# Modélisation et simulation de l'activité électrique du coeur dans le thorax, analyse numérique et méthodes de volumes finis

#### **Charles** Pierre

Laboratoire de Mathématiques Jean Leray, Université de Nantes

20 septembre 2005

▲ロト ▲帰 ト ▲ヨト ▲ヨト - ヨ - の々ぐ

#### Le potentiel d'action cellulaire

#### Différences de concentrations ioniques, entre les milieux intra et extra-cellulaires $\downarrow\downarrow$ différence de potentiel transmembranaire $V_m$ .



#### Le potentiel d'action cardiaque





900

◆□▶ ◆□▶ ◆三▶ ◆三▶ ○三 ○○○○

# L'électrocardiogramme (ECG)

#### Mesure à distance de l'activité électrique du coeur.



# Plan de l'exposé

- 1. Modélisation de l'activité électrique du coeur dans le thorax : vers la simulation de l'ECG.
- 2. Méthode de volumes finis *"DDFV"* et implémentation pratique.
- 3. Résultats numériques.

# Objectifs et perspectives

- Élaborer des modèles *qualitatifs réalistes* à l'échelle d'un organe.
- Simulations numériques 3D à faible coût.

- Améliorer la compréhension de la relation entre les paramètres de la conduction dans le coeur et l'ECG (problème direct en électrocardiologie).
- Couplage avec un modèle mécanique.

# Modélisation de l'ensemble coeur+thorax

- Membrane cellulaire : modélisation des courants ioniques membranaires.
- Tissus musculaires à l'échelle microscopique : potentiels intra et extra-cellulaires φ<sub>i</sub>, φ<sub>e</sub>, potentiel transmembranaire V<sub>m</sub> = φ<sub>i</sub> - φ<sub>e</sub>.
- **Muscle cardiaque**, *H* : homogénéisation du modèle microscopique.
- **Thorax** T : potentiel extra-cardiaque  $\phi_0$ .
- Interface coeur/thorax  $\partial H$  : relations de couplage.
- Surface thoracique : conditions limites.

# Modélisation de la membrane cellulaire

Hogkin-Huxley, Di Francesco Noble, Luo-Rudy...

- Espèces ioniques :  $Na^+$ ,  $K^+$ ,  $Ca^{2+}$  . Potentiel d'équilibre donné par la loi de Nernst  $E_{Na} = \frac{RT}{F} \ln \frac{[Na]_e}{[Na]_i}$ .
- Canaux ioniques (transport "passif") : canal sodium rapide (dépolarisation), i<sub>Na</sub> = g<sub>Na</sub>(V<sub>m</sub> E<sub>Na</sub>) où g<sub>Na</sub> = g<sub>Na</sub>H(V<sub>m</sub>, [Na]<sub>i,e</sub>, t, ...).
- Pompes (transport actif) : pompe Na/K, rétablit les concentrations en Na, K. i<sub>Na/K</sub> = F(V<sub>m</sub>, [Na]<sub>i,e</sub>,..., ATP).
- **Transporteurs** : (transport actif) structure couplée à un canal ionique.
- **Tampons** : stockage/déstockage du *Ca*<sup>2+</sup> (rôle déclencheur pour la contraction).

## Modèle réaliste de membrane : Luo-Rudy II



 Implémentation pratique : Vm, [Na<sup>+</sup>]<sub>i,e</sub>, [K<sup>+</sup>]<sub>i,e</sub>, [Ca<sup>2+</sup>]<sub>i,e</sub> et variables de porte ⇒ 1 + 6 + N paramètres :

$$I_{ions} = I_{ions}(V_m; [X_1]_i, [X_1]_e, \dots; w_1, \dots, w_N)$$
$$\frac{dw_j}{dt} = f_j(V_m, w_i)$$
$$\frac{d[X_i]}{dt} = \lambda I_{X_i}$$

• Luo-Rudy II : N ~ 15 variables de porte.

