

# Simulation 3D éléments-finis du muscle squelettique en temps-réel basée sur une approche multi-modèles

Mohamed Yacine Berranen

▶ **To cite this version:**

Mohamed Yacine Berranen. Simulation 3D éléments-finis du muscle squelettique en temps-réel basée sur une approche multi-modèles. Automatique / Robotique. Université Montpellier, 2015. Français. NNT : 2015MONTS043 . tel-01542506

**HAL Id: tel-01542506**

**https://theses.hal.science/tel-01542506**

Submitted on 19 Jun 2017

**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

Pour obtenir le grade de

**Docteur**

Délivré par l'**Université de Montpellier**

Préparée au sein de l'école doctorale **ISS**
Et de l'unité de recherche **LIRMM UMR 5506**

Spécialité: **Génie informatique, automatique et traitement du signal**

Présentée par **Mohamed Yacine Berranen**

# Simulation 3D éléments-finis du muscle squelettique en temps-réel basée sur une approche multi-modèles

Soutenue le 17/12/2015 devant le jury composé de

| | | | |
|---|---|---|---|
| Mr Raphael DUMAS | Dr | Université Claude Bernard Lyon 1 | Président du jury |
| Mr David GUIRAUD | DR | Université de Montpellier | Directeur |
| Mr Mitsuhiro HAYASHIBE | CR | Université de Montpellier | Co-encadrant |
| Mr Benjamin GILLES | CR | Université de Montpellier | Co-encadrant |
| Mr François FAURE | Pr | Université Joseph Fourier Grenoble | Rapporteur |
| Mr Philippe GORCE | Pr | Université de Toulon | Rapporteur |

# CONTENU

**Liste des Figures** vii

**List of Tables** xi

**List of Tables** xi

**1 Anatomie du système musculo-squlettique humain** 7
1.1 Introduction . . . 8
1.2 Anatomie du squelette . . . 8
1.2.1 Le squelette . . . 8
1.2.2 Fonctions du squelette . . . 8
1.2.3 Les os . . . 8
1.2.4 Le cartilage . . . 9
1.2.5 Les articulations . . . 10
1.2.5.1 Articulations synoviales . . . 10
1.2.5.2 Types d'articulations synoviales . . . 11
1.3 Anatomie du systême musculaire . . . 12
1.3.1 Les muscles . . . 12
1.3.2 Les muscles squelettiques . . . 12
1.3.3 Propriétés fonctionnelles des muscles squelettiques . . . 12
1.3.4 Anatomie du muscle . . . 13
1.3.4.1 Activation des muscles (stimulus nerveux) . . . 14
1.3.5 Contraction d'un muscle squelettique . . . 14
1.3.5.1 Phénomène de l'escalier . . . 15
1.3.5.2 Contractions isotoniques et isométriques . . . 15
1.3.5.3 Types de fibres et fatigue musculaire . . . 16
1.3.6 Architecture des muscles . . . 16
1.3.6.1 Agencement parallele et fusiformes . . . 17
1.3.6.2 Agencement penné . . . 17
1.3.6.3 Agencement convergent . . . 18
1.3.6.4 Agencement circulaire . . . 18
1.3.7 Angle de pennation . . . 18
1.3.8 Méthodes de reconstruction de l'arrangement fasciculaire . . . 19
1.3.8.1 Dissection de cadavres . . . 19
1.3.8.2 Ultrasonographie . . . 20
1.3.8.3 Imagerie par résonance magnétique (IRM) . . . 21
1.3.9 Tendons . . . 22
1.3.9.1 Aponévroses . . . 23
1.4 Conclusion . . . 23

**2 Modélisation du système musculo-squelettique** **25**
2.1 Introduction . . . 26
2.2 Mécanique des milieux continus . . . 27
2.2.1 Representations Lagrangienne et Eulériennes . . . 28
2.2.2 Déformations . . . 28
2.2.2.1 Invariants du tenseur des déformations . . . 29
2.2.3 Contraintes . . . 30
2.2.4 Lois de comportement . . . 31
2.2.4.1 Le comportement élastique . . . 31
2.2.4.2 Le comportement hyper-élastique . . . 33
2.2.4.3 Le comportement viscoélastique . . . 34
2.2.4.4 Le comportement plastique . . . 35
2.2.5 Modèles de Hill . . . 36
2.2.6 Modèles de Huxley (cross-bridge) . . . 38
2.3 Modélisation volumique du muscle basée masses-ressorts . . . 41
2.4 Modélisation volumique du muscle basée éléments finis . . . 43
2.4.1 Méthode des éléments finis basée déplacement . . . 44
2.4.1.1 Equation d'équilibre en termes de déformations . . . 44
2.4.1.2 Discrétisation . . . 46
2.4.1.3 Exprimer l'énergie potentielle comme une fonction de déplacement des nœuds . . . 48
2.4.2 Méthode des éléments finis basée déformations dynamiques . . . 50
2.4.3 Modélisation volumique du muscle basée volumes finis . . . 53
2.5 Modèles géométriques de simulation du muscle . . . 54
2.5.1 Modèles unidimensionnels . . . 54
2.5.1.1 Représentation par ligne droite . . . 54
2.5.1.2 Représentation par barycentres . . . 55
2.5.1.3 Représentation par courbes et surfaces d'enveloppement 56
2.5.1.4 Représentation par modèle de Cosserat . . . 57
2.6 Conclusion . . . 58

**3 Modélisation découplé des elements passifs et actifs du muscle** **59**
3.1 Introduction . . . 60
3.2 Principe du couplage cinématique . . . 60
3.3 Modèlisation volumique des tissus musculaires isotropes . . . 63
3.3.1 Fonction de densité d'énergie de déformation du tissu musculaire isotrope . . . 63
3.3.2 Fonction de densité d'énergie de déformation du tissu isotrope des tendons et aponévroses . . . 64
3.4 Intègration de l'anisotropie musculaire par renforcement de fibres . . . 65
3.5 Modèlisation des tendons et aponèvroses . . . 67

3.6 Validation de la production de force . . . . . 68
3.6.1 Validation sur un seul hexaèdre . . . . . 68
3.6.2 Poutre . . . . . 69
3.6.3 Géométrie complexe . . . . . 71
3.6.4 Validation de la force pour un muscle entier . . . . . 74
3.6.5 Influence de la résolution des fibres sur la force . . . . . 76
3.7 Validation des déformations . . . . . 78
3.8 Etude des performances . . . . . 80
3.9 Conclusion . . . . . 81

**4 Modélisation volumique pour la simulation temps-réel de muscle de patient spécifique 83**
4.1 Introduction . . . . . 84
4.2 Méthode classique de modélisation du muscle à partir de données d'imagerie . . . . . 85
4.2.1 Introduction aux Splines . . . . . 85
4.2.2 Méthode classique de modélisation du muscle à partir de données d'imagerie . . . . . 86
4.3 Modélisation volumique et simulations temps-réel de muscles à architecture de fibres complexes . . . . . 88
4.3.1 Reconstruction de la géométrie volumique du muscle . . . . . 89
4.3.2 Simulations . . . . . 90
4.4 Etude de l'influence de l'architecture musculaire sur le rendement du muscle . . . . . 93
4.4.1 Modélisation des différentes architectures . . . . . 93
4.4.2 Comparaison . . . . . 95
4.5 Conclusion . . . . . 96

**General Conclusion 97**
Concluding remarks . . . . . 97
Perspectives . . . . . 98

**List of Publications 101**

**Bibliographie 101**

**Bibliographie 103**

# LISTE DES FIGURES


1.1 Les quatre principales catégories d'os du squelette humain . . . . . 9
1.2 Structure d'une articulation synoviale . . . . . 10
1.3 Anatomie des muscles squelettiques . . . . . 13
1.4 Activation des muscles squelettiques par les unités motrices (Marieb 2000) 14
1.5 Contraction musculaire : phénomène de l'escalier . . . . . 15
1.6 Arrangement de faisceaux penné . . . . . 17
1.7 [Fung et al., 2009] : Arrangement convergent des faisceaux musculaires du pectoralis major, avec mise en évidence de la structure multicouches . 20
1.8 [Rana and Wakeling, 2011] : reconstruction 3D de l'arrangement des fascicules musculaires à partir d'ultrasonographie 3D . . . . . 21
1.9 [Rana and Wakeling, 2011] : reconstruction 3D de l'arrangement des fascicules musculaires à partir d'ultrasonographie 3D . . . . . 22

2.1 Déformation d'une balle en mousse molle sous contrainte . . . . . 27
2.2 Gradient de transformations $\overline{\overline{F}}$ qui relie l'état initial à l'état final . . . . . 29
2.3 Traction simple sur une facette principale . . . . . 30
2.4 Cisaillement pur sur l'axe y d'une poutre . . . . . 31
2.5 Loi de comportement élastique linéaire : contrainte-déformation . . . . . 32
2.6 Module de Young . . . . . 33
2.7 Coefficient de Poisson . . . . . 33
2.8 Loi de comportement élastique linéaire : contrainte-déformation . . . . . 34
2.9 Modèle rhéologique de Kelvin-Voigt représenté par un ressort purement visqueux et un ressort hookéen en parallel. La contrainte totale est la somme des contraintes du ressort E et de l'amortisseur $\eta$ . . . . . 34
2.10 Loi de comportement élastique linéaire : contrainte-déformation . . . . . 35
2.11 Réorganisation des atomes lors d'une déformation plastique . . . . . 35
2.12 Relation force longueur de l'élément contractile . . . . . 37
2.13 Modèle de Hill à trois composants. CE (élément contractile), SE (élément élastique en série), PE (élément élastique en parallèle). . . . . 38
2.14 Modèle de Huxley à deux états [Huxley, 1957]. . . . . 39
2.15 Les fonctions f et g en fonction de $\xi$ (x) . . . . . 40
2.16 Modélisation des déformations du Pectoralis Major par un système masse-ressort. . . . . 41
2.17 A gauche les ressorts qui représentes le comportement viscoélastique, à droite les fibers reconstruites par les B-splines. . . . . 43
2.18 Certains éléments 2D et 3D communs utilisés en FEM. (A) élément linéaire triangulaire à 3 nœuds, (B) élément rectangulaire linéaire à 4 nœuds , (C) élément triangulaire quadratique à 6 nœuds, (D) élément de Lagrange à 9 nœuds, (E) élément tétraédrique à 4 nœuds, et (F) élément en brique à 20 nœuds. . . . . 47

2.19 Certains éléments 2D et 3D communs utilisés en FEM avec leurs fonctions de forme . . . . . 48
2.20 Sens géométrique des invariants de [**?**] . . . . . 51
2.21 Modélisation muscle à architecture de fascicules complexe. Le modéle constitutif permet d'observer les déformations au sein de chaque fibre et de calculer son couple articulaire, afin de le comparer à des modéles 1D de la littérature. . . . . 53
2.22 Le modèle du muscle subscapularis attaché au modèle osseux de la scapula basés sur l'approche FVM de [Teran et al., 2003] . . . . . 53
2.23 Représentation par lignes droites des muscles de la hanche . . . . . 55
2.24 Représentation par barycentre de la ligne d'action du rectus femoris . . . 55
2.25 Représentation du déplacement du barycentre du psoas durant le mouvement de la colonne vertébrale . . . . . 56
2.26 A gauche de l'image on observe les surface d'enveloppement (Wrapping surfaces), tandis qu'a droite on peut voir les points intermédiaires (via points). . . . . 57

3.1 Loi de comportement élastique linéaire : contrainte-déformation . . . . . 61
3.2 Constantes matérielles pour la matrice de tissu musculaire . . . . . 64
3.3 Constantes matérielles pour les tendons et aponévroses . . . . . 64
3.4 Muscle volumique avec arrangement de fibres musculaires parallel et mapping rigide des fascicules musculaires sur les nœuds FEM . . . . . 65
3.5 Relation force-longueur de l'élément contractile du muscle volumique . . 66
3.6 Relation force-longueur de l'ensemble du muscle volumique . . . . . 67
3.7 Déformations du muscle durant une contraction isométrique avec des activations respectives de gauche à droite de 0, 0.5 et 1. . . . . 67
3.8 Haut : Mesures EMG (bleu) et activation (rouge). Bas : Comparaison de la force normalisé entre le modéle unidimensionnel (bleu) et volumique (rouge). . . . . 68
3.9 Simulations contraction isométrique d'un hexaèdre. A gauche : modélisation par couplage barycentrique (8 points d'integration, l'énergie intégrée est isotrope + 1 point anisotrope au milieu). A droite : modélisation FEM classique (8 points d'intégration, l'énergie intégrée est anisotrope). . . . 69
3.10 Haut : Comparaison de la force isométrique entre le couplage cinématique (bleu) et la FEM classique (rouge). Bas : Comparaison de la force non-isométrique entre le couplage barycentrique (bleu) et la FEM classique (rouge). . . . . 70
3.11 Simulations contraction isométrique d'une poutre. A gauche : modélisation par couplage barycentrique. A droite : modélisation FEM classique . 70

3.12 Haut : Comparaison de la force isométrique d'une poutre entre le couplage barycentrique (bleu) et la FEM classique (rouge). Bas : Comparaison de la force non-isométrique d'une poutre entre le couplage barycentrique (bleu) et la FEM classique (rouge). . . . . 71
3.13 Processus de création des différentes résolutions de muscle, la face principale du muscle est subdivisée, puis les hexaédres vides sont supprimés 72
3.14 Tableau récapitulatif des différentes résolutions éléments finis utilisées afin de comparer la méthode du mapping barycentrique à la méthode des éléments finis en terme de sensibilité à la résolutions FEM. . . . . 72
3.15 Élément contractile du muscles. Gauche : Méthode du couplage barycentrique. Droite : Méthode des éléments finis classique . . . . . 73
3.16 Comparaison de la force produite par l'élément contractile en isométrique en fonction de la résolution (nombre d'hexaédres) . . . . . 73
3.17 Tableau de comparaison de la force produite par l'élément contractile en isométrique en fonction de la résolution (nombre d'hexaédres) . . . . . 74
3.18 Etat initial du muscle. Gauche : Méthode du mapping barycentrique. Droite : Méthode des éléments finis classique . . . . . 75
3.19 Comparaison de la force isométrique mesurée sur les extrémités des tendons en fonction de la résolution (nombre d'hexaédres) . . . . . 75
3.20 Tableaux comparatifs de la force isométrique mesurée sur les extrémités des tendons en fonction de la résolution (nombre d'hexaédres) . . . . . 76
3.21 Contraction non-isométrique d'un hexaèdre avec la méthode du mapping barycentrique et une densité de fibres élevée. . . . . 77
3.22 Tableau comparatif des forces selon la résolution éléments finis et la résolution des fascicules musculaires . . . . . 77
3.23 Etat déformé du muscle. Fascicules rouges : Méthode du couplage cinématique. Fascicules jaunes : Méthode des éléments finis classique . . . . 79
3.24 Déformations moyennes des noeuds éléments finis de chaque simulation 79
3.25 Tableaux récapitulatif des performances en terme de rapidité en FPS de chaque simulation. . . . . 80
3.26 Tableaux récapitulatif des performances en terme de rapidité en FPS de chaque simulation. . . . . 80
3.27 Tableaux récapitulatif des résultats de de forces et déformations par rapport à l'état initial en fonction de la résolution pour la méthode du couplage barycentrique. . . . . 81

4.1 Une courbe de spline cubique. La forme de la courbe est éditée par le déplacement du point de contrôle C vers C' . . . . . 86

4.2 Création de mailles volumiques de chaque muscle à partir de modèles de surface segmentée. Les maillages hexaédriques sont créés en grâce au mapping de modèles de maillages hexaédriques (A) à travers une série de projection (B) vers un maillage destination (C) . . . . . 87
4.3 Modèle de rectus femoris après recalage par shape-matching . . . . . 89
4.4 (a,b,c) : Approximations géométriques d'architecture de muscles complexes (Bipennée) passant du cube à une forme musculaire théorique simple. . . . . 90
4.5 Reconstruction de l'architecture des fascicules musculaires, à partir des acquisitions IRM et d'un template de fibres bipenné . . . . . 91
4.6 Rectus Femoris après recalage du template avec reconstruction de l'architecture des fascicules musculaire, tendons et aponévroses . . . . . 92
4.7 Constantes matérielles pour la matrice de tissu musculaire . . . . . 92
4.8 Constantes matérielles pour les tendons et aponévroses . . . . . 92
4.9 Déformations du rectus femoris soumis à une contrainte normal à la ligne d'action de force du muscle, pour des activations respectives de 0, 0.5 et 1. Les couleurs montrent les déformations principales maximales à l'intérieur du muscle sur le plan sagittal. La raideur du muscle sur le plan transversal augmente proportionnellement à son activation, donc sa force. 93
4.10 (a,b,c) : Approximations géométriques d'architecture de muscles complexes (Parallèles, Bipennée, Pennée) ainsi que leurs équivalent en modélisation unidimensionnelle. (d) : Surface musculaire générique de forme elliptique, intégrée par un maillage éléments finis grossier généré par rastérisation. . . . . 94
4.11 Comparison of our 3D complex fiber architecture with coarse FEM resolution (in red), the same 3D complex fiber architecture with fine FEM resolution (black) and single-fiber model (in blue). Total forces are measured on tendon extremities while varying muscle activation in time. . . 95

# Introduction

## Problématique médicale

Les résultats des chirurgies orthopédiques correctrices sont difficilement prévisibles et, malheureusement, parfois infructueux. Cela est dû au fait que pour un même problème moteur, les origines pathologiques peuvent être multiples. Les méthodes de diagnostique actuelles ne permettent pas, dans certains cas, d'identifier la principale cause d'un trouble du mouvement. Une approche serait de modéliser le système musculo-squelettique du patient avant l'opération, puis d'élaborer un protocole de soin personnalisé. Aucun outil à l'heure actuelle n'offre la possibilité de modéliser tout le système locomoteur de manière volumique, avec représentation des déformations des tissus mous (muscle, tendons, aponévroses) ainsi que des fonctions physiologiques et mécaniques.

D'autres maladies résultantes d'un handicap majeur sont encore très peu comprises, malgré une prévalence dans la population conséquente. Une de ces maladies est l'escarre, lésion cutanée profonde. La maladie est couteuse et altère la qualité de vie des patients. Pourtant, peu d'études ont été menées sur le thème. En France, il y aurait 300 000 personnes qui souffrent d'escarres [1]. 34% à 46% des blessés médullaires souffriront dans les 2 années suivant leur accident de problèmes d'escarres. Actuellement, aucun logiciel ne permet la simulation personnalisée des contraintes subies par le corps d'un patient paralysé ou handicapé fonctionnel, durant des contactes prolongés ou récurants avec des dispositifs médicaux conçus de manière standard et non adaptés à sa morphologie. Ces simulations permettront l'élaboration de nouveaux protocoles de fabrication de dispositifs médicaux adaptés à la pathologies et la morphologie de chaque patient spécifique.

Malgré les avancées technologiques, nous ne connaissons que peu de choses sur les particularités architecturales de chaque muscle et leur correlation avec le mouvement. Il a été démontré dans de récentes études sur l'arrangement des fascicules musculaires, que chaque architecture avait un rôle physiologique et mécanique particulier. D'autres questions se posent, tel que l'effet d'une ossature déformée, de l'âge, du sexe, sur l'anatomie du muscle et son efficacité en terme de force produite ? Les techniques d'imagerie avancée, combinée à de nouvelles méthodes de modélisation, permettront la création de modèles personnalisés, qui répondrons à ces questions.

1. http://www.has-sante.fr/portail/upload/docs/application/pdf/escarresdef_long.pdf

# Contexte technique

La modélisation informatique des muscles fournit un outil puissant pour simuler, visualiser et analyser les résultats. Toutefois, les thématiques de recherche concernant la simulation du système musculo-squelettique sont souvent radicalement différentes. Alors que certains se concentrent sur l'étude des mouvements des membres, d'autres observent les déformations musculaires dans de très petites regions volumiques de quelques millimètres cubes.

De nombreux modèles et frameworks développés, généralement basées sur le modèle de Hill en ce qui concerne la production de force, considèrent le muscle comme un segment unidimensionnel (1D) avec des contraintes géométriques de matériaux environnants, afin de fournir des simulations interactives des mouvements des membres en temps-réel, accompagnées d'informations physiologiques et mécaniques exactes. Cependant, les modèles musculaires 1D sont basés sur des paramètres groupés, qui ne conviennent pas à la représentation du comportement de muscles, à l'arrangement des faisceaux musculaires complexe. En outre, ils nécessitent des hypothèses multiples avec des paramètres difficilement identifiables, sans fournir d'informations sur les déformations volumiques musculaires lors de la contraction.

Pour surmonter les limitations des modèles unidimensionnels, le muscle est simulé dans tout son volume, provenant d'acquisitions IRM de sujets spécifiques, en détaillant l'arrangement des fascicules et la configuration des tendons. L'approche classique de la modélisation volumique repose sur la méthode des éléments finis (FEM). Elle permet une simulation des déformations musculaires en 3D détaillées, avec représentation des fonctions physiologiques. La méthode repose sur des éléments volumiques (tétraèdres ou hexaèdres) représentant une quantité discrete de matières. Chaque direction de fascicule musculaire nécessite un élément fini à part entière. La résolution éléments finis doit alors s'adapter à la complexité architecturale du muscle. Ce qui rend les simulations difficiles à implémenter, puis très couteuses en temps de calcule. Les méthodes de modélisation classiques basées sur la FEM, sont difficilement envisageables pour des simulations en temps-réel de mouvement locomoteur impliquant plusieurs muscles et os.

Une des problématiques majeures en ce qui concerne la simulation volumique des muscles, est la caractérisation de l'architecture musculaires (arrangement des fascicules, configuration des tendons et aponévroses). Il n'existe actuellement pas de méthode permettant d'observer et reconstituer directement l'arrangement des fascicules musculaires, en particulier des muscles profonds. Nous ne connaissons encore que très peu le rôle des muscles en correlation avec leur architecture. Les méthodes actuelles

permettant d'approcher l'architecture des muscles, sont peu performantes ou dans le cas inverse archaiques et difficiles à mettre en place.

## Objectifs

L'objectif de cette thèse est dirigé par les contributions nombreuses qui restent encore à apporter dans le domaine. Il est apparu après un état de l'art minutieux, qu'il y avait encore des thématiques de recherche inexplorées pour la modélisation et la simulation du système locomoteur. Les méthodes de modélisation actuelles sont complexes ou pas assez précises, elles manquent de flexibilité. Le temps de simulation est quant à lui extrêmement long. Une approche hybride entre la modélisation 1D et 3D a été adoptée, avec les objectifs suivants :

- Développer une méthode qui facilitera la caractérisation de l'architecture musculaire à partir des acquisitions IRM.
- Séparer la modélisation de la partie active du muscle (arrangement des fascicules) de sa partie passive (résolution éléments finis), de manière à offrir plus de flexibilité, en réduisant la complexité.
- En diminuant le nombre d'éléments finis garantissant la cohérence des résultats, nous diminuons le temps de calcul nécessaire à chaque pas de simulation.

Les applications peuvent être les suivantes :

- Fournir une plateforme permettant à partir de surfaces musculaires de reconstruire l'architecture interne complexe de manière quasi-automatique.
- Passer d'une architecture complexe (arrangement des fascicules, aponévroses et tendons) à un organe numérique volumique actif, qui représente les fonctions mécaniques et physiologiques d'un patient spécifique.
- L'outil permettra la planification d'operations chirurgicales orthopédiques assistée par ordinateur, tel que le transfert tendineux en identifiant le point de transfert optimal par simulation.
- Dispositifs médicaux personnalisés, qui prennent en compte les changements anatomiques du patient, durant les phases de contractions musculaires. En simulant les effets d'appuis prolongés, de prédéterminer les zones de frottements excessifs, de formation d'escarres et de lésions liées à l'utilisation d'objets
- Les aspects dynamiques des simulations permettront d'étudier les énergies mises en jeu lors de phases de mouvements de la vie courante, aussi de comprendre les fonctions musculaires à des fins de traitement, ou de prévention des blessures et l'amélioration des performances (le cas des sportifs de haut niveau).

## Contribution

Dans cette thèse nous nous concentrons sur la modélisation volumique du muscle basée sur la méthode des éléments finis (FEM), avec représentation de l'architecture complexe des fascicules musculaires via une approche multi-modèles qui repose sur le mapping barycentrique. Cette approche permettra l'étude des déformations et de la force musculaire d'un patient spécifique en temps-réel. La modélisation gagnera en simplicité et en flexibilité. Le temps de calcul sera considérablement amélioré, permettant une vitesse de simulation élevée, sans perdre en précision de mesures des données force-déformations.

Nos méthodes utilisent les travaux précédents sur la représentation tri-dimensionnelle de la géométrie et l'architecture complexes des muscles de [Blemker and Delp, 2005]. De plus, notre travail s'inspire de la définition mathématique de [Chi et al., 2010] qui caractérise la densité d'énergie de déformations du muscle squelettique, que nous avons emprunté pour notre approche multi-modèles

En rapport avec les méthodes précédentes, nous revendiquons les avancées suivantes :

- Amélioration de la représentation tri-dimensionnelle des muscles de patients spécifiques avec architecture et géométrie complexes, à partir de mesure IRM. La méthode est plus flexible et rapide que les précédentes.
- Simulation en temps-réel des déformations et forces musculaires d'un modèle de muscle reconstruit à partir des mesures IRM, avec une entrée d'activation actualisée en temps-réel, directement à partir de mesures EMG de surface sur le patient.
- La modélisation d'un muscle nécessite plus de compétence qu'une équipe de recherche peut envisager maitriser. L'approche multi-modèles permet un travail collaboratif, ou chaque spécialiste se focalise uniquement sur son domaine de compétence. La modélisation en est extrêmement simplifiée.
- Les vitesses de simulations que nous avons atteint avec des machines standards, permettent d'envisager des simulations d'une articulation entière avec d'excellentes performances en terme de vitesse de calcul.

## Résultats

Nous démontreons l'efficacité des techniques proposées par rapport aux méthodes précédentes dans les aspects suivants :

- **Précision :** à travers une validation adéquate, nous démontrons que la précisions de notre méthode en terme de déformations est de l'ordre du dixième de

millimètre ($0.1mm$), puis de l'ordre du cinquième de Newton ($0.2N$) en ce qui concerne la force. Nous analysons la précision par rapport à la méthode des éléments finis classique, et en particulier les travaux validé par [Chi et al., 2010] et [Hodgson et al., 2012] qui étudie les déformations du muscle pour différentes fonctions de densité d'énergie choisies.

– **Complexité :** notre approche multi-modèles permet de réduire la complexité de la modélisation, en découplant le muscle en un ensembles de petits modéles de moindre complexité, puis en les assemblant grâce à un mapping (couplage) barycentrique linéaire, ce qui facilite le travail des chercheurs en leur permettant de se concentrer sur leur propre domaine d'expertise, tout en réutilisant les contributions d'autres experts.

– **Flexibilité :** La méthode proposée est générique et ne dépend pas des modèles actifs ou passifs du muscle choisis. On peut modifier un modèle d'élément contractile en gardant la même fonction de densité d'énergie passive et inversement. La discrétisation des fascicules musculaires et des degrés de liberté du tissu conjonctif du muscle peuvent être modulés de manière totalement indépendante.

– **Robustesse :** Notre méthode est valide sur un large interval de combinaisons de discrétisations (éléments finis-fascicules). Elles est valables peut importe le type d'architecture de fascicules musculaires ou la morphologie spécifique d'un patient.

# Chapitre 1

# Anatomie du système musculo-squlettique humain

# 1.1 Introduction

# 1.2 Anatomie du squelette

## 1.2.1 Le squelette

Le squelette constitue la charpente de l'anatomie humaine, sans lequel nous serions incapables d'adopter une une posture verticale avec un systéme musculo-squelettique basé sur le principe des leviers. Il est constitué d'environ 206 os de différents types mais aussi de cartilages osseux. Il est commode de diviser l'étude du squelette en deux parties :

- Le **squelette axial** qui définit l'axe longitudinal du corps humain. Il est composé de 80 os comprenant ceux de la tête, la colonne vertébrale ainsi que la cage thoracique.
- Le **squelette appendiculaire** inclut quant à lui les 126 os des membres (inférieurs et supérieurs), et les ceintures (épaules et hanches) qui fixent les membres au squelette axial.

## 1.2.2 Fonctions du squelette

Le squelette assurent plusieurs fonctions vitales, on peut citer :

- **Soutien.** De par sa nature solide, le squelette constitue une structure qui supporte l'ensemble de notre corps, en priorité les organes mous.
- **Protection.** Le squelette sert d'ancrage aux organes mais les protége aussi des chocs extérieurs. Le crâne par exemple recouvre étroitement l'encéphale.
- **Mouvement.** Le squelette ainsi que les muscles squelettiques (les deux reliés à l'aide des tendons) sont les deux protagonistes principaux du mouvement, grâce à un système de levier permettant de déplacer les différentes parties du corps.

## 1.2.3 Les os

Les os sont les principaux composants du squelette humain. Faits principalement de tissu osseux solide, ils sont considérés malgré tout comme des organes, car constitué de différents types de tissus. Il existe une multitude de tailles et de formes d'os, chacune dédiée à un besoin anatomique particulier. Les os sont classés communément selon leur forme, en quatre catégories :

- **Os longs.** On retrouve les os longs, tel que le femur, dans les membres supérieurs et inférieurs. Ils sont composés de deux extrémités et d'un corps cylindrique muni d'une cavité centrale remplie de moelle.

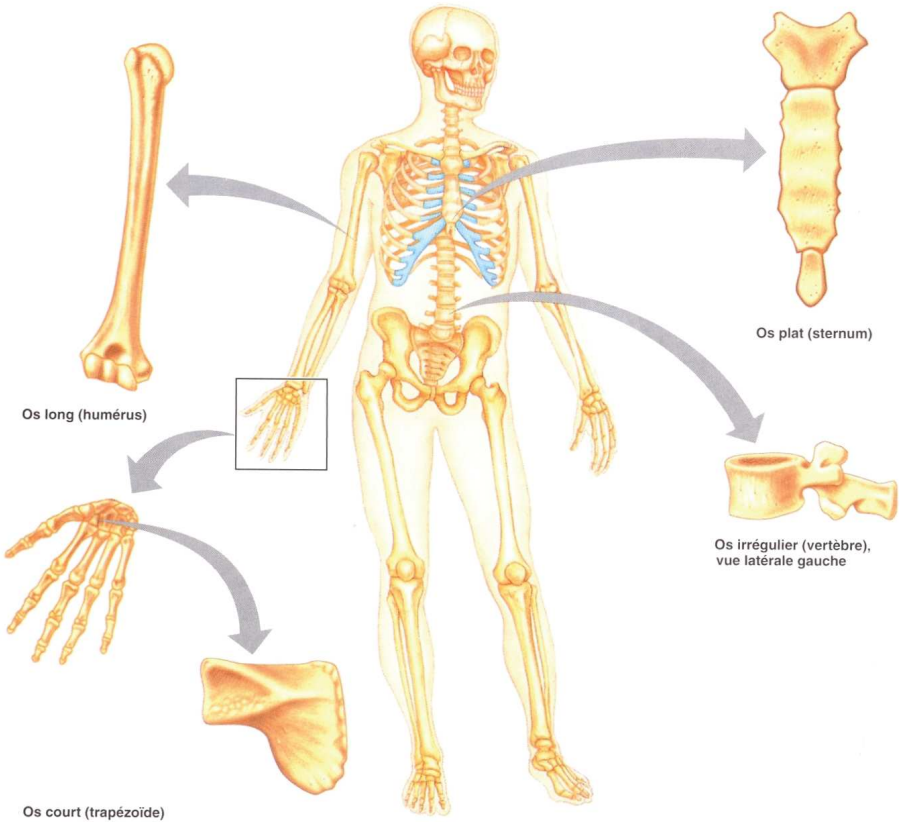



FIGURE 1.1 – Les quatre principales catégories d'os du squelette humain

- **Os courts.** Les os courts sont plus ou moins de forme cubique. On les retrouve dans les articulations du poignet et de la cheville mais aussi la rotule. Ils fournissent beaucoup de force au squelette en dépit de leur compacité. Les os sésamoides sont un type particulier d'os court, telle que la patella. Ce sont des os courts entourés de tendons, qui transmettent la force de traction de ces derniers.
- **Os plats.** Les os plats servent en particulier à protéger les parties les plus sensibles du corps, comme le cerveau entouré par les os plats du crâne, ou le coeur par le sternum.
- **Os irréguliers.** Il y a des os qui ne présentent pas de forme géométrique simple et ne peuvent être catégorisés selon leur forme, tel que l'os du coccyx.

### 1.2.4 Le cartilage

Parmi les composants du squelette, le cartilage osseux. C'est un tissu constitué principalement d'eau, ce qui lui confère son élasticité et donc sa capacité à reprendre sa forme initiale. Son rôle principal est de siéger dans les régions subissant de fortes pressions comme les articulations, ou fortes déformations telles que les oreilles. Le cartilage est dépourvu de nerfs et vaisseaux sanguins, il se développe donc et se répare beaucoup plus lentement que les autres tissus du corps humain. Il est entouré d'une membrane

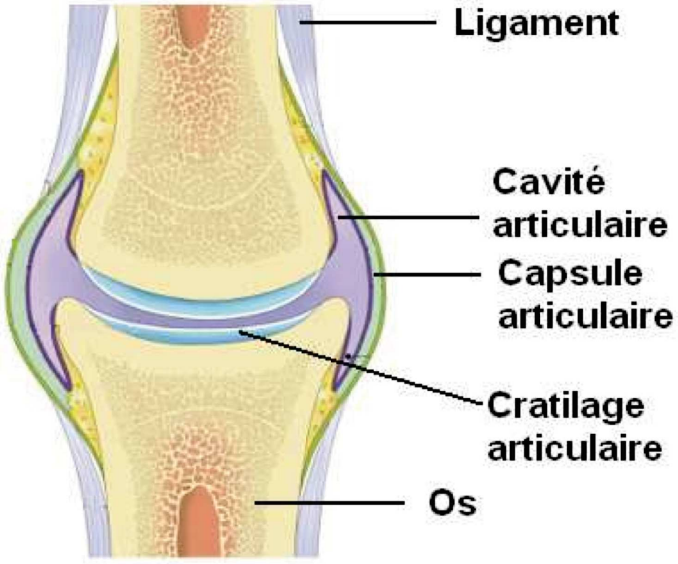



FIGURE 1.2 – Structure d'une articulation synoviale

de tissu conjonctif dense (périchondre), qui contient son expansion lorsqu'il subit une compression.

### 1.2.5 Les articulations

Les articulations sont les jonctions entre deux ou plusieurs os, dont le rôle est de permettre au corps une certaine mobilité ainsi que la protection des os à travers le cartilage. Les articulations sont les composantes de notre squelette les plus sujettes aux blessures, malgré une grande résistance aux forces subies durant le mouvement telle que l'écrasement et le cisaillement.

#### 1.2.5.1 Articulations synoviales

Il existe trois types d'articulations, qui sont les articulations fibreuses, les articulations cartilagineuses et les articulations synoviales. Ces dernières permettent la majorité des mouvements du corps, grâce aux caractéristiques suivantes :

- Le **cartilage articulaire** protège les os joints par l'articulation synoviale des compressions subies durant le mouvement.
- La **cavité articulaire** est un espace qui renferme le liquide synovial.
- La **capsule articulaire** permet de fermer hermétiquement et donc de circonscrire le volume de la cavité articulaire.
- Le **liquide synovial** occupe l'espace de la cavité articulaire. C'est un liquide visqueux dont la viscosité diminue avec l'augmentation de la température proportionnellement au mouvement de l'articulation.

– Les **ligaments** sont des bandes de tissu fibreuses, légêrement élastiques qui relient les os contigus, à travers les articulations. Ils participent à l'orientation du mouvement des os et imposent des butées articulaires.

#### 1.2.5.2 Types d'articulations synoviales

Les articulations synoviales possèdent toutes des caractéristiques anatomiques en commun, pourtant, elles se différencient de par la forme de leur surface articulaire, qui définit les dégrés de liberté (DOFs) que possède une articulation. Ainsi, selon leur forme, on peut subdiviser les articulations synoviales en six catégories (voir figure a faire) :

–  **Articulations planes.** (3 DOFs) 2 translations et une rotation. On retrouve cette articulation par exemple entre les os du carpe et du tarse. Elle permet une large variété de mouvement mais de petites amplitudes.

