



UNIVERSITE DE TECHNOLOGIE DE COMPIEGNE

Spécialité : Bio-Ingénierie Biomécanique Biomatériaux

THÈSE DE DOCTORAT

Intitulée

Modélisation du Système Musculosquelettique des Membres Inférieurs : Modèle Biomécanique vs. Méta Modèle

soutenue publiquement le *04 Décembre 2009* par

Tien Tuan DAO

Devant le jury composé de :

- M. **François Xavier LEPOUTRE**, Professeur, Université du Hainaut-Cambresis Valenciennes (Président)
- M. **Christian ROUX**, Professeur, Université de Bretagne Occidentale (Rapporteur)
- Mme. **Valérie BERRY-KROMER**, MCF, HDR, Université Henri Poincaré (Rapporteur)
- M. **Jos VANDER SLOTEN**, Professeur, KU Leuven (Examinateur)
- Mme. **Catherine MARQUE**, Professeur, UTC (Examinatrice)
- M. **Frédéric MARIN**, Professeur, UTC (Co-directeur)
- Mme. **Marie Christine HO BA THO**, Professeur, UTC (Co-directrice)

+

A ma famille, mon père, ma mère, ma sœur, mon frère et surtout ma femme

Remerciements

Je tiens à remercier Madame le Professeur **Marie Christine HO BA THO**, Directrice du laboratoire de Biomécanique et de Bioingénierie, pour la direction de la thèse, pour m'avoir accueilli et proposé ce sujet de recherche qui m'a permis de poser mes premiers pas dans la recherche scientifique. Un grand merci pour ses directions novatrices et sa grande disponibilité consacrée à ce travail pendant ces trois années. De plus, ses aides dans ma vie professionnelle et personnelle m'ont profondément touché et je voudrais lui exprimer toutes mes sincères gratitude.

Je remercie également Monsieur le Professeur **Frédéric MARIN**, pour la co-direction de thèse, pour ses précieux conseils à ce travail.

Je souhaite à exprimer ma reconnaissance à Monsieur le Professeur **Henri BENSAHEL** pour sa dernière contribution importante et très précieuse à mon travail. Une partie de ma thèse (système d'aide à la décision pour le pied bot) lui est dédiée.

Mes remerciements s'adressent particulièrement à Monsieur le Professeur **Christian ROUX** qui me fait l'honneur d'évaluer et d'expertiser ce travail.

Je tiens à remercier Madame **Valérie KROMER**, Maître de Conférences, pour avoir accepté d'évaluer de ce travail. Un grand merci pour son temps consacré à examiner ce travail.

J'adresse aussi mes remerciements à Monsieur le Professeur **François Xavier LEPOUTRE** pour son intérêt et sa participation au jury. Un grand merci également pour avoir présidé le jury.

Mes plus vifs remerciements s'adressent à Monsieur le Professeur **Jos VANDER SLOTEN** pour l'intérêt qu'il porte à ce travail et qui me fait l'honneur de participer au jury.

Toutes mes sincères considérations à Madame le Professeur **Catherine MARQUE**, pour avoir accepté de faire partie du jury, deuxièmement pour m'avoir accueilli au sein de son laboratoire pendant ma première année de thèse, et troisièmement pour m'avoir donné des opportunités d'enseignement. Un grand merci pour ses aides précieuses à ma carrière future.

Je voudrais remercier aussi Monsieur **Philippe POULETAUT** pour ses coopérations et contributions précieuses à ce travail.

Je tiens à remercier Monsieur **Jean-Pierre DELABY** pour l'acquisition des données concernant le pied bot à l'hôpital Robert Debré à Paris.

Je souhaite remercier Monsieur Dr. **Fabrice CHARLEUX** pour l'acquisition des images CT Scanner à la Polyclinique St Côme à Compiègne.

Je remercie aussi Monsieur **Fabrice MEGROT** pour les acquisitions des données cinématiques et cinétiques des patients Paralysie Cérébrale au Centre de Médecine Physique et de Réadaptation pour Enfants de Bois-Larris.

Je tiens à remercier tous mes collègues et amis du laboratoire Biomécanique et Bioingénierie (UMR 6600, UTC, Compiègne) et mes ami(e)s vietnamien(ne)s à Compiègne pour leur soutien, conseil, aide pour l'aboutissement de cette thèse, surtout : **Viet, Nghia, Hélène, Laurie, Laëtitia, Florian, Oualid, Taysir, Hua**. Je souhaite remercier Madame **Catherine LACOURT** pour sa patience et son aide.

Je tiens enfin à remercier ma famille, **mon père, ma mère, ma sœur, mon frère** et particulièrement **ma femme** pour leur confiance, soutien et aides morales pendant les moments difficiles.

Glossaire abrégatif

AMTI : Advanced Mechanical Technology Inc
AnyBody : AnyBody Modeling System
AR : Anomalies Rotationnelles
BRG. LifeMod : Life Modeler Software
CADS : Computer-Aided Decision System
CT Scan : Computed Tomography Scanner
CF : Clubfeet
DB3M : DataBase for Mechanics Morphology Movement
EMG : Électromyogramme
IMC : Infirmité Motrice Cérébrale
IRM : Imagerie par Résonance Magnétique
OpenSIMM : Open Source Software for Interactive Musculoskeletal Modeling
OSMMI : Ontologie du Système Musculosquelettique des Membres Inférieurs
OWL : Web Ontology Language
PC : Paralysie Cérébrale
pCSA : Physiologic Cross Sectional Areas
SIMM : Software for Interactive Musculoskeletal Modeling
SysADO : Système d'Aide à la Décision en utilisant Ontologie
VICON : Video Converter

Table des matières

Remerciements	4
1 Introduction générale	18
1.1 Contexte de la recherche	18
1.2 Objectifs de la thèse	19
1.3 Plan de la thèse	20
2 Études Bibliographiques	22
2.1 Anatomie du système musculosquelettique des membres inférieurs	22
2.1.1 Système osseux des membres inférieurs	22
2.1.2 Système musculaire des membres inférieurs	26
2.1.3 Articulations des membres inférieurs	28
2.1.4 Système nerveux de commande	32
2.2 La marche	33
2.2.1 Repères anatomiques des membres inférieurs	33
2.2.2 Caractéristiques de la marche	35
2.3 Systèmes de mesures expérimentales	39
2.3.1 Systèmes d'analyse du mouvement	39
2.3.2 Plate-forme dynamométrique de force	41
2.3.3 Électromyogramme - EMG	41
2.4 Revue bibliographique des modèles biomécaniques	42
2.4.1 Modèles osseux-articulaires ou/et musculosquelettiques (2D, 3D) de la dynamique inverse	42
2.4.2 Modèles musculosquelettiques 3D de la dynamique inverse et directe	44
2.4.3 Synthèse	56
2.5 État de l'art du méta-modèle	58
2.5.1 Ontologie	59

TABLE DES MATIÈRES

2.5.2	Fouille de données	60
2.5.3	Système d'aide à la décision	62
2.5.4	Synthèse	64
2.6	Remarque générale des deux approches de modélisation	64
3	Modèle Biomécanique	65
3.1	Benchmark comparatif des logiciels de modélisation biomécanique	65
3.1.1	AnyBody	65
3.1.2	SIMM	67
3.1.3	LifeMod	69
3.1.4	Synthèse des logiciels étudiés	70
3.2	Hypothèses de modélisation	71
3.3	Méthodologie de modélisation personnalisée	73
3.3.1	Modélisation géométrique et anthropométrique	74
3.3.2	Conditions aux limites et de chargement	74
3.3.3	Données cinématiques expérimentales	77
3.3.4	Dynamique inverse et dynamique directe	78
3.4	Étude de la sensibilité des paramètres géométriques et anthropométriques	80
3.4.1	Introduction	80
3.4.2	Matériels et Méthodes	80
3.4.3	Résultats	82
3.4.4	Discussion	88
3.4.5	Conclusions et perspectives	88
3.5	Modèle musculosquelettique personnalisé : étude du cas de l'application clinique du sujet Heine-Medin (Polio)	89
3.5.1	Introduction	89
3.5.2	Matériels et Méthodes	89
3.5.3	Résultats	96
3.5.4	Discussion	110
3.6	Discussion générale du modèle biomécanique	112
3.7	Perspectives du modèle biomécanique en vue de son utilisation clinique	117
4	Méta Modèle	120
4.1	Définition	120
4.2	Méthodologie de modélisation	121

TABLE DES MATIÈRES

4.2.1	Architecture générale	121
4.2.2	OSMMI - O ntologie du S ystème M usculosquelettique des M embres I nférieurs	124
4.2.3	Base de données DB3M	129
4.2.4	Méthodes de pré-traitement des données	132
4.2.5	Méthodes de la fouille de données	133
4.2.6	Algorithme de diagnostic	138
4.2.7	Théorie des fonctions de croyance	139
4.3	Applications cliniques	144
4.3.1	Anomalies rotationnelles	144
4.3.2	Pied bot	148
4.3.3	Paralysie cérébrale	156
4.4	Discussion générale du méta modèle	165
5	Synthèse	167
5.1	Modèle biomécanique	167
5.2	Méta modèle	168
5.3	Modèle biomécanique vs. Méta modèle	169
6	Conclusions générales et perspectives	171
6.1	Modèle biomécanique	171
6.2	Méta Modèle	173
A	Techniques d'imagerie médicale	176
B	Paramètres mécaniques des segments corporels et des muscles issus de la littérature	179
C	Test de validation des calculs de moments d'inertie	182

Table des figures

2.1	L'anatomie du bassin (©Bipédie)	23
2.2	L'anatomie du fémur (©Bipédie)	24
2.3	L'anatomie de la rotule (©Wikipédia)	24
2.4	L'anatomie du tibia (©Wikipédia)	25
2.5	L'anatomie du pied (©MMG)	26
2.6	Muscles des membres inférieurs (vues antérieure et postérieure)(©www.doctissimo.fr)	26
2.7	Articulation coxo-fémorale (Schéma tiré du livre MASSOTHERAPIE CLINIQUE)	28
2.8	Articulation du genou (©www.genou.com)	29
2.9	Articulation de la cheville (©www.clge.fr et www.huta.club.fr)	31
2.10	Les systèmes nerveux (©www.fr.be.ms-gateway.com)	32
2.11	Centres de masse segmentaires [163]	33
2.12	Centre de rotation de la hanche [164], [165]	34
2.13	Centre de rotation du genou [164], [165]	34
2.14	Centre de rotation de la cheville [164], [165]	35
2.15	Phases d'un cycle de marche (Vaughan et al. 1992)	36
2.16	Le cycle de marche (Vaughan et al. 1992)	36
2.17	Axes et plans servant à l'étude de la marche [64]	38
2.18	Analyse du mouvement par le système Zebris (©Zebris)	39
2.19	Capture de mouvement optoélectronique Vicon Motion Systems Ltd (Cappozzo et al, 2005)	40
2.20	Courbes cinématiques issues d'un examen d'AQM selon 5 protocoles différents (Ferrari et al, 2008 [63])	40
2.21	Plate-forme dynamométrique de force AMTI (©www.summitmedsci.co.uk) . . .	41
2.22	Illustration EMG (©www.megrot.com et www.intantech.com)	42
2.23	Modèle musculosquelettique des membres inférieurs d'AnyBody [43]	43
2.24	Un des premiers modèles personnalisés [54]	45

TABLE DES FIGURES

2.25	Modèle musculosquelettique des membres inférieurs [117]	46
2.26	Modèle musculosquelettique des membres inférieurs [11]	47
2.27	Simulation de la marche normale d'un sujet portant une prothèse osseuse-articulaire [69]	47
2.28	Modèle musculosquelettique des membres inférieurs développé en utilisant le logiciel LifeMod et l'étude des modes propres du tibia [116]	48
2.29	Modèle de la paralysie cérébrale [4]	49
2.30	Modèle de la paralysie cérébrale [5]	49
2.31	Déformation du fémur de la paralysie cérébrale [5]	50
2.32	Modèle générique déformable de la paralysie cérébrale [6]	50
2.33	Modèle de la paralysie cérébrale [9]	51
2.34	Modèle de la paralysie cérébrale [10]	51
2.35	Phase d'appui d'un sujet PC [132]	52
2.36	Coupes d'IRM utilisés pour reconstruire les points d'attachement musculaires [132]	52
2.37	Tableau récapitulatif des modèles (2D, 3D) de la dynamique inverse	53
2.38	Tableau récapitulatif des modèles 3D de la dynamique inverse et directe de la marche normale	54
2.39	Tableau récapitulatif des modèles 3D de la dynamique inverse et directe de la marche pathologique	55
2.40	Diagramme de synthèse de l'informatique biomédicale (Adapté de Shortliffe, 2006)	58
2.41	Éditeur de l'ontologie Protégé 2000	60
2.42	La démarche de gestion des connaissances	61
3.1	Simulateur du mouvement AnyBody	66
3.2	Simulateur du mouvement SIMM	67
3.3	Simulateur du mouvement LifeMOD	69
3.4	Les composantes du contrôle de l'analyse du mouvement	72
3.5	Scénario de développement d'un modèle biomécanique personnalisé	73
3.6	Chaque muscle est représenté par une ligne d'action	74
3.7	La topologie de l'articulation du coude droit (BRG. LifeMod)	75
3.8	Modèle rhéologique musculaire de Hill (1951) : l_{curr} , v_{curr} est la longueur et la vitesse actuelle du muscle, $A(t)$ est la fonction d'activation du muscle.	76
3.9	La modélisation du contact du pied au sol	77
3.10	Positions des marqueurs du protocole de David pour acquérir les données cinématiques de la marche normale (LifeMod)	78
3.11	Capture de mouvement optoélectronique Vicon Motion Systems Ltd (UMR 6600) : (1) plates-formes de force AMTI; (2) station de travail; (3) caméra; (4) marqueurs	78

TABLE DES FIGURES

3.12	Modèle de la simulation dynamique inverse et la détermination des contractions musculaires	79
3.13	Modèle musculosquelettique développé	80
3.14	Influence de la masse sur les angles articulaires	82
3.15	Influence de la masse sur les moments segmentaires de la hanche	83
3.16	Influence de la masse sur les forces de réactions au sol (composante verticale) . .	83
3.17	Influence de la masse sur la force musculaire soléus	84
3.18	Influence de la masse sur la vitesse de marche	84
3.19	Influence du pCSA sur les angles articulaires	85
3.20	Influence du pCSA sur les moments segmentaires de la hanche	85
3.21	Influence du pCSA sur les forces de réactions (composante verticale)	86
3.22	Influence du pCSA sur la force musculaire	86
3.23	Influence du pCSA sur la vitesse de marche	87
3.24	Quelques séquences du sujet sain	90
3.25	Quelques séquences du sujet pathologique avec orthèse	90
3.26	Séquences d'images du sujet pathologique sans orthèse dans différents plans d'espace	91
3.27	Segmentation d'images : (a) image axiale originale ; (b) image de la zone interne non osseuse ; (c) image de l'os cortical déduite de (b) par inversion.	91
3.28	Coupes anthropométriques du sujet pathologique	92
3.29	Les positions des marqueurs cutanés du sujet pathologique selon le protocole de David	93
3.30	Les positions du sujet pathologique au cours de la marche	93
3.31	Répétabilité : erreur de position des marqueurs (avec les mêmes données cinématiques)	94
3.32	(a) image seuillée ; (b) image à volume réduit ; (c) épaisseur enlevée (3 pixels). . .	94
3.33	Grossissement du contour de l'image originale : (a) image originale ; (b) grossissement de la zone encadrée en jaune	95
3.34	Bornes inférieures et supérieures du choix des coupes anatomiques : $\frac{1}{8}$, $\frac{1}{4}$, et $\frac{1}{2}$. .	95
3.35	Les deux modèles musculosquelettiques personnalisés développés dans BRG. Life-Mod	96
3.36	Erreurs expérimentales des angles articulaires du côté non pathologique sujet pathologique (Polio)	98
3.37	Moments articulaires du membre droit (non pathologique) : simulation 1 (réf), simulation 2 (- 3 pixels), et la simulation 3 (- 5 pixels)	99
3.38	Moments articulaires du membre gauche (pathologique) : simulation 1 (réf), simulation 2 (- 3 pixels), et la simulation 3 (- 5 pixels)	100

TABLE DES FIGURES

3.39	Moments articulaires du membre droit (non pathologique) : simulation 1 (réf), simulation 2 (1/8), simulation 3 (1/4), et la simulation 4 (1/2)	103
3.40	Moments articulaires du membre gauche (pathologique) : simulation 1 (réf), simulation 2 (1/8), simulation 3 (1/4), et la simulation 4 (1/2)	104
3.41	Angle articulaire de la hanche	105
3.42	Angle articulaire du genou	105
3.43	Moments articulaires de la hanche	106
3.44	Moments articulaires du genou	106
3.45	Forces de réaction simulées des côtés normaux (sujet normal et sujet pathologique)	107
3.46	Forces de réaction verticales expérimentales	107
3.47	Force de réaction simulée du côté avec orthèse du sujet pathologique	108
3.48	Forces de réaction verticales expérimentales du sujet pathologique	108
3.49	Force musculaire du semitendinosus	109
3.50	Force musculaire du groupe des muscles Gluteus lors de la phase d'appui	109
3.51	Paramètres mécaniques des segments corporels : notre méthode vs. littérature	110
3.52	Synthèse des données (I)	113
3.53	Synthèse des données (II)	113
3.54	Pics maximaux de la force musculaire de la phase d'appui	114
3.55	Pics maximaux de la force musculaire d'un cycle de marche	114
3.56	Forces musculaires du groupe des muscles Adducteur d'un cycle de marche	115
3.57	Erreur de contact (muscle <> os)(BRG.LifeMod)	118
3.58	Erreur de contact (muscle <> os)(SIMM + OpenSIMM)	118
4.1	Le scénario de fonctionnement du SysADO	122
4.2	Architecture multi-couches du SysADO	123
4.3	Les principales composantes de l'OSMMI	124
4.4	Architecture générale de l'OSMMI	126
4.5	L'OSMMI en OWL format. Les classes des structures fonctionnelles et physiologiques sont illustrées à gauche et les définitions formelles des structures sont affichées à droite. La classe Tibia est définie par 5 assertions, toutes les conditions nécessaires pour cette classe. Les disjoint classes du Tibia sont aussi définies.	128
4.6	Le Modèle Conceptuel des Données (MCD) de BioMeca	130
4.7	Quelques exemples des données dans le groupe 1 de la base de données DB3M	131
4.8	Quelques exemples des données dans le groupe 2 de la base de données DB3M (Sangeux, 2006)	131
4.9	Quelques exemples des données dans le groupe 3 de la base de données DB3M (Chèze, 2006)	131

TABLE DES FIGURES

4.10	Les deux premières composantes principales	132
4.11	Structure d'un neurone artificiel. Le neurone calcule la somme de ses entrées puis cette valeur passe à travers la fonction d'activation pour produire sa sortie	136
4.12	Exemple de la marge maximale	137
4.13	Exemple simple de transformation : le problème n'est pas linéairement séparable en coordonnées cartésiennes, par contre en coordonnées polaires, le problème devient linéaire	137
4.14	Les anomalies rotationnelles [25]	144
4.15	Quelques exemples des paramètres des anomalies rotationnelles (Q-angle, angle de torsion, angle d'empreinte) (©www.vesalius.com)	145
4.16	La distribution des paramètres des anomalies rotationnelles	145
4.17	L'arbre de décision élagué des anomalies rotationnelles	146
4.18	La comparaison de la performance des méthodes utilisées	147
4.19	Le pied bot (©CHU Robert Debré)	148
4.20	Quelques exemples des paramètres du pied bot (angle de supination, angle d'équinus) [15]	149
4.21	La distribution des paramètres du pied bot	150
4.22	L'arbre de décision élagué du pied bot	151
4.23	Visualisation de l'interface utilisateur	154
4.24	Quelques illustrations de la paralysie cérébrale	156
4.25	Quelques illustrations des classes de la paralysie cérébrale	156
4.26	Modèle conceptuel de la fusion d'information pour la Paralysie Cérébrale	157
4.27	Extraction des paramètres pertinents à partir des données cinématiques et cinétiques	158
4.28	Extraction des paramètres pertinents à partir des signaux EMG	158
4.29	Illustration du critère de la force de réaction (C_1) : distribution probabiliste des niveaux de croyance selon les différences des forces de réaction	159
4.30	Illustration du critère du temps de contraction du muscle droit antérieur (C_2) : distribution probabiliste des niveaux de croyance selon les différences du temps de contraction du muscle	160
4.31	Arbre de décision crédibiliste représente l'ensemble d'apprentissage	164
4.32	Base de connaissances du système d'aide à la décision	166
6.1	Scénario de développement de la nouvelle approche de modélisation du modèle biomécanique : ajout d'un module d'optimisation.	173
6.2	Nouveau scénario de fonctionnement de notre système ($D_i, S_i R_i$: Diagnosis , Surgery, Rehabilitation numéro i, Mi or MQ'i : Monitoring numéro i). Les boîtes enfoncées illustrent le lien où les experts interviennent avec le SysADO.	175

TABLE DES FIGURES

A.1	La machine d'IRM (©Siemens MRI)	176
A.2	Illustration d'une coupe d'IRM de la cuisse (©www.info-radiologie.ch)	177
A.3	La machine de CT Scan (©Philips Brilliance CT)	177
A.4	CT spiralé monocoupe (à gauche) et multicoupes (à droite) [24]	178
B.1	Positions du centre de masse (CM) des membres inférieurs selon les données de Zatsiorsky, 1990	179
B.2	Formulations de régression linéaires de Saiwei Yang	180
C.1	Modèle de test	182

Liste des tableaux

2.1	Synthèse des publications (articles/conférences) des logiciels de modélisation biomécanique	56
3.1	Synthèses sur les logiciels de modélisation biomécanique	71
3.2	Mesures anthropométriques du sujet étudié	81
3.3	Masses des segments corporels des membres inférieurs (en kg)	81
3.4	Synthèse des écarts relatifs calculés	87
3.5	Description du protocole d'acquisition des images médicales spécifique à l'étude .	90
3.6	Paramètres mécaniques des segments corporels du sujet sain	96
3.7	Paramètres mécaniques segmentaires du sujet pathologique selon différentes valeurs de seuil : seuil de référence de segmentation (-200,200) et réduction de 3 (-) et 5 (-) pixels	97
3.8	Paramètres mécaniques du sujet pathologique selon différents rajouts $\frac{1}{8}$, $\frac{1}{4}$, et $\frac{1}{2}$ des propriétés mécaniques du bassin pour la cuisse	97
3.9	Tableau récapitulatif des erreurs cinématiques expérimentales dans le plan sagittal (différence moyenne (en degré) et % erreur relative moyenne))	101
3.10	Tableau récapitulatif des erreurs de segmentation (valeur moyenne (% erreur relative moyenne) et valeur maximale (% erreur relative maximale) : simulation 1 (- 3 pixels), et la simulation 2 (- 5 pixels).	101
3.11	Tableau récapitulatif des erreurs des coupes anatomiques (valeur moyenne (% erreur relative moyenne) et valeur maximale (% erreur relative maximale) : simulation 1 (1/8), simulation 2 (1/4), et la simulation 3 (1/2)	102
3.12	Comparaison des forces des muscles glutéus	114
3.13	Comparaison des forces des muscles vatus et iliacus	115
4.1	Nom et description des paramètres des anomalies rotationnelles	144
4.2	Nom et description des paramètres du pied bot	149
4.3	Base de règle du pied bot (I)	152
4.4	Base de règle du pied bot (II)	153
4.5	Rapport de validation de la classification du pied bot.	155

LISTE DES TABLEAUX

4.6	Combinaison des masses selon les critères par l'opérateur conjonctif	161
4.7	Ensemble d'apprentissage T : Forces d'appui de la phase taligrade gauche et droite (en N) (Ft_L et Ft_R), Temps des Forces d'appui de la phase taligrade gauche et droite (en ms) (Tt_L et Tt_R), Forces d'appui de la phase digitigrade gauche et droite (en N) (Fd_L et Fd_R), Temps des forces d'appui de la phase digitigrade gauche et droite (en ms) (Td_L et Td_R), Écart type de la force de réaction maximale gauche et droite (SD_L et SD_R), l'EMG moyen rectifié du muscle droit intérieur gauche et droite (uV) (Ea_L et Ea_R), Classe (C)	161
4.8	Distribution des masses selon le critère de la force de réaction	162
4.9	Distribution des masses selon le critère du temps de contraction musculaire du droit antérieur	162
4.10	Distribution des masses en combinant les deux critères	163
4.11	Valeurs de GainRatio calculées au cours de la construction de l'arbre de décision crédibiliste. Le meilleur attribut de chaque niveau est mis en caractère gras	163
5.1	Tableau récapitulatif de la confrontation méthodologique du modèle biomécanique et méta modèle.	169
B.1	Données anthropométriques de la masse des segments corporels des membres inférieurs (ratio par rapport à la masse totale du corps) [60]	180
B.2	Mesures anthropométriques des sujets étudiés	181
B.3	Masses des segments corporels des membres inférieurs (en kg)	181
B.4	Données géométriques (pCSA) des muscles extraites de la littérature	181
C.1	Paramètres utilisés pour calculer les moments d'inertie de la plaque	183
C.2	Moments d'inertie calculés selon différentes méthodes.	183
C.3	Rapport d'erreur entre les méthodes testées (en %)	183

Chapitre 1

Introduction générale

Ce chapitre présente le contexte de recherche afin de clarifier les objectifs généraux et scientifiques à atteindre. Ensuite, les enjeux technologiques et scientifiques sont abordés, y compris la valorisation envisagée des travaux.

Le début de mon aventure scientifique se traduit par la question suivante :

Comment un informaticien peut-il contribuer au développement des modèles biomécaniques ?

1.1 Contexte de la recherche

Le handicap est un problème crucial à traiter pour améliorer la qualité de vie dans un pays. Le nombre de personnes handicapées physiques et morales dans le monde entier est un chiffre important ¹ : 37 millions en Europe (5 %), 43 millions aux États-Unis (14 %), 5 millions en France (7,8 %), 5,3 millions au Vietnam (6,1 %), 82,9 millions en Chine (6,2 %), etc. Même si cette liste n'est pas exhaustive, elle montre une nécessité de ne pas négliger le handicap dans la société de chaque pays. Les problèmes les plus posés sont les troubles du système musculosquelettique. Ces troubles sont aussi des occupations majeures pour le problème de vieillissement de la population. La statistique de l'Eurostat montre qu'en 2050, la proportion des personnes ayant 60 ans ou plus est de 33 % en France. Le plus grand pourcentage des personnes âgées en Europe est de 38,3 % en Allemagne. Donc, le handicap et le vieillissement sont des problèmes à considérer pour améliorer la qualité de vie.

La période 2000-2010 a été déclarée comme la décennie des Os et des Articulations. Plusieurs projets ont été proposés pour résoudre des problèmes concernés (e.g. la modélisation du système musculosquelettique, la simulation des pathologies, etc.). La compréhension des troubles musculosquelettiques permet d'appréhender des traitements appropriés : la rééducation fonctionnelle ou les interventions chirurgicales.

La modélisation biomécanique est nécessaire pour bien comprendre le corps humain sous différents aspects : anatomique, mécanique, biologique, clinique, etc. Le corps humain est un système extrêmement complexe. L'évaluation des fonctions physiologiques du corps humain demande une modélisation rigoureuse et sophistiquée du système musculosquelettique. De plus, les

1. selon la statistique de chaque pays, les sources de l'Internet

modèles musculosquelettiques peuvent être utilisés pour prédire les conséquences des malformations, des troubles sur les os, les muscles, les articulations ou bien pour planifier des procédures chirurgicales ou de rééducation fonctionnelles.

Pour modéliser le système musculosquelettique, plusieurs modèles biomécaniques ont été développés dans la littérature. Pourtant, il y a très peu d'applications cliniques des modèles développés dont la plupart concerne la paralysie cérébrale. D'où **l'intérêt d'évaluer et d'exploiter les modèles actuels et de proposer une méthodologie de modélisation personnalisée** dans le cadre d'applications cliniques.

Les modèles musculosquelettiques sont représentés par des corps rigides ou déformables pour les différentes structures. Ces modèles ne permettent pas de prendre en considération quelques caractéristiques importantes du corps humain telles que la diversité biologique du fonctionnement du corps humain (e.g. différentes fonctions physiologiques d'un individu à l'autre) décrivant les différents états de la pathologie étudiée. D'autre part, en raison des différentes hypothèses de modélisation effectuée, il est difficile d'utiliser le maximum de connaissances pour modéliser le corps humain et ses pathologies. En vue de la recherche multidisciplinaire, en tant qu'informaticien de formation, mes connaissances fondamentales en ingénierie des connaissances telles que l'intelligence artificielle, la fouille de données, etc. m'ont permis de proposer **un modèle générique des connaissances** avec la prise en considération de la diversité biologique du corps humain (e.g. la modélisation s'est basée à la fois sur plusieurs patients) pour évaluer et orienter un traitement des pathologies du système musculosquelettique des membres inférieurs.

Cette thèse a été effectuée dans l'axe 2 du laboratoire de Biomécanique et Bioingénierie (CNRS UMR 6600) de l'Université de Technologie de Compiègne. Cet axe, nommé *Système Musculosquelettique* comporte des connaissances pluridisciplinaires : la caractérisation des propriétés mécaniques des tissus biologiques, la modélisation biomécanique, le calcul des structures par éléments finis, la neuromécanique, et les signaux électrophysiologiques (EMG, ECG, etc). Ainsi, **modéliser le corps humain en utilisant le maximum de connaissances et compétences au sein de notre UMR est un challenge de recherche.**

Tous les éléments présentés ci-dessus nous ont donné de nouvelles idées qui se sont concrétisées par les objectifs à atteindre dans le cadre de ma thèse doctorale et qui sont présentées dans la section suivante.

Notons également que les objectifs d'un modèle quel qu'il soit sont de comprendre le comportement mécanique du corps humain, et d'évaluer et orienter un traitement clinique sur des cas pathologiques du système musculosquelettique des membres inférieurs.

1.2 Objectifs de la thèse

Nous avons proposé deux approches de modélisation : le modèle biomécanique et le méta modèle. Ceci permet de se confronter à la construction d'un modèle générique des connaissances et de répondre à la question de l'utilisation maximum des connaissances et compétences au sein de notre UMR pour modéliser le corps humain. Le modèle biomécanique (plus physique) permet de décrire le comportement mécanique du corps humain et son mouvement. Le méta modèle (défini comme un modèle abstrait de connaissances) permet de comprendre et d'évaluer la mécanique du corps humain grâce à un système d'aide à la décision médicale. La comparaison méthodologique de ces deux modèles permet de confronter les points positifs et négatifs concernant chaque méthodologie de modélisation.

Plus précisément, le **premier objectif** est d'analyser la conception et l'utilisation pratique des modèles musculosquelettiques (MS). Nous proposons donc dans un premier temps de faire une comparaison des fonctionnalités des logiciels dédiés pour analyser les différentes approches de conception des modèles musculosquelettiques (chapitre 3.1). Dans un deuxième temps nous avons présenté les hypothèses de modélisation (chapitre 3.2) et nous avons proposé une méthodologie de modélisation personnalisée des modèles MS (chapitre 3.3). Dans un troisième temps, nous avons développé un modèle mécanique décrivant la dynamique du mouvement, que nous avons nommé le **modèle biomécanique**, avec prise en considération des caractéristiques géométriques (os et muscles) et mécaniques du système musculo-squelettique. Une étude de sensibilité de ces paramètres géométriques sur les modélisations a été réalisée à partir de différentes données de la littérature (chapitre 3.4). Enfin une application clinique avec un cas pratique du sujet ayant une pathologie de Heine-Medin (polio) a été étudiée. Cette application spécifique a nécessité le développement de deux modèles personnalisés (un sujet sain et un sujet polio) de la marche (chapitre 3.5). Cette étude veut appréhender l'intérêt et les limitations d'une modélisation personnalisée pour évaluer et concevoir des orthèses personnalisées.

Le **deuxième objectif** est de développer un **Système d'Aide à la Décision** utilisant l'**Ontologie** (SysADO), que nous avons nommé le **méta-modèle**, pour prédire, diagnostiquer, classer et proposer un traitement des pathologies du système musculo-squelettique des membres inférieurs (par exemple les anomalies rotationnelles (AR), les enfants PC (Paralysie Cérébrale), le pied bot). La modélisation de ce système se base sur les modèles mathématiques prédictifs pour prendre une décision médicale (une prédiction, un diagnostic, ou une classification). Le but final est de dégager un résultat cliniquement applicable. Le traitement conservateur et le suivi des pathologies du système musculo-squelettique des membres inférieurs sont aussi implémentés pour diffuser et partager les connaissances acquises. Ce système est *générique, flexible, et extensible* et permet donc l'étude et l'analyse de pathologies diverses du système musculo-squelettique des membres inférieurs.

Le **troisième objectif** est de **confronter** ces deux modèles afin d'évaluer leur complémentarité pour une utilisation clinique.

Le plan de la thèse est présenté dans la section suivante.

1.3 Plan de la thèse

Ce manuscrit est divisé en 6 chapitres et 3 annexes :

Chapitre 1. Introduction générale Ce chapitre présente le contexte général de la recherche, les objectifs technologique et scientifique à atteindre, et aussi le plan de la thèse.

Chapitre 2. Étude bibliographique Ce chapitre présente d'abord l'anatomie du système musculo-squelettique des membres inférieurs. Ensuite l'état de l'art de tous les domaines concernés dans le cadre de la thèse.

Chapitre 3. Modèle biomécanique Un benchmark comparatif des logiciels de modélisation biomécanique a été effectué pour analyser les différentes approches de conception des modèles musculosquelettique. Par la suite, des hypothèses de modélisation ont été discutées avant de proposer une méthodologie de modélisation personnalisée. Une étude de sensibilité des paramètres géométriques des os et des muscles sur les modélisations a été réalisée à partir de différentes données de la littérature. Ceci nous a amené à développer une modélisation personnalisée en

CHAPITRE 1. INTRODUCTION GÉNÉRALE

considérant les données géométriques du sujet à partir des données d'imagerie médicale. Comme exemple d'application clinique, nous avons développé deux modèles personnalisés (un sujet sain ne présentant aucun trouble de la marche et un sujet présentant un handicap se répercutant sur la marche (pathologie Heine-Medin)). Enfin, la discussion, les conclusions et les perspectives du modèle biomécanique sont abordées.

Chapitre 4. Méta modèle La définition et la méthodologie de modélisation sont présentées. Ensuite, les composantes principales sont abordées l'une après l'autre : l'ontologie OSMMI (Ontologie du Système Musculosquelettique des Membres Inférieurs), la base de données DB3M (DataBase Mechanics Morphology Movement), les méthodes de fouille de données, les algorithmes de diagnostic, et la théorie des fonctions de croyance. Les applications cliniques sont présentées et discutées avant la discussion, les conclusions et les perspectives du méta modèle.

Chapitre 5. Synthèse Une synthèse générale de la confrontation méthodologique est portée sur les deux modèles : le méta modèle et le modèle biomécanique dans le but d'adresser une comparaison objective sur ces deux approches de modélisation.

Chapitre 6. Conclusions et perspectives

Les conclusions générales pour finir ce manuscrit sont présentées ainsi que les propositions des pistes prometteuses pour continuer la suite du projet de thèse.

Trois annexes sont présentées comme suit :

Annexe A. Techniques d'imagerie médicale

Annexe B. Paramètres mécaniques des segments corporels et des muscles issus de la littérature

Annexe C. Test de validation des calculs de moments d'inertie

Chapitre 2

Études Bibliographiques

Une revue bibliographique concernant les éléments essentiels de la modélisation du système musculosquelettique des membres inférieurs est présentée dans ce chapitre. Dans un premier temps, une description de l'anatomie des membres inférieurs, les techniques d'imagerie médicale, la marche, et les système de mesures expérimentales (analyse du mouvement, force de réaction, activité musculaire) sera décrite. Dans un deuxième temps, une revue bibliographique des modèles du système musculosquelettique des membres inférieurs et des méta modèles sera présentée.

2.1 Anatomie du système musculosquelettique des membres inférieurs

Les membres inférieurs chez l'Homme sont les membres de la locomotion, permettant aux humains de se maintenir debout et de se déplacer dans l'espace en marchant, en courant, etc. Les membres inférieurs sont formés de 4 segments : le bassin, la cuisse, la jambe, et le pied. Les systèmes osseux, musculaires, et nerveux de commande de chaque segment sont présentés dans les sous-sections suivantes.

2.1.1 Système osseux des membres inférieurs

Bassin

Le bassin est une partie du squelette, en forme d'anneau osseux, ouverte sur le haut et l'avant et constituée des deux os coxaux latéralement et du sacrum à l'arrière. Le bassin est divisé en deux parties : le grand bassin et le petit bassin. Le grand bassin correspond à la partie la plus évasée, le petit bassin est la portion la plus étroite. Entre les deux, la limite est circonscrite par des repères osseux, cette limite est appelée le détroit supérieur. Morphologiquement, le bassin de l'homme est différent de celui de la femme car le dernier supporte la fonctionnalité de reproduction. Le bassin féminin possède des ailes iliaques plus larges et plus saillantes, le petit bassin est plus vaste que celui de l'homme, cela permettant le passage de l'enfant au moment de l'accouchement tandis que le bassin masculin montre des ailes iliaques plus étroites, et des trous ischio-pubiens orientés longitudinalement (Fig.2.1).

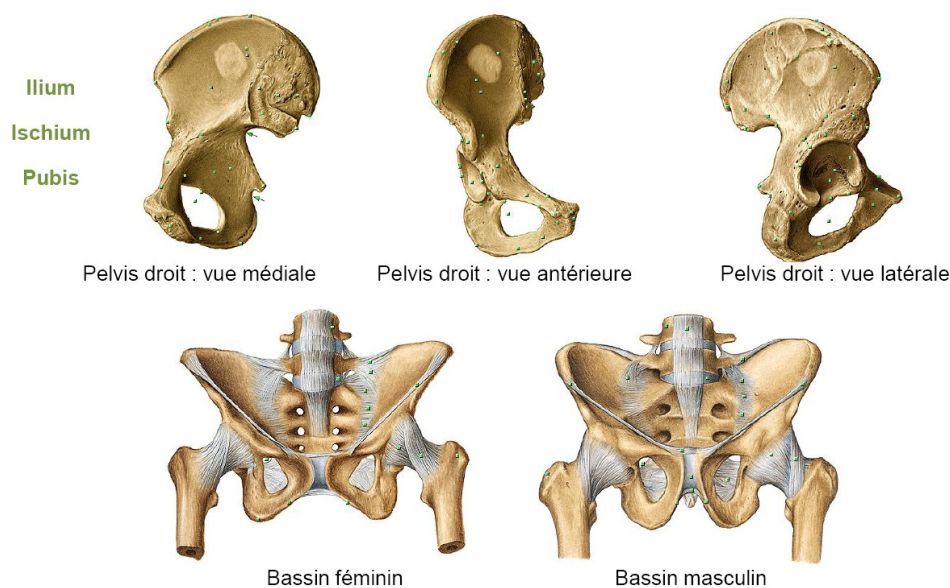


FIGURE 2.1 – L'anatomie du bassin (©Bipédie)

Fémur

Le fémur (Fig.2.2) est l'os le plus long du membre inférieur, le plus gros (par son volume), et le plus solide (quand on prend en compte sa résistance aux contraintes mécaniques, contraction des muscles...) du corps humain. Le fémur se compose d'un corps (la diaphyse) et du col proximal (vers le haut du fémur en position anatomique) limitant l'épiphyse proximale. La partie supérieure du fémur a la forme d'un 2/3 de sphère (une énarthrose) s'emboîtant dans l'acetabulum de l'os coxal. En situation proximale, on trouve deux reliefs osseux, les trochanters (le petit et le grand), permettant l'insertion de certains muscles. Plus bas, la ligne âpre permet également l'insertion d'autres muscles, dont le grand fessier et le biceps crural. Distalement, on trouve deux condyles (un médial et un latéral) et une fosse formant une articulation trochléarthrose avec le tibia et la rotule.

Dans la position debout, il n'est pas vertical, séparé par un intervalle considérable, correspondant à la largeur du bassin, mais incliné graduellement inférieurement et médialement pour se rapprocher de la ligne du centre du corps à son extrémité distale, afin de permettre à l'articulation du genou d'être le plus proche possible de la ligne de gravité du corps. Cet angle d'inclinaison varie d'une personne à l'autre, et est plus grand chez la femme que chez l'homme, du fait de la largeur de son bassin.

Rotule

La rotule se présente sous la forme d'un os triangulaire dont la pointe est dirigée vers le bas, c'est-à-dire vers le tibia. Elle participe à la constitution du squelette du genou en permettant les mouvements de flexion-extension (replier et étendre la jambe) du genou. Sa face articulaire, c'est-à-dire regardant le fémur, est recouverte de cartilage. La rotule est située superficiellement, et de

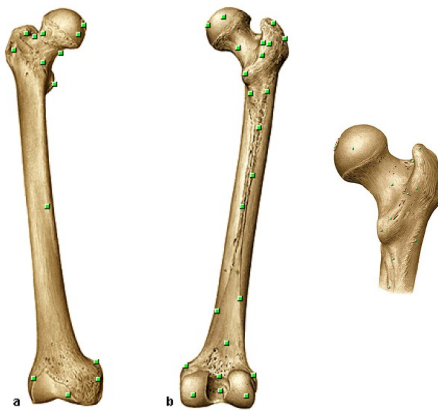


FIGURE 2.2 – L'anatomie du fémur (©Bipédie)

ce fait est palpable immédiatement sous la peau. Elle se situe entre le tendon du quadriceps (qui la maintient en place) et le tendon rotulien en bas (par lequel elle est reliée au tibia) (Fig.2.3). On dit aussi qu'elle sert de poulie.

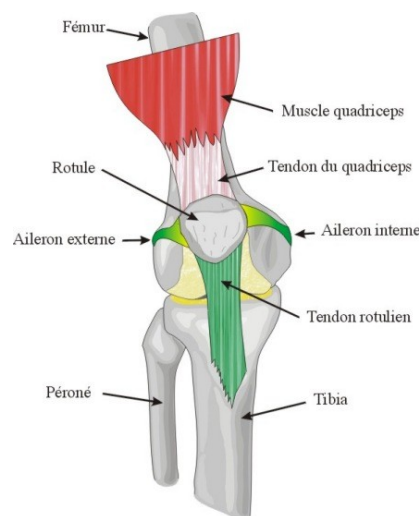


FIGURE 2.3 – L'anatomie de la rotule (©Wikipédia)

Tibia et péroné

Le tibia (Fig.2.4) est un os du membre inférieur, et plus exactement le plus grand des deux os de la jambe, en situation médiale et antérieure par rapport au péroné. C'est le deuxième os par ordre de grandeur du corps humain, le plus grand étant le fémur. C'est lui qui assure la liaison entre le fémur et les os du pied. Le péroné (Fig.2.4) est un long et grêle os, placé en parallèle et à l'extérieur du tibia.

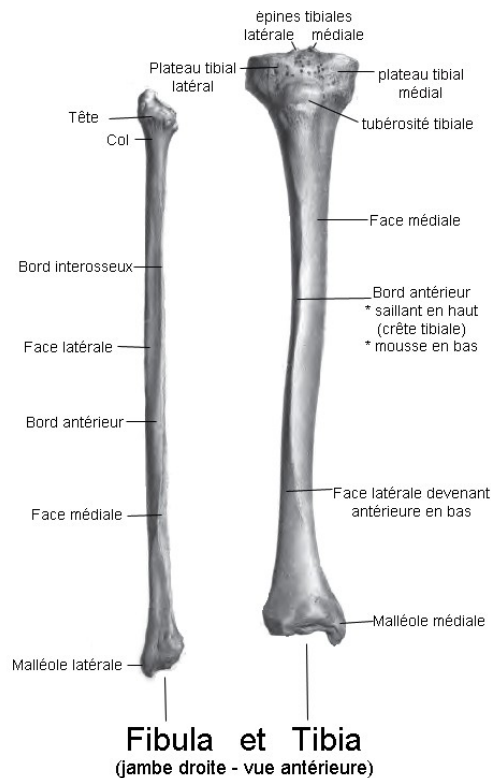


FIGURE 2.4 – L'anatomie du tibia (©Wikipédia)

Pied

Le pied (Fig.2.5) est une partie du membre inférieur humain et en constitue son extrémité distale. Il sert à l'homme à se soutenir debout et à marcher. Le pied est relié à la jambe par la cheville. Le pied comprend 28 os - soit, pour les deux pieds, le quart de ceux composant l'ensemble du squelette -, 16 articulations, 107 ligaments qui tiennent ces dernières et 20 muscles qui permettent au cerveau de commander leurs mouvements. De plus, sa plante est, avec le bout des doigts, la région du corps la plus riche en terminaisons nerveuses. Enfin, c'est, avec les aisselles et la paume des mains, la zone contenant le plus de glandes sudoripares. Le pied permet la station verticale et la marche. Il a un rôle d'équilibre, d'amortisseur et de propulseur. Il supporte tout le poids du corps sur 7 points d'appui : le talon (2/3 du poids total lors de la marche), le métatarse et la pulpe des 5 orteils. Au cours de la marche, le pied s'allonge en moyenne de 6,6 mm.

Les os du pied comporte le tarse et le métatarse. Le tarse est constitué de sept os : l'astragale, le calcanéum, le scaphoïde ou os caviolaire, les trois os cunéiformes, le cuboïde. Le métatarse est situé en avant du tarse. Il est composé de cinq os longs, les métatarsiens. Les os des orteils sont les phalanges.

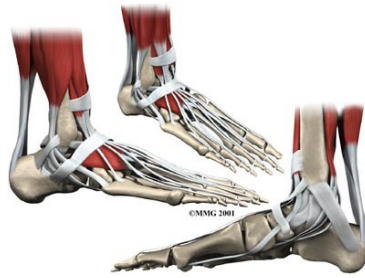


FIGURE 2.5 – L'anatomie du pied (©MMG)

2.1.2 Système musculaire des membres inférieurs

Le système musculaire des membres inférieurs (Fig 2.6) se divise en quatre groupes suivants : les muscles de la hanche, de la cuisse, de la jambe, et du pied.

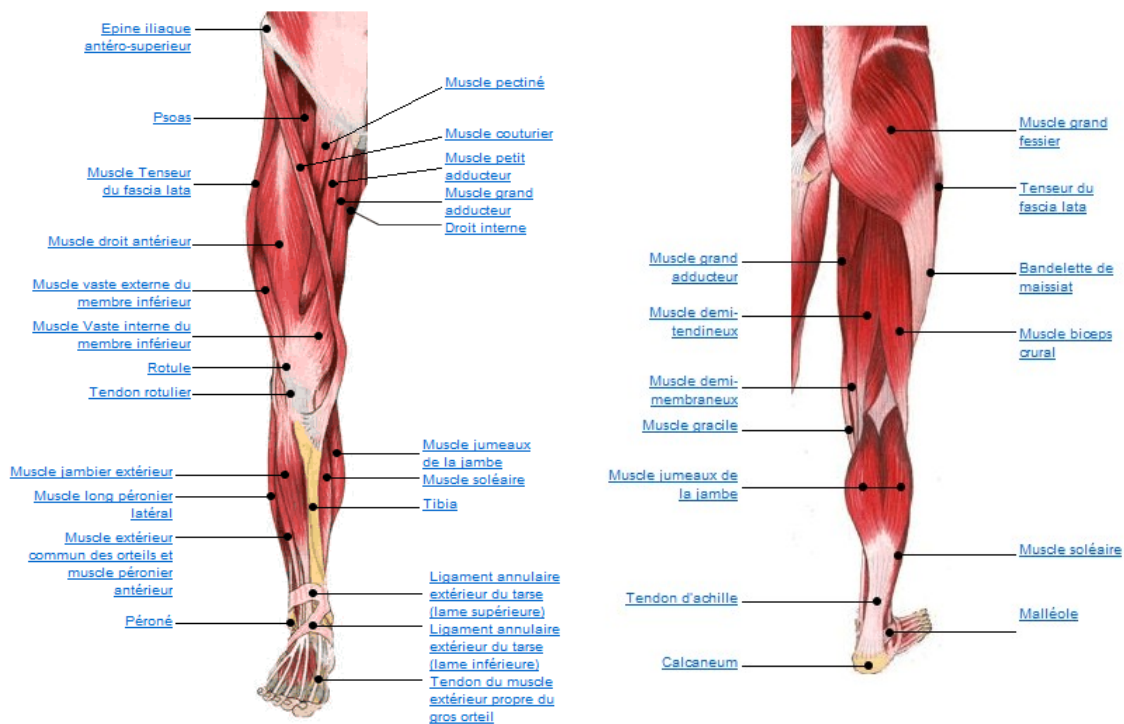


FIGURE 2.6 – Muscles des membres inférieurs (vues antérieure et postérieure)(©www.doctissimo.fr)

Chaque muscle a une ou des fonctions particulières dont le but est le mouvement et la station debout. Pour modéliser le modèle biomécanique du système musculosquelettique des membres inférieurs, les principaux muscles les plus actifs ont été choisis.

Soléaire (Soleus)

départ de l'insertion large : partie supérieure de la face postérieure du péroné, de la face postérieure du tibia, de l'arcade du soléaire tendue entre la tête du péroné et le tibia jusqu'à la tubérosité postérieure du calcaneum (tendon d'Achille). Sa fonction est la flexion plantaire.

Jumeau interne de la jambe (Gastrocnemius)

départ du condyle fémoral interne jusqu'à la tubérosité postérieure du calcaneum. Ses fonctions sont : l'élévation du talon et la flexion du genou pendant la marche.

Jambier antérieur (Tibialis anterior)

départ de la face externe du tibia, du ligament interosseux de la jambe jusqu'à l'os cunéiforme et 1^{er} métatarsien. Sa fonction est le fléchisseur du pied sur la jambe.

Biceps fémoral (Biceps femoris)

appartient au groupe des muscles ichio-jambiers, il s'étend de l'ischium de l'os coxal et de la diaphyse du fémur aux épiphyses proximales des deux os de la jambe. Il est le muscle fléchisseur de la jambe.

Vaste externe (Vastus lateralis)

occupe la face externe de la cuisse et se prolonge en partie vers l'avant et l'arrière de la cuisse. Le vaste externe permet l'extension de la jambe (tendre la jambe).

Droit antérieur (Rectus femoris)

constitue un élément du muscle quadriceps de la cuisse et il est inséré sur le bord supérieur de la rotule. Ce muscle étend la jambe et fléchit la cuisse sur le bassin.

Vaste interne (Vastus medialis)

est le plus profond des muscles formant le muscle quadriceps se trouvant sur la face avant de la cuisse. Il participe à l'extension de la jambe, stabilise la rotule en dedans pour l'empêcher de se luxer en dehors et sur le genou fléchi participe à la rotation interne du genou.

Psoas et iliaque (Psoas major and iliacus)

est un muscle important et particulier par son insertion supérieure au niveau des faces latérales des cinq vertèbres lombaires et son insertion inférieure sur le fémur au niveau de la face postérieure du petit trochanter. Ses actions principales sont la flexion de la cuisse sur le bassin lors de la marche, la flexion du bassin sur la cuisse, l'abduction de la cuisse sur le bassin, et la rotation externe de la cuisse.

Moyen Fessier (*Gluteus medius*)

départ de la fosse iliaque externe jusqu'au grand trochanter. Ses fonctions sont : le rotateur externe et interne de la cuisse, l'abducteur de la cuisse.

Grand fessier (*Gluteus maximus*)

dont l'origine est la crête iliaque, l'épine iliaque postéro-supérieure, le sacrum, le coccyx et l'aile iliaque jusqu'au grand trochanter. Ses fonction sont : l'extenseur de la cuisse, le rotateur externe de la cuisse, la participation à la contraction du sphincter externe de l'anus et l'abducteur de la cuisse.

Demi-tendineux (*Semitendinosus*)

départ de l'ischion (chef commun avec le biceps crural) jusqu'à la face interne du tibia. Ses fonctions sont : la rétropulsion de la hanche et du genou, la flexion et la rotation interne de la cuisse.

2.1.3 Articulations des membres inférieurs

Les grandes articulations du membre inférieur sont les suivantes : l'articulation de la hanche, ou articulation coxo-fémorale ; l'articulation du genou ; l'articulation de la cheville, ou articulation tibio-tarsienne.

Articulation de la hanche

Le membre inférieur se rattache au tronc au niveau de la hanche, par l'articulation coxo-fémorale.

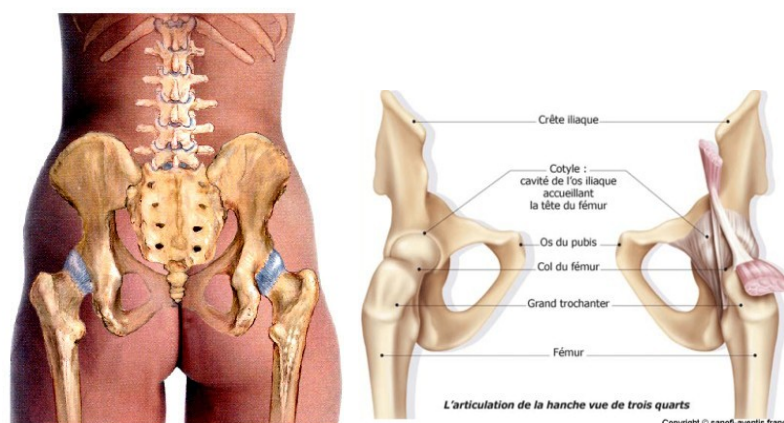


FIGURE 2.7 – Articulation coxo-fémorale (Schéma tiré du livre MASSOTHERAPIE CLINIQUE)

Les surfaces articulaires de l'articulation coxo-fémorale sont au nombre de deux :

- la cavité cotyloïde de l'os iliaque, qui offre une surface articulaire, dite surface semi-lunaire, se prolongeant par un bourrelet fibreux, le bourrelet cotyloïdien qui a pour fonction d'accroître la surface articulaire. Dans le fond de la cavité cotyloïde est logé un coussinet adipeux ;
- la tête fémorale, sur laquelle s'insère le ligament rond, qui relie la tête fémorale à l'arrière-fond de la cavité cotyloïde.

Les principaux ligaments sont :

- le ligament ilio-fémoral, ou ligament de Bertin. C'est un ligament puissant. Il naît sur l'épine iliaque antéro-supérieure, et se termine en éventail sur l'extrémité supérieure du fémur ;
- le ligament pubo-fémoral, qui part du pubis et se termine sur le petit trochanter ;
- le ligament ilio-fémoral postérieur ;
- le ligament ischio-fémoral.

Articulation du genou

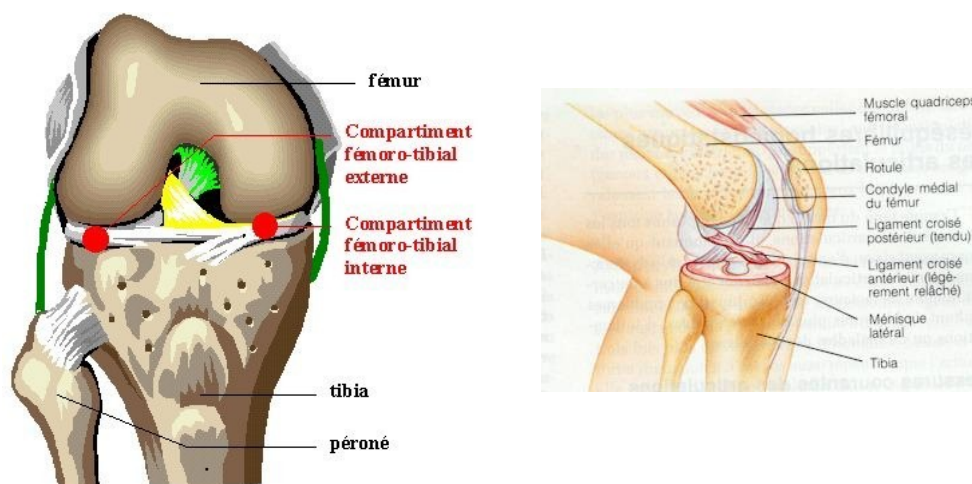


FIGURE 2.8 – Articulation du genou (©www.genou.com)

Les surfaces articulaires de l'articulation du genou sont :

- l'extrémité inférieure du fémur ;
- l'extrémité supérieure du tibia ;
- la rotule.

La surface articulaire de la rotule est congruente à la trochlée du fémur : c'est l'articulation fémoro-patellaire. Le plateau tibial, creusé des deux cavités glénoïdes interne et externe, répond aux condyles fémoraux correspondants. Entre ces deux surfaces articulaires, on trouve deux ménisques, qui ont un rôle de compensation. Il existe un ménisque interne et un ménisque externe.

Les principaux ligaments constituent quatre groupes.

Les ligaments latéraux du genou

- le ligament latéral interne, dont les fibres sont réparties en trois faisceaux larges ;
- le ligament latéral externe, il s'attache à la tubérosité externe du fémur et descend jusqu'à la tête du péroné ;
- l'aileron rotulien interne, il est tendu entre le bord interne de la rotule et la tubérosité interne du fémur ;
- l'aileron rotulien externe, il est tendu entre le bord externe de la rotule et la tubérosité externe du fémur ;

Le ligament antérieur du genou ou ligament rotulien, ou tendon rotulien il s'étend du sommet de la rotule jusqu'à la tubérosité antérieure du tibia. Ses fibres sont les prolongements du tendon d'insertion du muscle quadriceps.

Les ligaments postérieurs du genou sont :

- le ligament poplité oblique ;
- le ligament poplité arqué.

Les ligaments croisés il existe deux types :

- le ligament croisé antérieur, qui s'étend du plateau tibial à la face interne du condyle fémoral externe. Pour cette raison, on lui donne le nom de ligament croisé antéro-externe ;
- le ligament croisé postérieur, qui part également du plateau tibial et aboutit à la face externe du condyle fémoral interne. On lui donne le nom de ligament croisé postéro-interne.

Les ménisques sont des éléments de forme semi-lunaire. Ils sont formés de fibro-cartilage, souple et résistant. Ils sont au nombre de deux. On distingue sur chaque ménisque une corne antérieure et une corne postérieure :

- le ménisque interne a une forme de C ouvert. Il adhère au ligament latéral interne ;
- le ménisque externe est plus fermé, il adopte une forme en O. Il n'adhère pas au ligament latéral externe.

Le ménisque externe est plus mobile que le ménisque interne, de ce fait, il est soumis à moins de contraintes au cours des divers mouvements ou efforts.

Articulation de la cheville

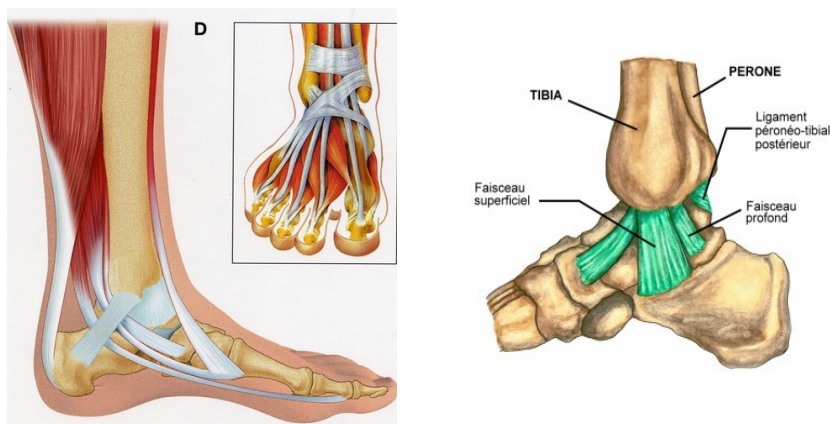


FIGURE 2.9 – Articulation de la cheville (©www.clge.fr et www.huta.club.fr)

Le pied comporte de nombreuses articulations. L'articulation tibio-tarsienne est celle que nous étudions en priorité. C'est l'articulation de la cheville et plus exactement, du cou-de-pied.

Les surfaces articulaires de l'articulation tibio-tarsienne sont :

- les faces inférieures de l'extrémité inférieure du tibia et du péroné. L'ensemble forme une mortaise appelée mortaise tibio-péronière ;
- le corps de l'astragale, qui offre le "tenon" à la mortaise tibio-péronière. La surface articulaire supérieure de l'astragale prend la forme d'une poulie qui s'étend latéralement et répond ainsi aux malléoles externe et interne.

Les principaux ligaments comprennent :

le ligament externe qui naît de la malléole externe. Il comprend trois faisceaux :

- le faisceau péronéo-astragalien antérieur ;
- le faisceau péronéo-astragalien postérieur ;
- le faisceau péronéo-calcanéen.

le ligament interne qui naît de la malléole interne. Il comprend trois faisceaux :

- le faisceau tibio-calcanéen ;
- le faisceau tibio-scaphoïdien ;
- le faisceau tibio-astragalien antérieur ;
- le faisceau tibio-astragalien postérieur.

les ligaments péronéo-tibial antérieur et postérieur qui maintiennent la mortaise tibio-péronière

Les autres articulations du pied sont suivantes :

- l'articulation astragalo-calcanéenne, ou sous-astragaliennne ;
- l'articulation astragalo-scaphoïdienne ;
- l'articulation calcanéo-cuboïdienne ;
- l'articulation scapho-cunéenne ;
- les articulations tarso-métatarsiennes, qui unissent les os du tarse et du métatarse ;
- les articulations intermétatarsiennes, qui unissent entre eux les métatarsiens par leur base ;
- les articulations métatarso-phalangiennes, qui unissent les métatarsiens à la base de la première phalange des orteils ;
- les articulations interphalangiennes.

Le point d'appui osseux de la voûte plantaire sont au nombre de trois :

- la tubérosité postérieure du calcanéum ;
- la tête du 1^{er} métatarsien ;
- la tête du 5^e métatarsien.

La surface d'appui est étendue grâce à la présence des parties molles.

2.1.4 Système nerveux de commande

Le système nerveux humain est un réseau de communication qui se compose de deux systèmes liés : le système nerveux central (SNC) et le système nerveux périphérique (SNP).

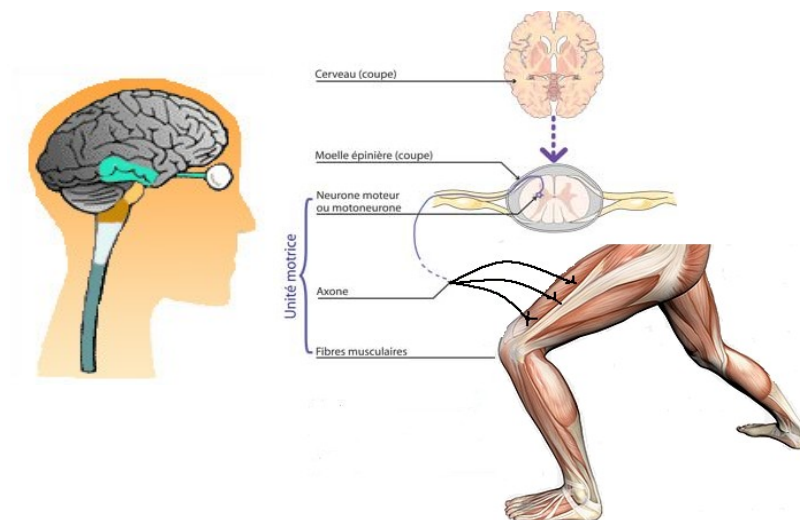


FIGURE 2.10 – Les systèmes nerveux (©www.fr.be.ms-gateway.com)

Le SNC comprend le cerveau et la moelle épinière. **Il contrôle tous les ordres donnés aux muscles. La communication se déroule via les impulsions des nerfs et des signaux électriques transmis par les voies nerveuses (Fig. 2.10).**

Le SNP se compose aussi bien de nerfs moteurs que sensoriels. Les nerfs sensoriels donnent au SNP des informations reçues via la vue, l'ouïe, le goût, le toucher. Les nerfs moteurs quant à eux, envoient des ordres du SNP aux muscles.

2.2 La marche

2.2.1 Repères anatomiques des membres inférieurs

Afin d'aborder l'Analyse Quantifiée de la Marche (AQM), des repères anatomiques standardisés ont été définies par l'ISB (International Society of Biomechanics).

Les centres de masse sont proposées par Wu and P. R. Cavanagh, 1995 (Fig. 2.11).

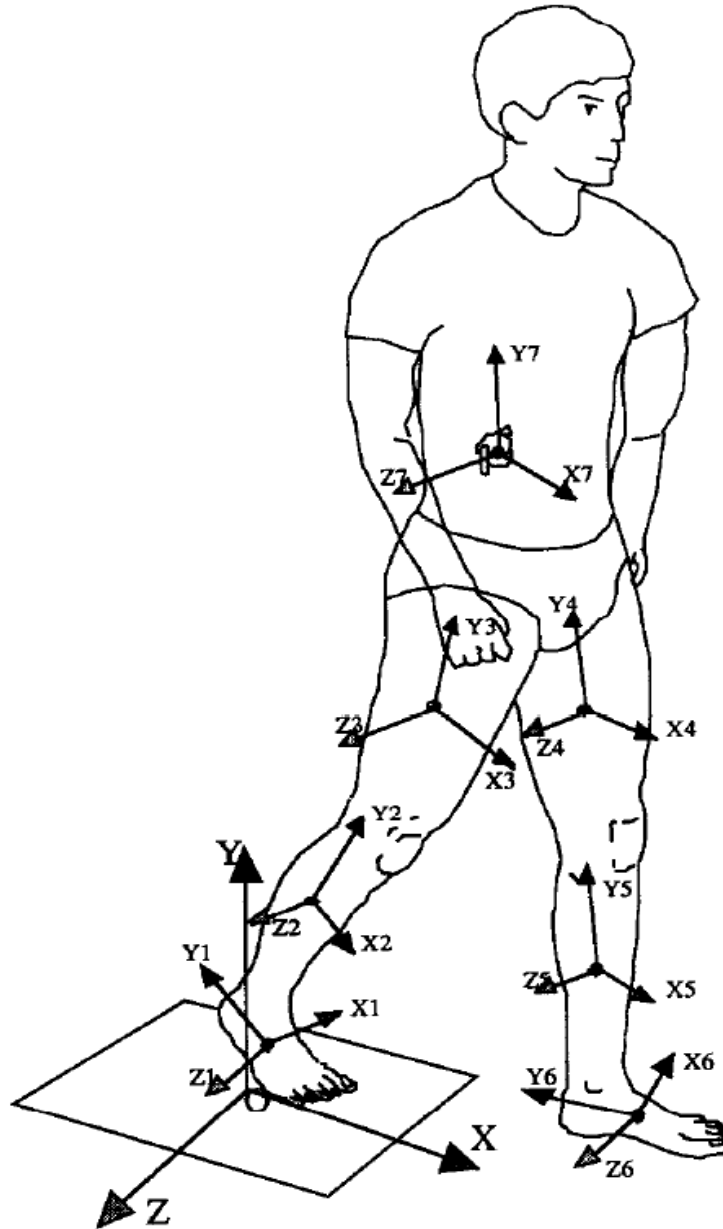


FIGURE 2.11 – Centres de masse segmentaires [163]

Concernant les centres de rotation des articulations, une norme est proposée par Wu et al,

1995, 2002, 2005 (Fig. 2.12, Fig. 2.13, Fig. 2.14).

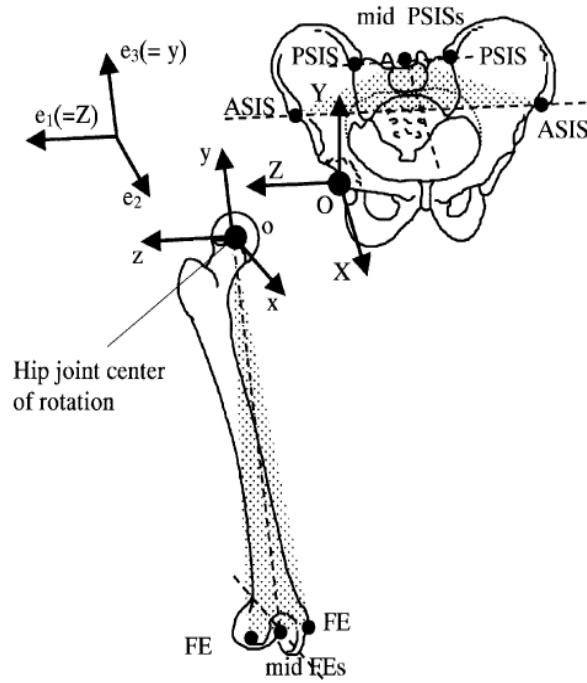


FIGURE 2.12 – Centre de rotation de la hanche [164], [165]

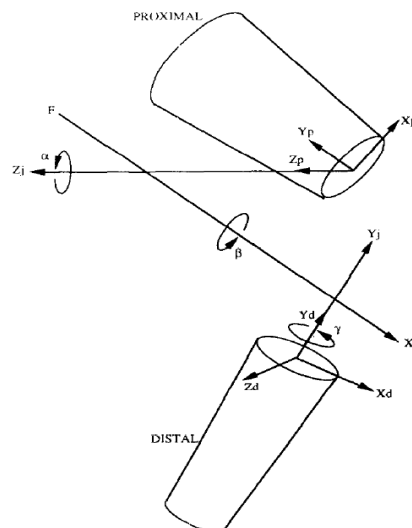


FIGURE 2.13 – Centre de rotation du genou [164], [165]

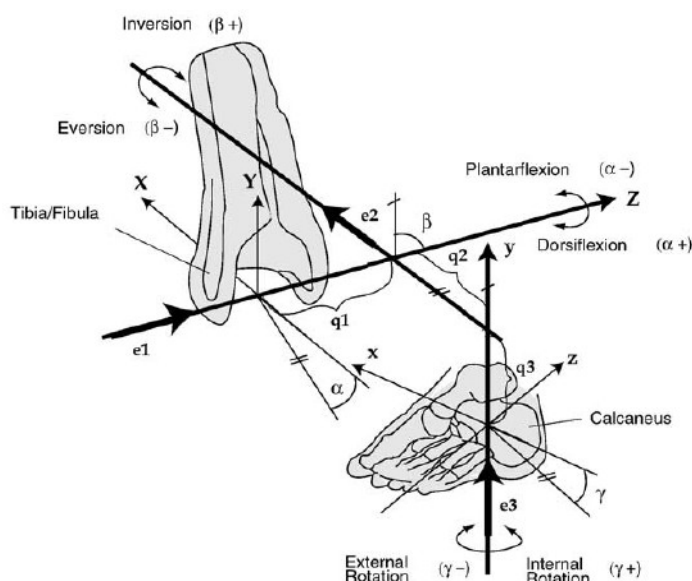


FIGURE 2.14 – Centre de rotation de la cheville [164], [165]

2.2.2 Caractéristiques de la marche

La marche est une activité fréquente, naturelle et banale de l'homme dans la vie quotidienne, elle sert à déplacer le corps humain d'un point A vers un point B, la conséquence est : réduire l'embonpoint, renforcer le muscle cardiaque, abaisser la tension artérielle, solidifier les os, réduire le stress, et raffermir.

Dans la littérature, avant les systèmes informatisés, Braune et Fisher (1894) ont décrit de manière quantitative le déplacement du corps humain durant la marche normale. Perry et Hislop (1967) sont parmi les premiers à proposer une terminologie pour décrire les différentes phases et périodes de la marche normale. Inman et al, (1981) présentent tout comme Braune et Fisher, la mécanique de la marche, mais en ajoutant une session sur le coût énergétique et l'activité musculaire. Winter (1987) fait une mise à jour de la terminologie descriptive de la marche et rapporte des données sur le déplacement, les forces aux articulations et l'activité musculaire.

