 F_{max} bezeichnet die maximale Kraft im CE.

Aufgrund der seriellen Schaltung von CE und SE gilt, dass die Kraft im CE mit der Kraft im SE identisch ist, also:

$$F_{CE-SE} = F_{CE} = F_{SE}$$

Die totale Muskelkraft F_m ist die Summe der Kraft im CE und derer im PE:

$$F_m = F_{CE-SE} + F_{PE}$$

Das totale Moment M_{net} berechnet sich schließlich aus der Summe aller einzelnen Muskelmomente, also:

$$M_{net} = \sum_{i=1}^{n} M_{m_i} \tag{4.6}$$

Das Hillsche Muskelmodell liefert somit eine vereinfachte Repräsentation der skelettalen Muskeln aus makroskopischer Sicht.

4.1.2. Muskelmodell nach Huxley

Im Muskelmodell nach Huxley werden die zugrundeliegenden biophysikalischen Prozesse mathematisch auf mikroskopischer Sarkomerebene beschrieben, weswegen es auch als molekulares Modell bezeichnet wird [Spa98]. Es wird eine präzise Beschreibung der physiologischen Vorgänge während einer muskulären Aktion geliefert.

Cross-Bridge Theorie

Die Grundlage des Modells bildet die sogenannte Gleitfilamenttheorie oder Cross-Bridge Theorie, die 1957 von Andrew F. Huxley aufgestellt und 1971 überarbeitet wurde [NH98]. Zuvor herrschte die Annahme, dass die Kürzung und Kraftproduktion aus einer Art Falten oder Rollen der Myofilamente resultiere. In seiner Theorie erklärt Huxley, dass die Kraftproduktion während einer muskulären Anspannung erfolgt, wobei die Muskelverkürzung wahrscheinlich durch ein Gleiten der dünnen Aktin- über die dicken Myosin-Filamente verursacht wird.

Myosin und Aktin sind Proteinmoleküle. Das Myosin besitzt Myosinköpfe, welche über elastische Federn an das Myosinfilament gebunden sind. Die Köpfe können mit den Aktinfilamenten eine Verbindung eingehen, was als Querbrückenbindung bezeichnet wird. Dies geschieht durch Freisetzung von Kalziumionen, welche sich mit Troponin verbinden. Somit ist den Myosinfilamenten die Möglichkeit gegeben, mit den Aktinfilamenten Querbrücken zu bilden und eine Kontraktion durchzuführen [SA]. Myosinfilamente bestehen aus ca. 150 bis 350 parallel angeordneten Myosinmolekülen. Aktinfilamente ergeben sich aus ca. 400 Aktinmolekülen, welche in zwei verdrillten Ketten hintereinander gelegen sind [Wen] [Sch99].

Myosin- und Aktinfilamente bilden in der Skelettmuskulatur regelmäßig angeordnete Sarkomere, wie in Abbildung 4.2 dargestellt.



Abbildung 4.2.: Bindung der Aktin- und Myosinfilamente [SA]

Ein Sarkomer ist eine funktionale Einheit der Muskelzelle. Jedes Sarkomer besitzt ca. 1000 Myosinfilamente an einer mittleren M-Scheibe (M-Line), im Bereich derer die Myosinfilamente miteinander verknüpft sind, und ca. 2000 Aktinfilamente an den am Rande gelegenen Z-Streifen (Z-Disk), welche die Verbindung der Aktinfilamente miteinander herstellen. Der mittlere Teil des Sarkomers, in dem im Ruhezustand keine Aktinfilamente liegen, wird als H-Band bezeichnet. Der Myosinanteil ist als anisotropes Band (A-Band) dargestellt, wohingegen der nur Aktinfilamente enthaltene Anteil an Z-Streifen das isotrope oder zumindest schwach isotrope Band (I-Band) bilden. Die Begriffe isotrop und anisotrop kommen aus der Optik, wobei ein anisotropes Band doppelbrechend ist, was bedeutet, dass ein Lichstrahl in zwei Teilstrahlen aufgeteilt wird, wohingegen das isotrope Band als nicht doppelbrechend bezeichnet wird. Bei der Betrachtung durch das Lichtmikroskop erscheint deswegen der Bereich, in dem nur Aktin vorkommt, heller als der Bereich der M-Scheibe. Die Überlappung von Aktin und Myosin ist als dunkler Streifen zu erkennen. Aus diesem Grund wird die Skelettmuskulatur auch als quergestreifte Muskulatur bezeichnet.

Bei der Querbrückenbindung wird durch Phosphatabspaltung Energie freigesetzt. Diese chemische Energie wird in mechanische Energie umgewandelt, was das Zusammenziehen der Filamente und damit die Muskelkontraktion zur Folge hat.

Unterschiede der Cross-Bridge Theorien von 1957 und 1971

In Huxley's Theorie von 1957 wird davon ausgegangen, dass die Querbrücken lediglich zwei Zustände einnehmen können, entweder den verbundenen oder den losgelösten Zustand.

Mit ihren Funktionen sagt diese Theorie zu große Kräfte für zunehmende Dehnungsgeschwindigkeiten vorher, auch die von ihr ermittelte Wärmeentwicklung eines gedehnten Muskels ist nicht korrekt.

Eine weitere Eigenschaft, die nicht korrekt wiedergegeben wird, ist der Kraftübergang. Wird ein Muskel schnell verkürzt, fällt die Kraft fast simultan mit der Längenänderung und wird daraufhin schnell wiedererlangt, bevor sie später wieder abfällt (Abbildung 4.3).

Die Bindungsverteilungsfunktion der Querbrückenbindung ist zu langsam, um diese schnelle Kraft-Wiedererlangung nach einer abrupten Muskelverkürzung zu erklären. Um diese Probleme zu lösen, wurde die Cross-Bridge Theorie im Jahre 1971 von



Abbildung 4.3.: Spannungsverhalten bei schneller Muskelkontraktion (nach [NH98])

Huxley und Simmons um ein Konzept erweitert, das der Querbrücke erlaubt, unterschiedliche Verbindungszustände einzunehmen, statt nur verbunden oder losgelöst zu sein (Abbildung 4.4). Innerhalb jeder Querbrücke wird ein ungedämpftes elastisches Element vermutet, das der Querbrücke ermöglicht, von einem stabilen Verbindungszustand in den nächsten zu gelangen, ohne eine entsprechende relative Verschiebung der dicken und dünnen Filamente durchzuführen.



Abbildung 4.4.: Querbrückenkopf mit elastischer Feder (nach [NH98])

Wird ein Muskel schnell entspannt, so gibt es keine Rotation des Querbrückenkopfes, weswegen die Spannung entsprechend der Verkürzung des ungedämpften elastischen Elementes fällt (Abb. 4.5 (1) und (2)). Nach dieser Längenänderung des Muskels wird durch eine Rotation des Querbrückenkopfes von einer Position mit hoher Potentialenergie (Abb. 4.5 (2)) zu einer Position mit geringer Potentialenergie (Abb. 4.5 (3)) die elastische Verbindung in der Querbrücke gedehnt und somit die Spannung erhöht.



Abbildung 4.5.: Verhalten des Querbrückenkopfes (nach [NH98])

Die Cross-Bridge Theorie erklärt nicht alle zu beobachtenden Phänomene, einige grundlegende Phänomene werden vernachlässigt, so z. B. die auf längere Zeit anhaltende von der Vorgeschichte beeinträchtigte Kraftgenerierung der Muskeln bei Dehnung oder Verkürzung, die als stretch potentiation bezeichnet wird und sich z. B. mit dem Einsatz von Ermüdung beschäftigt.

Bindungsverteilungsfunktion

Die Bindungsverteilungsfunktion wird durch n(x,t) angegeben, womit der Anteil der gebildeten Aktin-Myosin-Querbrücken zum Zeitpunkt t und bei Bindungslänge x berechnet wird [Spa98].

Unter den Annahmen, dass die Querbrücken voneinander unabhängig sind, dass außerdem die einzelnen Myofilamente starr sind, eine konstante Anzahl von aktiven Querbrücken innerhalb der kontraktilen Strukturen existiert und die chemische Kinetik der Sarkomerenaktion durch eine Gleichung erster Ordnung beschreibbar ist, kann die Bindungsverteilungsfunktion berechnet werden aus:

$$\frac{\delta n(x,t)}{\delta t} - v(t) \frac{\delta n(x,t)}{\delta x} = f(x) - [f(x) + g(x)] n(x,t)$$
(4.7)

wobei v(t) die Aktionsgeschwindigkeit des Halbsarkomers beschreibt. Bei Muskelverkürzung liegt ein positiver Wert vor. f(x) ist als Funktion der Bindungslänge stückweise linear und gibt ortsabhängige Frequenzen an, mit denen sich die Myosinköpfe innerhalb des Sarkomers an das Aktin haften. h stellt einen Parameter zur Skalierung dar, der die Reichweite der Verbundlängen misst, die einer signifikanten Wahrscheinlichkeit zur Bindung unterliegen. Die normalisierte Verbundlänge x/h wird als ξ bezeichnet.

$$f(x) = \begin{cases} 0, & -\infty < x < 0, \\ f_1(\xi), & 0 < x < h, \\ 0, & h < x < \infty \end{cases}$$
(4.8)

g(x) hingegen ist die Funktion der Bindungslänge, ebenso stückweise linear, welche die ortsabhängigen Frequenzen angibt, mit denen sich die Myosinköpfe innerhalb des Sarkomers vom Aktin lösen.

$$g(x) = \begin{cases} g_2, & -\infty < x < 0, \\ g_1(\xi), & 0 < x < h, \\ g_1(\xi) + g_3(\xi - 1), & h < x < \infty \end{cases}$$
(4.9)

Wird die Bindungsverteilungsfunktion einmal bestimmt, können makroskopisch interessante Werte wie Kraft, Steifigkeit und chemisch freigesetzte Energie als Integrale berechnet werden, die n beinhalten [Zah92]. Dazu muss die Annahme getroffen werden, dass ein ganzer Muskel oder zumindest eine Muskelfaser einem Zusammenschluss identischer Sarkomere entspricht, was ausnahmslos in allen Anwendungen der Querbrücken-Theorie der Fall ist. Wird weiterhin von einer konstanten Steifigkeit der Querbrücken ausgegangen, kann für das Huxley-Modell mit zwei Zuständen gezeigt werden, dass die Muskelsteifigkeit K, die Muskelkraft P und die in den Querbrücken gespeicherte elastische Energie U_c proportional zu den drei Momenten von n sind:

$$K \sim Q_0 \text{ und } P \sim Q_1 \text{ und } U_c \sim Q_2 \tag{4.10}$$

Diese Momente sind definiert als

$$Q_{\lambda} = \int \xi^{\lambda} n(\xi, t) d\xi \tag{4.11}$$

mit $\lambda = 0, 1, 2,$

Die Anzahl der biochemischen Verbindungszustände, die eine Querbrücke einnehmen kann, wird als N bezeichnet [Zah92]. p_i ist die Wahrscheinlichkeit, mit der sich eine Querbrücke in dem Zustand i befindet, dann gilt für die Zustandswahrscheinlichkeiten des gekoppelten Systems der Verbundraten:

$$\left(\frac{\delta p_i}{\delta t}\right)_x - v(t) \left(\frac{\delta p_i}{\delta x}\right)_t = \sum_{j=1, j \neq i}^N f_{ij}(x) \ f \ddot{u}r \ i = 1, 2, ..., N - 1$$
(4.12)

mit der Bedingung

$$\sum_{i=1}^{N} p_i = 1$$

Um eine Kontraktion in stabilem Zustand zu halten, muss ein geschlossener Zyklus existieren, der sowohl verbundene als auch gelöste Zustände erfasst und in einem bestimmten Zustand beginnt und endet.



Abbildung 4.6.: Reaktionspfade des Huxley Modells zwischen 2 Zuständen (nach [Zah92])

f und f' in Abbildung 4.6 bezeichnen die vorwärts und rückwärts abbildende Bindungsfunktion eines Pfades, g und g' die eines anderen Pfades. Von dem verbundenen zum gelösten Zustand aus muss Phosphat von der energiereichen Adenosintriphosphatverbindung abgespaltet werden, so dass sich das Adenosintriphosphat in Adenosindiphosphat und Phosphat aufteilt.

Gilt $n = p_1$, reduziert sich Gleichung 4.12 auf

$$\left(\frac{\delta n}{\delta t}\right)_x - v(t) \left(\frac{\delta n}{\delta x}\right)_t = \left[f(x) + g'(x)\right] \left[1 - n(x,t)\right] - \left[f'(x) + g(x)\right] n(x,t) \quad (4.13)$$

Diese entspricht der Bindungsverteilungsfunktion 4.7, indem man f + g' durch fund f' + g durch g ersetzt.

Cauchy-Spannung

Die Cauchy-Spannung gibt die Summe aller Querbrückenkräfte an, die im Halbsarkomer an den Aktinfilamenten angreifen [Spa98]. Sie wirkt bei normiertem Aktivzustand a auf der effektiven Querschnittsfläche A_{eff} des Muskels und berechnet sich wie folgt:

$$\sigma^{MOL}(t) = \frac{a \ n_c \ l_s \ k_c}{2 \ l_a} \ \int_{-\infty}^{\infty} n(x, t) \ x \ dx$$
(4.14)

wobei n_c die Anzahl der Querbrücken im Einheitsvolumen angibt und k_c die Federkonstante ist. Als l_s bezeichnet man die Sarkomerlänge, und als l_a den Abstand zweier aufeinanderfolgender Aktinbindungsplätze.

Die Kraft des molekularen Muskelmodells ist gegeben durch:

$$F^{MOL}(t) = \sigma^{MOL}(t) \ A_{eff} = \frac{a \ n_c \ l_s \ k_c \ A_{eff}}{2 \ l_a} \ \int_{-\infty}^{\infty} n(x,t) \ x \ dx$$
(4.15)

Die Verbindung mechanischer, chemischer und struktureller Eigenschaften des Muskels wird auf mikroskopischer Ebene dargestellt. Das kontraktile Verhalten bei Längenänderung wird beschrieben.

4.1.3. Physiologisch basiertes Modell

Das von [Dor98] vorgestellte Physiologisch basierte Modell des Muskels und des Skelettsystems stellt die interne Dynamik der aktivierten Muskeln dar.

Dieses Modell enthält 5 Untermodelle, jeweils eines für jedes physiologische System, welches für die Initiierung, Generierung und Erhaltung der Muskelkraft verantwortlich ist. Zu den Untermodellen gehören ein Nervenmodell, ein transversales Tubulus-Depolarisations-Modell, je ein Dynamikmodell für Freisetzung und Ansammlung von Kalziumionen und ein Kontraktions-Dynamikmodell. Die Anordnung dieser Modelle, deren Funktionen im Folgenden beschrieben werden, ist in Abbildung 4.7 dargestellt.



Abbildung 4.7.: Physiologische Untermodelle (nach [Dor98])

4.1.3.1. Nervenmodell

Das Nervenmodell von [HH52] wird verwendet, welches die essentiellen Eigenschaften von elektrisch aktivierten Nerven widerspiegelt, so die Stärke und Dauer sowie die Refraktärzeit. Als Refraktärzeit versteht man die kurze Zeit nach dem Abklingen des Aktionspotentials, in der das Axon nicht mehr erregbar ist. Aufgrund der kleinen und schwankenden Taktfrequenzintervalle ist ein durchdachtes Nervenmodell nötig, da ein einfacheres Modell lediglich einen reduzierten Einblick bietet.

Eine Kontraktion wird vom Zentralen Nervensystem (ZNS) über Nervenimpulse veranlaßt, welche über Axone zur Muskulatur weitergeleitet werden [Fle97]. Ist eine Reizschwelle überschritten, werden Aktionspotentiale ausgelöst ($\alpha_n(t)$) und an das transversale Tubulus-Depolarisations-Modell weitergeleitet. Das Auslösen der Aktionspotentiale wird als Feuern bezeichnet.

4.1.3.2. Transversales Tubulus-Depolarisations-Modell

Wie in Abbildung 4.8 ersichtlich, gelangen die Aktionspotentiale über die transversalen Tubuli (T-Tubuli) bis in das Zentrum der Muskelfaser. In den T-Tubuli werden Kalziumkanäle aktiviert, die einen Kalziumeinstrom vom Sarkoplasmatischen Retikulum (SR) in die Zelle veranlassen ($\nu_n(t)$), was zur Depolarisation der T-Tubuli
führt. Das SR stellt die größte Quelle sowie Senke von Kalziumionen (Ca^{2+} -Ionen) dar und dient damit der Regulierung der Muskelkontraktion.



Abbildung 4.8.: Schematische Darstellung einer Muskelfaser und relative Lage der T-Tubuli mit Kalziumkanälen und SR (nach [SA])

Solch eine Modellstruktur wird in physiologisch basierten Modellen des skelettalen Muskels verwendet, um die wesentlichen Dynamiken des T-Tubulus-Untersystems als Antwort auf die Nerven-Aktionspotentiale zu beschreiben [Dor98].

4.1.3.3. Dynamikmodell für Freigabe von Kalziumionen

In Muskelmodellen werden die Kalziumionen häufig vernachlässigt, jedoch gelten sie als der einzige Faktor, der den kontraktilen Prozess in den Muskeln beschreibt. Die Freisetzung der Kalziumionen aufgrund eines elektrischen Impulses führt dazu, dass diese Ionen zwischen den Aktin- und Myosinfilamenten der Muskelfasern diffundieren und damit eine Kontraktion hervorrufen, indem sie sich an Troponin binden und damit eine Bindung der Querbrücken ermöglichen.

4.1.3.4. Dynamikmodell für Ansammlung von Kalziumionen

Sobald keine weiteren Impulse an der Muskelfaser eintreffen, wird die Kontraktion beendet, indem die Kalziumionen aktiv in das SR zurückgepumpt werden. Dies führt zu einer Ansammlung von Kalziumionen im SR, die Konzentration der freigesetzten und angesammelten Kalziumionen ($\dot{\gamma}_f$ und $\dot{\gamma}_a$) wird durch das entsprechende Dynamikmodell berechnet und weitergegeben.

4.1.3.5. Kontraktions-Dynamikmodell

Die Kraft, die sich in den Muskelfasern entwickelt, ist eine nicht-lineare Funktion, die abhängt von Stimulationsfrequenz, Faserlänge und Fasergeschwindigkeit.

Um die Muskelkraft als Funktion von Faserlänge und Fasergeschwindigkeit zu modellieren, wird eine Phasen-Raum-Oberfläche der verschiedenen Zustände konstruiert. Die Abhängigkeit von der Stimulationsfrequenz ist gegeben, indem man diese Oberfläche durch die Konzentration der Kalziuminonen in einer dynamischen und nichtlinearen Art skaliert. Damit erhält man ein Modell, in dem die Stimulationsfrequenz die generierte Kraft über Variationen in den zugrunde liegenden Ca^{2+} -Dynamiken herbeiführt.

4.1.4. Neuronales Netzwerk Muskelmodell

Im Gegensatz zum semianalytischen Hill-basierten Muskelmodell, handelt es sich beim im Jahre 1999 vorgestellten Neuronalen Netzwerk Muskelmodell um ein rein mathematisches Modell, das eine Eingabefolge auf eine Ausgabefolge abbildet, ohne die System-Funktionalität zu beschreiben [RFA99]. Als Grundlage wird dem Netzwerk eine Menge von typischen Eingaben mit den dazu in Beziehung stehenden Ausgaben des Systems präsentiert. Nach einer Lern- oder Trainingsphase kann das Neuronale Netzwerk (NN) eine approximierte Ausgabe zu einer gegebenen willkürlichen Eingabefolge voraussagen und kann somit als Black-Box-Modell eingestuft werden.

Architektur

Eine typische Netzwerk-Architektur zur Annäherung der Funktion ist das mehrschichtige weiterleitende NN. Dieses besteht aus einer Eingabeschicht, einer Ausgabeschicht und einer oder mehreren versteckten Zwischenschichten. Die Größe der Ein- und Ausgabe ist bestimmt durch die Anzahl der anliegenden Signale. Die Leistung des Systems, mit der die Abbildung von Ein- und Ausgabe erfolgt, ist durch die Anzahl der Neuronen in den Mittelschichten festgelegt.

Die in Abbildung 4.9 dargestellte NN-Architektur besteht aus einer versteckten Schicht mit 7 Neuronen in der Eingabeschicht (I_1 bis I_7) und dem totalen Moment



O als Einheit der Ausgabeschicht, das durch eine Belastung auf das entsprechende Gelenk ausgeübt wird.

Abbildung 4.9.: Beispiel für ein Neuronales Netzwerk (nach [RFA99])

Das Ziel des Netzwerkes ist die Berechnung des Ausgabevektors $\{O\}$ basierend auf dem Eingabevektor $\{I\}$. Das detaillierte Vorgehen ist in [RFA99] beschrieben.

Mittels einer Transferfunktion wird der Ausgabevektor $\{H\}$ der versteckten Schicht in Abhängigkeit von dem Eingabevektor und der Gewichtungsmatrix der versteckten Schicht unter Berücksichtigung eines Fehlervektors der Mittelschicht bestimmt. Aus dem Ausgabevektor mit seiner Gewichtungsmatrix und einem weiteren Fehlervektor der Ausgabeschicht läßt sich die Ausgabeschicht $\{O\}$ ermitteln.

Das Netzwerk wird dargestellt durch eine Menge von Ein- und Ausgabe-Paaren (I, O), welche man als Trainingsmenge bezeichnet. Für gegebene Gewichtungsmatizen und Fehlervektoren der versteckten und der Ausgabeschicht kann das Netzwerk die Annäherung \tilde{O} der Ausgabe berechnen und diese mit der gemessenen Ausgabe O vergleichen.