–  **Articulations trochléennes.** (1 DOF) cette articulation agit comme une charnière de porte, ou la saillie cylindrique d'un os s'ajuste dans la surface concave d'un autre. L'articulation du coude en est un exemple entre l'humérus et l'ulna.

–  **Articulations trochoïdes.** (1 DOF) cette articulation permet une rotation autour d'un axe parallel à l'os. On trouve cette articulation sur l'avant bras.

–  **Articulations condylaires.** (2 DOFs) Comme sur le genou, sont l'union d'un sommet et d'une cavité de forme ovale, conduisant à deux degrés de liberté en rotation dont aucune n'est axiale.

–  **Articulations en selle.** (2 DOFs) Comme sur le pouce, entre le métacarpien et le carpien, les articulations en selle sont semblables aux condylaires, ceci dit elles autorisent une plus grande liberté de mouvement.

–  **Articulations sphéroïdes.** (3 DOFs) Les articulations de l'épaule et de la hanche sont les seules articulations sphériques du corps, elles autorisent la plus grande liberté de mouvement de toutes les articulations, car elles peuvent effectuer des rotations le long de chaque axe de l'espace.

## 1.3 Anatomie du systême musculaire

### 1.3.1 Les muscles

L'étymologie du nom muscle vient du latin *musculus*, qui signifie « petit rat » ou « souris ». Le nom a été donné par un homme de science qui en voyant les muscles au travail, a pensé à de petites souris s'activant sous la peau. Il existe trois types de tissus musculaires distincts qui sont : les tissus musculaires squelettiques, cardiaques et lisses. Malgré des similitudes entre les différents types de tissus, on s'intéressera exclusivement aux tissus musculaires squelettiques, qui se présentent sous forme de muscles squelettiques, principaux protagonistes du mouvement.

### 1.3.2 Les muscles squelettiques

Les muscles squelettiques recouvrent le squelette et y sont attachés grâce aux tendons. Ils sont le plus généralement commandés volontairement par l'individu, même s'ils peuvent être activés par des réflexes involontaires, comme le retrait d'un membre en cas de brûlures. Les fibres musculaires squelettiques possèdent des stries d'où leur appartenance à la famille des muscles striés. L'une des propriétés les plus impressionnantes des muscles squelettiques est leur adaptabilité à la nécessité du mouvement. Les muscles de la main et des doigts peuvent exercer une pression allant de quelques grammes, pour la saisie d'un objet fragile, à plusieurs dizaines de kilogrammes pour soulever le corps en grimpant sur un arbre. Une autre propriété des muscles squelettiques est leur rapidité de contraction en réponse à un stimulus. Néanmoins, ils se fatiguent rapidement après quelques séries de contractions. Leur comportement se modifie entrainant une perte de puissance et de réactivité, ou au contraire un raidissement (crampe), voir un état de tétanos. Les principales fonctions assurées par les muscles squelettiques sont :

- la production du mouvement,
- le maintien de la posture,
- la stabilisation des articulations,
- la production de chaleur.

### 1.3.3 Propriétés fonctionnelles des muscles squelettiques

Les fonctions citées ci-dessus ne sont permises que grâce à des propriétés exclusives aux muscles. ces propriétés sont au nombre de quatre selon Marieb 2000 :

- l'**excitabilité** est la capacité de distinction et de réponse à un stimulus (le plus couramment de nature chimique). la réponse se traduit par la production d'un signal électrique le long du sarcolemme (potentiel d'action), à l'origine de la contraction musculaire

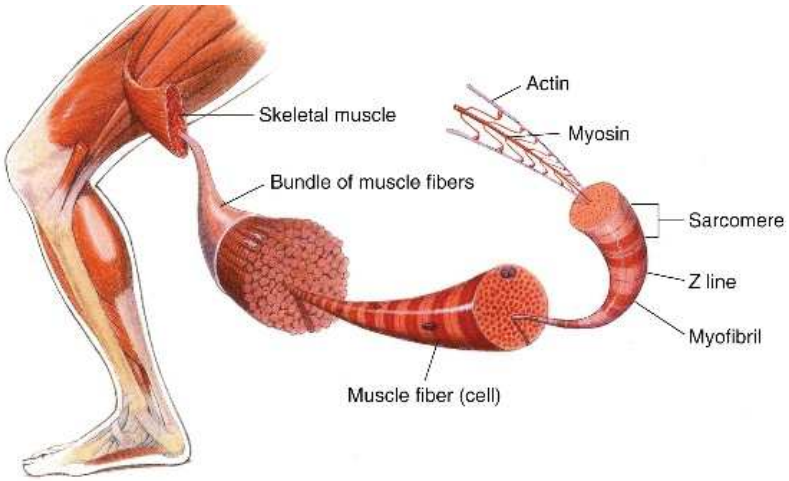



FIGURE 1.3 – Anatomie des muscles squelettiques

– la **contractilité** est la capacité du muscle de se contracter de manière proportionnelle en réponse à un potentiel d'action, produisant ainsi de la force et donc le mouvement. Cette aptitude à se contracter fait des muscles les seuls tissus mous actifs du corps humain.
– l'**extensibilité** est la capacité que possèdent les fibres musculaires à changer de taille. Elles peuvent rétrécir durant une contraction, ou s'étirer durant par exemple une extension du bras.
– l'**élasticité** est la capacité que possèdent les fibres musculaires à reprendre leur longueur au repos après une contraction.

### 1.3.4 Anatomie du muscle

Le muscle est organisé en différents niveaux, s'encastrant les uns dans les autres à différentes échelles un peu à la manière de poupées russes. Au niveau le plus élevé il y a l'organe (muscle) qui se compose de faisceaux musculaires, de vaisseaux sanguins et de neuro-fibres. Le muscle dans son entièreté est entouré de tissu conjonctif appelé epimysium. Les différents faisceaux musculaires sont séparés les uns des autres par une gaine de tissu conjonctif appelé Périmysium. Les faisceaux musculaires se composent de fibres (cellules) musculaires d'apparence striée et entourées d'endomysium. Chaque fibre musculaire possède des centaines ou milliers de myofibrilles en parallèle parcourant toute la longueur de la fibre. Les myofibrilles sont les éléments contractiles des muscles, qui en font les seuls organes actifs du corps. Les éléments contractiles (myofibrilles) sont constitués d'unités contractiles : sarcomères. Chaque sarcomère est formé de deux types de myofilaments : minces et épais, eux mêmes construits de protéines contractiles, respectivement l'Actine et la Myosine. Le glissement des filaments minces le long des filaments épais, assure d'un point de vue macroscopique la contraction et le raccourcissement du muscle.

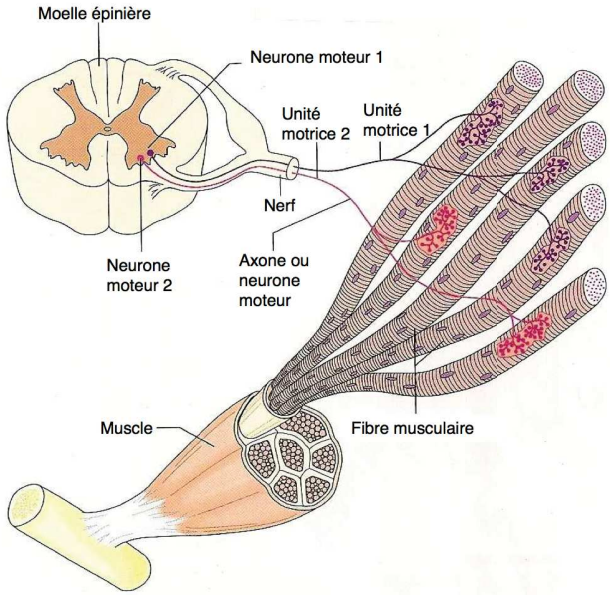



FIGURE 1.4 – Activation des muscles squelettiques par les unités motrices (Marieb 2000)

#### 1.3.4.1 Activation des muscles (stimulus nerveux)

Lorsqu'un individu engage le processus d'un mouvement volontaire, l'ordre est transmis du cerveau aux neurones moteurs situés principalement dans l'encéphale et la moelle épinière, sous forme d'influx nerveux. Les neurones moteurs se prolongent jusqu'aux muscles à travers les nerfs, sous forme d'axones. Les axones possèdent plusieurs ramifications, chacune d'elle constitue une terminaison neuromusculaire. Chaque terminaison n'est liée qu'à une seule fibre musculaire à la fois, le plus souvent en son milieu grâce à plusieurs branches. L'ensemble neurone moteur - axones - fibres musculaires est appelé unité motrice. Lorsque l'influx nerveux arrive au bout d'une unité motrice, il provoque une suite de processus chimiques qui génère un courant électrique appelé potentiel d'action, qui se propage sur toute la longueur des fibres de l'unité motrice. Une fois lancé le processus est irréversible et aboutit à une contraction des fibres de l'unité motrice.

### 1.3.5 Contraction d'un muscle squelettique

Les fibres musculaires répondent au potentiel d'action selon le principe du tout ou rien. Pourtant, à l'échelle du muscle la force peut varier de quelques grammes, à plusieurs dizaines de kilogrammes. Le paramètre naturel permettant de moduler la force musculaire est le nombre de fibres recrutées. Un muscle reçoit au minimum un nerf, qui achemine, à travers des centaines d'axones, le potentiel d'action déclenché par autant de neurones moteurs. Le nombre de fibres par unité motrice est d'en moyenne 150. Une unité motrice recrutée induit une activation de toutes ses fibres. Afin de garantir un

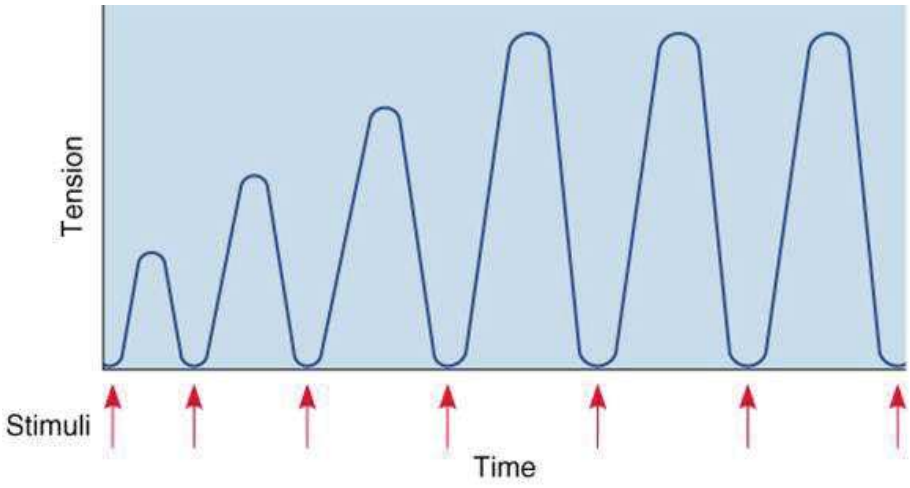



FIGURE 1.5 – Contraction musculaire : phénomène de l'escalier

objectif précis de force et de précisions, l'un des moyens que possède le corps humain est de choisir le nombre de fibres activées dans un muscle, en choisissant les unités motrices recrutées. En fonction des neurones moteurs recrutés, la contraction est plus ou moins forte, car le nombre de fibres qui se contractent est différent. Sachant que les fibres musculaires d'une unité motrice sont réparties dans le muscle, en activant une seule unité motrice, on provoque une contraction homogène dans le muscle, néanmoins de faible amplitude.

#### 1.3.5.1 Phénomène de l'escalier

Lorsqu'un muscle au repos est soumis à un stimulus, sa réponse impulsionnelle en terme de force est inférieure à celles résultantes des stimulus de même intensité suivants. La mesure de ces contractions caractéristiques est appelée escalier (voir figure 1.5), car les contractions suivantes évolueront de manière croissante, jusqu'à atteindre la force maximale du muscle, et ce malgré un stimulus constant. C'est l'une des raisons pour lesquelles les athlètes s'échauffent avant l'effort, de manière à toujours être proches de leur force optimale.

#### 1.3.5.2 Contractions isotoniques et isométriques

Il existe essentiellement deux types de contractions musculaires, isotonique (force constante) et isométrique (longueur constante), même si les phénomènes électrochimiques impliqués dans les deux sont exactement les mêmes. Lorsque le muscle se contracte il exerce une tension musculaire sur ses attaches osseuses (charges). Si la tension musculaire est supérieure à la charge, le muscle entraine le mouvement du squelette en même temps qu'il raccourcit. On se retrouve dans une configuration isotonique concentrique. Un exemple de ce type de contraction pourrait être les muscles de la main et des doigts qui se referment pour saisir un objet. Un muscle peut aussi se

contracter pour exercer une force sur ses attaches, tout en s'allongeant plutôt que raccourcir. Comme lorsqu'une personne passe de la station debout à accroupie. Le muscle quadriceps exerce une force constante sur le genou, afin de maintenir l'équilibre, tout en s'allongeant durant le mouvement. C'est une contraction isotonique excentrique. À l'inverse, une contraction peut être isométrique, c'est-à-dire que le muscle ne change pas de longueur durant la contraction. Pour maintenir la station debout, les muscles se contractent de manière isométrique.

#### 1.3.5.3 Types de fibres et fatigue musculaire

Contrairement à la fatigue psychologique, qui est une interruption volontaire de l'effort après un sentiment de fatigue, la fatigue physiologique du muscle est un phénomène involontaire au sein même du muscle, qui ne répond plus malgré la réception de stimulus. La fatigue musculaire peut se traduire par deux réactions différentes. La première est une contracture musculaire, où le muscle se contracte en continue malgré la volonté de décontraction de l'individu. La seconde est l'incapacité de réponse à un stimulus, le muscle ne produit plus de force (ou pas assez) malgré sa stimulation. Il faut savoir que dans un muscle, il existe plusieurs types de fibres qu'on peut classer par fatigabilités : fibres oxydatives type I à forte résistance, fibres oxydatives type IIa à résistance moyenne et les fibres glycolytiques type IIb peu résistantes. Les fibres du type I sont adaptées à des activités d'endurance comme le maintien de la posture. Les fibres de type IIa sont dédiées à des efforts du quotidien tels que la marche ou d'autres comme le sprint. Les fibres de type IIb sont les fibres les plus fatigables, performantes dans le cas d'efforts intenses mais de courte durée comme la levée d'un poids, mais rarement sollicitées. La proportion de chaque type de fibres dans un muscle varie selon le rôle de celui-ci, l'âge, le sexe. Un entrainement spécifique aura tendance à augmenter la proportion d'un type de fibre en particulier.

### 1.3.6 Architecture des muscles

Dans une fascicule, les fibres sont parallèles. Mais, la disposition des fascicules dans l'ensemble du muscle peut varier fortement d'un muscle à l'autre. Il est ressorti de l'étude de [Tosovic et al., 2012] de quatre différents muscles de la cheville par dissection, que chacun possédait une architecture unique (e.g bipenné, multipenné), lui conférant une fonction et des propriétés différentes. Certains travaux ont étudié les conséquences des différences anatomiques entre les muscles. [Friederich and Brand, 1990] ont étudié l'architecture des muscles du membre inférieur, tandis que [Gans and Gaunt, 1991] ont démontré que la configuration du muscle ainsi que l'architecture de ses fascicules représentent un aspect important de la compréhension du rôle biologique du muscle. Les fibres exercent une force le long de leur axe longitudinal, tandis que les muscles exercent une force le long des tendons. L'amplitude de mouvement des muscles ainsi que leur force maximale sont fonction de l'agence-

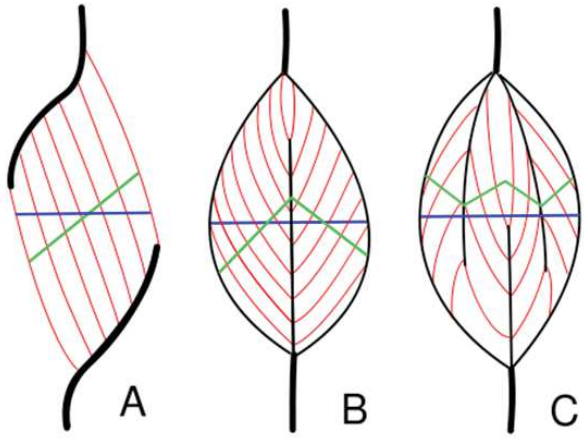



FIGURE 1.6 – Arrangement de faisceaux penné

ment de leurs faisceaux. Il existe 4 grandes catégories d'architectures de muscles, selon l'agencement de leurs faisceaux.

#### 1.3.6.1 Agencement parallele et fusiformes

Dans ce genre de muscles, en plus des fibres, les fascicules musculaires sont parallèles à la ligne d'action de l'ensemble du muscle. Contrairement aux idées reçues, dans certains muscles parallèles et fusiformes, en particulier les plus longues, les fibres ne parcourent pas toute la longueur de leurs fascicules mais se terminent sur des points intermédiaires. Comme résultat, la longueur des fibres peut être beaucoup plus petite que la longueur des fascicules. [Young et al., 2000] et [Huijing, 1999] a travaillé sur ce sujet et étudié l'insertion des fibres et la transmission de force dans ces muscles. Étant donnée que les fibres musculaires perdent 30% de leur longueur durant la contraction, les muscles parallèles et fusiformes sont les muscles qui raccourcissent le plus, néanmoins, ils ne produisent relativement pas beaucoup de forces, car leurs attaches unidimensionnelles réduisent la zone d'insertion et donc le nombre total de fibres dans le muscle. Par conséquent, la force totale du muscle l'est aussi.

#### 1.3.6.2 Agencement penné

Pennées vient de Penna de "plume" en latin . Cette catégorie de muscles ressemblent aux plumes ( voir figure 1.2 ) en raison de leurs fascicules qui s'insèrent suivant un angle de pennation par rapport à la ligne d'action de l'ensemble du muscle. Ainsi, la direction de raccourcissement de la fibre et le mouvement du tendon sont différents. Les fibres dans les muscles pennés sont plus courtes et ont donc intègrent moins sarcomères en série que les muscles parallèles et fusiformes. Ils transmettent la force produite aux tendons suivant un angle de pennation. Par conséquent, le raccourcissement et vitesses des muscles pennés sont plus petits. Néanmoins, ce type d'agencement présente un avan-

tage considérable. [Leijnse, 1997] a étudié d'un point de vue morphologique l'intérêt des muscles pennés par rapport aux autres architectures. L'architecture pennée permet d'augmenter la surface d'insertion des fibres et donc leur nombre. Par conséquent, la force maximale des muscles pennés est supérieure à celle des parallèles. Les muscles pennés peuvent s'attacher directement aux os comme sur le vaste intermédiaire, ce type d'attache en 2D permet de mieux repartir la force et de garantir une meilleure stabilité comparée aux attaches 1D des muscles parallèles.

#### 1.3.6.3 Agencement convergent

Les muscles convergents sont larges à l'origine et convergent vers une petite zone d'insertion, donnant au muscle un aspect en éventail, d'où leur appellation de muscles en éventail ou triangulaires. Ce genre de muscles est principalement situé au niveau du tronc. Les fibres individuelles possèdent des directions de traction différentes et donc, leur action sur l'articulation peut être différente. L'action peut également dépendre de la position actuelle de l'articulation.

#### 1.3.6.4 Agencement circulaire

L'agencement des faisceaux est sous forme de cercle concentrique. Le rôle de ce type de muscles est d'obturer un conduit. Ces muscles sont regroupés sous l'appellation de sphinctériens. Le sphincter anal en est un exemple.

### 1.3.7 Angle de pennation

L'arrangement des faisceaux d'un muscle selon un angle par rapport à sa ligne d'action est quantifiée par l'angle de pennation. C'est l'angle entre la direction des fibres et, soit la ligne de force musculaire action ou l'aponévrose (tendon interne). L'angle de pennation peut varier de 0 (muscles parallèles) à 30°. Cette valeur dépend de nombreux paramètres. De nombreuses recherches ont été menées sur le sujet [Kubo, K ; Kanehisa et al., 2003]. [Kawakami et al., 1993] et [Binzoni et al., 2001] ont travaillé respectivement sur l'angle de pennation de nouveau-nés à des personnes âgées et ainsi que sur des bodybuilders. [Kannas et al., 2010] ont quant à eux, étudié les propriétés architecturales du gastrocnemius en fonction de l'âge. Il est ressorti des différentes études que l'angle de pennation d'un même muscle varie fortement parmi la population en fonction des paramètres suivants :

- Sexe (l'angle est supérieur chez les individus mâles).
- Âge (l'angle de pennation augmente de façon monotone dès la naissance pour atteindre une valeur stable après la poussée de croissance de l'adolescence. Puis décline à partir d'un certain âge).
- Entrainement musculaire (l'angle de pennation augmente avec une hypertrophie musculaire induite par un entrainement).

– Inactivité (l'angle de pennation diminue avec l'atrophie musculaire des gens inactive, en particulier les personnes paralysées).

– Épaisseur du muscle (les muscles pennés sont généralement associés à une corrélation positive entre la force musculaire et l'angle de pennation).

### 1.3.8 Méthodes de reconstruction de l'arrangement fasciculaire

Aujourd'hui, il n'existe encore aucune méthode permettant d'observer les muscles de manière globale, incluant tout l'arrangement des fascicules musculaires, le tissu conjonctif des contours ainsi que les tendons, ligaments et aponévroses. Il est pourtant indispensable de formaliser l'architecture interne de chaque muscle afin de comprendre ses propriétés biologiques et mécaniques. Il existe néanmoins des méthodes qui permettent d'approcher partiellement certaines propriétés d'un muscle. Nous citerons les trois méthodes les plus répondues, leurs avantages ainsi que leurs inconvénients.

#### 1.3.8.1 Dissection de cadavres

Depuis l'Antiquité et jusqu'à l'apparition des nouvelles technologies, la dissection de cadavres aura été la seule méthode possible permettant d'étudier et de comprendre l'architecture interne des muscles. Elle reste encore assez répandue car elle permet d'accéder directement au muscle, ainsi qu'à toutes ses composantes architecturales et biologiques. Beaucoup de travaux basés uniquement sur la dissection sont encore menés. [Peterson and Rayan, 2011] ont étudié l'architecture des muscles de l'épaule et du bras, dans l'objectif de collecter des données anatomiques réutilisables. Certaines études par dissection ont permis de révéler des particularités musculaires jamais observées auparavant, tel que [Fung et al., 2009] qui ont pu démontrer grâce à la dissection du pectoralis major, sa nature multicouches (7 couches), reliées à un tendon constitué de deux différentes couches (voir fig.1.7). [Lee et al., 2012] propose une méthode de reconstruction 3D, permettant d'extraire la géométrie des muscles directement à partir des fascicules des coupes transversales des spécimens musculaires, ainsi que l'estimation des paramètres du muscle basée sur la méthode des Level Set. Parmi les contraintes rencontrées dans ce genre d'études, il y a avant tout la disponibilité des cadavres. Il est difficile d'obtenir des cadavres de tous les âges, tous les sexes, ainsi que de toutes les conditions physiques. Les données ainsi collectées ne sont souvent pas représentatives de toute la population. Selon [Narici, 1999], la deuxième contrainte est le rétrécissement des fibres musculaires dûe au milieu de preservation, ainsi que l'âge des patients. Pour avoir des données significatives, la dissection doit avoir lieu peu de temps après le décès. Une dernière limitation de la dissection est l'incapacité à observer des muscles durant la contraction. [Stark and Schilling, 2010] ont tenté de pallier ce problème en stimulant un muscle de cadavre de rat en mode isométrique, puis en le congelant instantanément. Grâce à une caméra ainsi qu'à un traitement d'image, il a été possible de reconstruire

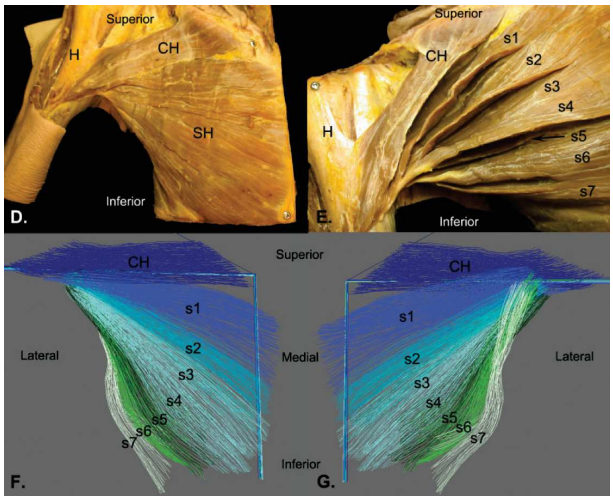



FIGURE 1.7 – [Fung et al., 2009] : Arrangement convergent des faisceaux musculaires du pectoralis major, avec mise en évidence de la structure multicouches

l'arrangement des fascicules musculaires d'un muscle disséqué en mode contraction isométrique. Il reste que ce type de procédé est couteux et très difficilement reproductible à grande échelle. Pour finir, la dissection ne permet pas de créer des dispositifs médicaux personnalisés pour un patient encore en vie.

#### 1.3.8.2 Ultrasonographie

L'ultrasonographie est une méthode non invasive d'observation des fascicules musculaires, utilisant des sons de haute fréquence (ultrasons). La largeur des fréquences perceptibles par l'oreille humaine est d'environ 20 KHz. La bande de fréquences utilisée dans l'imagerie par ultrasons se situe entre 2 et 18 MHz. Due aux fréquences utilisées, la qualité des images est assez basse, mais permet de se propager à l'intérieur des muscles. Sur chaque image, la longueur des fascicules, l'angle de pennation ainsi que la distance entre deux aponévroses peuvent être mesurés, avec un cout relativement bas [Narici, 1999]. En utilisant cette méthode, [Narici, M V ; Binzoni et al., 1996] ont démontré que durant la contraction d'un muscle penné, les fibres raccourcissent et pivotent autour de leur origine, ce qui a pour conséquence d'augmenter l'angle de pennation des fibres, tout en maintenant une distance entre les deux aponévroses fixe. L'une des applications les plus répandues de la méthode, est la quantification de la courbure des fascicules musculaires durant la contraction tels que [Namburete et al., 2011], [Namburete and Wakeling, 2012]. Néanmoins, l'ultrasonographie souffre de deux inconvénients non négligeables. La méthode ne permet d'observer que les muscles directement situés sous la peau, elle n'est donc pas valide pour l'étude des muscles tels que le vastus intermedius qui se trouve sous le rectus femoris. L'autre point est que suivant la position de l'organe de mesure, on ne peut obtenir qu'une mesure 2D de l'angle de pennation d'un muscle. La problématique de la mesure des angles de

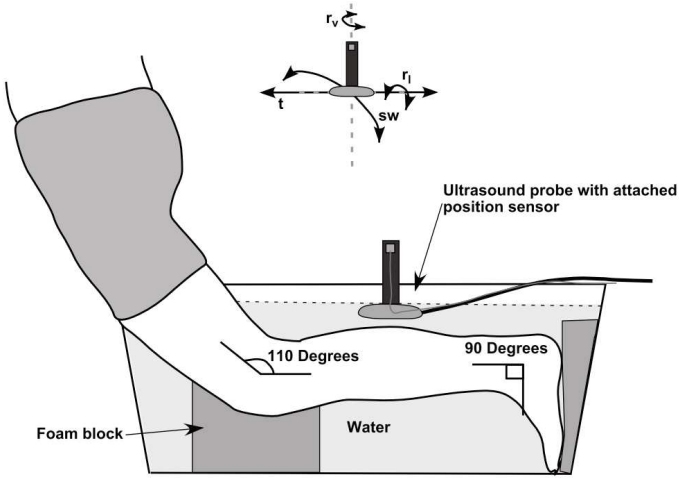



FIGURE 1.8 – [Rana and Wakeling, 2011] : reconstruction 3D de l'arrangement des fascicules musculaires à partir d'ultrasonographie 3D

pennation, courbure des fascicules, distance entre les aponévroses en 3D s'est donc posée. [Barber et al., 2009] ont développé une méthode de mesure du volume et de la longueur du muscle reproductible, avec une marge d'erreur de 2%. Puis dans [Rana and Wakeling, 2011] ils ont étendu leur précédente méthode à la reconstruction 3D de l'arrangement des fascicules musculaires (voir fig.1.9). Il n'en demeure pas moins que la méthode 3D comme celle en 2D ne se limite qu'aux muscles superficiels.

#### 1.3.8.3 Imagerie par résonance magnétique (IRM)

La méthode utilise un puissant champ magnétique pour aligner le moment magnétique des atomes d'hydrogène des tissus. L'IRM contrairement à l'ultrasonographie produit des images de haute qualité de coupes transversales du corps, dans tous les plans, incluant les tissus mous profonds et par conséquent les muscles. La difficulté en ce qui concerne l'étude de ces derniers est d'identifier le contour de chaque muscle sur les images qui sont bruitées. [Arnold et al., 2000] a décrit le processus de reconstruction de surfaces musculaires et osseuses à partir d'images 2D. Une fois les contours définis manuellement, les séries d'images sont segmentées permettant de reconstruire les volumes 3D des muscles et os. Cette méthode est robuste mais extrêmement couteuse en temps. Il existe encore très peu de méthodes de définition automatique des contours musculaires robustes [Blemker et al., 2007]. Parmi les méthodes les plus robustes qu'on peut citer, il y a le shape matching développé par [Gilles and Pai, 2008] qui permet de reconstruire le volume des muscles à partir d'un template volumique et de 3 images IRM d'un sujet. L'IRM ne permet par contre pas d'observer l'arrangement des fascicules musculaires et ainsi de reconstruire l'architecture d'un muscle. Une des solutions proposées est l'IRM de diffusion associée à la tractographie qui permettent un tracking des molécules d'eau au sein des fibres. [Blemker et al., 2005b] ont présenté une méthode

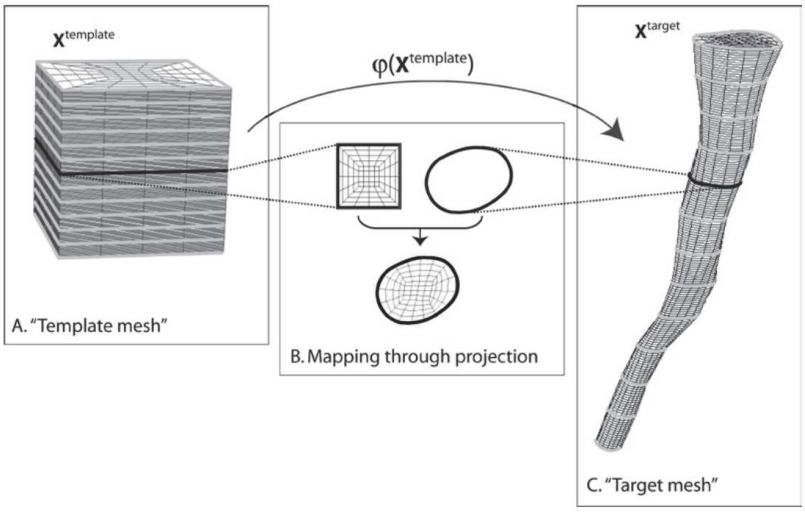



FIGURE 1.9 – [Rana and Wakeling, 2011] : reconstruction 3D de l'arrangement des fascicules musculaires à partir d'ultrasonographie 3D

de reconstruction de l'arrangement des fascicules musculaires des muscles du mollet (Soleus, Tibialis anterior) basée sur l'IRM de diffusion. [Froeling et al., 2012] ont présenté un protocole d'acquisition et de post-traitement pour la tractographie d'imagerie par diffusion ainsi que la segmentation des muscles de l'avant bras humain. Ces méthodes n'ont pas été validées dans le cadre de simulations biomécaniques. La méthode présentée par [Blemker et al., 2005a] permet la reconstruction de l'arrangement des fascicules musculaires uniquement à partir d'image IRM. Elle repose sur le morphing de templates géométriques de muscles avec des acquisitions IRM. La méthode est robuste néanmoins couteuse en temps. Car la segmentation des acquisitions IRM ainsi que la détection des contours se fait toujours manuellement, de manière à ce que le nombre de sommets du volume 3D ainsi que ceux du template soient égaux, permettant ainsi un morphing point par point. Il reste que cette méthode a été validé pour des simulations biomécaniques comprenant les muscles ainsi que les os.

### 1.3.9 Tendons

Les tendons sont constitués de collagène (essentiellement collagène de type I) et d'élastine noyées dans une matrice de protéoglycanes-eau avec une proportion de collagène d'environ 65-80% et d'élastine d'environ 1-2% de la masse sèche du tendon. Ces éléments sont produits par les tenoblasts et ténocytes, qui sont les fibroblastes et les fibrocytes allongés qui se trouvent entre les fibres de collagène, qui sont organisées en un système hiérarchique complexe pour former le tendon correspondant. Molécules de tropocollagène solubles forment des liens croisés pour créer des molécules de collagène insolubles qui agrègent ensuite progressivement en microfibrilles, puis en unités microscopiques clairement visibles, les fibrilles de collagène. Un tas de fibrilles de col-

lagène forme une fibre de collagène, qui est l'unité de base d'un tendon. Une fine gaine de tissu conjonctif appelé endotenon investit chaque fibre de collagène et lie les fibres ensemble. Un tas de fibres de collagène forme un faisceau de fibres primaires, et un groupe de faisceaux de fibres primaires forme un faisceau de fibres secondaires. Un groupe de faisceaux de fibres secondaires, à son tour, forme un faisceau tertiaire, et les faisceaux tertiaires forment le tendon. L'ensemble du tendon est entouré d'une gaine de tissu conjonctif fin appelée epitenon. L'ultrastructure tridimensionnelle des fibres tendineuses et faisceaux de fibres est complexe. Dans une fibre de collagène, les fibrilles sont orientées non seulement longitudinalement mais aussi transversalement et horizontalement. Les fibres longitudinales ne fonctionnent pas seulement en parallèle mais peuvent aussi se croiser, formant des spirales. Certaines des fibrilles individuelles et des groupes de fibrilles forment des tresses de type spirale. La fonction de base du tendon est de transmettre la force créée par le muscle à l'os, et, de cette manière, rendre possible le mouvement des articulations. C'est les structures micro et macroscopique des tendons et des fibres tendineuses qui rendent cela possible. Au cours des différentes phases du mouvement, les tendons sont exposés non seulement à des forces longitudinales mais aussi transversales et de rotation. En outre, ils doivent être prêts à supporter des contusions et des pressions directes. La structure interne à trois dimensions décrite ci-dessus des fibres forme un milieu tampon contre les forces de différentes directions, empêchant ainsi des dégâts et la déconnexion des fibres.

#### 1.3.9.1 Aponévroses

Aponévroses sont de larges couches de tendons plats. Ils ont une couleur blanchâtre-argentée brillante, sont histologiquement similaires aux tendons, et sont très peu innervées ou vascularisées. Lorsque disséquée, l'aponévrose rappelle une pile de papier, elle se décolle par sections. Les régions primaires avec aponévrose épaisse se trouvent dans la région abdominale ventrale, la région dorsale lombaire, et les régions palmaires et plantaires. On pensait jusque-là que leur fonction principale était de créer des jonctions entre les muscles. On se rend compte aujourd'hui de caractère dynamique des aponévroses dans les contractions de muscles pennées, en passant d'attaches unidimensionnelles (tendons) à bi-dimensionnelles gagnant ainsi en surface d'attache et donc en force. Comme les tendons, elles agissent ensuite tels des ressorts se déformants afin d'absorber l'énergie qu'elles restitueront lorsqu'elles ne seront plus sous contrainte.

## 1.4 Conclusion

Ce chapitre a posé les bases de l'anatomie du système musculo-squelettique permettant le mouvement. Nous nous sommes intéressés à l'anatomie de tous les tissus protagonistes du mouvement, à commencer par le squelette, ses constituants et ses fonctions. Nous avons ensuite vu l'anatomie musculaire, partant d'un sarcomere, en passant

par les fibres, jusqu'a l'architecture complète des muscles squelettiques. Leurs propriétés mécaniques, les différentes configurations de contractions, les différents types de fibres puis la fatigue musculaire. Le tissu permettant de transmettre les propriétés actives du muscle au squelette afin de générer le mouvement est le tendon, nous avons vu qu'il était constitué de différents tissus, comme le muscle, mais il peut être aussi plat (aponévroses) afin d'assurer d'autres fonctions, telles que l'insertion des fibres musculaires. Pour finir, nous avons détaillées les trois méthodes principales de reconstruction de l'arrangement des fascicules musculaires.

