

Journée VISION

Visualisation Immersive et Simulation Interactive : les nouveaux outils de la modélisatiON

Jeudi 23 novembre 2017

- 08:30-09:00 Accueil
- 09:00-09:15 Bienvenue
- 09:15-10:00 **Florent Turrel**
Travail collaboratif et revue de projet en immersif
- 10:00-10:15 **Présentation Flash Poster**
Camille Besançon, Jean-Marc Crowet, Julien Loiseau, Céline Loscos, Arnaud Renard
- 10:15-11:00 Pause café - Session Démonstrations et Posters
- 11:00-11:45 **Rémi Cozot**
De l'holographie optique aux défis de l'holographie numérique
- 11:45-12:15 **Hua Wong**
Modélisation de la Matrice ExtraCellulaire : Visualisation & interaction en temps réel
- 12:15-14:00 Déjeuner - Session Démonstrations et Posters
- 14:00-14:30 **Joël Randrianandrasana**
Rendu prédictif interactif sur cluster hybrides multi-GPU
- 14:30-15:15 **Marc Baaden et Xavier Martinez**
Immersion dans la féerie des molécules avec UnityMol
- 15:15-16:00 Pause café - Session Démonstrations et Posters
- 16:00-16:30 **Stéphanie Salmon**
Angiographies cérébrales virtuelles
- 16:30-17:00 **Jonathan Sarton et Nicolas Courilleau**
Visualisation augmentée de grandes masses de données par une approche out-of-core entièrement basée GPU
- 17:00-18:00 Assemblée Générale - Retour d'expérience

Travail collaboratif et revue de projet en immersif

Tourel F¹, Brincin G¹

1. REALYZ, Laval, France

La Réalité Virtuelle est la technologie qui nous permet de nous immerger dans un environnement numérique à l'échelle 1:1 en nous permettant d'interagir en temps réel. De plus en plus de systèmes nous permettent cette immersion. Cependant en tant qu'humains l'une de nos particularités est notre besoin de communiquer et d'échanger. Qu'en est-il de notre capacité à collaborer dans une application de Réalité Virtuelle ?

Nous aborderons les solutions existantes en les comparant et en prenant en compte l'ensemble des dispositifs à mettre en œuvre afin de travailler ensemble autour d'un même projet virtuel.

De l'holographie optique aux défis de l'holographie numérique

Cozot R¹

1. Institut de Recherche en Informatique et Système Aléatoire (IRISA), Rennes, France

L'objet de cette présentation est l'holographie numérique. La présentation est structurée en trois grandes parties : (1) nous introduisons dans un temps les principes de l'holographie optique, (2) puis en comparant avec la synthèse d'image par ordinateur, nous présentons les calculs nécessaires à la création d'hologramme numérique, (3) enfin nous détaillons quelques avancées algorithmiques récentes pour la génération d'hologrammes numériques.

Modélisation de la Matrice ExtraCellulaire : Visualisation & interaction en temps réel

Wong H², Jonquet-PrévotEAU J¹, Baud S^{1,2}, Dauchez M^{1,2}, Belloy N^{1,2}

1. UMR CNRS 7369 Matrice Extracellulaire et Dynamique Cellulaire (MEDyC), Université de Reims Champagne-Ardenne (URCA), Reims, France

2. Plateau de Modélisation Moléculaire Multi-échelle (P3M), Maison de la Simulation de Champagne-Ardenne (MaSCA), Université de Reims Champagne-Ardenne, Reims, France

La matrice extracellulaire joue un rôle important dans les tissus et les organes. Elle a même un rôle fonctionnel dans la morphogénèse et la différenciation en étant une source de molécules actives. De nombreuses maladies sont liées au dysfonctionnement de composants de la matrice extracellulaire. C'est donc une cible de choix pour les molécules d'intérêt thérapeutique. En raison de limitations technologiques dans l'observation aux échelles mésoscopiques, l'organisation structurale de la matrice extracellulaire reste mal connue.

Nous allons présenter nos travaux sur la simulation interactive en temps réel de la matrice extracellulaire. Nous expliquerons comment Unity3D nous permet de construire une représentation des macromolécules basée sur les corps rigides et de les faire évoluer dans un espace virtuel interactif en utilisant les moteurs de physique de jeux. Nous parlerons aussi du matériel de réalité virtuelle utilisé pour interagir avec nos simulations et les défis qui en découlent. Enfin nous présenterons quelques résultats préliminaires qui montrent à quel point la structure de la matrice peut changer en fonction de paramètres tels que la flexibilité ou la façon d'interagir des molécules dans la simulation.

