

Modélisation biomécanique discrète orientée objet pour la simulation du vivant

Emmanuel Promayon

TIMC-IMAG CNRS UMR 5525

Institut Albert Bonniot, Faculté de Médecine,

38706 La Tronche Grenoble Cedex, France

Emmanuel.Promayon@imag.fr

Résumé

Actuellement la simulation du corps humain à but médical ou physiologique fait face à deux défis : la capacité de simuler des structures complexes et leurs interactions et la capacité de représenter la réalité de manière suffisamment précise. Dans cet article nous présentons les développements récents d'un modèle se donnant pour objectif le premier défi et nous présentons quelques pistes pouvant permettre d'atteindre le deuxième défi. Dans ce modèle, qui s'appuie sur le formalisme de la modélisation orientée objet, les tissus mous sont considérés comme des objets élastiques et les os comme des objets rigides. Ces objets évoluent dans un milieu visqueux et sont soumis à la fois à des forces cohésives internes et à des forces d'attraction ou d'interaction avec les autres objets (liaison). Un algorithme explicite est développé pour calculer l'évolution dynamique de ces objets tout en garantissant les contraintes nécessaires. Les connections élastique/rigide et l'incompressibilité sont considérées comme des contraintes. Après avoir présenté ce modèle nous expliquons la méthodologie que nous lui appliquons afin de fournir une validation qualitative et quantitative.

Mot-clés : simulation biomécanique, modèle basé sur la physique, modélisation fonctionnelle, modélisation orientée-objet, tissus mous, respiration.

Abstract

There are two actual challenges in the simulation of the human body for medical purpose: the ability to model complex structures and their interactions, and the ability to accurately represent reality. In this article we show further developments of a model presented some years ago to address the former and we present some solutions concerning the latter. In this model, based on an object-oriented modeling framework, soft tissues are considered as three-dimensional elastic bodies and bones are considered as three-dimensional rigid bodies. All these objects evolves in a viscous medium and are submitted both to internal cohesive forces and to external attractive or interactional forces with other objects (links). An explicit algorithm is developed to compute the dynamic evolution of these objects while guarantying the necessary constraints. The elastic/rigid connections and tissues incompressibility are considered as constraints. The model is first presented, then we explain the methodology to apply to give a qualitative as well as a quantitative validation.

Keywords: biomechanics simulation, physically-based object, functional modeling, object-oriented modeling, soft tissue, respiration.

1. Introduction

Les recherches actuelles dans le domaine de la modélisation du vivant et plus particulièrement de l'humain se font dans deux directions principales [Del98] : l'approche biomécanique basée sur la mécanique des milieux continus (MMC) et l'approche biomécanique discrète. La première approche utilise principalement la méthodologie issue de la Méthode des Éléments Finis (MEF). Elle offre l'avantage d'avoir une base théorique forte. Cependant il existe deux inconvénients à l'utilisation de la MEF dans des applications de Gestes Médico-Chirurgicaux Assistés par Ordinateur (GMCAO) : le coût en terme de temps de calcul et la difficulté de construire des modèles complexes comprenant à la fois des structures rigides, élastiques et actives dont les interactions sont prises en compte. Le premier inconvénient peut être résolu à l'aide de pré-calculs [Cot99], ou de simplifications de certaines lois [Pic00], par l'utilisation de matériaux simples, ou encore par la construction d'un modèle hybride [Cot00]. L'approche biomécanique discrète, basée par exemple sur des réseaux masses ressorts, est souvent considérée comme rapide mais plus difficilement contrôlable [Kee99]. Cependant, elle permet de prendre en compte les interactions plus facilement.

Notre but étant la simulation d'interactions et de propriétés dynamiques multiples dans des contraintes de temps raisonnable, nous avons suivi l'approche biomécanique discrète. Les modèles discrets, par nature, permettent de choisir quels phénomènes sont à prendre en compte au cours de la simulation. Pour intégrer de nouveaux phénomènes, il faut ajouter de nouveaux algorithmes au noyau fonctionnel du modèle.