Für alle $({I}, {O})$ -Paare wird der quadratische Fehler (Sum Squared Error - SSE) folgendermassen berechnet:

 $SSE = \Sigma_i (O_i - \tilde{O}_i)^2$

wobei *i* über alle $({I}, {O})$ -Paare geht.

Somit zeigt SSE die Performanz des NN für aktuelle Werte der Gewichtungs- und Fehlermatrizen an.

Ein Rückwärtspropagierungs-Algorithmus modifiziert die Matrizen, um *SSE* zu minimieren. Das geschieht, indem zunächst Werte in das Netz eingespeist werden, deren Ausgabewert bekannt ist, z. B. durch Messungen. Diese Eingabewerte werden vorwärts durch das Netz propagiert. Die durch das Netzwerk berechnete Ausgabe wird mit der tatsächlichen und somit gewünschten Ausgabe verglichen und der *SSE* als Differenz berechnet. Dieser Fehler wird durch das Netz zurück propagiert und damit im Netz verteilt. Unter Berücksichtigung des Fehlerwertes werden die Gewichtungen der Neuronen derart verändert, dass der Fehler annähernd minimiert wird. Alternierende Gewichtungen werden vermieden.

Ist entweder der minimale Wert von SSE kleiner als ein Zielwert oder eine bestimmte begrenzte Anzahl an Trainingsdurchläufen erreicht, so wird der Lernprozess gestoppt. Wurde der Zielwert nicht erreicht, so muss entweder die Anzahl der Trainingsdurchläufe hochgesetzt oder die Netzwerkarchitektur modifiziert werden, indem eine versteckte Schicht hinzugefügt und/oder die Anzahl der Neuronen in den Mittelschichten abgeändert wird. Dabei ist zu berücksichtigen, dass die Anzahl der Neuronen in der versteckten Schicht die Leistung des NN bestimmt. Eine große Anzahl erhöht damit die Möglichkeit, I/O-Wege (gates) abzubilden, wohingegen eine reduzierte Anzahl dazu führt, dass sowohl die Zeit für die Durchführung der Lernphase als auch die Anzahl an Fließkomma-Operationen abnimmt, die zur Berechnung von $\{O\}$ benötigt werden. Die Wahl der Neuronenanzahl bestimmt somit die Leistung des Systems und ist für Echtzeit-Anwendungen von entscheidender Bedeutung.

4.1.5. Distribution Moment Modell

Ein Distribution Moment (DM) ist ein Streckenmoment [Bau]. Dieses greift im Gegensatz zum Einzelmoment, welches punktförmig an einer Stelle des Systems wirkt, stetig verteilt an.

Das Ziel des Distribution Moment Modells ist, eine mathematische Prozedur zu erlangen, um direkt Annäherungen an die gewünschten meßbaren Momente zu erhalten, ohne zunächst partielle Differentialgleichungen der kinetischen Theorien lösen zu müssen [Zah81]. Dies führt zu einer Verringerung der mathematischen Komplexität, wobei dennoch das realistische Verhalten und die molekularen Phänomene berücksichtigt werden.

Mit diesem Modell wird die kontraktile Eigenschaft des Muskelgewebes durch ein Cross-Bridge Modell nach Huxley mit zwei Zuständen beschrieben (Formeln 4.7 und 4.13), grundsätzlich ist es aber auf Cross-Bridge Modelle mit mehreren Zuständen übertragbar. Mit der DM-Approximation werden diese partiellen Differentialgleichungen, die die zeitliche Entwicklung der Bindungsverteilung darstellen, durch Integration in einfache Differentialgleichungen umgewandelt, indem davon ausgegangen wird, dass die ersten drei Momente der partiellen DGL ($Q_0(t), Q_1(t)$ und $Q_2(t)$) wie in Kapitel 4.1.2 erwähnt proportional zu der Muskelkraft, Steifigkeit und der elastischen Energie sind.

Die Beziehung zwischen den Kalzium-Aktivierungsdynamiken und den Huxley-typischen Querbrücken Kontraktions-Dynamiken wurde unter zwei Gesichtspunkten untersucht [Zah92]:

• Lose Kopplung

Kalzium kann ohne Rücksicht auf den Verbundzustand zwischen Aktin und Myosin von Troponin gelöst werden.

• Feste Kopplung

Bei der festen Kopplung kann Kalzium nur dann von Troponin gelöst werden, wenn das entsprechende Myosin nicht an das Aktin gebunden ist.

Da die feste Kopplung scheinbar eine bessere Repräsentation der experimentellen Realität bietet, wird nur diese im Weiteren betrachtet. Die Gleichung 4.13 des Huxley-Modells mit zwei Zuständen wird nach getroffenen plausiblen Annahmen in Bezug auf die feste Kopplung zu

$$\frac{\partial n}{\partial t} - v(t)\frac{\partial n}{\partial x} = r(f+g')(\alpha-n) - (f'+g)n \tag{4.16}$$

wobei r der Aktivierungsfaktor ist und eine Funktion der sarkoplasmatisch freien Kalziumkonzentration darstellt. α gibt den Teil der Querbrücken an, der mit Aktin

interagieren kann, und ist somit eine Funktion der Länge des kontraktilen Gewebes. Die Verbundrate des Huxley-Modells (f + g') wird zu $r([C_a])(f + g')$, dagegen unverändert bleibt die Konzentration der nicht verbundenen Elemente (f' + g).

Von der Bindungsverteilungsfunktion n wird angenommen, sie habe die Form einer nicht normalisierten Gauß'schen Wahrscheinlichkeitsverteilung, die durch die ersten drei Momente vollständig bestimmt ist. Wendet man diese Annäherung auf Gleichung 4.16 unter der Annahme an, dass elastische Sehne und kontraktiles Gewebe seriell angeordnet sind, so erhält man ein Zustandsvariablen-Muskelmodell fünfter Ordnung, wobei außer der Zeit alle Variablen normalisiert sind. Die fünf Zustandsvariablen sind die Muskellänge, die sarkoplasmatisch freie Kalziumkonzentration, die Steifigkeit Q_0 , die Kraft Q_1 und die elastische Energie Q_2 .

In diesem Muskelmodell wirkt elektrische Stimulation auf Muskelfasern, Bewegungseinheiten oder künstlich stimulierten ganzen Muskeln ein. Durch einfaches Integrieren kann ein Verhalten des Muskels unter angemessenen Einschränkungen, z. B. isometrisch oder isotonisch, simuliert werden. Dies bietet eine gute Annäherung an das Verhalten, das durch das Huxley-Modell dargelegt wird.

4.1.6. FEM-basiertes Muskelmodell des Gesichts

Seit den 70er Jahren gibt es Versuche, Gesichtsmodelle zu entwickeln, die eine Simulation von Gesichtsausdrücken ermöglichen. Mittlerweile ist die Animation beliebiger Gesichter realisierbar. Koch, Gross und Bosshard haben im Jahre 1997 ein Muskelmodell des menschlichen Gesichtes vorgestellt, das mithilfe eines Muskel-Editors und mit Kombination von physikalischem Modell und der FEM unterschiedliche Mimiken generieren kann [KGB98], [KGB97].

Das System ist in verschiedene Arbeitsschritte unterteilt, so in die Datenakquisition, die Aufbereitung der Daten durch den Muskel-Editor, die FEM-Berechnungen und den Emotions-Editor zur Erzeugung der Emotionen.

4.1.6.1. Datenakquisition

Mittels CT- und Laser-Scans werden die Rohdaten des Gesichtes erfasst. Wie in Abbildung 4.10 dargestellt, dienen Oberflächen- und Volumendaten als Grundlage für ein physikalisch basiertes Modell des Gesichtes. Ein System von elastischen Federn dient hierbei dazu, das Gewebeverhalten zu simulieren, wobei die unterschiedlichen Elastizitätseigenschaften zu berücksichtigen sind. Also wird aus der CT die Gewebselastizität bestimmt und damit der entsprechenden Gesichtspartie die Federsteifigkeit zugewiesen. Auf interaktive Art werden die Dehnungs- und Biegesteifigkeiten der Oberflächen bestimmt, indem Parameter bzgl. der Dehnung und Beugung gesetzt werden.



Abbildung 4.10.: Datenakquisition [KGB98]

4.1.6.2. Aufbereitung, Muskel-Editor

Dem Benutzer wird ermöglicht, mithilfe eines Muskel-Editors eine gewünschte Muskelanatomie hinzuzufügen. Dies geschieht durch Hinzufügen der Ursprünge und Ansatzpunkte von Gesichtsmuskeln, was unter Benutzung eines kommerziellen Modellierungssystems, wie z. B. Alias ([Ali]), halbautomatisch durchzuführen ist.

4.1.6.3. FEM-Berechnungen

Die FEM liefert eine Approximation einer Oberflächenfunktion, die die Deformierung der Haut darstellen soll. Dies geschieht in 6 Schritten:

- 1. Die ursprüngliche Gesichtsoberfläche wird trianguliert.
- 2. Basisfunktionen in Form von Interpolationsfunktionen werden erstellt.
- 3. Lokale Steifigkeitsmatrizen werden aufgestellt, mit denen sich die Oberflächenenergie berechnen läßt.
- 4. Die lokalen Steifigkeitsmatrizen und lokale Kraftvektoren werden in eine globale Steifigkeitsmatrix K und einen globalen Kraftvektor F zusammengetragen.
- 5. Es erfolgt die Bestimmung des globalen Knotenvektors a aus dem globalen Gleichungssystem Ka = F.
- 6. Schließlich wird das Ergebnis für jedes Oberflächenteilstück visualisiert.

4.1.6.4. Emotions-Editor

Die Erzeugung von Emotionen wird in zwei Schritte unterteilt: Zunächst werden Basisemotionen definiert. Dabei wird festgelegt, welche Muskeln für bestimmte Emotionen mit welcher Stärke zu aktivieren sind (Abbildung 4.11). Durch Superposition der Basisemotionen kann in Schritt zwei der gewünschte Gesichtsausdruck generiert werden.



Abbildung 4.11.: Emotions-Editor mit Ergebnissen [KGB98]

Muskelkontraktionen im Gewebe rufen Deformationen des Modells hervor. Um diese Deformationen zu berechnen, bedient man sich einer Kombination von physikalischem Modell und der Methode der Finiten Elemente, wobei elastische Federn das Gewebe repräsentieren, um die Volumenerhaltung zu realisieren.

Muskelmodell

Das menschliche Gesicht besitzt rund 50 Muskeln, die meist sowohl mit dem Gewebe als auch mit dem Schädel verbunden sind und von denen nur etwa 30 Muskeln für die Mimik von Bedeutung sind. Besagte Muskeln bestehen wiederum im Mittel aus 50 Muskelfasern, wobei lediglich Ursprung und Ansatzpunkt der zentralen Muskelfasern definiert werden. Anhand der zugrundeliegenden Geometrien des Schädels und des Gesichtes wird ein Muskelmodell berechnet.

Bei Kontraktionen von Gesichtsfeldern werden Verbindungspunkte der Muskeln angesprochen. Es wird davon ausgegangen, dass sich die Muskelkraft sowohl mit zunehmender Distanz senkrecht zum Muskelvektor als auch mit dem Abstand vom Muskelansatz in Richtung des Muskelursprungs verringert [LTW95].

Der Einfluß des Muskels auf einen beliebigen Punkt auf der Gesichtsoberfläche läßt sich berechnen. Dazu werden Gewichtungsfunktionen aufgestellt, mit deren Hilfe man die Muskelkraft eines bestimmten Muskels auf einen Punkt ermitteln kann. Die Summe der Kräfte aller Muskelfasern ergibt die an einem Punkt wirkende Muskelkraft. Die Vorgehensweise ist in [KGB97] und [KGB98] detailliert dargestellt.

Mithilfe der FEM erreicht man eine gute Approximation des Ergebnisses der Gesichtsdeformation. Das vorgestellte Verfahren kann dazu genutzt werden, menschenähnliche Gestalten in virtuellen Umgebungen zu animieren.

4.1.7. Graphische Modelle

Der Einfluß von Muskeln wird bisher bei der Darstellung von Hautdeformationen in der Computergraphik weitgehend vernachlässigt [AT01]. Die hier beschriebenen graphischen Muskelmodelle werden dazu verwendet, die durch Kontraktion hervorgerufenen Deformationen der Muskeln darzustellen.

4.1.7.1. Anatomisches Modell

Das im Jahre 2003 von [LJtZq03] vorgestellte anatomische Modell basiert auf rein geometrischen Theorien. Die Muskelmodellierung erfolgt in zwei Schritten, wobei

eine Deformation auf den physiologischen Charakteristika der Muskeln basiert. Als erstes wird die Control Axial Curve des Muskels spezifiziert, damit werden Länge, Position und Richtung der Muskeln kontrolliert. Danach erfolgt eine Bestimmung der Control Cross-Section zur Kontrolle von Kontur und Größe der Muskeln.

Die Muskelgestalt ist bestimmbar mit Hilfe der Computertomographie (CT). Anhand der so gewonnenen Daten werden interne Strukturen und externe Muskelumrisse durch ermittelte Kontrollpunkte beschrieben. In Bezug auf die CT-Muskelscheiben werden die Querschnitte (cross-sections) der Muskeln definiert, die die Gestalt der Muskeln wiederspiegeln.

Eine Deformation der Muskeln wird durch die Modifikation der Querschnitte hervorgerufen. Somit kann die Muskelfläche durch die Kontrollpunkte der Querschnitte dargestellt werden.

Control Axial Curve

Die Control Axial Curve dient der Kontrolle von Länge, Position und Richtung der Muskeln. Hiebei handelt es sich um einen offenen rationalen B-Spline 3. Grades, mit dem sich die stetige Kontrollkurve der Muskeln simulieren läßt. Damit erhält man eine höhere Genauigkeit als mit polygonalen Linien, um die natürlichen Gestalten der Muskeln zu simulieren. Rationale B-Splines werden weithin im geometrischen Modellieren verwendet und stellen einen annähernden Spline dar. Der Grad des polynomiellen Splines ist unabhängig von der Anzahl der Kontrollpunkte, und die Kurve kann durch Änderungen der Kontrollpunkte lokal kontrolliert werden.

Ein B-Spline 3. Grades wird wie folgt definiert:

$$C(u) = \sum_{i=0}^{n} N_{i,3}(u) P_i$$
(4.17)

 $\{P_i\}$ repräsentieren die Kontrollpunkte. Mit $\{N_{i,3}(u)\}$ wird die zugrunde liegende Basisfunktion des B-Spline dritten Grades beschrieben. u gibt die Position des Querschnitts relativ zur Control Axial Curve an. Anhand von u ist es möglich, die globalen Koordinaten des Querschnitts zu ermitteln.

Die Koordinaten der Kontrollpunkte werden durch ein lokales Koordinatensystem des anhängenden Knotens ausgedrückt. Kontrollpunkte können mehrere unterschiedliche Knochen umspannen.

Control Cross-Section

Um die äußere Kontur und Größe des Muskelmodells zu definieren, welche durch einen geschlossenen B-Spline 3. Grades modelliert sind, benutzt man die Control Cross-Section. Das Vorgehen wird in zwei Phasen eingeteilt: Zunächst werden Position und Richtung des Querschnitts relativ zur Kontrollachse bestimmt. Danach erfolgt die Bestimmung der Gestalt des Querschnitts durch die auf Grundlage der CT bestimmten Kontrollpunkte.

Der Parameter u kann Werte von 0 bis 1 annehmen und dient dazu, die Position des Querschnitts im axialen Raum anzugeben, wobei 0 den Anfang und 1 das Ende des Muskels angibt. Dies geschieht in drei Schritten:

- 1. Finden eines Knotenbereichs, in dem u liegt
- 2. Berechnen der Basisfunktion $N_{i,3}(u)$ (nicht null)
- 3. Multiplizieren der Werte der Basisfunktion mit den entsprechenden Kontrollpunkten

Der Richtungsvektor des Querschnitts verläuft parallel zur ersten Ableitung der axialen Kurve am Schnittpunkt u.



Abbildung 4.12.: Konstruktion der Control Cross-Section [LJtZq03]

n + 1 gibt die Anzahl der Kontrollpunkte des Querschnitts an. Vom Schnittpunkt aus werden n + 1 gleichmäßig auf dem Querschnitt verteilte strahlenförmige (radiale) Linien auf die axiale Kurve gezogen. Die Länge jeder radialen Linie R_i wird entweder durch die CT-Scheiben der Muskeln oder durch den Modellierer festgelegt. Die Kontrollpunkte P_i liegen am Rande des Querschnitts und ergeben sich aus der Konstruktion der Radiallinien R_x (Abbildung 4.12).

Die Verformung der Muskeln basiert auf einer axialen Deformation. Dazu sind zwei Schritte nötig:

- 1. Jeder Knoten des Objektes ist an einen der Kontrollpunkte P_n der axialen Kurve gebunden, seine lokalen Koordinaten werden berechnet.
- 2. Den verformten Knoten erhält man, indem man das assoziierte lokale Koordinatensystem auf der deformierten Achse berechnet und die lokalen Koordinaten auf das globale Koordinatensystem transformiert.

In dem hier vorgestellten Muskelmodell müssen lediglich die Kontrollpunkte des Querschnitts an den axialen Raum gebunden werden.

Simulation der Muskel-Deformation

In der Realität sorgt die Kontraktion der Muskeln dafür, dass sich die Knochen, die mit den Muskeln verbunden sind, zueinander heranziehen. Dadurch wird eine rotatorische Bewegung um das entsprechende Gelenk erzeugt. Im Unterschied zur Realität erfolgt die Erzeugung von Bewegung im Muskelmodell wie folgt: Als erstes werden die Gelenkwinkel bestimmt, danach die Länge und Position der Muskeln, wobei zahlreiche Varianten möglich sind. Erst zum Schluß wird die Deformation der Muskeloberfläche entsprechend der Varianten erzeugt.

Durch die lokalen Koordinaten der Knochen ist die Position der Kontrollpunkte der axialen Kurve gegeben. Die Bewegung der Knochen verursacht eine Verschiebung und Deformation der entsprechenden axialen Kurven, womit man automatisch die Deformation der Muskeln basierend auf der Bewegung des menschlichen Körpers erhält.

Deformation findet unter dem Kriterium der Volumenerhaltung statt, wozu die Fläche des Querschnitts entsprechend angepaßt werden muss.

Darstellung der Muskeloberfläche

Den letzten Schritt der Muskelmodellierung bezeichnet das Rendering der Muskeloberfläche, wobei die Oberflächen als bikubische NURBS-Oberfläche (NURBS: Non-Uniform Rational Basis-Spline) dargestellt werden. Dies stellt eine parametrische Oberfläche dar, von der mit nicht gleichförmigen, rationalen B-Spline-Kurven und teilweise linearen Kurven Ausschnitte erstellt werden können. Durch die effiziente Datenstruktur dient sie zur Speicherung, Manipulation und Analyse von komplexen 3D-Objekten. In unserem Fall ist die Muskeloberfläche von Bedeutung, die in ihrer Kontur-Richtung geschlossen und in axialer Richtung offen ist [LJtZq03].

4.1.7.2. Zweischichtiges Muskelmodell

Im Gegensatz zur Realität ruft in diesem System eine Bewegung des Skeletts eine muskuläre Deformation hervor [AT01].

Der Muskel wird in zwei Schichten zerlegt, in das Skelett und in das Oberflächen-Netz. Das Skelett wird durch die Wirkungslinien (action lines) der Muskeln definiert.



Abbildung 4.13.: Wirkungslinien des Muskels mit seinem Ursprung und Ansatzpunkt (links: nach [Ned], rechts: nach [GKBT98])

Die Wirkungslinien der Muskeln bezeichnen die durch einen Polygonzug angenäherte imaginäre Linie, entlang derer die Kraft erzeugt wird, die auf die Knochen ausgeübt wird. Die Wirkungslinien können über Umlenkpunkte verlaufen, welche Bereiche der Knochen darstellen, die die mechanischen Eigenschaften der Muskeln einschränken. Damit werden die Wirkungslinien an den Verlauf des Muskels angepasst (Abbildung 4.13).

Das Oberflächennetz bildet ein Feder-Dämpfer-System, welches lediglich als Deformationstool genutzt wird, wie in Abbilung 4.14 dargestellt ist. Die Steifigkeit der Feder wird durch das Material bestimmt, das sie repräsentiert (Sehne, Weichteile). Deformationen der Muskeloberfläche werden ausschließlich durch diese zugrunde liegenden Wirkungslinien gesteuert.



Abbildung 4.14.: Feder-Dämpfer System mit Punktlast (nach [Wöl00])

Die Wirkungslinien unterliegen Einschränkungen, so gibt es abstoßende Kraftfelder, die die gegenseitige Durchdringung verhindern, und anziehende Kraftfelder, welche dazu beitragen, die Trajektorien der Wirkungslinien zu verbessern.

Lokale Frames

Die Position der Knoten der Wirkungslinien liefert Informationen darüber, wie sich das Oberflächennetz mit der Zeit ausdehnen oder zusammenziehen wird. Um der Orientierung des Netzes folgen zu können, ist die Beobachtung jedes Knotens der Wirkungslinien anhand lokaler Frames erforderlich.

Muskelnetz durch Parametrisierung

Eine Parametrisierung jedes Muskelknotens ist durch eine oder zwei Wirkungslinien ermöglicht. Die Berechnung der Netz-Parametrisierung erfolgt in zwei Durchgängen. Als erstes wird jeder Knoten der Muskeloberfläche auf jede Wirkungslinie abgebildet. Die Menge der Wirkungslinien wird nach dem jeweiligen Abstand zu jedem Knoten sortiert. Im zweiten Durchgang wird der Einflussbereich jeder Wirkungslinie basierend auf einem Entfernungskriterium konstruiert, wobei dieser Einflußbereich durch eine Untermenge verbundener Knoten repräsentiert wird. Damit ist die Parametrisierung des Knotens durch zwei Wirkungslinien sichergestellt. Die Abstände zu den Wirkungslinien werden berechnet, normalisiert und als Gewichte gespeichert. Die Bewegung des Knotens während der Animation erfolgt durch einfache bilineare Interpolation.

