



HAL
open science

Développement d'une chaîne de calcul par éléments finis à partir de données issues de l'imagerie médicale

Nicolas Bideau, Tien-Tuan Dao, Fabrice Charleux, Pascal Aaufaure,
Marie-Christine Ho Ba Tho, Alain Rassinieux

► To cite this version:

Nicolas Bideau, Tien-Tuan Dao, Fabrice Charleux, Pascal Aaufaure, Marie-Christine Ho Ba Tho, et al.. Développement d'une chaîne de calcul par éléments finis à partir de données issues de l'imagerie médicale. 10e colloque national en calcul des structures, May 2011, Giens, France. pp.Clé USB. hal-00592945

HAL Id: hal-00592945

<https://hal.science/hal-00592945>

Submitted on 3 May 2011

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.

Développement d'une chaîne de calcul par éléments finis à partir de données issues de l'imagerie médicale

N. Bideau¹, TT. Dao¹, F. Charleux², P. Aufaure², MC. Ho Ba Tho¹,
A. Rassinoux³

¹ UMR 6600 Biomécanique et Bioingénierie, Université de Technologie de Compiègne, France,

{nicolas.bideau,tien-tuan.dao,hobatho}@utc.fr

² Polyclinique St Côme, Compiègne, France, docteur.aufaure@stcome.com et fabrice.charleux@acrim.fr

³ UMR 6253 Roberval, Université de Technologie de Compiègne, France, alain.rassinoux@utc.fr

Résumé — L'objectif de cette étude est de proposer une méthodologie de maillage dans le cas des géométries complexes issues des techniques d'imagerie médicale (IRM, CT Scanner). Un protocole expérimental a été établi pour développer deux modèles géométriques complets des membres inférieurs. La segmentation, la reconstruction, et le maillage adaptatif ont été réalisés. Un calcul de structures a été effectué pour montrer la qualité de notre méthodologie.

Mots clefs — Méthode des éléments finis, imagerie médicale, CT scanner, maillage adaptatif.

1 Introduction

La modélisation par éléments finis des structures biologiques 3D est complexe [1]. La précision ainsi que le temps de calcul sont fortement dépendants de la qualité du maillage utilisé. Dans ce cas, une des problématiques est donc de pouvoir lisser la géométrie initiale de sorte à prévenir les éventuels problèmes de convergence d'un calcul non-linéaire ainsi que de permettre l'utilisation des méthodes d'adaptation de maillage [2-3] au cours du calcul.

Dans la littérature, différentes techniques d'adaptation du maillage ont été développées pour étudier les problèmes mécaniques complexes comme l'adaptation inverse d'un maillage hexagonal dominant [4] ou l'approche métrique ciblée de Laplace-Beltrami [5] ou la technique d'interpolation du maillage initial par des patches cubiques de type Hermite [6] ou la méthode d'adaptation de maillage anisotrope [7]. De plus, ces techniques ont été appliquées pour des problèmes mécaniques spécifiques, par exemple la simulation du transport de polluants par l'écoulement de l'eau [8] ou des problèmes de Stokes et d'advection-diffusion-réaction liés à la dynamique des fluides [9]. Pourtant, il n'y a pas d'applications des méthodes d'adaptation du maillage dans le domaine biomécanique dans lequel les structures simulées sont issues du système vivant et ces structures ont été extraites à partir de l'imagerie médicale.

La modélisation biomécanique du système vivant en utilisant l'imagerie médicale est un challenge de recherche. Elle permet d'effectuer la simulation de l'interaction des différentes tissus et structures biologiques (os, muscle, articulation, tendon, cartilage, ligament, etc.) afin de bien comprendre les fonctionnalités anatomiques et mécaniques du système vivant pendant son mouvement. En effet, ces informations peuvent être utilisées pour aider les cliniciens pendant leurs diagnostics et décisions médicales. Pourtant, le processus de modélisation et de simulation demande des connaissances avancées et aussi de compétences spécifiques comme le traitement d'image, le maillage, la simulation des corps déformables, etc. L'objectif de cette étude est de proposer une chaîne de calcul par éléments finis à partir de données issues de l'imagerie médicale. Ceci permettra d'intégrer toutes les étapes nécessaires afin de modéliser et simuler les structures biologiques extraites à partir des techniques d'imagerie médicale (IRM, CT Scanner). De plus, l'application du maillage adaptatif sur les structures biologiques a été aussi investiguée pour faciliter la convergence des simulations par éléments finis en grandes déformations et déplacements.