L'extraction de paramètres rhéologiques (ou physiques) comme le module d'Young ou le coefficient de Poisson à

l'aide de mesures sur des tissus isolés est possible [Fun93]. Ces mesures rhéologiques sont essentielles pour aider à l'ajustement des paramètres des modèles, notamment pour les méthodes basées sur la MMC où ces mesures peuvent être utilisées directement. Cependant la variabilité de telles mesures sur des tissus vivants ne permet pas toujours de déterminer un seul jeu de paramètres valide. [Ker01] tentent à raison d'établir un ensemble de mesures et de tests standards pour la simulation de tissus mous. Très souvent ces paramètres sont utilisés en entrée des modèles afin de générer des simulations. Il est très rare que ces simulations soit elles-mêmes comparées à des expériences réelles dans un processus de rétro-validation. Or cette étape de rétro-validation permettrait de déterminer le degré de réalisme non pas qualitativement mais quantitativement. De nombreuses études se concentrent sur l'aspect réaliste des simulations du mouvement des êtres vivants [Sch97][Wil97][Aub00]. Mais la précision de ces simulations ne sont pas comparées quantitativement à des mouvements réels.

Après avoir présenté le modèle, nous explorons deux façons différentes de valider notre modèle : qualitativement et quantitativement.

2. Méthode

Ce travail propose de modéliser les différentes structures du vivant (tissus mous, os) en utilisant les interactions d'objets, entités individuelles, définis par leurs propriétés mécaniques. Plus précisément, les structures du vivant sont définis comme des objets physiques 3D, dans lesquels l'évolution dynamique est basée sur des équations d'équilibre des forces. Dans cet étude, nous illustrons le potentiel d'une approche orientée objet pour la modélisation anatomique et fonctionnelle des structures du vivant.

2.1 Approche

Nous avons développé de nouvelles caractéristiques à un modèle discret présenté dans [Pro96] et [Pro97]. Ce modèle discret est basé sur des techniques de modélisation en informatique graphique [Ter87]. La modélisation de mouvements naturels et d'objets élastiques réalistes se fait de manière efficace à l'aide de modèles d'informatique graphique basés sur la physique. Ces modèles utilisent un petit jeu de données (géométrie des objets et relations entre les objets) et un moteur d'animation utilisant des forces, des énergies ou des déplacements directs pour intégrer les lois de mouvement et de déformation afin de simuler des propriétés physiques complexes.

2.2 Modélisation orientée objet

Afin de modéliser les structures du vivant, nous avons besoin de quatre types de composant distincts :

- composants rigides (afin de modéliser le squelette),
- composants déformables (afin de modéliser les tissus mous),
- composants déformables actifs (afin de modéliser les muscles)
- composants passifs enveloppants (afin de représenter simplement les organes ou les tissus qui ne sont pas pris en compte de manière mécanique mais dont le contour nous intéresse dans un but de représentation ou de mesure).

Afin de modéliser des comportements individuels, chaque composant est considéré comme une entité, chacune ayant ses propres propriétés, son propre historique, et ses propres actions. Afin de manipuler ces entités un modèle informatique et des algorithmes associés sont nécessaires. De plus, comme chacun de ces objets utilise un schéma identique, nous avons choisi de suivre une méthodologie orientée objet. Cette approche donne une structure forte pour l'organisation des concepts et de leurs relations. La modélisation orientée objet nous permet de décrire les propriétés et les actions d'une catégorie complète d'objets, appelée une classe. Chaque objet est ainsi une instance particulière d'un moule mais a un comportement individuel. De plus, cette approche permet d'organiser les classes en une représentation hiérarchique dépendante des propriétés à modéliser. Les lois de comportement décrites dans une classe peuvent dépendre de propriétés intrinsèques, d'interactions avec l'environnement et peuvent changer au cours du temps; elles peuvent aussi être des spécialisations de lois décrites dans d'autres classes. Par exemple un tissu musculaire est considéré comme un tissu élastique auquel on a ajouté des propriétés contractiles. Les propriétés intrinsèques sont principalement des propriétés mécaniques comme l'élasticité, la contractilité et l'incompressibilité. Mais elles peuvent aussi être basées sur des propriétés biochimiques ou génétiques.

