



HAL
open science

Simulation du Mouvement Pulmonaire pour un Traitement Oncologique

Pierre-Frédéric Villard

► **To cite this version:**

Pierre-Frédéric Villard. Simulation du Mouvement Pulmonaire pour un Traitement Oncologique. Traitement du signal et de l'image [eess.SP]. Université Claude Bernard - Lyon I, 2006. Français. NNT: . tel-00858260

HAL Id: tel-00858260

<https://theses.hal.science/tel-00858260v1>

Submitted on 5 Sep 2013

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

THÈSE

présentée

devant l'**UNIVERSITE CLAUDE BERNARD - LYON 1**

pour l'obtention

du **DIPLOME DE DOCTORAT**

(arrêté du 25 avril 2002)

présentée et soutenue publiquement le

28 septembre 2006

par

M. Pierre-frédéric VILLARD

**Simulation du Mouvement Pulmonaire pour un Traitement
Oncologique**

sous la direction de

Michael BEUVE

et

Behzad SHARIAT

COMPOSITION DU JURY

M. Philippe Meseure	Rapporteur	(HDR, Université de Poitier)
M. Hervé Delingette	Rapporteur	(Directeur de recherche INRIA Sophia-Antipolis)
M. Laurent Desbat	Examineur	(Professeur, Université Joseph Fourier à Grenoble)
M. Christopher Moore	Examineur	(Professeur, Christie Hospital à Manchester)
M. Behzad Shariat	Directeur de thèse	(Professeur, Université Lyon 1)
M. Michael Beuve	Co-directeur de thèse	(Maître de conférences, Université Lyon 1)
M. Joseph Remilleux	Membre invité	(Professeur émérite, Université Lyon 1)

Remerciements

Table des matières

Introduction	15
Le suivi de mouvement : un besoin croissant	15
Matériel et methode	16
1 Contexte médical	19
1.1 Introduction	21
1.2 La radiothérapie	21
1.2.1 Introduction	21
1.2.2 Un traitement par radiothérapie	22
1.2.3 Incorporation de notre travail dans un SPT	23
1.2.4 L'hadronthérapie	25
1.3 Mouvement et stratégies médicales	27
1.3.1 Optimisation des marges	28
1.3.2 Blocage respiratoire	28
1.3.3 Blocage du faisceau	28
1.3.4 Ciblage de la tumeur	29
1.4 Les poumons	30
1.4.1 Anatomie et terminologie	30
1.4.2 Rôles des muscles respiratoires	31
1.4.3 Rôle de la plèvre	31
1.5 Les paramètres médicaux mesurables	32
1.5.1 Les images scanners	32
1.5.2 La compliance	35
1.6 Conclusion	37
2 Etat de l'art	39
2.1 Introduction	41
2.2 Le poumon : une difficulté majeure	41
2.3 Les méthodes existantes	41
2.3.1 Les approches heuristiques	42
2.3.2 Les approches discrètes	43
2.3.3 Les approches continues	46
2.4 Bilan de l'état de l'art : choix de la méthode	49
2.4.1 Bilan de l'état de l'art	49
2.4.2 Choix de la méthode	50
2.4.3 Logiciel de résolution : le Code Aster	51
2.5 Rappels mécaniques et notation	52
2.5.1 Rappels sur la mécanique des Milieux Continus	52
2.5.2 Rappels sur la méthode des éléments finis	59

3	Développement d'une simulation du mouvement pulmonaire par éléments finis	71
3.1	Introduction	73
3.2	Une modélisation proche de la réalité anatomique	73
3.2.1	Définition des conditions limites	73
3.2.2	Les équations mécaniques	74
3.3	Maillage	74
3.3.1	Méthodes standard de maillage	75
3.3.2	Maillage simple	75
3.3.3	Lissage de la surface	77
3.3.4	Remplissage continu	79
3.3.5	Validité du maillage	81
3.4	Étude des paramètres de convergence	81
3.4.1	Gestion des grandes déformations	82
3.4.2	Gestion du contact	82
3.5	Influence des paramètres biomécaniques	84
3.5.1	Principe de l'étude	84
3.5.2	Influence du module de Young	86
3.5.3	Influence du coefficient de Poisson	90
3.5.4	Conclusion	91
3.6	Premières validations cliniques	91
3.6.1	Matériel et images	91
3.6.2	Résultats	93
3.6.3	Discussion	95
3.7	Conclusion	96
4	Conversion des déplacements en scanner 4D	97
4.1	Introduction	99
4.1.1	Contexte général	99
4.1.2	Problématique	99
4.2	État de l'art	99
4.2.1	Le scanner 4D	99
4.2.2	Les DRR (digitally reconstructed radiographs)	101
4.3	Notre approche	102
4.3.1	Notation	102
4.3.2	Hypothèses d'interpolation de la fonction de densité	103
4.3.3	Expression de la densité de matière aux nœuds	104
4.3.4	Expression de la densité de Hounsfield sur un voxel	107
4.4	Implémentation	112
4.4.1	Calcul de la densité aux sommets	112
4.4.2	Convolution scanner	115
4.5	Éssais et validation	116
4.5.1	Définition de l'essai	116
4.5.2	Vérification de la conservation de la matière	117
4.5.3	Convolution scanner	121
4.5.4	Éssai avec une géométrie complexe : un poumon réel	122
4.6	Conclusion	122
	Conclusion et perspectives	127

Conclusion	127
Perspectives	128
A Matrice tangente en grandes déformations	131
A.1 La formulation variationnelle	131
A.2 Discrétisation en éléments finis	131
B Intégration avec la méthode de quadrature de GAUSS	133
C Dérivée partielle des fonctions d'interpolation	135
Liste des publications	137
Conférences internationales :	137
Conférences nationales :	137
Posters :	138
Bibliographie	139

Table des figures

1.1	Accélérateur linéaire de photon utilisé en radiothérapie	21
1.2	Exemple de système de contention : un moule en mousse expansée	23
1.3	Exemple de contournage des poumons et d'une tumeur pulmonaire	24
1.4	Les marges de sécurité définies par l'ICRU	24
1.5	Balistique comportant sept faisceaux	25
1.6	Exemple de dosimétrie sur un poumon	25
1.7	Salle de traitement par ion carbone utilisé à Darmstadt	26
1.8	Profil de la dose relative absorbée en fonction de la profondeur	26
1.9	Mouvement d'une tumeur pulmonaire lors d'un cycle respiratoire	27
1.10	Optimisation des marges de sécurité en fonction du mouvement pulmonaire	28
1.11	Traitement thérapeutique avec blocage de la respiration	29
1.12	Traitement thérapeutique avec blocage du faisceau	29
1.13	Traitement avec un faisceau qui cible la tumeur	30
1.14	Anatomie du thorax	30
1.15	Vue de face des deux poumons	31
1.16	Les muscles de la respiration	32
1.17	Anatomie des plèvres	33
1.18	Mesure d'absorption par les détecteurs avec plusieurs angles d'incidence	34
1.19	Artefacts scanner liés à la respiration	34
1.20	Dispositif de mesure de l'ABC	35
1.21	Variation du volume d'air en fonction du temps	35
1.22	Système de mesure de la compliance	36
1.23	Illustration de la compliance	36
1.24	Schéma représentant une courbe de compliance	37
2.1	Coordonnées 3D de marqueurs	42
2.2	Exemple de surface implicite	43
2.3	Le poumon à trois niveaux d'inspiration avec un système masse ressort	44
2.4	Potentiel de Lennard-Jones et force dérivée	45
2.5	Modèle hybride du thorax	45
2.6	Systèmes à mémoire de forme	46
2.7	Maillage simplifié de poumon pour une analyse par éléments finis	47
2.8	Déplacement du contour par FEM dans [?]	47
2.9	Modèle masses-tenseurs	49
2.10	Comment choisir une méthode adaptée ?	50
2.11	Etude anatomique du mouvement pulmonaire	51
2.12	Système étudié par la mécanique des solides déformables	52
2.13	Définition du module de Young	53
2.14	Définition du coefficient de Poisson	54

2.15	Définition du module de cisaillement	54
2.16	Position d'un point	55
2.17	Définition du tenseur des contraintes	56
2.18	Relation entre la contrainte et la déformation	57
2.19	Conditions aux limites	58
2.20	Illustration du problème de recouvrement et du problème de trou	63
2.21	Méthode de résolution de système non-linéaire	69
3.1	Représentation schématisée de l'anatomie du thorax	73
3.2	Schéma d'application des contraintes mécaniques	74
3.3	Maillage de poumon effectué par le logiciel HYPERMESH	75
3.4	Segmentation d'un poumon à partir d'un scanner 3D	75
3.5	Maillage constitué d'hexaèdres et de quadrangles	76
3.6	Déplacements issus de la simulation sur un maillage constitué de qua- drangles et d'hexaèdres	77
3.7	Les différentes combinaisons du Marching Cube	78
3.8	Maillage constitué de tétraèdres et de triangles	78
3.9	Simulation sur un maillage constitué de triangles et de tétraèdres	79
3.10	Discontinuité de la matière avec le maillage de triangles et d'hexaèdres	79
3.11	"Vide" dans le maillage constitué de triangles et d'hexaèdres	79
3.12	Maillage de tétraèdres, triangles et hexaèdres (a.), zoom (b.)	80
3.13	Résumé du maillage final du poumon	81
3.14	Simulation de trois étapes d'un gonflement uniforme	81
3.15	Représentation de la configuration initiale et déformée	82
3.16	Projection d'un point en mouvement sur une surface de contact	83
3.17	Déplacements calculés avec des conditions de contact	85
3.18	Comparaison du module de Young avec les différences de norme	89
3.19	Volumes pulmonaires des différentes images dans les données 4D	92
3.20	Exemple de sélection de points de contrôle par trois experts	93
3.21	Estimation du mouvement lagrangien pour une séquence temporelle donnée	93
3.22	Boîte à moustache	94
4.1	Conversion de la modélisation en scanner 3D et projection en coupe	99
4.2	Schéma d'une chaîne de traitement	99
4.3	Principe des tomographes : Technologie <i>fan beam</i> et <i>cone beam</i>	100
4.4	Résultat du scanner 4D : plusieurs scanner 3D sur une courbe de respiration	101
4.5	Algorithme de simulation de DRR	102
4.6	Les fonction de forme N_j associées aux nœuds	103
4.7	Illustration de la méthode matricielle	105
4.8	Volume des éléments déformés dans un voxel considéré	108
4.9	Contribution de la densité d'un élément sur un voxel	108
4.10	Paramètres d'un voxel	109
4.11	Intersection d'un voxel avec le fenêtrage	111
4.12	Interpolation dans un triangle quelconque	113
4.13	Interpolation dans un tétraèdre quelconque	113
4.14	Interpolation dans les tétraèdres	114
4.15	Paramètres géométrique pour la convolution scanner	115
4.16	Géométrie de l'essai test	116
4.17	Conditions limites appliquées à l'essai de traction	117

4.18 Déplacement calculé par FEM de l'étirement du cube	117
4.19 Représentation continue de la densité de matière	118
4.20 Évolution de l'erreur de perte de masse avec le temps	119
4.21 Convolution scanner avec densité de matière fixée	121
4.22 Convolution scanner à densité constante	121
4.23 Subdivision du maillage	122
4.24 Représentation continue de la densité du poumon	124
4.25 Scanner dynamique de poumon sur trois coupes et à trois instants	125
B.1 Élément de référence et transformation géométrique	133

Liste des tableaux

2.1	Comparaison entre les modèles déformables d'après [?]	50
3.1	Six exemples de configurations de notre extension 3D du MC	80
3.2	Résultats de la simulation (1/2)	87
3.3	Résultats de la simulation (2/2)	88
3.4	Niveau de stabilisation en fonction des réactualisations géométriques	89
3.5	Influence du coefficient de Poisson sur les déplacements internes	91
3.6	Influence du coefficient de Poisson sur les déplacements surfaciques	91
3.7	Volumes pulmonaires	92
3.8	TRE [mm] pour chaque patient et chaque phase	95
4.1	Influence du nombre d'états intermédiaires	119
4.2	Influence du déplacement appliqué	120
4.3	Influence du pas de maillage	120
4.4	Test de conservation de la matière avec un poumon sur 10 pas d'étirement	123

Introduction

Le suivi de mouvement : un besoin croissant

Les thérapeutes estiment qu'un tiers des cancers détectés chaque année en France est dû au tabac, soit près de 90 000. Le cancer du poumon, le plus mortel, tue à lui seul 26 000 personnes par an. Une des solutions de traitement de cette maladie est la radiothérapie qui consiste à envoyer un rayon ionisant sur la tumeur. Malheureusement, les tumeurs pulmonaires sont difficiles à cibler étant donné qu'elles bougent lors du cycle respiratoire des patients. Une technique permettant d'évaluer le trajet des tumeurs est nécessaire. En effet, à cause des mouvements, la distribution de dose 3D effective peut être différente de celle initialement prévue. Les bénéfices attendus sont directs pour les patients : ceci permet d'épargner les tissus sains, rendant possible l'escalade des doses tout en diminuant les effets secondaires. Enfin, ceci peut permettre de réduire le nombre de séances de traitement (ce qui entraîne également un gain sur le plan économique), augmentant ainsi la chance de guérison. Les plates-formes de dosimétrie existantes ne prennent malheureusement pas en compte l'effet de mouvements lors du calcul des doses.

Deux classes d'approches pour la prédiction du mouvement existent. La première est basée sur le traitement d'images et utilise un algorithme de recalage entre deux scanners 3D avec l'hypothèse que le cycle respiratoire du patient est reproductible. Malheureusement, cette hypothèse est très rarement vérifiée. L'autre est basée sur la simulation physique qui présente la possibilité de prendre en compte différents modes de respiration.

Nous présentons dans cette thèse une méthode de simulation du comportement pulmonaire basée sur la seconde approche. Cette modélisation a été étudiée pour prendre en compte les paramètres physiologiques et géométriques d'un patient comme la morphologie du thorax, la forme des organes, l'élasticité pulmonaire et le mode de respiration du patient (thoracique ou diaphragmatique détecté par des capteurs externes). Dans ce travail, nous n'avons pas cherché à définir une modélisation générique du mouvement des poumons mais une modélisation personnalisée grâce à des données patient.

Notre méthode est basée sur les principes de la mécanique des milieux continus, nous supposons que les déformations du poumon sont gouvernées par les lois de la physique macroscopique. La résolution de ces équations est effectuée par la méthode numérique des éléments finis, sans recherche d'optimisation et de réduction du temps de calcul. C'est une étude de faisabilité où le principal objectif est l'obtention de résultats précis correspondant à la réalité. L'aspect calcul haute performance sort du cadre de ce travail.

Cette recherche a été menée parallèlement avec une autre thèse [?] portant également sur la simulation du mouvement pulmonaire mais dont le système est composé de masses ponctuelles et où les interactions sont modélisées par des ressorts. Une partie des travaux que nous allons présenter a été effectuée en collaboration avec cette thèse.

Notre approche

Le point de départ de notre travail est la coopération avec le milieu médical. La compréhension et l'analyse du mouvement respiratoire ont été possible grâce à l'apport d'anatomistes (INRETS et Musée Testut Letarjet d'anatomie) et de physiologues (Hôpital Louis Pradel). Ainsi, les différentes contraintes que nous avons appliquées à notre modèle sont basées sur des concertations avec ces spécialistes. De la même manière, la faisabilité ainsi que l'intérêt thérapeutique ont été effectués en collaboration avec des centres anti cancer : un centre déjà implanté (le Centre Léon Bérard) et un en projet (le Centre ETOILE).

Dans le premier chapitre de ce manuscrits, nous détaillerons le contexte médical de nos travaux. Il s'agira de décrire le traitement du cancer par radiothérapie et hadronthérapie, de montrer l'intérêt de notre recherche dans ce contexte. Nous étudierons ensuite le fonctionnement anatomique du poumon. Enfin, nous verrons deux paramètres physiologiques important pour notre travail : le scanner 3D qui permet de connaître la géométrie des poumons et la compliance, issue d'un examen d'Exploration Fonctionnelle Respiratoire, qui donne une information sur l'élasticité des poumons.

Le deuxième chapitre sera consacré aux travaux sur la modélisation des organes déformables. Nous proposerons un état de l'art des différentes techniques utilisées dans la littérature en nous focalisant sur les méthodes de simulation du comportement pulmonaire. Nous ferons alors un bilan de l'état de l'art donnant les raisons de notre choix de méthode : l'emploi des lois de la mécanique des milieux continus avec résolution par la méthode des éléments finis. Nous terminerons ce chapitre par un rappel sur la mécanique des milieux continus et la méthode des éléments finis.

Le troisième chapitre portera sur notre approche de simulation du mouvement pulmonaire. Nous décrirons notre modèle biomécanique conçu avec l'aide de spécialistes médicaux en présentant d'abord les conditions initiales et limites, c'est-à-dire quels sont les muscles qui vont agir sur le poumon et les interactions du poumon avec son environnement. Puis, nous proposerons les lois mécaniques permettant la caractérisation du comportement du tissu pulmonaire, la loi de mouvement et la loi de déformation. Ensuite, nous décrirons notre approche de la simulation du mouvement. Pour cela, nous présenterons comment obtenir, à partir d'un scanner 3D, la géométrie de l'organe par une méthode de maillage adaptée comportant trois couches : des éléments surfaciques pour avoir un maillage lisse, des éléments centraux pour préserver les voxels du scanner et des éléments périphériques pour assurer la continuité du maillage entre le centre et la surface. Nous étudierons les paramètres de convergence de notre modèle afin de trouver un compromis entre la précision et le temps de calcul. Nous évaluerons également l'influence des paramètres mécaniques sur le résultat de la simulation afin de vérifier leur importance dans le cas précis de notre application. La dernière section de ce chapitre sera consacrée à des premières validations cliniques. Nous présenterons ici une comparaison entre les déplacements proposés par des experts médicaux et ceux prédits par la simulation.

Enfin, le quatrième chapitre décrira la méthode que nous avons développée pour convertir les données de simulation du mouvement en représentation scanner tomographique. Nous verrons, dans un état de l'art, la définition d'un scanner 4D et la méthode de simulation de DRR (Digitally Reconstructed Radiographs), couramment utilisée pour simuler des images scanner. Partant du principe de la conservation de la matière, nous proposerons une technique permettant le calcul de la densité de la matière en fonction du déplacement de différents points du poumon. Ensuite, nous présenterons la conversion en densité électronique sur chaque voxel scanner. Nous validerons alors cette méthode par des tests qualitatifs et quantitatifs. Finalement, grâce à la technique présentée dans ce chapitre, notre simulation mécanique de comportement pulmonaire pourrait directement

être incorporée dans un plan de traitement thérapeutique.

Ce mémoire se termine par une conclusion générale et trois annexes : la première présente le calcul de la matrice tangente en grande déformation avec la méthode des éléments finis. La deuxième explique la méthode d'intégration numérique de Gauss et la dernière montre le calcul des dérivées partielles des fonctions d'interpolation utilisées dans ce manuscrit.

Chapitre 1

Contexte médical

Sommaire

1.1 Introduction	21
1.2 La radiothérapie	21
1.2.1 Introduction	21
1.2.2 Un traitement par radiothérapie	22
1.2.3 Incorporation de notre travail dans un SPT	23
1.2.4 L'hadronthérapie	25
1.3 Mouvement et stratégies médicales	27
1.3.1 Optimisation des marges	28
1.3.2 Blocage respiratoire	28
1.3.3 Blocage du faisceau	28
1.3.4 Ciblage de la tumeur	29
1.4 Les poumons	30
1.4.1 Anatomie et terminologie	30
1.4.2 Rôles des muscles respiratoires	31
1.4.3 Rôle de la plèvre	31
1.5 Les paramètres médicaux mesurables	32
1.5.1 Les images scanners	32
1.5.2 La compliance	35
1.6 Conclusion	37

1.1 Introduction

Dans ce chapitre, nous allons présenter le contexte médical de notre projet. Notre objectif étant d'améliorer les traitements par radiothérapie, nous allons voir tout d'abord, comment notre travail peut s'incorporer dans une chaîne de traitement puis nous nous intéresserons plus particulièrement à la place qu'il pourrait occuper dans le cadre d'un traitement par hadronthérapie, une technique récente que nous expliquerons par ailleurs. Ensuite, nous nous concentrerons plus précisément sur le traitement du cancer du poumon, objet de notre étude biomécanique, et par le fait nous étudierons les mécanismes de la respiration qui influent sur le comportement de cet organe. Enfin, nous détaillerons les paramètres médicaux que nous avons à notre disposition, grâce à nos partenaires thérapeutes, afin de personnaliser une modélisation à partir d'un patient réel.

1.2 La radiothérapie

1.2.1 Introduction

La radiothérapie est l'une des 3 alternatives de traitement du cancer, avec la chirurgie et la chimiothérapie. Elle utilise des rayons de très haute énergie pour détruire les cellules tumorales présentes dans l'organisme. La radiothérapie externe consiste à irradier une partie très précise du patient (la tumeur) à l'aide d'un appareil délivrant un faisceau de rayons à une certaine distance du corps (Cf Figure 1.1). Les radiations ionisantes utilisées peuvent être de plusieurs types : photons, électrons, protons, ions légers ($^{12}C^{6+}$ par exemple),... Souvent plusieurs faisceaux sont nécessaires pour éradiquer totalement la tumeur.



FIGURE 1.1 – Accélérateur linéaire de photon utilisé en radiothérapie

Ces rayonnements ionisants détruisent les cellules (l'apoptose est la voie recherchée), les empêchant ainsi de se multiplier. Ceci concerne toutes les cellules d'un patient, aussi bien saines que malades, mais heureusement, dans bon nombre de cas, ces dernières sont plus sensibles aux radiations dans les gammes de doses délivrées, c'est l'effet différentiel. Ainsi, au fil des séances de radiothérapie, les cellules tumorales vont être progressivement détruites, alors que les cellules saines pourront se réparer et se régénérer.

Le principe de la radiothérapie est expliqué en détail dans [?]. Nous allons décrire ici les principales notions à connaître pour comprendre la problématique de la thèse.

1.2.2 Un traitement par radiothérapie

Le traitement du cancer par radiothérapie comporte plusieurs étapes. Nous allons globalement décrire la chronologie d'un traitement en expliquant chaque partie. L'ensemble de ces étapes dure de une à neuf semaines.

Une première partie est accomplie par un médecin :

1. **Détection de la maladie.** Le diagnostic d'un cancer pulmonaire s'appuie sur un examen clinique minutieux : analyses biologiques (histologie, bilan sanguin, ...) et imagerie (TEP, scanner, radiographies, ...). Nous verrons à nouveau cette étape d'acquisition à la cinquième étape.
2. **Décision d'un traitement par radiothérapie.** Le choix du traitement se fait selon des critères fonctions du patient (l'âge, la maladie, l'état de santé général) et selon des critères liés à la tumeur (la taille, le type, la localisation, son agressivité et son étendue). On peut également combiner la radiothérapie avec un autre type de traitement (exemple : radiothérapie+chimiothérapie).
3. **Contourage** des volumes concernés par l'irradiation (tumoraux et sains). Il est déterminé par le médecin à partir des images acquises. Des **marges** de sécurité sont également ajoutées.
4. **Détermination des doses à administrer et du fractionnement.** Suivant la taille et la radiosensibilité de la tumeur, le médecin va décider quelle dose d'irradiation il doit administrer au patient. Cette dose par unité de volume s'exprime en Gray (Gy) et traduit la quantité d'énergie absorbée par unité de masse dans le milieu irradié. Suivant le type de tumeur ou si celle-ci est peu différenciable des tissus sains environnants, le fractionnement doit être plus fréquent et la dose moindre pour ne pas léser les tissus sains.

Puis la suite du traitement est prise en charge par un physicien médical, et validée par le radiothérapeute :

5. **Acquisition des données anatomiques du patient.** Plusieurs éléments permettent une précision dans cette acquisition. Tout d'abord, des systèmes de contention sont utilisés lors de la prise des clichés de repérage et permettent un positionnement précis lors du traitement (Cf Figure 1.2).
Les techniques d'imagerie permettent d'utiliser fréquemment des scanner 3D, mais également de l'IRM et de l'imagerie PET (notamment pour distinguer la zone tumorale réelle dans les lésions pulmonaires).
6. **Dosimétrie** prévisionnelle. Lors de la planification du traitement, le physicien conçoit le traitement et détermine le nombre de faisceaux et leur angle (**balistique**). Puis il effectue la dosimétrie prévisionnelle.
7. **Simulation du traitement.** Le physicien matérialise le traitement prévu : recherche de la position de traitement, dessins sur la peau pour le repérage de la zone à irradier par les manipulateurs, photographies pour le dossier, radiographies pour le contrôle, enregistrement des caractéristiques chiffrées des faisceaux d'irradiation.
8. **Traitement.** Le traitement dure quelques semaines, le plus fréquemment de 4 à 5 séances par semaine. Le patient s'allonge sur la table de traitement en prenant soin de bien reprendre sa position de traitement. Il est positionné par rapport à l'accélérateur linéaire avec une éventuelle inclinaison.



FIGURE 1.2 – Exemple de système de contention : un moule en mousse expansée

9. **Vérification et Contrôle.** Une dosimétrie in-vivo (grâce à des capteurs qui permettent de connaître la dose reçue) est effectuée parfois plusieurs fois au cours du traitement pour vérifier la cohérence avec la dose planifiée.

Dans la pratique, les centres médicaux utilisent un logiciel appelé "Système de Planification de Traitement" (SPT). Cette plate-forme regroupe les données et les outils informatiques utilisés lors de la thérapie. La contribution de cette thèse s'incorpore justement dans un tel logiciel.

1.2.3 Incorporation de notre travail dans un SPT

Les étapes qui nous intéressent pour notre simulation sont le **contourage**, la **détermination des marges**, la **balistique** et la **dosimétrie**.

Le contourage des organes

Comme nous l'avons vu, la définition du volume à irradier est de la responsabilité propre du radiothérapeute. Il faut qu'il distingue la tumeur des zones saines. Il va travailler sur des coupes précises dans les scanners 3D pour définir les volumes cibles et les volumes à protéger (organes à risque) et dessiner sur l'écran de son ordinateur ces volumes pour une dosimétrie ultérieure (Cf Figure 1.3).

Si le radiothérapeute veut incorporer le mouvement dû à la respiration, il doit avoir plusieurs scanners 3D au cours du temps (Cf §4.2.1). Cette étape de contourage doit donc être faite à chaque instant. Un objectif de notre simulation du mouvement pulmonaire sera de permettre un suivi de la tumeur lors de la respiration d'un patient à partir d'une seule étape de contourage (au départ).

Les marges de sécurité

"L'International Commission on Radiation Units and Measurements" (ICRU) a défini dans le rapport 50 puis dans le rapport 62 les différentes marges de sécurité qui doivent être spécifiées lors de la radiothérapie (Cf Figure 1.4). Le premier volume est le volume tumoral macroscopique ou "Gross Tumour Volume" (GTV) qui comprend les zones tumorales palpables ou visibles en imagerie. Autour du GTV, le volume cible anatomo-clinique ou "Clinical Target Volume" (CTV), prend en compte les zones susceptibles d'être envahies par des cellules tumorales invisibles sur les scanners (Cf Figure 1.4). Le volume cible prévisionnel (Planning Target Volume ou PTV), ajoute au volume cible anatomo-clinique

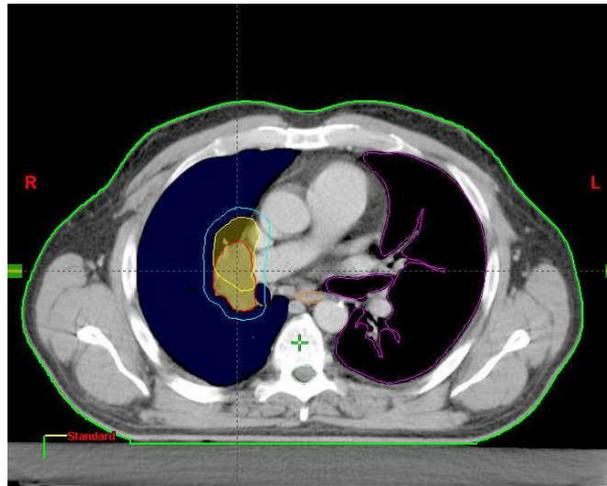


FIGURE 1.3 – Exemple de contourage des poumons et d'une tumeur pulmonaire

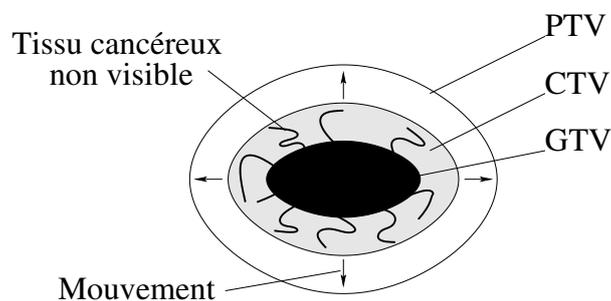


FIGURE 1.4 – Les marges de sécurité définies par l'ICRU

les incertitudes liées aux mouvements des organes et du patient. Il est scindé en deux volumes distincts selon les causes d'incertitudes : le volume cible interne qui prend en compte les mouvements internes et un second volume défini par l'addition d'une marge de mise en place autour du volume cible interne qui prend en compte les incertitudes de positionnement pendant le traitement.

Nous allons voir dans §1.3.1 que les marges peuvent être optimisées en fonction du mouvement de la tumeur au cours de la respiration. Notre simulation vise à prédire ce déplacement et permettre donc de minimiser ces marges de sécurité.

La balistique et la dosimétrie du traitement

La balistique est l'optimisation de la trajectoire des faisceaux d'irradiation. Un traitement peut comporter un (technique de base) ou plusieurs rayons (technique élaborée). Cette dernière méthode permet à la dose de mieux se conformer au volume cible et de diminuer la dose absorbée par les organes à risque (exemple de la Figure 1.5 où la moelle épinière est l'organe à risque).

La dosimétrie dépend de la balistique choisie. Elle consiste à établir une cartographie optimisée de la dose reçue par les zones irradiées. L'optimisation est réalisée en respectant une certaine dose curative au niveau tumoral et une certaine tolérance pour les tissus sains. Lors de la simulation, chaque faisceau sera repris par le radiophysicien pour calculer la dose précise à délivrer par séance puis la consigne sur la fiche de traitement.

La Figure 1.6 montre un exemple de dosimétrie où les couleurs représentent des isodoses. Plus la couleur est proche du rouge et plus la dose absorbée est importante.

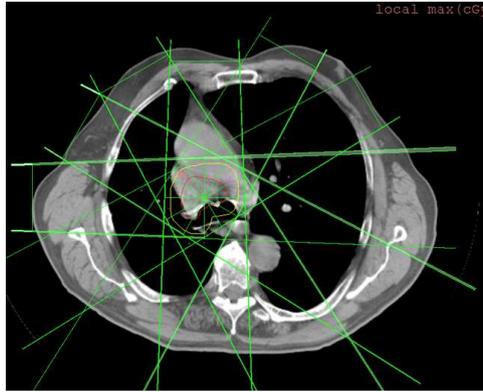


FIGURE 1.5 – Balistique comportant sept faisceaux

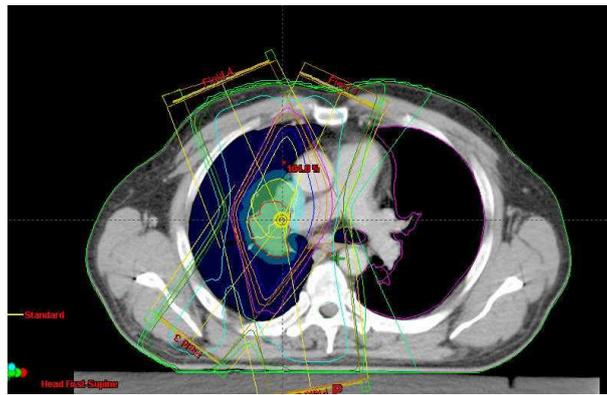


FIGURE 1.6 – Exemple de dosimétrie sur un poumon : la dose augmente en allant des couleurs froides vers les couleurs chaudes

La plupart des logiciels de planification de traitement n'incorpore pas le mouvement dans le calcul du dépôt de dose. Ils considèrent une géométrie statique sur laquelle ils effectuent des calculs analytiques ou des simulations de type Monte Carlo. L'intérêt de notre travail est de produire une géométrie variable avec le temps. Ainsi, une dosimétrie prenant en compte les mouvements du poumon et la dynamique du rayonnement thérapeutique sera possible.

1.2.4 L'hadronthérapie

Parallèlement à la radiothérapie classique par rayonnement photonique, l'hadronthérapie (rayonnement par ions légers) se développe progressivement. Cette technique est une solution extrêmement intéressante pour la thérapie des cancers radiorésistants inopérables grâce à sa précision balistique et à son effet biologique jusqu'à trois fois supérieur à celui des photons dans la tumeur. L'expérience acquise au Japon et en Allemagne montre que ces ions, par leur efficacité et leur bonne tolérance, sont le plus sûr espoir de faire progresser, à court terme, le taux de guérison des tumeurs radiorésistantes. Des centres dédiés au traitement par les ions carbone ont déjà ouvert : Chiba au Japon avec 1000 malades par an et Darmstadt en Allemagne, expérience pilote avec quelques centaines de patients traités (Cf Figure 1.7).



FIGURE 1.7 – Salle de traitement par ion carbone utilisé à Darmstadt

Physique du rayonnement hadronique

Contrairement aux rayonnements photoniques utilisés pour le traitement des tumeurs pulmonaires lors des radiothérapies classiques (Cf courbe en traits pointillés de la Figure 1.8) dont le profil de dose délivrée aux tissus décroît avec la profondeur traversée, celui des hadrons (Cf courbe en traits continus de la Figure 1.8) est caractérisé par un dépôt de dose élevé en fin de parcours (dénommé pic de Bragg), alors que la dose déposée en amont (correspondant à la région du plateau), est beaucoup plus faible. La position en profondeur du pic de Bragg, contrôlée par l'énergie incidente du faisceau, peut être modifiée, permettant ainsi de déposer le maximum de dose au sein de la tumeur, tout en limitant l'irradiation des tissus sains en amont et en aval.

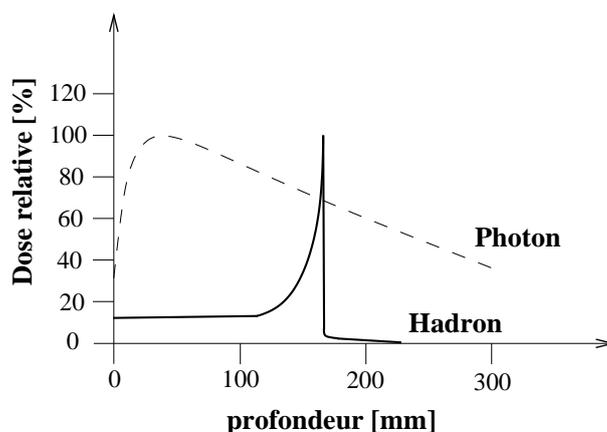


FIGURE 1.8 – Profil de la dose relative absorbée en fonction de la profondeur pour deux types de rayonnement

Le projet ETOILE



Le projet français ETOILE propose de construire un centre de soins et de recherche clinique dédié au traitement de certaines tumeurs cancéreuses par des faisceaux d'ions carbone [?].

Ce centre utilisera un équipement de pointe, unique en France, pour produire des faisceaux d'ions légers. Il existe actuellement cinq projets européens de centres dédiés à l'hadronthérapie par ions carbone. La construction du centre allemand de Heidelberg a commencé en 2002.

Cet équipement a fait l'objet d'une pré-étude, réalisée sous la maîtrise d'ouvrage de l'Université Claude Bernard Lyon 1 et financée par la région Rhône-Alpes, la Communauté Urbaine de Lyon et le Ministère de la Recherche dans l'actuel Contrat de Plan Etat-Région

Le sujet de cette thèse est né des projets de traitement du cancer par le futur centre ETOILE. Les intérêts d'une simulation vus dans le §1.2.3 sont encore plus nécessaires avec la précision permise par les ions carbone.

1.3 Mouvement et stratégies médicales

Les mouvements spontanés du malade et les imprécisions de repositionnement constituent encore une source d'imprécision. Si la seconde cause d'erreur peut être améliorée par un meilleur positionnement, l'utilisation de repères internes, voire d'un véritable cadre stéréotaxique, les mouvements du malade sont plus difficiles à prendre en compte.

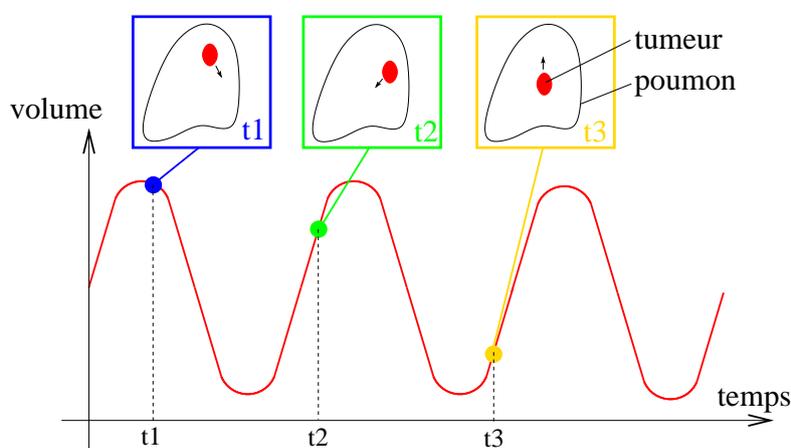


FIGURE 1.9 – Illustration du mouvement d'une tumeur pulmonaire lors d'un cycle respiratoire

Un des mouvements les plus notables est la respiration. En effet, quand le patient respire, le poumon se gonfle et se dégonfle et une tumeur pulmonaire peut donc à la fois bouger et se déformer. A chaque volume pulmonaire correspond une position différente de la tumeur comme schématisé sur la Figure 1.9. Plusieurs travaux ont montré que les tumeurs situées dans les régions thoraciques et abdominales pouvaient avoir des mouvements inter et intra opératoires trop importants pour être négligés ([?], [?], [?]).

Plusieurs techniques existent et/ou sont utilisées en clinique. C'est ce que nous allons maintenant détailler.

1.3.1 Optimisation des marges

Une première méthode consiste à optimiser les marges de sécurité ajoutées au volume cible clinique (CTV), pour prendre en compte les mouvements internes du patients. Il faut que ces marges soient suffisantes pour bien irradier la tumeur et la taille des marges doit être personnalisée dans toutes les directions au profit du tissu sain.

La Figure 1.10 montre un exemple où la marge de sécurité PTV prend en compte les mouvements internes des organes. Le patient est irradié en continu mais le CTV défini ne permet le dépôt de dose qu'aux différentes positions de la tumeur au cours du temps.

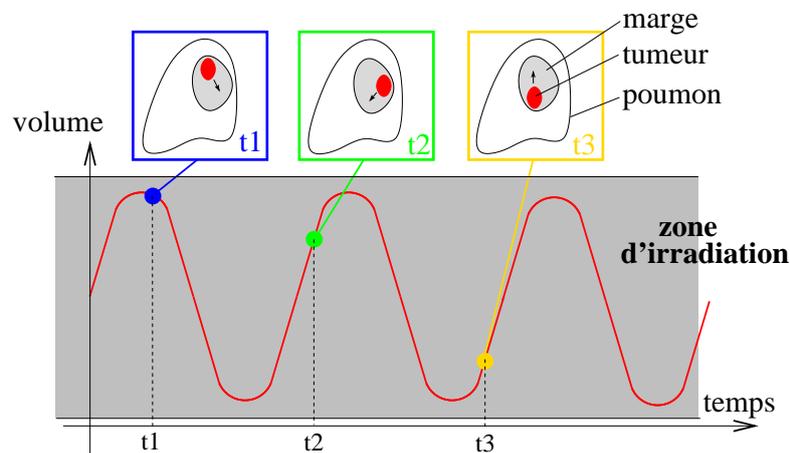


FIGURE 1.10 – Optimisation des marges de sécurité en fonction du mouvement pulmonaire

1.3.2 Blocage respiratoire

On peut asservir l'irradiation aux mouvements respiratoires. On parle alors de blocage respiratoire ou "breath gating". On repère la position des organes à irradier lorsque le malade cesse de respirer pendant un court moment (soit en inspiration forcée, soit en expiration forcée) et on va irradier le patient uniquement pendant ces moments [?].

Pratiquement, cela consiste en un spiromètre comportant une valve qui peut bloquer la respiration à un moment déterminé du cycle respiratoire. Le blocage volontaire de la respiration utilise quant à lui un spiromètre couplé à des lunettes équipées de récepteurs vidéo retransmettant directement au patient son niveau respiratoire et lui indiquant la zone prédéfinie où il doit bloquer sa respiration.

La Figure 1.11 montre que le cycle respiratoire reste constant pendant un faible instant, correspondant à un blocage de la respiration du patient, assez court pour que ce soit supportable pour le patient. C'est justement (et uniquement) pendant cet instant, que la tumeur est irradiée. Ceci va ainsi permettre d'avoir un PTV optimal.

1.3.3 Blocage du faisceau

On peut asservir l'irradiation aux mouvements respiratoires. On parle alors de blocage du faisceau ou "beam gating". On repère la position des organes à irradier par rapport à un repère implanté sous la peau (ou dans l'organe traité) et que la machine peut reconnaître, et l'irradiation est guidée avec ce mouvement.

Pratiquement, cela consiste à suivre en temps réel le rythme ventilatoire spontané du patient. Cette technique, en cours d'évaluation au MGH de Boston [?], emploie un bloc de plastique posé sur la partie haute de l'abdomen et sur lequel sont collés deux réflecteurs.

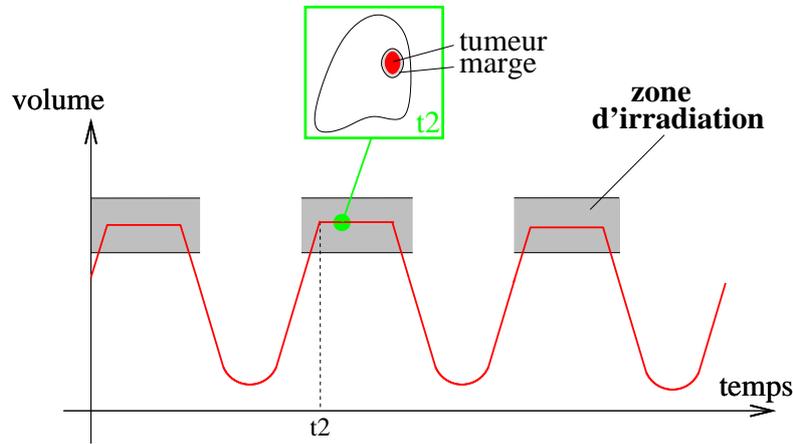


FIGURE 1.11 – Traitement thérapeutique avec blocage de la respiration

Le mouvement de ces réflecteurs lors de la respiration est suivi par une caméra infrarouge et analysé en temps réel par un logiciel qui commande le déclenchement du scanner et l'accélérateur.

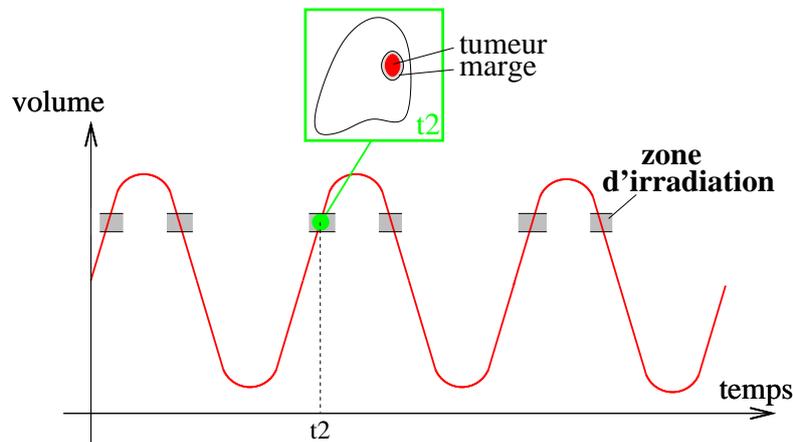


FIGURE 1.12 – Traitement thérapeutique avec blocage du faisceau

La Figure 1.12 montre que le cycle de respiration n'est, cette fois, pas altéré. Par contre, le faisceau d'irradiation ne va se déclencher que durant un très faible instant : lorsque la position dans le cycle respiratoire, et donc la tumeur, se trouve dans un intervalle précis et stratégique. Ceci va permettre d'optimiser le PTV.

1.3.4 Ciblage de la tumeur

Une dernière méthode consiste à produire un faisceau qui va suivre la tumeur durant la respiration du patient.

La Figure 1.13 montre que le cycle respiratoire n'est pas, comme précédemment, altéré. Le faisceau irradie en continue, en ciblant précisément la tumeur à sa position réelle. Encore une fois ceci permet d'avoir un PTV optimal.

