



Génération et adaptation dynamique de maillage pour la simulation

Accueil : Equipe **IGG** (Informatique Géométrique et Graphique) du laboratoire **iCube**, Strasbourg, France.

Encadrement : Pierre Kraemer (kraemer@unistra.fr)

Les maillages, représentations de la partition cellulaire d'objets géométriques, jouent un rôle central dans de nombreux contextes de simulation numérique, comme par exemple en mécanique des fluides ou des solides. Selon les cas, la dimension des objets (ou du domaine de simulation), la nature des cellules et leur forme peuvent varier. Certains codes de calcul vont nécessiter une représentation à base de simplexes, d'autres pourront gérer des cellules quelconques ; certains vont s'avérer plus stables si les cellules sont isotropes, d'autres s'accommoderont d'une forte anisotropie. Dans tous les cas, la structure de maillage sous-jacente devra fournir des parcours complets et efficaces des cellules et de leurs voisinages.

La densité du maillage est directement liée à la finesse et à la précision des phénomènes qui pourront être capturés par la simulation. Cependant, plus un maillage est fin, plus la simulation est coûteuse. Adapter le maillage afin que les zones de haute densité correspondent aux régions d'intérêt est donc une pratique courante quand on souhaite réduire les coûts de simulation [1,2]. Cette adaptation peut être réalisée a priori, si les zones d'intérêt sont connues et ne se déplacent pas au cours de la simulation. Dans les cas complexes et notamment quand on fait face à la simulation de phénomènes transitoires, les zones d'intérêt ne sont pas fixes dans le temps. Afin de maîtriser la complexité du maillage, il faut alors recourir à des méthodes d'adaptation dynamique du maillage qui vont, au fil de la simulation, raffiner le maillage là où cela est jugé nécessaire, et le simplifier là où cela est jugé possible.

Un premier volet du projet consiste donc à développer un environnement qui supportera la représentation de maillages présentant des dimensions différentes et des mailles de nature et de forme variées, fournira des parcours des cellules et de leurs voisinages efficaces, et permettra à la densité de mailles d'être guidée dynamiquement selon des stratégies différentes en exploitant des mesures effectuées sur les données de la simulation.

Les cartes combinatoires, structure combinatoire qui représente la topologie de la décomposition cellulaire d'objets, possèdent les caractéristiques nécessaires (généralité, efficacité, dynamisme) au développement d'un tel environnement [3]. Des codes de simulation pourront alors être greffés sur

cette structure, et des stratégies d'adaptation pourront être développées et évaluées de manière à atteindre les objectifs de précision et d'efficacité souhaités.

En amont de ces processus, une première version du maillage du domaine de simulation doit être générée. Le second volet du projet consiste donc à s'intéresser à la génération d'un tel maillage.

Une première approche que l'on souhaite développer consiste à exploiter des algorithmes de construction d'une tessellation de Voronoï centroïdale (CVT). Cette technique permet de construire itérativement une partition cellulaire d'un domaine dans laquelle les cellules tendent vers des hexagones en 2D et des octaèdres tronqués en 3D. L'utilisation d'une approche hiérarchique [4] récemment proposée pour améliorer la régularité des maillages générés pourra être explorée dans le cadre de l'adaptation dynamique.

En restreignant la classe des objets gérés à ceux pouvant être décrits par un squelette avec rayon, nous souhaitons également développer de nouvelles méthodes de génération de maillage volumique [5] tirant parti de la structure et de la géométrie de ce squelette pour générer des mailles dont la nature, la forme, l'orientation et la densité sont contrôlables afin de satisfaire les contraintes imposées par un code de simulation. Avant d'être adapté dynamiquement grâce aux mécanismes décrits plus haut, ce maillage initial pourra être subdivisé de manière à coller, si elles existent, aux données de départ ayant donné naissance au squelette.

Dans un contexte médical, une chaîne complète de traitement pourra consister à partir d'une image de vaisseaux sanguins segmentée, en extraire un squelette, s'en servir pour générer un maillage volumique initial, le subdiviser pour coller à la géométrie fine de l'image de départ, et enfin simuler des écoulements de fluide en adaptant dynamiquement le maillage au cours de la simulation.

Références Bibliographiques

[1] M. J. Berger and J. Olinger, *Adaptive mesh refinement for hyperbolic partial differential equations*. Journal of Computational Physics, 1984.

[2] K. Pons and M. Ersoy, *Adaptive mesh refinement method, Part 1 : Automatic thresholding based on a distribution function*. HAL, 2016.

[3] P. Kraemer, L. Untereiner, T. Jund, S. They and D. Cazier, *CGoGN : n-dimensional meshes with combinatorial maps*. Proceedings of the 22nd International Meshing Roundtable, pages 485–503, 2014.

[4] L. Wang, E. Boyer and F. Héty-Wheeler, *A hierarchical approach for regular centroidal Voronoi tessellations*. Computer Graphics Forum 35(1), 2016.

[5] A. Panotopoulou, E. Ross, K. Welker, E. Hubert and G. Morin, *Scaffolding a Skeleton*. Research in Shape Analysis , Springer, 2018.