# CHAPITRE 2

# Modélisation du système musculo-squelettique

## Contents


**1.1 Introduction . . . . . 8**
**1.2 Anatomie du squelette . . . . . 8**
1.2.1 Le squelette . . . . . 8
1.2.2 Fonctions du squelette . . . . . 8
1.2.3 Les os . . . . . 8
1.2.4 Le cartilage . . . . . 9
1.2.5 Les articulations . . . . . 10
**1.3 Anatomie du systême musculaire . . . . . 12**
1.3.1 Les muscles . . . . . 12
1.3.2 Les muscles squelettiques . . . . . 12
1.3.3 Propriétés fonctionnelles des muscles squelettiques . . . . . 12
1.3.4 Anatomie du muscle . . . . . 13
1.3.5 Contraction d'un muscle squelettique . . . . . 14
1.3.6 Architecture des muscles . . . . . 16
1.3.7 Angle de pennation . . . . . 18
1.3.8 Méthodes de reconstruction de l'arrangement fasciculaire . . . 19
1.3.9 Tendons . . . . . 22
**1.4 Conclusion . . . . . 23**

## 2.1 Introduction

La modélisation est une discipline qui permet de représenter mathématiquement un phénomène, pour prédire son comportement de manière réalise, à la fois quantitativement et qualitativement. Elle peut-être subjective et dépendre avant tout du degré de précision souhaité, ainsi que de la marge d'erreur tolérée par le modèle. Une autre condition importante d'un modèle réussi, est la facilité avec laquelle il peut être résolu mathématiquement, ainsi que le coût en temps de calcul de la solution numérique.
Appliquée à la simulation biomécanique du muscle quelques objetifs clés doivent être gardés à l'esprit. L'objectif principal du modèle est la génération d'un comportement en simulation reproduisant celui d'un muscle réal dans une situation similaire. Le modèle biomécanique même s'il ne reste qu'une approximation, ne doit pas dépasser une certaine marge d'erreur afin de rester cohérent. En outre, il ne doit jamais générer des résultats loin de la gamme de réalisme biologique des sorties pour toutes les situations envisageables, en étant capable de simuler toute la plage de fonctionnement du muscle réel.
La première question à se poser avant la modélisation, est l'objectif attendu au niveau des résultats de simulation. C'est pourquoi les modèles de muscles dépendent souvent des disciplines scientifiques qui s'y intéressent. Les simulations musculo-squelettiques en biomécanique se scindent généralement en deux catégories distinctes : des simulations de modèles simples pour de nombreux muscles qui composent une grande région du corps (par exemple, le membre supérieur ou de l'extrémité inférieure), ou, des modèles musculaires très détaillés qui ne peuvent simuler que quelques muscles à la fois.
Les modèles simples et détaillés se rejoignent dans leur modélisation mathématique de la prédiction de la force musculaire (partie active). Deux grandes lois de comportement ont été développées qui se différencient par leur échelle de description du mécanisme de contraction musculaire. Le modèle macroscopique de Hill [Hill, 1938] qui reste aujourd'hui le modèle le plus utilisé, puis le modèle microscopique de Huxley [Huxley, 1957] qui décrit la théorie des filaments glissants. Ces modèles seront décrits dans la partie lois de comportements.
Les modélisations divergent ensuite dans leur approche géométrique, qui dans les modèles simples est basée sur des segments (1D) qui relient les différents os des articulations au niveau des points d'attaches, en passant par la ligne d'action du muscle. Ce type de modélisation est orienté vers l'étude du mouvement, grâce à des vitesses de calcul performantes, offrant ainsi un environnement de simulation des mouvements de parties entières du squelette humain ou animal, en temps-réel, permettant la compréhension des strategies neuromusculaires de contrôle du mouvement, en incluant les signaux neuronaux et les forces musculaires. Parmi les applications possibles, l'analyse des performances athlétiques et leur optimisation, la simulation de traitements pour des maladies neurologiques ou orthopédiques.
Dans les modèles détaillés (volumiques), on se concentre sur l'étude des déformations

du muscle, l'influence des interactions avec d'autres muscles, tendons, ou le squelette. Les études menées dans ce sens, mettent en évidence l'influence des spécificités architecturales sur son efficacité, tel que le rôle de l'arrangement des fibres musculaires dans la production de force, en comparaison à l'énergie nécessaire, la compréhension de l'origine de certaines blessures de muscles spécifiques, élongations, claquage, déchirure. Ces simulations reposent sur la mécanique des milieux continus (MMC), nous présenterons les définitions nécessaires à la compréhension des modèles volumiques. D'un point de vue implementation des théories MMC, la méthode des éléments finis (FEM) pour représenter les déformations du muscle, aponévroses et tendons reste la plus utilisée. Il existe d'autres approches de résolutions de problèmes MMC telles que les modélisations mass-ressorts et meshless. Ces méthodes seront détaillées dans la partie modélisations volumiques du muscle.

## 2.2 Mécanique des milieux continus

La mécanique du point matériel n'exprime que la cinématique d'un corps, à savoir ses positions, vitesses et accélérations, ainsi que sa dynamique à travers la deuxième loi de Newton ($\overrightarrow{f} = m\overrightarrow{a}$). Une telle théorie n'est donc pas adaptée pour l'étude de phénomène tels que la rotation d'une boule de billard et l'influence sur sa trajectoire. Viens ensuite la mécanique des solides indéformables qui intègre les notions de position angulaire, intertie et moment, avec une dynamique équivalente à la mécanique du point matériel. La mécanique des milieux continus est une discipline née des limites des autres théories à prédire les déformations et rotations qui se produisent au sein d'un corps volumique. Dans un solide non déformable, la distance entre deux de ses points demeure constante, peu importe les transformations que subit le corps. Ce qui n'est pas le cas dans les corps déformables, où la distance entre deux points quelconques peut évoluer dans le temps. Si nous prenons une balle en mousse qu'on presse entre la paume et les doigts de la main, la distance entre deux points diamétralement opposés diminue/augmente à mesure que la force de pression augmente (voir figure. 2.1).

La mécanique des milieux continus permet de quantifier ces contraintes et déforma-

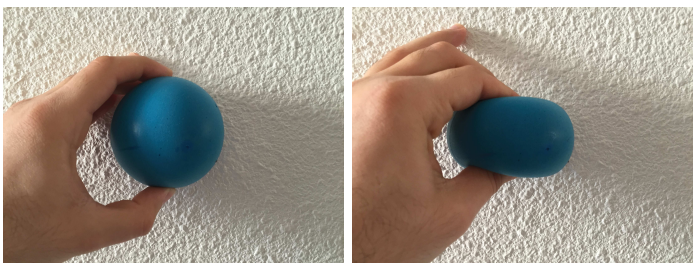


FIGURE 2.1 – Déformation d'une balle en mousse molle sous contrainte

tions, à travers une modélisation mathématique qui traduit les lois de la physique. La résolution numérique du modèle offre une simulation du problème dans le temps.

La simulation d'objets déformables offre des perspectives extraordinaires dans la conception et l'optimisation, dans des domaines aussi vastes que différents, tels que la conception automobile (crash tests), la résistance des matériaux tels que le béton (barrages hydrauliques), ou encore l'explication et la reproduction de phénomènes naturels ou biologiques, comme en biomécanique, où l'on simule les déformations de tissus biologiques afin de comprendre l'origine de certaines maladies ou blessures, puis concevoir un traitement ou planifier une opération.
Un domaine est mathématiquement continu si en chaque point et à chaque instant on peut définir des grandeurs physiques locales relatives à ce milieu dans l'espace. Ces grandeurs physiques peuvent être : scalaires (masse volumique, température, ...), vectorielles (vitesse, accélération, force volumique, ...), tensorielles (contraintes, déformations, loi de comportement, ...). L'ensemble de ces variables constitue un champs, dont l'évolution spatio-temporelle est caractérisée par des équations aux dérivées partielles.

### 2.2.1 Representations Lagrangienne et Eulériennes

Afin d'observer le mouvement des particules d'un milieu déformable, deux types de representations existent, la représentation de Lagrange et la représentation d'Euler. Ces deux représentations sont équivalentes, mais néanmoins différent du point de vue de l'observation. Lagrange impose à chaque particule élémentaire un repère d'observation. Si on assimile le milieu continu à un train, les déplacements, vitesses et accélérations seront ressenties par chaque passager (particule), tandis qu'Euler quant à lui, fixe l'observation par rapport à repère dans l'espace, cela équivaut à un radar sur le bord de la voie qui calcule le déplacement, la vitesse et l'accélération du train.

### 2.2.2 Déformations

La première étape qui permet de quantifier les déformations que subit un milieu, est le calcul du gradient de transformations qu'on notera $\overline{\overline{F}}$. C'est un tenseur symétrique d'ordre 2 qui associe à un point $A$ du milieu sa transformé $\acute{A}$ (déformation) (voir figure. 2.2) selon la relation $\overrightarrow{O\acute{A}} = \Phi(A,t)$. Il est aussi considéré comme une matrice Jacobienne de changement de variables des positions initiales aux positions actuelle à l'instant $t$. Ce tenseur est néanmoins limité, car lorsque le milieu subit une rotation sans aucune déformation, le tenseur gradient de transformations est non nul avec $\overline{\overline{F}}$=$\overline{\overline{R}}$ tel que $\overline{\overline{R}}$ est le tenseur orthogonal de rotation. Il n'est donc pas une bonne mesure des déformations.
Dans la représentation de Lagrange, le tenseur classique utilisé pour représenter les

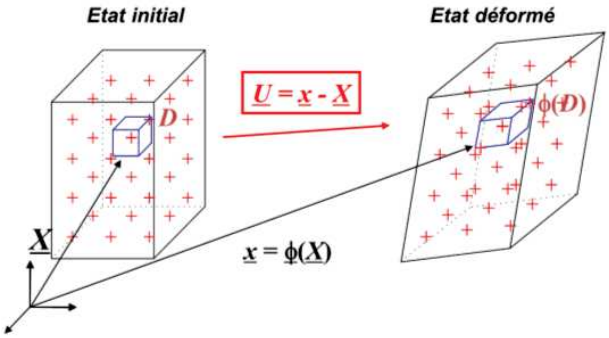



FIGURE 2.2 – Gradient de transformations $\overline{\overline{F}}$ qui relie l'état initial à l'état final

déformations est le tenseur de Green-Lagrange $\overline{\overline{E}}$ (equation (2.1)).

$$\overline{\overline{E}} = \frac{1}{2}(\overline{\overline{F}}^T.\overline{\overline{F}} - \overline{\overline{I}}) \tag{2.1}$$

Le tenseur $\overline{\overline{E}}$ garantit une invariabilité en rotation, car $\overline{\overline{F}}$ étant orthogonale en rotation, $\overline{\overline{F}}^T.\overline{\overline{F}}$ est égal au tenseur identité $\overline{\overline{I}}$ qu'on soustrait à lui même. En rotation pure, $\overline{\overline{E}}$=0. Ceci dit, pour les matériaux mous et les grands déplacements, la méthode corotationnelle est utilisée. Le référentiel corotationnel est une famille unique de référentiels locaux objetifs, telle qu'en tout point du milieu et à chaque instant, le taux de rotation relatif à ce référentiel est nul. Cette méthode permet de se focaliser uniquement sur les déformations malgré de grandes perturbations.

#### 2.2.2.1 Invariants du tenseur des déformations

Le tenseur des déformations peut être exprimé dans différents repères (bases). Il existe une base orthonormée ($\{\overrightarrow{i_p}, \overrightarrow{j_p}, \overrightarrow{k_p}\}$) telle que le tenseur des déformations est une matrice diagonale :

$$E = \begin{pmatrix} \varepsilon_{11} & 0 & 0 \\ 0 & \varepsilon_{22} & 0 \\ 0 & 0 & \varepsilon_{33} \end{pmatrix} \tag{2.2}$$

Les directions ($\{\overrightarrow{i_p}, \overrightarrow{j_p}, \overrightarrow{k_p}\}$) sont appelées directions principales, et les déformations $\epsilon_I$, $\epsilon_{II}$ et $\epsilon_{III}$ sont les déformations principales.
Il existe trois invariants du tenseur des déformations qui sont indépendants de la base considérée :

$$\begin{cases} I_1 = Tr(E) = \varepsilon_{11} + \varepsilon_{22} + \varepsilon_{33} = \sum_i \varepsilon_{ii} \\ I_2 = \varepsilon_{11}\varepsilon_{22} + \varepsilon_{22}\varepsilon_{33} + \varepsilon_{33}\varepsilon_{11} - \varepsilon_{12}^2 - \varepsilon_{23}^2 - \varepsilon_{31}^2 = \frac{1}{2}\sum_i \sum_j (\varepsilon_{ii}\varepsilon_{jj} - \varepsilon_{ij}\varepsilon_{ij}) \\ I_3 = det(E) = \varepsilon_{11}\varepsilon_{22}\varepsilon_{33} \end{cases} \tag{2.3}$$

### 2.2.3 Contraintes

Les contraintes exercées sur un élément de volume infinitésimal $(dx, dy, dz)$, sont exprimées à travers le tenseur de contraintes de Cauchy. Les composantes de ce tenseur dans le repère orthonormé $\{\overrightarrow{i}, \overrightarrow{j}, \overrightarrow{k}\}$ sont :

$$\sigma = \begin{pmatrix} \sigma_{xx} & \sigma_{xy} & \sigma_{xz} \\ \sigma_{yx} & \sigma_{yy} & \sigma_{yz} \\ \sigma_{zx} & \sigma_{zy} & \sigma_{zz} \end{pmatrix} \tag{2.4}$$

Le tenseur de contraintes $\sigma$ exprime les directions sur lesquelles s'appliquent les contraintes sur chaque particule élémentaire. La diagonale du tenseur caractérise les déformations sur les facettes principales de l'élément. Lorsqu'une traction simple est exercée sur une facette principale de l'élément infinitésimal, les autres composantes du tenseur de contraintes s'annulent (voir figure. 2.3). Dans le cas d'une traction simple sur la facette principale $\overrightarrow{i}$ de l'élément, on obtient le tenseur de contraintes suivant :

$$\sigma = \begin{pmatrix} \sigma_{xx} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \tag{2.5}$$

Si $\sigma_{xx}$ est négatif, on a affaire à une compression. Un autre type de contraintes est

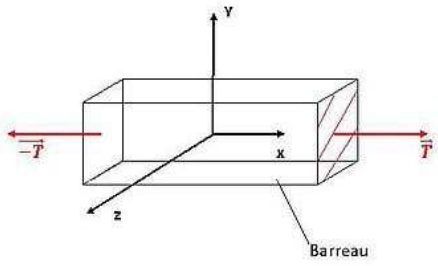



FIGURE 2.3 – Traction simple sur une facette principale

celui des contraintes de cisaillement. C'est une contrainte qui s'applique de manière tangentielle aux facettes principales (voir figure. 2.4). Dans le cas d'une contrainte sur les facettes $\overrightarrow{i}$ et $\overrightarrow{j}$, le tenseur de contraintes s'écrit :

$$\sigma = \begin{pmatrix} 0 & \sigma_{xy} & 0 \\ \sigma_{yx} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \tag{2.6}$$

Le tenseur des contraintes de Cauchy exprime donc les efforts internes mis en jeu

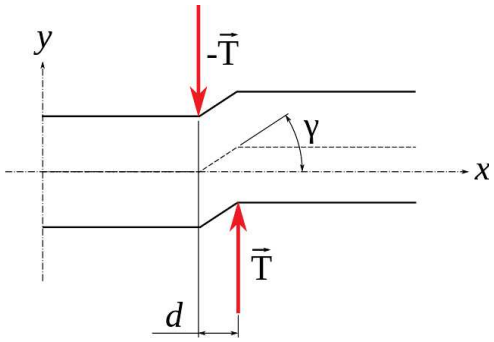



FIGURE 2.4 – Cisaillement pur sur l'axe y d'une poutre

pour chaque élément infinitesimal. Pour tout le milieu, on parle alors de champs de contraintes.

### 2.2.4 Lois de comportement

Une loi de comportement définit la relation qui existe entre les contraintes appliquées à un matériau et ses déformations. Elle est spécifique à chaque matériau et doit être définie expérimentalement, grâce à des expériences rhéologiques. Pour résoudre un problème de mécanique des milieux continus, il faut résoudre un système d'équations aux dérivées partielles, avec des connaissances a priori pour chaque particule élémentaire :

- Les conditions initiales de position, vitesses.
- Conditions aux limites (certaines particules peuvent être fixées, leur cinématique et dynamique seront constantes durant toute la simulation, d'autres particules subiront une force de surface qu'elle transmettront aux particules voisines).
- Forces volumiques (gravité, pression atmosphérique, ...).

Une fois les équations du mouvement et les équations d'équilibre définies, il faut ensuite une loi qui caractérise le comportement du matériau étudié. Car si les équations du mouvement sont génériques et équivalentes pour tous les matériaux, la réponse d'un matériau à une contrainte est quant à elle spécifique. C'est là que la loi de comportement intervient. Elle rajoute des informations permettant de caractériser un matériau et de résoudre un système d'équations avec une approche contrainte.

#### 2.2.4.1 Le comportement élastique

L'élasticité signifie de manière générale la conservation d'une grandeur. En MMC, le comportement élastique est la tendance d'un matériau à retrouver sa forme initiale une fois qu'il n'y a plus de contraintes. Cette loi est linéaire et souvent équivalente à un système masse-ressort (voir figure. 3.1). Le comportement élastique est valide dans le cas de faible contraintes, en dehors desquelles la non-linéarité ou la plasticité rentrent

en jeu. Plusieurs matériaux biologiques sont de nature élastique, dont le plus visible est

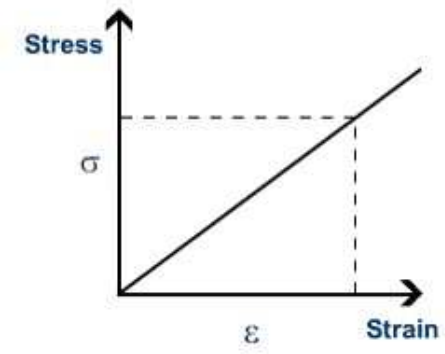



FIGURE 2.5 – Loi de comportement élastique linéaire : contrainte-déformation

la peau, qui en petites contraintes comme une pression du doigt ou traction (pincement) retrouve sa position d'équilibre après s'être déformée. La loi qui caractérise le comportement élastique est la loi de Hooke, obtenue en soumettant des ressorts à des charges croissantes successives. Il s'est rendu compte que l'allongement ou la compression des ressorts étaient proportionnels à la force et linéaires, jusqu'à une contrainte de rupture qui délimite le domaine de l'élasticité linéaire des autres domaines.
La loi de comportement élastique à 1 dimension s'écrit sous cette forme :

$$\sigma = E.\varepsilon \tag{2.7}$$

$\sigma$ est équivalent à la contrainte (force) de traction/compression, $E$ est le module de Young (raideur du matériau), $\varepsilon$ est la déformation relative $\varepsilon = (l - l_0)/l_0$. Si l'on s'intéresse à une particule élémentaire d'un matériau en petite contraintes, dans le cas isotrope (les mêmes propriétés dans toutes les diréctions), sa loi de comportement peut être généralisée, en l'écrivant sous forme matricielle :

$$\sigma = K.\varepsilon \tag{2.8}$$

$K$ étant une matrice 6x6, donc 36 paramètres caractérisant le matériau dans chaque direction. Néanmoins, l'isotropie permet d'éliminer 34/36 paramètres. Il ne reste donc que deux coefficients qui définissent les raideurs du matériau dans toutes les directions, ce sont les Module de Young ($E$) et le coefficient de Poisson ($\nu$)

$$\sigma = \frac{E}{1+\nu}\left(\varepsilon + \frac{\nu}{1-2\nu}.tr(\varepsilon)I\right) \tag{2.9}$$

Les études rhéologiques permettent de déterminer ces deux paramètres expérimentalement. Le Module de Young exprimé en Pascal ou Méga Pascal, permet de caractériser la force nécessaire pour allonger le matériau de 100% (figure).

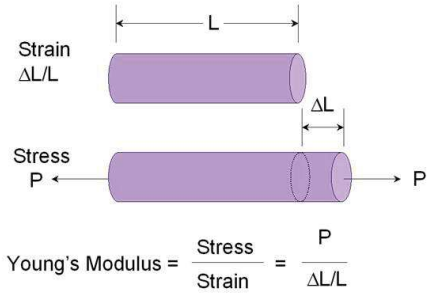



FIGURE 2.6 – Module de Young

Le coefficient de poisson quant à lui, permet de caractériser la déformation de la matière perpendiculairement à la direction de la contrainte (figure).

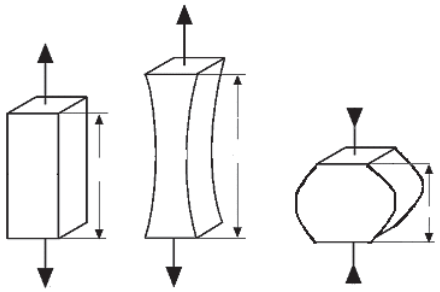


FIGURE 2.7 – Coefficient de Poisson

#### 2.2.4.2 Le comportement hyper-élastique

Le comportement hyper-élastique est une extension de la loi de comportement élastique linéaire. Il définit le comportement du matériau lorsqu'il est soumis à de fortes contraintes, dépassant ainsi le domaine d'élasticité linéaire. La relation contraintes-déformations est donc non linéaire et varie en fonction de l'intensité de la contrainte. Dans la modélisation des muscles, la loi de comportement de Mooney-Rivlin est la plus souvent utilisée pour modéliser le comportement hyper-élastique. Sa fonction de densité d'énergie ou potentiel élastique de déformation est définie dans l'équation. 2.10

$$W(I_1, I_2) = C_{10}(I_1 - 3) + C_{01}(I_2 - 3) \tag{2.10}$$

Elle permet après intégration de calculer les forces appliquées sur chaque particule élémentaire du modèle.

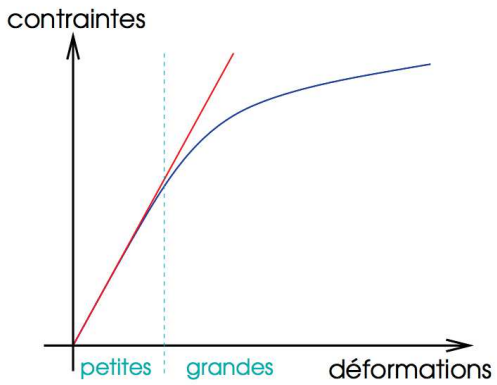



FIGURE 2.8 – Loi de comportement élastique linéaire : contrainte-déformation

#### 2.2.4.3 Le comportement viscoélastique

Ce comportement décrit un phénomène qu'on peut retrouver dans des matériau comme les pâtes (pâte à modeler), sensibles à la température ainsi qu'a la vitesse d'application des contraintes. Le modèle de Kelvin-Voigt est un modèle élémentaire qui décrit le comportement des solides viscoélastiques, représenté par un ressort élastique hookéen, en parallel avec un amortisseur visqueux (voir figure. 2.9). Parmi les propriétés du matériau est la diminution dans le temps de la résistance du matériau à une contrainte équivalente. En fonction du coefficient de friction du matériau, on note la présence d'un hystérésis entre le chemin parcouru durant la réponse à une contrainte, puis le chemin de la relaxation. L'aire entre ces deux courbes représente l'énergie dissipée par le matériau, due aux frictions visqueuses.

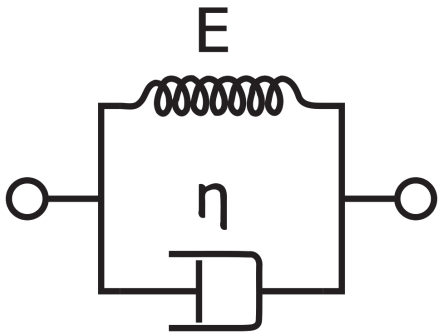



FIGURE 2.9 – Modèle rhéologique de Kelvin-Voigt représenté par un ressort purement visqueux et un ressort hookéen en parallel. La contrainte totale est la somme des contraintes du ressort E et de l'amortisseur $\eta$

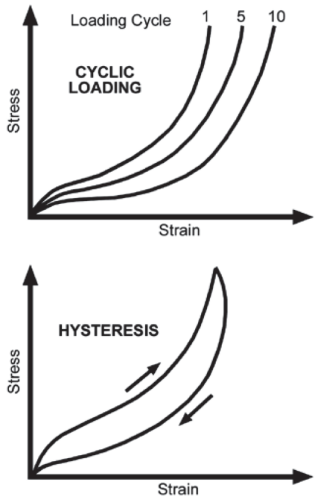



FIGURE 2.10 – Loi de comportement élastique linéaire : contrainte-déformation

#### 2.2.4.4 Le comportement plastique

La déformation plastique est une extension des comportements élastiques et visco-élastiques. Elle traduit la déformations de manière irreversible d'un corps soumis à de grandes contraintes. Elle se produit avant le point de rupture d'un matériau. Les modèles plastiques sont difficiles à formuler. Ce phénomène se produit chez les matériaux

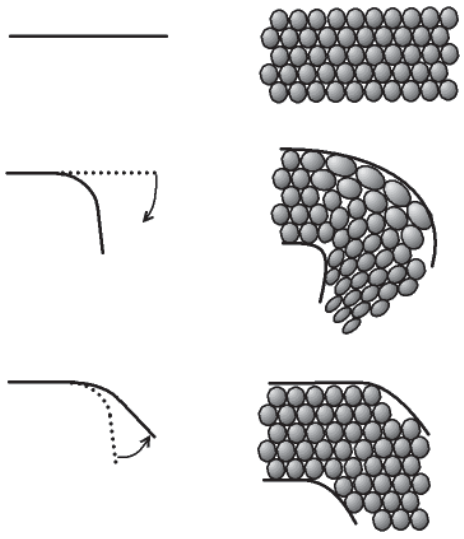


FIGURE 2.11 – Réorganisation des atomes lors d'une déformation plastique

dis ductiles (par opposition à fragiles), tels que les métaux par un glissement des atomes et un changement de leurs liaisons chimiques (voir figure. 2.11).

### 2.2.5 Modèles de Hill

Le modèle de Hill est un modèle musculaire purement mécanique construit du point de vue de l'ingénierie des systèmes. Les pionniers dans le domaine de la mécanique du muscle ne se sont donc pas intéressés à la structure interne mais au fonctionnement du muscle, qu'ils ont considéré comme une boîte noire dont il fallait identifier les caractéristiques d'entrées-sorties, dans le but d'élaborer un modèle mathématique qui pourrait prédire son comportement global.
Les premières recherches se sont intéressées à la relation entre la longueur initiale du muscle et la force qu'il peut produire. Elles commencèrent au 19ème siècle avec les travaux de [Blix, 1894], qui a attaché une extrémité du muscle, puis des poids différents à l'autre extrémité. Dans un état passif, la longueur du muscle augmentait avec l'augmentation du poid. Une fois le muscle stimulé, sa longueur diminuait. Malgré une stimulation constante, plus le poid augmentait, plus le raccourcissement diminuait. Il avait conclu que la force musculaire diminuait en fonction de la longueur initiale du muscle.
Cette relation s'explique par le fait que le niveau de tension est directement liée au nombre de ponts entre actine et myosine qui peuvent être formés au sein de chaque sarcomère dans le tissu musculaire. À la longueur optimale, il y'a un chevauchement maximal entre les protéines d'actine et myosine, favorisant le phénomène de glissement des filaments. Lorsque le muscle est écarté de cette longueur de repos (optimale) la surface de chevauchement diminue, par la même, la quantité de tension que peut développer chaque sarcomère et donc la totalité du muscle [Gordon et al., 1966]. Cette relation a été décrite en premier par [Gordon et al., 1966] pour une sarcomère puis approximée par [Hill, 1938] pour l'ensemble du muscle par l'équation suivante :

$$f_l(\varepsilon_c) = exp\{-(\frac{\varepsilon_c}{b})^2\} \qquad \varepsilon_c = \frac{L(t)}{L_{c0} - 1} \tag{2.11}$$

Tel que $f_l(\varepsilon_c)$ est la relation force longueur du muscle, $b$ représente une constante materielle, $\varepsilon_c$ représente la déformation du muscle (raccourcissement relatif), $L(t)$ la longueur du muscle à chaque instant, $L_{c0}$ la longueur optimal du muscle.

Si un muscle se contracte en tirant par une de ses extrémités une charge constante, variant de manière croissante d'un essai à l'autre, la vitesse de contraction diminuera. Cette relation entre la charge (force musculaire) et la vitesse de contraction est connue sous la relation force-vitesse. L'hypothèse de viscosité du muscle prédisait une relation linéaire indépendante de la vitesse. D'un point de vue experimental cette relation a été enregistrée par [Fenn and Marsh, 1935], avec une courbe descendante et convexe. [Hill, 1938] en a défini la forme mathématique de manière paramétrique, en interpolant les données de force et de vitesse enregistrées à plusieurs reprises, en ajustant les données à une équation de forme supposée, avec comme seule variable le

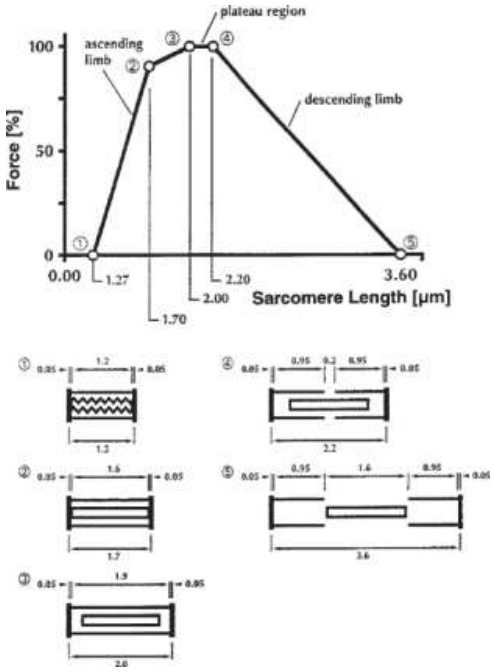



FIGURE 2.12 – Relation force longueur de l'élément contractile

paramètre poids. Il en résulte l'équation force-vitesse de Hill suivante :

$$f_v(\dot{\varepsilon}_c) = \frac{V_{sh}(V_{max} + L_{c0}\dot{\varepsilon}_c)}{V_{sh}V_{max} - L_{c0}\dot{\varepsilon}_c} \qquad V_{max} = 5.(1 + a(t).f_l(\varepsilon_c))) \tag{2.12}$$

Avec $f_v(\dot{\varepsilon}_c)$ la relation force vitesse, $V_{max}$ est la vitesse de contraction maximale du muscle, $V_{sh}$ est une constante adimensionnelle. $\dot{\varepsilon}_c$ est la vitesse de raccourcissement relatif.

Le modèle de Hill est composé de trois elements qui décrivent les propriétés mécaniques et dynamiques observées sur le muscle. L'élément contractile $E_c$ est l'élément qui produit la force musculaire en integrant les relation Force-Longueur et Force-Vitesse. L'expression complete du modèle mathématique de l'élément contractile est la suivante

$$F_{ce}(t) = a(t)f_l(\varepsilon_c)f_v(\dot{\varepsilon}_c)F_0^m \tag{2.13}$$

En série avec l'élément contractile, on retrouve l'élément élastique $E_s$ qui modélise l'élongation des parties passives du muscle durant une contraction isométrique, car si d'un point de vue macroscopique, la contraction isométrique ne modifie pas la longueur du muscle, l'élément contractile rétrécie, ce qui entraine l'élongation des tissus passifs élastiques. Aux deux éléments précédents, s'additionne (en parallèle) un troisième élément élastique $E_p$, qui caractérise la résistance passive des tissus à une élongation. Il additionne sa force élastique qui tend à faire reprendre au muscle sa longueur de repos

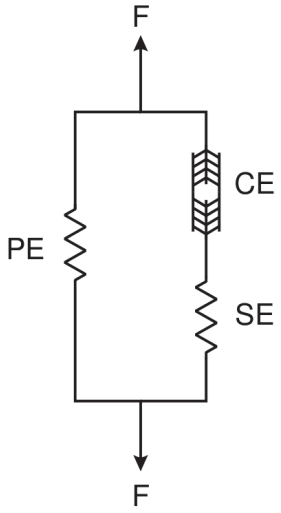



FIGURE 2.13 – Modèle de Hill à trois composants. CE (élément contractile), SE (élément élastique en série), PE (élément élastique en parallèle).

aux deux autres éléments, dans le cas ou la longueur actuelle du muscle $L_s$ est supérieur à la longueur optimale du muscle $L_{c0}$.

### 2.2.6 Modèles de Huxley (cross-bridge)

Ce modèle de muscle a été formulé dès que la théorie des filaments glissants a été proposée par Huxley [Huxley, 1957] . Il a été construit en tenant compte de la structure moléculaire réelle du muscle et les tentatives de prédire la tension développée, en simulant les forces produites par les attachements transversaux entre l'actine et la myosine molécules. [Zahalak, 1981] a utilisé une approximation par moments distribués pour la résolution numérique du modèle de Huxley.

La partie droite de la figure 2.14 est une représentation schématique du réticulum sarcoplasmique (RS) qui est stimulé par un potentiel d'action. En raison de la stimulation, le calcium stocké dans le RS se diffuse en dehors pour se lier aux sites récepteurs sur l'actine. Une fois l'actine activée, un pont peut être formé entre l'actine et la myosine. Ce pont génère une force. Le côté gauche de la figure 2.14 est une représentation schématique d'un sarcomère avec $l_s$ sa longueur. Le chevauchement entre la myosine et l'actine est défini par $\alpha$. La formation des liaisons dépend de la concentration locale de calcium, ainsi que de la distance entre la tête de la myosine et de l'actine du filament. Une équation différentielle pour la fonction de distribution du nombre de pont formés ($n(\xi, t)$) peut être dérivée :

$$\frac{\partial n(\xi,t)}{\partial t} + v(t)\frac{\partial n(\xi,t)}{\partial x} = r(t)f(\xi)[a(l_s) - n(\xi,t)] - g(\xi)n(\xi,t) \qquad (2.14)$$

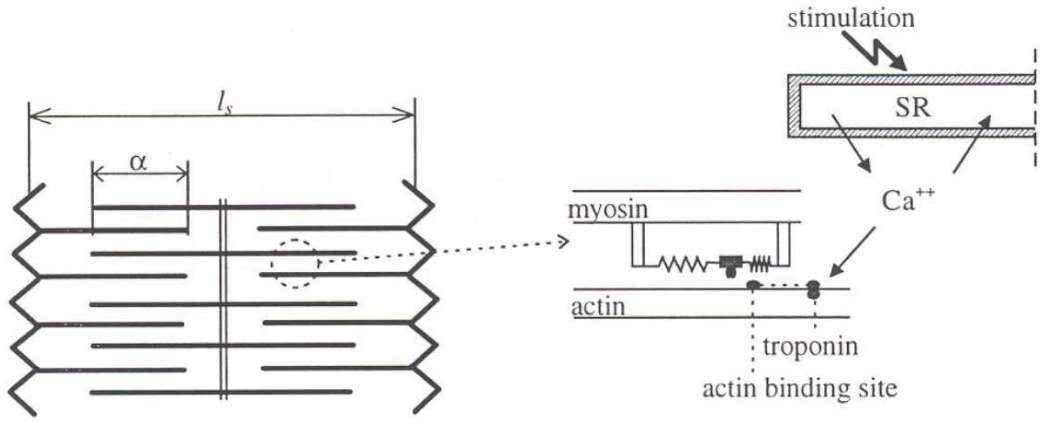



FIGURE 2.14 – Modèle de Huxley à deux états [Huxley, 1957].