## Tissus cardiaques : modèle microscopique



- 2 milieux homogènes, intra et extra-cellulaires H<sub>i</sub> et H<sub>e</sub>, séparés par la membrane Γ<sub>m</sub>.
- Potentiels intra et extra-cellulaires φ<sub>i</sub> et φ<sub>e</sub> : quasistaticité + non création de charges, div(γ<sub>i</sub>∇φ<sub>i</sub>) = 0 div(γ<sub>e</sub>∇φ<sub>e</sub>) = 0

• Potentiel de membrane,  $V_m = \phi_i - \phi_e \operatorname{sur} \Gamma_m$ ,  $C_m \frac{dV_m}{dt} + I_{ion} = -\gamma_i \nabla \phi_i \cdot \mathbf{n} = -\gamma_e \nabla \phi_e \cdot \mathbf{n}$ 

# Tissus cardiaques : modèle bidomaine (macroscopique)

• Homogénéisation (Krassowska *et al.*, Colli-Franzone *et al.*) : à l'échelle du coeur,

$$H = H_i = H_e = \Gamma_m$$
  
$$\phi_i, \phi_e, V_m : H \mapsto \mathbb{R}$$

 Modèle bidomaine : A<sub>m</sub> ≫ 1 := taux de surface de membrane par unité de volume,

$$A_m(C_m\partial_t V_m + I_{ion}) = -\operatorname{div}(G_e \nabla \phi_e)$$
(1)

$$\operatorname{div}(G_e \nabla \phi_e + G_i \nabla \phi_i) = 0$$
(2)

• Anisotropie : organisation en fibres des cellules musculaires. *G<sub>i</sub>* et *G<sub>e</sub>* : tenseurs de conductivité anisotropes,

$$G_i = A \operatorname{Diag}(g_I^i, g_t^i, g_t^i) A^T$$
,  $G_e = A \operatorname{Diag}(g_I^e, g_t^e, g_t^e) A^T$ ,

- A(x): direction de la fibre au point x
- $g_{i,e}^{l}, g_{i,e}^{t}$ : conductivités longitudinales et transverses à la fibre (relativement aux milieux intra et extra-cellulaires).

# Modèle couplé coeur+thorax

 Modèle de thorax : conducteur passif, pas de fuites de courant sur la surface ∂T du thorax,

 $\operatorname{div}(G_0 \nabla \phi_0) = 0 \quad \operatorname{dans} \ T , \quad G_0 \nabla \phi_0 \cdot \mathbf{n} = 0 \quad \operatorname{sur} \ \partial T .$ (3)

• Conditions d'interface "physiologiques" : sur le bord ∂*H* du coeur,

$$\phi_e = \phi_0, \quad G_0 \nabla \phi_0 \cdot \mathbf{n} = G_e \nabla \phi_e \cdot \mathbf{n}, \quad G_i \nabla \phi_i \cdot \mathbf{n} = 0.$$
(4)

• Interprétation : pour  $\bar{\phi} = (\phi_e, \phi_0)$ ,  $\bar{G} = (G_e + G_i, G_0)$  dans  $H \cup T$ ,

$$div(\bar{G}\nabla\bar{\phi}) = -div(G_i\nabla V_m) \text{ dans } H \cup T ,$$
$$\|\bar{G}\nabla\bar{\phi}\cdot\mathbf{n}\| = -G_i\nabla V_m \cdot \mathbf{n} \text{ sur } \partial H ,$$

problème de transmission non standard avec terme source de courant  $\mathbf{J} = -G_i \nabla V_m \cdot \mathbf{n}$  sur l'interface coeur/thorax.