On distingue la *marche statique*, pendant laquelle l'équilibre statique est maintenu en permanence, et la *marche dynamique*, qui est une suite de déséquilibres avant rattrapés. Chez l'homme, la marche dynamique est choisie en situation normale alors que l'on opte pour la marche statique en situation délicate (terrain glissant ou accidenté) [64].

La marche est un mode de déplacement durant lequel le sujet a toujours un pied d'appui ou un contact avec le sol contrairement à la course où le sujet peut se trouver dans une véritable phase de vol. Il en découle donc une alternance de phases de simple support ou appui (un pied au sol) et de balancement (pour l'autre pied) et de double support (deux pieds au sol). On appelle cette alternance le cycle de marche (Fig. 2.15 et Fig. 2.16). Pour la description de ces phases, il est d'usage, d'une part, de prendre comme origine du temps l'instant de premier contact du pied avec le sol et, d'autre part, de normaliser le cycle c'est-à-dire que l'instant de premier contact du pied avec le sol correspondra à 0% et l'instant de deuxième contact du même pied avec le sol

correspondra à 100%.

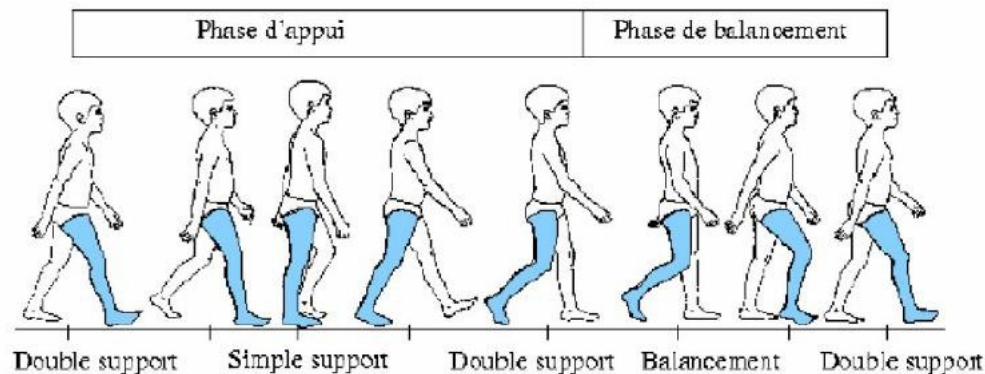


FIGURE 2.15 – Phases d'un cycle de marche (Vaughan et al. 1992)

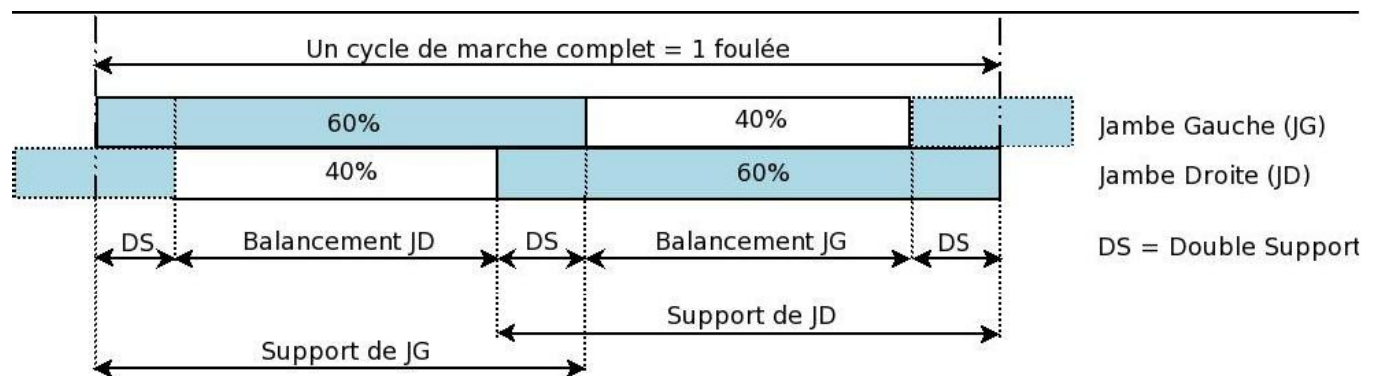


FIGURE 2.16 – Le cycle de marche (Vaughan et al. 1992)

On peut décomposer le mouvement de la marche suivant trois plans différents de l'espace : sagittal, frontal et horizontal (Fig. 2.17). Le mouvement principal a lieu dans le plan sagittal, mais de nombreux mouvements comme le déhanchement, le mouvement du bassin ou la position des pieds, apparaissent au niveau des autres plans [64].

Notons que dans la suite nous appellerons *pas* le mouvement se produisant entre la pose de talon d'une jambe et celui de la jambe opposée. *La foulée*, comportant deux pas, sépare deux posés de talons successifs de la même jambe. Pour donner un ordre de grandeur, *une foulée dure environ 1 seconde* en marche normale [64].

Les différentes phases du cycle de marche [64] Décomposons plus finement les phases de support, de balancement et de double support du cycle de la marche et ceci dans le plan sagittal.

Phase de support (0 - 60%)

- 0 - 10% : Après l’instant initial de pose du pied (en général un contact du talon), apparaît une sous-phase de reprise en charge. Aussitôt après la pose, le centre de gravité du corps (CGC), qui se trouve au repos debout à 55% de la taille totale du sujet, atteint son point le plus bas à 10%, le genou présente un premier maximum de flexion permettant d’aider à l’absorption de l’impact et d’éviter une remontée trop rapide du CGC.
- 10 - 30% : C’est la sous-phase dite de milieu d’appui. Ici le pied passe par une période de pose à plat et la jambe atteint l’extension maximale, la flexion du genou étant corollairement minimale. A la fin de cette sous-phase, le CGC est à sa hauteur maximale.
- 30 - 60% : C’est la fin du déroulé du pied, la poussée débutant à 40% et le transfert du poids sur l’autre jambe vers 50%. Cette phase s’achève avec le décollement des orteils.

Phase de balancement (60 - 100%)

- Le balancement initial dure jusqu’à 70%, instant auquel la malléole atteint son altitude maximale (22 cm).
- A 80%, le genou atteint son deuxième maximum de flexion. Cette sous-phase a pour objectif le dégagement de pied vis-à-vis du sol.
- A 85%, le tibia est vertical, et la phase s’achève avec la deuxième pose du talon.

Phase de double support Cette phase est aussi appelée phase de double appui ou bipodale. Comme son nom l’indique, cette phase est celle où les deux pieds sont au sol. Pour la marche des sujets bien portants appelée marche symétrique, cette phase apparaît de 0 à 10% et de 50 à 60%. On peut noter que dans ce cas, l’instant 50% correspond au poser du pied de la jambe opposée. L’inversion des proportions support/balancement et la disparition de la phase de double appui correspond à la transition marche/course. Cette dernière se caractérise par une vraie phase de vol, dont la durée relative dépend de la vitesse de course : 40% à 5 m/s et 60% à 9 m/s.

Les signaux spécifiques à la marche humaine [64] Il existe deux approches pour étudier un phénomène aussi complexe que la marche humaine qui est issu de millions d’années d’évolution, et d’apprentissage.

- La première approche consiste à observer les effets de la marche sur des variables facilement mesurables et associées à des modèles principalement descriptifs. De telles méthodes sont utiles dans de nombreuses applications, qui sont celles de la biomécanique : l’analyse du geste, la mesure de performances, la caractérisation de pathologies, la rééducation, la synthèse d’animation, etc.
- La deuxième approche est plus explicative. Elle s’intéresse aux causes supposées du déplacement, dans un but d’amélioration des connaissances sur le fonctionnement du cerveau, du système nerveux central, des boucles sensori-motrices, etc. Ceci en vue d’une meilleure compréhension des pathologies associées. Ce domaine est essentiellement celui des neurosciences. Si son intérêt scientifique est majeur, il est par contre loin d’être évident de s’en inspirer pour caractériser les mouvements du corps humain.

La première approche semble s’adapter assez naturellement à la synthèse de la marche. Pour analyser la marche, on se base sur le système musculosquelettique et on considère les moments, les forces d’articulations, les forces musculaires, la déformation osseuse, etc pour observer, analyser, évaluer la marche ou prédire les risques de dommages.

Afin de standardiser les mouvements et les interprétations des résultats de l'Analyse Quantifiée de la Marche, les axes et plans servant à l'étude de la marche sont illustrés dans la Fig. 2.17.

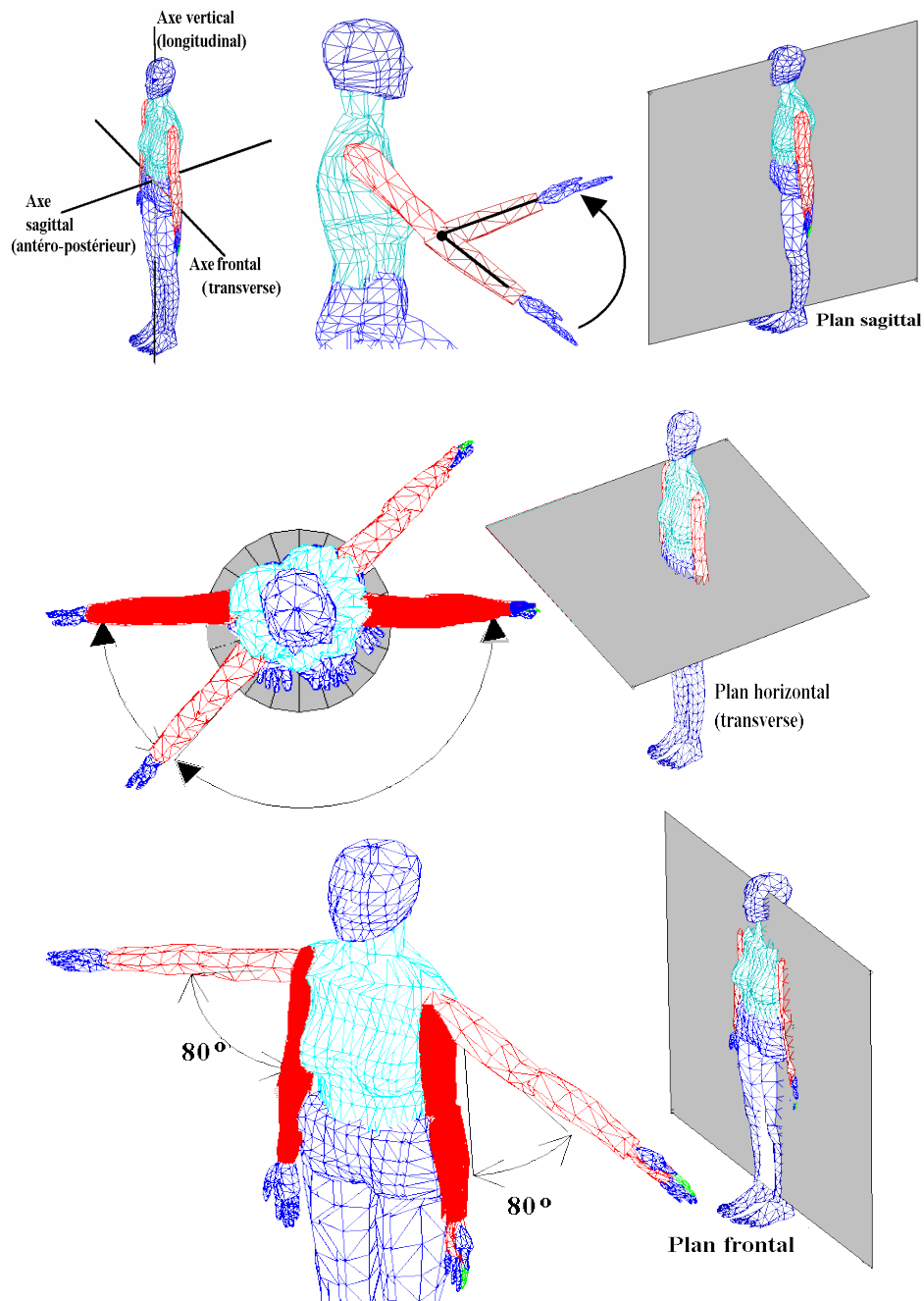


FIGURE 2.17 – Axes et plans servant à l'étude de la marche [64]

2.3 Systèmes de mesures expérimentales

2.3.1 Systèmes d'analyse du mouvement

Les systèmes de capture et d'analyse du mouvement permettent d'acquérir les données cinématiques au cours d'un mouvement. Les technologies actuelles sont suivantes : le podomètre, le goniomètre, le système inertiel (accéléromètre, gyroscopes), le système magnétique (magnétomètre), le système acoustique, et le système optoélectronique (caméras avec marqueurs actifs ou passifs).



FIGURE 2.18 – Analyse du mouvement par le système Zebris (©Zebris)

Le système magnétique a été développé par Polhemus, B. (1970). La source du système magnétique impose une référence métrique au champ d'observation par l'émission d'un champ magnétique tri-dimensionnel. Les capteurs sont des cibles qui mesurent le champ magnétique émis.

Andrews et Youm(1979) ont développé un système acoustique ultrasonore où le marqueur émet un son et le récepteur mesure la distance par le temps mis par l'onde acoustique. Un des systèmes existant commercial est le système Zebris (Fig.2.18).

Les systèmes optoélectroniques ont été développés dans les années 80. Le VIdéo-CONverter (VICON) est né en 1980. Le système VICON repose sur l'utilisation des marqueurs cutanés et de caméras à infra-rouges. La position des marqueurs placés sur les repères anatomiques respecte des protocoles de mesure adaptés à chaque étude particulière (Fig. 2.19). Après, le calcul des paramètres spatio-temporels selon des repères anatomiques choisis est réalisé, c'est l'analyse cinématique proprement dite.

Il n'existe pas de protocole normalisé, ni de capteurs spécifiques à l'analyse du mouvement et en particulier de la marche. Des différences sont connues comme illustrés par les courbes cinématiques d'un examen d'AQM selon 5 protocoles différents (Fig. 2.20).

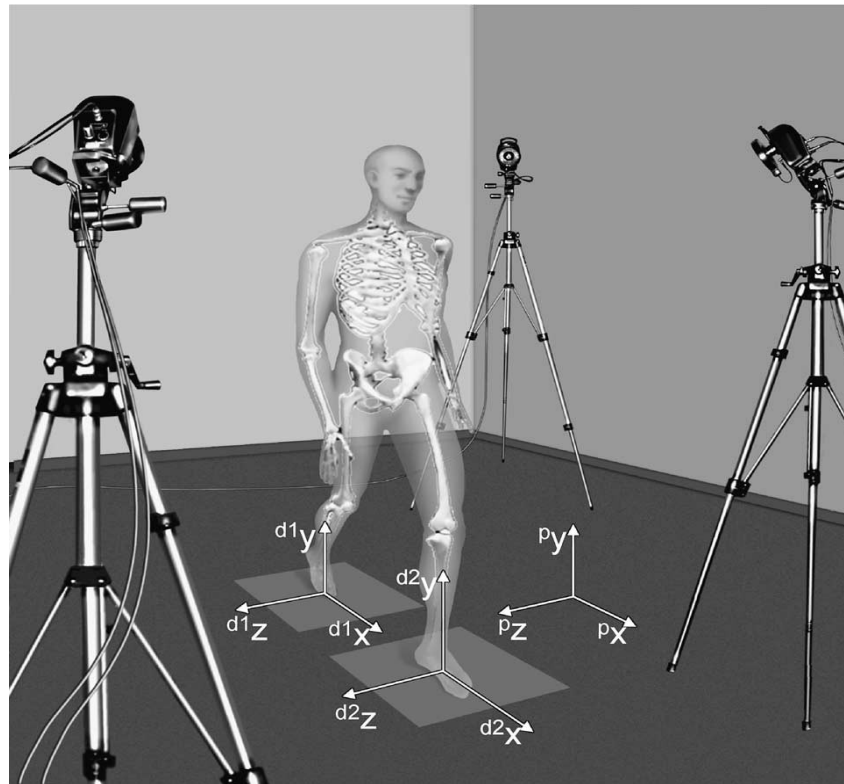


FIGURE 2.19 – Capture de mouvement optoélectronique Vicon Motion Systems Ltd (Cappozzo et al, 2005)

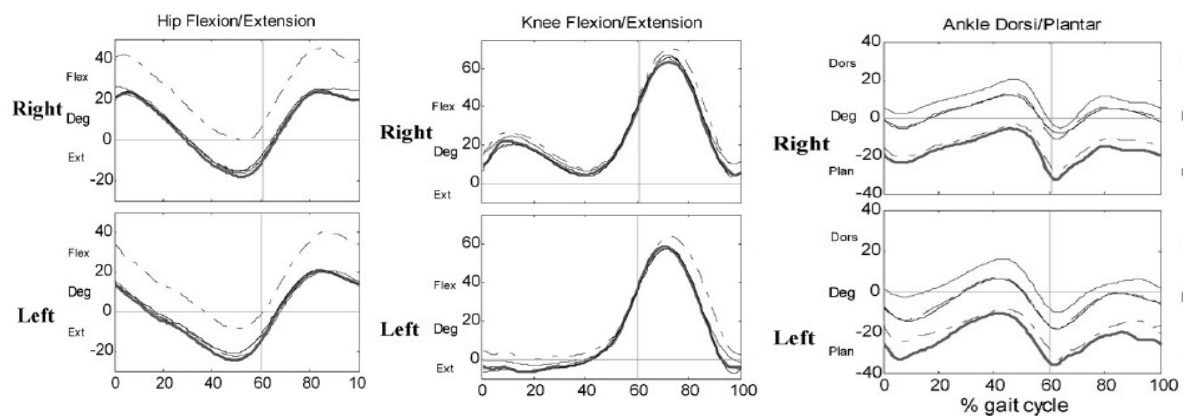


FIGURE 2.20 – Courbes cinématiques issues d'un examen d'AQM selon 5 protocoles différents (Ferrari et al, 2008 [63])

2.3.2 Plate-forme dynamométrique de force

La plate-forme dynamométrique de force (par exemple : AMTI - Advanced Mechanical Technology Inc) (Fig. 2.21) permet d'acquérir les forces d'appui au sol pendant le mouvement. La plaque dynamométrique est composée de trois plaques métalliques. La plaque interne du milieu contient quatre capteurs de forces tri-axiaux permettant la mesure des forces et des moments dans les trois dimensions indiquées par les axes X, Y et Z.

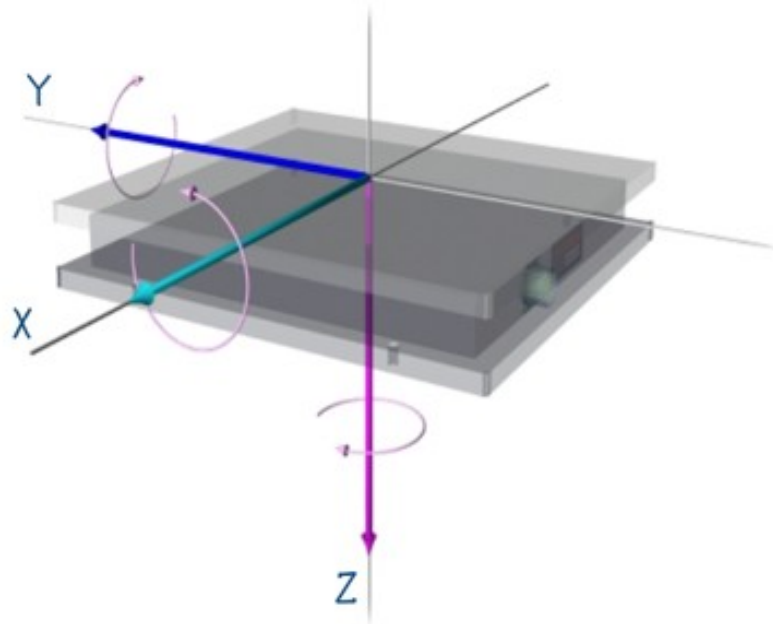


FIGURE 2.21 – Plate-forme dynamométrique de force AMTI (©www.summitmedsci.co.uk)

2.3.3 Électromyogramme - EMG

L'électromyogramme (Fig.2.22) est une technique qui est utilisée pour étudier la réponse des fibres musculaires après une stimulation électrique indirecte du muscle associée à sa contraction. L'enregistrement des signaux EMG se fait par le voltage électrique qui génère une dépolarisation captée par l'électrode. Le signal EMG représente la somme des potentiels d'action d'unité motrice générée dans le champ de l'électrode EMG [145]. Cette technique peut être utilisée en recherche et pour des diagnostics cliniques, elle permet (dans certaines applications cliniques) de déterminer le muscle activé lors d'un mouvement donné, ou d'estimer sa force de contraction et d'étudier son état de fatigue.

Dans les simulations dynamiques, les signaux EMG sont utilisés pour indiquer les niveaux de force musculaires, c'est-à-dire une augmentation de force musculaire qui correspond à une activation dans les signaux EMG. Cette information est utilisée pour valider qualitativement les modèles musculosquelettiques dans les simulations biomécaniques.

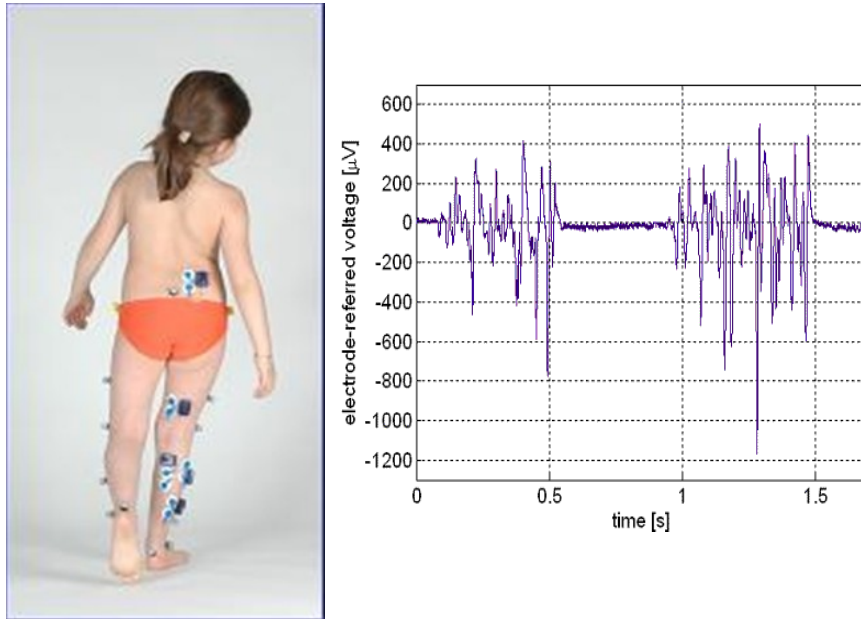


FIGURE 2.22 – Illustration EMG (©www.megrot.com et www.intantech.com)

2.4 Revue bibliographique des modèles biomécaniques

Il est rappelé que la modélisation biomécanique s'effectue pour comprendre le fonctionnement du corps humain et son mouvement. Les structures biologiques telles que l'os, le muscle, l'articulation, etc. et leurs lois de comportement jouent un rôle important pour mieux décrire le comportement mécanique du corps humain et son mouvement. Parmi les modèles musculosquelettiques des membres inférieurs concernés et publiés dans la littérature, nous distinguons deux types de modèles : les modèles osseux-articulaires ou/et musculosquelettiques (2D, 3D) de la **dynamique inverse uniquement** et les modèles musculosquelettiques 3D de la **dynamique inverse et directe**.

Pour clarifier la compréhension, notons également que les **modèles personnalisés** ont été développés pour les études de la **marche pathologique**.

2.4.1 Modèles osseux-articulaires ou/et musculosquelettiques (2D, 3D) de la dynamique inverse

Concernant les études réalisées pour l'analyse du mouvement, tout d'abord on peut citer le travail de Marin F, 2000 [105] réalisés dans sa thèse doctorale. Ses objectifs sont d'analyser le comportement *in vivo* cinématique et dynamique tridimensionnel de l'articulation fémoro-tibiale afin d'évaluer d'une part la normalité de la cinématique et d'autre part les efforts de contact du tibia sur le fémur. Il a utilisé le système VICON 370 comme système de mesure cinématique. Les marqueurs "ancillaires" ont été utilisés. Dans son approche de calcul de la cinématique fémoro-tibiale, il a calculé les repères anatomiques en utilisant les données extraites des marqueurs posés sur les membres inférieurs pendant la marche. Pour calculer l'action de contact tibia-fémur (torseur inter-segmentaire), il a formulé son approche par un modèle mathématique musculo-

squelettique sous forme d'un problème "dynamique inverse" et il a utilisé l'algorithme génétique pour estimer la force de contact sous forme d'un problème "Optimisation". Dans cette étude, le modèle du corps humain est simplifié pour se concentrer sur l'articulation fémoro-tibiale avec un nombre réduit des paramètres de calcul afin de diminuer la variabilité des paramètres.

Concernant les modèles plus sophistiqués, on peut citer les travaux de Doriot et Chèze, 2003 [59]. L'objectif de ces travaux est de développer un modèle dynamique 3D des membres inférieurs pour étudier la phase d'appui de la marche normale. Six sujets normaux ont participé à cette étude. Les données cinématiques et cinétiques ont été acquises par le système d'analyse du mouvement Motion Analysis et une plate-forme de force AMTI. Un processus de correction des trajectoires des marqueurs développé par Chèze et al, 1995 [35] a été appliqué. Les bras de levier musculaires ont été déterminés expérimentalement pour s'adapter à la morphologie des sujets étudiés. Les forces musculaires ont été calculées grâce à un processus d'optimisation statique (e.g. les modèles mathématiques de calcul ne sont pas changés durant le processus d'optimisation). La validation du modèle développé a été effectuée par la comparaison qualitative des forces musculaires calculées avec les signaux EMG. Les résultats obtenus ont montré l'intérêt d'utiliser les techniques d'imagerie médicale pour affiner les propriétés géométriques du système musculosquelettique des membres inférieurs.

Plus récemment, Damsgaard et al, 2006 [43] a développé un modèle musculosquelettique 3D des membres inférieurs en utilisant le logiciel de modélisation biomécanique AnyBody. Le système d'analyse du mouvement VICON, les plates-formes de force AMTI, et les signaux EMG ont été acquis pour simuler la dynamique inverse de la marche normale. La validation a été effectuée par la comparaison quantitative des forces musculaires et des signaux EMG.

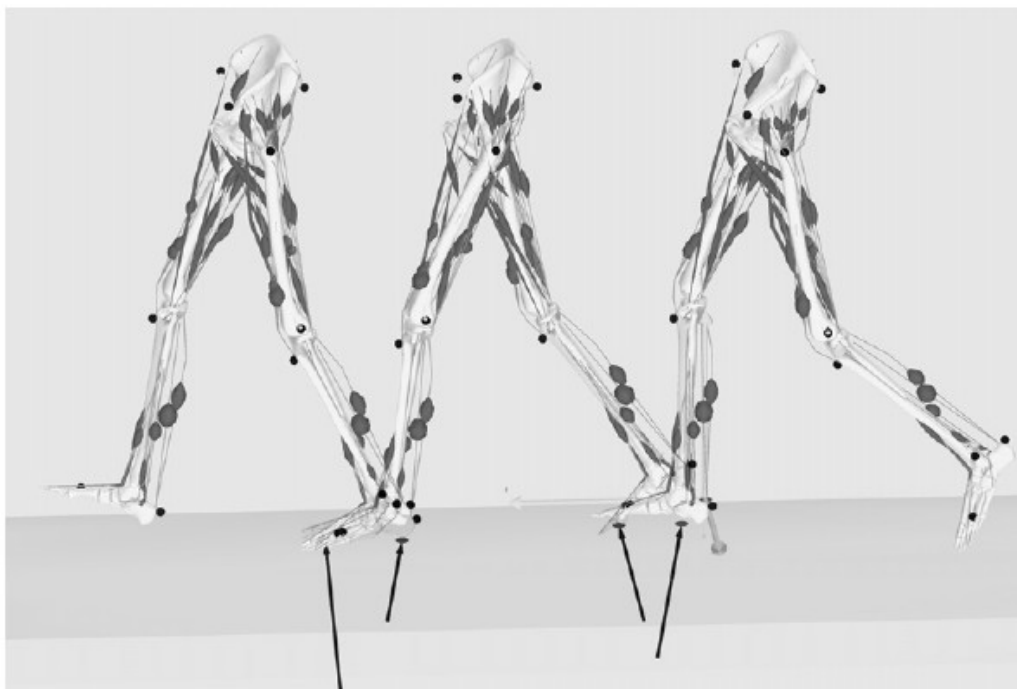


FIGURE 2.23 – Modèle musculosquelettique des membres inférieurs d'AnyBody [43]

Afin d'obtenir des paramètres musculaires expérimentaux servant à développer les modèles musculosquelettique 3D, Bonnefoy, A., et al 2007 [19] a construit un protocole expérimental non-

invasif pour collecter les coordonnées des points définissant la partie locale de la ligne d'action de chaque muscle. L'objectif est de calculer le bras de levier du muscle sur les articulations : genou et cheville. La hanche n'a pas été considérée car ses muscles sont profonds et larges pour déterminer le point d'origine et d'insertion. Les muscles utilisés sont extraits de la littérature. Un sujet (29 ans, 1.74 m et 76kg) a été utilisé pour collecter les points spécifiques de la ligne d'action musculaire. Il a été utilisé un système opto-électronique *Motion Analysis (Santa Rosa, CA)* afin d'acquérir les données cinématiques. Pour l'analyse statistique des données, la méthode d'ANOVA répétitive est employée pour évaluer la répétition du moment de bras personnalisé. Les résultats obtenus sont : la déviation d'Euclide moyenne des vecteurs du bras de levier, le ratio de la variance inter-sujets divisée par la variance totale et l'erreur standard de mesure, la différence inter-opérateurs de l'estimation du moment de bras, les coordonnées moyennes X,Y,Z des vecteurs du moment de bras dans la frame de segment et ses déviations, de la norme (distance) moyenne et la déviation du moment de bras. Pour la validation expérimentale, la distance du bras de levier obtenu par l'auteur a été comparée avec les données de la littérature.

Les erreurs expérimentales (e.g. répétabilité (différents observateurs), reproductibilité (différentes manipulations)) de l'analyse du mouvement sont des facteurs importants à quantifier pour renforcer les interprétations des résultats de simulation, Morais Filho M.C., et al 2006 [112] a testé la fiabilité de l'analyse de la marche. Les objectifs sont de déterminer ses corrélations inter-observateur pour une méthode d'analyse quantitative de la marche, et d'identifier les corrélations entre les paramètres étudiés. Cinquante patients *diplégies spastiques* ont été étudiés avec un système de vidéo pour capturer la marche sur deux plans : sagittal et coronal (frontal). Les données cinématiques en 3D sont capturées par le système VICON 370. Le système RES4 (Gillete Children's Hospital - Motion Lab) a été utilisé pour comparer les données de l'analyse visuelle avec les données cinématiques de la marche. Les tests statistiques *kappa* et *McNemar* sont appliqués pour déterminer les variations inter-observateur et les différences 3D cinématiques.

Concernant les autres erreurs expérimentales comme les déplacements des tissus mous lorsqu'un examen d'AQM s'effectue, et les positions des marqueurs cutanés, on peut citer une série des travaux synthétiques de Cappozzo et al, 2005 [26], [36], [97], [42]. Les conclusions exposées ont montré la variation importante des résultats de simulation en fonction de la sensibilité de ces erreurs.

2.4.2 Modèles musculosquelettiques 3D de la dynamique inverse et directe

Le premier modèle publié concerne le modèle de Delp et al, 1990 et 1992 [54], [55]. Ce modèle était l'origine du modèle développé dans le logiciel de modélisation biomécanique SIMM. Ce modèle a permis d'étudier les conséquences biomécaniques des opérations chirurgicales telles que le transfert et l'allongement des tendons. **Les géométries des structures osseuses ont été obtenues par digitalisation in vitro.** Un modèle 3D surfacique a été obtenu. Les muscles ont été représentés par des lignes d'action en se basant sur les repères anatomiques pour les points d'origine et d'insertion (Fig. 2.24)). Les modèles articulaires et musculaires, et les lois de comportement ont été issus de la littérature. Il a construit une interface utilisateur graphique pour visualiser les géométries du système musculosquelettique et pour manipuler des paramètres du modèle afin d'étudier les conséquences biomécaniques des procédures chirurgicales orthopédiques. Il a utilisé le système graphique Silicon Graphics, Iris 2400T pour construire l'interface utilisateur graphique du modèle. Pour surveiller le pré-traitement et le post-traitement orthopédique, on simule les effets mécaniques d'un rallongement des tendons d'Achille avec le transfert antérieur concomitant du tibialis postérieur. Concernant ses résultats : d'une part, l'angle articu-

laire dépend de la longueur molle des tendons et aussi de la longueur optimale des muscles-fibres. D'autre part, l'angle du vecteur de force de la crête est plus sensible au changement de la longueur du tendon en cas du haut ratio de la longueur et le moment de bras qu'en cas du bas ratio. Dans cette étude, l'auteur a simplifié le modèle du genou avec un seul plan sagittal pour représenter les mouvements car l'objectif est de déterminer les effets de la flexion et de l'extension du genou et de la cheville sur les excursions, les forces et les moments musculotendineux, donc le plan sagittal considéré est suffisant. Malgré les limitations technologiques et de connaissances, ce modèle a permis de dégager les applications cliniques prometteuses (e.g. paralysie cérébrale) des modèles musculosquelettiques 3D.

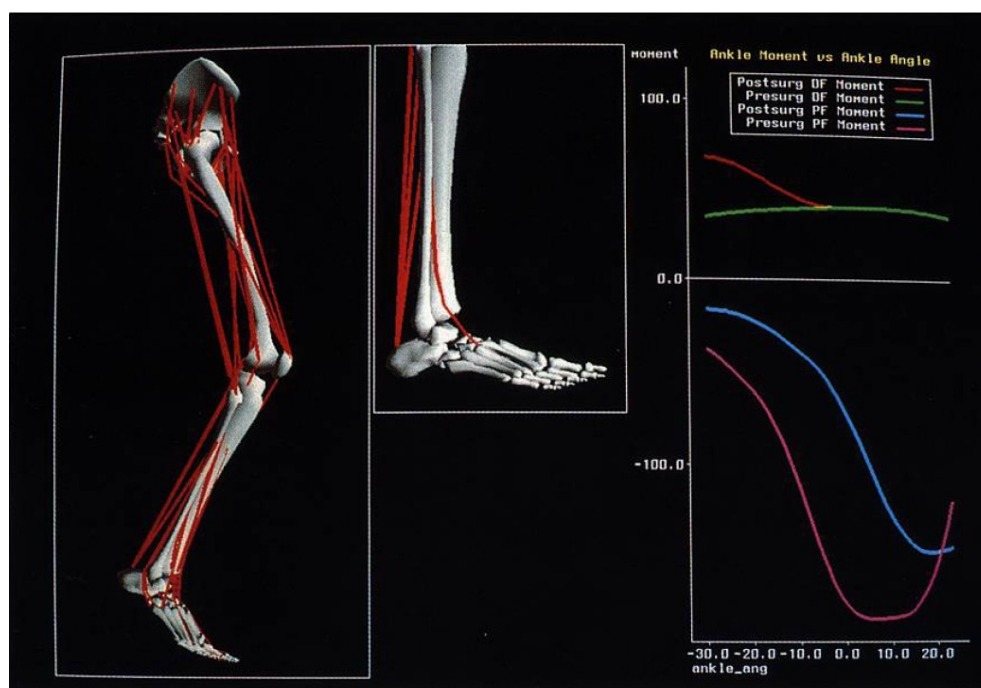


FIGURE 2.24 – Un des premiers modèles personnalisés [54]

Ce modèle a été largement réutilisé pour étudier la marche normale et la marche pathologique.

Application à la marche normale

Anderson et Pandy, 2003 [3] a développé un modèle musculosquelettique des membres inférieurs en utilisant le logiciel SIMM. Un modèle musculosquelettique 3D de 10 segments et 23 degrés de liberté a été développé. Les propriétés inertielles utilisées sont issues de la littérature (McConville et al, 1980) [108]. Ce modèle a permis d'étudier les contributions des muscles pendant la marche normale. Les résultats ont montré que les efforts musculaires de *gluteus maximus*, *vasti*, et *gluteus medius/minimus* postérieur sont importants dans la phase taligrade et digitigrade du contact pied/sol.

Un autre travail qu'on peut citer est celui de Neptune et al, 2004 [117]. Le modèle générique paramétrable a été développé dans SIMM pour étudier le travail mécanique net de la marche normale en montrant l'importance de l'énergie quand le centre de masse se déplace en haut

(Fig. 2.25). Dix sujets ont participé à cette étude. Les signaux EMG musculaires ont été enregistrés pour comparer avec les activations musculaires du modèle développé dans SIMM. Ensuite, l'énergie potentielle des muscles, la puissance mécanique externe, le travail net et la production d'énergie mécanique pour les muscles en phase de double support ont été calculés. Les résultats obtenus ont montré que le travail net musculaire n'est pas estimé à partir de la puissance externe. En plus, ce travail net est le plus grand quand le centre de masse se déplace vers le haut dans la phase de support d'une seule jambe.

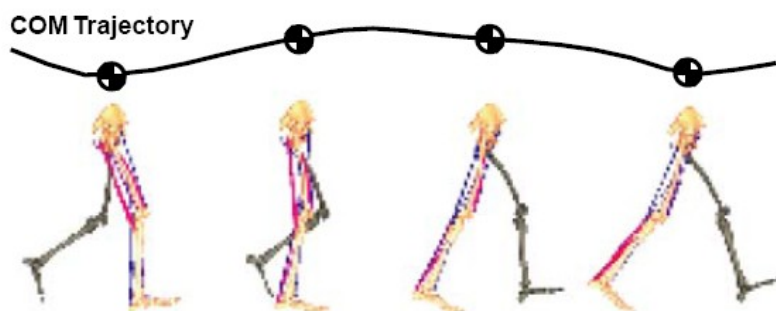


FIGURE 2.25 – Modèle musculosquelettique des membres inférieurs [117]

Arnold et al, 2007 [11] a développé un modèle musculosquelettique des membres inférieurs pour étudier les efforts musculaires pendant la phase de balancement de la marche normale (Fig.2.26). Le modèle standard de SIMM a été paramétré pour l'adapter à la morphologie de 6 sujets âgés de 10 à 14 ans. Les données cinématiques, cinétiques, et les signaux EMG ont été acquis par le système Motion Analysis, les plates-formes de force AMTI. L'influence des efforts musculaires sur le mouvement du genou a été étudiée dans le but de comprendre la diminution de la flexion du genou pendant la phase de balance chez les sujets atteints de paralysie cérébrale.

Fregly et al, 2007 [69] a développé un modèle musculosquelettique en utilisant le logiciel SIMM afin de simuler l'effet de la prothèse osseuse-articulaire sur la marche normale du sujet âgé de 37 ans. Les données cinématiques ont été acquises par le système Motion Analysis. Les forces de réaction ont été mesurées par deux plates-formes de force AMTI. Les données inertielles utilisées sont issues de la littérature (Leva, 1996) [102]. Les résultats obtenus ont montré une réduction des pics (premier et deuxième) des moments articulaires après le traitement clinique (modification de la marche) (Fig. 2.27). Cette étude a suggéré des applications cliniques prometteuses du modèle musculosquelettique dans le cadre d'évaluation des traitements cliniques.

Nazer et al, 2008 [116] a développé un modèle musculosquelettique de la marche en utilisant le logiciel LifeMod. Le modèle standard a été adapté à la morphologie du sujet âgé de 25 ans (Fig. 2.28). Les données cinématiques et cinétiques ont été collectées par un système de mesure du mouvement et une plateforme de force. Les signaux EMG ont été aussi acquis par un système télémétrique. La simulation des déformations via les modes propres du tibia pendant la marche a été effectuée. Les résultats obtenus montrent une performance flexible de la simulation des modèles paramétrables sous LifeMod.

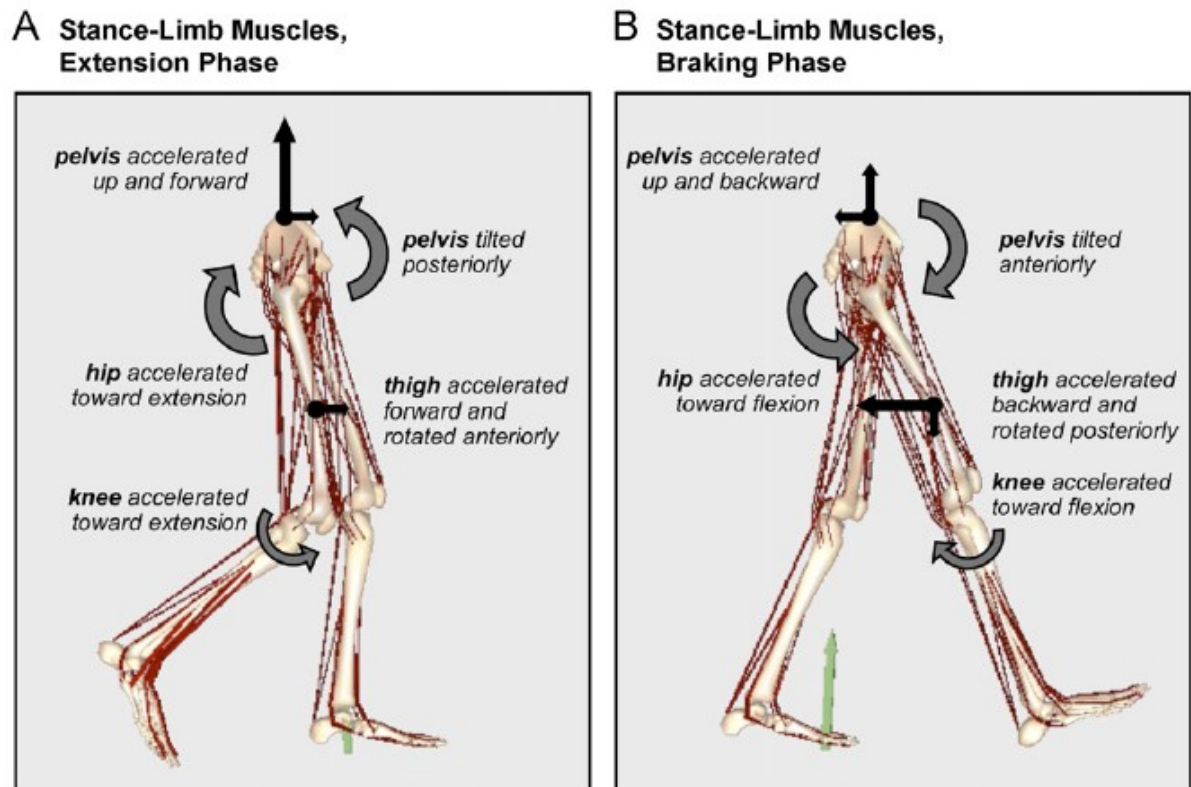


FIGURE 2.26 – Modèle musculosquelettique des membres inférieurs [11]

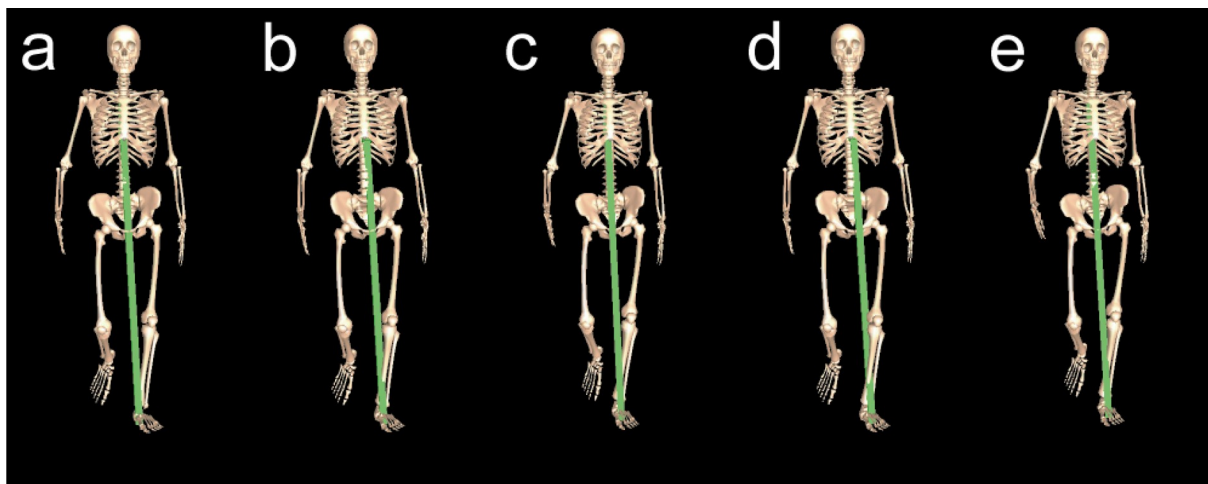


FIGURE 2.27 – Simulation de la marche normale d'un sujet portant une prothèse osseuse-articulaire [69]

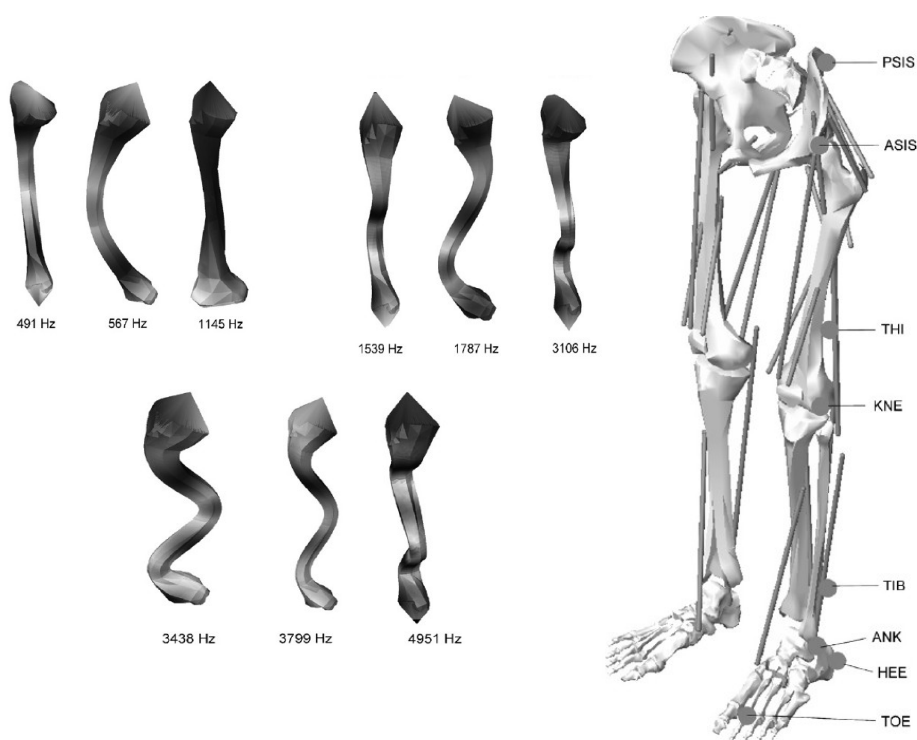


FIGURE 2.28 – Modèle musculosquelettique des membres inférieurs développé en utilisant le logiciel LifeMod et l'étude des modes propres du tibia [116]

Utilisation des modèles musculosquelettiques pour la marche pathologique

Pour étudier la marche pathologique, des modèles personnalisés utilisant des techniques d'imagerie médicale (IRM) ont été effectués. Une des pathologies étudiées concerne la paralysie cérébrale (PC). Cette pathologie est liée à des troubles neurologiques non évolutifs du cerveau survenue dans la période anténatale ou périnatale (par convention avant 2 ans). Ces troubles se traduisent dans une certaine mesure par des lésions au niveau des motoneurones cérébraux gênant ainsi la coordination et la force musculaire. Cela a pour conséquence un trouble du mouvement et de la posture.

Les premiers modèles personnalisés (3D surfacique) ont été réalisés sur trois patients âgés de 7, 14, et 27 ans respectivement. Environ 200 images IRM ont été utilisées pour reconstruire les structures osseuses, et deux muscles (e.g. loge postérieure de la cuisse, adducteurs) Arnold et al, 2000 [4] (Fig. 2.29). Ce modèle a permis d'étudier la contribution de ces deux muscles dans la rotation externe excessive de la hanche chez les patients PC.

Une étude évolutive de ces modèles PC a été effectuée par Arnold et al, 2001 [5]. Quatre patients PC âgés de 7, 14, 14, 27 ont participé à cette étude. La technique d'IRM a été utilisée pour calculer la longueur musculaire-tendineuse de deux muscles (loge postérieure et psoas de la cuisse) de ces quatre patients (Fig. 2.30). Un modèle générique *déformable (paramétrable)* (e.g. structures osseuses déformables) a été développé dans le logiciel SIMM pour estimer la longueur tendineuse-musculaire de la loge postérieure et psoas de la cuisse (Fig. 2.31). La comparaison des longueurs musculaires-tendineuses calculées à partir du modèle générique *déformable (para-*



FIGURE 2.29 – Modèle de la paralysie cérébrale [4]

métrable) et celles issues des images IRM a été réalisée. Une différence de 5 mm et de 3 mm pour la loge postérieure et psoas de la cuisse a été révélée respectivement. Cette étude a permis de valider le modèle générique *déformable (paramétrable)* développé dans le logiciel SIMM afin d'étudier la déformation des structures osseuses des patients PC. Ce modèle a servi de modèle générique PC dans le logiciel SIMM.

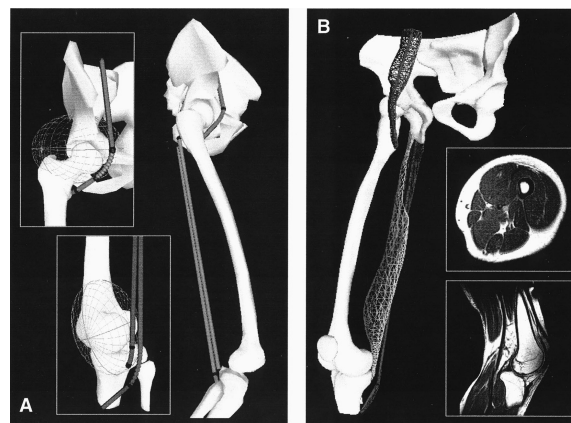


FIGURE 2.30 – Modèle de la paralysie cérébrale [5]

Une fois validé, le modèle générique (*paramétrable*) dans le logiciel SIMM a été utilisé pour déterminer les bras de levier de huit muscles (hamstrings, semimembranosus, semitendinosus, gracilis, adductor brevis, adductor longus, pectineus, adductor magnus) chez les sujets PC (Arnold et Delp, 2001) [6] (Fig. 2.32). Vingt-et-un patients âgés de 7 à 27 ont participé à cette étude. Les données cinématiques expérimentales de ces patients ont été mesurées utilisant le système d'analyse du mouvement VICON. En se basant sur ces données et le modèle générique (*paramétrable*) développé, les angles articulaires (hanche, genou, cheville), les angles d'antéver-

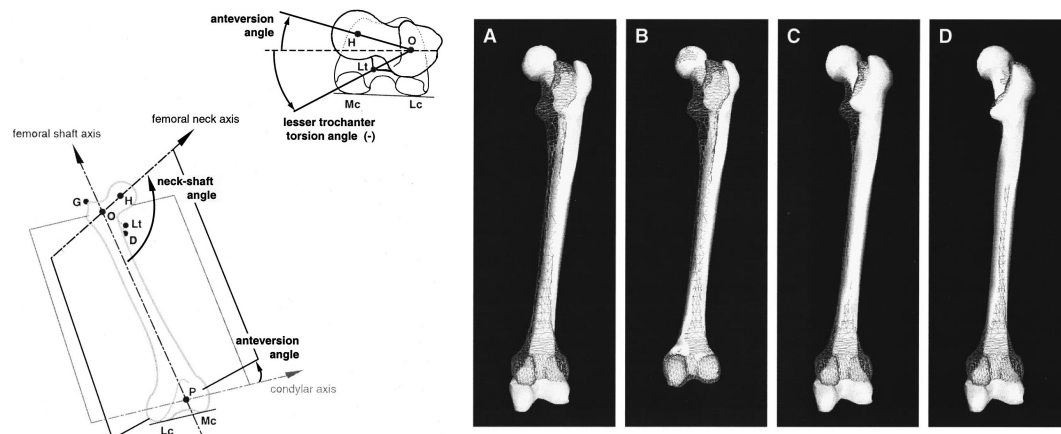


FIGURE 2.31 – Déformation du fémur de la paralysie cérébrale [5]

sion du fémur, et les bras de levier musculaires ont été calculées. Pour valider ces résultats, la technique d'IRM a été utilisée pour calculer les bras de levier de ces muscles. Cette étude a permis d'étudier la variation des bras de levier des muscles (loge postérieure et adducteurs) avec la prise en considération des déformations géométriques du fémur et de la posture du modèle musculosquelettique développé.

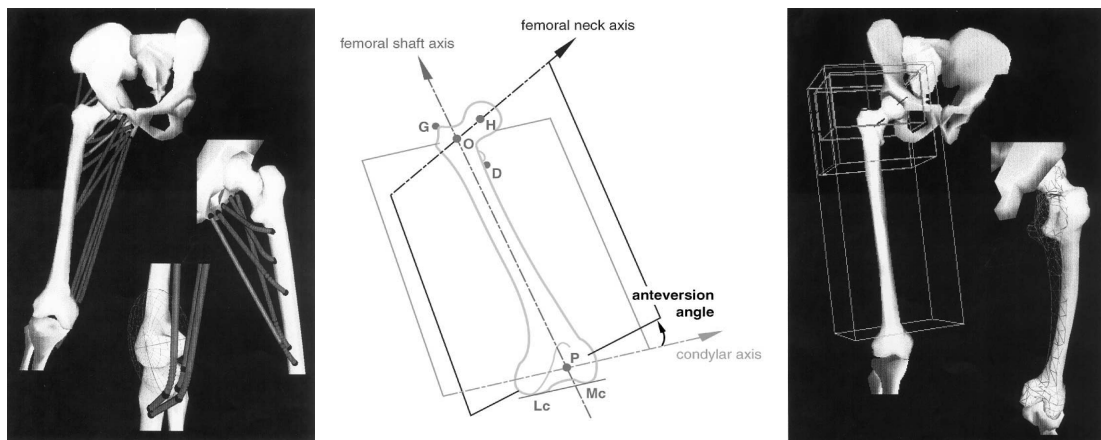


FIGURE 2.32 – Modèle générique déformable de la paralysie cérébrale [6]

Avec les propriétés musculaires (longueur et bras de levier) validées dans les études précédentes, le modèle générique déformable du PC a été utilisé pour évaluer la longueur et la vitesse tendineuse-musculaire après la chirurgie de raccourcissement de la loge postérieure chez les patients PC (Arnold et al, 2006a) [9] (Fig. 2.33). Soixante neuf sujets PC âgés de 6 à 22 ans ont participé à cette étude. Les données cinématiques de la marche ont été mesurées utilisant le système VICON. Les résultats de simulation avant et après la chirurgie ont été présentés afin de distinguer entre les sujets ayant la loge postérieure de la cuisse courte ou spastique et les autres sujets.

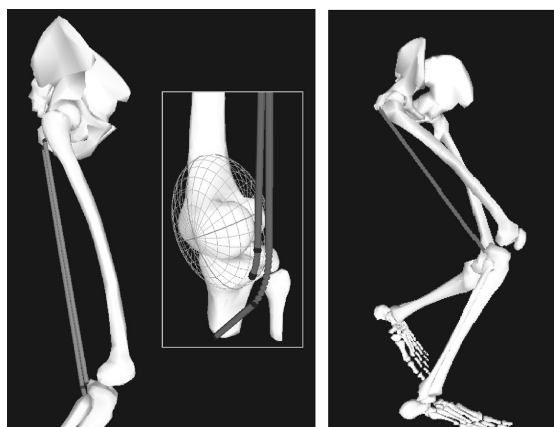


FIGURE 2.33 – Modèle de la paralysie cérébrale [9]

Une étude complémentaire du rôle de la loge postérieure de la cuisse dans l'évaluation et le traitement des patients PC a été effectuée par Arnold et al, 2006b [10]. Cent cinquante deux patients PC ont participé à cette étude. Le modèle générique déformable dans le logiciel SIMM a été utilisé avec les données cinématiques expérimentales de ces patients afin d'évaluer la longueur et la vitesse de la loge postérieure avant et près la chirurgie. Cette étude a confirmé les résultats de l'étude précédente [9] et a permis d'identifier les risques de la chirurgie de l'extension du genou chez certains patients PC (Fig. 2.34).

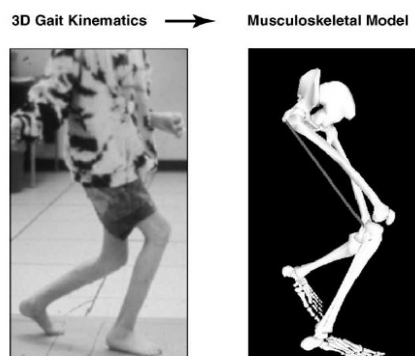


FIGURE 2.34 – Modèle de la paralysie cérébrale [10]

Plus récemment, une étude concernant 316 patients a montré que les postures du sujet PC réduisent les efforts musculaires qui sont générés pour étendre la hanche et le genou pendant la phase d'appui de la marche pathologique (Hicks et al, 2008) [84]. Les données cinématiques expérimentales ont été acquises utilisant le système VICON. Le modèle musculosquelettique (10 segments, 13 degrés de liberté, 92 muscles) utilisé pour modéliser les patients est celui fourni par le logiciel SIMM (Fig. 2.35). La force de réaction a été calculée utilisant un processus d'optimisation (Anderson and Pandy, 2003) [3]. Cette étude a permis d'expliquer les besoins d'augmentation de

l'énergie des patients PC.

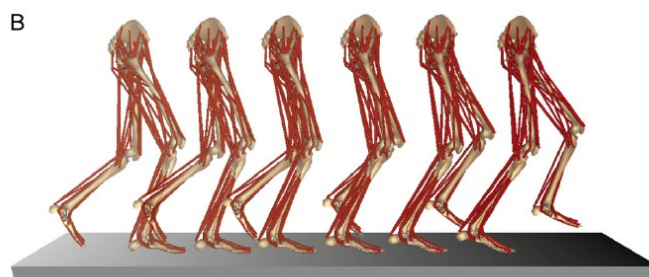


FIGURE 2.35 – Phase d'appui d'un sujet PC [132]

Un autre travail qu'on peut citer est celui de Scheys, et al, 2008 [132]. Les modèles ont été développés pour évaluer les fonctions musculaires par les modèles musculosquelettiques des membres inférieurs. Les modèles personnalisés ont été comparés avec les modèles génériques paramétrés dans le logiciel SIMM. La **technique d'IRM** a été utilisée pour personnaliser les propriétés mécaniques des muscles (e.g. longueur, points d'attachement) d'un sujet âgé de 25 ans (Fig. 2.36). Les auteurs ont proposé l'hypothèse que le calcul de la longueur du bras de levier des muscles du modèle personnalisé est plus exact par rapport aux modèles génériques paramétrés dans SIMM. Les modèles ont été importés dans SIMM pour comparer la longueur du bras de levier des 13 muscles principaux des membres inférieurs, et particulièrement les muscles de la hanche. L'application clinique de cette étude concerne les enfants d'IMC (Infirmité Moteur Cérébral). Les résultats obtenus ont montré que les modèles génériques dans SIMM ont surestimé la longueur du bras de levier des muscles pour la flexion, l'extension, l'abduction, l'adduction, la rotation externe de la hanche. Par contre, ces modèles ont sous-estimé la rotation interne de la hanche. En plus, ce travail a montré une meilleure précision des modèles personnalisés en se basant sur la technique d'imagerie médicale IRM. Les auteurs ont mis l'accent sur le fait que l'application clinique des modèles génériques dans le logiciel SIMM est encore une question à considérer.



FIGURE 2.36 – Coupes d'IRM utilisés pour reconstruire les points d'attachement musculaires [132]

Les tableaux récapitulatifs de tous ces travaux sont illustrés dans Tab. 2.37, 2.38, 2.39.

Auteurs	Objectifs	Matériels et Méthodes	Résultats	Validation
Marin, 2000	Analyser le comportement in vivo cinématique et dynamique 3D de l'articulation fémoro-tibiale	VICON 370, la dynamique inverse, l'optimisation	Force de contact fémoro-tibiale Action mécanique de la cuisse sur la jambe	Validation par l'optimisation
Doriot et Chêze, 2003	Développer un modèle dynamique 3D des membres inférieurs pour étudier la phase d'appui de la marche normale	Motion Analysis, AMTI, EMG, 6 sujets, dynamique inverse, l'optimisation	Bras de levier musculaires et forces musculaires	Forces musculaires vs. EMG
Morais Filho et al, 2006	Analyse de la marche inter observateur	VICON 370, RES4, 50 patients diploïques spastiques	Accord d'analyse entre inter observateurs et 3D cinématique	Pas de validation du modèle développé
Damsgaard et al, 2006	Analyse de la marche normale	VICON, plate forme de force, EMG, 1 sujet	Efforts musculaires	Forces musculaires vs. EMG
Bonnefoy, et al, 2006	Calculer le moment de bras du muscle sur les articulations : genou et cheville	VICON 370, ANOVA, 1 sujet	Déviation d'Euclide standard et moyen des vecteurs du moment de bras Ratio de la variance inter sujet divisée par la variance totale Différence inter opérateurs de l'estimation du moment de bras	Pas de validation du modèle développé

FIGURE 2.37 – Tableau récapitulatif des modèles (2D, 3D) de la dynamique inverse

Auteur	Activité	Modélisation géométrique	Matériels et Méthodes	Modélisation cinématique et dynamique	Optimisation	Application clinique	Validation
Delp et al, 1990 et 1992	Posture	Géométrie (structures osseuses) (digitalisation)	1 sujet	Dynamique inverse et directe	non	Paralysie cérébrale	non
Anderson et Pandy, 2003	Marche normale	Modèle standard (SIMM)	1 sujet, VICON, plate forme de force	Dynamique inverse et directe	Minimisation des efforts musculaires et des forces de réaction	non	non
Neptune et al, 2004	Marche normale	Modèle standard (SIMM)	10 sujets, EMG	Dynamique inverse et directe	Minimisation des efforts musculaires	non	EMG – Efforts musculaires
Arnold et al, 2007	Marche normale	Modèle standard (SIMM)	6 sujets, VICON, plate forme de force, EMG	Dynamique inverse et directe	Minimisation des efforts musculaires	non	non
Fregly et al, 2007	Marche normale	Modèle standard (SIMM)	1 sujet, VICON, plate forme de force	Dynamique inverse et directe	Minimisation des moments articulaires du genou	Prothèse osseuse-articulaire des membres inférieurs	non
Nazer et al, 2008	Marche normale (tibia déformable)	Modèle standard (LifeMod)	1 sujet, COHU High Performance CCD Camera, plate forme de force, EMG	Dynamique inverse et directe	Minimisation des efforts musculaires	non	Force de réaction et EMG

FIGURE 2.38 – Tableau récapitulatif des modèles 3D de la dynamique inverse et directe de la marche normale

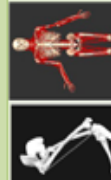
Auteur	Activité	Matériels et Méthodes	Modèle	Validation	Illustration
Arnold et al., 2000	Marche pathologique	3 sujets, VICON, IRM, SIMM	Personnalisation - structures osseuses (3D surfacique) - 2 muscles (loge postérieure, adducteurs)	Non	
Arnold et al., 2001	Marche pathologique	4 sujets, VICON, IRM, SIMM	Personnalisation - structures osseuses (3D surfacique) - 2 muscles (loge postérieure, psoas)	Longueurs musculaires-tendineuses (SIMM vs. IRM)	
Arnold et Delp, 2001	Marche pathologique	21 sujets, VICON, IRM, SIMM	Modèle générique (SIMM) - déformable (structures osseuses) - 8 muscles	Bras de levier musculaires (SIMM vs. IRM)	
Arnold et al., 2006a	Marche pathologique	69 sujets, VICON, SIMM	Modèle générique (SIMM) - déformable (structures osseuses) - 1 muscle (loge postérieure)	Non	
Arnold et al., 2006b	Marche pathologique	152 sujets, VICON, SIMM	Modèle générique (SIMM) - déformable (structures osseuses) - 1 muscle (loge postérieure)	Non	
Hicks et al., 2008	Marche pathologique	316 sujets, VICON, SIMM	Modèle générique (SIMM) - déformable (structures osseuses) - 92 muscles	Non	
Scheyfs et al., 2008	Marche normale et pathologique	1 sujet, SIMM, IRM	Modèle générique (SIMM) - déformable (structures osseuses) - 92 muscles	Normal vs. Pathologique	

FIGURE 2.39 – Tableau récapitulatif des modèles 3D de la dynamique inverse et directe de la marche pathologique

2.4.3 Synthèse

Dans le cadre d'applications cliniques, le temps de calcul, la complexité de développement, la mise en œuvre et la visualisation conviviale des résultats jouent un rôle majeur, il semble que les modèles développés avec les logiciels de modélisation sont des solutions prometteuses. Parmi les logiciels les plus utilisés pour développer les modèles musculosquelettiques des membres inférieurs, trois proposent une solution complète : AnyBody, SIMM, et LifeMod. Une analyse des travaux publiés¹ utilisant ces logiciels est illustrée dans le tableau Tab.2.1.

TABLE 2.1 – Synthèse des publications (articles/conférences) des logiciels de modélisation biomécanique

Logiciel	06/2009	10/2008	2007	2006	2005	2004	<2004	Total
AnyBody	2/1	4/5	5/15	2/10	2/9	0/14	4/30 (1997)	19/84
SIMM	0/0	3/0	4/0	4/0	4/0	2/0	45/2 (1990)	62/2
LifeMod	0/1	1/3	2/11	2/11	0/6	1/0	11/23 (1993)	17/55

Les premiers travaux concernant le développement des logiciels ont été publiés dans les années 90 (SIMM est le premier logiciel publié). Le nombre de publications des auteurs de ces logiciels est plus élevé que les utilisateurs, surtout pour le logiciel SIMM. Concernant les travaux réalisés avec SIMM, les auteurs ont étudié quelques applications cliniques comme les enfants IMC (infirmité moteur cérébral) [4], [11], [7]. Par contre, il y a eu peu d'études des modèles cliniques des membres inférieurs pour AnyBody et LifeMod. Il nous apparaît donc nécessaire **d'effectuer un benchmark comparatif objectif de ces logiciels pour analyser les différentes approches de conception des modèles musculosquelettiques**.

Il est noté que le développement d'un modèle biomécanique (osseux-articulaire ou musculosquelettique) dépend de la modélisation des structures biologiques telles que l'os, le muscle, l'articulation, etc. et leurs lois de comportement. Les paramètres concernés (e.g. propriétés inertielles des segments corporels, géométrie des muscles, rigidité et amortissement des articulations, etc.) de ces structures jouent un rôle important pour évaluer la robustesse des modèles développés en vue de leur utilisation clinique. Pourtant, la plupart des modèles musculosquelettiques développés utilisent les données issues de la littérature. En conséquence, il est important **d'étudier la sensibilité de ces paramètres sur le modèle musculosquelettique**.

Concernant les modèles personnalisés développés pour étudier la marche pathologique, la technique d'imagerie médicale a été utilisée pour personnaliser les paramètres comme suit :

- la géométrie des structures osseuses ;
- la géométrie de certains muscles tels que le muscle de la loge postérieure de la cuisse, les adducteurs ;
- la longueur, le bras de levier et les points d'attachement (origine et insertion) des muscles.

Plusieurs auteurs de l'équipe de recherche de l'Université de Stanford ont développé et amélioré leur modèle pour la paralysie cérébrale (PC) au cours des années. Ceci représente une application clinique des modèles musculosquelettiques pour une pathologie spécifique. Pourtant, il n'y a aucune étude effectuée avec les propriétés inertielles personnalisées à l'aide de la technique d'imagerie médicale. Les données de la littérature telles que les tableaux anthropométriques de Dempster et al, 1967 et de Chandler et al, 1975, de Zatsiosky et al, 1990 ont été utilisées fréquemment dans le développement des modèles musculosquelettiques. D'où l'intérêt de **proposer une**

1. travaux et communications présentés dans la documentation du logiciel

CHAPITRE 2. ÉTUDES BIBLIOGRAPHIQUES

méthodologie de modélisation personnalisée avec la prise en considération des **géométries** des segments corporels et leurs **propriétés inertielles personnalisées**.

2.5 État de l'art du méta-modèle

L'informatique biomédicale est une nouvelle discipline qui a été récemment développée depuis les années 60 [16]. Cette discipline académique s'est basée sur les méthodes, les techniques, et les théories informatiques pour résoudre les problèmes médicaux (Ted Shortliffe, Arizona State University). Le diagramme de synthèse de cette discipline est illustré dans la Fig 2.40. Les recherches appliquées se concentrent sur plusieurs niveaux du corps humain : de la cellule, l'organe, l'individu, à la population avec les pathologies correspondantes (e.g. les cancers, les pathologies cardiaques, et les pathologies orthopédiques pédiatriques respectivement).

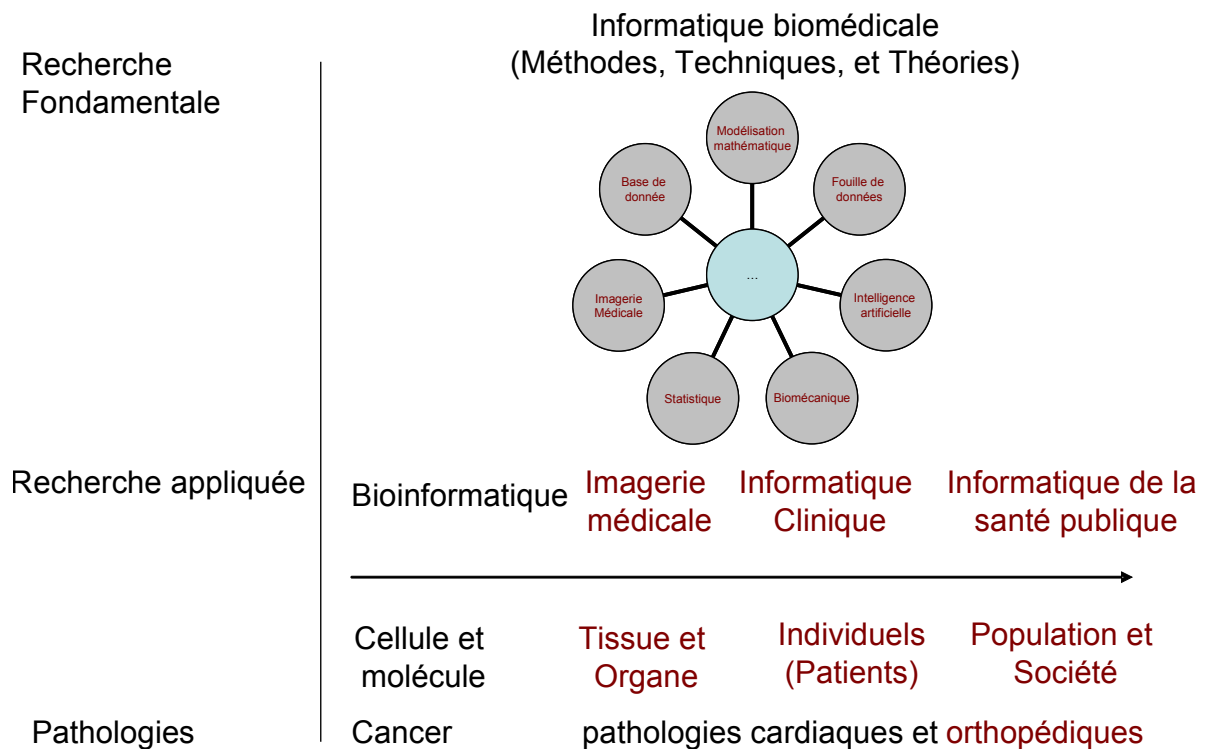


FIGURE 2.40 – Diagramme de synthèse de l'informatique biomédicale (Adapté de Shortliffe, 2006)

Il est rappelé que la modélisation assistée par ordinateur (e.g. modèle biomécanique) est une solution pour comprendre et simuler le système musculosquelettique des membres inférieurs. Due aux limitations de technologie et de connaissance, les hypothèses simplificatrices ont été faites pour pouvoir quantifier les grandeurs physiques en se basant sur les lois de comportement des structures biologiques du corps humain. Malgré le choix rigoureux de ces hypothèses, nous avons constaté que plus il y a des hypothèses faites, moins les modèles sont réalistes [121].