Dans l'équation (2.14) $\xi$ est une longueur normalisée, $v(t)$ est la vitesse de raccourcissement des myofilaments et $r(t)$ est le facteur d'activation dépendant du calcium. Ce facteur d'activation $r(t)$ est calculé selon Zahalak [Zahalak, 1981] (equation (2.16))

$$r(t) = \frac{[Ca_2]^2}{\mu^2 + \mu[Ca_2] + [Ca_2]^2} \tag{2.15}$$

$\mu$ est un ratio représentant les constantes de la reaction calcium-troponin. La quantité de têtes de myosine qui se lient à l'actine dépend de $\alpha$. C'est une fonction de la longueur actuelle de la sarcomère ($l_s$) et la longueur optimale d'un sarcomère ($l_{s,opt}$) :

$$\alpha = \begin{cases} 1 - 6.25.(l-1)^2 & l \leq 1 \\ (1.8 - l).1.25 & l > 1 \end{cases} \qquad \text{avec} \quad l = \frac{l_s}{l_{s,opt}} \tag{2.16}$$

Les fonctions $f(\xi)$ et $g(\xi)$ dans l'équation (2.14) représentent respectivement la fréquence d'attachement et de détachement des ponts actine et myosine. Huxley propose des fonctions $f$ et $g$ linéaires, exprimées par le système d'équation (2.17). Ces deux fonctions sont présentées dans la figure 2.15 .

$$\begin{cases} \xi < 0 & f = 0 \quad et \quad g = g_1 \\ 0 < \xi < 0 & f = f_1\xi/h \quad et \quad g = g_1\xi/h \\ \xi > h & f = 0 \quad et \quad g = g_1\xi/h \end{cases} \tag{2.17}$$

L'équation (2.14) peut être approchée par l'approximation du moment distribué développé par Zahalak [Zahalak, 1981]. Cette approximation est représentée par l'équation (2.18), dans laquelle $Q_\lambda$ sont les moments et u(t) la vitesse de raccourcissement à

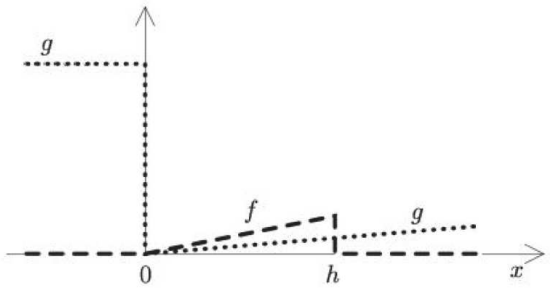



FIGURE 2.15 – Les fonctions f et g en fonction de $\xi$ (x)

l'echelle.

$$\dot{Q}_\lambda = \alpha r - \beta_\lambda - r\varphi_{1\lambda} - \varphi_{2\lambda} - \lambda u(t) Q_{\lambda-1} \qquad \lambda = 0, 1, 2, ... \tag{2.18}$$

Avec :

$$\begin{aligned} Q_\lambda &= \int_{-\infty}^{\infty} \xi^\lambda n(\xi, t) d\xi \\ \beta_\lambda &= \int_{-\infty}^{\infty} \xi^\lambda f(\xi) d\xi \\ \varphi_{1\lambda} &= \int_{-\infty}^{\infty} \xi^\lambda f(\xi) n(\xi, t) d\xi \\ \varphi_{2\lambda} &= \int_{-\infty}^{\infty} \xi^\lambda g(\xi) n(\xi, t) d\xi \end{aligned} \tag{2.19}$$

La fonction de distribution ne peut pas être mesurée directement , puisque $n(\xi, t)$ est inconnue. Par conséquent, $n(\xi, t)$ est approximée par une distribution gaussienne, représentée dans l'équation (2.20).

$$n(\xi, t) = \frac{Q_0}{\sqrt{s\pi q}} \exp\left(\frac{-(\xi - p)^2}{2q^2}\right) \qquad \text{avec} \qquad \begin{aligned} p &= Q_1/Q_0 \\ q &= \sqrt{(Q_2/Q_0) - (Q_1/Q_0)^2} \end{aligned} \tag{2.20}$$

Avec cette approximation, une relation récurrente peut être dérivée, dans laquelle les moments de $\lambda > 2$ peuvent être éliminés. Maintenant, les variables de l'équation (2.19) peuvent être calculées, puis intégrées à l'équation (2.18) la résolution dans le temps des moments peut alors être calculé. Les trois premiers moments, $Q1$, $Q2$ et $Q3$, ont un sens physique : ils sont respectivement proportionnels à la rigidité instantanée, la force musculaire active et l'énergie élastique totale.

## 2.3 Modélisation volumique du muscle basée masses-ressorts

Les méthodes purement graphiques pour la modélisation des déformations sont limitées en terme de réalisme et surtout difficiles à valider. Les déformations doivent être spécifiées explicitement et le système n'a pas de connaissance sur la nature des objets manipulés. La modélisation d'un système aussi complexe que le visage humain, par exemple devient une tâche ardue. La modélisation masse-ressort est née du besoin

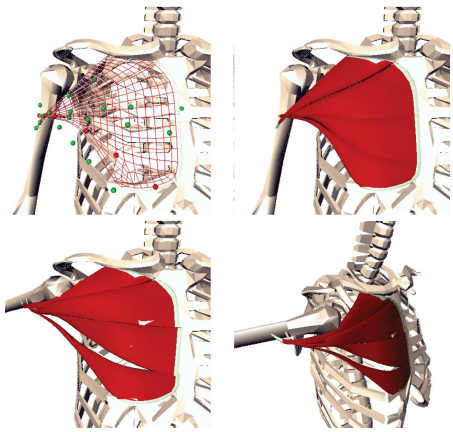


FIGURE 2.16 – Modélisation des déformations du Pectoralis Major par un système masse-ressort.

de la science de modéliser le comportement des muscles et de leur influence sur les différentes parties du corps selon une approche volumique. Durant les années 80, cette méthode a été privilégiée pour sa facilité d'implémentation ainsi que sa vitesse de calcul relative aux machines de l'époque. Un matériau élastique peut être modélisé par un groupe de masses ponctuelles reliées par des ressorts sans masse. Le comportement des ressorts est basé sur la loi élastique linéaire de Hooke qui agit sur une masse $i$ connectée par un ressort $f_{ij}$ à une masse $j$, la loi de Hooke est décrite par :

$$F_{ij} = k(\|x_{ij}\| - l_{ij}) \tag{2.21}$$

Avec $F_{ij}$ la force qui agit sur chaque masse reliée au ressort $f_{ij}$, $k$ la raideur du ressort, $x_{ij}$ la longueur actuelle du ressort, $l_{ij}$ la longueur de repos du ressort. L'avantage de ce type de modélisation est que la loi de Hooke peut étre remplacée par n'importe quelle autre loi de comportement, avec une force qui dérive d'une minimisation de l'énergie, telles que le modèle de Hill, tout en gardant la méme configuration géométrique des masses. Les équations de mouvement pour l'ensemble du systême sont assemblées à partir de tous les mouvements des masses ponctuelles dans le réseau. En concaténant les vecteurs position des $N$ masses individuelles en un seul vecteur de position $x$ de

dimension $N$, on obtient :

$$M\ddot{x} + C\dot{x} + Kx = f \tag{2.22}$$

Ici, $M$, $C$ et $K$ son les matrices $3N \times 3N$ qui représentent, respectivement, la masse, l'amortissement et la rigidité. Bien que grandes, ces matrices sont généralement creuses. $M$ et $C$ sont des matrices diagonales et K est une matrice bande, car elle encode les forces de ressort qui sont des fonctions de distances entre les points de masse voisins seulement. Le vecteur $f$ est un vecteur de dimension $3N$ représentant les forces externes totales qui s'exercent sur les masses ponctuelles. Le systéme est résolu en ré-exprimant 2.23 comme un systéme du premier ordre :

$$\begin{aligned} \dot{x} &= v \\ \dot{v} &= M^{-1}(-Cv - Kx + 1) \end{aligned} \tag{2.23}$$

Avec $v$ la vitesse de mouvement de tout le systéme masse-ressort. Une variété de techniques numériques sont disponibles pour résoudre ce type de systémes, telles que les ODE (équations différentielles ordinaires).
[Chadwick et al., 1989] a connecté des points de contrôle FFD (déformation de formes libres) avec des masses ponctuelles dans un système masse-ressort qui représente le système musculaire, permettant d'influencer dynamiquement la déformation de manière géométrique. En augmentant leur modèle musculaire basée FFD avec un système masse-ressort, ils étaient en mesure de représenter les propriétés viscoélastiques de déformation des tissus, suite à un mouvement d'une articulation squelettique.

[Lee et al., 1995] a intégré entre le squelette du visage et la peau une sous-couche modélisant les muscles faciaux basée sur un système masse-ressort. La contraction de ce système en forme de draps, connecté rigidement aux DOFs de la peau a permis à la surface de la peau de se déformer naturellement. [Albrecht, 2003] a repris cette même technique en imposant un voile musculaire aux DOFs de la peau afin de représenter les déformations durant les mouvements de la main et des doigts. [Nedel and Thalmann, 1998] et [Aubel and Thalmann, 2001] ont créé des simulations volumiques temps-réel de muscles avec représentation des déformations, basées sur des modèles double couches, la première caractérise la ligne d'action du muscle en 1D avec une représentation par ligne droite, tandis que la seconde couche modélise la surface déformable du muscle grâce à un système masse-ressort (voir figure. 2.16). [Victor Ng-Thow-Hing and Fiume, 1999] ont proposé un modèle plus sophistiqué basé sur des considérations anatomiques et biomécaniques. La surface du muscle solide est extraite à partir de données d'imagerie médicale ou d'images de coupes transversales de muscles, puis l'arrangement des fibres est reconstruit en utilisant des B-splines volumiques à partir de données de trajectoires de fibres numérisées. Alors que le modèle de Hill est utilisé pour exprimer la dynamique des fibres musculaires, un système masse-

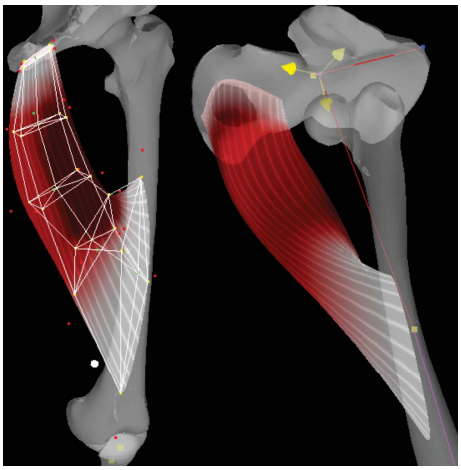


FIGURE 2.17 – A gauche les ressorts qui représentes le comportement viscoélastique, à droite les fibers reconstruites par les B-splines.

ressort est utilisée pour représenter la déformation viscoélastique du muscle entier (voir figure. 2.17).

## 2.4 Modélisation volumique du muscle basée éléments finis

Dans la partie précédente, nous avons décrit les bases de la mécanique des milieux continus (la représentation de la contrainte et de la déformation, ainsi que les lois de comportement qui les relient). Un modèle constitutif est donc l'établissement de lois de comportement entre les contraintes et les déformations d'un milieu, mais il est important de séparer le modèle constitutif de la méthode utilisée pour le résoudre. Les modèles peuvent être discrets ou continus, mais les méthodes de calcul utilisées pour résoudre les modèles de simulations informatiques sont toujours discrets. Dans l'analyse des systèmes dynamiques, les techniques d'intégration numériques approchent le système par des pas de temps discrets. En outre, même un modèle continu doit être paramétré par un vecteur d'état fini. Pour la modélisation d'objet déformable, ce vecteur d'état comprend souvent les positions et les vitesses des points représentatifs au sein du matériau.
Le modèle continu complet d'un objet déformable considère l'équilibre d'un corps générale sollicité par des forces extérieures. La déformation de l'objet est une fonction des forces extérieures et des propriétés matérielles de l'objet. L'objet atteint l'équilibre lorsque son énergie potentielle est au minimum [Gibson and Mirtich, 1997]. L'énergie potentielle totale d'un système déformable est notée $\Pi$ et est donnée par :

$$\Pi = \Lambda - W \tag{2.24}$$

Où $\Lambda$ est l'énergie de déformation totale de l'objet, et $W$ le travail des charges extérieures appliquées à l'objet. Afin de déterminer la forme d'équilibre de l'objet, $\Lambda$ et $W$ sont exprimés en termes de la déformation de l'objet qui est représenté par une fonction du déplacement de matiére au sein de l'objet. L'énergie potentielle du système atteint son minimum lorsque la dérivé de $\Pi$ par rapport à la fonction de déplacement du matériau est égale à zéro. Cette approche conduit à une équation différentielle d'équilibre continue, qui doit être résolue par rapport au déplacement de matière.
Parce qu'il n'est pas toujours possible de trouver une solution analytique des équations différentielles d'équilibre de l'objet, un certain nombre de méthodes numériques sont utilisés pour se rapprocher de la déformation de l'objet. La méthodes des éléments finis, FEM, divisent l'objet en un ensemble d'éléments qui se rapprochent de l'équation d'équilibre continue de tout l'objet. Il existe plusieurs approches principales de la méthode des éléments finis, l'approche basée déplacements et l'approche dynamique seront présentées dans ce rapport.

### 2.4.1 Méthode des éléments finis basée déplacement

Dans la FEM basée déplacement, une équation d'équilibre (équation. 2.24) est dérivé dans l'objectif de minimiser l'énergie potentielle du système par rapport au déplacement de matière au sein de l'objet. Les étapes de base de la FEM pour calculer les déformations de l'objet sont :

- Dériver une équation d'équilibre à partir de l'équation. 2.24, par rapport aux déplacements de matière dans l'objet.
- Sélectionner des éléments finis et des fonctions d'interpolation (forme) appropriées au problème, puis subdiviser l'objet en éléments de la nature choisie.
- Pour chaque élément, ré-exprimer les composants de l'équation d'équilibre en terme de fonctions d'interpolation et déplacement des noeuds des éléments.
- Combiner les équations d'équilibre de chaque élément de l'objet en un système globale, puis résoudre le système par rapport à l'ensemble des noeuds de l'objet en terme de déplacement.
- Utiliser le déplacement des noeuds d'un élément et les fonctions d'interpolation pour calculer les déplacements et les quantités (contraintes, déformations) au sein du volume de l'élément.

#### 2.4.1.1 Equation d'équilibre en termes de déformations

Dans la section suivante, nous nous limitons au cas des matériaux élastiques linaires isotropes par souci de simplicité, mais l'extension à des matériaux plus complexes est possible. Grâce à la loi de Hooke, nos matériaux se caractérisent par seulement deux paramètres : le module de Young $E$ correspondant à la rigidité du matériau, et le coefficient de Poisson $\nu$ correspond à son imcompressibilité.

L'énergie potentielle $\Pi$ d'un objet est la différence entre son énergie totale de déformation $\Lambda$ et le travail total $W$ des forces extérieures subi par l'objet. Afin de déterminer les déformations de l'objet qui minimiseront $\Pi$, $\Lambda$ et $W$ sont exprimés en terme de déplacement de matiére. L'énergie de déformation $\Lambda$ est exprimée par une intégrale sur le volume de la contrainte $\sigma$ et des déformations $\varepsilon$

$$\Pi = \frac{1}{2}\int_v \sigma^T \varepsilon \, \mathrm{d}V = \frac{1}{2}\int_v \varepsilon^T D\varepsilon \, \mathrm{d}V \tag{2.25}$$

Avec $D$ la matrice linéaire qui relie contrainte et déformation à partir de la loi de comportement de Hooke.

$$D = \varphi(V)\frac{E(1-\nu)}{(1+\nu)(1-2\nu)}\begin{bmatrix} 1 & \frac{\nu}{1-\nu} & \frac{\nu}{1-\nu} & 0 & 0 & 0 \\ \frac{\nu}{1-\nu} & 1 & \frac{\nu}{1-\nu} & 0 & 0 & 0 \\ \frac{\nu}{1-\nu} & \frac{\nu}{1-\nu} & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \frac{1-2\nu}{2(1-\nu)} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1-2\nu}{2(1-\nu)} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1-2\nu}{2(1-\nu)} \end{bmatrix} \tag{2.26}$$

$\varphi(V)$ est une fonction décroissante du volume et qui dépend du type d'élément.
Dans les matériaux élastiques, le tenseur déformations est lié au vecteur déplacements $u = (u, v, w)^T$ à travers un ensemble d'équations différentielles :

$$\begin{aligned} \varepsilon_{xx} &= \frac{\partial u}{\partial x} & \varepsilon_{yz} &= \frac{\partial v}{\partial z} + \frac{\partial w}{\partial y} \\ \varepsilon_{yy} &= \frac{\partial v}{\partial y} & \varepsilon_{zx} &= \frac{\partial w}{\partial x} + \frac{\partial u}{\partial z} \\ \varepsilon_{zz} &= \frac{\partial w}{\partial z} & \varepsilon_{xy} &= \frac{\partial u}{\partial y} + \frac{\partial v}{\partial x} \end{aligned} \tag{2.27}$$

Ces relations de contrainte sont utilisés pour étendre l'équation. 2.29 en termes de déplacement de matière. Ceci est fait explicitement une fois les fonctions d'interpolation auront été choisies.
Le travail effectué par une force extérieure $f(x, y, z)$ est calculé comme le produit scalaire de la force appliquée et le déplacement de matière $u$ intégré sur le volume de l'objet.

$$W = \int_v u.f \, \mathrm{d}V \tag{2.28}$$

Les forces appliquées à un corps déformable comprennent les forces distribuées sur l'ensemble du volume de l'objet de manière homogène telle que la force de gravité, les forces de surface telles que les forces de pression ou frottement visqueux, puis les

charges ponctuelles sur une partie précise de l'objet.

$$W = \int_v u.f_b \, \mathrm{d}V + \int_v u.f_s \, \mathrm{d}S + \sum_i u_i.p_i \tag{2.29}$$

Où $f_b(x, y, z)$ sont les forces volumiques appliquées à l'ensemble de l'objet, $f_s(x, y, z)$ sont les forces appliquées à la surface $S$ de l'objet, et $p_i$ sont les forces ponctuelles qui agissent sur les points $u_i(x_i, y_i, z_i)$.

#### 2.4.1.2 Discrétisation

Une fois que la géométrie de l'objet et la précision requise sont connus, l'objet est divisé en un nuage de points qui seront reliés par un ensemble d'éléments appropriés et des fonctions de forme définies. Cette phase est appelée discrétisation. Le meilleur choix d'éléments et de fonctions de forme (interpolation) dépend avant tout de la forme de l'objet, mais aussi des exigences de convergence vers la solution, les degrés de liberté de la simulation...etc. Il faut donc trouver le bon compromis entre précision et exigences de calcul. En général, en utilisant des éléments ayant plusieurs noeuds et des fonctions d'interpolation plus complexe, la simulation nécessite moins d'éléments pour le même degré de précision. Cependant, les fonctions de forme d'ordre supérieur nécessitent des techniques d'intégration numériques plus sophistiqués, et sont donc plus gourmandes en ressources. La figure 2.18 illustre certains éléments communs 2D et 3D et leurs noeuds d'interpolation. Chaque élément possède sa fonction d'interpolation qui permet de décrire comment les quantités varient à l'intérieur de sa surface ou son volume. Souvent, la fonction d'interpolation est une équation polynomiale de degré égal ou supérieur au nombre de nœuds $M$ de l'élément, afin de fournir les degrés de liberté nécessaires. La méthode sera décrite dans le cas d'un triangle plan, puis pourra être généralisée à l'ensemble des éléments.
Etant donné que le triangle est en 2D, une fonction polynomiale linéaire du premier ordre à 3 inconnues fournit assez de degrés de liberté pour interpoler les mouvement de matière de l'ensemble de la surface du triangle :

$$\Phi = a_1 + a_2 x + a_3 y \tag{2.30}$$

Pour obtenir les fonctions d'interpolation à partir de l'équation d'interpolation, on contraint la valeur interpolées de $\Phi$ à être égale à $1$ à chaque nœud $(x_i, y_i)$, et $0$ en dehors. Dans le cas du triangle linéaire 2D :

$$\begin{aligned} \Phi_1 &= a_1 + a_2 x_1 + a_3 y_1 \\ \Phi_2 &= a_1 + a_2 x_2 + a_3 y_2 \\ \Phi_3 &= a_1 + a_2 x_3 + a_3 y_3 \end{aligned} \tag{2.31}$$

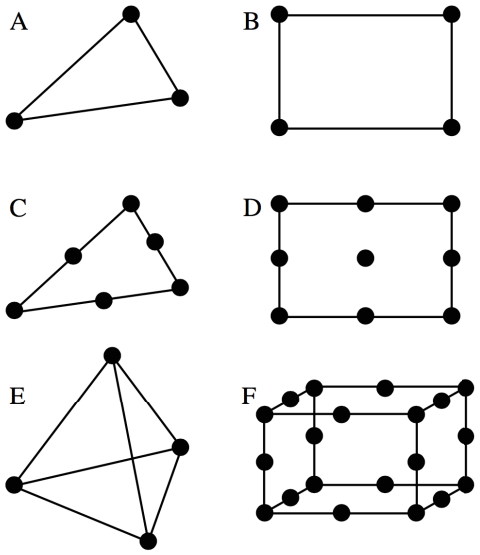



FIGURE 2.18 – Certains éléments 2D et 3D communs utilisés en FEM. (A) élément linéaire triangulaire à 3 nœuds, (B) élément rectangulaire linéaire à 4 nœuds , (C) élément triangulaire quadratique à 6 nœuds, (D) élément de Lagrange à 9 nœuds, (E) élément tétraédrique à 4 nœuds, et (F) élément en brique à 20 nœuds.

Résoudre ce système pour les coefficients $a_i$ prend la forme suivante :

$$\begin{aligned} a_1 &= [(x_2y_3 - x_3y_2)\Phi_1 + (x_3y_1 - x_3 1_3)\Phi_2 + (x_1y_2 - x_2y_1)\Phi_3]/2A \\ a_2 &= [(x_2 - x_3)\Phi_1 + (x_3 - x_1)\Phi_2 + (x_1 - x_2)\Phi_3]/2A \\ a_3 &= [(x_3 - x_1)\Phi_1 + (x_1 - x_3)\Phi_2 + (x_2 - x_1)\Phi_3]/2A \end{aligned} \tag{2.32}$$

Avec $A$ l'aire de l'élément triangulaire. Au final, en substituant $a_1$, $a_2$ et $a_3$ dans 2.35 et en réarrangeant, la valeur inconnue $\Phi(x, y)$ peut être exprimée en terme de valeurs de nœuds $\Phi_1$, $\Phi_2$ et $\Phi_3$, et les fonctions d'interpolation $h_1$, $h_2$ et $h_3$ :

$$\Phi = h_1\Phi_1 + h_2\Phi_2 + h_3\Phi_3 \tag{2.33}$$

Où les fonctions d'interpolations sont :

$$\begin{aligned} h_1 &= [(x_2y_3 - x_3y_2)\Phi_1 + (y_2 - y_3)x + (x_3 - x_2)y]/2A \\ h_2 &= [(x_3y_1 - x_1y_3)\Phi_1 + (y_3 - y_1)x + (x_1 - x_3)y]/2A \\ h_3 &= [(x_1y_2 - x_2y_1)\Phi_1 + (y_1 - y_2)x + (x_2 - x_1)y]/2A \end{aligned} \tag{2.34}$$

En général, les fonctions d'interpolations de l'équation 2.34 possèdent les propriétés suivantes :

– Elles ne sont valides que localement au sein de l'élément et traité comme nulles en dehors.
– Chaque fonction d'interpolation a une valeur de 1 à son noeud correspondant et disparaît aux autres noeuds dans l'élément.
– Elles ont une valeur de 1 partout au sein de l'élément.
– Elles ont le même ordre et forme que l'équation d'interpolation 2.35

Exemple d'éléments finis 2D et 3D communs, avec équation d'interpolation, fonction de formes

| element type | # nodes | interpolation equation | interpolation functions |
|---|---|---|---|
| linear triangular<br>area $A$ | 3 | $\Phi = a_1 + a_2x + a_3y$ | $h_1 = [(x_2y_3 - x_3y_2) + (y_2 - y_3)x + (x_3 - x_2)y]/2A$<br>$h_2 = [(x_3y_1 - x_1y_3) + (y_3 - y_1)x + (x_1 - x_3)y]/2A$<br>$h_3 = [(x_1y_2 - x_2y_1) + (y_1 - y_2)x + (x_2 - x_1)y]/2A$ |
| bilinear rectangular<br>width $w$<br>height $h$<br>area $A$ | 4 | $\Phi = a_1 + a_2x + a_3y + a_4xy$ | $h_1 = (w + x_1 - x)(h + y_1 - y)/A$<br>$h_2 = (x - x_1)(h + y1 - y)/A$<br>$h_3 = (w + x_1 - x)(y - y_1)/A$<br>$h_4 = (x - x_1)(y - y1)/A$ |
| quadratic<br>triangular | 6 | $\Phi = a_1 + a_2x + a_3y$<br>$+a_4xy + a_5x^2 + a_6y^2$ | *see FEM text* |
| Lagrangian | 9 | $\Phi = a_1 + a_2x + a_3y$<br>$+a_4xy + a_5x^2 + a_6y^2$<br>$+a_7x^2y + a_8y^2x + a_9x^2y^2$ | *see FEM text* |
| tetrahedral | 4 | $\Phi = a_1 + a_2x + a_3y + a_4z$ | *see FEM text* |
| 20-node brick | 20 | *see FEM text* | *see FEM text* |

FIGURE 2.19 – Certains éléments 2D et 3D communs utilisés en FEM avec leurs fonctions de forme

#### 2.4.1.3 Exprimer l'énergie potentielle comme une fonction de déplacement des nœuds

Dans la section précédente, les fonctions d'interpolation ont été obtenues pour un élément linéaire triangulaire 2D. Ces fonctions expriment la valeur de $\Phi$ à un point (x, y) de l'élément en termes de déplacement des nœuds. Pour la FEM basée déplacements, la même approche est utilisée pour exprimer le vecteur $u$ de déplacement 3D d'un point (x, y, z), comme une combinaison linéaire des fonctions d'interpolations appliquées aux déplacements des nœuds de l'élément.

$$u = \begin{bmatrix} u \\ v \\ w \end{bmatrix} = HU, \tag{2.35}$$

Avec $U = (u_1, v_1, w_1, u_2, v_2, w_2, \cdots, u_N, v_N, w_N)^T$.
$N$ est le nombre de nœuds de l'élément, $H$ est une matrice de dimension $3 \times 3N$ composée des fonctions d'interpolations, et $U$ est le vecteur déplacement de dimension $3N \times 1$. La forme exacte de $H$ dépend du choix de l'éléments et des fonctions d'interpolation. Cependant, à partir de 2.34, les fonctions d'interpolation sont une fonction

(souvent polynôme) de l'emplacement des points $(x_i, y_i, z_i)$. En appliquant les relations de contrainte-déformation différentielle de 2.27 à 2.31, la déformation à $(x, y, z)$, peut être exprimée en termes de déplacement de nœuds et des fonctions d'interpolation. La forme générale du résultat est :

$$\varepsilon = BU \tag{2.36}$$

telle que $B$ est la matrice de déformation-déplacement de dimension $6 \times 3N$.

$$\begin{bmatrix} \frac{\partial H_1}{\partial x} & 0 & 0 & \cdots & \frac{\partial H_N}{\partial x} & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\partial H_1}{\partial y} & 0 & \cdots & 0 & \frac{\partial H_N}{\partial y} & 0 \\ 0 & 0 & \frac{\partial H_1}{\partial z} & \cdots & 0 & 0 & \frac{\partial H_N}{\partial z} \\ \frac{\partial H_1}{\partial y} & \frac{\partial H_1}{\partial x} & 0 & \cdots & \frac{\partial H_N}{\partial y} & \frac{\partial H_N}{\partial x} & 0 \\ 0 & \frac{\partial H_1}{\partial z} & \frac{\partial H_1}{\partial y} & \cdots & 0 & \frac{\partial H_N}{\partial z} & \frac{\partial H_N}{\partial y} \\ \frac{\partial H_1}{\partial z} & 0 & \frac{\partial H_1}{\partial x} & \cdots & \frac{\partial H_N}{\partial z} & 0 & \frac{\partial H_N}{\partial x} \end{bmatrix} \tag{2.37}$$

Où $H_i$ est la fonction d'interpolation du $i^{ieme}$ nœud et $N$ le nombre de nœuds de l'élément.
L'énergie de déformation d'un élément peut-être réécrite :

$$\Lambda = \frac{1}{2} \int_v U^T B^T DBU \, \mathrm{d}V = \frac{1}{2} U^T \left( \int_v B^T DB \, \mathrm{d}V \right) U \tag{2.38}$$

L'équation 2.38 exprime l'énergie de déformation de l'élément en fonction du déplacement de ses nœuds. De manière similaire, en utilisant (2.35), le terme du travail $W$ dans (2.29) est développé en terme de déplacement :

$$\begin{aligned} W &= \int_v U^T H^T f_b \, \mathrm{d}V + \int_v U^T H^T f_s \, \mathrm{d}S + U^T P \\ &= U^T \left( \int_v H^T f_b \, \mathrm{d}V + \int_v H^T f_s \, \mathrm{d}S + P \right) \\ &= U^T (F_b + F_s + P) \end{aligned} \tag{2.39}$$

Où $P$ est un vecteur $3N \times 1$ dérivé de $H$ et des charges ponctuelles $p_i$, et $F_b$ et $F_s$ sont respectivement les forces volumiques et surfaciques, généralement intégrées de manière numériques par rapport au volume et à la surface. L'expression finale de l'énergie potentielle à minimiser est la suivante :

$$\Pi = \frac{1}{2} U^T \left( \int_v B^T DB \, \mathrm{d}V \right) U + U^T (F_b + F_s + P) \tag{2.40}$$

L'équation $\Pi$ est une fonction quadratic du vecteur déplacement $U$. Minimiser $\Pi$ par rapport à $U$, revient à définir les dérivées partielles $\frac{\partial \Pi}{\partial U_i}$ comme nulles. On aura donc $KU = F$, où $K = B^T DB$ est appelé matrice de rigidité, numériquement intégrée par rapport au volume, et $F$ est la somme des forces volumiques, surfaciques et charges

ponctuelles.
L'analyse ci-dessus a été réalisée pour un seul élément. Pour modéliser un objet constitué de plusieurs éléments, l'expression d'équilibre est dérivée pour chaque élément, et les systèmes linéaires qui en résultent pour tous les éléments sont assemblés en un seule grand, mais simple, système linéaire de la même forme. Ce système linéaire peut être résolu par un certain nombre de méthodes, y compris l'élimination de Gauss, ou des méthodes de matrice creuse.

### 2.4.2 Méthode des éléments finis basée déformations dynamiques

Dans la discussion sur la méthode d'éléments finis basée déplacement, une analyse statique de l'objet a été examiné. L'objectif de l'analyse était de trouver la nouvelle forme d'équilibre de l'objet soumis à un certain nombre de forces ponctuelles et distribués. Dans une étude biomécanique, en particulier la modélisation du muscle, on ne cherche pas un état d'équilibre, mais des déformations et mouvement au cours du temps. Dans ce cas, les effets de l'inertie des forces distribuées et de dissipation d'énergie par le biais de forces d'amortissement dépendantes de la vitesse sont considérés, résultants en une équation différentielle du second ordre de déplacement des nœud de l'élément :

$$M\ddot{U} + C\dot{U} + KU = F \tag{2.41}$$

La matrice de masse $M$ pour chaque élément est défini par l'expression de la densité de l'objet en termes de fonctions d'interpolation et l'intégration sur le volume de l'élément. La matrice $M$ résultante pour un seul élément est défini par :

$$M = \int_v \rho H^T H \, \mathrm{d}V \tag{2.42}$$

La matrice d'amortissement $C$ peut être calculé de façon similaire, par l'assemblage de contributions des paramètres de l'élément d'amortissement. La matrice de raideur $K$ est la matrice assemblée de matrices $B$ et $D$ décrite à la fin de la section précédente. $U$ est le vecteur déplacement des nœuds. $F$ est le vecteur des forces appliquées équivalentes. Pour résoudre l'équation différentielle du mouvement du second ordre, on part d'un instant initial ou les positions et vitesses des nœuds sont connues, puis on intégre le pas de temps au court du temps afin de trouver le pas suivant.

Les propriétés mécaniques *in vivo* du muscles sont définies comme étant dynamiques, anisotropiques, viscoélastiques, non-linéaire, incompressible [Gennisson, Jean-Luc ; Deffieux et al., 2010]. Afin d'approcher la relation contrainte-déformations du muscle par simulations, on simplifie son comportement en le considérant comme un matériau hyperélastique, quasi-incompressible, transversalement isotrope (anisotropique). Ce modèle initialement décrit par [Humphrey and Yin, 1987] utilise une forme découplée de l'énergie de déformation, qui sépare la réponse de

changement de volume $(\Psi_{vol})$ et de distorsion $(\Psi_{iso})$ (voir equation. 2.43). Pour la première fois, une forme particulière de l'énergie de déformation pour les tissus mous biologiques est développée, en intégrant une anisotropie (direction de fibres) $a^0$ sous forme de vecteur unitaire, décrivant les directions locales de fibres au sein de chaque élément fini.

$$\Psi(C, a^0) = \Psi_{iso}(\overline{I}_1, \overline{I}_2, \overline{I}_4, \overline{I}_5) + \Psi_{vol}(J) \tag{2.43}$$

Avec $C$ le tenseur droit des déformations de Cauchy-Green, $\overline{I}_1$ et $\overline{I}_2$ sont les invariants déviateurs de $C$, $\overline{I}_4$ et $\overline{I}_5$ sont les invariants déviateurs de $C$ ajouté par [Humphrey and Yin, 1987], afin de représenter le cisaillement paralléle aux fibers dans la direction de $a^0$, tel que :

$$\overline{I}_1 = tr(C), \quad \overline{I}_2 = \frac{1}{2}\{tr(C)^2 - tr(C^2)\}, \quad \overline{I}_4 = (a^0)^T.C.(a^0), \quad \overline{I}_5 = (a^0)^T.C^2.(a^0) \tag{2.44}$$

La réponse de changement de volume $(\Psi_{vol})$ est fonction de $J$, le changement de volume relatif égal à $\sqrt{det(C)}$, et de $K$ le module d'élasticité volumique du tissu .

$$\Psi_{vol} = \frac{K}{2} ln(J)^2 \tag{2.45}$$

En se basant sur l'approche de [Humphrey and Yin, 1987], [Weiss et al., 1996] a im-

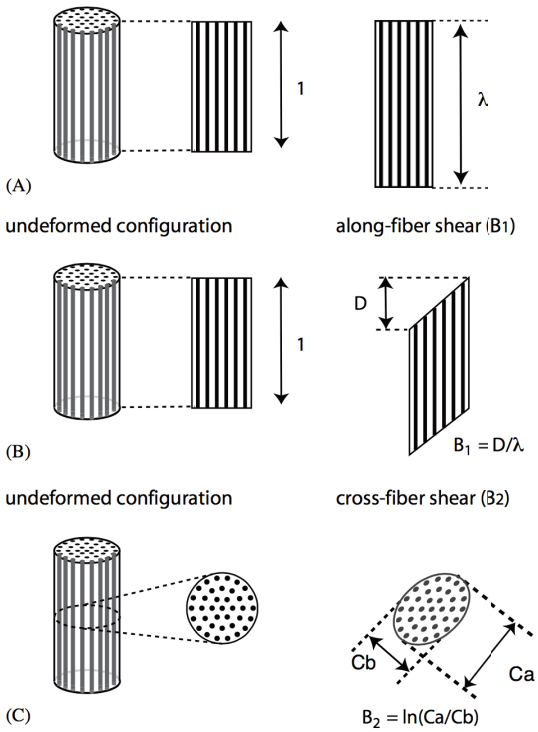



FIGURE 2.20 – Sens géométrique des invariants de [**?**]

plémenté une version éléments finis beaucoup plus complexe, pour la simulation tridimensionnel de modèles constitutifs de tissus biologiques mous, hyperélastiques, transversalement isotrope et totalement incompressibles. [Martins et al., 1998] a quant à lui développé un modèle de muscle pour la simulation 3D éléments finis, inspiré des lois de comportement d'un modèle du coeur de [Humphrey and Yin, 1987], modifié de manière à intégrer les lois de comportement actives et passives du muscle 1D de Zajac. [Johansson et al., 2000] s'inscrit dans la continuité de ce type de simulations, la partie active du muscle s'inspire des lois de comportement de [Hill, 1938], on notera l'ajout de l'activation du muscle comme paramètres de simulations. [Oomens et al., 2003] a developpé un modèle basé sur le même modèle constitutif que [Humphrey and Yin, 1987], avec comme différence, la partie active du muscle basée sur le un modèle Huxley à deux Etats [Huxley, 1957].