2 Matériels et Méthodes

2.1 Méthodologie

Notre chaîne de calcul (Fig. 1) comporte quatre étapes suivantes: (1) l'acquisition des données d'imagerie médicale; (2) le traitement d'image pour extraire des géométries discrètes (points, contours); (3) le processus de maillage adaptatif; et (4) l'analyse par éléments finis.

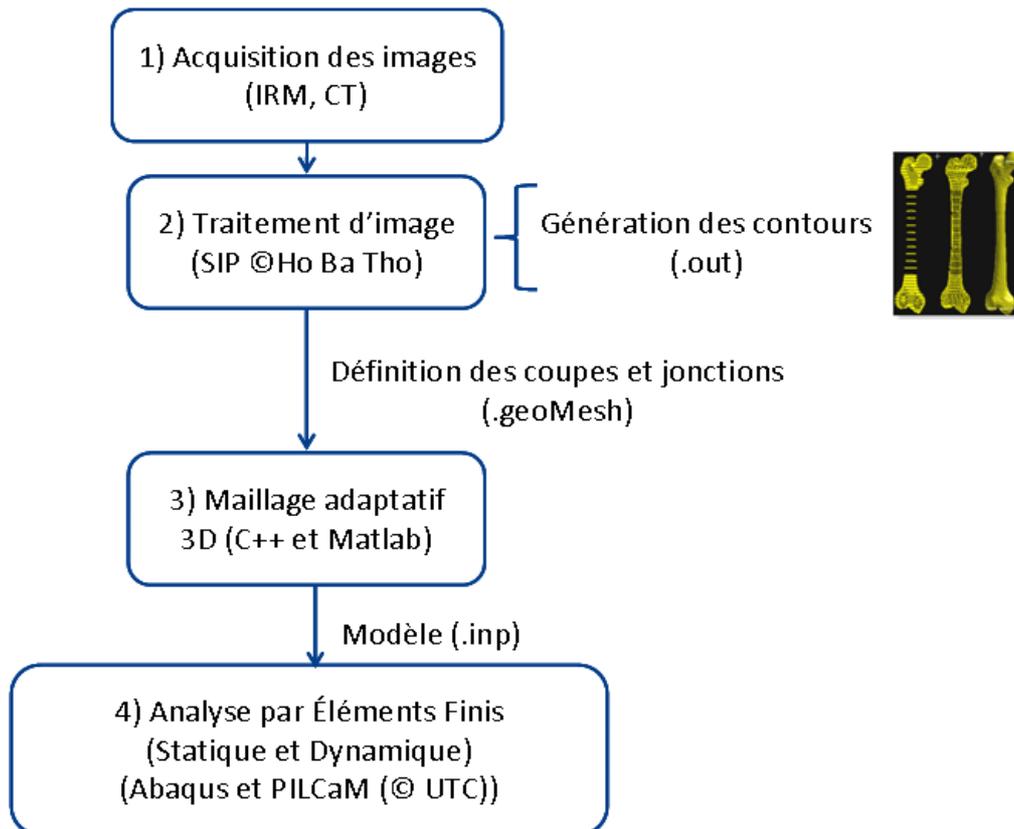


FIG. 1 – Chaîne de calcul par éléments finis à partir de données issues de l'imagerie médicale.