En pratique, plusieurs techniques visent à suivre le mouvement des tumeurs : l'imagerie portal [?] [?]; les rayons X fluoroscopiques [?] [?] et les ultrasons [?]. Nous développons une autre méthode : la simulation du mouvement par un modèle biomécanique.

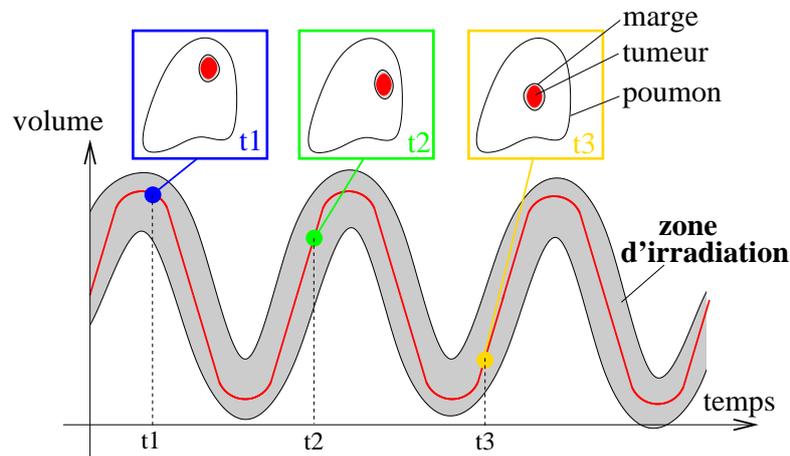


FIGURE 1.13 – Traitement avec un faisceau qui cible la tumeur

1.4 Les poumons

Cette partie anatomique a pu être rédigée suite à des discussions avec Jean-Yves Bayle Pneumologue à l'hôpital Louis Pradel et Thierry Quesnel médecin anatomiste à l'INRETS¹. Cette petite étude est également issue de la lecture de [?]. Nous présentons ici l'anatomie ainsi que le fonctionnement des muscles respiratoires, de manière à ensuite établir un schéma mécanique du problème.

1.4.1 Anatomie et terminologie

Extérieurement, le poumon apparaît comme un organe de surface lisse, brillante, de colorisation rose pâle, semée de traînées noirâtres plus ou moins importantes provoquées par l'empoussièrément. De consistance spongieuse et élastique, le poumon s'affaisse facilement après ouverture du thorax.

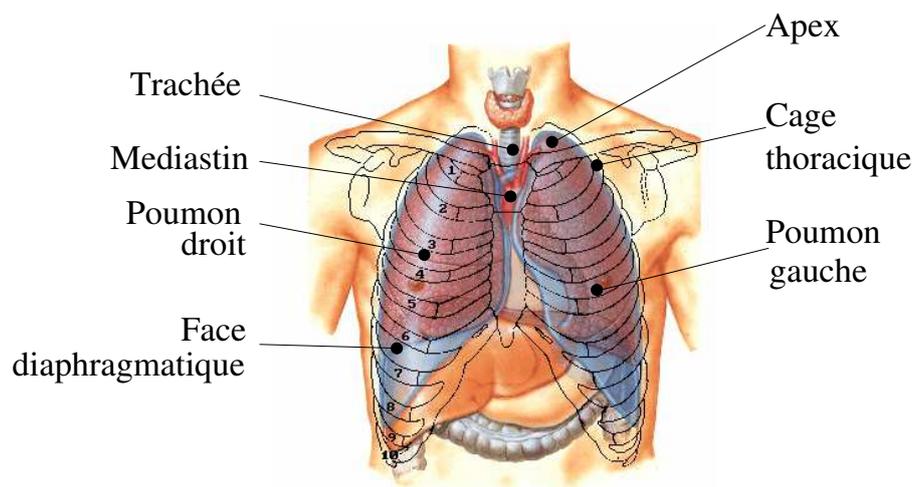


FIGURE 1.14 – Anatomie du thorax

Les poumons sont situés dans la partie latérale de la cavité thoracique de part et d'autre du médiastin auquel ils sont reliés par la trachée. Ils sont enveloppés par le feuillet viscéral de la plèvre, séparée de son feuillet pariétal par la cavité pleurale virtuelle. Leurs

1. jusqu'en 2004

faces intérieures s'appuient sur le diaphragme, leurs faces externes sur le plan costal et intercostal, leurs faces internes sur le médiastin ; leurs sommets (apex) débordent de la cage thoracique (Cf Figure 1.14).

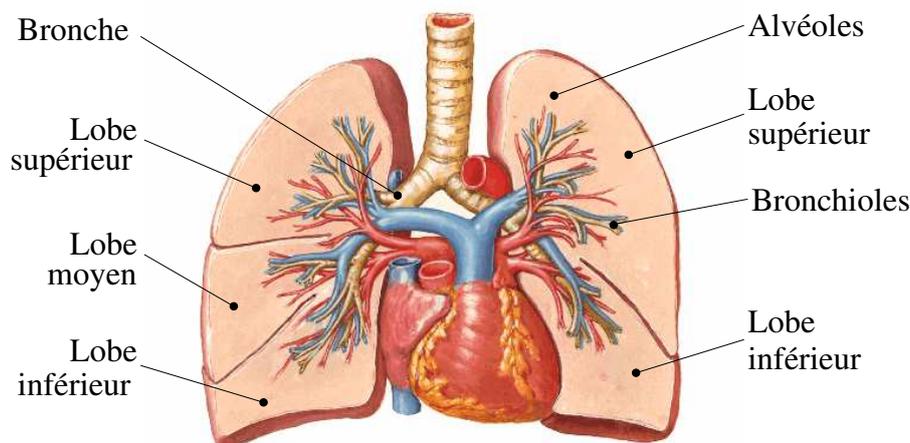


FIGURE 1.15 – Vue de face des deux poumons

Les poumons forment une paire d'organes dissymétriques : le poumon droit ayant une morphologie, un volume et un nombre de lobe différents de ceux du poumon gauche. Chaque poumon peut, en effet, être subdivisé en un certain nombre de territoires parenchymateux précis possédant une autonomie fonctionnelle et représentant donc un véritable poumon miniatures. Ces territoires sont les lobes. Pour les deux poumons, les conduites respiratoires se ramifient à l'intérieur des poumons : les bronches deviennent les bronchioles, et les alvéoles sont suspendues aux bronchioles. La Figure 1.15 résume l'anatomie des deux poumons isolés de leur environnement.

1.4.2 Rôles des muscles respiratoires

Lors de l'expiration libre aucun muscle n'est sollicité. le poumon se rétracte naturellement.

En revanche, quatre muscles (Cf Figure 1.16) vont se combiner lors de l'inspiration :

- Le diaphragme (un muscle fort et en forme de dôme). Il sépare les cavités de l'abdomen et de la poitrine. C'est le muscle principal de la respiration.
- Les muscles intercostaux (localisés entre les côtes). Ces muscles aident la cage thoracique à se développer lors de l'inspiration.
- Les muscles scalènes (au niveau du cou). Ils aident à augmenter le volume supérieur de la poitrine lors de l'inspiration.
- Les muscles abdominaux fonctionnent avec ces autres groupes de muscle pour vous aider à respirer profondément et pour tousser.

Plus précisément, afin d'insuffler de l'air dans les poumons, le diaphragme se contracte, les muscles scalènes et intercostaux agrandissent la cage thoracique. De ce fait, la cavité thoracique s'agrandit et la pression intrathoracique diminue. Quand les muscles sont détendus, l'air est évacuée grâce au recul élastique du poumon.

1.4.3 Rôle de la plèvre

Au nombre de deux, l'une droite l'une gauche, les plèvres sont des enveloppes à double feuillet qui entourent chacun des deux poumons. Chez l'homme, les deux plèvres sont

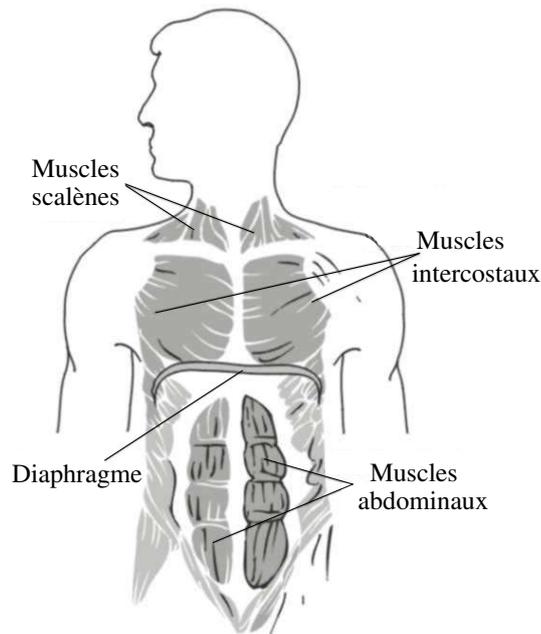


FIGURE 1.16 – Les muscles de la respiration

indépendantes l'une de l'autre. Les deux feuillets (Cf Figure 1.17) sont la plèvre viscérale qui tapisse la face superficielle du poumon et la plèvre pariétale qui tapisse la grande partie latérale de la cage thoracique.

Les plèvres ont pour rôle de diminuer les frottements occasionnés par les mouvements (respiratoire en l'occurrence). Elles sont tapissées par un épithélium sécrétant en petite quantité un liquide lubrifiant.

Le rôle de la plèvre pour la respiration est donc prépondérant. Tout d'abord elle permet au poumon de suivre les mouvements induits par les muscles de la cage thoracique et ensuite elle permet à la surface extérieure du poumon de glisser sans frottement au cours de son expansion. De ce fait, plusieurs travaux ont étudié le comportement de la plèvre et sa contribution mécanique lors de la respiration ([?], [?]).

1.5 Les paramètres médicaux mesurables

Deux paramètres médicaux sont ici décrits. Le premier est l'imagerie scanner qui permet d'avoir une "photographie" 3D des poumons et ainsi obtenir une géométrie précise à un instant précis. Le second est la compliance, une mesure de l'élasticité globale des poumons.

1.5.1 Les images scanners

L'imagerie scanner ou imagerie de tomodensitométrie (TDM) est un moyen courant en traitement médical pour obtenir des informations anatomiques. Nous allons ici détailler le fonctionnement des appareils scanner ainsi que le protocole de mesure utilisé dans notre contexte de recherche pour obtenir une géométrie de simulation personnalisée à un patient.

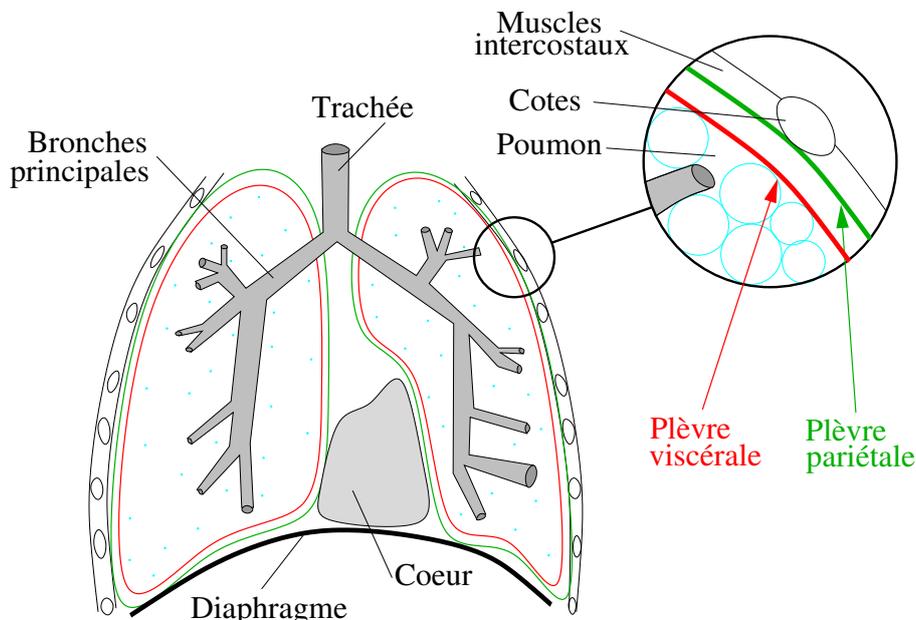


FIGURE 1.17 – Anatomie des plèvres

La tomодensitométrie scanner

La tomодensitométrie permet de mesurer la densité de tissus traversés par un faisceau de rayon X à partir du calcul du coefficient d'atténuation.

Soit $I(x)$ l'intensité à la profondeur x . Si $I_o = I(0)$ est l'intensité initiale du faisceau de rayon X et $\mu(x)$ est le coefficient d'absorption linéaire du matériau en x , alors, l'équation d'atténuation du milieu, de longueur l , traversé vérifie l'Equation 1.1 :

$$\frac{\partial I}{\partial x} = -\mu(x)I(x) \quad (1.1)$$

et la solution est de la forme :

$$\ln\left(\frac{I(x)}{I_o}\right) = -\int_0^l \mu(x)dx \quad (1.2)$$

Si on pose $\mu x = -\int_0^{\text{détecteur}} \mu(x)dx$ on a finalement :

$$I(x) = I_o \cdot \exp^{-\mu x} \quad (1.3)$$

Les appareils scanners s'appuient sur un grand nombre de mesures du coefficient d'atténuation, intégrées selon diverses incidences. On recueille ainsi de manière intégrale toutes les données, qui proviennent des volumes élémentaires de matière traversés par le faisceau X, grâce aux détecteurs (Cf Figure 1.18). L'image 3D est discrétisée en éléments de volume d'absorption μ constant formant des voxels.

L'acquisition des données se fait grâce à un tube à rayons X couplé à un ensemble de détecteurs, disposés en arc de cercle ou en éventail. Le faisceau irradie plusieurs détecteurs et permet de faire de multiples mesures de densité selon différents axes. On obtient ainsi un "profil de densité" selon plusieurs angles de projection. Ces mesures acquises grâce aux détecteurs sont transformées en courant électrique. Cette conversion aboutit à un signal qui va être amplifié et numérisé. Il y a alors deux opérations successives pour constituer des voxels [?] :

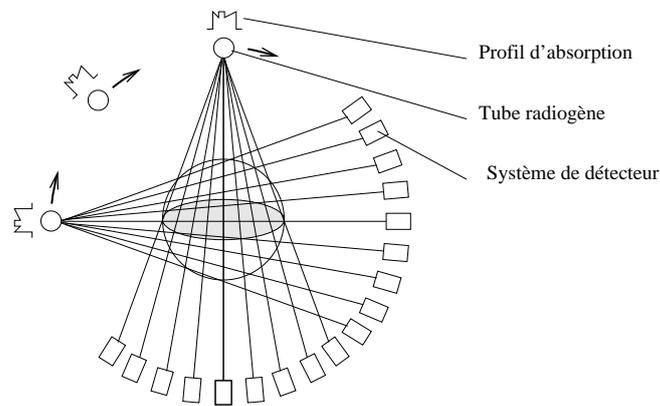


FIGURE 1.18 – Mesure d'absorption par les détecteurs avec plusieurs angles d'incidence

1 - La rétro-projection : elle correspond à la reconstruction, c'est à dire à la projection des valeurs numériques obtenues sur le plan image, en leur attribuant des coordonnées spatiales correspondant à celles qu'elles ont dans la réalité [?];

2 - La déconvolution ou filtrage : elle consiste à améliorer la qualité d'image de l'objet reconstruit, pour le rapprocher du modèle initial.

Pour l'affichage, les images comportent des niveaux de gris qui traduisent les coefficients Hounsfield. L'unité Hounsfield est une mise à l'échelle de -1000 à +1000, où -1000 correspond à la densité de l'air, où 0 correspond à la densité de l'eau et +1000 correspond à la densité de l'os compact.

Protocole de mesure

Un protocole expérimental a été défini avec des oncologues du Centre Léon Bérard à Lyon afin de mesurer des images TDM sur des patients. Lors de la respiration, l'examen scanner présente la même problématique de mouvement que la planification de traitement (Cf §1.3). Les images obtenues peuvent présenter des artefacts correspondant à une discontinuité apparente la matière. Par exemple, la Figure 1.19 montre un artefact au niveau du diaphragme.



FIGURE 1.19 – Artefacts scanner liés à la respiration

Pour réduire ces incertitudes, le protocole utilisé mesure des images TDM sur un même patient à différents instants du cycle respiratoire en respiration bloquée pour stopper le

mouvement pulmonaire. Ceci est effectué grâce au système ABC (Air Breath Control) [?]. Ce système d'acquisition scanner est couplé à un spiromètre mesurant le débit de volume d'air. Celui-ci permet aussi de bloquer la respiration du patient grâce à une valve. Trois niveaux de blocage sont préalablement définis suivant les capacités du patient (30%, 50%, 70% par exemple). Le patient peut observer son rythme respiratoire à l'aide d'un miroir dirigé sur un moniteur et il décide lui même l'enclenchement d'un blocage respiratoire (Cf Figure 1.20).

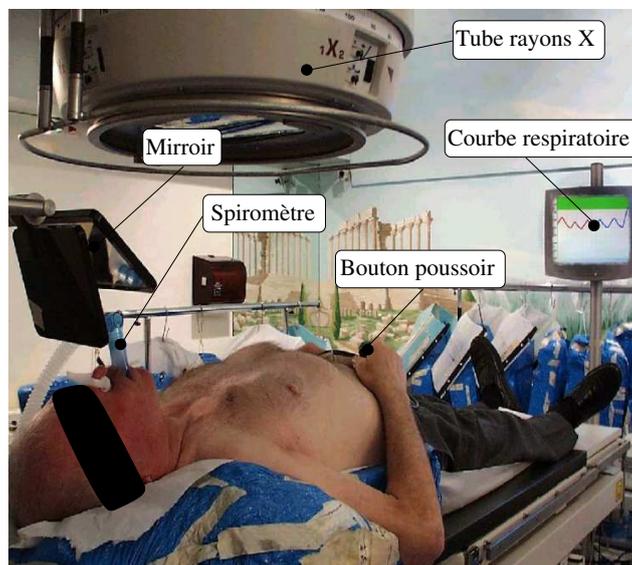


FIGURE 1.20 – Dispositif de mesure de l'ABC

Une illustration du cycle respiratoire est reproduit sur la Figure 1.21.

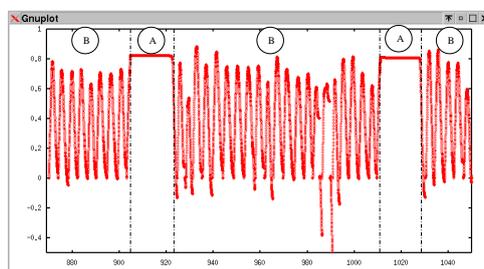


FIGURE 1.21 – Variation du volume d'air en fonction du temps, la respiration est bloquée en **A** et spontanée en **B**

1.5.2 La compliance

La compliance [?] est un examen d'Exploration Fonctionnelle Respiratoire (EFR) approfondie. Il s'agit de mesurer les propriétés élastiques du tissu pulmonaire. La compliance pulmonaire traduit donc la capacité du poumon à se développer en réponse à une augmentation de pression. Elle est généralement exprimée en ml/cmH₂O. Elle est l'inverse de l'élasticité. Dans notre contexte, les mesures de compliance sont faites à l'hôpital Louis Pradel pour chaque patient.

Dispositif de mesure

La mesure de la compliance est un examen inconfortable car il est nécessaire d'avaler une petite sonde. Cette sonde préalablement enduite d'une pommade anesthésiante, va

être glissée par l'une des deux narines jusqu'à l'œsophage. La mise en place de la sonde peut être facilitée par la déglutition de petites gorgées d'eau.

Une fois la sonde mise en place et fixée, elle est reliée à un capteur de pression qui permet d'enregistrer les variations de pression à l'intérieur du thorax lors d'une respiration normale et lors de la réalisation d'inspirations et d'expirations profondes. Cette mesure de variation de pression est couplée à un spiromètre qui mesure, comme dans la mesure scanner précédente, la variation de volume d'air dans le poumon (Cf Figure 1.22).

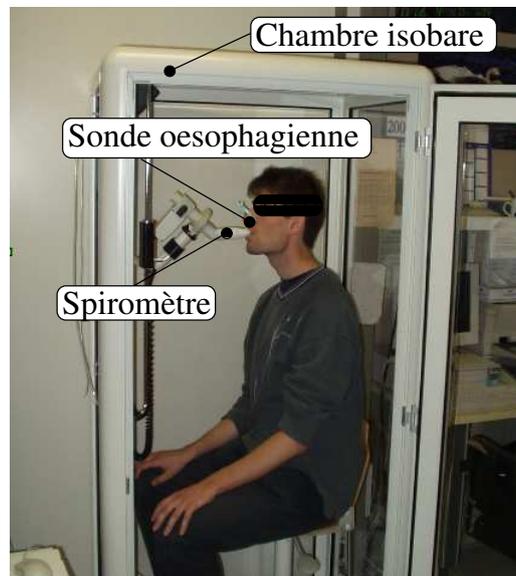


FIGURE 1.22 – Système de mesure de la compliance

Donnée fournie

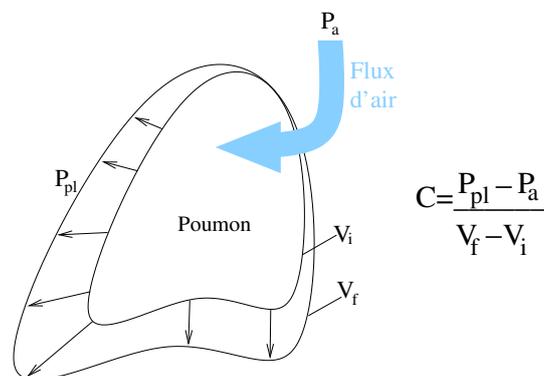


FIGURE 1.23 – Illustration de la compliance

La compliance pulmonaire est la relation qui unit la variation de pression et la variation de volume pulmonaire. Une partie de la courbe pression/volume (défini à une constante prêt) peut être assimilée à une exponentielle ce qui permet d'établir la variation de pression transpulmonaire (pression alvéolaire et pression pleurale) à développer pour créer une variation du volume pulmonaire. Le rapport entre la variation de volume ΔV et de pression ΔP représente la compliance :

$$C = \frac{\Delta V}{\Delta P} \quad (1.4)$$

Une compliance faible signifie qu'il faudra exercer une différence de pression plus élevée pour développer le même volume courant qu'en cas de compliance normale.

La courbe obtenue par l'appareil à la forme suivante :

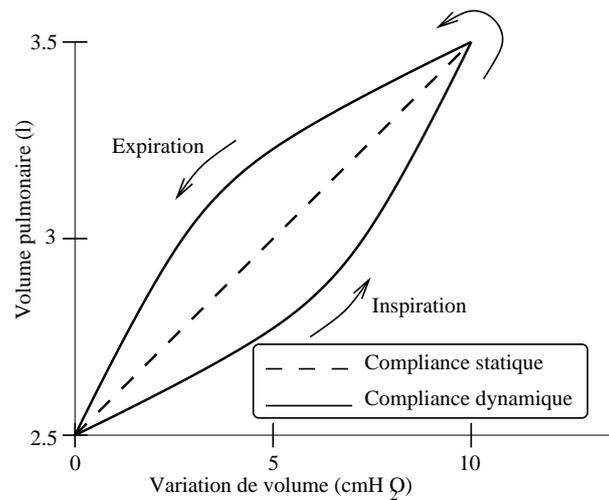


FIGURE 1.24 – Schéma représentant une courbe de compliance

Deux courbes sont représentées : la compliance statique et la compliance dynamique. La compliance dynamique présente un chemin différent suivant l'inspiration et l'expiration. Elle correspond à une mesure prise sous des conditions de respiration forcée ou rapide. La compliance statique est elle représentée par une droite dont le coefficient directeur est un paramètre que nous allons utiliser dans la modélisation pour caractériser l'élasticité du poumon. Elle correspond à une respiration calme et normale. Dans notre étude et pour l'instant, seule la compliance statique est utilisée. Elle permet donc de caractériser l'élasticité du poumon d'un patient, et est considérée comme constante et homogène dans tout le poumon.

1.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons tout d'abord pu découvrir les principales étapes d'un traitement radiothérapeutique et nous avons pu constater que certaines d'entre elles pourraient être améliorées par une modélisation de la dynamique du poumon telle que la dosimétrie. En effet, la connaissance du mouvement des tumeurs permettrait de réduire le PTV de manière significative. Nous avons résumé les principes anatomiques de la respiration desquels nous avons pu déduire que le mouvement mécanique du poumon était fortement lié au comportement mécanique de la plèvre. Enfin, nous avons étudié quels pouvaient être les paramètres personnalisés, et non préfixés, mesurables, nous permettant de garantir des conditions réelles pouvant être introduites dans une simulation informatique. Dans le cadre de simulation de mouvement pulmonaire, cette démarche est tout à fait novatrice et relativement vierge d'antécédent.

Chapitre 2

Etat de l'art

Sommaire

2.1	Introduction	41
2.2	Le poumon : une difficulté majeure	41
2.3	Les méthodes existantes	41
2.3.1	Les approches heuristiques	42
2.3.2	Les approches discrètes	43
2.3.3	Les approches continues	46
2.4	Bilan de l'état de l'art : choix de la méthode	49
2.4.1	Bilan de l'état de l'art	49
2.4.2	Choix de la méthode	50
2.4.3	Logiciel de résolution : le Code Aster	51
2.5	Rappels mécaniques et notation	52
2.5.1	Rappels sur la mécanique des Milieux Continus	52
2.5.2	Rappels sur la méthode des éléments finis	59

2.1 Introduction

Le contexte médical joue un rôle important dans l'orientation de nos travaux c'est pourquoi nous allons développer cette partie avant de décrire l'état de l'art sur les méthodes de simulation des comportements des organes mous et plus spécialement du mouvement pulmonaire. Nous ferons alors un bilan de l'état de l'art nous menant au choix de la méthode que nous allons utiliser : la méthode des éléments finis. Nous concluons ce chapitre par un bref rappel de mécanique où nous résumons des principes de mécanique des milieux continus ainsi que de la méthode des éléments finis.

2.2 Le poumon : une difficulté majeure

Précédemment nous avons vu que la radiothérapie actuelle nécessitait la réduction des incertitudes des mouvements tumoraux. De cette manière, les marges PTV autour des tumeurs seraient réduites et les organes sains environnementaux seraient plus épargnés. Une méthode couramment employée dans l'analyse médicale est le recalage d'image [?, ?]. Le principe général d'un algorithme de recalage est d'optimiser un critère mesurant la correspondance entre deux images sur un espace prédéterminé de transformations spatiales. Le choix de ce critère est appelé mesure de similarité. Ces algorithmes peuvent être utilisés pour propager automatiquement le contour 3D des organes ou des tumeurs sur une série d'images temporelles. Elles peuvent également être utilisées pour construire une séquence d'image 3D formant un scanner 4D.

Cependant, pour être applicable, cette approche doit faire l'hypothèse que les points suivent une courbe unique obéissant au cycle respiratoire. Or, la respiration est régie par un ensemble de muscles indépendants donnant une facette multidirectionnelle aux mouvements.

Le patient peut ralentir ou accélérer sa respiration. Cela se traduit par une courbe respiratoire mesurée sur le patient (Cf Figure 1.21) qui n'a pas de fréquence ou d'amplitude constante. Cela signifie que le modèle doit "coller" au cycle respiratoire.

Ainsi, dans [?] une expérience de suivi de tumeur est présentée. Des marqueurs fluoroscopiques sont implantés sur des tumeurs et il est possible de les suivre en temps réel. La Figure 2.1 montre les coordonnées 3D des marqueurs à la fin des phases d'inspiration et d'expiration sur un même patient. Les changements de position de la tumeur sont très visibles, même si les changements en fin d'expiration sont moins importants que les changements en fin d'inspiration. La conclusion de ce travail est qu'il est important d'estimer les mouvements tumoraux inter et intra opératoires et ne pas s'appuyer sur une simple série d'images.

Une alternative au suivi du mouvement de la tumeur par marqueur est la simulation pilotée par des paramètres externes caractérisant en ligne le cycle respiratoire. Ces modèles couramment utilisés en informatique graphique consistent à générer artificiellement le mouvement d'objet, le plus souvent par des transformations mathématiques. En utilisant de tels modèles, il serait possible de sélectionner la meilleure balistique pour gérer au mieux le mouvement d'organe de chaque patient et pourrait donner des informations utiles pour une planification et un traitement en temps réel.

2.3 Les méthodes existantes

Dans cette section, nous allons présenter les différentes méthodes issues de l'informatique graphique permettant de modéliser les objets déformables. Nous accorderons, bien entendu, plus d'intérêt aux travaux qui sont spécialement appliqués au poumon. Nous

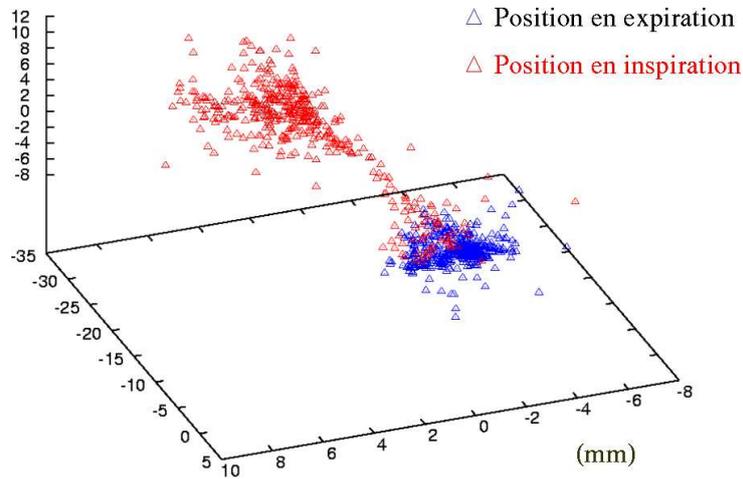


FIGURE 2.1 – Coordonnées 3D de marqueurs en fin d'expiration (bleu) et fin d'inspiration (rouge)

avons partagé cet état de l'art en trois parties : les heuristiques qui ne sont pas basés sur une formalisation physique, les méthodes basées sur les lois de la physique avec les méthodes discrètes et les méthodes continues.

2.3.1 Les approches heuristiques

Les "Free Form Deformation" (FFD)

Les FFD consistent à déformer l'espace dans lequel est défini l'objet. Ces déformations peuvent être des torsions, des pliages ou des effilages. Il suffit donc de déformer un parallélépipède correspondant à l'espace pour voir l'objet se déformer également. Un premier travail à ce sujet a été proposé en 1986 dans [?].

Les splines déformable

En général, les splines permettent d'obtenir des formes lisses et arrondies. Elles sont définies par un ensemble de points de contrôle. En modifiant la position des points de contrôle, la forme d'un volume défini par ceux-ci peut varier. Parmi toutes les techniques existantes, nous notons les courbes de Bézier et les NURBS (non-uniform rational B-splines). Les splines déformables sont aussi connues sous l'appellation "contours actifs". Elles ont été les premiers modèles déformables à être développés [?].

Les surfaces implicites à squelette

Ce type de modélisation consiste à établir un squelette de l'organe formé de charges ponctuelles et de définir la peau comme une equipotentielle [?]. Cette formulation est définie par des squelettes S_i , associées à des fonctions de potentiel f_i . La surface S de l'objet est alors donnée par l'équation :

$$S = \{\mathbf{P} \in \mathbb{R}^3 / f(\mathbf{P}) = 1\} \text{ avec } f(\mathbf{P}) = \sum_i f_i(\|\mathbf{P} - \mathbf{P}_i\|^2) \quad (2.1)$$

Par exemple, si le squelette est un point (Cf Figure 2.2.a), la surface implicite correspondante est une sphère. Si le squelette est celui de la Figure 2.2.b, le contour 2D résultant par l'application d'un champ de potentiel uniforme est un mouton.

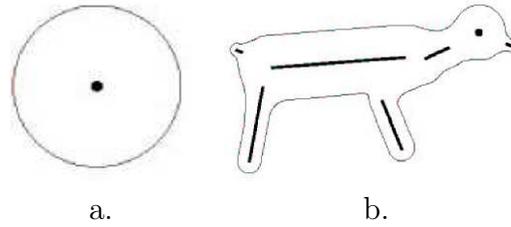


FIGURE 2.2 – Exemple de surface implicite : a. une sphère b. un mouton

Pour obtenir un modèle très simple de mouvement d'organe, le champ de potentiel uniforme affecté aux points du squelette 3D varie avec le temps.

Les surfaces implicites sont intéressantes pour modéliser des organes sujets à de petites déformations comme la cage thoracique, car elles permettent une gestion très rapide du contact entre les organes. Dans le cas du mouvement pulmonaire, cette modélisation donne des résultats sans aucun lien avec la réalité.

Conclusion sur les approches heuristiques

L'ensemble de ces méthodes donne des résultats qualitatifs intéressants pour l'illustration, mais pas assez précis pour notre problématique. Nous allons donc maintenant étudier les techniques qui s'appuient sur des lois physiques et des paramètres mécaniques avec l'espoir d'un résultat plus réaliste et plus quantitatif.

2.3.2 Les approches discrètes

les systèmes masses-ressorts

Le système masse-ressort est basé sur un maillage volumique, ainsi la topologie est préservée pendant les déformations. Entre chaque couple de point relié par une arête du maillage, une force de cohésion est appliquée pour garder l'unité du solide.

En général, la force utilisée est l'élasticité linéaire donnée par l'Equation (2.2), avec l_0 , la distance entre les deux nœuds au repos, l , la nouvelle distance due à l'élongation générée par la force F et K , la constante de rigidité.

$$F = K(l_0 - l) \quad (2.2)$$

Les systèmes masses-ressorts sont souvent jugés comme les mieux adaptés pour les simulations chirurgicales étant donné leur temps de calcul rapide, leur gestion des interactions et leur comportement réaliste. Ils sont utilisés notamment dans l'animation de surfaces déformables telles que les textiles [?] ou d'objets volumiques organiques mous tels que les muscles des bras, du visage ou encore l'abdomen [?].

Dans [?] un système masse ressort est utilisé pour simuler le comportement pulmonaire et les conditions limites consistent à appliquer des forces orthogonales à chaque facette :

Les systèmes masses-ressorts consistent la plupart du temps à exprimer la deuxième loi de Newton (ou principe fondamental de la dynamique). Bien que basée sur cette loi mécanique, les propriétés mécaniques ne sont pas explicites. Ainsi plusieurs travaux [?, ?] ont permis d'établir un lien entre la raideur des ressorts et les paramètres élastiques d'un matériau en fonction d'une certaine topologie de maillage. Toutefois, ces travaux sont encore limités car fonctionnant uniquement en élasticité linéaire et en petite déformation.

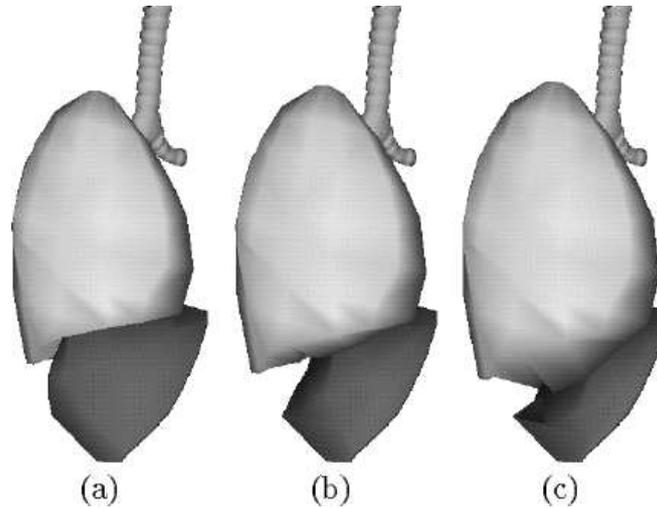


FIGURE 2.3 – Le poumon à trois niveaux d'inspiration avec un système masse ressort

les systèmes chain mail

Le chain mail est une extension volumique au système masse-ressort [?]. Il est basé sur la discrétisation du volume en éléments cubiques. Ces éléments sont reliés par des chaînes ; ainsi, dans une certaine limite, chaque élément peut bouger sans influencer les autres. En revanche, pour des grands déplacements, la propagation est directement effectuée grâce aux nœuds adjacents.

La Long Element Method

Cette méthode proposée dans [?] utilise une modélisation par poutres considérées comme remplies d'un fluide pour déformer de façon très rapide des tissus mous. La déformation longitudinale obéit à la loi de Hook et une contrainte sur la préservation du volume total de l'objet est ajoutée grâce au principe de Pascal.

les systèmes de particules

Les système de particule constituent une généralisation des systèmes masses-ressort. Ils ont été introduits dans [?] pour modéliser des objets "flous", ayant une frontière géométrique difficilement définissable, comme la fumée ou les explosions. Un système de particule est un ensemble de masses ponctuelles se déplaçant sous l'action de forces externes, comme la gravité, mais également de forces internes résultant des interactions interparticulaires. Le comportement des particules en réponse à ces forces est alors régi par les lois de la physique.

Par exemple, la force de cohésion utilisée dans [?] est dérivée du potentiel de Lennard-Jones, prenant en compte la taille et surtout la masse d'une particule. Ce potentiel offre une paramétrisation permettant d'agir sur chaque partie de la courbe (Cf Figure 2.4) :

- lorsque la distance est inférieure à r_0 (le rayon de la particule), une force de répulsion éloigne les particule ;
- lorsque la distance est égale à r_0 , il y a équilibre, les particules ne bougent plus ;
- lorsque la distance est supérieure à r_0 , une force d'attraction tend à rapprocher les particules.

Les systèmes de particules sont cependant coûteux en temps de calcul. Pour cela, dans [?], les systèmes de particules sont combinés avec les surfaces implicites. Les surfaces implicites sont utilisées pour de légères déformations et les systèmes de particules pour les objets sujets à de fortes déformations. Les poumons et le cœur sont modélisés par des

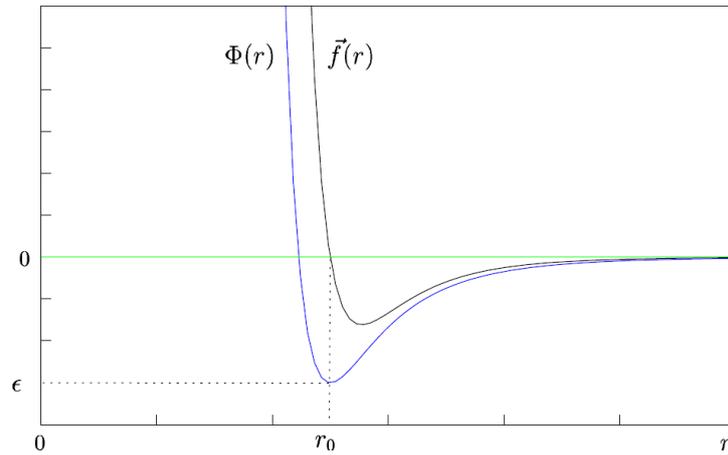


FIGURE 2.4 – Potentiel de Lennard-Jones et force dérivée exprimé en fonction de la distance entre particules

systèmes de particules tandis que la cage thoracique, le mediastin (légèrement déformable) et la colonne vertébrale pouvant agir comme obstacles rigides pouvant contraindre le mouvement sont modélisés par des surfaces implicites (Cf Figure 2.5).

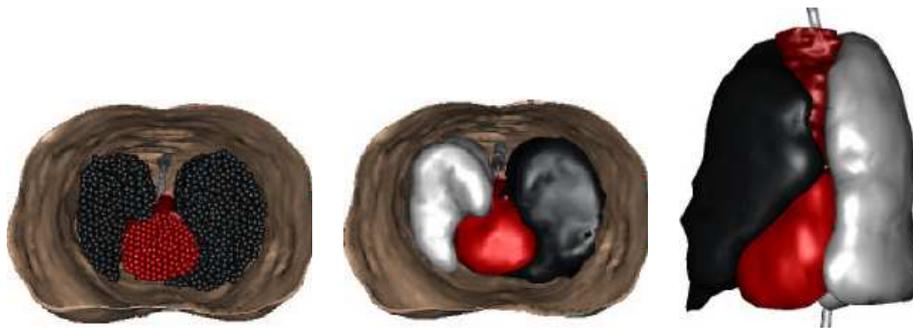


FIGURE 2.5 – Modèle hybride du thorax. De gauche à droite : Vue transversale avec représentation des particules, vue transversale avec une peau autour des oragnes et vue coronale sans l'épiderme

Le potentiel de Lennard-Jones ne permet pas une relation directe entre les systèmes de particules et les propriétés mécaniques. Dans [?], l'auteur montre comment prendre en compte l'élasticité d'un matériau composé d'un grand nombre de particules de façon analytique et sans contrainte de géométrie, de taille, ou de structure. Cependant, un certain nombre de comportements sont exclus (élasticité non-linéaire, grandes déformations, ...)

les systèmes à mémoire de forme

Cette notion a été introduite dans [?] et est appliquée au cas du poumon. Le système est constitué de forces de contraction (modélisant l'activité musculaire) et de mémoire de forme (modélisant les comportements élastiques). La contraction est simplement la diminution de la distance entre un point de masse et un certain nombre de ses voisins. On considère ces voisins comme des points d'attraction. Pour modéliser les comportements élastiques, la surface est définie localement en utilisant la configuration d'un point donné par rapport à ses voisins. Le comportement élastique est modélisé localement par une force tendant à ramener chaque point vers la configuration initiale. Cette force vérifie la théorie de l'élasticité : elle est nulle pour un déplacement rigide.

Ainsi, [?] a développé un modèle anatomique et fonctionnel des évolutions du tronc pendant la respiration.

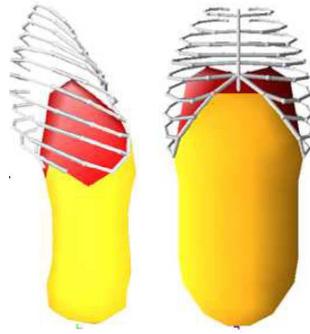


FIGURE 2.6 – Systèmes à mémoire de forme modélisant le diaphragme avec abdomen incompressible

Cette méthode a été étendue pour un maillage volumique 3D avec une application à la prostate dans [?].

Conclusion sur approches discrètes

Les approches discrètes présentent un bon compromis entre temps de calculs et réalisme de la modélisation. Toutefois, réalisme et réalité sont deux objectifs différents. Si le réalisme peut suffire pour les simulations chirurgicales pour l'apprentissage, la réalité (avec une tolérance minimale) est nécessaire pour la radiothérapie. Nous allons à présent étudier des techniques directement basés sur les lois de la mécanique des milieux continus.

2.3.3 Les approches continues

Ces modèles considèrent la matière comme un milieu soumis à des lois de comportement globales. L'objet simulé ne sera finalement discrétisé que pour les besoins de la simulation numérique.

Les éléments finis

La méthode la plus répandue est celle des éléments finis. Indispensable dans l'industrie, elle fait l'objet de publications en mécanique et en mathématiques appliquées depuis des dizaines d'années. Cette méthode sera spécialement étudiée dans le chapitre 2.5. C'est une méthode utilisée pour résoudre des équations différentielles définies sur un certain domaine et avec des conditions limites données.

Dans le cas linéaire simple, elle consiste à résoudre des équations de la forme

$$K \cdot \mathbf{U} = \mathbf{F} \quad (2.3)$$

Avec \mathbf{U} les déplacements aux nœuds, \mathbf{F} les forces aux nœuds et K la matrice de rigidité.

Les premiers travaux portant sur un modèle mécanique du poumon sont assez anciens. Parmi les précurseurs, nous pouvons par exemple citer Rohrer [?] qui utilisait en 1921 un modèle isotropique, après avoir montré que des cerles imprimés sur la surface extérieure du poumon gardaient leur forme dans des grands déplacements. Puis, plusieurs travaux ont porté sur la modélisation du poumon par éléments finis [?, ?, ?, ?, ?]. Notamment, dans [?], les auteurs font une étude par éléments finis des déformations du poumon sous

l'action de son propre poids. Le maillage est construit par symétrie et il est illustré par la Figure 2.7.

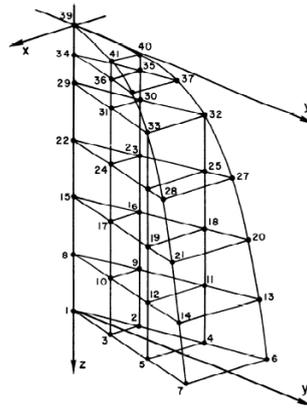


FIGURE 2.7 – Maillage simplifié de poumon pour une analyse par éléments finis

Récemment, de nombreux travaux ont étudié la physiologie avec le comportement des muscles [?, ?] ou la biomécanique avec le comportement mécanique du tissu pulmonaire [?, ?]. Notons que ces publications mettent en évidence le fait que le poumon a un comportement au contraire, anisotropique et inhomogène. Cependant, les approximations d'homogénéité et d'isotropie semblent raisonnables d'après ce qui est souligné dans [?]. Nous pouvons considérer le tissu pulmonaire comme homogène et, quant à l'anisotropie, elle existe mais elle est trop insignifiante pour justifier l'ajout des contraintes qu'elle apporte surtout qu'elle diminue avec l'âge (l'âge moyen de la population ciblée par notre étude étant de 65 ans environ). De plus, rares sont les travaux qui ont pour but de modéliser la respiration. Dans la plupart des cas, l'objectif final de ces recherches est d'avoir un modèle biomécanique utilisable pour la mécanique des chocs.