En vue de la recherche pluridisciplinaire actuelle, le système d'aide à la décision assisté par ordinateur est une solution alternative pour modéliser et comprendre les pathologies. Les techniques d'ingénierie de connaissances telles que l'ontologie, la fouille de données, le système expert, le système d'aide à la décision, etc. sont en pleine évolution permettant de développer les modèles de connaissance des pathologies du système musculosquelettique.

L'état de l'art des techniques d'ingénierie de connaissances concernées et du système d'aide à la décision est présenté dans les sous sections suivantes.

2.5.1 Ontologie

L'approche de la *connexion de connaissance* est un besoin nécessaire dans tous les systèmes experts, mais la diversité de la représentation de connaissance est un obstacle pour formaliser les connaissances.

La définition d'une ontologie est [77] : *une ontologie est une spécification explicite d'une conceptualisation d'un domaine*, la *conceptualisation* est également le modèle abstrait des phénomènes réels (Gruber, 1993). Pour faciliter la compréhension en gardant l'idée principale, nous proposons notre définition d'une ontologie comme : *une ontologie est une collection des données et une formalisation des relations entre ces données pour modéliser les connaissances dans un domaine ou une application*. Plus précisément, une ontologie est une description formelle explicite des concepts dans un domaine du discours (classes (appelées parfois concepts)), des propriétés de chaque concept décrivant des caractéristiques et attributs du concept (attributs (appelés parfois rôles ou propriétés)) et des restrictions sur les attributs (facettes (appelées parfois restrictions de rôles)). Une ontologie ainsi que l'ensemble des instances individuelles des classes constituent une base de connaissances.

L'ontologie est apparue comme une bonne solution car elle permet de partager la compréhension commune de la structure de l'information entre les chercheurs [146], [153] et elle permet aussi la réutilisation du savoir sur un domaine dans différents systèmes. Cette approche est aussi appliquée pour raisonner, diagnostiquer ou donner des décisions adéquates [44]. Dans la littérature, les ontologies biomédicales [134] ont été récemment développées, par exemple : le cancer du sein [1], les données de protéines [126], le gène [80].

Dans le développement d'une ontologie, il n'existe pas qu'un seul mode ou qu'une seule méthodologie correcte et universelle. Pourtant, le schéma général des procédures nécessaires est plus ou moins similaire, il nécessite :

1. la définition du domaine de l'ontologie et ses applications envisagées
2. la recherche des ontologies existantes pour la réutilisation éventuelle
3. l'énumération des termes importants de l'ontologie
4. la définition des classes et la hiérarchie des classes
5. la définition des propriétés (attributs) des classes, y compris la cardinalité, le type de valeur, le domaine et le rang d'un attribut
6. la création des instances

Pour construire une ontologie, il y a plusieurs éditeurs de connaissance : Protégé 2000 (Fig. 2.41), Mondeca, ECCO (Editeur Collaboratif et Contextuel d'Ontologies.), DOE (Differential Ontology Editor), etc. Parmi ces éditeurs, la plateforme Protégé 2000 [156] a été utilisée largement dans le domaine médical.

Protégé 2000 est un éditeur d'ontologie *Open Source et gratuit* et aussi une plate-forme pour la base de connaissances. Il supporte deux types de l'éditeur : *Protégé-Frame* et *Protégé-OWL* et il exporte les ontologies sous différents formats flexibles : *RDF(S)*, *OWL*, et *XML Scheme*.

Protégé est basé sur Java, est extensible, et fournit un environnement de *plug-and-play* qui donne une base flexible pour le prototypage et le développement rapide d'application [75]. Protégé

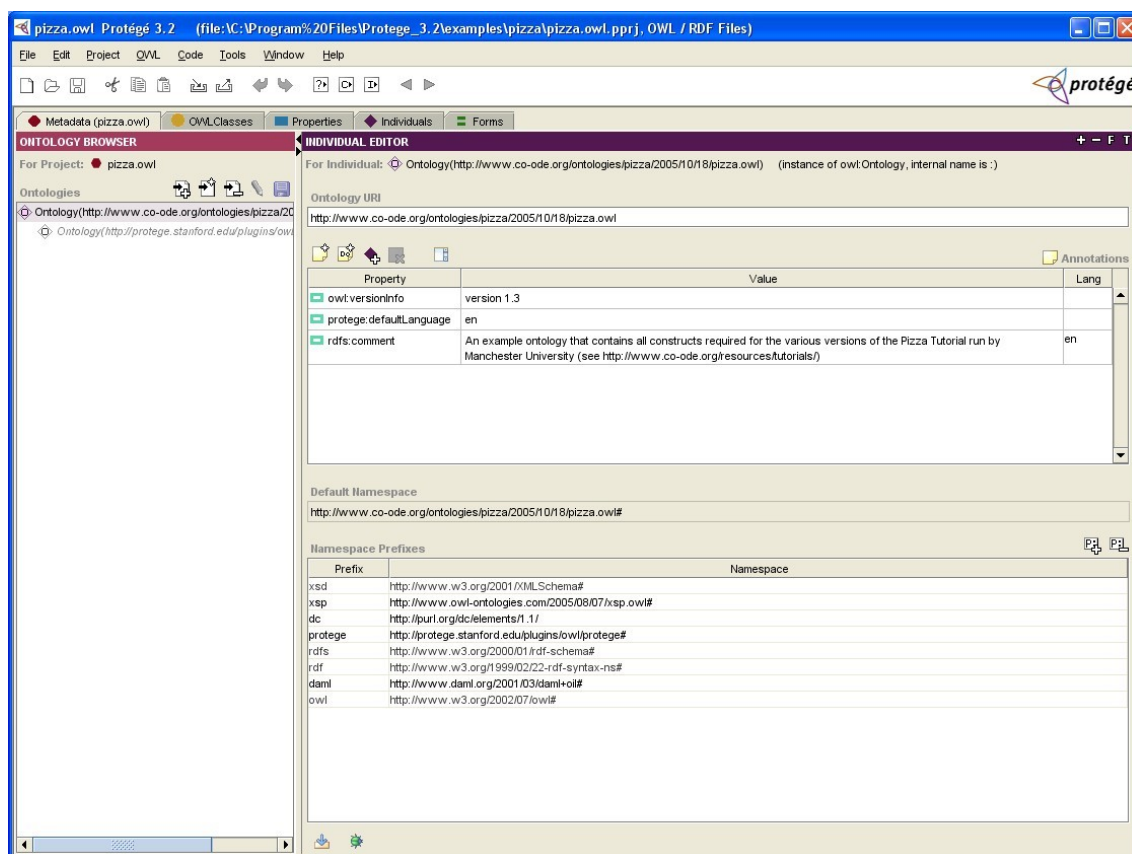


FIGURE 2.41 – Éditeur de l'ontologie Protégé 2000

est soutenu par une grande communauté des développeurs, les universités, les administrateurs et les utilisateurs, qui emploient Protégé pour leurs solutions dans les différents domaines tels que la gestion de connaissance [149], la gestion des forêts [90], l'é-commerce (commerce électronique) [150], l'é-gouvernement (gouvernement électronique) [76].

2.5.2 Fouille de données

La donnée ne constitue pas de la connaissance. Une donnée décrit des exemples ou des événements précis. Elle peut être vérifiée par référence au monde réel. Le détail des observations cliniques du patient illustre ce concept de données. Par contre, une connaissance décrit une catégorie abstraite. Chaque catégorie peut couvrir plusieurs exemples. Des experts sont nécessaires pour recueillir et formaliser la connaissance. L'interprétation des données relatives à un patient peut conduire à le classer comme un patient ou non ; ces deux qualités illustrent ce concept de catégorie abstraite.

La fouille de données, connue sous le terme Data mining en anglais, est un processus ayant pour objet l'extraction d'une connaissance à partir de grandes quantités de données, par des méthodes automatiques ou semi-automatiques. Les résultats obtenus serviront à l'application opérationnelle.

Cette approche d'analyse de données est différente de celle utilisée en statistique. En sta-

tistique, une hypothèse est fixée a priori et les données permettent ou non de la confirmer. Au contraire, la fouille de donnée adopte une démarche sans a priori et essaie de faire émerger, à partir des données brutes, des informations pertinentes, et utiles.

La démarche de gestion des connaissances, y compris la fouille de données, est illustrée dans la figure 2.42.

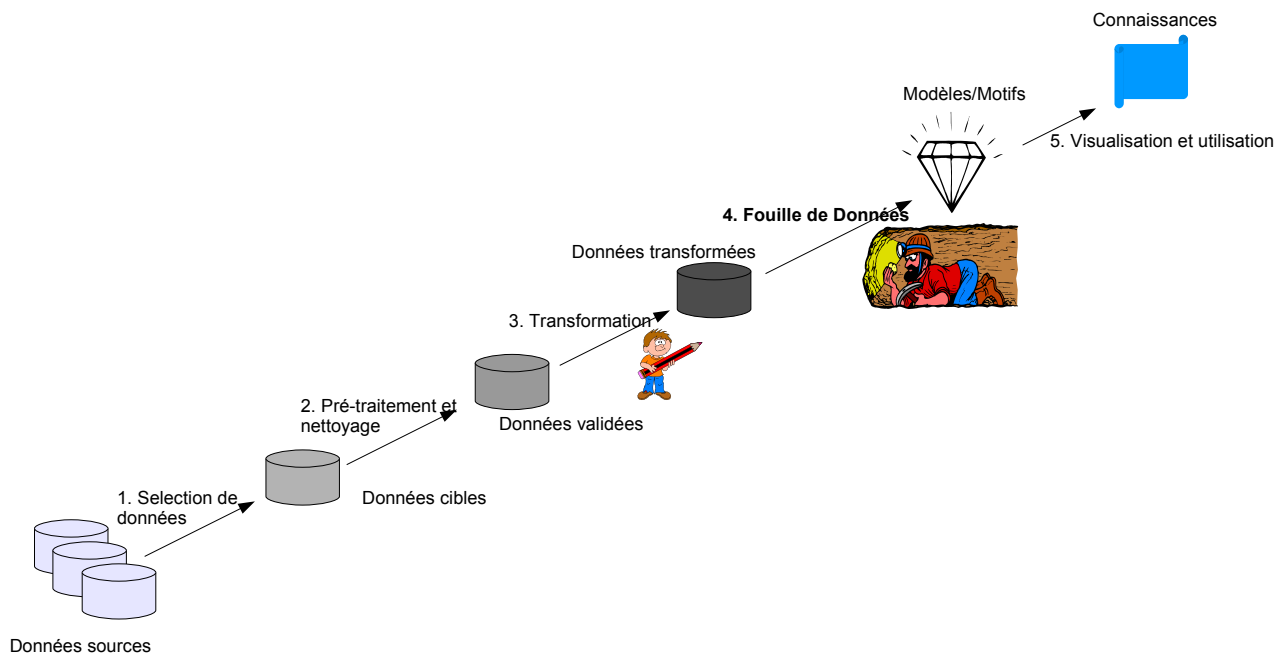


FIGURE 2.42 – La démarche de gestion des connaissances

La décomposition des phases du cycle de transformation des données en connaissances met en évidence les apports de la fouille de données :

1. Phase de sélection des données : cette phase nécessite une compréhension des données et du problème à traiter.
2. Phase de pré-traitement et nettoyage : cette phase nécessite des compétences statistiques pour identifier les données aberrantes et manquantes à nettoyer
3. Phase de transformation : la connaissance du domaine permet de procéder à des regroupements de variable ou de proposer des options pour remplacer les valeurs aberrantes
4. Phase de fouille de données : cette phase permet de mettre en évidence des régularités, des motifs, ou des corrélations des données traitées.
5. Phase de visualisation et d'utilisation : la fouille de données ne remplace jamais l'expertise, mais elle constitue un outil de formalisation et d'amélioration de l'expertise.

Il existe souvent une confusion entre les logiciels/algorithmes de fouille de données et le processus de fouille de données, encore appelé KDD (Knowledge Discovery in Database). Or, les outils ne sont qu'une composante pour transformer des données en connaissances. Ils s'intègrent dans un processus de 8 étapes comme suit [99] :

1. Poser le problème : la formulation du problème, la typologie (affectation ou structuration) du problème, et les résultats attendus doivent être bien définis ;

2. Rechercher des données : la sélection optimale (les attributs les plus aptes) des données est le point essentiel d'un processus de fouille de données. La réduction des dimensions pour éviter le surdimensionnement du problème, qui nuit à la capacité de généralisation ;
3. Choisir les données pertinentes : le choix d'étudier l'exhaustivité de la base de données ou de travailler sur un échantillon doit être pris en compte. Le mode de création de l'échantillon doit être déterminé pour représenter la population choisie ;
4. Nettoyer les données : les valeurs aberrantes, manquantes, nulles et la prévention de la non-qualité des données doivent être prises en compte ;
5. Transformer les variables : la transformation monovariée (unité de mesure, dates en durées, données géographiques en coordonnées), multivariée (le ratio, la fréquence, les tendances, les combinaisons linéaires et non linéaires) ;
6. Rechercher le modèle ou le motif : l'apprentissage des modèles avec les techniques de fouille de données (l'arbre de décision, le réseaux de neurones, les supports vecteurs à vastes marges, etc.) ;
7. Évaluer les résultats : l'évaluation qualitative, quantitative et la validation par le test sont effectuées pour estimer la pertinence des résultats obtenus ;
8. Intégrer les connaissances acquises : le développement des systèmes d'aide à la décision permet de transmettre les résultats des études au domaine opérationnel.

Le diagnostic médical est une des applications prometteuses de la fouille de données. En acquérant une quantité massive des données cliniques, et aucune hypothèse est faite a priori sur ces données, la fouille de données est une bonne solution pour extraire des connaissances implicites et précieuses qui serviront à l'aide au diagnostic ou à la prédiction des nouvelles pathologies.

2.5.3 Système d'aide à la décision

Les systèmes d'aide à la décision font référence à un ensemble varié d'outils informatiques supportant directement ou indirectement la décision, par exemple la décision thérapeutique d'un clinicien. Il y a plusieurs domaines d'application d'un système d'aide à la décision : en gestion des entreprises, en télécommunication, en marketing, en médecine, etc. Nous ne présentons ici que le système d'aide à la décision en médecine.

Dans un contexte médical, il existe toujours des pratiques médicales nécessitant des aides pour prendre la décision :

- l'aide sans raisonnement : l'accessibilité aux dossiers, aux résultats d'examens
- l'aide avec raisonnement : aide pour une décision pour un patient donné. Il s'agit d'appliquer des connaissances médicales au problème médical spécifique du patient concerné en proposant la meilleure solution coût/efficacité

Par exemple : pour diagnostiquer et traiter une pathologie du système musculo-squelettique, le clinicien, grâce à ses expertises, donne un diagnostic basé sur les données du patient, par exemple : l'imagerie, les mesures cliniques, etc.

Les systèmes d'aide à la décision permettent de mieux apprécier l'état du patient afin d'établir une décision diagnostique ou pronostique. Ils visent à diminuer l'incertitude sur la situation du patient. Ces systèmes cherchent à proposer une meilleure stratégie de traitement clinique.

Il y a trois modes d'intervention des systèmes d'aide à la décision : le mode passif, semi-actif et actif :

- le mode passif est le cas général, l'utilisateur fournit des informations sur l'état du patient et en retour il reçoit un conseil diagnostique ;
- le mode semi-actif concerne des systèmes de rappel automatique qui supervisent l'attitude de l'utilisateur. Ils permettent d'éviter des investigations redondantes, des erreurs de prescriptions. Ils assurent le respect des protocoles. Les systèmes d'alarme permettent d'attirer l'attention sur un changement de la situation du patient : signaler des valeurs biologiques anormales, modification anormale d'un paramètre physiologique ;
- le mode actif concerne des systèmes qui se déclenchent automatiquement et peuvent prendre des décisions sans intervention du praticien exemple : contrôle automatique d'une perfusion, contrôle des paramètres d'un ventilateur.

La nature des connaissances est nécessaire pour le développement d'un système d'aide à la décision. Nous distinguons :

- les faits d'observation qui seront soumis au système pour réaliser des inférences ;
- les connaissances académiques (le savoir) contenu dans les cours, les livres ;
- l'expérience : conduite pratique, savoir faire.

Les modèles de connaissances sont le noyau d'un système d'aide à la décision. Il en existe plusieurs types : les modèles mathématiques (implantés à l'aide d'algorithmes), les modèles statistiques (méthodes de classification multifactorielles en particulier l'analyse discriminante), les modèles probabilistes (théorème de Bayes et la théorie de la décision), les systèmes à base de connaissances, etc. Le système à base de connaissances est composé d' :

- une base de connaissances exprimées souvent sous la forme de règles de production ;
- une base de faits correspondant initialement aux données du patient progressivement enrichies des déductions établies par le système ;
- un moteur d'inférence utilisant les données de la base de connaissances pour déduire de nouveaux faits.

Les systèmes experts ont été étudiés depuis les années 70. La première génération est apparue avec le système MYCIN [140] qui a été considéré comme un des premiers systèmes experts. Après sa naissance, plusieurs applications dans le domaine médical ont été développées [39], [65], [20]. Mais ces systèmes n'ont pas trouvé leurs succès car ce sont des boîtes noires. Le diagnostic a été fait sans ou avec peu d'explications des chemins de raisonnement des causes pathologiques pour arriver au diagnostic. Un autre point faible de cette génération est que l'interface entre le système, les experts, et les patients n'est pas convivial ce qui a empêché son succès dans le contexte clinique.

La deuxième génération de systèmes experts est apparue avec plusieurs noms : système à base de connaissances, système d'aide à la décision, système d'aide au diagnostic, etc. Ces systèmes ont pris l'inter-activité entre le système et les utilisateurs (les experts, les patients) en considération. L'interface utilisateur est soigneusement développée. L'explication des chemins de diagnostic a été mis en lumière à travers un processus d'aide des experts dans leurs décisions ou diagnostics médicaux. Dans cette génération, il y avait plusieurs applications, mais chaque système a été développé avec des connaissances limitées ou dédiées à une fonctionnalité particulière dans un diagnostic, par exemple : la mammographie [37], le traitement d'image [122], la pathologie de la corde vocale [160], l'otologie [100], la sclérose en plaques (SEP) [74]. Une autre limitation de ces systèmes est qu'ils ne tenaient pas compte du traitement à réaliser après diagnostic, le traitement (la chirurgie ou la réhabilitation) et le suivi du traitement.

La technologie informatique est sans cesse en progression (e.g. puissance de calcul) depuis l'apparition des premiers ordinateurs. Les systèmes experts consultables via le Web ont été largement appliqués [114]. Les technologies de développement des logiciels comme J2EE et le squelette du système expert (Expert System Shell) ont été largement appliquées dans le contexte médical [152]. Cela a ouvert une nouvelle porte pour construire les systèmes experts en ligne et ils fournissent la capacité de développement à la fois du diagnostic (la décision), du traitement (la chirurgie ou la réhabilitation), et du suivi.

2.5.4 Synthèse

La fouille de données sert à faire émerger des connaissances pertinentes et utiles. L'ontologie sert à synthétiser et intégrer des connaissances. Une combinaison entre l'ontologie et la fouille de données est le noyau d'un système d'aide à la décision médicale. L'utilisation de l'ontologie dans un processus de diagnostic est une nouvelle piste de recherche, citons également le travail de Daniel et al, 2006 [44] où l'ontologie a été utilisée pour étudier la pénétration des blessures chez l'homme. Cette application a montré une nouvelle approche de prédiction. Pourtant, il manque une preuve mathématique plus précise pour raisonner sur les connaissances. Donc, **nous avons proposé d'appliquer des méthodes de fouille de données pour construire un chemin de diagnostic mathématiquement prouvé.**

2.6 Remarque générale des deux approches de modélisation

Les modèles biomécaniques sont encore en progression. Actuellement, il y a peu d'applications cliniques dues aux limitations de la technologie et des connaissances. Le développement d'un modèle musculosquelettique dépend du choix important du logiciel approprié. Il est noté qu'il y a plusieurs niveaux expérimentaux d'erreur à considérer pour mieux décrire le comportement mécanique des structures biologiques du corps humain. Une approche de modélisation personnalisée est nécessaire pour mieux représenter le comportement mécanique du corps humain pendant son mouvement. Comme exemple d'application clinique, la pathologie Polio est étudiée pour évaluer la méthodologie de modélisation personnalisée.

En parallèle, un méta modèle (i.e défini comme un modèle abstrait de connaissance ou un système d'aide à la décision) peut être une solution alternative afin d'évaluer et d'orienter un traitement clinique des pathologies du système musculosquelettique. Le développement de ce méta modèle est basé sur les modèles statistiques prédictifs avec prise en considération des diversités (e.g. une quantité importante des patients) et de la pathologie dans le diagnostic. Ce méta modèle ne nécessite pas de choix importants pour les outils de développement. De plus, leur utilisation est plus *directe* par rapport au modèle biomécanique.

Chapitre 3

Modèle Biomécanique

Ce chapitre présente le modèle biomécanique, la première approche utilisée pour modéliser le corps humain pendant son mouvement. Dans un premier temps, un benchmark comparatif des logiciels de modélisation biomécanique (AnyBody, SIMM, LifeMOD) a été effectué pour choisir le logiciel le plus approprié à nos objectifs. Avant d'aborder les modèles musculosquelettiques, il sera nécessaire de formuler les hypothèses de travail. Puis, la stratégie de modélisation personnalisée d'un modèle biomécanique est abordée. Une étude de la sensibilité des paramètres de modélisation du modèle musculosquelettique développé est présentée. Comme exemple d'application clinique, le développement du modèle personnalisé du sujet Polio est présenté. Concernant la discussion, une étude quantitative comparative des forces musculaires des membres inférieurs calculées à partir des études expérimentales et des analyses dynamiques inverses est présentée, suivie de remarques générales sur le modèle biomécanique proprement dit. Finalement, les perspectives du modèle biomécanique en vue de leur utilisation clinique sont abordées.

Nous commençons par la présentation du benchmark des logiciels de modélisation biomécanique dans la section suivante.

3.1 Benchmark comparatif des logiciels de modélisation biomécanique

Afin de modéliser et simuler le modèle cinématique et dynamique personnalisé en 3D du système musculosquelettique des membres inférieurs, plusieurs logiciels ont été développés dans la littérature : AnyBody, LifeMod, SIMM, BodyMech, HuMANS, OpenSIMM, etc. Une comparaison objective de ces logiciels a été faite et présentée dans la section suivante. Les critères comparatifs sont : la généralité (nature, domaines d'application), les éléments constitutifs du modèle musculosquelettique, la prise en compte de données mesurées (cinématique, EMG, plateau de force) et les limites de modélisation.

3.1.1 AnyBody

Généralité

AnyBody (Fig. 3.1) est un simulateur de mouvement utilisé par une grande communauté de scientifiques et de développeurs en Europe (la société AnyBody Technology est au Danemark).

Il est commercialisé. AnyBody est un simulateur convivial. Les domaines d'application de l'AnyBody sont vastes et divers, non seulement la modélisation des activités quotidiennes du corps humain, mais on peut aussi modéliser des problèmes sportifs, ergonomiques, aéronautiques, etc.

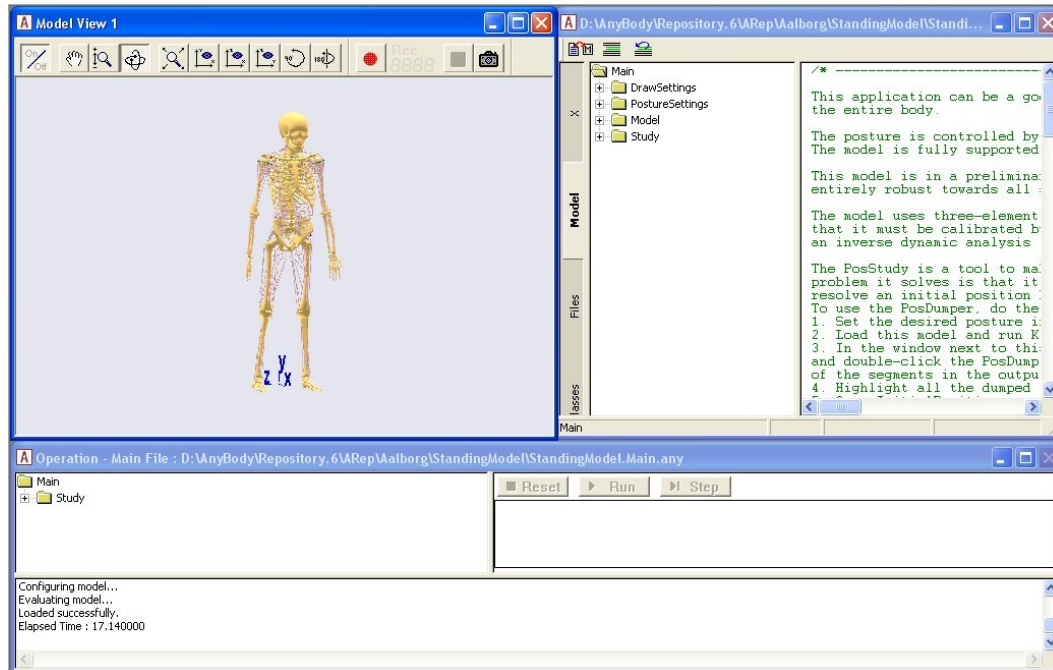


FIGURE 3.1 – Simulateur du mouvement AnyBody

Éléments constitutifs du modèle musculosquelettique

Il est facile de définir un modèle biomécanique par un processus bien défini. Les structures biologiques et leurs relations comportementales sont définies par l'AnyScript (même syntaxe que Java, C++), un langage orienté objet dédié à AnyBody. La hiérarchie des classes nous permet de gérer facilement le modèle. Une fois le modèle généré, il peut être modifié pour s'adapter au sujet spécifique. Toutes les modifications s'effectuent par l'AnyScript. Pour la modélisation du muscle, AnyBody fournit diverses méthodes de constructions et ces méthodes sont issues des données de la littérature.

Prise en compte de données mesurées

AnyBody fournit une simulation dynamique inverse. Les données des positions des segments corporels du modèle et les forces externes (la gravité, les forces de réaction) sont utilisées pour déterminer les activations musculaires et les paramètres cinématiques et cinétiques. Le changement des couleurs des muscles nous signale leur activation. Les données des positions sont entrées par l'AnyScript. AnyBody supporte aussi le format c3d. Ce format permet d'exporter les données quantitatives à partir des acquisitions de l'AQM (Analyse Quantifiée de la Marche) afin de les exploiter selon l'objectif précis de chaque étude.

Limites

En ce qui concerne les inconvénients de ce simulateur, le développement des algorithmes pour manipuler les modèles est limité, la simulation en temps réel (i.e. le connecter directement avec un système de mouvement, par exemple Motion Analysis) n'est pas possible. Dans la version actuelle, AnyBody ne supporte pas la dynamique directe.

3.1.2 SIMM

Généralité

SIMM (Software for Interactive Musculoskeletal Modeling) est un simulateur graphique pour développer et analyser des modèles musculo-squelettiques (Fig. 3.2). Il est développé par la société MusculoGraphics Inc aux États-Unis. Il est commercialisé et il existe beaucoup de modules complémentaires sur divers études biomécaniques. Les buts de design sont : général, réaliste, interactif, et extensible. Une version gratuite et Open Source de ce logiciel a vu le jour en 2007 sous le nom de OpenSIMM. SIMM fonctionne bien avec le système Motion Analysis car il est produit par cette société. L'application de ce simulateur a principalement pour but de modéliser le corps humain, c'est la raison pour laquelle, les éléments concernant le corps humain sont bien définis et modélisés afin de rendre les modèles construits plus réalistes.

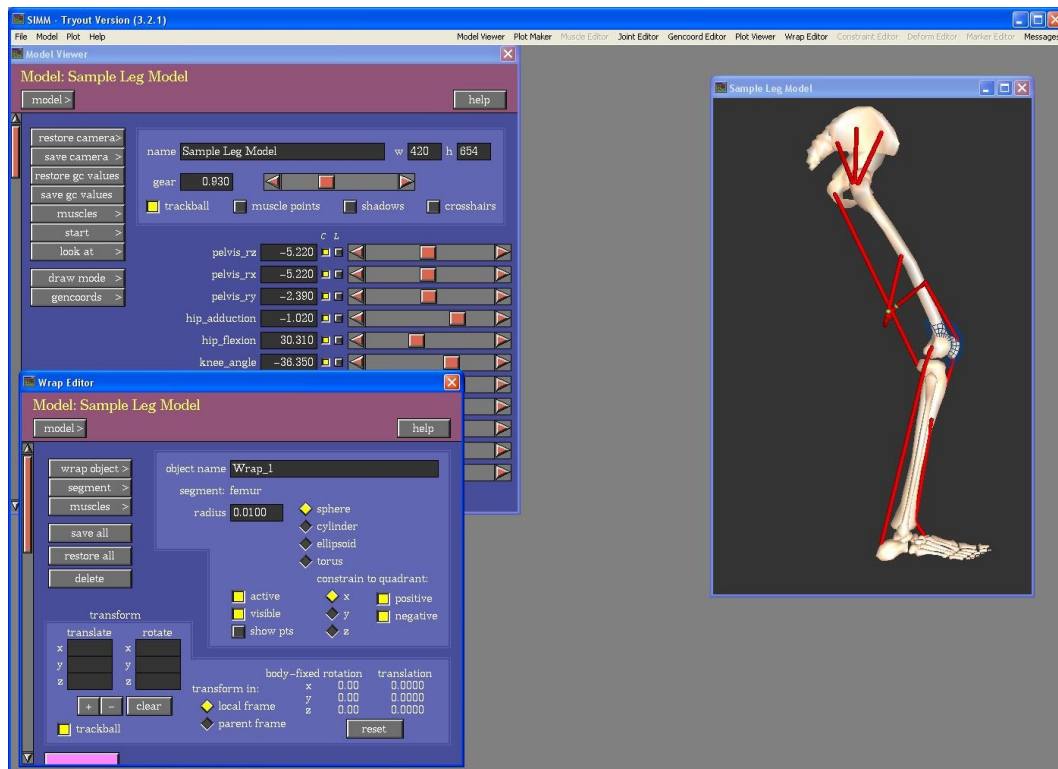


FIGURE 3.2 – Simulateur du mouvement SIMM

Éléments constitutifs du modèle musculosquelettique

Dans SIMM, le modèle musculo-squelettique se compose des os, des muscles, des ligaments, et d'autres structures. Les muscles enjambent les articulations et développent la force, de ce fait produisant des moments sur des articulations. SIMM fournit une méthode de définition d'un modèle via les fichiers d'entrées prédéterminés. La création des structures biologiques et des lois de comportement (os, articulations, muscles, tendons, ligaments, mouvement, fonctions cinématiques, et d'autres éléments) s'effectue par les fichiers. Une fois le modèle activé, plusieurs fonctions disponibles nous permettent d'analyser et de modifier les paramètres du modèle via les interfaces graphiques (OpenSIMM ne supporte pas ces avantages). Les éditeurs des segments, des muscles, des articulations, des coordonnées, des contraintes sont aussi intégrés pour adapter le modèle au sujet spécifique. Un éditeur de déformation nous permet de modifier les parties osseuses du modèles (déformée, pliée ou tordue).

Prise en compte des données mesurées

SIMM permet de simuler un modèle musculo-squelettique en calculant les moments que chaque muscle peut produire à n'importe quelle position de corps. En utilisant l'interface graphique, l'utilisateur peut rapidement explorer les effets du changement de la géométrie musculo-squelettique et d'autres paramètres du modèle comme les forces de muscle et les moments communs.

Il y a plusieurs modules complémentaires, les plus utilisés sont les suivants :

- Dynamics Pipeline : relie SIMM à SD/FAST (Symbolic Dynamics, Mountain View, CA) pour simuler la dynamique du corps rigide. Cet outil permet d'effectuer des simulations de dynamique directe et inverse sur les modèles musculo-squelettiques ;
- Real Time Motion Module : importe des données de mouvement du système Motion Analysis et permet de manipuler le modèle développé en temps-réel ;
- C3D Module : une composante facultative à SIMM qui a été développée pour visualiser des résultats d'analyse de la marche. Cette composante est spécifiquement conçue pour lire des données au format C3D et créer une animation tridimensionnelle visualisant le mouvement du corps, de l'activité de muscle, et de la force de réaction. Elle est utilisée par plusieurs laboratoires d'analyse de mouvement pour interpréter des données d'analyse de la marche et pour communiquer des résultats ;
- FIT (Forward Inverse Dynamics Tool) Module : permet d'effectuer des simulations de dynamique directe et inverse sur les modèles musculo-squelettiques, sans programmer. En combinant avec Real Time Motion Module, FIT est un outil puissant pour exécuter des analyses dynamiques du mouvement ;
- Full Body Model : est un modèle musculo-squelettique d'un adulte. Il contient 86 degrés de liberté, de 117 articulations, et 344 déclencheurs de muscle-tendon. Ce modèle est une excellente ressource pour qui veut exécuter une analyse musculo-squelettique de n'importe quelle partie du corps humain ;
- Generic Knee Model : Ce modèle est un modèle anatomique et cinématique de haute résolution du genou dérivé des modèles osseux plastiques, des données IRM et conçu spécifiquement pour des utilisateurs de SIMM.

Limites

En ce qui concerne les inconvénients de ce simulateur, on peut considérer la complexité pour créer les fichiers d'entrée concernant des fonctions cinématiques car on doit calculer la forme des déplacements, préciser les coordonnées exactes des points puis les mettre dans ces fichiers manuellement si on ne possède pas un système Motion Analysis.

3.1.3 LifeMod

Généralité

LifeMOD est développé par Biomechanics Research Group aux États-Unis en coopération avec plusieurs sociétés orthopédiques, cliniques, et instituts de recherche. Il est un plugin d'ADAMS (Automatic Dynamic Analysis of Mechanical Systems) (Fig. 3.3). Il est commercialisé. Les applications de ce logiciel sont des activités quotidiennes (la marche, la danse), des sports (le golf, le tennis), des études cliniques (la machine à rééducation, les orthèses de la hanche, du genou), etc.

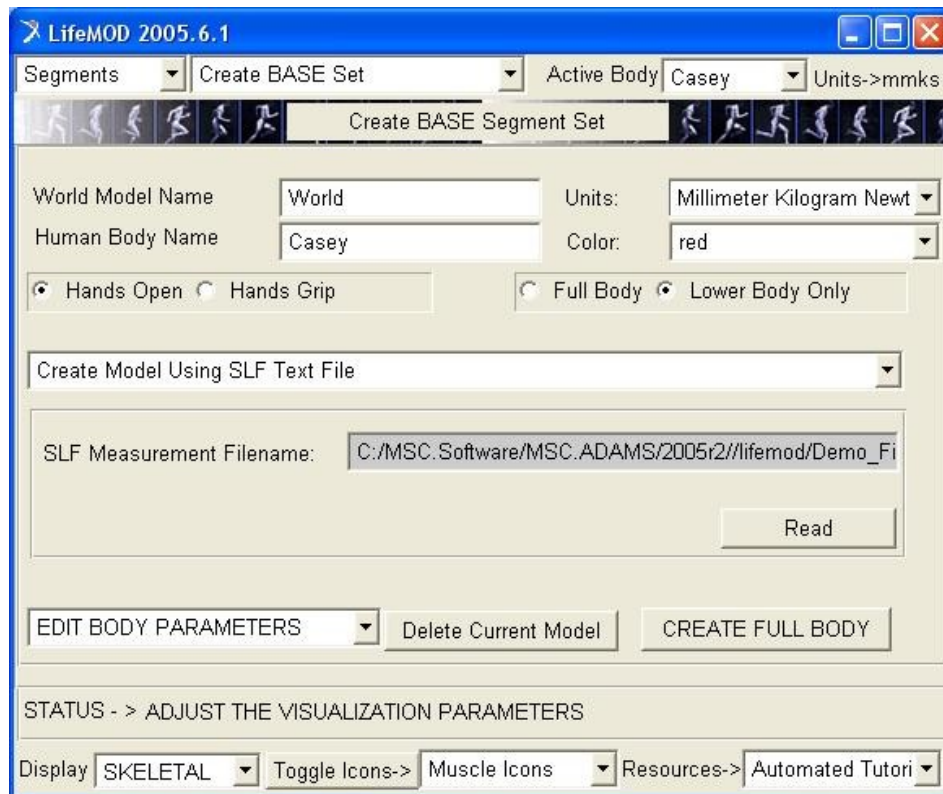


FIGURE 3.3 – Simulateur du mouvement LifeMOD

Éléments constitutifs du modèle musculosquelettique

LifeMod fournit une base riche de modèles paramétrables. Les structures biologiques et leurs relations comportementales sont créées par une interface graphique. La personnalisation des géométries osseuses est possible avec les données aux différents formats : IGES, STL, SHL, etc. Les paramètres d'entrée (les masses corporelles, les données inertielles, les propriétés musculaires, etc.) peuvent être personnalisés pour s'adapter au sujet spécifique.

Prise en compte de données mesurées

LifeMod supporte les simulations de dynamique inverse et directe. Une fois le modèle créé, les données cinématiques doivent être importées pour contrôler le modèle. Les muscles et les angles articulaires sont activés pendant la dynamique inverse. Le calcul des paramètres cinématiques (e.g. les angles articulaires), cinétiques (e.g. les moments intersegmentaires, les forces de réaction) est réalisé pendant le calcul de dynamique directe.

Limites

Concernant les points négatifs de ce simulateur, la mémoire de travail n'est pas suffisante pour supporter les gros fichiers de géométrie ($> 25Mo$). Un autre élément est que le calcul disponible de la masse, des moments d'inertie, des positions du centre de masse ne peut être réalisé que pour des géométries élémentaires (cube, sphère, plaque, etc.). Les erreurs sont difficiles à déboguer (corriger).

3.1.4 Synthèse des logiciels étudiés

La personnalisation des géométries osseuses dans SIMM et LifeMod est meilleure par rapport à l'AnyBody. Plusieurs formats standards nous permettent d'importer facilement des structures biologiques personnalisées construites à partir des images médicales (IRM, CT Scan). Les interfaces graphiques de SIMM facilitent un développement rapide d'un modèle et aussi son analyse du mouvement. Par contre, il semble que AnyBody nous permette de manipuler facilement des modèles développés grâce à l'AnyScript. Ce langage de programmation est facile à utiliser et il produit une meilleure simulation par rapport aux autres logiciels. Pourtant, AnyBody ne supporte pas actuellement la dynamique directe. Le modèle simulé avec l'AnyBody est assez stable par rapport aux autres logiciels car le problème d'optimisation des paramètres fonctionne bien et est facile à manipuler.

En ce qui concerne LifeMod, l'interaction avec l'environnement de développement ADAMS **permet de personnaliser les propriétés mécaniques des structures biologiques**. Cette caractéristique importante rend LifeMod **plus flexible, plus ouvert** par rapport aux autres logiciels. C'est la raison pour laquelle, **LifeMod a été choisi** pour développer les modèles biomécaniques dans le cadre de ma thèse.

Une fois le logiciel LifeMod sélectionné, les hypothèses imposées par l'utilisation des structures et des algorithmes du logiciel LifeMod sont présentées dans la section suivante.

Nom	Type	Caractéristiques
BodyMech (Jaap Harlaar - Nederland)	Toolbox (Matlab) Open Source	Simuler le mouvement en 2D, dynamique inverse, simple, moins convivial, moins réaliste, pas de simulation en temps-réel, pas de caractéristiques du muscle.
HuMAnS (P-B. Wieber - France)	Outil (Scilab) Open Source	Modélisation cinématique, cinétique et dynamique Recherche robotique, moins convivial, n'intègre pas les caractéristiques du muscle.
AnyBody (AnyBody Technology - Denmark)	Logiciel Commercial	Simuler les applications biomécaniques en 3D, manipulation avec le langage AnyScript, impossible d'écrire des algorithmes, ne pas simuler en temps réel, intégrer les caractéristiques du muscle (Hill et Huxley), convivial, facilité de manipulation.
SIMM (MusculoGraphics -US)	Plate-forme Commerciale	Simuler le mouvement du corps humain en 3D, manipulation avec les fichiers d'entrées, ne pas pouvoir écrire des algorithmes, simuler en temps réel, intégrer les caractéristiques du muscle (A.V Hill), convivial, facilité de manipulation.
LifeMod (BRG - US)	Logiciel Commercial	Outil intégré à ADAM modèle paramétré et personnalisé en 3D ne pas pouvoir écrire des algorithmes, intégrer les caractéristiques du muscle (A.V Hill), système de calcul puissant intégré dans ADAMS , convivial, facilité de manipulation, ne pas simuler en temps réel.

TABLE 3.1 – Synthèses sur les logiciels de modélisation biomécanique

3.2 Hypothèses de modélisation

Des hypothèses sont nécessairement faites sur les composantes de contrôle du mouvement (Fig.3.4) pour pouvoir développer le modèle musculosquelettique. Ces composantes comportent le système nerveux central, le système nerveux périphérique, les segments corporels, les articulations, les muscles, les données cinématiques, et les forces externes.

La première hypothèse (H1) concerne les systèmes nerveux. Les systèmes nerveux centraux et périphériques ne sont pas modélisés, nous supposons que le mouvement est activé puis exécuté en continu. C'est-à-dire que le mouvement est effectué automatiquement sans le contrôle des systèmes nerveux.

La deuxième hypothèse (H2) concerne les segments corporels. Ils sont considérés comme des corps rigides indéformables sous des mises en charge. Cette hypothèse nous permet d'appliquer la mécanique des corps rigides par les équations de Newton-Euler. Comme les segments corporels sont rigides, leur centre de masse ainsi que leur moment d'inertie ne changent pas au cours du mouvement.

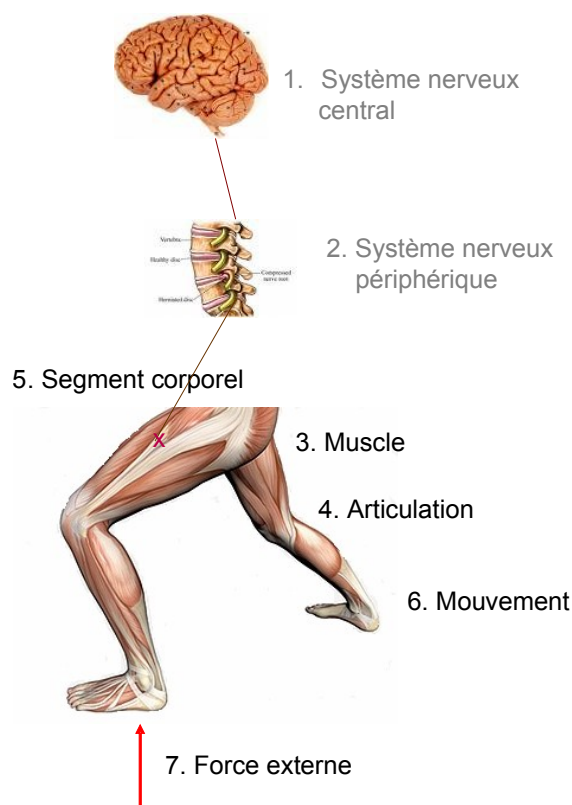


FIGURE 3.4 – Les composantes du contrôle de l'analyse du mouvement

La troisième hypothèse (H3) concerne la distribution de la masse corporelle. Nous supposons que la masse corporelle se concentre sur le centre de masse.

La quatrième hypothèse (H4) aborde les artefacts des tissus mous. Nous supposons que le mouvement des masses molles (peau et muscles) est négligeable et n'affecte pas les propriétés inertielles au cours de la réalisation du mouvement.

La cinquième hypothèse (H5) concerne les articulations qui sont définies avec des lois de comportement visco-élastiques sur les axes privilégiés anatomiques de l'articulation. De plus, ces axes sont fixés, donc les translations d'un os sur l'autre (genou) sont aussi négligeables. L'action mécanique des ligaments est incluse dans la loi de comportement.

La sixième hypothèse (H6) concerne les actions musculaires. Nous supposons que l'action musculaire est due à un seul groupe de muscles. C'est-à-dire qu'il n'y a pas de muscles antagonistes qui s'opposent au mouvement créé par les agonistes.

Ces nombreuses hypothèses faites, le modèle biomécanique développé permet d'estimer les forces articulaires et les moments musculaires qui ne peuvent pas être mesurés directement sur le corps humain *in vivo*. De plus, ces hypothèses bien que simplificatrices ont leur domaine d'application pour des mouvements sans grande variation de l'accélération [105].

Dans la suite, la méthodologie de modélisation personnalisée est présentée.

3.3 Méthodologie de modélisation personnalisée

Le scénario de modélisation personnalisée d'un modèle biomécanique du corps rigide est illustré dans la figure 3.5. La personnalisation s'effectue au niveau des segments corporels et des muscles (la longueur).

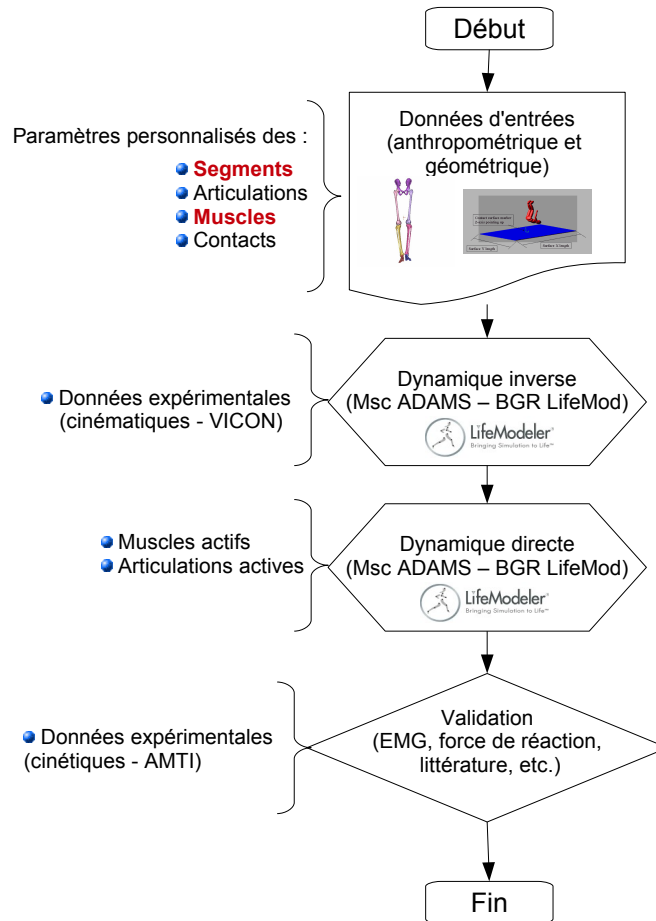


FIGURE 3.5 – Scénario de développement d'un modèle biomécanique personnalisé

Tout d'abord, la modélisation géométrique des structures biologiques (les os, le muscle, le tendon, etc.) est effectuée pour reconstruire le modèle en 3D. La technique d'imagerie médicale a été utilisée afin de personnaliser la géométrie des segments corporels et leurs propriétés inertielles (e.g. masse corporelle, centres de masse, moments d'inertie). Ensuite, les données cinématiques sont expérimentalement acquises pour contrôler le modèle pendant son mouvement. La dynamique inverse s'effectue pour activer les articulations et les muscles. La dynamique directe est réalisée avec les articulations actives et les muscles actifs pour étudier l'interaction entre le modèle et l'environnement. Enfin, l'interprétation des résultats cinématiques et cinétiques permet de répondre aux objectifs de développement du modèle.

Chaque étape de modélisation est détaillée dans les sous sections suivantes.

3.3.1 Modélisation géométrique et anthropométrique

La modélisation de chaque segment corporel a été réalisée en tenant en compte de la géométrie anatomique et des paramètres mécaniques : la masse, les positions du centre de masse, et les moments d'inertie.

Pour obtenir la géométrie des segments corporels, nous avons deux possibilités : soit les géométries existantes (par défaut dans le logiciel BGR. Lifemod) sont utilisées, soit les techniques d'imagerie médicale comme l'IRM peuvent être utilisées pour personnaliser les géométries des segments corporels.

Pour calculer la masse et les moments d'inertie de chaque segment dans l'étude de sensibilité, les données de la littérature ont été utilisées. La méthode de Dempster utilise des études cadavériques pour construire un tableau anthropométrique. La méthode de Zatsiorsky concerne les études in vivo d'une population jeune sportive (l'âge moyen est de 22 ans) pour déduire un tableau anthropométrique. La méthode de Yang utilise les équations de régression en se basant sur les mesures du sujet comme la longueur, la circonférence de chaque segment corporel.

Pour développer le modèle musculosquelettique personnalisé de la pathologie afin d'étudier les effets de l'orthèse des membres inférieurs sur la marche, la technique d'imagerie médicale CT Scanner a été utilisée pour personnaliser la géométrie des segments corporels et leurs propriétés inertielles.

Les standards de l'ISB (International Society of Biomechanics) proposés par Wu ([163], [164], [165]) ont été utilisés pour positionner le centre de masse de chaque segment.

Concernant les muscles, la modélisation géométrique des muscles dépend des solutions du logiciel de modélisation. Dans notre modèle, la modélisation par défaut du logiciel LifeMod est utilisée (Fig. 3.6). Chaque muscle est représenté par une ligne d'action comportant un point d'insertion et un point d'attachement. LifeMod permet de développer 17 muscles des membres inférieurs dans le modèle standard mais d'autres muscles peuvent être développés à l'aide des structures pré-définies dans le logiciel LifeMod.

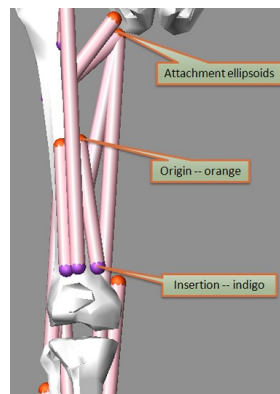


FIGURE 3.6 – Chaque muscle est représenté par une ligne d'action

3.3.2 Conditions aux limites et de chargement

Les lois de comportement de chaque structure biologique sont définies comme ci-dessous.

Articulation

La modélisation des articulations des membres inférieurs s'effectue de la façon suivante :

- L'articulation de la hanche a été modélisée par une rotule : rotation selon 3 axes (flexion et extension, rotation interne et externe, adduction et abduction).
- L'articulation du genou a été modélisée une liaison pivot : rotation selon un axe (flexion et extension).
- L'articulation de la cheville a été modélisée par une rotule : rotation selon 3 axes (flexion et extension, rotation interne et externe, adduction et abduction).

Plus précisément, chaque articulation a été modélisée par 3 ressorts dans 3 axes (sagittal, frontal, et transversal) (Fig. 3.7). C'est un modèle viscoélastique. L'équation mécanique de chaque ressort est la suivante :

$$- \text{Rotation : } M = K \times \theta + C \times \dot{\theta}$$

Où K et C sont la rigidité et l'amortissement respectivement. θ et $\dot{\theta}$ sont l'angle de rotation et sa vitesse. Le paramètre θ est calculé pendant la dynamique inverse.

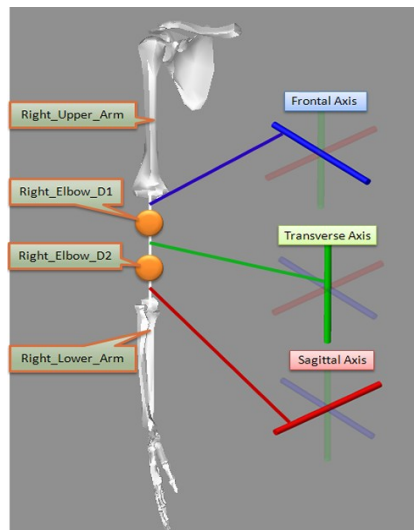


FIGURE 3.7 – La topologie de l'articulation du coude droit (BRG. LifeMod)

Muscle

Modèle Closer Loop La modélisation d'un muscle s'effectue par un modèle filaire avec un point d'origine et un point d'attachement. La force musculaire est calculée en se basant sur un processus d'optimisation minimisant les efforts musculaires. Le modèle rhéologique musculaire comporte une composante contractile et une composante élastique parallèle. La composante contractile est présentée en fonction du rapport raccourcissement/allongement de la longueur musculaire au cours du mouvement. Les équations détaillées sont les suivantes :

$$F = P_{gain}(P_{error}) + I_{gain}(I_{error}) + D_{gain}(D_{error})$$

avec P_{error} défini comme suit :

$$P_{error} = (L_{targetValue} - L_{currentValue}) / rangeOfMotion$$

La force maximale d'un muscle est définie en se basant sur la force physiologique maximale d'un muscle. Les équations correspondantes sont les suivantes :

$$F_{max} = F_{maxPhysi} \times tone \times preload$$

$$F_{maxPhysi} = pCSA \times M_{stress}$$

Où les paramètres sont les suivants :

- D_{error} : la première dérivée de P_{error} par rapport au temps de mouvement ;
- I_{error} : l'intégrale temporelle de P_{error} ;
- $pCSA$: l'aire transversal d'un muscle (en cm^2) ;
- M_{stress} : la contrainte maximale (en N/cm^2) ;
- $L_{targetValue}, L_{currentValue}$: la longueur désirée et actuelle d'un muscle au cours de simulation ;
- P_{gain} et D_{gain} : coefficients de la rigidité et de l'amortissement ;
- $tone(0 - 200)$: le filtre de la force générée (redondance des muscles) ;
- $preload$: la force constante définie a priori.

Les valeurs utilisées de ces paramètres sont issues de la littérature. Par exemple les valeurs de pCSA de Schumacher et al [135] sont utilisées par défaut dans le logiciel Lifemod et correspondent à un adulte sain.

Modèle de A.V. Hill Le modèle rhéologique musculaire de A.V Hill, 1951 (Fig. 3.8) comprend une composante contractile (CE), une composante élastique sériele (SEE) et une composante élastique parallèle (PE).

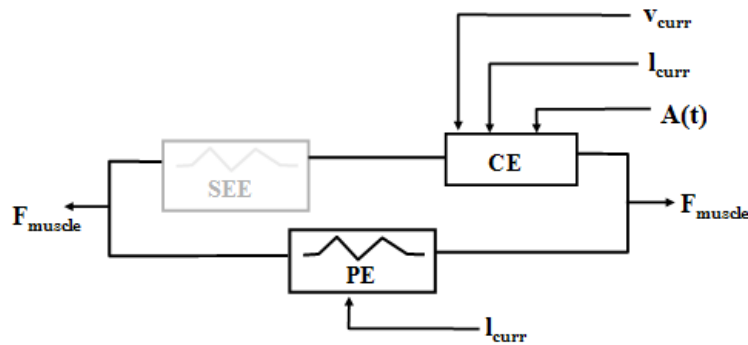


FIGURE 3.8 – Modèle rhéologique musculaire de Hill (1951) : l_{curr} , v_{curr} est la longueur et la vitesse actuelle du muscle, $A(t)$ est la fonction d'activation du muscle.

Contact

Le contact entre le pied et le sol a été modélisé comme la pénétration d'un solide dans l'autre (Fig. 3.9). La force générée sur le point de contact est définie comme suit :

$$F_n = k \times g^e + C(g)dg/dt$$

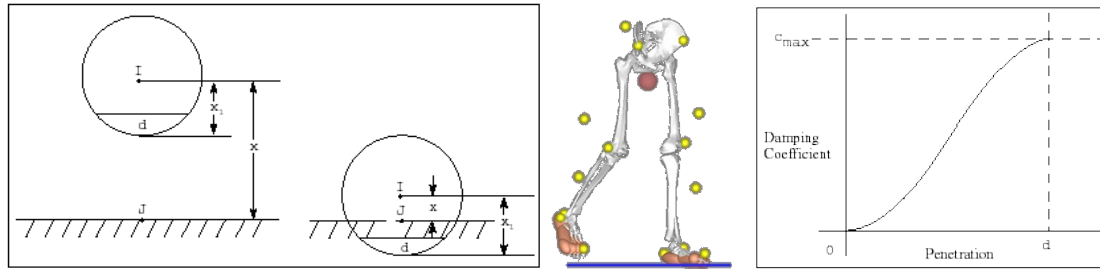


FIGURE 3.9 – La modélisation du contact du pied au sol

Où les paramètres sont les suivants :

- k : coefficient défini a priori ;
- g : la pénétration d'un solide dans l'autre ;
- dg/dt : la vitesse de pénétration au point de contact ;
- e : l'exposant de force (réel positif) ;
- $C(g)$: l'amortissement non linéaire en fonction de g ;
- d_{max} et c_{max} : les limites.

Les valeurs de ces paramètres sont issues de la littérature ([2], [13]).

3.3.3 Données cinématiques expérimentales

Pour effectuer la dynamique inverse, les données cinématiques peuvent être expérimentalement acquises. Le protocole expérimental d'une campagne de mesures comporte plusieurs étapes :

- Mise en place et calibrage du système d'analyse du mouvement (e.g. Vicon) ;
- Mise en place des marqueurs sur le sujet
- Enregistrement du mouvement (la marche, l'activité physique, etc.) effectué par le sujet ;
- Calcul et extraction des trajectoires tridimensionnelles des marqueurs par une approche clinique avec les séquences de rotations successives.

La simulation des modèles développés dans BRG.LifeMod demande les données cinématiques comportant une série des coordonnées en 3D des marqueurs cutanés fixés sur les segments corporels. Pour acquérir les données cinématiques nécessaires, soit les données cinématiques issues des exemples dans les tutoriels du logiciel Lifemod (avec plusieurs types de mouvement : la marche (Fig.3.10), la danse, le cycliste, etc.) sont utilisées, soit le protocole de mouvement personnalisé est établi pour enregistrer les données cinématiques du sujet.

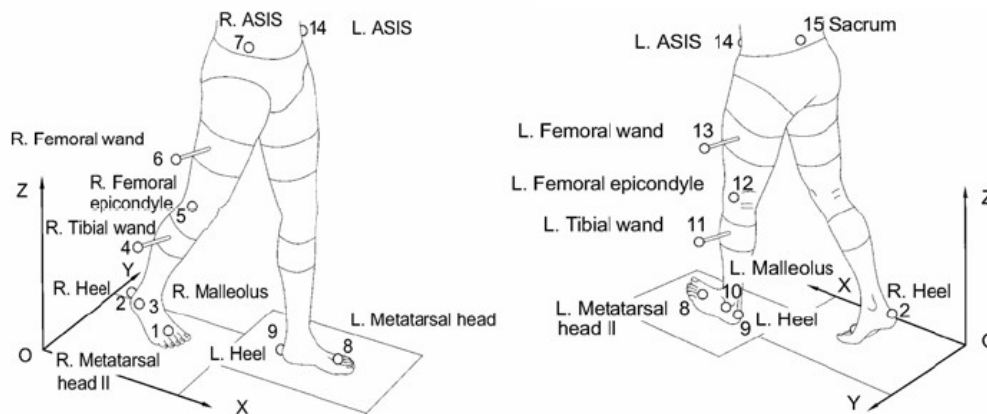


FIGURE 3.10 – Positions des marqueurs du protocole de David pour acquérir les données cinématiques de la marche normale (LifeMod)

Pour développer le modèle personnalisé de la pathologie Polio, le système d'analyse du mouvement VICON avec 6 caméras infrarouges a été utilisé. Les forces de réaction ont été simultanément acquises par deux plates-formes de force AMTI (Fig. 3.11).

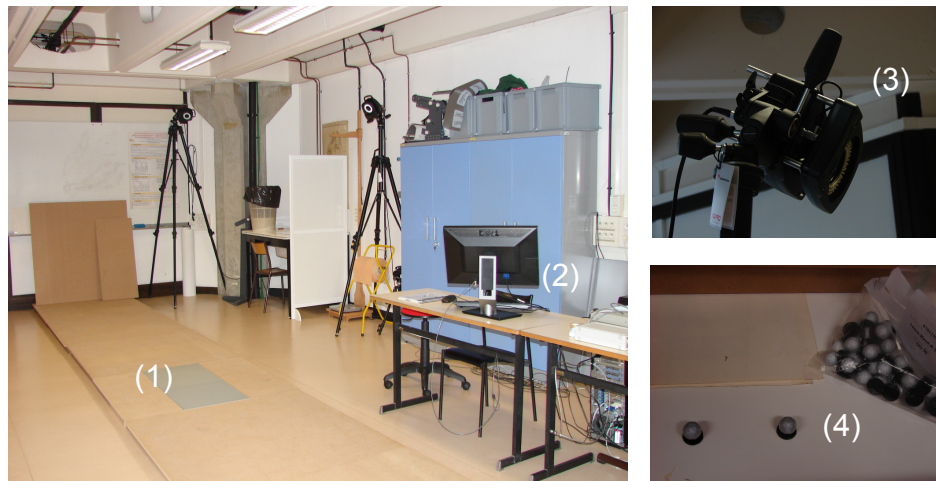


FIGURE 3.11 – Capture de mouvement optoélectronique Vicon Motion Systems Ltd (UMR 6600) : (1) plates-formes de force AMTI ; (2) station de travail ; (3) caméra ; (4) marqueurs

3.3.4 Dynamique inverse et dynamique directe

La modélisation du comportement mécanique du système musculo-squelettique in vivo joue un rôle important tant en biomécanique, en réhabilitation, qu'en physiologie. Ceci nécessite

d'évaluer des variables non directement mesurables comme les moments et les forces musculaires.

Il y a des variables connues comme les déplacements linéaires et angulaires qui peuvent être obtenues à partir des systèmes d'analyse du mouvement. D'autres variables connues sont des paramètres mécaniques des segments corporels comme la masse, les moments d'inertie, la position du centre de masse. Par contre, les variables inconnues sont les forces et les moments musculaires. Pour définir les relations entre les variables connues et inconnues, les équations de Newton-Euler ont été proposées. Mathématiquement, les équations de Newton-Euler permettant d'intégrer les données inconnues et connues sont les suivantes :

Newton (linéaire) : $\sum F = m.a$ (Force = masse $\times$ accélération linéaire)

Euler (angulaire) : $\sum M = I.\alpha$ (Moment = moments inertiels $\times$ accélération angulaire)

Ces équations expriment le comportement du modèle mathématique des segments corporels.

Dynamique inverse

Les séquences de positions successives des marqueurs sont enregistrées par le système d'analyse du mouvement. Ces données avec les données inertielles des segments corporels vont servir à déterminer les rotations articulaires, les moments et forces généralisés à l'articulation pour activer les articulations et les muscles pendant l'analyse de la dynamique inverse (Fig. 3.12).

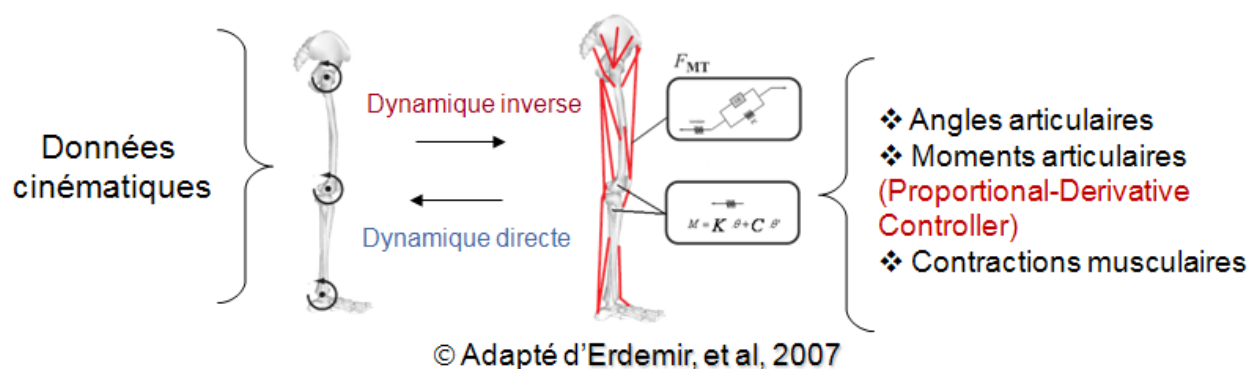


FIGURE 3.12 – Modèle de la simulation dynamique inverse et la détermination des contractions musculaires

Dynamique directe

La connaissance des forces, des moments musculaires est nécessaire pour trouver les trajectoires du mouvement (Fig. 3.12).

Avant la présentation de l'application clinique de la méthodologie de modélisation personnalisée, une étude de sensibilité des paramètres anthropométriques et géométriques des os et muscles a été effectuée.

3.4 Étude de la sensibilité des paramètres géométriques et anthropométriques

3.4.1 Introduction

Concernant les paramètres anthropométriques et géométriques des os et des muscles, les données utilisées sont souvent des données de la littérature. Les tableaux anthropométriques ont été utilisés pour les données inertielles, y compris les masses corporelles. Les données de Dempster et Gaughran, 1967 [52] et de Zatsiorsky et Seluyanov, 1985 [167] sont les plus utilisées. Pour estimer les actions musculaires des muscles, les valeurs utilisées des pCSA (physiologic cross-sectional area) sont issues de la littérature (Schumacher et Wolff, 1966 [135], [136] ; Horsman et al, 2007 [86]). Une étude de la sensibilité de ces paramètres est nécessaire pour évaluer la sensibilité des modèles musculosquelettiques.

3.4.2 Matériels et Méthodes

Le modèle musculosquelettique a été développé (FIG. 3.13). La sensibilité de deux types de paramètres anthropométriques et géométriques sur les résultats de simulation a été étudiée : les masses corporelles et les pCSA (i.e. l'aire axiale du muscle).

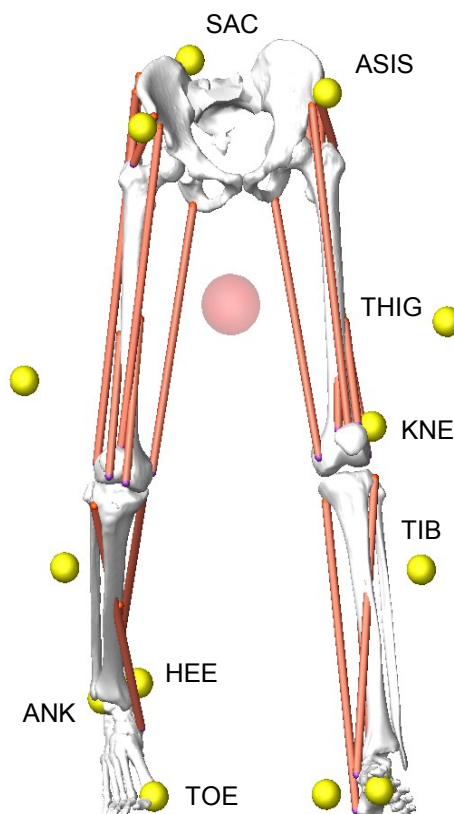


FIGURE 3.13 – Modèle musculosquelettique développé

Les mesures anthropométriques comme le poids total du corps, la longueur, la circonférence des segments corporels (Tab.3.2) ont été réalisées sur un sujet sain (homme, 29 ans, 1m68, 65kg) pour calculer les masses corporelles selon 3 méthodes. La méthode de Yang ([30], [166]) utilise les équations de régression. Celle de Dempster concerne des données anthropométriques mesurées sur des études cadavériques. La méthode de Zatsiorsky concerne les données anthropométriques extraites in vivo à partir d'une population de jeunes sportifs (l'âge de 22 à 30). Les pCSA utilisés sont des données de Schumacher et al, de Foidart-Dessalle et al [66] et de Horsman et al (Tab.3.3)¹.

Grandeur	(cm)
Longueur du pelvis	15
Circonférence du pelvis	76
Longueur de la cuisse gauche	32
Circonférence de la cuisse gauche	51
Longueur de la cuisse droite	32
Circonférence de la cuisse droite	51
Longueur de la jambe gauche	40
Circonférence de la jambe gauche	33.5
Longueur de la jambe droite	40
Circonférence de la jambe droite	33.5
Largeur malléolaire du pied gauche	7
Hauteur malléolaire du pied gauche	8.5
Longueur du pied gauche	24
Largeur malléolaire du pied gauche	7
Hauteur malléolaire du pied gauche	8.5
Longueur du pied gauche	24

TABLE 3.2 – Mesures anthropométriques du sujet étudié

Méthode	Sujet	Masse totale	Pelvis	Cuisse gauche (droite)	Jambe gauche (droite)	Pied gauche (droite)
Dempster	Sain	65	9.23	6.5 (6.5)	3.0225 (3.0225)	0.9425 (0.9425)
Zatsiorsky	Sain	65	7.2605	9.204 (9.204)	2.8145 (2.8145)	0.8905 (0.8905)
Saiwei Yang	Sain	65		6.75 (6.75)	2.89 (2.89)	0.84 (0.84)

TABLE 3.3 – Masses des segments corporels des membres inférieurs (en kg)

Les segments corporels (le bassin, les fémurs gauche et droite, les tibias gauche et droite, les pieds gauche et droite), les articulations (hanche, genou, cheville), et des muscles (10 muscles significatifs de l'analyse du mouvement des membres inférieurs : les quadriceps, le soléaire, le jambier antérieur, etc.) ont été générés. Les valeurs par défaut ont été utilisées pour tous les autres paramètres (les lois de comportement, la rigidité, l'amortissement, la contrainte maximale, etc.). Les données cinématiques de la marche par défaut ont été utilisées pour contrôler le mouvement.

L'influence des masses corporelles calculées avec 3 méthodes a été étudiée sur 1) les angles articulaires 2) les moments intersegmentaires 3) les forces de réactions 4) les forces musculaires

1. les équations détaillées ont été présentées dans l'annexe B de la thèse

5) la vitesse de marche. L'influence des pCSA utilisées avec 3 méthodes (Schumacher et Wolff, 1966 [135]; Horsman et al, 2007 [86]; Foidart-Dessalle et al [66]) a été aussi étudiée sur 1) les angles articulaires 2) les moments intersegmentaires 3) les forces de réactions 4) les forces musculaires 5) la vitesse de marche. Un écart relatif a été calculé correspondant à la différence divisée par le maximum ($\frac{\Delta Y}{MaxY}$).

3.4.3 Résultats

Les résultats de l'influence de la masse sur les angles articulaires sont illustrés dans la figure Fig. 3.14. L'écart relatif maximal trouvé des angles articulaires est de l'ordre de 4 %.