Jeder Muskelbauch muß drei Stadien mehrfach durchlaufen.

- 1. Zunächst werden halbautomatisch die Wirkungslinien erzeugt. Dazu spezifiziert der Benutzer mittels interaktivem Tool den Ursprung, den Ansatzpunkt und die Anzahl der Gewebe- und Sehnensegmente des Muskels, woraufhin automatisch eine Wirkungslinie mit einer Anzahl darauf liegender Knoten bestimmt wird. Die Steifigkeiten der Segmente werden ebenso automatisch festgelegt. Eine Veränderung jedes Knoten auf der Wirkungslinie kann interaktiv vorgenommen werden. Die Ruhelängen der Federn, mit deren Hilfe die Steifigkeit von Segmenten dargestellt wird, werden berechnet, so dass die tatsächliche Länge weit größer ist als die berechnete Ruhelänge und gleichzeitig weiterhin ein Gleichgewicht an den Knoten an der entsprechenden Wirkungslinie herrscht. Dies hat zur Folge, dass die Federn stets gestreckt bleiben und somit für die natürliche Spannung des Muskels sorgen. Außerdem werden durch gespannte Federn unkontrollierbare und ungewollte Spitzen entlang der Wirkungslinie vermieden.
- 2. Die Wirkungslinie wird in die geforderte Gestalt gebogen, indem Kraftfelder in ellipsoider Form hinzugefügt werden. Diese Kraftfelder können zwei Zustände einnehmen, den radialen oder den orthogonalen Zustand. Für ein radiales Kraftfeld gilt, dass der Knoten zum Zentrum des am nächsten gelegenen Ellipsoiden angezogen wird, wohingegen bei orthogonalen Kraftfeldern der Knoten zu dessen Projektion auf dem nächsten Ellipsoiden gezogen wird.
- 3. Abstoßende Kraftfelder werden positioniert, um Kollisionen zwischen Knochen und Muskeln oder zwischen Muskeln zu verhindern. Die Positionierung von Kraftfeldern auf Wirkungslinien und die Deformierung dieser Felder durch die Wirkungslinien sorgen dafür, dass eine Überlagerung von Muskeln verhindert wird. Dazu werden abstoßende ellipsoide Kraftfelder entlang einer oder mehrerer Wirkungslinien eines tiefen Muskels positioniert, deren Einfluß sich unmittelbar auf oberflächlichere Muskeln auswirkt. Die gegenseitige Durchdringung

von Muskeln wird durch eine sorgfältige Bestimmung der Deformierung eines jeden einzelnen Muskels reduziert.

Nach diesen drei Phasen ist der Muskel mit den Wirkungslinien in Ruhelage verankert. Ein Skalierungsfaktor ist für jeden Knoten auf den Wirkungslinien für isometrische Kontraktion zu spezifizieren, um eine angemessene Skalierung des Netzes um den Knoten im lokalen Frame zu erhalten. Die Skalierung jedes Netzknotens während der Animation resultiert aus der Kombination von isotonischer und isometrischer Kontraktion der Wirkungslinien. Eine isotonische Kontraktion wird automatisch anhand der Längenänderung der Wirkungslinien berechnet, wohingegen eine isometrische Kontraktion als Aktivierungskurve für jede gegebene Bewegung spezifiziert wird.

Beispielhafte Animationen sind unter [Mus] zu finden.

4.1.8. Ermüdungsmodelle

Bei der Aufrechterhaltung einer Kontraktion über einen längeren Zeitraum hinweg sind Ermüdungsvorgänge der Muskeln zu erwarten, die jedoch von den vorangehend betrachteten Muskelmodellen nicht berücksichtigt werden. Damit können diese Modelle für längere Zeiträume keinen realistischen Verlauf der Kraftproduktion abbilden [LBY02]. Sowohl Wexler's Ermüdungsmodell als auch das Dynamische Modell nach Liu berücksichtigen diese Erscheinungen.

Ermüdungsarten

Es gibt zwei Arten von Ermüdung, die psychologische und die physiologische Ermüdung [Vig04].

1. Psychologische Ermüdung

Psychologische Ermüdung kommt auf, wenn eine Aktion das Gehirn langweilt oder ermüdet. Das Gehirn erlaubt dem Körper nicht länger, eine bestimmte Aktion auszuüben. Diese Art der Ermüdung wird hier nicht weiter betrachtet.

2. Physiologische Ermüdung

Die physiologische Ermüdung resultiert aus einem Abfall der möglichen Kraftgenerierung über eine längere Zeit.

Innerhalb der physiologischen Ermüdung wird weiterhin eine Unterteilung in die aerobe und die anaerobe Ermüdung vorgenommen. Die anaerobe Ermüdung tritt bei besonders großer Anstrengung unter Sauerstoffmangel auf, wobei der Aufbau an Milchsäure verstärkt wird. Ist genügend Sauerstoff vorhanden, kann aerobe Ermüdung erfolgen. Diese resultiert aus einem Abbau der Sensitivität von Troponin gegenüber Kalzium, was bedeutet, dass immer mehr Kalzium zur Querbrückenbildung benötigt wird, weswegen die Muskeln erschöpfen und nicht länger auf Signale des Gehirns reagieren. Die anaerobe Art der Ermüdung wird im Weiteren betrachtet.

Motorische Einheiten

Kraftproduktion und Bewegung erfolgen durch Kontraktion der Muskelfasern, die durch Kommandos des Zentralen Nervensystems (ZNS) angeregt werden [LBY02]. Die grundlegende funktionelle Einheit des Muskels wird als motorische Einheit bezeichnet, welche aus Neuronen der quergestreiften Muskulatur (Motoneuronen) und Muskelfasern besteht. Diese werden durch die Neuronen mit Kommandos aus dem ZNS versorgt. Die Anzahl der motorischen Einheiten eines Muskels hängt von seiner Größe und von der Funktion des Muskels ab.

Ein Kommando in Form eines elektrischen Impulses wird vom Gehirn zu den Motoneuronen und den Muskelfasern geleitet. Überschreiten die Impulse einen bestimmten Schwellwert, so werden Aktionspotentiale weitergegeben, dies führt zu einer Kontraktion der Muskelfasern der entsprechenden motorischen Einheit und damit zur Aktivierung dieser Einheit. Für eine spezielle Bewegung ist die Aktivierung mehrerer motorischer Einheiten oder einer Gruppe von Muskeln nötig, wobei davon ausgegangen wird, dass sich alle Muskelfasern einer motorischen Einheit bei Aktivierung gleich verhalten.

Eine Generierung und Aufrechterhaltung von Kraft wird durch eine allmähliche Verstärkung der motorischen Einheiten erreicht. Hält die Muskelkontraktion über einen längeren Zeitraum an, so setzt nach einer bestimmten Zeit Ermüdung ein, welche sich als Faktoren wie einer unzureichenden Versorgung der Muskeln mit Sauerstoff und Glykogen und einem erhöhten Milchsäureanteil in Blut und Muskel darstellt. Die Ermüdung hat zur Folge, dass die Schwelle für die Weitergabe der Aktionspotentiale steigt. Treten bei einigen Einheiten Ermüdungserscheinungen auf, so gleichen andere Einheiten dies soweit wie möglich aus, während sich die geschwächten Einheiten erholen. Hält die Ermüdung weiter an, kann ein kritischer Punkt erreicht werden, es resultiert komplette Ermüdung, und die Aufgabe der Kraftgenerierung oder Bewegung kann nicht fortgesetzt werden.

Die motorischen Einheiten, die in eine Aufgabe involviert sind, können drei Zustände annehmen. Sie sind entweder im Ruhezustand, aktiviert oder ermüdet.

Des weiteren werden die motorischen Einheiten in drei Typen eingeteilt. Diese sind klassifiziert durch die kontraktilen und metabolischen Eigenschaften der Muskelfasern, die sie stimulieren. Zu den Charakteristika der Muskelzuckungen gehören Kraft und Verkürzungsgeschwindigkeit, außerdem sind Spannungscharakteristika und Ermüdbarkeit von Bedeutung.

• Typ I

Zu den motorischen Einheiten von Typ I zählen die langsam zuckenden motorischen Einheiten. Deren Kontraktionsgeschwindigkeit ist gering, ebenso die Kraftgenerierung. Während der Kontraktion ermüden sie sehr langsam oder gar nicht.

• Typ IIa

Diese motorischen Einheiten zucken relativ schnell und sind zu mittelmäßiger Kraftproduktion fähig. Gleichzeitig besitzen sie eine große Widerstandskraft gegenüber Ermüdungserscheinungen. Sie liegen zwischen den beiden anderen Typen.

• Typ IIb

Schnell zuckende motorische Einheiten gehören zu Typ IIb. Sie besitzen hohe Kraftkapazitäten, sind jedoch schnell ermüdbar. Somit produzieren sie schnell große Kraft, können diese allerdings nicht lange aufrecht erhalten. Erfolgt eine geringe Anregung durch das Gehirn, so werden lediglich die langsam zuckenden motorischen Einheiten von Typ I mit einer geringen Aktivierungsschwelle angeregt. Wird größere Kraft benötigt, so wirkt die Anregung auf alle drei Typen, wobei zunächst die motorischen Einheiten von Typ I angesprochen werden, dann die von Typ IIa und zuletzt die Einheiten von Typ IIb.

Im Folgenden werden zwei Ermüdungsmodelle erläutert, zunächst Wexler's Ermüdungsmodell und abschließend das Dynamische Modell nach Liu.

4.1.8.1. Wexlers Ermüdungsmodell

Die Grundlage zu Wexlers Ermüdungsmodell bildet das mathematische Modell nach Hill [Vig04], welches in Kapitel 4.1.1 bereits erläutert wurde. Um eine größere Realitätsnähe der Aussagen zu erreichen, beinhaltet es als Erweiterung die Sehnenverbindung und den Winkel zwischen Muskel und Sehne am entsprechenden Verbindungspunkt, welcher als Pennationswinkel α bezeichnet wird. Sehnen stellen den Teil des Muskels dar, mit dem dieser mit dem Knochen verbunden ist. Das modifizierte Hillsche Modell ist in Abbildung 4.15 dargestellt.



Abbildung 4.15.: Hills Modell mit Sehnensteifigkeit k_T und Pennationswinkel α [ZTS86]

Die entsprechenden Kraft-Längen-Geschwindigkeits-Beziehungen werden wie folgt

aufgestellt:

$$\frac{dP_T}{dt} = \frac{k_T \ k_{M\alpha} \cos(\alpha)}{k_{M\alpha} \cos(\alpha) + k_T} \left[v_{MT} - \frac{k_{SE}}{k_{M\alpha}} v_{CE} \right]$$
(4.18)

mit $k_{M\alpha} = k_M \cos(\alpha) + \left(\frac{P_T}{l_m}\right) \tan^2(\alpha)$ und $k_M = k_{PE} + k_{SE}$

 P_T gibt die Sehnenspannung an, k_M und k_T die Steifigkeit von Muskel und Sehne und k_{PE} und k_{SE} die der parallelen und seriellen elastischen Elemente. l_M bezeichnet die Muskellänge, α den Winkel zwischen dem Muskel und der Sehne. Die Geschwindigkeiten von Sehne und kontraktilem Element werden durch v_{MT} und v_{CE} repräsentiert.

Die ersten Entwicklungen des Modells basieren auf Experimenten mit Ratten, später wurden diese auf den Menschen übertragen. Bei den in [Vig04] verwendeten Werten geht es um solche, die von Ratten stammen.

Zur Entwicklung des mathematischen Modells wurden sowohl analytische als auch experimentelle Methoden verwendet. Die analytischen Methoden dienen dazu, die physiologischen Aspekte der Muskeln zu modellieren. Bei den experimentellen Methoden werden elektrische Stimuli zur Aktivierung der Muskeln verwendet, indem ein externer elektrischer Impuls auf den Muskel ausgeübt wird, dieser verursacht Kontraktion und Kraftgenerierung.

Kontraktion

Die Kontraktion besteht laut [Vig04] aus drei unterschiedlichen physiologischen Teilen, und zwar aus der Kalziumabgabe und -Ansammlung durch das SR, aus der Bindung und Lösung von Kalzium und Troponin und aus den Mechanismen der Kraftgenerierung.

1. Kalzium
abgabe und -Ansammlung durch das ${\cal SR}$

Die elektrische Stimulation bewirkt einen Kalziumfluß vom SR ins Sarkoplasma (SP), genauer ins Cytoplasma der Muskelzelle, welches das Zentrum des Muskels darstellt. Von dort wird es durch Ca^{2+} -Adenosintriphosphatase (ATPase - ATP zerlegendes Enzym) zurück ins SR gepumpt. Durch Ausbalancieren der Kalziumabgabe- und Kalziumansammlungsrate kann man den Kalziumfluß J in Abhängigkeit von der Konzentration der Ca^{2+} -ATPase-Ansammlung im SR (k_0) und der Permeabilität der SR-Membran (k)berechnen.

2. Bindung und Lösung von Kalzium und Troponin

Sobald Kalzium ins SP gelöst wird, reagiert es mit Troponin (T_n) , um einen Kalzium-Troponin-Komplex zu bilden (T_a) . Durch diese Bindung mit Troponin wird die Querbrückenbindung von Myosin- und Aktinfilamenten ermöglicht [SA].Es läuft folgende Reaktion ab [Vig04]:

$$2Ca^{2+} + T_n \Leftrightarrow_{k_2}^{k_1} T_a \tag{4.19}$$

 k_1 und k_2 sind die Vorwärts- und Rückwärtsraten, mit denen die Kalzium-Troponinverbindungen erzeugt und wieder gebrochen werden.

Aus der in 4.19 aufgeführten Reaktion ergibt sich folgende Gleichung des Kalziumstroms ins SP:

$$\frac{d[Ca^{2+}]_{SP}}{dt} = 2(k_1[Ca^{2+}]_{SP}^2 + k_2)[T_a]
- 2k_1[T_o][Ca^{2+}]_{SP}^2
+ k[Ca^{2+}]_{SP} - (k+k_0)[Ca^{2+}]_{SP}$$
(4.20)

wobei gilt:

$$[T_o] = [T_a] + [T_n]$$

Der Kalzium-Troponin-Bindungsprozess der Reaktion wird dargestellt als:

$$\frac{d[T_a]}{dt} = k_1[T_o][Ca^{2+}]_{SP}^2 - (k_1[Ca^{2+}]_{SP}^2 + k_2)[T_a]$$
(4.21)

3. Mechanismen der Kraftgenerierung

Die Verbindung von Kalzium und Troponin wirkt sich auf die Verschiebung der Querbrücken aus, womit eine direkte Beziehung zur Kraftgenerierung besteht. Die durch den Muskel generierte Kraft wird wie in Abbildung 4.16 dargestellt anhand einer Feder-Dämpfer-Motor-Reihe modelliert. Der Dämpfer repräsentiert den viskosen Widerstand der kontraktilen Elemente und des Bindegewebes, die Feder stellt den sehnenartigen Anteil und die Komponenten des seriellen elastischen Elementes des Muskels dar. Für die Abbildung der kontraktilen Komponenten oder des Übereinandergleitens der Aktin- und Myosinfilamente der Muskelfasern ist der Motor zuständig.



Abbildung 4.16.: Mechanisches Modell zur Kraftgenerierung (nach [Vig04])

Die Komplexität des Modells ist abhängig von der Anzahl parallel oder seriell geschalteter Federn und Dämpfer.

Die Kraft F_d , die im Dämpfer ausgeübt wird, berechnet sich aus:

$$F_d = b\left(V_m - \frac{dx}{dt}\right) \tag{4.22}$$

wobei b der Dämpfungskoeffizient ist, x die Länge der Feder und V_m die kontraktile Geschwindigkeit des Motors, welche gegeben ist durch:

$$V_m = B \left[T_a\right] \left(1 - \frac{F_s}{F_m}\right) \tag{4.23}$$

Bist eine Verhältniskonstante, F_m stellt die maximale Motorkraft dar. Die Federkraft berechnet sich aus

$$F_s = K \cdot x \tag{4.24}$$

wobei K die Federkonstante bezeichnet.

Zur Berechnung der Kraft wird folgende Differentialgleichung aufgestellt:

$$\frac{dF}{dt} = A \left[T_a\right] \left(1 - \frac{F_s}{F_m}\right) - \frac{F_d}{\tau_1 + \tau_2 \frac{\left[T_a\right]}{\left[T_o\right]}} \tag{4.25}$$

A bezeichnet eine Konstante, die sich aus der Federkonstante K multipliziert mit B ergibt. τ_1 stellt eine Zeitkonstante dar, zu der keine Querbrückenverbindungen vorhanden sind, und τ_2 steht für die zusätzliche Reibung, die aufgrund der chemischen Querbrückenverbindungen herrscht.

Bestimmung der Parameterwerte

Die Gleichungen 4.20, 4.21 und 4.25 liefern die Kraftdynamiken des Muskels. Zur Berechnung der generierten Kraft sind damit neun Parameter nötig, diese sind die Konzentration der Ca^{2+} -ATPase-Ansammlung im SR (k_0) , die Vorwärts- und Rückwärtsraten, dem denen die Kalzium-Troponinverbindungen erzeugt und wieder gebrochen werden (k_1, k_2) , T_0 , die Proportionalitätskonstante (A), die zusätzliche Reibung aufgrund der chemischen Querbrückenverbindungen (τ_2) , die maximale Motorkraft (F_m) , die Zeitkonstante, zu der keine Querbrücken vorhanden sind (τ_1) und die Permeabilität der SR-Membran an Kalziumionen bei offenen Kalziumkanälen (k). Die freie Kalziumkonzentration im SR ist auf 0,001 festgesetzt. Die Bestimmung dieser Parameter erfolgt durch Experimente an Ratten.

Ermüdung

Die Kalziumkinetiken der Muskeln werden durch die Gleichungen 4.20 und 4.21 dargestellt [WDBM97]. Um eine Voraussage einer auftretenden Muskelermüdung zu realisieren, werden diese Gleichungen zunächst vereinfacht. Dies geschieht durch Reduzierung zu einer Differentialgleichung und einer algebraischen Gleichung. Die Differentialgleichung sieht wie folgt aus:

$$\frac{dC_N}{dt} = \frac{1}{\tau_c} \sum_{i=1}^n R_i \exp\left(-\frac{t-t_i}{\tau_c}\right) - \frac{C_N}{\tau_c}$$
(4.26)

Sie bezeichnet die Dynamiken des normalisierten Betrags des Kalzium-Troponin-Komplexes, C_N . Die algebraische Gleichung 4.27 berechnet die nichtlineare Kalziumfreigabe oder -Ansammlung im Muskel, wenn zwei nahe beieinanderliegende Impulse als Stimulation wirken.

$$R_{i} = 1 + (R_{0} - 1) \exp\left(-\frac{t_{i} - t_{i-1}}{\tau_{c}}\right)$$
(4.27)

Wird die Zeit zwischen zwei Impulsen erhöht, so fällt die Konzentration an Kalzium ab, das in den Muskeln bleibt. Ist die Zeitspanne zwischen zwei Impulsen groß, gilt $R_i \approx 1$, wird jedoch ein Impuls direkt von einem anderen gefolgt, dann ist $R_i \approx R_0$. Aus den Gleichungen 4.25, 4.26 und 4.27 ergibt sich die neue folgende Differentialgleichung der Kraftgenerierung:

$$\frac{dF}{dt} = A \frac{C_N}{k_M + C_N} - \frac{F}{\tau_1 + \tau_2 \frac{C_N}{k_M + C_N}}$$
(4.28)

Ermüdungsgleichungen

Bei auftretender Ermüdung eines Muskels verändern sich die Parameter A, R_0 und τ_c . A stellt einen Skalierungsfaktor dar, R_0 gibt die Höhe der Steigung des normalisierten Betrags des Kalzium-Troponin-Komplexes C_N aufgrund der anliegenden Stimulifolge an, und τ_c ist eine Zeitkonstante, die das Steigen und Fallen von C_N kontrolliert.

Die Rate und Höhe der Ermüdung beziehen sich hierbei auf das Kraft-Zeit-Integral der Muskeln als Antwort auf die Folge, die die Ermüdung hervorruft. Somit wird die momentan erzeugte Kraft als treibende Funktion des Ermüdungsmodells verwendet.

Die Berechnungen der Parameter sind in [Vig04] beschrieben.

Bestimmung der experimentellen Daten

Die Bestimmung der experimentellen Daten erfolgte bisher lediglich für den menschlichen Quadrizeps. Hierzu wurden gesunde Menschen an verschiedenen Tagen an einen Dynamometer (Kraftmesser) angeschlossen, wobei deren Hüfte um 75 Grad und die Knie um 90 Grad gebeugt sein mussten. An der Vorderseite der Beine wurden zwei stimulierende Elektrodenkontakte angebracht, womit eine Messung der maximalen willkürlichen isometrischen Kraft mit anschließender Speicherung der Kraftdaten durchgeführt werden konnte. Somit war die Möglichkeit gegeben, eine Stimulation anzulegen, die einen bestimmten Prozentsatz der zu generierenden Kraft erzeugte. Durch Bildung von Durchschnittswerten können diese Daten zur Parametrisierung und zum Testen des Ermüdungsmodells verwendet werden.

Kraftentwicklung und Kalziumkonzentration

In Abhängigkeit von der anliegenden Stimulationsfolge treten Veränderungen bezüglich der Kraftgenerierung auf. Liegt eine langsame Folge an, wird eine entsprechend geringere maximale Kraft generiert. Dafür erfolgt ein geringerer Kräfteabfall durch Ermüdung als bei schnell aufeinanderfolgenden Impulsen.