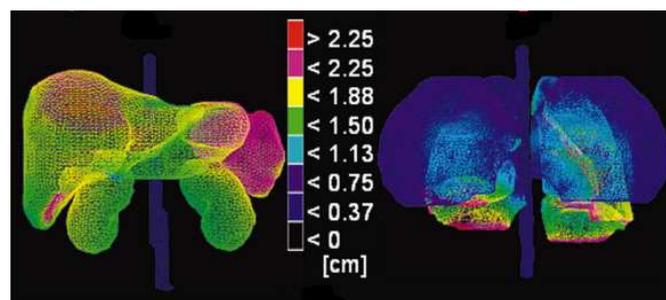


FIGURE 2.8 – Déplacement du contour par FEM dans [?] (résultats en cm)

Certains travaux ont néanmoins eu pour cadre la radiothérapie et modélisent donc la respiration. Dans [?], les déplacements issus de la respiration sont calculés par un heuristique : des déplacements imposés en surface sont appliqués perpendiculairement à la surface et ne dépassent pas la course maximum du poumon. Dans [?] les conditions limites sont données par un recalage non-rigide issu de processus d'analyse d'image dont les limites ont été citées plus haut.

Nous verrons dans §3.2.1 comment adapter les conditions limites à la réalité anatomique.

Les éléments finis "optimisés"

Pour être applicable à la modélisation des organes déformables, la méthode des éléments finis doit être optimisée au niveau de l'espace mémoire nécessaire dû à la représentation matricielle. Afin d'obtenir un temps interactif pour des applications d'aide à la chirurgie le temps de calcul doit également être optimisé.

Dans [?] les déplacements négligeables sont filtrés pour préserver les ressources mémoire et réduire le temps de calcul. Leur algorithme est appliqué à un foie composé de 940 nœuds. Ils obtiennent une réduction de l'espace mémoire de 60%.

Des animations temps réel sont réalisées dans [?] et [?] grâce à des calculs effectués en quasi-statique. Les temps de pré-calculs et la place mémoire utilisée sont encore très importants mais ces méthodes ont permis de réaliser des animations temps réel.

Fast Finite Element

Cette méthode consiste à inverser la matrice K par un calcul préliminaire à la simulation les déformations. Ainsi, pour chaque vecteur F , le calcul revient à une multiplication de matrice

$$\mathbf{U} = K^{-1} \cdot \mathbf{F} \quad (2.4)$$

La discrétisation du volume implique la création de nombreux nœuds à l'intérieur de l'objet modélisé. Ces nœuds ne sont pas utiles pour l'affichage graphique. Une compression du système peut alors être réalisée [?].

Malheureusement, ce type de méthode ne fonctionne qu'en statique, avec de petites déformations et avec une élasticité linéaire car la matrice de rigidité ne peut pas être réactualisée.

Méthode des éléments frontières

La méthodes des éléments frontières, ou boundary element methods (BEM), reprend la même formulation des éléments finis mais en ne considérant plus un volume mais une surface. Le système est alors constitué d'une discrétisation de la surface de l'objet à simuler en "éléments de frontière". Le comportement de l'intérieur de l'objet est dicté par des lois issue de la mécanique des fluides dans [?]. Cette méthode peut être utilisée pour les objets déformables dans le cas quasi-statique et avec une élasticité linéaire.

Méthode hiérarchique

Cette méthode consiste à utiliser un maillage volumique multi-résolution [?]. Suivant les conditions limites, le maillage peut être plus ou moins raffiné. Les opérateurs de dérivation discrets sont réécrits pour être utilisés sur un modèle indépendant du maillage.

En pratique, les différentes résolutions du maillage sont précalculées et mises en mémoire sous forme de structure de type octree. La simulation de déformation est alors effectuée en temps réel.

Elements finis explicites

La méthode des éléments finis explicites [?] ne regroupe pas toutes les équations relatives à tous les points dans un grand système matriciel, mais résoud les équations relatives à chaque élément séparément. Cette approximation locale réduit la taille du système à résoudre et donc le temps de calcul, au prix d'une perte de précision. Pour chaque

sous-système cette méthode considère les matrices de masse et amortissement comme diagonales.

Méthode masses-tenseurs

Delingette *et al.* [?] ont proposé une méthode nommée masse-tenseur. C'est un modèle élastique linéaire dynamique discrétisé avec un schéma d'intégration explicite comme expliqué dans le paragraphe précédent mais pouvant simuler les coupures dans un organe. Pour cela, la matrice de rigidité est stockée pour chaque sommet et pour chaque arête. Lors d'une découpe, la matrice de rigidité est réactualisée.

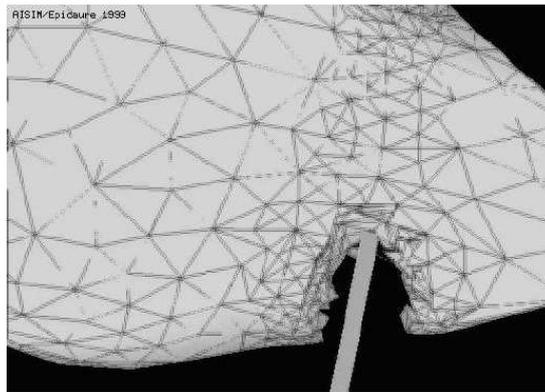


FIGURE 2.9 – Modèle masses-tenseurs : lors de la coupe, des tétraèdres disparaissent et la discrétisation du maillage devient plus fine.

Picinbono *et al.* Picinbono03 ont alors étendu les masses-tenseurs au modèle d'élasticité avec des non-linéarité géométriques suivant le modèle de St Venant-Kirchhoff. Ce modèle est toujours de type linéaire élastique. Il conduit à un temps de calcul 5 fois supérieur à celui de l'algorithme des masses-tenseurs linéaires et reste suffisamment rapide pour autoriser des simulations temps réel sur des objets relativement complexes.

Conclusion sur approches continues

Les principales faiblesses des approches continues sont le temps de calcul et la mémoire. Si certaines techniques récentes ont tendance à les réduire, elles ont l'inconvénient d'être lourde en précalculs et doivent être réinitialisées à chaque changement de topologie, ou, dès qu'un nouveau contact s'effectue. Toutefois, ces modèles sont, par définition, très proches de la réalité. Leur formalisme ancré dans les lois de la physique permet de les utiliser facilement dans un contexte médical.

2.4 Bilan de l'état de l'art : choix de la méthode

2.4.1 Bilan de l'état de l'art

Les modèles décrits présentent tous des avantages et des limites. Dans [?], les auteurs présentent une analyse comparative sur les plans du calcul (rapidité et robustesse), du réalisme physique (grandes déformations, détermination des paramètres en réalité physique) et de la topologie (dimension du maillage et prise en compte des coupures).

Le bilan de cette étude sur l'état de l'art est résumé dans la Table 2.1 :

TABLE 2.1 – Comparaison entre les modèles déformables d'après [?]

	Types de modèle déformable			
	Système Masses-ressorts	Système Masses-tenseurs	FEM	BEM
Calcul	**	**	*	***
Topologie	***	**	*	**
Réalisme	*	**	***	**

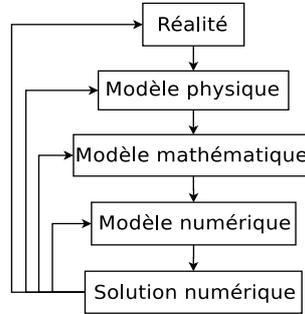


FIGURE 2.10 – Comment choisir une méthode adaptée ?

2.4.2 Choix de la méthode

Nous n'avons pas besoin de modèle permettant de réaliser des modifications de topologie étant donné que nous allons uniquement étudier le poumon sans incision. De la même manière, nous n'allons pas chercher "dans un premier temps" à avoir un temps de calcul rapide. Notre but est d'obtenir un résultat précis même si c'est au détriment de la rapidité. Notre objectif est, en effet, de suivre le trajet de l'ensemble des points du poumon pour un patient donné et donc de pouvoir traiter un patient en maîtrisant l'erreur de position commise. D'autre part, il faut que les paramètres des modèles puissent être extraits du patient et être utilisables directement.

Les approches heuristiques vues au §2.3.1 ne correspondent pas à notre problématique car elles n'ont aucun lien avec les lois de la physique, ce qui est notre contrainte primordiale dans le choix du modèle. Les différents modèles utilisant une approche discrète (§2.3.2) présentent actuellement un paramétrage difficile avec des données bio-mécaniques et ont encore un comportement mécanique assez éloigné de la réalité. Parmi les modèles continus, nous voulons faire, dans un premier temps, un minimum d'approximations. Pour choisir quel modèle continu utiliser, reportons-nous à la Figure 2.10.

Il faut tout d'abord établir un modèle physique (donc continu) qui traduit au mieux les phénomènes réels, et non le contraire (choisir un modèle puis justifier une adaptation possible à la réalité). Puis il faut formaliser ce modèle physique en définissant les équations correspondant aux lois physiques utilisées. Ce modèle mathématique est souvent composé d'équations différentielles, de conditions initiales et de conditions limites. Pour pouvoir résoudre ce modèle mathématique sur le domaine considéré, il va falloir passer par un modèle numérique, ce qui correspond dans la plupart des cas à une discrétisation du solide étudié. Enfin, il faudra s'assurer des qualités de convergence de la simulation. Après évaluation de la validité des résultats de la solution numérique, il sera possible de réadapter n'importe quelle partie de l'organigramme.

Comme nous l'avons vu dans §1.4, un poumon s'étire par l'action de la cage thoracique et du diaphragme. Cette réalité anatomique est illustrée par la Figure 2.11.

Ce mécanisme s'accorde à l'usage de la mécanique des milieux continus qui décrit

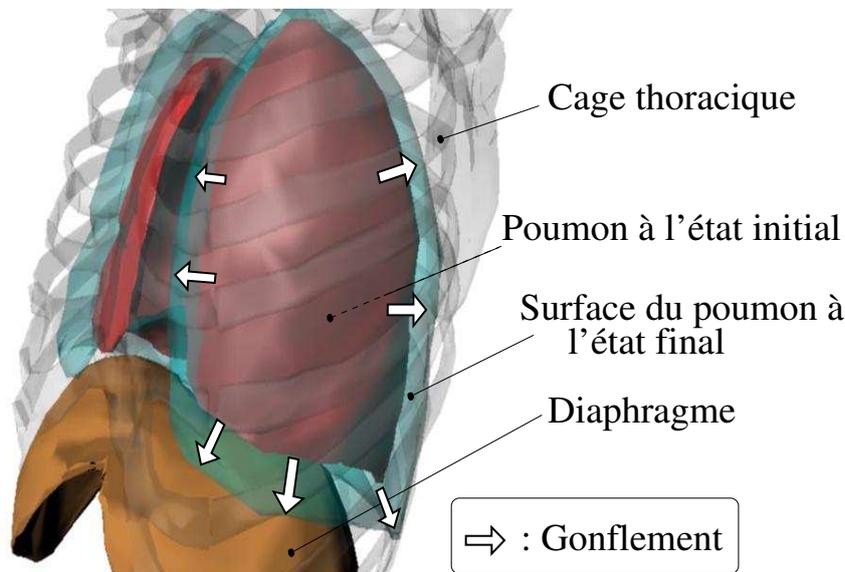


FIGURE 2.11 – Etude anatomique du mouvement pulmonaire : action du diaphragme et de la cage thoracique

la réaction d'un solide déformable sous l'action de conditions limites (Cf Figure 2.12). Nous avons donc choisi d'utiliser un modèle bio-mécanique basé sur les équations de la mécanique des milieux continus.

Ce passage de la réalité à un modèle physique puis à un système d'équations différentielles peut-être exprimé par la formulation variationnelle du problème mécanique. Nous détaillerons spécialement cette approche dans le §2.5.2.

2.4.3 Logiciel de résolution : le Code Aster

La méthode des éléments finis est la méthode standard pour ce type de problème : elle est largement utilisée dans l'industrie. Autrefois réservée au secteur de pointe comme l'industrie nucléaire ou l'aérospatiale, elle est aujourd'hui largement répandue. Elle bénéficie donc, d'environ 50 ans d'activité de recherche par de nombreux chercheurs en mécanique.

Pour cette raison, plutôt que de recommencer à développer un logiciel d'éléments finis, nous avons choisi d'utiliser un logiciel existant : le Code Aster, régit par la "Licence Publique Général GNU".

la Licence Publique Générale GNU est destinée à garantir la liberté de partager et de modifier le logiciel libre, à assurer que le logiciel soit libre pour tous ses utilisateurs. Lorsque l'on parle de logiciel libre, on se réfère à la liberté, non au prix. Les Licences Publiques Générales permettent :

- de bénéficier de la liberté de distribuer des copies de logiciels libres (et de faire payer ce service si on le souhaite),
- de recevoir le code source ou de pouvoir l'obtenir si on le veut,
- de pouvoir modifier le logiciel ou d'en utiliser des parties dans de nouveaux programmes libres,
- et de savoir que l'on peut faire tout cela.

Le Code Aster a été développé par EDF pour des exigences de sûreté et de disponibilité.

Il a été développé par un réseau qui réunit des acteurs de la recherche industrielle et universitaire, des fournisseurs d'études. Il bénéficie de 12 ans de développement.

L'architecture du Code Aster (du Fortran avec une conception objet) repose sur un

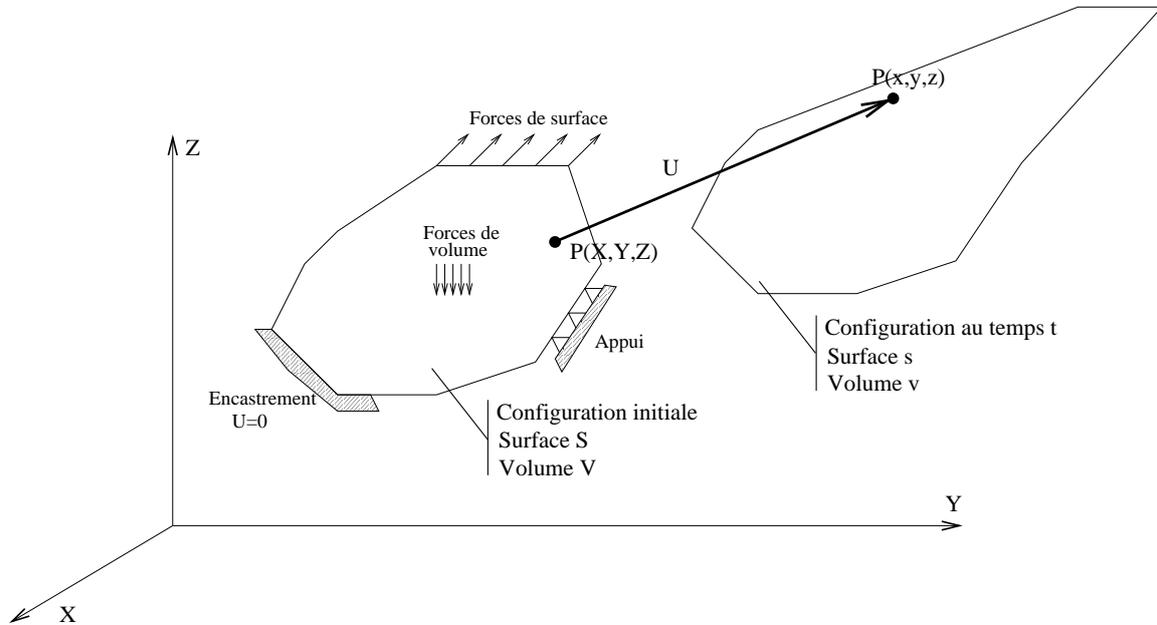


FIGURE 2.12 – Schéma de principe d'un système étudié par la mécanique des solides déformables. Différentes contraintes (conditions limites) sont représentées.

gestionnaire de la mémoire/image disque, un "superviseur" des commandes et un moteur de calculs sur les éléments finis (algorithmes construits indépendamment de la formulation des éléments).

L'ensemble des arguments développés dans le §2.4 nous a conduit à choisir un modèle biomécanique avec résolution par éléments finis.

2.5 Rappels mécaniques et notation

Nous allons à présent décrire, de manière assez générale, des notions sur la mécanique des milieux continus et sur la méthode des éléments finis, ainsi que les conventions couramment utilisées dans le domaine de la mécanique.

Il ne s'agit pas de présenter exhaustivement ces méthodes avec tous les outils inhérents (résistance des matériaux, méthode numérique, ...) mais de fournir les fondements essentiels sur lesquels l'analyse par éléments finis repose.

2.5.1 Rappels sur la mécanique des Milieux Continus

L'analyse par éléments finis d'un système mécanique est basée sur les principes de la mécanique des milieux continus. La mécanique des milieux continus (abrégée « M.M.C. ») est la branche de la mécanique qui se propose d'étudier les mouvements, les déformations et les champs de contraintes au sein de milieux continus. Elle est composée d'un ensemble de lois physiques et elle est couramment utilisée pour modéliser le comportement de solides en mécanique.

Grandeurs de la Mécanique des Milieux Continus

Pour définir les différentes grandeurs utilisées en mécanique des milieux continus, nous avons choisi de les classer suivant leur dimension : scalaire, vecteur ou tenseur.

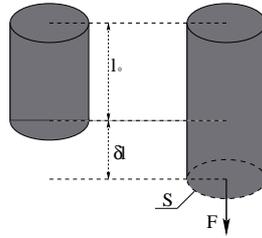


FIGURE 2.13 – Définition du module de Young

Lorsque la donnée d'un nombre suffit à définir une grandeur, ce nombre est un **scalaire** qu'une matrice d'ordre 0 peut représenter.

Si la grandeur a non seulement une dimension mais aussi une direction et un sens, on l'appellera alors **vecteur**. Dans un système d'axes cartésiens à 3 dimensions, il faut 3 composantes au moins pour définir un vecteur. Une matrice d'ordre 1 (comme par exemple une matrice 3×1) représente un vecteur.

D'autres grandeurs sont représentées par des **tenseurs**. Le tenseur est une notion plus abstraite. Il correspond à la représentation d'un champ de valeur : un tenseur est une matrice de dimension égale au nombre de composantes de l'espace considéré. Par exemple, un tenseur d'ordre 2 associe un vecteur à chaque direction. Une matrice d'ordre 2 (comme par exemple une matrice 3×3) représente un tenseur.

Grandeurs scalaires Nous noterons g l'intensité de la pesanteur et ρ la masse volumique d'un matériau.

Dans le domaine "élastique linéaire", la loi de Hooke relie la déformation à la contrainte exercée par l'intermédiaire de trois grandeurs scalaires : le **module de Young** (E), le **coefficient de Poisson** (ν) et le **module de cisaillement** (G).

La mesure de la rigidité du matériau est définie par la constante de proportionnalité E qui caractérise la propriété qu'a le matériau à se déformer de manière réversible sous l'action d'une contrainte. Pour une valeur donnée de la contrainte, un matériau est d'autant plus rigide que sa déformation élastique est faible.

Le module de Young est défini par la relation suivante :

$$\frac{\mathbf{F}}{S} = E \frac{\delta l}{l_0} \quad (2.5)$$

où \mathbf{F} représente une force appliquée à une surface S telle qu'une barre de longueur initiale l_0 se trouve allongée d'une longueur δl (Cf Figure 2.13).

La variation relative de dimension est proportionnelle à l'allongement relatif, ν représente ce coefficient de proportionnalité.

Le coefficient de Poisson est défini par la relation suivante :

$$\frac{\delta l}{l_0} = -\nu \frac{\delta d}{d_0} \quad (2.6)$$

où l_0 est la longueur initiale allongée d'une longueur δl et d_0 est le diamètre initiale aminci de δd (Cf Figure 2.14)

Si l'on considère un parallélépipède rectangle, le cisaillement est une variation de l'angle, qui n'est plus droit. Cela correspond à des forces s'exerçant parallèlement à la face. La déformation appelée cisaillement est l'écart, exprimé en radian, à l'angle droit.

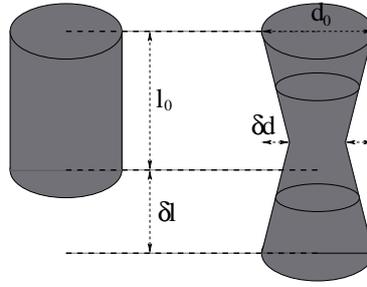


FIGURE 2.14 – Définition du coefficient de Poisson

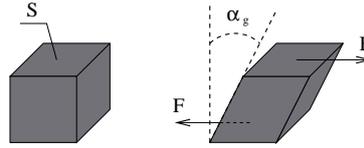


FIGURE 2.15 – Définition du module de cisaillement

Le module de cisaillement est défini par la relation suivante :

$$\frac{\mathbf{F}}{S} = G \cdot \alpha_g \quad (2.7)$$

où F représente la force du cisaillement appliquée à une surface S telle que le solide s'incline d'un angle α_G (Cf Figure 2.15)

Si le matériau est entièrement **isotrope**, on a : $G = \frac{E}{2(1+\nu)}$.

Dans le cas d'un matériau isotrope transverse, le nombre de constantes est alors de cinq : deux modules de Young E_1 (longitudinal) et E_2 (transversal) ; deux coefficients principaux de Poisson ; le module de cisaillement G_{12} qui n'est plus directement relié au module de Young comme dans le cas d'un matériau isotrope.

Les matériaux réels ne se comportent pas exactement comme les matériaux de Hook mais certains peuvent voir leur comportement proche de cette formulation, au moins sous certaines conditions (exemple : sous des petites déformations).

Grandeurs vectorielles Dans l'espace, on présente la **position** d'un point \mathbf{P} d'un solide à l'aide de coordonnées cartésiennes : $\mathbf{P} = \langle \mathbf{P}_x, \mathbf{P}_y, \mathbf{P}_z \rangle$. Pour cela, on choisit une origine \mathbf{O} dans l'espace et on définit trois axes portant chacun un vecteur de la base $\langle \mathbf{X}, \mathbf{Y}, \mathbf{Z} \rangle$. Le repère ainsi constitué définit les coordonnées de \mathbf{P} qui sont les composantes du vecteur géométrique : $\mathbf{OP} = \mathbf{P}_x \cdot \mathbf{X} + \mathbf{P}_y \cdot \mathbf{Y} + \mathbf{P}_z \cdot \mathbf{Z}$. La variable \mathbf{P} est une description lagrangienne de la position.

Quand le point \mathbf{P} décrit une trajectoire dans l'espace, on peut repérer sa position à partir de son **déplacement** (U) par rapport à sa position d'origine. La position à l'instant t du point est donnée par la variable \mathbf{P}' tel que : $\mathbf{P}' = \mathbf{P} + \mathbf{U}$. La variable \mathbf{P}' est une description eulérienne de la position, car la référence n'est plus l'origine \mathbf{O} mais un point \mathbf{P} du solide.

La **vitesse** du point \mathbf{P} par rapport à un repère est définie par $\mathbf{V} = d\mathbf{U}/dt$ où $d\mathbf{U}$ est le déplacement de \mathbf{P} dans le repère considéré pendant le temps dt .

L'**accélération** dans le même repère est définie par $\gamma = d\mathbf{V}/dt = d^2\mathbf{U}/dt^2$ où $d\mathbf{V}$ est la vitesse de \mathbf{P} dans le repère considéré pendant le temps dt .

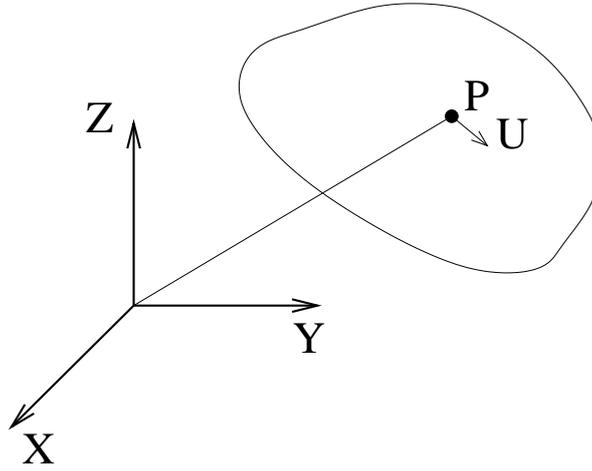


FIGURE 2.16 – Convention de la représentation d'une position d'un point

Grandeurs tensorielles Les **déformations** et les **contraintes** qui décrivent le comportement d'un objet lorsqu'on applique des sollicitations sont représentées par des tenseurs.

La déformation est la description de la manière dont se déforme un objet et la contrainte est la manière dont on représente les forces qui agissent à l'intérieur d'un objet lorsqu'on le déforme. Une contrainte représente une sollicitation exercée, par unité d'aire, sur une section d'un solide sous l'action des charges qui lui sont appliquées. Les contraintes se divisent en 2 groupes :

- les contraintes perpendiculaires à la section étudiée, dites normales (traction, compression) ;
- les contraintes tangentielles, parallèles à la section étudiée, dites de glissement (cisaillement, glissement longitudinal).

Ces notions sont applicables au niveau local grâce à la définition d'une surface élémentaire représentée par son vecteur normal \mathbf{n} c'est à dire trois composantes $\mathbf{n}_x, \mathbf{n}_y, \mathbf{n}_z$. La contrainte suivant \mathbf{n} est représentée par trois composantes. Finalement, on repère une contrainte par la facette sur laquelle elle est appliquée (premier indice) et par la direction de son application (deuxième indice). Par exemple, la contrainte σ_{xy} est appliquée sur la facette dont \mathbf{x} est le vecteur normal et dans la direction de \mathbf{y} . Le tenseur qui représente le champ de contrainte est donc d'ordre 2 et de dimension 3×3 .

$$\{\sigma\} = \begin{bmatrix} \sigma_{xx} & \sigma_{xy} & \sigma_{xz} \\ \sigma_{yx} & \sigma_{yy} & \sigma_{yz} \\ \sigma_{zx} & \sigma_{zy} & \sigma_{zz} \end{bmatrix} \quad (2.8)$$

et sa représentation sur un élément de volume est illustrée sur la Figure 2.17.

Les déformations dans un élément de volume sont représentées de la même façon avec le tenseur suivant :

$$\{\epsilon\} = \begin{bmatrix} \epsilon_{xx} & \epsilon_{xy} & \epsilon_{xz} \\ \epsilon_{yx} & \epsilon_{yy} & \epsilon_{yz} \\ \epsilon_{zx} & \epsilon_{zy} & \epsilon_{zz} \end{bmatrix} \quad (2.9)$$

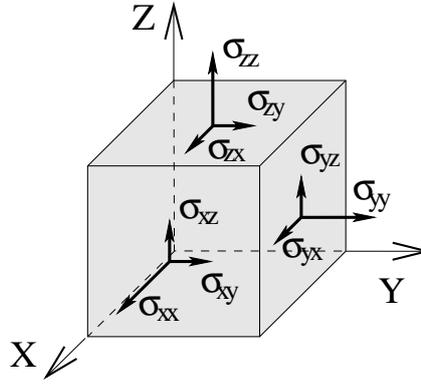


FIGURE 2.17 – Définition du tenseur des contraintes

Équations de la Mécanique des Milieux Continus

Nous allons ici présenter les lois de la mécanique utilisées dans le cadre des solides déformables. Nous aborderons également certaines hypothèses qui peuvent simplifier ces équations.

Les équations de mouvement Dans le cas général, pour un milieu homogène, on montre que les équations de la dynamique s'écrivent sous la forme

$$\operatorname{div}\sigma + \rho \cdot \mathbf{f} = \rho \cdot \gamma \quad (2.10)$$

où \mathbf{f} est une force, volumique dans le cas 3D, σ représente les contraintes internes, ρ est la masse volumique du solide et γ est l'accélération.

L'équation (2.10) se simplifie dans le cas où l'accélération est nulle ou négligeable en :

$$\operatorname{div}\sigma + \rho \cdot \mathbf{f} = 0 \quad (2.11)$$

L'Equation 2.11 est l'équation d'équilibre du système.

Les équations de conservation Si M est la masse d'un domaine Ω , son expression est :

$$M = \iiint_{\Omega} dv(P)\rho(P) \quad (2.12)$$

L'équation de conservation de la matière est :

$$\frac{\partial \rho}{\partial t} + \operatorname{div}(\rho \cdot V) = 0 \quad (2.13)$$

La loi de comportement Tout milieu est caractérisé par un comportement sous des sollicitations. Ce comportement noté d se traduit par une loi de type (2.14) liant l'état des contraintes à l'état des déformations. Cette loi de comportement peut être corrigée par une loi d'état faisant intervenir un paramètre extérieur, tel que la température par exemple.

$$\epsilon = d(\sigma) \quad (2.14)$$

La forme typique de $d(\sigma)$, pour une direction donnée, est généralement la suivante :

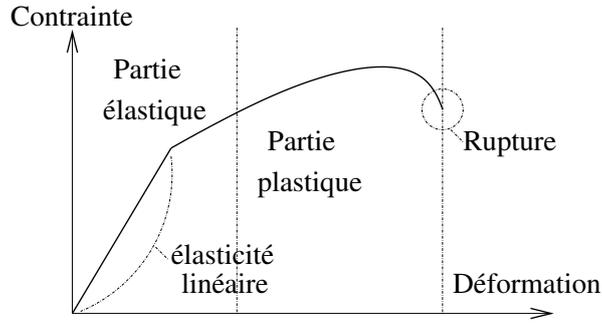


FIGURE 2.18 – Relation entre la contrainte et la déformation

La partie d'élasticité linéaire de la courbe est une droite affine. Dans la partie plastique, une petite contrainte entraîne une grande déformation jusqu'à un maximum, puis, la contrainte nécessaire pour déformer devient de plus en plus importante jusqu'à la rupture du milieu considéré.

Dans le cas d'un solide isotrope vérifiant la loi de Hooke, cette fonction se ramène à l'expression matricielle suivante :

$$\sigma = D.\epsilon \quad (2.15)$$

où D est un tenseur 6×6 , construit avec le module de Young et le coefficient de Poisson :

$$[D] = \frac{E}{(1+\nu)(1-2\nu)} \begin{bmatrix} \boxed{M_1} & 0 \\ 0 & \boxed{M_2} \end{bmatrix} \quad (2.16)$$

Avec :

$$M_1 = \begin{bmatrix} 1-\nu & \nu & \nu \\ \nu & 1-\nu & \nu \\ \nu & \nu & 1-\nu \end{bmatrix} \quad (2.17)$$

et

$$M_2 = \frac{1-2\nu}{2} I_3 \quad (2.18)$$

I_3 est la matrice identité 3×3 .

Relation cinématique entre le déplacement et la déformation Le tenseur des déformations caractérise la variation de longueur d'un segment suite à la transformation subie par le milieu. Si on considère le segment AB qui se transforme en $A'B'$ avec les déplacements U_A et U_B , $\{\epsilon\}$ permet de quantifier $|A'B'| - |AB|$.

Cette équation conduit à la résolution de systèmes différentiels compliqués. Pratiquement, les déplacements d'un point dans un milieu peuvent être considérés comme petits par rapport aux dimensions du milieu. Si on considère un repère fixe et un point \mathbf{P} soumis à un champ de déplacement \mathbf{U} dépendant du temps. Ce champ est un champ continu et les composantes U_x sont dérivables et continues par rapport à la position. Une formulation en accroissements finis conduit à ne considérer que les termes du premier ordre :

$$2.\epsilon_{xy} = \frac{\partial U_x}{\partial P_y} + \frac{\partial U_y}{\partial P_x} \quad (2.19)$$

avec $\epsilon_{xy} = \epsilon_{yx}$.

Conditions aux limites

Les équations (2.10), (2.14) et (2.19) peuvent être résolues, mais pour produire une solution unique, elles doivent être complétées de conditions aux limites. Celles-ci sont généralement de deux types. On peut imposer les valeurs de déplacement aux extrémités (conditions aux limites de type Dirichlet), ou imposer les valeurs de contrainte (conditions aux limites de type Neumann) ou encore faire un mélange des deux (problème mixte).

Les conditions de Dirichlet s'expriment sur une partie de la frontière du domaine par l'équation :

$$U_x = U_x^D \quad (2.20)$$

Les conditions de Neumann sont définies par des densités superficielles de tension t appliquées sur une partie de la frontière du domaine :

$$t = \sigma \cdot \mathbf{n} = t^N \quad (2.21)$$

où \mathbf{n} représente un vecteur normal à la surface au point considéré.

Les conditions aux limites de type Neumann sont par exemple les forces de surface (pression, ...).

La figure 2.19 représente des conditions aux limites d'un solide quelconque.

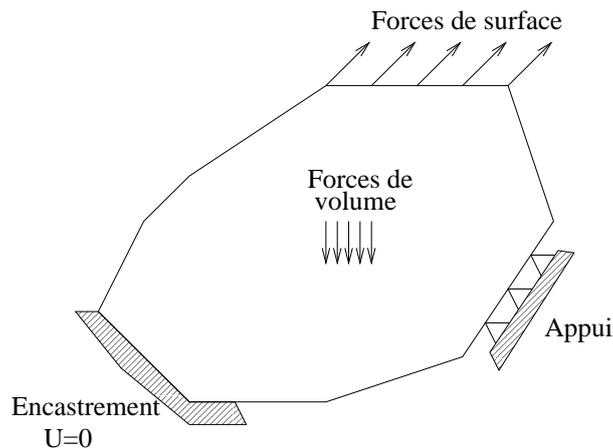


FIGURE 2.19 – Conditions aux limites

Les problèmes linéaires

Un problème est linéaire lorsque la solution dépend linéairement des sollicitations appliquées. Le critère de linéarité est défini par la relation (2.15).

Un problème est statique lorsque le solide est au repos après l'application de sollicitations. Le critère de staticité est défini par la relation (2.11).

On a recours à l'analyse statique linéaire pour étudier les déformations qui se développent dans un milieu élastique obéissant à la loi de Hooke, lorsque ce dernier est soumis à l'action de sollicitations statiques ou présentant des variations lentes au cours du temps n'induisant pas de grands déplacements et grandes déformations. On parlera alors de problèmes quasi-statiques. Les forces d'inertie sont alors négligées.

Les problèmes statiques sont les cas les plus simples à résoudre.

Les problèmes non-linéaires

Les non-linéarités que l'on peut rencontrer sont de trois types.

Lorsque les matériaux constitutifs n'obéissent plus à la loi de Hooke ou lorsque le domaine de validité de cette loi est dépassé, on parle de non-linéarités liées au comportement du matériau. Elles sont très fréquentes en pratique dans le cas des matériaux biologiques. Il faut alors déterminer la loi de comportement.

Lorsque les sollicitations appliquées à un solide induisent des grands déplacements, des grandes rotations et des grandes déformations, on parle de non-linéarités géométriques.

Le troisième type de non linéarité que l'on peut définir est lié aux conditions aux limites. Les problèmes de contact, avec ou sans frottement, entrent dans cette catégorie.

Nous verrons plus tard des algorithmes existants pour résoudre les problèmes comportant ces non-linéarités.

Lorsque les sollicitations varient rapidement au cours du temps, il faut tenir compte des forces d'inertie et mener une analyse dynamique. Le critère de dynamique est défini par la relation (2.10).

2.5.2 Rappels sur la méthode des éléments finis

La méthode des éléments finis est employée dans de nombreux domaines scientifiques pour résoudre des équations aux dérivées partielles. Elle consiste à approcher ces équations continues par une représentation matricielle et de transformer ainsi les équations en une expression plus simple. Dans le cadre de la MMC, les équations, telles que nous les avons vues dans la section précédente, conduisent justement à un système d'équations aux dérivées partielles.

Principe

Une méthode pour intégrer une équation du deuxième ordre est de multiplier chaque terme par des fonctions appelées "fonctions tests", et, de faire une intégration par partie pour baisser l'ordre des fonctions difficilement intégrables. L'intérêt de la méthode des éléments finis est de prendre comme fonction test des polynômes qui sont nuls sur presque tout le domaine, et participent donc au calcul seulement au voisinage d'un point particulier.

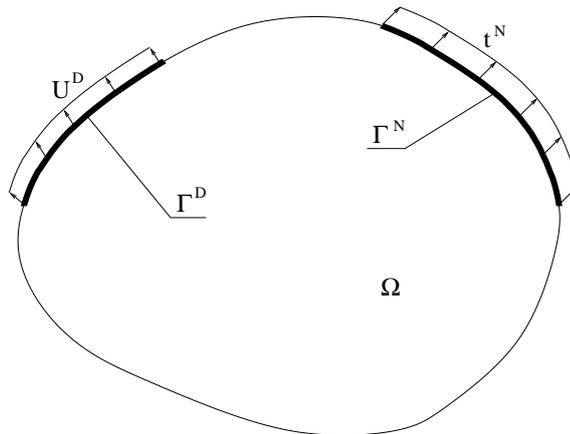
Afin de mieux comprendre les étapes de cette méthode, nous allons suivre, tout au long de cette section, un exemple simple mais suffisamment général. Les parties relatives à cet exemple seront indiquées par deux barres verticales. Il s'agit d'un exemple à but pédagogique assorti d'illustrations servant à montrer un cas suffisamment général avec des équations et des hypothèses relativement "classiques".

Énoncé du problème exemple :

Un solide est soumis à des conditions limites de déplacements U^D et de tension de surface t^N comme présenté sur le schéma ci-dessous.

Il est constitué d'un matériau isotrope suivant une loi de Hooke défini par E et μ .

On fera l'hypothèse que les déplacements sont petits. **De plus, la structure étant particulièrement mince et chargée uniquement dans son plan, nous ferons l'hypothèse des déformations planes et nous résoudrons le problème en 2D.**



L'objectif est de calculer les déformations en tout point de la plaque.

Lors de la section précédente, nous avons vu les lois régissant l'équilibre d'un corps déformable. Pour un problème mécanique, les inconnues, solutions des équations présentées sont : les déplacements \mathbf{U} , les déformations ϵ et les contraintes σ . La méthode des éléments finis permet de rechercher U , ϵ et σ , solutions des équations (2.10), (2.14), (2.19), (2.20) et (2.21) vu dans la section 2.5.1.

Nous présentons ici uniquement la méthode des éléments finis en déplacement, où les inconnues sont, comme son nom l'indique, les variables de déplacement.

Les équations du problèmes vont être :

- L'équation (2.11) : $\sigma_{xy,y} + \rho \cdot f_x = 0$ (3 équations d'équilibre) car c'est un problème de mécanique statique.
- L'équation (2.15) : $\sigma_{xy} = D_{xyzw} \epsilon_{zw}$ (6 équations de comportement) car c'est un matériau de Hooke isotrope.
- L'équation (2.19) : $2 \cdot \epsilon_{xy} = U_{x,y} + U_{y,x}$ (6 équations cinématiques) car on prend en compte l'hypothèse des petits déplacements.

L'ajout des conditions (2.20) et (2.21) permet de fixer, parmi l'ensemble des solutions, celle qui correspond aux conditions limites du problème afin de résoudre ces 15 équations.

Approche variationnelle

Le principe de l'approche variationnelle est de multiplier les équations aux dérivées partielles d'un problème par des déplacements virtuels $\delta\mathbf{U}$ et d'intégrer par parties. Le but est donc de minimiser l'énergie donnée par le travail appliqué à la structure pour un déplacement $\delta\mathbf{U}$. En mécanique des solides, la formulation variationnelle obtenue est identique à celle donnée par le Principe des Travaux Virtuels ou dans certains cas la minimisation de l'énergie potentielle totale de la structure.

La méthode pour obtenir une formulation variationnelle est la suivante : les équations aux dérivées partielles du départ sont transformées en formulation intégrale de la forme $\int_{\Omega} \dots d\mathbf{U}$, puis, une intégration par parties permet d'obtenir des termes qui concernent seulement une partie de la frontière du domaine. Les déplacements virtuels vont pondérer l'intégrale globale. Cette formulation conduit à un système d'équations algébriques qui fournit une solution approchée du problème ($\int_{\Omega} \dots \delta\mathbf{U} d\mathbf{U}$).

Il existe plusieurs méthodes pour construire une formulation variationnelle d'un problème. Par la suite nous noterons Ψ la formulation variationnelle d'un problème.

Nous allons voir la formulation variationnelle dans le cadre de notre problème, d'après la méthode de Galerkin en déplacement. C'est une des méthodes les plus couramment utilisées. Les équations d'équilibre donnent les équations suivantes :

$$\operatorname{div}(\sigma) + \rho \cdot \mathbf{f} = 0 \text{ dans } \Omega \quad (2.22)$$

En multipliant ces équations par des déplacements virtuels $\delta\mathbf{U}$, et en intégrant sur le domaine Ω , on obtient :

$$\int_{\Omega} (\operatorname{div}(\sigma) + \rho \cdot \mathbf{f}) \delta\mathbf{U} d\Omega = 0 \quad (2.23)$$

Si on applique la formule de Green sur l'équation précédente et en tenant compte des conditions aux limites de Neumann (2.21), on obtient la forme variationnelle du problème :

$$\int_{\Omega} \sigma_{xy} \partial_y \delta U_x d\Omega = \int_{\Omega} f_x \cdot \delta U_x \cdot d\Omega + \int_{\Gamma^N} t_x^N \cdot \delta U_x \cdot d\Gamma \quad (2.24)$$

δU vérifie les conditions de Dirichlet car, par définition, il fait parti de l'espace des déplacements admissibles : $\delta U = 0$ sur Γ^D . Si on utilise la forme linéarisée du tenseur des déformations (2.19), l'équation peut également s'écrire :

$$\Psi = \underbrace{\int_{\Omega} \sigma_{xy}(U) \epsilon_{xy}(\delta U) \cdot d\Omega}_{A(U, \delta U)} - \underbrace{\int_{\Omega} f_x \cdot \delta U_x \cdot d\Omega + \int_{\Gamma^N} t_x^N \cdot \delta U_x \cdot d\Gamma}_{B(\delta U)} = 0 \quad (2.25)$$

Ce qui correspond à la formulation variationnelle du problème.

Finalement, la formulation variationnelle d'un problème aux dérivées partielles va

conduire à une équation du type :

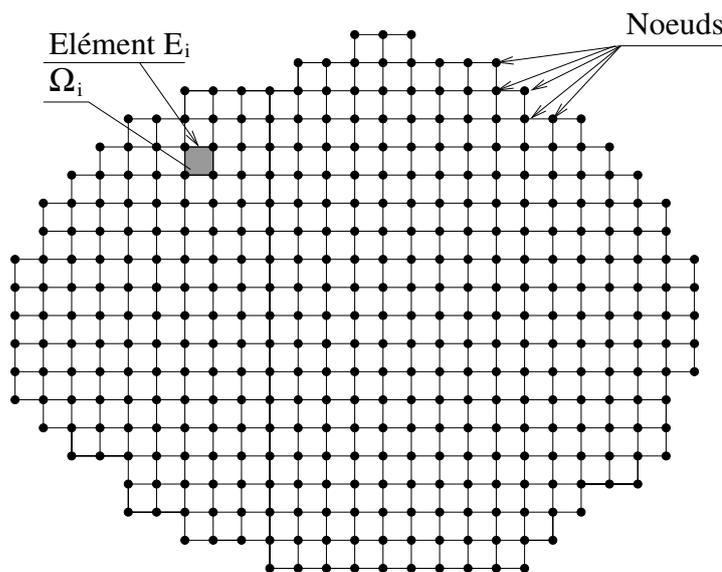
$$\Psi = A(U, \delta U) - B(\delta U) = 0 \quad \forall \delta U \in \mathcal{V} \quad (2.26)$$

Les termes $A(U, \delta U)$ et $B(\delta U)$ sont composés d'intégrales. L'intérêt de cette formulation est de transformer les intégrales sur le volume entier en somme d'intégrales sur des éléments grâce à la propriété d'additivité de l'intégrale. Le problème sera donc résolu dans l'espace Ω construit par éléments finis.