Les interactions entre les instances peuvent être en relation avec l'environnement, par exemple la motilité ou la contractilité, ou avec d'autres instances, par exemple dans le cadre de collisions ou d'adhésions.

Dans notre modèle un composant est appelé une région. Il y a quatre types de régions différentes : les régions solides rigides, les régions élastiques, les régions musculaires et les régions enveloppes. Un ensemble de masses (appelés éléments) contrôle les régions et sont organisées dans un réseau. Certaines masses, réparties au contour, permettent de délimiter la surface de la région à l'aide d'un maillage triangulaire. Les éléments sont eux mêmes issus de

classes en fonction de la région dans laquelle ils se situent. Ainsi il existe une hiérarchie similaire à celle des régions pour les éléments.

2.3 Forces de simulation

Afin de générer des forces pour la dynamique, une masse est assignée à chaque élément. Les forces exercées sur les éléments entraînent des déplacements et des déformations. Trois types de forces peuvent être utilisées dans notre noyau fonctionnel : des champs de forces (comme la gravité), des forces locales (par exemple dans le cas de manipulation par l'utilisateur), des Forces Linéaires de Déclenchement (FLD). Les FLD sont utilisées lorsqu'une position cible \mathbf{P}_{cible} est connue pour un élément de position \mathbf{P} . Pour minimiser la distance $|\mathbf{P} - \mathbf{P}_{cible}|$, nous créons un ressort entre \mathbf{P} et \mathbf{P}_{cible} . Cela permet de générer une force \mathbf{F}_{FLD} qui, appliquée à l'élément, l'attire vers la position \mathbf{P}_{cible} . L'expression de \mathbf{F}_{FLD} est simplement :

$$\mathbf{F}_{FLD} = k_{FLD} (\mathbf{P} - \mathbf{P}_{cible}) \quad (1),$$

où k_{FLD} est la raideur du ressort appliqué. Les FLD peuvent être vues comme des forces potentielles qui tendent à minimiser une distance (par exemple lors d'une contraction musculaire ou d'un retour à une configuration de repos). Les FLD permettent de modéliser un grand nombre de forces. La position \mathbf{P}_{cible} peut être dépendante de la géométrie ou de contraintes. Nous nous servons d'une FLD pour définir une force de mémoire de forme locale permettant de simuler efficacement l'élasticité [Pro96]. Dans ce cadre, si l'on considère une région élastique composée de n éléments, nous pouvons définir l'équation d'équilibre de la manière suivante :

$$\mathbf{F} = [\mathbf{K}_r] \mathbf{U} + [\mathbf{K}_p] \mathbf{X}_0 \quad (2),$$

où \mathbf{F} est le vecteur $n \times 1$ qui combine toutes les forces externes et les conditions de bord, $[\mathbf{K}_r]$ la matrice de rigidité $n \times n$ résultant de l'assemblage des relations élastiques dynamiques entre les éléments, \mathbf{U} le vecteur $n \times 1$ représentant les déplacements des éléments, $[\mathbf{K}_p]$ une matrice dite de pré-contrainte $n \times n$, résultant de l'assemblage des relations de voisinages et d'organisation locale entre les éléments et \mathbf{X}_0 le vecteur $n \times 1$ représentant les positions des éléments à l'état de repos.