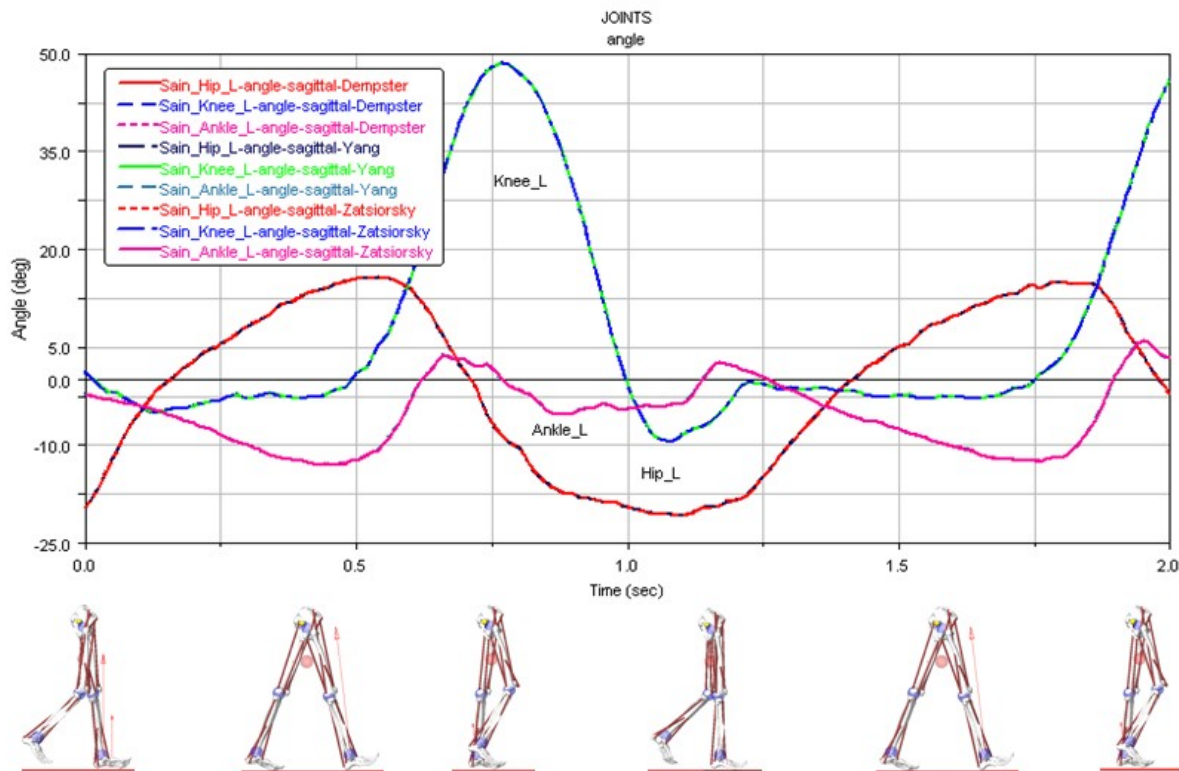


FIGURE 3.14 – Influence de la masse sur les angles articulaires

Les résultats de l'influence de la masse sur les moments segmentaires de la hanche sont illustrés dans la figure Fig. 3.15. L'écart relatif maximal des courbes calculées obtenues avec les données de Dempster et de Zatsiorsky est de l'ordre de 18 %. Par contre les résultats selon la méthode de Yang se différencient nettement avec les résultats obtenus de Dempster et de Zatsiorsky. L'écart relatif maximal est de 74 %.

Les résultats de l'influence de la masse sur les forces de réactions sont illustrés dans la figure Fig. 3.16. La force de réaction générée du pied gauche est légèrement différente par rapport à celle du pied droit. On observe que l'écart relatif maximal est de 20 % entre les méthodes.

L'influence de la masse sur les forces musculaires est illustrée dans la figure Fig. 3.17. L'écart relatif maximal est de 29 % entre les méthodes.

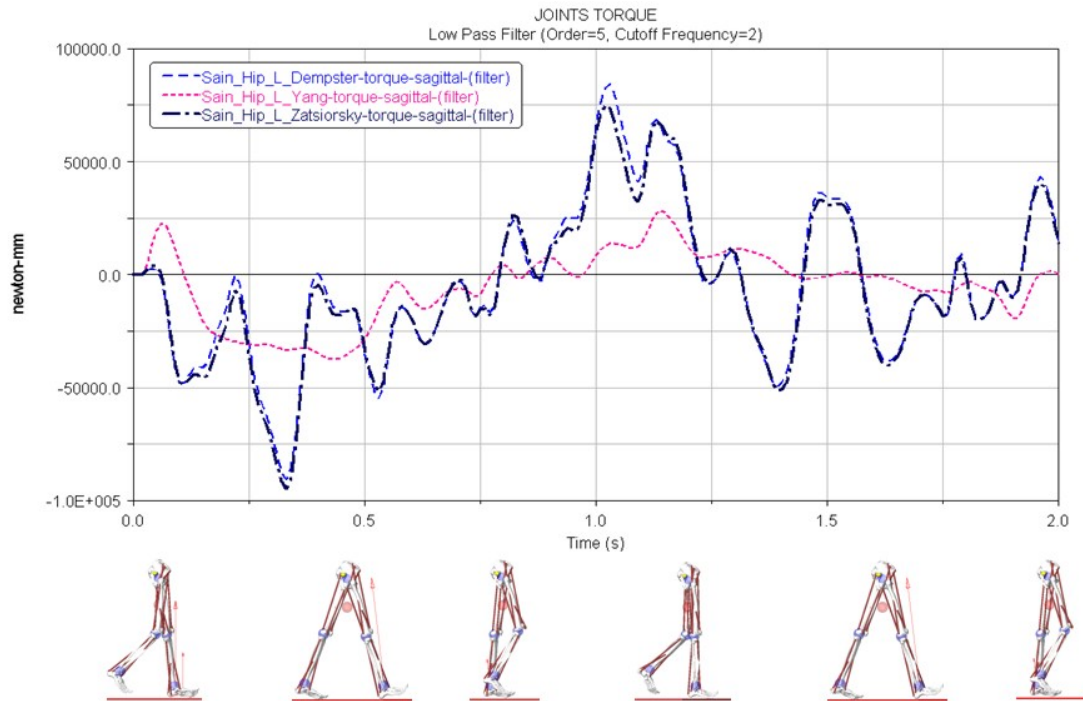


FIGURE 3.15 – Influence de la masse sur les moments segmentaires de la hanche

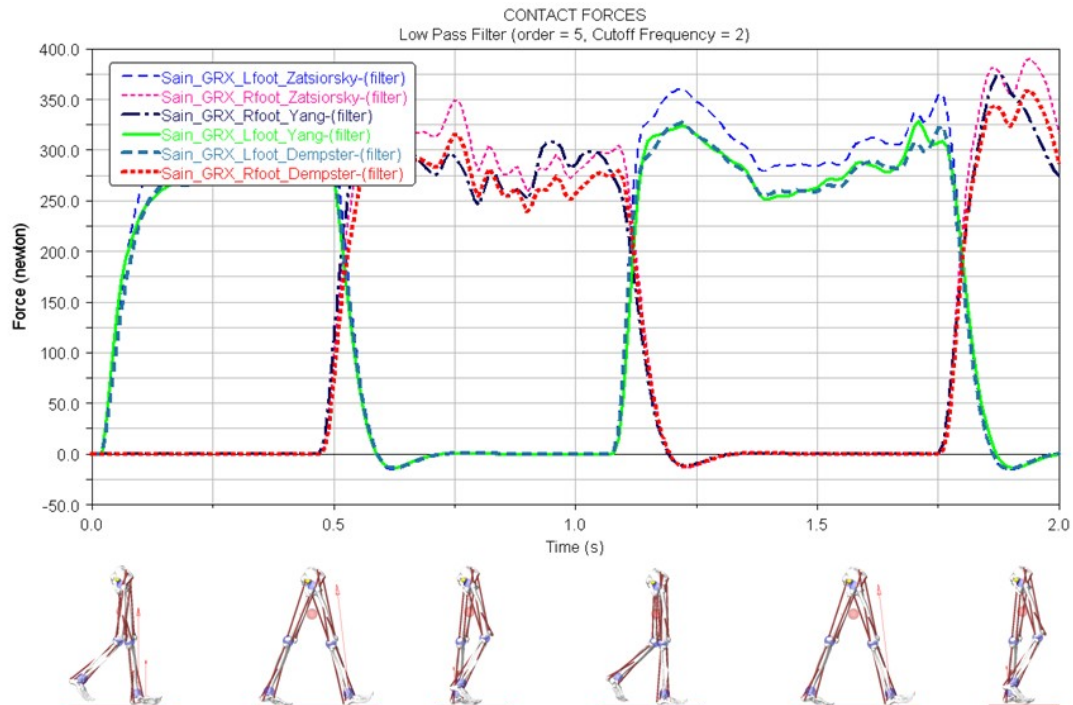


FIGURE 3.16 – Influence de la masse sur les forces de réactions au sol (composante verticale)

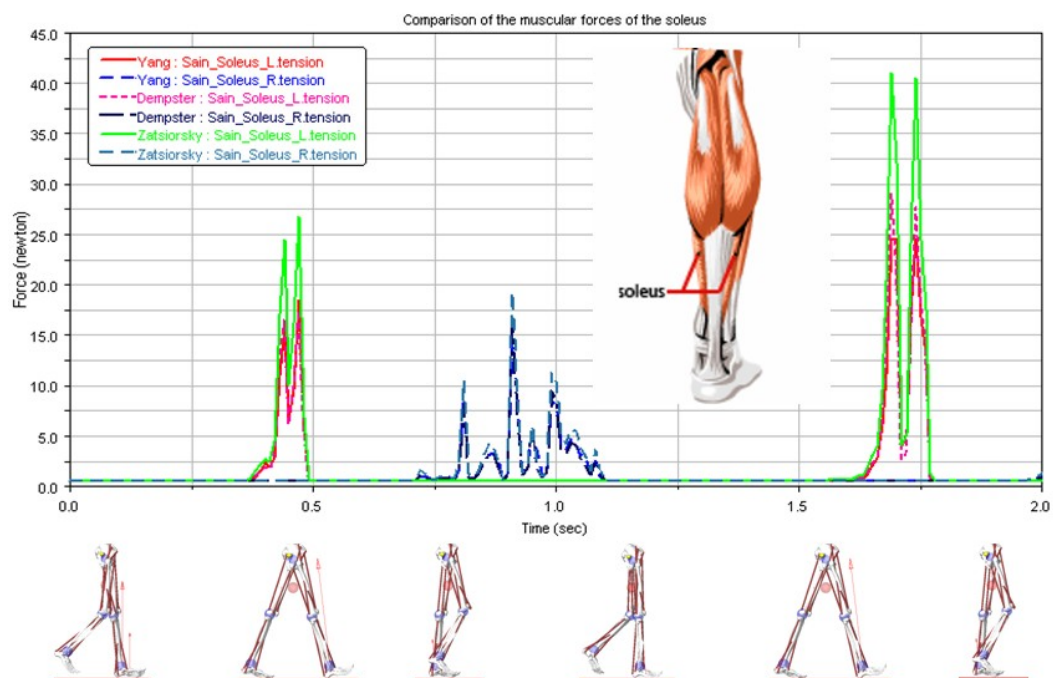


FIGURE 3.17 – Influence de la masse sur la force musculaire soléus

L'influence de la masse sur la vitesse de marche est illustrée dans la figure Fig. 3.18. L'écart relatif maximal est de 9 % entre les méthodes.

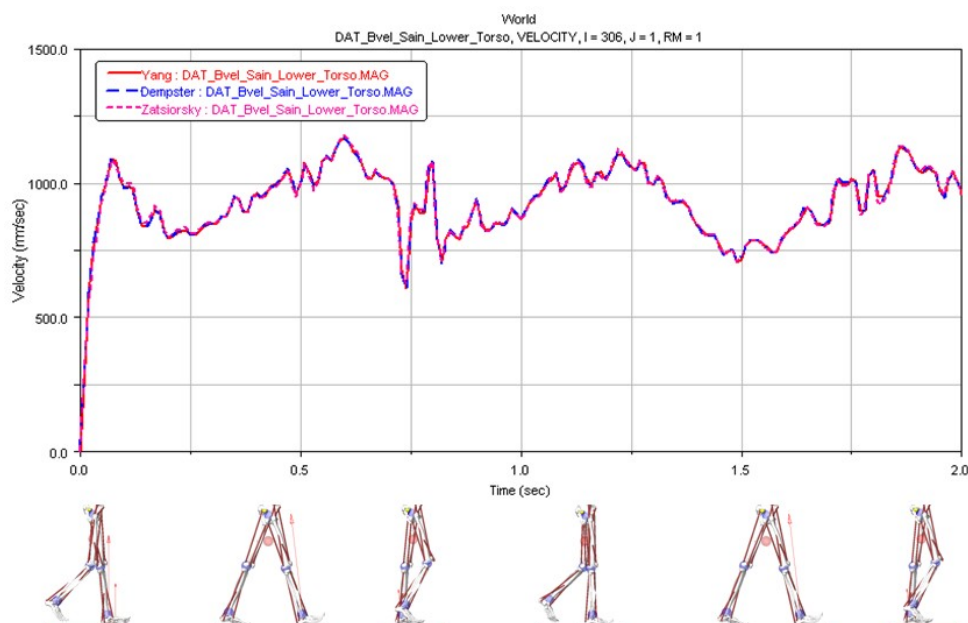


FIGURE 3.18 – Influence de la masse sur la vitesse de marche

Les résultats de l'influence du pCSA sur les angles articulaires sont illustrés dans la figure

Fig. 3.19. L'écart relatif maximal trouvé des angles articulaires est de l'ordre de 2 %.

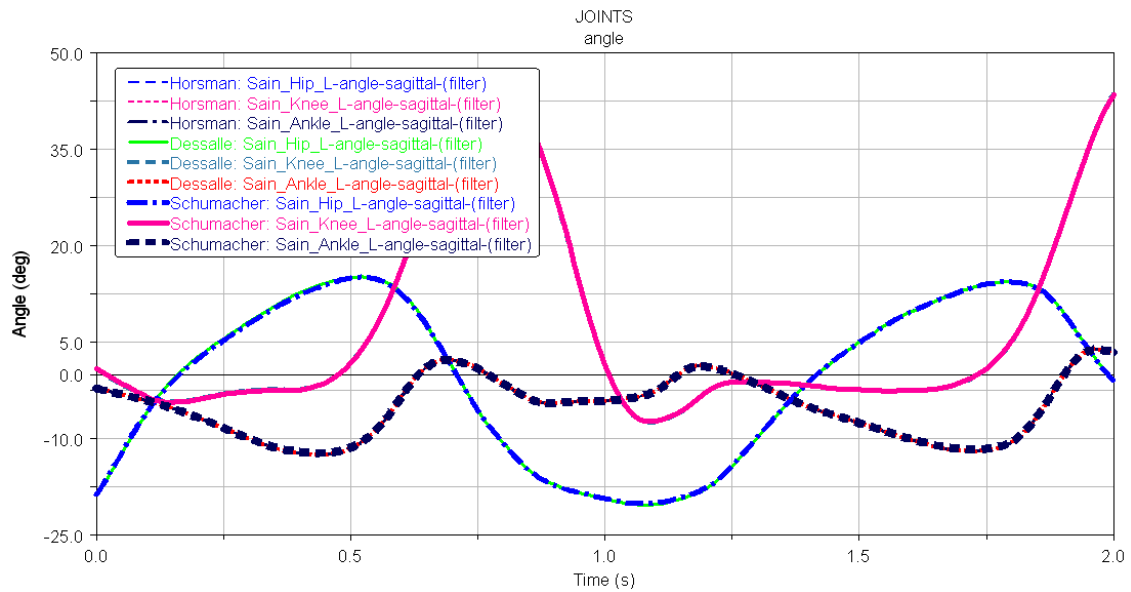


FIGURE 3.19 – Influence du pCSA sur les angles articulaires

Les résultats de l'influence du pCSA sur les moments segmentaires de la hanche sont illustrés dans la figure Fig. 3.20. L'écart relatif maximal trouvé est de 75 % entre les méthodes.

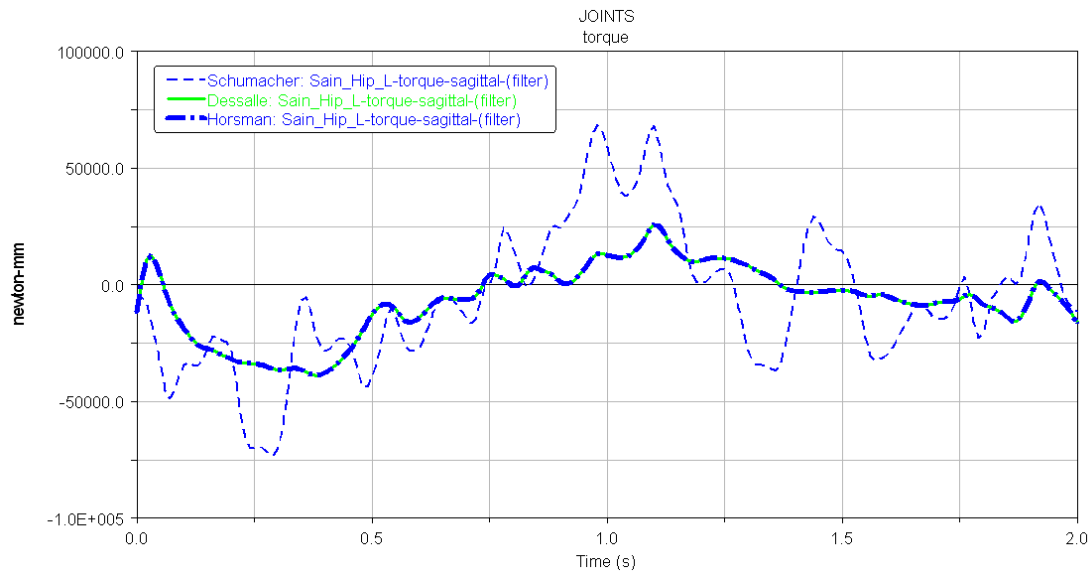


FIGURE 3.20 – Influence du pCSA sur les moments segmentaires de la hanche

Les résultats de l'influence du pCSA sur les forces de réactions sont illustrés dans la figure Fig. 3.21. L'écart relatif maximal trouvé est de 12 % entre les méthodes

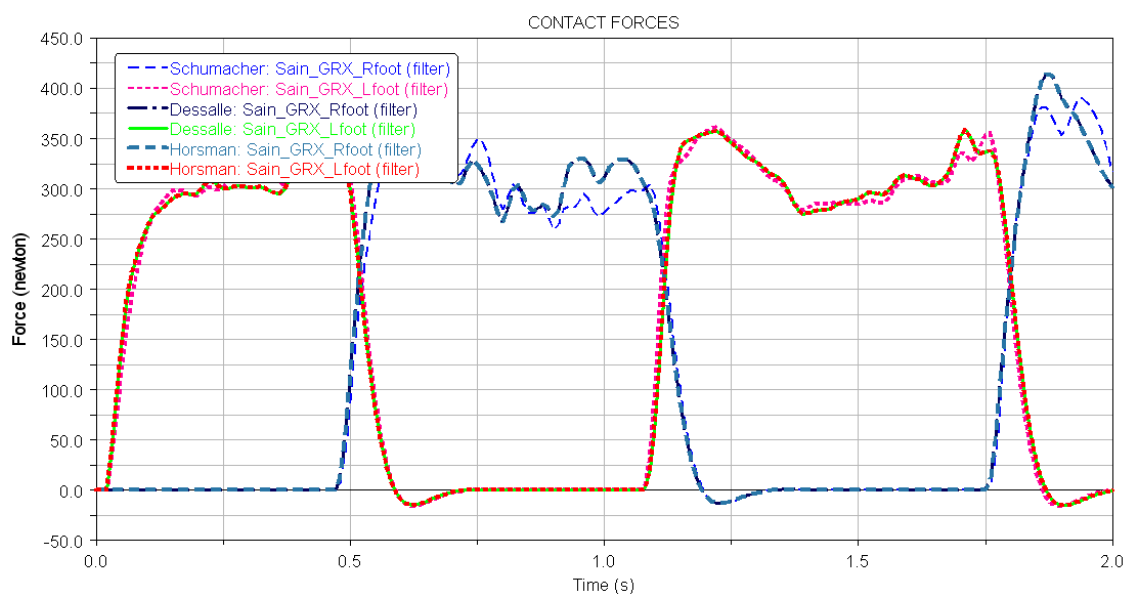


FIGURE 3.21 – Influence du pCSA sur les forces de réactions (composante verticale)

Les résultats de l'influence du pCSA sur la force musculaire sont illustrés dans la figure Fig. 3.22. L'écart relatif maximal trouvé est de 28 % entre les méthodes.

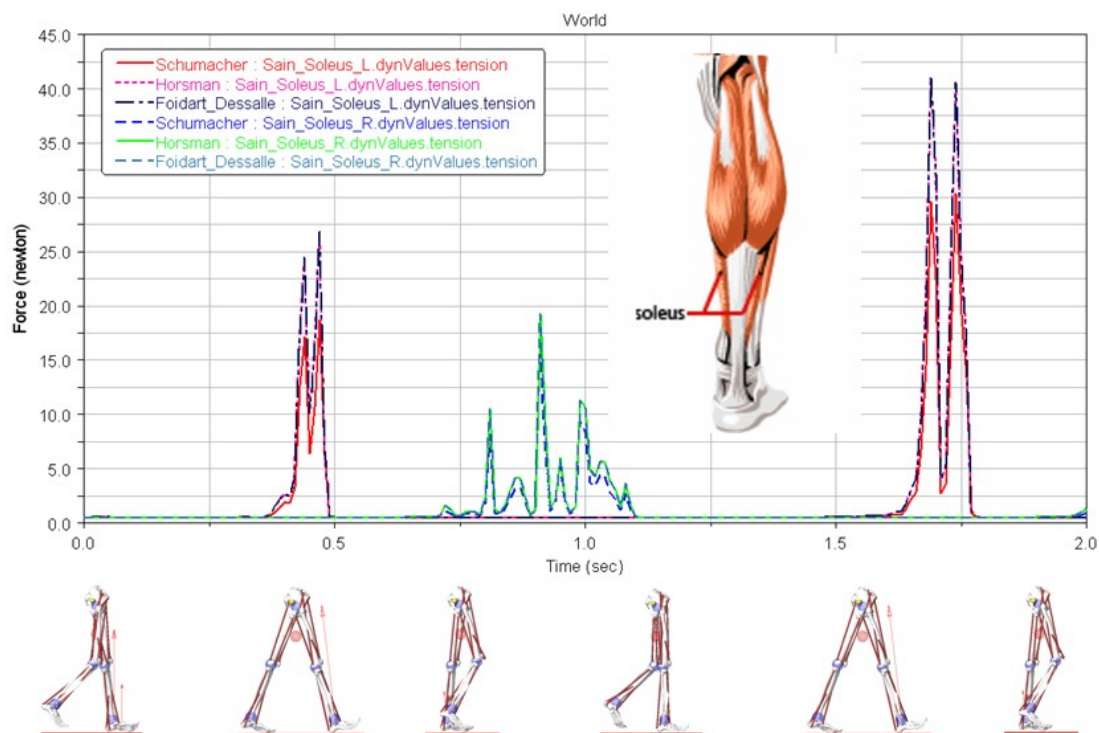


FIGURE 3.22 – Influence du pCSA sur la force musculaire

CHAPITRE 3. MODÈLE BIOMÉCANIQUE

L'influence du pCSA sur la vitesse de marche est illustrée dans la figure Fig. 3.23. L'écart relatif maximal est de 11 % entre les méthodes.

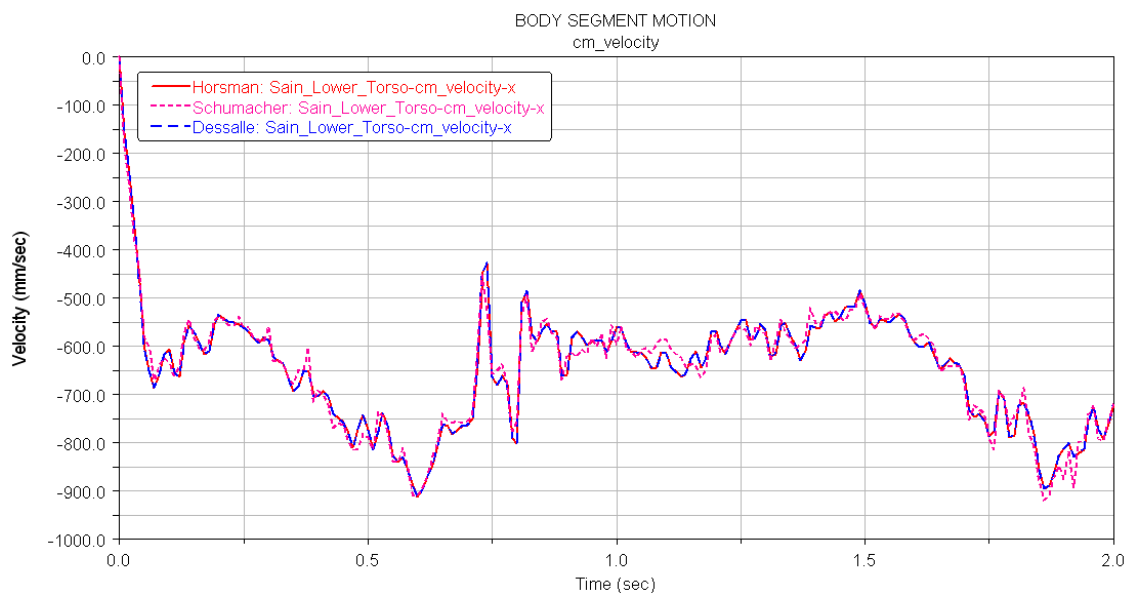


FIGURE 3.23 – Influence du pCSA sur la vitesse de marche

La synthèse des écarts relatifs est illustrée dans le Tableau. 3.4.

	Influence de la masse corporelle		Influence du pCSA	
	Écart relatif maximal (en %)	Écart relatif moyen (en %)	Écart relatif maximal (en %)	Écart relatif moyen (en %)
Angles articulaires				
Hanche	3	1	2	1
Genou	1	0.3	0.5	0.3
Cheville	8	1	2	0.9
Moments articulaires				
Hanche gauche	74	46	75	44
Force de réaction				
Pied gauche	20	12	12	4
Pied droite	18	9	13	5
Force musculaire				
Soléus gauche	29	8	18	2
Soléus droite	28	6	28	2
Vitesse de marche				
Bassin	9	3	11	4

TABLE 3.4 – Synthèse des écarts relatifs calculés

3.4.4 Discussion

Dans notre approche, les valeurs des angles articulaires sont indépendantes des paramètres anthropométriques et géométriques. Ceci s'explique par le fait que les données cinématiques utilisées sont les entrées de toutes les simulations. Au contraire les moments intersegmentaires sont directement liés aux masses corporelles. On remarque aussi que les résultats selon la méthode de Yang sont largement différents par rapport aux méthodes de Dempster et Zatsiorsky. De plus les équations de Yang donnent des valeurs différentes pour les deux membres inférieurs. La différence des forces de réaction et des forces musculaires s'explique par la différence des aires axiales pCSAs. Nous constatons que plus les pCSAs sont grands, plus les forces musculaires sont grandes.

Nos observations renforcent les débats ([73], [125], [127]) concernant les fortes influences des paramètres BSIP (Body Segment Inertial Parameter) sur les paramètres cinétiques de l'analyse du mouvement.

À notre connaissance, dans la littérature, il n'y a pas d'étude de la sensibilité de ces paramètres sur le modèle musculosquelettique du corps humain. Or, notre étude démontre une forte influence du paramètre musculaire sur les paramètres cinétiques de l'analyse du mouvement. De plus, du point de vue méthodologique, notre étude est complémentaire par rapport à d'autres études de sensibilité ([73], [125], [127]), ils ont étudié la sensibilité durant la dynamique inverse, tandis que notre approche est une chaîne complète de la dynamique inverse et directe. Il est noté que la dynamique directe est effectuée pour valider les cinématiques angulaires calculées pendant la dynamique inverse et de plus, les moments articulaires, les forces de réaction, et les forces musculaires sont calculés en interaction avec l'environnement.

3.4.5 Conclusions et perspectives

L'étude de la sensibilité des paramètres géométriques et anthropométriques des os et muscles a été effectuée sur un modèle musculosquelettique. La marche normale a été simulée pour étudier les influences des paramètres choisis. Les résultats obtenus montrent un fort impact de ces paramètres sur les résultats de simulation. D'où l'importance de considérer des paramètres personnalisés à déterminer expérimentalement. Il est noté que le paramètre pCSA est utilisé comme une contrainte d'optimisation (calcul des forces physiologiques maximales) de la dynamique inverse et directe, il n'est pas utilisé directement pour calculer la force musculaire. Pour calculer la force musculaire dans le logiciel LifeMod, la longueur des muscles est importante. Notons également que la personnalisation de la géométrie des segments corporels déduit la personnalisation de la longueur des muscles concernés.

Toutes ces constatations et notre souhait d'aller vers des modèles applicables en clinique nous ont amené à développer des modèles personnalisés (normal et pathologique).

3.5 Modèle musculosquelettique personnalisé : étude du cas de l'application clinique du sujet Heine-Medin (Polio)

3.5.1 Introduction

Heine-Medin (i.e. poliomyélite épidémique) est une pathologie locomotrice qui s'attaque à la substance grise de la moelle épinière et provoque des atrophies musculaires souvent irréversibles. Quand l'atteinte est massive, elle provoque des paralysies locales, mortelles dans environ 10 % des cas. Le traitement est toujours la chirurgie pour aligner les structures musculaires et tendineuses. Les exercices physiques de rééducation fonctionnelle sont nécessaires dans le but d'implanter une orthèse sur le membre défectueux. La procédure de rééducation est longue et demande des supervisions fréquentes pour maîtriser le niveau de flexion et d'extension des articulations défectueuses.

L'objectif de cette étude est de développer deux modèles musculosquelettiques personnalisés des membres inférieurs. Le premier modèle est un sujet normal et le deuxième est un sujet Heine-Medin. Ces modèles servent à appréhender l'intérêt et les limitations d'une modélisation personnalisée pour évaluer et concevoir des orthèses personnalisées.

3.5.2 Matériels et Méthodes

Protocole d'acquisition de l'imagerie médicale

La modélisation géométrique des sujets étudiés a été réalisée par la technique d'imagerie médicale CT Scanner. Les mesures ont été effectuées sur 2 sujets : un sujet sain (homme, 29 ans, 1m68, et 65kg) et un sujet présentant un handicap locomoteur (homme, 27 ans, 1m70, et 65kg).

La pathologie étudiée est le Heine-Medin (Polio). Le sujet a la jambe gauche paralysée, la longueur du fémur, du tibia, et du pied est plus courte par rapport à la jambe droite normale. Les activités musculaires de la jambe gauche sont paralysées. Le sujet porte une orthèse avec l'articulation du genou bloquée.

Le protocole d'acquisition des images médicales CT Scan spiralé a été établi (Tab. 3.5) pour ces deux sujets : les mesures ont été réalisées dans un scanner LightSpeed Pro 32 utilisé en mode d'acquisition hélicoïdale à la Polyclinique St Côte à Compiègne en collaboration avec Dr. Charleux (Radiologiste). Le patient est suivi par le Dr. Aufaure (Chirurgien Orthopédiste, à la Polyclinique St Côte à Compiègne).

Les séquences d'images des sujets sont illustrées dans les figures Fig.3.24, Fig.3.25. Notons que les effets métalliques de l'orthèse ont influencé fortement la qualité des séquences acquises (Fig.3.25).

Le logiciel AMIRA [161] a été utilisé pour segmenter les séquences d'images. La méthode de segmentation semi-automatique basée sur le niveau de gris a été utilisée pour reconstruire les contours des séquences d'images. Le principe de segmentation est suivant : tout d'abord la segmentation totale de toutes les séquences a été générée ; le contraste a été manuellement corrigé pour obtenir une meilleure différence entre les os et les tissus mous. Ensuite, la segmentation a été raffinée et découpée pour séparer les différentes parties osseuses : le bassin, le fémur, le tibia, et le pied. Le processus de segmentation a été appliqué également sur plusieurs plans de l'espace (Fig.3.26) et cela permet de corriger précisément les contours générés.

Paramètres	Sujet sain	Sujet pathologique sans orthèse	Sujet pathologique avec orthèse
Temps d'acquisition (sec)	30	30	30
mAs	64.80	82.80	39.60
kAp (KV)	100	100	100
Résolution spatiale	512x512	512x512	512x512
Intervalle de reconstruction	1.250	3	2
Algorithme	SOFT	SOFT	STANDARD
Contraste intraveineuse	Non	Non	Non
Nombre de séquences	831	384	481

TABLE 3.5 – Description du protocole d'acquisition des images médicales spécifique à l'étude

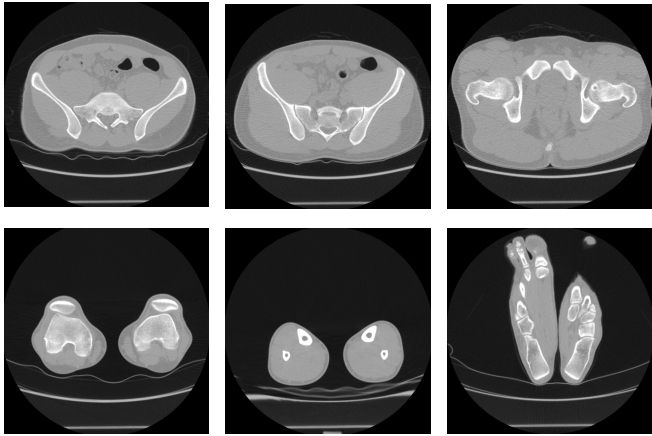


FIGURE 3.24 – Quelques séquences du sujet sain

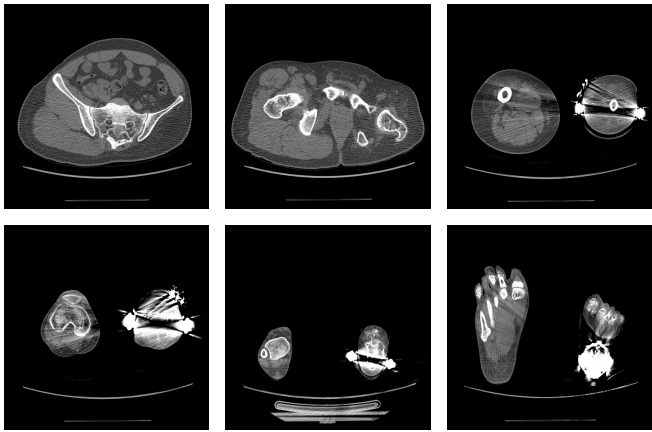


FIGURE 3.25 – Quelques séquences du sujet pathologique avec orthèse

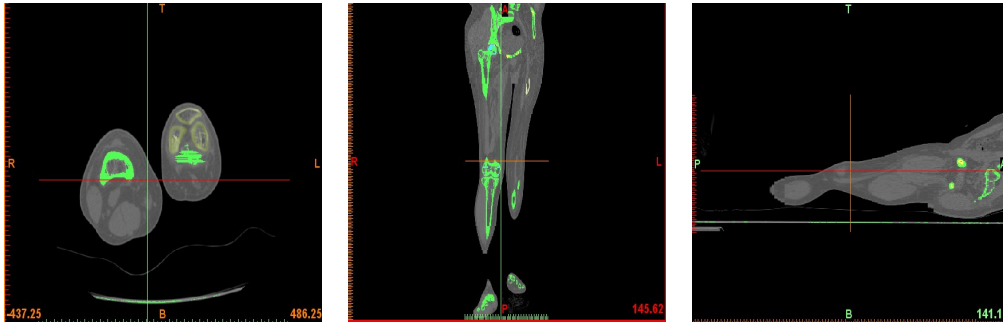


FIGURE 3.26 – Séquences d’images du sujet pathologique sans orthèse dans différents plans d’espace

Méthodologie de personnalisation des paramètres anthropométriques

La segmentation des images scanner a été réalisée avec le logiciel MeVisLab [110]. Pour extraire des images les parties musculaires et osseuses, une procédure simplifiée à 2 étapes a été choisie (Fig. 3.27) : tout d’abord, le volume interne des membres contenant les muscles et excluant l’os cortical est extrait des images par seuillage (Fig. 3.27b) ; puis, on effectue une opération logique d’inversion sur l’image seuillée pour en déduire les zones représentant l’os cortical (Fig. 3.27c). Les images seuillées obtenues correspondent aux zones qui ne sont pas de l’os cortical.

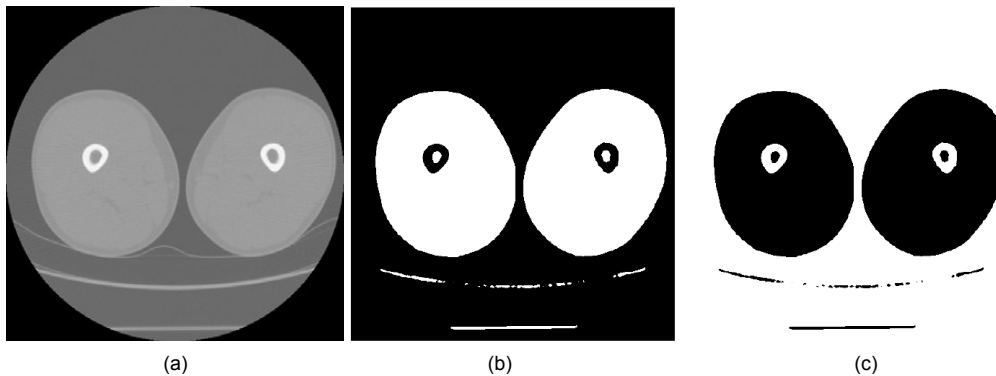


FIGURE 3.27 – Segmentation d’images : (a) image axiale originale ; (b) image de la zone interne non osseuse ; (c) image de l’os cortical déduite de (b) par inversion.

À partir des images binaires précédentes, on peut isoler une partie donnée en y plaçant un point germe et en appliquant une croissance de région [88]. Ainsi, on extrait les deux cuisses, les deux jambes, les deux fémurs, les deux tibias et les os des pieds. Les coupes anatomiques de référence choisies sont comme suit :

- Pour la cuisse, le plan de coupe haut a été choisi au niveau du petit trochanter : le plan bas correspond est au plan des condyles du fémur ;
- Pour la jambe, le plan de coupe haut correspond au plateau tibial ; le plan de coupe bas se situe autour du point bas du tibia ;

- Pour le pied, le plan de coupe haut contient le haut du cuboïde ; le plan de coupe bas est à la hauteur du bout des orteils.

Le calcul des propriétés mécaniques des segments corporels (e.g. masse, positions du centre de masse, moments d'inertie) s'effectue à l'aide du logiciel 3D Slicer² et de la bibliothèque de programmation VTK/ITK³. Le test de validation de la méthode de calcul a été réalisé sur une plaque. Une erreur de 0.7 % est acceptable pour appliquer la méthode aux deux sujets étudiés⁴. La segmentation et la reconstruction 3D de chaque segment sont réalisées (Fig. 3.28). Les masses volumiques osseuses et des tissus mous utilisées sont 1.7 g/cm^3 et 1.05 g/cm^3 respectivement.

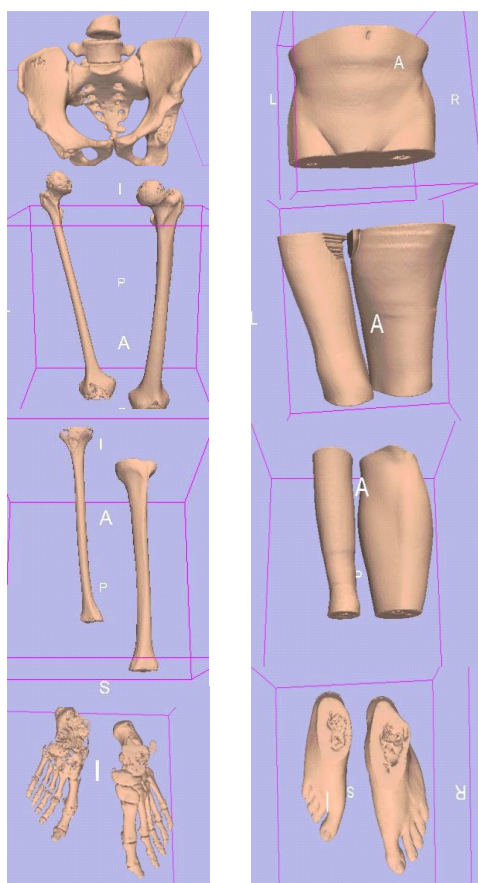


FIGURE 3.28 – Coupes anthropométriques du sujet pathologique

Protocole d'acquisition des données cinématique et cinétique

Un protocole expérimental de mesure est établi pour acquérir des données cinématique et cinétique du sujet pathologique (Polio). Le protocole David [49] est utilisé pour positionner les marqueurs cutanés sur les membres inférieurs du sujet Polio (Fig. 3.29). Le système d'analyse du

2. www.slicer.org

3. www.vtk.org

4. description plus détaillée dans l'annexe C du manuscrit de thèse

mouvement VICON et deux plateformes de force AMTI sont utilisés pour acquérir des trajectoires des marqueurs et aussi les forces de réaction des pieds au sol.

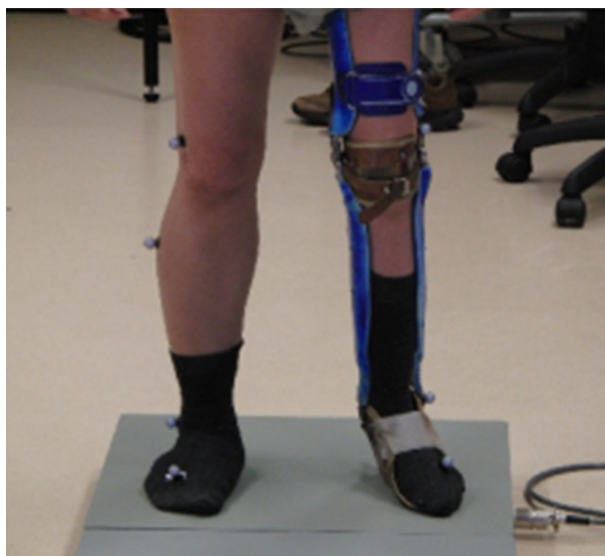


FIGURE 3.29 – Les positions des marqueurs cutanés du sujet pathologique selon le protocole de David

Le sujet Polio effectue la marche à vitesse normale (Fig. 3.30). Les acquisitions sont enregistrées et traitées par le logiciel Nexus (VICON Motion Systems Ltd).

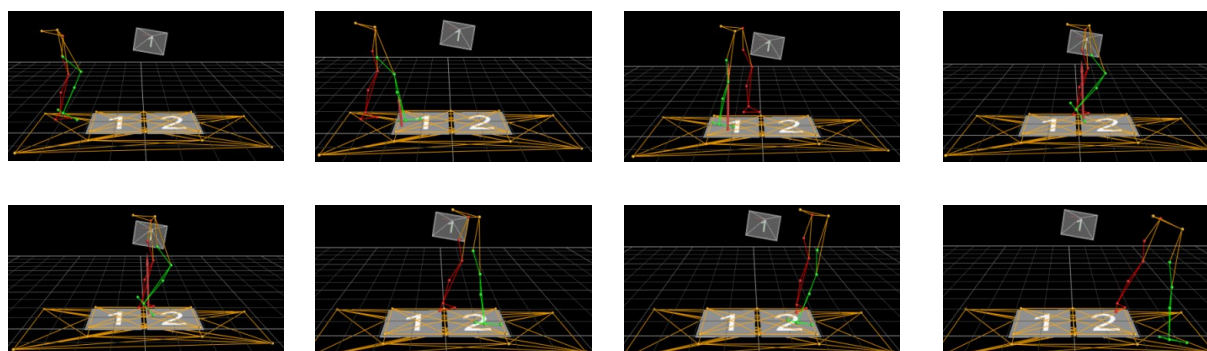


FIGURE 3.30 – Les positions du sujet pathologique au cours de la marche

Étude des erreurs expérimentales : mesures cinématiques et géométriques

Deux types d'erreurs expérimentales cinématiques (i.e. la répétabilité et la reproductibilité) sont étudiés pour évaluer la précision des résultats de simulation obtenus. La simulation est répétée trois fois avec les mêmes données cinématiques expérimentales (i.e. la répétabilité (Fig. 3.31)) et avec 3 différentes données cinématiques expérimentales (i.e. la reproductibilité). L'erreur relative moyenne a été calculée tout au cours de la simulation et le pourcentage a été calculé par rapport à l'erreur relative maximale.

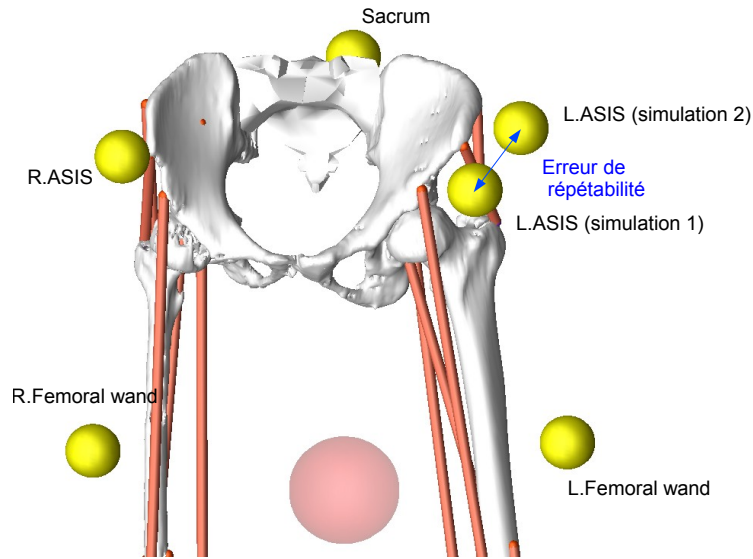


FIGURE 3.31 – Répétabilité : erreur de position des marqueurs (avec les mêmes données cinématiques)

Concernant les erreurs géométriques, l'impact de la sensibilité de la segmentation (e.g. choix de seuil selon la méthode de seuillage) et celui du choix des coupes anatomiques (e.g. séparation entre le bassin et le fémur) ont été aussi quantifiés ainsi que leur influence sur les calculs de simulation.

D'une part, pour étudier la sensibilité du choix du seuil de segmentation, nous effectuons des opérations morphologiques sur l'image seuillée pour réduire le volume interne et simuler une erreur de segmentation du contour externe. Dans notre étude, nous enlevons une peau de deux valeurs d'épaisseur : 3 et 5 pixels, soit 1,92 mm et 3,2 mm (Fig. 3.32). Ces valeurs correspondent à l'épaisseur de peau que l'on peut observer sur l'image originale en niveaux de gris (Fig. 3.33).

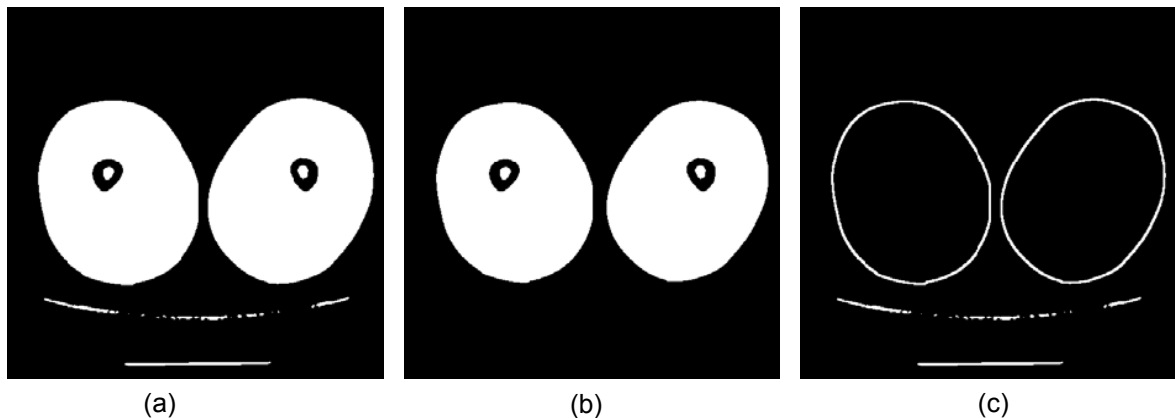


FIGURE 3.32 – (a) image seuillée ; (b) image à volume réduit ; (c) épaisseur enlevée (3 pixels).

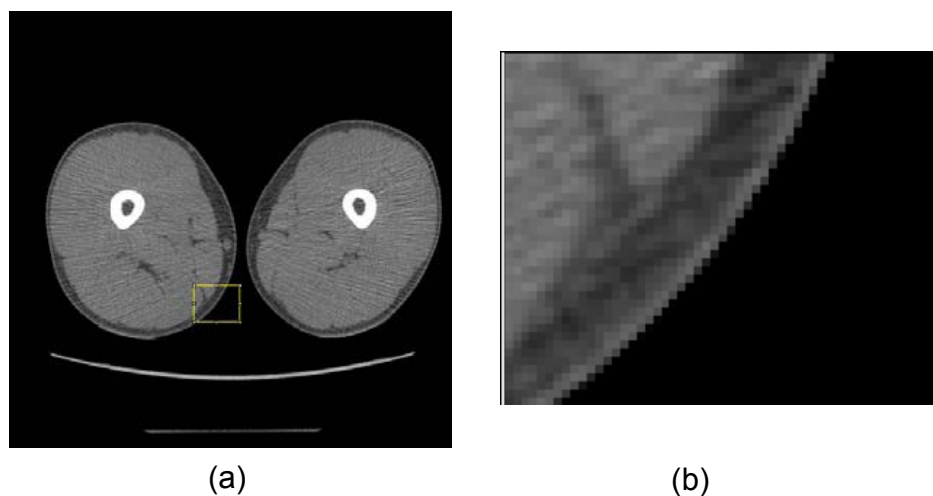


FIGURE 3.33 – Grossissement du contour de l'image originale : (a) image originale ; (b) grossissement de la zone encadrée en jaune

D'autre part, il n'y a pas de coupes anatomiques standards pour séparer le bassin et la cuisse, des rajouts approximatifs de $\frac{1}{8}$, $\frac{1}{4}$, et $\frac{1}{2}$ des propriétés morphologiques du bassin sont réalisés afin de compenser la partie manquante musculaire de la cuisse par rapport à son anatomie exacte et de borner les paramètres de simulation (Fig. 3.34).

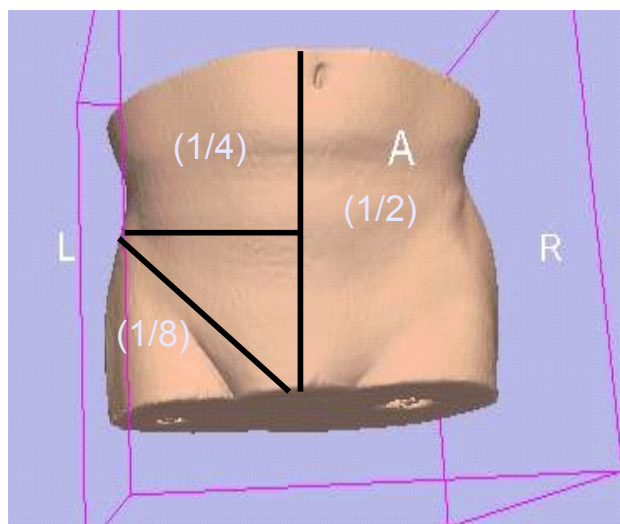


FIGURE 3.34 – Bornes inférieures et supérieures du choix des coupes anatomiques : $\frac{1}{8}$, $\frac{1}{4}$, et $\frac{1}{2}$

3.5.3 Résultats

Modèles musculosquelettiques et les propriétés mécaniques

Les modèles musculosquelettiques personnalisés développés sont illustrés dans la Fig. 3.35. Les insertions musculaires sont supposées être normales et elles sont en accord avec l'anatomie des muscles.

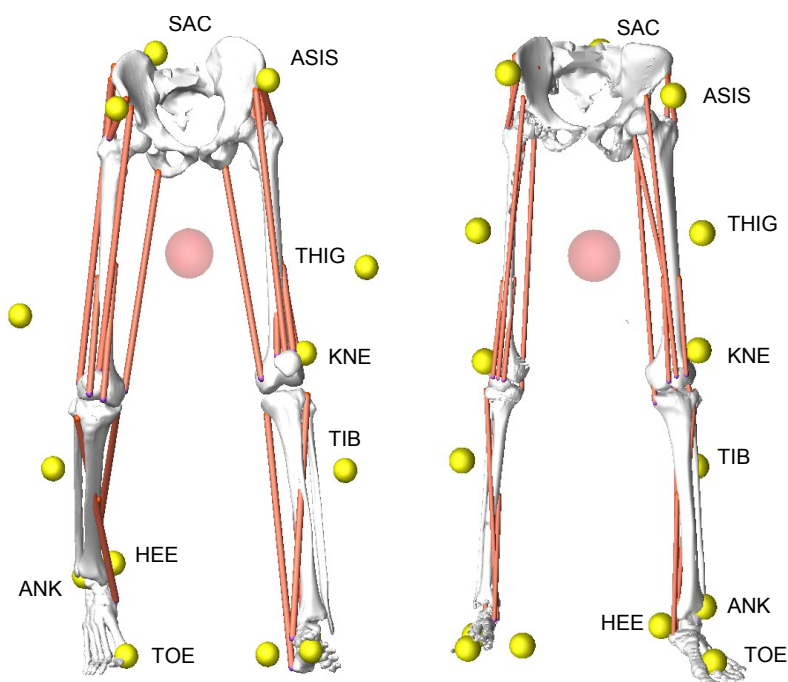


FIGURE 3.35 – Les deux modèles musculosquelettiques personnalisés développés dans BRG. LifeMod

Les paramètres mécaniques des segments corporels calculés pour le sujet normal sont illustrés dans le Tab.3.6. Le temps de segmentation d'un segment corporel est environ 30 minutes et le temps de calcul des propriétés mécaniques d'un segment corporel est d'environ 21 minutes.

Segment	Masse (en kg)	Masse (% BW)	Ixx (kg.m^2)	Iyy (kg.m^2)	Izz (kg.m^2)
Bassin	11,74	18,06 (0,4)	0,065 (0,004)	0,101 (0,005)	0,097 (0,003)
Cuisse droite	6,68	10,28 (0,27)	0,060 (0,004)	0,056 (0,004)	0,021 (0,001)
Cuisse gauche	6,93	10,66 (0,3)	0,063 (0,004)	0,059 (0,004)	0,023 (0,001)
Jambe droite	2,93	4,5 (0,08)	0,021 (0,001)	0,021 (0,001)	0,004 (0)
Jambe gauche	3	4,61 (0,09)	0,022 (0,002)	0,022 (0,001)	0,004 (0)
Pied droit	0,72	1,10 (0,02)	0,002 (0)	0,001 (0)	0,002 (0)
Pied gauche	0,72	1,1 (0,03)	0,002 (0)	0,000 (0)	0,002 (0)

TABLE 3.6 – Paramètres mécaniques des segments corporels du sujet sain

Les propriétés mécaniques des segments corporels du sujet pathologique selon différents choix du seuil de segmentation sont présentés dans Tab. 3.7. De plus, les propriétés mécaniques du

CHAPITRE 3. MODÈLE BIOMÉCANIQUE

bassin et du fémur sont ajustées et bornées par rapport à leurs anatomies exactes (Tab. 3.8). Il est noté que ces propriétés sont plus grandes par rapport aux calculs précédents car il y a la présence des têtes fémorales osseuses dans le bassin.

Segment	Masse (en kg)	Ixx (kg.m ²)	Iyy (kg.m ²)	Izz (kg.m ²)
Bassin	10,34	0,061	0,089	0,091
Bassin (-)	9,94	0,057	0,083	0,084
Bassin (-)	9,68	0,055	0,080	0,080
Cuisse droite	4,97	0,042	0,042	0,014
Cuisse droite -	4,66	0,039	0,039	0,012
Cuisse droite -	4,46	0,038	0,037	0,011
Cuisse gauche (patho)	2,33	0,02	0,018	0,005
Cuisse gauche (patho) (-)	2,12	0,02	0,017	0,004
Cuisse gauche (patho) (-)	1,98	0,016	0,016	0,004
Jambe droite	2,68	0,015	0,016	0,004
Jambe droite (-)	2,46	0,014	0,014	0,003
Jambe droite (-)	2,31	0,013	0,013	0,003
Jambe gauche (patho)	0,94	0,006	0,005	0,001
Jambe gauche (patho) (-)	0,8	0,005	0,005	0,001
Jambe gauche (patho) (-)	0,72	0,004	0,004	0
Pied droit	0,92	0,003	0,001	0,003
Pied droit (-)	0,83	0,002	0,001	0,003
Pied droit (-)	0,78	0,002	0,001	0,002
Pied gauche (patho)	0,5	0,001	0,000	0,001
Pied gauche (patho) (-)	0,43	0,001	0	0,001
Pied gauche (patho) (-)	0,4	0,001	0	0,001

TABLE 3.7 – Paramètres mécaniques segmentaires du sujet pathologique selon différentes valeurs de seuil : seuil de référence de segmentation (-200,200) et réduction de 3 (-) et 5 (-) pixels

Segment	Masse (en kg)	Ixx (kg.m ²)	Iyy (kg.m ²)	Izz (kg.m ²)
Bassin	10,51	0,063	0,093	0,093
Bassin ($-\frac{1}{8}$)	9,2	0,055	0,081	0,082
Bassin ($-\frac{1}{4}$)	7,89	0,047	0,067	0,07
Bassin ($-\frac{1}{2}$)	5,25	0,031	0,046	0,047
Cuisse droite	4,97	0,042	0,042	0,014
Cuisse droite ($+\frac{1}{8}$)	6,29	0,05	0,042	0,014
Cuisse droite ($+\frac{1}{4}$)	7,6017	0,058	0,042	0,014
Cuisse droite ($+\frac{1}{2}$)	10,2294	0,074	0,042	0,014
Cuisse gauche (patho)	2,33	0,019	0,018	0,047
Cuisse gauche (patho)($+\frac{1}{8}$)	3,64	0,027	0,018	0,048
Cuisse gauche (patho)($+\frac{1}{4}$)	4,96	0,035	0,019	0,049
Cuisse gauche (patho)($+\frac{1}{2}$)	7,58	0,05	0,019	0,005

TABLE 3.8 – Paramètres mécaniques du sujet pathologique selon différents rajouts $\frac{1}{8}$, $\frac{1}{4}$, et $\frac{1}{2}$ des propriétés mécaniques du bassin pour la cuisse

Étude des erreurs expérimentales : mesures cinématiques et géométriques

Il est noté que toutes ces erreurs ont été calculées en se basant sur une **simulation de référence**.

Les erreurs cinématiques expérimentales (e.g. répétabilité et reproductibilité) quantifiées à travers plusieurs simulations sont présentées en Fig. 3.36.

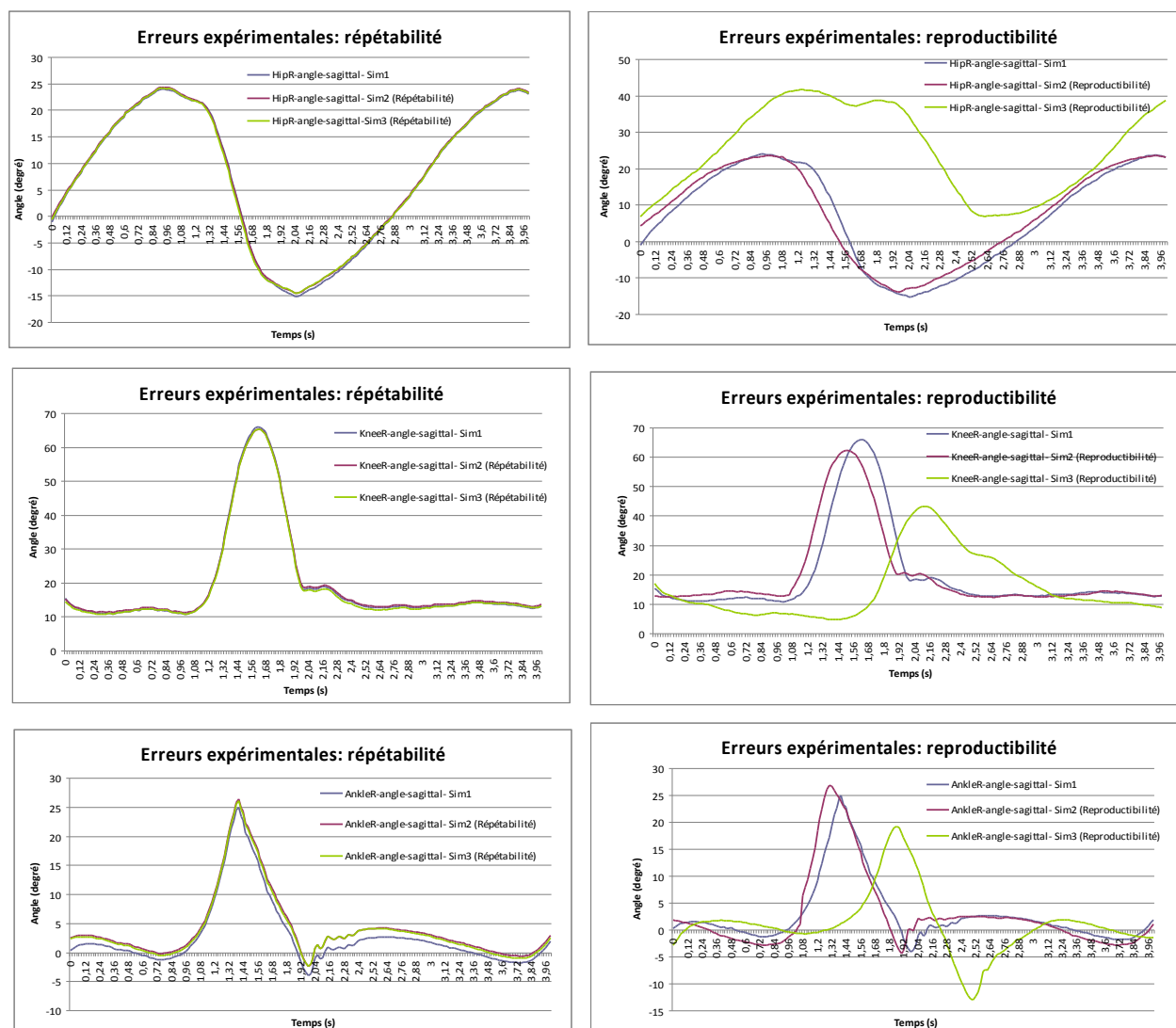


FIGURE 3.36 – Erreurs expérimentales des angles articulaires du côté non pathologique sujet pathologique (Polio)

Le tableau récapitulatif des erreurs cinématiques expérimentales est illustré dans Tableau. 3.9.

Quant aux erreurs de segmentation, les résultats de simulation sont illustrés dans les Fig. 3.37, Fig. 3.38. Le tableau récapitulatif des erreurs calculées est présenté dans Tab. 3.10.

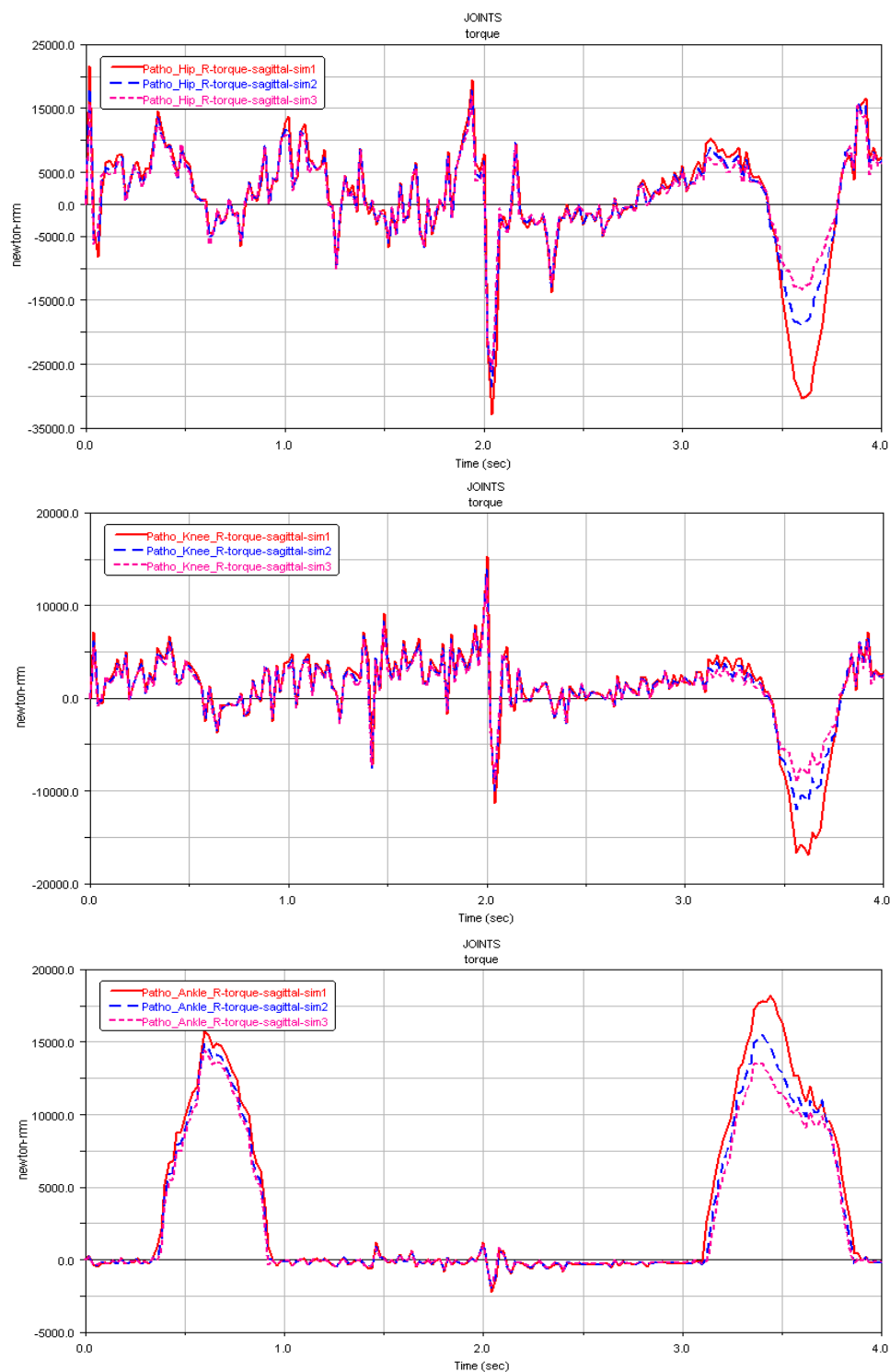


FIGURE 3.37 – Moments articulaires du membre droit (non pathologique) : simulation 1 (réf), simulation 2 (- 3 pixels), et la simulation 3 (- 5 pixels)

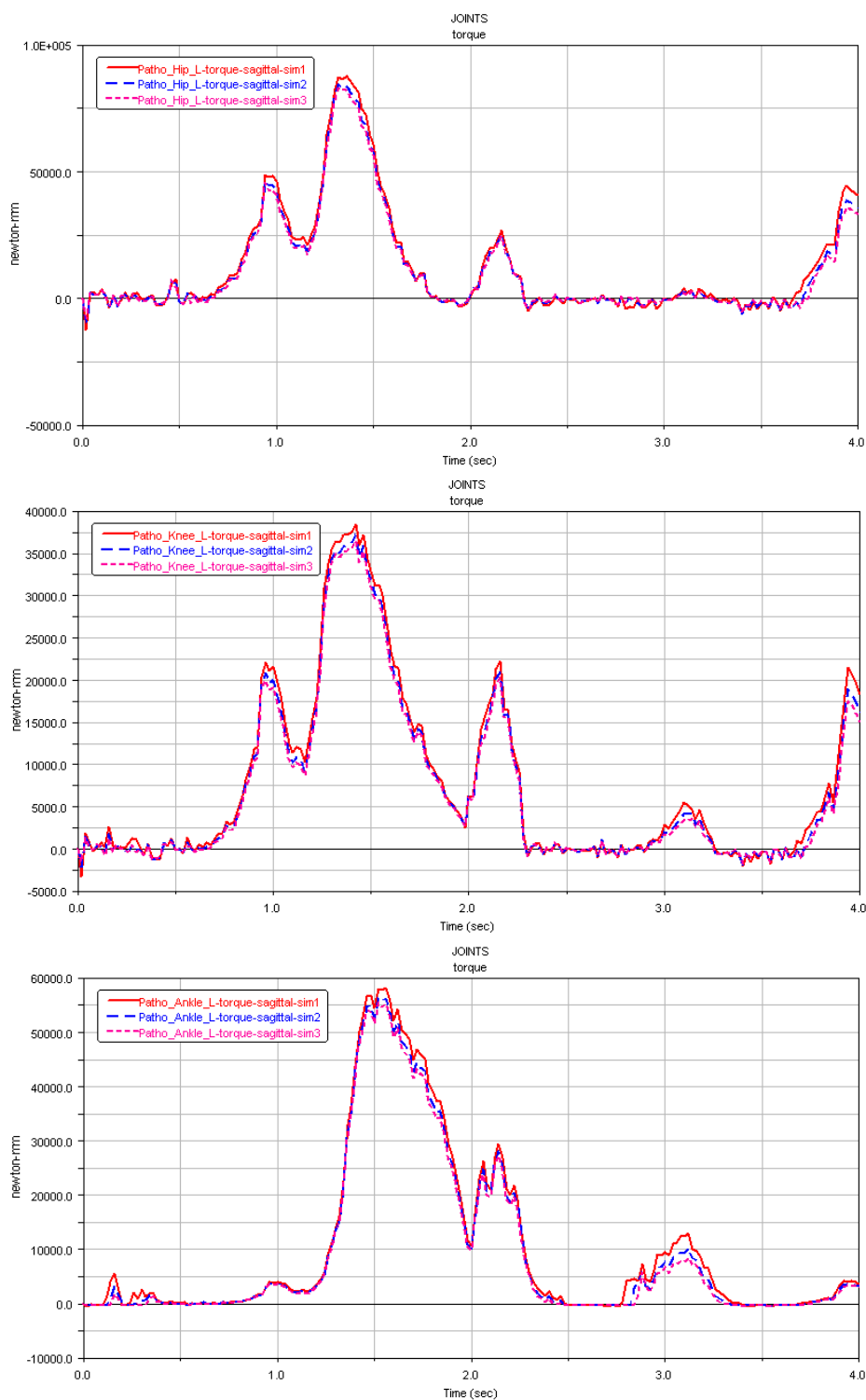


FIGURE 3.38 – Moments articulaires du membre gauche (pathologique) : simulation 1 (réf), simulation 2 (- 3 pixels), et la simulation 3 (- 5 pixels)

CHAPITRE 3. MODÈLE BIOMÉCANIQUE

	Répétabilité		Reproductibilité	
	Sim 1	Sim 2	Sim 1	Sim 2
Angles articulaires droites				
Hanche	0,3 (1,4)	0,28 (1,17)	2 (8,4)	11,67 (28,98)
Genou	0,4 (0,6)	0,37 (0,56)	3 (4,8)	12,37 (18,74)
Cheville	1,3 (4,8)	1,04 (3,99)	1,5 (5,4)	4,3 (17,22)
Angles articulaires gauches (orthèse)				
Hanche	0,1 (0,7)	0,33 (1,65)	2 (10)	10,1 (29,9)
Genou	0	0	0	0
Cheville	0,3 (1,5)	0,76 (3,89)	4,5 (23,3)	4,4 (17,6)

TABLE 3.9 – Tableau récapitulatif des erreurs cinématiques expérimentales dans le plan sagittal (différence moyenne (en degré) et % erreur relative moyenne))

	Erreur moyenne		Erreur maximale	
	Sim 1	Sim 2	Sim 1	Sim 2
Angles articulaires (deg)				
Hanche gauche	0,01 (0,07)	0,02 (0,1)	0,06 (0,3)	0,09 (0,43)
Hanche droite	0,01 (0,043)	0,016 (0,069)	0,11 (0,48)	0,17 (0,72)
Genou gauche	0	0	0	0
Genou droit	0,005 (0,007)	0,008 (0,012)	0,058 (0,089)	0,087 (0,13)
Cheville gauche	0,008 (0,045)	0,013 (0,067)	0,044 (0,23)	0,049 (0,25)
Cheville droite	0,0048 (0,019)	0,0072 (0,029)	0,039 (0,16)	0,057 (0,23)
Moments articulaires (Nmm) ($\times 10^3$)				
Hanche gauche	1,35 (1,54)	1,97 (2,25)	6,05 (6,9)	9,35 (10,67)
Hanche droite	1,13 (3,43)	1,76 (5,38)	11,76 (35,82)	17,4 (52,9)
Genou gauche	0,63 (1,64)	0,95 (2,47)	2,5 (6,5)	3,99 (10,36)
Genou droit	0,56 (3,31)	0,89 (5,26)	5,79 (34,14)	8,7 (51,34)
Cheville gauche	0,85 (1,46)	1,26 (2,16)	4,13 (7,08)	4,82 (8,27)
Cheville droite	0,48 (2,61)	0,72 (3,99)	3,95 (21,72)	5,76 (31,7)
Forces de réaction (N)				
Pied gauche	15,17 (1,68)	22,62 (2,5)	53,14 (5,87)	67,23 (7,42)
Pied droit	5,6 (2,82)	8,63 (4,35)	43,64 (22,01)	63,95 (32,25)
Forces musculaires (N)				
Gastronemius gauche	0,48 (3,28)	0,66 (4,55)	7,9 (54,65)	10,19 (70,46)
Gastronemius droit	0,02 (0,63)	0,03 (0,92)	0,6 (17,57)	0,09 (26,08)
Semitendinosus gauche	0,09 (1,72)	0,12 (2,4)	1,2 (23,27)	2,06 (39,72)
Semitendinosus droite	1,97 (0,65)	2,91 (0,96)	42,84 (14,09)	63,79 (20,98)

TABLE 3.10 – Tableau récapitulatif des erreurs de segmentation (valeur moyenne (% erreur relative moyenne) et valeur maximale (% erreur relative maximale) : simulation 1 (- 3 pixels), et la simulation 2 (- 5 pixels).