Discrétisation en éléments

Pour trouver une solution approchée, nous discrétisons le champ de déplacement. C'est-à-dire, nous choisissons de calculer le champ de déplacement sur un ensemble de N points discrets dans le solide (appelé "nœuds" dans la terminologie élément fini). La structure est alors coupée en M " morceaux " appelés éléments. Les coordonnées et les connectivités des nœuds constituent un maillage. Un élément du maillage est défini par sa géométrie : triangle, quadrilatère, tétraèdre... **Par la suite la notation des nœuds est indiquée en exposant tandis que celle des éléments en indice**

Nous avons maillé notre exemple avec un maillage 2D composé de rectangles. Il est composé de M éléments notés E_i dont les domaines Ω_i sont disjoints :



Deux éléments distincts ne peuvent avoir en commun que des points situés sur leur frontière commune. De plus, l'ensemble du maillage Ω doit constituer un domaine représentatif du domaine continu, il ne doit pas y avoir de trous entre les éléments E_i de domaine Ω_i (Cf Figure 2.20 et Equation 2.27).

$$\Omega = \bigcup_{i=1}^M \Omega_i, \Omega_i \cap \Omega_j = \emptyset \text{ si } i \neq j \quad (2.27)$$

Nous noterons X^j les coordonnées des nœuds où l'exposant j va de 1 à N . Le vecteur déplacement inconnu à chaque nœud sera noté (U_x^j, U_y^j, U_z^j) . Le champ de déplacement $U(X)$ en un point appartenant à l'élément E_i sera spécifié par l'approximation $\tilde{U}(X)$ issu

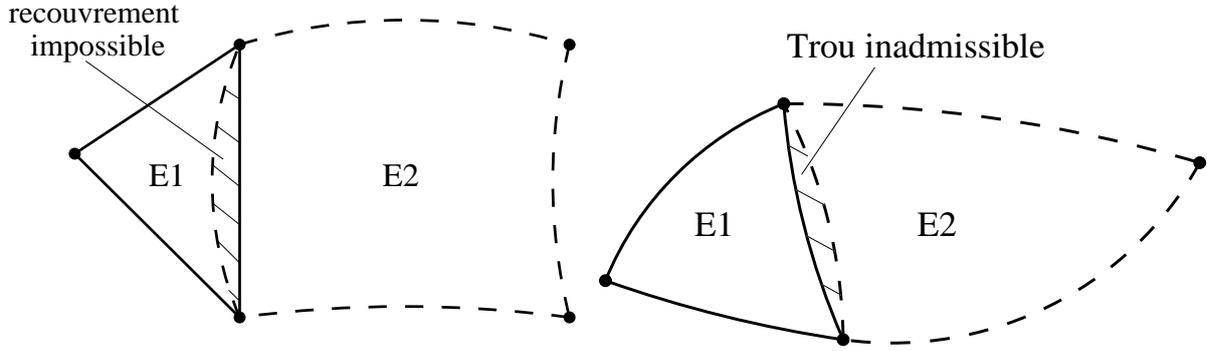


FIGURE 2.20 – Illustration du problème de recouvrement (a.) et du problème de trou (b.)

de l'interpolation entre les valeurs nodales U^j grâce aux fonctions d'interpolation $w^j(X)$:

$$X \in \Omega_i, \tilde{U}(X) = \sum_{j=1}^{N_i} w^j(X) U^j. \quad (2.28)$$

avec j le numéro du sommet parmi les N^i sommets de l'élément E_i .

Dans cette équation, les fonctions $w^j(X)$ vérifient $\sum_{j=1}^{N^i} w^j(X) = 1$ et coïncident avec les coordonnées barycentriques du point X . Les fonctions de forme w^j dépendent seulement de la position, et doivent avoir les propriétés suivantes :

$$w^j(X^\beta) = \begin{cases} 1 & \text{si } j = \beta \\ 0 & \text{si } j \neq \beta \end{cases} \quad (2.29)$$

et :

$$w^j(X) = \begin{cases} 1 & \text{si } X \in E_i \\ 0 & \text{si } X \notin E_i \end{cases} \quad (2.30)$$

Nous pouvons évidemment interpoler les champs de déplacement virtuel exactement de la même manière :

$$\delta \tilde{U}(X) = \sum_{j=1}^{N_i} w^j(X) \delta U^j. \quad (2.31)$$

et écrire à nouveau la formulation variationnelle, substituant les champs interpolés dans l'équation 2.26. Pour cela, on exprime les fonctions $A(U, \delta U)$ et $B(\delta U)$ comme des sommes sur les éléments.

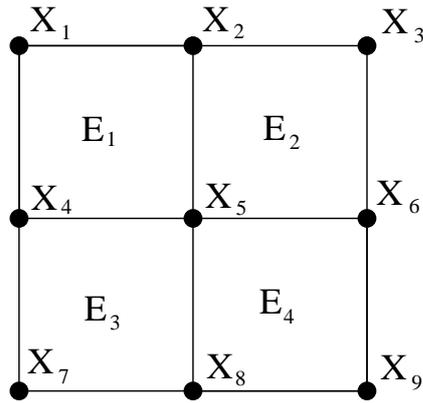
Si l'on reprend le problème exemple, cela donne :

$$\begin{aligned} A(U, \delta U) &= \sum_i^N \int_{\Omega_i} \sigma_{xy}(\tilde{U}) \epsilon_{zw}(\delta \tilde{U}) \\ B(\delta U) &= \sum_i^N \int_{\Omega_i} f_x \cdot \delta \tilde{U}_x \cdot d + \int_{\Gamma^N} t_x^N \cdot \delta \tilde{U}_x \end{aligned} \quad (2.32)$$

Afin de pouvoir faire correspondre à chaque élément i , les différents nœuds (parmi l'ensemble des nœuds N du solide) qui font partie de cet élément, on doit définir une matrice de localisation nommée G_i . La matrice G_i permet d'obtenir les déplacements $\{U_i\}$ aux nœuds de l'élément E_i grâce aux nœuds du solide entier $\{U\}$:

$$\{U_i\} = [G_i] \{U\} \quad (2.33)$$

Les termes G_{ikl} sont tels qu'ils valent 1 si le nœud numéroté k sur le solide complet coïncide avec le $l^{\text{ème}}$ nœud de l'élément E_i . La dimension de la matrice G_i est ainsi $N_i \times N$.



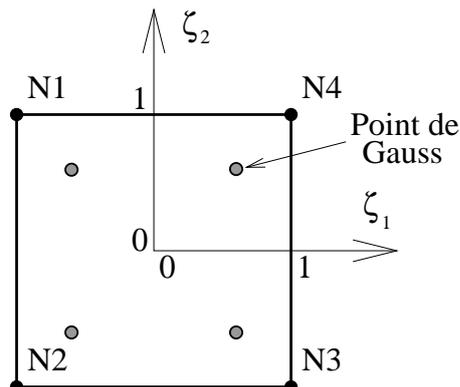
La figure ci dessus représente un petit maillage constitué de 4 éléments et 9 sommets. Dans cet exemple, on a pour l'élément 1 :

$$[G_1] = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \quad (2.34)$$

Intégration numérique

L'intégrale globale a été convertie en somme d'intégrales locales sur les éléments. Pour intégrer chaque fonction sur un élément, la méthode des éléments finis utilise une formule de quadrature : l'intégration de Gauss. Cette méthode permet d'approcher une intégrale par une somme pondérée des valeurs de l'intégrande en un certain nombre de points du domaine appelés points de Gauss et placés d'une façon optimale. De plus, étant donné la géométrie variable de chaque élément du maillage, il est pratique de se ramener à un élément de référence, de forme simple, et à partir duquel on peut générer tous les éléments d'une même famille par une transformation géométrique. Cette méthode est expliquée plus profondément en Annexe B.

Dans notre exemple, le maillage est composé de rectangles. L'élément de référence a les caractéristiques suivantes :



Fonctions d'interpolation du quadrangle à 4 nœuds :

$$\begin{aligned} w^1 &= 1/4(1-x)(1+y) & w^3 &= 1/4(1+x)(1-y) \\ w^2 &= 1/4(1-x)(1-y) & w^4 &= 1/4(1+x)(1+y) \end{aligned} \quad (2.35)$$

Position et poids des points de Gauss :

$$\begin{aligned} \text{Point1} &: \left(\frac{-1}{\sqrt{3}}, \frac{1}{\sqrt{3}}\right) & \text{poids} &: 1 & \text{Point3} &: \left(\frac{1}{\sqrt{3}}, \frac{-1}{\sqrt{3}}\right) & \text{poids} &: 1 \\ \text{Point2} &: \left(\frac{-1}{\sqrt{3}}, \frac{-1}{\sqrt{3}}\right) & \text{poids} &: 1 & \text{Point4} &: \left(\frac{1}{\sqrt{3}}, \frac{1}{\sqrt{3}}\right) & \text{poids} &: 1 \end{aligned} \quad (2.36)$$

Matrice jacobienne :

$$\begin{aligned} [J] &= \\ \frac{1}{4} &\begin{bmatrix} (1-\zeta_2)(x_2-x_1) + (1+\zeta_2)(x_3-x_4) & (1-\zeta_2)(y_2-y_1) + (1+\zeta_2)(y_3-y_4) \\ (1-\zeta_1)(x_4-x_1) + (1+\zeta_1)(x_3-x_2) & (1-\zeta_1)(y_4-y_1) + (1+\zeta_1)(y_3-y_2) \end{bmatrix} \end{aligned} \quad (2.37)$$

Système matriciel

Soit $\tilde{U}_i(X)$ le vecteur déplacement recherché en un point de l'élément E_i et $\{U_i\}$ le vecteur représentant les vecteurs déplacements des N_i nœuds de cet élément du maillage. Nous avons vu dans le §2.5.2 le passage de $\tilde{U}(X)$ à $\{U_i\}$ (Equation 2.28), celui-ci peut aussi être représenté sous la forme matricielle suivante :

$$\tilde{U}_i(X) = [W_i(X)]\{U_i\} \quad (2.38)$$

$[W_i(X)]$ est la matrice d'interpolation de l'élément E_i : $[W_i(X)] = [W_i^0(X), \dots, W_i^{N_i}(X)]$

Dans le cas général anisotrope, la matrice d'élasticité s'écrit :

$$[D] = \begin{bmatrix} D_{xxxx} & D_{xxyy} & D_{xxzz} & D_{xxxy} & D_{xxxz} & D_{xxyz} \\ & D_{yyyy} & D_{yyzz} & D_{yyxy} & D_{yyxz} & D_{yyyz} \\ & & D_{zzzz} & D_{zzxy} & D_{zzxz} & D_{zzyz} \\ & & & D_{xyxy} & D_{xyxz} & D_{xyyz} \\ \text{Sym} & & & & D_{xzzz} & D_{xzyz} \\ & & & & & D_{yzyz} \end{bmatrix} \quad (2.39)$$

On a alors la relation suivante :

$$\{\sigma\} = [D]\{\epsilon\} \quad (2.40)$$

Dans notre situation de déformation plane avec un matériau Hooke dans le cas isotrope :

$$\{\sigma\} = \begin{Bmatrix} \sigma_{xx} \\ \sigma_{yy} \\ \sigma_{xy} \\ \sigma_{zz} \end{Bmatrix} = [D]\{\epsilon\} = \frac{E}{(1+\nu)(1-2\nu)} \begin{bmatrix} 1-\nu & \nu & 0 & \nu \\ \nu & 1-\nu & 0 & \nu \\ 0 & 0 & \frac{1-2\nu}{2} & 0 \\ \nu & \nu & 0 & 1-\nu \end{bmatrix} \begin{Bmatrix} \epsilon_{xx} \\ \epsilon_{yy} \\ 2\epsilon_{xy} \\ \epsilon_{zz} \end{Bmatrix} \quad (2.41)$$

D'autre part, dans le cas des petites déformations (Equation (2.19)), les déplacements et les déformations sont reliés par la matrice $[L]$ telle que :

$$\{\epsilon\} = [L]\{U\} \quad (2.42)$$

et en expression matricielle :

$$\{\epsilon\} = \begin{Bmatrix} \epsilon_{xx} \\ \epsilon_{yy} \\ \epsilon_{zz} \\ 2\epsilon_{xy} \\ 2\epsilon_{xz} \\ 2\epsilon_{yz} \end{Bmatrix} = [L]U(X) = \begin{bmatrix} \frac{\partial}{\partial x} & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\partial}{\partial y} & 0 \\ 0 & 0 & \frac{\partial}{\partial z} \\ \frac{\partial}{\partial y} & \frac{\partial}{\partial x} & 0 \\ \frac{\partial}{\partial z} & 0 & \frac{\partial}{\partial x} \\ 0 & \frac{\partial}{\partial z} & \frac{\partial}{\partial y} \end{bmatrix} U(X) \quad (2.43)$$

Soit encore :

$$\{\epsilon\} = [L][W_i]\{U_i\} = [C_i]\{U_i\} \text{ où } [C_i] = [L][W_i] \quad (2.44)$$

L'objectif maintenant est de regrouper les termes de la formulation variationnelle Ψ_i d'un élément sous forme d'expression matricielle jusqu'à obtenir une expression du type :

$$\Psi_i = \{\delta U_i\}([K_i]\{U_i\} - \{F_i\}) \quad (2.45)$$

Où $[K_i]$ est la matrice de rigidité élémentaire de l'élément et $\{F_i\}$ est le vecteur second membre élémentaire.

Toujours dans le cas linéaire, $A(U, \delta U)$ peut s'écrire :

$$A(U, \delta U) = \sum_i^M \int_{\Omega_i} \{\sigma(U)\} \{\epsilon(\delta U)\} dv \quad (2.46)$$

Par convention, $\langle \rangle$ représente les vecteurs en ligne et $\{ \}$ les vecteurs en colonne. Donc $\epsilon\sigma = \{\epsilon\}^\top \{\sigma\} = \langle \epsilon \rangle \{ \sigma \}$ et :

$$A(U, \delta U) = \sum_i^M \int_{\Omega_i} \{\epsilon(\delta U)\}^\top \{\sigma(U)\} dv \quad (2.47)$$

Puis si on utilise la matrice D de l'Equation 2.40, l'expression devient :

$$A(U, \delta U) = \sum_i^M \int_{\Omega_i} \{\epsilon(\delta U)\}^\top [D]\{\epsilon(U)\} dv \quad (2.48)$$

Avec la linéarisation du tenseur des contraintes en fonction des déplacements et la matrice d'interpolation 2.42 :

$$A(U, \delta U) = \sum_i^M \int_{\Omega_i} \{\delta U_i\}^\top [C_i]^\top [D] [C_i] \{U_i\} dv \quad (2.49)$$

$\{\delta U_i\}^\top$ et $\{U_i\}$ étant des valeurs nodales, elles peuvent être sorties de l'intégrale :

$$A(U, \delta U) = \sum_i^N \{\delta U_i\}^\top \int_{\Omega_i} [C_i]^\top [D] [C_i] dv \cdot \{U_i\} \quad (2.50)$$

Soit, finalement :

$$A(U, \delta U) = \sum_i^M \{\delta U_i\}^\top [K_i] \{U_i\} \quad (2.51)$$

Avec $[K_i] = \int_{\Omega_i} [C_i]^\top [D] [C_i] dv$

D'autre part, le membre $B(\delta U)$ s'écrit :

$$B(\delta U) = \sum_i^M \left(\int_{\Omega_i} f_i \{\delta U\} dv + \int_{\Gamma^N} t_i^N \{\delta U\} ds \right) \quad (2.52)$$

avec :

$$\begin{aligned} f_i &= G_i f \\ t_i &= G_i t \end{aligned} \quad (2.53)$$

En fonction des déplacements et de la matrice d'interpolation 2.42 et en sortant les valeurs nodales de l'intégrale :

$$B(\delta U) = \sum_i^M (\{\delta U_i\}^\top \int_{\Omega_i} [W_i] f_i dv + \{\delta U_i\}^\top \int_{\Gamma^N} [W_i] t_i^N ds) \quad (2.54)$$

Soit, finalement :

$$B(\delta U) = \sum_i^M \{\delta U_i\}^\top \{F_i\} \quad (2.55)$$

Avec $\{F_i\} = \int_{\Omega_i} [W_i] f_i dv + \int_{\Gamma^N} [W_i] t_i^N ds$

La forme variationnelle globale Ψ se construit par addition des formes élémentaires :

$$\Psi = \sum_i^M \Psi_i = \sum_i^M \{\delta U_i\} ([K_i] \{U_i\} - \{F_i\}) \quad (2.56)$$

Cette somme est elle aussi organisée sous la forme matricielle :

$$\Psi = \{\delta U\} ([K] \{U\} - \{F\}) \quad (2.57)$$

Où $[K]$ est la matrice de rigidité globale et $\{F\}$ est le vecteur second membre global.

On peut ré-écrire $A(U, \delta U)$ et $B(\delta U)$ de la façon suivantes :

$$\begin{aligned} \bullet A(U, \delta U) &= \sum_{\text{éléments}} \{\delta U\}^\top [G_i]^\top [K_i] [G_i] \{U\} \\ &= \{\delta U\}^\top [K] \{U\} \\ \text{avec : } [K] &= \sum_{\text{éléments}} [G_i]^\top [K_i] [G_i] \end{aligned} \quad (2.58)$$

$$\begin{aligned} \bullet B(\delta U) &= \sum_{\text{éléments}} \{\delta U\}^\top [G_i]^\top \{F_i\} \\ &= \{\delta U\}^\top \{F\} \\ \text{avec : } \{F\} &= \sum_{\text{éléments}} [G_i]^\top \{F_i\} \end{aligned} \quad (2.59)$$

Finalement $\{U\}$ est solution du système linéaire :

$$[K]\{U\} = \{F\} \quad (2.60)$$

Résolution

Le système $A(U, \delta U)$ est un système de $3N$ expressions à $3N$ inconnues. Il peut être linéaire en U ou non.

Si les expressions de Ψ sont linéaires en U , l'équation $\Psi = 0, \forall \delta U$ equivaut à $[K]\{U\} = \{F\}$. Comme dans l'exemple, les méthodes numériques de résolution vont permettre de prendre en compte les conditions limites de type « déplacements imposés ». Citons notamment deux méthodes :

- **La méthode d'élimination** intègre directement ces conditions lors de la construction du système, ce qui réduit le nombre d'équations du système. C'est la méthode la plus simple sur le plan de la conception mais la plus complexe à mettre en oeuvre numériquement
- **La méthode de pénalisation** ajoute à chaque nœud comportant une de ces conditions une réaction du milieu extérieur sous forme de ressort. La raideur de ce ressort est préalablement fixé, tel qu'il soit largement supérieur à n'importe quel terme de la matrice de rigidité.

Si $A(U, \delta U)$ est un système non linéaire en U , la résolution est plus complexe, mais des méthodes numériques permettent de se ramener à une succession de problèmes linéaires. Un système non-linéaire est du type :

$$\{R(U)\} = \{F\} - [K(U)]\{U\} = 0 \quad (2.61)$$

Résoudre l'équation(2.61), c'est chercher un vecteur $\{U\}$ qui rende le résidu $\{R(U)\}$ aussi proche que possible de zéro.

Les algorithmes de résolution de ce type de système, appelé prédiction/correction, fonctionnent de la manière suivante :

Le choix de l'algorithme se fera en fonction du type de non-linéarité, telle que nous l'avons présenté en §2.5.1. L'algorithme le plus répandu est celui de Newton-Raphson. C'est une méthode itérative basée sur la connaissance d'un vecteur $\{U_0\}$ éventuellement nul. Un développement de l'expression variationnelle $R(U)$ en série de Taylor au voisinage de U_{n-1} donne :

$$R(U) = R(U_{n-1}) + (U - U_{n-1}) \frac{\partial R}{\partial U}(U_{n-1}) + O((U - U_{n-1})^2) \quad (2.62)$$

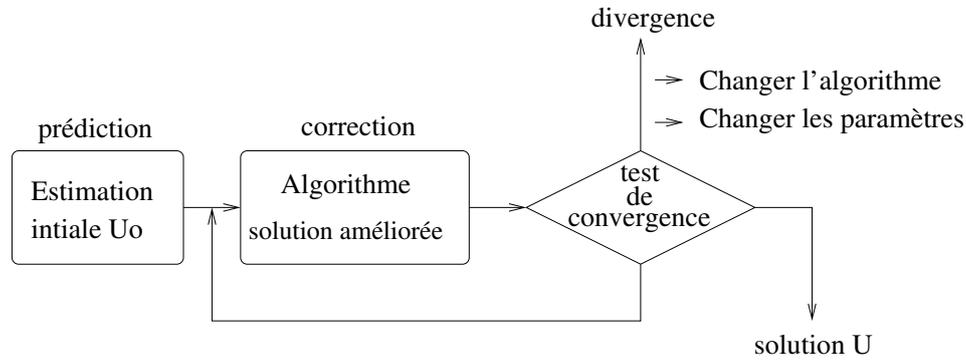


FIGURE 2.21 – Schéma de principe de la méthode de résolution de système non-linéaire

avec :

$$\frac{\partial R}{\partial U} = \frac{\partial(K.U - F)}{\partial U} = K + \frac{\partial K}{\partial U} \quad (2.63)$$

Soit $\tilde{K}(U)$ la matrice tangente définie par :

$$\tilde{K}(U) = \frac{\partial R}{\partial U} \quad (2.64)$$

On peut alors définir la suite U_n par :

$$\tilde{K}(U_{n-1}) \cdot \Delta U_n + R(U_{n-1}) = 0 \quad (2.65)$$

avec :

$$\Delta U_n = U_n - U_{n-1} \quad (2.66)$$

Finalement, on évalue $\tilde{K}(U_{n-1})$ en développant Ψ avec $U = U_{n-1}$. Puis, on estime le résidu $\{R(U_{n-1})\}$ d'après (2.61) et on calcule U_n avec la relation de récurrence (2.65)

L'application de cette méthode conduit à résoudre une suite de problèmes linéaires caractérisés par n le numéro de l'itération de Newton. Le point le plus délicat de cette méthode est la construction de la matrice de rigidité tangente \tilde{K} .

Chapitre 3

Développement d'une simulation du mouvement pulmonaire par éléments finis

Sommaire

3.1 Introduction	73
3.2 Une modélisation proche de la réalité anatomique	73
3.2.1 Définition des conditions limites	73
3.2.2 Les équations mécaniques	74
3.3 Maillage	74
3.3.1 Méthodes standard de maillage	75
3.3.2 Maillage simple	75
3.3.3 Lissage de la surface	77
3.3.4 Remplissage continu	79
3.3.5 Validité du maillage	81
3.4 Étude des paramètres de convergence	81
3.4.1 Gestion des grandes déformations	82
3.4.2 Gestion du contact	82
3.5 Influence des paramètres biomécaniques	84
3.5.1 Principe de l'étude	84
3.5.2 Influence du module de Young	86
3.5.3 Influence du coefficient de Poisson	90
3.5.4 Conclusion	91
3.6 Premières validations cliniques	91
3.6.1 Matériel et images	91
3.6.2 Résultats	93
3.6.3 Discussion	95
3.7 Conclusion	96

3.1 Introduction

L'ensemble des arguments développés dans le §2.4 nous a conduit à choisir un modèle biomécanique avec résolution par éléments finis. Aussi avons-nous expliqué brièvement dans le Chapitre 2.5 la théorie et les principes associés. Nous allons à présent détailler comment nous avons modélisé le comportement biomécanique du poumon dans le contexte applicatif détaillé dans le Chapitre 1.

Les résultats obtenus sont de deux natures : l'étude des paramètres de convergence et l'influence des paramètres biomécaniques. Enfin, l'élaboration de tests cliniques sont détaillés dans la dernière section.

3.2 Une modélisation proche de la réalité anatomique

3.2.1 Définition des conditions limites

Dans le contexte médical présenté dans le Chapitre 1, la radiothérapie ou l'hadronthérapie, nous cherchons plus à obtenir, dans un premier temps, un résultat précis qu'un temps de calcul rapide. C'est pourquoi, aussi bien dans le type d'analyse mécanique que dans le choix des conditions limites nous allons chercher une représentation aussi proche que possible de la réalité. Nous nous inspirons donc de la réalité anatomique et physiologique présentée dans le §1.4. Et plus spécifiquement du rôle mécanique de la plèvre. La Figure 3.1 est une représentation simplifiée du thorax. On repère notamment le poumon dont le mouvement va être piloté par l'action des muscles de la cage thoracique et du diaphragme par l'intermédiaire de la plèvre.

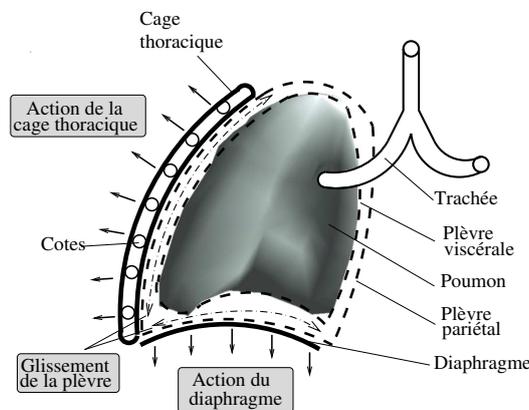


FIGURE 3.1 – Représentation schématisée de l'anatomie du thorax du point de vue mécanique

Nous allons faire l'hypothèse que le poumon est fixé à la trachée. Dans la réalité ceci n'est pas tout à fait vrai mais ce mouvement est négligeable par rapport aux autres. Lorsque les muscles de la respiration provoquent une inspiration, ils vont passer d'une configuration initiale à une configuration finale fixant la forme de la plèvre pariétale, qui est collée aux muscles. La plèvre viscérale, collée au poumon, va alors subir la dépression intra-pleurale. De plus, grâce au fluide visqueux entre les deux plèvres, la partie viscérale de la plèvre va pouvoir glisser sur la partie pariétale durant son mouvement.

Les conditions initiales de la simulation seront un poumon à l'état d'expiration maximale. Pour simuler l'action des muscles, nous allons appliquer une dépression uniforme tout autour du poumon. Puis, tout en autorisant le glissement, nous avons ajouté une

contrainte de contact supplémentaire au modèle afin que le déplacement maximum de chaque point n'excède pas la configuration de gonflement maximum du poumon ; C'est-à-dire l'état final de la plèvre. La Figure 3.2 représente comment ces contraintes mécaniques sont appliquées au poumon et comment celui-ci va réagir.

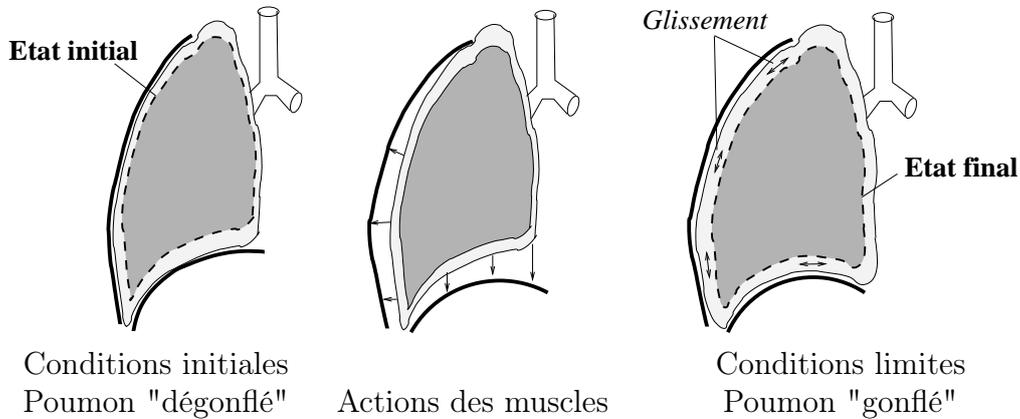


FIGURE 3.2 – Schéma d'application des contraintes mécaniques

3.2.2 Les équations mécaniques

Nous allons tout d'abord faire l'hypothèse d'un mouvement quasi-statique. En effet, lorsque le patient respire, le mouvement du poumon peut-être considéré comme une succession d'états d'équilibre. Nous allons donc utiliser l'Equation (2.11) pour chercher cette succession d'états d'équilibre.

Comme première approximation nous considérons que le milieu est homogène et isotrope. Nous allons aussi approcher le comportement mécanique par une élasticité linéaire (2.15) définie par un module de Young et un coefficient de Poisson (Cf §3.5).

Lorsque le patient va passer de l'état d'expiration forcée à inspiration forcée, le volume du poumon va être quasiment multiplié par deux. Dans ce cas, l'hypothèse des petites déformations (2.19) n'est plus valide. Il faut calculer de nouveau la matrice de rigidité $\tilde{K}(\mathbf{U})$ à chaque petit pas de déplacement.

Lorsque la surface du poumon va rentrer en contact avec la cage thoracique ou avec le diaphragme pour atteindre la position d'équilibre, les conditions limites doivent changer. Pour maintenir le contact et permettre le glissement, nous ajoutons une force à la surface du poumon.

Les deux dernières équations seront détaillées dans §3.4.

3.3 Maillage

Nous avons choisi de calculer numériquement les équations mécaniques par la méthode des éléments finis. La première étape est alors de modéliser notre géométrie par un maillage (Cf §2.5.2).

Nous allons ici détailler toutes les étapes chronologiques qui nous ont été nécessaires pour mailler notre modèle géométrique et assurer la continuité de la matière, un taux de convergence raisonnable ainsi qu'une bonne représentation de la géométrie réelle. Pour chaque maillage testé, nous définissons (au moins) un maillage volumique pour l'intérieur du poumon et un maillage surfacique à l'extérieur pour appliquer la contrainte de dépression.

3.3.1 Méthodes standard de maillage

Dans le cas général où les points ne sont pas organisés, la méthode fréquemment employée pour mailler une géométrie est la méthode de Delaunay [?]. Elle permet de construire des maillages réguliers en reliant les points entre eux par un pavage triangulaire tel que dans un cercle circonscrit il n'y ait que les trois sommets du triangle.

La façon la plus simple et la plus employée est d'utiliser un Logiciel de maillage du commerce. Par exemple, dans [?], le logiciel HYPERMESH est utilisé et donne un maillage à la fois lisse et compact (Cf Figure 3.3).

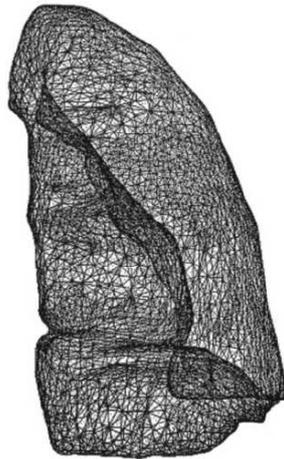


FIGURE 3.3 – Maillage de poumon effectué par le logiciel HYPERMESH

Dans le contexte de la simulation chirurgicale, les modèles s'appuient sur un maillage générique afin d'avoir une représentation optimale. Le modèle doit être précis avec tous les détails anatomiques. Par exemple, dans [?], l'auteur exploite la base de donnée *Visible Human* (un corps entier cryogénisé, découpé en coupes axiales et photographié). Le maillage est finalement obtenu avec un algorithme correspondant à une extension 3D d'un *snake*.

Malheureusement, aucune de ces techniques ne convient à notre étude. Afin de préparer le calcul de la dose thérapeutique, nous allons préserver la géométrie des voxels scanners sous forme d'hexaèdres dans le maillage. Le Chapitre 4 présentera l'intérêt de ces éléments.

3.3.2 Maillage simple

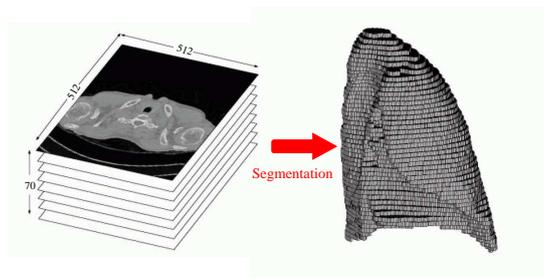


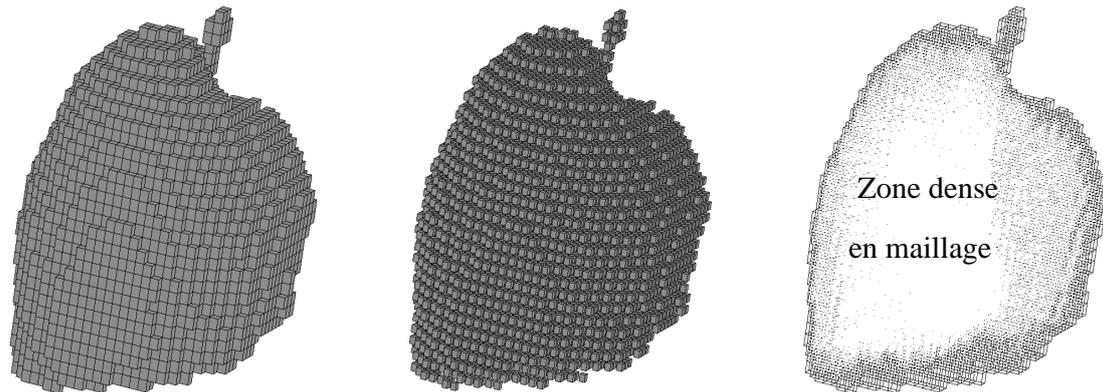
FIGURE 3.4 – Segmentation d'un poumon à partir d'un scanner 3D

Comme nous l'avons vu dans le §1.5.1, le Centre Léon Bérard nous a procuré quatre scanners afin de personnaliser notre étude à des patients réels. Pour obtenir la géométrie

d'un poumon à partir du scanner, une phase de segmentation a été nécessaire. Elle consiste à seuiller le scanner pour obtenir les niveaux de gris correspondant à la zone riche en air puis à appliquer des outils de morphomathématiques [?] pour éviter l'apparition de trous à l'intérieur du poumon ainsi que des bosses sur la surface du poumon [?].

Le résultat de la segmentation est alors un ensemble de voxels empilés formant le poumon. Le premier maillage que nous avons utilisé est directement issu de ces voxels scanners qui forment des hexaèdres pour le maillage intérieur ainsi que des quadrangles pour le maillage surfacique. La Figure 3.5 représente ce maillage.

Vue générale :



Zoom :

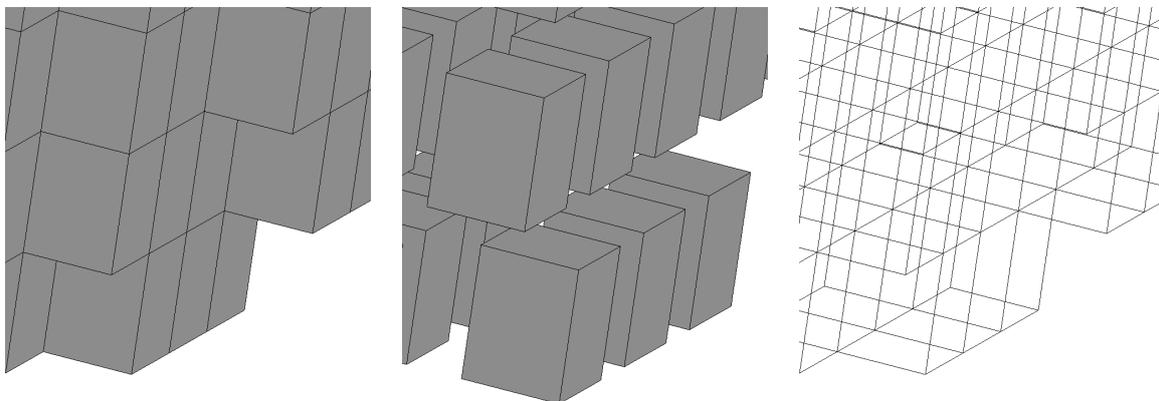


FIGURE 3.5 – Maillage constitué d'hexaèdres et de quadrangles. De gauche à droite : représentation solide, détachée et fil de fer

La partie supérieure de la figure montre le maillage avec une vue générale 3D tandis que la partie inférieure montre des agrandissements. Les deux premières figures de gauche soulignent le maillage surfacique c'est à dire l'assemblage de quadrangles. Les deux figures du milieu mettent en valeur les hexaèdres intérieurs grâce à une séparation. Les deux dernières figures à droite montrent finalement le maillage hexaédrique en mode filaire.

Pour tester ce maillage, plaçons nous dans le cas le plus simple, c'est à dire dans le cadre d'un problème totalement linéaire (Cf §2.5.1) : le poumon est fixé à la trachée, on applique une dépression uniforme **sans** contrainte de contact. Nous nous plaçons également sous l'hypothèse des petits déplacements (Equation (2.19)) et nous effectuons le calcul en mécanique statique (Equation (2.11)). Le résultat de ce calcul par éléments finis est présenté sur la Figure 3.6.

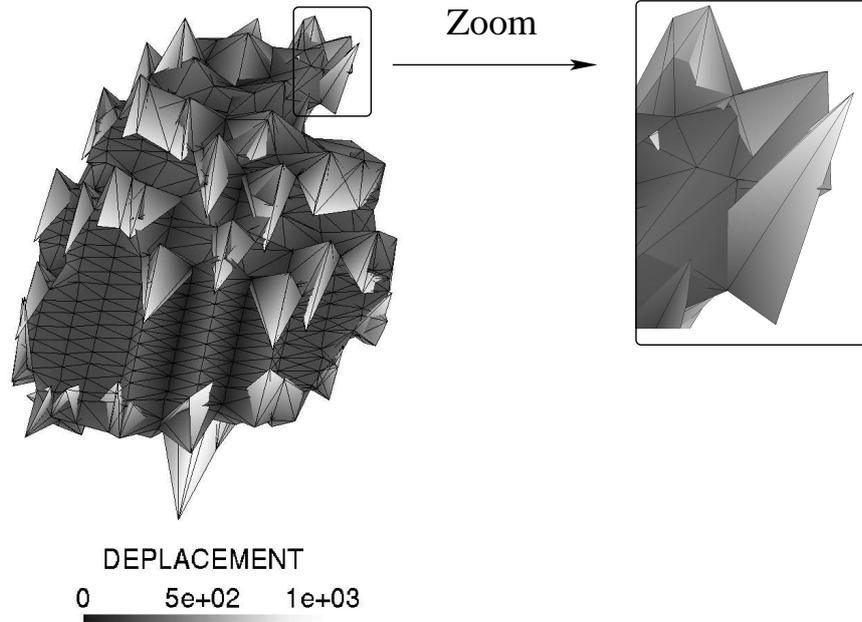


FIGURE 3.6 – Déplacements issus de la simulation sur un maillage constitué de quadrangles et d’hexaèdres

Bien que le calcul converge sans problème, le résultat obtenu ne génère pas une solution réaliste. Le problème vient de la présence de concentrations de contraintes dues aux arêtes vives dans les hexaèdres.

3.3.3 Lissage de la surface

Il serait intéressant de combiner précision sur la surface extérieure et présence de maillage hexaédrique. En effet, la réalité géométrique des organes est plus proche d’une surface lisse plutôt que d’une structure composée d’arêtes vives. D’un autre côté, les hexaèdres sont nécessaires parce qu’ils viennent directement des voxels scanner et fournissent une information directe sur la densité, indispensable pour la dosimétrie, et probablement aussi sur l’hétérogénéité. De plus les éléments hexaédriques assurent une meilleure convergence que les éléments tétraédriques pour les problèmes non-linéaires en éléments finis [?].

Dans le but de lisser la surface, nous avons utilisé l’algorithme du Marching Cube (MC) présenté dans [?]. Les sommets d’un cube virtuel sont définis par les centres de huit voxels scanner. Pour chacun d’eux, une information sur la densité ρ est obtenue directement à partir de l’analyse de scanner segmenté, c’est-à-dire que la densité peut prendre deux valeurs : $\rho = 1$ si ce point appartient au poumon ou $\rho = 0$ si ce n’est pas le cas. Si un point a une densité différente de son voisinage, une surface de frontière doit exister entre les deux pour séparer les différents matériaux. Un seuil est alors fixé entre 0 et 1 pour définir la position de cette surface.

Ainsi, suivant les positions relatives des densités de 0 ou de 1 sur les huit sommets d’un cube, il y a 256 combinaisons différentes de surfaces frontières possibles. Ces combinaisons peuvent être réduites à 15 situations après un classement par cas similaires (Cf Figure 3.7). Le processus de génération des surfaces frontières est extrêmement rapide dû à une triangulation directe par un système de table de conversion (look-up table) : suivant la configuration reconnue, une table permet de connaître combien de triangles sont nécessaires et quels sont les sommets qui les composent.

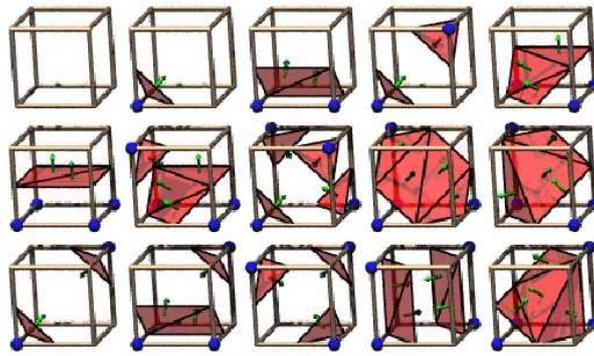
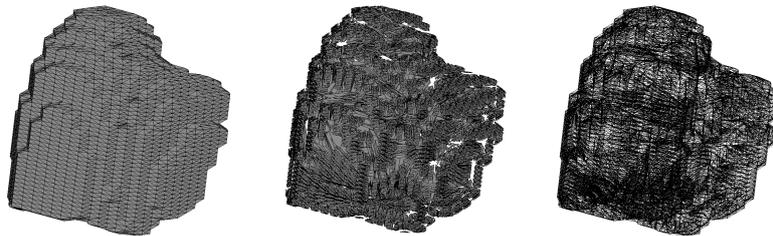


FIGURE 3.7 – Les différentes combinaisons du Marching Cube

Vue générale :



Zoom :

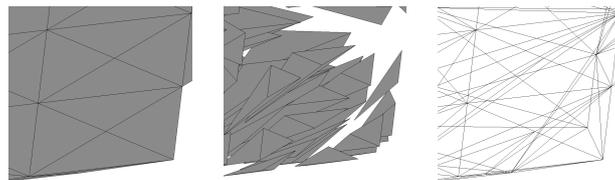


FIGURE 3.8 – Maillage constitué de tétraèdres et de triangles. De gauche à droite : représentation solide, détachée et fil de fer

Le maillage généré par l'algorithme du MC est illustré par la Figure 3.8 avec la même représentation que la Figure 3.5. La surface ainsi obtenue présente un contour plus lisse. Pour mailler l'intérieur du poumon, étant donné que le MC ne donne que des triangles en surface, nous avons construit un maillage tétraédrique en utilisant la méthode de Delaunay traditionnelle [?].

La Figure 3.9 montre le résultat du calcul effectué au §3.3.2 mais avec ce nouveau maillage. Les angles lisses obtenus par la méthode du MC suppriment les artefacts que nous avons constatés avec les arrêtes vives. De plus, le résultat obtenu est en parfaite adéquation avec nos attentes. On a un gonflement progressif du poumon et plus les points du maillage sont éloignés de la trachée (où ils sont bloqués), plus leur déplacement est important.

Cette étape de simulation avec un maillage 3D par la méthode de Delaunay est nécessaire pour vérifier la validité de la méthode. Toutefois, elle ne donne pas assez d'information pour achever notre objectif ultime : le calcul dosimétrique. Nous devons ajouter les éléments hexaédriques issus des voxels scanners à l'intérieur. C'est pourquoi, nous avons abandonné le maillage de Delaunay pour combiner ce maillage de surface au maillage hexaédrique au cœur.

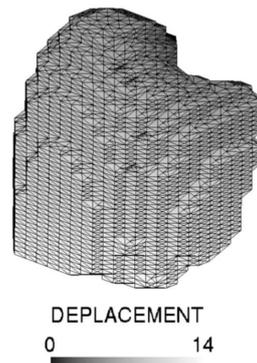


FIGURE 3.9 – Déplacements calculés sur un maillage constitué de triangles et de tétraèdres

3.3.4 Remplissage continu

Afin de mieux comprendre le maillage généré par l'algorithme du MC en surface et un maillage issu des voxels scanners à l'intérieur, effectuons une coupe au milieu du poumon (Figure 3.10). On remarque ainsi qu'il y a, entre les deux maillages, un "vide" qu'il va falloir compléter.

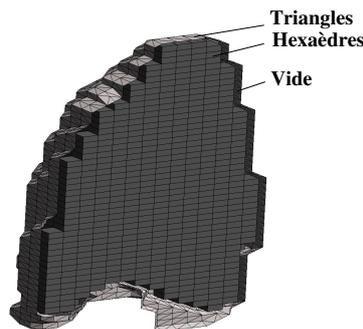


FIGURE 3.10 – Illustration de la discontinuité de la matière avec le maillage de triangles et d'hexaèdres

Pour cela, nous allons ajouter des tétraèdres (différents de ceux trouvés avec Delaunay) dans ce "vide". La Figure 3.11 illustre le principe avec une projection en 2D. La ligne en gras représente les triangles en surface, les carrés représentent les hexaèdres issus du scanner et les tétraèdres à ajouter sont représentés par des triangles en pointillés.