Une autre FLD permet de définir une force d'activation musculaire : une fois que les directions de contraction sont définies sur les régions musculaires, les positions cibles des éléments musculaires peuvent être définies. La FLD peut être activée en variant le paramètre de raideur durant la simulation. Dans ce cadre, si l'on considère une région musculaire de n éléments, nous pouvons définir l'équation d'équilibre de la manière suivante :

$$\mathbf{F} = \left([\mathbf{K}_r] + \omega [\mathbf{K}_{r_m}] \right) \mathbf{U} + \left([\mathbf{K}_p] + \omega [\mathbf{K}_{p_m}] \right) \mathbf{X}_0 \quad (3),$$

où ω est la fonction d'activation normalisée, $[\mathbf{K}_{r_m}]$ la matrice de contrainte musculaire active $n \times n$ résultant de l'assemblage des relations musculaires dynamiques entre les éléments, et $[\mathbf{K}_{p_m}]$ une matrice dite de pré-contrainte musculaire $n \times n$, résultant de l'assemblage des directions de contraction.

2.3 Contraintes et chargements

Les forces de simulation décrites au paragraphe précédent ne suffisent pas toujours pour obtenir certains comportements. Nous ajoutons des contraintes pour maintenir certaines conditions comme l'incompressibilité, les déplacements nuls forcés ou les espaces impénétrables. Notre algorithme considère les contraintes au court de la simulation comme des déplacements inconnus. On ne peut calculer ces déplacements qu'en fonction des déplacements résultants des forces de simulations (connues). Au cours de la simulation, une fois les forces connues appliquées, on calcule les déplacements dus aux contraintes par projection directe selon la direction du gradient de la contrainte. Ainsi il est possible de prendre en compte l'incompressibilité totale d'une région [Pro97]. De nouvelles améliorations de la méthode publiée précédemment permet le calcul et l'application en temps réel de cette contrainte lorsque la surface externe de la région considérée est composée de triangles.

En ce qui concerne les contraintes d'interaction fortes comme les liaisons fixes entre des régions, elles sont résolues de deux façons différentes selon que la liaison est entre deux régions élastiques (ou musculaires) ou entre une région élastique (ou musculaire) et une région solide rigide. Dans le premier cas, la transmission des forces est déterminée automatiquement par les configuration des voisinages. Dans le second cas, la contrainte de liaison est appliquée par projection directe des éléments de la région élastique sur les éléments rigides une fois que les deux régions ont tenu compte des autres forces de simulation et des autres chargements.

Le modèle peut maintenant aussi prendre en compte des forces ponctuelles connues en intensité et en direction à tout moment de la simulation. Cela permet ainsi d'ajouter des forces extérieures dues à des manipulations par des instruments chirurgicaux.

2.3 Résolution

Afin de prendre en compte les forces de simulation et les contraintes, le moteur d'animation utilise un schéma d'intégration classique (comme Newton-Cotes) et calcule d'abord les déplacements dus aux forces connues, puis les déplacements dus aux contraintes.

3. Résultats

3.1 Évaluation qualitative du modèle

Afin de valider le modèle par des simulations qualitatives, nous présentons un exemple dans lequel nous montrons comment fonctionne la contrainte de liaison entre une région musculaire et une région solide. Dans ce modèle biomécanique discret du bras, un seul muscle est représenté. Les simulations montrent que l'incompressibilité est indispensable pour représenter qualitativement le phénomène correctement (figure 1).

3.2 Évaluation quantitative du modèle

Afin d'évaluer correctement un modèle biomécanique, et ce qu'il soit basé sur la MMC ou non, il doit être comparé à des données réelles. Les paramètres des modèles biomécaniques (ici les coefficients des FLD, la fonction d'activation normalisée), doivent être basées sur les données rhéologiques disponibles et réglés de façon à ce que les simulations résultantes soient comparables à la réalité. Se baser seulement sur les données rhéologiques ne suffit pas car celles-ci ne donnent pas directement d'indications sur les paramètres d'interactions entre tissus. De plus la grande variabilité des mesures ne permet pas toujours de définir un jeu de paramètres universel.