Une des limites de cet ensemble d'invariants, est que certains d'entre eux ($\overline{I}_1$, $\overline{I}_2$ et $\overline{I}_5$) n'ont aucune signification géométrique [Blemker et al., 2005a]. Même si cette méthode simule bien les déformations 3D de tissus musculaires actifs et passifs, elle ne permet pas de séparer la réponse du muscle entier de celle de la compression des fibres, le cisaillement parallèle aux fibres et le cisaillement transversal. Pour représenter la résistance au cisaillement le long des fibres et transversal aux fibres, [C. Criscione et al., 2001] a proposé un nouvel ensemble d'invariants (voir figure. 2.20). Ce nouveau modéle est composé de trois invariants :

$$\lambda = \sqrt{\overline{I}_4}, \quad B_1 = \sqrt{\frac{\overline{I}_5}{\overline{I}_4^2} - 1} \quad B_2 = \cosh^{-1}\left(\frac{\overline{I}_1\overline{I}_4 - \overline{I}_5}{2\sqrt{\overline{I}_4}}\right) \tag{2.46}$$

Avec $\lambda$ la compression le long des fibres, $B_1$ le cisaillement le long des fibres et $B_2$ le cisaillement transversal aux fibres. Par conséquent, la portion d'énergie de déformation de distorsion $(\Psi_{iso})$ devient :

$$\Psi_{iso}(\overline{I}_1, \overline{I}_4, \overline{I}_5, \alpha) = W_1(B_1(\overline{I}_4, \overline{I}_5)) + W_2(B_2(\overline{I}_1, \overline{I}_4, \overline{I}_5)) + W_3(\lambda(\overline{I}_4), \alpha) \tag{2.47}$$

$\alpha$ représente l'activation du muscle.
Ces invariants permettent une représentation explicite et indépendante de la résistance de la matiére à un cisaillement le long des fibres et de maniére transversale, ouvrant ainsi le champ aux biomécha niciens pour comprendre plus en détail le fonctionnement microscopique du muscle, tel que la repartition des déformations dans le muscle causant certaines blessures jusque la inexpliquées, mais surtout comprendre l'utilité de chaque arrangement de fascicules musculaires ainsi que la configuration de tout le muscle. [Blemker and Delp, 2005] a utilisé cette formulation pour modéliser des muscles avec un arrangement de fibres complexe, qui a permis d'observer les déformations à l'échelle de la fibres et de prédire la forme du muscle et le couple articulaire (voir figure. 2.21). [Lemos et al., 2005] a utilisé ce modèle constitutif pour étudier la production de force, puis changements structurels qui découlent de la contraction du muscle tibialis ante-

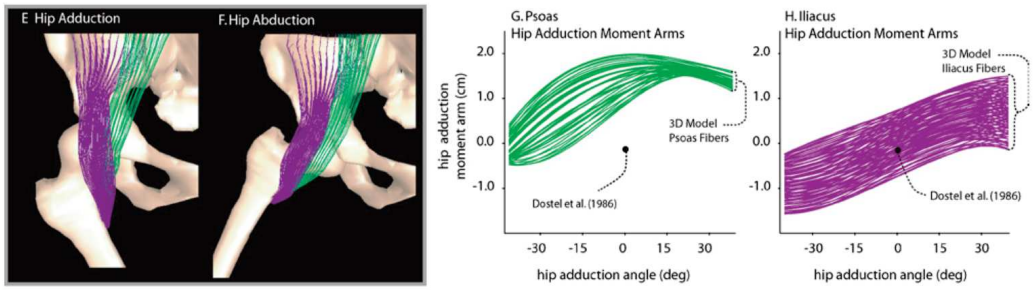



FIGURE 2.21 – Modélisation muscle à architecture de fascicules complexe. Le modéle constitutif permet d'observer les déformations au sein de chaque fibre et de calculer son couple articulaire, afin de le comparer à des modéles 1D de la littérature.

rior humain pour une activation maximale. [Röhrle and Pullan, 2007] a quand à lui développé un modèle anatomique à partir des invariants précédents pour modéliser le muscle masséter et les os associés, afin d'étudier la dynamique de la mastication.

### 2.4.3 Modélisation volumique du muscle basée volumes finis

Les modéles basés sur la méthode des éléments finis (FEM) et sur la méthode des volumes finis (FVM) ne différent pas dans leur représentation des caractéristiques des tissus musculaires, d'ailleurs elles utilisent les mêmes modéles constitutifs de muscles basés sur la mécanique des milieux continus. La différence réside dans la méthode de résolutions de tout le systéme d'équations différentielles partielles (PDEs), qui sera détaillée dans la section 2.4.1.2. [Teran et al., 2003, Teran et al., 2005] a proposé une approche fondée sur les FVM pour simuler le comportement déformable des muscles squelettiques (représenté sur la figure. 2.22), dont le modéle constitutif s'inspire du

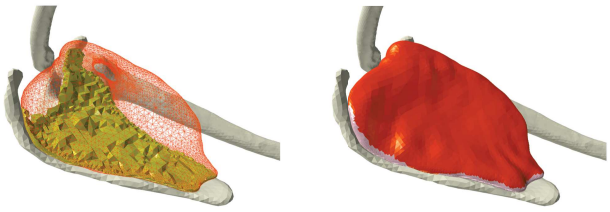


FIGURE 2.22 – Le modèle du muscle subscapularis attaché au modèle osseux de la scapula basés sur l'approche FVM de [Teran et al., 2003]

modèle de [Weiss et al., 1996]. Il considére le muscle comme un composite renforcée par des fibres, transversalement isotrope, hyperélastique et non-linéaire (voir équation.

2.48)

$$\Psi(\overline{I}_1, \overline{I}_2, \lambda, a^0, \alpha) = \Psi_{iso}(\overline{I}_1, \overline{I}_2) + \Psi_{vol}(J) + F(\lambda, \alpha) \quad (2.48)$$

où $\Psi_{iso}$ est le terme isotrope, $\Psi_{vol}$ est le terme associé à l'incompressibilité et $F$ représente la réponse de la fibre musculaire active et passive. $\overline{I}_1$ et $\overline{I}_2$ sont les invariants isotropes déviatoriques des déformations qui représentent la matiére sous-jacente du muscle, $\lambda$ est un invariant de déformations associé aux fibres transversalement isotropes (il est égal à l'étirement déviatorique le long de la direction des fibres), $a^o$ est la direction des fibres, et $\alpha$ représente le niveau d'activation dans le tissu. Ils ont fait valoir que la FVM nécessite intrinséquement moins de calculs et de la mémoire que la FéM fait. En outre, ils ont montré que la FVM fournit une interprétation géométrique des contrantes à l'intérieur de l'objet (par exemple, les forces multidimensionnels poussant sur chaque faceette d'un élément), permettant d'une maniére plus simple et plus intuitive que la FEM d'intégrer des équations du mouvement. Par ailleurs, les propriétés anisotropes basée sur l'architecture de fibres, sont modélisés en utilisant la technique des B-spline solide de [Victor Ng-Thow-Hing and Fiume, 1999].

## 2.5 Modèles géométriques de simulation du muscle

### 2.5.1 Modèles unidimensionnels

Tout l'intérêt des muscles est qu'il peuvent exercer une force transmise d'une origine à une insertion en suivant une certaine ligne d'action appelée "trajectoire du muscle". La connaissance de cette propriété permet de simplifier la représentation d'un muscle, puis d'identifier des paramètres tels que la longueur du muscle, le vitesse de contraction, ainsi que son bras de levier et couple. De par les différentes natures de muscles existantes, les biomécheniciens ont été amené a développer différentes méthodes pour représenter les muscles. Ces méthodes se rejoignent dans leur approche unidimensionnelle permettant d'étudier tout le mouvement de plusieurs articulations, mais néanmoins différent dans leur approche géométrique. Deux grandes catégories de modélisation géométrique unidimensionnelle sont à distinguer, la modélisation par ligne d'action droite, ainsi que la modélisation de muscles courbés.

#### 2.5.1.1 Représentation par ligne droite

La manière la plus intuitive et la plus simple de représenter la trajectoire d'un muscle en entier est de le modéliser par une ligne droite, dont les points d'origines et insertions se positionnent au centre de la surface d'attache des tendons ou des aponévroses. Parmi les pionniers de cette vision du muscle [Dostal and Andrews, 1981], qui ont supposé que la force produite par un muscle s'exprime le long d'une ligne droite qui connecte le barycentre de la surface d'origine à celle de l'insertion (voir figure. 2.23). Afin de tester la validité de leur modèle, ils ont fixé des câbles élastiques sur les points

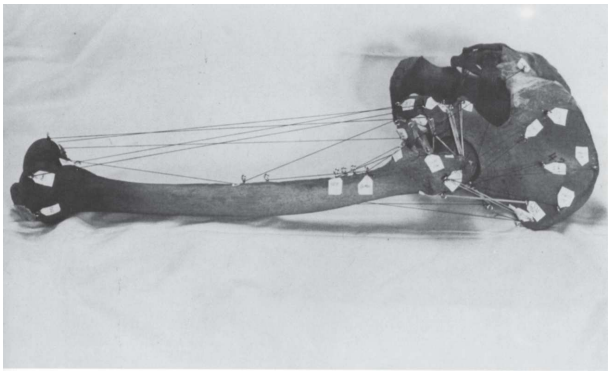


FIGURE 2.23 – Représentation par lignes droites des muscles de la hanche

d'attache d'un squelette humain comprenant le pelvis et le femur, puis ont positionner le femur manuellement autour d'une gamme complète d'angles articulaires de la hanche. Un muscle (câble) était considérée comme valide si aucune interaction ou contact significatif n'a été observé avec les os sous-jacents ou d'autres câbles. Ce modèle a été utilisé pour calculer le couple articulaire de la hanche en 3 dimensions. Néanmoins, il a montré ces limite dans la représentation de la trajectoire de certains muscles par une simple ligne droite, durant le mouvement. Lorsque la hanche est fléchie au-delà de 5 degrés, le câble qui représente la ligne d'action du gluteus maximum s'enveloppe autour du bassin et du femur, ce qui ne représente pas le comportement réel de ce muscle.

### 2.5.1.2 Représentation par barycentres

Cette méthode a l'avantage de palier aux problèmes rencontrés par la représentation par ligne droites du muscle, en le subdivisant en plusieurs segments de droite (voir figure. 2.25), offrant ainsi une représentation plus réaliste en terme d'interactions. La

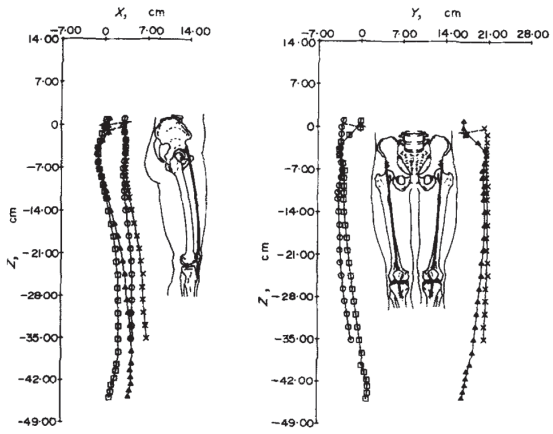



FIGURE 2.24 – Représentation par barycentre de la ligne d'action du rectus femoris

détermination des points de passages qui relient les différents segments de droites se fait en trois étapes [Jensen and Davy, 1975] :

- Acquisition d'images de coupes transversales d'un muscle à petits intervalles.
- Pour chaque coupe, la position du barycentre du muscle est déterminée.
- Les différents barycentres sont reliées pour observer la ligne d'action du muscle.

Cette méthode est donc plus précises que la représentation par lignes droites, néanmoins, elle est beaucoup plus dure à utiliser en pratique. [Tsuang et al., 1993] a démontré que le barycentre de coupes de muscles se déplace durant un mouvement, ce qui a une influence directe sur la position et l'orientation des lignes d'action du muscle entier. Le couple articulaire du muscle allait parfois du simple au double. Une autre limites des modèles barycentriques, est qu'ils négligent totalement la présence d'un angle de pennation des fascicules musculaires, donc d'une ligne d'action qui agirait à un certain angle des coupes transversales de muscle. Ce qui rajoute un grand facteur d'imprécision à ce modèle.

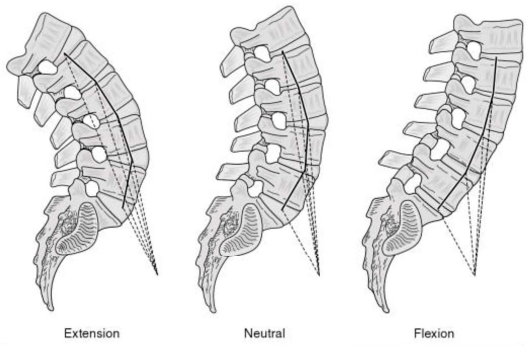



FIGURE 2.25 – Représentation du déplacement du barycentre du psoas durant le mouvement de la colonne vertébrale

#### 2.5.1.3 Représentation par courbes et surfaces d'enveloppement

La majorité des muscles deviennent courbées à une certaine mesure. Certains sont d'ailleurs courbés de nature, comme le gluteus maximum, le psoas majeur. Le plus souvent, ces muscles enveloppent des structures passives tels que les os, aponévroses, mais aussi d'autres muscles tel que le Rectus Femoris au dessus du Vastus Intermedius. La particularité de cette catégorie de muscles est que non seulement lorsqu'ils se contractent, ils tendent à rapprocher les origines des insertions comme les autres catégories, mais en plus ils changent de forme de manière à se redresser, pour tendre vers une forme rectiligne. Ainsi, durant la contraction, leur rayon de courbure diminue. Cette caractéristique fait que le muscle produit une force à la fois selon sa ligne d'action, mais aussi de manière orthogonale à cette même ligne d'action vers l'intérieur de la courbe.

La ligne d'action des muscles courbés doit prendre en compte l'enveloppe extérieur du muscle, ainsi que les structures environnantes, ce qui commence par des techniques d'imageries médicales. Les muscles sont modélisés par des segments de droite reliés par des points intermédiaires, les structures environnantes sont quant à elles représentées par des formes géométriques simples telles que des sphères, cylindres et ellipsoïdes (voir figure. 2.26). Les modèles décrivant les chemins des ischio-jambiers médiales et psoas

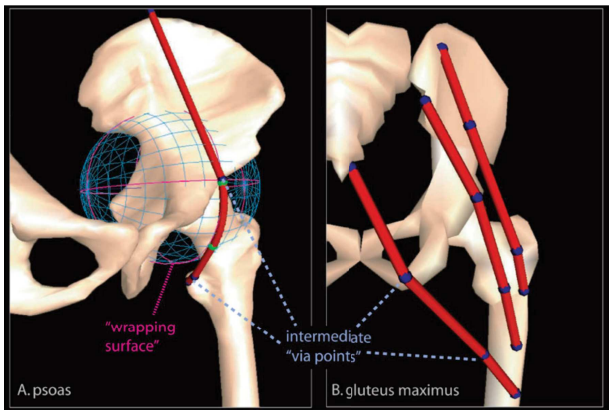



FIGURE 2.26 – A gauche de l'image on observe les surface d'enveloppement (Wrapping surfaces), tandis qu'a droite on peut voir les points intermédiaires (via points).

pour un large éventail de positions du corps ont été développés par [Arnold et al., 2000] à partir des images IRM dans une configuration commune en définissant des modèles cinématiques de la hanche et du genou, et en précisant les surfaces d'enveloppement qui simulent les interactions entre les muscles et les structures sous-jacentes.

#### 2.5.1.4 Représentation par modèle de Cosserat

La méthode de Cosserat permet de représenter la ligne d'action des muscles tordus. Ce sont souvent des muscles avec plusieurs origines et insertions, tel que le pectoralis major, dont les origines se trouvent sur la clavicule ainsi que le long du sternum, dont les fascicules musculaires se croisent pour permuter leur position (torsion) afin de rejoindre leur points d'insertion. Le résultat est que les points d'insertions des fascicules qui partent de la clavicule sont plus bas que ceux partant du sternum. Il est évident que la ligne d'action d'un muscle avec une configuration aussi complexe ne peut pas être représenté par une seule corde. La représentation de ce type de lignes d'actions repose sur la méthode Cosserat (du nom des frères Cosserat) qui a d'abord été utilisé pour représenter des fibres qui sont non seulement déformables, peuvent rétrécir, mais en plus se tordent. Parmi les applications les plus répondue de cette méthode est la représentation des brins d'ADN. Nèanmoins, peu de travaux sur le muscle reposent sur cette méthode de modélisation.

## 2.6 Conclusion

Nous avons pu voir dans ce chapitre les différentes approches pour modéliser lie muscle, qui sont liés aux besoin de précision ou vitesse de simulation. Deux grandes lois de comportement décrivent le comportement musculaire, l'une à un niveau microscopique (Huxley), l'autre au niveau macroscopique (Hill). Ces lois sont ensuite utilisées suivant une approche 1D, considérant le muscle comme des séries de segments de droites reliées par des points intermédiaires, entourés par des surfaces d'enveloppement, ou alors, une approche 3D qui repose sur la mécanique des milieux continus, qui considère le muscle comme un tissu transversalement isotrope, quasi-incompressible et avec relation entre contraintes et déformations hyper-élastique. Le muscle est discrétisé en éléments finis (tétraèdres, hexaèdres) puis les déformations sont calculées sur les points d'intégration des éléments finis, puis appliquées aux noeuds. Nous avons vu les avantages et inconvénients des deux approches.

# CHAPITRE 3

# Modélisation découplé des elements passifs et actifs du muscle

## Contents


**2.1 Introduction . . . . . 26**
**2.2 Mécanique des milieux continus . . . . . 27**
2.2.1 Representations Lagrangienne et Eulériennes . . . . . 28
2.2.2 Déformations . . . . . 28
2.2.3 Contraintes . . . . . 30
2.2.4 Lois de comportement . . . . . 31
2.2.5 Modèles de Hill . . . . . 36
2.2.6 Modèles de Huxley (cross-bridge) . . . . . 38
**2.3 Modélisation volumique du muscle basée masses-ressorts . . . . . 41**
**2.4 Modélisation volumique du muscle basée éléments finis . . . . . 43**
2.4.1 Méthode des éléments finis basée déplacement . . . . . 44
2.4.2 Méthode des éléments finis basée déformations dynamiques . . 50
2.4.3 Modélisation volumique du muscle basée volumes finis . . . . . 53
**2.5 Modèles géométriques de simulation du muscle . . . . . 54**
2.5.1 Modèles unidimensionnels . . . . . 54
**2.6 Conclusion . . . . . 58**

## 3.1 Introduction

Malgré l'évolution constante en terme de puissance de calcul des ordinateurs au cours des dernières années, il n'en demeure pas moins que les scientifiques voulant étudier le muscle doivent encore choisir entre étudier son influence sur le mouvement, avec des paramètres simplifiés parfois souffrants d'un manque de précision, ou l'étudier de manière détaillée mais avec une durée de calcul de plusieurs minutes, voir plusieurs heures pour des simulations complexes. Ceci est dû aux sciences et méthodes utilisées par les différentes approches pour discrétiser puis simuler les muscles. L'une considère le muscle comme un ensemble de points liés par des segments de droite, d'ou une vitesse de calcul élevée mais une simplification parfois trop agressive de sa configuration et de ses paramètres, l'autre considère le muscle comme un continuum discretisé par un ensemble d'éléments finis, avec une grande precision en terme de force et de déformations, prenant en compte les interactions avec les tissus environnants, mais avec des besoins en ressources énergivores. Il n'est pas possible d'envisager avec les modélisations volumiques classiques des simulation temps-réel de plusieurs muscles en même temps avec arrangement de fibres complexes.
En plus d'un temps de calcul relativement long, la modélisation et la simulation de muscles volumiques nécessitent des compétences multiples, telles que la modélisation géométrique, la mécanique des milieux continus, la simulation numérique, l'analyse numérique, la collision, le rendu, l'interface utilisateur etc. S'attaquer donc à la simulation du muscle requiert de maitriser plus de disciplines qu'une seule équipe de recherche peut envisager. La communauté scientifique ne possèdait pas, jusque la, un outil dédié à la modélisation-simulation volumique du muscle selon une approche collaborative, ou les spécialistes de chaque domaine peuvent contribuer uniquement sur leur partie, sans maitriser les autres aspects de la simulation.
Partant de ce constant, nous proposons une approche multi-modéles du muscle permettant de réduire la complexité de la modélisation, en découplant les parties isotropes et anisotropes du muscle en un ensembles de modéles de moindre complexité, assemblés ensuite grâce à un couplage cinématique (linéaire), pour faciliter le travail des chercheurs en leur permettant de se concentrer sur leur propre domaine d'expertise (architecture des fibres, aponévroses, tendons), tout en réutilisant les contributions d'autres experts, mais aussi et surtout d'accélérer la simulation des muscles volumiques en gardant le même niveau de précision en terme de force et de déformations que les méthodes standards basées éléments finis.

## 3.2 Principe du couplage cinématique

La méthode des éléments finis est extrêmement précise lorsqu'il s'agit de simuler les déformations de tissus mous, y compris les muscles en ajoutant à l'énergie de dé-

formation un terme actif basé sur un modèle du muscle suivant un angle de pennation (une anisotropie). Il s'agit ensuite de discrétiser le muscle en un ensemble d'éléments finis de type tétraèdres ou hexaèdres. L'inconvénient majeur de la méthode des éléments finis est que chaque élément fini ne peut représenter qu'un seul et unique angle de pennation. La résolution minimale permettant de garantir des résultats cohérents, dépend donc de la complexité de l'arrangement des fascicules du muscle simulé. Cela conduit à des simulations de plusieurs dizaines de milliers d'éléments pour un seul muscle avec un arrangement de fibres complexe, comme le biceps brachii. Le temps de calcul étant proportionnel au nombre d'éléments, il devient vite impossible de simuler de manière volumique un muscle en temps-réel, encore moins des articulations impliquants plusieurs muscles protagonistes et antagonistes.

Le comportement du matériau musculaire peut être décomposé en 4 modèles diffé-

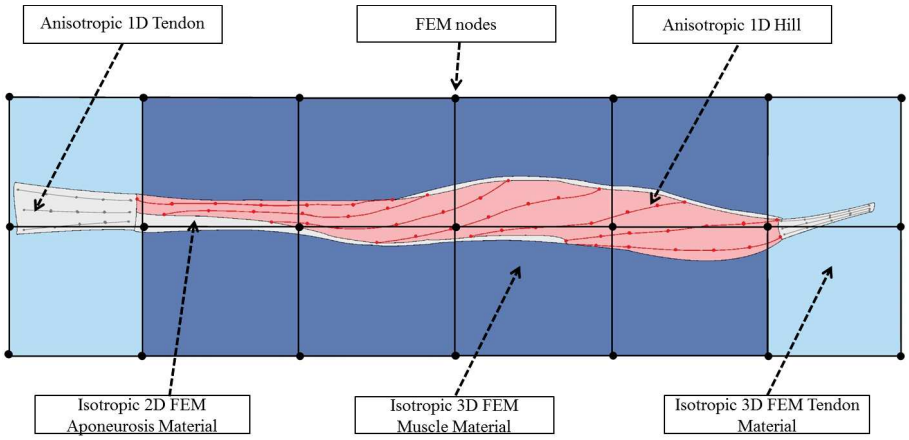



FIGURE 3.1 – Loi de comportement élastique linéaire : contrainte-déformation

rents :

- Modèle actif de l'élément contractile (anisotrope)
- Modèle passif du tissu musculaire (isotrope)
- Modèle passif du tendon (anisotrope)
- Modèle de l'aponévrose (isotrope)

Au lieu de combiner des modèles connexes dans une expression de la densité d'énergie de déformation unique, qui sera par la suite discrétisée en un maillage éléments finis fin, nous utilisons plusieurs modèles qui correspondent à la discrétisation de la complexité du comportement sous-jacent (voir Fig. 3.1). Ceci est équivalent à avoir beaucoup de points d'intégration par élément. Les forces calculées au niveau de chaque modèle sont combinées au niveau hiérarchique le plus élevé (Maitre) (modèles cinématique éléments finis des parties passives du muscles) en utilisant la technique du mapping barycentrique (Sec. 2.1). Les déformations musculaires étant relativement basse

fréquence, nous utilisons un modèle cinématique avec seulement quelques degrés de liberté (résolution FEM grossière), cela permet une intégration numérique dans le temps plus rapide, Un modèle fin attaché au modèle maitre permet la prise en cconsidération la prise en considération de plusieurs angles de pennation par élément fini.
L'interpolation linéaire est une approche populaire au sein des framework multi-modèles, où le couplage mécanique et cinématique dur entre les DOFs (degrés de libérté) des différents modèles est nécessaire. Pour assurer la cohérence de la simulation, le modèle cinématique (Modèle FEM), agissant en tant que maître, impose ses déplacements aux esclaves (Modèle actif du muscle, modèle passif du tendon, modèle de l'aponévrose ), en utilisant le mapping. Soit $J_p$ la fonction utilisée pour mapper les positions 3D $x_m$ d'un nœud maitre aux positions $x_s$ d'un nœud esclave :

$$x_s = J_p(x_m) \tag{3.1}$$

Les vitesses sont mappées de la même manière, ou la Jacobienne $J_v = \frac{\partial x_s}{\partial x_m}$ calcule la relation linéaire entre les vitesses du maitre et de l'esclave :

$$v_s = J_v.v_m \tag{3.2}$$

Les accelerations sont mappées en utilisant :

$$a_s = Ja_m + \frac{\partial J_v}{\partial x_m} v_m \tag{3.3}$$

Dans le cas d'un mapping linéaire, les opérateurs $J_p$ and $J_v$ sont identiques ($J$), ils contiennent les coordonnées barycentriques des nœuds esclaves dans leurs éléments finis correspondants (maitre). $x_s$ étant une somme pondérée des positions $x_m$ par les fonctions de formes $h_i$.

$$x_s = \frac{\sum_{i=1}^{n} h_i x_m^i}{\sum_{i=1}^{n} h_i} \qquad \sum_{i=1}^{n} h_i = 1 \tag{3.4}$$

Pour chaque position esclave nous avons une jacobienne $J$ dépendante du type d'élément fini $\partial V$ maitre considéré, ses positions $x_m^i$ et de ses fonctions de forme $h_i$ tel que :

$$\forall x_m^i \in \partial V; J_i = \frac{\partial x_s}{\partial x_m^i} = h_i I \tag{3.5}$$

Les positions et vitesses du maitres sont propagées de haut en bas aux esclaves. Inversement, les forces sont remonté de de bas en haut dans la hiérarchie jusqu'au DOFs du maitre, ou la loi de Newton $f = Ma$ est appliquée. Etant données des forces $f_s$ produites par un modèle esclave, on peut calculer et accumuler les forces équivalentes $f_m$ au niveau du modèle du maitre. Deux forces èquivalentes devant avoir la même puissance,

il en suit :

$$v_m^T f_m = v_s^T f_s \tag{3.6}$$

La relation cinématique $v_s = J v_m$ nous autorise à réécrire l'équation précédente comme suit :

$$v_m^T f_m = v_m^T J^T f_s \tag{3.7}$$

Etant donné que cette relation reste valide pour toutes les vitesses $v_m$ possibles, le principe du travail virtuel nous autorise à simplifier l'expression précédente pour obtenir :

$$f_m = J^T f_s \tag{3.8}$$

Quand un modèle possède plusieurs esclaves, chaque esclave accumule sa contribution aux forces sur le maitre à l'aide du mappping. Ce modèle cinématique hiérarchique nous permet de calculer les déplacements et d'appliquer les forces à tous les niveaux hiérarchiques.

## 3.3 Modèlisation volumique des tissus musculaires isotropes

### 3.3.1 Fonction de densité d'énergie de déformation du tissu musculaire isotrope

Dans la littérature, les fonctions de densité d'énergie de déformations $W$ décrivent généralement le muscle comme étant un matériau transversalement isotrope (anisotrope), quasi-incompressible et hyper-élastique. Notre approche multi-modéles séparant les parties actives et passives anisotrope des matériaux isotropes, les éléments passifs du muscles tels que les gaines de tissus conjonctifs ainsi que les tendons doivent être modélisés par une fonction de densité d'énergie de déformations dont la composante passive est complétement indépendante de l'active. [Chi et al., 2010] ont présenté un modèle de muscle basé sur la fonction $W$ suivante :

$$W = W_{matrix}(\bar{I}_1, \bar{I}_2, J) + W_{fiber}(\lambda) \tag{3.9}$$

On peut voir sur ce modèle que la partie passive isotrope $W_{matrix}$ est découplé de la partie anisotrope $W_{fiber}$. Ce type de modèle correspond parfaitement à notre approche qui vise à séparer la modélisation des différents éléments du muscle, de manière à gagner en flexibilité ainsi qu'en vitesse de calcul. La modélisation de l'énergie de déformations emmagasinée par les fibres sera présentée dans la section suivante. Quant à $W_{matrix}$ :

$$W_{matrix}(\bar{I}_1, \bar{I}_2, J) = \overline{W}_{matrix}(\bar{I}_1, \bar{I}_2) + \tilde{W}_{matrix}(J) \tag{3.10}$$

| $C_{10}(N/cm^2)$ | $C_{01}(N/cm^2)$ | $C_{20}(N/cm^2)$ | $C_{11}(N/cm^2)$ | $C_{02}(N/cm^2)$ | $K(N/cm^2)$ |
|---|---|---|---|---|---|
| 6.43 | $-3.80$ | 0.94 | $-0.0043$ | 0.0005 | $5 \times 10^3$ |

FIGURE 3.2 – Constantes matérielles pour la matrice de tissu musculaire

$\overline{W}_{matrix}$ et $\tilde{W}_{matrix}$ représentent respectivement la partie déviateurs et la réponse de changement de volume de $W_{matrix}$. $\bar{I}_i$ sont les invariants réduits du tenseur de déformations Cauchy-Green $C$ tel que :

$$\bar{I}_1 = J^{-2/3}I_1, \bar{I}_2 = J^{-4/3}I_2, I_1 = tr(C), I_2 = (1/2)[tr(C)^2 - tr(C^2)], J = \sqrt{det(C)}, C = F^T.F \tag{3.11}$$

F étant le gradient de déformations. $W_{matrix}$ est ensuite exprimé sous forme quadratique :

$$W_{matrix} = \sum_{i+j=1}^{2} Cij(\bar{I}_1 - 3)^i(\bar{I}_2 - 3)^j + \frac{K}{2}(ln(J))^2 \tag{3.12}$$

Où $Cij$ et $K$ sont des constantes matérielles des éléments passifs du muscle, calibrées à partir des données expérimentales collectées par [Van der Linden, 1998] (voir tab. 4.7).

### 3.3.2 Fonction de densité d'énergie de déformation du tissu isotrope des tendons et aponévroses

La fonction de densité d'énergie de déformation des tendons et aponévroses repose sur un modéle hyper-élastique isotrope cubique :

$$W_{tendon} = \overline{W}_{tendon} + \tilde{W}_{tendon} = G_{10}(\bar{I}_1 - 3) + G_{20}(\bar{I}_1 - 3)^2 + G_{30}(\bar{I}_1 - 3)^3 + \frac{K}{2}(J-1)^2 \tag{3.13}$$

Où $G_{10}$, $G_{20}$, $G_{30}$ et $K$ sont des constantes matérielles, $\overline{W}_{tendon}$ et $\tilde{W}_{tendon}$ représentent respectivement la composante déviateur et la réponse de changement de volume. Les constantes matérielles on été paramétrées à partir des données expérimentales de [Dongsuk Shin, 2010] (voir tab. 4.8).

| $G_{10}(N/cm^2)$ | $G_{20}(N/cm^2)$ | $G_{30}(N/cm^2)$ | $K(N/cm^2)$ |
|---|---|---|---|
| 30 | 80$-3.80$ | 800 | $5 \times 10^3$ |

FIGURE 3.3 – Constantes matérielles pour les tendons et aponévroses

## 3.4 Intègration de l'anisotropie musculaire par renforcement de fibres

Tout l'intérêt de l'approche multi-modèles, repose sur la flexibilité de la modélisation, par exemple en séparant les fonctions d'énergie de déformations isotropes de celles qui sont anisotropes, afin de découpler l'une et l'autre. Cette méthode permet de prendre en considération plusieurs angles de pennation par éléments finis hexaédrique, ainsi que de changer l'architecture des fascicules musculaires, leur résolution, indépendamment de celle des éléments finis. Les éléments finis tétraédriques possèdent un champs de déformations et de contraintes uniformes, il permettent de prendre en considérations plusieurs directions de fibres pour un seul élément. Néanmoins, ces champs présentent des sauts d'un élément à un autre équivalents au produit du gradient des contraintes par la taille des éléments. L'emploie des éléments tétraédriques dans une zone à forts gradients, nécessite minimiser le volume des éléments afin d'éviter des sauts trop importants, ce qui conduit généralement à des coûts élevés. Ainsi, le $W_{fiber}(\lambda)$ dans notre modélisation peut-être représenté par n'importe quel modèle de l'élément contractile validé dans la littérature, tel que le modèle de Hill ou le modèle des filaments glissants de Huxley. Dans nos travaux, nous nous sommes basés sur l'élément contractile du mo-

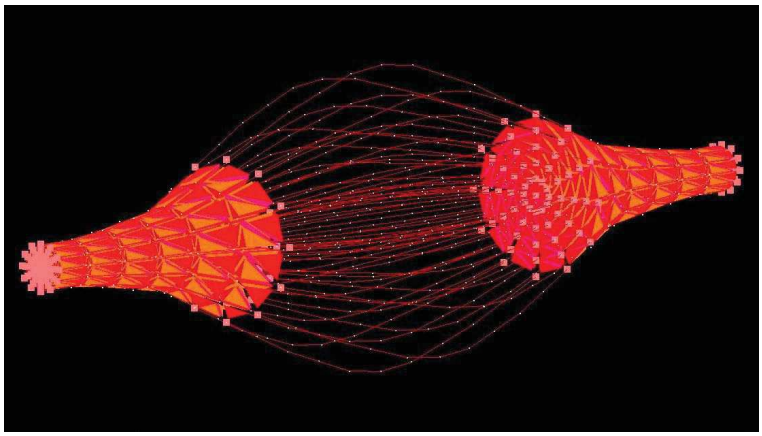


FIGURE 3.4 – Muscle volumique avec arrangement de fibres musculaires parallel et mapping rigide des fascicules musculaires sur les nœuds FEM

dèle de Hill afin de représenter la partie active du muscle, car ce modèle possède des paramètres d'entrée assez simples, qui sont l'activation $\alpha$ variant entre 0 et 1, la relation force-longeur $f_l(\varepsilon_c)$, la relation force-vitesse $f_v(\dot{\varepsilon}_c)$ ainsi que la force isométrique maximale du muscle $F_0^m$ en Newton.
Il est néanmoins impossible d'utiliser ce modèle tel quel, car le paramètres $F_0^m$ originellement conçu pour un muscle unidimensionnel, perd sa signification dans un modèle volumique avec représentation des fibres complexe. $F_0^m$ est la force isométrique maximale

totale du muscle représenté par des segments de droites en série. Dans la modélisation classique éléments finis, la force isométrique maximale est une pression en $Pascal$, où $1Pascal$ équivaut à $1N/m^2$. La surface d'attache des aponévroses ou des os est calculée, puis la force isométrique maximale du muscle unidimensionnel est divisée par cette surface. Notre approche consiste à compter le nombre de fascicules musculaires

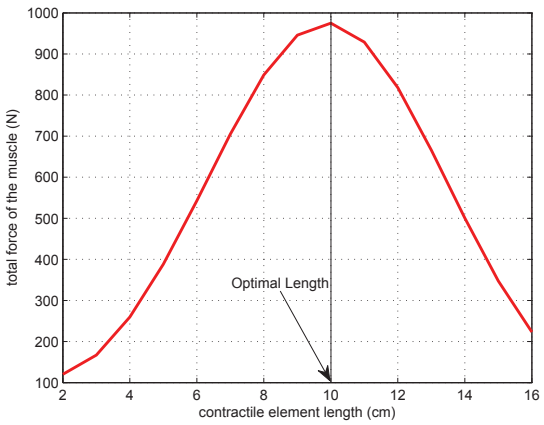



FIGURE 3.5 – Relation force-longueur de l'élément contractile du muscle volumique

qui constituent notre simulation, puis de diviser $F_0^m$ par le nombre de fascicules qu'on notera $N_f$. Ainsi, chaque fascicule musculaire contribuera à la force totale du muscle, puis le mapping s'occupe de transmettre la force aux éléments finis et inversement. L'expression de notre modèle est :

$$F_{ce}(t) = a(t) f_l(\varepsilon_c) f_v(\dot{\varepsilon}_c) F_0^m / N_f \tag{3.14}$$

Nous avons cette approche dans la publication [Berranen et al., 2012], en créant un maillage élément finis de muscle volumique auquel serait mappée la partie active directement sur les nœuds des éléments finis. La partie active (fascicules musculaires) est basée sur le modèle de l'élément contractile de Hill décrit ci-dessus.