CHAPITRE 3. MODÈLE BIOMÉCANIQUE

Concernant les erreurs des coupes anatomiques, les erreurs relatives moyennes et maximales sont présentées dans les figures 3.39, 3.40. Le tableau récapitulatif de toutes les erreurs concernant les résultats cinématiques et cinétiques est illustré dans le Tableau. 3.11.

	Erreur moyen			Erreur maximal		
	Sim 1	Sim 2	Sim 3	Sim 1	Sim 2	Sim 3
Angles articulaires (deg)						
Hanche gauche	0,02 (0,09)	0,03 (0,16)	0,05 (0,26)	0,06 (0,28)	0,11 (0,54)	0,19 (0,92)
Hanche droite	0,02 (0,08)	0,02 (0,1)	0,03 (0,14)	0,1 (0,4)	0,1 (0,4)	0,16 (0,65)
Genou gauche	0	0	0	0	0	0
Genou droit	0,01 (0,01)	0,01 (0,02)	0,01 (0,02)	0,04 (0,06)	0,05 (0,08)	0,09 (0,14)
Cheville gauche	0,01 (0,05)	0,02 (0,09)	0,03 (0,17)	0,04 (0,2)	0,07 (0,36)	0,12 (0,62)
Cheville droite	0,01 (0,02)	0,01 (0,04)	0,02 (0,06)	0,03 (0,12)	0,05 (0,21)	0,09 (0,37)
Moments articulaires (Nmm) ($\times 10^3$)						
Hanche gauche	1,3 (1,4)	2,65 (2,7)	4,6 (4,3)	5,5 (5,9)	11 (10,8)	18 (17,2)
Hanche droite	0,7 (0,8)	1,2 (1,4)	2,1 (2,4)	7,2 (8,3)	11 (12,4)	18 (20)
Genou gauche	0,65 (1,6)	1,3 (3)	2,2 (5)	2,5 (6,1)	4,7 (11,2)	8,2 (18,5)
Genou droit	0,42 (0,4)	0,7 (0,6)	1 (0,9)	4,3 (3,9)	5,8 (5,2)	9,2 (8,1)
Cheville gauche	0,9 (1,4)	1,8 (2,8)	3,14 (4,7)	4,7 (7,7)	8,6 (13,4)	14 (20,7)
Cheville droite	0,4 (2,1)	0,8 (3,7)	1,4 (5,7)	3,1 (15,4)	6 (26,9)	9,3 (36,7)
Forces de réaction (N)						
Pied gauche	4,9 (2,2)	9,5 (3,8)	16,8 (5,8)	34,9 (15,5)	60,4 (24,1)	101,9 (35,4)
Pied droit	15,3 (1,6)	31,8 (3,2)	56,6 (5,4)	41,2 (4,3)	80,1 (8,1)	127,5 (12,3)
Forces musculaires (N)						
Gluteus postérieur droit	0,75 (0,96)	1,57 (1,74)	3,45 (2,98)	15,4 (20)	28,15 (31,3)	53,88 (46,6)
Gluteus antérieur droit	0,03 (0,3)	0,08 (0,67)	0,19 (1,17)	1,51 (15,3)	3,33 (28,4)	7,84 (48,4)

TABLE 3.11 – Tableau récapitulatif des erreurs des coupes anatomiques (valeur moyenne (% erreur relative moyenne) et valeur maximale (% erreur relative maximale) : simulation 1 (1/8), simulation 2 (1/4), et la simulation 3 (1/2)

Résultats de simulation du sujet pathologique (Polio)

Les résultats cinématique et cinétique de la simulation du sujet Polio par rapport au sujet normal sont présentés ci-dessous.

Les angles articulaires de la hanche et du genou sont illustrés dans les Figures 3.41, 3.42. Concernant les angles articulaires de la hanche, une grande amplitude de mouvement du sujet pathologique a été constatée par rapport au sujet normal (+35%). Le temps de la phase de balancement du côté normal du sujet pathologique est long par rapport au sujet normal. À propos des angles articulaires du genou, la différence entre le sujet normal et le sujet pathologique est aussi importante (+30%) et elle est du même ordre de grandeur que pour angles au niveau de la hanche. Pourtant, l'orthèse implantée sur le côté gauche du sujet pathologique bloque complètement le mouvement de flexion et d'extension du genou concerné.

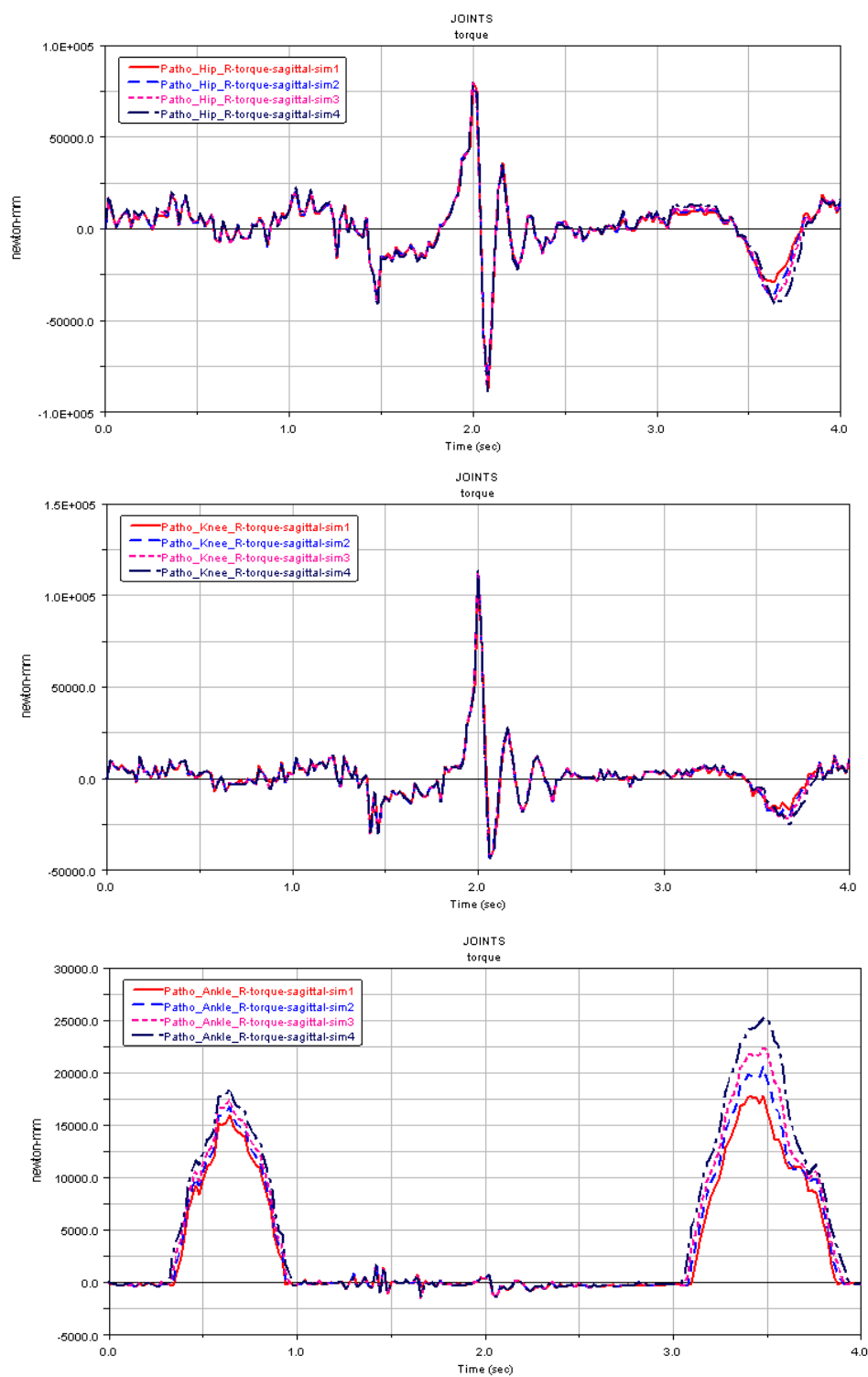


FIGURE 3.39 – Moments articulaires du membre droit (non pathologique) : simulation 1 (réf), simulation 2 (1/8), simulation 3 (1/4), et la simulation 4 (1/2)

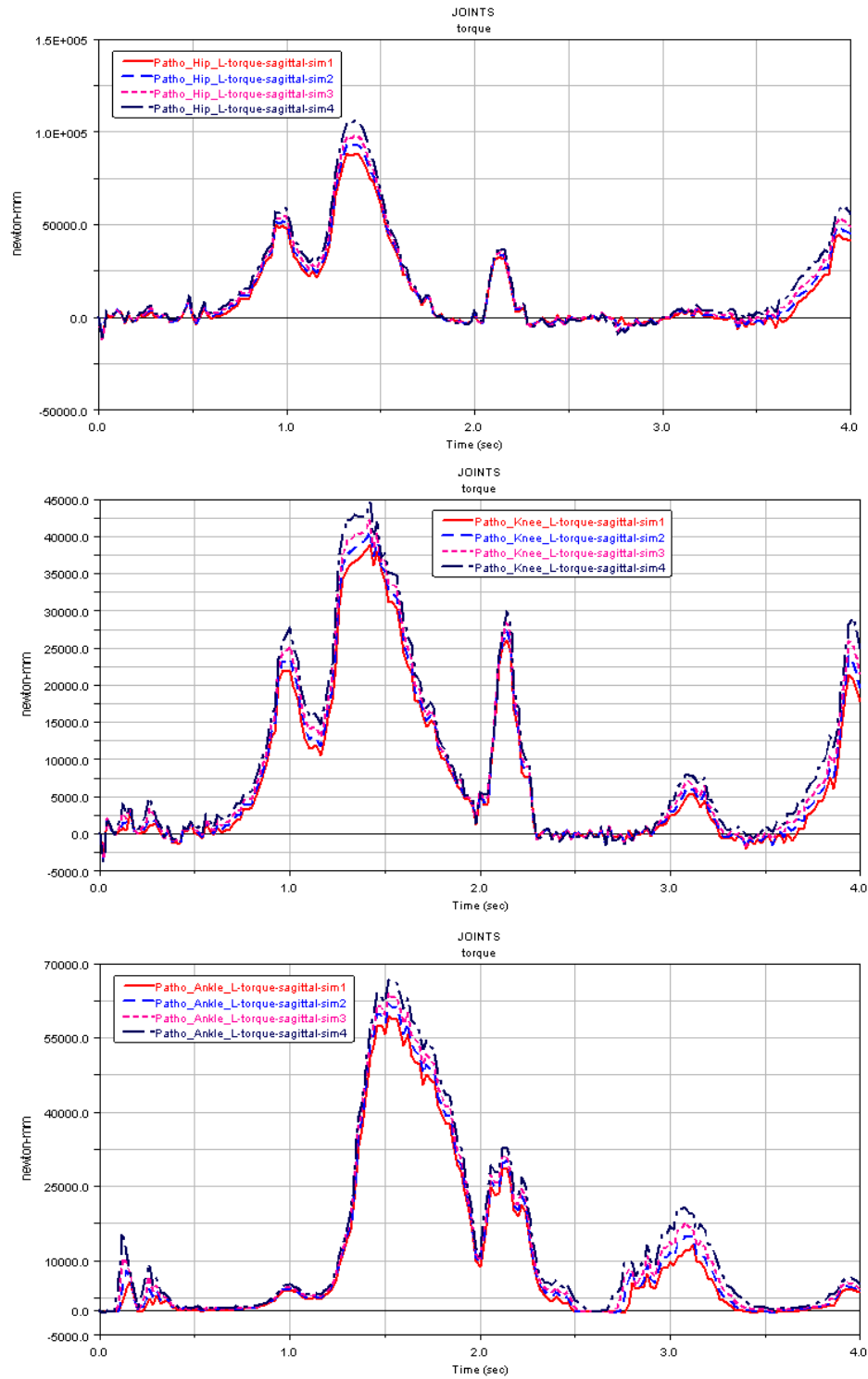


FIGURE 3.40 – Moments articulaires du membre gauche (pathologique) : simulation 1 (réf), simulation 2 (1/8), simulation 3 (1/4), et la simulation 4 (1/2)

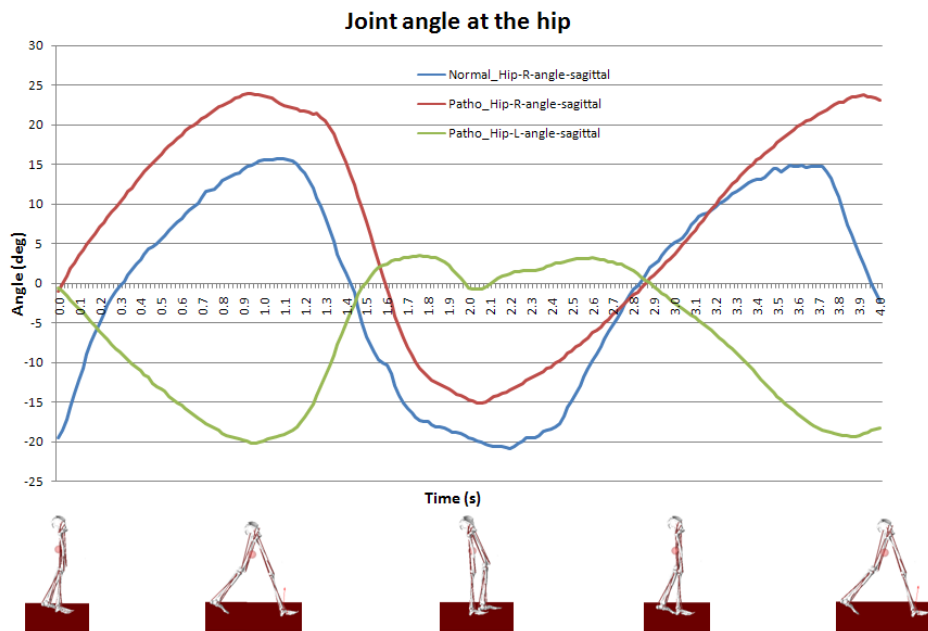


FIGURE 3.41 – Angle articulaire de la hanche

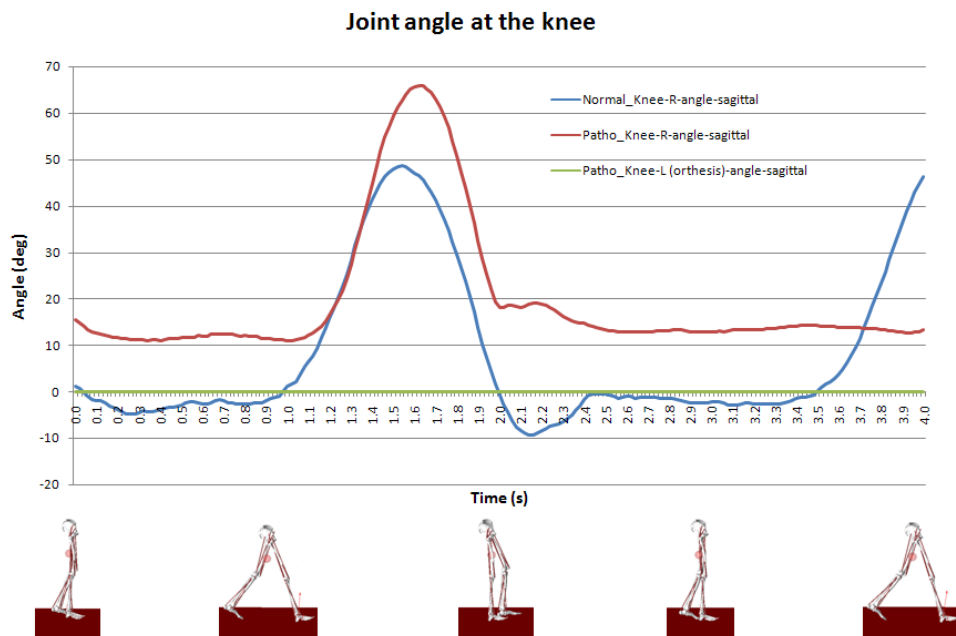


FIGURE 3.42 – Angle articulaire du genou

Le moment articulaire de la hanche droite (côté normal du sujet pathologique) est présenté en Fig. 3.43. Le moment généré par le sujet pathologique est plus grand que celui généré par le

sujet normal dans la phase d'appui de la marche.

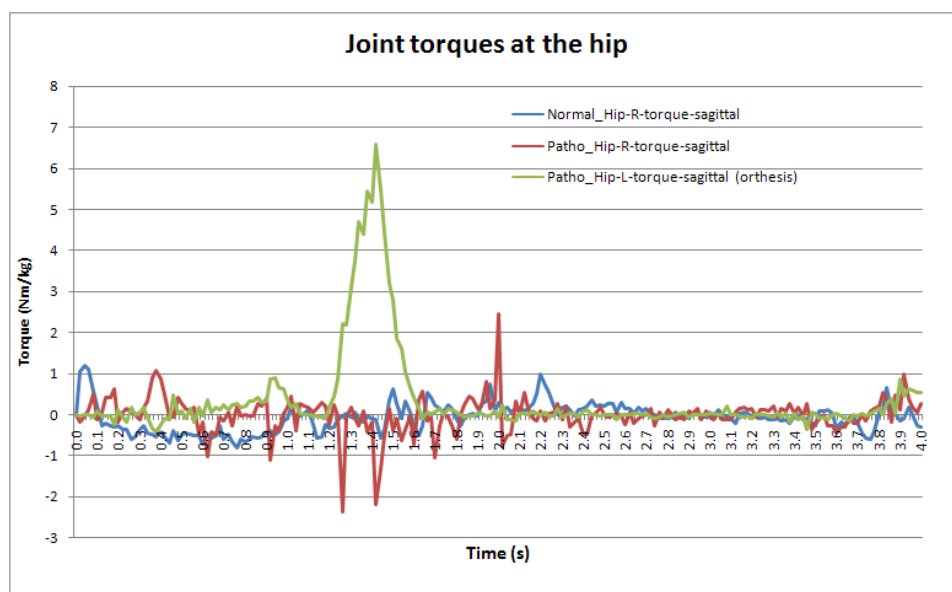


FIGURE 3.43 – Moments articulaires de la hanche

Les moments articulaires du genou du sujet pathologique sont présentés dans Fig. 3.44. Le moment généré du côté pathologique (avec l'orthèse) est plus grand par rapport à l'autre côté dans la phase d'appui de la marche.

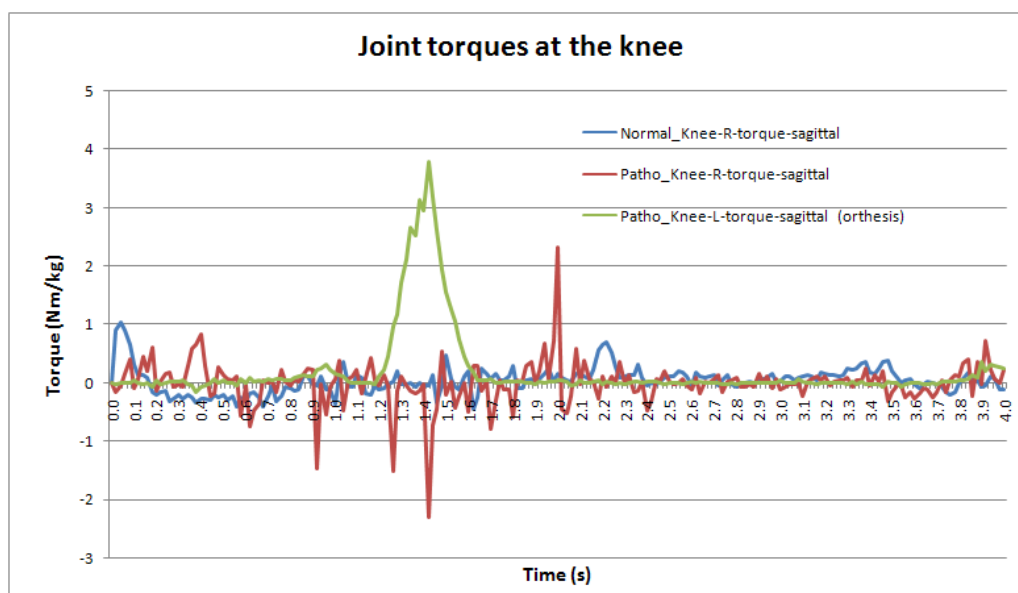


FIGURE 3.44 – Moments articulaires du genou

La force de réaction simulée du membre droit du sujet normal sain et celle du membre droit (côté normal) du sujet Polio sont présentées dans Fig. 3.45. Le pic maximal est de 450 newton. Il y a une différence par rapport au pic maximal des forces de réaction expérimentales (750

CHAPITRE 3. MODÈLE BIOMÉCANIQUE

Newton)(fig. 3.46). Cette différence du pic maximal est expliqué par le fait que le poids total du sujet est pris en compte dans la mesure des forces de réaction, tandis que dans la simulation, le poids total mesuré est celui des membres inférieurs (manque du poids des membres supérieurs).

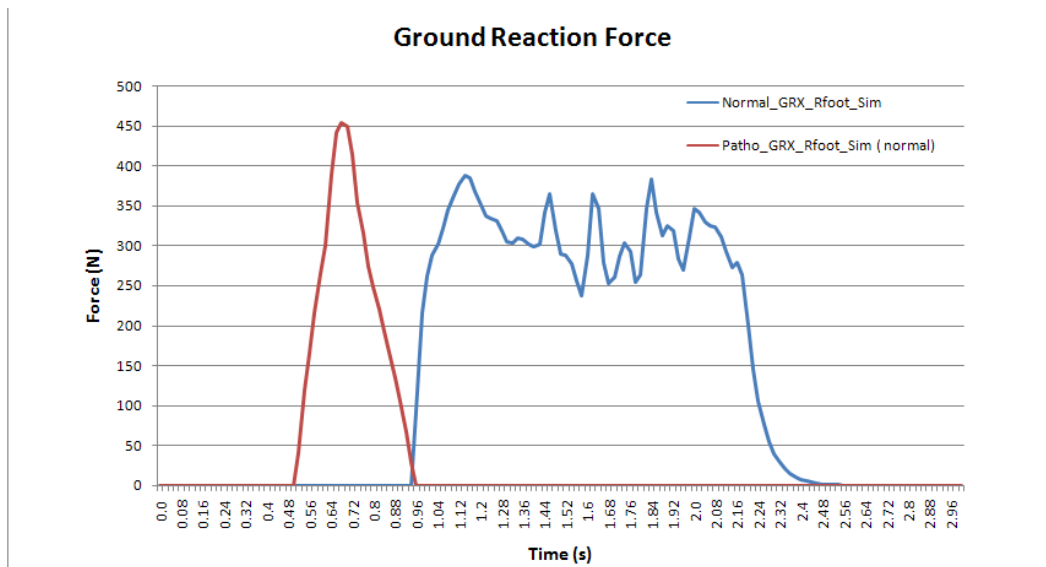


FIGURE 3.45 – Forces de réaction simulées des côtés normaux (sujet normal et sujet pathologique)

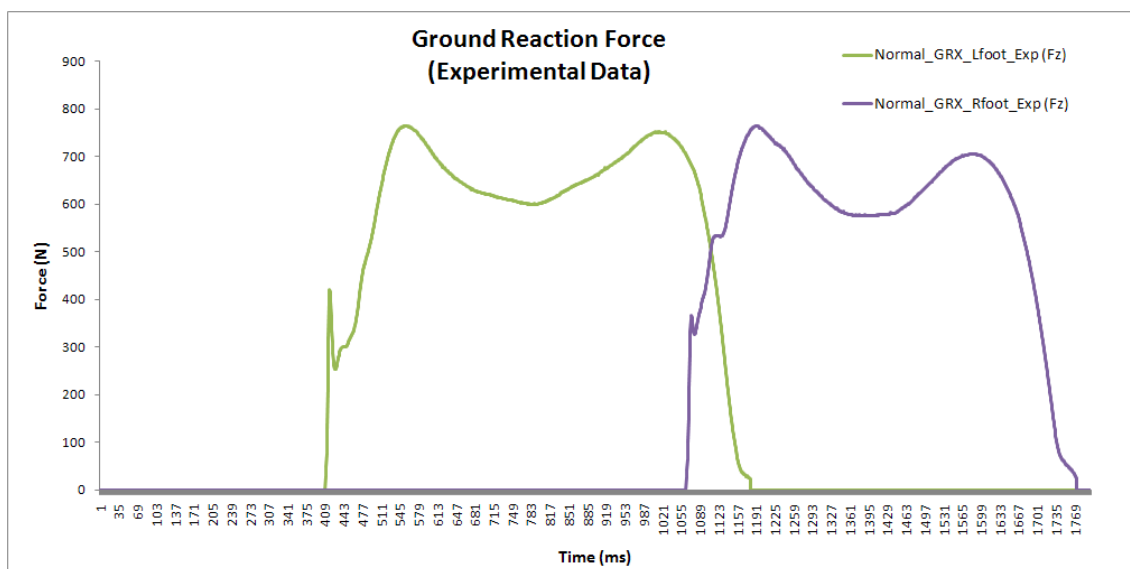


FIGURE 3.46 – Forces de réaction verticales expérimentales

Concernant la force de réaction du côté avec orthèse du sujet pathologique, le résultat de simulation est présenté dans la Fig. 3.47. Par rapport aux forces de réaction expérimentales (Fig.

CHAPITRE 3. MODÈLE BIOMÉCANIQUE

3.48), il y a une surestimation du pic maximal de la force de réaction simulée (2700 N $\ll$ 900 N). De plus, le pic maximal des forces se produit sur la phase Taligrade. Les phases plantigrade et digitigrade ont disparu. Le temps d'appui est plus long par rapport au sujet normal.

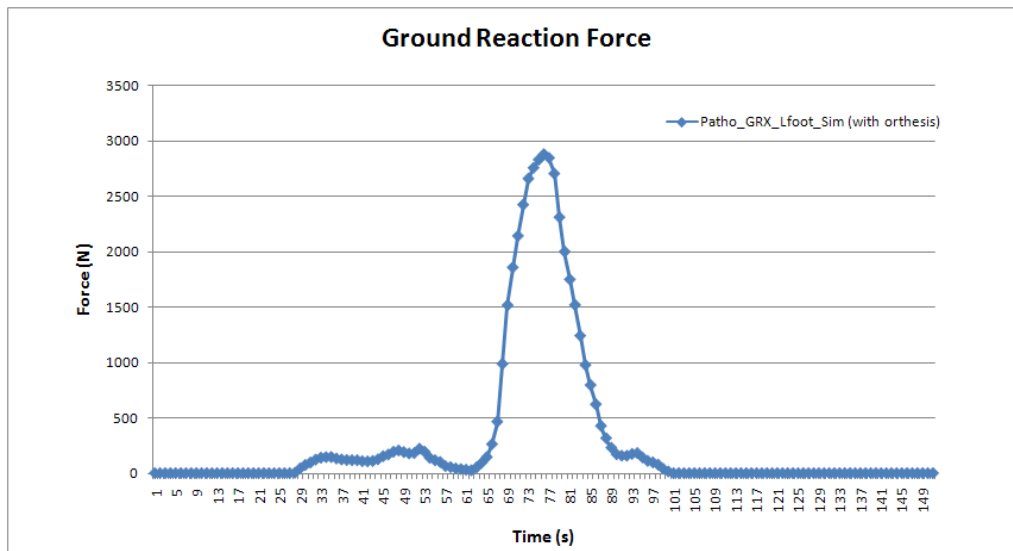


FIGURE 3.47 – Force de réaction simulée du côté avec orthèse du sujet pathologique

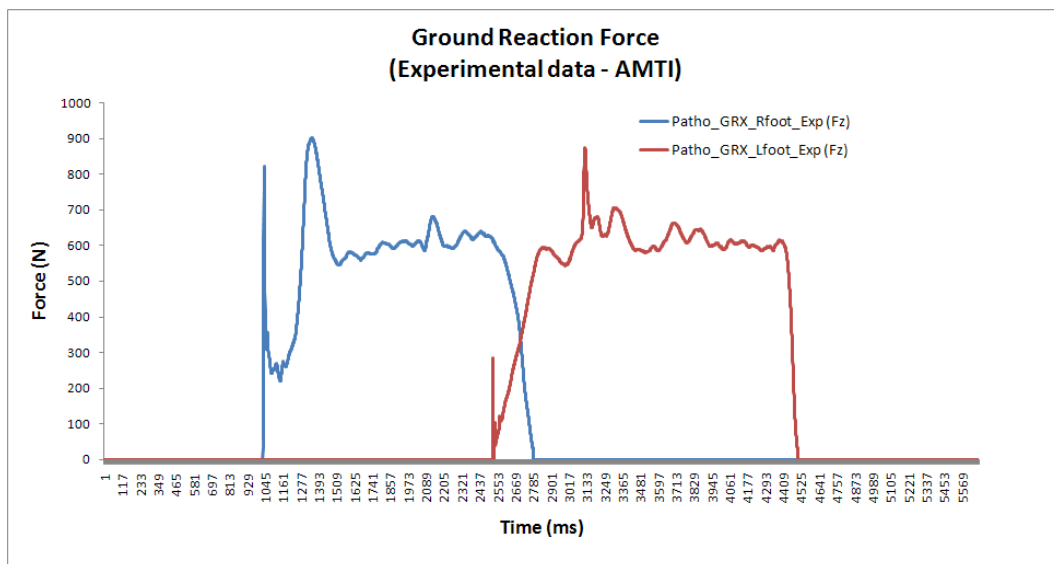


FIGURE 3.48 – Forces de réaction verticales expérimentales du sujet pathologique

La force musculaire du semitendinosus est illustrée dans la Fig. 3.49. Par rapport au sujet normal, la force générée du sujet pathologique est plus petite. Notons également que sous l'effet de l'orthèse bloquée pendant le mouvement, la force générée du côté avec l'orthèse n'est pas significative.

CHAPITRE 3. MODÈLE BIOMÉCANIQUE

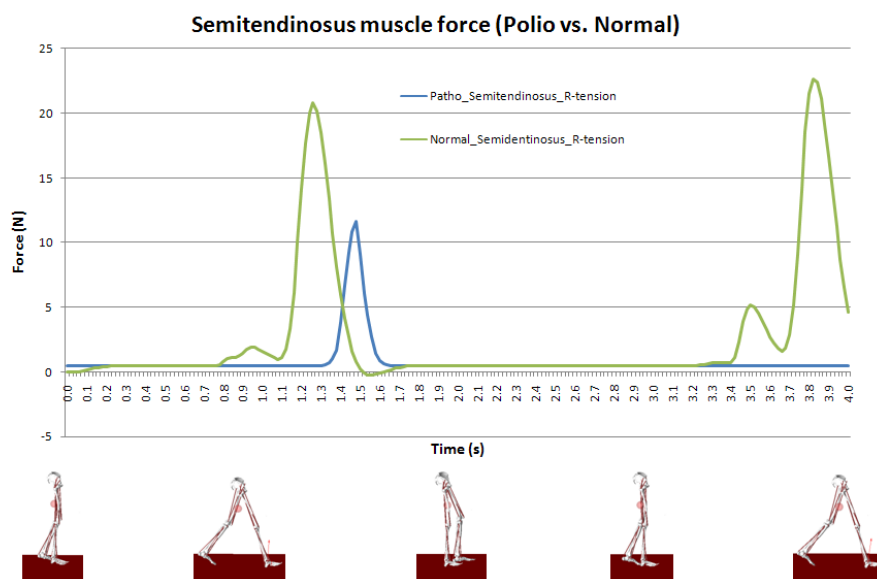


FIGURE 3.49 – Force musculaire du semitendinosus

La force musculaire du groupe des muscles Gluteus lors de la phase d'appui est illustrée dans Fig. 3.50. Concernant le muscle gluteus medius, la force générée du sujet pathologique est plus petite. Par contre, la différence de la force générée par le muscle Gluteus maximus entre les deux sujets n'est pas importante.

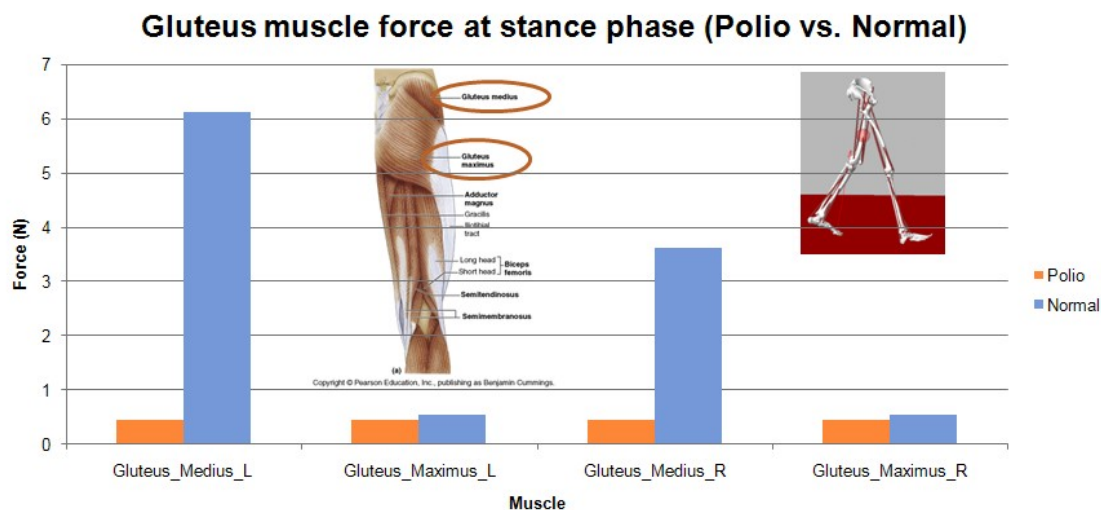


FIGURE 3.50 – Force musculaire du groupe des muscles Gluteus lors de la phase d'appui

3.5.4 Discussion

Les paramètres mécaniques des segments corporels sont personnalisés à l'aide de l'imagerie médicale. La comparaison de notre méthode de calcul avec les méthodes de la littérature ([29], [33], [98]) a été réalisée. Le test statistique de l'analyse de variance multivariée (one-way MANOVA) a été effectuée sur 4 paramètres dépendants (M, Ixx, Iyy, Izz) de la cuisse, jambe et pied. Les résultats obtenus montrent une différence significative entre les méthodes (Fig. 3.51). Cette différence est expliquée par le fait que les méthodes utilisent différents repères de calcul et aussi différents modèles de calcul (cadavérique vs. imagerie (rayons-X dual, IRM, CT Scan)).

Segment	Méthode	Masse (% BW)	Ixx (kg m ²)	Iyy (kg m ²)	Izz (kg m ²)	p-value
Cuisse droite	Notre méthode	10.28 (0.27)	0.060 (0.004)	0.056 (0.004)	0.021 (0.001)	< 0,05
	Cheng et al, 2000	10.85 (4.32)	0.14 (0.05)	0.014 (0.05)	0.017 (0.004)	
	Lee et al, 2009	10.42 (4.54)	0.1713 (0.0919)	0.1825 (0.1116)	0.0405 (0.0352)	
	Chandler et al, 1975	8.5 (4.02)	0.1469	0.1518	0.0326	
Cuisse gauche	Notre méthode	10.66 (0.3)	0.063 (0.004)	0.059 (0.004)	0.023 (0.001)	< 0,05
	Cheng et al, 2000	10.85 (4.32)	0.14 (0.05)	0.014 (0.05)	0.017 (0.004)	
	Lee et al, 2009	10.42 (4.54)	0.1713 (0.0919)	0.1825 (0.1116)	0.0405 (0.0352)	
	Chandler et al, 1975	8.5 (4.02)	0.1469	0.1518	0.0326	
Jambe droite	Notre méthode	4.5 (0.08)	0.021 (0.001)	0.021 (0.001)	0.004 (0)	< 0,01
	Cheng et al, 2000	3.51 (1.4)	0.025 (0.006)	0.025 (0.006)	0.003 (0.001)	
	Lee et al, 2009	3.28 (0.95)	0.0399 (0.0092)	0.0411 (0.0109)	0.0056 (0.003)	
	Chandler et al, 1975	3.27 (1.3)	0.0480	0.0469	0.0043	
	Zatsiorsky et al, 1990	3.42 (1.19)	0.0443	0.0410	0.0073	
Jambe gauche	Notre méthode	4.61 (0.09)	0.022 (0.002)	0.022 (0.001)	0.004 (0)	< 0,01
	Cheng et al, 2000	3.51 (1.4)	0.025 (0.006)	0.025 (0.006)	0.003 (0.001)	
	Lee et al, 2009	3.28 (0.95)	0.0399 (0.0092)	0.0411 (0.0109)	0.0056 (0.003)	
	Chandler et al, 1975	3.27 (1.3)	0.0480	0.0469	0.0043	
	Zatsiorsky et al, 1990	3.42 (1.19)	0.0443	0.0410	0.0073	
Pied droit	Notre méthode	1.10 (0.02)	0.002 (0)	0.001 (0)	0.002 (0)	< 0,01
	Cheng et al, 2000	1.6 (0.63)	0.009 (0.002)	0.007 (0.002)	0.009 (0.005)	
	Lee et al, 2009	0.83 (0.11)	0.0008 (0.0001)	0.0029 (0.0793)	0.0027 (0.0003)	
	Chandler et al, 1975	0.98 (0.27)	0.0039	0.0036	0.0009	
	Zatsiorsky et al, 1990	1.06 (0.27)	0.0048	0.0044	0.0011	
Pied gauche	Notre méthode	1.1 (0.03)	0.002 (0)	0.000 (0)	0.002 (0)	< 0,01
	Cheng et al, 2000	1.6 (0.63)	0.009 (0.002)	0.007 (0.002)	0.009 (0.005)	
	Lee et al, 2009	0.83 (0.11)	0.0008 (0.0001)	0.0029 (0.0793)	0.0027 (0.0003)	
	Chandler et al, 1975	0.98 (0.27)	0.0039	0.0036	0.0009	
	Zatsiorsky et al, 1990	1.06 (0.27)	0.0048	0.0044	0.0011	

FIGURE 3.51 – Paramètres mécaniques des segments corporels : notre méthode vs. littérature

Les erreurs cinématiques expérimentales ont été quantifiées à travers différentes simulations. Les erreurs de la reproductibilité variant de 5 à 30 % sont plus importantes par rapport aux erreurs de la répétabilité (< 5%). Cela signifie que la stabilité du mouvement est un facteur important pour établir les protocoles cinématiques expérimentaux et simuler les mouvements du sujet pathologique.

Les réductions de 3 et de 5 pixels du seuil de segmentation ont produit une décroissance des propriétés morphologiques des segments corporels. Une augmentation des erreurs relatives moyennes et maximales a été révélée. C'est-à-dire que nous avons une décroissance des résultats cinétiques (de 1 à 71 %) (e.g. moments articulaires, forces de réactions et forces musculaires)

par rapport à la décroissance des propriétés morphologiques des segments corporels. Il est noté que les erreurs des résultats cinématiques sont beaucoup plus petites par rapport aux résultats cinétiques, cela est expliqué par le fait que les mêmes données cinématiques ont été utilisées comme données d'entrées pour simuler la dynamique inverse et la dynamique directe.

Une augmentation des propriétés morphologiques de la cuisse par des rajouts approximatifs de $\frac{1}{8}$, $\frac{1}{4}$, et $\frac{1}{2}$ des propriétés morphologiques du bassin (et inversement une diminution de $\frac{1}{8}$, $\frac{1}{4}$, et $\frac{1}{2}$ des propriétés morphologiques du bassin) implique la croissance de 0.01 à 48.4 % des résultats cinématiques et cinétiques. Notons également que les erreurs cinématiques sont beaucoup plus petites par rapport aux erreurs cinétiques.

Les résultats obtenus ont montré l'utilisation possible de la méthodologie de modélisation personnalisée pour simuler les sujets normaux et pathologiques.

3.6 Discussion générale du modèle biomécanique

Un benchmark comparatif des logiciels de modélisation biomécanique (AnyBody, SIMM, LifeMod) a été réalisé afin d'analyser les différentes approches de conception des modèles musculosquelettiques. Nous avons remarqué que ces logiciels utilisent différentes méthodologies de modélisation. **Ceci révèle qu'il n'y a pas de consensus sur la conception des modèles musculosquelettiques.**

Les paramètres des structures biologiques (e.g. l'os, le muscle, etc.) jouent un rôle important dans la simulation des modèles biomécaniques. La fiabilité des résultats obtenus est reliée directement aux ordres de grandeurs de ces paramètres. Pourtant, la plupart des modèles développés (paramétrable ou personnalisé) ont utilisé des données extraites de la littérature, surtout les propriétés inertielles des segments corporels. Pour montrer l'intérêt de la personnalisation de ces paramètres à l'aide des techniques d'imagerie médicale (e.g. IRM, CT Scanner), une étude de sensibilité des paramètres anthropométriques et géométriques des os et des muscles a été effectuée. Les forts impacts de ces paramètres sur les résultats cinématiques et cinétiques ont montré que l'application clinique du modèle musculosquelettique développé demande une **personnalisation expérimentale de ces paramètres**. De plus, notre étude de sensibilité (dynamique inverse et directe) est complémentaire avec les autres études de sensibilité de la littérature (dynamique inverse) [73], [125], [127].

Les forces musculaires sont des données utilisées fréquemment dans les modèles déformables développés par la méthode des éléments finis (MEF) ([17], [83], [147]). Plusieurs muscles ont été choisis pour étudier des charges sur leurs positions (origine ou attachement). Les valeurs des forces musculaires utilisées sont souvent issues de la littérature, soit dans les études expérimentales (in vitro [21], in vivo [55]) où la force mesurée dépend de la configuration de l'expérimentation, soit dans les analyses dynamiques inverses où la force calculée est basée sur les activités simulées (e.g. la marche, la course). **D'où l'évaluation de la cohérence des résultats obtenus avec d'autres approches nous a paru intéressant afin de donner les ordres de grandeurs obtenus.**

Une acquisition des efforts musculaires des membres inférieurs a été réalisée à partir des études expérimentales et des analyses dynamiques inverses dans la littérature. Les modèles rhéologiques utilisés sont le modèle de A.V Hill, 1951 (Fig. 3.8) (une composante contractile (CE), une composante élastique sérielle (SEE) et une composante élastique parallèle (PE), l_{curr} , v_{curr} est la longueur et la vitesse actuelle du muscle, $A(t)$ est la fonction d'activation du muscle) et le modèle Closed Loop du logiciel LifeMod où la force maximale est calculée en fonction du rapport raccourcissements/allongements de la longueur musculaire au cours du mouvement. La synthèse des études considérées est illustrée dans les figures 3.52 et 3.53 ([82], [21], [120], [55]). Ces données sont utilisées pour comparer nos résultats de simulation.

La comparaison quantitative a été effectuée sur les paramètres suivants 1) les pics maximaux de la force musculaire de la phase d'appui et d'un cycle de marche 2) les forces musculaires à 10%, 30%, et 45% d'un cycle de marche 3) la force musculaire du groupe des muscles Adducteur d'un cycle de marche. Les forces comparées sont standardisées par le poids total de chaque modèle.

Les pics maximaux de la force musculaire de la phase d'appui sont illustrés dans la figure Fig. 3.54.

Les pics maximaux de la force musculaire d'un cycle de marche sont illustrées dans la figure Fig. 3.55.

CHAPITRE 3. MODÈLE BIOMÉCANIQUE

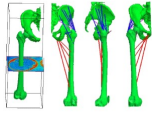
Auteur	Type	Modèle Musculoquelettique	Modélisation musculaire	Illustrations
Heller et al, 2001	Dynamique inverse (marche) Optimisation (Contrainte : 80% de la force physiologique maximale)	Visible Human Project (CT Scan)	Ligne d'action	
Brand et al, 1994	Dynamique inverse (marche)	Visible Human Project (CT Scan)	Ligne d'action	
Pedersen et al, 1997	Dynamique inverse (marche)	Brand et al, 1982	Ligne d'action	

FIGURE 3.52 – Synthèse des données (I)

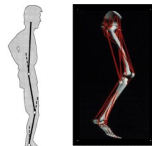
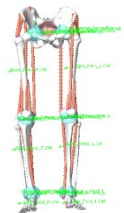
Auteur	Type	Modèle Musculoquelettique	Modélisation musculaire	Illustrations
Delp et al, 1990, 1992	Dynamique inverse (marche)	Modèle standard du logiciel SIMM	Ligne d'action	
LifeMod Company	Dynamique inverse (marche) Optimisation (Contrainte : 100% de la force physiologique maximale)	Modèle standard du logiciel LifeMod (17 muscles)	Ligne d'action	
Dao et al, 2009	Dynamique inverse (marche) Optimisation (Contrainte : 100% de la force physiologique maximale)	Modèle paramétrable du logiciel LifeMod (10 muscles)	Ligne d'action	

FIGURE 3.53 – Synthèse des données (II)

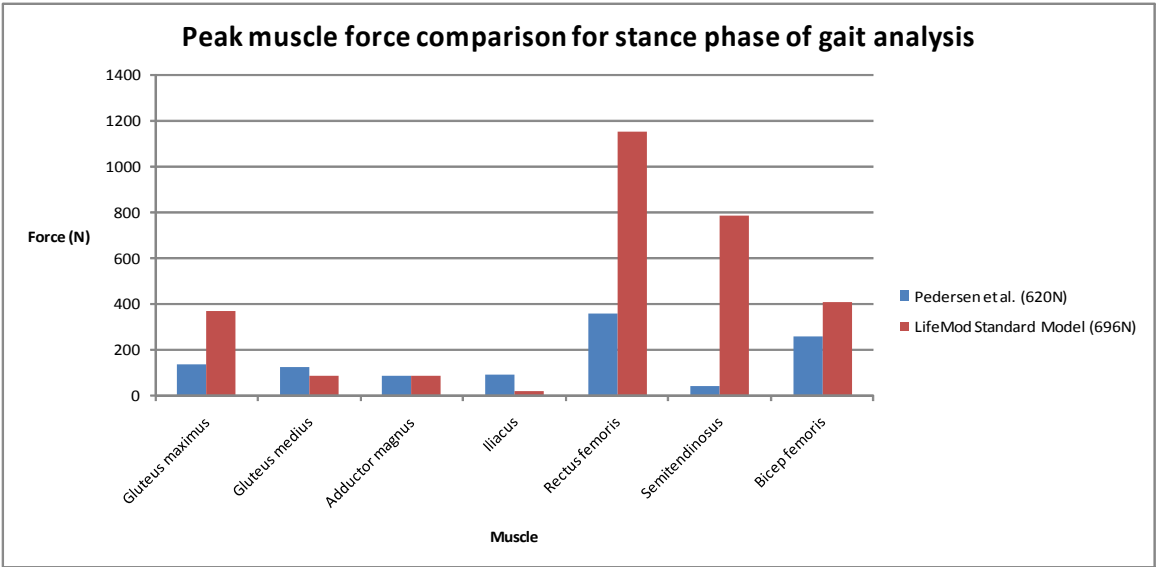


FIGURE 3.54 – Pics maximaux de la force musculaire de la phase d'appui

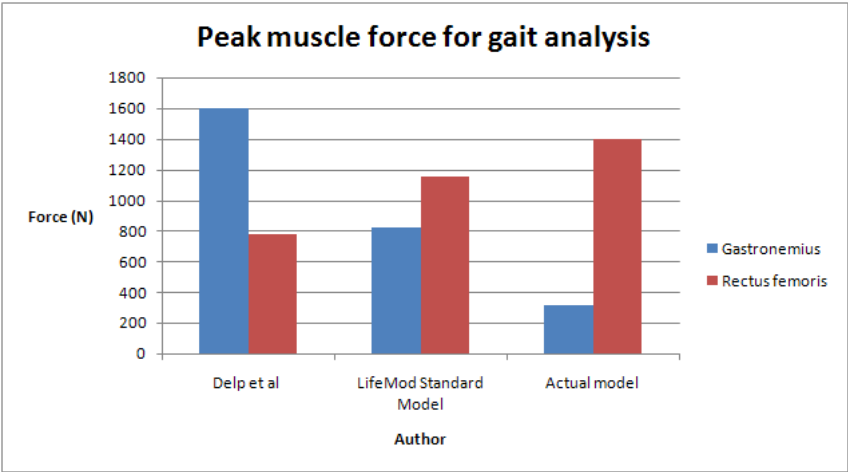


FIGURE 3.55 – Pics maximaux de la force musculaire d'un cycle de marche

Les forces musculaires à 10%, 30%, et 45% d'un cycle de marche sont illustrés dans les tableaux Tab. 3.12 et 3.13.

	Bitsakos et al. (N)			LifeMod Standard Model (N)			Modèle actuel (N)		
	10%	30%	45%	10%	30 %	45%	10%	30 %	45%
Gluteus maximus	335	244	204	366	4	0			
Gluteus medius	94	82	113	91	35	0.14	253	42	12

TABLE 3.12 – Comparaison des forces des muscles glutéus

	LifeMod Standard Model (% BW)			Stolk et al. (% BW)			Modèle actuel (% BW)		
	10%	30%	45%	10%	30 %	45%	10%	30 %	45%
Iliacus	0	0.07	0.24	0	0.068	0.143			
Vastus medialis	0	0	0.028	0.396	0	0.013	0.08	0.007	0.007
Vastus lateralis	0	0	0.012	0	0	0.032	0.1	0.007	0.007

TABLE 3.13 – Comparaison des forces des muscles vatus et iliacus

Les forces musculaires du groupe des muscles Adducteur d'un cycle de marche sont illustrées dans la figure Fig. 3.56.

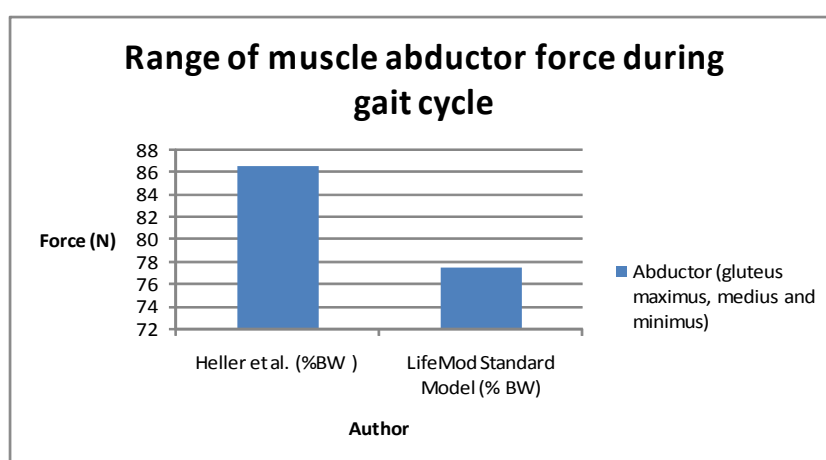


FIGURE 3.56 – Forces musculaires du groupe des muscles Adducteur d'un cycle de marche

Une forte variation des efforts musculaires calculés a été observée. Ceci est dû principalement à la modélisation simpliste des muscles. En effet, le calcul des efforts musculaires est principalement basé sur l'aire axiale moyenne d'un muscle (pCSA). **Or nous avons remarqué que ce paramètre est sensible pour calculer les efforts musculaires.**

Concernant les pics maximaux de la phase d'appui, les forces générées par le modèle standard du logiciel LifeMod sont plus grandes que celles du modèle de Pedersen et al, 1997. L'explication d'une telle différence se trouve dans le processus d'optimisation pour calculer les efforts musculaires. Dans le modèle LifeMod, 100% de la force physiologique maximale a été utilisée par rapport à 80% dans le modèle de Pedersen et al, 1997. Donc, la force calculée par le modèle LifeMod est logiquement plus grande que celle du modèle de Pedersen et al, 1997. **Ceci confirme encore une fois qu'il n'y a pas de consensus sur la conception des modèles musculosquelettiques.**

Les pics maximaux d'un cycle de marche sont différents pour les modèles des logiciels SIMM et LifeMod car le choix des paramètres utilisés est différent. Le choix des muscles simulés est aussi différent. Les forces des muscles Gluteus diminuent de 10% à 45% du cycle de marche selon les modèles de Bitsakos et al, 2005 ; le modèle actuel et le modèle standard de LifeMod. Par contre, une augmentation des forces musculaires pour les muscles Iliacus a été constatée de 10% à 45% du cycle de marche selon les modèles de Stolk et al, 2001 ; le modèle actuel et le modèle standard de LifeMod. Cette remarque peut être expliquée par le changement des positions du

pied (taligrade, plantigrade, digitigrade) lors du contact pied/sol. Pour les muscles Vastus, une forte variation a été constatée entre ces modèles.

Nous avons remarqué tout de même que la force musculaire du groupe des muscles adducteurs calculée selon le modèle de Heller et al, 2001 et celle du modèle standard de LifeMod sont cohérentes.

La comparaison directe entre les modèles est délicate car les résultats obtenus sont fortement liés à la méthodologie de modélisation. **Ce point soulève la polémique de la robustesse de la modélisation musculosquelettique de manière générale.**

Pour résumer, la validation quantitative proprement dite des modèles musculosquelettiques est impossible, c'est un verrou technologique. Pourtant, les modèles développés quelles que soient leur méthodologie de modélisation sont qualitativement comparables et ils convergent vers la même direction (mêmes ordres de grandeur).

Toutes ces constatations et notre souhait d'aller vers les applications cliniques nous ont amené à proposer une méthodologie de modélisation personnalisée avec la prise en considération de la personnalisation des géométries des segments corporels, leurs propriétés inertielles, et la longueur des muscles. Comme exemple d'application clinique, deux modèles personnalisés ont été développés : un modèle du sujet normal et un sujet présentant un handicap locomoteur (e.g. pathologie de Heine-Medin (Polio)). La quantification des erreurs de modélisation (e.g. erreurs expérimentales cinématiques, erreurs de segmentation et du choix des coupes anatomiques) a été effectuée pour étudier la précision des résultats de simulation et cela renforce les interprétations cliniques de ces résultats. Une étude des effets biomécaniques de l'orthèse des membres inférieurs sur la marche pathologique a été effectuée. Les résultats obtenus ont montré que notre méthodologie de modélisation personnalisée est prometteuse pour les applications cliniques. De plus, ces résultats peuvent servir à améliorer la conception des orthèses de la pathologie Polio. D'après nos connaissances de la littérature, notre étude est le premier pas pour se confronter à ces problématiques.

Par rapport aux modèles musculosquelettiques personnalisés développés dans la littérature, nos modèles personnalisés ont utilisé les données inertielles personnalisées des sujets étudiés. Ce point important a permis d'améliorer les simulations des modèles musculosquelettiques par la dynamique inverse et directe. Les résultats obtenus sont plus proches de la réalité physiologique des sujets, surtout pour le sujet pathologique ayant la morphologie pathologique des structures biologiques.

L'étude comparative quantitative des forces musculaires calculées à partir des études expérimentales et simulations des corps rigides a été effectuée. Ces forces musculaires ont été fréquemment utilisées dans les simulations des corps déformables (e.g. par la méthode d'éléments finis). Notre étude a mis en évidence la nécessité de la personnalisation des propriétés mécaniques du muscle et aussi l'amélioration des modèles rhéologiques utilisés actuellement.

Une des limites de notre modèle est la modélisation des muscles. Le modèle rhéologique musculaire dans la version actuelle du logiciel LifeMod ne permet pas de simuler la physiologie pathologique des muscles. Les paramètres de ce modèle sont globaux (e.g. à l'échelle macroscopiques) et elles sont limitées par rapport aux propriétés mécaniques globales et locales réelles des muscles (e.g. aux échelles microscopiques et macroscopiques).

Actuellement, concernant le développement des modèles musculosquelettiques personnalisés dans le cadre des applications cliniques, le modèle de la paralysie cérébrale développé par l'équipe de recherche de Delp SL (Université de Stanford) est le seul modèle développé et validé

partiellement. Ce modèle est amélioré au fur et à mesure des progrès de la technologie et de connaissances. Il semble qu'il est devenu un modèle générique pour les simulations des patients PC. La déformation des structures osseuses rend ce modèle plus flexible afin de l'adapter aux différentes morphologies des patients PC. Les propriétés mécaniques des muscles (e.g. longueur, bras de levier) de ce modèle ont été validées par les mesures expérimentales à l'aide de la technique d'IRM. Cela a permis de mieux simuler les effets des procédures chirurgicales des muscles (e.g. raccourcissement, allongement, transfert).

Afin de développer les modèles musculosquelettiques représentant la physiologie pathologique complexe du corps humain, les nouvelles pistes d'évolution pour répondre aux limitations actuelles des modèles musculosquelettique sont discutées dans la section suivante.

3.7 Perspectives du modèle biomécanique en vue de son utilisation clinique

La simulation de la dynamique inverse et directe est une chaîne complète pour décrire le mouvement du corps humain. L'intégration des équations du mouvement des corps rigides (os, articulation, etc.) et les modèles rhéologiques musculaires permettent de quantifier les paramètres cinématiques (e.g. angles articulaires), dynamique (e.g. moments articulaires, forces de réaction, forces musculaires). La compréhension des forces musculaires générées lors d'un mouvement est actuellement encore un mystère. Ce point est très important afin de clarifier l'étiologie de la marche pathologique et d'objectiver et mieux cibler le traitement clinique, voire le traitement individualisé. Pour arriver à ce point, plusieurs améliorations des modèles musculosquelettiques sont envisagées ci-dessous.

Articulation un modèle plus rigoureux avec la prise en considération des translations (e.g. contact articulaire) d'un solide à l'autre est nécessaire pour mieux présenter la morphologie pathologique. Particulièrement, l'articulation de la cheville est plus importante car le contact du pied au sol dépend directement du modèle articulaire et de la morphologie du pied (définie actuellement comme un solide rigide). Un modèle articulaire avec la prise en considération des lois de comportement des cartilages est un challenge actuel.

Muscle la modélisation géométrique des muscles est un point à améliorer. Les techniques d'imagerie médicale (e.g. IRM) permettent de personnaliser les propriétés mécaniques (e.g. bras de levier, points d'attachement musculaire, etc.) mais le coût et le temps de développement sont des compromis à surmonter. De plus, les modèles rhéologiques musculaires sont aussi à améliorer. La plupart des modèles musculosquelettiques développés actuels utilisent le modèle macroscopique de Hill qui est basé sur la relation longueur/force et vitesse/force pour calculer les forces musculaires. Le nombre de paramètres à considérer pour un muscle est important (e.g. 5 pour le modèle de Hill : pics de force isométrique, longueur optimale des fibres musculaires, angles de pennation, longueur des muscles sans les tendons liés, et la vitesse de raccourcissement maximale). La détermination des forces musculaires reste un champ de recherche à part entière qui nécessite encore d'être exploré. Les fonctions objectives individualisées des patients étudiés sont des solutions afin de mieux calculer les forces musculaires [70]. Les signaux d'EMG peuvent être intégrés dans les modèles rhéologiques musculaires pour mieux présenter les activités musculaires. L'intégration des propriétés mécaniques par une caractérisation multi-échelle (e.g. signaux électriques

des sacromères, des myofibres, etc.) peut améliorer le modèle rhéologique musculaire afin d'affiner le calcul des forces musculaires. Le contact entre les muscles et les structures osseuses pendant le mouvement ayant de grandes amplitudes (e.g. positions extrêmes) est aussi un point à améliorer (Fig. 3.57, Fig. 3.58). En effet, les représentations ne sont pas réalistes les muscles pénètrent dans les structures osseuses. Cette problématique existe actuellement dans presque tous les logiciels de modélisation (e.g. LifeMod, OpenSIMM, SIMM, AnyBody).

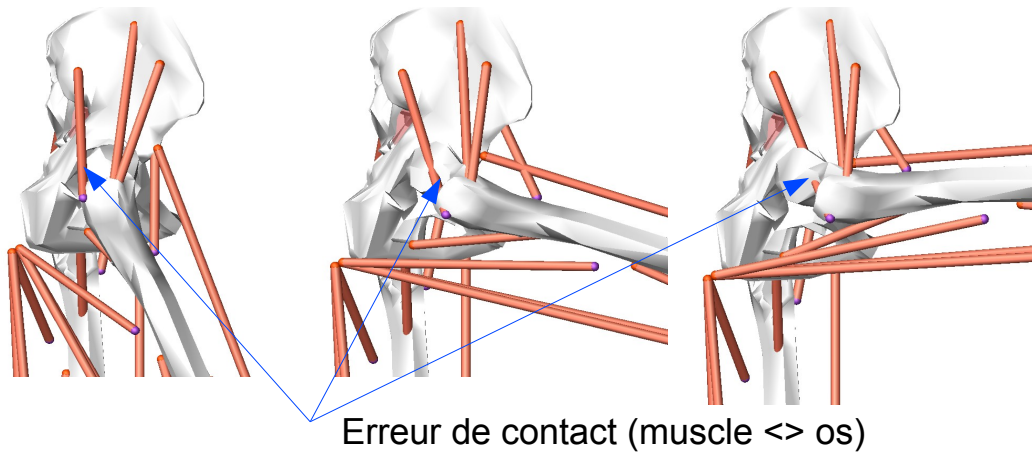


FIGURE 3.57 – Erreur de contact (muscle $\leftrightarrow$ os)(BRG.LifeMod)

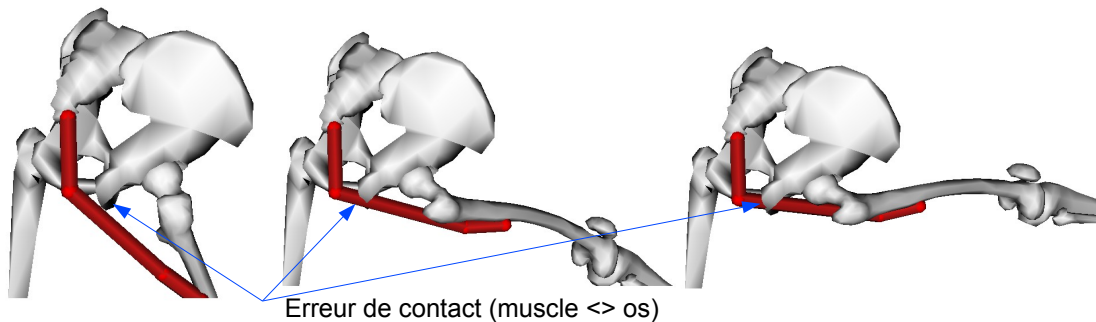


FIGURE 3.58 – Erreur de contact (muscle $\leftrightarrow$ os)(SIMM + OpenSIMM)

Validation la validation qualitative entre les résultats de simulation avec les expérimentations (e.g. force de réaction, signaux d'EMG) est fréquemment effectuée. La relation de l'accélération produite par une force musculaire déterminée expérimentalement est peut-être une amélioration de la validation des modèles musculosquelettiques [121].

Application clinique le choix des paramètres pertinents cliniques est important pour rendre les modèles musculosquelettiques personnalisés plus applicables dans le cadre des pathologies du système musculosquelettique. La relation étroite entre les développeurs des modèles, les cliniciens,

CHAPITRE 3. MODÈLE BIOMÉCANIQUE

et les patients est aussi nécessaire pour mieux développer les modèles ciblant les diagnostics cliniques et par la suite pour objectiver les traitements cliniques.

Système nerveux le développement des modèles neuromusculosquelettiques avec la prise en considération des contrôles de mouvement par les signaux nerveux est un challenge plus ambitieux afin de simuler exactement la physiologie normale et pathologique du corps humain.

Chapitre 4

Méta Modèle

Ce chapitre décrit en détail le système d'aide à la décision que nous avons nommé le méta modèle dans le cadre de la thèse. La définition d'un méta modèle est présentée dans un premier temps. Ensuite, la méthodologie de modélisation est adressée avec une nouvelle architecture multi-couches comportant les composantes principales suivantes : une ontologie, une base de données, le processus de fouille de données, et l'algorithme de décision. Le détail de chaque composante est abordé. Les éléments essentiels de la théorie des fonctions de croyance sont présentés par la suite. Enfin, les applications cliniques de ce modèle sont présentées et discutées.

4.1 Définition

Le modèle¹ est défini comme *une représentation simplifiée de la réalité étudiée. Quel que soit son niveau de complexité, un bon modèle doit être aussi fidèle que possible à l'objet ou au système modélisé*. Par exemple, le modèle physique décrit les états du corps humain ou le modèle mathématique décrit les états d'un système de logistique.

Le méta modèle peut être défini² comme *un modèle d'un langage de modélisation. Un métamodèle sert ainsi à exprimer les concepts communs à l'ensemble (En théorie des ensembles, un ensemble, désigne intuitivement une collection d'objets (que l'on appelle éléments...) des modèles d'un même domaine*.

Une autre définition³ est : *le méta modèle est défini comme la représentation d'un point de vue particulier sur des modèles. Les modèles présentent une caractéristique commune : ils sont des représentations d'un point de vue (d'une conception, d'une théorie, ...) particulier sur un système sujet d'études*.

La diversité de la définition du méta modèle dépend du domaine considéré. En plus, le méta-modèle est à la fois un modèle abstrait, la définition d'un langage et le support des mécanismes d'abstraction pour les concepteurs d'un système quelconque (physique, mathématique, économique, etc).

En contraste avec le modèle biomécanique qui est plus basé sur le modèle physique, nous avons proposé la définition du méta modèle comme suit : *le méta modèle est un modèle abstrait,*

1. Encyclopedie du Web - www.amba.fr

2. Encyclopédie scientifique en ligne - www.techno-science.net

3. Wikipédia - www.wikipedia.org

comportant à la fois une représentation des connaissances des concepts communs (expertises) et une représentation de données des états des modèles étudiés, qui sert à résoudre des modèles d'un domaine (biomécanique dans notre cas) ;

Plus précisément, notre méta modèle est un système d'aide à la décision en biomécanique pour modéliser et diagnostiquer les pathologies du système musculosquelettique des membres inférieurs. Dans la littérature, il n'existe pas de méta modèle en biomécanique. Donc, nous avons proposé une méthodologie de modélisation d'un méta modèle et son application en biomécanique dans les sections ci-dessous.

4.2 Méthodologie de modélisation

4.2.1 Architecture générale

Le Système d'Aide à la Décision utilisant l'Ontologie (SysADO) a été développé dans le but de fournir l'utilisation interactive des connaissances accumulées pour raisonner, diagnostiquer, et donner des décisions médicales. Le scénario opérationnel du SysADO est illustré dans la figure 4.1.

Les mesures cliniques du patient sont entrées dans le SysADO par les experts cliniques (le clinicien, le médecin, etc.). Le système utilise les connaissances issues de l'ontologie et du processus de fouille de données pour donner un diagnostic (une décision médicale). Ensuite, le traitement conservatif a été proposé par une série d'exercices de rééducations fonctionnelles. Jusqu'au moment t , le clinicien décide de faire un test d'évaluation pour prendre une nouvelle décision médicale : si le traitement est efficace, on le continue, sinon la chirurgie est proposée. Par la suite, les programmes de traitement et de suivi sont réalisés pour améliorer le résultat du traitement du patient.

Sur le plan architectural, le SysADO comporte 3 composantes principales : une ontologie, nommée OSMMI (Ontologie du Système Musculosquelettique des Membres Inférieurs) ; une base de données, nommée DB3M (DataBase Mechanics Morphology Movement) ; un processus de fouille de données. Le SysADO est un module interactif et itératif pour gérer l'interactivité avec les experts. Il est un système évolutif. Le SysADO est développé en utilisant l'architecture **Modèle Vue Contrôleur (MVC)** qui est une méthode de conception pour le développement d'applications logicielles qui sépare le modèle de données, l'interface utilisateur et la logique de contrôle. Cette méthode a été mise au point en 1979 par Trygve Reenskaug.