2.2 Acquisition des données d'imagerie médicale

Deux sujets (un sujet normal (homme, 29 ans, 1m68, 65kg) et un sujet pathologique (homme, 27 ans, 1m70, et 68kg)) (Fig. 2) ont participé à cette étude. Un protocole expérimental a été établi pour acquérir les images anatomiques. La technique d'imagerie médicale CT Scanner a été utilisée en utilisant le scanner GE Light Speed VCT 64. Les acquisitions ont été réalisées à la Polyclinique St Côte, Compiègne, France. L'intervalle entre les coupes est de 1.2 mm. La résolution est de 512×512. Le nombre des coupes est de 384 avec un temps d'acquisition de 30 secondes.

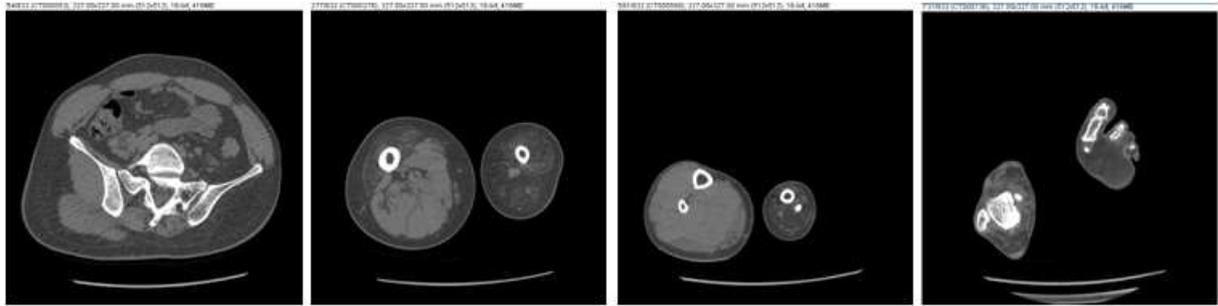


FIG. 2 – Différentes coupes axiales scanner du sujet pathologique : bassin, cuisse, jambe et le pied (de gauche à droite).

2.3 Traitement d'image

La segmentation manuelle (logiciel SIP (© Hobatho, 1991) [10]) (Fig. 3) a été appliquée pour extraire des contours anatomiques. Chaque modèle géométrique comporte 4 structures : le fémur, la rotule, le tibia, et le volume défini par le contour externe de la jambe.

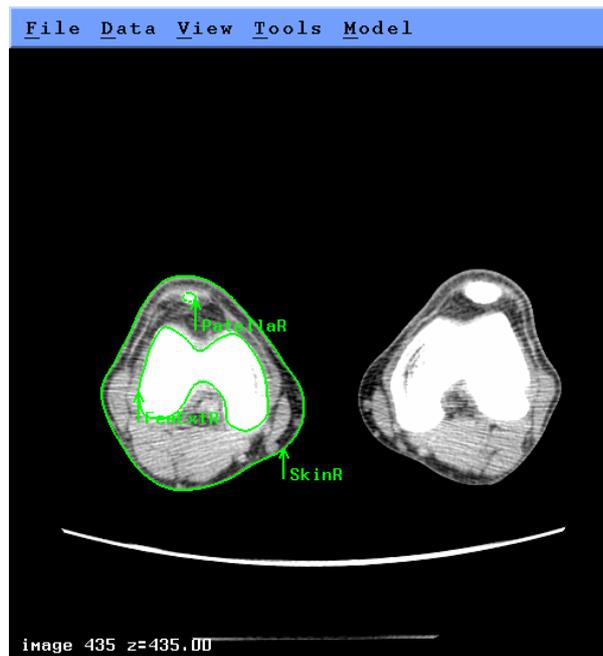


FIG. 3 – Coupe anatomique segmentée du fémur (B).