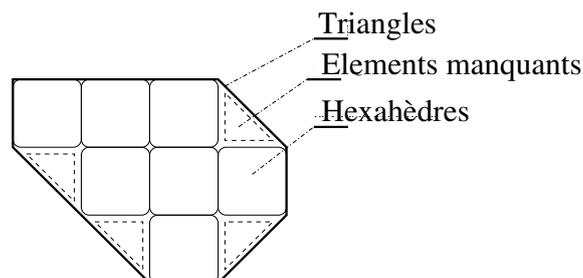


FIGURE 3.11 – Illustration en 2D du "vide" dans le maillage constitué de triangles et d'hexaèdres

En pratique, nous proposons une extension du Marching Cube. Pour chacun des 256 cas possibles du MC, nous allons associer une liste de tétraèdres à la liste de triangles fournis. Dans le cas d'un MC classique, peu de cas sont étudiés, le plus souvent il existe des arrangements topologiques équivalents. Par exemple, dans le cas où les huit points ont la même densité, on applique le même traitement : il n'y a pas de triangle à ajouter car les huit points sont à l'intérieur ou à l'extérieur de la surface frontière. La Table 3.1 montre des exemples de plusieurs configurations. Pour chaque cas, nous montrons les deux cas possibles suivant l'orientation de la normale (\mathbf{B} est donc le complémentaire de \mathbf{A}). En effet, l'arrangement des tétraèdres dépend de la direction de la normale.

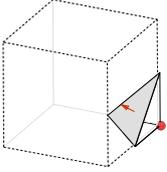
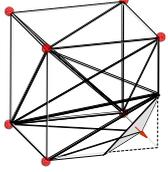
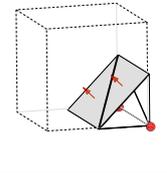
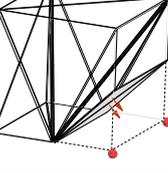
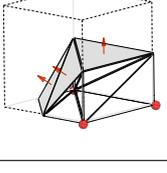
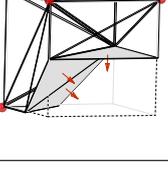
	configuration A	configuration B
cas 1		
cas 2		
cas 3		

TABLE 3.1 – Six exemples de configurations de notre extension 3D du MC

Cet extension de l'algorithme du MC permet d'extraire directement :

- Des triangles définissant la surface extérieure ;
- Des tétraèdres définissant le volume périphérique ;
- Des hexaèdres définissant le maillage volumique intérieur.

Ce maillage 3D précis rassemble les conditions nécessaires pour la simulation du mouvement pulmonaire. De plus, le maillage interne est toujours constitué d'hexaèdres provenant des voxels scanner. Une vue en coupe du maillage final est illustrée sur la Figure 3.12.a. La Figure 3.12.b. détaille la figure précédente en montrant plus précisément les trois types d'élément du maillage.

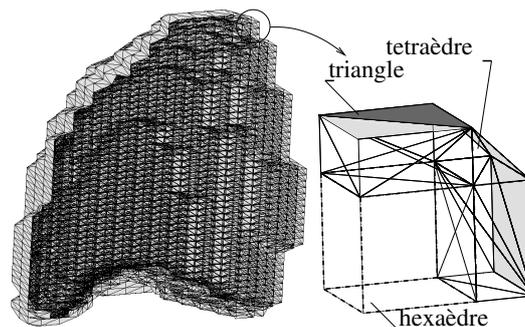


FIGURE 3.12 – Maillage de tétraèdres, triangles et hexaèdres (a.), zoom (b.)

Enfin, la Figure 3.13 montre une vue générale du maillage du poumon.

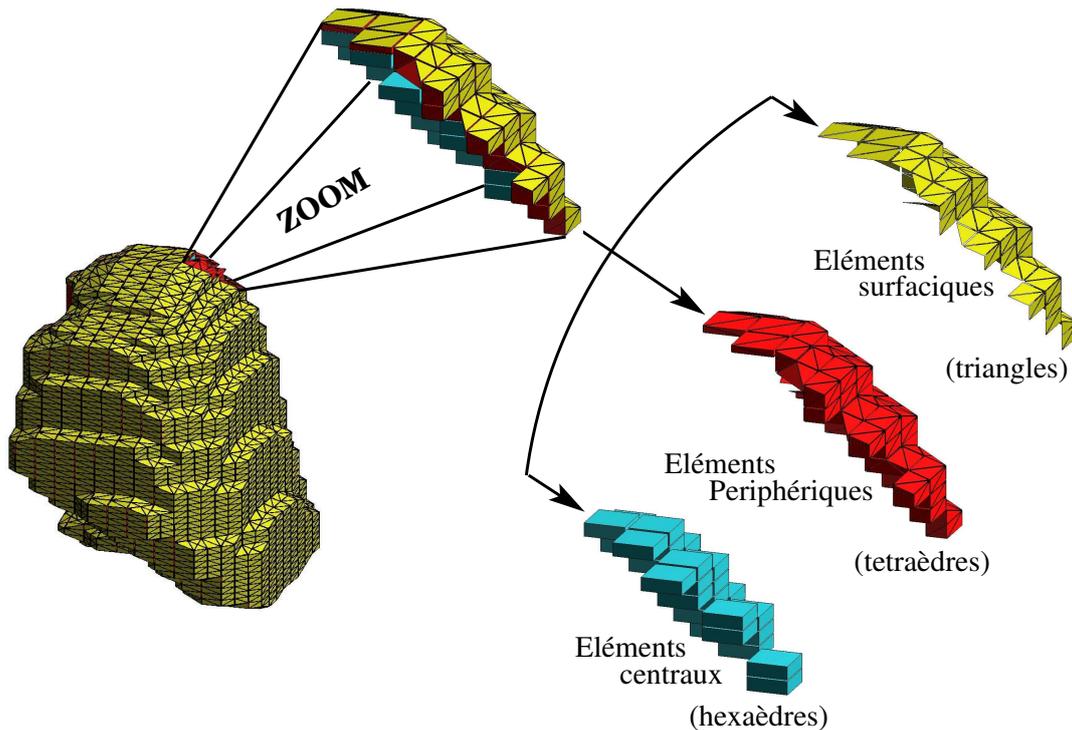


FIGURE 3.13 – Résumé du maillage final du poumon

3.3.5 Validité du maillage

Finalement, la géométrie a été testée avec une dépression uniforme autour du poumon. Les résultats sont présentés sur la Figure 3.14. Le champ de déplacement est totalement lisse. Il n’y a pas de problème de convergence lié à des aberrations de maillage (trou, éléments s’intersectant, maillage non manifold, ...).

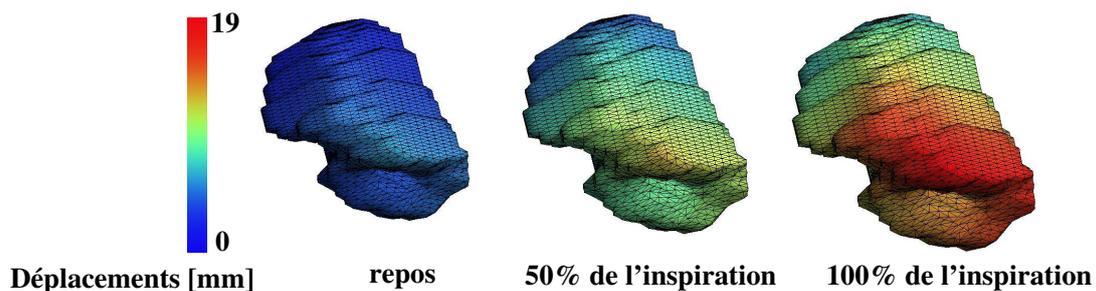


FIGURE 3.14 – Simulation de trois étapes d’un gonflement uniforme

Nous pouvons donc conclure que la méthodologie de maillage peut être appliquée à notre cas avec les conditions limites déjà définies. Nous allons donc étudier maintenant les paramètres de convergence du calcul numérique par éléments finis.

3.4 Étude des paramètres de convergence

Nous avons vu lors de l’établissement des équations mécaniques dans le paragraphe §3.2.2, que la résolution par éléments finis implique des non-linéarités, citons l’évolution de la matrice de rigidité en fonction des déplacements et les conditions limites de contact

avec les organes environnant. Nous allons voir dans cette section comment résoudre ces équations, puis comment ajuster les paramètres pour optimiser le temps de calcul.

3.4.1 Gestion des grandes déformations

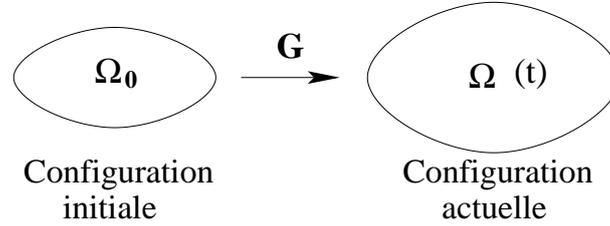


FIGURE 3.15 – Représentation de la configuration initiale et de la configuration après déformation

Nous posons (Cf Figure 3.15) :

- Ω_0 , le domaine occupé par le solide avant déformation ;
- $\Omega(t)$, le domaine occupé par le solide déformé à l'instant t ;
- G , le gradient de la transformation.

G est défini par le changement de métrique au voisinage d'un point quelconque du solide. Si \mathbf{X}_i est la position initiale de ce point, \mathbf{X}_f sa position finale et $\mathbf{U}_{i \rightarrow f}$ son déplacement, c'est-à-dire $(\mathbf{X}_f - \mathbf{X}_i)$, G est défini au point \mathbf{X}_i par :

$$G = Id + grad_{\mathbf{X}_i}(\mathbf{U}) \quad (3.1)$$

où Id est la matrice identité.

Pour résoudre le problème des grandes déformations, nous utilisons l'algorithme présenté dans [?]. Pour linéariser l'expression variationnelle, cette méthode utilise le tenseur de Cauchy-Green ϵ_{cg} calculé à partir de G :

$$\epsilon_{cg} = 1/2(Id - (G.G^T)^{-1}) \quad (3.2)$$

où G^T est la transposée de la matrice G .

Le tenseur des contraintes utilisé est le tenseur de Kirchhoff $\tau(\mathbf{X}_f)$, calculé sous la forme d'une mise à l'échelle du tenseur $\sigma(\mathbf{X}_i)$:

$$\tau(\mathbf{X}_f) = det(G).\sigma(\mathbf{X}_i) \quad (3.3)$$

Où $\sigma(\mathbf{X}_i)$ est l'état des contraintes à la position \mathbf{X}_i .

$K(\mathbf{U}_{n-1})$ est évalué avec (3.2) et (3.3), plus de détails sont présentés en Annexe A. Le résidu $R(\mathbf{U}_{n-1})$ est estimé avec l'algorithme de Newton Raphson qui donne ensuite \mathbf{U}_n .

Finalement, à chaque itération de l'algorithme de Newton Raphson, une matrice de rigidité globale K est calculée avec les valeurs \mathbf{U}_{n-1} . Puis, à chaque pas de calcul, plusieurs valeurs sont calculées : le gradient de transformation, son déterminant, le tenseur de Cauchy-Green, ...

3.4.2 Gestion du contact

La gestion du contact consiste à comparer les positions relatives des objets en mouvement (interactions entre des organes) afin de déterminer si, à un instant donné, ces objets sont en situation de contact. Les différentes méthodes à envisager dépendent des choix

de modélisation des objets (surface implicite, système masses-ressorts, ...) mais aussi de leurs propriétés géométriques (convexe ou concave), et physiques (rigide ou déformable). On trouve trois modèles pour décrire les effets du contact (ou collision) :

- Le modèle d'impulsion [?] considère que les collisions sont instantanées. Il est spécifique aux objets rigides et il n'est donc pas utilisé dans ce travail car le poumon est un objet mou.
- Le Modèle de pénalité [?] est basé sur une représentation locale. Il considère que le volume d'intersection des volumes des objets en collision est représentatif de la déformation qui survient nécessairement dans la réalité.
- Le modèle de contraintes [?] utilise des contraintes pour décrire les interactions entre les objets. La force de répulsion est calculée en utilisant des contraintes de non-pénétration des objets. L'algorithme utilisé par le logiciel code-aster est basé sur cette méthode.

Nous présentons donc dans cette section la méthode de contact telle quelle est implémentée dans le logiciel [?].

Pour prendre en compte le contact, on cherche les couples de points \mathbf{P} du système modélisé et \mathbf{M} de la surface de contour potentiellement en contact. Pour chaque point \mathbf{P} de la surface en mouvement, on définit le point \mathbf{M} , projection de \mathbf{P} sur la surface de contact suivant la direction du vecteur normal à la surface \mathbf{N} (Cf Figure 3.16). Le couple ayant la plus petite valeur est choisi.

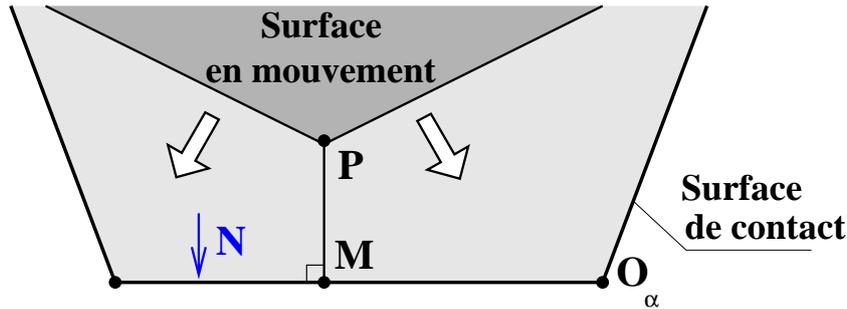


FIGURE 3.16 – Projection d'un point en mouvement sur une surface de contact

En posant :

$$\begin{cases} \mathbf{U}_P = \mathbf{P}_n - \mathbf{P}_{n-1} \\ \mathbf{U}_M = \mathbf{M}_n - \mathbf{M}_{n-1} \end{cases} \quad (3.4)$$

où \mathbf{P}_{n-1} et \mathbf{M}_{n-1} sont les positions précédentes de \mathbf{P} et \mathbf{M} .

La distance PM doit être positive pour satisfaire les conditions de non pénétration, l'inégalité $\mathbf{PM} \cdot \mathbf{N} \leq 0$ s'écrit :

$$\mathbf{P}_{n-1}\mathbf{M}_{n-1} \cdot \mathbf{N} + (\mathbf{U}_M - \mathbf{U}_P) \cdot \mathbf{N} \leq 0 \quad (3.5)$$

Dans l'Equation (3.5), $\mathbf{U}_M \cdot \mathbf{N} = 0$ car \mathbf{M} est par définition toujours sur la surface de contact. elle est donc équivalente à $\mathbf{U}_P \cdot \mathbf{N} \leq PM_{n-1}$, qui peut être exprimée sous la forme matricielle suivante :

$$\mathbf{A} \cdot \mathbf{U} \leq d^- \quad (3.6)$$

si \mathbf{U} est le vecteur des déplacements.

\mathbf{A} , appelée la matrice de contact, est construite avec les vecteurs normaux. En pratique, le logiciel prend en compte dans le calcul de \mathbf{A} le cas général où les deux surfaces peuvent indépendamment bouger. d^- est la distance PM_{n-1} au pas $n - 1$.

Dans la Figure 3.16, A se résume à la matrice $A = [Nx Ny]$.

Une fois le contact entre la surface initiale et la surface finale du poumon établie, il faut que les points du maillage glissent sur cette dernière. C'est pourquoi la condition "unilatérale" 3.6 se mue en une relation "bilatérale" :

$$A \cdot \mathbf{U} = d^- \quad (3.7)$$

En d'autres termes, on impose que les surfaces initiale et finale glissent l'une sur l'autre. Le système à résoudre est composé de :

- La relation de non pénétration (Equation (3.6)) pour vérifier si le contact est atteint ;
- La relation de glissement (Equation (3.7)) lorsque le contact est atteint ;

Cette mise en équation des conditions de contact doit être complétée par quelques précautions :

- Si la dépression imposée n'est pas suffisamment importante, le contact ne se produira jamais. La pression doit donc être assez importante.
- Si cette pression est choisie trop élevée, des phénomènes indésirables (interpénétration) peuvent apparaître.

Les itérations de l'algorithme de Newton-Raphson sont stoppées lorsque le résidu fixé est atteint. Néanmoins, le résultat n'est pas satisfaisant avec des conditions de contact. La convergence est alors assurée par des sous-itérations prenant en compte des réactualisations géométriques. Autrement dit, une subdivision est introduite et nous la signalons par un second index j . \mathbf{U}_n est substitué par $\mathbf{U}_{n,j}$. n représente l'itération actuelle de Newton-Raphson et $j \in [1, m]$ représente la succession de m réactualisation géométrique. Après chaque itération de Newton-Raphson, la variation de déplacement $\Delta \mathbf{U}$ est prédite. Les conditions de contact sont alors traitées avec plusieurs réactualisations géométriques pour obtenir un nouveau $\Delta \mathbf{U}$ et mettre à jour $\mathbf{U}_{n+1} = \mathbf{U}_n + \Delta \mathbf{U}$.

L'importance du nombre de réactualisation géométrique m lorsque il y a contact est crucial pour la précision du résultat final. Le plus souvent la matrice de rigidité sera calculée, plus le résultat sera précis.

3.5 Influence des paramètres biomécaniques

Dans cette section, nous allons étudier l'importance des paramètres biomécaniques sur le comportement du poumon en évaluant le niveau de précision requis pour une personnalisation suffisante de la modélisation.

3.5.1 Principe de l'étude

Les expérimentations ont été effectuées avec les conditions décrites dans le §3.2.1 pour simuler le mouvement pulmonaire. Les paramètres sont les suivants : tout d'abord, les géométries des conditions initiales et finales sont toujours les mêmes, extraites du même patient. Le maillage de la surface initiale comporte 10778 points et 30097 éléments. Les dimensions de la boîte englobante du poumon sont $240 \text{ mm} \times 180 \text{ mm} \times 245 \text{ mm}$.

Le test clinique appelé compliance (Cf §1.5.2) permet de mesurer le rapport entre une variation de volume inspiré et la variation de pression intra-pleurale. D'autre part, parmi les propriétés d'un matériau élastique (Cf 2.5.1) il existe aussi le module d'incompressibilité (*bulk modulus*). Il est défini par Q tel que :

$$Q = -V_i \frac{dP}{dV} = \frac{E}{3(1 - 2\nu)} \quad (3.8)$$

Nous pouvons ainsi remarquer que Q est lié avec la compliance par $Q = V_i/C$.

La courbe pression-volume produit alors une information suffisante pour estimer le module de compressibilité Q .

La compliance C du patient a été mesurée et vaut 3.5 l/kPa , le volume initial du poumon étudié est $V_i = 3.6 \text{ l}$, son volume final est $V_f = 3.8 \text{ l}$. D'après la formule de la compliance, la pression nécessaire pour un gonflement correct de $V_f - V_i$ est donné par :

$$dP = \frac{-dV}{C} = \frac{3.8 - 3.6}{3.5} = 57 \text{ Pa} \quad (3.9)$$

Pour appliquer une dépression suffisamment grande (Cf §3.2.1), nous posons $P = 60 \text{ Pa}$.

Si la compliance du patient est $C = 3.5 \text{ l/kPa}$ avec un volume initial $V_i = 3.6 \text{ l}$ et $\nu = 0.33$, on obtient $E = 2 \frac{V_i(1-2\nu)}{C}$. Cette valeur est de l'ordre de 700 Pa , c'est-à-dire la valeur moyenne utilisée par les précédents travaux ([?][?][?]).

Les paramètres de convergence sont aussi fixés. Le résidu minimum de l'équation 2.65 est posé à $R = 10^{-6}$ et le nombre maximum d'itérations est de 99. Le calcul du mouvement pulmonaire a été calculé avec le logiciel d'éléments finis code-aster [?]. Ces tests ont été réalisés sur un PC Intel(R) Xeon(TM) CPU 3.20GHz avec 2Go de mémoire.

Avant de procéder à des tests d'influence de E et ν , nous avons effectué une validation visuelle pour vérifier si la surface finale simulée correspondait bien à la géométrie extraite du scanner. Pour cela nous avons précisé $E = 1000 \text{ Pa}$ et $\nu = 0.3$. La Figure 3.17 montre que les déplacements maximum se produisent à l'endroit où la surface finale est loin de la surface initiale. La surface finale (d'après la segmentation) est décrite par une représentation "fil de fer" et les déplacements sont représentés par une échelle de couleurs appliquées à l'état initial.

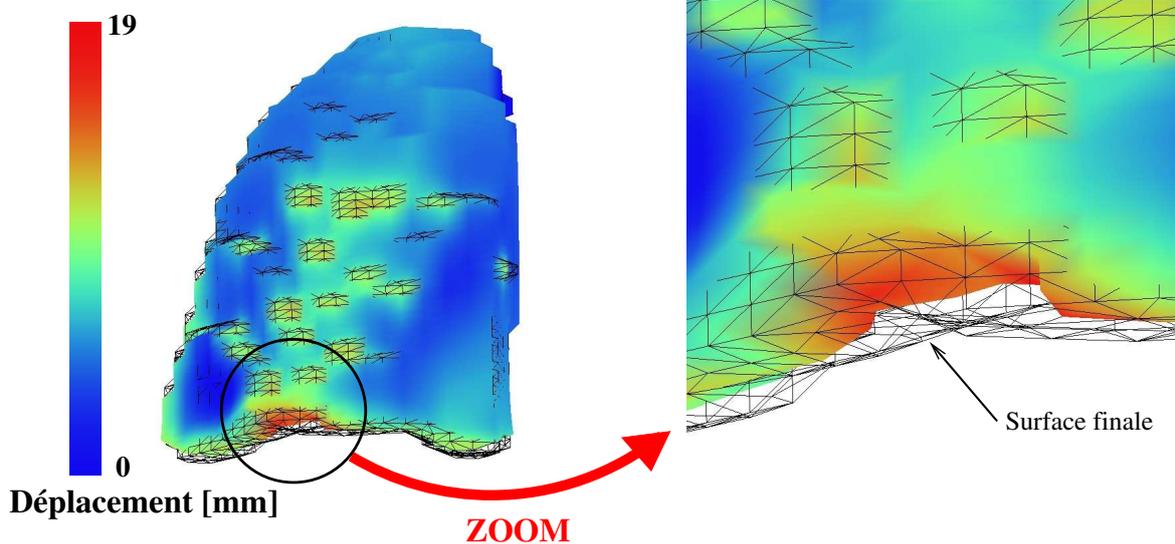


FIGURE 3.17 – Déplacements calculés avec des conditions de contact

Les Tables 3.2 et 3.3 montrent le même résultat sous forme de deux colonnes. La colonne de gauche représente les conditions initiales et limites : la surface initiale caractérisée par un maillage plein bleu et la surface finale caractérisée par un maillage "fil de fer" blanc. La colonne de droite représente le résultat de la simulation associé au maillage final. L'intérêt de ces images est de visualiser la mise en correspondance des géométries simulées sur la forme "réelle" du poumon. Avec la condition de contact et la possibilité de glissement, le maillage surfacique a "gonflé" jusqu'à atteindre sa position limite où il peut

glisser comme c'est le cas anatomiquement grâce à la plèvre. Pour valider qualitativement ce principe, plusieurs type d'affichage ont été choisis : une vue de perspective, une vue orthogonale de face et une vue où le poumon est coupé par un plan et où seule la surface est représentée. Bien entendu, pour chaque cas, nous avons mis une vue d'ensemble globale et un zoom sur une partie où la mise en correspondance est particulièrement visible. La conclusion à la visualisation des images de ces tables est que le modèle est valide qualitativement, il n'y a pas de déplacement de sommet des points du maillage qui traversent la surface limite d'inspiration.

Nous avons alors effectué des simulations de mouvement pulmonaire avec conditions de contact en faisant varier le nombre de réactualisation géométrique et en notant à chaque fois le déplacement moyen. Après une série de tests avec 1 à 16 réactualisations, nous avons observé une convergence suffisante après 2 réactualisations (Cf Table.3.4) puisque l'erreur est inférieure à 1%.

Concentrons nous maintenant sur les paramètres mécaniques de la simulation. L'importance de ces paramètres sur le comportement du poumon doit être profondément étudiée afin d'évaluer le niveau de précision nécessaire pour une personnalisation correcte de la modélisation au patient. A chaque test nous calculons la moyenne et l'écart type ainsi que la relation entre le temps de calcul et la valeur du paramètre mécanique utilisé.

3.5.2 Influence du module de Young

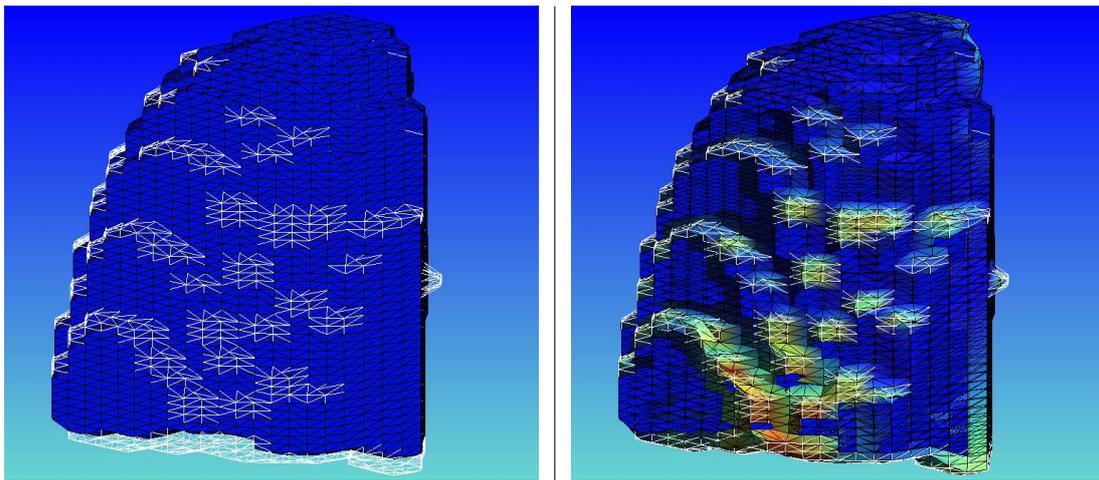
Le module de Young dans la littérature

Les propriétés élastique du poumon sont déterminées par les fibres collagènes et élastines. Mead [?] a montré que les propriétés élastiques des tissus pulmonaires ne dérivait pas seulement des propriétés des tissus mais aussi de la façon dont ses constituants étaient organisés. Il a montré que l'élastine est responsable de l'élasticité lorsque les contraintes sont faibles et, lorsque celles-ci augmentent, les fibres de collagène deviennent plus dures et donc encaissent progressivement le chargement, rigidifiant ainsi le tissu. Fung *et al.* [?] fait l'hypothèse d'une expression linéaire pour l'équation de comportement pour l'élastine accompagnée d'une fonction exponentielle pour les fibres de collagène. Ceci donne une fonction d'énergie au tissu dont les constantes propres au matériaux sont calculées avec des tests de chargement biaxial. Cette loi est souvent incluse dans les modèles de poumon en éléments finis comme dans le modèle de thorax humain de Yang et Wang [?]. Cependant, les valeurs des constantes ne sont pas mesurables facilement.

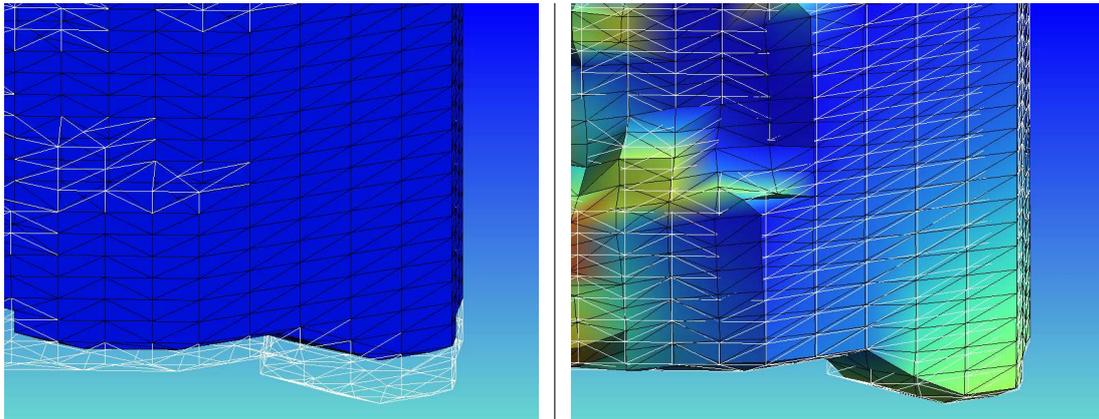
Dans plusieurs travaux, le tissu pulmonaire est considéré comme étant élastique. Cette propriété mécanique est alors décrite par le Module de Young. Un lien entre une compliance statique mesurée sur un patient et le module de Young a été établi au paragraphe précédent.

Résultat de l'expérimentation numérique

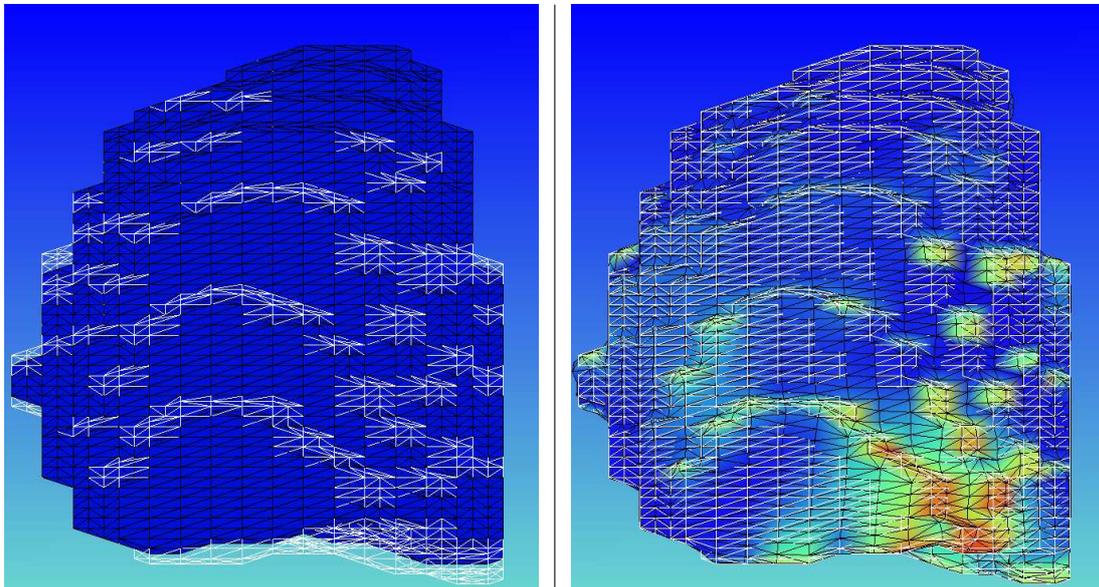
Nous avons donc effectué des tests pour mesurer l'influence du module de Young. La Figure 3.18 représente, en fonction de la valeur du module de Young E , le déplacement moyen (courbe en trait continu) ainsi que le temps de calcul (courbe en trait pointillé).



vue globale en perspective



zoom en perspective



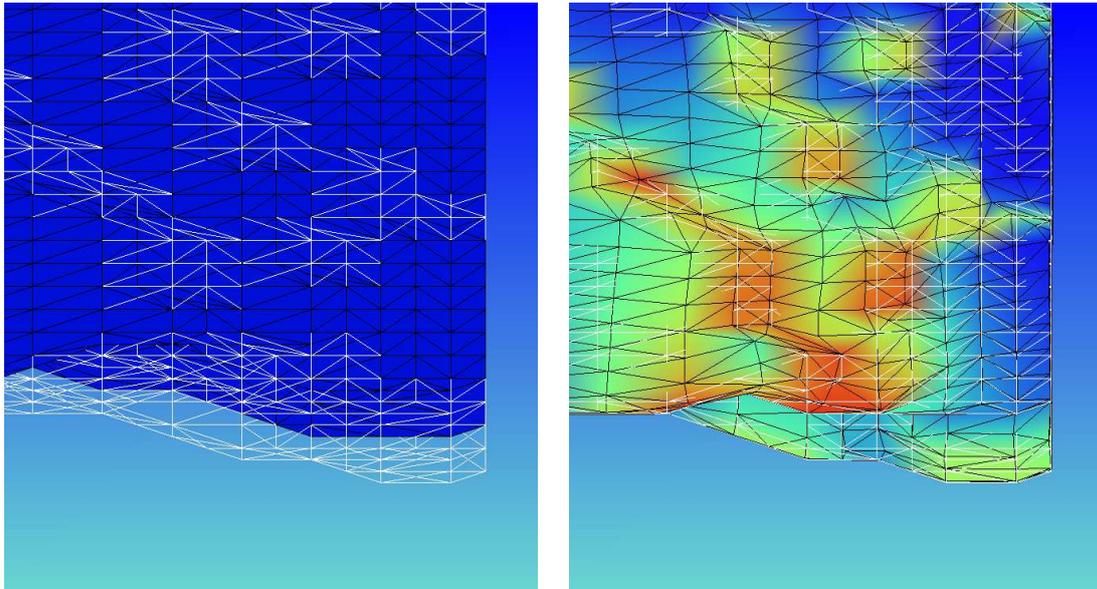
vue globale orthogonale

Maillage initial et final

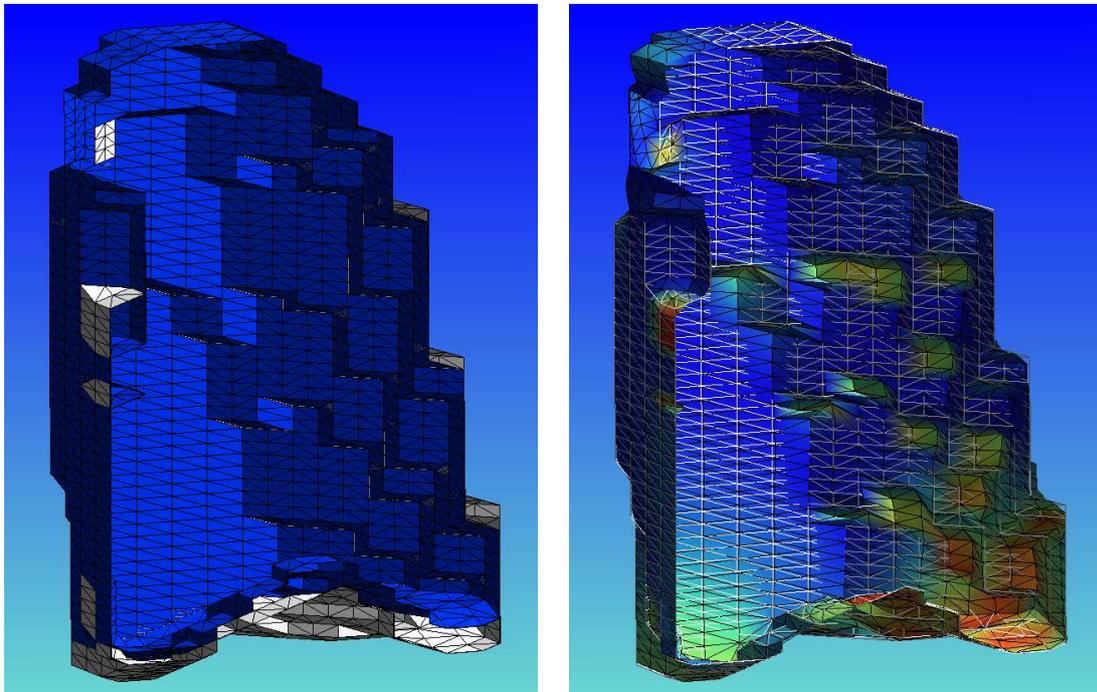
Maillage final et résultat



TABLE 3.2 – Calcul des déplacements (1/2) : visualisation des surfaces initiales, finales et simulées



zoom orthogonale



vue globale d'une coupe



zoom d'une coupe

Maillage initial et final

Maillage final et résultat

Échelle [mm] :

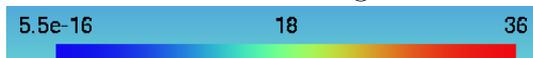


TABLE 3.3 – Calcul des déplacements (2/2) : visualisation des surfaces initiales, finales et simulées

Nombre de Réactualisation	Temps de calcul	Déplacement moyen [mm]
1	30m	7.04
2	57m	7.17
4	1h50m	7.19
8	3h40m	7.14
16	7h35m	7.14

TABLE 3.4 – Niveau de stabilisation en fonction des réactualisations géométriques

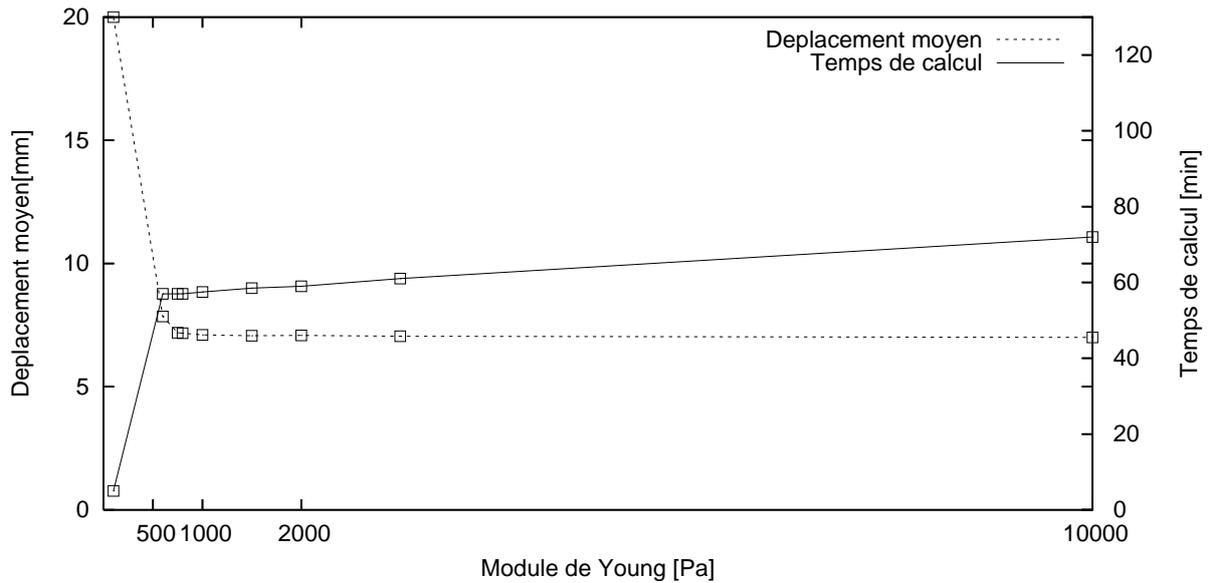


FIGURE 3.18 – Représentation du temps de calcul et du déplacement en fonction du module de Young

Pour de faibles valeurs de E , le tissu pulmonaire est très élastique. Après un infime pas de chargement, la surface de contact est dépassée et les conditions de contact ne peuvent pas être vérifiées. En effet, la dépression imposée a été calculée à partir de la valeur nominale du module de Young.

Aux alentours de la valeur nominale du module de Young, la valeur du déplacement moyen est à peu près constant. Ceci est en fait évident, en effet, l'équation d'équilibre est linéaire avec le module de Young et cela a déjà été montré dans de nombreux travaux ([?], [?]). Le champ des déplacements est alors uniquement fonction des états initial et final.

Avec des valeurs de E plus grandes, le déplacement moyen diminue car la pression n'est plus assez grande pour garantir un contact uniforme avec la surface finale. Le temps de calcul devient plus élevé. En effet, si plus le matériau est dur et plus on tend vers des petits déplacements, la gestion du contact est elle effectuée plus souvent. Le temps de calcul quand on modélise le contact avec la méthode présentée en §3.4.2 dépend assez fortement du nombre de nœuds en contact. Donc, si en grands déplacements, c'est à dire avec un faible module de Young, il y a moins de couples nœud/surface en contact à chercher, il n'y a rien d'étonnant à ce que le calcul soit plus rapide.

Donc, pour un faible module de Young, il faut plusieurs itérations de Newton pour atteindre la convergence et peu d'étapes de traitement du contact alors que pour un module de Young élevé, chaque pas de charge implique un petit déplacement rapidement calculé mais de nombreuses étapes de traitement de contact sont nécessaires.

Finalement, le module de Young peut être choisi arbitrairement pourvu qu'il soit

plus petit que la valeur qui permet d'assurer le contact entre les surfaces. En pratique, des problèmes de convergence et des contraintes de temps de calcul impliquent un choix optimal.

3.5.3 Influence du coefficient de Poisson

Le coefficient de Poisson dans la littérature

Le coefficient de Poisson (ν) est assez difficile à mesurer. En utilisant la méthode des éléments finis, West et Matthews [?] ont étudié comment le poumon se déformait sous l'action de son propre poids. Toutefois, le manque de donnée sur les tissus humain les ont amené à mesurer les paramètres mécaniques sur des poumons de chien. Ils ont trouvé une valeur moyenne de $\nu = 0.3$. Lambert et Wilson [?] ont développé un modèle mathématique des propriétés élastique pour le parenchyme pulmonaire considéré comme orienté aléatoirement. Les valeurs des modules élastiques sont obtenus du diagramme pression-volume pour le poumon entier. Ils obtiennent $\nu = 0.25$. Lai-Fook *et al.* [?] utilisent deux tests de compression uni-axial sur des lobes pulmonaires de chien entre deux plateaux parallèles et avec des indentations de chargement. Ils obtiennent $\nu = 0.47$.

Bien que ces données soient très rares et seulement appartenant à des chiens, de nombreux travaux récents font référence à ces mesures. Alder *et al.* [?] utilisent $\nu = 0.49$ dans un modèle prenant en compte les propriétés mécaniques et électriques. Owen *et al.* [?] utilisent $\nu = 0.3$ pour faire des études de l'influence d'une ventilation haute fréquence sur le tissu pulmonaire. Enfin, dernier exemple, Grimal [?] utilise $\nu = 0.3$ dans son modèle de blessure par impacte thoracique.

Finalement, différentes valeurs du coefficient de Poisson ont été mesurées ou calculées. Ces valeurs varient de 0.25 à 0.47.

Résultat de l'expérimentation numérique

La valeur $\nu = 0.5$ correspond à un matériau incompressible, aussi avons-nous préféré effectuer des expérimentations numériques avec les valeurs suivantes : $\nu = 0.25$, $\nu = 0.3$ et $\nu = 0.45$. Les résultats montrent que le temps de calcul augmente avec le coefficient de Poisson. L'augmentation de ν s'accompagne d'un accroissement des contraintes de cisaillement. Ceci induit des déformations complexes et plus d'itérations sont nécessaires.

Les vecteurs déplacement ont alors été étudiés selon deux classes : les déplacements internes d'une part et en surface d'une autre part. Les déplacements internes sont mesurés aux nœuds des éléments hexaédriques tandis que les déplacements en surface sont mesurés sur les nœuds des éléments triangulaires. Les expérimentations sont résumées sur la Table.3.5 et la Table.3.6.

La Table 3.5 rassemble la norme moyenne des déplacements internes et la Table 3.6) la norme moyenne des déplacements en surface. Pour compléter ces valeurs moyennes nous avons effectué des histogrammes des écarts des normes des déplacements avec comme référence la valeur arbitraire 0.3. Ceci permet de calculer un écart moyen ainsi que l'écart type. De la même manière, nous avons caractérisé l'angle entre chaque déplacement.

Les résultats obtenus montrent que la valeur du coefficient de Poisson est importante. Notamment, les différences entre les simulations sont plus importantes sur le maillage surfacique. Les différences moyennes en normes entre les points internes et en surface sont évidentes puisque le déplacement est plus important en surface qu'en cœur. Concernant les angles des vecteurs déplacements, les différences sont à noter en terme d'écart type : si

Coefficient de Poisson	0.25	0.3	0.45
Déplacement moyen en [mm]	6.35	6.85	7.35
Différence moyenne en norme avec $\nu = 0.3$	0.5	/	0.6
Écart type en norme avec $\nu = 0.3$	0.35	/	0.4
Différence moyenne en angle avec $\nu = 0.3$	6°	/	11°
Écart type en angle $\nu = 0.3$	5°	/	10°

TABLE 3.5 – Influence du coefficient de Poisson sur les déplacements internes

Coefficient de Poisson	0.25	0.3	0.45
Déplacement moyen en [mm]	7.55	8.25	8.95
Différence moyenne en norme avec $\nu = 0.3$	0.7	/	0.7
Écart type en norme avec $\nu = 0.3$	0.4	/	0.5
Différence moyenne en angle avec $\nu = 0.3$	6°	/	9°
Écart type en angle $\nu = 0.3$	9°	/	15°

TABLE 3.6 – Influence du coefficient de Poisson sur les déplacements surfaciques

l'angle de différence moyen est à peu près le même, la répartition est plus étalée en surface. Retenons qu'une erreur de 20% sur le coefficient de Poisson se traduit par une erreur de 10% sur le déplacement moyen.