Ce modèle d'architecture impose la séparation entre les données, les traitements et la présentation, ce qui donne trois parties fondamentales dans l'application finale : le modèle, la vue et le contrôleur :

- Le Modèle représente le comportement de l'application : traitements des données, interactions avec la base de données, etc. Il décrit les données manipulées par l'application et définit les méthodes d'accès ;
- la Vue correspond à l'interface avec laquelle l'utilisateur interagit. Les résultats renvoyés par le modèle sont dénués de toute présentation mais sont présentés par les vues. Plusieurs vues peuvent afficher les informations d'un même modèle. Elle peut être conçue en html, ou tout autre langage de présentation. La vue n'effectue aucun traitement, elle se contente d'afficher les résultats des traitements effectués par le modèle, et de permettre à l'utilisateur d'interagir avec elles ;

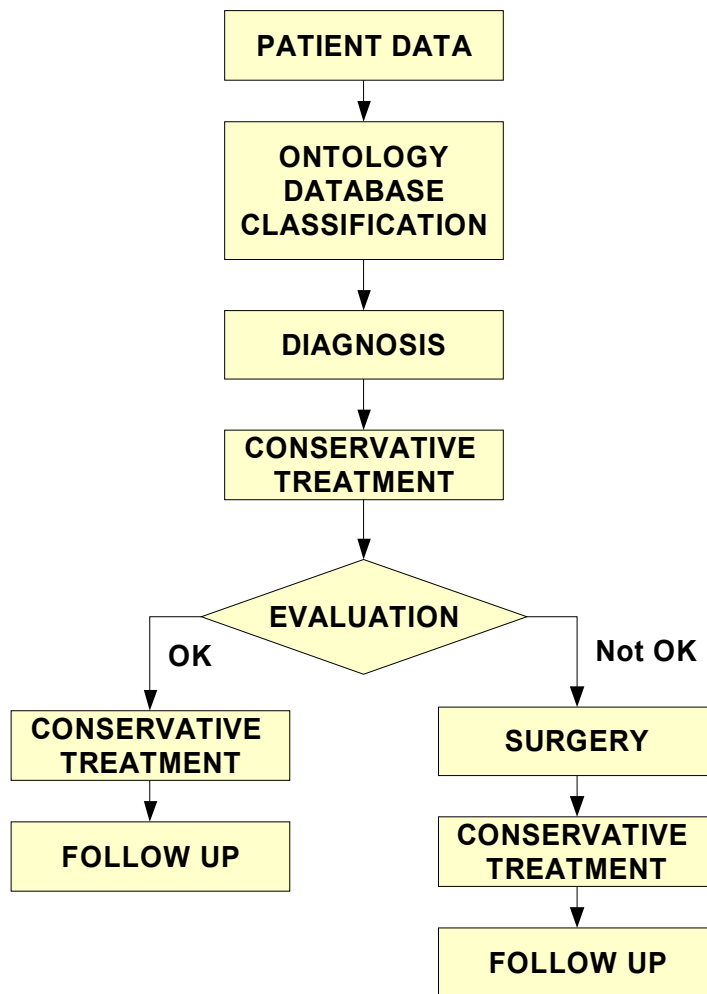


FIGURE 4.1 – Le scénario de fonctionnement du SysADO

- le Contrôleur prend en charge la gestion des événements de synchronisation pour mettre à jour la vue ou le modèle. Il n'effectue aucun traitement, ne modifie aucune donnée. Il analyse la requête du client et se contente d'appeler le modèle adéquat et de renvoyer la vue correspondante à la demande.

En résumé, lorsqu'une requête est effectuée par le clinicien à l'application (une requête de diagnostic dans notre application), celle-ci est analysée par le contrôleur, qui demande au modèle approprié d'effectuer les traitements, puis renvoie la vue adaptée au navigateur, si le modèle ne l'a pas déjà fait.

L'architecture multi-couches du SysADO est illustrée dans la figure 4.2. Les 3 composantes principales du SysADO sont positionnées comme suit :

- L'OSMMI ontologie et la base de données BioMeca se trouvent dans la couche Données

(Modèle) ;

- L'interface utilisateur se trouve dans la couche Présentation (Vue) ;
- L'application de diagnostic comportant le processus de fouille de données, les algorithmes de diagnostic se trouvent dans la couche Application (Controller).

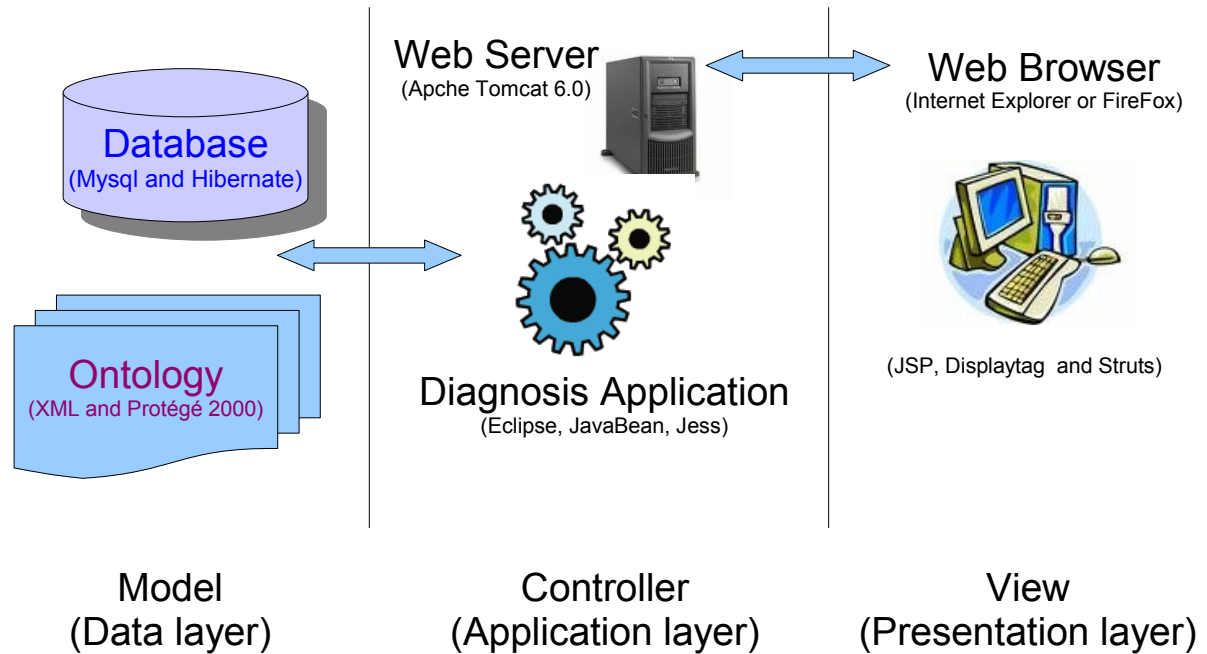


FIGURE 4.2 – Architecture multi-couches du SysADO

L'annotation sémantique (i.e. la représentation formelle d'un contenu, exprimée à l'aide de concepts, relations et instances décrits dans une ontologie) des terminologies utilisées dans le domaine biomécanique est réalisée. Par la suite, le peuplement d'ontologie, qui est l'action d'ajouter des instances à une base de connaissance, est effectué par la méthode de fouille de données.

4.2.2 OSMMI - Ontologie du Système Musculosquelettique des Membres Inférieurs

Introduction

Dans la littérature, le projet Open Biomedical Ontologies (OBO) [118] a été développé dans le but d'enrichir les connaissances biomédicales. En plus, une grande quantité de terminologie des structures biologiques a été publiée par le FMHA (Foundational Model of Human Anatomy) [130], [87]. Le modèle de référence commune GALEN a été développé pour réutiliser les terminologies dans les systèmes cliniques [129]. Il existe plusieurs Top-level ontologies décrivant les concepts généraux et les caractéristiques qui sont utilisés par différents domaines et applications, par exemple : Medical Entities Dictionary [28], SNOMED CT system [38], DOLCE [106], Cyc's upper ontology [101], Sowa's top-level ontology [144], UMLS Semantic Network [104]. Mais, il n'y avait pas de développement des ontologies biomécaniques.

L'OSMMI est une ontologie biomécanique qui est développée dans le cadre de la recherche sur la marche humaine, plus particulièrement la *marche dans différentes situations*. La compréhension du fonctionnement *in vivo* du système musculo-squelettique est un challenge. Les premières études se limitent aux membres inférieurs, ce qui est essentiel pour la construction d'une approche facile à implémenter, manipuler et contrôler, mais grâce à l'extensibilité de l'ontologie construite, nous pouvons ajouter d'autres parties du corps humain pour obtenir un système complet.

Méthode

Tout d'abord, nous établissons la structure conceptuelle de l'OSMMI pour obtenir une vue générale de l'ontologie et ensuite, nous commençons à créer l'OSMMI en utilisant la plate-forme Protégé 2000 (Stanford University) [94]. En se basant sur l'ontologie construite, la partie de raisonnement est construite [Fig. 4.3].

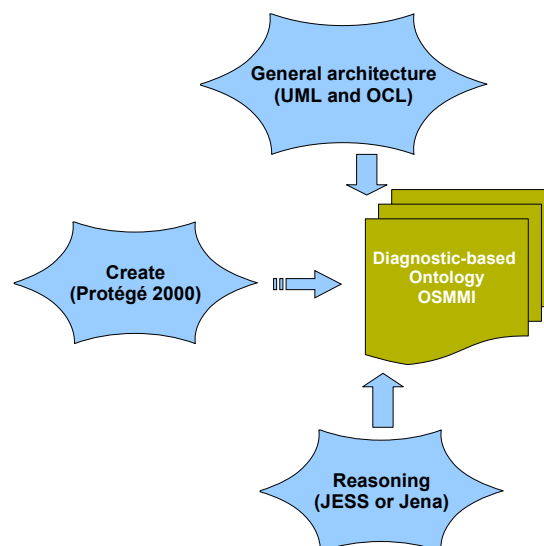


FIGURE 4.3 – Les principales composantes de l'OSMMI

Résultats

L'architecture générale de l'OSMMI comporte 14 parties [Fig. 4.4] qui sont des classes principales de l'ontologie OSMMI : Nervous System, Ligament, Muscle, Tendon, Cartilage, Bone, Limb, Posture, Support of load, Diarthrosis Joint, Movement, Articular Contact, Contact of environment and Gait. Pour la sémantique de l'OSMMI, les relations implicites entre les parties concernant la marche sont clarifiées par la définition des relations suivantes :

- informer (inform) : les ligaments informent le système nerveux s'il y a des signaux actifs ;
- commander (command) : le système nerveux commande les muscles ;
- attacher (attach) : les muscles sont attachés par les os via les tendons ; les cartilages et les ligaments sont attachés aux os ;
- composer (compose) : les os composent les différents membres qui correspondent à chaque fonction particulière de la marche ;
- agir (act) : les muscles, les supports de charge, les mouvements, et les ligaments agissent sur les articulations diarthrosiques ; les cartilages agissent sur les contacts articulaires ;
- influencer (influence) : les contacts d'environnement et les mouvements influencent la marche ;
- former (form) : les membres forment les postures correspondantes ;
- supporter (support) : les postures sont supportées par les supports de charge ;
- créer (create) : les supports de charge sont créés par les contacts d'environnement ;
- caractériser (characterize) : les contacts articulaires caractérisent les articulations diarthrosiques.

Les paramètres de l'ontologie OSMMI sont définis ci-dessous :

1) Système Nerveux (Nervous System) : pour simplifier la complexité de l'OSMMI, nous ne prenons pas en compte les caractéristiques du système nerveux ; nous ne définissons qu'une variable d'état ayant deux niveaux : active or inactive.

2) Os (Bone) : nous définissons la longueur, la taille, le poids, le centre de masse, les directions (axe X, axe Y, axe Z), le diamètre proximal, le diamètre distal, l'angle d'orientation alpha, l'angle d'orientation beta, l'angle d'orientation delta, les propriétés mécaniques (l'élasticité, la masse volumique, la contrainte de rupture).

3) Tendon (Tendon) : nous définissons la longueur, la taille, le poids, le centre de masse, les directions (axe X, axe Y, axe Z), le diamètre proximal, le diamètre distal, l'angle d'orientation alpha, l'angle d'orientation beta, l'angle d'orientation delta, les propriétés mécaniques (l'élasticité, la masse volumique).

4) Muscle (Muscle) : nous définissons la longueur, la taille, le poids, le centre de masse, les directions (axe X, axe Y, axe Z), le diamètre proximal, le diamètre distal, l'angle d'orientation alpha, l'angle d'orientation beta, l'angle d'orientation delta, l'élasticité, la force, la puissance, la section physiologique (pCSA), l'effort maximum de tissu (M_{stress}), la charge de repos ($F_{resting}$), la tonalité globale de muscle (M_{tone}), l'EMG moyen rectifié.

5) Ligament (Ligament) : nous définissons la longueur, la taille, le poids, le centre de masse, les directions (axe X, axe Y, axe Z), le diamètre proximal, le diamètre distal, l'angle d'orientation alpha, l'angle d'orientation beta, l'angle d'orientation delta, l'élasticité.

6) Cartilage (Cartilage) : nous définissons la longueur, la taille, le poids, le centre de masse, les directions (axe X, axe Y, axe Z), le diamètre proximal, le diamètre distal, l'angle d'orientation alpha, l'angle d'orientation beta, l'angle d'orientation delta, l'élasticité.

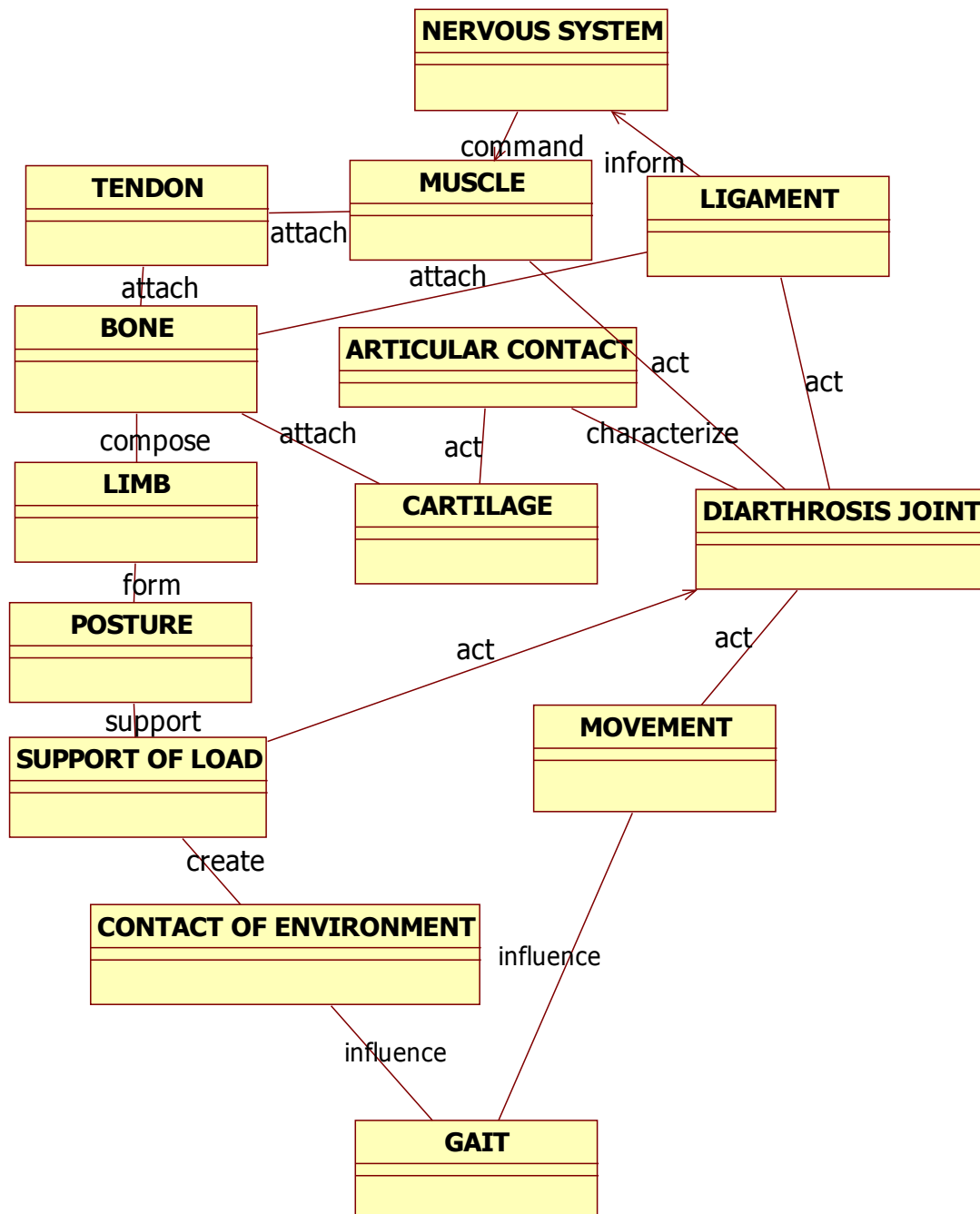


FIGURE 4.4 – Architecture générale de l'OSMMI

7) Mouvement (Movement) : nous définissons la position, la vitesse et l'accélération.

8) Contact d'environnement (Contact of environment) : nous définissons la force générée par l'environnement, la force de réaction sur le contact du pied au sol.

9) Support de charge (Support of load) : nous définissons les forces.

10) Membre (Limb) : nous définissons le numéro et le nom des os qui composent le membre correspondant. Les angles morphologiques de chaque membre sont aussi définis.

11) Posture (Posture) : nous définissons les membres qui forment la posture correspondante, et aussi l'état de la posture courante : : normal ou anormal.

12) Contact articulaire (Articular Contact) : nous définissons la pression, la zone du contact.

13) Articulation Diarthrosique (Diarthrosis Joint) : nous définissons la force, le moment et le couple.

14) Marche (Gait) : nous définissons la vitesse moyenne, le couple de la hanche, du genou et de la cheville, le niveau de l'équilibre, les angles et les forces intersegmentales.

Nous avons utilisé la plate-forme Protégé 2000 pour développer notre ontologie sous la forme d'une OWL (Web Ontology Language) ontologie. Cette plate-forme est dédiée aux applications biomédicales. Elle fournit les fonctionnalités nécessaires pour éditer des classes, des propriétés, et des instances. Protégé est un éditeur convivial et notre ontologie est plus accessible aux utilisateurs non-spécialistes. Avec le format OWL, notre ontologie est consultée même si quelqu'un n'a pas la plate-forme Protégé.

La version courante de l'OSMMI est illustrée dans la figure 4.5. Nous définissons les relations sémantiques de notre ontologie comme les *Propriété d'objet* et les paramètres sont définis comme *Propriété du type de données* dans la plate-forme Protégé.

Pour chaque partie de notre ontologie, nous définissons les éléments nécessaires pour analyser la marche. La hiérarchie de notre ontologie est définie comme suit :

1) Os (Bone) : nous définissons le bassin, le fémur, la rotule, le tibia, le péroné, les os du pied (le talus, le calcaneum, les cuneiformes, les métatarsiens, phalanges).

2) Muscle (Muscle) : nous définissons 23 muscles principaux : jambier antérieur, soléaire, jumeaux, triceps sural, long péronier latéral, court péronier latéral, jambier postérieur, demi-tendineux, demi-membraneux, ischio-jambiers, quadriceps, long biceps, court biceps, couturier, droit interne, grand adducteur, tenseur du fascia lata, moyen fessier, petit fessier, grand fessier, pyramidal, crural, droit antérieur.

3) Ligament (Ligament) : nous définissons les ligaments : ilio-fémoral, ischio fémoral, ligament croisé antérieur, ligament croisé postérieur, ligament rotulien externe et interne.

4) Tendon (Tendon) : nous définissons les tendons rotuliens, et tendons plantaires.

5) Contact Articulaire (Articular Contact) : nous définissons le contact cartilage-cartilage, et le contact cartilage-ménisque.

6) Articulation Diarthrosique (Diarthrosis Joint) : nous définissons les articulations coxo-fémorale, fémoro-tibiale, patello-fémorale, sacro-iliaque, et tibio-tarsienne.

7) Cartilage (Cartilage) : nous définissons le cartilage hyalin, et le fibrocartilage.

8) Mouvement (Movement) : nous définissons la translation, et la rotation.

9) Membre (Limb) : nous définissons le bassin, la cuisse, la jambe, et le pied.

10) Contact d'environnement (Contact of environment) : nous définissons la force de réaction.

11) Posture (Posture) : nous définissons les états suivants : neutre, varus, et valgus.

12) Marche (Gait) : nous définissons la marche normale, anormale (liée aux pathologies du système musculo-squelettique).

The image shows the OSMMI OWL editor interface. On the left is a class hierarchy tree. The 'Bone' class is expanded, showing its subclasses: 'cacaneum_foot', 'cuneiform_1_foot', 'cuneiform_2_foot', 'cuneiform_3_foot', 'distal_phalange_1_toe', 'distal_phalange_2_toe', 'distal_phalange_3_toe', 'distal_phalange_4_toe', 'distal_phalange_5_toe', 'femur', 'fibula', 'iliaque_basin', 'ilion_basin', 'intermediate_phalange_1_toe', 'intermediate_phalange_2_toe', 'intermediate_phalange_3_toe', 'intermediate_phalange_4_toe', 'intermediate_phalange_5_toe', 'ischion_basin', 'kneecap', 'metatarsal_1_foot', 'metatarsal_2_foot', 'metatarsal_3_foot', 'metatarsal_4_foot', 'metatarsal_5_foot', 'proximal_phalange_1_toe', 'proximal_phalange_2_toe', 'proximal_phalange_3_toe', 'proximal_phalange_4_toe', 'proximal_phalange_5_toe', 'pubis_basin', 'scaphoide_foot', 'talus_foot', 'tibia', and 'fibrocartilage'. The 'tibia' class is selected. On the right is the 'CLASS EDITOR' for the 'tibia' class. It shows two annotations: 'rdfs:comment' with the value 'The tibia bone.' in English and 'Le tibia de la jambe' in French. Below this, the 'Asserted Conditions' section shows five conditions: 'Bone' (NECESSARY & SUFFICIENT), 'attach_BC some Cartilage' (NECESSARY), 'attach_BL some Ligament' (NECESSARY), 'attach_TB some Tendon' (NECESSARY), and 'compose only Limb' (NECESSARY). The 'Disjoints' section shows a list of classes: 'kneecap', 'iliaque_basin', 'intermediate_phalange_4_toe', 'ilion_basin', 'proximal_phalange_4_toe', 'proximal_phalange_3_toe', and 'intermediate_phalange_1_toe'.

FIGURE 4.5 – L’OSMMI en OWL format. Les classes des structures fonctionnelles et physiologiques sont illustrées à gauche et les définitions formelles des structures sont affichées à droite. La classe Tibia est définie par 5 assertions, toutes les conditions nécessaires pour cette classe. Les disjoint classes du Tibia sont aussi définies.

13) Chargement (Support of load) : nous définissons les forces articulaires (hanche, genou, et cheville).

4.2.3 Base de données DB3M

Introduction

Les données d'acquisition dans le domaine médical sont enregistrées dans une base de données [68], [47]. Dans la littérature, les bases de données biomécaniques sont classiquement dédiées à un type de données, par exemple : les données cinétiques [96], les données morphologiques [142]. Mais pour établir un diagnostic ou une décision médicale, les cliniciens doivent connecter simultanément les données quantitatives et qualitatives qui sont issues de différents types de données.

Dans le SysADO, les paramètres sont obtenues via différentes sources. En plus, les données sont présentées sous divers types : quantitatif, qualitatif et images (e.g. IRM, CT Scan, EMG, etc). Ces données sont obtenues d'une part via les observations et les mesures cliniques du patient. Les propriétés mécaniques, morphologiques, les lois mécaniques des tissus biologiques pendant la marche normale et pathologique sont obtenues par la littérature ou par des expérimentations. D'autre part, ces données sont extraites à partir des résultats de simulations par ordinateur (e.g. les zones de contacts, les déplacements, les déformations, etc). Les données concernant l'analyse du mouvement (e.g. les paramètres spatiaux-temporels, cinématiques, cinétiques) sont aussi nécessaire pour analyser les modèles biomécaniques. Un autre élément considéré est le volume massif des données. Pour résoudre ces problèmes, la construction d'une base de données est une solution afin de mieux gérer le flot de données d'entrées et de sorties. Cette base de données comporte aussi des données du processus de traitement (la chirurgie ou la rééducation fonctionnelle) et de suivi du patient.

Méthodes

La méthodologie MERISE (Méthode d'Étude et de Réalisation Informatique pour les Systèmes d'Entreprise) est utilisée pour construire le DB3M. Cette méthodologie a été élaborée en France en 1978 [151]. Elle permet de concevoir un système d'information d'une façon standardisée et méthodique.

La méthode MERISE est basée sur la séparation des données et des traitements à effectuer en plusieurs modèles conceptuels et physiques. La séparation des données et des traitements assure une longévité au modèle.

Le système de gestion de base de données MySQL [115] a été utilisé pour construire la base de données DB3M, la plateforme Hibernate [85] a été utilisée pour assurer la flexibilité de manipulation de la base de données.

Résultats

Le Modèle Conceptuel des Données (MCD) de la base de données DB3M est illustré dans la figure 4.6. Il y a trois groupes dans la base de données DB3M : les données cliniques, les paramètres intrinsèques, les données de l'analyse du mouvement

Groupe 1 : les données cliniques Dans ce groupe (Fig.4.7), les données concernent les pathologies, les symptômes historiques, les informations personnelles, et surtout les mesures

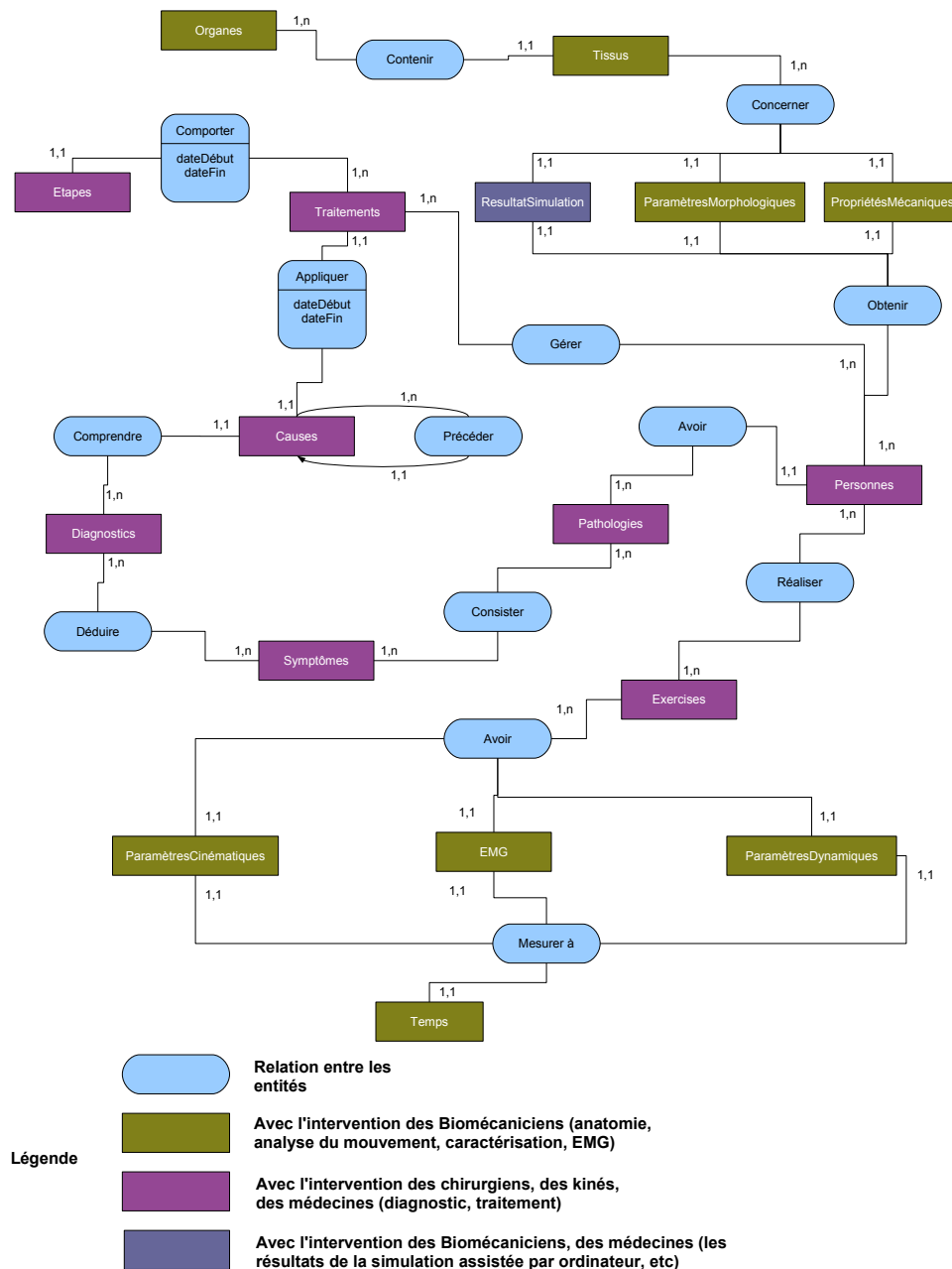


FIGURE 4.6 – Le Modèle Conceptuel des Données (MCD) de BioMeca

cliniques. Les opérations médicales : le processus de chirurgie ou de réhabilitation, les suivis de traitement sont aussi enregistrés.

Groupe 2 : les paramètres mécaniques Ce groupe (Fig.4.8) comporte les paramètres morphologiques, les propriétés mécaniques, les lois de comportement, et les résultats de simulation

COTATION A LA NAISSANCE

NOM PRÉNOM		DATE DE NAISSANCE	
NP1			
COTE	☐ G ☐ D	BILATERAL	☐ SI BILATERAL FAIRE UN DOSSIER PAR PIED

SCORE INITIAL

SILLON POSTERIEUR	☐ 0 ☐ 1	TOTAL SILLONS /NI
SILLON INTERNE DU PLANTAIRE	☐ 0 ☐ 1	

	VARUS	☐ 0 ☐ 1 ☐ 2 ☐ 3 ☐ 4	TOTAL: /NI
	EQUINUS	☐ 0 ☐ 1 ☐ 2 ☐ 3 ☐ 4	
	ADDUCTION	☐ 0 ☐ 1 ☐ 2 ☐ 3 ☐ 4	
	ADDUCTION BCP	☐ 0 ☐ 1 ☐ 2 ☐ 3 ☐ 4	

EVALUATION QUALITATIVE

EVALUATION MUSCLES	☐ 0 STIMULABLES ☐ 1 PERPLEX	TOTAL QUALITATIF /R
EVALUATION ARTICULATIONS	☐ 0 COUPLES ☐ 1 RAIDES	

SCORE TOTAL (2)

GROUP A /NI 0-5	GROUP B /NI 6-10	GROUP C /NI 11-15	GROUP D /NI 16-20
--------------------	---------------------	----------------------	----------------------

FIGURE 4.7 – Quelques exemples des données dans le groupe 1 de la base de données DB3M

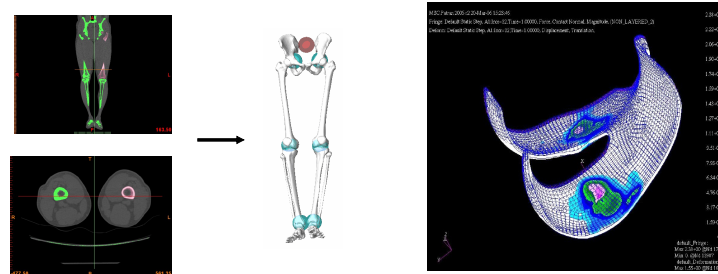


FIGURE 4.8 – Quelques exemples des données dans le groupe 2 de la base de données DB3M (Sangeux, 2006)

Groupe 3 : les données de l'analyse du mouvement Ce groupe (Fig.4.9) contient les données de l'analyse du mouvement (les paramètres cinématiques, dynamiques, les signaux EMG)

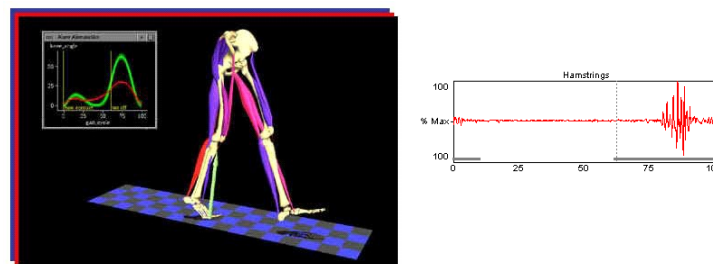


FIGURE 4.9 – Quelques exemples des données dans le groupe 3 de la base de données DB3M (Chèze, 2006)

Les données enregistrées de la base de données DB3M sont entrées dans le processus de fouille de données afin de mieux gérer l'ensemble d'apprentissage (i.e. l'ensemble des données servant à développer des modèles mathématiques de prédiction).

4.2.4 Méthodes de pré-traitement des données

Les données des applications cliniques sont multivariées et multidimensionnelles (plus de centaines). Le pré-traitement est nécessaire pour obtenir une vue globale des données considérées. L'analyse en composantes principales (ACP) est une méthode mathématique d'analyse des données qui consiste à rechercher les directions de l'espace qui représentent le mieux les corrélations entre n variables aléatoires. Elle fait partie du groupe des méthodes descriptives multidimensionnelles appelées méthodes factorielles. L'ACP a été utilisée pour étudier les corrélations entre les variables considérées. Cette méthode nous permet de réduire les dimensions des données via les composantes principales qui sont définies comme les combinaisons linéaires pondérées des variables. L'ACP extrait aussi les variations (e.g. l'amplitude des paramètres temporels). Chaque composante est orthogonale et indépendante des autres composantes (Fig. 4.10). La première composante montre la plus grande variation des variables, ensuite la deuxième composante et ainsi de suite.

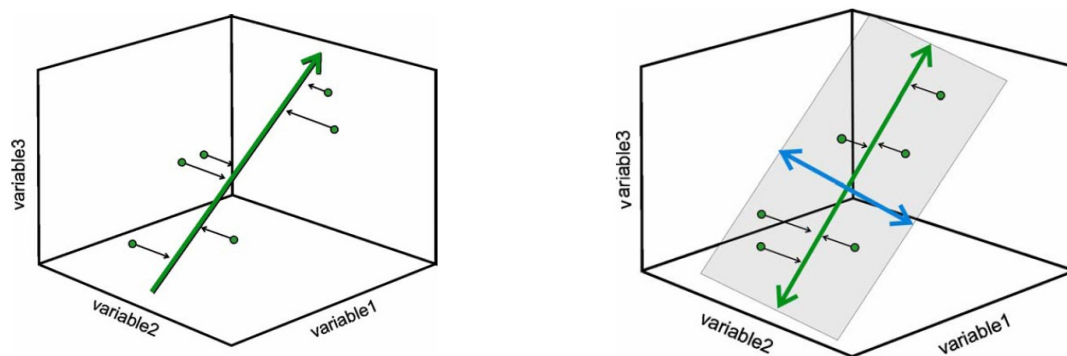


FIGURE 4.10 – Les deux premières composantes principales

La base mathématique de l'ACP est le calcul de covariances et de corrélations. La diagonalisation de la matrice de corrélation (ou de covariance si on se place dans un modèle non réduit), nous permet de trouver le vecteur ayant le plus d'inertie du nuage des données (le premier vecteur propre).

L'ACP sert à mieux connaître les données sur lesquelles on travaille, à détecter éventuellement des valeurs suspectes, et aide à formuler des hypothèses qu'il faut étudier.

4.2.5 Méthodes de la fouille de données

Introduction

Dans le contexte de diagnostic médical, un diagnostic (ou une décision) clinique est souvent fait par les cliniciens via ses connaissances et expériences personnelles en se basant sur les données du patient (e.g. les mesures cliniques). Les influences individuelles sont très importantes. Plusieurs cliniciens donnent différents diagnostics pour un même patient ou parfois plusieurs diagnostics sont réalisés à différents instants par un même clinicien. Donc, il manque des connaissances communes qui sont établies et prouvées. Un processus standard de diagnostic est une solution prometteuse. Pour arriver à appliquer ce processus aux nouveaux cas de diagnostic, il est nécessaire de construire une approche fournissant la capacité de prédiction. Le traitement (la chirurgie ou la réhabilitation) et le suivi des traitements sont aussi dans ce contexte.

La fouille de données est une nouvelle discipline qui exploite une grande quantité de données ou informations pour chercher les connaissances utiles cachées. Dans le contexte de diagnostic médical, les méthodes supervisées de la fouille de données comme : l'arbre de décision [124], le réseau de neurones artificiel [18], le séparateur à vastes marges [159] sont largement appliquées. Dans le SysADO, pour construire une approche de prédiction, la méthode de l'arbre de décision a été utilisée pour faire un diagnostic (une décision). Cette méthode a été comparée avec les deux autres : le réseau de neurones artificiel et le séparateur à vastes marges sur les jeux de données des pathologies étudiées.

Méthodes

L'extraction des connaissances à partir des données, y compris la fouille de données, a pour objet l'extraction d'un savoir ou d'une connaissance à partir de grandes quantités de données, par des méthodes automatiques ou semi-automatiques. Une des applications de cette discipline est d'établir et de prédire le diagnostic médical. Les connaissances extraites par la fouille de données ont vocation à être intégrées dans le processus de diagnostic clinique.

L'apprentissage pour construire un modèle est le noyau de la fouille de données, dont l'apprentissage par induction permet d'arriver à des conclusions par l'examen d'exemples particuliers. Il se divise en apprentissage supervisé et non supervisé.

- Méthode d'apprentissage supervisé, c'est-à-dire qu'elle se base sur des exemples déjà classés dans un ensemble de classes pour déterminer un modèle de classification.
- Méthode d'apprentissage non supervisé se distingue de l'apprentissage supervisé par le fait qu'il n'y a pas de sortie a priori. Dans l'apprentissage non-supervisé il y a en entrée un ensemble de données collectées. Ensuite le programme traite ces données comme des variables aléatoires et construit un modèle de densités jointes pour cet ensemble de données.

Les exemples particuliers sont représentés par un ensemble de couples d'entrée/sortie. Le but est d'apprendre une fonction qui correspond aux exemples vus et qui prédit les sorties pour les entrées qui n'ont pas encore été vues. Dans le contexte de diagnostic médical, les entrées peuvent être des mesures cliniques du patient et les sorties sont les diagnostics ou les décisions médicales.

Les pathologies étudiées dans le cadre de ma thèse sont connues ; les mesures cliniques sont toujours libellées donc toutes les méthodes présentées et appliquées sont des méthodes supervisées. Commençons par la méthode de l'arbre de décision dans la section suivante.

Arbre de décision L'arbre de décision est un outil d'aide à la décision. Chaque arbre de décision comporte 3 éléments principaux : un nœud de décision (attribut), une branche (test d'attributs), et une feuille (une classe). Dans le contexte de diagnostic médical, cet outil est utilisé pour répartir une population d'individus (de patients par exemple) en groupes homogènes, selon un ensemble de variables discriminantes (e.g. les mesures cliniques, les paramètres morphologiques, anthropométriques, etc) en fonction d'un objectif fixé et connu (e.g. les facteurs de risque des pathologies).

Un des points forts de cette méthode est la lisibilité du modèle de décision. Cette caractéristique est très importante, car le travail du clinicien consiste aussi à faire comprendre ses résultats afin d'emporter l'adhésion des décideurs. Les résultats fournis, sous forme d'un arbre de décision, sont compréhensifs tant pour les cliniciens que pour les médecins.

Les éléments de base pour développer un arbre de décision sont les suivants :

1. Mesure de sélection d'attributs
2. Stratégie de partitionnement
3. Critères d'arrêt
4. Structure des feuilles

1. Mesure de sélection d'attributs Le gain d'information de Quinlan a été utilisé : soient EA un ensemble d'apprentissage, $\Theta = \{C_1, \dots, C_n\}$ un ensemble de classes (mutuellement exclusif et exhaustif), A un attribut dont le domaine est $D(A)$.

- Chaque élément de EA appartient à une seule classe.

$$Gain(EA, A) = Info(EA) - Info_A(EA) \text{ où } Info(EA) = -\sum_{i=1, \dots, n} \frac{freq(C_i, EA)}{|EA|} \cdot \log_2 \frac{freq(C_i, EA)}{|EA|}$$

$$Info_A(EA) = \sum_{v \in D(A)} \frac{|EA_v|}{|EA|} \cdot Info(EA_v)$$

- $freq(C_i, EA)$ est le nombre des objets dans EA appartenant à la classe C_i ; EA_v est un sous ensemble des objets dont l'attribut A a la valeur v
 - Le meilleur attribut est celui qui maximise le Gain (EA,A); une fois attribué à un nœud, l'ensemble d'apprentissage est divisé en plusieurs sous-ensemble et le processus est itératif pour chaque sous ensemble.
 - Amélioration du gain d'information : le ratio de gain
- $$RatioGain(EA, A) = \frac{Gain(EA, A)}{SplitInfo(EA, A)} \quad SplitInfo(EA, A) = -\sum_{v \in D(A)} \frac{|EA_v|}{|EA|} \cdot \log_2 \frac{|EA_v|}{|EA|}$$
- Le meilleur attribut est celui qui maximise le ratio de gain RatioGain (EA,A)

2. Stratégie de partitionnement La stratégie est choisie selon le type des attributs.

- Attributs symboliques : tester toutes les possibilités
- Attributs numériques : discrétiser les valeurs (découper en sous-ensembles ordonnés)

3. Critères d'arrêt pour agrandir une part de l'arbre de décision ou non.

- Tous les objets appartiennent à une classe
- Le processus de construction s'arrête sur une feuille

4. Structure des feuilles Une feuille contient le label d'une seule classe

Dans la littérature, il existe plusieurs algorithmes : ID3, CHAID, CART, C4.5, C5, SLIQ, Exhaustive CHAID, QUEST, VFDT, UFFT, RandomForest, etc. Aucun algorithme n'est meilleur

systématiquement que les autres dans la pratique. L'algorithme C4.5 a été utilisé pour développer les modèles de prédiction dans le SysADO ; l'algorithme RandomForest n'a été testé que dans le but de comparer les performances de ces algorithmes.

L'algorithme C4.5 a été largement utilisé pour construire un arbre de décision. La puissance de cet algorithme s'exprime avec une forte capacité de généralisation et une forte compréhension [58], [81], [103]. Une base de règle a été générée par cet algorithme et est sous forme conjonctive tels que Si A et B Alors C, où A et B sont les règles antécédentes, c est la conséquence. Cet algorithme utilise l'approche diviser-et-conquérir pour construire l'arbre de décision ; les étapes de cet algorithme sont illustrés ci-dessous :

Algorithme de C4.5 :

Entrées : Un ensemble d'apprentissage $S = \{s_1, \dots, s_l\}$, un ensemble des paramètres d'apprentissage $\{x_i, i = 1, \dots, n\}$, et un ensemble de classes $C = \{w_1, \dots, w_c\}$.

Sorties : Un arbre de décision t .

Début

(I) Vérifier tous les éléments dans l'ensemble d'apprentissage S

(II) Pour chaque paramètre d'apprentissage x_i faire :

(II.1) Chercher le gain d'information normalisé par découpage sur x_i

(II.2) Considérer x_{best} comme la paramètre d'apprentissage avec le plus grand gain d'information normalisé

(II.3) Créer un nœud de décision *node* qui découpe sur x_{best} et appliquer ce processus récursif sur les sous-listes gauche et droite obtenues par la division sur x_{best} et ajouter ces nœuds comme les nœuds d'enfant de *node*

Fin Pour ;

Fin.

C4.5 construit l'arbre de décision récursivement. À chaque étape de la récursion, il calcule parmi les paramètres restants pour la branche en cours, celui qui maximise le gain d'information. C'est-à-dire le paramètre permettant de classer les exemples à ce niveau de cette branche de l'arbre. On appelle ce calcul l'entropie de Shannon [138], dont voici la formule mathématique :

$$I_P = - \sum_{j=1}^m p(j) \log_2 p(j)$$

Avec $P = \{p_1, \dots, p_m\}$ est la distribution des probabilités. Le gain d'information a été calculé par la formule suivante [124] :

$$G_x = I(P) - I(P_{x1}) - \dots - I(P_{xn})$$

Réseau de neurones artificiel Le réseau de neurones artificiel (ou Artificial Neural Network en anglais) est un modèle de calcul dont la conception est très schématiquement inspirée du fonctionnement de vrais neurones humains.

La figure 4.11 montre la structure d'un neurone artificiel. En se basant sur la fonction de combinaison, il y a deux types de réseaux de neurone suivants :

- Les réseaux de type MLP (Multi-Layer Perceptron) [111], [72] calculent une combinaison linéaire des entrées, c'est-à-dire que la fonction de combinaison renvoie le produit scalaire entre le vecteur des entrées et le vecteur des poids synaptiques.

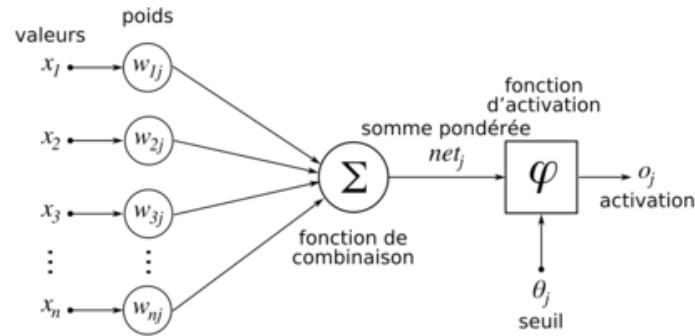


FIGURE 4.11 – Structure d'un neurone artificiel. Le neurone calcule la somme de ses entrées puis cette valeur passe à travers la fonction d'activation pour produire sa sortie

- Les réseaux de type RBF (Radial Basis Function) [22], [119] calculent la distance entre les entrées, c'est-à-dire que la fonction de combinaison renvoie la norme euclidienne du vecteur issu de la différence vectorielle entre les vecteurs d'entrées.

Cette méthode n'a été utilisée que pour comparer la performance avec la méthode de l'arbre de décision.

Séparateur à vastes marges Les machines à vecteurs de support ou séparateurs à vaste marge (en anglais Support Vector Machine, SVM) sont un ensemble de techniques d'apprentissage supervisé destinées à résoudre des problèmes de discrimination et de régression. Les SVM sont une généralisation des classifieurs linéaires.

Les séparateurs à vastes marges reposent sur deux idées clés : la notion de marge maximale [23] et la notion de fonction noyau [133], [139]. Ces deux notions existaient depuis plusieurs années avant qu'elles ne soient mises en commun pour construire les SVM.

La marge (Fig.4.12) est la distance entre la frontière de séparation et les échantillons les plus proches. Ces derniers sont appelés vecteurs supports. Dans les SVM, la frontière de séparation est choisie comme celle qui maximise la marge. Comme on cherche à maximiser cette marge, on parle de séparateurs à vaste marge. Ce choix est justifié par la théorie de Vapnik-Chervonenkis (ou théorie statistique de l'apprentissage), qui montre que la frontière de séparation de marge maximale possède la plus petite capacité. Le problème est de trouver cette frontière séparatrice optimale, à partir d'un ensemble d'apprentissage. Ceci est fait en formulant le problème comme un problème d'optimisation quadratique, pour lequel il existe des algorithmes connus.

Afin de pouvoir traiter des cas où les données ne sont pas linéairement séparables, la deuxième idée clé des SVM est de transformer l'espace de représentation des données d'entrées en un espace de plus grande dimension (possiblement de dimension infinie) (Fig.4.13), dans lequel il est probable qu'il existe une séparatrice linéaire. Ceci est réalisé grâce à une fonction noyau, qui doit respecter certaines conditions, et qui a l'avantage de ne pas nécessiter la connaissance explicite de la transformation à appliquer pour le changement d'espace. Les fonctions noyau permettent de transformer un produit scalaire dans un espace de grande dimension, ce qui est coûteux, en une simple évaluation ponctuelle d'une fonction. Cette technique est connue sous le nom de kernel trick.

Cette méthode est applicable pour des tâches de classification à deux classes, mais il existe

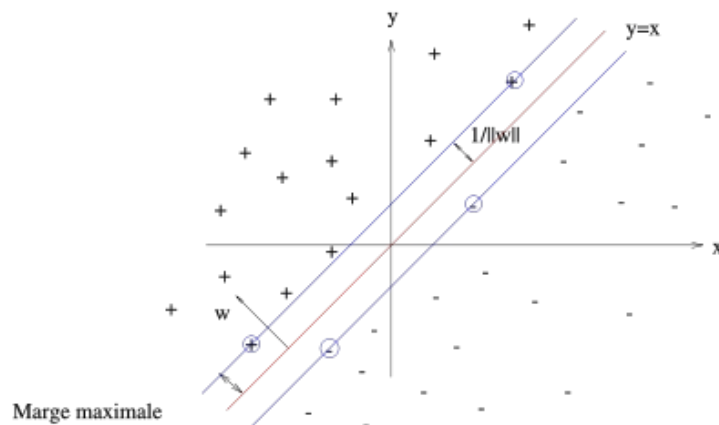


FIGURE 4.12 – Exemple de la marge maximale

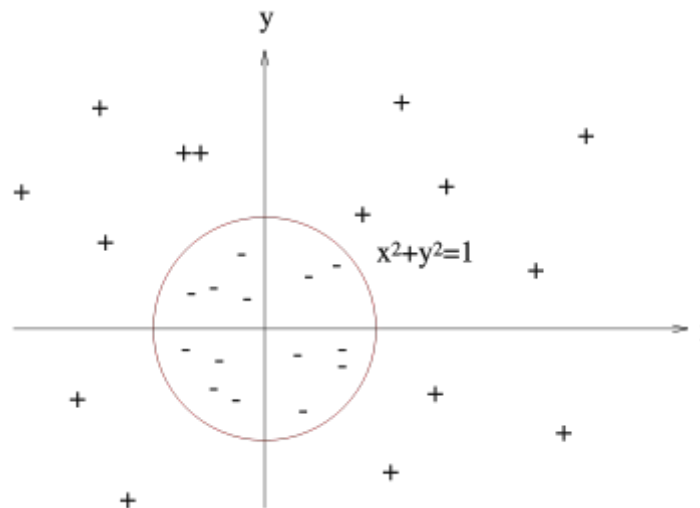


FIGURE 4.13 – Exemple simple de transformation : le problème n'est pas linéairement séparable en coordonnées cartésiennes, par contre en coordonnées polaires, le problème devient linéaire

des extensions pour la classification multi classes. Cette méthode n'a été appliquée que pour comparer la performance avec la méthode de l'arbre de décision.

4.2.6 Algorithme de diagnostic

Concernant les méthodes de raisonnement, il y a 3 approches développées et utilisées dans la littérature [148] : le chaînage - avant, le chaînage - arrière et la combinaison mixte de ces deux méthodes.

- Chaînage - avant : la pathologie est déduite à partir des causes connues
- Chaînage - arrière : les causes pathologiques sont déduites à partir d'une pathologie connue.

Dans le contexte clinique du SysADO, l'algorithme de diagnostic s'est basé sur le chaînage - avant. L'algorithme est illustré comme suit :

Algorithme de diagnostic :

Entrées : Une base de fait des mesures cliniques $BMC = \{F_1, \dots, F_n\}$; une base de connaissances de la pathologies $BCP = \{C_1, \dots, C_m\}$;

Sorties : Un diagnostic (une décision) d .

Début

- (0) Définir les fonctions additionnelles nécessaires (opérateurs arithmétique)
 - (I) Charger la base de connaissances BCP dans le moteur d'inférence
 - (II) Entrer les mesures cliniques du nouveau patient
 - (III) Exécuter l'algorithme RETE [67] pour activer les faits et les règles correspondantes dans la base de connaissances BCP
 - (IV) Chercher, enregistrer, et retourner le diagnostic d
 - (V) STOP
- Fin.

Cet algorithme utilise l'approche du chaînage - avant pour déduire un diagnostic. La base de connaissance est sous forme de règles de production. Elle est basée sur les entités et relations qui sont déduites par la méthode de l'arbre de décision et ensuite elles sont bien enregistrées dans l'OSMMI jouant le rôle de mémoire pertinente.

La plateforme JESS (Java Expert System Shell) [71] a été utilisée pour enregistrer la base de connaissances et aussi pour raisonner sur ces connaissances. La plateforme JessTab [62] a été utilisée pour gérer l'interactivité entre l'OSMMI ontologie (en OWL format) et le SysADO. Le langage de programmation Java a été utilisé pour implémenter l'algorithme de diagnostic.

4.2.7 Théorie des fonctions de croyance

Fusion d'informations

La fusion d'informations est la combinaison d'informations issues de plusieurs sources (e.g. les différents capteurs ou les différents systèmes de mesure, etc.) pour déterminer la valeur de certaines variables (e.g. les décisions cliniques dans le domaine médical). Les sources d'information peuvent être partielles (imprécises et/ou incertaines), redondantes ou complémentaires, imprécises (si la *valeur* n'est pas unique) ou incertaines (si l'élément *confiance* exprime un doute sur la véracité de l'information).

Quelques exemples des types d'information sont présentés comme suit :

- L'angle de flexion du genou est entre 10 et 15 degrés : certaine et imprécise
- Il est plausible que le muscle Soléus génère une force de 17 Newton : incertaine et précise
- L'angle d'extension du genou est probablement entre 20 et 35 degrés : incertaine et imprécise

Pour traiter les informations incertaines et imprécises, deux formalismes classiques ont été considérés. Le premier est la théorie des ensembles qui a été utilisée pour calculer par intervalle les erreurs bornées. Ce formalisme modélise bien l'imprécision mais il n'exprime aucune notion d'incertitude. Il est peu robuste et excessivement conservatif. Le deuxième formalisme classique est la théorie des probabilités qui modélise l'incertitude aléatoire (i.e. la variabilité dans une population ou au cours des répétitions d'une expérience aléatoire) mais il n'exprime pas de notion d'imprécision. D'où l'apparition de la théorie des croyances qui est la généralisation à la fois de la théorie des ensembles et de la théorie des probabilités ([137], [141]).

Théorie des fonctions de croyance

Tout d'abord, la théorie des fonctions de croyances a été introduite par Dempster (1968) et Shafer (1976) [137]. Ensuite, elle a été développée par Smets (Modèle des Croyances Transférables) à partir de 1978. Plusieurs applications de cette théorie ont été présentées dans la littérature [157], y compris l'analyse de données, le diagnostic clinique et l'aide à la décision médicale, la perception multi-capteur, le traitement d'images.

Notions fondamentales de la théorie des fonctions de croyance

Fonction de masse de croyance : Soit Ω un ensemble fini, domaine d'une variable X . La fonction de masse de croyance est définie comme $m : 2^\Omega \rightarrow [0, 1]$ telle que $\sum_{A \subseteq \Omega} m(A) = 1$. Tout sous-ensemble A de Ω tel que $m(A) > 0$ est appelé l'ensemble focal. La fonction de masse de croyance m représente un élément d'évidence relatif à la valeur de X ou un état de connaissance (croyance) induit par cet élément d'évidence. Mathématiquement, m peut être vue comme une famille d'ensembles pondérés $\{(A_i, m(A_i)), i = 1, \dots, r\}$ ou comme une distribution de probabilité généralisée (i.e. les masses distribuées sur 2^Ω et non sur Ω). Selon la valeur de r , on a des cas particuliers suivants :

- $r = 1$: fonction de masse catégorique ($\approx$ ensemble). On note m_A la fonction de masse catégorique d'ensemble focal A .
- $|A_i| = 1, i = 1, \dots, r$: fonction de masse bayésienne ($\approx$ distribution de probabilité).

Fonction de croyance et de plausibilité : La fonction de croyance (i.e. le degré de croyance (support) en l'hypothèse $X \in A$) est définie comme suit :

$$bel(A) = \sum_{B \subseteq A; B \not\subseteq \bar{A}} m(B) = \sum_{\emptyset \neq B \subseteq A} m(B)$$

La fonction de plausibilité (i.e. le degré maximal de croyance susceptible d'être alloué à A après intégration de nouvelles informations) est définie comme suit :

$$pl(A) = \sum_{A \cap B \neq \emptyset} m(B), \forall A \subseteq \Omega$$

On a toujours $bel \leq pl$ et m , bel et pl sont donc trois représentations équivalentes d'un même élément d'information :

$$bel(A) = pl(\Omega) - pl(\bar{A}), \forall A \subseteq \Omega$$

$$m(A) = \begin{cases} \sum_{\emptyset \neq B \subseteq A} (-1)^{|A|-|B|} bel(B), & A \neq \emptyset \\ 1 - bel(\Omega), & A \equiv \emptyset \end{cases}$$

Relations d'inclusion : Soient m_1 et m_2 deux fonctions de masse sur Ω . Si m_1 et m_2 sont catégoriques, donc m_1 est **plus informative** que m_2 ssi $A \subseteq B$. On a deux relations d'inclusion suivantes :

- Inclusion faible : au sens de plausibilité (noté $m_1 \sqsubseteq_{pl} m_2$) : m_1 est **plus informative (riche)** que m_2 si $pl_1(A) \leq pl_2(A), \forall A \subseteq \Omega$
- Inclusion forte : m_1 est une **spécialisation** de m_2 (noté $m_1 \sqsubseteq_s m_2$) si m_1 s'obtient à partir de m_2 en répartissant chaque masse $m_2(B)$ entre des sous-ensembles de B ($S(A, B)$ est la matrice de spécialisation [proportion de $m_2(B)$ transférée à $A \subseteq B$]) : $m_1(A) = \sum_{B \subseteq \Omega} S(A, B) m_2(B), \forall A \subseteq \Omega$

Quelques propriétés de ces relations :

- m_Ω est le plus grand élément
- $m_1 \sqsubseteq_{pl} m_2 \Leftrightarrow A \subseteq B$
- $m_1 \sqsubseteq_s m_2 \Rightarrow m_1 \sqsubseteq_{pl} m_2$

Principe d'engagement minimal : Lorsque plusieurs fonctions de croyance sont compatibles avec un ensemble de contraintes, **la moins informative** (au sens d'un certain ordre) doit être choisie

Opérateurs et règles de fusion d'information

Opérateurs conjonctifs et disjonctifs : Soient m_1 et m_2 deux fonctions de masse sur Ω issues de 2 sources. Un opérateur de combinaison fusionne m_1 et m_2 en une nouvelle fonction de masse $m_{1*2} = m_1 * m_2$ qui traduit notre nouvel état de connaissance après avoir pris en considération les deux 2 sources. L'opérateur $*$ est

- conjonctif si m_{1*2} est plus informative que m_1 et m_2 : les sources soient toutes les deux fiables (produit une information de plus en plus précise, mais génère du conflit).
- disjonctif si m_{1*2} est moins informative que m_1 et m_2 : stratégie prudente (l'une au moins des deux sources est fiable)(Ne génère pas de conflit mais produit une information de moins en moins précise.).

Règle de combinaison de Dempster : Deux règles ont été proposées comme suivantes :

- Règle conjonctive : $\forall A \subseteq \Omega, (m_1 \odot m_2)(A) = \sum_{B \subseteq \Omega} m_1[B](A) m_2(B) = \sum_{B \cap C = A} m_1(B) m_2(C)$
- Règle disjonctive : $\forall A \subseteq \Omega, (m_1 \oplus m_2)(A) = \sum_{B \cup C = A} m_1(B) m_2(C)$
- Les propriétés de la règle de combinaison de Dempster sont :
 - commutativité, associativité.
 - Règle conjonctive :
 - élément neutre : m_Ω
 - $q_1 \odot q_2 = q_1 \cdot q_2$ et $m_1 \odot m_2(\emptyset) \geq 0$ (degré de conflit)
 - Règle disjonctive
 - élément neutre : $m_\emptyset$
 - $b_1 \oplus b_2 = b_1 \cdot b_2$

Règle de Dubois et Prade : Cette règle a été proposée dans le but de gérer le conflit des sources d'information.

- $(m_1 *_{DP} m_2)(A) = \sum_{B \cap C = A} m_1(B) m_2(C) + \sum_{B \cap C = \emptyset, B \cup C = A} m_1(B) m_2(C), \forall A \neq \emptyset$
- Les propriétés de la règle de Dubois et Prade sont :
 - $(m_1 *_{DP} m_2)(\emptyset) = 0$
 - $m_1 *_{DP} m_2 = m_1 \cap m_2$ si $(m_1 \cap m_2)(\emptyset) = 0$
 - $m_1 *_{DP} m_2 = m_1 \cup m_2$ si $(m_1 \cup m_2)(\emptyset) = 1$
 - Commutative mais non associative

Autres fonctions de la théorie des croyances :

- Fonction de communalité (q) : $q(A) = mA = \sum_{B \supseteq A} m_B$
- Fonction d'implicabilité (b) : $b = bel + m(\emptyset)$
- Conditionnement : $m[B](A) = \sum_{\{C | C \cap B = A\}} m(C)$

Fonction de croyance prédictive Soit X une variable aléatoire (définie en fonction du résultat d'une expérience répétable), de loi PX inconnue. On a observé un échantillon indépendant, identiquement distribué de X : $X_1, \dots, X_n$. La fonction de croyance prédictive est une fonction de croyance $bel^\Omega[X_1, \dots, X_n]$ relative à une prochaine réalisation de X. Par exemple : ayant diagnostiqué 157 cas de paralysie cérébrale du type Hémiplegie et 100 cas du type Diplegie, qu'est-ce que la fonction de croyance sur le type du prochain cas X diagnostiqué ?

Arbre de décision crédibiliste (Belief Decision Tree)

L'arbre de décision crédibiliste est une méthode de classification qui a été développée récemment dans le cadre incertain [61], [158], [154]. La construction de l'arbre de décision crédibiliste se base sur l'arbre de décision classique et la théorie des fonctions des croyances. L'ensemble d'apprentissage est incertain (e.g. les attributs sont incertains ou inconnus, la classe de chaque élément **n'est pas singleton**). Les éléments de base pour le développement d'un arbre de décision crédibiliste comportent :

1. Mesure de sélection d'attributs
2. Stratégie de partitionnement
3. Critères d'arrêt
4. Structure des feuilles

1. Mesure de sélection d'attributs Il y a deux approches de sélection d'attributs : l'approche par moyenne et l'approche conjonctive.

Approche par moyenne : Adaptation du ratio de gain au contexte incertain (extension de l'algorithme de Quinlan (C4.5)). Les étapes de calcul sont les suivantes :

- 1. Calculer la probabilité pignistique de chaque instance I_j de l'ensemble d'apprentissage EA $BetP^\Theta \{I_j\} (C_i) = \sum_{C_i \in C \subseteq \Theta} \frac{1}{|C|} \cdot \frac{m^\Theta \{I_j\}(C)}{1 - m^\Theta \{I_j\}(\emptyset)}, \forall C_i \in \Theta$
- 2. Calculer la probabilité pignistique moyenne de chaque classe sur un ensemble d'objet S $BetP^\Theta \{S\} (C_i) = \frac{1}{|S|} \sum_{I_j \in S} BetP^\Theta \{I_j\} (C_i)$
- 3. Calculer l'entropie des probabilités pignistiques moyennes dans S : $Info(S) = - \sum_{i=1}^n BetP^\Theta \{S\} (C_i) \cdot \log_2 BetP^\Theta \{S\} (C_i)$
- 4. Choisir un attribut A et établir un sous ensemble S_v^A dont l'attribut A a la valeur v
- 5. Calculer la probabilité pignistique moyenne des éléments dans S_v^A : $BetP^\Theta \{S_v^A\}, v \in D(A), A \in At$ (At : ensemble d'attributs)
- 6. Calculer l'entropie d'information de l'attribut A : $Info_A(S) = \sum_{v \in D(A)} \frac{|S_v^A|}{|S|} \cdot Info(S_v^A)$
- 7. Calculer le gain d'information fourni par attribut A dans l'ensemble des objets S : $Gain(S, A) = Info(S) - Info_A(S)$
- 8. Calculer le ratio de gain en utilisant SplitInfo(S,A) : $GainRatio(S, A) = \frac{Gain(S, A)}{SplitInfo(S, A)}$
- 9. Répéter pour tous les attributs $A \in At$ et choisir celui maximisant le ratio de gain.

Approche conjonctive : Basée sur les concepts de base de la théorie des fonctions de croyance avec l'utilisation de distance entre les objets (minimiser la distance intra-groupe et maximiser la distance inter-groupe). Les étapes de calcul sont suivantes :

- 1. Pour chaque élément I_j ($m^\Theta \{I_j\}$) dans l'ensemble d'apprentissage EA, calculer : $K \{I_j\} (C) = -\ln q^\Theta \{I_j\} (C), \forall C \subseteq \Theta$
- 2. Pour chaque valeur de l'attribut A, calculer : $K \{S_v^A\} = \sum_{I_j \in S_v^A} K \{I_j\}$
- 3. Calculer la distance intra-groupe : $SumD(S_v^A) = \frac{1}{|S_v^A|} \sum_{I_j \in S_v^A} \sum_{X \subseteq \Theta} \left(K \{I_j\} (X) - \frac{1}{|S_v^A|} \cdot K \{S_v^A\} (X) \right)^2$
- 4. Pour chaque attribut $A \in At$, calculer : $SumD_A(S) = \sum_{v \in D(A)} \frac{|S_v^A|}{|S|} \cdot SumD(S_v^A)$
- 5. Calculer la distance inter-groupe : $Diff(S, A) = SumD(S) - SumD_A(S)$
- 6. Calculer le ratio de différence : $DiffRatio(S, A) = \frac{Diff(S, A)}{SplitInfo(S, A)}$
- 7. Répéter pour chaque attribut $A \in At$ et choisir celui maximisant le ratio de différence

2. Stratégie de partitionnement Similaire à l'arbre de décision standard car les valeurs des attributs sont certaines.

- Attributs symboliques : tester toutes les possibilités
- Attributs numériques : discrétiser les valeurs (découper en sous-ensembles ordonnés)

3. Critères d'arrêt Utilisés pour arrêter d'agrandir une branche de l'arbre de décision.

- Si le nœud traité contient une seule instance, donc la feuille contient un seul objet
- Si le nœud traité contient plusieurs instances dont les fonctions de masse m_i sont égales
- S'il n'y a plus d'attribut à tester
- Si la valeur de la mesure de sélection d'attribut pour le reste est inférieure ou égale à 0 (pas de meilleure séparation)

4. Structure des feuilles Si la feuille contient un seul élément, donc la fonction de masse de la feuille m_i est égal à celle de cet élément défini dans l'ensemble d'apprentissage. Si la feuille S contient plusieurs éléments :

- Approche par moyenne : $m^\Theta \{S\}(C) = \frac{1}{|S|} \sum_{I_j} m^\Theta \{I_j\}(C)$
- Approche conjonctive : $m^\Theta \{S\} = \cap_{I_j \in S} m^\Theta \{I_j\}$

En considérant tous les éléments, l'algorithme de construction d'un arbre de décision crédibiliste est comme suivante :

Arbre de décision crédibiliste

Entrées : Un ensemble d'apprentissage $T = \{I_1, \dots, I_n\}$; un ensemble des fonctions de masse $M = \{M_{1,1}, \dots, M_{n,4}\}$

Sorties : Une arbre de décision crédibiliste A .

Début

- (I) Créer le nœud racine contenant toutes les instances de l'ensemble d'apprentissage
 - (II) Choisir une approche de sélection d'attributs (approche par moyenne ou approche conjonctive)
 - (III) Vérifier si ce nœud satisfait ou non le critère d'arrêt.
 - (IIIa) Si oui, déclarer ce nœud comme une feuille et calculer la masse associée par l'approche choisie
 - (IIIb) Si non, sélectionner le meilleur attribut pour séparer l'ensemble d'apprentissage. Cet attribut est le nœud racine de l'ensemble d'apprentissage.
 - (IV) Appliquer la stratégie de partitionnement pour obtenir des sous ensembles d'apprentissage
 - (V) Créer un nœud racine pour chaque sous ensemble d'apprentissage
 - (VI) Répéter le même processus pour chaque sous ensemble d'apprentissage à partir de l'étape (III) tant que le critère d'arrêt n'est pas satisfait.
 - (VII) Terminer quand toutes les feuilles de l'arbre A sont générées.
- Fin.

4.3 Applications cliniques

4.3.1 Anomalies rotationnelles

Population et paramètres

Les anomalies rotationnelles (Figure 4.14) ont été choisies comme la première application du SysADO.



FIGURE 4.14 – Les anomalies rotationnelles [25]

La population étudiée comporte 170 cas, dont 100 cas pathologiques (anomalies rotationnelles) et 70 cas non pathologiques (sujets sains). Cette population est divisée en deux parties : l'apprentissage (100 cas) et le test (70). La sélection est purement aléatoire.

Il y a 15 paramètres morphologiques et anthropométriques (Fig.4.15). Ces paramètres sont illustrés dans le tableau 4.1.

TABLE 4.1 – Nom et description des paramètres des anomalies rotationnelles

Nom	Description
Q angle	Angle entre l'épine iliaque antero-supérieur, le centre de la rotule et la tubérosité tibiale antérieure (Fig. 4.15)
HMR	Angle de la rotation médiale de la hanche
HLR	Angle de la rotation latérale de la hanche
TTcl	Angle de la torsion tibiale (mesure clinique)
TTco	Angle de la torsion tibiale (tomographie calculée par ordinateur)
FAcl	Angle de l'antéversion fémorale (mesure clinique)
FAco	Angle de l'antéversion fémorale (tomographie calculée par ordinateur)
AAco	Angle de l'antéversion acétabulaire (tomographie calculée par ordinateur)
AN	Angle de l'antéversion acétabulaire (mesure clinique)
GV	Angle du genou valgum
GVA	Angle du genou varum
NA	Angle de normo axé
NF	Angle d'empreinte normale
FF	Angle d'empreinte plate
CF	Angle d'empreinte cavus

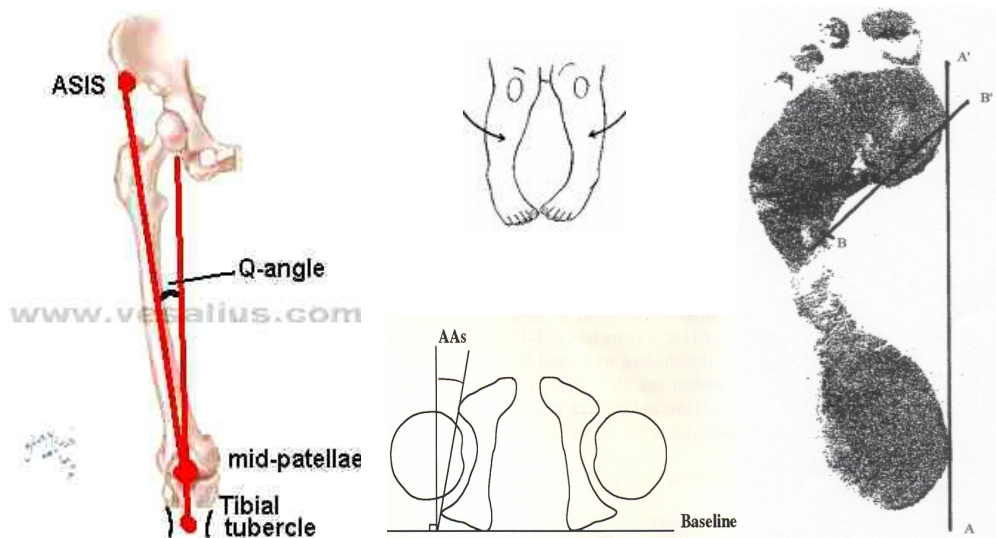


FIGURE 4.15 – Quelques exemples des paramètres des anomalies rotationnelles (Q-angle, angle de torsion, angle d’empreinte) (©www.vesalius.com)

Résultats

Avant d’appliquer les méthodes de fouilles de données, la méthode de l’analyse en composantes principales a été utilisée pour étudier les relations inter-paramètres et intra-paramètres. La distribution des paramètres sur le plan comportant deux premières composantes principales est illustrée dans la figure 4.16.