Rendu prédictif interactif sur clusters hybrides multi-GPU

Randrianandrasana J¹, Chanonier A², Paljic A³, Muller T^{4,5}, Porral P^{4,3}, Krajecki M¹, Lucas L¹

1. Université de Reims Champagne-Ardenne, CReSTIC EA3804

2. PSA Peugeot Citroën

3. PSL-Research University, MINES ParisTech, Centre for Robotics

4. United Visual Researchers

5. Conservatoire National des Arts et Métiers

La réalité virtuelle connaît actuellement un formidable essor auprès du grand public grâce notamment à l'industrie du divertissement, mais également dans le monde industriel, comme c'est le cas dans l'industrie automobile. Son usage permet de multiplier les actions de revues et d'évaluations de projets, tout en diminuant le nombre de maquettes physiques onéreuses.

Malgré une adoption croissante et une volonté d'outrepasser -à terme- le prototypage physique, l'intégration complète de la réalité virtuelle au sein de la chaîne de conception du produit automobile n'est actuellement pas suffisamment effective. En effet, les performances exigées

par ce type de procédé, en terme de temps de calcul d'images, imposent généralement l'utilisation sous-jacente de technologies de rendu 3D temps réel telles qu'OpenGL, combinées à des modèles simplifiés d'éclairages, de matériaux et des interactions lumière-matière.

De ce fait, la réalité virtuelle est adaptée à plusieurs étapes du cycle de développement, telles que les choix de styles liés à la forme, les revues de conception ou encore les études d'ergonomie grâce à des dispositifs spécifiques d'interaction. Cependant elle se révèle insuffisante voire inefficace dans les processus de décisions impliquant l'évaluation de l'apparence visuelle. Il est ainsi d'usage d'avoir recours à des moteurs de rendu physiquement corrects plus élaborés, coûteux en temps de calcul et non interactifs lors des processus d'évaluation et de décision.

Dans ce contexte, nos travaux visent à lever ce cloisonnement en proposant un système de rendu nouveau prédictif et interactif, capable d'exploiter efficacement des architectures matérielles de type clusters hybrides multi-GPU. Notre système met également l'accent sur le plan collaboratif en permettant un accès multi-utilisateur simultané à travers le web.

Immersion dans la féerie des molécules avec UnityMol

Martinez X¹, Baaden M¹

1. Laboratoire de Biochimie Théorique, CNRS - UPR 9080, Paris, France

Modélisation et visualisation moléculaire représentent des outils indispensables pour converger vers des modèles de plus en plus réalistes de systèmes biologiques. Nous travaillons à intégrer des outils de simulation comme notre logiciel BioSpring avec un visualiseur (ici UnityMol), particulièrement adapté pour l'affinement et l'interprétation interactive de tels modèles. L'approche interactive a déjà démontré son efficacité [1-3] dans l'obtention de nouvelles connaissances.

La visualisation représente un élément clé dans cette approche. Dans UnityMol [4-5] il est maintenant possible de guider et interagir avec des simulations en cours à travers des périphériques adaptés comme des bras haptiques. Nous intégrons une visualisation originale, intuitive et immersive des données biologiques en tirant profit de dispositifs de visualisation avancés comme le mur d'image à l'IBPC (ou des casques de réalité virtuelle) pour un travail immersif et collaboratif. UnityMol tente de proposer un cadre logiciel pour représenter efficacement les biomolécules et y ajouter des briques de visualisation et d'interaction. L'utilisation du moteur de jeu Unity3D facilite le prototypage et nous permet d'élargir les fonctionnalités aux contextes de Réalité Virtuelle (VR) et Augmentée (AR), utilisant des périphériques tels que l'HoloLens, le HTC Vive ou l'Oculus Rift.

Dans toutes ces recherches, l'interaction homme-machine est centrale et nous présenterons quelques résultats sur des interfaces tangibles spécifiquement adaptées aux protéines.