## Commentaires

- Approche découplée : coeur isolé → carte de potentiel extra-cardiaque → ECG (formulation dipolaire par exemple).
- Autres relations de couplage (Colli-Franzone, Tveito),

$$\phi_e = \phi_0, \quad G_0 \nabla \phi_0 \cdot \mathbf{n} = (G_e \nabla \phi_e + G_i \nabla \phi_i) \cdot \mathbf{n}.$$

 $\rightarrow$  problème de transmission standard,

$$div(\bar{G}\nabla\bar{\phi}) = -div(G_i\nabla V_m) \text{ dans } H \cup T ,$$
$$\|\bar{G}\nabla\bar{\phi} \cdot \mathbf{n}\| = 0 \text{ sur } \partial H ,$$

formulation variationnelle simple dans  $H^1(H \cup T)$ , résoluble par éléments finis  $P^1$ .

◆□▶ ◆□▶ ◆□▶ ◆□▶ = 三 のへで

# Méthodes de volumes finis

# **Méthode classique** : (Eymard, Herbin, Gallouêt) pour des problèmes isotropes.

#### Méthodes de reconstruction du gradient :

- Aavatsmark et al., Le Potier
- Droniou, Eymard, Herbin, Gallouêt : fv100
- Coudière, Vila, Villedieu : méthode diamant,
- Hermeline, Domelevo-Omnès : méthode DDFV=Discrete Duality Finite Volumes (2D).
   Principe : définition d'opérateurs gradient et divergence discrets "en dualité" (formule de Green discrète).

◆□▶ ◆□▶ ◆臣▶ ◆臣▶ 三臣 - のへぐ

# Maillages DDFV 2D



Maillage primal : inconnues aux centres des cellules primales K, L, ...

◆□▶ ◆□▶ ◆□▶ ◆□▶ □□ - のへぐ

## Maillages DDFV 2D



**Maillage primal** : inconnues aux centres des cellules primales K, L, ... **Maillage dual** : inconnues aux sommets A relatifs aux cellules duales.

# Maillages DDFV 2D



**Maillage primal** : inconnues aux centres des cellules primales K, L, ... **Maillage dual** : inconnues aux sommets A relatifs aux cellules duales. **Maillage diamant** : un vecteur de flux associé à chaque interface  $\sigma$ . + inconnues aux centres des interfaces au bord  $\sigma \subset \partial \Omega$ .

# Opérateurs gradient et trace discrets

- Fonction DDFV, à partir de la donnée de valeurs (φ(x<sub>K</sub>))<sub>K</sub>, (φ(A))<sub>A</sub>, (φ(x<sub>σ</sub>))<sub>σ⊂∂Ω</sub>:
  - aux centres des cellules primales,
  - aux sommets du maillage,
  - aux centres des interfaces au bord,
  - $\longrightarrow$  formation d'une fonction  $\phi$  continue, affine par morceaux.
- Gradient discret : pour  $\phi$  fonction DDFV,

$$(\nabla_h \phi)_\sigma = \frac{1}{|D(\sigma)|} \int_{D(\sigma)} \nabla \phi(x) \, dx \; ,$$

un vecteur gradient discret  $(\nabla_h \phi)_\sigma$  par interface  $\sigma$ .

Trace discrète : pour φ fonction DDFV,

$$(\mathrm{Tr}_h\phi)_\sigma = \frac{1}{|\sigma|}\int_\sigma \phi(x)\,dx \;,$$

la trace  $(\operatorname{Tr}_h \phi)_{\sigma}$  pour l'interface au bord  $\sigma \subset \partial \Omega$ .

C

# Opérateur divergence discret, formule de Green discrète

- Champ de vecteurs discret : **p** = (**p**<sub>σ</sub>) par interfaces.
- Divergence discrète : (p<sub>σ</sub>) champ de vecteurs discret.
   Sur une cellule C (primale ou duale),

$$(\operatorname{div} \mathbf{p})_{\sigma} = \frac{1}{|C|} \int_{\partial C} \mathbf{p}(x) \cdot \mathbf{n}_{\partial C}(x) \, dx$$