L'arrangement de fascicules musculaires décrit une architecture parallèle, similaire au biceps brachial. Le modèle de l'élément contractile est décrit par une fonction gaussienne, centrée en $L_{c0}$ longueur optimale du muscle, avec comme valeur maximale la force isométrique maximale du muscle $F_0^m$. Sur la figure suivante, on peut voir que la longueur optimale de l'élément contractile du muscle volumique à arrangement de fascicules parallèles est de 10cm et que sa force isométrique maximale est de 1000N. Le muscle est ensuite simulé en isométrique mais avec différentes longueurs initiales en prenant en compte la contribution de la partie passive, basée sur un modèle de Hooke. Nous avons pu démontrer la validité de notre modèle en reproduisant la relation force-longueur telle que décrite par Hill.

Notre simulation est constituée de $7128$ tétraédre, et d'un nombre de fibre $N_b$ égal

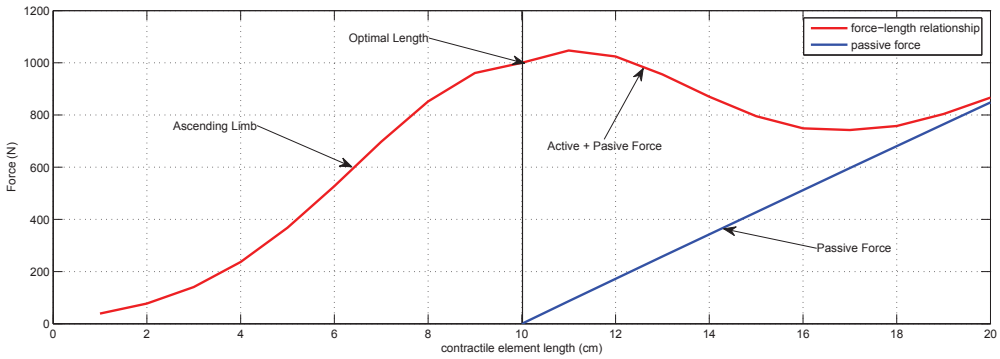



FIGURE 3.6 – Relation force-longueur de l'ensemble du muscle volumique

à 61. Afin d'évaluer les performances de notre modéle en terme de vitesse de calcule et de cohérence de simulation en terme de comportement, nous avons simulé le modéle avec une entrée d'activation donnée en temps-réel par des mesures EMG, sur le muscle gastrocnemius du mollet. Le signal EMG est convertie en activation

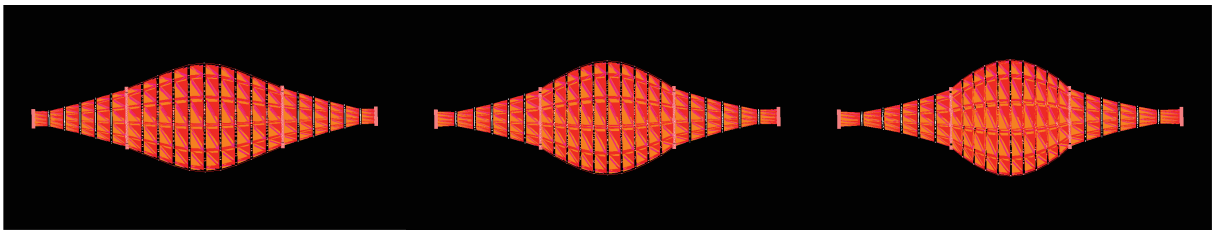


FIGURE 3.7 – Déformations du muscle durant une contraction isométrique avec des activations respectives de gauche à droite de 0, 0.5 et 1.

[Hayashibe et al., 2009]. A chaque pas de temps, le signal d'activation est envoyé au modéle de l'élément contractile afin d'actualiser la force. La figure (ci-dessous) montre une comparaison des résultats de simulations normalisés du modéle unidimensionnel de Hill et notre modéle de muscle volumique avec exactement les mêmes paramétres. On peut voir que les deux modéles répondent exactement de la même maniére au signal d'activation, avec comme seule différence, un amortissement de la force plus grand pour le modéle volumique. Nous avons pu produire ces résultats avec 7128 tétraédre et une fréquence de 45 FPS (images par secondes).

## 3.5 Modèlisation des tendons et aponèvroses

Les aponévrose sont des membranes rigides sur lesquelles s'attachent les fibres musculaires. La rigidité passive isotrope du muscle décrite ci-dessus est renforcée le long de

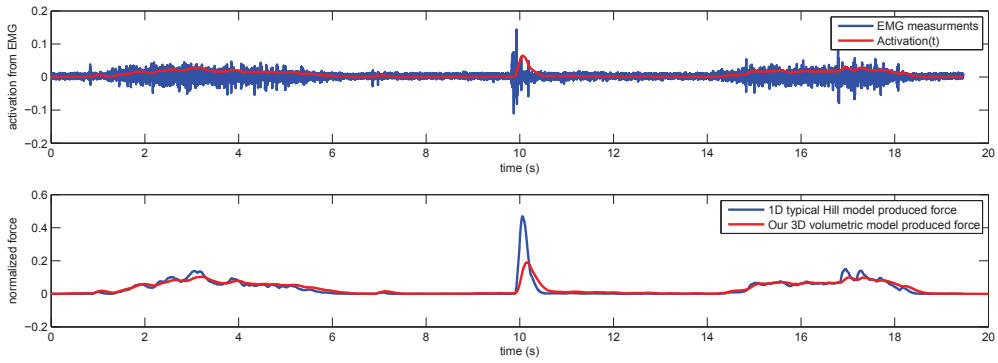



FIGURE 3.8 – Haut : Mesures EMG (bleu) et activation (rouge). Bas : Comparaison de la force normalisé entre le modéle unidimensionnel (bleu) et volumique (rouge).

ces membranes en utilisant un maillage éléments finis bi-dimensionnel triangulaire, directement attaché au maillage maitre de la partie passive isotrope du muscle. Nous utilisons un matériau de Hooke avec un module d'Young de 200 kPa. L'épaisseur de la membrane est fixée à 1 mm. De même, nous renforçons la rigidité de la matière du tendon en introduisant des fibres tendineuses à l'aide de ressorts 1D (module de Young = 200 kPa).

## 3.6 Validation de la production de force

Nous avons comparé notre approche avec un modèle uni-dimensionnel. Dans la section suivante nous passons à la comparaison de notre approche multi-modèle avec la méthode éléments finis classique. Il s'agira de démontrer qu'en se basant sur les mêmes fonctions de densité d'énergie de déformations (l'une découplé et l'autre classique) et le même maillages FEM, nous obtenons les mêmes résultats en terme de force, ce qui démontrera que les approches sont sensiblement similaires. Nous prouverons ensuite que notre approche reste insensible à la résolution du maillage éléments finis dans le cas de contraintes distribuées de manière hétérogènes au sein des éléments finis, afin de montrer que notre approche permet de réduire la résolution FEM minimale nécessaire à la simulation.

### 3.6.1 Validation sur un seul hexaèdre

Nous commençons notre demonstration avec une comparaison de la force produite par un hexaèdre en isométrique, c'est à dire que ses surfaces d'attaches sont fixées afin de ne pas permettre un raccourcissement durant la contraction. Chaque coté de l'hexaèdre mesure $1cm$. Sur la figure 3.9, on peut voir les simulations avec à gauche en rouge une fascicule musculaire avec un angle de pennation de 0 degrés, puis à droite, la

représentation de notre énergie de déformation éléments finis classiques toujours avec un angle de pennation de 0 degrés. Nous paramétrons notre hexaèdre avec une force

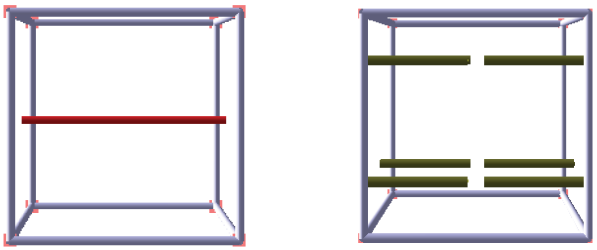


FIGURE 3.9 – Simulations contraction isométrique d'un hexaèdre. A gauche : modélisation par couplage barycentrique (8 points d'integration, l'énergie intégrée est isotrope + 1 point anisotrope au milieu). A droite : modélisation FEM classique (8 points d'intégration, l'énergie intégrée est anisotrope).

isométrique maximale $F_0^m$ de $100N$. Dans le cas de la modélisation éléments finis, nous devons d'abord calculer la surface d'attache $Surf$. Pour ce faire, on calcule la surface de la face de l'hexaèdre équivalente au carré du coté en mètre. Nous obtenons une valeur de $Surf = 1e^{-4}m$, on divise ensuite la force isométrique maximale par notre surface d'attache. Ce qui nous donne une pression $F_0^m/Surf = 1MPa$ comme paramètre d'entrée de notre simulation. Quant à la simulation basée mapping barycentrique, étant donné que notre scène ne comporte qu'une seule fascicule musculaire, nous appliquons directement une $F_0^m$ de $100N$. Les fascicules musculaires seront considérées comme étant à leur longueur optimale $L_{c0}$.
On peut voir sur la figure 3.10 du haut que pour les deux méthodes, les forces mesurées sur les extrémités de notre hexaèdre sont parfaitement similaires et bien équivalentes à notre paramètre d'entrée $F_0^m$ de $100N$.
Sur la figure 3.10 du bas, une comparaison de la force de contraction non-isométrique (une des surfaces d'attache est libre pour permettre le raccourcissement de l'hexaèdre) pour les deux méthodes différentes. On peut voir un pic au niveau de la moitié de $F_0^m$, puis une diminution exponentielle de la force, qui correspond au raccourcissement de notre hexaédre, jusqu'à ce que la force soit nulle, ce qui correspond à l'état déformés final de l'hexaédre. Les deux forces produites par les deux méthodes se superposent et sont parfaitement équivalentes.

### 3.6.2 Poutre

Nous étendons notre comparaison à une poutre de longueur et de largeur de $2cm$ et d'une hauteur de $4cm$. Les deux extrémités de la poutre sont fixées afin de garantir une contraction isométrique. Notre poutre est discrétisée par un maillage élément finis

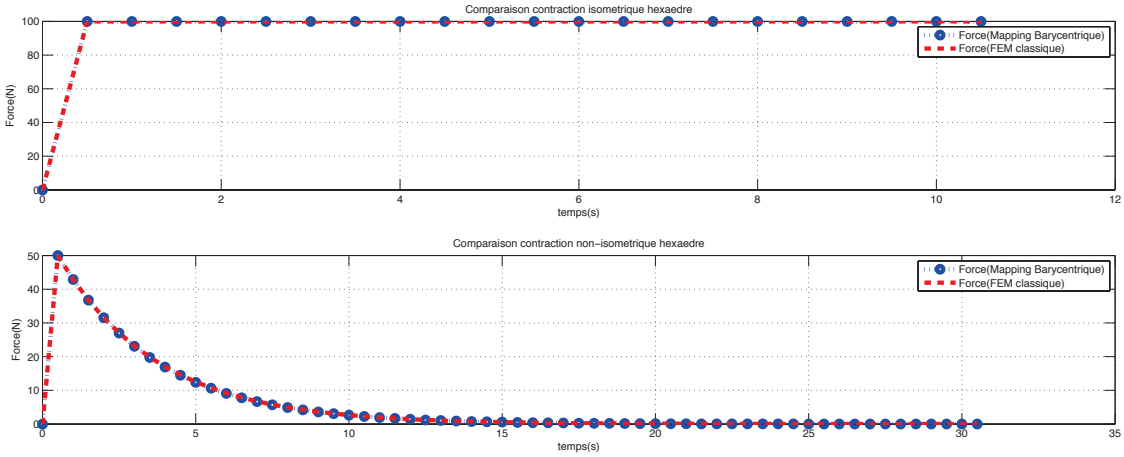



FIGURE 3.10 – Haut : Comparaison de la force isométrique entre le couplage cinématique (bleu) et la FEM classique (rouge). Bas : Comparaison de la force non-isométrique entre le couplage barycentrique (bleu) et la FEM classique (rouge).

de $18$ hexaèdres (voir figure 3.11). La force isométrique maximale $F_0^m$ est toujours de $100N$. Afin de calculer la pression à imposer dans notre simulation basée FEM classique, on suit le même procédé que la simulation de l'hexaèdre, en divisant $F_0^m$ par la surface d'attache. On obtient donc une pression de $250KPa$. Quant à la simulation basée couplage cinématique, on peut qu'elle est composée cette fois-ci de $4$ fascicules musculaires. Afin de determiner le $F_0^m$ à imposer à chaque fascicule, on divise $F_0^m$ total par le nombre de fascicules $N_f$. On tombe ainsi sur un $F_0^m$ par fibre de $25N$.

Sur la figure 3.12 du haut, les forces mesurées sur les extrémités de la poutre pour les

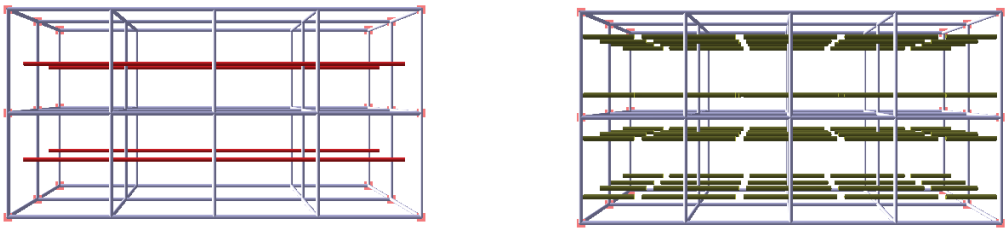


FIGURE 3.11 – Simulations contraction isométrique d'une poutre. A gauche : modélisation par couplage barycentrique. A droite : modélisation FEM classique

deux méthodes, sont parfaitement similaires et bien équivalentes à notre paramètre d'entrée $F_0^m$ de $100N$.

Sur la figure 3.10 du bas, nous comparons la force de contraction non-isométrique pour les deux méthodes différentes. On peut voir un pic au niveau de la moitié de $F_0^m$, puis une diminution exponentielle de la force, qui correspond au raccourcissement de

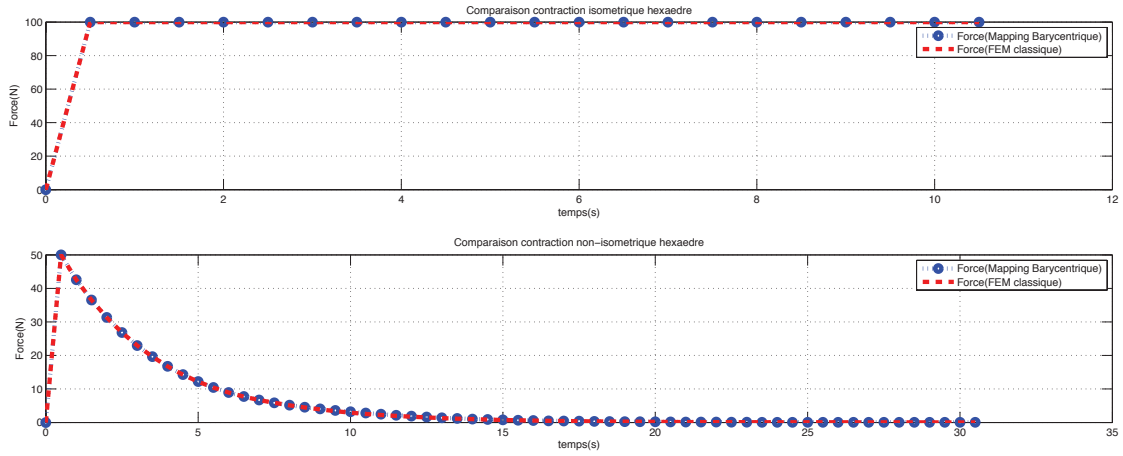



FIGURE 3.12 – Haut : Comparaison de la force isométrique d'une poutre entre le couplage barycentrique (bleu) et la FEM classique (rouge). Bas : Comparaison de la force non-isométrique d'une poutre entre le couplage barycentrique (bleu) et la FEM classique (rouge).

la poutre suivant exactement le même comportement que l'hexaèdre, jusqu'à ce que la force soit nulle lorsque la poutre atteint son état de déformation final. Les deux méthodes sont parfaitement équivalentes.

### 3.6.3 Géométrie complexe

L'inconvenient de la méthode des éléments finis classique est que chaque éléments ne peut prendre en compte qu'un seul angle de pennation. Donc, si la résolution des éléments finis change, le volume de la partie active change aussi, ce qui aura une influence sur les résultats de simulations en terme de force. Nous allons démontrer dans les simulations suivantes que contrairement à la méthode FEM classique, la méthode basée couplage cinématique est insensible à la résolution éléments finis dans le cadre de la production de force, car le volume de l'élément est découplé de la répartition des contraintes actives des fibres. Ce qui permettrait de réduire le nombre d'éléments nécessaire à la simulation, donc réduire le temps de calcul et accélérer les simulations. Le volume des points d'integration est le même entre la méthode FEM classique et couplage cinématique, il correspond a $1/8$ du volume de chaque élément finis hexaédrique.
Nous avons créé un modèle d'élément contractile volumique purement théorique, avec une géométrie symétrique, afin d'éviter toute influence éventuelle dûe à une architecture complexe. Notre élément contractile possède un angle de pennation de 45 degrés, une surface d'attache de longueur et de largeur égales à $10cm$ ainsi qu'une épaisseur de muscle de $10cm$. Il s'agit ensuite de discrétiser notre muscle par des grilles hexaèdriques de différentes résolutions. Sur la figure 3.13, le processus de discrétisation est détaillée.

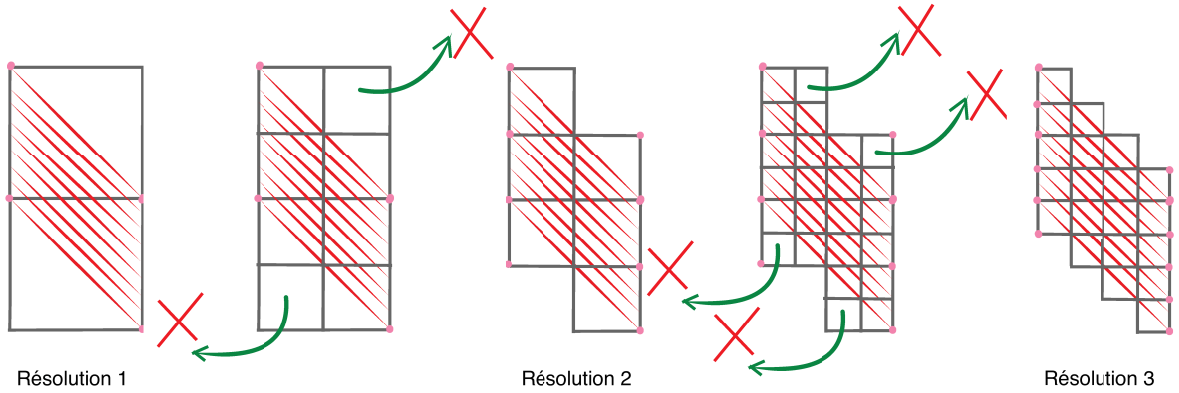



FIGURE 3.13 – Processus de création des différentes résolutions de muscle, la face principale du muscle est subdivisée, puis les hexaédres vides sont supprimés

Pour chaque simulation, le nombre d'hexaèdres sur un coté de l'aponévrose est défini, puis les hexaèdres ne contenant pas de matières sont supprimés de la simulation. Ainsi, en définissant le nombre d'hexaèdres sur un des cotés de l'élément contractile qu'on notera $N_{hexa}$, le nombre d'hexaèdres de toute la simulation sera égal à $(N_{hexa}-1)^2 \times (N_{hexa})$. Le tableau suivant montre les différentes résolutions en fonction du paramètre $N_{hexa}$ :
Sur la figure 3.15, on peut voir notre élément contractile à l'état de repos, en rouge la

| $N_{hexa}$ | 2 | 3 | 5 | 7 | 9 | 11 | 13 | 15 | 17 | 19 | 21 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| $Hexadres$ | 2 | 12 | 80 | 252 | 576 | 1100 | 1872 | 2940 | 4352 | 6156 | 8400 |

FIGURE 3.14 – Tableau récapitulatif des différentes résolutions éléments finis utilisées afin de comparer la méthode du mapping barycentrique à la méthode des éléments finis en terme de sensibilité à la résolutions FEM.

méthode du mapping barycentrique, en jaune la méthode FEM classique.
L'idée est de garder le même $F_0^m$ à chaque simulation, ainsi que des fonction de densité d'énergie de déformation équivalentes, avec comme seule variable la résolution éléments finis de la simulation, puis mesurer la force produite par l'élément contractile sur la surface d'attache (aponévrose).
Le $F_0^m$ dans les scènes est fixé à $10N$, ce qui vaut en Pascal à une pression de $1414.2P$ pour notre surface d'attache. Les fibres sont au départ de la simulation à leur longueur optimale $L_{c0}$, l'activation $\alpha$ est de 1. Sur la figure 3.16, la force produite par l'élément contractile en isométrique en fonction de la résolution éléments finis. En bleu, la méthode des éléments finis classique, en rouge la méthode du mapping barycentrique. Les résultats montrent que peu importe la résolution, la force produite par l'élément contractile en isométrique pour la méthode du mapping barycentrique reste fixe, équivalente au $F_0^m$ de $10N$. Quant à la courbe bleu, elle montre que pour la méthode classique des éléments finis, la précision de la résolution éléments finis a une influence sur la

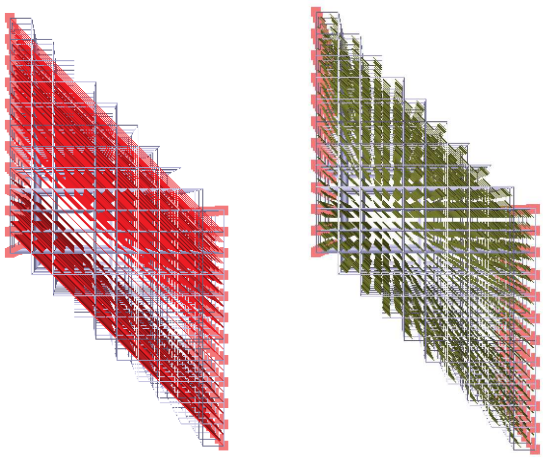


FIGURE 3.15 – Élément contractile du muscles. Gauche : Méthode du couplage barycentrique. Droite : Méthode des éléments finis classique

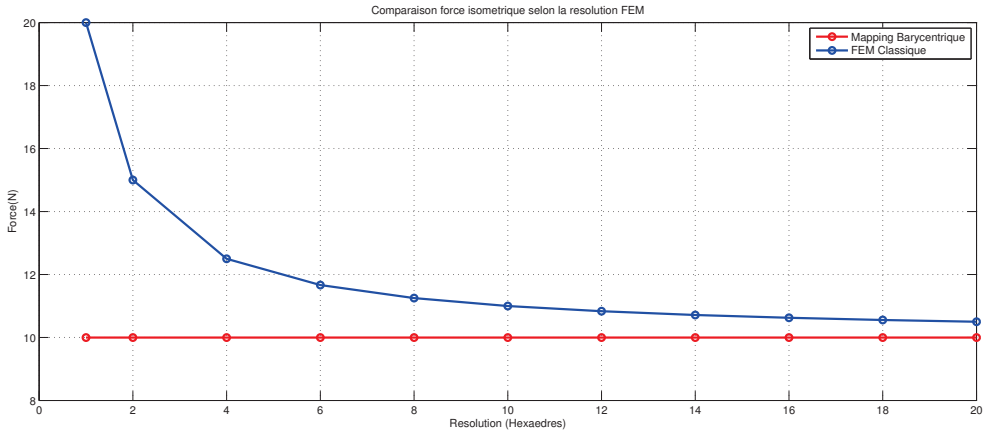



FIGURE 3.16 – Comparaison de la force produite par l'élément contractile en isométrique en fonction de la résolution (nombre d'hexaédres)

force produite par l'élément contractile. Plus la résolution est affinée, plus la force produite par l'élément contractile converge vers la valeur théorique $F_0^m$. Néanmoins pour converger, il faudrait une simulation avec un nombre d'hexaèdre supérieur à $10000$, ce qui prendrait plusieurs heures de simulations pour attendre la position d'équilibre de la simulation.

La figure 3.17 donne la force mesurée sur les attaches, mais aussi l'erreur de celle-ci comparée à la force de référence. Pour la résolution la plus grossières, l'erreur de la force mesurée avec la méthode FEM classique est de $100\%$. L'erreur diminue de manière exponentielle, proportionnellement à la résolution éléments finis, mais même pour la résolution fine, l'erreur est de $8.4\%$. Ce tableau montre les pérformances de notre mé-

| Résolution (N_hexa) | Force (N) (MP) | Force (N) (FEM) |
|---|---|---|
| 3 | 9.99 | 19.99 |
| 5 | 9.99 | 14.99 |
| 7 | 9.99 | 12.49 |
| 9 | 9.99 | 11.66 |
| 11 | 9.99 | 10.99 |
| 13 | 9.99 | 10.83 |

| Résolution (N_hexa) | Erreur Force (%) (MP) | Erreur Force (%) (FEM) |
|---|---|---|
| 3 | 0 | 100.1 |
| 5 | 0 | 50.05 |
| 7 | 0 | 25.02 |
| 9 | 0 | 16.72 |
| 11 | 0 | 10.01 |
| 13 | Référence | 8.4 |

FIGURE 3.17 – Tableau de comparaison de la force produite par l'élément contractile en isométrique en fonction de la résolution (nombre d'hexaédres)

thode en terme de force, dans le cas de contraintes hétérogènes dans les éléments finis. La force est transmise des fibres aux éléments finis par mapping barycentrique. La méthode classique quant à elle, distribue les contraintes de manière homogène dans l'élément. Le changement de résolution induisant un changement de volume, la résolution grossière de volume supérieur produit plus de force. $F_0^m$ convergera avec la force mesurée avec la FEM classique lorsque le volume des éléments finis sera égale au volume du muscle théorique. Il est existe des méthode permettant de pondérer le volume des éléments finis du bord, afin de ne prendre en compte que le volume réel de matière et négliger les parties vides des hexaèdres. Néanmoins, ces méthodes ne solutionnent pas le problème du rapport entre complexité d'arrangement des fascicules et finesse du maillage éléments finis, dû au fait qu'un hexaèdre ne peut prendre en compte qu'un seul angle de pennation.

### 3.6.4 Validation de la force pour un muscle entier

Jusqu'à présent, les validations que nous avons effectué ne concernaient que l'élément contractile en isométrique, dans le but de valider la force produite en utilisant le couplage cinématique. Dans la partie suivante, nous allons valider notre approche multi-modèle pour l'ensemble du muscle en terme de force, en la comparant à la méthode des éléments finis classique, avec exactement les mêmes densités d'énergie de déformation passives et actives, même géométrie, paramètres initiaux du muscle ainsi que la résolution éléments finis. Le muscle est composé d'un élément contractile de même dimension que celui décrit dans la section précédente, auquel nous avons rajouté sur les surfaces d'attaches deux aponévroses de $1cm$ d'épaisseur, qui se terminent par des tendons. Le muscle est fixé aux deux extrémités des des tendons, afin que la contraction soit effectuée en isométrique. Mais contrairement aux simulations précédentes, même si les tendons sont attachés, l'élément contractile se déforme proportionnellement à la force

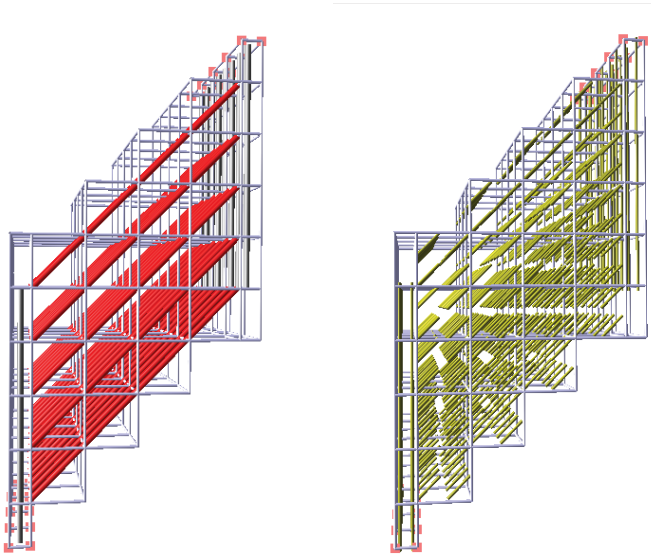


FIGURE 3.18 – Etat initial du muscle. Gauche : Méthode du mapping barycentrique. Droite : Méthode des éléments finis classique

produite. La force isométrique maximale $F_0^m$ est de $1000N$, l'activation $\alpha$ est constante et égale à 1. Les fibres sont considérées à leur longueur optimale $L_{c0}$ au début de chaque simulation. La force produite par le muscle est mesurée sur ses deux extrémités. Comme précédemment, la scène est simulée avec une résolution éléments finis de plus en plus fine, afin de comparer les performances des deux méthodes. Nous démontrerons ainsi l'efficacité de la méthode basée mapping barycentrique qui grâce à l'indépendance des différents modèles des parties du muscle, permet l'indépendance de leurs paramètres, et donc d'optimiser la vitesse de calcul.

La figure 3.19 montre que notre méthode reste quasi-constante en terme de production

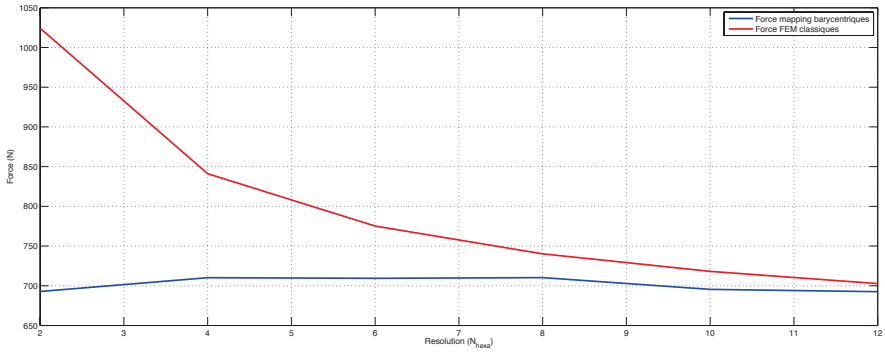



FIGURE 3.19 – Comparaison de la force isométrique mesurée sur les extrémités des tendons en fonction de la résolution (nombre d'hexaédres)

de force, malgré des résolutions éléments finis très basses, jusqu'à la résolution la plus

fine. Dans le même temps, avec exactement les mêmes paramètres, fonctions de densité d'énergie passives et actives, et maillage éléments finis, la méthode FEM classique se montre sensible à la variation de résolutions dans le cas d'une configuration de la force oblique.

Nous considérons comme force de référence, la force mesurée avec la méthode FEM

| Résolution (N_hexa) | Force (N) (MP) | Force (N) (FEM) |
|---|---|---|
| 3 | 692.85 | 1.0242e+03 |
| 5 | 710.18 | 841.02 |
| 7 | 709.37 | 775.18 |
| 9 | 710.26 | 740.22 |
| 11 | 695.49 | 718.18 |
| 13 | 692.53 | 702.73 |
| 15 | 692.53 | 692.74 |

| Résolution (N_hexa) | Precision Force (%) (MP) | Precision Force (%) (FEM) |
|---|---|---|
| 3 | **99.84** | 52.1 |
| 5 | 97.33 | 78.56 |
| 7 | 97.45 | 88.06 |
| 9 | 97.32 | 93.11 |
| 11 | **99.46** | 96.3 |
| 13 | **99.89** | 98.53 |
| 15 | **99.89** | **Référence** |

FIGURE 3.20 – Tableaux comparatifs de la force isométrique mesurée sur les extrémités des tendons en fonction de la résolution (nombre d'hexaédres)

classique de résolution la plus élevé. Cette force est quasiment égale aux forces mesurées avec la méthode du mapping barycentrique. La figure 3.20 montre qu'il faudrait pour que la force produite selon la méthode FEM classique converge vers la force de référence un $N_{hexa}$ de $15$ ce qui représente un maillage de près de $3400$ éléments finis. Tandis qu'avec l'approche multi-modèles, en séparant la discrétisation du maillage éléments finis, de celui des fascicules musculaires, on peut simuler notre scène de manière quasi-exacte en terme de force avec seulement $80$ éléments finis et une précision de $99.89\%$, ce qui fait un gain en temps de calcul considérable. Pour une même résolution de $80$ hexaèdres, la force produite par la méthode FEM classique s'éloigne de $47.9\%$ de la force référence.

### 3.6.5 Influence de la résolution des fibres sur la force

On reprend exactement la même simulation que celle décrite ci dessus, avec cette fois-ci, deux variables, la première est la résolution éléments finis, la deuxième étant la résolution des fascicules musculaires. Pour chaque résolution éléments finis imposée, on mesure la force sur les extrémités des tendons après simulation selon la méthode du couplage cinématique, suivant trois différentes discrétisations de fascicules. Le nombre de fascicules choisies sur le plan frontal est respectivement de $5$, $11$ et $21$, ce paramètre sera appelé $nf$.

Sur le plan sagittal, le nombre de fascicule est proportionnel au nombre d'éléments

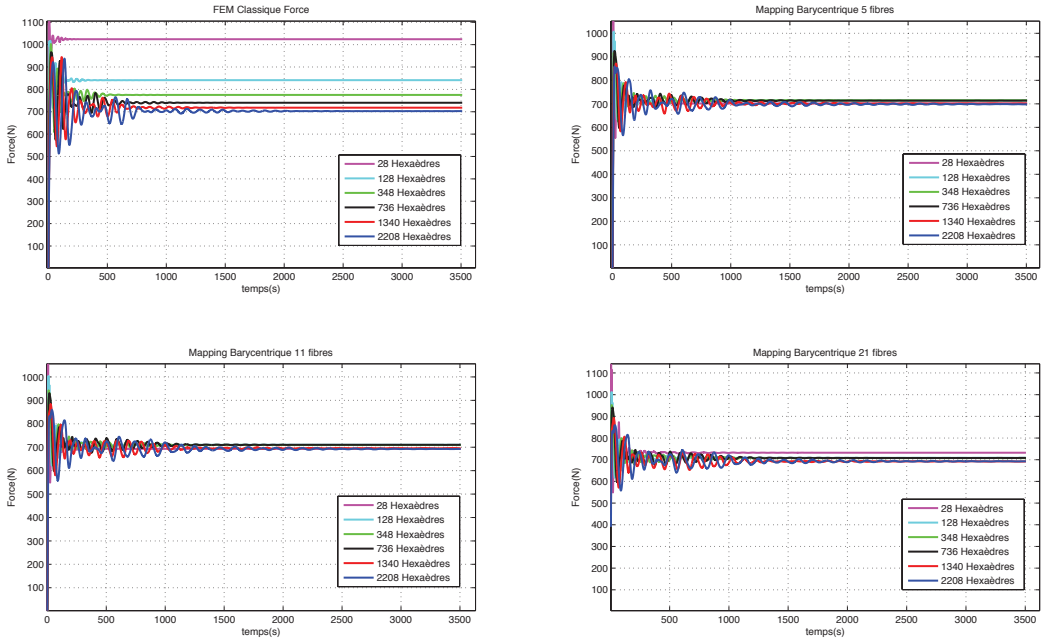



FIGURE 3.21 – Contraction non-isométrique d'un hexaèdre avec la méthode du mapping barycentrique et une densité de fibres élevée.

finis sur ce plan, ainsi si le nombre d'éléments est de $N_{hexa}$, le nombre de fascicules sur ce plan est de $2 \times (N_{hexa} - 1)$. Le nombre total de fascicules $N_f$ pour chaque scène est de $nf \times 2 \times (N_{hexa} - 1)$. La force isométrique de chaque fibre est équivalente à $F_0^m / N_f$. Nous comparerons la force obtenue pour chaque choix de résolution de fascicules $nf$ avec la force mesurée avec la méthode FEM classique de même résolution éléments finis.