2.4 Adaptation de maillage

Un effort important a été porté sur le maillage de la géométrie du genou. A partir des données d'imagerie médicale, la jonction des « lignes iso » a permis l'obtention d'un maillage grossier. Notre nouvelle approche consistait alors à exploiter la structure par contour de la géométrie en élaborant une technique de maillage par sous domaines développables et une technique d'interpolation du maillage

initial par des patches cubiques de type Hermite [6]. Les différentes étapes étaient donc :

1. Déplier le maillage : on a des couches d'éléments et le maillage de chaque couche est développable.
2. Découper les frontières du maillage dans le plan déplié.
3. Mailler avec un mailleur classique.
4. Revenir aux coordonnées 3D.
5. Interpoler chaque élément du maillage initial par des patches cubiques de type Hermite.
6. Projeter les noeuds sur cette géométrie.

2.5 Validation du maillage

Pour valider notre maillage, un calcul par éléments finis a été effectué. Pour chaque structure le maillage final composé d'éléments tétraédriques est importé dans le code de calcul ABAQUS 6.8.3. Un calcul statique simulant le chargement du corps sur le fémur a été effectué.

3 Résultats et Discussion

Les différentes étapes du maillage adaptatif d'une paire de coupes sont illustrées dans Fig. 4. Les maillages finaux de différentes structures du sujet pathologique sont illustrés dans Fig. 5.

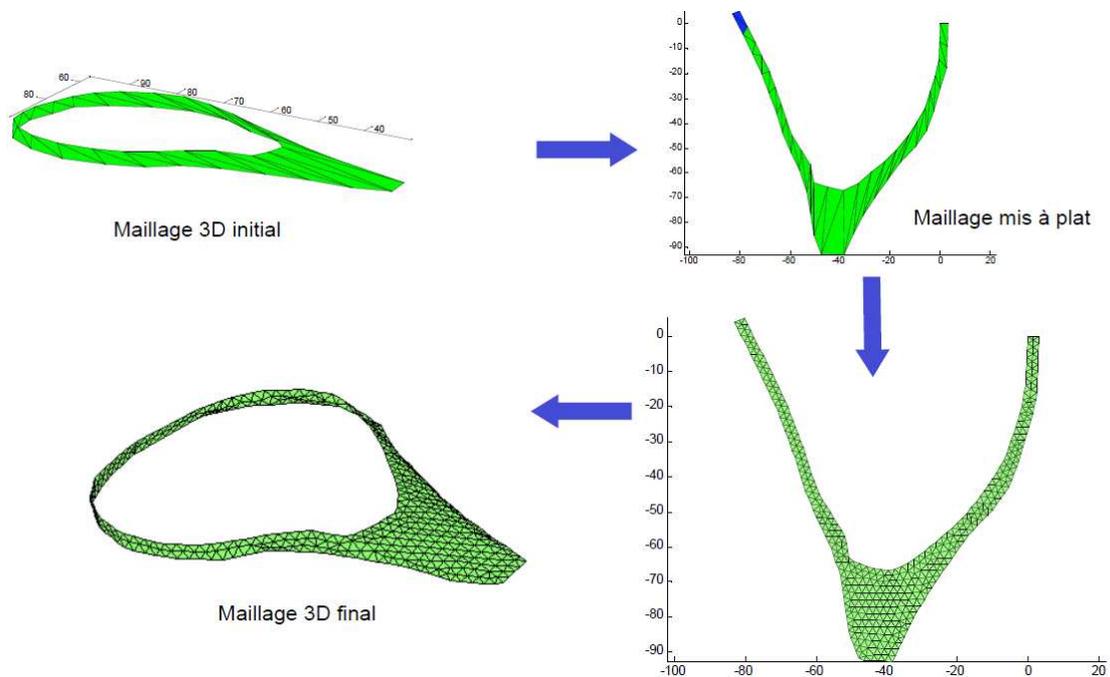


FIG. 4 – Différentes étapes du maillage adaptatif d'une paire de coupe.