Théorème (Formule de Green discrète)  $\mathbf{p} = (\mathbf{p}_{\sigma})$  un champ de vecteurs discrets,  $\phi$  une fonction DDFV,

$$(\nabla_h \phi, \mathbf{p})_{L^2} = -\langle \phi, \operatorname{div}_h \mathbf{p} \rangle + (Tr_h \phi, \mathbf{p} \cdot \mathbf{n}_{\partial \Omega})_{L^2(\partial \Omega)},$$

où le crochet s'écrit (d dimension en espace),

$$\frac{1}{d} \sum_{K} (\operatorname{div}_{h} \mathbf{p})_{K} \phi(x_{K}) |K| + \frac{1}{d} \sum_{A} (\operatorname{div}_{h} \mathbf{p})_{P(A)} \phi(A) |P(A)|.$$
ellules primales
$$\operatorname{cellules duales}$$

◆□▶ ◆□▶ ◆□▶ ◆□▶ □□ - のへぐ

### Maillages DDFV 3D : cellules diamants



FIG.: Cellule diamant  $D(\sigma)$  associée à l'interface  $\sigma$ 

◆□ > ◆□ > ◆臣 > ◆臣 > ○臣 ○ のへ⊙

# Maillages DDFV 3D : cellules duales





FIG.: Construction de la cellule duale  $P_A$  associée au sommet A

Introduction

< □ > < 同 > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > <

#### Résolution du problème

 Un cas simplifié, modèle monodomaine pour le coeru isolé : G<sub>i</sub> = λG<sub>e</sub> ⇒ formulation simplifiée en V<sub>m</sub> seulement. Schéma volumes finis classiques ⇒ stabilité et convergence : Y. Coudière, C. Pierre. Stability and Convergence of a Finite Volumes Method for Two Systems of Reaction Diffusion Equations in Electro-Cardiology. J. non Linear Analysis, Real World Appl., 2005.

• Modèle bidomaine coeur+thorax

$$\begin{array}{rcl} V_m^n & \Rightarrow & \phi_e^n, \ \phi_0^n \\ & + & I_{ion} \end{array} \Rightarrow V_m^{n+1} \end{array}$$

# Résolution en $\phi_0$ , $\phi_e$

• Inconnues :  $\phi_e$ ,  $\phi_0$ , une valeur par sommets et une valeur par éléments du maillage de H, T, telles que :

$$\operatorname{div}_{h}((G_{i}+G_{e})\nabla_{h}\phi_{e}) = -\operatorname{div}_{h}(G_{i}\nabla V_{m})$$
$$\operatorname{div}_{h}(G_{0}\nabla\phi_{0}) = 0$$

• vérifiant les conditions d'interfaces "physiologiques" :

$$\phi_e = \phi_0, \quad G_0 \nabla_h \phi_0 \cdot \mathbf{n} = G_e \nabla_h \phi_e \cdot \mathbf{n}, \quad G_i \nabla_h \phi_e \cdot \mathbf{n} = -G_i \nabla_h V_m \cdot \mathbf{n}.$$

• Variables globales :

$$ar{\phi} = egin{cases} \phi_e & {
m dans} \ H \ \phi_0 & {
m dans} \ T \ , \quad ar{G} = egin{cases} G_e + G_i & {
m dans} \ H \ G_0 & {
m dans} \ T \ \end{pmatrix}$$

plus un potentiel étendu  $\tilde{V}_m$  qui incorpore la dernière condition d'interface.

# Analyse

- Théoriquement pas de résultats d'existence pour le modèle bidomaine couplé coeur+thorax.
- Numériquement, le problème est bien posé et s'écrit comme un système linéaire (creux) :

$$-A_{\bar{G}}\bar{\phi}=B(V_m). \tag{5}$$

#### Théorème

Le système (5) est bien posé (existence et unicité de la solution discrète  $\overline{\phi}$ ).

A un changement de base diagonal près,

le système est symétrique et défini positif :

si M = Diag(|K|, |P|) est formée des mesures des cellules primales et des cellules duales,

 $M^{-1}A_{\bar{G}}$  est symétrique définie positive.