Durch eine Stimulation durch das Gehirn kann keine vollständige Ermüdung des Muskels erfolgen, stattdessen wird die Arbeit auf andere unterstützende Muskeln verteilt, oder die Weitergabe von Erregungsimpulse wird abgebrochen, was man unter psychologischer Ermüdung versteht. In Abbildung 4.17 ist der Zusammenhang von Kraftentwicklung und Kalziumkonzentration bei Wexlers Ermüdungsmodell dargestellt. Die Kalziumrate steigt zunächst kontinuierlich an, bis der Muskel komplett ermüdet ist. In diesem Zustand ist die generierte Kraft nicht null. Der Grund hierfür sind die ermüdungsresistenten motorischen Einheiten von Typ I, die nur eine geringe Kraft generieren. Sie ermüden niemals, weswegen so lange eine sichtbare Kraftgenerierung erfolgt, bis die externe Stimulation komplett aussetzt.



Abbildung 4.17.: Zusammenhang von Kraftentwicklung und Kalziumkonzentration bei Wexlers Ermüdungsmodell des menschlichen Quadrizeps (nach [Vig04])

4.1.8.2. Dynamisches Modell nach Liu

Oftmals sind bei Modellen viele physiologische und biomechanische Parameter zu bestimmen [LBY02]. Mit Hilfe des Dynamischen Modells nach Liu aus dem Jahre 2002 kann die Muskelkraft über längere Zeitperioden hinweg vorhergesagt werden, während sich die motorischen Einheiten den Prozessen der Aktivierung, Ermüdung und Erholung zu unterziehen haben. Dieses Dynamische Modell beruht auf den Grundlagen der biophysikalischen Prinzipien der Muskelkraftgenerierung bei Dehnung unter willkürlicher Anregung durch das Gehirn.

Die Basisform des Modells besitzt drei Parameter und eine Eingangsvariable, die beispielsweise die Anregung durch das Gehirn darstellt, welche als B (brain effort)

bezeichnet wird. Diese ist experimentell bestimmbar und durch elektrische Stimulierung simulierbar. Sie sorgt für eine direkte Beziehung zwischen den Muskeln und dem Gehirn. Die drei Parameter sind:

- Ermüdungsfaktor ${\mathcal F}$ (Fatigue)
- Erholungsfaktor \mathcal{R} (Recovery)
- Anzahl motorischer Einheiten M_0 (oder äquivalent die echte maximal generierte Kraft U_0)

Diese sind anhand der experimentellen Kraftdaten direkt bestimmbar. Durch die biophysikalische Abbildung und die geringe Anzahl an Parametern ist das Modell für Datenanpassung (data fitting) und allgemeine Anwendungen geeignet und liefert den theoretischen Rahmen für ein besseres Verständnis der Aktivierung, Ermüdung und Erholung motorischer Einheiten.

Für dieses Modell wird zunächst als Vereinfachung von motorischen Einheiten eines einzigen Typen ausgegangen.

Vereinfachung des Modells

Als M_0 wird die Anzahl motorischer Einheiten in einem Muskel oder einer Muskelgruppe bezeichnet. Die ruhenden und somit noch nicht aktivierten Einheiten werden unter M_{uc} geführt (uc - unchanged). M_A ist die Anzahl aktivierter und $M_{\mathcal{F}}$ die Anzahl ermüdeter motorischer Einheiten.

β -Effekt

Die treibende Kraft, die die Aktivierung der Muskeln hervorruft, wird als B bezeichnet und repräsentiert die Rate, mit der die Einheiten stimuliert werden und in den aktiven Zustand gelangen. β in Gleichung 4.29 beschreibt das Verhältnis von Anregung zu Ermüdung und bestimmt den maximal möglichen Aktivierungsgrad.

$$\beta = B/\mathcal{F} \tag{4.29}$$

Je größer β bei gleichbleibendem \mathcal{F} ist, desto mehr motorische Einheiten sind aktiviert, wie aus Abbildung 4.18 ersichtlich.



Abbildung 4.18.: β -Effekt (nach [LBY02])

Je größer die Anregung durch das Gehirn bei unverändertem \mathcal{F} ist, desto größer ist β , desto mehr motorische Einheiten sind aktiviert und desto größer ist der Aktivierungslevel. Außerdem ist die Anstiegszeit für ein großes β geringer, allerdings ermüden die motorischen Einheiten schneller als bei kleinerem β .

γ -Effekt

 γ steht für das Verhältnis von Erholung zu Ermüdung und gibt die Geschwindigkeit der Erholung der motorischen Einheiten relativ zur Ermüdung an. Es berechnet sich wie folgt:

$$\gamma = \mathcal{R}/\mathcal{F} \tag{4.30}$$

Je größer der Erholungseffekt, desto größer ist γ und desto langsamer ermüdet der Muskel. γ bestimmt somit den restlichen Aktivierungslevel des Muskels, der umso höher ist, je größer γ ist.

Für γ gilt, dass ein großes \mathcal{R} eine schnellere Erholung und damit einen höheren restlichen Aktivierungsgrad bewirkt.

$\mathcal{F} extsfluct extsfluct$

 \mathcal{F} bestimmt den Ermüdungsfaktor und steht für die Rate, mit der die aktivierten Muskeln in den Ermüdungszustand wechseln. Ein größeres \mathcal{F} führt dementsprechend zu einem größeren Ermüdungseffekt, wie in Abbildung 4.20 ersichtlich ist. Außerdem ermüdet ein Muskel umso schneller, je schneller er aktiviert wird.



Abbildung 4.19.: γ -Effekt (nach [LBY02])

In \mathcal{F} sind sowohl die echten Ermüdungseffekte als auch ermüdungsähnliche Effekte enthalten. Diese können die frühzeitige Ermüdung der Muskeln hervorrufen, z. B. eine unbequeme Haltung oder eine durch die Umgebung verursachte Unruhe. Empfindungen von Beschwerden wie beispielsweise durch das harte Material des Gerätes, das gegriffen wird, werden ebenso zu den zusätzlichen Ermüdungsfaktoren gezählt.



Abbildung 4.20.: \mathcal{F} -Effekt (nach [LBY02])

Der Ermüdungsfaktor \mathcal{F} ist von Person zu Person unterschiedlich. Ein kleines \mathcal{F} bezeichnet einen niedrigen Ermüdungseffekt, einen höheren Aktivierungslevel, somit ein größeres β und einen höheren restlichen Aktivierunglevel, also ebenso ein größeres γ . Weiterhin bewirkt es eine geringere Anstiegszeit, bis der Muskel maximal aktiviert ist, und eine längere Zeit, während der die Kraft ausgeübt werden kann.

Erholungsfaktor \mathcal{R}

Der Erholungsfaktor \mathcal{R} (Recovery) gibt die Rate an, mit der die ermüdeten Einheiten in den aktivierten Zustand übergehen. Je größer \mathcal{R} ist, desto schneller erfolgt die Erholung der ermüdeten Einheiten und desto mehr Einheiten erholen sich. Er läßt sich unterteilen in die echten Erholungseffekte und ähnlichen Effekte. Ein Faktor, der den Erholungsprozess schneller macht als er sein sollte, ist z. B. die Anpassung der Haltung oder eines Gelenks unter starken Ermüdungserscheinungen. Ähnliche Effekte sind beispielsweise durch Kraftsensoren gemessene Kraftwerte, die aufgrund von mechanischer Konstruktion verfälscht werden (z. B. durch Reibung).

Eine Differenzierung zwischen echten und ähnlichen Effekten bzgl. Ermüdung und Erholung ist nötig, um die falschen Effekte herauszufiltern.

Es werden Gleichungen aufgestellt, die das dynamische Verhalten der motorischen Einheiten unter Aktivierung, Ermüdung und Erholung beschreiben, deren Bedeutung in Abbildung 4.21 verdeutlicht werden.

$$\frac{dM_A}{dt} = B \cdot M_{uc} - \mathcal{F} \cdot M_A + \mathcal{R} \cdot M_{\mathcal{F}}$$
(4.31)

$$\frac{dM_{\mathcal{F}}}{dt} = \mathcal{F} \cdot M_A - \mathcal{R} \cdot M_{\mathcal{F}} \tag{4.32}$$

$$M_{uc}(t) = M_0 - M_A(t) - M_{\mathcal{F}}(t)$$
(4.33)



Abbildung 4.21.: Zusammenhänge zwischen $B, \mathcal{F}, \mathcal{R}$ und den Zuständen der motorischen Einheiten (nach [LBY02])

Als Anfangsbedingung gilt:

$$M_A(t=0) = 0$$
$$M_F(t=0) = 0$$
$$M_{uc}(t=0) = M_0$$

Dies bedeutet, dass sich alle motorischen Einheiten im Ruhezustand befinden.

Bei maximaler Anregung durch das Gehirn und Aufrechterhaltung der maximalen willkürlichen Kontraktion gilt, dass B konstant ist, also $B(t) = B_{max} = constant$.

Es erfolgen Umformungen und Definitionen der Parameter in Form von Entspannungszeiten:

$$T_{\mathcal{F}} = \frac{1}{\mathcal{F}}, \quad T_{\mathcal{R}} = \frac{1}{\mathcal{R}}, \quad T_{\mathcal{F}}^* = \frac{1}{\mathcal{F} + \mathcal{R}}, \quad T_B = \frac{1}{B}$$
 (4.34)

Hierbei steht $T_{\mathcal{F}}$ für die Entspannungszeit bei Ermüdung, $T_{\mathcal{R}}$ für selbige bei Erholung und T_B für die Entspannungszeit des Gehirns. $T_{\mathcal{F}}^*$ bezeichnet die durch den Erholungseffekt modulierte Entspannungszeit bei Muskelermüdung. Durch Integration der Gleichungen 4.31 und 4.32 erhält man folgende Gleichungen für die Anteile der motorischen Einheiten zur Zeit t:

$$\frac{M_A(t)}{M_0} = 1 - e^{-t/T_B} - \frac{1}{1+\gamma} \{ 1 - e^{-t/T_F^*} \} + \frac{1}{\beta - 1 - \gamma} \{ e^{-t/T_F^*} - e^{-t/T_B} \}$$
(4.35)

$$\frac{M_{\mathcal{F}}(t)}{M_0} = \frac{1}{1+\gamma} \{1 - e^{-t/T_{\mathcal{F}}^*}\} - \frac{1}{\beta - 1 - \gamma} \{e^{-t/T_{\mathcal{F}}^*} - e^{-t/T_B}\}$$
(4.36)

$$\frac{M_{uc}(t)}{M_0} = e^{-t/T_B} \tag{4.37}$$

Die Beziehungen $M_A(t)/M_0$, $M_{\mathcal{F}}(t)/M_0$ und $M_{uc}(t)/M_0$ sind nach den Gleichungen 4.35, 4.36 und 4.37 von \mathcal{F} , \mathcal{R} und B abhängig. Durch Umformung ergeben sich nachfolgende Gleichungen:

$$\frac{M_A(t)}{M_0} = \frac{\mathcal{R}}{\mathcal{F} + \mathcal{R}} + \frac{\mathcal{F}B}{(\mathcal{F} + \mathcal{R})(B - \mathcal{F} - \mathcal{R})} e^{-(\mathcal{F} + \mathcal{R})t} - \frac{B - \mathcal{R}}{B - \mathcal{F} - \mathcal{R}} e^{-Bt}$$
(4.38)

$$\frac{M_{\mathcal{F}}(t)}{M_0} = \frac{\mathcal{F}}{\mathcal{F} + \mathcal{R}} - \frac{\mathcal{F}B}{(\mathcal{F} + \mathcal{R})(B - \mathcal{F} - \mathcal{R})} e^{-(\mathcal{F} + \mathcal{R})t} + \frac{\mathcal{F}}{B - \mathcal{F} - \mathcal{R}} e^{-Bt}$$
(4.39)

$$\frac{M_{uc}}{M_0} = 1 - \frac{M_A(t)}{M_0} - \frac{M_F(t)}{M_0} = e^{-Bt}$$
(4.40)

Die typischen Kurven von $M_A(t)$, $M_F(t)$ und $M_{uc}(t)$ sind in Abbildung 4.22 zu sehen.



Abbildung 4.22.: Kurven der Lösungen des Basismodells $(B, \mathcal{F}, \mathcal{R} \text{ konstant})$ (nach [LBY02])

Kraftgenerierung

Vereinfacht läßt sich feststellen, dass eine aktivierte motorische Einheit eine feste Kraft u_0 generiert. In der Entspannungszeit erfolgt keine Kraftausgabe. Die gesamte generierte Kraft zur Zeit t errechnet sich aus:

$$U(t) = u_0 \cdot M_A(t) \tag{4.41}$$

 m_A, m_F, m_{uc} sind durchschnittliche Antwortfunktionen der drei Gruppen der motorischen Einheiten auf Stimulierungsimpulse:

$$m_A(t) \equiv \frac{M_A(t)}{M_0}, \quad m_F(t) \equiv \frac{M_F(t)}{M_0}, \quad m_{uc}(t) \equiv \frac{M_{uc}(t)}{M_0}$$
 (4.42)

Außerdem definieren wir

$$u(t) \equiv \frac{U(t)}{M_0} \equiv \frac{u_0 \cdot M_A(t)}{M_0} = u_0 \cdot m_A(t)$$
(4.43)

oder

$$U(t) = M_0 \cdot u(t) = M_0 \cdot u_0 \cdot m_A(t) \equiv U_0 \cdot m_A(t)$$
(4.44)

Es gilt $U_0 = u_0 \cdot M_0$.

u(t) stellt die durchschnittliche resultierende Kraft einer motorischen Einheit dar. Die totale Kraft U(t) ist damit die Kraft einer motorischen Einheit u(t) multipliziert mit der Anzahl motorischer Einheiten M_0 , wobei M_0 eine bestimmte Größe besitzen muss (ca. 100).

Durch Experimente bestimmbar sind $B, \mathcal{F}, \mathcal{R}$ und M_0 oder äquivalent U_0 als maximale Kraft.

Als theoretische Funktion zur Datenanpassung gilt:

$$U_0 \cdot m_A(t; B, \mathcal{F}, \mathcal{R}) \tag{4.45}$$

Durch Datenanpassung erhält man eine optimale Beschreibung von Daten anhand einer mathematischen Funktion.

Für $t \to \infty$ gilt, dass die Ermüdungs- und Erholungsfaktoren die einzigen Determinanten der Grenzwerte sind. Ein Rauschen entsteht, da der Grenzwert nicht allein Ermüdungs- und Erholungsfaktoren repräsentiert, sondern ebenso ähnliche Ermüdungs- bzw. Erholungseffekte enthalten sind.

Zur Zeit $t = T_m$ erreicht die Aktivierung $m_A(t)$ den maximalen Wert m_A^{max} , wobei gilt

$$T_m = \frac{\ln (B - \mathcal{R}) - \ln \mathcal{F}}{B - \mathcal{F} - \mathcal{R}} = \frac{1}{\mathcal{F}} \frac{\ln (\beta - \gamma)}{\beta - 1 - \gamma}$$
(4.46)

und

$$m_A^{max} \equiv \frac{M_A(t = T_m)}{M_0} = \frac{1}{1 + \gamma} \left(\gamma + \exp\left(-(1 + \gamma)\mathcal{F} \ T_m\right)\right)$$
(4.47)

 T_m ist die Anstiegszeit und repräsentiert die Zeit, die benötigt wird, um vom Ruhezustand zur maximalen Aktivierungsintensität zu gelangen.

Entwickeltes Modell

Das entwickelte Modell dient dazu, die echte maximale Kraft zu verstehen.

 ΔM bezeichnet den Unterschied zwischen der maximalen Anzahl aktivierter Einheiten $(M_A^{max} = M_A(t = T_m))$ und der total verfügbaren Anzahl motorischer Einheiten M_0 . Es enthält die motorischen Einheiten, die bereits ermüdet sind $(M_{\mathcal{F}}(t = T_m))$, und die motorischen Einheiten, die noch nicht aktiviert wurden $(M_{uc}(t = T_m))$. Beide tragen nicht zur Kraftausgabe bei. Es gilt:

$$\Delta M \equiv M_0 - M_A^{max} = \frac{M_0}{1+\gamma} \left(1 - \exp\left(-\frac{1+\gamma}{\beta - 1-\gamma}\ln(\beta - \gamma)\right) \right)$$
$$= M_{\mathcal{F}}(t = T_m) + M_{uc}(t = T_m)$$
(4.48)

Die maximale Kraft U^{max} , die unter willkürlicher Aktivierung B zur Zeit $t = T_m$ generiert wird, berechnet sich wie folgt:

$$U^{max} = u_0 \cdot M_A^{max}$$
$$= \frac{u_0 \cdot M_0}{1+\gamma} \gamma + \exp\left(-\frac{1+\gamma}{\beta - 1 - \gamma} \ln(\beta - \gamma)\right)$$
(4.49)

Werden alle motorischen Einheiten zur selben Zeit aktiviert, so handelt es sich hierbei um die echte maximale generierte Kraft $U_0 = u_0 \cdot M_0$.

Die Kraft kann niemals den echten maximalen Wert erreichen, da aufgrund des Ermüdungseffektes nie alle motorische Einheiten zur gleichen Zeit aktiviert sein können. In der Zeit vor T_m nimmt die Anzahl aktivierter motorischer Einheiten schnell zu, es findet keine Ermüdung statt. Zur Zeit T_m ist die maximale Anzahl aktivierter motorischer Einheiten erreicht, der Ermüdungseffekt tritt ein. Damit fällt die Anzahl motorischer Einheiten im Aktivierungszustand, die Aktivierung durch das Gehirn bleibt allerdings maximal. U^{max} aus Gleichung 4.49 wird erreicht, wobei U^{max} um ΔU kleiner ist als U_0 .

Als Basis wird davon ausgegangen, dass eine finite Anregung durch das Gehirn anliegt. Hierbei ist die echte maximale Kraft U_0 nur dann erreichbar, wenn für β gilt $\beta = \frac{B}{\mathcal{F}} \to \infty$, was unrealistisch ist. Daraus folgt, dass die echte maximale Kraft nicht allein durch willkürliche Belastung erreicht werden kann.

Zur Betrachtung der echten maximalen Kraft werden experimentelle Datenanpassung und eine Bestimmung der Parameter durch dieses Modell möglich gemacht.

Generalisierung des Modells

Aufgrund von unterschiedlichen metabolischen Eigenschaften und den charakteristischen Parametern \mathcal{F} und \mathcal{R} ist eine Modifikation des Modells nötig. Die Ermüdungsund Erholungsfaktoren werden wie folgt auf die drei Typen der motorischen Einheiten aufgeteilt:

 $\mathcal{F}^{(I)}, \mathcal{F}^{(IIa)}, \mathcal{F}^{(IIb)}$: Ermüdungsfaktoren der drei Typen motorischer Einheiten

 $\mathcal{R}^{(I)}, \mathcal{R}^{(IIa)}, \mathcal{R}^{(IIb)}$: Erholungsfaktoren der drei Typen motorischer Einheiten

Es gilt:

$$\mathcal{F}^{(I)} < \mathcal{F}^{(IIa)} << \mathcal{F}^{(IIb)} \tag{4.50}$$

 \mathcal{F} und \mathcal{R} kann man zur Unterscheidung der Typen motorischer Einheiten verwenden. Bei Einheiten von Typ I sind \mathcal{F} und \mathcal{R} nahezu null. Einheiten von Typ IIa besitzen eine relativ hohe Ermüdungsresistenz, sie ermüden relativ langsam. Deswegen kann der Ermüdungseffekt größtenteils vom Erholungseffekt aufgehoben werden: $\mathcal{R}^{(IIa)} \geq \mathcal{F}^{(IIa)}$. Bei Typ IIb muss aufgrund der schnell auftretenden Ermüdung und des geringen Ermüdungswiderstands der Ermüdungseffekt viel größer als der Erholungseffekt sein, es gilt $\mathcal{R}^{(IIb)} \ll \mathcal{F}^{(IIb)}$.

Die Anzahl motorischer Einheiten der drei Typen wird durch $M_0^{(I)}$, $M_0^{(IIa)}$ und $M_0^{(IIb)}$ gekennzeichnet. Des weiteren wird eine Unterteilung der drei Typen in drei weitere Zustände vorgenommen, in den unveränderten Zustand $M_{uc}^{(i)}$, den Aktivierungszustand $M_A^{(i)}$ und den Ermüdungszustand $M_{\mathcal{F}}^{(i)}$, wobei i = (I, IIa, IIb). $M_A, M_{\mathcal{F}}$ und M_{uc} in dem zuvor beschriebenen vereinfachten Modell bezeichnen jeweils die Summen der entsprechenden Mengen der teilnehmenden Typen motorischer Einheiten.

Eine einzelne motorische Einheit jedes Typen hat eine feste einheitliche Kraftausgabe, diese wird als $u_0^{(i)}$ bezeichnet für i = (I, IIa, IIb). Die Kraft, die unter einer speziellen Anregung B erzeugt wird, berechnet sich aus

$$U(t) = \sum_{i} u_0^{(i)} \cdot M_A^{(i)}(t)$$
(4.51)

Die 3 Typen der motorischen Einheiten besitzen unterschiedliche Aktivierungsschwellen (threshold), die zu überschreiten sind, um Aktionspotentiale weiterzuleiten. Deren Beziehungen lauten:

$$T_h^{(I)} < T_h^{(IIa)} < T_h^{(IIb)}$$
(4.52)

Da für die motorischen Einheiten von Typ I wie beschrieben gilt:

$$\mathcal{F} \approx 0 \ und \ \mathcal{R} \approx 0,$$

erhalten wir unter Verwendung der Gleichungen 4.38 , 4.39 und 4.40:

$$\frac{M_A^{(I)}(t)}{M_0^{(I)}} = 1 - e^{-Bt}, \quad \frac{M_F^{(I)}(t)}{M_0^{(I)}} = 0, \quad \frac{M_{uc}^{(I)}(t)}{M_0^{(I)}} = e^{-Bt}$$
(4.53)

Die Kraft, die durch diese motorischen Einheiten generiert wird, steigt monoton an. Werden alle motorischen Einheiten in den Aktivierungszustand gebracht, wird die maximale Kraft erzeugt. So lange die Belastung durch das Gehirn aufrecht erhalten wird, bleibt die generierte Kraft auf dem maximalen Wert.