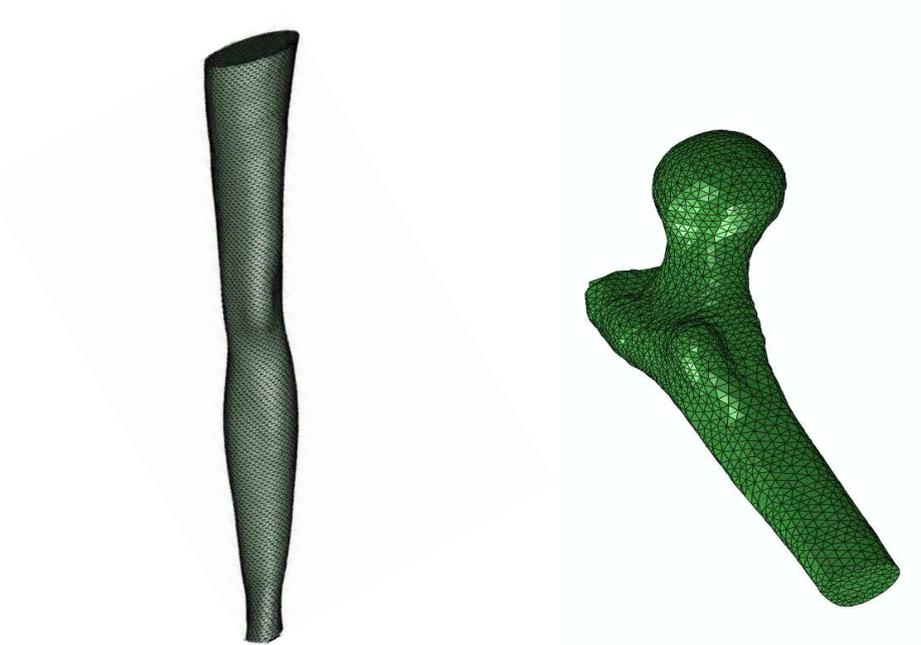


FIG. 5 – Maillages volumiques de la jambe et du fémur.

Le résultat du calcul statique par éléments finis du fémur est présenté dans Fig. 6. La convergence est très rapide grâce à la qualité du maillage.

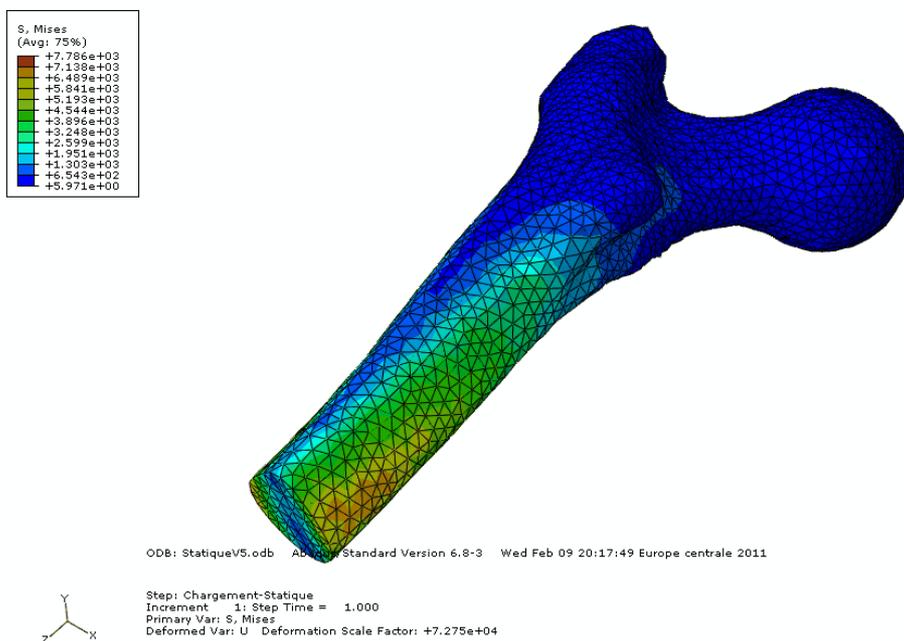


FIG. 6 – Résultat du calcul statique du fémur.