▲ロト ▲帰 ト ▲ヨト ▲ヨト - ヨ - の々ぐ

# Le problème pratique

A chaque pas de temps :

- inversion du système linéaire (5) : BiCGStab + préconditionnement  $\rightarrow$  93% CPU (3D  $\rightarrow$  99% CPU)
- actualisation des courants et concentrations ioniques : Euler, RK4, intégration explicite  $\rightarrow$  3.5% CPU
- intégration de l'équation d'évolution :

Méthode d'Euler  $\rightarrow$  3.5% CPU

## Préconditionnement



FIG.: Renumérotation : algorithme Symetric Reverse Cuthill-MacKee

Préconditionement	aucun	ILU0	ILU1
BiCGStab	43.8	7.1	6.9
GMRes	63.8	24.2	25.8

TAB.: Nombre d'itérations pour une précision de 1E-3

précision	1E - 3	1E - 5	1 <i>E</i> – 7
BiCGStab	92	260	1012
GMRes	112	1253	

TAB.: CPU pour 100 résolutions préconditionnées par ILU0

# Coeur isolé

# Disque (R = 1cm), fibres circulaires, excitation centrale, rapport d'anisotropie 0.1.



FIG.: Ondes circulaires : réference 69780 (à gauche), méthode DDFV 2123 (à droite)



FIG.: Taux de convergence sur la vitesse de propagation, de 551 à 34017 élements

# Problème couplé coeur+thorax en 2D



Maillage coeur+thorax (8554 points), fibres elliptiques. Modèle de membrane : Luo- Rudy II, version Faber-Rudy 2000.

	A <sub>m</sub>	C <sub>m</sub>		g¦		git	
2	$2000  cm^{-1}$ 1 $\mu$ F		<sup>-2</sup> .cm <sup>-2</sup>	4 <i>mS</i> . <i>cm</i> <sup>-1</sup>		$2  mS. cm^{-1}$	
	$g_e^l$		g	t e		<b>g</b> 0	
	1.8 mS.cı	$n^{-1}$	1.5 <i>mS</i>	$.cm^{-1}$	2.39 mS.cm <sup>-1</sup>		

TAB.: Paramètres pour le modèle bidomaine

# Pulsation normale, 1 point de stimulation

- Une stimulation toutes les 600 *ms* = 100 *BPM*, sur la gauche de la cavité interne.
- L'enregistrement de l'ECG en 3 points du thorax montre les ondes QRS et T.



# Pulsation normale, 2 points de stimulation

- Une stimulation toutes les 600 ms = 100 BPM en deux points, à gauche et à droite de la cavité interne.
- Forte influence du type de stimulation sur la forme des ECGs.





.▲ 差 ▶ 差 ∽ � @

# Tachycardie, 2 points de stimulation

- Stimulation toutes les 250 *ms* = 240 *BPM*, en deux points, à gauche et à droite de la cavité interne.
- ECGs anormaux mais s'installant dans un régime périodique.
- Augmentation progressive de la concentration en [Ca<sup>2+</sup>]<sub>i</sub>



▲ 差 ▶ 差 • 의 Q @

# Ischémie, 2 points de stimulation

- Stimulation toutes les 600 ms = 100 BPM, en deux points, à gauche et à droite de la cavité interne.
- Modèle de membrane de Shaw-Rudy (1997), variante de Luo-Rudy II pour l'ischémie.



# Modèle bidomaine pour le coeur isolé en 3D

Maillage des ventricules (3763 points) + direction des fibres

Modèle de membrane adapté aux cellules humaines (TNNP 2004)

Évolution du potentiel de membrane V<sub>m</sub>



< □ > < 同 > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > < □ > <

# Conclusions, perspectives

- Obtention d'ECG de bonne qualité.
- Fort coût en 3D.
- Comparaison systématique avec les données physiologiques en 3D.
- couplage avec un modèle mécanique.