Dans le cas de la biomécanique discrète, contrairement à la MEF, l'équivalence directe entre paramètres rhéologiques et paramètres du modèle est encore plus difficile. Pour valider notre modèle nous avons ainsi du suivre deux pistes : une comparaison théorique et une rétro-validation.

La validation théorique se fait à partir des équations (2) et (3). Elle permet d'identifier les paramètres du modèle en comparant les valeurs des matrices issus du modèle avec celles issus d'une même discrétisation de la MEF. Ce type de comparaison a déjà été menée avec succès pour comparer un modèle masse-ressort et un modèle MEF [Van98] et pour comparer un modèle de tenségrité modélisant la structure cellulaire et un modèle MEF [Wen99]. Le modèle de tenségrité, stipule que le cytosquelette consiste en une structure précontrainte où les microtubules supportent tous les efforts de compression à l'intérieur du cytoplasme, et que ceux-ci sont inclus ça et là dans un réseau continu de filaments d'actine qui, eux supportent uniquement des tensions. Cette validation théorique est en cours.

La rétro-validation se fait de deux façons : d'une part en montrant qu'un objet biomécanique discret modélise un objet vivant de manière convainquante, et d'autre part en montrant que les données de simulation peuvent être comparées à des données réelles autres que des déplacements ou des déformations. Nous avons utilisé notre modèle biomécanique discret à une autre échelle en simulant une cellule érythrocyte (globule rouge) par une région élastique. Les propriétés mécaniques de ces cellules peuvent être extraites in vivo par exemple à l'aide de micro-manipulations par pinces optiques [Hén99]. La FLD modélisant l'élasticité par une mémoire de forme locale produit une simulation précise d'une telle expérimentation [Pro02]. Après avoir comparé les déformations et déplacements résultants d'un modèle du tronc comportant un abdomen incompressible (région élastique), un diaphragme (région musculaire) et une cage thoracique (régions rigides articulées), le tout étant lié par des contraintes d'attachement, et avoir obtenu des résultats qualitativement satisfaisant, nous avons essayé de comparer les données physiologiques synthétiques générées par le modèle au cours d'une manoeuvre respiratoire avec la réalité. La figure 2 montre le modèle utilisé et la courbe de volume/pression observée sur une région enveloppe modélisant les poumons. Dans ce cas le modèle ne parvient pas à produire une simulation suffisamment réaliste. Le retour à la position d'équilibre après un cycle respiratoire ne se fait pas par des déplacements strictement inverse, ce qui ne se rencontre que dans le cas d'une ventilation impotante, mais pas pour le type de respiration simulé ici (respiration de repos). L'hystérésis générée par le modèle est trop importante. On montre bien ici la difficulté due à la prise en compte des interactions inter-structurelles pour lesquels nous n'avons pas de données rhéologiques exploitables.

4. Conclusion

Afin de pouvoir simuler les mouvements ou les déformations des structures vivantes, les modèles théoriques doivent être simplifiés. L'approche de biomécanique discrète brièvement développée ici, bien que présentant certaines difficultés, permet de construire des objets complexes et de modéliser différents types d'interactions. Il reste à valider les principes fondamentaux de ce modèle à l'aide d'une comparaison théorique et à résoudre les difficultés posées lorsque de nombreuses interactions sont présentes dans la simulation.

Quelque soit la solution envisagée pour la modélisation du vivant, l'étape de validation qualitative permet de déterminer la faisabilité de l'approche mais ne suffit pas. L'étape de rétro-validation est indispensable. Elle peut se faire théoriquement sur des objets simples ou par l'intermédiaire de simulations en comparant les déplacements et déformations générées à la réalité. Cependant l'étape de rétro-validation par comparaison des données physiologiques synthétiques générées par les simulations et des données réelles constitue le véritable défi.