[1] Molza et al., Innovative interactive flexible docking method for multi-scale reconstruction elucidates dystrophin molecular assembly (2014), *Faraday Discuss.*, 169, 45-62

[2] Delalande et al., Multi-resolution approach for interactively locating functionally linked ion binding sites by steering small molecules into electrostatic potential maps using a haptic device (2010), In *Proceedings of Pacific Symposium on Biocomputing (PSB'10)*, Vol.15, 205-215

[3] Saladin et al., Modeling the early stage of dna sequence recognition within reca nucleoprotein filaments (2010), *Nucleic Acid Research*, 38, 6313-6323

[4] Lv et al., Game on, Science - how video game technology may help biologists tackle visualization challenges (2013), *PLoS ONE* 8(3):e57990. doi:10.1371/journal.pone.0057990

[5] Pérez et al., Three-Dimensional Representations of Complex Carbohydrates and Polysaccharides. *SweetUnityMol: A Video Game Based Computer Graphic Software* (2014), *Glycobiology*; doi: 10.1093/glycob/cwu133

Angiographies cérébrales virtuelles

Salmon S¹

1. Laboratoire de Mathématiques EA 4535, Fédération ARC CNRS FR 3399, Université de Reims Champagne-Ardenne (URCA), Reims, France

Dans le cadre d'un projet, nous simulons l'écoulement sanguin dans le réseau artériel et/ou veineux cérébral. Ce réseau réaliste est reconstruit à partir d'angiographies c'est-à-dire d'images d'IRM de flux. La validation de ces simulations numériques est une question très complexe. Nous montrons dans cet exposé les différentes approches que nous avons choisies pour valider ces simulations d'écoulements sanguins en géométries réalistes, en particulier la simulation d'images angiographiques qui permet de retrouver le réseau acquis du départ.

A fully GPU-based out-of-core approach for augmented visualization of large volume data

Sarton J¹, Courilleau N¹, Duguet F², Remion Y¹, Lucas L¹

1. Université de Reims Champagne-Ardenne, CReSTIC EA3804
2. Altimesh, Paris, France

In a large number of scientific fields, 3D datasets production capabilities have widely evolved in recent years, especially with the rapid increase in their size. As a result, many large-scale applications, including visualization problems, have become challenging to address. A solution to this issue lies in providing out-of-core algorithms specifically designed to handle datasets larger than memory. We present in this article a new approach based on the hybridization of two previous works. We propose a pipeline designed to manage data as regular 3D grids regardless of the underlying application. We rely on a caching approach with a virtual memory addressing system coupled to an efficient parallel management on GPU to provide efficient access of data in interactive time. It allows any visualization or processing application to leverage the flexibility of its structure by managing multi-modalities datasets in any way. Furthermore, we show that our system delivers good performances on a single standard PC with low memory budget on the GPU.

Posters

ViGly : Visualisation de la flexibilité dynamique de N-glycanes liés aux protéines

Besançon C¹, Guillot A¹, Blaise S¹, Dauchez M^{1,2}, Jonquet J¹, Belloy N^{1,2}, Baud S^{1,2}

1. UMR CNRS 7369 Matrice Extracellulaire et Dynamique Cellulaire (MEDyC), Université de Reims Champagne-Ardenne (URCA), Reims, France
2. Plateau de Modélisation Moléculaire Multi-échelle (P3M), Maison de la Simulation de Champagne-Ardenne (MaSCA), Université de Reims Champagne-Ardenne, Reims, France

Comanche : A shared platform for a lipidic database and a builder of complex lipid membranes

Crowet J-M¹, Belloy N¹, Buchoux S², Sarazin², Dauchez M¹, Lins L³

1. MAGICS, Matrice Extracellulaire et Dynamique Cellulaire, UFR Sciences Exactes et Naturelles, Université de Reims Champagne-Ardenne, France
2. Unité de Génie Enzymatique et Cellulaire, UMR 6022 CNRS, Université de Picardie Jules Verne, Amiens, France
3. Laboratoire de Biophysique Moléculaire aux Interfaces, Gembloux Agro-Bio Tech, University of Liège, Belgium

FleCSPH: A Parallel and Distributed Smoothed Particle Hydrodynamics Implementation Based on the FleCSI Framework

Loiseau J¹, Lim H², Moss N D³, Bergen B K³

1. Laboratory of CReSTIC, University of Reims Champagne-Ardenne
2. Department of Physics and Astronomy, Brigham Young University
3. Applied Computer Science Group, Los Alamos National Laboratory

Présentation du CMI Informatique

Loscos C¹

1. Université de Reims Champagne-Ardenne, CReSTIC EA3804

romeoLAB : HPC Training Platform with accelerated visualization

Etancelin J-M¹, Renard A¹, Krajecki M¹

1. University of Reims Champagne-Ardenne - CReSTIC EA3804 - ROMEO HPC Center - <http://romeo.univ-reims.fr>

Démonstrations

Florent Turrel *Acer Windows Mixed Reality*

Hua Wong *HTC Vive* : Modélisation de la Matrice ExtraCellulaire : Visualisation & interaction en temps réel

Xavier Martinez *Hololens* : Immersion dans la féerie des molécules avec UnityMol