Abbildung 4.23.: Kurve der motorischen Einheiten von Typ I [LBY02]

Eine mögliche Vereinfachung bildet die Integration der Ermüdungs- und Erholungseffekte aller drei Typen in einen gesamten Ermüdungs- und Erholungseffekt. Als Ersatz für die 6 Parameter können der effektive Ermüdungs- und Erholungsfaktor $(\mathcal{F} \text{ und } \mathcal{R})$ verwendet werden, wobei diese aus den einzelnen Faktoren der drei Typen zusammengesetzt werden müssen. Die Gleichungen für den einfachen Typen der motorischen Einheiten können verwendet werden, und die Aufgabe der Datenanpassung wird stark vereinfacht. Durch die Datenanpassung erhält man effektive Faktoren, somit können detaillierte Analysen durchgeführt werden, um die Beiträge der unterschiedlichen Quellen (z. B. Typen der motorischen Einheiten, Rauschen...) zu unterscheiden.

Zeitabhängige Betrachtung der Parameter

Die Anwendung des Modells auf Situationen mit zeitabhängiger Anregung durch das Gehirn ist noch nicht abgeschlossen und in Zukunft weiterhin zu bearbeiten.

Die Ermüdungs- und Erholungsfaktoren \mathcal{F} und \mathcal{R} sind nicht zeitabhängig, solange die Zeitspanne nicht zu lang ist und sich die Kondition des Subjektes während dieser Zeitspanne nicht ändert. Diese Faktoren werden beeinträchtigt durch Training, eingeschränkten Gebrauch (z. B. Ausfall von Muskeln aufgrund eines Bruchs) oder medikamentöse Behandlung während einer kurzen Zeit.

Normalerweise nimmt \mathcal{F} mit der Zeit zu (schnellere Ermüdung), wohingegen \mathcal{R} abnimmt (langsamere Erholung). Ausnahme hierfür ist die Trainingszeit, während dieser Zeit verhält sich die Entwicklung der Faktoren umgekehrt.

Mit dem Dynamischen Modell nach Liu werden wie beschrieben Ermüdungserscheinungen der Muskeln bei isometrischer Kontraktion einbezogen.

4.2. Klassifizierung der Muskelmodelle

Eine Einteilung der vorgestellten Muskelmodelle in verschiedene Klassen wird in diesem Kapitel vorgenommen. Dabei wird unterschieden zwischen der Klassifizierung nach Strukturtiefe, nach Ein- und Ausgangswerten und nach Anwendungsgebiet.
4.2.1. Klassifizierung nach Strukturtiefe [Zah92]

Die vorgestellte Klassifizierung nach [Zah92] ist nicht eindeutig, und die Kategorien schließen sich nicht gegenseitig aus, dennoch liefert sie zumindest ein Gerüst zur Einteilung verschiedener Modelle.

Zunächst werden die Muskelmodelle in drei Klassen unterteilt, und zwar in mikroskopische oder Cross-Bridge/Sarkomere-Modelle, in Fasermodelle und in makroskopische Modelle. Überschneidungen und Vermischungen der Modelltypen sind möglich, daher kann beispielsweise ein makroskopisches Modell mithilfe eines mikroskopischen Modells dargestellt werden.



Abbildung 4.24.: Klassifizierung von Muskelmodellen nach Strukturtiefe (nach [Zah92])

4.2.1.1. Mikroskopische Modelle

Mikroskopische Modelle werden wie folgt aufgeteilt in unkonventionelle und konventionelle Modelle, wobei diese sich gegenseitig überlappen können.

• Konventionelle mikroskopische Modelle (Huxley-Typ)

Bei den konventionellen mikroskopischen Modellen handelt es sich um Huxleytypische Modelle, denen die Cross-Bridge Theorie zugrunde liegt. Diese wurden bereits in Kapitel 4.1.2 ausführlich erläutert. • Unkonventionelle mikroskopische Modelle

Mit den Huxley-typischen Modellen können nicht alle Aspekte des Muskelverhaltens dargestellt werden. Deswegen sind weitere Modelle nötig, die sich bezüglich der Annahmen von den konventionellen Modellen unterscheiden. Aufgrund von fehlenden Beweisen gelten sie nicht als ernstzunehmende Alternativen zu den Huxley-basierten Modellen.

4.2.1.2. Makroskopische Modelle

Innerhalb der makroskopischen Modelle unterscheidet man zwischen viskoelastischen Modellen, Hill-basierten und Systemmodellen.

• Viskoelastische Modelle

Viskoelastische Modelle betrachten den Muskel als viskoelastisches Material. Mit elektrischer Stimulation wird dieses Material von einem flüssigen/fließenden Zustand in einen starren viskosen Zustand überführt. Diese Modelle waren in den 20er und 30er Jahren populär, 1938 jedoch wies Hill die viskoelastische Muskeltheorie aufgrund von Messungen der Hitzeentwicklung während der Kontraktion zurück.

Muskeln besitzen zwar einige viskoelastische Eigenschaften, diese sind aber nicht die Hauptgründe für das mechanische Muskelverhalten. Entspannungserscheinungen wie die kurzfristige Änderung der Muskelkräfte nach einem plötzlichen Verkürzen oder Verlängern wurden früher auf die Muskelviskoelastizität zurückgeführt, heute sind sie als Anzeichen von chemischen Reaktionen zwischen Aktin und Myosin zu verstehen. Trotz Hill's Widerruf und der modernen Cross-Bridge Theorie erschienen weiterhin viskoelastische Modelle in wissenschaftlicher Literatur.

• Hill-basierte Modelle

Auf die Modelle nach Hill wurde bereits in Kapitel 4.1.1 näher eingegangen.

• Systemmodelle

Als Systemmodelle bezeichnet [Zah92] Black-Box-Modelle, deren Ziel es ist, das Muskelverhalten unter passenden Einschränkungen vorherzusagen. Als die einfachsten Modelle dieser Art sind die linearen von der Zeit unabhängigen Modelle mit jeweils einer einzelnen Ein- und Ausgabe zu nennen.

4.2.1.3. Fasermodelle

Fasermodelle beziehen sich auf die Faserebene des Muskels, wobei die Ungleichmäßigkeit einer Faser in Betracht gezogen wird, welche einen wichtigen Aspekt für das makroskopische Verhalten von Muskeln darstellt. Hintereinander in einer Kette angeordnete Sarkomere können sich in ihrer Länge, im Aktivierungsgrad oder in anderen Eigenschaften unterscheiden. Die Länge der Sarkomere hat insofern Auswirkungen auf das mechanische Verhalten, als dass bei Kürzung die isometrische Spannung steigt, bei Verlängerung fällt sie dementsprechend, während bei mittlerer Sarkomerelänge eine gleichbleibende Spannung anliegt. Zudem ist ein Sarkomer mit jeder Länge durch eine Hill-typische Kraft-Geschwindigkeits-Beziehung charakterisiert. Weiterhin können die Sarkomere bei hoher Dehnung große äußere Kräfte aufnehmen.

Für die in dieser Arbeit vorgestellten Muskelmodelle ergibt sich die in Tabelle 4.1 dargestellte Klassifizierung nach Strukturtiefe. Jedoch ist diese Einteilung nicht immer eindeutig.

	Mikroskopisches Modell		Makroskopisches Modell			Facormodello
	konventionell	unkonventionell	viskoelastisch	Hill-basiert	Systemmodelle	Fasermodelle
Hill				1		
Huxley						
Physiologisch	1					
Neuronales Netzwerk					1	
Distribution Moment	1			1		
FEM-basiert				1		
Wexler	1			1		1

Tabelle 4.1.: Mögliche Einordnung der vorgestellten Modelle in Kategorien nach Strukturtiefe Das Anatomische, Zweischichtige und auch das Dynamische Modell nach Liu lassen sich nicht in dieses Schema einteilen, da sie nicht zu den klassischen Muskelmodellen zählen, mit denen sich die Muskelkraftgenerierung eigenständig berechnen läßt. Das Anatomische und das Zweischichtige Modell realisieren eine graphische Darstellung der Muskeln und deren Deformierungen, Liu's Dynamisches Modell dient lediglich der Bestimmung von Ermüdungserscheinungen. Eine Kombination mit den klassischen Muskelmodellen ist möglich.

4.2.2. Klassifizierung nach Ein- und Ausgangswerten

Bevor näher auf die Klassifizierung nach Ein- und Ausgangswerten eingegangen wird, ist eine Unterscheidung zwischen Parametern, Eingangsgrößen, Systemzuständen und Ausgangsgrößen zu treffen.

Als Parameter sind in diesem Fall bestimmte Eigenschaften zu verstehen, wie beispielsweise die maximal generierbare Kraft oder die Muskellänge im Ruhezustand. Es wird weiterhin unterschieden zwischen freien und festen Parametern. Freie Parameter sind solche, die sich von Muskel zu Muskel unterscheiden können (z. B. Muskellänge bei Dehnung), wohingegen die festen Parameter für alle Muskeln gleich sind (beispielsweise die Permeabilität der Membran der Kalziumkanäle gegenüber Kalziumionen).

Aus Eingangsgrößen werden interne Systemzustände berechnet, z. B. die Kalziumkonzentration. Die Werte der Systemzustände dienen der Ermittlung der Ausgangsgrößen des Modells.

Hill'sches Muskelmodell

Abbildung 4.25 stellt das Schema der Hillschen Modellierung dar. Die nötigen Eingabewerte sind hierbei die durch Stimulationsimpulse hervorgerufene Aktivierungsintensität U und die Gelenkwinkel θ_j . Als Ausgabe liefert das Modell unter Berücksichtigung der Muskel-Gelenk-Geometrie (muscle joint geometry - MJG) das Moment und somit die generierte Muskelkraft.



Abbildung 4.25.: Schematische Modellierung nach Hill [RFA99]

Huxley-basiertes Muskelmodell

Durch Stimulationsimpulse werden Aktionspotentiale weitergegeben. Diese sorgen für eine Freisetzung und Wiederansammlung von Kalziumionen im SR. Durch Kalziumionen, die in das Zentrum des Muskels fließen, wird Troponin gebunden, woraufhin eine Querbrückenbindung durch die Aktin- und Myosinfilamente ermöglicht wird. Es folgt Kontraktion und einhergehende Kraftgenerierung.

Als Ausgabe wird aus den eingehenden Stimulationsfrequenzen die erzeugbare Muskelkraft berechnet.

Physiologisch basiertes Modell

Wie in Abbildung 4.7 zu erkennen ist, gehen auch hier Stimulationsimpulse in das physiologisch basierte Modell ein. Diese sorgen im ersten Untermodell, dem Nervenmodell, bei Überschreitung eines Schwellwertes für die Weitergabe von Aktionspotentialen an das T-Tubulus-Depolarisations-Modell. Hier werden die Depolarisierungen v_{tt} zum Zeitpunkt t berechnet. Die freigegebene und angesammelte Kalziumionenkonzentration wird im entsprechenden Dynamikmodell für Freigabe und Ansammlung von Kalziumionen berechnet und an das Kontraktionsdynamikmodell zur Berechnung der Kraft, die vom kontraktilen Element CE generiert wird, weitergegeben. Faserlänge und Fasergeschwindigkeit müssen des weiteren bekannt sein.

Neuronales Netzwerk Muskelmodell

Eingangswerte des Neuronalen Netzwerk Muskelmodells sind wie in Abbildung 4.9 zu sehen die Muskelaktivierungsintensität der verschiedenen Muskeln, außerdem deren

Gelenkwinkel. Als Ausgang wird daraus das Moment berechnet, das auf dem Gelenk wirkt.

Distribution Moment Modell

Dem Distribution Moment Modell geht die Stimulation zu einem bestimmten Zeitpunkt als Aktivierungsfaktor r ein, dieser stellt eine Funktion der sarkoplasmatisch freien Kalziumkonzentration dar. Die Stimulation wirkt entweder auf einzelnen Muskelfasern, auf Bewegungseinheiten oder auf künstlich stimulierten ganzen Muskeln. Sie dient der Berechnung der Verteilung der Momente je nach Verbundlänge der Querbrücken.

FEM-basiertes Muskelmodell

Grundlage für das FEM-basierte Muskelmodell stellt ein System dar, welches in Finite Elemente eingeteilt wird, wobei die Gittergenerierung auch Teil des Verfahrens sein kann. Sowohl Parameter als auch die auf das System wirkende Kraft dienen als Eingabegrößen. Daraus wird ein aufgrund der wirkenden Kraft verformtes System entwickelt.

Anatomisches Modell

Die Kontrollpunkte P_i , die Anzeige des Querschnitts relativ zur Control Axial Curve u und die Basisfunktion in Form eines B-Splines dritten Grades werden zur Berechnung der Control Axial Curve benötigt, somit werden die Länge, Position und Richtung des Muskels bestimmt. Aus Position und Richtung des Querschnitts relativ zur Kontrollachse und aus den entsprechenden Kontrollpunkten läßt sich die Gestalt des Querschnitts bestimmen, also die Control Cross Section und somit die Kontur und Größe der Muskeln.

Zur Muskeldeformierung werden die Gelenkwinkel benötigt. Daraus werden Varianten von Muskellänge und -Position bestimmt. Zuletzt berechnet sich bezüglich dieser Varianten die Deformation der Muskeloberfläche unter Berücksichtigung der Volumenerhaltung.

Nicht die Stimulationsimpulse an sich, sondern die Auswirkungen der Kontraktion aufgrund der Impulse gehen in das Modell ein.

Zweischichtiges Modell

Die Kontrollpunkte, welche die Wirkungslinien definieren, gehen in das Zweischichtige Modell ein. Daraus wird die Muskeloberfläche bzw. eine Deformierung der Muskeloberfläche bestimmt.

Wexlers Ermüdungsmodell

Für Wexlers Ermüdungsmodell sind neun Parameter nötig, wobei die Bestimmung dieser Parameter durch Experimente an Ratten erfolgt. Anhand einer eingehenden Stimulationsfolge werden die damit generierte Kraft und die Kalziumkonzentration in den Muskeln in Abhängigkeit von eventuell auftretender physiologischer Ermüdung berechnet.

Dynamisches Modell nach Liu

Als Eingabe wirkt ein elektrischer Impuls B. Dieser kann entweder extern oder durch das Gehirn ausgeübt werden. Des weiteren besitzt das Modell drei Parameter, dies sind ein Ermüdungsfaktor F, ein Erholungsfaktor R und die Anzahl motorischer Einheiten M_0 . B, F und R sind experimentell bestimmbar. Ermittelt wird der Anteil der aktivierten motorischen Einheiten, welche für die Muskelkraftgenerierung verantwortlich sind.

Mit Ausnahme des FEM-basierten Muskelmodells bedienen sich alle anderen vorgestellten klassischen Muskelmodelle der Mehrkörpersysteme zur Modellierung von Muskeleigenschaften. Als Eingabegrößen dienen hierbei stets Stimulierungsimpulse, als Resultat wird die generierte Muskelkraft ausgegeben. Bei Modellen, die die FEM als Grundlage nutzen, liegt zunächst eine Struktur vor, in die eine Kraft eingeht. Die neue verformte Struktur, die sich unter gegebener Krafteinwirkung mithilfe der FEM berechnen läßt, wird als Ergebnis der Modellierung geliefert.

Somit erhalten wir folgende in Tabelle 4.2 dargestellte Klassifizierung:

	Mehrkörpersystem	Finite Elemente Methode	
Hill	↓		
Huxley	<		
Physiologisch	*		
Neuronales Netzwerk	*		
Distribution Moment	1		
FEM-basiert		<	
Wexler	*		
Eingabe:	Reizung, Stimulation	Parameter, Kraft	
Ausgabe:	erzeugbare Muskelkraft	verformte Struktur	

Tabelle 4.2.: Klassifizierung der Modelle nach Ein- und Ausgabewerten

4.2.3. Klassifizierung nach Anwendungsart

Hill'sches Muskelmodell

Varianten des Hill'schen Muskelmodells werden voraussichtlich zukünftig in der makroskopischen Biomechanik verwendet. Obwohl keine von der Vorgeschichte abhängigen Effekte wie z. B. Ermüdung betrachtet werden, gilt das Modell nach Hill als praktikabelstes Muskelmodell zur biomechanischen Simulation menschlicher Bewegungen [NH98].

Huxley-basiertes Muskelmodell

Für das Huxley-basierte Muskelmodell besteht aufgrund der mikroskopischen Sicht und daraus resultierender Komplexität kaum Verwendung in der Bewegungssimulation [NH98]. Es gilt lediglich in Bezug auf Labor-Experimente als relativ glaubwürdig.

Physiologisch basiertes Modell

Das vorgestellte Physiologisch basierte Modell stellt die grundlegenden internen Prozesse der menschlichen Muskelkontraktion und interne Dynamiken der menschlichen Bewegung dar [Dor98]. Es wird als Werkzeug für das Design von Neuroprothesen und deren Kontrollsysteme verwendet.

Als Neuroprothesen bezeichnet man Geräte, die Bewegungssignale (Functional Neuromuscular Stimulation - FNS) verwenden, die im Gehirn gelesen und direkt in Bewegung umgesetzt werden können. Elektrische Signale werden auf Nerven angesetzt,

um fehlende oder fehlerhafte Funktionen wiederherzustellen. Liegt eine Verletzung vor, so werden die noch intakten Nerven unterhalb dieser Verletzung künstlich aktiviert, was ein Wiedererlangen der verlorenen motorischen Fähigkeiten ermöglicht.

Die Diagnose und Bewertung von Bewegungsstörungen oder Krankheitserscheinungen wird ermöglicht, des weiteren kann die Optimierung athletischer Leistungen erreicht werden.

Neuronales Netzwerk Muskelmodell

Vergleichbar mit dem Hill'schen Muskelmodell wird das Neuronale Netzwerk Muskelmodell zur Simulation menschlicher Bewegungen verwendet. Das erlernte Wissen aus der Trainingsphase wird in den Gewichten über das gesamte Netz verteilt gespeichert. Dieser Vorgang wird als verteiltes Lernen bezeichnet. Mit jeder neuen Anwendung des Netzwerkes findet ein kontinuierlicher Lernprozess statt.

Distribution Moment Modell

Das Distribution Moment Modell stellt eine Mischung zwischen dem Huxley- und dem Hill-typischen Muskelmodell dar. Es wird verwendet für globale Dynamiken des Bewegungsapparates.

Die DM-Approximation kann sich zu einem einfachen und exakten mathematischen Muskelmodell entwickeln [Zah81]. Dies kann Verwendung finden in Studien der Extremitätsdynamiken, Reflex-Funktionen und damit in Zusammenhang stehende Bereiche.

FEM-basiertes Muskelmodell

Das vorgestellte FEM-basierte Muskelmodell wird zur Simulation von Gesichtsausdrücken und Animation beliebiger Gesichter verwendet. Zum Gebrauch in Echtzeitsystemen sind Vereinfachungen umzusetzen.

Anatomisches und Zweischichtiges Modell

Sowohl das Anatomische als auch das Zweischichtige Modell dient zur Simulation der Muskeldeformation in Echtzeit. Anhand der durch CT und Laser-Scans erhaltenen Daten liefern sie anatomische Korrektheit und stellen eine effektive Methode zur Muskelmodellierung oder zur Modellierung anderer weicher Gewebe dar. Beide Modelle stützen sich auf rein geometrische Theorien. Die Muskeldeformierung basiert auf den physikalischen Charakteristika der Menschen.

Diese Modelle können dazu verwendet werden, eine bessere Anpassung der Parameter anderer Muskelmodelle zu erzielen.

Wexlers Ermüdungsmodell

Die Simulation von Gewichthebeübungen ist unter den Gesichtspunkten der genannten Einschränkungen möglich. Als Beispiel hierfür ist eine Beinstreck-Übung mit Gewicht in Abbildung 4.26 dargestellt [Vig04]. In a) wird das Gewicht zunächst angehoben und in b) so lange wie möglich gehalten. Nach einiger Zeit tritt Ermüdung ein, die Muskeln generieren weniger Kraft, und die Beine bewegen sich wieder in eine vertikale Stellung zurück. Je größer die Last des Gewichtes ist, desto schneller tritt Ermüdung ein und desto schneller bewegen sich die Beine zurück in die vertikale Position.



Abbildung 4.26.: Beinstreck-Übung mit Gewicht (nach [Vig04])

Es handelt sich um ein analytisches Modell und hängt somit nicht von experimentellen Ergebnissen ab wie z. B. das Neuronale Netzwerk Modell, abgesehen von den Methoden, die die eingehenden Parameter bestimmen.

Dynamisches Modell nach Liu

Die Zusammenhänge der Typen motorischer Einheiten mit Ermüdungs- und Erholungseffekt können als quantitative Methoden dazu genutzt werden, um die Muskeln zu differenzieren.

 β wird dazu verwendet, um die maximal ausübbare Kraft zu bestimmen [LBY02]. γ beschreibt die abfallende Steigung der Aktivierungskurve. Je größer γ ist, desto kleiner ist der Abfall der Aktivierungskurve. Unterschiedliche charakteristische Werte von β und γ sind jungen, älteren, gesunden, kranken, trainierten und untrainierten Leute zugeordnet. Diese Werte können dementsprechend als Anzeichen für klinische Diagnosen bestimmter Krankheiten dienen.