3.5.4 Conclusion

Nous avons ici évalué l'influence des paramètres mécaniques de notre modèle (coefficient de Poisson et module de Young) dans le cas de notre simulation, c'est-à-dire lorsque l'on cherche à prédire le déplacement de l'ensemble des points du poumon à partir d'un scanner initial du poumon et d'une surface finale. Nous avons montré, qu'en principe, le module de Young peut être choisi arbitrairement tant que la pression exercée est assez importante. Contrairement à ce qu'on peut penser, nous avons montré que le coefficient de Poisson joue un rôle significatif et ne peut pas être arbitrairement choisi pour une prédiction correcte du mouvement pulmonaire. Il joue un rôle sur l'orientation et la valeur des déplacements en surface.

3.6 Premières validations cliniques

3.6.1 Matériel et images

Nous avons utilisé deux séquences de scanner 4D (*Patient1* et *Patient2*) acquises suivant un protocole similaire à celui décrit dans [?]. Ces images 4D sont composées de dix scanners 3D couvrant un cycle respiratoire de la fin d'une inspiration modérée

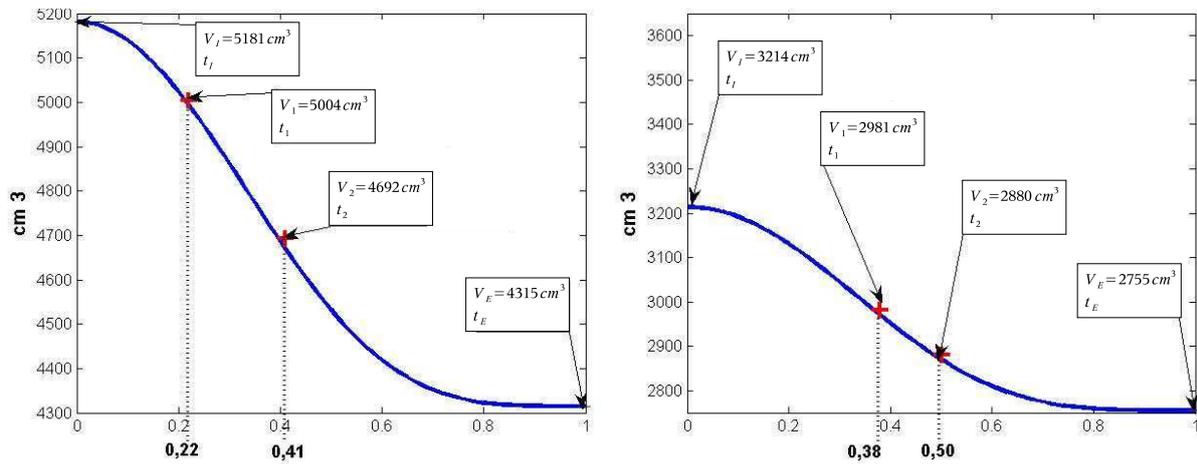


FIGURE 3.19 – Volumes pulmonaires des différentes images dans les données 4D. Gauche : *Patient1* et droite : *Patient2*.

à la fin d'une expiration modérée. Chaque image 3D du *Patient1* a une résolution de $512 \times 512 \times 88$, et chaque image 3D du *Patient2* a une résolution de $512 \times 512 \times 115$. Ces scanners ont une même taille de pixel de $0.97 \times 0.97 \text{ mm}^2$ et un espacement entre coupe de 2.5 mm . Dans cette étude, nous allons porter notre attention sur la *partie expiration* du cycle respiratoire. Nous considérons quatre images : les deux images 3D extrêmes (notées I_I pour la fin d'inspiration et I_E pour la fin d'expiration) et deux images intermédiaires notées I_1 et I_2 , et correspondant aux volumes intermédiaires du poumon (Cf Table 3.7). Les autres images de cette séquence n'ont pas été incluses dans le protocole car elles présentaient des artefacts locaux. Les volumes des poumons (Cf Figure 3.19) ont été calculés par segmentation automatique (Cf §3.3.2).

Images	<i>patient1</i>	<i>patient2</i>
I_I	5181 (100%)	3214 (100%)
I_1	5004 (50%)	2981 (49%)
I_2	4692 (44%)	2880 (27%)
I_E	4315 (0%)	2755 (0%)

TABLE 3.7 – Volumes pulmonaires (en cm^3 et en % de différence entre I_E et I_I) sur les huit images

Nous avons défini des "landmarks", c'est à dire des points remarquables servant de points de contrôle pour les mesures. Pour cela, trois experts (un médecin et deux physiciens médicaux) ont sélectionné des points anatomiques à l'intérieur des poumons. Durant deux séquences, le premier expert a déterminé un jeu de landmarks de référence sur l'image I_I , avec comme principe :

1. Chaque point de contrôle doit être identifiable de manière certaine et nommé de manière parfaitement descriptive afin de permettre aux autres experts de trouver ce point.
2. Les points doivent être répartis aussi uniformément que possible dans les poumons (gauche/droite, bas/haut, centre/périphérique).
3. Les points sont repérés sur les trois autres images.
4. Les experts ne sont pas autorisés à voir le résultat des autres experts.

Finalement, 27 points ont été sélectionnés pour le *Patient1* et 41 pour le *Patient2*. Les points se trouvent, par exemple, sur la carène, les nodules calcifiées, la jonction de

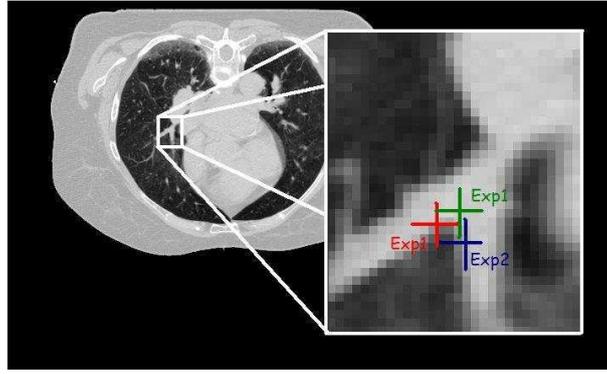


FIGURE 3.20 – Exemple de sélection de points de contrôle par trois experts

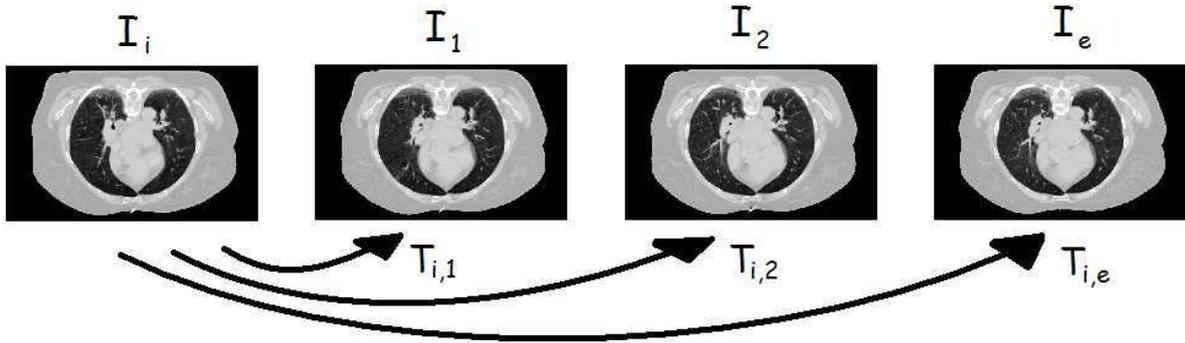


FIGURE 3.21 – Estimation du mouvement lagrangien pour une séquence temporelle donnée

culmen-lingula, la branche de division de l'artère pulmonaire, la veine pulmonaire apicale du lobe supérieur, etc... Sur la Figure 3.20, les trois positions sont sur la même coupe, mais ce n'est pas toujours le cas.

$\mathbf{p}_i^{e,k}$ désigne la position du k^{me} point dans l'image i (avec $i \in \{I, 1, 2, E\}$), sélectionné par l'expert e . Les trois positions de ce point issu de la sélection des experts sont moyennées pour définir une pseudo valeur référence définie par $\mathbf{q}_I^k = \frac{1}{3} \sum_{e=1}^3 \mathbf{p}_I^{e,k}$ avec \mathbf{q}_I^k trouvé pour $e = 1$. De plus, on note ϕ_i la transformation permettant d'aller de l'image de référence I à l'image i .

3.6.2 Résultats

Nous avons comparé les résultats de notre simulation par éléments finis et la moyenne des points de contrôle des experts. Pour cela, nous définissons un critère de précision qui est une extension de la mesure de l'erreur de recalage à une cible ou "Target Registration Error" (TRE) proposé par [?], initialement pour des mouvements rigides. Si on considère \mathbf{q}_I^k , la k^{me} pseudo valeur de référence sur l'image de référence I_I , sa nouvelle position \mathbf{r}_i^k dans l'image I_i est calculée en utilisant les vecteurs de déplacements $\mathbf{u}_i(\mathbf{q}_I^k)$ de la simulation. En résumé, nous utilisons une approche Lagrangienne en estimant la transformation entre les images des séquences I_1 , I_2 et I_E et l'image référence I_I (Cf Figure 3.21).

Le TRE entre les images I_I et I_i est défini par :

$$TRE_i = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n \sqrt{(\mathbf{q}_I^k - \mathbf{r}_i^k)^2} \quad (3.10)$$

où $n = 27$ pour *Patient1* et $n = 41$ pour *patient2*.

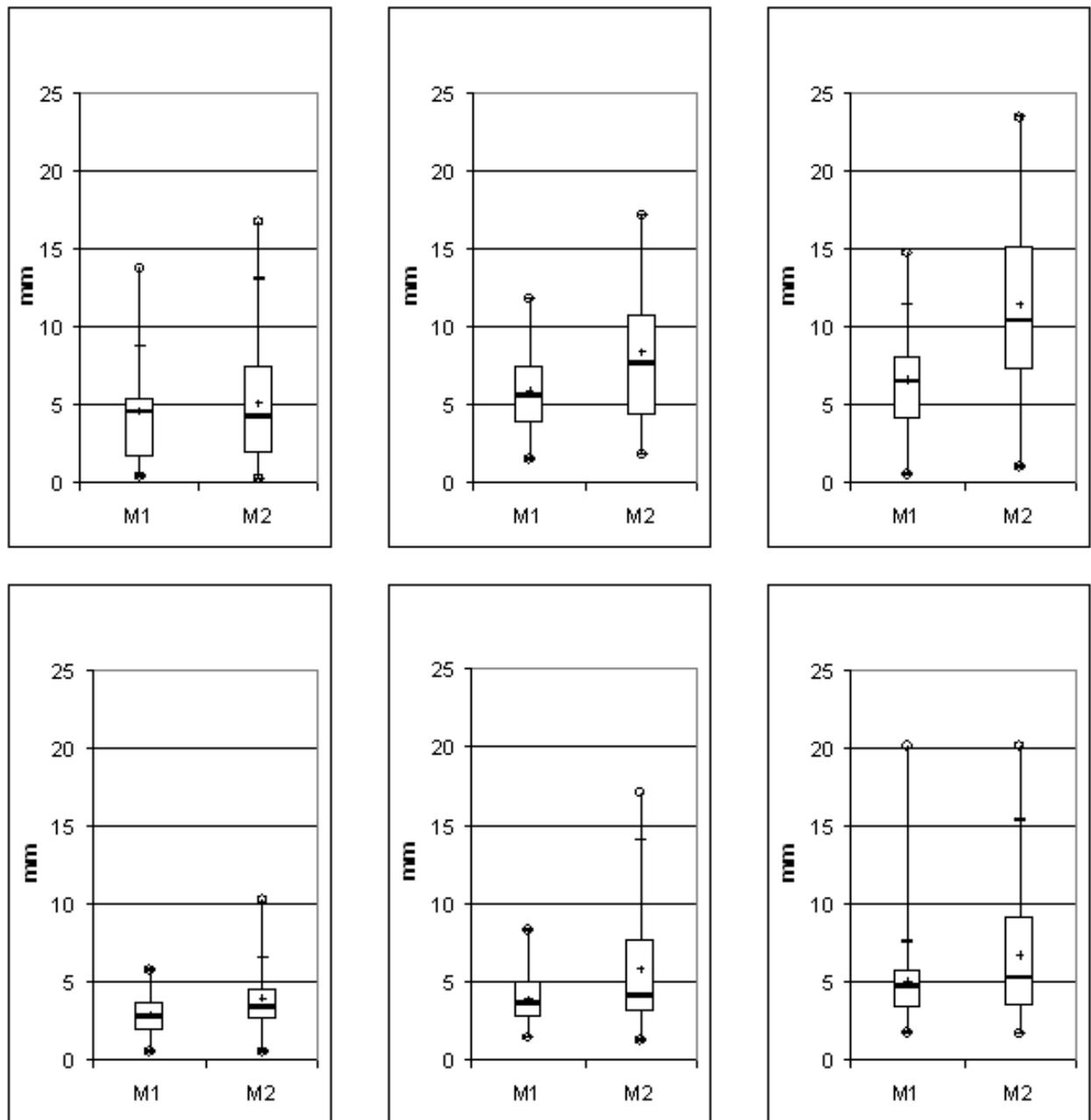


FIGURE 3.22 – Boîte à moustache pour les méthodes $M1$ et $M2$. En haut : *patient1* et en bas *patient2*. De gauche à droite : ϕ_1 , ϕ_2 et ϕ_E

les calculs ont été effectués sur un PC avec une fréquence 3.2GHz. le temps de calcul est d'environ cinq minutes. La Table 3.8 montre les résultat du TRE pour chaque patient et chaque phase.

	<i>Patient1</i>			<i>Patient2</i>		
	ϕ_1	ϕ_2	ϕ_E	ϕ_1	ϕ_2	ϕ_E
TRE moyen [mm]	4.5	5.9	6.5	2.8	3.8	5
Écart type [mm]	3.5	2.8	3.5	1.3	1.6	2.9

TABLE 3.8 – TRE [mm] pour chaque patient et chaque phase

La dispersion de l'erreur est représentée par des "boîtes à moustaches" introduites par Tukey dans [?]. Une "boîte à moustaches" (traduction française du terme "Box and Whiskers Plot", ou en abrégé "Box Plot") est une représentation graphique de quelques paramètres de distribution d'une variable. Il en existe plusieurs variantes. Celle utilisée ici est une version simplifiée affichant pour chaque série :

- Les premiers et troisièmes quartiles (q1 et q3) : bordures inférieures et supérieures de la boîte rectangulaire
- La médiane : trait horizontal long au sein de la boîte rectangulaire
- La moyenne : marque plus (+) au sein de la boîte, pouvant être confondue avec la médiane
- Les extrémités inférieures et supérieures des moustaches : marques en forme de tiret (-) située sur le trait vertical, et correspondant respectivement à la plus petite données supérieure à $q1-1.5*(q3-q1)$, et à la plus grande donnée inférieure à $q3+1.5*(q3-q1)$
- les minimum et maximum : marques extrêmes en forme de cercle (o) ; si le minimum ou le maximum n'est pas confondu avec le tiret d'extrémité de moustache, c'est qu'il s'agit d'une valeur atypique. Les autres valeurs atypiques éventuelles ne sont pas représentées, mais le tableau indique le nombre de valeurs atypiques respectivement situées strictement en dessous de la moustache inférieure ou strictement en dessus de la moustache supérieure, ainsi que l'effectif total de chaque série de données.

Les boîtes à moustaches permettent donc de visualiser la moyenne, la médiane, la dispersion ainsi que les points aberrants. La Figure 3.22 montre cette représentation avec notre méthode (notée $M1$) et avec une méthode (notée $M2$) qui ne prend pas en compte le mouvement. $M2$ est donc l'erreur que commettent les radiothérapeutes qui utilisent un traitement standard pour un organe en mouvement (avec des marges appropriées).

3.6.3 Discussion

Les résultats sont loin de la réalité. En effet :

1. Les images scanner 3D considérées ici ne définissent pas un poumon entier. C'est pourquoi, nous avons arbitrairement complété sa géométrie en ajoutant des éléments.
2. Pour avoir un temps de calcul raisonnable nous avons considéré un maillage assez grossier (taille des hexaèdres : $patient1 = 24 \times 12 \times 3mm^3$ et $patient2 = 10 \times 10 \times 10mm^3$)
3. Les points de contrôles ont été définis dans les zones où la densité de Hounsfield à un gradient significatif. Cela correspond donc à des zones hétérogènes, qui ne sont pas encore incluses dans notre modèle mécanique.

Néanmoins, La Figure 3.22) montre que l'erreur moyenne est plus basse que la résolution des voxels. De plus les valeurs du TRE sur la Table 3.8 sont assez constantes pour

les différentes configurations. On aurait pu s'attendre à un accroissement du TRE durant l'expiration car le modèle biomécanique ne s'appuie que sur le scanner initial et la simple donnée de la surface du poumon à l'état final.

3.7 Conclusion

Nous avons donc vu dans cette partie une complète modélisation du mouvement pulmonaire. Elle inclut des conditions initiales personnalisées aux patients, des conditions limites très proches de la réalité anatomique, un maillage adapté à notre problématique, une étude des paramètres de convergence pour la simulation, l'influence des paramètres biomécaniques et une première validation clinique. Les résultats de cette dernière ne sont pas encore satisfaisants mais elle établit au moins un protocole à suivre pour valider notre modèle en ajoutant certains paramètres (hétérogénéité, anisotropie, élasticité non-linéaire, chargement en fonction de deux paramètres, ...).

Pour être pleinement utile pour les médecins et les physiciens médicaux, les différents états géométriques des niveaux de gonflement du poumon doivent être convertis en représentation scanner classique.

Chapitre 4

Conversion des déplacements en scanner 4D

Sommaire

4.1 Introduction	99
4.1.1 Contexte général	99
4.1.2 Problématique	99
4.2 État de l'art	99
4.2.1 Le scanner 4D	99
4.2.2 Les DRR (digitally reconstructed radiographs)	101
4.3 Notre approche	102
4.3.1 Notation	102
4.3.2 Hypothèses d'interpolation de la fonction de densité	103
4.3.3 Expression de la densité de matière aux nœuds	104
4.3.4 Expression de la densité de Hounsfield sur un voxel	107
4.4 Implémentation	112
4.4.1 Calcul de la densité aux sommets	112
4.4.2 Convolution scanner	115
4.5 Éssais et validation	116
4.5.1 Définition de l'essai	116
4.5.2 Vérification de la conservation de la matière	117
4.5.3 Convolution scanner	121
4.5.4 Éssai avec une géométrie complexe : un poumon réel	122
4.6 Conclusion	122

4.1 Introduction

4.1.1 Contexte général

Précédemment, nous avons développé une simulation de l'évolution du poumon d'un patient en utilisant, entre autre, les techniques bien connues issues de lois de la mécanique des milieux continus.

Le résultat de cette simulation est le calcul des déplacements de l'ensemble des points appartenant au poumon. On obtient ainsi différents états géométriques du poumon.

L'objectif de ce chapitre est de convertir les différents états géométriques d'un poumon en données exploitables pour la thérapie, c'est à dire en scanner 4D.

4.1.2 Problématique

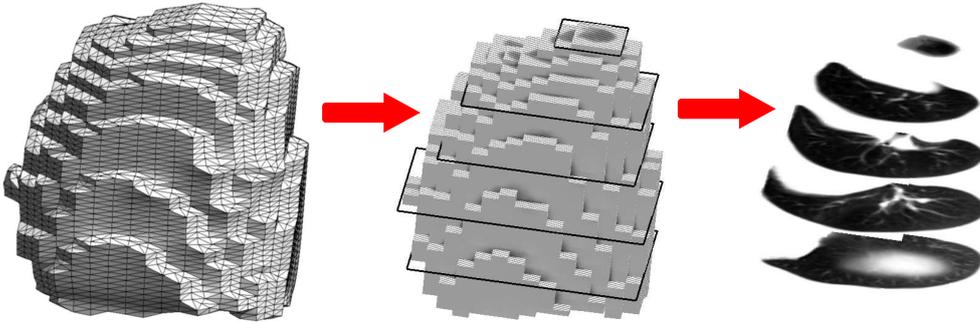


FIGURE 4.1 – Conversion de la modélisation en scanner 3D et projection en coupe

Il s'agira précisément de transformer l'information géométrique en matrice de données densitométriques que l'on pourra alors projeter en coupes scanner utilisables pour un plan de traitement (Fig4.1).

Nous envisageons la chaîne du traitement présentée sur la Figure 4.2, dont nous pouvons extraire trois étapes de traitement du signal : **A**, **B** et **C** :

- **A** : traitement du signal du scanner (incorporé dans le processus d'acquisition) ;
- **B** : conversion en données utilisables pour la modélisation continue de la respiration ;
- **C** : conversion en données scanner.

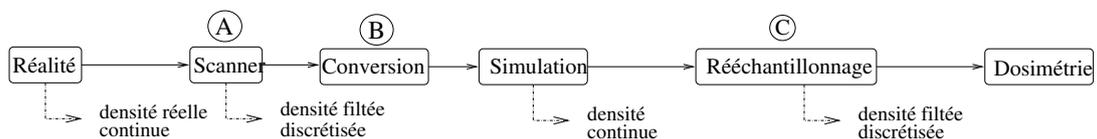


FIGURE 4.2 – Schéma d'une chaîne de traitement

4.2 État de l'art

4.2.1 Le scanner 4D

Comme nous l'avons vu dans §1.5.1, du fait du mouvement des tumeurs lors de la respiration, la non prise en compte du mouvement thoracique dû à la respiration conduit

à d'importants artefacts sur les images TDM. Le déplacement de la tumeur doit être explicitement déterminé au cours du temps. Pour établir la planification du traitement thérapeutique, le personnel médical a besoin d'informations spatio-temporelles : une image TDM 4D (ou scanner 4D) qui est un ensemble d'images TDM 3D au long d'un cycle respiratoire.

Pratiquement, on peut obtenir des scanner 4D à l'aide d'appareils tomographiques adaptés de type *fan beam* ou *cone beam*. Les caractéristiques ainsi que le fonctionnement des scanners de type *fan beam* ont déjà été évoqués dans §1.5.1. La tomographie de type *cone beam* consiste à envoyer non pas un faisceau en éventail comme dans la technologie *fan beam* mais un faisceau conique. De cette façon, le signal reçu par les capteurs n'est plus en 1D mais en 2D (Cf Figure.4.3).

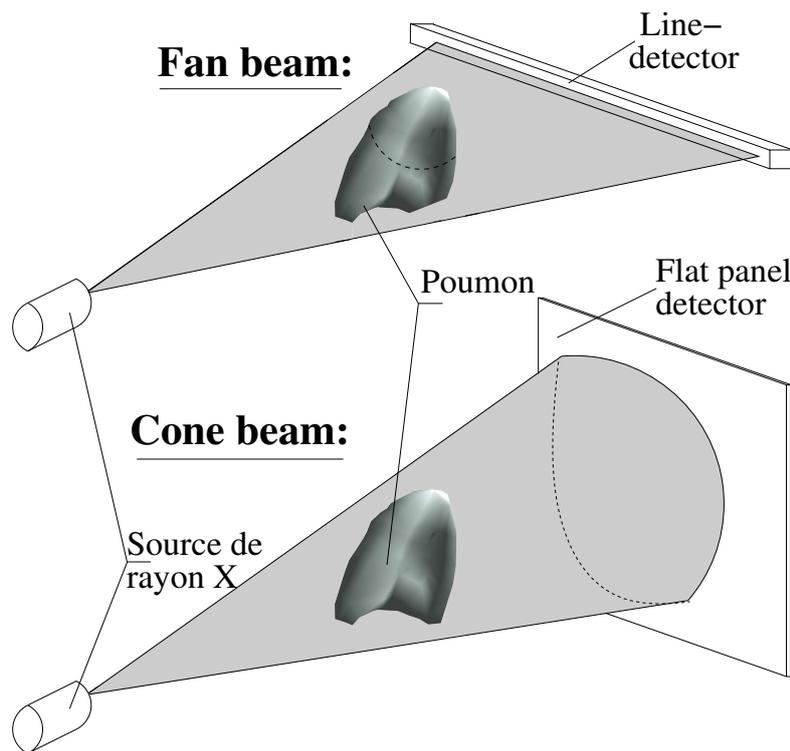


FIGURE 4.3 – Principe des tomographes : Technologie *fan beam* et *cone beam*

Le principe d'obtention d'un scanner 4D est sensiblement le même dans les deux cas : pendant que le patient respire librement, son cycle respiratoire en coïncidence avec des coupes scanners axiales est extrait. L'acquisition doit être faite de manière sur-échantillonnée pour avoir suffisamment de coupes pour reconstruire plusieurs images 3D. Les coupes scanners sont ensuite indexées sur le cycle respiratoire (Cf Figure.4.4). Il y a toutefois une différence entre les deux processus : dans le cas du *fan beam*, l'indexation des coupes est fait après la phase de reconstruction ([?], [?]) alors que dans le cas du *cone beam*, la construction 3D est effectuée après la phase d'indexation dans le temps [?]. L'avantage de ces protocoles est d'obtenir assez rapidement, environ 4 minutes pour l'acquisition scanner complet, des tomographies 3D précises en minimisant les artefacts dus à la respiration.

Le scanner 4D mesuré directement sur un patient est différent de notre modèle sur plusieurs aspects. En effet, ces études utilisent de l'extraction de données et de l'analyse d'images tandis que nous cherchons à modéliser le comportement des organes, ce qui a comme conséquence : 1- Utilisé dans des systèmes de planification de traitement, le modèle mécanique permet de suivre la tumeur à chaque instant sans le besoin d'une segmentation à chaque pas de temps. 2- Les scanners obtenus par une modélisation n'auront pas de

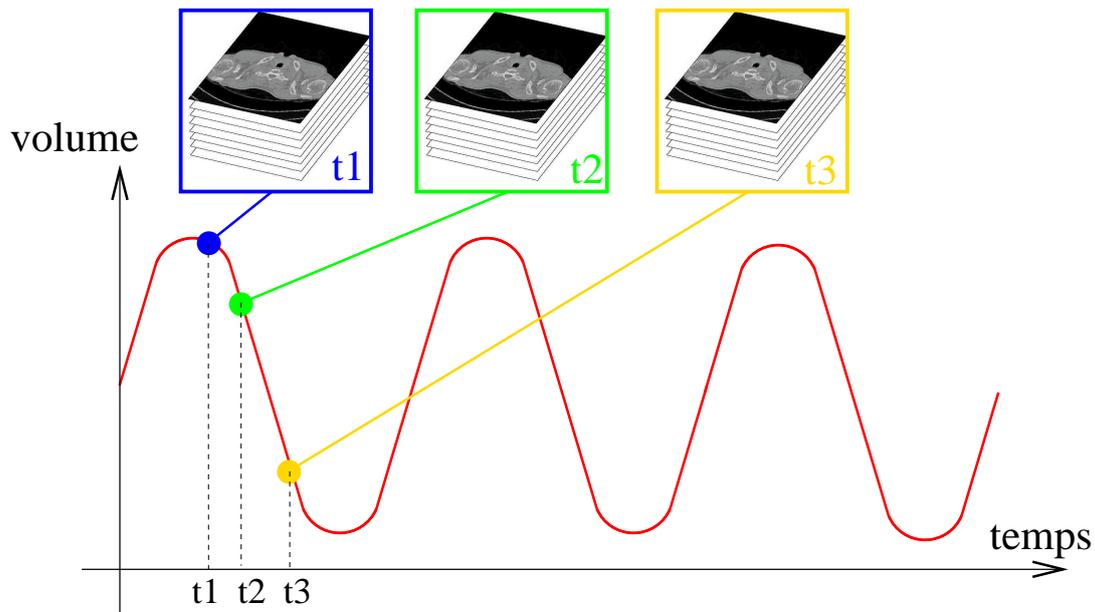


FIGURE 4.4 – Résultat du scanner 4D : plusieurs scanner 3D sur une courbe de respiration

problème d'artefact dû aux mouvements. 3- La simulation permet de fournir un grand nombre d'états intermédiaires. 4- Il n'y aura pas de problème de dose pour le patient dû à l'acquisition et 5- Le modèle peut prendre plusieurs paramètres de pilotage pour avoir les deux dimensions indépendantes du mouvement : l'action du diaphragme et celle de la cage thoracique. De plus, le scanner 4D est coupé durant l'envoi du faisceau et le traitement est effectué en aveugle.

4.2.2 Les DRR (digitally reconstructed radiographs)

Les images DRR sont des images scanner simulées en mimant la physique des rayons X à partir d'une image scanner 3D afin de changer l'angle d'incidence pour la mesure (le "beam's eye view") pour avoir des images spécifiques au patient avec un autre angle de vue. Les DRR sont utilisées comme des aides durant le plan de traitement.

Elles sont générées par des techniques de "lancer de rayon" à travers un volume 3D extrait de scanners dont le "beam's eye view" a été modifié. Le principe est de convertir les densités de Hounsfield de chaque voxel en coefficient d'atténuation, spécifique à l'énergie du rayon X (Cf Figure.4.5). Les intersections avec les voxels sont alors déterminées pour le nouveau Beam's eye view et l'atténuation du faisceau est calculé puis converti pour former une matrice de données densitométriques. Plusieurs travaux décrivent des processus de construction de DRR ([?],[?],[?], [?]).

Souvent, les algorithmes ne prennent en compte que les transmissions primaires et le calcul est assez rapide : une image 512×512 à partir d'une matrice $512 \times 512 \times 128$ ne prend que 55s dans ([?]). Cependant, les images DRR ne sont pas totalement acceptées par la profession : il y a plusieurs rapports dans la littérature montrant la difficulté d'obtenir une bonne résolution en raison des limites du matériel et des logiciels ([?],[?]).

Des simulation de scanner par code de Monte Carlo ont été développées [?] . Elles prennent en compte tous les phénomènes de diffusion et amplifient les phénomènes de bruits. Les images scanner ainsi obtenues montrent plus de précision mais nécessitent un temps de calcul assez long : 8 heures pour 353 projections scanners.

Ces techniques sont donc intéressantes pour faire des projections à différents angles à partir d'un scanner 3D mais notre objectif est justement de produire un scanner 3D.

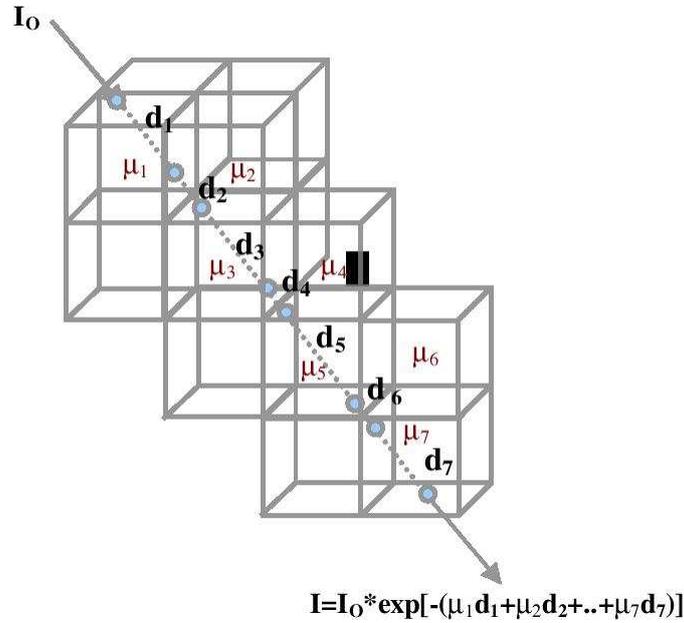


FIGURE 4.5 – Algorithme de simulation de DRR. Si I_0 est l'unité relative, I est la nouvelle valeur après le passage à travers les voxels

4.3 Notre approche

L'objectif est de calculer la répartition de la densité de la matière dans le poumon pour produire un scanner 4D en utilisant les paramètres de convolution associés à l'instrument scanner clinique. Pour cela nous ferons l'hypothèse que la densité est une fonction continue bien représentée par les fonctions d'interpolation des valeurs des densités aux nœuds du maillage.

4.3.1 Notation

La géométrie issue de la simulation est discrétisée en un ensemble d'éléments E_i . Chaque élément E_i a une densité de matière D_M que l'on peut calculer. Nous allons projeter l'information de ces éléments pour remplir la grille scanner. La grille scanner est composée d'une matrice régulière de voxel V_l contenant chacun une densité de Hounsfield D_H . Le centre de gravité de ce voxel est le point \mathbf{G}_m de coordonnées $(x_{\mathbf{G}_m}, y_{\mathbf{G}_m}, z_{\mathbf{G}_m})$.

Les nœuds de chaque élément sont notés j et la fonction d'interpolation associée au nœud j est N_j .

Au point \mathbf{P} de coordonnées (x, y, z) et à l'instant t , la fonction de densité massique est $\rho_M(\mathbf{P}, t)$, le champ de vitesse est $\mathbf{V}(\mathbf{P}, t)$, le champ de déplacement est $\mathbf{U}(\mathbf{P}, t)$.

Pour l'intégration, nous aurons besoin d'utiliser la méthode de quadrature de Gauss, les points de gauss sont notés \mathbf{P}_k , leur poids est noté w_k et le déterminant de la matrice jacobienne est noté $\det(J(\mathbf{P}_k))$.

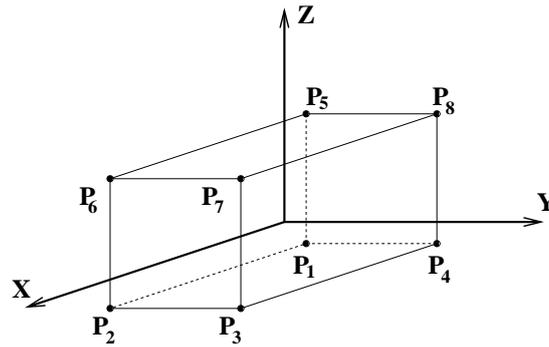
La fonction de filtrage est f_σ où σ représente l'écart type de la distribution du filtre.

Résumé :

\mathbf{P}	: Point de coordonnées (x, y, z)	\mathbf{G}_m	: centre de gravité de V_i
V	: voxel	$\rho_M(\mathbf{P}, t)$: densité de matière d'un point \mathbf{P}
E	: élément	$\rho_H(\mathbf{P}, t)$: densité de Hounsfield d'un point \mathbf{P}
l	: indice des voxels	D_M	: densité de matière d'un élément
i	: indice des éléments	D_H	: densité de Hounsfield d'un voxel
j	: indice des nœuds	k	: indice des points de gauss
N	: fonction d'interpolation	f_σ	: fonction de filtrage
$Rect_{E_i}(j)$: fonction qui vaut 0 si $j \notin E_i$: et 1 sinon	T_{MH}	: fonction de passage de la densité : de matière à celle de Hounsfield
$\mathbf{V}(\mathbf{P}, t)$: champ de vitesse	$\mathbf{U}(\mathbf{P}, t)$: champ de déplacement

4.3.2 Hypothèses d'interpolation de la fonction de densité

Une première hypothèse pourrait consister à utiliser une densité constante sur un élément mais c'est une approximation trop grossière que nous allons éviter. De plus elle s'oppose en terme de principe au formalisme de la mécanique des milieux continus qui considère que la densité est une fonction continue. Étant donné que l'étude mécanique préalable a été effectuée par éléments finis avec des fonctions d'interpolation pour chaque élément, nous allons ici garder la même philosophie. La fonction de forme d'un élément fini décrit la géométrie et la topologie d'un élément.



P_j	x_{P_j}	y_{P_j}	z_{P_j}	$N_j(P)$
P_1	-1	-1	-1	$\frac{1}{8}(1-x)(1-y)(1-z)$
P_2	1	-1	-1	$\frac{1}{8}(1+x)(1-y)(1-z)$
P_3	1	1	-1	$\frac{1}{8}(1+x)(1+y)(1-z)$
P_4	-1	1	-1	$\frac{1}{8}(1-x)(1+y)(1-z)$
P_5	-1	-1	1	$\frac{1}{8}(1-x)(1-y)(1+z)$
P_6	1	-1	1	$\frac{1}{8}(1+x)(1-y)(1+z)$
P_7	1	1	1	$\frac{1}{8}(1+x)(1+y)(1+z)$
P_8	-1	1	1	$\frac{1}{8}(1-x)(1+y)(1+z)$

FIGURE 4.6 – Les fonction de forme N_j associées aux nœuds

L'expression de la densité $\rho_H(\mathbf{P})$ en chaque point \mathbf{P} est une combinaison des fonctions d'interpolation N_j et des densités $\rho_H(\mathbf{P}_j)$ (Cf figure.4.6) :

$$\rho_H(\mathbf{P}) = \sum_{j \in E_i} N_j(\mathbf{P}) \rho_H(\mathbf{P}_j) \quad (4.1)$$

4.3.3 Expression de la densité de matière aux nœuds

Les seules données que nous avons à partir de la simulation sont les déplacements aux nœuds du maillage en fonction du temps. D'autre part, nous pouvons extraire les densités initiales de chaque élément à partir du scanner initial qui nous a permis d'obtenir la modélisation géométrique (Cf §3.3.2). L'objectif ici est de déterminer la densité de matière aux nœuds, à chaque pas de temps de la simulation.

Nous proposons deux approches, la première est une approche matricielle et la seconde est l'utilisation de la formule de conservation de la masse $\frac{\partial \rho}{\partial t} + \text{div}(\rho \cdot \mathbf{V}) = 0$.

Conservation de la matière par élément

Le principe de cette première méthode est de calculer la densité aux nœuds telle que la masse de chaque élément reste invariante au cours du temps. La relation entre la masse d'un élément et les densités massiques aux nœuds de cet élément doit être donnée sous forme de matrice inversible afin que l'on puisse avoir une bijection. De cette manière, nous pouvons calculer la densité aux nœuds à l'instant initial puis à chaque pas de temps la nouvelle densité massique des éléments est calculée pour que la masse soit conservée.

La densité de matière moyenne D_M sur l'ensemble d'un élément E_i est donné par l'intégration de la fonction de densité de matière ρ_M sur l'élément :

$$D_M(i) = \int_{E_i} \rho_M(\mathbf{P}) dE_i \quad (4.2)$$

Comme vu précédemment, cette fonction est déterminée par les fonctions d'interpolation aux nœuds. De plus, l'intégration est faite numériquement par quadrature de Gauss (Cf Annexe B).

$$D_M(i) = \sum_{j \in E_i} \sum_{k \in E_i} w_k N_j(\mathbf{P}_k) \rho_M(\mathbf{P}_j) \det(J(\mathbf{P}_k)) \quad (4.3)$$

Où $\det(J(\mathbf{P}_k))$ représente le déterminant du jacobien de la transformation d'un élément réel en élément de référence et w_k sont les pondérations associées aux points de gauss \mathbf{P}_k .

Nous transformons alors le résultat en expression matricielle :

$$D_M[i] = \sum_j A[i][j] \rho_M[j] \quad (4.4)$$

Avec :

$$A[i][j] = \sum_{k \in E_i} \text{Rect}_{E_i}(j) w_k N_j(\mathbf{P}_k) \det(J(\mathbf{P}_k)) \quad (4.5)$$

Parmi les conditions initiales de la simulation des lois de la mécanique des milieux continus, nous disposons de la densité moyenne sur tous les voxels. En effet, à cet instant, les éléments E_i sont confondus avec des voxels du scanner. C'est d'ailleurs un des arguments qui nous a poussé à choisir un maillage de voxel.

La densité initiale connue est nommée D_M^{initiale} , on a la relation :

$$\begin{aligned} D_M^{\text{initiale}}[l] &= A^{\text{initiale}}[m][j] \times \rho_M^{\text{initiale}}[j] \\ \rho_M^{\text{initiale}}[j] &= A^{\text{initiale}^{-1}}[l][j] \times D_M^{\text{initiale}}[l] \end{aligned} \quad (4.6)$$

La densité de matière finale D_M^{finale} est alors calculée grâce à la loi de conservation de la matière sur le même élément i :

$$\begin{aligned} masse_{initiale} &= masse_{finale} \\ D_M^{initiale}[i] \times Volume_i^{initiale} &= D_M^{finale}[i] \times Volume_i^{finale} \\ D_M^{finale}[i] &= \frac{D_M^{initiale}[i] \times Volume_i^{initiale}}{Volume_i^{finale}} \end{aligned} \quad (4.7)$$

Nous pouvons alors calculer la densité aux nœuds à l'état final $\rho_M^{finale}[j]$, en inversant l'expression :

$$D_M^{finale}[i] = A^{finale}[i][j] \times \rho_M^{finale}[j] \quad (4.8)$$

Ce qui donne :

$$\rho_M^{finale}[j] = A^{finale}[i][j]^{-1} \times D_M^{finale}[i] \quad (4.9)$$

L'ensemble du processus de calcul de densité aux nœuds pourrait être effectué par cette méthode. Toutefois, il réside un problème aux bords se traduisant par une matrice A non carrée. Pour une résolution matricielle, il est nécessaire d'inverser des matrices et donc d'avoir des matrices carrées. Autrement dit, la relation n'est pas bijective. Cette lacune est illustrée sur la Figure 4.7 :

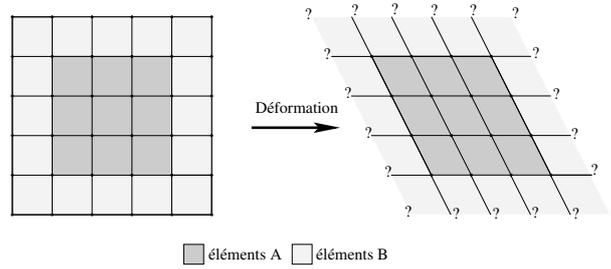


FIGURE 4.7 – Illustration de la méthode matricielle

À l'état initial, pour connaître la densité aux nœuds des éléments **A** il faut connaître les densités D_H des éléments **B** d'après la formule (4.6). On peut alors suggérer de prendre en compte une "couronne" de voxels autour du poumon. Cependant, après une déformation, le déplacement des points ne faisant pas partie du poumon est inconnu et les Equations (4.9) ne sont pas directement solubles. Plutôt que d'ajouter des approximations arbitraires pour résoudre ce problème, nous allons étudier une autre piste, l'utilisation de l'expression locale de conservation de la matière.

Expression de la conservation de la matière

L'idée est d'utiliser l'équation de continuité pour calculer la densité en fonction des déplacements. L'équation de conservation de la matière est :

$$\frac{\partial \rho}{\partial t} + \text{div}(\rho \cdot \mathbf{V}) = 0 \quad (4.10)$$

En intégrant sur un pas de temps très faible $[t_i, t_i + \Delta t]$ on obtient :

$$\rho(\mathbf{P}, t_i + \Delta t) - \rho(\mathbf{P}, t_i) + \text{div} \int_{t_i}^{t_i + \Delta t} (\rho \cdot \mathbf{V}) dt = 0 \quad (4.11)$$

car l'opérateur *divergence* est indépendant du temps. On note la présence de ρ dans $\int \rho \cdot \mathbf{V} dt$ qui empêche un lien direct avec les déplacements $\mathbf{U} = \int \mathbf{V} dt$. Pour contourner ce problème, effectuons le développement limité de $\rho(\mathbf{P}, t)$ en $(t - t_i)$ au voisinage de t_i :

Soit $\Delta\rho = \rho(\mathbf{P}, t_i + \Delta t) - \rho(\mathbf{P}, t_i)$ la quantité recherchée.