La figure 3.21 montre les résultats de la force mesurée sur les extrémités des ten-

| Résolution (Hexaèdres) | Force (N) (MP 5) | Force (N) (MP 11) | Force (N) (MP 21) | Force (N) (FEM) |
|---|---|---|---|---|
| 28 | 701,33 | 692.85 | 732.21 | 1.0242e+03 |
| 128 | 714,51 | 710.18 | 708.54 | 841.02 |
| 348 | 714,99 | 709.37 | 707.28 | 775.18 |
| 736 | 713,48 | 710.26 | 708.13 | 740.22 |
| 1340 | 701,23 | 695.49 | 692.08 | 718.18 |
| 2208 | 698.29 | 692.53 | 692.53 | 702.73 |
| 3388 | - | - | - | 691.74 |

| Résolution (Hexaèdres) | % Précision Force (MB 5) | % Précision Force (MB 11) | % Précision Force (MB 21) | % Précision Force (FEM) |
|---|---|---|---|---|
| 28 | 98.61 | **99.84** | 94.15 | 51.94 |
| 128 | 96.71 | 97.33 | 97.58 | 78.42 |
| 348 | 96.64 | 97.45 | 97.75 | 87.94 |
| 736 | 96.86 | 97.32 | 97.63 | 93 |
| 1340 | 98.63 | **99.46** | **99.95** | 96.2 |
| 2208 | **99.05** | **99.89** | **99.89** | 98.41 |
| 3388 | - | - | - | Référence |

FIGURE 3.22 – Tableau comparatif des forces selon la résolution éléments finis et la résolution des fascicules musculaires

dons pour chaque simulation, avec un solver dynamique, un pas de temps de $0.5s$, ainsi qu'un amortissement de $3Kg/s$. La figure Haut-Gauche donne la force mesurée avec la méthode FEM classique, les figure Haut-Droite, Bas-Gauche et Bas-Droite montrent la

force mesurée avec la méthode du mapping barycentrique pour des résolutions de fibres respectives $nf$ de $5$, $11$ et $21$. On voit clairement qu'à l'état d'équilibre du muscle, les forces sont quasi-constantes pour chacune des simulations basée méthode du mapping barycentrique, contrairement à la force produite selon la méthode FEM classique, dont la figure montre que pour chaque résolution éléments finis différente, la force varie de manière conséquente. Le détail des résultats est donné par le tableau 3.24. La force de référence sera la force mesurée avec la méthode des éléments finis de plus haute résolution ($692.74N$). On peut voir que pour les résolutions de fascicules $nf = 11$ et $nf = 21$, la force à l'état d'équilibre pour la plus haute résolution élément finis est de $692.53N$, nous revendiquons une précision de l'ordre de $99.89\%$. Le tableau du bas montre l'erreur de force produite par chaque scéne comparée à notre force de référence. En vert les précisions supérieures à $95\%$, en jaune les précisions entre $95\%$ et $90\%$, orange les précisions entre $90\%$ et é $80\%$, ainsi de suite. On constate que toutes les résolutions de fascicules combinées aux différentes résolutions éléments finis, produisent une force égale ou très proche de la valeur référence de la force, sauf la combinaison $nf = 21$-$N_{hexa} = 2$, car le ratio entre densité de fibres et finesse du maillage éléments finis est trop élevé. Une résolution de fascicules très fine avec un résolution éléments finis grossière fait diverger la force la faisant s'éloigner de la force de référence de plus de $5\%$. Quand à la méthode FEM classique, on ne s'approche de la référence qu'à partir du résolution élément finis intermédiaire. On obtient une précision de force $96\%$ qu'à partir d'un $N_{hexa} = 10$ équivalent à près de 1350 hexaèdres, ce qui ne permet pas d'envisager une simulation en temps-réel. Quand aux résolutions plus grossières donc plus performantes en vitesse de calcul, l'erreur de force produite est trop élevée pour permettre d'exploiter les résultats de simulations.

## 3.7 Validation des déformations

Nous allons étudier dans la partie ci-dessous les performances de notre approche multi-modèles en ce qui concerne les déformations, afin de démontrer que notre approche propose un bon compromis vitesse-précision en terme de déformations, comparée à la méthode FEM classique. Cela, en réduisant le nombre d'éléments finis nécéssaire à la cohérence de la simulation en terme de force et de déformations, donc de réduire le temps de calcul et d'augmenter la vitesse de simulation.
Nous allons analyser les déformations causées par chaque simulation du muscle, afin de voir s'il existe un ratio optimal entre le niveau de discrétisation des fascicules musculaires et la discrétisation en éléments finis des parties passives du muscle. Sur la figure 3.23 on peut observer l'état déformé du muscle pour chacune des deux méthodes.
La force de référence étant la scène basée FEM classique de résolution $3388$ hexaèdres, nous prendrons cette scène comme déformations de référence. Les tableaux 3.24 montre la déformation moyenne des degrés de liberté de chaque scène et la précision de déformations vis à vis de la scène référence. En ce qui concerne les scènes avec un $nf = 5$,

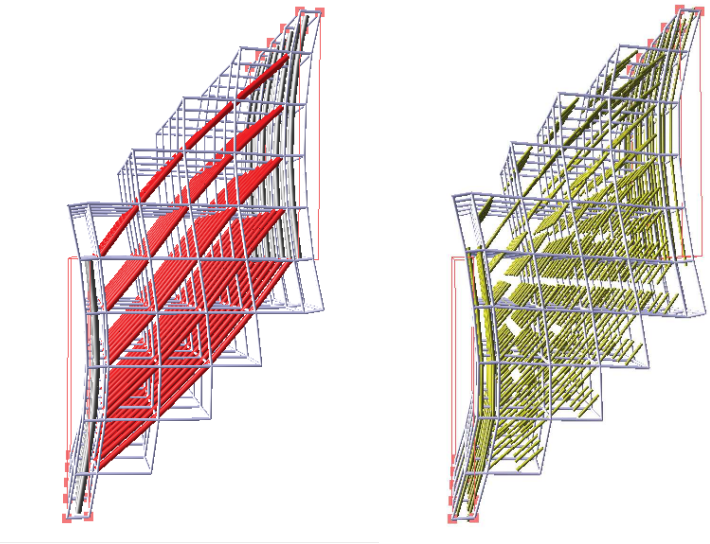


FIGURE 3.23 – Etat déformé du muscle. Fascicules rouges : Méthode du couplage cinématique. Fascicules jaunes : Méthode des éléments finis classique !htb

| Résolution (Hexaèdres) | Déformations DOFs moyennes (cm) (MP 5) | Déformations DOFs moyennes (cm) (MP 11) | Déformations DOFs moyennes (cm) (MP 21) | Déformations DOFs moyennes (cm) (FEM) |
|---|---|---|---|---|
| 28 | 0.4939 | 0.4933 | 0.5226 | 0.6403 |
| 128 | 0.4593 | 0.4776 | 0.4863 | 0.5965 |
| 348 | 0.4359 | 0.4606 | 0.4691 | 0.5596 |
| 736 | 0.4182 | 0.4417 | 0.4500 | 0.5323 |
| 1340 | 0.4224 | 0.4482 | 0.4607 | 0.5122 |
| 2208 | 0.4231 | 0.4477 | 0.4477 | 0.4972 |
| 3388 | - | - | - | 0.4859 |

| Résolution (Hexaèdres) | % Précision Déformations DOF's (MB 5) | % Précision Déformations DOF's (MB 11) | % Précision Déformations DOF's (MB 21) | % Précision Déformations DOF's (FEM) |
|---|---|---|---|---|
| 28 | 98.35 | 98.48 | 92.45 | 68.22 |
| 128 | 94.53 | 98.3 | 99.92 | 77.24 |
| 348 | 89.71 | 94.8 | 96.55 | 84.83 |
| 736 | 86.07 | 90.9 | 92.62 | 90.46 |
| 1340 | 86.93 | 92.25 | 94.82 | 94.59 |
| 2208 | 86.08 | 92.14 | 92.14 | 97.68 |
| 3388 | - | - | - | Référence |

FIGURE 3.24 – Déformations moyennes des noeuds éléments finis de chaque simulation

nous arrivons à obtenir une précision de déformation de l'ordre de $98.35\%$ pour une résolution de $80$ hexaèdres. Si la résolution éléments finis devient trop précise, nous perdons en précision de déformations. Cela est dû au ratio entre densité de fibres et résolution éléments finis. Une densité de fibres trop basse donnera une simulation du muscle avec des éléments finis vides qui se déforment uniquement de manière passive. En ce qui concerne les résolutions de fascicules $nf = 11$ et $nf = 21$, on constate que les résolutions optimales en terme de déformations se situent $28$ et $348$ éléments finis, avec une précision de déformations maximale de $99.92\%$. En comparaison, la précision de déformations pour les simulations basées méthode FEM classique, de mêmes résolutions éléments finis, varie entre $68.22\%$ et $84.83\%$.

## 3.8 Etude des performances

Le critère de sélection des résolutions optimales doit prendre en compte les 3 critères suivants : la vitesse, la force et les déformations. Pour ce faire, on calcule la précision moyenne entre la force et les déformations. Ce qui nous permettra d'identifier les scènes qui s'approchent le plus des valeurs de déformation et de force de notre scène de référence basée méthode FEM classique.
La figure 3.25 montre que notre méthode est valide pour la majorité des résolution

| Résolution (Hexaèdres) | % Précision Moyenne (MB 5) | % Précision Moyenne (MB 11) | % Précision Moyenne (MB 11) | % Erreur Force (FEM) |
|---|---|---|---|---|
| 28 | 98.48 | 99.16 | 93.3 | 60.08 |
| 128 | 95.62 | 97.81 | 98.75 | 77.83 |
| 348 | 93.17 | 96.13 | 97.15 | 86.39 |
| 736 | 91.46 | 94.11 | 95.12 | 91.73 |
| 1340 | 92.78 | 95.86 | 97.38 | 95.39 |
| 2208 | 92.56 | 96.01 | 96.01 | 98.01 |
| 3388 | - | - | - | Référence |

FIGURE 3.25 – Tableaux récapitulatif des performances en terme de rapidité en FPS de chaque simulation.

éléments finis, du moment que la densité de fascicules musculaires soit suffisante. On constate aussi qu'une densité de fibres trop élevé par rapport à la résolution des éléments finis nuit à la précision des résultats. On constate donc qu'on peut modéliser le muscle avec une approche multi-modèle, néanmoins, il faut garder une certaine cohérence entre résolution éléments finis et densité de fibres. Des résultats de précision, on

| Résolution (Hexaèdres) | FPS (MP 5) | FPS (MP 11) | FPS (MP 21) | FPS (FEM) |
|---|---|---|---|---|
| 28 | 54.5 | 30 | 27 | 55 |
| 128 | 16.9 | 12.5 | 10.1 | 12 |
| 348 | 6.3 | 5.7 | 5.0 | 5.5 |
| 736 | 3.8 | 3.1 | 2.3 | 2.8 |
| 1340 | 2 | 1.6 | 1.5 | 1.6 |
| 2208 | 1.3 | 1 | 0.9 | 0.9 |
| 3388 | - | - | - | 0.5 |

FIGURE 3.26 – Tableaux récapitulatif des performances en terme de rapidité en FPS de chaque simulation.

peut évaluer notre méthode en terme de vitesse de calcul. On peut voir sur le tableau 3.26 les performances en terme de vitesse de simulation de chaque scène. Plus les résolutions s'affinent, plus la vitesse de calcul augmente, ce qui ralentit la simulation et l'éloigne des performances temps-réel, ce qui constitue la limite majeure de la méthode FEM classique. Au contraire, notre méthode permet de simuler un muscle avec des performances de $54.5FPS$ et une précision de $98.48\%$. Si on veut plus de précision, on peut augmenter la résolution des fascicules musculaires, dans ce cas la precision passera à $99.16\%$, mais le vitesse de simulation diminuera jusqu'à $30FPS$. Pour la même simulation, la méthode FEM classique simule le muscle avec une précision acceptable qu'à partir de $1340$ hexaèdres. Ce qui correspond à une vitesse de simulation de $1.6FPS$. Ce

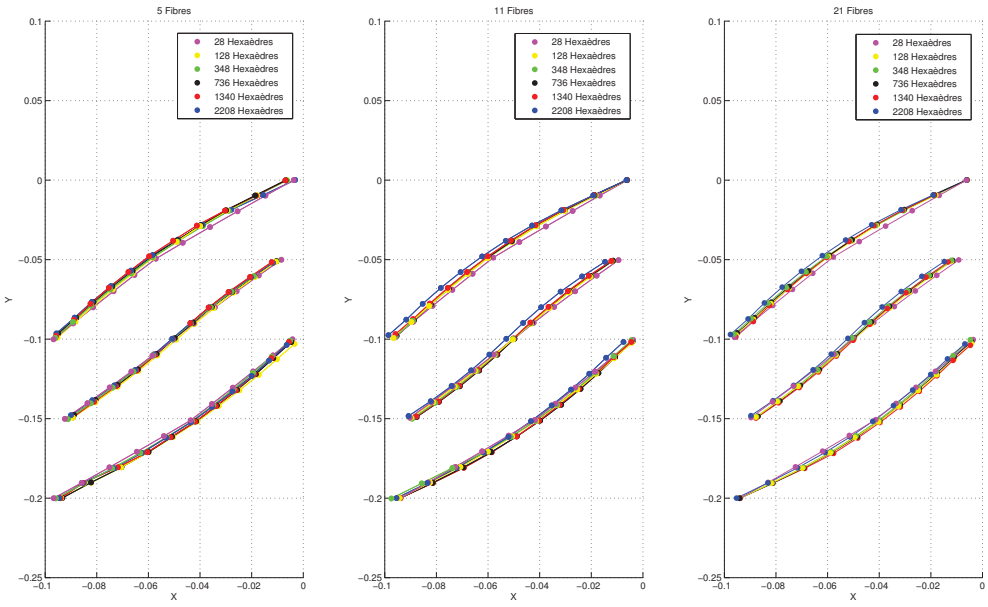



FIGURE 3.27 – Tableaux récapitulatif des résultats de de forces et déformations par rapport à l'état initial en fonction de la résolution pour la méthode du couplage barycentrique.

qui ne permet pas d'envisager une simulation avec une entrée d'activation à partir de mesures EMG de patient spécifiques. Comme le montre la figure 3.27, malgré une résolution éléments finis grossière, le maillage des fascicules musculaires reste détaillés. Ce qui permet aux utilisateurs d'étudier la distribution du strain dans le muscle et la courbure des fibres durant les contractions musculaires.

## 3.9 Conclusion

Nous avons présenté une approche permettant de représenter le muscle selon une approche multi-modèles, favorisant une modélisation collaborative entre scientifiques de diverses disciplines. Pour cela, nous séparons les fonctions d'énergie de déformations des parties isotropes et anisotropes du muscles, qui seront ensuite solidement liées par un couplage cinématique basée sur une interpolation linéaire. La séparations des différentes parties du muscle, permet de discrétiser chaque élément de manière optimale, donc de gagner en flexibilité et en complexité. Sachant que les simulations basées éléments finis tétraédriques nécessitent des éléments de petits volumes, et que les simulations basées éléments finis hexaédriques ne prennent en compte qu'une seule direction d'anisotropie par élément, nous proposons une approche permettant de simuler le muscle avec des éléments finis hexaédriques de volume élevé prenant en compte

plusieurs directions d'anisotropie par éléments, favorisant ainsi des simulations peu coûteuses en ressources, permettant des simulations avec une entrée d'activation en ligne mesurée sur un individu spécifique.

# CHAPITRE 4

# Modélisation volumique pour la simulation temps-réel de muscle de patient spécifique

## Contents


**3.1 Introduction . . . . . 60**
**3.2 Principe du couplage cinématique . . . . . 60**
**3.3 Modèlisation volumique des tissus musculaires isotropes . . . . . 63**
3.3.1 Fonction de densité d'énergie de déformation du tissu musculaire isotrope . . . . . 63
3.3.2 Fonction de densité d'énergie de déformation du tissu isotrope des tendons et aponévroses . . . . . 64
**3.4 Intègration de l'anisotropie musculaire par renforcement de fibres . 65**
**3.5 Modèlisation des tendons et aponèvroses . . . . . 67**
**3.6 Validation de la production de force . . . . . 68**
3.6.1 Validation sur un seul hexaèdre . . . . . 68
3.6.2 Poutre . . . . . 69
3.6.3 Géométrie complexe . . . . . 71
3.6.4 Validation de la force pour un muscle entier . . . . . 74
3.6.5 Influence de la résolution des fibres sur la force . . . . . 76
**3.7 Validation des déformations . . . . . 78**
**3.8 Etude des performances . . . . . 80**
**3.9 Conclusion . . . . . 81**

## 4.1 Introduction

Plusieurs interrogations fondamentales ou scientifiques se posent concernant notre anatomie, particulièrement, l'arrangement des fascicules musculaires qui reste un des domaines les moins documentés. Aujourd'hui encore, nous nous demandons pourquoi la plupart des muscles du corps sont façonnés de manière spécifique. Pourquoi certaines personnes sont plus sensibles aux blessures musculaires tels que les claquages, élongations ou déchirures. Ces blessures sont-elles des consequences de mouvements répétitifs ou contraignants, ou subséquentes à une dysplasie osseuse qui affecterait le rendement du muscle. Dans ce cas, des corrections chirurgicales (osseuses ou transfert ligamenteux) permettraient-elles au muscle de travailler de manière plus efficace. Comment les differences morphologiques entre sujet se traduisent-elles en differences de performances ? ?

Les modèles informatiques du système locomoteur pourraient être un outil incontournable pour l'étude des troubles musculo-squelettiques et la simulation de traitement préventifs ou chirurgicaux. Cependant, ces modèles ont été créés historiquement sur la base de données statistiques issues des études anatomiques et biomécaniques de cadavres, et par des mesures externes sur des sujets (couple articulaires vs. angles). Ces modèles fournissent une bonne indication de la force et du couple articulaire, en recevant comme paramètres d'entrée : la longueur optimale des fibres musculaires, la longueur des tendons, l'orientation des fibres par rapport aux tendons ainsi que la force isométrique maximale du muscle. Cependant, ils utilisent des paramètres groupés et font l'hypothese de zones d'insertions musclaires ponctuelles, ne permettant pas d'analyser les déformations surfaciques et volumiques du muscle durant la contractions, afin d'étudier l'uniformité ou non des contraintes au sein des faisceaux de fibres musculaire, des tendons et aponévroses, qui sont des informations cruciales dans l'étude de la fonction musculaire.

L'apparition de l'imagerie par résonance magnétique (IRM) et du traitement d'image offrent une abondance de méthodes de segmentation, permettant de reconstruire invivo la surface des muscles sous-cutanés et profonds, mais ne permet pas d'observer l'architecture des fascicules. Il aura fallu attendre les années 2000 pour voir les premières méthodes de reconstruction de l'architecture des faisceaux de fibres musculaires complexes à partir d'acquisitions IRM de diffusion, ou par des méthodes d'interpolation d'individus spécifiques. La méthode de référence fut développée par [Blemker and Delp, 2005], telle que des templates hexaédriques solides composés d'un ensemble géométrique de points de contrôles, interpolées linéairement en utilisant des spline rationnelles de Bézier, discrétisent le domaine d'un type d'architecture de faisceaux de fibres musculaires. Cette méthode certes efficace reste néanmoins complexe, lorsqu'il s'agit du passage à la simulation avec la méthode des éléments finis. Nous détaillerons dans ce chapitre les limites de cette méthode, notre approche pour l'améliorer, mais aussi en terme de flexibilité. Nous présenterons notre approche qui permet

de passer d'une surface de muscle acquise par IRM, à une représentation de l'architecture complexe de faisceaux de fibres musculaires, puis à une simulation volumique de muscle temps-réel avec représentation des fonctions physiologiques.

## 4.2 Méthode classique de modélisation du muscle à partir de données d'imagerie

Dans cette section, nous détaillerons la méthode la plus utilisé dans la modélisation volumique et simulation de muscles à arrangement de fascicules musculaires complexes. La méthode a fait ses preuves en terme de précision, mais s'avère complexe. Elle manque de flexibilité et de performances de temps de calcul. Nous détaillerons le processus permettant le passage d'acquisitions IRM de muscles d'un sujet spécifique, à un modèle de muscle volumique avec représentation des fonctions physiologiques à partir de ces données d'imagerie.

### 4.2.1 Introduction aux Splines

Beaucoup d'efforts ont été fournis dans la modélisation d'objets lisses dans le domaine de la conception géométrique assistée par ordinateur. Les concepteurs avait la nécessité de spécifier numériquement des courbes et surfaces complexes par des moyens intuitifs, faciles à paramétrer. De ce besoin sont nées les courbes de Bézier, courbes polynomiales paramétriques, décrites pour la première fois par Pierre Bézier, concepteur français de pièces automobiles. Par la suite, de nombreuses autres méthodes de spécification de courbes sont apparues, toutes basées sur un nombre restreint de points de contrôle : Courbes quadratiques doubles, B-splines simples ou rationnelles, B-splines rationnelles non-uniformes (NURBS). Ces méthodes représentent les courbes planes ou 3D et peuvent être étendues pour la représentation de surfaces en 3D.

Dans ces représentations, le concepteur ajuste la forme des objets en déplaçant les points de contrôle ou en changeant leur poids. Si ce n'est pas suffisant, il peut augmenter le degré du polynôme. Par exemple, considérons les courbes de spline cubique de la figure 4.1. La courbe interpole les points de contrôle $A$ et $D$, et est tangente à deux des côtés du polygone de contrôle.

Cette représentation de l'objet sur la base de paramètres est efficace en temps de calcul, offrant une modification interactive et instantanée. Elle offre également un contrôle subtil de la forme de l'objet lorsqu'il est représenté par de nombreux points de contrôle. Cependant, ce niveau de contrôle se transforme parfois en inconvénient : une spécification précise ou la modification subtile de courbes ou de surfaces peuvent être laborieuses. Même un changement d'apparence simple, peut nécessiter un ajustement de nombreux points de contrôle.

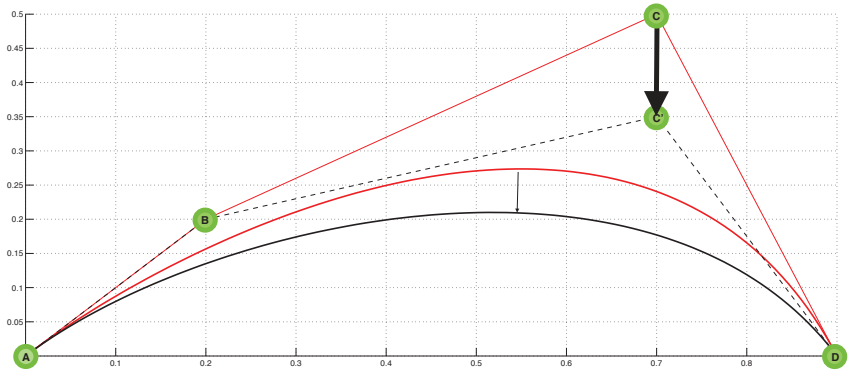



FIGURE 4.1 – Une courbe de spline cubique. La forme de la courbe est éditée par le déplacement du point de contrôle C vers C'

### 4.2.2 Méthode classique de modélisation du muscle à partir de données d'imagerie

Actuellement la méthode de référence permettant de reconstruire la géométrie des faisceaux de fibres musculaires à partir d'acquisitions IRM est la méthode présentée par [Blemker and Delp, 2005]. Nous allons détailler cette méthode, puis ses limites, afin de mettre ensuite en relief nos contributions dans la partie suivante, en terme de complexité, flexibilité et vitesse de calcul.
La première étape consiste à reconstruire la géométrie de la surface du muscle à partir d'images IRM, cela, en déterminant manuellement les contours du muscle d'intérêt. Les tendons, aponévroses, origines et insertions doivent être identifiées manuellement. Ce travail nécessite parfois l'étude des acquisitions (coupe) IRM d'un muscle dans des plans différents, ainsi que des connaissances anatomiques à priori. Cette étape est l'une des plus fastidieuses, car elle est manuelle et minutieuse (peut prendre plusieurs mois) et peut-être parfois subjective, les résultats pouvant différer en fonction de la personne qui définit les contours sur les acquisitions IRM.
Le modèle surfacique polygonale du muscle volumique est ensuite généré en combinant l'ensemble des contours 2D (Nuages, INRIA, France). Une fois la surface segmentée définie, un maillage solide hexaédrique est créé à partir de la surface avec un générateur de maillage éléments finis (TrueGrid XYZ Scientific Applications, Livermore, CA). Dans cette procédure, un template de maillage hexaédrique en forme de cube ($X^{template}$), dont le nombre d'éléments sur l'axe longitudinal est dépendant du nombre de coupes IRM, subit un processus de mapping afin de créer un maillage FEM cible ($X^{target}$) qui décrit tout le volume du muscle. La fonction de mapping ($\Phi$) est basée sur une correspondance point-par-point, c'est-à-dire que chaque noeud de coordonnée $x_0$ possède un noeud correspondant sur le muscle de coordonnée $x_1$. Quant aux éléments finis internes, il sont lissés pour donner lieu à des tailles d'éléments uniformes au sein de

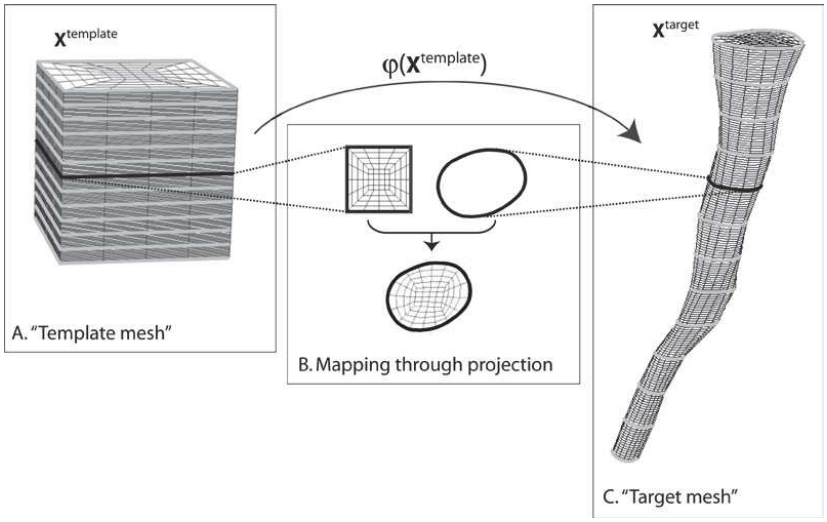



FIGURE 4.2 – Création de mailles volumiques de chaque muscle à partir de modèles de surface segmentée. Les maillages hexaédriques sont créés en grâce au mapping de modèles de maillages hexaédriques (A) à travers une série de projection (B) vers un maillage destination (C)

chaque coupe (voir figure 4.2).
La géométrie des fibres est décrite par des templates géométriques cubiques de même dimension que le template éléments finis hexaédrique ($X^{template}$). Le template de fibres sera mappés avec la même fonction de mapping point-par-point ($\Phi$). Les templates géométriques cubiques de faisceaux de fibres musculaires sont décrit par l'interpolation rationnelle de Bézier. Chaque fascicule est décrite par un jeu de points de contrôle dans l'espace 3D. Les templates sont créés en respectant les systèmes de classification anatomiques communs d'architecture musculaire.
L'expression du modèle de la géométrie des fibres de modèle ($fib^{template}$) est une fonction de $t$ (la direction des fibres) et $s$ (transversalement à la direction de la fibre) :

$$fib^{template}(t,s) = \frac{\sum_{i=0}^{2} w_i(s) b_i(s) B_i(t)}{\sum_{i=0}^{2} w_i(s) B_i(t)} \tag{4.1}$$

telle que $b_i(s)$ représentent les point de contrôle, $i$ l'indice de chaque point et $w_i(s)$ leur poids. $B_i(t)$ sont les polynômes de Bernstein de forme suivante :

$$B_i(t) = \frac{2}{(2-i)!}(1-t)^{2-i}t^i \tag{4.2}$$

L'étape finale consiste à incorporer les directions de fascicules $\alpha_0$ dans chaque hexaèdre du maillage éléments finis cible ($X^{target}$) du muscle. Pour chaque point d'intégration (point dans un élément finis pour lequel le modèle constitutif du muscle est évalué) dans le maillage éléments finis cible, ses coordonnées doivent être d'abord déterminées

dans le template hexaédrique en forme de cube. La méthode des moindres carrés est ensuite utilisée pour déterminer les coordonnées correspondantes ($t$, $s$) dans la fonction de fibres ($fib^{template}(t,s)$). La direction des fibres $\alpha_0$ est la tangente de la fonction ($fib^{template}$) en un point $t$ en utilisant l'équation de la tangente à une courbe $f$ connaissant le point $(a; f(a))$, ($fib^{template}$) est donnée par la fonction suivante :

$$fibdir^{template}(t,s) = \frac{\partial fib^{template}}{\partial t}(t,s) \tag{4.3}$$

Une fois cette direction calculée pour les coordonnées des points d'intégrations dans les templates cubiques ($X^{template}$) , la fonction de mapping identifie les directions d'anisotropie à appliquer à chaque élément finis du maillage cible ($X^{target}$).

Même si cette méthode est aujourd'hui largement réutilisée [Röhrle and Pullan, 2007], [Rehorn and Blemker, 2010], [Webb et al., 2012], elle reste difficile et longue à mettre en oeuvre. Elle ne permet pas d'être exploité dans un contexte médical pour les raisons suivantes :

- L'acquisition de la surface des muscles est manuelle et subjective.
- Le résolution du maillage élément finis est dépendante du nombre de coupes IRM.
- Le processus de calcul des angles de pennation pour chaque point d'intégration de chaque élément finis de la scène est complexe.
- Même si le template cubique de géométrie des fibres est très détaillés, sa résolution dans la simulation dépend du maillage éléments finis qui lui même dépend des acquisitions IRM.

Néanmoins, cette méthode reste basée sur l'interpolation, on ne mesure pas la direction des fibres in-vivo comme sur un IRM de diffusion ou une dissection, mais on l'infère d'après un template dont on spécifie l'architecture de manière idéalisée. C'est une méthode qui possède le potentiel d'être exploitée en clinique car elle n'utilise que des IRMs classiques.

## 4.3 Modélisation volumique et simulations temps-réel de muscles à architecture de fibres complexes

Nous avons détaillée la méthode classique de reconstruction et de simulation des muscles avec architecture de fascicules complexes. C'est une méthode qui permet d'approcher l'arrangement des fascicules dans le muscle, à partir d'acquisitions IRM d'un patient. Néanmoins, ce qu'on gagne en précision est perdu en complexité, car le passage d'une série de coupes IRM d'un patient vers le modèle éléments finis final est non seulement manuel. La méthode manque de flexibilité car la discrétisation des fascicules de fibres musculaires dépend de la résolution éléments finis, qui elle même dépend des



FIGURE 4.3 – Modèle de rectus femoris après recalage par shape-matching

coupes IRM. Nous proposons une approche de reconstruction des fascicules musculaires qui associe les travaux de [Blemker and Delp, 2005] à ceux de [Gilles and Pai, 2008] au moyen d'une technique de recalage exploitant l'interpolation linéaire, permettant une reconstruction de la surface et de l'architecture des fibres musculaires efficace, quasi-automatique.

### 4.3.1 Reconstruction de la géométrie volumique du muscle

Afin de reconstruire la surface du muscle à partir d'acquisitions IRM, nous utilisons les travaux de [Gilles and Pai, 2008] sur le shape-matching permettant un recalage quasi-automatique d'une surface générique de muscle sur des coupes IRM de sujets spécifiques, grâce à une méthode de calcul des déformations élastiques et plastiques, dans le contexte de recalage de modèles déformables discrets. Les forces internes sont estimées en faisant la moyenne des transformations locales entre les positions de référence et courante des particules.

Sur la figure 4.3, on peut apercevoir un rectus femoris d'un individu spécifique après recalage par la méthode du shape-matching. Le temps de reconstruction n'est que de quelques secondes, avec un écart moyen de $2mm$ entre une surface segmentée manuellement et la surface recalée automatiquement .

Une fois la surface reconstruite, notre contribution consiste à caractériser la géométrie des fascicules musculaires, tendons et aponévroses. Le shape-matching ayant démontré ses performances, nous avons donc pensé à reconstruire l'architecture musculaires par cette méthode. Nous adaptons les templates géométriques de [Blemker and Delp, 2005]

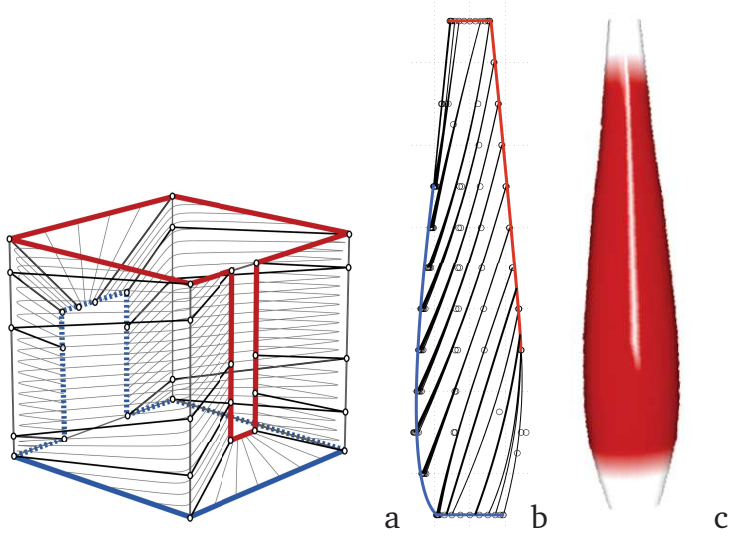
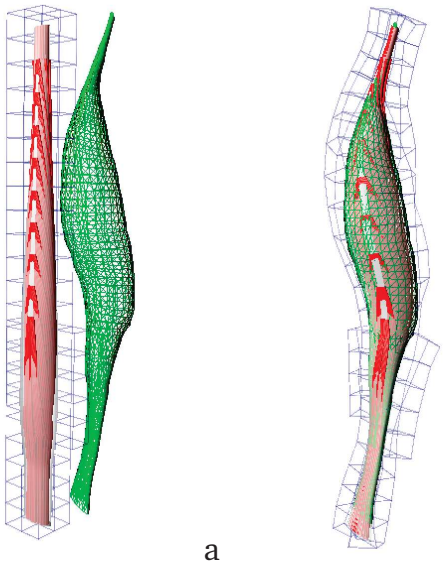



FIGURE 4.4 – (a,b,c) : Approximations géométriques d'architecture de muscles complexes (Bipennée) passant du cube à une forme musculaire théorique simple.

en passant d'une forme cubique vers une forme de muscle générique ($generic^{template}$) (voir figure 4.4), qui sera couplée par cinématiquement à une surface polygonale de même forme ($generic^{surface}$). Le shape-matching calcul les déformations élastiques à imposer à la surface polygonale pour épouser la forme du muscle spécifiques reconstruit par IRM, cela en imposant des forces (ressorts) sur les noeuds de la surface de muscle générique calculés par point le plus proche [Besl and McKay, 1992]. Cette surface étant enveloppée par un maillage éléments finis hexaédrique généré par rasterization (voir figure 4.5), ces forces sont automatiquement propagées aux noeuds des éléments finis. En augmentant la rigidité des ressorts lors du recalage, l'attraction de données est privilégiée, permettant un alignement précis des surfaces génériques et cible (compte tenu d'un nombre suffisant de noeuds éléments finis). Tous les constituants de la géométrie du muscle sont estimés automatiquement grâce à l'interpolation linéaire du template de la géométrie du muscle ($generic^{template}$) à la surface générique ($generic^{surface}$). La figure 4.5 montre le recalage de la surface générique ($generic^{surface}$) sur la surface d'un muscle d'individu spécifique ($target^{surface}$). La surface générique est couplée à une géométrie de muscle bipenné avec fascicules, tendons et aponévroses. Sur la figure 4.6 on peut voir le résultat final de la reconstruction de la géométrie d'un rectus femoris à partir d'acquisitions IRM d'individu spécifique.