Trainierten oder jungen Menschen ist ein kleinerer Ermüdungsfaktor zugeordnet, da bei ihnen das Kommando für maximale Kontraktion stärker ist als bei untrainierten, älteren oder kranken Menschen. Sie erhalten daher ein größeres maximales β , außerdem ist ein größeres γ zu erwarten, da deren Muskeln für gewöhnlich langsamer ermüden.

F und R gelten als Indikatoren des physischen Zustands eines Subjektes. Durch die Bestimmung der Faktoren läßt sich beispielsweise die Effektivität von Anti-Agingund Trainingsprozeduren messen und bewerten.

Lediglich das Muskelmodell nach Hill sowie das Neuronale Netzwerk Modell können zu einer Klasse von Anwendungsarten gezählt werden. Eine Klassifizierung der anderen Modelle ist nicht möglich, da jedes Modell für ein bestimmtes Anwendungsgebiet entwickelt wurde.

4.3. Bewertung der Modelle

Hill'sches Muskelmodell

Aufgrund ihrer einfachen Implementierung sind die Muskelmodelle nach Hill weit verbreitet. Dennoch sind ihnen deutliche Grenzen gesetzt.

Die Hill'schen Muskelmodelle stellen nicht die Kontraktion eines einzelnen Muskels dar, sondern können lediglich bestimmte Aspekte des Zusammenspiels von Muskeln und Körperteilen in Muskelsystemen liefern [Zah92]. Die Auswirkungen von Längenänderung und Aktivierung beeinflussen sich gegenseitig, diese Beeinflussung ist allerdings nur bedingt vorhersagbar [NH98]. Die Muskelmodelle nach Hill basieren auf einer begrenzten Menge experimenteller Beobachtungen. Es handelt sich hierbei um isometrische, isotonische und isokinetische Kontraktionen, wobei im Normalfall eine maximale Aktivierung angelegt ist [NH98]. Sobald Abweichungen von den standardmäßigen Bedingungen auftreten, kann nicht davon ausgegangen werden, dass die viskoelastischen Theorien bezüglich der CE der Realität entsprechen. Weiterhin sind nach [NH98] fundamentale Annahmen und Voraussetzungen wie beispielsweise die Kraft-Längen- und Kraft-Geschwindigkeits-Beziehungen experimentell nicht bewiesen.

Effekte, die aus vorangehenden Ereignissen oder Gegebenheiten resultieren, können mit diesem Modell nicht betrachtet werden [NH98].

Es besteht zur einen Hälfte aus mechanischen Komponenten (PE, SE), zur anderen Hälfte aus empirischen (CE), daher wird es auch als semianalytisches Modell bezeichnet. Somit ist nicht ausgeschlossen, dass die CE einen Zustand annimmt, der in den bisherigen Experimenten nicht vorkam.

Das Hill'sche Muskelmodell ist das praktikabelste Muskelmodell zur Simulation menschlicher Bewegung [NH98]. In der Muskelphysiologie ist das zweielementige Hill-Modell gebräuchlich, bei dem CE und SE seriell geschaltet sind [Zah81]. Trotz seiner Einfachheit bietet es eine qualitative und bis zu einem gewissen Grad auch quantitative Beschreibung vieler mechanischer Phänomene, wie das Verhalten bei isotonischem Lösen, der Anstieg der isometrischen Spannung und den Spannungsabfall nach schnellem Lösen. Zudem macht es quantitative Vorhersagen über das mechanische Muskelverhalten.

Teile der seriellen Elastizität liegen jedoch im kontraktilen Gewebe, somit variieren isometrische Kraft und Verkürzungsgeschwindigkeit mit der Länge bei konstanter Stimulation, was durch dieses Modell nicht darzustellen ist. Außerdem ist es nicht dazu in der Lage, realistisches Verhalten der skelettalen Muskeln bei Dehnung darzustellen.

Rechnerisch sind diese Modelle weitaus anpassbarer als Huxley-typische Modelle.

Huxley-basiertes Muskelmodell

Huxley-basierte Muskelmodelle bieten eine präzise Beschreibung der physiologischen Vorgänge während einer muskulären Aktion, werden allerdings kaum zur Simulation komplexer menschlicher Bewegungen verwendet, da die Bestimmung der notwendigen Parametern schwierig ist und direkte Messungen oft nicht möglich sind [NH98]. Sie dienen lediglich der Untersuchung einfacher stereotyper Bewegungsformen.

Die Modelle nach Huxley sind zu komplex, um direkt zur makroskopischen Beschreibung des Muskels verwendet zu werden [Zah81]. Der rechnerische Aufwand ist zu groß, um nur einfache Experimente zu simulieren. Vielmehr dienen sie der Interpretation von präzisen Experimenten auf isolierten Muskelfasern, um Hypothesen zu testen, welche die molekularen Kontraktionsmechanismen betreffen.

Sowohl die Hill- als auch die Huxley-typischen Modelle bieten einige experimentell beobachtete Phänomene, wobei Cross-Bridge Modelle, vor allem die mit mehreren Verbindungszuständen, eine größere Bandbreite liefern [Zah92].

In Bezug auf Labor-Experimente sind Huxleys Muskelmodelle als glaubwürdiger zu sehen als Hill-typische Modelle, da sie fundamentale Mechanismen enthalten, die dem Prozeß der Kontraktion unterliegen.

Sie basieren direkt auf dem physiologischen Wissen der mikroskopischen Muskelstruktur und auf den molekularen Kontraktions-Mechanismen und besitzen die Fähigkeit, Aspekte des Muskelverhaltens realistisch darzustellen, falls geeignete Annahmen über Aktin-Myosin-Interaktionen getroffen sind [Zah81].

Huxley-typische Modelle sind komplexer als die zuvor bewerteten Hill'schen Muskelmodelle und erfordern daher eine komplexere Programmierung und weit mehr Rechenzeit, decken jedoch einen größeren Gültigkeitsbereich ab [NH98].

Physiologisch basierte Modelle

Physiologisch basierte mathematische Modelle bieten Einblick in die interne Systemdynamik der menschlichen Bewegung und der Mechanismen der Muskelkontraktion [Dor98] und sind mit dem Modell nach Huxley vergleichbar. Die Exaktheit der Ausgabe des Modells hängt sehr stark von der Detailliertheit des menschlichen Bewegungsmodells ab, das die für das physiologisch basierte Modell benötigten Parameter liefert.

Neuronales Netzwerk Muskelmodell

Das Neuronale Netzwerk Muskelmodell ist ein mathematisches Modell und dient der Abbildung von Ein- auf Ausgabefolgen, wobei es keine Beschreibung der Sytemfunktionalität liefert. Man erhält eine annehmbare Approximation zu einer gegebenen willkürlichen Eingabefolge.

Die Entwicklung eines solchen Modells ist allerdings sehr aufwändig, zudem ist es aufgabenabhängig, der entsprechende Gültigkeitsbereich wird durch die Trainingsphase festgelegt. Aufgrund der Vielfältigkeit von Bewegungen ist die Gefahr groß, dass Aufgaben ausserhalb des Gültigkeitsbereichs angesprochen werden, was dazu führt, dass die Effektivität des Neuronalen Netzwerkes verloren geht.

Distribution Moment Modell

Ein Vorteil des DM-Modells ist die Repräsentation der Muskeln, die sich der analytischen und rechnerischen Einfachheit von Hill-typischen Modellen annähert, während es gleichzeitig die angenommenen physiologischen Eigenschaften und die mikroskopische Detailliertheit der Huxley-typischen Modelle beibehält [Zah92]. Das relativ komplizierte mathematische Huxley-typische Modell, welches durch partielle Differentialgleichungen verkörpert wird, wird zu einem vergleichsweise einfachen Modell reduziert, das sich mit drei gewöhnlichen Differentialgleichungen beschreiben läßt [Zah81]. Anhand dieser DGLs lassen sich Kraft, Steifigkeit und Energie direkt ermitteln, ohne zunächst die Bindungsverteilungsfunktion berechnen zu müssen.

Die meisten der Parameter des DM-Modells basieren auf experimentellen Messungen [MDO⁺99] und sind teilweise schwer zu identifizieren [Zah92].

Mit unterschiedlichen Stimulationsfrequenzen wird eine gute Übereinstimmung von Modell und Experiment erreicht. Die Parameterwerte stellen jedoch vorläufig nur eine erste Annäherung dar. Weitere experimentelle Erkenntnisse sind für genauere Festlegungen erforderlich.

Das Modell bietet eine realistische Annäherung des komplizierten experimentellen Muskelverhaltens bei Dehnung, Verkürzung und Schwingung und liefert eine direkte mathematische Beziehung zwischen mikroskopischen und makroskopischen Parametern [Zah92]. Mikroskopische Parameter stammen aus kinetischen Theorien, makroskopische Parameter stellen die eines gesamten Muskelmodells dar. Von Vorteil ist weiterhin, dass das Modell weiterhin lenkbar/anpassbar bleibt, wenn genauere Aussagen über Auswirkungen der Muskellänge und variierender Stimulation gemacht werden können.

FEM-basiertes Muskelmodell

Das vorgestellte FEM-basierte Muskelmodell liefert eine gute Approximation der Ergebnisse der Gesichtsdeformation und dient zur Animation menschlicher Gestalten in virtuellen Umgebungen.

Zur Verwendung dieser Methode in Echtzeitsystemen (z. B. in virtuellen Konferenzsystemen) sind aufgrund der komplexen FEM-Berechnungen Vereinfachungen nötig [KGB98], [KGB97]. Zu diesen Vereinfachungen zählt einerseits eine ausschließliche Verwendung von Bereichsselektionen (Range-Scans). Falls hierbei keine Volumendaten zur Verfügung stehen, werden diese einer Datenbank entnommen, in der bereits jedem Bereich des Gesichtes ein Steifigkeitsfaktor zugewiesen ist. Anstelle einer exakten Schädelrepräsentation bedient man sich aus Performanzgründen eines Ersatzschädels. Andererseits sollte eine Animation durch Superposition der Verschiebungsfelder erfolgen, da die Durchführung von FEM-Berechnungen zu aufwändig ist. Stattdessen verwendet man einen linearen Ansatz der FEM, wobei die Basisemotionen zuvor berechnet und entsprechende Verschiebungsfelder während der Animation gewichtet aufaddiert werden können.

Anatomisches Modell

Anatomische Modelle spiegeln anatomische Korrektheit wieder. Realistische Deformationen sind in Echtzeit möglich. Die Berechnung der Deformation wird aufgrund von rein mathematischen Methoden durchgeführt, wodurch die Komplexität gegenüber biomechanischen oder physikalischen Theorien stark reduziert wird. Durch dieses Modell ist eine effektive und effiziente Methode zur Muskelmodellierung oder zur Modellierung anderer weicher Gewebe gegeben.

Zweischichtiges Modell

Mit dem Zweischichtigen Modell können die meisten oberflächlichen Muskeln dargestellt werden. Da hauptsächlich eindimensionale Masse-Feder-Systeme Verwendung finden, kann mit diesem Modell eine schnelle Muskeldeformierung erreicht werden. Diese wird durch Anpassung der betroffenen Wirkungslinien erzielt. Für die Arbeit mit dem Zweischichtigen Modell ist anatomisches Wissen erforderlich, da es sich auf die Anatomie und Physiologie stützt, um realistische Modelle zu schaffen.

Wexlers Ermüdungsmodell

Die durch das Modell vorhergesagte isometrische durch kurze aufeinanderfolgende Stimulationen hervorgerufene Kraft ist nahezu identisch mit den experimentell gemessenen Kräften [Vig04]. Liegt eine lange Folge von Stimulationen an, so versagt das Modell.

Die Vorteile des Modells bestehen darin, dass nur neun Parameter benötigt werden, somit weniger als bei anderen kalziumkinetischen Modellen. Hinzu kommt, dass die benötigten Parameter eine physiologische Interpretation besitzen, so steht k_0 beispielsweise für die Konzentration der Kalzium-Aufnahme des SR.

Wexlers Ermüdungsmodell liefert eine gute Vorhersage der generierten Kraft und des Ermüdungseinsatzes, dennoch unterliegt es Einschränkungen [Vig04]. Diese Einschränkungen betreffen sowohl die Parameter, die für das Modell zu bestimmen sind, als auch die Anwendung des Modells.

Die Parameter werden auf einen Muskel angewendet, der extern stimuliert wird. Die motorischen Einheiten und Muskelfasern werden damit auf eine andere Art angesprochen als durch eine willkürliche Erregung durch das Gehirn. Es werden von Beginn an alle motorischen Einheiten des gesamten Muskels zur Kontraktion angeregt. Da jede motorische Einheit Kraft generiert, wird insgesamt eine große Kraft erzeugt, deswegen erfolgt ein großer Anstieg der Maximalkraft, was eine schnellere Ermüdung der Muskeln zur Folge hat.

Bei der Stimulation durch das Gehirn hingegen werden zunächst die motorischen Einheiten von Typ I, dann die von Typ IIa und letztendlich die Einheiten von Typ IIb aktiviert. Mit dieser schrittweisen Aktivierung ist die Möglichkeit der Erholung momentan nicht angesprochener Einheiten gegeben, was zur Folge hat, dass die Kraft über einen längeren Zeitraum generiert werden kann und eine Ermüdung des Muskels relativ spät erfolgt.

Die Kraft-Geschwindigkeits-Beziehungen des Muskels lassen sich nicht in das Modell integrieren. Zudem werden die Kraft-Längen-Eigenschaften mit einer relativ groben Methode an das Modell angepaßt. Dies erfolgt experimentell, indem Kraft und Länge gemessen werden. Da bei den Experimenten keine Möglichkeit der Bewegung existiert, kann keine Geschwindigkeit aufgenommen werden.

Eine Trennung von externer Stimulation und der Anregung durch das Gehirn ist an lebenden Menschen nicht möglich, da hierzu die Muskeln vom Körper gelöst und Nerven getrennt werden müssten. Dieses Problem kann umgangen werden, indem man die externe Stimulation beseitigt und stattdessen eine Anregung durch das Gehirn erlaubt. Die Messung der Stimulation durch das Gehirn kann mithilfe eines Elektromyogramms durchgeführt werden. Eine andere Möglichkeit ist, die externe Stimulation als initialen Startpunkt zu verwenden und Bereiche für die unterschiedlichen Parameter zu bestimmen, die verändert werden können, um passende Ergebnisse zu erhalten.

Das Modell basiert auf Experimenten mit Ratten. Die physiologischen Prinzipien bei Muskeln von Ratten und Menschen sind dieselben, und eine Abtrennung der Muskeln und Nerven bei Ratten ist möglich. Damit liefert das Modell realistische Muskeleigenschaften.

Es gibt unterschiedliche Arten von Ermüdung. Das vorgestellte Modell befaßt sich lediglich mit der anaeroben Ermüdung. Die aeroben und psychologischen Formen der Ermüdung werden nicht betrachtet.

Daten und Parameter wurden bisher nur für den menschlichen Quadrizeps erfaßt. Eine einfache Übertragung auf andere Muskelgruppen ist möglich, sobald es entsprechende experimentelle Daten und Parameter dafür gibt.

Dynamisches Modell nach Liu

Das Dynamische Modell nach Liu beruht auf Grundlagen der biophysikalischen Prinzipien der Muskelkraftgenerierung bei Dehnung unter willkürlicher Anregung durch das Gehirn [LBY02]. Es liefert eine biophysikalische Abbildung, wobei lediglich eine geringe Anzahl von Parametern nötig ist. Damit ist dieses Modell für die Datenanpassung und für allgemeine Anwendungen geeignet. Es liefert den theoretischen Rahmen für ein besseres Verständnis der Muskelaktivierung in Zusammenhang mit Ermüdung und Erholung der motorischen Einheiten und zudem eine natürliche Erklärung der maximalen Kraftproduktion durch den Muskel. Genau wie mit Wexlers Ermüdungsmodell wird nur die anaeroben Ermüdung dargestellt.

Zusätzlich zu den echten Ermüdungs- und Erholungserscheinungen gibt es ähnliche Effekte, welche ein Rauschen in den echten Daten verursachen. Diese Effekte sind bereits beim Ermitteln der Daten zu minimieren. Des Weiteren müssen die Quellen des Rauschens modelliert werden. Eine Differenzierung zwischen den echten und ähnlichen Ermüdungs- und Erholungsfaktoren muss während der Anpassung der experimentellen Daten erfolgen.

Die Feuerrate der Aktionspotentiale wird vernachlässigt, da sie nicht benötigt wird, solange genügend motorische Einheiten einbezogen sind.

Durch den Vergleich von theoretischen und experimentellen Ergebnissen ist zu erkennen, dass das Verhalten von Aktivierung, Ermüdung und Erholung der motorischen Einheiten durch das Dynamische Modell nach Liu angemessen beschrieben wird. Dies gilt allerdings nur für isometrische Kontraktionen, es werden keine Beziehungen zwischen Kraft und Geschwindigkeit oder Kraft und Länge der Muskeln hergestellt. Weiterhin wird die Erholung und darauffolgende erneute Aktivierung von ermüdeten Einheiten nicht betrachtet. Somit ist eine realitätsnahe Darstellung von Bewegungen nur bedingt möglich.

Für die abschließende Bewertung erfolgt zunächst eine Einteilung in die in Kapitel 2 vorgestellten analytischen und semanalytischen Modelle. Weiterhin wird der Implementierungsaufwand abgeschätzt und die Ermittlung der für die einzelnen Muskelmodelle benötigten Parameter bestimmt. Ebenso wird der Gültigkeitsbereich betrachtet, in dem das entsprechende Modell als glaubwürdig gilt. Zuletzt wird die Lenkbarkeit betrachtet, welche die mathematische Manipulierbarkeit und Interpretierbarkeit betrifft und bereits zu Beginn des Kapitels 4 angesprochen wurde.

	Modellarten	Implementierungs- aufwand	Bestimmung der Parameter	Gültigkeits- bereich	Lenkbarkeit
Hill	semianalytisch	gering	einfach	universell	anpassbar
Huxley	semianalytisch	groß	schwierig	universell	wenig anpassbar
Physiologisch	semianalytisch	groß	schwierig	universell	wenig anpassbar
Neuronales Netzwerk	analytisch	sehr groß	experimentell	aufgaben- abhängig	schwierig anpassbar
DM-Modell	semianalytisch	gering	schwierig, experimentell	universell	anpassbar
FEM-basiert	analytisch	sehr groß	aufwändig, experimentell	universell	anpassbar
Anatomisch	nicht einzuordnen	mittel	aufwändig, experimentell	universell	anpassbar
Zweischichtig	nicht einzuordnen	mittel	aufwändig, experimentell	universell	anpassbar
Wexler	analytisch	groß	experimentell	speziell: isometrisch	anpassbar
Dynamisch n. Liu	semianalytisch	gering	experimentell	speziell: isometrisch	anpassbar

Es ergibt sich folgende Tabelle:

Tabelle 4.3.: Bewertung der vorgestellten Muskelmodelle

5. Ergebnisse

In diesem Kapitel werden die Muskelmodelle auf ihre Einsatzmöglichkeiten in biomechanischen MKS-Modellen überprüft. Es erfolgt die Implementierung der Ansätze des Dynamischen Modells nach Liu mit der Visualisierung der daraus resultierenden Bewegung.

5.1. Einsatzmöglichkeit in biomechanischen MKS-Modellen

Um die Frage nach den Einsatzmöglichkeiten der vorgestellten Muskelmodelle beantworten zu können, werden in Kapitel 5.1.1 zunächst die Eigenschaften des am Fachgebiet Simulation und Systemoptimierung entwickelten biomechanischen Modells beschrieben. Anschließend werden die untersuchten Modelle auf Anwendbarkeit auf dieses biomechanische MKS-Modell überprüft.

5.1.1. Eigenschaften des am Fachgebiet entwickelten biomechanischen MKS-Modells

In dem hier vorgestellten biochemischen Modell wird das von [Spa98] erweiterte Hill'sche Muskelmodell verwendet. Die Erweiterung liegt hierbei darin, dass er dem System als Eingabe einen Reizfaktor zukommen läßt, der die Stärke der Reaktionen der einzelnen Muskeln bestimmt. Das biomechanische Modell besteht aus einem Bein, das Bewegungen in der sagittalen Ebene durch Drehungen um die Hüfte und um das Knie ermöglicht. Aus Effizienzgründen besitzt es fünf für die Bewegungen maßgeblichen Muskelgruppen, die ihrerseits aus Muskeln zusammengesetzt sind, welche jeweils ähnliche Auswirkungen auf das Bewegungsmuster des Beines ausüben. Eine Aufgabe des Modells ist es, die untere Extremität anhand von Stimulierungen der modellierten Muskeln auf schnellste Art in eine vorgegebene Endposition zu bringen. Gelenke und Segmente sind als Baumstruktur angeordnet, Muskeln werden als Kräfte dargestellt.



Abbildung 5.1.: Modell mit 5 Muskelgruppen (nach [Hat75])

Eingabegrößen sind [Hat75]:

- x_0, x_1 : Gelenkwinkel für Gelenk 1 und Gelenk 2
- x_2, x_3 : Winkelgeschwindigkeit für Gelenk 1 und Gelenk 2
- S_{γ} : normierte freie intrazelluläre Kalziumionen-Konzentration der einzelnen Muskelgruppen
- *u*: Reizrate für jede Muskelgruppe

Für beide Gelenke werden Masse, Trägheitsmoment, Länge des Knochens (Segment) und Abstand des Gelenks zum Schwerpunkt nach [Hat75] zugewiesen.

Winkelabhängige Parameter stellen die Muskellängen dar, sie berechnen sich aus den entsprechend gegebenen Gelenkwinkel. Die Verkürzungsgeschwindigkeiten der Muskeln bei Kontraktion ergeben sich aus den Gelenkwinkeln und den Winkelgeschwindigkeiten. Aus den normierten Reizraten, der Muskellänge und der Muskelgeschwindigkeit der jeweiligen Muskelgruppe werden unter Berücksichtigung der Spannungs-Länge-Faktoren der einzelnen Muskelgruppen und deren maximaler isometrischer Kraft die Kräfte berechnet, die von den jeweiligen Muskelgruppen erzeugt werden können.