La géométrie issue du traitement des images médicales peut faire apparaître de forts gradients entre les lignes supports conduisant à un maillage de moyenne qualité. De ce fait, notre méthodologie a montré sa performance et sa flexibilité dans le cas d'un calcul de structures complexes. Pour obtenir un maillage et une géométrie plus « lisse », le lissage de la géométrie a été effectué: si de nouveaux

noeuds doivent être ajoutés, il convient de les repositionner sur une géométrie prenant en compte les courbures de la pièce. Concernant le maillage, la jonction des lignes iso permet d'obtenir un maillage grossier. On peut envisager de partir de ce maillage et de l'optimiser en ajoutant des nouveaux noeuds et repositionner ceux-ci sur une géométrie locale interpolée (approximation diffuse). Pourtant, cette approche a déjà été envisagée et les résultats sont parfois décevants compte tenu du fort gradient de taille du maillage initial. De plus, l'approximation diffuse exige un nuage de points régulier et par conséquent une distribution des contours assez uniforme, ce qui peut s'avérer inutile et coûteux. Notre nouvelle approche consiste à exploiter la structure par contour de la géométrie en élaborant une technique de maillage par sous domaines développables et une technique d'interpolation du maillage initial par des patches cubiques de type Hermite.

Finalement, la validation du maillage obtenu par un calcul statique a montré la flexibilité et la performance de notre approche. Ceci permettra d'appliquer notre méthodologie dans le cadre des calculs plus complexes, par exemple la simulation de l'articulation humaine avec grandes déformations et déplacements.

4 Conclusions

Une chaîne de par éléments finis à partir de données issues de l'imagerie médicale a été proposée. De plus, notre démarche comporte toutes les étapes nécessaires afin de modéliser et simuler les structures biologiques extraites à partir des techniques d'imagerie médicale.

Références

- [1] M. Sangeux, F. Marin, F. Charleux, L. Dürselen, M.C. Ho Ba Tho. *Quantification of the 3D relative movement of external markers vs bones based on Magnetic Resonance Imaging*. Clinical Biomechanics 21, 984-991, 2006.
- [2] A. Rassineux, M.C. Ho Ba Tho, P. Breitkopf, P. Villon. *3D adaptative mesh based on diffuse approximation for anatomical discrete data*. Computer Methods in Biomechanics and Biomedical Engineering, Rome, 2001.
- [3] A. Rassineux. *3D mesh adaptation. Optimization of tetrahedral meshes by advancing front technique*. Comput. Methods Appl. Mech. Engrg. 141, 335-354, 1997.
- [4] A. Dheeravongkit, K. Shimada. *Inverse adaptation of a Hex-dominant mesh for large deformation finite element analysis*. Computer-Aided Design 39, 427-438, 2007.
- [5] G. Hansen, A. Zardecki. *Unstructured surface mesh adaptation using the Laplace-Beltrami target metric approach*. Journal of Computational Physics 225, 165-182, 2007
- [6] A. Rassineux., P. Villon, J.M. Savignat, O. Stab. *Surface remeshing by local Hermite diffuse interpolation*. International Journal for Numerical Methods in Engineering 49, 31-49, 2000.
- [7] W. Huang, X. Li. *An anisotropic mesh adaptation method for the finite element solution of variational problems*. Finite Elements in Analysis and Design 46, 61-73, 2010.
- [8] F. Benkhaldoun, I. Elmahi, M. Seaid. *Application of mesh-adaptation for pollutant transport by water flow*. Mathematics and Computers in Simulation 79, 3415-3423, 2009.
- [9] L. Formaggia, S. Micheletti, S. Perotto. *Anisotropic mesh adaptation in computational fluid dynamics: Application to the advection-diffusion-reaction and the Stokes problems*. Applied Numerical Mathematics 51, 511-533, 2004.
- [10] M.C. Ho Ba Tho. Logiciel SIP, INSERM 1991.