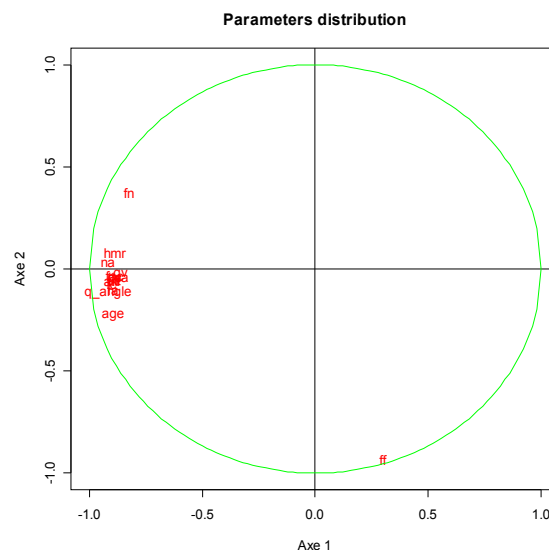


FIGURE 4.16 – La distribution des paramètres des anomalies rotationnelles

La méthode de l'arbre de décision a été utilisée pour construire l'arbre pathologique des anomalies rotationnelles. Cet arbre élagué est illustré dans la figure 4.17.

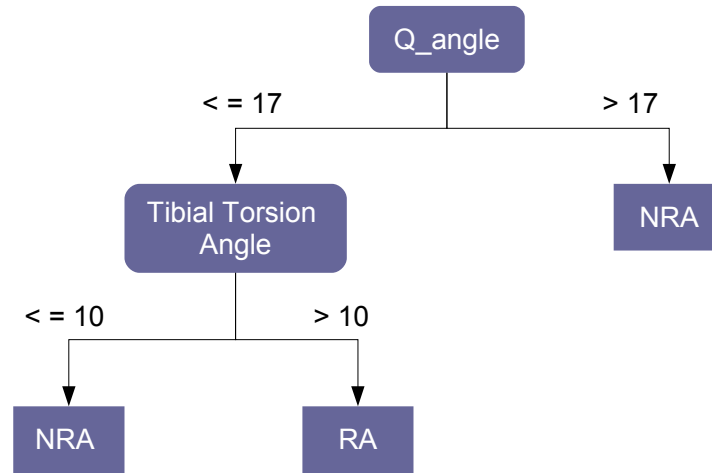


FIGURE 4.17 – L'arbre de décision élagué des anomalies rotationnelles

Les règles de production sont déduites directement à partir de cet arbre avec les valeurs logiques et numériques des causes.

- Si $Q - angle > 17$ Alors décision = NRA (pas d'anomalies rotationnelles) ;
- Si $Q - angle \leq 17$ et $ttc > 10$ Alors classe = RA (anomalies rotationnelles) ;
- Si $Q - angle \leq 17$ et $ttc \leq 10$ Alors classe = NRA (pas d'anomalies rotationnelles).

La performance des 3 méthodes : l'arbre de décision, le réseau de neurones artificiel, le séparateur à vastes marges a été comparée sur ce jeu de données. Le résultat est illustré dans la figure 4.18.

Discussions

Les résultats de l'analyse en composantes principales montrent que les paramètres des anomalies rotationnelles peuvent se regrouper en 3 groupes : le premier groupe avec l'angle d'empreinte plate, le deuxième groupe avec 3 paramètres : l'angle d'empreinte normale, l'angle de la rotation médiale de la hanche et l'angle de normo axé. Le troisième groupe comporte les paramètres restantes. D'une part, ces regroupements montrent les relations causales entre les paramètres dans un groupe. D'autre part, le paramètre de l'angle d'empreinte plate a été prévu comme une influence forte dans les méthodes de fouille de données.

En appliquant la méthode de l'arbre de décision, les facteurs de risque de la pathologie des anomalies rotationnelles sont déduits : Q-angle et l'angle de torsion tibiale. Ces facteurs jouent un rôle important dans le diagnostic et aussi le traitement de cette pathologie.

Parmi les 3 méthodes utilisées pour les données des anomalies rotationnelles, l'arbre de décision est un peu plus performant que les deux autres tant sur le plan des erreurs de classification

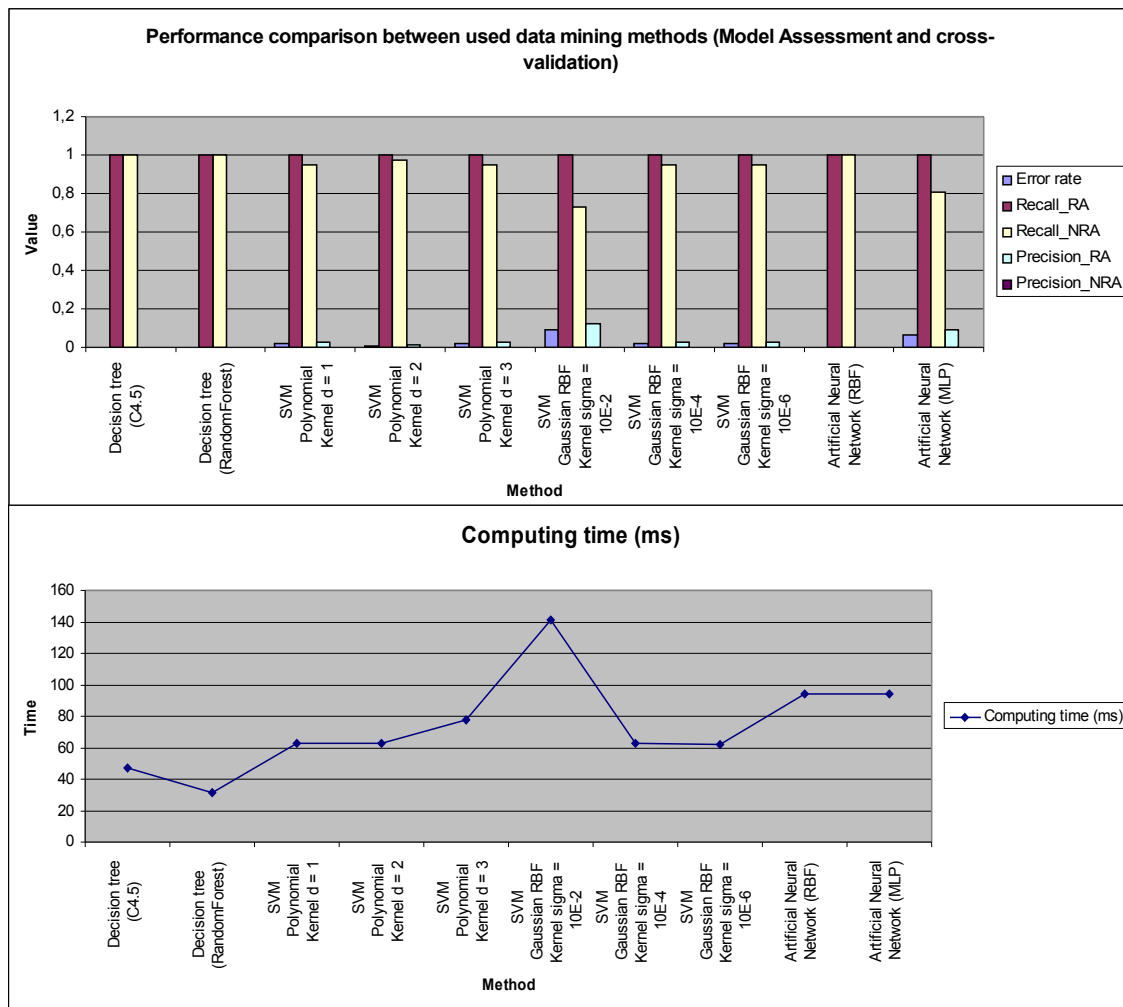


FIGURE 4.18 – La comparaison de la performance des méthodes utilisées

que sur le plan du temps de calcul et sur le plan de la capacité d'interpréter facilement des résultats de classification. Ce résultat est corrélé avec les études dans la littérature [58], [103], [81]. En plus, nous avons constaté que la méthode de l'arbre de décision est indépendante de la pathologie étudiée, c'est-à-dire que cette méthode peut être utilisée pour n'importe quel type de pathologie pour construire un modèle de prédiction.

La limitation de cette étude est qu'il n'y a qu'un seul type de données cliniques (morphologiques et anthropométriques) qui a été utilisé pour diagnostiquer les anomalies rotationnelles. Malgré cette limitation, les résultats de la première application montrent la faisabilité, l'efficacité de notre méthodologie. Cela nous a mené à appliquer notre méthodologie sur une autre pathologie dans un contexte clinique réel : présentée dans la section suivante.

4.3.2 Pied bot

Population et paramètres

La deuxième application clinique du SysADO est un système de pointage universellement utilisé pour mesurer les résultats cliniques avant et après le traitement conservatif des déformations du pied bot. Cette application a été réalisée en collaboration avec le Professeur Henri Bensahel de l'hôpital de Robert Debré à Paris. Le pied bot varus équin congénital irréductible idiopathique (Fig.4.19) est une pathologie présente avant la naissance. La déformation du pied est soit tournée en dedans, soit orientée vers le bas.



FIGURE 4.19 – Le pied bot (©CHU Robert Debré)

La déformation ne peut pas être complètement corrigée à l'examen initial (contrairement à une simple malposition). Cette pathologie est encore une énigme dans le monde clinique car aucune cause, neurologique ou autre, n'a été retrouvée.

Le traitement de cette pathologie est le traitement conservatif (la rééducation fonctionnelle) dans un premier temps, puis la chirurgie si le traitement conservatif n'est pas efficace. Le traitement du pied bot donne aujourd'hui d'excellents résultats s'il est traité dès la naissance. Dès les premiers jours, le nourrisson doit être observé par une équipe médicale afin de statuer sur le meilleur traitement. Le traitement conservatif est normalement gardé jusqu'à l'âge adulte. Une fois commencé, le traitement ne souffrira pas d'écart et il faudra lui appliquer la plus grande rigueur. Il y a plusieurs méthodes du traitement conservatif du pied bot : la technique de Ponseti ([123], [48]) et la technique d'Illizarov [89] qui se basent principalement sur la chirurgie, la technique française ([14], [15], [57], [143]) qui se base principalement sur la rééducation fonctionnelle.

Dans ce contexte, notre méthodologie se positionne comme la solution prometteuse. Le diagnostic (la classification des types du pied bot), le traitement conservatif, et le suivi sont mis en place. La méthode française a été choisie pour mettre en place la partie de traitement dans le système d'aide à la décision pour le pied bot.

Pour construire une approche de prédiction du pied bot, une population de 1000 cas, dont 700 cas pathologiques et 300 cas non pathologiques a été utilisée. Cette population est divisée en

deux groupes : l'apprentissage (700) et le test (300). Les paramètres (Figure 4.20) du pied bot sont illustrés dans le tableau 4.2.

TABLE 4.2 – Nom et description des paramètres du pied bot

Nom	Description
de	angle de la déformation équinus dans le plan sagittal
def	niveau de flexibilité de l'angle équinus
ve	angle de la déformation varus dans le plan frontal
vef	niveau de flexibilité de l'angle varus
supdef	angle de la combinaison de la supination midtarsal du pied et la médiane de la rotation de l'avant-pied calcaneo
supflex	niveau de flexibilité de la déformation de supination de l'avant-pied
derdef	angle de la dérotation autour du talus de l'avant-pied calcané
derflex	niveau de flexibilité de l'unité de l'avant-pied calcané
cv	état du cavus
adf	état de la fonction musculaire du dorsiflexor de la cheville
apf	état de la fonction musculaire de la flexion plantaire de la cheville
inv	état de la fonction musculaire de l'inversion du pied
eve	état de la fonction musculaire de l'éversion du pied
toeflex	état de la fonction musculaire flexeur de l'orteil
toext	état de la fonction musculaire extenseur de l'orteil

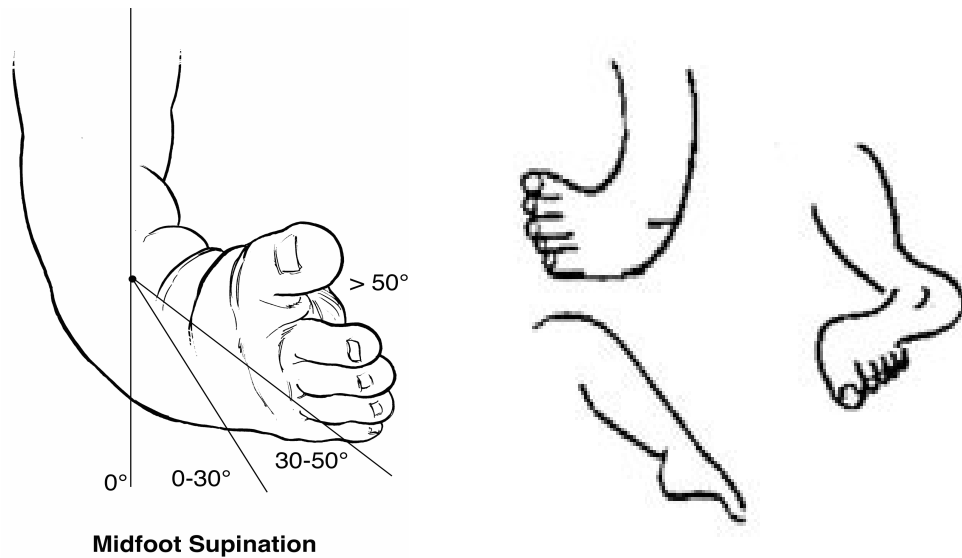


FIGURE 4.20 – Quelques exemples des paramètres du pied bot (angle de supination, angle d'équinus) [15]

Résultats

Les résultats obtenus par l'analyse en composantes principales sont illustrés dans la figure 4.21.

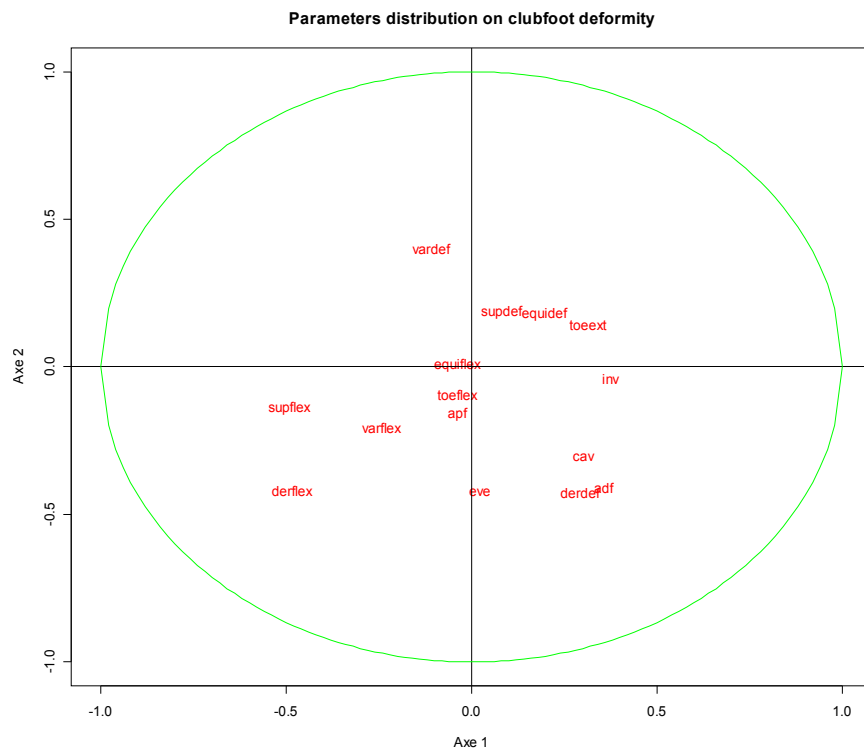


FIGURE 4.21 – La distribution des paramètres du pied bot

L'arbre de décision du pied bot est illustré dans la figure 4.22.

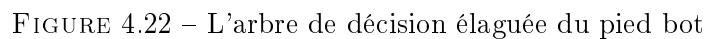
Les règles de production sont illustrées dans les tableaux 4.3 et 4.4.

L'interface du système de pointage universel du pied bot est illustrée par la figure Fig.4.23.

Discussion

L'analyse en composantes principales montre que les paramètres du pied bot peuvent se regrouper en 4 groupes distincts suivants :

- Groupe 1 : l'angle de la combinaison de la supination midtarsal du pied et la médiane de la rotation de l'avant-pied calcaneo, angle de la déformation équinus dans le plan sagittal, et l'état de la fonction musculaire extenseur de l'orteil ;
- Groupe 2 : l'angle de la déformation varus dans le plan frontal, et le niveau de flexibilité de l'angle équinus ;
- Groupe 3 : le niveau de flexibilité de la déformation de la supination de l'avant-pied, le niveau de flexibilité de l'unité de l'avant-pied calcané, le niveau de flexibilité de l'angle varus, l'état de la fonction musculaire flexeur de l'orteil, et l'état de la fonction musculaire de la flexion plantaire de la cheville ;



- Cette distribution équilibrée des paramètres du pied bot montre que chaque paramètre joue un rôle important dans le diagnostic et le traitement du pied bot. Les paramètres dans un groupe peuvent être considérées ensemble dans le traitement.

L'évaluation des études concernant le pied bot par les critères objectifs est une nécessité dans le contexte de recherche internationale. L'application concernant le pied bot du SysADO joue un rôle comme un système d'évaluation qui est appliqué avant et après le traitement conservatif du pied bot pour comparer les études concernées. De plus, cette application a été développée dans

TABLE 4.3 – Base de règle du pied bot (I)

Nom	Fonction
R1	(defrule r1 (Deviation Equinus Sagittal-plane 50)) ⇒ (assert (Point-1 2)))
R2	(defrule r2 (Deviation Equinus Sagittal-plane 50-30)) ⇒ (assert (Point-1 1)))
R3	(defrule r3 (Deviation Equinus Sagittal-plane 30)) ⇒ (assert (Point-1 0)))
R4	(defrule r4 (Equinus Flexibility Stiff Lessthan 50)) ⇒ (assert (Point-2 1)))
R5	(defrule r5 (Equinus Flexibility Flexible Morethan 50)) ⇒ (assert (Point-2 0)))
R6	(defrule r6 (Deviation Varus Frontal-plane 50)) ⇒ (assert (Point-3 2)))
R7	(defrule r7 (Deviation Varus Frontal-plane 50-30)) ⇒ (assert (Point-3 1)))
R8	(defrule r8 (Deviation Varus Frontal-plane 30)) ⇒ (assert (Point-3 0)))
R9	(defrule r9 (Varus Flexibility Stiff Lessthan 50)) ⇒ (assert (Point-4 1)))
R10	(defrule r10 (Varus Flexibility Flexible Morethan 50)) ⇒ (assert (Point-4 0)))
R11	(defrule r11 (Deviation Supination Midfoot 50)) ⇒ (assert (Point-5 2)))
R12	(defrule r12 (Deviation Supination Midfoot 50-30)) ⇒ (assert (Point-5 1)))
R13	(defrule r13 (Deviation Supination Midfoot 30)) ⇒ (assert (Point-5 0)))
R14	(defrule r14 (Supination Midfoot Flexibility Stiff Lessthan 50)) ⇒ (assert (Point-6 1)))
R15	(defrule r15 (Supination Midfoot Flexibility Flexible Morethan 50)) ⇒ (assert (Point-6 0)))
R16	(defrule r16 (Derotation CMFU Horizontal-plane 50)) ⇒ (assert (Point-7 2)))
R17	(Derotation CMFU Horizontal-plane 50-30) ⇒ (assert (Point-7 1)))
R18	(defrule r18 (Derotation CMFU Horizontal-plane 30)) ⇒ (assert (Point-7 0)))
R19	(defrule r19 (CFF-block Flexibility Stiff Lessthan 50)) ⇒ (assert (Point-8 1)))
R20	(defrule r20 (CFF-block Flexibility Flexible Morethan 50)) ⇒ (assert (Point-8 0)))

les buts :

- d’améliorer les connaissances concernant le diagnostic, et le traitement des pathologies du système musculosquelettique ;
- de diffuser et partager les connaissances dans la communauté de recherche médicale et

TABLE 4.4 – Base de règle du pied bot (II)

Nom	Fonction
R21	(defrule r21 (Cavus Yes) $\Rightarrow$ (assert (Point-9 2)))
R22	(defrule r22 (Cavus No) $\Rightarrow$ (assert (Point-9 0)))
R23	(defrule r23 (Ankle Dorsiflexors Reactive) $\Rightarrow$ (assert (Point-10 0)))
R24	(defrule r24 (Ankle Dorsiflexors Non-Reactive) $\Rightarrow$ (assert (Point-10 1)))
R25	(defrule r25 (Ankle Plantar Flexors Reactive) $\Rightarrow$ (assert (Point-11 0)))
R26	(defrule r26 (Ankle Plantar Flexors Non-Reactive) $\Rightarrow$ (assert (Point-11 1)))
R27	(defrule r27 (Invertors Reactive) $\Rightarrow$ (assert (Point-12 0)))
R28	(defrule r28 (Invertors Non-Reactive) $\Rightarrow$ (assert (Point-12 1)))
R29	(defrule r29 (Evertors Reactive) $\Rightarrow$ (assert (Point-13 0)))
R30	(defrule r30 (Evertors Non-Reactive) $\Rightarrow$ (assert (Point-13 1)))
R31	(defrule r31 (Toe Extensors Reactive) $\Rightarrow$ (assert (Point-14 0)))
R32	(defrule r32 (Toe Extensors Non-Reactive) $\Rightarrow$ (assert (Point-14 1)))
R33	(defrule r33 (Toe Flexors Reactive) $\Rightarrow$ (assert (Point-15 0)))
R34	(defrule r34 (Toe Flexors Non-Reactive) $\Rightarrow$ (assert (Point-15 1)))
R35	(defrule r35 (Point-1 ?x1) (Point-2 ?x2) (Point-3 ?x3) (Point-4 ?x4) (Point-5 ?x5) (Point-6 ?x6) (Point-7 ?x7) (Point-8 ?x8) (Point-9 ?x9) (Point-10 ?x10) (Point-11 ?x11) (Point-12 ?x12) (Point-13 ?x13) (Point-14 ?x14) (Point-15 ?x15) $\Rightarrow$ (assert (Score (add ?x1 ?x2 ?x3 ?x4 ?x5 ?x6 ?x7 ?x8 ?x9 ?x10 ?x11 ?x12 ?x13 ?x14 ?x15))))
R36	(defrule r36 (Score ?s) $\Rightarrow$ (if (< ?s 1) then (if (= ?s 0) then (assert (Diagnose Category Normal))))
R37	(defrule r37 (Score ?s) $\Rightarrow$ (if (> ?s 0) then (if (<= ?s 6) then (assert (Diagnose Category Moderate))))
R38	(defrule r38 (Score ?s) $\Rightarrow$ (if (> ?s 6) then (if (<= ?s 14) then (assert (Diagnose Category Severe))))
R39	(defrule r39 (Score ?s) $\Rightarrow$ (if (> ?s 14) then (if (<= ?s 20) then (assert (Diagnose Category Rigid))))

clinique.

Un système de diagnostic du pied bot a été réalisé en ligne sous forme d'un site Web dynamique. Les procédures de traitement conservatif et le suivi du pied bot ont été mis en place. Ils



Ontology-Based Computer-Aided Decision System



HOME



HELP



CONTACT

LOG IN

OSMMI

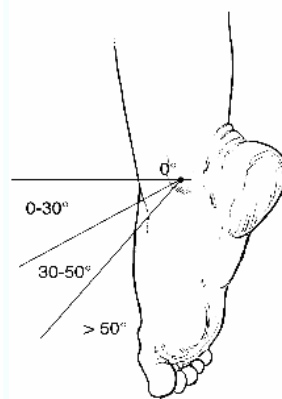
MENU

[Site Map](#)
[News & Publications](#)
[System Description](#)
[Project's Members](#)
[Experts Panel](#)
[System Administration](#)
[Tools](#)
 Clubfoot Online Diagnostic
 Clubfoot Online Diagnostic
 (New version)
 OSMMI Wikipedia
 Web Link Crawler

Clinical Diagnosis System

1. Morphological Assessment (Deformity and Flexibility)

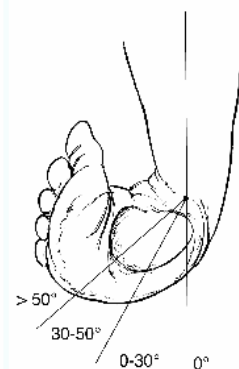
Question 1: How many degree of equinus the patient has ?



Equinus

© Bensahel H, Rober Debré Hospital

Question 2: How many degree of varus the patient has ?



Heel Varus

© Bensahel H, Rober Debré Hospital

FIGURE 4.23 – Visualisation de l'interface utilisateur

sont consultables via le réseau d'Internet. Les interfaces ont été développées avec les nouvelles technologies pour assurer ses caractéristiques conviviales. L'évaluation du pied bot est facilement

utilisée par les chirurgiens orthopédiques pédiatriques.

La validation de notre modèle de classification a été effectuée sur une base de données de 8 patients du service de chirurgie infantile de l'hôpital Robert Debré (Table 4.5). Les classifications effectuées par notre système SysADO sont cohérentes avec celles réalisées par un clinicien. De plus, notre système permet de gérer les résultats de classification de façon synchrone et suivie facilitant la comparaison des résultats cliniques avant et après le traitement conservatif des déformations du pied bot.

	Classification du clinicien		Classification du SysADO	
Sujet	Point total	Classe	Point total	Classe
Sujet 1	13	Sévère	13	Sévère
Sujet 2	17	Rigide	17	Rigide
Sujet 3	20	Rigide	20	Rigide
Sujet 4	16	Rigide	16	Rigide
Sujet 5	14	Sévère	14	Sévère
Sujet 6	13	Sévère	13	Sévère
Sujet 7	8	Sévère	8	Sévère
Sujet 8	8	Sévère	8	Sévère

TABLE 4.5 – Rapport de validation de la classification du pied bot.

Une limitation de cette application est de ne pas quantifier et évaluer les traitements conservatifs. Même si le SysADO fournit une méthode de traitement efficace proposée par l'hôpital Robert Debré, chaque kinésithérapeute a des gestes de manipulation différentes. Le développement d'une méthode pour évaluer les gestes du kiné est un challenge pour la recherche en biomécanique.

Une autre limitation de cette application est la même que pour la première application ; les paramètres considérés sont seulement des mesures cliniques, morphologiques et anthropométriques. Malgré cette limitation répétée, notre SysADO a montré sa puissance, sa flexibilité, sa générosité, et son extensibilité pour pouvoir être appliqué à d'autres pathologies.

4.3.3 Paralyse cérébrale

Généralités

La Paralyse cérébrale est liée à des troubles neurologiques non évolutifs du cerveau survenues dans la période anténatale ou périnatale (par convention avant 2 ans). Ces troubles se traduisent dans une certaine mesure par des lésions au niveau des motoneurons cérébraux gênant ainsi la coordination et la force musculaire. Cela a pour conséquence un trouble du mouvement et de la posture (Fig. 4.24)



FIGURE 4.24 – Quelques illustrations de la paralysie cérébrale

La paralysie cérébrale est classée en 4 classes principales selon la morphologie des membres paralysés (Fig. 4.25). La description de chaque classe est la suivante :

- Hémiplégie : paralysie de l'hémicorps droit
- Diplégie : atteinte souvent des deux membres inférieurs
- Triplégie : atteinte des membres inférieurs et un membre supérieur
- Tétraplégie (quadriplégie) : atteinte des 4 membres

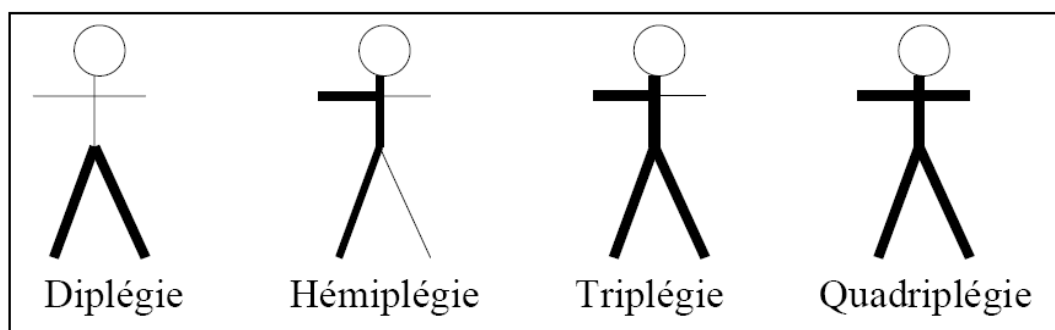


FIGURE 4.25 – Quelques illustrations des classes de la paralysie cérébrale

Cette pathologie a été étudiée en collaboration avec le Dr. F. Mégrot et le Pr. G.F. Penneçot du Centre de Médecine Physique et de Réadaptation pour Enfants de Bois-Larris, 60260 LAMORLAYE, France. Les données cinématiques, cinétiques et les EMG ont été acquis sur les patients du centre Bois-Laris. Le type de paralysie cérébrale étudié est la diplégie ou l'hémiplégie. Le système VICON Motion Analysis a été utilisé pour acquérir les données cinématiques.

La plate forme de force a été utilisée pour acquérir les données cinétiques. Le système EMG a été utilisé pour acquérir les activités musculaires des sujets (8 muscles : fessiers, droit antérieur, vaste interne, ischio-jambiers, triceps, peroniers, jambier antérieur, soléus).

Modèle de fusion d'information pour la Paralyse Cérébrale

Le modèle conceptuel de fusion d'information pour la Paralyse Cérébrale est illustré dans le Fig. 4.26. Chaque source de données $i \in \{1 \dots n\}$ est issue d'un système de mesures expérimentales (e.g. système d'analyse du mouvement, la plate-forme de force, les signaux d'EMG, etc). Les paramètres P_i sont les données obtenues à partir d'une source de donnée (e.g. angle articulaire, force de réaction, EMG du muscle soléus, etc.).

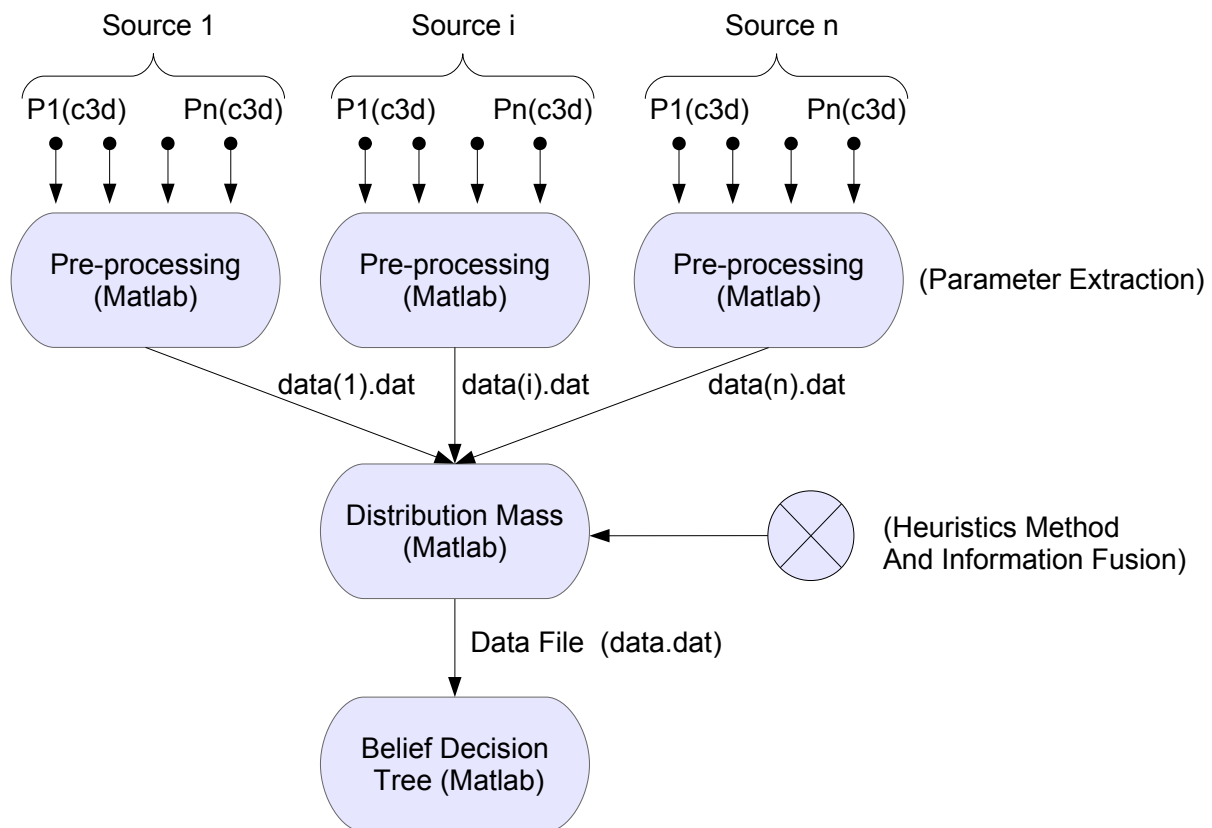


FIGURE 4.26 – Modèle conceptuel de la fusion d'information pour la Paralyse Cérébrale

Pour développer l'arbre de décision crédibiliste de la paralysie cérébrale, une étape de pré-traitement des attributs est nécessaire pour extraire des paramètres pertinents à partir des données cinématiques et cinétiques. Ensuite, une méthode heuristique est développée pour modéliser les fonctions de masse.

Extraction des caractéristiques des paramètres cinématiques et cinétiques Il est nécessaire de pré-traiter des données brutes pour extraire des paramètres pertinents à partir des

coubres de données cinématiques et cinétiques. Pour chaque courbe de données cinétiques, nous proposons de calculer les paramètres suivants (Fig.4.27) :

- Forces d'appui de la phase taligrade et digitigrade (F_t , F_d)
- Temps des Forces d'appui de la phase taligrade et digitigrade (T_t , T_d)
- Écart type (SD)

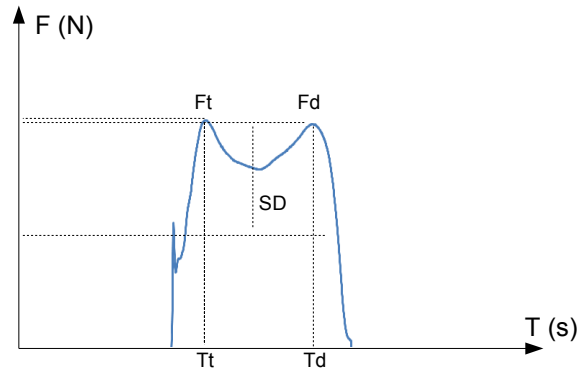


FIGURE 4.27 – Extraction des paramètres pertinents à partir des données cinématiques et cinétiques

Extraction des caractéristiques des paramètres EMG Concernant les signaux électriques musculaires, pour chaque signal, nous proposons de calculer les paramètres suivants (Fig.4.28) :

- Pic d'amplitude maximal (EMGmax)
- EMG moyen sur un intervalle de temps contenant le pic maximal (AFV - Average Rectified Voltage) (EMGafv)

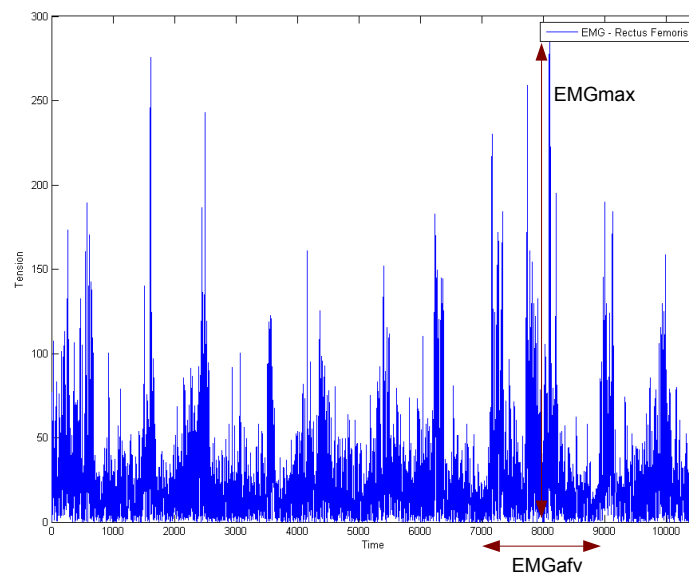


FIGURE 4.28 – Extraction des paramètres pertinents à partir des signaux EMG

Distribution de masse de croyance (ou Basic Belief Assignment - BBA) Une méthode heuristique a été conçue en se basant sur deux critères. Le premier est le critère de la force de réaction. Le deuxième est le critère de l'amplitude de contraction musculaire.

- plus il y a différence entre la force de réaction des phases taligrade et digitigrade, plus il est crédible que le type soit diplégique ou hémiplégique (Fig. 4.29)
- plus l'EMG moyen (AGV - Average Rectified Voltage) sur l'intervalle de temps contenant le pic maximal des muscles est grand, plus il est crédible que le type soit diplégique ou hémiplégique (Fig. 4.30)

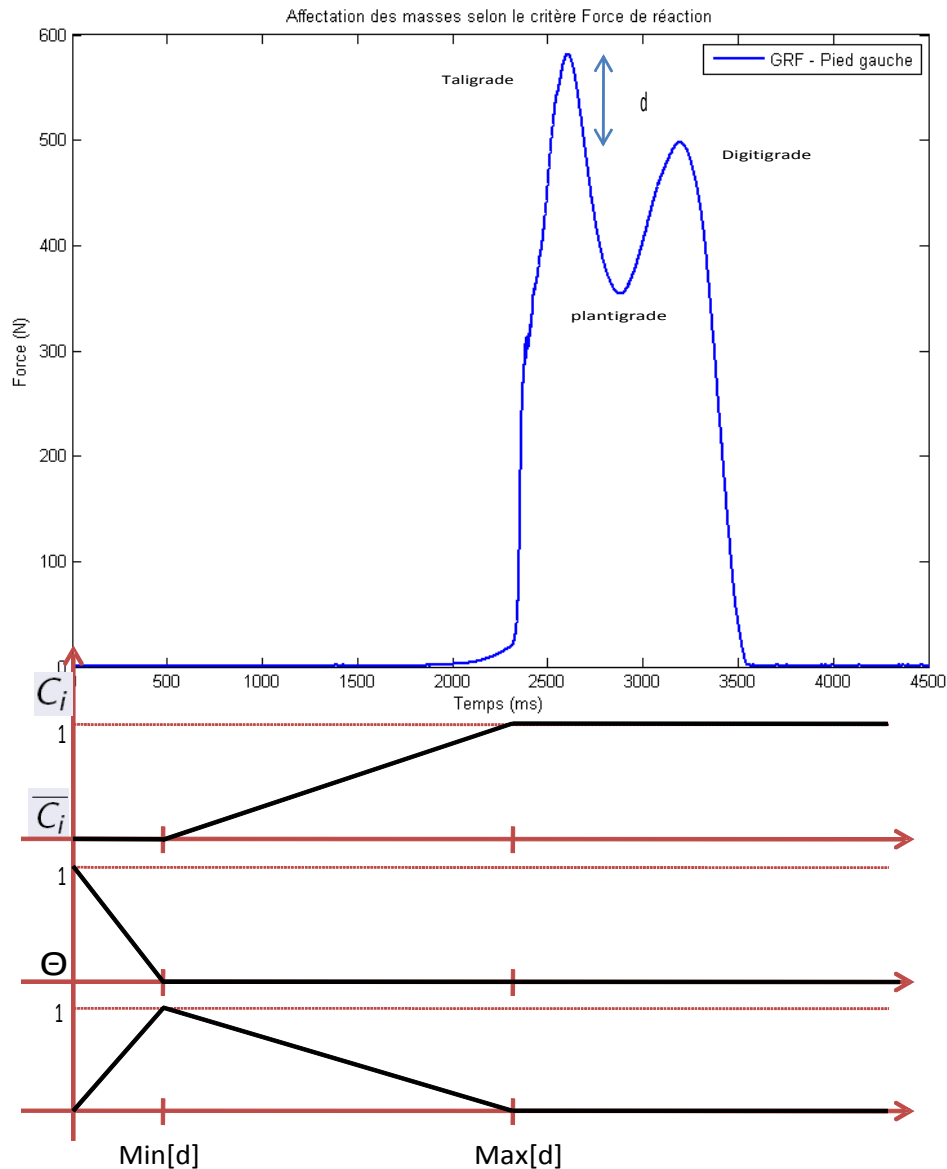


FIGURE 4.29 – Illustration du critère de la force de réaction (C_1) : distribution probabiliste des niveaux de croyance selon les différences des forces de réaction

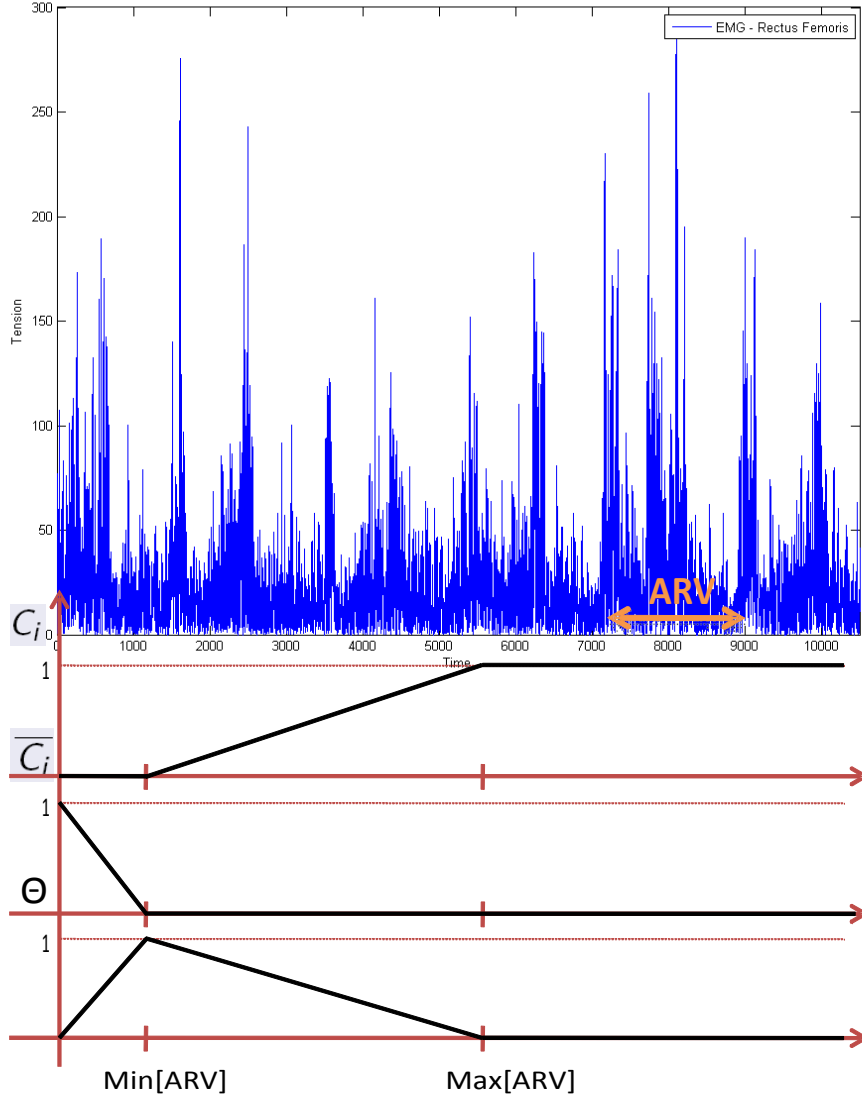


FIGURE 4.30 – Illustration du critère du temps de contraction du muscle droit antérieur (C_2) : distribution probabiliste des niveaux de croyance selon les différences du temps de contraction du muscle

Combinaison des masses selon les critères l'opérateur conjonctif a été utilisé pour combiner deux critères choisis. Le tableau des éléments concernés est illustré dans le Tab. 4.10.

- $m_{12,j}(C_i) = m_{1,i}(C_i).m_{2,i}(C_i) + m_{1,i}(C_i).m_{2,i}(\Theta) + m_{1,i}(\Theta).m_{2,i}(C_i)$
- $m_{12,j}(\overline{C_i}) = m_{1,i}(\overline{C_i}).m_{2,i}(\overline{C_i}) + m_{1,i}(\overline{C_i}).m_{2,i}(\Theta) + m_{1,i}(\Theta).m_{2,i}(\overline{C_i})$
- $m_{12,j}(\Theta) = m_{1,i}(\Theta).m_{2,i}(\Theta)$
- $m_{12,j}(\emptyset) = m_{1,i}(C_i).m_{2,i}(\overline{C_i}) + m_{1,i}(\overline{C_i}).m_{2,i}(C_i)$: la contradiction entre les critères

Critères	Classes	
	C_1	C_2
Cr_1	$m_{1,1}(C_1)$ $m_{1,1}(\overline{C_1})$ $m_{1,1}(\Theta)$	$m_{1,2}(C_2)$ $m_{1,2}(\overline{C_2})$ $m_{1,2}(\Theta)$
Cr_2	$m_{2,1}(C_1)$ $m_{2,1}(\overline{C_1})$ $m_{2,1}(\Theta)$	$m_{2,2}(C_2)$ $m_{2,2}(\overline{C_2})$ $m_{2,2}(\Theta)$
Combinaison	$m_{12,1}(C_1)$ $m_{12,1}(\overline{C_1})$ $m_{12,1}(\Theta)$ $m_{12,1}(\emptyset)$	$m_{12,2}(C_2)$ $m_{12,2}(\overline{C_2})$ $m_{12,2}(\Theta)$ $m_{12,2}(\emptyset)$

TABLE 4.6 – Combinaison des masses selon les critères par l'opérateur conjonctif

Étude préliminaire

Un jeu de données de 10 cas (Tab. 4.7) de paralysie cérébrale (5 diplégies et 5 hémiplegies) est choisi comme ensemble d'apprentissage. Tout d'abord, la méthode heuristique de distribution des masses a été appliquée pour calculer les masses de chaque instance de l'ensemble d'apprentissage. Ensuite, l'algorithme de construction d'un arbre de décision crédibiliste a été utilisé en considérant l'ensemble d'apprentissage et les fonctions de masses calculées.

Distribution des masses

TABLE 4.7 – Ensemble d'apprentissage T : Forces d'appui de la phase taligrade gauche et droite (en N)(Ft_L et Ft_R), Temps des Forces d'appui de la phase taligrade gauche et droite (en ms) (Tt_L et Tt_R), Forces d'appui de la phase digitigrade gauche et droite (en N)(Fd_L et Fd_R), Temps des forces d'appui de la phase digitigrade gauche et droite (en ms)(Td_L et Td_R), Écart type de la force de réaction maximale gauche et droite (SD_L et SD_R), l'EMG moyen rectifié du muscle droit intérieur gauche et droite (uV)(Ea_L et Ea_R), Classe (C)

$Sujet\#$	Ft_L	Tt_L	Fd_L	Td_L	SD_L	Ft_R	Td_R	Fd_R	Td_R	SD_R	Ea_R	Ea_L	C
1	521	3598	465	4164	127	582	2607	498	3193	131	35	23	Dip
2	366	4238	333	4934	84	336	5188	262	5747	74	33	30	Dip
3	463	5842	256	6432	83	279	6781	200	7231	61	87	74	Dip
4	424	3173	294	3827	78	358	2202	293	2883	76	57	61	Dip
5	563	5129	412	6565	93	428	6641	290	7549	67	74	74	Dip
6	501	3098	425	4360	117	482	2647	480	3693	111	65	43	Hémi
7	481	4198	335	5364	89	512	2737	507	3093	95	86	63	Hémi
8	531	3838	395	4424	97	463	2541	457	3843	91	71	39	Hémi
9	499	3239	345	4561	88	445	2341	433	3324	80	56	44	Hémi
10	449	3451	321	4128	95	487	3254	480	4325	89	77	56	Hémi

Les 12 paramètres pertinents présentés ci-dessus sont extraits en utilisant notre processus d'extraction proposé ci-dessus à partir d'une base des données cinématiques et dynamiques (fichier c3d). Les critères sont proposés en se basant sur ces paramètres. La combinaison de masse de chaque instance dans l'ensemble d'apprentissage est calculée et présentée ci-dessous.

Les résultats de la distribution des masses pour chaque critère sont illustrés dans les tableaux 4.8 et 4.9.

Diplégie (C1)			Hémiplégie (C2)		
$m_{1,1}(C_1)$	$m_{1,1}(\overline{C_1})$	$m_{1,1}(\Theta)$	$m_{1,2}(C_2)$	$m_{1,2}(\overline{C_2})$	$m_{1,2}(\Theta)$
0.6087	0	0.3913	0.3108	0	0.6892
0.5362	0	0.4638	0.4054	0	0.5946
1.0000	0	0	1.0000	0	0
0.6280	0	0.3720	0.6552	0	0.3448
1.0000	0	0	1.0000	0	0
0.0145	0	0.9855	0.5811	0	0.4189
0.0362	0	0.9638	0.8514	0	0.1486
0.0435	0	0.9565	0.5270	0	0.4730
0.0870	0	0.9130	0.5946	0	0.4054
0.0507	0	0.9493	0.7568	0	0.2432

TABLE 4.8 – Distribution des masses selon le critère de la force de réaction

Diplégie (C1)			Hémiplégie (C2)		
$m_{1,1}(C_1)$	$m_{1,1}(\overline{C_1})$	$m_{1,1}(\Theta)$	$m_{1,2}(C_2)$	$m_{1,2}(\overline{C_2})$	$m_{1,2}(\Theta)$
0.2705	0	0.7295	0.4023	0	0.5977
0.1594	0	0.8406	0.3793	0	0.6207
0.5725	0	0.4275	1.0000	0	0
0.4710	0	0.5290	0.8243	0	0.1757
0.7295	0	0.2705	0.8506	0	0.1494
0.3671	0	0.6329	0.7471	0	0.2529
0.7053	0	0.2947	0.9885	0	0.0115
0.6570	0	0.3430	0.8161	0	0.1839
0.7440	0	0.2560	0.6437	0	0.3563
0.6184	0	0.3816	0.8851	0	0.1149

TABLE 4.9 – Distribution des masses selon le critère du temps de contraction musculaire du droit antérieur

Les résultats de la distribution des masses en combinant le critère de la force de réaction et le critère du temps de contraction musculaire du droit antérieur sont illustrés dans le tableau Tab. 4.10. Nous notons également une augmentation des fonctions de masse de chaque instance de la combinaison. L'opérateur conjonctif a été utilisé car toutes les sources sont supposées fiables. Donc, une augmentation de croyance est constatée en combinant plusieurs critères qui sont issus des sources fiables.

Diplégie (C1)				Hémiplégie (C2)			
$m_{12,1}(C_1)$	$m_{12,1}(\overline{C_1})$	$m_{1,1}(\Theta)$	$m_{12,1}(\emptyset)$	$m_{12,2}(C_2)$	$m_{12,2}(\overline{C_2})$	$m_{12,2}(\Theta)$	$m_{12,2}(\emptyset)$
0.7303	0	0.2697	0	0.5640	0	0.4360	0
0.7242	0	0.2758	0	0.4783	0	0.5217	0
1.0000	0	0	0	1.0000	0	0	0
0.8717	0	0.1283	0	0.9071	0	0.0929	0
1.0000	0	0	0	0.9596	0	0.0404	0
0.5872	0	0.4128	0	0.8400	0	0.1600	0
0.8567	0	0.1433	0	0.9966	0	0.0034	0
0.5476	0	0.4524	0	0.9369	0	0.0631	0
0.6298	0	0.3702	0	0.9088	0	0.0912	0
0.7691	0	0.2309	0	0.9561	0	0.0439	0

TABLE 4.10 – Distribution des masses en combinant les deux critères

Construction d'un arbre de décision crédibiliste Les valeurs de GainRatio sont illustrées dans le tableau Tab. 4.11.

TABLE 4.11 – Valeurs de GainRatio calculées au cours de la construction de l'arbre de décision crédibiliste. Le meilleur attribut de chaque niveau est mis en caractère gras

<i>Niv</i>	<i>Ft_L</i>	<i>Tt_L</i>	<i>Fd_L</i>	<i>Td_L</i>	<i>SD_L</i>	<i>Ft_R</i>	<i>Tt_R</i>	<i>Fd_R</i>	<i>Td_R</i>	<i>SD_R</i>	<i>Ea_R</i>	<i>Ea_L</i>
0	0.015	0.022	0.004	0.022	0.002	0.091	-0.109	0.091	-0.109	-0.075	0.076	0.010
1R	-0.122	-0.318	0.115	-0.334	0.115	-0.176	-0.176	-0.176	-0.176	-0.089	-0.198	-0.235
2R	-0.255	-0.255	-0.255	-0.255	-0.255	-0.255	-0.255	-0.255	-0.255	-0.255	-0.009	-0.255

L'arbre de décision crédibiliste de l'ensemble d'apprentissage est illustrée dans la figure Fig. 4.31.

Les trois attributs les plus pertinents de l'ensemble d'apprentissage sont précisés avec le niveau de confiance associée selon le meilleur GainRatio de chaque sous arbre de décision

- Force de réaction maximale du membre droit
- Force de réaction minimale du membre gauche
- EMG moyen rectifié du muscle droit antérieur droit

Discussion

La théorie des fonctions des croyances a été appliquée dans le cadre d'aide à la décision de la paralysie cérébrale. Une méthode heuristique de distribution des fonctions de masse a été développée. Les 12 paramètres pertinents ont été extraits à partir des données cinématiques, cinétiques, et EMG de l'ensemble d'apprentissage. L'arbre de décision crédibiliste de la paralysie cérébrale a été développé avec un jeu de données de 10 cas (5 diplégies et 5 hémiplégies). Les résultats obtenus montrent que la combinaison des critères augmente le degré de confiance pour la classification de la paralysie cérébrale.

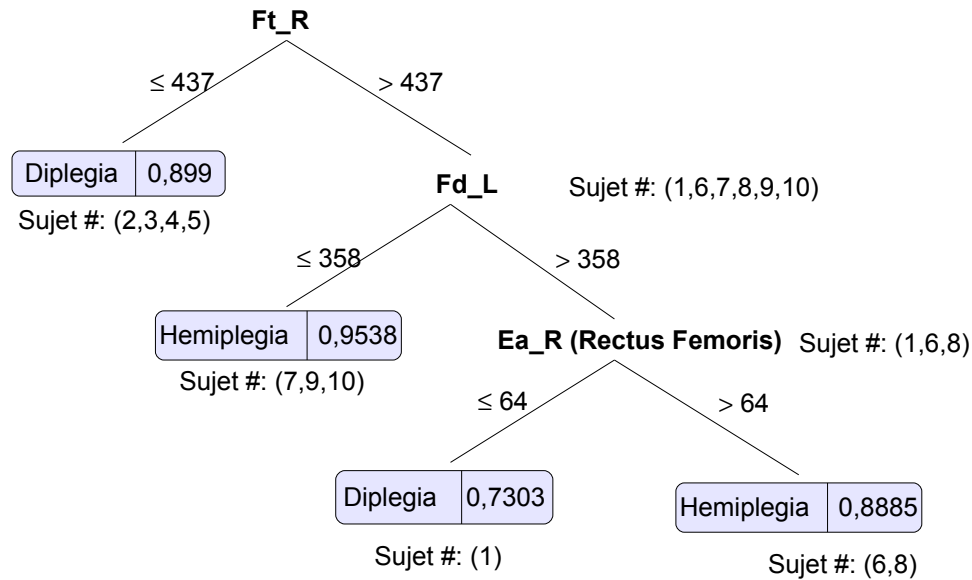


FIGURE 4.31 – Arbre de décision crédibiliste représente l'ensemble d'apprentissage

La moyenne est utilisée comme la métrique de discrétisation des valeurs numériques des attributs. Ce choix est expliqué par le fait que la distribution des cas d'apprentissage est binaire et homogène.

Les règles de déduction crédibiliste sont générées à partir de l'arbre de décision crédibiliste. La classification de nouveaux patients est effectuée avec un certain niveau de confiance.

Même si l'arbre de décision crédibiliste est évidemment une méthode efficace pour aider des cliniciens dans leurs choix cliniques, la sensibilité des instances est une des limites de cette approche. L'arbre de décision crédibiliste dépend de l'ensemble d'apprentissage, un changement des instances peut entraîner une modification de la morphologie de l'arbre.

Le choix des critères joue aussi un rôle important dans la construction de l'arbre présenté. D'autres critères, comme les angles articulaires du genou et les paramètres mécaniques, sont envisagés pour augmenter la confiance de la classification.

4.4 Discussion générale du méta modèle

Le méta modèle a été développé sous forme d'un système d'aide à la décision. Une nouvelle architecture a été proposée et implémentée avec deux applications cliniques : les anomalies rotationnelles et le pied bot. Une approche de modélisation générique des connaissances permet de comprendre et modéliser les pathologies du système musculosquelettique des membres inférieurs. Une étude préliminaire de la théorie des fonctions de croyance et son application sur la paralysie cérébrale permettent d'ouvrir les nouvelles pistes d'évolution du méta modèle dans le cadre incertain.

L'utilisation de l'ontologie pour formaliser les connaissances du système musculosquelettique des membres inférieurs est l'originalité du méta modèle, sous entendu le système d'aide à la décision. La définition des structures biologiques et leurs relations permet de comprendre sémantiquement les différents chemins de diagnostic comportant les causes de la marche pathologique. Le stockage des connaissances dans le processus de décision est une application de l'ontologie dans notre système.

Concernant notre base de données, la combinaison de plusieurs types de données du patient améliore la certitude de diagnostic. Trois groupes de données ont été définis. Le premier groupe comporte les données morphologiques cliniques du patient. Le deuxième groupe comprend les données mécaniques. Les données temporelles de l'analyse du mouvement sont gérées dans le troisième groupe. Une préparation complète de tous les types de données nécessaires assure la robustesse du processus de diagnostic.

Pour donner une décision médicale (e.g. le diagnostic, la classification, le traitement, etc), les données du patient doivent être interprétées et traitées de telle sorte que les informations utiles cachées soient explorées et appliquées. L'extraction de connaissances à partir des données permet de fouiller dans une grande masse de données du patient les motifs, les modèles de connaissances.

Le mapping des instances (peuplement d'ontologie) de l'OSMMI a été effectué grâce à la méthode de l'arbre de décision. La base de connaissances obtenue est développée en se basant sur les trois applications cliniques, telles que les anomalies rotationnelles, le pied bot, et la paralysie cérébrale (Fig. 4.32). En perspective, ces connaissances peuvent être améliorées par l'ajout d'autres connaissances (e.g. mêmes pathologies ou autres pathologies), une fois remplie, un processus de raisonnement sur ces connaissances sera une application prometteuse en vue de l'utilisation clinique de notre ontologie

Un algorithme de décision a été développé en se basant sur la méthode de raisonnement du chaînage - avant. Cet algorithme permet de prendre une décision médicale à partir des données du patient. Ce processus imite le raisonnement humain (e.g. clinicien ou médecin dans ce cas) pour déduire un diagnostic en se basant sur les causes pathologiques du patient.

Une interface graphique mise à disposition sous forme d'un site Web a été développée afin de faciliter l'interaction entre les experts, les patients, et le système d'aide à la décision. L'accès à distance via le réseau Internet ou Intranet permet d'une part de diffuser et partager les connaissances dans la communauté de recherche. D'autre part, les cliniciens dans le monde entier peuvent utiliser notre système pour diagnostiquer les pathologies cliniques étudiées dans notre système. Plus particulièrement, cette interface permet d'évaluer le diagnostic du pied bot avant et après le traitement avec la prise en considération du développement personnel du patient. Cette caractéristique est une des originalités de notre méta modèle.

Une méthode heuristique de distribution des fonctions de masse dans le cadre de classification

incertaine a été proposée. L'arbre de décision crédibiliste de la paralysie cérébrale a été développé. La classification des nouveaux patients est effectuée avec un certain niveau de confiance. Cette étude préliminaire permet d'ouvrir une piste prometteuse de l'application de la théorie des fonctions de croyance pour les pathologies du système musculosquelettique.

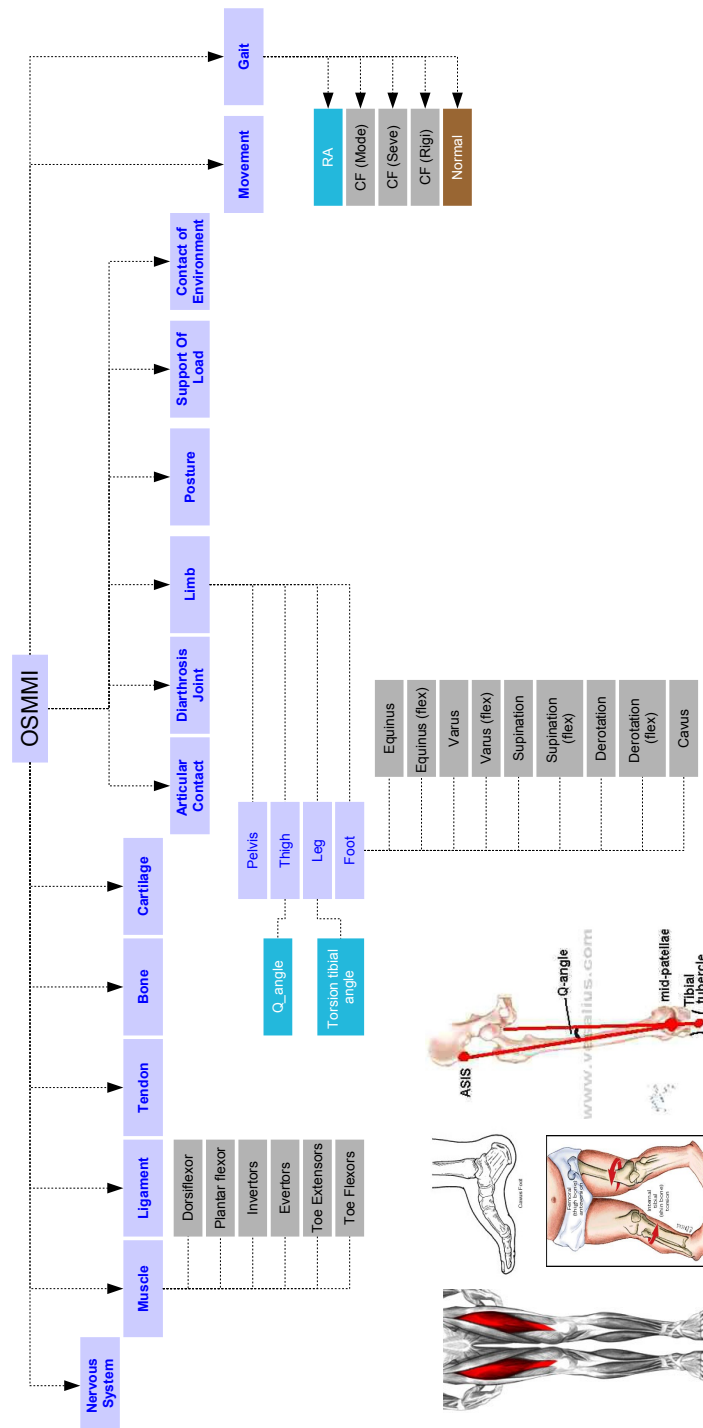


FIGURE 4.32 – Base de connaissances du système d'aide à la décision

Chapitre 5

Synthèse

La confrontation méthodologique de deux approches de modélisation présentées dans le cadre de la thèse est résumée et discutée dans ce chapitre. Une synthèse méthodologique de chaque approche est abordée par la suite. Enfin, une comparaison est faite pour mettre en lumière les points positifs et négatifs de ces deux approches de modélisation. Nous commençons par le résumé du modèle biomécanique, sous entendu l'approche de modélisation géométrique, cinématique et dynamique du système musculosquelettique des membres inférieurs puis le méta modèle.

5.1 Modèle biomécanique

Avant tout, il y a un dilemme à retenir : un modèle paramétré (e.g. modèle standard des logiciels de modélisation (AnyBody, SIMM, LifeMod)) est facile à manipuler avec un jeu réduit de paramètres, donc il y a moins de variabilité des paramètres ; par contre, un modèle hyperréaliste personnalisé demande beaucoup de paramètres, donc il y a plus de sensibilité des paramètres.

Cette approche de modélisation comporte la modélisation géométrique des structures biologiques et la modélisation cinématique et dynamique du mouvement des membres inférieurs. Les points négatifs et positifs de cette approche de modélisation sont présentés ci-dessous respectivement.

Les modèles biomécaniques ont été développés avec des hypothèses simplificatrices. Ces hypothèses ont été faites dans le but de pouvoir quantifier et évaluer le corps humain pendant son mouvement. Elles représentent aussi des limites car elles ne sont pas réalistes et s'éloignent ainsi de la physiologie, par exemple parmi les hypothèses utilisées : H1 (pas de commande, contrôle des muscles) ; H5 (pas de glissement articulaire, mouvements purs)...

De plus, le choix des paramètres concernant les conditions aux limites et de chargement est difficile. Les formulations des lois de comportement sont fournies par les logiciels, sans possibilité de modifications de la nature du logiciel (liées à de nouvelles connaissances par exemple). En effet, la réalité des structures biologiques et leurs relations comportementales dépendent de l'avancement de la technologie. Il y a toujours deux défis à surmonter : comment simuler les structures biologiques complexes et leurs relations ; et comment représenter la réalité de manière précise.

Après les hypothèses effectuées, des mesures expérimentales sont nécessaires comme données d'entrée pour les modèles. Or toutes les mesures expérimentales par nature présentent des erreurs ;

et nous avons constaté leur influence non négligeable sur les simulations (maximum 75% d'erreur sur les résultats de calculs).

Après les simulations, une étape de validation est nécessaire. Or la validation des modèles développés est toujours qualitative. La comparaison qualitative entre les courbes EMG (activité électrique musculaire) et les forces musculaires simulées ou entre des forces de réaction des pieds au sol simulées et expérimentales est toujours réalisée pour étudier la cohérence entre les différentes études. La comparaison entre les différents modèles biomécaniques de la littérature est inintelligible car les études s'effectuent dans différents contextes et avec différentes hypothèses, etc.

Cependant les modèles biomécaniques peuvent être personnalisés pour étudier les sujets pathologiques, afin d'orienter et évaluer le traitement clinique personnalisé. De plus, ils peuvent être évolutifs au fur et à mesure des affinements ou de l'optimisation des paramètres de modélisation. On notera tout de même que l'application clinique des modèles biomécaniques est restreinte. Il y a très peu de modèles développés pour pouvoir évaluer les pathologies du système musculosquelettique des membres inférieurs.

5.2 Méta modèle

Une nouvelle approche de modélisation a été proposée pour modéliser et diagnostiquer les pathologies du système musculosquelettique des membres inférieurs par les techniques statistiques et d'intelligence artificielle. Les points forts et aussi faibles du méta modèle sont présentés ci-dessous.

Le méta modèle n'utilise aucune hypothèse de simplification pour modéliser et comprendre les pathologies du système musculosquelettique des membres inférieurs du corps humain. Par ailleurs, les modèles développés sont des modèles statistiques basés sur toutes les connaissances actuelles et futures. Les connaissances de modélisation sont *illimitées*. Même si les parties manquantes peuvent être intégrées dans le méta modèle, le changement de la structure fonctionnelle du modèle n'est pas négligeable. En effet, les méta modèles peuvent être évolutifs au fur et à mesure des feedbacks et des incréments des paramètres de modélisation.

La simulation est la prédiction statistique des pathologies du système musculosquelettique des membres inférieurs. La modélisation s'effectue sur une population, donc les résultats obtenus sont plus représentatifs. De plus, la généralisation des modèles statistiques permet d'étudier la diversité de la pathologie. La validation des modèles peut être effectuée en testant des cas réels dont les résultats sont connus. La comparaison avec les classifications des pathologies effectuées dans la littérature est intelligible car le résultat de notre méta-modèle peut être pris en compte comme référence.

Les différentes pathologies étudiées montrent la flexibilité du méta modèle. Il n'y a aucune dépendance des structures prédéfinies. La méthodologie est générique et applicable pour toutes les pathologies du système musculosquelettique des membres inférieurs.

Cependant, il existe aussi plusieurs défis à surmonter : comment formuler les expertises médicales (suivi, traitement orthopédique et/ou chirurgical...) et comment construire des algorithmes de prédiction performants et exacts ?

5.3 Modèle biomécanique vs. Méta modèle

Le tableau récapitulatif de la confrontation méthodologique du modèle biomécanique et du méta modèle est présenté dans le Tableau. 5.1.

Modèle biomécanique		Méta modèle	
Hypothèses simplificatrice	-	Pas d'hypothèses simplificatrices	+
Modèle physique et personnalisé	+	Modèle statistique	+
Modèle descriptif	+	Modèle de prédiction	+
Mesures incertaines et imprécises	-	Mesures incertaines et imprécises	-
Choix des paramètres pertinents (expertises du modélisateur)	-	Choix des paramètres pertinents (échantillon et algorithme)	-
Sensibilité des paramètres	-	Sensibilité des paramètres	-
Compromis nombre de paramètres/ temps de simulation	-	Compromis nombre de paramètres/ complexité	-
Temps de développement court (≈ 6 mois)	+	Temps de développement long (≈ 15 mois)	-
Erreurs expérimentales	-	Erreurs expérimentales	-
Résultat moins représentatif (individuel) mais ciblé	+	Résultat plus représentatif (population)	+
Personnalisation	+	Généralisation	+
Évolutif (affinement et optimisation)	+	Évolutif (feedback et incrémentation)	+
Interprétation difficile des résultats	-	Interprétation facile des résultats	+
Validation qualitative expérimentale	+	Validation sur des cas réels	+
Comparaison inintelligible	-	Comparaison intelligible	+
Peu d'applications cliniques	-	Application clinique prometteuse	+
Limites de connaissances	-	Connaissances incrémentatives	+
Dépend du logiciel (hypothèses liées)	-	Pas de contrainte logicielle	+
Limites de technologies	-	Limites de données représentatives et d'algorithmes efficaces	-
Défis à surmonter (réalité des structures biologiques, lois de comportement)	-	Défis à surmonter (mesures cliniques représentatives, algorithme performant)	-

TABLE 5.1 – Tableau récapitulatif de la confrontation méthodologique du modèle biomécanique et méta modèle.

En général, chaque approche de modélisation présentée a des points forts et aussi des points faibles.

Le point culminant du modèle biomécanique est la personnalisation des modèles développés. Cette possibilité nous permet de proposer des diagnostics ou traitements personnalisés et adaptés à chaque patient. Pourtant, à l'heure actuelle, il y a très peu de modèles personnalisés développés à cause des limites (de connaissance, temps de calcul etc.). En plus, l'application clinique de ces modèles est encore en cours de démocratisation. Par contre, le point le plus limitatif de cette approche est le développement de modèles biomécaniques avec les hypothèses simplificatrices nécessaires. Malgré le choix rigoureux des hypothèses, nous constatons que plus les hypothèses sont faites, moins les modèles développés sont réalistes.

D'un autre côté, le point marquant du méta modèle par rapport au modèle biomécanique

est la possibilité de modélisation des pathologies du système musculosquelettique des membres inférieurs sans hypothèse simplificatrice. Même si les modèles développés sont statistiques, ils sont capables de donner une décision médicale (une prédiction) à partir des données du patient. Le croisement de plusieurs domaines de recherche comme la fouille de données, l'intelligence artificielle, etc. nous permet de développer des modèles de prédiction. Inversement, la limite importante de cette approche est la dépendance forte des connaissances du domaine. La construction des modèles se base sur un grand nombre de sujets pathologiques requis pour déduire statistiquement les caractéristiques pertinentes de la pathologie. Par conséquent, l'application clinique n'est possible que pour les connaissances bien connues et acceptées.