Des weiteren werden die Masse, Trägheitsmomente, Länge der Knochen und der Abstand des Gelenks zum Schwerpunkt betrachtet. Aus Basis, Gelenken und Displacements (Verschiebungen) wird das Modell als Baumstruktur erstellt.

Von außen aufgebrachte Momente (als 0 angenommen) werden zu den inneren passiven Momenten addiert. Passive Momente sind hierbei solche, die den Einfluß biologischer Strukturen um das Gelenk berücksichtigen. Die aktiven Momente bezüglich der einzelnen Muskelgruppen berechnen sich aus den jeweiligen Gelenkwinkeln. Die Drehmomente T_1 (Hüftmoment) und T_2 (Kniemoment) werden in Abhängigkeit der Muskeln mit ihren aktiven und passiven Momenten aufgestellt, wobei T_1 aktiv von den Muskeln 1, 3 und 4 und T_2 von den Muskeln 2, 3, 4 und 5 abhängt. Daraus ergibt sich folgendes mechanisches Ersatzmodell:



Abbildung 5.2.: Mechanisches Ersatzmodell (nach [Spa98])

Die Vorwärtsdynamik des Modells wird berechnet, wobei die Gelenkstellungen und -Geschwindigkeiten gegeben sind und als Ergebnis die Gelenkbeschleunigung resultiert.

5.1.2. Anwendbarkeit der vorgestellten Modelle auf das am Fachgebiet entwickelte biomechanische MKS-Modell

Die Genauigkeit des biomechanischen Modells beruht unter anderem auf der Genauigkeit und Detailliertheit der Eingangsdaten und Parameter. Zur Erhöhung dieser Genauigkeit kann man dieses Modell mit zuvor beschriebenen Modellen erweitern. Die Anwendbarkeit der vorgestellten Modelle auf das am Fachgebiet entwickelte biomechanische Modell wird im Folgenden beschrieben.

Muskelmodell nach Huxley und Physiologisch basiertes Modell

Da sowohl das Modell nach Huxley als auch das Physiologisch basierte Modell aufgrund der mikroskopischen Sicht sehr komplex sind, ist eine Modifizierung des vorhandenen Modells mit Einbezug eines dieser beiden Modelle nicht sinnvoll.

Neuronales Netzwerk Muskelmodell

Das Neuronale Netzwerk Muskelmodell kann in der Muskelmodellierung verwendet werden. Bei nicht-isotonischer Kontraktion gehen Stimulationsimpulse, Muskellänge und Kontraktionsgeschwindigkeit als Eingabewerte in das Modell ein. Als Ausgabe wird die generierte Kraft bestimmt, wobei die Berechnungen nichtlinearen Differentialgleichungen zugrunde liegen.

Dieses Modell kann zusätzlich in das vorhandene Modell integriert werden, so dass die Eingabedaten mit den entsprechenden Ausgabedaten gespeichert werden.

Ist eine Gelenkbeschleunigung bzw. Muskelkraft zu ermitteln, wird zunächst anhand des Neuronalen Netzwerkes überprüft, ob zu gegebener Muskelanregung, Muskellänge und -Geschwindigkeit bereits eine Zuordnung zu einem Ausgabewert existiert. Falls dies der Fall ist, wird dieser Ausgabewert als Ergebnis verwendet, es muss keine erneute Berechnung stattfinden. Ist eine solche Zuordnung nicht vorhanden, erfolgt die Berechnung anhand des Hill-Modells. Dem Neuronalen Netzwerk wird die Berechnung als neu erlernte Zuordnung hinzugefügt.

Die Erweiterung mit einem Neuronalen Netzwerk ist sehr aufwändig. Während einer Trainingsphase sind die Gewichtungen in den mittleren Schichten durch Rückwärtspropagierung sinnvoll anzupassen. Aufgrund der Vielfältigkeit von Bewegungen ist eine große Zahl an Neuronen in der mittleren Schicht zu erwarten, was dazu führt, dass sowohl die Zeit für die Durchführung der Lernphase als auch die Anzahl an Fließkomma-Operationen sehr hoch ist. Für Echtzeit-Anwendungen ist jedoch eine relativ geringe Anzahl an Neuronen erforderlich. Im Gegensatz zum Hill basierten Muskelmodell ist das Neuronale Netzwerk nicht effektiv universell einsetzbar.

Distribution Moment Modell

Das Distribution Moment Modell benötigt Parameter, die schwierig zu identifizieren sind und auf komplexe nichtlineare Art in die Bewegungsgleichungen einfließen. Aus diesem Grunde findet es in unserem biomechanischen Modell keine Verwendung.

FEM-basiertes Modell

Indem man das Modell mithilfe der Finiten Element Methode beschreibt, ist eine nahezu exakte Darstellung der Daten möglich, die dem mechanischen Ersatzmodell zugrunde liegen. Es kann zudem erweitert werden durch die Darstellung der einzelnen mit Haut umspannten Muskeln bzw. Muskelgruppen mit ihren Ansatzpunkten unter Einbeziehung ihrer Querschnitte und Volumen.

Ebenso ist es möglich, lediglich die Muskeln bzw. Muskelgruppen als FEM zu modellieren, anstatt das gesamte Modell mit der FEM darzustellen. Bei diesem Vorgehen ergeben sich exaktere Daten bezüglich des Muskelverhaltens. Man erhält eine exaktere Berechnung der inneren Kräfte.

Anhand der FEM kann das Modell komplett visualisiert und Bewegungen mit ihren Spannungsverläufen und eventuell daraus resultierenden Ereignissen (z. B. Knochenbruch) dargestellt werden.

Nicht zu unterschätzen ist der große Aufwand, den die Umsetzung einer FEM mit sich bringt. Zunächst muss die Struktur jedes Muskels bzw. jeder Muskelgruppe genau erfaßt werden, so die Größe, Gestalt, Masse und Ansatzpunkte an den Knochen. Diese Angaben können durch komplizierte Messungen oder Auswertungen von CT-Aufzeichnungen erhalten werden, wobei dies sehr aufwändig ist, da sich die Muskeln voneinander unterscheiden und somit jeder Muskel von neuem analysiert werden muss. Mittels Funktionen ist diese Struktur in finite Elemente zu unterteilen, anhand derer man die unter Belastung hervorgerufenen Verformungen berechnen und darstellen kann. Dies unterliegt meist einem großen Berechnungsaufwand. Als Ergebnis erhält man mit der FEM die Struktur, die sich unter Belastung verformt hat. Um die FEM in unserem biomechanischen Modell anwenden zu können, müssen weiterhin die Kraft, die durch die einzelnen Elemente generiert wird, auf den gesamten Muskel bzw. die Muskelgruppe umgerechnet werden, wobei die Frage aufkommt, wie diese Berechnungen sinnvoll und effizient durchzuführen sind.

Anatomisches Modell

Die Querschnitte der Muskeln können durch das anatomische Modell bestimmt werden, welches sowohl Länge, Position und Richtung der Muskeln als auch Kontur und Größe (Querschnitt) kontrolliert [LJtZq03]. Diese Daten können in die Berechnung der Drehmomente T_1 und T_2 im entwickelten biomechanischen Modell oder auch in eine Erweiterung durch eine FEM einfließen, um eine detailliertere Darstellung zu erreichen.

Durch zusätzliche Anwendung des anatomischen Modells ist eine bessere Anpassung der Parameter anderer Muskelmodelle möglich.

Auch hier ist die genaue Erfassung der Daten beispielsweise durch CT durchzuführen.

Zweischichtiges Modell

Die Muskeln bzw. Muskelgruppen können (zusätzlich) mithilfe eines Feder-Dämpfer-Systems abgebildet werden. Diese Modellierung findet Verwendung, sobald äußere Belastungen auf das System wirken, womit ein Abfangen der aktiven Bewegung vonnöten ist. Die Berechnungen wirken sich in unserem biomechanischen Modell auf die Drehmomente T_1 und T_2 aus.

Wexler's Ermüdungsmodell

Mit der Erweiterung des biomechanischen Modells mit Wexler's Ermüdungsmodell ist eine Voraussage von Kräften unter Einbezug von physiologischer Muskelermüdung bei Kontraktion möglich. Da allerdings die Kraft-Geschwindigkeits- und Kraft-Längen-Beziehungen nicht betrachtet werden und somit keine Vorhersagen über nicht-isometrische Kontraktionen getroffen werden können, ist dieses Modell nur bedingt einsetzbar. Zudem fehlen Aussagen über das Verhalten des Muskels bei Erholung der motorischen Einheiten.

Dynamisches Modell nach Liu

Vergleichbar mit Wexler's Ermüdungsmodell können mit dem Dynamischen Modell nach Liu einem gegebenen Muskelmodell Ermüdungserscheinungen bei isometrischer Muskelkontraktion hinzugefügt werden. Es werden ebenso keine Kraft-Längen- und Kraft-Geschwindigkeits-Beziehungen betrachtet. Im Gegensatz zu Wexler's Modell wird hier die Erholung der motorischen Einheiten in Betracht gezogen. Weiterhin benötigt Liu's Dynamische Modell lediglich eine geringe Anzahl an Parametern und stellt dennoch die biophysikalischen Grundlagen der Muskelkraftgenerierung unter Einbezug der Ermüdungserscheinungen dar.

5.2. Implementierung von Ansätzen des Dynamischen Modells nach Liu

Da Ermüdungserscheinungen der Muskeln generell die Produktivität und Lebensqualität einschränken und in die realitätsnahe Modellierung menschlicher Bewegungen miteinzubeziehen sind, habe ich mich für die Implementierung der Ansätze des Dynamischen Modells nach Liu entschieden, da diese Erscheinungen und deren Effekte anhand dieses Modells dargestellt und erklärt werden.

Als Szenario wird ein menschlicher Arm betrachtet, dessen Ellenbogen aufgestützt ist. In die Hand wird ein Gewicht gegeben, welches so lange in einer unveränderten Position zu halten ist, bis Muskelermüdung einsetzt und der Unterarm daraufhin aufgrund von zu geringer generierter Kraft nach unten fällt. In Abbildung 5.3 ist das Szenario mit dem entsprechenden mechanischen Ersatzschaltbild dargestellt. Zur Kraftgenerierung wird lediglich ein Muskel betrachtet.

Die Implementierung dieser Ansätze wurde in Matlab durchgeführt.

Als Eingabewerte bestimmt der Benutzer die Masse des Gewichts, die maximale Kraft, die der Oberarmmuskel generieren kann, und den Winkel zwischen dem Unterarm und seiner senkrechten Stellung.

Innerhalb des Programms werden weiterhin Parameter festgesetzt. Zu diesen Parametern gehören die momentane und maximale Anregung durch das Gehirn, die



Abbildung 5.3.: Szenario (nach [Bog]) mit entsprechendem mechanischen Ersatzschaltbild

Ermüdungsrate \mathcal{F} und die Erholungsrate \mathcal{R} . β und γ werden nach Gleichung 4.29 und 4.30 berechnet. Zur Ermittlung der Kraft, die eine motorische Einheit erzeugen kann, ist sowohl der Zeitpunkt der maximalen Aktivierung T_m als auch die Anzahl der zur Zeit T_m maximal aktivierten Einheiten zu bestimmen, welche sich aus Gleichung 4.35 bestimmen läßt. Die minimal benötigte Kraft zum Halten des Gewichts berechnet sich aus der Gewichtskraft, der Länge des Unterarms und dem Winkel α . In festgelegten Zeitintervallen wird die Berechnung der Anzahl der aktivierten und ermüdeten Einheiten anhand von Gleichung 4.38 und 4.39 durchgeführt. In jedem Schritt wird überprüft, ob die von den aktuell aktivierten Einheiten generierte Kraft mindestens so groß ist wie die zum Halten des Gewichts benötigte Kraft. Ist dies der Fall, wird die Anregung durch das Gehirn halbiert, ansonsten wird sie verdoppelt, sofern dann die maximal mögliche Aktivierung durch das Gehirn noch nicht überschritten wurde. Diese Anpassung des Parameters B führt dazu, dass nur so viel Kraft erzeugt wird wie nötig und dass somit das Halten des Gewichts über einen maximalen Zeitraum erreicht wird. Bei maximaler Leistung würde die generierte Kraft schon früher nicht mehr zum Halten des Gewichts ausreichen.

Für die im Folgenden erzielten Ergebnisse wurden die Parameter wie folgt gewählt:

- Zeitintervall: 0 bis 60 Zeiteinheiten
- Zeitschritte: 0.005
- Anregung durch das Gehirn: 3 bis maximal 5
- Anzahl der motorischen Einheiten: 100

- Ermüdungsfaktor: 0.15
- Erholungsfaktor: 0.005

Als Gewicht werden zunächst 10 kg gewählt, die maximale Kraft beläuft sich auf 250 N, und der Anfangswinkel zwischen Unterarm und seiner senkrechten Stellung wird auf 20 Grad gesetzt. Im Folgenden werden die Effekte beschrieben, die sich sowohl aus einer Veränderung der Ermüdungs- und Erholungsfaktoren als auch aus einer Veränderung des Gewichts, des Winkels zwischen Unterarm und seiner senkrechten Stellung oder der Unterarmlänge ergeben.

In den abgebildeten Graphen sind jeweils zwei Kurven zu sehen. Die blaue Kurve stellt die Anzahl der aktivierten motorischen Einheiten dar, die rote die der ermüdeten Einheiten. Die Schwankungen zu Beginn der blauen Kurve beruhen auf der Anpassung des Anregungsfaktors durch das Gehirn B, der wie zuvor beschrieben anzupassen ist, so dass lediglich die minimale zum Halten des Gewichts nötige Kraft generiert wird.

Veränderung des Ermüdungsfaktors ${\mathcal F}$

Zunächst wird wie in Abbildung 5.4 dargestellt der Ermüdungsfaktor \mathcal{F} von 0,15 auf 0,25 vergrößert. Hierbei ist festzustellen, dass die Muskelermüdung umso früher einsetzt, je höher der Ermüdungsfaktor ist. Zudem steigt die Anzahl ermüdeter Einheiten schneller an als bei kleinem \mathcal{F} .



Abbildung 5.4.: Ergebnisse bei Veränderung des Ermüdungsfaktors

Veränderung des Erholungsfaktors ${\mathcal R}$

Abbildung 5.5 zeigt die Auswirkungen einer Änderung des Erholungsfaktors. Je kleiner dieser Faktor ist, desto schneller tritt Muskelermüdung ein und desto mehr Einheiten ermüden.



Abbildung 5.5.: Ergebnisse bei Veränderung des Erholungsfaktors



Veränderung des Gewichts

Abbildung 5.6.: Ergebnisse bei Veränderung des Gewichts

Erhöht man das Gewicht, welches in der Hand gehalten wird, so werden mehr motorische Einheiten zur Kraftgenerierung benötigt (Abbildung 5.6). Die Ermüdung des Muskels tritt früher ein, und die Kurve der aktivierten Einheiten fällt schneller als bei einem kleineren Gewicht. Die Einheiten ermüden schneller, dementsprechend ist die Steigung der Kurve der ermüdeten Einheiten höher als im vorherigen Fall.

Veränderung des Winkels

Vergrößert man den Winkel α zwischen Arm und dessen aufrechter Position von 20° auf 40°, so ist mehr Kraft zum Halten des Gewichtes aufzuwenden (Abbildung 5.7). Weiterhin läßt sich das Gewicht kürzere Zeit halten, bis Muskelermüdung eintritt. Die Ermüdung setzt schneller ein als bei kleinerem Winkel.



Abbildung 5.7.: Ergebnisse bei Veränderung des Unterarmwinkels

Unterschiedliche Längen des Unterarmes



Abbildung 5.8.: Ergebnisse bei unterschiedlicher Unterarmlänge

Abbildung 5.8 zeigt, dass auch die Länge des Unterarmes für das Auftreten von Ermüdungserscheinungen eine Rolle spielt. Je länger der Arm ist, desto mehr Kraft muss für das Gewichthalten aufgewendet werden und desto schneller tritt Ermüdung ein. Je nach körperlichem Zustand der Person oder deren Alter können die Parameter entsprechend angepasst werden, um möglichst realitätsnahe Ergebnisse zu erlangen und zu vergleichen.

5.3. Visualisierung der Bewegung

Die Armbewegung, die aus den im Verlauf der Zeit generierten Kräften resultiert, kann mit Matlab visualisiert werden.

Zunächst geht man vom Energieerhaltungssatz aus, wonach Energie nicht verloren geht, sondern lediglich umgewandelt wird. Die Summe der betrachteten Energien besitzt zu jedem Zeitpunkt den gleichen Wert. Vereinfachend werden im Folgenden lediglich die potentielle und kinetische Energie betrachtet.

Die potentielle Energie berechnet sich generell wie folgt:

$$E_{pot} = m \cdot g \cdot h \tag{5.1}$$

wobei h wie in Abbildung 5.3 ersichtlich den Abstand zwischen Bezugsebene und dem Ausgangspunkt der Bewegung darstellt. Im beschriebenen Szenario läßt sich die Höhe h in Abhängigkeit des Winkels α ausdrücken. Sie berechnet sich wie folgt:

$$h = l \cdot \cos(\alpha) \tag{5.2}$$

Damit erhalten wir die potentielle Energie in Abhängigkeit von α :

$$E_{pot}(\alpha) = m \cdot g \cdot l \cdot \cos(\alpha) \tag{5.3}$$

Für die kinetische Energie gilt:

$$E_{kin} = \frac{1}{2}m \cdot v^2 \tag{5.4}$$

Es existiert folgende Beziehung zwischen der Geschwindigkeit v und der Winkelgeschwindigkeit $\dot{\alpha}$:

$$v = l \cdot \dot{\alpha} \tag{5.5}$$

Daraus ergibt sich die kinetische Energie in Abhängigkeit des Winkels und der Winkelgeschwindigkeit wie folgt:

$$E_{kin}(\alpha, \dot{\alpha}) = \frac{1}{2}m \cdot l^2 \cdot \dot{\alpha}^2$$
(5.6)

Solange im gewählten Szenario der Arm das Gewicht in vorgegebener Stellung halten kann, besitzt er zunächst lediglich die maximale potentielle Energie (Lageenergie), die kinetische Energie ist null. Sobald die generierte Kraft nicht mehr zum Halten des Gewichts ausreicht, verringert sich die potentielle Energie, wohingegen die kinetische Energie zunimmt. Sobald die Bewegung beendet wird ($\alpha = 90^{\circ}$), ist die potentielle Energie null, die kinetische Energie erreicht ihren Maximalwert.

Aus der Differenz von kinetischer und potentieller Energie ergibt sich die Lagrangefunktion wie folgt:

$$\mathcal{L} = E_{kin}(\alpha, \dot{\alpha}) - E_{pot}(\alpha) \tag{5.7}$$

Es besteht folgende Beziehung zwischen dem generierten Moment M_{gen} , das am Gelenk wirkt, und den Ableitungen der Lagrangefunktion:

$$\frac{d}{dt}\frac{\delta\mathcal{L}}{\delta\dot{\alpha}} - \frac{\delta\mathcal{L}}{\delta\dot{\alpha}} = M_{gen} \tag{5.8}$$

Anhand dieser Funktion erhält man folgende DGL zweiter Ordnung:

$$M_{qen} = m \cdot l^2 \cdot \ddot{\alpha} - m \cdot g \cdot l \cdot \sin(\alpha) \tag{5.9}$$

Diese läßt sich durch Substitution in eine DGL erster Ordnung umwandeln, welche in Matlab zur Berechnung des entsprechenden Winkels zur Visualisierung der Armbewegung (Abbildung 5.9) verwendet wird.

Einen zweiten Ansatz zur Aufstellung der Bewegungsgleichung liefert der Drall- und Impulssatz. Hierbei werden direkt aus dem Ersatzschaltbild Bewegungsgleichungen aufgestellt, ohne sich auf den Energieerhaltungssatz zu stützen. Die Bedingung bei einer rotatorischen Bewegung ist dabei, dass das Trägheitsmoment multipliziert mit der Winkelbeschleunigung gleich die Summe aller Momente um den Drehpunkt ist.



Abbildung 5.9.: Anfangsstellung des Arms bei einem Winkel von 20° mit Abwärtsbewegung

6. Zusammenfassung und Ausblick

In dieser Arbeit wurden zunächst grundsätzliche Gestalten und Mechanismen von Muskeln erklärt. Methoden, mit denen die Muskelmodellierung zu realisieren ist, wurden dargestellt. Neben den zwei Grundmodellen zur Muskelmodellierung von Hill und Huxley wurden andere Modelle aus der Literaturrecherche näher erläutert und weiterhin klassifiziert nach Strukturtiefe, nach Ein- und Ausgabewerte und nach Anwendungsart. Nachdem die einzelnen Modelle bewertet wurden, fand eine Darstellung der möglichen Anwendbarkeit auf das bisher vorhandene biomechanische Modell statt. Des weiteren erfolgte die abschließende Implementierung der Ansätze des Dynamischen Modells.

Kein Muskelmodell sagt alle bekannten experimentellen Verhalten von Muskeln voraus [Zah92]. Aufgrund der großen Komplexität der Muskeln ist es unwahrscheinlich, dass ein Modell exakte Genauigkeit bieten wird. Unvollkommene Modelle werden verwendet, daher ist es wichtig, die vorhandenen Mängel zu kennen und einschätzen zu können, denn dann können auch nicht perfekte Modelle zu bestimmten Zwecken geeignet sein. Muskelmodelle können generell entweder einen großen Bereich von Phänomenen mit nur akzeptabler Genauigkeit oder aber lediglich einen beschränkten Bereich mit relativ hoher Genauigkeit vorhersagen.