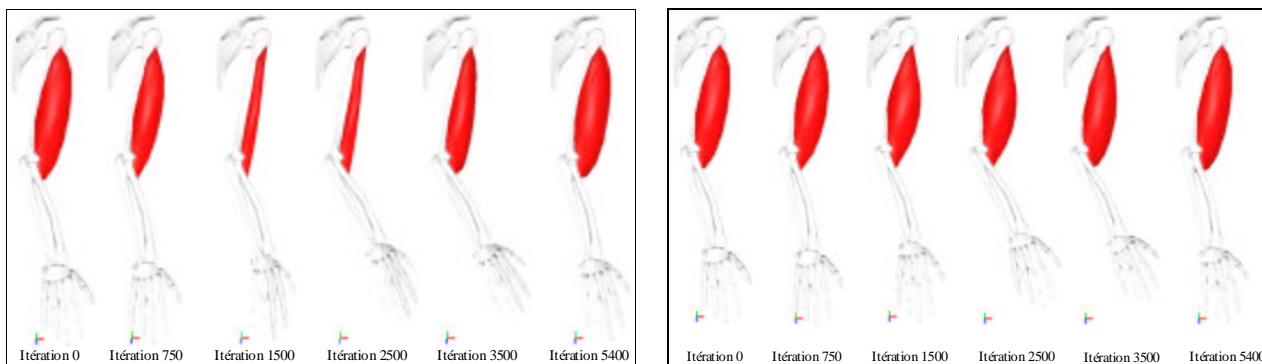


Figure 1. L'épaule et l'humérus sont fixés; contraction et relaxation d'un muscle représentant le biceps (région élastique compressible en bas à gauche, incompressible en bas à droite). La simulation donne des résultats qualitativement satisfaisants (transmission des forces). La contrainte d'incompressibilité permet de plus d'avoir un meilleur rendu visuel.

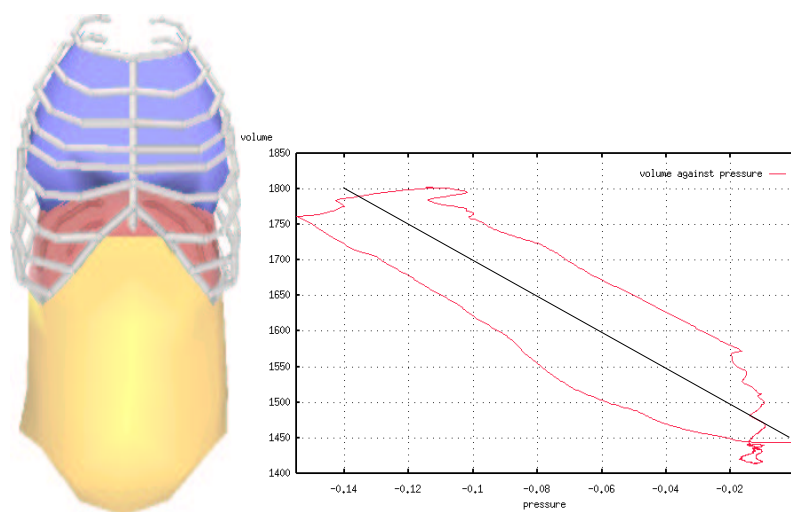


Figure 2. L'objet modélisant le tronc humain est composé par un ensemble de régions solides rigides articulées (cage thoracique), une région élastique musculaire (diaphragme), une région élastique incompressible (l'abdomen) et d'une région enveloppe (permettant de représenter les poumons et de fournir des données physiologiques synthétiques). Chaque côte est modélisée par une région rigide indépendante. L'élasticité de la cage thoracique est contrôlée par les liaisons au sternum. Le courbe de volume/pression calculée après simulation d'un cycle respiratoire sur la région modélisant les poumons est représentée à droite.