Le développement limité de $\rho(P, t)$ au voisinage de t_i s'exprime :

$$\rho(P, t_i + t - t_i) = \rho(P, t_i) + O(t - t_i) \quad (4.12)$$

Donc finalement, l'équation (4.10) devient :

$$\Delta\rho = -div \left(\int_{t_i}^{t_i+\Delta t} \rho(\mathbf{P}, t_i) \cdot V(\mathbf{P}, t) dt \right) - div \left(\int_{t_i}^{t_i+\Delta t} O(t - t_i) \cdot V(\mathbf{P}, t) dt \right) \quad (4.13)$$

soit encore :

$$\Delta\rho = -div \left(\rho(\mathbf{P}, t_i) \cdot \int_{t_i}^{t_i+\Delta t} V(\mathbf{P}, t) dt \right) - div \left(\int_{t_i}^{t_i+\Delta t} V(\mathbf{P}, t) dt \cdot O(t - t_i) \right) \quad (4.14)$$

Finalement nous obtenons pour $\Delta\rho$ une expression au second ordre :

$$\Delta\rho = -div \left(\rho(\mathbf{P}, t_i) \cdot [\mathbf{U}]_{t_i}^{t_i+\Delta t} \right) + O((t - t_i)^2) \quad (4.15)$$

et donc :

$$\Delta\rho \approx -div \left(\rho(\mathbf{P}, t_i) \cdot \mathbf{U}_{t_i \rightarrow t_i+\Delta t}(\mathbf{P}) \right) \quad (4.16)$$

Insérons maintenant les fonctions d'interpolation propres à la méthode des éléments finis (Cf §4.3.2). Pour connaître en tout point $\rho(\mathbf{P}, t_i)$ et $\mathbf{U}_{t_i \rightarrow t_i+\Delta t}$, il suffit de connaître ρ et \mathbf{U} en tout nœud \mathbf{P}_j et $\mathbf{P}_{j'}$:

$$\left\{ \begin{array}{l} \rho(\mathbf{P}, t_i) = \sum_{j \in E_i} N_j(\mathbf{P}) \cdot \rho(\mathbf{P}_j, t_i) \\ \mathbf{U}_{t_i \rightarrow t_i+\Delta t}(\mathbf{P}) = \sum_{j' \in E_i} N_{j'}(\mathbf{P}) \cdot \mathbf{U}_{t_i \rightarrow t_i+\Delta t}(\mathbf{P}_{j'}, t_i) \end{array} \right. \quad (4.17)$$

Donc :

$$\begin{aligned} \Delta\rho &= -div \left(\rho(\mathbf{P}, t_i) \cdot \mathbf{U}_{t_i \rightarrow t_i+\Delta t}(\mathbf{P}) \right) \\ &= -div \left(\sum_{j \in E_i} N_j(\mathbf{P}) \cdot \rho(\mathbf{P}_j, t_i) \cdot \sum_{j' \in E_i} N_{j'}(\mathbf{P}) \cdot \mathbf{U}_{t_i \rightarrow t_i+\Delta t}(\mathbf{P}_{j'}, t_i) \right) \\ &= - \sum_{j \in E_i} \rho(\mathbf{P}_j, t_i) \cdot div \left(N_j(\mathbf{P}) \cdot \sum_{j' \in E_i} N_{j'}(\mathbf{P}) \cdot \mathbf{U}_{t_i \rightarrow t_i+\Delta t}(\mathbf{P}_{j'}, t_i) \right) \end{aligned} \quad (4.18)$$

Développons le terme de divergence avec \mathbf{U} le vecteur déplacement au nœud, indépendant de (x, y, z) :

$$div(N_j(\mathbf{P}) \cdot N_{j'}(\mathbf{P}) \cdot \mathbf{U}) = \frac{\partial N_j(x) \cdot N_{j'}(x)}{\partial x} \cdot U_x + \frac{\partial N_j(y) \cdot N_{j'}(y)}{\partial y} \cdot U_y + \frac{\partial N_j(z) \cdot N_{j'}(z)}{\partial z} \cdot U_z \quad (4.19)$$

où :

$$\frac{\partial N_j(x) \cdot N_{j'}(x)}{\partial x} = \frac{\partial N_j(x)}{\partial x} \cdot N_{j'}(x) + \frac{\partial N_{j'}(x)}{\partial x} \cdot N_j(x) \quad (4.20)$$

et idem pour y et z .

Les simplifications qui vont suivre viennent du fait que nous avons besoin de connaître ρ et donc $\Delta\rho$ uniquement au nœud \mathbf{P} . En effet, par définition, la fonction d'interpolation N_k vaut 1 au sommet \mathbf{P}_k et 0 sur les autres sommets.

Donc, l'expression 4.19 se simplifie selon trois cas de figure :

- si $\mathbf{P} \neq \mathbf{P}_j$ et $\mathbf{P} \neq \mathbf{P}_{j'}$ alors l'équation (4.19) devient :

$$\text{div}(N_j(\mathbf{P}).N_{j'}(\mathbf{P}).\mathbf{U}) = 0 \quad (4.21)$$

car :

$$N_j(\mathbf{P}) = N_{j'}(\mathbf{P}) = 0 \quad (4.22)$$

- si $\mathbf{P} = \mathbf{P}_j$ et $\mathbf{P} \neq \mathbf{P}_{j'}$ alors l'équation (4.20) devient :

$$\frac{\partial N_j(x).N_{j'}(x)}{\partial x} = 0 + \frac{\partial N_{j'}(x)}{\partial x}.1 \quad (4.23)$$

car :

$$N_j(\mathbf{P}) = 1 \text{ et } N_{j'}(\mathbf{P}) = 0 \quad (4.24)$$

- si $\mathbf{P} = \mathbf{P}_j = \mathbf{P}_{j'}$ alors l'équation (4.20) devient :

$$\frac{\partial N_j(x).N_{j'}(x)}{\partial x} = 2.\frac{\partial N_{j'}(x)}{\partial x}.1 \quad (4.25)$$

car :

$$N_j(\mathbf{P}) = N_{j'}(\mathbf{P}) = 1 \quad (4.26)$$

Résumons ce paragraphe en quelques phrases. Pour calculer $\Delta\rho$ il suffit de connaître en tout point :

- la position des nœuds \mathbf{P}_j
- les densités initiales aux nœuds $\rho(\mathbf{P}_j, t_i)$
- les déplacements aux nœuds $\mathbf{U}_{t_i \rightarrow t_i + \Delta t}(\mathbf{P}_{j'}, t_i)$
- les dérivées des fonctions d'interpolation $\frac{\partial N_j(x_k)}{\partial x_k}$

Il nous reste donc à convertir ces densités en nombre de Hounsfield et de produire ainsi un scanner.

4.3.4 Expression de la densité de Hounsfield sur un voxel

La densité de Hounsfield $\rho_H(\mathbf{P})$ peut être représentée par une fonction affine par morceaux de la densité de la matière $\rho_M(\mathbf{P})$ [?]. Soit $T_{MH}(x) = ax + b$ cette fonction. Alors :

$$\rho_H(\mathbf{P}) = a\rho_M(\mathbf{P}) + b \quad (4.27)$$

Pour calculer la densité de Hounsfield de chaque voxel, il aurait été possible de prendre en compte la contribution de chaque élément déformé E_i à un voxel V_l en pondérant sa contribution par le pourcentage en volume que le voxel occupe dans l'élément E_i (Cf Figure.4.8). Il aurait été alors aisé de transformer la densité moyenne en densité de Hounsfield. Cependant, l'évaluation du volume d'intersection est coûteuse en ressource informatique. De plus, cette méthode ne prend pas en compte certains aspects de convolution scanner.

Nous proposons de procéder à une convolution. Précisément :

- La densité D_H dans un voxel sera la moyenne de ρ_H sur ce voxel ;
- La densité ρ_H sera le résultat d'une convolution de la densité calculée sur les éléments avec une fonction filtre f_σ .

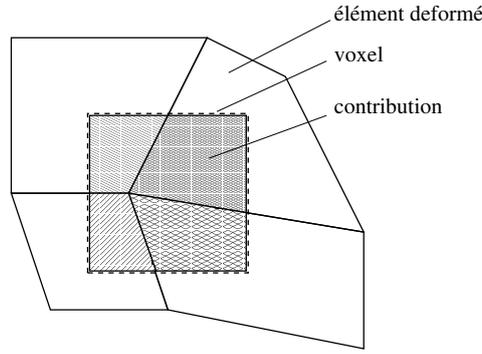


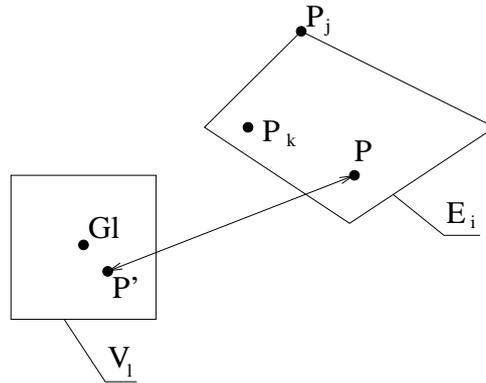
FIGURE 4.8 – Volume des éléments déformés dans un voxel considéré

Formalisation de la question

Dans §4.3.3, nous avons déterminé comment calculer la densité de matière en chaque point $\rho_M(\mathbf{P})$. Celle-ci est exprimée en n'importe quel point solide par interpolation (Equation.4.1) des valeurs aux nœuds $\rho_M(\mathbf{P}_j)$ appartenant à l'élément E_i du maillage par les fonctions N_j :

$$\rho_M(\mathbf{P}) = \sum_{j \in E_i} N_j(\mathbf{P}) \rho_M(\mathbf{P}_j) \quad (4.28)$$

En injectant (4.28) dans (4.27), nous obtenons l'expression de la densité de Hounsfield en chaque point \mathbf{P} d'un élément E_i . Soit $\tilde{\rho}_H(\mathbf{P}')$ la densité de Hounsfield au point \mathbf{P}' appartenant au voxel V_l . Nous proposons que son expression soit donnée par convolution des densités des éléments E_i avec un noyau de filtrage, la densité de Hounsfield étant connue dans l'élément E_i au point \mathbf{P} (Cf Figure 4.9).


 FIGURE 4.9 – Contribution de la densité d'un élément en un point P au point P' d'un voxel

l'expression de $\tilde{\rho}_H(\mathbf{P}')$ est alors donnée par l'équation (4.29) :

$$\tilde{\rho}_H(\mathbf{P}') = f_\sigma \otimes \rho_H(\mathbf{P}') \quad (4.29)$$

Si on note $Rect_{E_i}(\mathbf{P})$ la fonction définie par morceau par :

$$Rect_{E_i}(\mathbf{P}) = \begin{cases} 1 & \text{si } \mathbf{P} \in E_i \\ 0 & \text{si } \mathbf{P} \notin E_i \end{cases} \quad (4.30)$$

alors l'équation (4.29) devient :

$$\tilde{\rho}_H(\mathbf{P}') = \iiint_{\infty} f_{\sigma}(\|\mathbf{P} - \mathbf{P}'\|^2) \cdot \sum_{E_i} \text{Rect}_{E_i}(\mathbf{P}) \cdot \rho_H(\mathbf{P}) d\mathbf{P}^3 \quad (4.31)$$

où la fonction ρ_H est définie par morceaux sur chaque élément E_i tel que :

$$\rho_H(\mathbf{P}) = \sum_{E_i} \text{Rect}_{E_i}(\mathbf{P}) \cdot \rho_H(\mathbf{P}) \quad (4.32)$$

et donc :

$$\tilde{\rho}_H(\mathbf{P}') = \sum_{E_i} \iiint_{\Omega_{E_i}} f_{\sigma}(\|\mathbf{P} - \mathbf{P}'\|^2) \cdot \rho_H(\mathbf{P}) d\mathbf{P}^3 \quad (4.33)$$

La densité $D_H(V_l)$ associée au voxel l (Cf Figure.4.10) correspond à la moyenne des densités $\tilde{\rho}_H(\mathbf{P}', t)$ de tous les points \mathbf{P}' appartenant au voxel. Son expression est donc définie par l'équation (4.34) :

$$D_H(V_l) = \frac{1}{V_l} \iiint_{V_l} \tilde{\rho}_H(\mathbf{P}') d\mathbf{P}'^3 \quad (4.34)$$

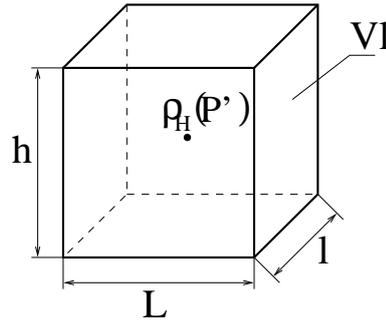


FIGURE 4.10 – Paramètres d'un voxel

On peut alors obtenir une expression de $D_H(V_l)$ en injectant l'équation (4.33) dans (4.34) :

$$D_H(V_l) = \frac{1}{V_l} \iiint_{V_l} d\mathbf{P}'^3 \sum_{E_i} \iiint_{\Omega_{E_i}} \mathbf{P}^3 f_{\sigma}(\|\mathbf{P} - \mathbf{P}'\|^2) \cdot \rho_H(\mathbf{P}) \quad (4.35)$$

Commençons par intégrer sur le voxel (V_l), car sa géométrie est parfaitement connue et constante :

$$D_H(V_m) = \frac{1}{V_l} \sum_{E_i} \iiint_{\Omega_{E_i}} d\mathbf{P}^3 \rho_H(\mathbf{P}) \iiint_{V_m} d\mathbf{P}'^3 f_{\sigma}(\|\mathbf{P} - \mathbf{P}'\|^2) \quad (4.36)$$

L'expression $I(\mathbf{P}) = \iiint_{V_l} f_{\sigma}(\|\mathbf{P} - \mathbf{P}'\|^2) d\mathbf{P}'^3$ est indépendante de la fonction $\rho_H(\mathbf{P})$. On peut chercher une expression analytique de $I(\mathbf{P})$:

$$I(\mathbf{P}) = \frac{1}{V_l} \iiint_{V_l} f_{\sigma}(\|\mathbf{P} - \mathbf{P}'\|^2) d\mathbf{P}'^3 \quad (4.37)$$

étant donné que le voxel est un parallélépipède rectangle de centre $\mathbf{G}_m(x_{\mathbf{G}_m}, y_{\mathbf{G}_m}, z_{\mathbf{G}_m})$ et de dimension $l \times L \times h$, \mathbf{P}' , exprimé selon la relation de Chasles $\tilde{\mathbf{P}}' + \mathbf{G}_m$, conduit à l'expression suivante pour $I(\mathbf{P})$:

$$I(\mathbf{P}) = \int_{-h/2}^{h/2} \int_{-L/2}^{L/2} \int_{-l/2}^{l/2} f_\sigma \left((x - (x_{\mathbf{G}_m} + \tilde{x}'))^2 + (y - (y_{\mathbf{G}_m} + \tilde{y}'))^2 + (z - (z_{\mathbf{G}_m} + \tilde{z}'))^2 \right) d\tilde{x}' d\tilde{y}' d\tilde{z}' \quad (4.38)$$

L'expression à calculer est finalement :

$$D_H(V_i) = \frac{1}{V_l} \sum_{E_i} \iiint_{\Omega_{E_i}} \rho_H(\mathbf{P}) I(\mathbf{P}) d\mathbf{P}^3 \quad (4.39)$$

Pour aller plus loin dans le calcul, nous devons préciser la fonction de filtrage et la fonction de densité.

Hypothèse sur le Choix du filtre

Afin d'évaluer l'intégration pour une fonction de filtre assez complexe, on pourrait faire l'hypothèse de faible variation autour du centre de gravité des fonctions $f_\sigma(\|\mathbf{P} - \mathbf{P}'\|^2)$ ou $I(\mathbf{P})$. L'intérêt serait de décomposer le vecteur \mathbf{P} en la somme du vecteur position du centre de gravité de l'élément \mathbf{G}_i et de la position ϵ_i par rapport à celui-ci. Un développement de Taylor de la fonction f_σ ou I au voisinage de $(\mathbf{P} - \mathbf{G}_i)$ simplifierait l'intégration. Malheureusement, ces deux fonctions varient suffisamment pour que la prise en compte des termes en $O(\epsilon_i^2)$ ne soit pas négligeable. Il faut donc choisir une fonction de filtrage f_σ facile à manipuler analytiquement ou numériquement.

Étant donné son expression analytique simple il semble opportun de choisir le filtre de Welch :

$$f^w(\|\mathbf{P} - \mathbf{P}'\|^2) = \begin{cases} 1 - \left(\frac{\|\mathbf{P} - \mathbf{P}'\|^2}{\omega^2} \right) & \text{si } \|\mathbf{P} - \mathbf{P}'\| < \omega \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (4.40)$$

Malheureusement, la fonction f^w est discontinue et l'intégration n'est simple que dans le fenêtrage Ω . Pour calculer $I(\mathbf{P})$ lorsque le voxel n'appartient pas totalement à la sphère Ω , il faudrait intégrer sur le domaine donné par l'intersection du voxel et de la sphère (illustration sur la Figure 4.11).

Pour éviter cette intégration sur un domaine complexe, il est nécessaire de prendre un filtre défini sur un espace infini. Considérons donc une fonction gaussienne 3D dont l'équation est :

$$f_\sigma(\|\mathbf{P} - \mathbf{P}'\|) = \frac{1}{\sigma^3 \sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2} \left(\frac{\|\mathbf{P} - \mathbf{P}'\|}{\sigma} \right)^2} \quad (4.41)$$

La forme gaussienne est, de plus, très souvent utilisée en physique pour représenter les limites en résolution. Grâce à quelques approximations, nous obtenons une expression

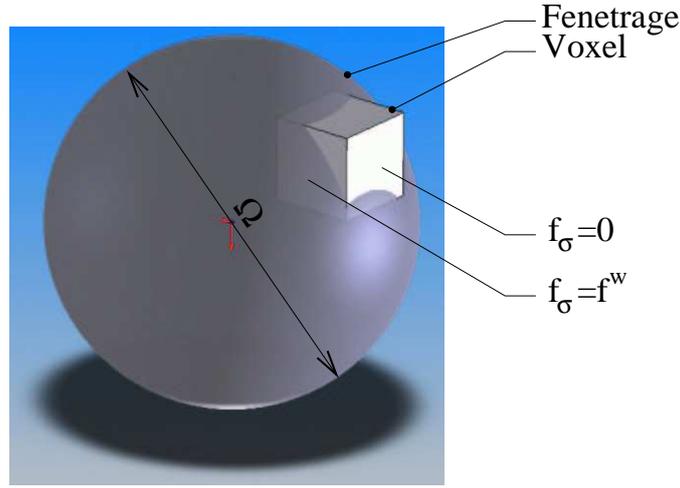


FIGURE 4.11 – Intersection d'un voxel avec le fenêtrage

approchée de $I(\mathbf{P})$ avec un calcul effectué par le logiciel Maple :

$$\begin{aligned}
I(x, y, z) &= \int_{-h/2}^{h/2} \int_{-L/2}^{L/2} \int_{-l/2}^{l/2} \frac{1}{\sigma^3 \sqrt{2\Pi}} e^{-\frac{1}{2\sigma^2} \frac{(x - (x_{\mathbf{G}_M} + \tilde{x}'))^2 + (y - (y_{\mathbf{G}_M} + \tilde{y}'))^2 + (z - (z_{\mathbf{G}_M} + \tilde{z}'))^2}{\sigma^2}} d\tilde{x}' d\tilde{y}' d\tilde{z}' \\
&\simeq \frac{-1.392081998 \sigma^2}{\pi} \left(\operatorname{erf}\left(0.3535533905 \frac{-l + 2x - 2x_{\mathbf{G}_M}}{\sigma}\right) \operatorname{erf}\left(0.3535533905 \frac{L - 2y + 2y_{\mathbf{G}_M}}{\sigma}\right) \right. \\
&\quad + \operatorname{erf}\left(0.3535533905 \frac{-l + 2x - 2x_{\mathbf{G}_M}}{\sigma}\right) \operatorname{erf}\left(0.3535533905 \frac{L + 2y - 2y_{\mathbf{G}_M}}{\sigma}\right) \\
&\quad - \operatorname{erf}\left(0.3535533905 \frac{l + 2x - 2x_{\mathbf{G}_M}}{\sigma}\right) \operatorname{erf}\left(0.3535533905 \frac{L - 2y + 2y_{\mathbf{G}_M}}{\sigma}\right) \\
&\quad \left. - \operatorname{erf}\left(0.3535533905 \frac{l + 2x - 2x_{\mathbf{G}_M}}{\sigma}\right) \operatorname{erf}\left(0.3535533905 \frac{L + 2y - 2y_{\mathbf{G}_M}}{\sigma}\right) \right) \\
&\quad \left(\operatorname{erf}\left(0.3535533905 \frac{h - 2z + 2z_{\mathbf{G}_M}}{\sigma}\right) + \operatorname{erf}\left(0.3535533905 \frac{h + 2z - 2z_{\mathbf{G}_M}}{\sigma}\right) \right)
\end{aligned} \tag{4.42}$$

Notes :

1. Ici nous avons considéré un voxel de hauteur h , de longueur l et de largeur L .
2. erf désigne la fonction d'erreur normalisée $\operatorname{erf}(r) = \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{x=0}^r e^{-x^2} dx$ qui tend vers 1 pour $r \rightarrow \infty$.

Résolution

Comme nous l'avons vu précédemment, la fonction $\rho_H(\mathbf{P})$ peut être exprimée comme une somme de fonctions d'interpolation des valeurs aux nœuds. L'expression (4.39) devient alors :

$$D_H(V_l) = \frac{1}{V_l} \sum_{E_i} \iiint_{E_i} \sum_{j \in E_i} N_j(\mathbf{P}) \rho_H(\mathbf{P}_j) I(\mathbf{P}) \mathbf{P}^3 \tag{4.43}$$

Les fonctions d'interpolations sont définies pour chaque élément, l'évaluation de la contribution des éléments peut donc se faire indépendamment de la somme sur l'ensemble des sommets, en ajoutant la fonction $\operatorname{Rect}_{E_i}(j)$:

$$D_H(V_l) = \frac{1}{V_l} \sum_j \sum_{E_i} \iiint_{E_i} N_j(\mathbf{P}) \operatorname{Rect}_{E_i}(j) \rho_H(j) I(\mathbf{P}) d\mathbf{P}^3 \tag{4.44}$$

Sur un élément E_i considéré, l'intégrale $\iiint_{E_i} N_j(\mathbf{P})\rho_H(j)I(\mathbf{P})P^3$ ne peut pas être calculée analytiquement puisque le domaine d'intégration est un hexaèdre du maillage déformé par la simulation. Elle peut être intégrée numériquement par une quadrature de Gauss (cf Annexe B) :

$$\begin{aligned} & \iiint_{E_i} N_j(\mathbf{P})\rho_H(j)I(\mathbf{P})d\mathbf{P}^3 \\ &= \sum_{E_i} \sum_{k \in E_i} w_k N_j(\mathbf{P}_k)\rho_H(j).I(\mathbf{P}_k).det(J(\mathbf{P}_k)) \end{aligned} \quad (4.45)$$

Où $det(J(\mathbf{P}_k))$ représente le déterminant du jacobien de la transformation d'un élément réel en élément de référence et w_k sont les pondérations associées aux points de gauss \mathbf{P}_k . Si on remplace la densité de Hounsfield en un point par son expression en fonction de la densité de matière (4.27), on obtient, finalement, l'expression de la densité de Hounsfield sur un voxel du scanner :

$$D_H(V_l) = \frac{a}{V_l} \sum_j \sum_{E_i} \sum_{k \in E_i} w_k N_j(\mathbf{P}_k) Rect_{E_i}(j) \rho_M(\mathbf{P}_j) I(\mathbf{P}_k) det(J(\mathbf{P}_k)) + b \quad (4.46)$$

En conclusion, le changement de densité aux nœuds ($\Delta\rho$) à chaque pas de temps peut être trouvé avec l'équation (4.18). Les densités initiales aux nœuds sont déterminées par l'équation (4.7). Enfin, la convolution scanner permettant de calculer la valeur des voxels en unité Hounsfield est donnée par l'équation (4.46). Cette expression prend comme paramètres la position et les dimensions du voxel, un filtre gaussien déterminé par son écart type σ et enfin les éléments déformés de la simulation caractérisés par leurs fonctions d'interpolation, leur géométrie et leurs densités aux nœuds.

4.4 Implémentation

Nous décrivons dans cette partie les algorithmes qui permettent de passer des expressions formalisées vues précédemment à l'implémentation.

4.4.1 Calcul de la densité aux sommets

Avant de calculer la densité Hounsfield des voxels nous avons vu dans §4.3.4 qu'il faut préalablement calculer la densité portée par chaque nœud du maillage.

Dérivée partielle des fonctions d'interpolation

Le calcul de la densité aux nœuds nécessite la connaissance des dérivées partielles des fonctions d'interpolation associées à l'élément sur lequel on cherche à calculer la densité (équations (4.17)). L'expression de ces fonctions, utilisées pour les éléments finis, est connue dans l'élément de référence (Cf Figure 4.6). Pour trouver son expression dans les éléments réels afin de calculer les dérivées partielles, il est commode de repartir de la définition des fonctions d'interpolation.

Elles découlent des coordonnées barycentriques et sont des pondérations calculées à partir de fraction de volume ou de surface en 2D comme, par exemple, pour le triangle de la Figure 4.12. Sur cette figure, si on note $A = aire(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{P}_3)$, $A_1 = aire(\mathbf{P}, \mathbf{P}_2, \mathbf{P}_3)$, $A_2 = aire(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}, \mathbf{P}_3)$ et $A_3 = aire(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{P})$ alors la fonction d'interpolation N_j associée

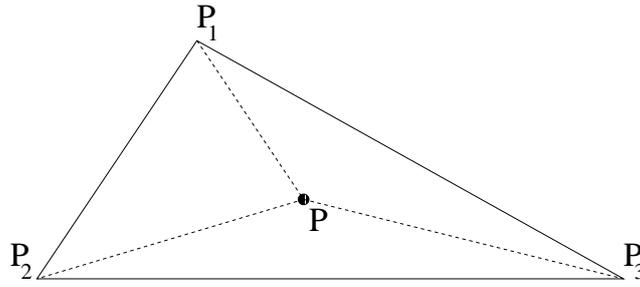


FIGURE 4.12 – Interpolation dans un triangle quelconque

au point j vaut $N_j = \frac{A_j}{A}$ et toute fonction f définie au nœud par f_j s'exprime sous la forme :

$$f(\mathbf{P}) = \sum_{i=0}^3 N_j(\mathbf{P}) f_i \quad (4.47)$$

En ce qui concerne la forme hexaédrique il n'existe pas de relation équivalente. Une solution consiste à se ramener à une configuration de tétraèdres. Les pondérations pour chaque fonction d'interpolation calculées à partir des fractions de volume peuvent s'écrire sous forme matricielle [?] :

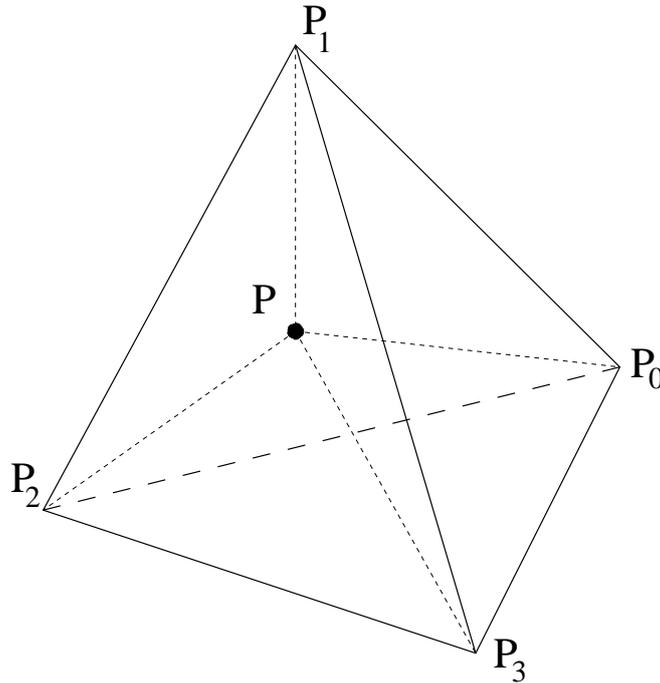


FIGURE 4.13 – Interpolation dans un tétraèdre quelconque

$$\begin{bmatrix} N_0 \\ N_1 \\ N_2 \\ N_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_0 & x_1 & x_2 & x_3 \\ y_0 & y_1 & y_2 & y_3 \\ z_0 & z_1 & z_2 & z_3 \\ 1 & 1 & 1 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x \\ y \\ z \\ 1 \end{bmatrix} \quad (4.48)$$

Les points \mathbf{P}_i sont les nœuds et ils ont pour coordonnées (x_i, y_i, z_i) .

Le calcul des dérivées partielles (effectué avec le logiciel Maple) produit des expressions un peu lourdes. Nous les avons traduites en annexe C.

Algorithme du calcul de la densité aux sommets

L'algorithme utilise les notations du schéma de la Figure 4.14 :

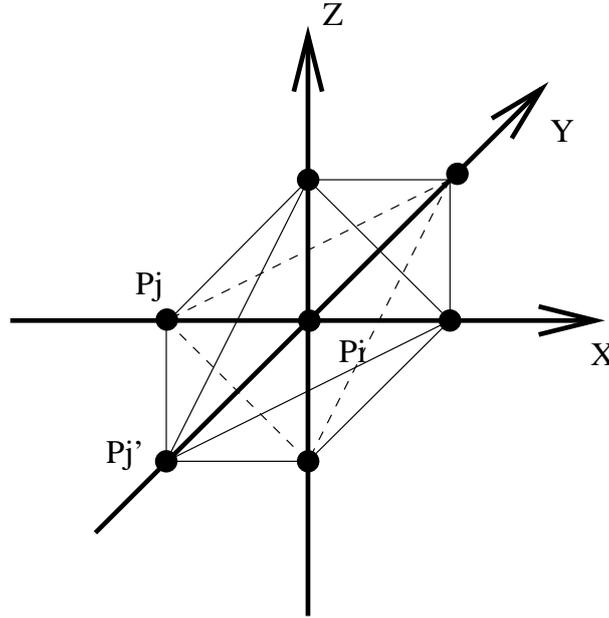


FIGURE 4.14 – Interpolation dans les tétraèdres

Pour calculer la valeur de la dérivée partielle des fonctions d'interpolations aux nœuds du maillage, nous faisons la moyenne des différentes fonctions d'interpolation auxquelles un point appartient. En effet, chaque point du maillage correspond à un sommet de plusieurs tétraèdres (Figure 4.14). Sur la Figure 4.14, au maximum, un nœud peut appartenir à 6 tétraèdres.

L'objectif est de calculer :

$$\Delta\rho(\mathbf{P}) \approx - \overbrace{\sum_{j \in E_i} \rho(\mathbf{P}_j)}^{\text{sommets}} \cdot \underbrace{\text{div}}_{\text{densité initiale}} \left(\overbrace{N_j(\mathbf{P}) \cdot N_{j'}(\mathbf{P})}^{\text{fonctions d'interpolations}} \cdot \underbrace{U(\mathbf{P}_{j'})}_{\text{déplacement}} \right) \quad (4.49)$$

Pour tous les points \mathbf{P}_i du maillage faire :

```

| Δρ ← 0;
| Pour tous  $\mathbf{P}_j$  voisins de  $\mathbf{P}_i$  faire :
|   Pour tous  $\mathbf{P}_{j'}$  voisins de  $\mathbf{P}_i$  faire :
|     Si ( $i = j$ ) ou ( $i = j'$ ) faire : //sinon div=0 (Equation 4.21)
|       nb_tetraedre ← 0;
|       si ( $j = i$ ) (Equation 4.23)
|         |  $\mathbf{P}_k \leftarrow \mathbf{P}_{j'}$ 
|         sinon
|         |  $\mathbf{P}_k \leftarrow \mathbf{P}_j$ 
|         Fin Si
|       Pour tous les tétraèdres  $t$  contenant  $\mathbf{P}_i$  et  $\mathbf{P}_k$  faire :
|         nb_tetra ← nb_tetra + 1;
|         divergence ←  $\sum_{x=0}^3 \frac{\partial N_k(\mathbf{P}_i)}{\partial x} \times U_x(\mathbf{P}_k)$ ;
|       Fin Pour  $t$ 
|     Si ( $j=j'$ ) (Equation 4.25)
|       | divergence ← 2 × divergence;
|     Fin Si ( $j=j'$ )
|     Δρ ←  $\rho(\mathbf{P}_j) \times \text{divergence} / \text{nb\_tetra}$ ;
|   Fin Si ( $i=j$  ou  $i=j'$ )
    
```

```

| Fin Pour  $\mathbf{P}_j$ 
| Fin Pour  $\mathbf{P}_j$ 
|  $\rho_{i_{final}} \leftarrow \rho_{i_{initial}} - \Delta\rho;$ 
| Fin Pour  $\mathbf{P}_i$ 

```

4.4.2 Convolution scanner

Une fois les densités aux nœuds connues, celles-ci sont utilisées pour calculer les valeurs des densités de chaque voxel scanner.

Intégration de la convolution sur le voxel

Le calcul est effectué voxel par voxel en intégrant pour chaque voxel la contribution des sommets de chaque élément.

Algorithme

L'algorithme utilise les paramètres du schéma ci-dessous :

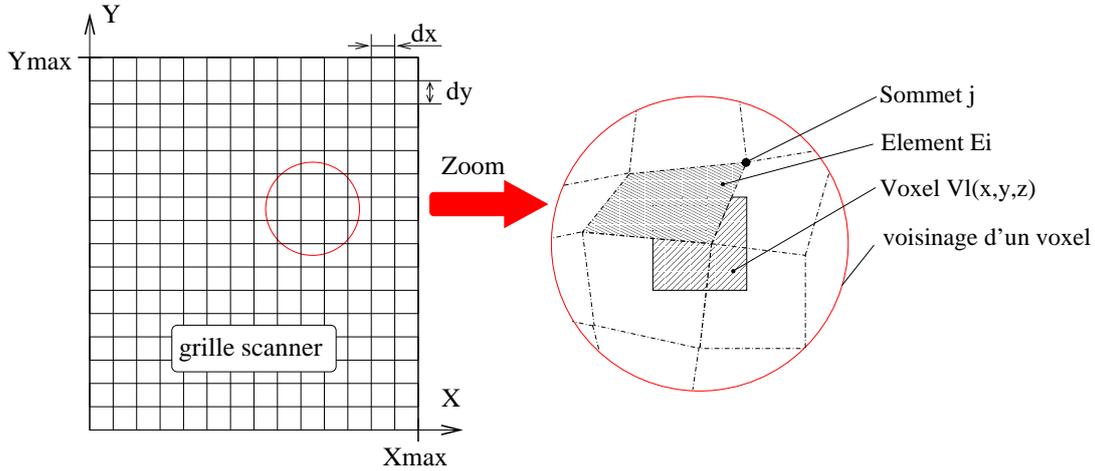


FIGURE 4.15 – Paramètres géométrique pour la convolution scanner

L'objectif est de calculer la formule suivante :

$$D_H = \frac{a}{V_l} \underbrace{\sum_{E_i}^{\text{éléments}}}_{\text{éléments}} \underbrace{\sum_{j \in E_i}^{\text{sommets}}}_{\text{sommets}} \underbrace{\sum_{k \in E_i}^{\text{élément entier}}}_{\text{élément entier}} w_k \underbrace{N_j(\mathbf{P}_k)}_{\text{densité}} \rho_M(j) \underbrace{I(\mathbf{P}_k)}_{\text{filtre}} \det(J(\mathbf{P}_k)) + b \quad (4.50)$$

Avec $I(\mathbf{P}_k)$ trouvé analytiquement par l'Equation 4.37.

Pour x allant de 0 à X_{max} par pas de d_x faire :

```

| Pour  $y$  allant de 0 à  $Y_{max}$  par pas de  $d_y$  faire :
|   Pour  $z$  allant de 0 à  $Z_{max}$  par pas de  $d_z$  faire :
|     Pour1 tous les éléments  $E_i$  du maillage faire :
|       Pour tous les sommets  $\mathbf{P}_j$  des éléments  $E_i$  faire :
|          $ponderation\_densite \leftarrow 0;$ 
|         Pour tous les points de gauss  $\mathbf{P}_k$  faire :
|            $ponderation\_densite+ \leftarrow w_k \times I(x, y, z, x_k, y_k, z_k) \times N_j(x_k, y_k, z_k) \times \det J_k$ 
|           Fin Pour  $\mathbf{P}_k$  // contribution du nœud
|          $scanner[x][y][z]+ \leftarrow ponderation\_densite \times densite[j];$ 

```

1. Cette partie pourra être optimisée

```

| | | Fin Pour Pj
| | | Fin Pour Ei
| | | Fin Pour z
| | | Fin Pour y
| | | Fin Pour x

```

4.5 Éssais et validation

Cette partie consiste à valider notre approche. Les deux phases de calcul, celle de la densité aux nœuds du maillage ainsi que celle de la convolution scanner, seront validées qualitativement ainsi que quantitativement. L'étape la plus critique est celle du calcul de la densité aux nœuds parce que la conservation de la masse doit être assurée.

4.5.1 Définition de l'essai

Afin de tester non seulement la validité mathématique mais également la validité numérique de notre module de conversion scanner, nous avons effectué un test d'étirement sur un cube de coté égal à 10 et dont le maillage est constitué de petits cubes de coté $dx = dy = dz$ (Cf Figure.4.16).

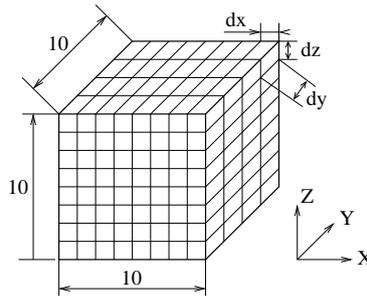


FIGURE 4.16 – Géométrie de l'essai test

La densité en tout point de ce cube est fixée à 1.

Le test consiste à fixer totalement une des faces de ce cube (le plan XZ à $y = 0$) et de tirer la face opposée (le plan XZ à $y = 10$) d'une longueur ΔY tout en laissant libre le déplacement en \mathbf{X} et \mathbf{Z} de cette surface (Cf Figure.4.17). Le module de Young utilisé est de $2,1 \cdot 10^{11} Pa$ et le coefficient de Poisson est de 0.3. Celui-ci étant non nul, l'étirement du cube va s'accompagner d'un amincissement axial suivant \mathbf{X} et \mathbf{Z} (Cf Figure.4.18).

L'intérêt de ce type d'essai est la simplicité du système qui permet grâce au sens "mécanique", d'évaluer si les résultats des calculs sont réalistes et auto-cohérents.

Le résultat de la Figure 4.18 montre les déplacements obtenus après une étude par éléments finis avec le logiciel Code-Aster. L'échelle des déplacements est volontairement exagérée pour mettre en évidence l'étirement suivant \mathbf{Y} et l'amincissement suivant \mathbf{X} et \mathbf{Z} . Le résultat est calculé pour n pas d'étirement de longueur $\Delta Y/n$.

L'échelle de couleur représente l'amplitude de l'allongement suivant \mathbf{Y} .

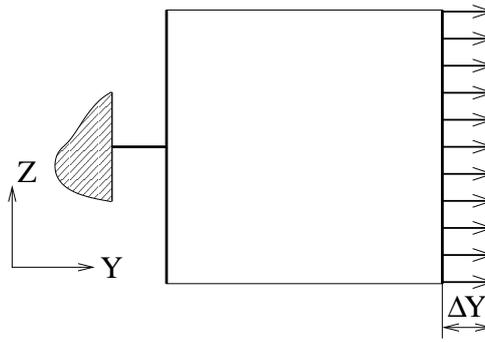


FIGURE 4.17 – Conditions limites appliquées à l’essai de traction

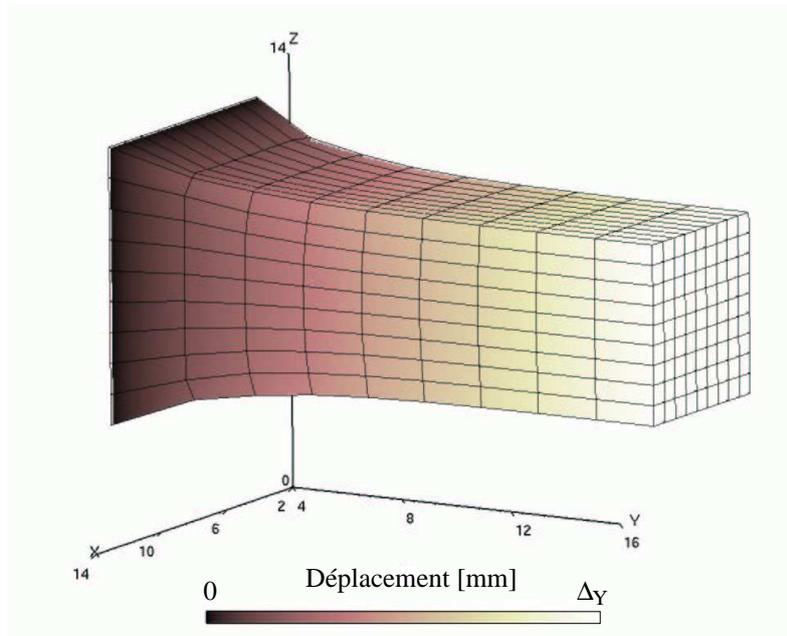


FIGURE 4.18 – Déplacement calculé par FEM de l’étirement du cube

4.5.2 Vérification de la conservation de la matière

Cette étape consiste à vérifier la solution proposée dans la section §4.3.3, c’est à dire le calcul des densités aux nœuds après déformation. La figure 4.19 montre une représentation continue des valeurs de densité calculées aux nœuds. Il s’agit en fait d’un lissage de Gouraud, c’est à dire par interpolation de couleurs. Sur cette figure, conformément à l’équation (4.10) lorsque il y a divergence des contraintes mécaniques ce phénomène s’accompagne d’une diminution de la densité massique. Ainsi, la coupe transversale montre une diminution de la densité au centre du cube ($\rho \approx 0.9$) tandis qu’en périphérie la densité reste proche de 1. C’est en effet au cœur de l’objet qu’il y a une concentration de contraintes avec plusieurs directions, tandis qu’en surface, le mouvement vers le cœur réduit le changement de densité. De la même manière, la coupe longitudinale montre une densité faible là où le cube est fixé. Il y a à la fois une contrainte de blocage et une de traction et donc une divergence des déplacements qui réduit la densité.

Ces observations sont en plein accord avec ce qu’on doit obtenir en réalité. Autrement dit, nous pouvons conclure à une cohérence qualitative.

Nous pouvons maintenant aborder un aspect plus quantitatif : la conservation de la matière. Nous devons vérifier que la masse du système, autrement dit l’intégrale sur le volume de la masse volumique, est une constante. Pour cela, la masse de chaque élément est calculée avant et après déformation pour comparaison. La masse initiale d’un élément

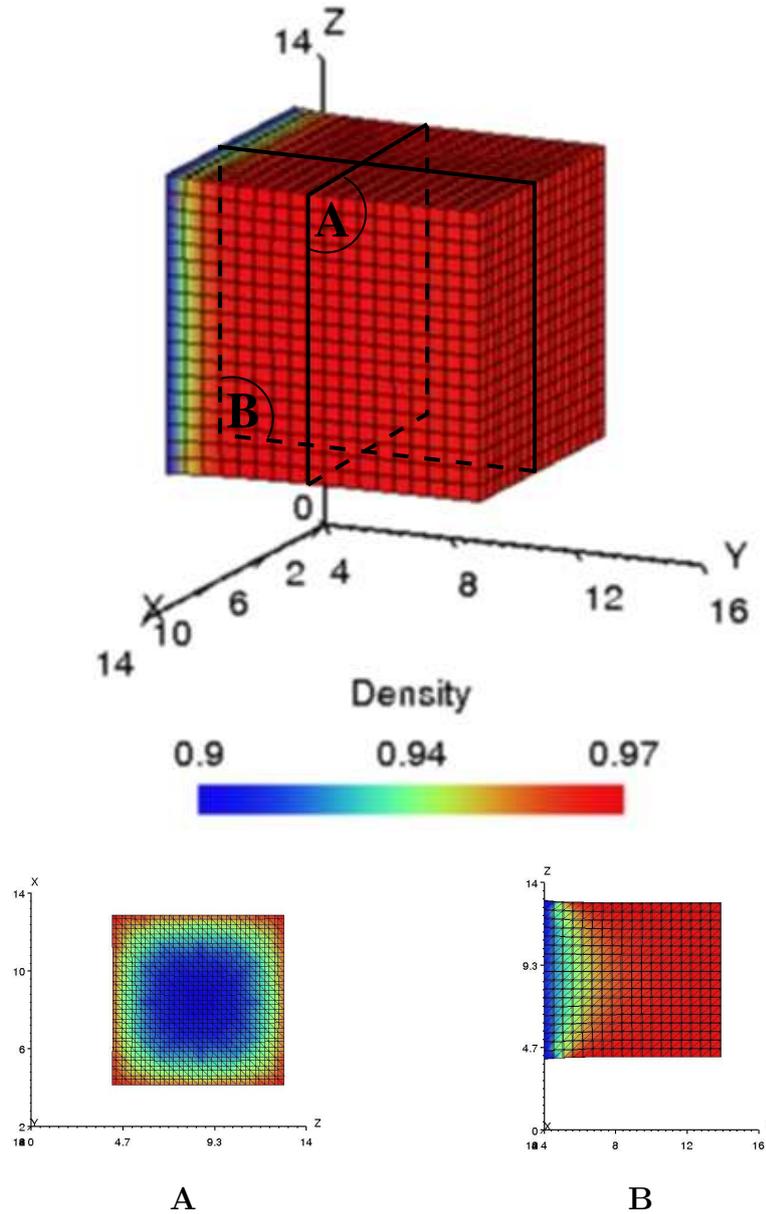


FIGURE 4.19 – Représentation continue de la densité de matière. **A** : coupe transversale **B** : coupe axiale

est égale à 1. La masse finale d'un élément est calculée par une intégration de la densité sur le volume de cet élément. L'erreur de perte de masse à chaque pas de temps est calculée suivant l'équation 4.51 :

$$\begin{aligned}
 Erreur[\%] &= \frac{masse_{initiale} - masse_{calculee}}{masse_{initiale}} \times 100 \\
 &= \frac{(1 \times nombre_{element} \times dx \times dy \times dz) - (\sum_{E_i} \iiint_{E_i} \rho_M(\mathbf{P}) d\mathbf{P}^3)}{1 \times nombre_{element} \times dx \times dy \times dz} \times 100
 \end{aligned} \tag{4.51}$$

La Figure 4.20 montre un calcul d'erreur effectué sur un cube maillé de longueur 10, avec un pas de 0.5, avec une simulation sur 10 pas de temps et avec un déplacement appliqué de 1 (soit 10% de la longueur). Le calcul de l'erreur sur la conservation de la masse donne des résultats inférieurs à 0.2% (courbe discontinue sur la figure). Nous avons

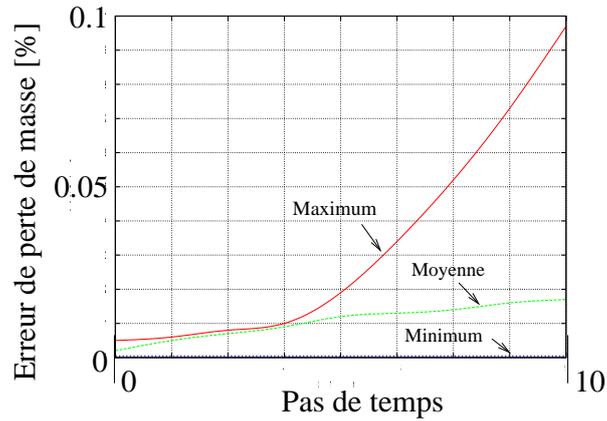


FIGURE 4.20 – Évolution de l’erreur de perte de masse avec le temps

également calculé le minimum et le maximum de l’erreur sur tous les éléments du maillage à chaque pas de temps. L’erreur maximum reste toujours inférieure à 1%.