### 4.3.2 Simulations

Le passage à un modèle fonctionnel simulable se fait par couplage cinématique qui permet d'integrer les fonctions d'énergie de déformations des différents constituants du muscle (Modèle de tissu passif, fibres, tendons et aponévroses). Notre approche permet



a b

FIGURE 4.5 – Reconstruction de l'architecture des fascicules musculaires, à partir des acquisitions IRM et d'un template de fibres bipenné

le calcul de plusieurs directions de fibres dans un élément fini grossier et, par conséquent, diminue fortement la résolution des éléments finis requise pour prédire les déformations lors de la contraction musculaire. L'activation musculaire est générée à partir des mesures EMG utilisant la procédure typique de la recherche en biomécanique. L'entrée d'activation peut-être envoyé en temps-réel au muscle à partir de mesures en ligne sur un rectus femoris de l'individu ayant fournis les données d'imagerie, permettant d'étudier la distributions volumique des contraintes et déformations ainsi que la force produite par son muscle durant le mouvement. Le tissu musculaire isotrope est considéré comme un matériau quasi-incompressible et hyper-élastique, dont la fonction de densité d'énergie de déformations $W$ sous forme quadratique est la suivante :

$$W_{matrix} = \sum_{i+j=1}^{2} Cij(\bar{I}_1 - 3)^i(\bar{I}_2 - 3)^j + \frac{K}{2}(ln(J))^2 \tag{4.4}$$

Où $Cij$ et $K$ sont des constantes matérielles des éléments passifs du muscle, calibrées à partir des données expérimentales collectées par [Van der Linden, 1998] (voir tab. 4.7). La fonction de densité d'énergie de déformation des tendons et aponévroses repose sur un modéle hyper-élastique isotrope cubique :

$$W_{tendon} = \overline{W}_{tendon} + \tilde{W}_{tendon} = G_{10}(\bar{I}_1 - 3) + G_{20}(\bar{I}_1 - 3)^2 + G_{30}(\bar{I}_1 - 3)^3 + \frac{K}{2}(J-1)^2 \tag{4.5}$$

Où $G_{10}$, $G_{20}$, $G_{30}$ et $K$ sont des constantes matérielles, $\overline{W}_{tendon}$ et $\tilde{W}_{tendon}$ représentent respectivement la composante déviateur et la réponse de changement de volume. Les constantes matérielles on été paramétrées à partir des données expérimentales de

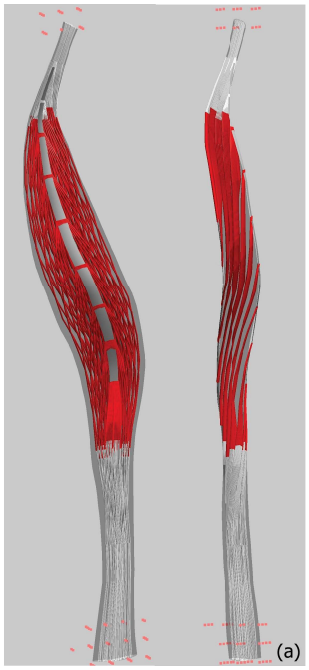



FIGURE 4.6 – Rectus Femoris après recalage du template avec reconstruction de l'architecture des fascicules musculaire, tendons et aponévroses

| $C_{10}(N/cm^2)$ | $C_{01}(N/cm^2)$ | $C_{20}(N/cm^2)$ | $C_{11}(N/cm^2)$ | $C_{02}(N/cm^2)$ | $K(N/cm^2)$ |
|---|---|---|---|---|---|
| 6.43 | $-3.80$ | 0.94 | $-0.0043$ | 0.0005 | $5 \times 10^3$ |

FIGURE 4.7 – Constantes matérielles pour la matrice de tissu musculaire

| $G_{10}(N/cm^2)$ | $G_{20}(N/cm^2)$ | $G_{30}(N/cm^2)$ | $K(N/cm^2)$ |
|---|---|---|---|
| 30 | 80$-3.80$ | 800 | $5 \times 10^3$ |

FIGURE 4.8 – Constantes matérielles pour les tendons et aponévroses

[Dongsuk Shin, 2010] (voir tab. 4.8). Les fibres musculaires reposent sur le modèle de l'élément contractile de Hill pondéré par le nombre de fibres de notre template. Certaines fibres sont directement insérée sur les aponévroses, d'autres renforcent le tendons jusqu'a leur insertion sur l'os. La taille des tendons est un paramètres pouvant être modifié dans la simulation, afin de correspondre à une identification in-vivo. Quant aux l'aponévroses, elles sont modélisées par des éléments finis triangulaires bidimensionnels, suivant une loi de comportement hookéenne.
La figure 4.9 montre les déformations subies par le rectus femoris du patient spécifique soumis à une force perpendiculaire à la ligne d'action du muscle, avec des entrées d'activations respectives de 0, 0.5 et 1. Les couleurs représentent les déformations principales maximales à l'intérieur du muscle sur le plan sagittal. Plus le muscle est contracté, plus il devient raide. Les déformations pour une force perpendiculaire constante, sont pro-

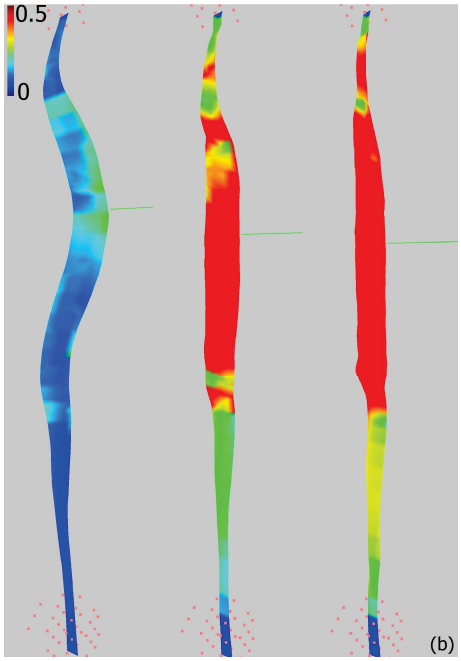



FIGURE 4.9 – Déformations du rectus femoris soumis à une contrainte normal à la ligne d'action de force du muscle, pour des activations respectives de 0, 0.5 et 1. Les couleurs montrent les déformations principales maximales à l'intérieur du muscle sur le plan sagittal. La raideur du muscle sur le plan transversal augmente proportionnellement à son activation, donc sa force.

portionnelles à l'entrée d'activation. La figure démontre aussi que les déformations ne sont pas homogènes dans le muscle rectus femoris durant la contraction.

## 4.4 Etude de l'influence de l'architecture musculaire sur le rendement du muscle

### 4.4.1 Modélisation des différentes architectures

On définit un maillage de surface musculaire générique s'inspirant d'un cylindre généralisé, qui est intégrée dans une grille grossière hexaédrique FEM générée par rastérisation de surface (voir figure 4.10.d), C'est à dire qu'on converti une image vectorielle 3D en une image 2D en pixels, afin de déterminer les contours de celle-ci. Le volume exact de matériau sous-jacent est affecté aux points d'intégration des éléments finis, afin d'éviter que l'intégration de la fonction d'énergie de déformations s'effectue dans les parties vide des éléments finis, cela permet d'éviter le problèmes sur les bords, mais avec une méthode FEM classique, une discrétisation fine est tout de même nécessaire afin de décrire la complexité de l'arrangement des fibres, étant donnée qu'un élément

finis hexaédrique est nécessaire pour chaque angle de pénation. Notre méthode s'affranchit de cette contrainte et permet donc de simuler les muscles à arrangement de fibres complexes avec des grilles éléments finis hexaédriques grossières.
Les modèles cubiques de trois architectures différentes (pennées, bipennate et parallèle-fibrés) ont subi un mapping point-par-point pour épouser la forme surface muscle générique et décrire l'architecture interne des fascicules, tendons et aponévroses (voir figure 4.10.(a,b,c)). Nous avons fixé le nombre de fascicules pour le muscle bipenné à 150 avec

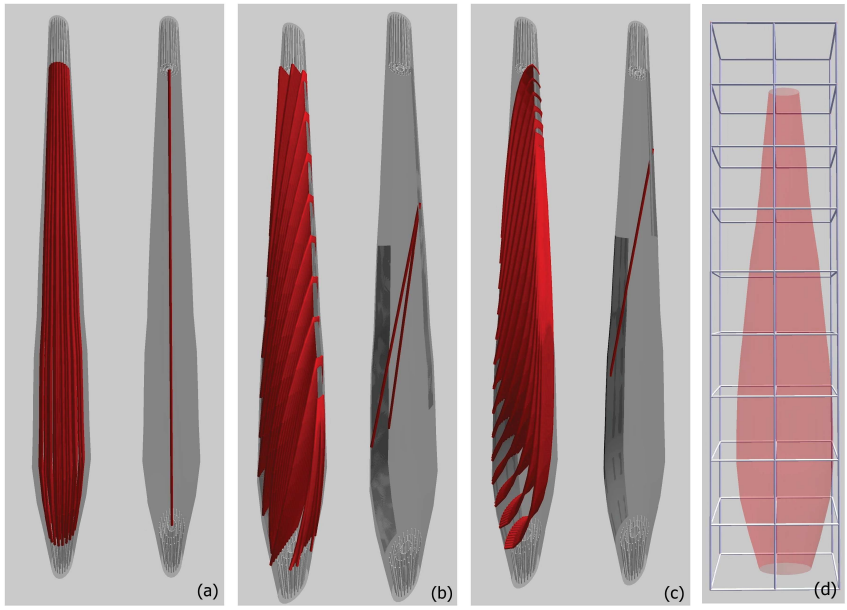



FIGURE 4.10 – (a,b,c) : Approximations géométriques d'architecture de muscles complexes (Parallèles, Bipennée, Pennée) ainsi que leurs équivalent en modélisation unidimensionnelle. (d) : Surface musculaire générique de forme elliptique, intégrée par un maillage éléments finis grossier généré par rastérisation.

une force isométrique maximale $F_0^m$ du muscle entier à $1000N$. En gardant les mêmes propriétés de densité de fibres $\rho$ et la même force isométrique par fibre, nous avons obtenu pour les muscles à architecture pennée et parallèle les propriétés résumées dans le tableau suivant :

| architecture | surface d'attaches $(cm^2)$ | $Nbf$ | $F_0^m(N)$ | $\rho(f/cm^2)$ |
|---|---|---|---|---|
| parallel | 2.232 | 24 | 160 | 10.751 |
| pennate | 17.496 | 188 | 1254.38 | 10.745 |
| bipennate | 13.947 | 150 | 1000 | 10.755 |

La simulation est calculée à une fréquence d'environ $15FPS$ sur une machine PC standard en utilisant un schéma d'intégration du temps implicite d'Euler, avec un solver Minres et un nombre d'itérations de $50$ et une précision de $1e^{-8}$.

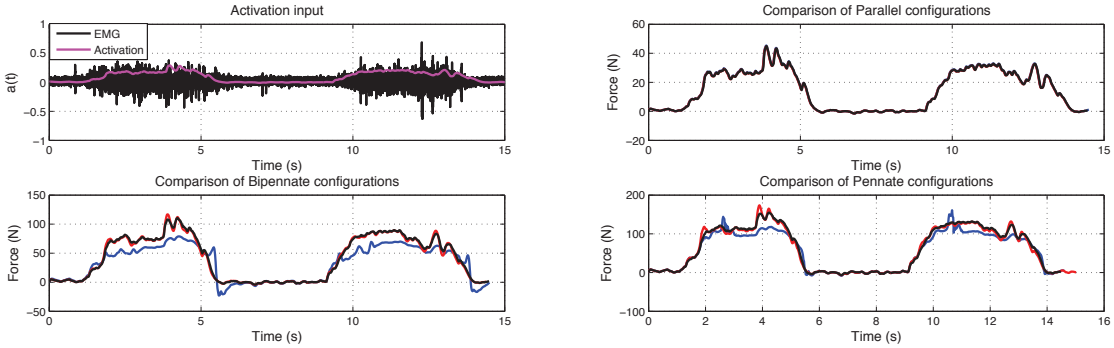



FIGURE 4.11 – Comparison of our 3D complex fiber architecture with coarse FEM resolution (in red), the same 3D complex fiber architecture with fine FEM resolution (black) and single-fiber model (in blue). Total forces are measured on tendon extremities while varying muscle activation in time.

### 4.4.2 Comparaison

La figure 4.11 montre une comparaison des architectures complexes de muscles (parallèle, penné, bipenné) couplées à deux différentes résolutions éléments finis, avec leur équivalent unidimensionnel. Les muscles sont étudiés dans une configuration isométrique. Le muscle a été activé en mode concentrique, tandis que les extrémités des deux tendons sont fixées. L'activation est générée à partir de mesures EMG, puis envoyé à chaque pas de temps au modèle de l'élément contractile de Hill afin de générer une force. $L_{c0}$ longueur optimale de chaque fibres est automatiquement défini au début de la simulation à $t_0$ comme étant la longueur initiale de la fibre. Ainsi chaque simulation débute avec un muscle dans sa longueur optimale.
Dans le cas d'une architecture de fibres parallèles, la distribution symétrique des fibres autour de la ligne d'action de force du muscle, rend équivalente le cas unidimensionnel et le cas tridimensionnel, telle que la force produite par les deux modèles sont exactement les mêmes. Quant aux architectures pennées et bipennées, elles possèdent toutes deux des aponévroses. Elles permettent d'y insérer plus de fibres dans un même volume de muscle, tout en gardant la même densité de fibres $\rho$. Il en résulte une force longitudinale plus élevé, même si la force est générée par les fibres selon un angle de pennation. Dans les cas pennés et bipennés, les modèles unidimensionnels souffrent de la comparaison en terme de force produite avec les modèles tridimensionnels (voir figure 4.11). Car ces muscles possèdent une distribution des angles de pennation non-uniforme dans le muscle, allant de 0 jusqu'a 30 degrés. Hors, le modèle unidimensionnel n'est qu'une simplification représentant la moyenne de ces angles de pennation. Les modèles 1D ne permettent pas une distribution non-uniforme des contraintes et des déformations dans le muscle, donc représentent la force générée par le muscle de manière imprécise.
Les résultats en terme de force obtenus en utilisant une grille de discrétisation éléments finis grossière (18 hexaèdres) et fine (608 hexaèdres) sont sensiblement similaires, dé-

montrant ainsi que l'on peut générer une force similaire à la méthode FEM classique utilisant un seul angle de pennation par éléments finis et une discrétisation fine, cela avec un modèle simplifié et plus flexible. Nous gagnons en temps de calcul tout en gardant un très bon compromis en precision de résultats, ce qui permettra d'envisager des modélisations de muscles de patients de manière simplifiée.

## 4.5 Conclusion

Nous avons présenté une approche multi-modèles basée sur couplage par mapping barycentrique, pour une simulation volumique temps-réel (15 FPS) de muscles à architecture de fascicules complexe. Notre approche offre un compromis entre les modèles tridimensionnels très précis et unidimensionnels rapides mais n'offrant pas d'informations volumiques. Cette approche permet de bénéficier d'une plus grande flexibilité (discrétisation séparée donc optimisée des modèles actifs, isotropes et anisotropes), ainsi que d'une plus grande précision pour une simulation de même résolution avec la méthode FEM classique. Comme attendu, les résultats de force des simulations 1D et 3D du muscle à architecture parallèle correspondent parfaitement. Le temps de calcul rapide permet offre des simulations temps-réel avec une entrée d'activation à partir de mesure EMG de d'individus spécifiques.

# Conclusion Générale

## Discussion

Notre travail représente une première tentative de modéliser le muscle en trois dimension avec représentation de la complexité de l'arrangement des fibres et des fonctions physiologiques en temps-réel. La modélisation du muscle par les différentes branches de la médecine et de la biomécanique se sont segmentées en deux grandes approches principales, l'une simplifiant le muscle en une série de segments reliés par des points intermédiaire, l'autre modélisant le muscle selon une approche mécanique des milieux continus, permettant d'observer la distribution des contraintes et déformations volumiques en son sein. Cependant, ces approches souffrent, soit d'un manque de précision, où dans le cas contraire d'un temps de calcul extrêmement long, empêchant d'envisager des simulations temps-réel. Elles sont de plus complexes à implémenter dans les deux cas, et requièrent des connaissances a priori et la maitrise de disciplines scientifiques multiples.
Nous avons donc proposé une approche multi-modèle qui représente un compromis entre la vitesse de simulation de l'approche unidimensionnelle, ainsi que la précision de l'approche volumique de la mécanique des milieux continus. Cela en séparant les différentes fonctions de densité d'énergie de déformations des différents tissus isotropes et anisotropes du muscles, puis en les couplant cinématiquement afin d'aboutir à une simulation efficace. Notre modélisation permet de réduire la complexité en se focalisant sur des modèles simples, plutôt qu'une seule expression globale de tout le fonctionnement du muscle. Nous gagnons en flexibilité, ainsi, en séparant les modèles des différents tissus musculaires, on peut maintenir un haut niveau de discrétisation des fibres (anisotropie), tout en réduisant la discrétisation du tissu isotrope à un maillage grossier peu couteux en temps de calcul. Nous simulons des muscles en 3D en utilisant la méthode des éléments finis avec un temps de calcul pouvant atteindre $54.5FPS$ avec une précision de force et déformations de $98.48\%$ en comparaison avec la méthode classique des éléments finis. Ces performances permettent une entrée d'activation mesurée en ligne directement sur un individu spécifique avec des mesure EMG.
Une autre difficulté rencontrée dans la modélisation des muscles est la reconstruction de l'arrangement des fascicules musculaires à partir de données d'imagerie médicale. L'IRM ne permettant pas d'observer l'architecture des fibres musculaires, les scientifiques ont essayé d'utiliser des méthodes d'interpolation linéaire afin de reconstruire l'arrangement des fascicules. Néanmoins, le passage de données d'IRM à une simulation éléments finis d'un muscle en 3D était complexe et fastidieux. Nous avons donc associé deux techniques par un couplage cinématique, l'une de recalage de surfaces semi-automatique, l'autre d'interpolation linéaire (Splines) afin d'approcher l'arrangement des fascicules musculaires par une discrétisation fine de l'anisotropie musculaire, qui sera couplée cinématiquement à un maillage éléments finis grossier.

## Perspectives

L'une des difficultés rencontrées lors de la simulation volumique de muscles, est le contact en les tissus musculaire, adipeux, osseux etc. Ces contacts ont été peu caractérisés dans la littérature, il est donc délicat de s'attaquer à la simulation de plusieurs muscles (tel le quadriceps), en contact direct entres leur surfaces respectives ainsi que la surface osseuse du femur. Une solution efficace à cette problématique représenterait une avancée majeure dans la simulation de membres entier d'individus spécifiques durant le mouvement, directement à partir de données d'imagerie médicale.
Nous avons certes présenté une approche multi-modèle du muscle, paramétrable à souhait, néanmoins l'identification de certains paramètres pour chaque individu spécifique reste encore un domaine qui nécessite beaucoup de contributions. Notamment la longueur des tendons, aponévroses et leur surface d'attache, densité des fibres, ainsi que l'angle de pennation, pour chaque individu. Ces paramètres sont extrêmement variables entre des individus de sexe, de condition physique, d'âge différents et ont une grande influence sur l'efficacité de contraction du muscle et donc sur ses déformations.
Nous pensons qu'a terme, notre approche augmentée de contacts entre les muscles et d'une identification précise des paramètres musculaires d'individus spécifiques, permettrait de simuler en temps-réel la force et les déformations produites par tout un système musculo-squelettique pour des applications différentes, telles l'études et la compréhension du rôle de l'arrangement des fascicules musculaires au sein des différents muscles, déterminer l'origine de certaines maladies motrices et blessures musculaires, l'élaboration de dispositifs médicaux dédiés à des patients spécifiques après étude de leurs caractéristiques musculaires (force et déformations), donc cutanées, afin d'éviter des maladies comme l'escarre.

# Publications

- Journal
  - Journal Of Biomechanics en cours de rédaction
- Conference
  - Y Berranen, M Hayashibe, B Gilles, D Guiraud, 3D volumetric muscle modeling for real-time deformation analysis with FEM, Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, San Diego, USA, 2012.
  - Y Berranen, M Hayashibe, D Guiraud, B Gilles, Real-time muscle deformation via decoupled modeling of solid and muscle fiber mechanics, Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. MICCAI 2014, Boston, USA, 2014 Travel Award.

# BIBLIOGRAPHIE


[Albrecht, 2003] Albrecht, I. (2003). Construction and animation of anatomically based human hand models. *Proceeding SCA '03 Proceedings of the 2003 ACM SIGGRAPH/Eurographics symposium on Computer animation*, pages 98–110.

[Arnold et al., 2000] Arnold, A. S., Salinas, S., Asakawa, D. J., and Delp, S. L. (2000). Accuracy of muscle moment arms estimated from MRI-based musculoskeletal models of the lower extremity. *Computer Aided Surgery*, 5(2) :108–119.

[Aubel and Thalmann, 2001] Aubel, a. and Thalmann, D. (2001). Interactive modeling of the human musculature. *Proceedings Computer Animation 2001. Fourteenth Conference on Computer Animation (Cat. No.01TH8596)*.

[Barber et al., 2009] Barber, L., Barrett, R., and Lichtwark, G. (2009). Validation of a freehand 3D ultrasound system for morphological measures of the medial gastrocnemius muscle. *Journal of biomechanics*, 42(9) :1313–9.

[Berranen et al., 2012] Berranen, Y., Hayashibe, M., Gilles, B., and Guiraud, D. (2012). 3D volumetric muscle modeling for real-time deformation analysis with FEM. *2012 Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, (3) :4863–4866.

[Besl and McKay, 1992] Besl, P. J. and McKay, H. D. (1992). A method for registration of 3-D shapes.

[Binzoni et al., 2001] Binzoni, T., Bianchi, S., Hanquinet, S., Kaelin, a., Sayegh, Y., Dumont, M., and Jéquier, S. (2001). Human gastrocnemius medialis pennation angle as a function of age : from newborn to the elderly. *Journal of physiological anthropology and applied human science*, 20(5) :293–8.

[Blemker et al., 2007] Blemker, S. S., Asakawa, D. S., Gold, G. E., and Delp, S. L. (2007). Image-based musculoskeletal modeling : applications, advances, and future opportunities. *Journal of magnetic resonance imaging : JMRI*, 25(2) :441–51.

[Blemker and Delp, 2005] Blemker, S. S. and Delp, S. L. (2005). Three-Dimensional Representation of Complex Muscle Architectures and Geometries. *Annals of Biomedical Engineering*, 33(5) :661–673.

[Blemker et al., 2005a] Blemker, S. S., Pinsky, P. M., and Delp, S. L. (2005a). A 3D model of muscle reveals the causes of nonuniform strains in the biceps brachii. *Journal of biomechanics*, 38(4) :657–65.

[Blemker et al., 2005b] Blemker, S. S., Sherbondy, a. J., Akers, D. L., Bammer, R., Delp, S. L., and Gold, G. E. (2005b). Characterization of Skeletal Muscle Fascicle Arrangements Using Diffusion Tensor Tractography. 13(C) :2019.

[Blix, 1894] Blix, M. (1894). Die lange und die spannung muskels. *Scand Arch Physiol*, 5 :149–206.

[C. Criscione et al., 2001] C. Criscione, J., S. Douglas, A., and C. Hunter, W. (2001). Physically based strain invariant set for materials exhibiting transversely isotropic behavior. *Journal of the Mechanics and Physics of Solids*, 49(4) :871–897.

[Chadwick et al., 1989] Chadwick, J. E., Haumann, D. R., and Parent, R. E. (1989). Layered construction for deformable animated characters. *ACM SIGGRAPH Computer Graphics*, 23(3) :243–252.

[Chi et al., 2010] Chi, S.-W., Hodgson, J., Chen, J.-S., Reggie Edgerton, V., Shin, D. D., Roiz, R. a., and Sinha, S. (2010). Finite element modeling reveals complex strain mechanics in the aponeuroses of contracting skeletal muscle. *Journal of biomechanics*, 43(7) :1243–50.

[Dongsuk Shin, 2010] Dongsuk Shin, M. T. F. S. A. J. A. H. H.-D. L. V. R. E. S. S. (2010). In-Vivo Estimation and Repeatability of Force-Length Relationship and Stiffness of the Human Achilles Tendon using Phase Contrast MRI. *J Magn Reson Imaging*, 28(4) :1039–1045.

[Dostal and Andrews, 1981] Dostal, W. F. and Andrews, J. G. (1981). A three-dimensional biomechanical model of hip musculature. *Journal of biomechanics*, 14(11) :803–812.

[Fenn and Marsh, 1935] Fenn, W. O. and Marsh, B. S. (1935). Muscular force at different speeds of shortening. *The Journal of physiology*, 85(3) :277–297.

[Friederich and Brand, 1990] Friederich, J. A. and Brand, R. A. (1990). Muscle fiber architecture in the human lower limb. *Journal of biomechanics*, 23 :91–95.

[Froeling et al., 2012] Froeling, M., Nederveen, A. J., Heijtel, D. F. R., Lataster, A., Bos, C., Nicolay, K., Maas, M., Drost, M. R., and Strijkers, G. J. (2012). Diffusion-tensor MRI reveals the complex muscle architecture of the human forearm. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 36(1) :237–248.

[Fung et al., 2009] Fung, L., Wong, B., Ravichandiran, K., Agur, A., Rindlisbacher, T., and Elmaraghy, A. (2009). Three-dimensional study of pectoralis major muscle and tendon architecture. *Clinical anatomy (New York, N.Y.)*, 22(4) :500–8.

[Gans and Gaunt, 1991] Gans, C. and Gaunt, a. S. (1991). Muscle architecture in relation to function. *Journal of Biomechanics*, 24.

[Gennisson, Jean-Luc ; Deffieux et al., 2010] Gennisson, Jean-Luc ; Deffieux, T., Macé, E., Montaldo, G., Fink, M., and Tanter, M. (2010). Viscoelastic and Anisotropic Mechanical Properties of in vivo Muscle Tissue Assessed by Supersonic Shear Imaging. *Ultrasound in Medicine & Biology*, 36(5) :789–801.

[Gibson and Mirtich, 1997] Gibson, S. F. F. and Mirtich, B. (1997). A Survey of Deformable Modeling in Computer Graphics. *Merl - a Mitsubishi Electric Research Laboratory*, pages 1–31.

[Gilles and Pai, 2008] Gilles, B. and Pai, D. K. (2008). Fast musculoskeletal registration based on shape matching. *Medical image computing and computer-assisted intervention : MICCAI ... International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, 11(Pt 2) :822–9.

[Gordon et al., 1966] Gordon, a. M., Huxley, a. F., and Julian, F. J. (1966). The variation in isometric tension with sarcomere length in vertebrate muscle fibres. *The Journal of physiology*, 184(1) :170–192.

[Hayashibe et al., 2009] Hayashibe, M., Guiraud, D., and Poignet, P. (2009). EMG-to-force estimation with full-scale physiology based muscle model. *2009 IEEE/RSJ International Conference on Intelligent Robots and Systems*, pages 1621–1626.

[Hill, 1938] Hill, A. V. (1938). The of shortening and dynamic constants of muscle. *Proceedings of the Royal Society Of London. Series B. Biological Sciences*, 126 :136–195.

[Hodgson et al., 2012] Hodgson, J. a., Chi, S.-W., Yang, J. P., Chen, J.-S., Edgerton, V. R., and Sinha, S. (2012). Finite element modeling of passive material influence on the deformation and force output of skeletal muscle. *Journal of the mechanical behavior of biomedical materials*, 9 :163–83.

[Huijing, 1999] Huijing, P. A. (1999). Muscular Force Transmission : A Unified, Dual Or Multiple System ? A Review And Some Explorative Experimental Results. 107(4) :292–311.

[Humphrey and Yin, 1987] Humphrey, J. D. and Yin, F. C. (1987). A new constitutive formulation for characterizing the mechanical behavior of soft tissues. *Biophysical journal*, 52(4) :563–570.

[Huxley, 1957] Huxley, A. F. (1957). Muscle structure and theories of contraction. *Progress in biophysics and biophysical chemistry*, 7 :255–318.

[Jensen and Davy, 1975] Jensen, R. H. and Davy, D. T. (1975). An investigation of muscle lines of action about the hip : a centroid line approach vs the straight line approach. *Journal of biomechanics*, 8(2) :103–110.

[Johansson et al., 2000] Johansson, T., Meier, P., and Blickhan, R. (2000). A finite-element model for the mechanical analysis of skeletal muscles. *Journal of theoretical biology*, 206(1) :131–49.

[Kannas et al., 2010] Kannas, T., Kellis, E., Arampatzi, F., and de Villarreal, E. S. S. (2010). Medial gastrocnemius architectural properties during isometric contractions in boys and men. *Pediatric exercise science*, 22(1) :152–164.

[Kawakami et al., 1993] Kawakami, Y., Abe, T., and Fukunaga, T. (1993). Muscle-fiber pennation angles are greater in hypertrophied than in normal muscles. *Journal of applied physiology (Bethesda, Md. : 1985)*, 74(6) :2740–2744.

[Kubo, K ; Kanehisa et al., 2003] Kubo, K ; Kanehisa, H., Azuma, K. ; Ishizu, M. ; Kuno, S., and Okada, M. ; Fukunaga, T. (2003). Muscle Architectural Characteristics in Women Aged 20 to 79 Years. *Medicine & Science in Sports & Exercise*, 35(1) :39–44.

[Lee et al., 2012] Lee, D., Ravichandiran, K., Jackson, K., Fiume, E., and Agur, A. (2012). Robust estimation of physiological cross-sectional area and geometric reconstruction for human skeletal muscle. *Journal of biomechanics*, 45(8) :1507–13.

[Lee et al., 1995] Lee, Y., Terzopoulos, D., and Walters, K. (1995). Realistic modeling for facial animation. *Proceedings of the 22nd annual conference on Computer graphics and interactive techniques SIGGRAPH 95*, 95(1) :55–62.

[Leijnse, 1997] Leijnse, J. N. (1997). A Generic Morphological Model of the Anatomic Variability in the M. flexor digitorum profundus, M. flexor pollicis longus and Mm. lumbricales complex. *Cells Tissues Organs*, (160) :62–74.

[Lemos et al., 2005] Lemos, R. R., Rokne, J., Baranoski, G. V. G., Kawakami, Y., and Kurihara, T. (2005). Modeling and simulating the deformation of human skeletal muscle based on anatomy and physiology. *Computer Animation and Virtual Worlds*, 16(3-4) :319–330.

[Martins et al., 1998] Martins, J., Pires, E., Salvado, R., and Dinis, P. (1998). A numerical model of passive and active behavior of skeletal muscles. *Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering*, 151(3-4) :419–433.

[Namburete et al., 2011] Namburete, A. I. L., Rana, M., and Wakeling, J. M. (2011). Computational methods for quantifying in vivo muscle fascicle curvature from ultrasound images. *Journal of biomechanics*, 44(14) :2538–43.

[Namburete and Wakeling, 2012] Namburete, A. I. L. and Wakeling, J. M. (2012). Regional variations in fascicle curvatures within a muscle belly change during contraction. *Journal of biomechanics*, 45(16) :2835–40.

[Narici, 1999] Narici, M. (1999). Human skeletal muscle architecture studied in vivo by non-invasive imaging techniques : functional significance and applications. *Journal of electromyography and kinesiology : official journal of the International Society of Electrophysiological Kinesiology*, 9(2) :97–103.

[Narici, M V ; Binzoni et al., 1996] Narici, M V ; Binzoni, T., Hiltbrand, E ; Fasel, J., and Terrier, F ; Cerretelli, P. (1996). In vivo human gastrocnemius architecture with changing joint angle at rest and during graded isometric contraction. *The Journal of Physiology*, 496(1) :287–297.

[Nedel and Thalmann, 1998] Nedel, L. and Thalmann, D. (1998). Real time muscle deformations using mass-spring systems. *Proceedings. Computer Graphics International (Cat. No.98EX149)*.

[Oomens et al., 2003] Oomens, C. W. J., Maenhout, M., van Oijen, C. H., Drost, M. R., and Baaijens, F. P. (2003). Finite element modelling of contracting skeletal muscle.

*Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*, 358(1437) :1453–60.

[Peterson and Rayan, 2011] Peterson, S. L. and Rayan, G. M. (2011). Shoulder and upper arm muscle architecture. *The Journal of hand surgery*, 36(5) :881–9.

[Rana and Wakeling, 2011] Rana, M. and Wakeling, J. M. (2011). In-vivo determination of 3D muscle architecture of human muscle using free hand ultrasound. *Journal of biomechanics*, 44(11) :2129–35.

[Rehorn and Blemker, 2010] Rehorn, M. R. and Blemker, S. S. (2010). The effects of aponeurosis geometry on strain injury susceptibility explored with a 3D muscle model. *Journal of biomechanics*, 43(13) :2574–81.

[Röhrle and Pullan, 2007] Röhrle, O. and Pullan, A. J. (2007). Three-dimensional finite element modelling of muscle forces during mastication. *Journal of biomechanics*, 40(15) :3363–72.

[Stark and Schilling, 2010] Stark, H. and Schilling, N. (2010). A novel method of studying fascicle architecture in relaxed and contracted muscles. *Journal of biomechanics*, 43(15) :2897–903.

[Teran et al., 2003] Teran, J., Blemker, S., Hing, V. N. T., and Fedkiw, R. (2003). Finite Volume Methods for the Simulation of Skeletal Muscle. *Computer*, M.

[Teran et al., 2005] Teran, J., Sifakis, E., Blemker, S. S., Ng-Thow-Hing, V., Lau, C., and Fedkiw, R. (2005). Creating and simulating skeletal muscle from the visible human data set. *IEEE transactions on visualization and computer graphics*, 11(3) :317–28.

[Tosovic et al., 2012] Tosovic, D., Ghebremedhin, E., Glen, C., Gorelick, M., and Mark Brown, J. (2012). The architecture and contraction time of intrinsic foot muscles. *Journal of electromyography and kinesiology : official journal of the International Society of Electrophysiological Kinesiology*, 22(6) :930–8.

[Tsuang et al., 1993] Tsuang, Y. H., Novak, G. J., Schipplein, O. D., Hafezi, a., Trafimow, J. H., and Andersson, G. B. (1993). Trunk muscle geometry and centroid location when twisting. *Journal of biomechanics*, 26(4-5) :537–546.

[Van der Linden, 1998] Van der Linden, B. (1998). *Mechanical modeling of skeletal muscle functioning*. PhD thesis, University of Twente Press.

[Victor Ng-Thow-Hing and Fiume, 1999] Victor Ng-Thow-Hing and Fiume, E. (1999). Physically-based modelling of musculoskeletal systems.

[Webb et al., 2012] Webb, J. D., Blemker, S. S., and Delp, S. L. (2012). 3D finite element models of shoulder muscles for computing lines of actions and moment arms. *Computer methods in biomechanics and biomedical engineering*, (November) :37–41.

[Weiss et al., 1996] Weiss, J. A., Makerc, B. N., and Govindjeed, S. (1996). Finite element implementation of incompressible , isotropic hyperelasticity transversely. 7825(96).

[Young et al., 2000] Young, M., Paul, A., Rodda, J., Duxson, M., and Sheard, P. (2000). Examination of Intrafascicular Muscle Fiber Terminations : Implications for Tension Delivery in Series-Fibered Muscles. 145 :130–145.

[Zahalak, 1981] Zahalak, G. I. (1981). A distribution-moment approximation for kinetic theories of muscular contraction. *Mathematical Biosciences*, 55(1-2) :89–114.