Chapitre 6

Conclusions générales et perspectives

Il est rappelé que l'intérêt de la modélisation biomécanique est de comprendre et d'évaluer le fonctionnement du corps humain.

Deux approches de modélisation ont été analysées et comparées. D'une part, le modèle biomécanique, qui comporte les modélisations géométrique, cinématique et dynamique, du système musculosquelettique des membres inférieurs a été développé. Dans un premier temps, une étude de sensibilité des paramètres anthropométriques et géométriques des os et muscles a été effectuée sur un modèle musculosquelettique. Ce modèle a été utilisé par la suite pour comparer les forces musculaires des membres inférieurs. Dans un deuxième temps, une méthodologie de modélisation personnalisée a été proposée et étudiée. Comme exemple d'application clinique, deux modèles personnalisés (normal et pathologique) ont été développés afin d'appréhender l'intérêt et les limitations d'une modélisation personnalisée pour évaluer et concevoir des orthèses personnalisées. D'autre part, le méta modèle, qui est le croisement des techniques statistiques avec celles de l'intelligence artificielle a été développé. Un système d'aide à la décision a été réalisé afin d'évaluer et orienter du traitement des pathologies du système musculosquelettique des membres inférieurs telles que les anomalies rotationnelles, le pied bot. Une étude préliminaire de la théorie des fonctions de croyance a été effectuée sur la paralysie cérébrale pour ouvrir les nouvelles pistes de développement du méta-modèle dans le cadre incertain et imprécis.

Une fois développé, le modèle biomécanique personnalisé permet d'objectiver et de mieux cibler les traitements cliniques (e.g. la rééducation fonctionnelle, la chirurgie). Concernant le méta modèle, l'évaluation des pathologies est effectuée avec la prise en considération de l'évolution de la pathologie du patient (e.g. avant et après le traitement clinique).

6.1 Modèle biomécanique

Premièrement, un benchmark comparatif des logiciels de modélisation biomécanique a été réalisé afin de sélectionner le logiciel le plus approprié à nos objectifs. Le choix s'est porté sur le logiciel LifeMod. Les hypothèses de modélisation liées au logiciel LifeMod ont été effectuées dans le but de simplifier la physiologie réelle du corps humain pour pouvoir quantifier et évaluer son mouvement. Même si les hypothèses ont été soigneusement choisies, nous constatons que plus les hypothèses sont nombreuses faites, moins les modèles sont réels.

Deuxièmement, la méthodologie de modélisation personnalisée a été présentée, une série

CHAPITRE 6. CONCLUSIONS GÉNÉRALES ET PERSPECTIVES

d'étapes nécessaires a été précisée pour arriver à simuler le modèle physique. La modélisation géométrique personnalisée par la technique d'imagerie médicale CT Scan permet de visualiser réellement le système osseux des sujets étudiés. Grâce à cette technique, les propriétés inertielles des segments corporels ont été personnalisées. La longueur des muscles a été aussi adaptée à la morphologie des sujets étudiés.

Troisièmement, l'étude de sensibilité des paramètres de modélisations sur le modèle musculo-squelettique a été réalisée pour évaluer les résultats cinématiques et cinétiques calculés. Il y a plusieurs types de paramètres qui ont été pris en compte dans la simulation comme les données inertielles, les données musculaires, les données articulaires, les lois de comportement, etc. Cette étude de sensibilité se concentre seulement sur les paramètres anthropométriques et géométriques des os et muscles. Les résultats obtenus dans cette étude permettent de mettre l'accent sur l'influence des données de la littérature, comme les données inertielles et les aires transversales musculaires, utilisées dans la simulation cinématique et dynamique. Notons également que notre étude (i.e. sensibilité sur la dynamique **inverse et directe**) est complémentaire aux autres études de sensibilité de la littérature (i.e. sensibilité sur la dynamique inverse).

En plus, une comparaison quantitative des forces musculaires calculées à partir des études expérimentales et des analyses dynamiques inverses a été réalisée. Une variation importante des ordres de grandeur des forces musculaires a été constatée. D'où l'importance de personnaliser les propriétés mécaniques des muscles et d'améliorer les modèles rhéologiques musculaires afin de calculer les forces musculaires.

Ainsi, une personnalisation des paramètres de modélisation permettra de simuler les anomalies du système musculo-squelettique afin de prédire à long terme les conséquences des orthèses/prothèses sur les paramètres biomécaniques des membres inférieurs. Deux modèles personnalisés (normal et Polio) ont été développés afin de simuler les effets de l'orthèse du membre inférieur d'un cas pathologique. Les modèles développés suggèrent aussi l'intérêt d'améliorer les modèles de contact et de muscle pour simuler la physiologie pathologique des structures biologiques des sujets étudiés dans le cadre clinique.

L'étude concernant l'impact des erreurs expérimentales (cinématiques et géométriques) suggère une interprétation prudente des résultats de modélisations.

Le développement et/ou l'intégration des nouvelles lois de comportement de l'interaction entre les structures biologiques et l'environnement sont aussi des perspectives prometteuses du modèle biomécanique. Premièrement, grâce à la technique EMG, les modèles de comportement mécanique des muscles s'améliorent de plus en plus. L'intégration des nouveaux modèles mathématiques de la force musculaire va évidemment améliorer les résultats de simulation. Deuxièmement, l'importation des données expérimentales de la force de réaction va affiner le contact du pied au sol. De plus, en utilisant la technique IRM, la personnalisation des propriétés géométriques des segments corporels sera rigoureusement effectuée par la segmentation et la reconstruction 3D de chaque muscle. De ce fait, les erreurs des coupes anatomiques pourront être améliorées et plus approchées de la physiologie réelle des sujets étudiés.

Concernant la méthodologie de modélisation, nous proposons une nouvelle méthodologie de modélisation (Fig. 6.1) pour développer les modèles biomécaniques personnalisés du système musculosquelettique des membres inférieurs.

Le point essentiel de cette nouvelle méthodologie se trouve dans l'intégration d'un processus d'optimisation pour minimiser les erreurs entre les résultats de simulation et les données expérimentales. Ainsi, grâce à ce processus d'optimisation, la certitude des modèles développés sera

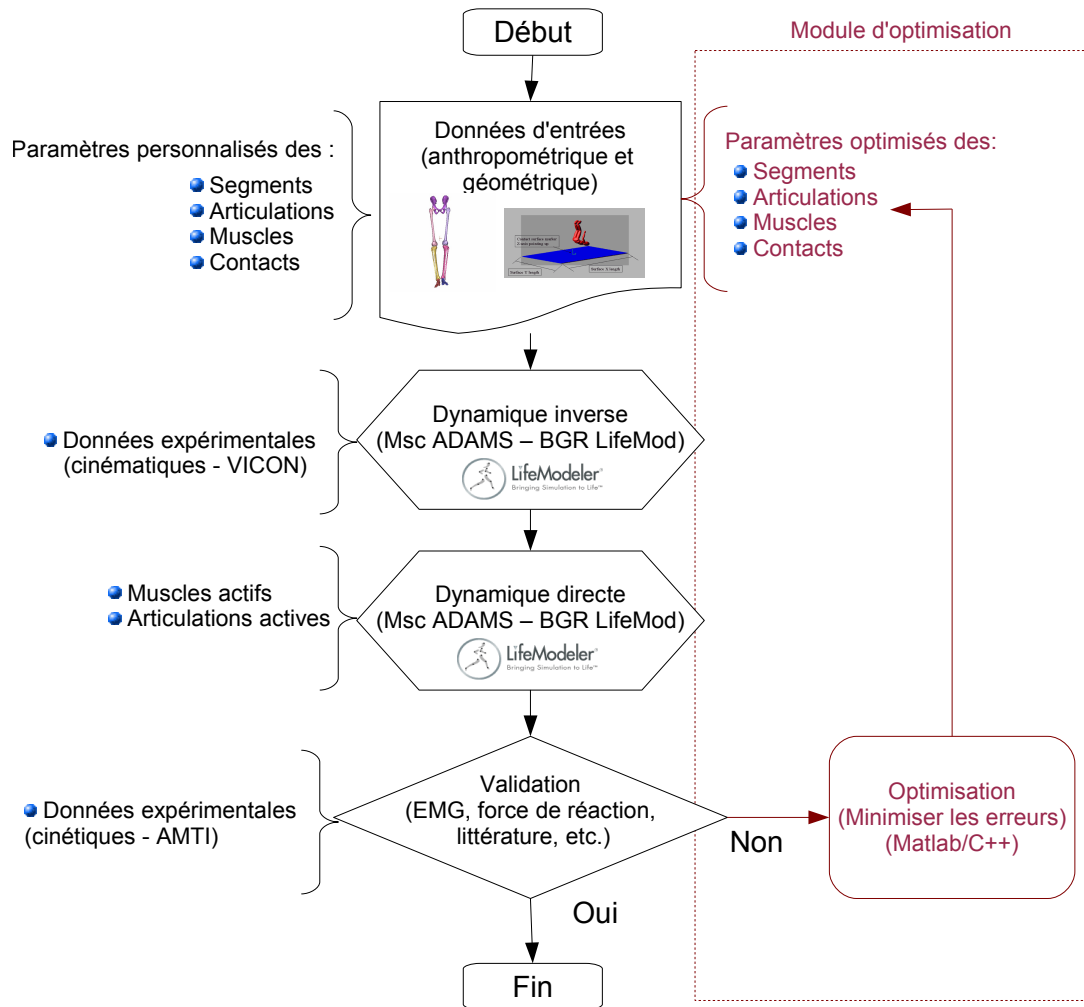


FIGURE 6.1 – Scénario de développement de la nouvelle approche de modélisation du modèle biomécanique : ajout d'un module d'optimisation.

améliorée.

6.2 Méta Modèle

Le croisement de plusieurs méthodes de l'ingénierie de connaissances comme l'ontologie, l'arbre de décision, et la méthode de raisonnement chaînage-avant de l'intelligence artificielle nous permet de proposer une nouvelle approche de modélisation pour résoudre un problème biomécanique. Notre système d'aide à la décision permet de prédire les pathologies du système musculosquelettique des membres inférieurs. L'architecture proposée est générique afin d'être appliquée à n'importe quelle pathologie du système musculosquelettique des membres inférieurs. La flexibilité et l'extensibilité sont des critères importants dans le développement des modèles. Aucune hypothèse de modélisation n'a été faite pour simplifier la simulation.

Avant tout, notre OSMMI ontologie est la première ontologie en biomécanique. Elle a été dé-

CHAPITRE 6. CONCLUSIONS GÉNÉRALES ET PERSPECTIVES

veloppée dans le but de formaliser les connaissances du système musculosquelettique des membres inférieurs. De plus, notre ontologie est extensible, donc les membres supérieurs ou les systèmes nerveux du corps humain peuvent être intégrés.

Quant à la base de données développée, une préparation de tous les types de données nécessaires à un examen clinique complète du patient a été réalisée. Malgré les limites actuelles des paramètres à considérer dans les deux premières applications cliniques, notre système fournit toujours des solutions disponibles pour les nouvelles applications cliniques.

Une étude des différentes méthodes de fouille de données a été également effectuée pour choisir celle qui est la plus appropriée aux applications cliniques de notre système. En particulier, l'arbre de décision donne des résultats performants et surtout une interprétation facile des résultats obtenus, ce qui facilite ensuite l'interaction entre les experts concernés.

Au sujet des applications cliniques étudiées, tout d'abord, les anomalies rotationnelles ont été appliquées afin d'étudier la faisabilité et l'efficacité de notre approche. Ensuite, l'application du pied bot dans un contexte clinique réel montre que notre approche est applicable pour diagnostiquer et traiter les pieds bots.

Sur le plan technique, notre système fonctionne comme un site Web dynamique. De ce fait, les utilisateurs dans le monde entier peuvent accéder à notre système avec une certaine permission via le réseau de l'Internet. Ainsi, les connaissances seront partagées sans limites des frontières.

En ce qui concerne la version actuelle de notre système, le processus de diagnostic est déterministe. La probabilité des solutions générées n'est pas prise en compte dans l'état actuel du système.

Une étude préliminaire de la théorie des fonctions de croyance a été effectuée dans le but de faire évoluer notre système d'aide à la décision. L'application clinique étudiée est la paralysie cérébrale. Les résultats obtenus ont montré une nouvelle piste d'évolution pour les versions suivantes de notre système dans le cadre du diagnostic incertain.

En perspectives, le premier travail est d'appliquer notre système à une pathologie avec la prise en compte de données de tous les types possibles. La pathologie de la paralysie cérébrale est envisagée.

La probabilité (ou la croyance) des solutions sera appliquée sur les diagnostics et les traitements des pathologies. Un nouveau scénario de fonctionnement de notre système (Fig. 6.2) a été envisagé pour les futures applications.

Dans ce nouveau scénario, chaque décision correspond à une probabilité (ou une croyance). Une étape de vérification est réalisée pour vérifier si les données entrées du patient sont suffisantes ou non. Si les données sont suffisantes, le diagnostic est adressé. Seul le diagnostic avec la probabilité (ou la croyance) la plus grande est choisi par l'expert. Après avoir donné le diagnostic, le traitement (la chirurgie ou la réhabilitation), et le suivi sont générés. Si les données ne sont pas suffisantes, l'utilisateur (e.g. clinicien, kiné, médecin) est invité à ajouter les données additionnelles (faire les tests cliniques complémentaires) pour arriver à faire sortir un diagnostic. Enfin, le retour d'expérience via les cliniciens est géré pour améliorer la qualité opérationnelle du SysADO.

De plus, la fusion de plusieurs sources de données du patient sera aussi une piste d'évolution prometteuse dans les versions suivantes de notre système. Par exemple la fusion des données par les fonctions de croyance [50], [51], [109], [53] nous permet de définir un formalisme général afin de représenter et combiner les différents types de données du patient.

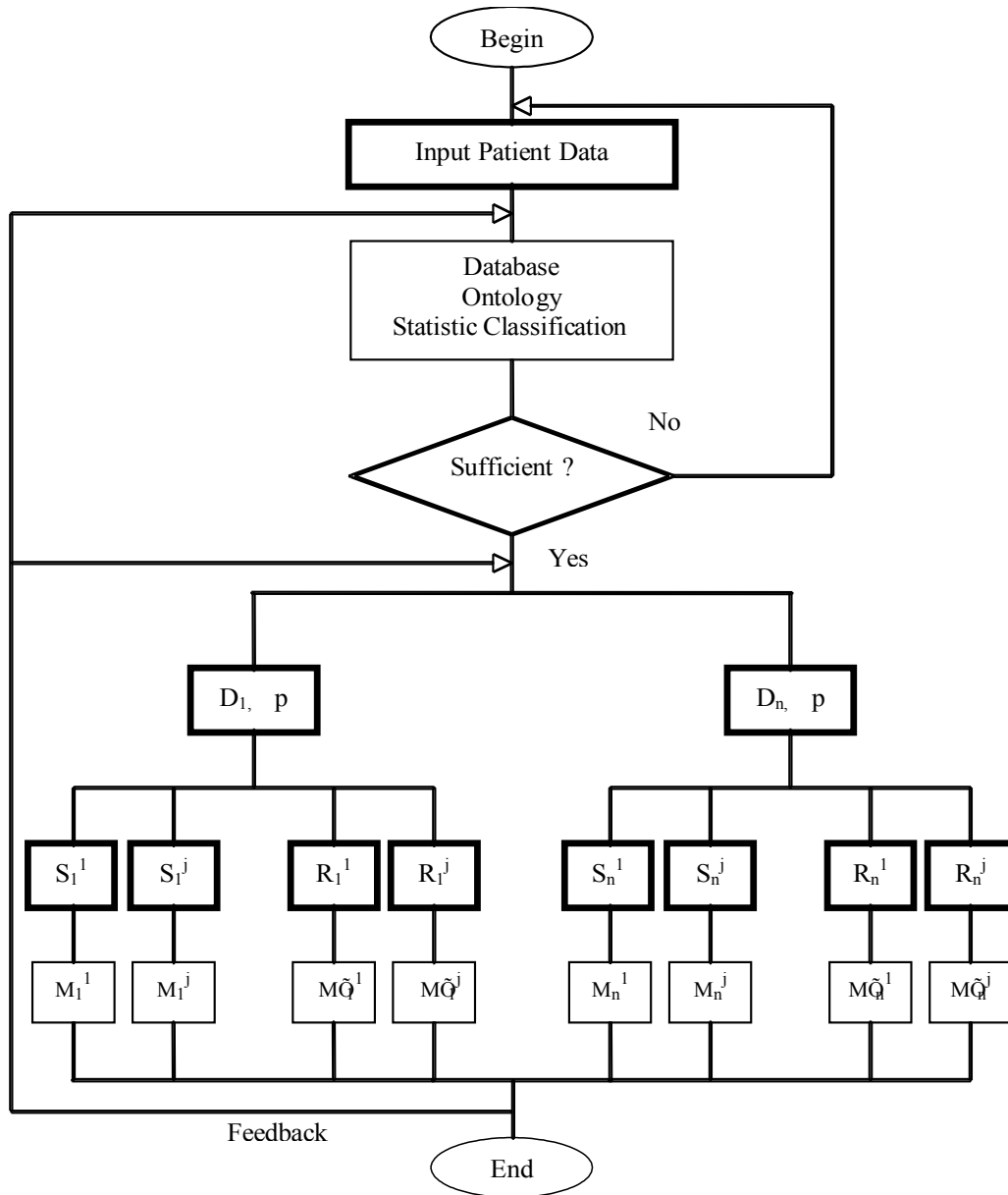


FIGURE 6.2 – Nouveau scénario de fonctionnement de notre système ($D_i, S_i R_i$: Diagnosis , Surgery, Rehabilitation numéro i, M_i or MQ_i : Monitoring numéro i). Les boîtes enfoncées illustrent le lien où les experts interviennent avec le SysADO.

Finalement, la confrontation méthodologique de deux approches de modélisation appliquées a été réalisée dans le but de mettre en lumière les points forts et aussi faibles de chaque approche. L'étape suivante sera d'utiliser une application clinique commune pour approfondir la confrontation et aussi pour trouver la combinaison possible de ces deux approches de modélisation.

Annexe A

Techniques d'imagerie médicale

Pour développer le modèle géométrique personnalisé en 3D des membres inférieurs du corps humain, il y a deux techniques qui ont été largement utilisées : l'IRM et le CT Scanner. Le principe de reconstruction est le même pour ces deux modalités : à partir des séquences d'image, la segmentation (manuelle, semi-automatique, automatique) a été appliquée sur chaque image et les contours générés permettent à reconstruire le modèle personnalisé en 3D *in vivo*.

Imagerie par Résonance Magnétique - IRM

L'imagerie par résonance magnétique est une technique d'imagerie médicale d'apparition récente (début des années 1980) permettant d'avoir une vue 2D ou 3D d'une partie du corps humain, notamment du cerveau. Elle est une technique non invasive, d'une totale inocuité, basée sur le principe de la résonance des atomes de certaines molécules (e.g. en imagerie diagnostique : l'hydrogène) sous l'action de certaines ondes de radio-fréquences.



FIGURE A.1 – La machine d'IRM (©Siemens MRI)

L'IRM permet de visualiser tous les organes en particulier les tissus mous (par opposition aux os) (Fig.A.2), d'analyser leur structure, de rechercher des malformations, une inflammation, etc.

ANNEXE A. TECHNIQUES D'IMAGERIE MÉDICALE

Elle permet d'obtenir des séries de coupes d'organes verticales ou horizontales. Il est possible d'injecter un produit de contraste, ce n'est pas un produit iodé, il n'y a donc pas de risque d'allergie à ce produit. Grâce au produit de contraste, les organes sont mieux visualisés. Des descriptions plus détaillées de cette technique seront trouvées dans [107], [79].



FIGURE A.2 – Illustration d'une coupe d'IRM de la cuisse (©www.info-radiologie.ch)

Tomodensitométrie - TDM

La tomodensitométrie dite aussi tomographie axiale calculée par ordinateur, CT-scan ou simplement scanner, est une technique d'imagerie médicale qui consiste à effectuer une reconstruction 3D des tissus à partir d'une analyse tomographique obtenue en soumettant le sujet au balayage d'un faisceau de rayons X.



FIGURE A.3 – La machine de CT Scan (©Philips Brilliance CT)

ANNEXE A. TECHNIQUES D'IMAGERIE MÉDICALE

Le scanner utilise la propriété des rayons X d'être absorbés de façon différente suivant ce qu'ils traversent pour mesurer des densités dans une tranche du corps (coupe axiale ou transverse) [162]. Le sujet est placé sur une table qui se déplace dans le sens longitudinal à l'intérieur d'un court anneau contenant un tube à rayons X qui génère un faisceau d'une épaisseur de 1 à 10 mm qui va tourner autour du patient en 0.5 à 1 sec. En face du tube sont disposés des milliers de détecteurs qui vont mesurer l'intensité résiduelle du faisceau qui a traversé le corps.

Jusqu'au début des années 1990, les scanners se réalisaient coupe par coupe, la position de chaque coupe étant déterminée par l'avancement séquentiel de la table. La majorité des scanners modernes travaillent maintenant en mode hélicoïdal spiralé (Fig.A.4), permettant d'effectuer un examen beaucoup plus rapidement : au lieu de retenir la respiration à chaque coupe, toute la région d'intérêt est scannée en moins de 30 secondes au cours d'une seule apnée. Dans ce mode, la table se déplace en continu et le couple tube-détecteurs tourne sans interruption. Les données ainsi obtenues doivent être soumises à des opérations de calcul supplémentaires (interpolations) pour reconstruire une coupe à 360 degrés sur un emplacement déterminé du corps. Le mode hélicoïdal permet d'obtenir des images beaucoup plus précises qui ne sont plus influencées par la respiration. On peut aussi reconstruire les données obtenues dans d'autres plans de l'espace, ou même reconstruire une image de surface ou de volume de l'organe scanné.

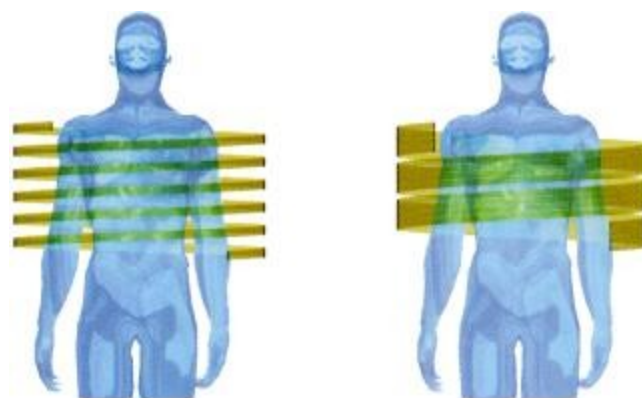


FIGURE A.4 – CT spiralé monocoupe (à gauche) et multicoupes (à droite) [24]

Cette technique permet de visualiser les organes humains, particulièrement les tissus durs (osseux) [155].

Annexe B

Paramètres mécaniques des segments corporels et des muscles issus de la littérature

Méthodes de calcul des paramètres mécaniques des segments corporels

Méthodes de Dempster et Zatsiorsky

Historiquement, les données cadavériques ont été utilisées pour construire les tables anthropométriques moyennes. Dès les années 50, à partir de la découpe de cadavres, les valeurs moyennes de masses et d'inertie ont été calculées par Dempster (1955). Ensuite, ces données ont été largement diffusées grâce à Winter (1990). Plus récemment, les tables anthropométriques les plus connues sont celles issues des travaux de Zatsiorsky (1990) [102].

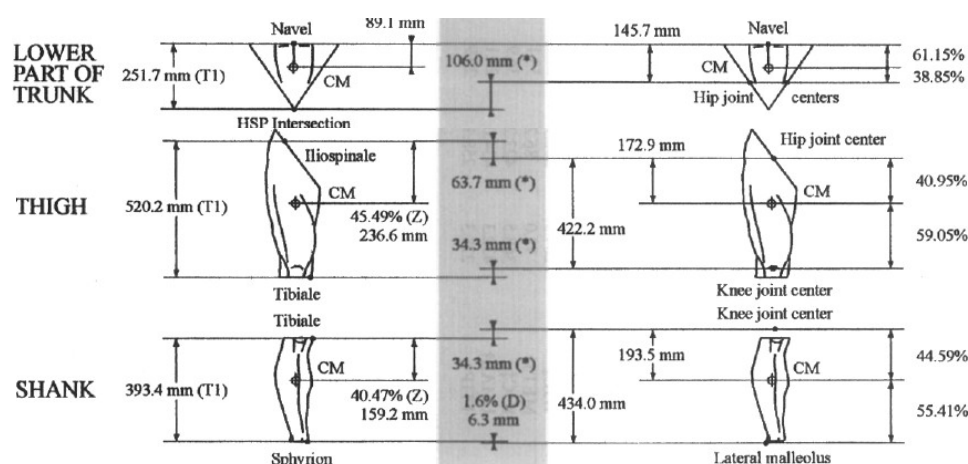


FIGURE B.1 – Positions du centre de masse (CM) des membres inférieurs selon les données de Zatsiorsky, 1990

ANNEXE B. PARAMÈTRES MÉCANIQUES DES SEGMENTS CORPORELS ET DES MUSCLES ISSUS DE LA LITTÉRATURE

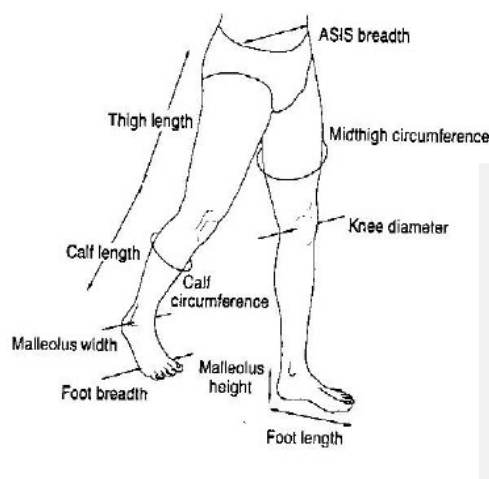
Il donne la masse relative des segments et les rapports entre l'emplacement du centre de gravité et la longueur du segment (Tab. B.1).

Auteurs	Pelvis	Cuisse	Jambe	Pied
Données de Dempster	0.142	0.1	0.0465	0.0145
Données de Zatsiorsky	0.1117	0.1417	0.0433	0.0137

TABLE B.1 – Données anthropométriques de la masse des segments corporels des membres inférieurs (ratio par rapport à la masse totale du corps) [60]

Méthodes de la particularisation des données anthropométriques

Une étude plus sophistiquée pour personnaliser les paramètres mécaniques des segments corporels est de déterminer les équations de régression linéaire ou non linéaire calculant la masse ou le moment d'inertie à partir de la masse totale du corps et de sa taille. Concernant les membres inférieurs, les équations de Saiwei Yang peuvent être citées (Fig.C.1).



$$\begin{aligned}
 \text{Mass of thigh} &= (0.1032)(\text{Total body mass}) \\
 &\quad + (12.76)(\text{Thigh length})(\text{Midthigh circumference})^2 \\
 &\quad + (-1.023) \\
 \text{Mass of calf} &= (0.0226)(\text{Total body mass}) \\
 &\quad + (31.33)(\text{Calf length})(\text{Calf circumference})^2 \\
 &\quad + (0.016) \\
 \text{Mass of foot} &= (0.0083)(\text{Total body mass}) \\
 &\quad + (245.5)(\text{Malleolus width})(\text{Malleolus height}) \\
 &\quad (\text{Foot length}) + (-0.065)
 \end{aligned}$$

FIGURE B.2 – Formulations de régression linéaires de Saiwei Yang

Les données anthropométriques de deux sujets sont illustrées dans les tableaux Tab.B.2, Tab.B.3 .

Paramètres mécaniques des muscles

Les données des pCSAs (l'aire axiale des muscles) utilisées sont issues de la littérature. Les données de Schumacher, Foidart-Dessalle, et Horsman sont illustrées dans le tableau (Tab.B.4).

ANNEXE B. PARAMÈTRES MÉCANIQUES DES SEGMENTS CORPORELS ET DES
MUSCLES ISSUS DE LA LITTÉRATURE

Grandeur	Sujet sain (cm)	Sujet pathologique (Polio) (cm)
Longueur du pelvis	15	14.5
Circonférence du pelvis	76	87.5
Longueur de la cuisse gauche	32	35.5
Circonférence de la cuisse gauche	51	30
Longueur de la cuisse droite	32	37
Circonférence de la cuisse droite	51	43.5
Longueur de la jambe gauche	40	35
Circonférence de la jambe gauche	33.5	22.5
Longueur de la jambe droite	40	34.5
Circonférence de la jambe droite	33.5	40
Largeur malléolaire du pied gauche	7	6
Hauteur malléolaire du pied gauche	8.5	7
Longueur du pied gauche	24	21
Largeur malléolaire du pied gauche	7	7.5
Hauteur malléolaire du pied gauche	8.5	7.5
Longueur du pied gauche	24	26

TABLE B.2 – Mesures anthropométriques des sujets étudiés

Méthode	Sujet	Masse totale	Pelvis	Cuisse gauche (droite)	Jambe gauche (droite)	Pied gauche (droite)
Saiwei Yang	Sain	65		6.75 (6.75)	2.89 (2.89)	0.84 (0.84)
Saiwei Yang	Pathologique	68		6.4 (6.89)	2.1 (3.28)	0.72 (0.96)

TABLE B.3 – Masses des segments corporels des membres inférieurs (en kg)

Muscle	Schumacher (cm^2)	Foidart-Dessalle (cm^2)	Horsman (cm^2)
Biceps femoris	9.9	15.8	19.6
Semitendinosus	2.4	4.4	14.7
Soleus	30.2	58	94.3
Gastronemius	15.6	30	43.8
Tibialis antérieur	5.2	9.1	26.6
Rectus femoris	8.5	12.5	28.9
Vastus lateralis	17.5	30	34.7
Vastus medialis	11.9	26	19.1
Gluteus medius antérieur	5.5	-	37.9
Gluteus medius postérieur	4.3	-	60.8

TABLE B.4 – Données géométriques (pCSA) des muscles extraites de la littérature

Annexe C

Test de validation des calculs de moments d'inertie

Le calcul des paramètres mécaniques des segments corporels, y compris les moments d'inertie, est basé sur l'imagerie médicale, particulièrement le CT Scanner. Le test de validation du modèle de calcul a été réalisé en premier temps avec une plaque, dont les paramètres concernés (géométrie, densité, taille, etc.) sont bien connus.

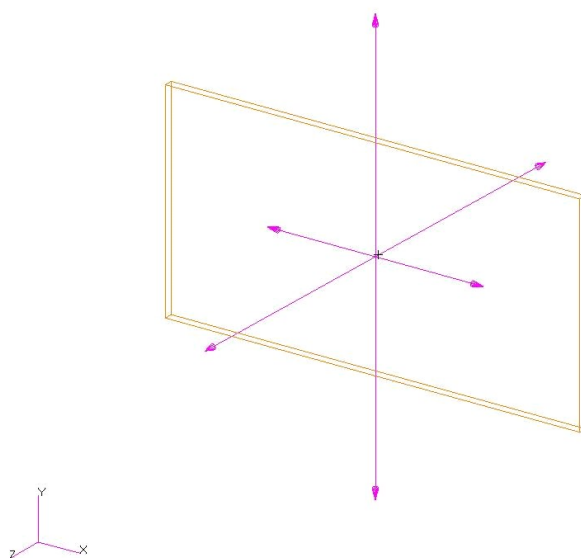


FIGURE C.1 – Modèle de test

Le logiciel 3D Slicer¹ a été utilisé pour segmenter et reconstruire le modèle géométrique 3D en se basant sur les images CT Scanner. La bibliothèque ITK/VTK² a été utilisée pour calculer les paramètres mécaniques des segments corporels.

Les paramètres utilisés pour calculer les moments d'inertie de la plaque sont illustrés dans le

1. www.slicer.org

2. www.vtk.org

ANNEXE C. TEST DE VALIDATION DES CALCULS DE MOMENTS D'INERTIE

Tab. C.1. Le test de validation a été réalisé en comparant les moments d'inertie obtenus avec ceux calculés théoriquement et ceux calculés dans le logiciel PATRAN³. Les résultats sont rapportés dans le Tab. C.2.

dx	dy	dz	dV	rho (kg / mm ³)
1	1	1	1	1
1	2	1	2	1
2	1	1	2	1
1	1	2	2	1

TABLE C.1 – Paramètres utilisés pour calculer les moments d'inertie de la plaque

Méthode	Ixx (mm ⁵)	Iyy (mm ⁵)	Izz (mm ⁵)
Théorie	13460256	53771040	67184640
PATRAN	13553577	53864356	67184656
VTK/ITK	13455072	53772767,71	67186367,7

TABLE C.2 – Moments d'inertie calculés selon différentes méthodes.

Une différence maximale de 0.7 % a été révélée (Tab. C.3) entre les méthodes testées, ce qui exprime la certitude du modèle de calcul des moments d'inertie.

Méthode	Ixx (kg mm ²)	Iyy (kg mm ²)	Izz (kg mm ²)
VTK/ITK vs. Théorie	0,038	0,003	0,003
VTK/ITK vs. PATRAN	0,73	0,17	0,003

TABLE C.3 – Rapport d'erreur entre les méthodes testées (en %)

3. www.mscsoftware.com

Bibliographie

- [1] Abidi, S.R., Abidi, S.S., Hussain, S., Shepherd, M., *Ontology-based modeling of clinical practice guidelines : a clinical decision support system for breast cancer follow-up interventions at primary care settings*, Stud Health Technol Inform, 2007, 129 :845-9.
- [2] Aerts, P., Ker, R.F., De Clercq, D., Ilesley, D.W., Alexander, R.M. *The Mechanical Properties of the Human Heel Pad : A Paradox Re-solved*, Journal of Biomechanics. 1995, Vol. 28, p.1299-1308.
- [3] Anderson, F.C., Pandy, M.G., *Individual muscle contributions to support in normal walking*, Gait and Posture, 2003, 17,159 :169.
- [4] Arnold, A.S., Asakawa, D.J., Delp, S.L., *Do the hamstrings and adductors contribute to excessive internal rotation of the hip in persons with cerebral palsy ?*, Gait and Posture, 2000, 11, 181 :190.
- [5] Arnold, A.S., Blemker, S.S., Delp, S.L., *Evaluation of a deformable musculoskeletal model : application to planning muscle-tendon surgeries for crouch gait*, Annals of Biomedical Engineering 29, 2001, pp. 1-11.
- [6] Arnold, A.S., Delp, S.L., *Rotational moment arms of the medial hamstrings and adductors vary with femoral geometry and limb position : implications for treatment of internally-rotated gait*, Journal of Biomechanics 34, 2001, pp. 437-447.
- [7] Arnold, A.S., Delp, S.L., *Computer modeling of gait abnormalities in cerebral palsy : application to treatment planning*, Theoretical Issues in Ergonomics Science, Vol 6, No. 3-4, May-August 2005, 305-312.
- [8] Arnold, A.S., Salinas, S., Asakawa, D.J., Delp, S.L., *Accuracy of muscle moment arms estimated from MRI-Based musculo-skeletal models of the lower extremity*, Computer Aided Surgery, 2000, page 108-119.
- [9] Arnold, A.S., Liu, M.Q., Schwartz, M.H., Ounpuu, S., Dias, L.S., Delp, S.L., *Do the hamstrings operate at increased muscle-tendon lengths and velocities after surgical lengthening ?*, Journal of Biomechanics vol 39, 2006, pp 1498-1506.
- [10] Arnold, A.S., Liu, M.Q., Schwartz, M.H., Ounpuu, S., Delp, S.L., *The role of estimating muscle-tendon lengths and velocities of the hamstrings in the evaluation and treatment of crouch gait*, Gait and Posture, vol 23, 2006, pp 273-281.
- [11] Arnold, A.S., Thelen, D.G., Schwarts, M.H., Anderson, F.C., Delp, S.L., *Muscular coordination of knee motion during the terminal-swing phase of normal gait*, Computer Aided Surgery, 2007, page 108-119.
- [12] Bei, Y., Fregly, B.J., *Multibody dynamic solution of knee contact mechanics*, Med. Eng. Phys. 2004, 26(9),777-89.

- [13] Bennett, M.B., Ker, R.F., *The Mechanical Properties of the Human Subcalcaneal Fat Pad in Compression*, Journal of Anatomy, 1990, 131-138.
- [14] Bensahel, H., Dimeglio, A., Souchet, P., *Final evaluation of clubfoot*, J Pediatr Orthop B, 1995, 4(2) :137-41.
- [15] Bensahel, H., Kuo, K., Duhaime, M., the International ClubFoot Study Group, *Outcome evaluation of the treatment of clubfoot : the international language of clubfoot*, J Pediatr Orthop B, 2003, 12 :269-71.
- [16] Bernstam, E.V., Smith, J.W., Johnson, T.R., *What is biomedical informatics ?*, Journal of Biomedical Informatics, 2009, in press.
- [17] Bitsakos, C., Kerner, J., Fisher, I., Amis, A.A., *The effect of muscle loading on the simulation of bone remodelling in the proximal femur*, Journal of Biomechanics 38, 2005, 133-139.
- [18] Bishop, C., *Neural networks for pattern recognition*, London :Oxford Univ. Press, 1995.
- [19] Bonnefoy, A., Doriot, N., Senk, M., Dohin, B., Pradon, D., Chèze, L., *A non-invasive protocol to determine the personalized moment arms of knee and ankle muscle*, Journal of Biomechanics, Volume 40, Issue 8, 2007, pp. 1776-1785.
- [20] Botti, G., Fieschi, M., Fieschi, D., Joubert, M., *An expert system for computer-aided decision in diabetes therapeutic*, Path. Biol., 1985, Vol. 2, 101-106.
- [21] Brand, R., Pedersen, D., Davy, D., Kotzar, G., Heiple, K., Goldberg, V., *Comparison of hip force calculations and measurements in the same patient*, Journal of Arthroplasty 9 (1), 1994, 45-51.
- [22] Buhmann, M.D., Ablowitz, M.J., *Radial Basis Functions : Theory and Implementations*, Cambridge University Press, 2003.
- [23] Burges, C.J.C., *A Tutorial on Support Vector Machines for Pattern Recognition*, Data Mining and Knowledge Discovery, 1998, 2, 121-167.
- [24] Cablecom, *Portail suisse de radiologie*, [http ://homepage.hispeed.ch/piben/radiologie/CT.html](http://homepage.hispeed.ch/piben/radiologie/CT.html). [Last accessed : Septembre, 2008].
- [25] Cahuzac, J.P., Hobatho, M.C., Baunin, C., Boulot, J., Darmana, R., Autefage, A., *Classification of 125 Children with Rotational Abnormalities*, Journal of Pediatric Orthopaedics, 1992, Part B, 1 :59-66.
- [26] Cappozzo, A., Croce, U.D., Leardini, A., Chiari, L., *Human movement analysis using stereophotogrammetry : Part 1 : theoretical background*, Gait & Posture, Volume 21, Issue 2, February 2005, Pages 186-196.
- [27] Carter, B., *Open eOrthopod*, [http ://www.eorthopod.com/public/index.php](http://www.eorthopod.com/public/index.php) [Last accessed : Septembre, 2008].
- [28] Cimino, J.J., *From data to knowledge through concept-oriented terminologies : experience with the Medical Entities Dictionary*, J Am Med Inform Assoc, 2000, 288-297.
- [29] Chandler, R.F., Clauser, C.E., McConville, J.T., Reynolds, H.M., Young, J.W., *Investigation of inertial properties of the human body*, Aerospace Medical Research Laboratory, Wright-Patterson Air Force Base, Dayton, OH, Tech.Rep. AMRL, 1975, 74-137.
- [30] Chang, M.K., Yang, S.W., Jan, Y.K., *Gait Analysis of Chinese BK Amputees*, Journal of Medical and Biological Engineering, 1995, vol.15, No4, pp315-328.
- [31] Charlet, J., Bachimont, B., Brunie, V., el Kassas, S., Zweigenbaum, P., Boisvieux, J.F., *Hospitexte : towards a document-based hypertextual electronic medical record*, Proc AMIA Symp, 1998, 713-7.

- [32] Charlet, J., Bachimont, B., Jaulent, M.C., *Building medical ontologies by terminology extraction from texts : an experiment for the intensive care units*, Comput Biol Med, 2006, Jul-Aug 36(7–8) :857–70.
- [33] Cheng C.K., Chen, H.H., Chen, C.S., Lee, C.L., Chen, C.Y., *Segment inertial properties of Chinese adults determined from magnetic resonance imaging*, Clinical Biomechanics 15, 2000, 559-566
- [34] Chèze, L., *Analyse du mouvement*, Cours de Master, Lyon, 2006.
- [35] Chèze, L., Fregly, B.J., Dimnet, J., *A solidification procedure to facilitate kinematic analyses based on video system data*, Journal of Biomechanics, Volume 28, 1995, pp.879-884.
- [36] Chiari, L., Croce, UD., Leardini, A., Cappozzo, A., *Human movement analysis using stereophotogrammetry : Part 2 : Instrumental errors*, Gait & Posture, Volume 21, Issue 2, February 2005, Pages 197-211.
- [37] Christiane, M., Malich, A., Facius, M., Grebenstein, U., Sauner, D., Pfleiderer, S.O.R., Kaiser, W.A., *Are unnecessary follow-up procedures induced by computer-aided diagnosis (CAD) in mammography ? Comparison of mammographic diagnosis with and without use of CAD*, European Journal of Radiology 51, 2004, 6672.
- [38] Chute, C.G., Cohn, S.P., Campbell, K.E., Oliver, D.E., Campbell, J.R., *The content coverage of clinical classification. For the computer-based patient record institute's work group on codes structures*, J Am Med Inform Assoc, 1996, 224-233.
- [39] Clancey, W.J., Letsinger, R., *Neomycin : Reconfiguring a rule-based expert system for application to teaching*, In Proc. Seventh IJCAI, 1981, 829–836.
- [40] Cocosco, C.A., Kollokian, V., Kwan, R.K.S., Evans, A.C., *BrainWeb : Online Interface to a 3D MRI Simulated Brain Database*, Proceedings of 3rd International Conference on Functional Mapping of the Human Brain, Copenhagen, May 1997.
- [41] Crangle, C., Zbyslaw, A., *Identifying gene ontology concepts in natural–language text*, ConverSpeech LLC, Palo Alto, CA, USA.
- [42] Croce, UD., Leardini, A., Chiari, L., Cappozzo, A., *Human movement analysis using stereophotogrammetry : Part 4 : assessment of anatomical landmark misplacement and its effects on joint kinematics*, Gait & Posture, Volume 21, Issue 2, February 2005, Pages 226-237.
- [43] Damsgaard, M., Rasmussen, J., Christensen, S.T., Surma, E., de Zee, M., *Analysis of musculoskeletal systems in the AnyBody Modeling System*, Simulation Modelling Practice and Theory, 2006, 14, 1100 :1111.
- [44] Daniel, L.R., Olivier, D., Yasser, B., David, G., Parvati, D., Mark, A.M., *Using ontologies linked with geometric models to reason about penetrating injuries*, Artificial Intelligence in Medicine, 2006, 37, 167-176.
- [45] Dao, T.T., Marin, F., Ho Ba Tho, M.C., *Ontology of the musculo-skeletal system of the lowers limbs*, Proceedings of the 29th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, August 23–26, 2007, Lyon, France, 386–389.
- [46] Dao, TT., Marin, F., Ho Ba Tho, MC., *Influence of anthropometrical and geometrical parameters of the bones and muscles on musculoskeletal model of the lower limbs*, Computer Methods in Biomechanics and Biomedical Engineering, Sup. 1, 2009 (in press).
- [47] David, B., Yuval, S., *A framework for distributed mediation of temporalabstraction queries to clinical databases*, Artificial Intelligence in Medicine, 2005, 34, 1 :3-24.

- [48] David, M.S., *The Ponseti Method for Clubfoot Correction*, Operative Techniques in Orthopaedics, 2005,15, 345-349.
- [49] Davis, R.B., Ounpuu, S., Tyburski, D., Gage, J.R., *A gait analysis data collection and reduction technique*, Hum Movement Sci, 1991, 10, 575-87.
- [50] Dempster, AP., *Upper and lower probabilities induced by a multivalued mapping*, Annals of Mathematical Statistics, 38 :325339, 1967.
- [51] Dempster, AP., *Upper and lower probabilities generated by a random closed interval*, Annals of Mathematical Statistics, 1968, 39(3) :957966.
- [52] Dempster W.T., Gaughran G.R.L., *Properties of body segments based on size and weight*, American journal of anatomy, 1967, Vol. 120, p. 33-54.
- [53] Denoeux, T., *Conjunctive and Disjunctive Combination of Belief Functions Induced by Non Distinct Bodies of Evidence*, Artificial Intelligence, 2008, Vol. 172, pages 234264.
- [54] Delp, S.L., Loan, J.P., Hoy, M.G., Zajac, F.E., Topp E.L., Rosen, J.M., *An interactive graphics-based model of the lower extremity to study orthopaedic surgical procedures*, IEEE Transactions on Biomedical Engineering 37, pp. 757-767, 1990.
- [55] Delp, S.L. and Zajac, F.E. *Force- and moment-generating capacity of lower-limb muscles before and after tendon lengthening*, Clinical Orthopaedics and Related Research, 1992, vol. 284, pp. 247-259.
- [56] Delp, S.L., Loan, J.P., Hoy, M.G., Zajac, F.E., Topp, E.L., Rosen, J.M., *An Interactive Graphics-Based Model of the lower extremity to study orthopaedics surgical procedures*, IEEE Transactions of Biomedical Engineering, 1990, vol. 37, No. 8.
- [57] Diméglio, A., Bensahel, H., Souchet, Ph., Mazeau, P.H., Bonnet, F., *Classification of Clubfoot*, Journal of Pediatric Orthopaedics, Part B, 1995, 4 :129-136.
- [58] Dreiseitl, S., Ohno-Machado, L., Kittler, H., Vinterbo, S., Billhardt, H., Binder, M., *A Comparison of Machine Learning Methods for the Diagnosis of Pigmented Skin Lesions*, Journal of Biomedical Informatics, 2001, 34, 28-36.
- [59] Doriot, N., Chèze, L., *A three dimensional dynamic model of the lower limb during the stance phase of gait*, Recent Research Developments Biomechanics, 2003, 247–267.
- [60] Durocher C., *Analyse, modélisation et simulation de l'impulsion au sol dans les activités physiques*, Thèse de doctorat, Université de Rennes II, 2005.
- [61] Elouedi, Z., Mellouli, K., Smet, P., *Belief decision trees : theoretical foundations*, International Journal of Approximate Reasoning, 2001, 28, 91-124.
- [62] Eriksson, H., *Using JessTab to Integrate Protégé and Jess*, IEEE Intelligent Systems, 2003, 18(2) :43-50.
- [63] Ferrari, A., Benedetti, MG., Pavan, E., Frigo, C., Bettinelli, D., Rabuffetti, M., Crenna, P., Leardini, A., *Quantitative comparison of five current protocols in gait analysis*, Gait & Posture 28, Issue 2, August 2008, Pages 207-216.
- [64] Fernandez, B., *Analyse de la marche humaine par Ondelettes*, INRIA Rhône-Alpes, France.
- [65] Fieschi, M., *Sphinx : un système expert d'aide à la décision en médecine*, Thèse Biologie Humaine, Fac. Médecine Marseille, 1983.
- [66] Foidart-Dessalle M., *Mechanics of human movement*, www.montefiore.ulg.ac.be [Last accessed : January, 2009], 2000.
- [67] Forgy, C.L, *Rete : A Fast Algorithm for the Many Pattern-Many Object Pattern Match Problem*, Artificial Intelligence, 1982, 19, 17-37.

- [68] Francisco, A.V., *Structure discovery in medical databases : a conceptual clustering approach*, Artificial Intelligence in Medicine, 1996, 8, 5 :473-491.
- [69] Fregly, B.J., Reinbolt, J.A., Rooney, K.L., Mitchell, K.H., and Chmielewski, T.L., *Design of patient-specific gait modifications for knee osteoarthritis rehabilitation*, IEEE Transactions on Biomedical Engineering 54, 2007, 1687-1695.
- [70] Fregly, B.J., *Design of optimal treatments for neuromusculoskeletal disorders using patient-specific multibody dynamic models*, International Journal of Computational Vision and Biomechanics, 2009 (in press).
- [71] Friedman, E.H., *The Rule Engine for the Java Platform*, <http://herzberg.ca.sandia.gov/> [Last accessed : May 5, 2008].
- [72] Gallant, S.I., *Perceptron-based learning algorithms*, IEEE Transactions on Neural Networks, 1990, 1(2),179-191.
- [73] Ganley, K.J., Powers, C.M., *Determination of lower extremity anthropometric parameters using dual energy X-ray absorptionmetry : influence on the net joint moments during gait*, Clinical Biomechanics, 2004, 19,50 :56.
- [74] Gaspari M., Saletti D., Scandellari C., Stecchi S., *Refining an Automatic EDSS Scoring Expert System for Routine Clinical Use in Multiple Sclerosis*, IEEE Transactions on Information Technology in Biomedecine, 2009, 13(4) :501 :511.
- [75] Gennari, J.H., Musen, M.A., Fergerson, R.W., Grosso, W.E., Crub  zy, M., Eriksson, H., Noy, N.F., Tu, S.W., *The evolution of Prot  g   : an environment for knowledge-based systems development*, International Journal of Human-Computer Studies, Vol. 58 (1), 2003, 89 :123.
- [76] Glassey, O., *Developing a one-stop government data model*, Government Information Quarterly, Vol. 21 (2), 2004, 156 :169.
- [77] Gruber TR., *A translation approach to portable ontologies*, Knowl Acquis 1993 ;5(2) :199  220.
- [78] Guler, S., Eberhart, A., Rojas, I., *Web-based exchange of biochemical information*, Bioinformatics. 2003 Sep 1 ;19(13) :1730  1.
- [79] Haacke, E.M., Brown, R.W., Thompson, M.L., Venkatesan, R., *Magnetic Resonance Imaging : Physical Principles and Sequence Design*, John Wiley, 1999.
- [80] Hawkins, T., Chitale, M., Luban, S., Kihara, D., *PFP : Automated prediction of gene ontology functional annotations with confidence scores using protein sequence data*, Proteins. In press.
- [81] He, J., Hu, H.J., Harrison, R., Tai, P.C., Pan, Y., *Transmembrane segments prediction and understanding using support vector machine and decision tree*, Expert Systems with Applications, 2006, 30, 64-72.
- [82] Heller, MO., Bergmann, G., Deuretzbacher,G., Urselen, LD., Pohl,M., Claes,L., Haas,NP., Duda, GN., *Musculo-skeletal loading conditions at the hipduring walking and stair climbing*, Journal of Biomechanics 34, 2001, 883-893.
- [83] Heller, MO., Bergmann, G., Kassi,JP., Claes, L., Haas, NP., Duda, GN., *Determination of muscle loading at the hip joint for use in pre-clinical testing*, Journal of Biomechanics 38, 2005, 1155-1163.
- [84] Hicks, J.L., Schwartz, M.H., Arnold, A.S., Delp, S.L., *Crouched postures reduce the capacity of muscles to extend the hip and knee during the single-limb stance phase of gait*, Journal of Biomechanics, 2008, 41, 960 :967.

- [85] Hibernate, *Plate-forme de gestion de base de données*, <http://www.hibernate.org/> [Last accessed : Septembre, 2008].
- [86] Horsman, K., Koopman, H.F.J.M., van der Helm, F.C.T., Prosé, L.P., Veeger, H.E.J., *Morphological muscle and joint parameters for musculoskeletal modelling of the lower extremity*, Clinical Biomechanics, 2007, 22, 239 :247.
- [87] Hunter A., Kaufman, M.H., McKay, A., Baldock, R., Simmen, M.W., Bard, J.B.L., *PFP : An ontology of human developmental anatomy*, J Anat, 2003, 203(4) :34755.
- [88] ITK, *ITK Software Guide*, Publisher : Kitware, Inc. Authors : Ibanez, Schroeder, Ng, Cates. ISBN 1-930934-15-7.
- [89] Jeffrey, K.B., Raymond, S., *Correction of severe residual clubfoot deformity in adolescents with the Ilizarov technique*, External Fixation Techniques for the Foot and Ankle, 2004, 571-582.
- [90] Kaloudis, S.T., Yialouris, C.P., Lorentzos, N.A., Karteris, M., Sideridis, A.B., *Forest management planning expert system for wildfire damage reduction*, Computers and Electronics in Agriculture, 2009, In Press.
- [91] Kawamura, C.M., de Moraes Filho, M.C., Barreto, M.M., de Paula Asa, S.K., Juliano, Y., Novo, N.F., *Comparison between visual and three-dimensional gait analysis in patients with spastic diplegic cerebral palsy*, Gait & Posture 25, 2007, 18–24.
- [92] Kononenko, I., *Machine learning for medical diagnosis : History, state of the art and perspective*, Artificial Intelligence Medecine, 2001, vol.23, no.1, 89–109.
- [93] Konrad, P., *A Practical Introduction to Kinesiological Electromyography*, Noraxon INC. USA.
- [94] Knublauch, H., Ferguson, R.W., Noy, N.F., Musen, M.A., *The Protégé OWL Plugin : An Open Development Environment for Semantic Web Applications*, Stanford Medical Informatics, Stanford School of Medicine, Stanford, CA.
- [95] Knuth, D., *Good comprehension is closely related to good compression*, The Art of Computer Programming, Wiley.
- [96] Kummer, U., *Usage of reaction kinetics data stored in databases - a modeler's point of view*, In Silico Biol, 2007, 7(2 Suppl) : S65–71.
- [97] Leardini, A., Chiari, L., Croce, U.D., Cappozzo, A., *Human movement analysis using stereophotogrammetry : Part 3. Soft tissue artifact assessment and compensation*, Gait & Posture, Volume 21, Issue 2, February 2005, Pages 212-225.
- [98] Lee, M.K., Le, N.S., Fang, A.C., Koh, M.T.H., *Measurement of body segment parameters using dual energy X-ray absorptiometry and three-dimensional geometry : An application in gait analysis*, Journal of Biomechanics 42, 2009, 217–222.
- [99] Lefébure, R., venturi, G., *Data Mining*, Éditions Eyrolles, 2001.
- [100] Leigh, S.G., Robert, H.E., Marcus, D.A., *Clinical decision support systems and computer-aided diagnosis in otology*, Otolaryngology–Head and Neck Surgery, 2007, 136, S21–S26.
- [101] Lenat, D.B., Guha, G.V., *Building large knowledge-based systems : representation and inference in the Cyc project*, Addison-Wesley, Boston, Massachusetts, 1990.
- [102] Leva, P.D., *Adjustments to Zatsiorsky-Seluyanov's segment inertia parameters*, J. Biomechanics, 1996, 29 (9), 1223 :1230.
- [103] Lorena, A.C., Carvalho, A.C.P.L.F., *Protein cellular localization prediction with Support Vector Machines and Decision Trees*, Computer in Biology and Medecine, 2007, 37, 115-125.

BIBLIOGRAPHIE

- [104] Maintainers, *Unified Medical Language System*, <http://www.nlm.nih.gov/research/umls/about/umls.html> [Last accessed : Septembre 2, 2008].
- [105] Marin, F., *Contribution biomécanique à l'étude de l'articulation fémoro-tibiale pendant la marche in vivo*, Thèse de docteur, École Nationale Supérieure d'Arts et Métiers, 2000.
- [106] Masolo, C., Borgo, S., Gangemi, A., Guarino, N., Oltramari, A., *Ontology library*, Wonderweb Deliverable D18, 2003.
- [107] Mattson, J., Simon, M., *The Pioneers of NMR and Magnetic Resonance in Medicine : The Story of MRI*, Jericho & New York : Bar-Ilan University Press, 1996.
- [108] McConville JT, Clauser CE, et al., *Anthropometric relationships of body and body segment moments of inertia*, Technical report AFAMRL-TR-80-119. Air Force Aerospace Medical Research Laboratory, Ohio : Wright-Patterson AFB, 1980.
- [109] Mercier, D., Cron, G., Denoeux, T., Masson, MH., *Decision fusion for postal address recognition using belief functions*, Expert Systems with Applications, 2009, Vol. 36, Issue 3, pages 5643-5653.
- [110] MeVis Medical Solutions AG, *MeVisLab - Medical image processing and visualization.*, <http://www.mevislab.de/> [Last accessed : Septembre 18, 2009].
- [111] Minsky, M.L., Papert, S.A., *Perceptrons*, Cambridge, MA : MIT Press, 1969.
- [112] Morais, F.M.C. et al, *Comparison between visual and three-dimensional gait analysis in patients with spastic diplegic cerebral palsy*, Gait & Posture 25, 2007, 18–24.
- [113] Morgan, S., *Thèse de doctorat*, Université de Technologie de Compiègne, 2006.
- [114] Moynihan, G.P., Fonseca, D.J., *PTDA2 : A Web-Based Expert System for Power Transmission Design*, Progress in Expert Systems Research, 2007, 1 :24.
- [115] MySQL, *Système de gestion de base de données*, <http://www-fr.mysql.com/> [Last accessed : Septembre, 2008].
- [116] Nazer, R.A., Rantalainen, T., Heinonen, A., Sievanen, H., Mikkola, A., *Flexible multibody simulation approach in the analysis of tibial strain during walking*, Journal of Biomechanics 41, 2008, 1036 :1043.
- [117] Neptune, R.R., Zajac, F.E., Kautz, S.A., *Muscle mechanical work requirements during normal walking : the energetic cost of raising the body's center-of-mass is significant*, Journal of Biomechanics, 2004, 37, 817-825.
- [118] OBO, *Open Biomedical Ontologies*, <http://obo.sourceforge.net>. [Last accessed : Septembre, 2008].
- [119] Paul V.Y., Simon, H., *Regularized Radial Basis Function Networks : Theory and Applications*, John Wiley, 2001.
- [120] Pedersen, DR., Brand, RA., Davy, DT., *Pelvic muscle and acetabular contact forces during gait*, Journal of Biomechanics, 1997, Volume 30, Issue 9, page 959-965..
- [121] Piazza SJ., *Muscle-driven forward dynamic simulations for the study of normal and pathological gait*, Journal of NeuroEngineering and Rehabilitation, 2006, 3 :5.
- [122] Pietka, E., Gertych, A., Witko, K., *Informatics infrastructure of CAD system*, Computerized Medical Imaging and Graphics 29, 2005, 157–169.
- [123] Ponseti, I.V., *Congenital clubfoot. Fundamentals of treatment*, Oxford : Oxford University Press, 1996.
- [124] Quinlan, J.R., *C4.5 Programs for Machine Learning*, Morgan-Kaufmann Publishers, 1993.

- [125] Rao, G., Amarantini, D., Berton, E., Favier, D., *Influence of body segment's parameters estimation models on inverse dynamics solutions during gait*, Journal of Biomechanics, 2006, 39, 1531 :1536.
- [126] Ratsch, E., Schultz, J., Saric, J., Lavin, P.C., Wittig, U., Reyle, U., Rojas, I., *Developing a protein-interactions ontology*, Comp Funct Genomics, 2003, 4 :85-9.
- [127] Reinbolt, J.A., Haftka, R.T., Chmielewski, T.L., and Fregly, B.J., *Are patient-specific joint and inertial parameters necessary for accurate inverse dynamics analyses of gait ?*, IEEE Transactions on Biomedical Engineering 54, 2007, 782-793.
- [128] Reilhac, A., Evans, A.C., Gimenez, G., Costes, N., *Creation and application of a simulated database of dynamic [18f]MPPF PET acquisitions incorporating inter-individual anatomical and biological variability*, IEEE Trans Med Imaging, 2006, 25(11) :1431–9.
- [129] Rogers, J., Rector, A., *The GALEN ontology*, Medical informatics Europe, 1996, 174-178.
- [130] Rosse, C., Mejino, J., *A reference ontology for biomedical informatics : the Foundational Model of Anatomy*, Journal of Biomedical Informatics 36, 2003, 478500.
- [131] Rubin, D., Bashir, Y., Grossman, D., Dev, P., Musen, M., *Linking ontologies with three-dimensional models of anatomy to predict the effects of penetrating injuries.*, Stanford Medical Informatics, Stanford University, Stanford, CA.
- [132] Scheys, L., Campenhout, A.V., Spaepen, A., Suetens, P., Jonkers, I., *Personalized MR-based musculoskeletal models compared to rescaled generic models in the presence of increased femoral anteversion : Effect on hip moment arm lengths*, Gait & Posture, 2008, 28, 358-365.
- [133] Scholkopf, B., Smola, A.J., *Learning With Kernels : Support Vector Machines, Regularization, Optimization and Beyond*, MIT Press, 2002.
- [134] Schulz, S., Kumar, A., Bittner, T., *Biomedical ontologies : what part-of is and isn't*, J Biomed Inform, 2006, 39 :350-61.
- [135] Schumacher, G.lf. von, Trommer, R., *Die gegenseitige des Feucht- undTrockengewichtes und die fur die Bestimmung der Arbeit von Skelettmuskeln*, Anatomischer Anzeiger, 1962, 111, 175-188.
- [136] Schumacher, G.lf. von, Wolff, E., *Trockengewicht Querschnitt der menschlichen Skelettmuskulatur. Trockengewichte*, Anatomischer Anzeiger, 1966, 118, 317-330.
- [137] Shafer, G., *A Mathematical Theory of Evidence*, Princeton Univ. Press. Princeton, NJ, 1976.
- [138] Shannon, C.E., *A mathematical theory of communication*, Bell System Technical Journal, 1948, 27,379-423.
- [139] Shawe-Taylor, J., Cristianini, N., *Support Vector Machines and other kernel-based learning methods*, Cambridge University Press, 2000.
- [140] Shortliffe, E.H., *Computer based medical consultations : Mycin*, New York, Amer, Elsevier, 1976.
- [141] Smets, P., *Belief functions : the disjunctive rule of combination and the generalized bayesian theorem*, International Journal of Approximate Reasoning, 1993, 9 :135.
- [142] Snoep, J.L., Olivier, B.G., *Java Web Simulation (JWS) ; a web based database of kinetic models*, Mol Biol Rep, 2002, 29(1-2), 259–63.
- [143] Souchet, P., Bensahel, H., Christine, T.N., Pennecot, G., Csukonyi, Z., *Functional treatment of clubfoot : a new series of 350 idiopathic clubfeet with long-term follow-up*, Journal of Pediatric Orthopaedics, Part B, 2004, 13 :189-196.

- [144] Sowa, J.F., *Knowledge representation : logical, philological, and computational foundation*, CA, USA : Brooks-Cole, 2000.
- [145] Staudenmann, D., Roeleveld, K., Stegeman, D., H. van Dieen, J., *Methodological aspects of SEMG recordings for force estimation - A tutorial and review*, Journal of Electromyography and Kinesiology, 2009, in press.
- [146] Stefan, S., Udo, H., *Towards the ontological foundations of symbolic biological theories*, Artificial Intelligence in Medicine, 2007, 39, 237-250.
- [147] Stolk, J., Verdonschot, N., Huiskes, R., *Hip-joint and abductor-muscle forces adequately represent in vivo loading of a cemented total hip reconstruction*, Journal of Biomechanics 34, 2001, 917-926.
- [148] Szolovits, P., Long, W.J., *Artificial intelligence in medicine*, AAAS Selected Symposium 51, 1982.
- [149] Taboada, M., Martínez, D., Mira, J., *Experiences in reusing knowledge sources using Protégé and PROMPT*, International Journal of Human-Computer Studies, Vol. 62 (5), 2005, 597 :618.
- [150] Tamma, V., Phelps, S., Dickinson, I., Wooldridge, M., *Ontologies for supporting negotiation in e-commerce*, Engineering Applications of Artificial Intelligence, Vol. 18 (2), 2005, 223 :236.
- [151] Tardieu, H., Rochfeld, A., Coletti, R., *La méthode Merise. Principes et Outils*, Édition d'organisation, 1986.
- [152] Tomic, B., Devedzic, V., Jovanovic, J., Andric, A., *Expert Systems Revisited : A practical approach*, Progress in Expert Systems Research, 2007, 119-152.
- [153] Thomas, B., Maureen, D., *Logical properties of foundational relations in bioontologies*, Artificial Intelligence in Medicine, 2007, 39, 197-216.
- [154] Trabelsi, S., Elouedi, Z., Mellouli, K., *Pruning belief decision tree methods in averaging and conjunctive approaches*, International Journal of Approximate Reasoning, 2007, 46, 568 :595.
- [155] Udupa, J.K., Herman, G.T., *3D Imaging in Medicine*, Second Edition, 2000.
- [156] Université de Stanford, *The Protégé Ontology Editor and Knowledge Acquisition System*, [http ://protege.stanford.edu/](http://protege.stanford.edu/), [Last accessed : Septembre, 2008].
- [157] Vannoorenberghe, P., *Un état de l'art sur les fonctions de croyance appliquées au traitement de l'information*, Revue I3, 2001, vol.3(2), p.1—37.
- [158] Vannoorenberghe, P., *On aggregating belief decision trees*, Information Fusion 5, 2004, 179-188.
- [159] Vapnik, V., *The Nature of Statistical Learning Theory*, Springer Verlag, New York, 1995.
- [160] Verikas, A., Gelzinis, A., Bacauskiene, M., Uloza, V., *Toward a computer-aided diagnosis system for vocal cord diseases*, Artificial Intelligence in Medicine, 2006, 36, 7184.
- [161] Visage Imaging, Inc., *AMIRA*, [http ://www.amiravis.com/](http://www.amiravis.com/) [Last accessed : Septembre 2, 2008].
- [162] Webb, A., *Introduction to Biomedical Imaging*, John Wiley & Sons, 2003.
- [163] Wu, G., Cavanagh, P.R., *ISB recommendations for standardization in the reporting of kinematic data*, Journal of Biomechanics, 1995, Vol.28, pp.1257-1261.

- [164] Wu, G., Siegler, S., Allard, P., Kirtley, C., Leardini, A., Rosenbaum, D., Whittle, M., D'Lima, DD., Cristofolini, L., Witte, H., Schmid, O., Stokes, I., *ISB recommendation on definitions of joint coordinate system of various joints for the reporting of human joint motion Part I : ankle, hip, and spine*, Journal of Biomechanics, 2002, Vol. 35, pp.543-548.
- [165] Wu, G., van der Helm, FCT., Veeger, HEJ., Makhsous, M., Van Roy, P., Anglin, C., Nagels, J., Karduna, AR., McQuade, K., Wang, X., Werner, FW., Buchholz, B., *ISB recommendation on definitions of joint coordinate systems of various joints for the reporting of human joint motion Part II : shoulder, elbow, wrist and hand*, Journal of Biomechanics, 2005, Vol. 38, pp.981-992.
- [166] Yang S., *Introduction to Gait Analysis*, rehab.ym.edu.tw/document/motion/gait.pdf [Last accessed : January, 2009], 2006
- [167] Zatsiorsky V.M., Seluyanov V.N., *Estimation of the mass and inertia characteristics of the human body by means of the best predictive regressions equations*, Biomechanics, 1985, Vol. 9, p. 233-239.
- [168] Zhou, Z.H., Jiang, Y., *Medical diagnosis with C4.5 rule preceded by artificial neural network ensemble*, IEEE Transaction on Information Technology in Biomedecine, 2003, vol.7, No.1.
- [169] Zweigenbaum, P., Bachimont, B., Bouaud, J., Charlet, J., Boisvieux, J.F., *Issues in the structuring and acquisition of an ontology for medical language understanding*, Methods Inf Med, 1995, 34(1–2) :15–24.

Résumé

La compréhension du fonctionnement du corps humain est un challenge de recherche afin de prendre une décision médicale (le diagnostic, le traitement) adéquate dans le cas des pathologies liées au système musculosquelettique. Pour faire face à cette problématique, dans un premier temps, un modèle biomécanique a été développé décrivant la dynamique du mouvement avec prise en considération des caractéristiques géométriques (os et muscles) et mécaniques du système musculo-squelettique. Une étude de sensibilité de ces paramètres géométriques à partir des données de la littérature a montré l'importance de la personnalisation de ces paramètres. En application, un cas d'étude clinique d'un sujet présentant une pathologie (Heine-Medin (polio)) a été étudié. Deux modèles personnalisés (un sujet sain et un sujet pathologique) ont été réalisés. Les résultats obtenus ont montré l'intérêt d'une modélisation personnalisée pour évaluer et concevoir des orthèses personnalisées. Dans un deuxième temps, nous avons proposé une nouvelle classe de modèle - un méta modèle (Système d'Aide à la Décision) - intégrant des résultats du domaine de l'ingénierie des connaissances pour prédire, diagnostiquer, classer et proposer un traitement des pathologies du système musculo-squelettique des membres inférieurs (anomalies rotationnelles (AR), enfants PC (Paralysie Cérébrale), pied bot). La modélisation de ce méta modèle se base sur les modèles mathématiques prédictifs pour prendre une décision médicale (une prédiction, un diagnostic, ou une classification). Le but final est de dégager un résultat cliniquement applicable. Ce système est générique, flexible, et extensible et permet donc l'étude et l'analyse de pathologies diverses du système musculo-squelettique des membres inférieurs. Enfin, une comparaison de ces deux approches de modélisation a été effectuée afin d'évaluer leur complémentarité pour une utilisation clinique.

Mots-clés Modélisation biomécanique, personnalisation, analyse du mouvement, membres inférieurs, ingénierie des connaissances, méta modèle, ontologie, fouilles de données, théorie de fonction des croyances, système d'aide à la décision, Heine-Medin (Polio), anomalies rotationnelles, pied bot, paralysie cérébrale.

Abstract

Understanding of the mechanical behavior of the human body is a challenge to take appropriate medical decisions (e.g. the patient's diagnosis or treatment). To solve this problem, first, a dynamic model of the musculoskeletal system of the lower limbs has been developed. A sensitivity analysis of the anthropometrical and geometrical parameters of the bones and muscles was performed with literature data. The computational results showed strong variations of kinematics and kinetics parameters function of the selected input data. All these findings suggest the development of patient specific musculoskeletal models using medical imaging technique for individualized geometrical parameters of the subjects. As clinical application, two personalized models were developed (a healthy subject with normal gait and a subject with gait disorders (Polio pathology)). This study showed the importance of personalized modeling to evaluate and design the Polio lower limb orthoses. The limitations and perspectives of the biomechanical models were presented in real clinical context. Second, a new class of model was proposed as meta-model (Computer-Aided Decision System) combining knowledge-based engineering methods to diagnose and guide the clinical treatment of the disorders of the musculoskeletal system of the lower limbs. The ontology, the data mining, the belief theory and the artificial intelligence were applied to develop our meta-model. The crossing of these methods allowed us to develop a generic, flexible and extensible system. Three clinical applications (rotational anomalies, clubfeet deformities, and cerebral palsy) were studied in the first version of our system. The results showed that our system is able to provide aids to clinicians in their medical decisions (e.g. a diagnosis or a treatment). Finally, the methodological confrontation of these two modeling approaches was carried out to highlight the strengths and also the weaknesses of each modeling approach.

Keywords Biomechanics modeling, patient specific, movement analysis, lower limbs, meta model, ontology, data mining, belief theory, artificial intelligence, medical tele-diagnostic, computer-aided decision system, Heine-Medin (Polio), rotational abnormalities, clubfeet deformities, cerebral palsy.