Mit der Implementierung der Ansätze des Dynamischen Modells nach Liu, die in Kapitel 5.2 beschrieben ist, wurde eine weitere Annäherung an den Vorgang der realistischen Muskelkontraktion erreicht. Hierbei werden Muskelaktivierung, Ermüdung und Erholung der motorischen Einheiten in das bestehende Modell mit einbezogen und die Ermüdungseffekte und die daraus resultierenden Auswirkungen auf die Muskelkraftgenerierung erklärt. Diese Erweiterungen wurden auf ein spezielles Szenario angewendet, welches in Abbildung 5.3 dargestellt ist. Hierbei geht es darum, dass ein aufgestützter Arm ein Gewicht so lange wie möglich zu halten hat. Nach und nach ermüden motorische Einheiten, bis Muskelermüdung eintritt und das Gewicht nicht mehr gehalten werden kann. Diese Ansätze des Dynamischen Modells sind in Zukunft auf weitere und komplexere Szenarien mit mehreren Muskeln oder Muskelgruppen zu übertragen.

Die für die Anwendung des Dynamischen Modells nötigen Parameter müssen möglichst realitätsnah ermittelt werden. Diese Parameter sind der Ermüdungsfaktor, der Erholungsfaktor sowie die Anzahl motorischer Einheiten.

Die Übergänge der motorischen Einheiten in ihre verschiedenen Zustände ist wie folgt festgelegt: Durch die Anregung durch das Gehirn B gelangen die motorischen Einheiten aus dem Ruhezustand in den aktivierten Zustand. Mit dem Ermüdungsfaktor \mathcal{F} wird der Übergang der aktivierten Einheiten zu deren Ermüdung gesteuert. Von dort aus werden die Einheiten gemäß dem Wiederherstellungsfaktor \mathcal{R} wieder in den aktivierten Zustand zurück befördert. Jedoch bleibt bisher ungeklärt, wie die motorischen Einheiten zurück zu ihrem Anfangszustand, dem Ruhezustand, gelangen. Dieser Vorgang der Muskelerholung ist in der Zukunft zu bestimmen.

Das Dynamische Modell nach Liu gilt derzeit lediglich für isometrische Kontraktionen. Um den Geltungsbereich auf nicht-isometrische Kontraktionen auszudehnen, sind dem Modell Kraft-Längen- und Kraft-Geschwindigkeits-Beziehungen hinzuzufügen.

Von den in Kapitel 4.1.8 erläuterten Ermüdungsarten wird bisher nur eine Art der physiologischen Ermüdung betrachtet. Es handelt sich um die anaerobe Ermüdung, die bei großer Belastung unter Sauerstoffmangel einsetzt. Die aerobe Ermüdung sowie die psychologische Ermüdung werden derzeit vernachlässigt und sollten zukünftig in diesen Ansatz integriert werden.
Literaturverzeichnis

- [Ale03] R. McN. Alexander. Modelling approaches in biomechanics. *Phil. Trans. r. Soc. Lond. B*, 358:1429 – 1435, August 2003.
- [Ali] Alias. http://www.alias.com (Stand: 03.03.2006).
- [AT01] Amaury Aubel and Daniel Thalmann. Interactive Modelling of the Human Musculature. In Proc. of Computer Animation 2001, Seoul, Korea, 2001.
- [Bag02] Ann Baggalay, editor. Anatomie-Atlas: Aufbau und Funktionsweise des menschlichen Körpers. Dorling Kindersley, 2002.
- [Bau] http://www.bauwerk-verlag.de/baulexikon/index.shtml? EINZELMOMENT.HTM (Stand: 12.12.2005).
- [BD03] Alfred Benninghoff and Detlev Drenckhahn. Anatomie: Makroskopische Anatomie, Histologie, Embryologie, Zellbiologie, volume 1. Urban & Fischer, 2003.
- [Bog] Phillip Bogle. http://www.emunix.emich.edu/~bogle/contraction. jpg (Stand: 12.12.2005).
- [Bur04] Armin Burger. Simulation und Visualisierung von Muskeln, Sehnen und Bändern. Diplomarbeit, Johann Wolfgang Goethe-Universität Frankfurt am Main, Fachbereich Biologie und Informatik, Juli 2004. http://www.gdv.informatik.uni-frankfurt.de/diplomarbeiten/ pdf/Diplomarbeiten_final/Diplomarbeit_aburger.pdf (Stand: 03.12.2005).
- [CGC] Jelena Curcic, Bojan Gasic, and Yves Corrodi. Biomedizinische Technik. http://alphard.ethz.ch/hafner/PPS/PPS2001/VR/Medizin. htm (Stand: 07.01.2006).
- [CR03] Neil A. Campbell and Jane B. Reece. *Biologie*. Spektrum Akademischer Verlag, 6. edition, 2003.

[Dor98]	Stephen J. Dorgan. Tracking, Modelling and Animation in Human Motion Analysis, Diagnosis and Synthesis. ACM , 41(7), September 1998.
[FDM]	Die Finite Differenzen Methode. http://www.hydrology. ruhr-uni-bochum.de/D/Software/hydraulik/Numerische_Modelle_ FD.pdf (Stand: 08.01.2006).
[Fle97]	Andrea Fleig. Die geheimen Kalziumkanäle der Skelettmuskelzellen. Technical report, Arbeitsgruppe R. Penner, Abteilung Membranbiophy- sik, 1997. http://www.mpibpc.gwdg.de/inform/MpiNews/cientif/ jahrg3/1.97/scta.html (Stand: 20.09.2005).
[Ger04]	E. Gerlach. Versuch: Simulation der Dynamik von Mehrkörpersystemen. Technische Universität Ilmenau, Fakultät für Maschinenbau, Fachgebiet Technische Mechanik, WS 2003/2004. http://www.maschinenbau.tu-ilmenau.de/mb/wwwtm/common/ MKD03_04.pdf (Stand: 08.01.2006).
[GKBT98]	Gingins, P. Kalra, P. Beylot, and N. Magnenat Thalmann. Using VHD to build a Comprehensive Human Model. In <i>The Visible Human Project Conference</i> , Bethesda, Maryland, USA,, Oktober 1998. http://www.nlm.nih.gov/research/visible/vhp_conf/gingins/paper.htm (Stand 09.12.2005).
[Gue97]	Michael Guenther. Computersimulationen zur Synthetisierung des muskulär erzeugten menschlichen Gehens unter Verwen- dung eines biomechanischen Mehrkörpermodells. PhD thesis, Fakultät Physik der Eberhard-Karls-Universität zu Tübingen, 1997. http://www.tat.physik.uni-tuebingen.de/~biomechanik/ publ/diss/michaelguenther/diss_michaelguenther.pdf (Stand: 20.01.2006).
[Hat75]	H. Hatze. A control model of skeletal muscle and its application to a time-optimal bio-motion. PhD thesis, University of South Africa, 1975.
[Hek]	Keith Hekman. The Finite-Volume-Method. http://www.aucegypt.edu/faculty/hekman/MENG314/FVnotes.pdf (Stand: 24.10.2005).
[HH52]	A. L. Hodgkin and A. F. Huxley. A qualitative description of membra- ne current and its application to conduction and excitation in nerve.

[HMS02] Holzmann, Meyer, and Schumpich. *Technische Mechanik 3: Festigkeitslehre.* B. G. Teubner, 8. edition, 2002.

 $Journal\ of\ Neurophysiology,\ 117:500-511,\ 1952.$

- [KGB97] Rolf M. Koch, Markus H. Gross, and Albert A. Bosshard. Ein FEMbasierter Mimikgenerator für animierte anthropomorphe Avatare. Technical report, ETH-Zürich, Institut für Informationssysteme, Computer Graphics Research Group, Oktober 1997.
- [KGB98] Rolf M. Koch, Markus H. Gross, and Albert A. Bosshard. Emotion Editing using Finite Element. CS Technical Report 281, Computer Science Department ETH Zurich, Switzerland, January 1998. http: //www.inf.ethz.ch/department/IS/cg (Stand: 07.01.2006).
- [LBY02] Jing Z. Liu, Robert W. Brown, and Guang H. Yue. A Dynamical Model of Muscle Activation, Fatigue, and Recovery. *Biophysical Journal*, 82:2344 – 2359, May 2002.
- [LJtZq03] Zuo Li, Li Jin-tao, and Wang Zhao-qi. Anatomical Human Musculature Modeling for Real-time Deformation. volume 11, February 3-7 2003.
- [LTW95] Y. Lee, D. Terzopoulos, and K. Walters. Realistic face modeling for animation. In R. Cook, editor, SIGGRAPH 95 Conference Proceedings, Annual Conference Series, pages 55–62, Los Angeles, California, August 1995. ACM SIGGRAPH, Addison Wesley.
- [MDO⁺99] Mascha Maenhout, Maarten R. Drost, Cees W. J. Oomens, Jan D. Janssen, and Harm Kuipers. Parameter Identification For A Distribution-Moment Model Describing The Active Behavior Of The Tibialis Anterior Muscle Of The Rat. Technical report, Department of Computational and Experimental Mechanics, Eindhoven University of Technology, Eindhoven, The Netherlands and Department of Human Movement Science, Maastricht University, Maastricht, The Netherlands, 1999. http://asme.pinetec.com/bio1999/data/pdfs/ a0005230.pdf (Stand: 11.10.2005).
- [Mus] http://ligwww.epfl.ch/~aubel/MuscleBuilder (Stand: 03.03.2006).
- [Ned] Luciana Porcher Nedel. http://www.inf.ufrgs.br/~nedel/images/ bicepsal.jpg (Stand: 09.12.2005).
- [NH98] Benno M. Nigg and Walter Herzog, editors. *Biomechanics of the Muscolo-skeletal System*. Wiley and Sons, 2. edition, 1998.
- [Obe] Claus Oberbillig. Hüftendoprothesen. http://www.dr-oberbillig. de/hueftendoprothesenseite.htm (Stand: 28.08.2005).
- [RFA99] Jacob Rosen, Moshe B. Fuchs, and Mircea Arcan. Performances of Hill-Type and Neural Network Muscle Models Toward a Myosignal-Based Exoskeleton. Computers and Biomedical Research, 32:415 – 439, 1999.

[SA]	F. Schöni-Affolter. Morpholigie: Muskelapparat Aufbau. http://www.unifr.ch/histologie/elearningfree/allemand/ biochemie/muskel/kontraktion/d-kontraktion.php (Stand: 05.04.2005).
[Sch]	Arne Schneck. Finite Elemente. http://www.wissenschaft-online. de/spektrum/projekt2/gaes12.htm (Stand: 08.01.2006).
[Sch99]	Richard Schwertassek. Mehrkörpersimulation für Raumfahrtanwen- dungen, February, 10 1999. http://www.op.dlr.de/FF-DR/dr_mkd/ staff/schwerta/Vorlesung (Stand: 07.01.2006).
[Sch99]	Stefanie Schulz. Physiologie: Biologisches Praktikum (HL), Teil Physiologie. Technical report, Universität Hohenheim, WS 1998/99. http://www.niele.net/work/physiologieV2-1.pdf (Stand: 07.01.2006).
[Spa98]	Thomas Spaegele. <i>Modellierung, Simulation und Optimierung menschlicher Bewegungen</i> . PhD thesis, Universität Stuttgart, Institut für Mechanik, Fakultät Verfahrenstechnik, Oktober 1998.
[Sze05]	Johann Szecsi. Radfahren Querschnittsgelähmter mittels Funktioneller Elektrostimulation (FES): Ein arbeitsphysiologisches Modell zur Unter- suchung der Leistungen von untrainierten Patienten. PhD thesis, Me- dizinischen Fakultät der Ludwig-Maximillians-Universität zu München, Juni 2005. http://edoc.ub.uni-muenchen.de/archive/00003777/ 01/Szecsi_Johann.pdf (Stand: 09.12.2005).
[Vig04]	Ryan Monroe Vignes. Modeling Muscle Fatigue in Digital Humans. A thesis submitted in partial fulfillment of the requirements for the master of science degree in mechanical engineering, Graduate College of The University of Iowa, May 2004.
[WDBM97]	A. S. Wexler, J. Ding, and S. A. Binder-Macleod. A Mathematical Model that Predicts Skeletal Muscle Force. <i>IEEE Trans. Biomed. Eng</i> , 44(5):337 – 348, 1997.
[Wen]	Matthias Wenthe. Histologie des Muskelgewebes: Skelettmuskelzelle - Myofibrillen. Technical report, Tierärztliche Hochschule Hannover, Anatomisches Institut. http://www.tiho-hannover.de/einricht/ anat/lit/mwenth/mus/mys_mus.htm (Stand: 05.01.2006).
[wik]	Wikipedia: Die freie Enzyklopädie. http://de.wikipedia.org/wiki/ Hauptseite.
[Wöl00]	Prof. DrIng. Horst Wölfel. Maschinendynamik, 2000.

- [Zah81] George Ireneus Zahalak. A Distribution-Moment Approximation for Kinetic Theories of Muscle Contraction. *Mathematical Biosciences*, 55:89 – 114, 1981.
- [Zah92] George I. Zahalak. An Overview of Muscle Modeling. In Richard B. Stein, P. Hunter Peckham, and Dejan P. Popovic, editors, Neural Protheses: Replacing Motor Function after Disease or Disability, pages 17 57. University Press, 1992.
- [ZTS86] F. E. Zajac, E. L. Topp, and P. J. Stevenson. A Dimensionless Musculotendon Model. In *Proceedings 8th Annual Conf. of the IEEE Eng. in Med. and Biol.*, pages 601 – 604, Dallas-Ft Worth, TX, November 7-10 1986.

A. Anhang

A.1. Mathematische Notation

Kapitel 4.1.1: Muskelmodell nach Hill

 F_{CE} : von der CE generierte Kraft f_{FL} : Kraft-Längen-Funktion f_{FV} : Kraft-Geschwindigkeits-Funktion F_m : totale Muskelkraft F_{max} : maximale Kraft in der CE $F_{SE}, F_{PE}: SE/PE$ -Kräfte $F_{SE_{max}}, F_{PE_{max}}$: maximale SE/PE-Kräfte L_0 : Ruhelänge der kontraktilen Einheit L_{CE} : Länge der CE L_M : Muskellänge M_{m_i} : Einzelmomente M_{net} : totales Moment, Summe der Einzelmomente SE_{sh}, PE_{sh} : Funktions-Parameter der Gestalt (shape) der SE/PEU: normalisiertes Aktivierungslevel der CE V_0 : Ausdehnungsgeschwindigkeit der CE bei bestimmter Muskelaktivierung V_{CE} : Geschwindigkeit der Verkürzung bzw. Verlängerung der CE V_{max} : maximale Ausdehnungsgeschwindigkeit der CE bei maximaler Muskelaktivierung $\Delta L_{SE}, \Delta L_{PE}$: Ausdehnung, Längenänderung der SE/PE

Kapitel 4.1.2: Muskelmodell nach Huxley

a: normierter Aktivzustand A_{eff} : effektive Querschnittsfläche des Muskels $F^{MOL}(t)$: Cauchy-Spannung, Kraft des molekularen Muskelmodells f(x): Funktion der Bindungslänge bei Haftung von Myosin und Aktin g(x): Funktion der Bindungslänge bei Lösung von Myosin und Aktin h: Parameter zur Skalierung K: Muskelsteifigkeit k_c : Federkonstante

l_a : Abstand zweier aufeinanderfolgender Aktinbindungsplätze
l_s : Sarkomerlänge
N: Anzahl biochemischer Verbindungszustände einer Querbrücke
n(x,t): Bindungsverteilungsfunktion
n_c : Anzahl Querbrücken im Einheitsvolumen
P: Muskelkraft
p_i : Wahrscheinlichkeit, mit der sich eine Querbrücke im Zustand i befindet
Q_{λ} : Momente von n
Q_0 : Steifigkeit
Q_1 : Kraft
Q_2 : elastische Energie
t: Zeitpunkt
U_c : in den Querbrücken gespeicherte elastische Energie
v(t): Aktionsgeschwindigkeit des Halbsarkomers
x: Bindungslänge der Querbrückenverbindungen
ξ : normalisierte Verbundlänge

Kapitel 4.1.3: Physiologisches Modell

 $\alpha_n(t)$: Aktionspotentiale

 $\dot{\gamma}_f, \dot{\gamma}_a$: Konzentration der freigesetzten/angesammelten Kalziumionen

 $\nu_n(t)$: Kalziumeinstrom vom SR in die Zelle

Kapitel 4.1.4: Neuronales Netzwerk Modell

{H}: Ausgabevektor der versteckten Schicht
{I}: Eingabevektor
{O}: Ausgabevektor
n: Anzahl Neuronen (Größe) in der versteckten Schicht
Õ: Annäherung der Ausgabe
SSE: quadratischer Fehler (Sum Squared Error)

Kapitel 4.1.5: Distribution-Moment Modell

 α : Teil der Querbrücken, der mit Aktin interagieren kann n: Bindungsverteilungsfunktion Q_0 : Steifigkeit Q_1 : Kraft Q_2 : elastische Energie r: Aktivierungsfaktor v(t): Aktionsgeschwindigkeit des Halbsarkomers

Kapitel 4.1.6: FEM-basiertes Modell

a: globaler KnotenvektorF: globaler KraftvektorK: globale Steifigkeitsmatrix

Kapitel 4.1.7.1: Anatomisches Modell

C(u): B-Spline-Kurve $N_{i,3}(u)$: Basisfunktion B-Spline 3. Grades P_i : Kontrollpunkte R_i : Radiallinien u: Angabe der Position des Querschnitts relativ zur Control Axial Curve U: nichtperiodischer Knotenvektor

Kapitel 4.1.8.2: Dynamisches Muskelmodell

B: Anregung durch das Gehirn (Brain) F: Kraft (Force) \mathcal{F} : Ermüdungsfaktor (Fatigue) M_0 : Anzahl motorischer Einheiten M_A : Anzahl aktivierter motorischer Einheiten $M_A^{(i)}$: Aktivierungszustand (i = (I, IIa, IIb)) M_A^{max} : maximale Anzahl aktivierter motorischer Einheiten m_A, m_F, m_{uc} : durchschnittliche Antwortfunktionen der drei Gruppen der motorischen Einheiten $M_{\mathcal{F}}$: Anzahl ermüdeter motorischer Einheiten $M_{\mathcal{F}}^{(i)}$: Ermüdungszustand (i = (I, IIa, IIb)) M_{uc} : Anzahl noch nicht aktivierter motorischer Einheiten $M_{uc}^{(i)}$: unveränderten Zustand (i = (I, IIa, IIb)) \mathcal{R} : Wiederherstellungsfaktor (Recovery) T_B : Entspannungszeit des Gehirns $T_{\mathcal{F}}$: Entspannungszeit bei Muskelermüdung $T^*_{\mathcal{F}}$: modulierte Entspannungszeit bei Muskelermüdung $T_{h}^{(i)}$: Aktivierungsschwellen der unterschiedlichen Typen motorischer Einheiten T_m : Anstiegszeit; Zeit, die benötigt wird, um vom Ausgangslevel zum Maximum zu gelangen $T_{\mathcal{R}}$: Entspannungszeit bei Wiederherstellung des Muskels U(t): totale Kraft u_0 : Kraft einer einzelnen motorischen Einheit U_0 : maximal generierte Kraft, wenn alle motorischen Einheiten aktiviert wären $\boldsymbol{u}_{0}^{(i)}:$ Kraft der motorischen Einheiten von Typi

 U^{max} : maximale Kraft, die unter willkürlicher Belastung B zur Zeit T_m generiert

wird

 β : Verhältnis von Kommando zu Ermüdung γ : Verhältnis von Wiederherstellung zu Ermüdung ΔU : Unterschied zwischen maximalem Wert von U^{max} und U_0 ΔM : Unterschied zwischen maximalem Wert von M_A und M_0

Kapitel 4.1.8.1: Wexlers Ermüdungsmodell

A: Skalierungsfaktor b: Dämpfungskoeffizient B: Verhältniskonstante C_N : normalisierter Betrag des Kalzium-Troponin-Komplexes F: isometrische Kraft F_d : Dämpferkraft F_m : maximale Motorkraft F_s : Federkraft J: Kalziumfluß k: Permeabilität der SR-Membran an Kalziumionen bei offenen Kalziumkanälen K: Federkonstante k_0 : Konzentration der Ca^{2+} -ATPase-Ansammlung im SR k_1, k_2 : Vorwärts-/Rückwärtsraten, mit denen die Kalzium-Troponinverbindungen durchgeführt und wieder gebrochen werden k_M : Muskelsteifigkeit k_{PE}, k_{SE} : Steifigkeit der parallelen/seriellen elastischen Elemente k_T : Sehnensteifigkeit l_M : Muskellänge P_T : Sehnenspannung R_0 : Höhe der Steigung des normalisierten Betrags des Kalzium-Troponin-Komplexes C_N aufgrund der folgenden Stimuli R_i : nichtlineare Kalziumfreigabe oder -Ansammlung im Muskel T_a : Kalzium-Troponin-Komplex T_n : Troponin v_{CE} : Geschwindigkeit der kontraktilen Elemente V_m : kontraktile Motorgeschwindigkeit v_{MT} : Schnengeschwindigkeit x: Länge der Feder α : Pennationswinkel τ_1 : Zeitkonstante, zu der keine Querbrücken vorhanden sind τ_2 : zusätzliche Reibung aufgrund der chemischen Querbrückenverbindungen τ_c : Zeitkonstante zur Kontrolle des Steigens und Fallens von C_N

Hiermit versichere ich, dass ich die vorliegende Arbeit selbständig und nur unter Verwendung der angegebenen Quellen und Hilfsmittel verfasst habe.

Darmstadt, den 13. März 2006