De manière plus précise, les résultats de tests d’erreur plus complets sont rassemblés dans les tableaux suivants. A chaque essai, l’évolution de l’erreur est donnée pour des états intermédiaires k correspondant à un déplacement $\Delta Y/n \times k$. Nous avons étudié l’influence, sur cette erreur, de plusieurs paramètres :

- Le nombre d’états intermédiaires n (Table 4.1). Plus il y a d’états intermédiaires calculés et plus le développement limité de l’équation (4.12) est proche de la réalité. On vérifie donc ici les limites de cette approximation.
- Le déplacement appliqué ΔY (Table 4.2). Plus on déforme l’objet et plus l’approximation d’une fonction de densité trouvée par simple interpolation est fautive. On teste ici si la résolution du maillage est assez fine pour exprimer les fonctions sous forme d’interpolation des valeurs aux nœuds.
- La résolution du maillage dx (Table 4.3). L’intégration de l’équation (4.51) est effectuée grâce aux points de Gauss et plus on augmente la taille d’un élément moins l’échantillonnage de points est représentatif. On vérifie ici si le nombre de points de Gauss utilisé est suffisant.

TABLE 4.1 – Influence du nombre d’états intermédiaires n sur l’erreur maximale constatée, avec $\Delta Y = 10$ (soit 100% de la longueur) et $dx = 0.5$

état	Nombre de pas d’étirement				
	1	5	10	20	100
0.1n			0.008	0.004	0.001
0.2n		0.033	0.017	0.009	0.002
0.3n			0.025	0.013	0.004
0.4n		0.066	0.034	0.018	0.006
0.5n			0.043	0.023	0.008
0.6n		0.098	0.052	0.028	0.01
0.7n			0.061	0.034	0.013
0.8n		0.131	0.070	0.04	0.016
0.9n			0.079	0.046	0.02
n	0.796	0.163	0.089	0.053	0.0223

TABLE 4.2 – Influence du déplacement appliqué ΔY sur l’erreur maximale constatée, avec $dx = 0.5$ et $n = 10$

état	déplacement appliqué		
	0.1 soit 1% de la longueur	1 soit 10% de la longueur	10 soit 100% de la longueur
0.1n	0	0.008	0.796
0.2n	0	0.017	1.460
0.3n	0	0.025	2.052
0.4n	0	0.034	2.610
0.5n	0	0.043	3.162
0.6n	0.001	0.052	3.724
0.7n	0.001	0.061	4.312
0.8n	0.001	0.070	4.935
0.9n	0.001	0.079	5.602
n	0.001	0.089	6.322

TABLE 4.3 – Influence du pas de maillage dx sur l’erreur maximale constatée, avec $\Delta Y = 10$ et $n = 10$

état	Pas de maillage		
	1	0.5	0.25
0.1n	0.008	0.008	0.008
0.2n	0.017	0.017	0.017
0.3n	0.025	0.025	0.025
0.4n	0.034	0.034	0.034
0.5n	0.043	0.043	0.042
0.6n	0.052	0.052	0.051
0.7n	0.061	0.061	0.060
0.8n	0.071	0.070	0.070
0.9n	0.081	0.079	0.079
n	0.091	0.089	0.089

Les résultats des tableaux 4.1, 4.2 et 4.3 montrent que la précision du calcul varie en fonction des états intermédiaires de déformation (si on multiplie le nombre de pas d’étirement par 2, l’erreur est environ divisée par 2). En réduisant le pas de déplacement on minimise l’erreur introduite par l’approximation de l’équation 4.12. La résolution du maillage joue un rôle moins significatif, même si le temps de calcul, lui, augmente considérablement. En revanche, un déplacement très important donne des erreurs inacceptables. Heureusement il suffit d’augmenter le nombre de pas de déplacement pour avoir des résultats convenables. Par exemple, dans le cas de l’étirement de 100% de la longueur (Cf Table.4.2), l’erreur maximum passe de 6.322% si le calcul est effectué sur 100 pas d’étirement à 0.461% avec 200 pas d’étirement.

En conclusion, les résultats numériques de vérification de conservation de la masse montrent que le modèle informatique ne présente, sur le plan global, ni pollution numérique ni autre artefact pouvant conduire à des résultats éronés. Nous pouvons donc conclure à un certain degré de fiabilité quant aux valeurs calculées des densités de matière aux nœuds du maillage.

4.5.3 Convolution scanner

Le test suivant consiste à vérifier si notre convolution scanner est correcte. Pour cela, nous avons fixé le paramètre σ à : $\sigma = dx/2$, dx étant le pas de discrétisation du maillage.

Afin de séparer les erreurs potentielles dues au calcul de densité, un premier test est de vérifier si tous les sommets sont pris en compte c'est à dire de tester uniquement l'effet des changements de géométrie des éléments déformés (le calcul de densité a déjà été vérifié à la section précédente). Autrement dit, nous allons figer la fonction de densité de matière et allons uniquement analyser l'effet de la convolution sur la géométrie déformée.

Les images de la figure 4.21 montrent une coupe longitudinale de l'étirement du cube au cours du temps. La densité de chaque nœud est maintenue égale à 1 en chaque nœud.

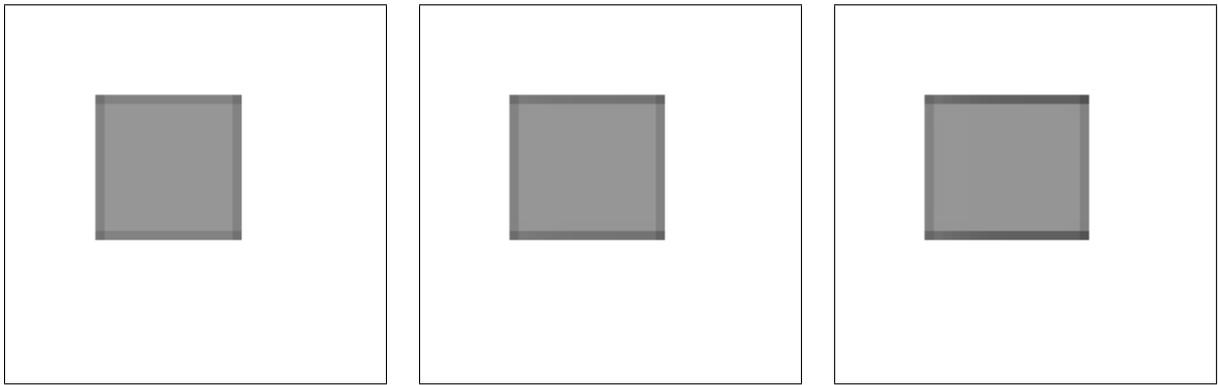


FIGURE 4.21 – Convolution scanner avec densité de matière fixée et $n = 10$. a) $t=0$, b) $t=5$, c) $t=10$

Nous observons ici des niveaux de gris plus bas vers les extrémités du cube dus à l'effet de convolution. Il n'y a pas d'artefact notable.

Une fois cette étape validée nous pouvons passer à la convolution avec les densités calculées. Le résultat est donné sur la Figure 4.22.

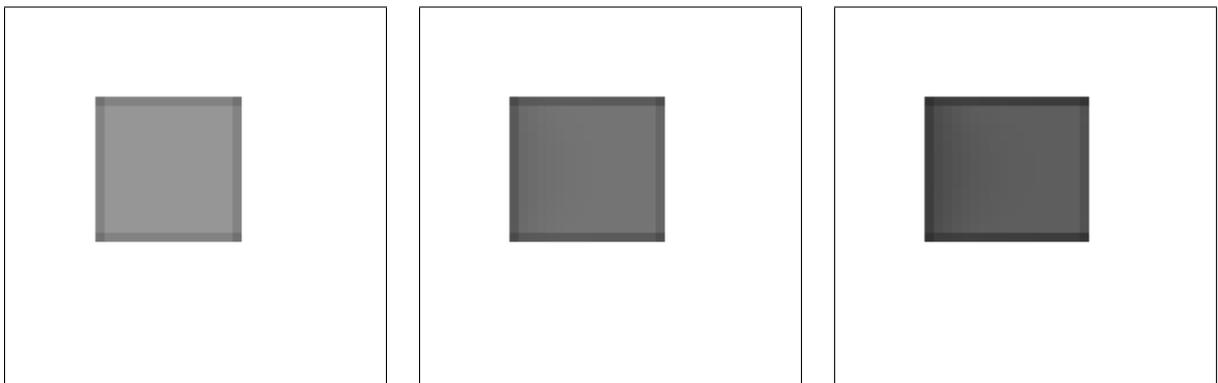


FIGURE 4.22 – Convolution scanner à densité constante et $n = 10$. a) $t=0$, b) $t=5$, c) $t=10$

On peut remarquer que le résultat obtenu est une image douce sans discontinuité avec les mêmes caractéristiques que la coupe axiale de la Figure 4.19.

4.5.4 Éssai avec une géométrie complexe : un poumon réel

L'application qui nous intéresse est bien évidemment l'imagerie du poumon. La simulation de la dynamique du poumon a été effectuée dans le chapitre 3. Les déplacements de tous les points du poumon sont donc connus.

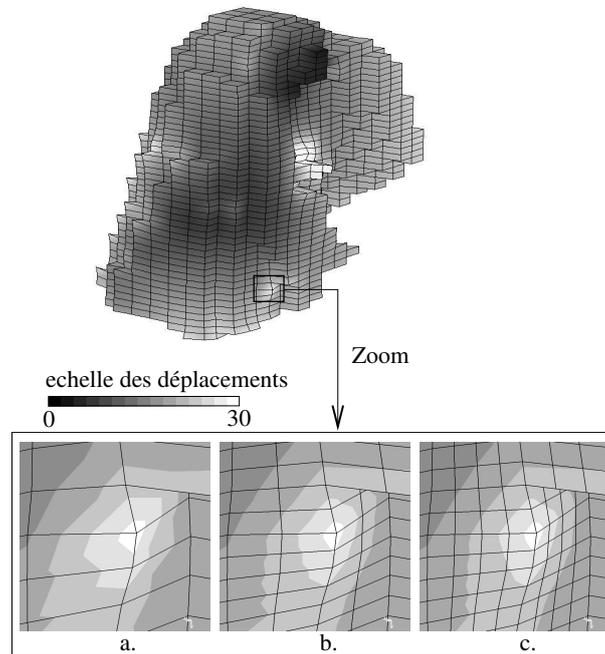


FIGURE 4.23 – Subdivision du maillage. Nombre de subdivision pour les détails en zoom : **a.** : 1 - **b.** : 2 - **c.** : 4

La résolution du maillage de la simulation biomécanique a été choisie de manière à réduire les besoins en mémoires vives. En revanche, les images scanners sont et doivent être définies avec une résolution meilleure. Typiquement, dans notre cas, la résolution des éléments calculés par FEM est $15 \times 15 \times 10$ mm tandis que la résolution des voxels scanner est $0.9375 \times 0.9375 \times 5$ mm. Pour relier la simulation aux informations scanner, il faut procéder à un échantillonnage optimisé (Cf Figure.4.23). En pratique, chaque hexaèdre est subdivisé en 8 nouveaux hexaèdres de même longueur. Le niveau d'optimisation du maillage dépendra du nombre de pas de subdivision.

Nous avons effectué les mêmes tests que précédemment (Cf §4.5.2). Les résultats de conservation de la matière sont représentés dans la Table 4.4. Il en ressort qu'avec la résolution actuelle du maillage et avec 10 pas d'étirement la perte de matière est négligeable (*erreur* < 0.1%). Cet étirement correspond au passage d'un poumon en phase d'expiration maximale à un poumon en phase d'inspiration maximale lors d'une respiration non forcée.

La Figure 4.24 montre que malgré la géométrie complexe d'un poumon réel, il n'y a pas de discontinuité de densité de Hounsfield aux nœuds.

Enfin, un scanner 4D a été calculé. La Figure 4.25 illustre 3 étapes scanners des 10 pas d'étirement calculés ($t = 0$, $t = 5$, $t = 10$) sur 5 coupes axiales.

4.6 Conclusion

La méthode étudiée dans ce chapitre permet de convertir les résultats d'une simulation physique en scanner 4D. Cette méthode est basée sur l'équation de conservation de

TABLE 4.4 – Test de conservation de la matière avec un poumon sur 10 pas d'étirement

étirement	conservation de la matière
1/10	0.005
2/10	0.007
3/10	0.005
4/10	0
5/10	0.008
6/10	0.002
7/10	0.033
8/10	0.05
9/10	0.069
10/10	0.091

la masse pour calculer à chaque instant le densité de matière en tout point du solide. Elle consiste également à prendre en compte les paramètres des appareils scanners pour effectuer la bonne conversion en densité Hounsfield.

Les données en entrée de cette méthode sont une image TDM 3D initiale et des données de déplacement variant avec le temps. Celles-ci peuvent être calculées avec n'importe quel type de modélisation (systèmes masses-ressorts, systèmes de particules, FEM, ...).

Enfin, ce module ne prend en compte qu'un paramètre en entrée : l'écart type σ de l'appareil scanner utilisé pour le traitement du signal. Autrement dit, ce paramètre peut être calibré sur le dispositif scanner utilisé par le clinicien.

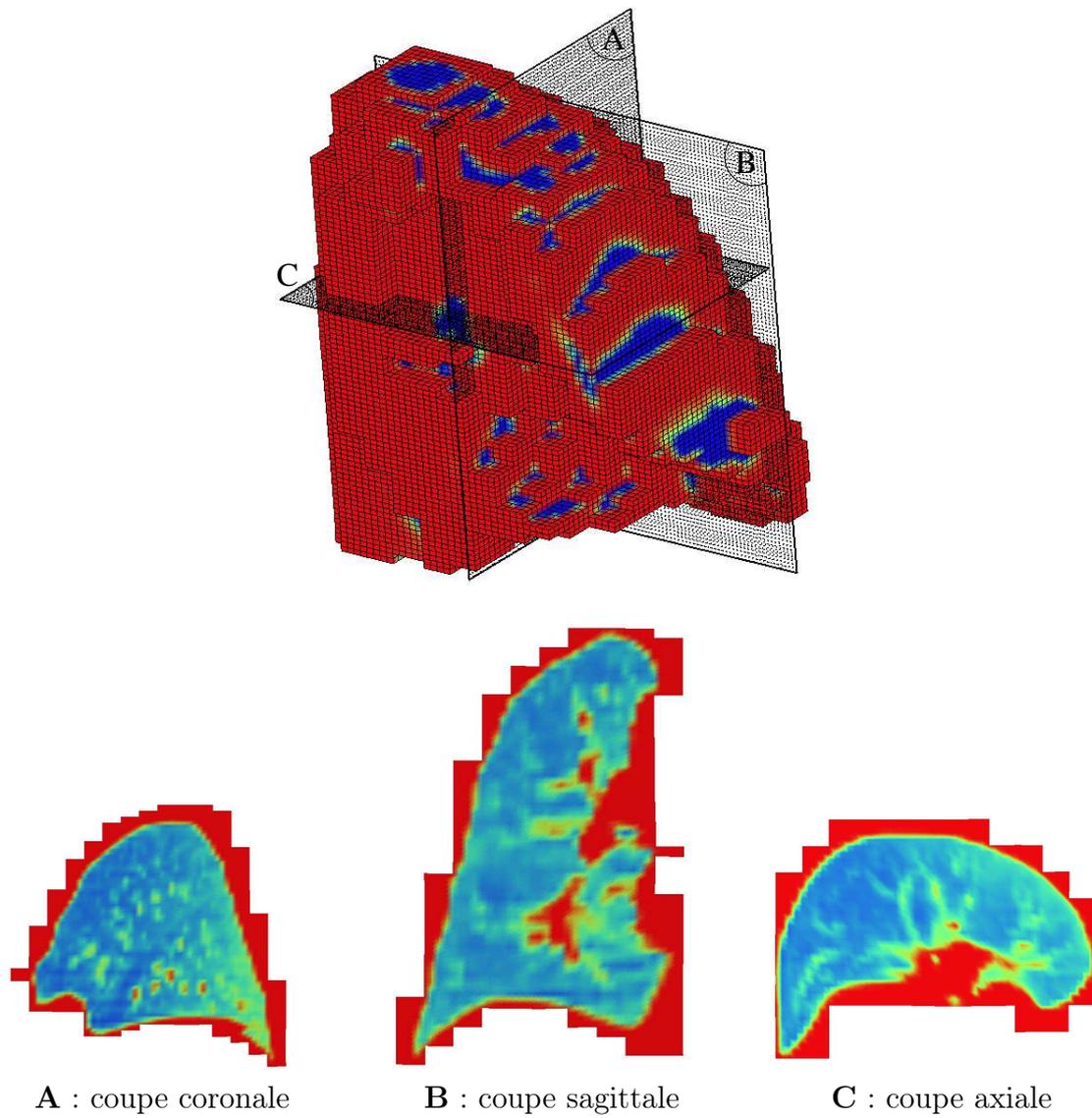


FIGURE 4.24 – Représentation continue de la densité du poumon

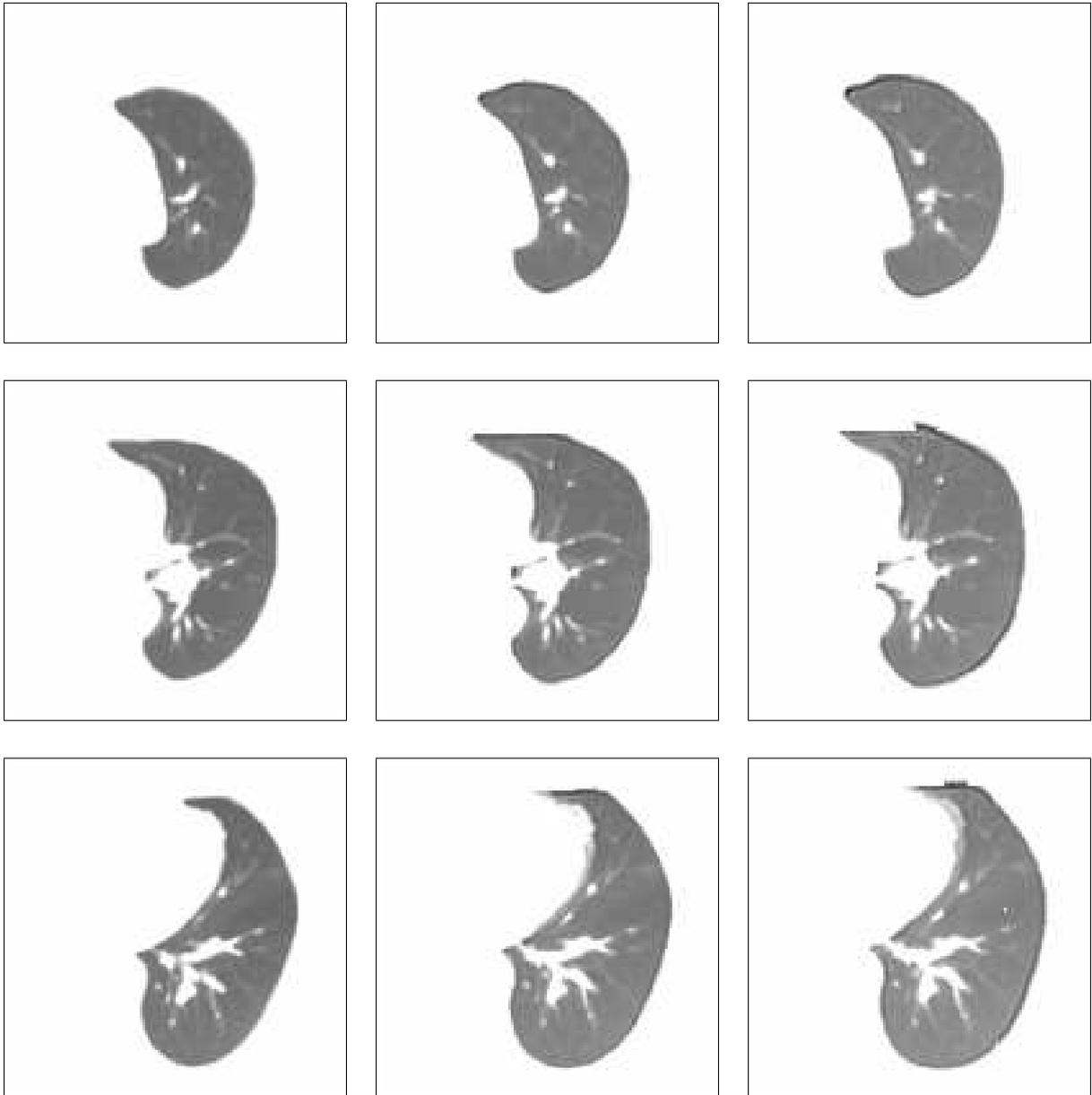


FIGURE 4.25 – Scanner dynamique de poumon sur trois coupes et à trois instants. De haut en bas coupes transversales à 20, 30 et 40 mm du haut du poumon. De gauche à droite niveaux d'inspiration à 0%, 50% et 100%

Conclusion et perspectives

Conclusion

Nous avons présenté dans cette thèse une méthode pour prendre en compte le mouvement respiratoire des patients afin d'améliorer les traitements thérapeutiques des tumeurs pulmonaires. En effet, le cancer du poumon est difficile à traiter à cause du mouvement de la tumeur lors de la respiration. Deux approches de prédiction de mouvement sont possibles. L'une, le recalage élastique, est basée sur l'analyse des images scanners à plusieurs instants et l'autre est basée sur la simulation physique. L'approche analyse d'image s'appuie sur une hypothèse de reproductibilité du cycle respiratoire qui a été remise en question. Aussi avons-nous choisi la seconde approche en s'appuyant sur les lois de la mécanique. Notre démarche est donc de simuler mécaniquement l'action des muscles (le diaphragme et la cage thoracique) sur le poumon par l'intermédiaire de la plèvre. Une étape importante est donc la suivante : partir d'un scanner initial du poumon et d'une surface finale pour prédire le déplacement de l'ensemble des points du poumon.

Dans cette thèse, nous avons présenté deux contributions : une méthode pour simuler le comportement du poumon avec un modèle déformable dynamique 3D et une méthode pour représenter les données densitométriques telles que les produirait un appareil scanner 4D en se basant sur la simulation du mouvement pulmonaire.

Le modèle déformable est personnalisable à un patient grâce aux paramètres physiologiques et anatomiques. L'élasticité globale du poumon est extraite de la mesure de compliance. Il en résulte une valeur de l'élasticité locale dans le cadre d'une hypothèse d'homogénéité des tissus des poumons. Les conditions limites que nous avons choisies se calquent sur la réalité anatomique énoncée par des spécialistes. La simulation permet donc de connaître les informations de déplacement d'un ensemble de points d'un poumon à partir d'un scanner 3D à l'état initial et la surface du poumon à l'état final. Une méthode de maillage 3D a été développée spécialement pour cette simulation afin d'assurer des résultats cohérents (Cf §3.3). Le maillage est constitué de trois niveaux : un maillage de triangles en surface pour obtenir une surface lisse, un maillage hexaédrique en cœur pour assurer la convergence et faciliter le calcul de densité scanner et enfin un maillage tétraédrique pour garantir la continuité de la matière. Ensuite, l'influence des paramètres de convergence et des paramètres biomécaniques ont été étudiés (Cf §3.5). Nous avons mis en évidence le fait que, dans nos conditions de simulation avec la surface de l'état final connue, le module de Young n'a pas un rôle direct sur le résultat mais une influence sur l'état et le temps de convergence. Ceci vient du fait que les surfaces initiale et finale sont des paramètres d'entrée. Le coefficient de Poisson influence le résultat en jouant un rôle sur l'orientation et la valeur des déplacements en surface. Ainsi, une erreur de 20% sur ce paramètre se traduit par une erreur de 10% sur le déplacement.

Nous avons terminé cette partie par la recherche d'un protocole de validation clinique basé sur le suivi de points particuliers indexés par différents experts. Les tests montrent une erreur sur la prédiction du mouvement inférieure à la résolution du maillage utilisée. Notre contribution est significative par rapport aux méthodes actuelles qui ne prennent

pas en compte le mouvement et elle est donc très prometteuse.

La seconde partie de la thèse présente notre étude sur la conversion de l'information géométrique produite par la simulation du mouvement d'un organe mou, précisément le déplacement en chaque nœud, en une séquence d'images scanner 3D à plusieurs pas de temps. Les densités de matière sont calculées en tout point du maillage grâce à l'application de la loi de conservation de la matière (Cf §4.3.3) qui établit une relation entre le déplacement et la densité initiale en un point d'une part, et la densité finale d'autre part. Nous avons montré que la méthode proposée assure la conservation de la matière. Il a été de plus validé qualitativement d'abord par une expérience test réalisée avec un système simple puis par son application au cas du poumon.

Nous avons aussi présenté une méthode de conversion de cette densité massique en densité de Hounsfield puis en densité de Hounsfield moyenne sur un voxel en utilisant un filtrage (Cf §4.3.4). Ce filtrage est nécessaire car la densité de Hounsfield des voxels scanners ne résulte pas uniquement de l'absorption des photons qui les traversent mais aussi de la physique du rayonnement (diffusion) ainsi que de celle de l'instrumentation. Nous avons modélisé ces phénomènes par une convolution définie par un paramètre : l'écart type d'une gaussienne. Nous utilisons ce paramètre de convolution, ajustable sur n'importe quel scanner clinique par calibration, pour produire ainsi un scanner dynamique. Un point fort de cette méthode de conversion en imagerie scanner est son application avec n'importe quelle méthodologie permettant de calculer les déformations d'un organe.

Perspectives

Comme nous l'avons rappelé plus tôt, notre démarche était de prédire les déplacements du poumon de l'état initial à l'état final. L'objectif est maintenant de piloter la simulation par plusieurs paramètres. Nous avons vu que le cycle respiratoire n'était pas reproductible. Le modèle doit être soumis à des sollicitations variables en fonction du temps pour prendre en compte les activités musculaires réelles. Il faut donc développer un modèle de diaphragme et un modèle de cage thoracique, piloté par des paramètres externes. Des acquisitions vidéo peuvent, tout d'abord, déterminer le déplacement de la surface du thorax d'un patient. Puis, avec la courbe de respiration, on peut piloter le deuxième paramètre (le diaphragme) grâce à une modélisation physique.

La précision du résultat de la simulation est liée à la résolution du maillage. Cette résolution est dictée par la capacité de la mémoire vive : plus il y a de sommets et d'éléments plus le besoin de stockage de quantités temporaires est important (vecteurs déplacements, ...). Un premier point à améliorer est donc le maillage. Le maillage actuel est basé directement sur les voxels scanner, l'idée étant de calculer le déplacement sur ces éléments et ainsi faciliter le calcul des densités scanner. Notre module de conversion scanner peut-être aisément modifié pour ne plus être dépendant du maillage. En effet, la densité électronique en n'importe quel point du poumon se calcule par interpolation de la valeur aux nœuds dans un élément de maillage et l'utilisation des voxels peut ainsi être évitée. Nous envisageons pour cela soit d'utiliser un maillage adaptatif, soit de regrouper les voxels scanners ayant une densité comparable pour faire des éléments de maillage ayant des propriétés mécaniques homogènes. Cela réduirait la taille du maillage et permettrait de ne pas perdre d'information pour la conversion en scanner.

Un autre point à améliorer, au moins aussi important que la mémoire, est la précision du résultat car l'objectif final à cette étude est la validation clinique. Les résultats de la simulations doivent être plus proches des points de repère dressés par les experts lors du protocole de validation. Plusieurs paramètres peuvent être ajustés :

- La géométrie du poumon maillé peut être plus proche de la réalité anatomique,

c'est-à-dire travailler sur la qualité du maillage pour avoir des formes encore plus lisses.

- Le modèle mécanique peut être amélioré en incluant des paramètres plus réalistes concernant les tissus (hétérogénéité et anisotropie). Pour cela, il faut pratiquer des expériences d'étirement, c'est-à-dire effectuer des tests mécaniques sur des échantillons de poumons. En effet, les données expérimentales manquent et les expériences sont difficiles à réaliser.

Notre travail peut d'autre part être adapté pour répondre à certaines applications :

- Nous pouvons inclure une tumeur dans notre modèle. Cela nécessitera une segmentation de la tumeur et une spécification d'une élasticité à la tumeur, au moins relative par rapport au reste du poumon. Il faudra également rajouter des contraintes spécifiques à la tumeur : elle peut réduire l'amplitude du mouvement pulmonaire partiellement ou même entièrement sur une zone du poumon suivant sa rigidité ou la zone de rattachement. Ainsi, nous pourrions mesurer l'influence de la taille, de la forme et des contraintes tumorales sur le mouvement respiratoire.
 - La méthode de conversion en scanner doit être optimisée afin d'être applicable avec n'importe quel type de maillage et d'avoir un temps de calcul plus rapide. Des tests de comparaison doivent être réalisés avec une vraie séquence d'images issues d'un scanner 4D clinique. L'objectif est de fournir à des médecins des images utiles pour apprécier le mouvement des organes.
 - Enfin, cette recherche peut s'incorporer dans un logiciel de planification de traitement. Pour cela, notre module de modélisation du mouvement ainsi que le module de conversion en scanner 4D doivent s'accompagner d'un module de calcul de dosimétrie dynamique, qui correspond à des grands besoins exprimés par des physiciens médicaux, surtout dans le cas de l'hadronthérapie. De nombreuses discussions avec des spécialistes de la dosimétrie et l'étude de la littérature nous ont permis de tirer des premières analyses. La technique du lancer de rayon appliqué à un scanner 4D est un bon compromis entre précision et rapidité. Précisément, la dose déposée dans un voxel traversé par un rayon hadronique peut être calculée à chaque pas de temps en fonction de la position du rayon et de sa pénétration.
-

Annexe A

Matrice tangente en grandes déformations

A.1 La formulation variationnelle

La formulation variationnelle (Cf §2.5.2) utilisée est basée sur le travail des forces intérieures induit par un déplacement virtuel δU et à sa variation dans l'optique d'une résolution par la méthode de Newton (Cf 2.5.2).

Les forces intérieures (F_{int}) de l'Equation (2.24) écrites sous forme indicelle deviennent :

$$F_{int}\delta U = \int_{\Omega} \sigma_{ij} \frac{\partial U_i}{\partial x_j} d\Omega \quad (\text{A.1})$$

Pour calculer la matrice tangente, il faut également exprimer la variation des forces intérieures :

$$\begin{aligned} \Delta(F_{int}\delta U) &= \int_{\Omega} \left[\sigma_{ij} \frac{\partial U_p}{\partial x_p} - \sigma_{ik} \frac{\partial U_j}{\partial x_k} \right] \frac{\partial \delta U_i}{\partial x_j} d\Omega \text{ rigidité géométrique} \\ &+ \int_{\Omega} \left[\frac{\partial \sigma_{ij}}{\partial \Delta F_{pq}} \frac{\partial U_p}{\partial x_q} \right] \frac{\partial \delta U_i}{\partial x_j} d\Omega \text{ rigidité de comportement} \end{aligned} \quad (\text{A.2})$$

où x^- sont les coordonnées d'un point sur la configuration Ω^- .

A.2 Discrétisation en éléments finis

Comme nous l'avons vu dans §2.5.2, en discrétisant les déplacements U et les déplacements virtuels δU avec les fonctions d'interpolation W nous avons :

$$\begin{aligned} U_i(X) &= W^n(X) U_i^n \\ \frac{\partial U_i}{\partial x_j} &= D_j^n(X) U_i^n \\ \frac{\partial U_i}{\partial x_j^-} &= D_j^- n(X) U_i^n \end{aligned} \quad (\text{A.3})$$

Où :

- $W^n(X)$ est la fonction d'interpolation associée au noeud n
- U_i^n est la composante i du déplacement nodal du noeud n

- $D_j^n(X)$ sont les composantes du gradient des fonctions d'interpolation sur la configuration Ω
- $D_j^- n(X)$ sont les composantes du gradient des fonctions d'interpolation sur la configuration Ω^-

On obtient pour le vecteur des forces intérieures :

$$(F_{int})_i^n = \int_{\Omega} \sigma_{ij} D_j^n d\Omega \quad (\text{A.4})$$

Et pour la matrice tangente :

$$\begin{aligned} K_{i p}^n{}^m &= \int_{\Omega} [D_p^m \sigma_{ij} D_j^n - D_k^m \sigma_{ik} D_p^n] d\Omega \\ &+ \int_{\Omega} [D_q^{-n} \frac{\partial \sigma_{ij}}{\partial \Delta F_{pq}} D_j^n] d\Omega \end{aligned} \quad (\text{A.5})$$

La linéarisation du terme $\frac{\partial \sigma}{\partial \Delta F}$ est donnée dans [?] et donne :

$$\frac{\partial \sigma}{\partial \Delta G} = \frac{(\Delta J)^{-1/3}}{J} H - \frac{1}{3J\Delta J} (H\Delta\bar{G})B - \frac{J^-}{J^2} \tau B \quad (\text{A.6})$$

où $J = \det G$, $J^- = \det G^-$ et $\Delta J = \det \Delta G$, τ exprimé par l'Equation (3.3) et B vaut :

$$\begin{aligned} B_{11} &= \Delta G_{22} \Delta G_{33} - \Delta G_{23} \Delta G_{32} \\ B_{22} &= \Delta G_{11} \Delta G_{33} - \Delta G_{13} \Delta G_{31} \\ B_{33} &= \Delta G_{11} \Delta G_{22} - \Delta G_{12} \Delta G_{21} \\ B_{12} &= \Delta G_{31} \Delta G_{23} - \Delta G_{33} \Delta G_{21} \\ B_{21} &= \Delta G_{13} \Delta G_{32} - \Delta G_{33} \Delta G_{12} \\ B_{13} &= \Delta G_{21} \Delta G_{32} - \Delta G_{22} \Delta G_{31} \\ B_{31} &= \Delta G_{12} \Delta G_{23} - \Delta G_{22} \Delta G_{13} \\ B_{23} &= \Delta G_{31} \Delta G_{12} - \Delta G_{11} \Delta G_{32} \\ B_{32} &= \Delta G_{13} \Delta G_{21} - \Delta G_{11} \Delta G_{23} \end{aligned} \quad (\text{A.7})$$

Enfin H et $H\Delta\bar{G}$ sont donnés par :

$$H_{ijkl} = \mu(\hat{\epsilon}_{cgl}^- \Delta F_j + \delta F_i \hat{\epsilon}_{cgl}^-) - \frac{2\mu}{3} \delta F_k \hat{\epsilon}_{cgl}^- \quad (\text{A.8})$$

et

$$H\Delta\bar{G} = 2\nu \text{trace}(\hat{\epsilon}_{cg}) \quad (\text{A.9})$$

Avec μ le deuxième coefficient de Lamé et $\hat{\epsilon}_{cg} = J^{2/3} \epsilon_{cg}$

Annexe B

Intégration avec la méthode de quadrature de GAUSS

L'exploitation de la méthode des éléments finis conduit à l'utilisation de la méthode de l'intégration numérique par la méthode des points de Gauss. Elle consiste à évaluer une approximation de l'intégrale à calculer sous la forme :

$$\int_{\Omega} f(x) d\Omega = \sum_{i=0}^n p_i f(x_i) \quad (\text{B.1})$$

où x_i sont des points bien choisis dans l'élément de référence, appelés points de Gauss, et p_i des coefficients numériques bien choisis, tels que la formule ci dessus intègre exactement un polynôme de degré n donné. Le passage de l'élément de référence à l'élément réel se fait par une transformation déterminée par une matrice jacobienne (J) (Fig B.1).

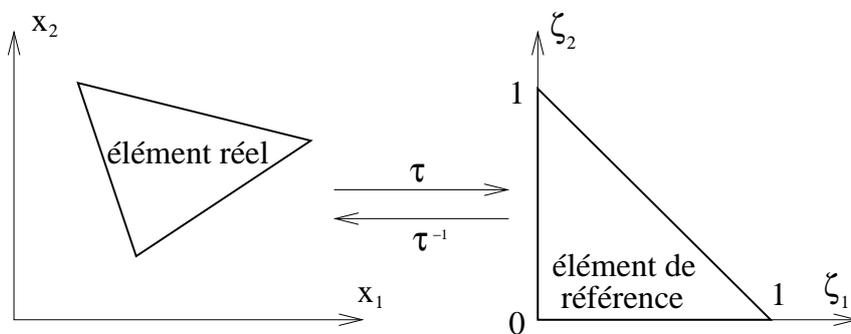


FIGURE B.1 – Élément de référence et transformation géométrique

On a alors : $J = \sum_i \frac{\partial w_i}{\partial \xi}$ avec w_i les fonctions d'interpolation.

L'intégrale devient alors :

$$\int_{\Omega} f(x) d\Omega = \sum_{i=0}^n p_i f(\xi_i) \det(J(\xi_i)). \quad (\text{B.2})$$

Annexe C

Dérivée partielle des fonctions d'interpolation

Liste des publications

Conférences internationales :

- Villard Pierre-Frédéric, Gabriel Fournier, Beuve Michael, Shariat Behzad : "Visualisation of Physical Lung Simulation : an Interactive Application to Assist Physicians". Dans *IEEE Medical Information Visualisation*, London (GB), juillet 2006
- Villard Pierre-Frédéric, Beuve Michael, Shariat Behzad : "Lung 4D CT scan Generation". Dans *2nd Workshop on Computer Assisted Diagnosis and Surgery*, Santiago (Chile), p. 47-50, March 2006.
- Villard Pierre-Frédéric, Beuve Michael, Shariat Behzad : "An Approach to Convert 4D Geometry into a 4D CT Scan". Dans *Proceedings of WSCG 2006*, Plzen (Czech Republic), p. 163-170, Février 2006.
- Villard Pierre-Frédéric, Beuve Michael, Shariat Behzad, Baudet Vincent, Jaillet Fabrice : "Simulation of Lung Behaviour with Finite Elements : Influence of Bio-Mechanical Parameters". Dans *IEEE Conference on Information Visualization*, London (GB), p. 9-14, juillet 2005.
- Villard Pierre-Frédéric, Beuve Michael, Shariat Behzad, Baudet Vincent, Jaillet Fabrice : "Lung Mesh Generation to Simulate Breathing Motion with a Finite Element Method". Dans *IEEE Conference on Information Visualization*, London (GB), p. 194-199 , juillet 2004.
- Baudet Vincent, Villard Pierre-Frédéric, Jaillet Fabrice, Beuve Michael, Shariat Behzad : "Modelisation of Target Motion and Organ Deformation : Lung Tumour Tracking". Dans *9th workchop HCPBM*, Lyon (Fr), p. 37-72, octobre 2003.
- Baudet Vincent, Villard Pierre-Frédéric, Jaillet Fabrice, Beuve Michael, Shariat Behzad : "Towards Accurate Tumour Tracking in Lungs". Dans *IEEE Conference on Information Visualization*, London (GB), p. 338-343, juillet 2003.

Conférences nationales :

- Pierre-Frédéric Villard, Gabriel Fournier, Beuve Michael, Shariat Behzad : "Visualisation de Simulation Biomécanique : Application au Poumon". Dans *13èmes journées du groupe de travail Animation et Simulation*, Toulouse, p. 114-119, 15 et 16 juin 2006.
- Pierre-Frédéric Villard, Vincent Baudet, Beuve Michael, Jaillet Fabrice, Shariat Behzad : "Modélisation d'Organes en Mouvement, Etude des Paramètres Mécaniques". Dans *12èmes journées du groupe de travail Animation et Simulation*, Lille, p. 81-92, 31 mai-1er juin 2005.
- Villard Pierre-Frédéric , Baudet Vincent. "Modélisation comportementale du poumon pour l'amélioration des traitements oncologiques", Dans *Journées de la Recherche en Imagerie Médicale*, Nantes, p. 182-183, mai 2003.

Posters :

- M.Ayadi, J.Azencot, V.Baudet, M.Beuve, V.Boldea, C.Carrie, P.Clarysse, B.Delhay, E.Desserée, A.L.Didier, C.Ginestet, E.Giroud, L.Guigues, F.Jaillet, P.Jalade, J.M.Moreau, S.Rit, D.Sarrut, B.Shariat, M.Tery, P.F.Villard : "Traitement Actif des Tumeurs Mobiles". Dans *1ères Journées Scientifiques du CLARA Cancéropôle Lyon Auvergne Rhône-Alpes*, Vulcania, à Clermont-Ferrand (Fr), mars 2006.
- Villard Pierre-Frédéric, Baudet Vincent, Beuve Michael, Shariat Behzad, Jaillet Fabrice : "Resolution of Non-Linear Problems In Realistic-Lung-Inflating Simulation with Finite Element Method". Dans *10th workchop HCPBM*, Oropa (It), juin 2005.
- Baudet Vincent, Jaillet Fabrice, Shariat Behzad, Villard Pierre-Frédéric, Beuve Michael, Bayle Jean-Yves, Quesnel Thierry, Ginestet Chantal, Clippe Sebastien, Carrie Christian : "Approach to Simulate Tumour Displacements in Lungs with Mass Spring System". Dans *9th workchop HCPBM*, Lyon (Fr), p. 31, octobre 2003.
- Villard Pierre-Frédéric, Beuve Michael, Shariat Behzad, Baudet Vincent, Jaillet Fabrice, Bayle Jean-Yves, Quesnel Thierry, Ginestet Chantal, Clippe Sebastien, Carrie Christian : "Continous Media Mechanics simulation of Lung Motion". Dans *9th workchop HCPBM*, Lyon (Fr), p. 33, octobre 2003.

RESUME en français

L'objectif de cette thèse est d'améliorer le traitement curatif du cancer du poumon par radiothérapie conformationnelle et hadronthérapie. Il s'agit de simuler, dans un cas concret, le mouvement et les déformations des poumons d'un patient. Issu de plusieurs collaborations médicales, nous avons défini des conditions initiales et des conditions limites pour obtenir un modèle biomécanique suivant les lois de la mécanique des milieux continus et personnalisé à un patient. Le calcul mécanique est réalisé sur un poumon fixé au niveau du médiastin et soumis à une dépression homogène tout autour avec prise en compte les grandes déformations. Une contrainte supplémentaire de gestion du contact de la surface du poumon autorisant le glissement est ajoutée pour reproduire le comportement réel des organes et plus spécialement celui de l'enveloppe des poumon : la plèvre. Une étude a par ailleurs été menée sur la conversion des données prédites du modèle en scanner 4D afin de préparer la dosimétrie.

TITRE en anglais

Pulmonary Motion Simulation for Oncological Treatment

RESUME en anglais

The aim of this thesis is to improve lung cancer treatment by radiotherapy or hadrontherapy. We focus on simulating lung's patient motions and deformations. We define initial and boundary conditions thanks to medical collaborations to obtain a biomechanical model following the continuous mechanics laws and patient's customised. The mechanical computing is achieved on a lung fixed at the mediastinum. We apply a homogeneous negative pressure around the lung taking into account large deformations. We add a stress to handle contact on lung surface allowing sliding to reproduce organs real behaviour and more precisely the pleura functionality. Besides, we study the conversion of the data predicted by the model into 4D CT scan images to prepare the dosimetry stage.

DISCIPLINE

Informatique

MOTS-CLES

Méthode des éléments finis, Modèle déformable dynamique, scanner 4D

INTITULE ET ADRESSE DU LABORATOIRE :

LIRIS UMR 5205
Université Claude Bernard
Bâtiment Nautibus (710),
43, Boulevard du 11 Novembre 1918
69622 VILLEURBANNE CEDEX