Bibliographie

- [Aub00] Aubel A and Thalmann D, "Realistic Deformation of Human Body Shapes", proc. Computer Animation and Simulation 2000, pp:125-135, Interlaken, 2000.
- [Cot99] Cotin, S. and Delingette, H. and Ayache, N. "Real-Time Elastic Deformations of Soft Tissues for Surgery Simulation", IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics, 5(1):62-73, 1999.
- [Cot00] Cotin, S. and Delingette, H. and Ayache, N. "A Hybrid Elastic Model allowing Real-Time Cutting, Deformations and Force-Feedback for Surgery Training and Simulation", 16(8):437:452, 2000.
- [Del98] Delingette, H. "Towards realistic soft tissue modeling in medical simulation", proc. of the IEEE: special issue on virtual and augmented reality in medicine, 86(3):512-523, 1998.
- [Fun93] Fung, Y.C. "Biomechanics: Mechanical Properties of Living Tissues", New York: Springer-Verlag, second edition, 1993.
- [Hén99] Hénon S, Lenormand G, Richert A, Gallet F, "A new determination of the shear modulus of the human erythrocyte membrane using optical tweezers", Biophysical Journal, 76:1145-1151.
- [Kee99] Keeve, . and Girod, S. and Kikinis, R. and Girod, B. "Deformable Modeling of Facial Tissue for Craniofacial Surgery Simulation", Computer Aided Surgery, John Wiley & Sons Inc., New York, invited paper, 3(5):228-238, 1999.
- [Ker01] Kerdok, A. E. and Cotin, S. M. and Ottensmeyer, M. P. and Galea, A. and Howe, R. D. and Dawson, S. L. "Truth Cube: Establishing Physical Standards for Real Time Soft Tissue Simulation", in Keeve, E. and Ayache, N. "Physical Based Modeling," Proceedings of the First International Workshop on Deformable Modeling and Soft Tissue Simulation held November 14-15, 2001 in Bonn, Germany, Elsevier Science, 2002, in print.
- [Pro96] Promayon E, Baconnier P, Puech C. "Physically-based deformations constrained in displacements and volume", Proc. Computer Graphic Forum, Eurographics'96, 15(3):155-164 , 1996.
- [Pic00] Picinbono G., Delingette H., Ayache N., "Real-Time Large Displacement Elasticity for Surgery Simulation: Non-Linear Tensor-Mass Model", Proc. MICCAI 2000, pp 643-652, 2000.
- [Pro97] Promayon E, Baconnier P, Puech C, "Physically-based model for simulating the human trunk respiration movements", Proc CVRMED II -MRCAS III. Lecture notes in Computer Science, vol 1205, pp 379-388, Springer Verlag. 1997.
- [Pro02] Promayon E., Martiel J.-L., Tracqui P. "Physically-based 3D simulations of cellular traction forces, migration and cytokinesis of cells adherent to an elastic substratum", in Alt, W. and Chaplain, M. and Griebel M. and Lenz, J. "Polymer and cell dynamics: multiscale modeling and numerical simulations", Birkhäuser, Basel, 2002, in print.
- [Ter87] Terzopoulos D, Platt J, Barr A, Fleischer K. "Elastically Deformable Models". Proc. Computer Graphics, SIGGRAPH'87, 21(4):205-214, 1987.
- [Sch97] Scheepers F, Parent R, Carlson W, May S, "Anatomy-Based Modeling of the Human Musculature", Proc. Computer Graphics, SIGGRAPH'97, vol 31, pp 163-172, 1997.
- [Van98] Van Gelder, A. "Approximate Simulation of Elastic Membranes by Triangulated Spring Meshes," Journal of Graphics Tools, 3:21-42, 1998.
- [Wen99] Wendling, S. and Oddou, C. and Isabey, D. "Stiffening response of a cellular tensegrity model." J. Theor Biol, 196:309-325, 1999.
- [Wil97] Wilhelms J and Van Gelder A, "Anatomically Based Modeling", Computer Graphics, SIGGRAPH'97, 31:173-180, 1997.