

ÉCOLE POLYTECHNIQUE DE L'UNIVERSITÉ DE NANTES
DÉPARTEMENT D'INFORMATIQUE

RAPPORT DE RECHERCHE ET DÉVELOPPEMENT

Rédaction du rapport

FuzeMyCell

Nael KLEIN

06 décembre 2025

encadré par Nicolas NORMAND

— Équipe DUKE —

LABORATOIRE DES SCIENCES DU NUMÉRIQUES DE NANTES
CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

coordinateur : José MARTINEZ



Avertissement

Toute reproduction, même partielle, par quelque procédé que ce soit, est interdite sans autorisation préalable.

Une copie par xérographie, photographie, photocopie, film, support magnétique ou autre, constitue une contrefaçon passible des peines prévues par la loi.

Rédaction du rapport

FuzeMyCell

Nael KLEIN

Résumé

Ce travail s'inscrit dans le cadre du défi international *FuzeMyCell* de la conférence ISBI 2025. L'objectif est de reconstruire, à partir d'une seule vue obtenue par microscopie à feuillet de lumière (LSFM), une image 3D *équivalente multivue*, c'est-à-dire comparable à la fusion multivue traditionnellement utilisée comme vérité terrain.

Pour répondre à cette problématique, nous avons étudié les limites optiques de la LSFM (réponse impulsionnelle, bruit, diffusion en profondeur), ainsi qu'un ensemble de méthodes de reconstruction modernes : déconvolution, apprentissage supervisé, auto-supervisé et architectures adversariales. L'analyse critique de ces approches a conduit à la conception d'un pipeline en deux étapes : une reconstruction globale basse résolution assurant la cohérence volumique, suivie d'un raffinement local haute résolution par patchs pour restituer les détails fins. Le rapport présente les fondements théoriques, les choix méthodologiques, la structure conceptuelle du pipeline, ainsi que les limites identifiées et les perspectives pour l'implémentation finale dans le cadre du défi.

Catégories et descripteurs de sujets : I.4.5 [**Image Processing and Computer Vision**]: Reconstruction—3D image reconstruction, Optical imaging; I.4.3 [**Image Processing and Computer Vision**]: Enhancement—Deconvolution, Denoising; I.2.6 [**Artificial Intelligence**]: Learning—Deep learning, Neural networks; J.3 [**Life and Medical Sciences**]: Biology and medical imaging

Termes généraux : Algorithms, Performance, Experimentation, Image quality, Reconstruction, Microscopy

Mots-clés additionnels et phrases : Microscopie à feuillet de lumière, Reconstruction 3D, Fusion multivue, Réponse impulsionnelle, Déconvolution, Apprentissage profond, Pipeline global-local, ISBI 2025

Remerciements

Je souhaite remercier **Nicolas Normand** pour m'avoir proposé de travailler sur le défi *FuzeMyCell* et pour son accompagnement tout au long du projet. Ses conseils, son temps et ses indications précieuses ont grandement contribué à orienter ce travail et à en assurer la rigueur scientifique.

Table des matières

Préambule	7
1 Introduction	8
1.1 Présentation de la problématique	8
1.2 Objectifs poursuivis	9
1.3 Travail réalisé	9
1.4 Contribution	10
1.5 Plan de l'étude	10
2 État de l'art	11
2.1 Proposition A — Modèles physiques et déconvolution	11
2.1.1 Présentation	11
2.1.2 Analyse	12
2.2 Proposition B — Méthodes de débruitage et restauration avancée	13
2.2.1 Présentation	13
2.2.2 Analyse	13
2.3 Proposition C — Apprentissage profond supervisé pour la restauration	14
2.3.1 Présentation	14
2.3.2 Analyse	14
2.4 Proposition D — Méthodes auto-supervisées sans vérité terrain	15
2.4.1 Présentation	15
2.4.2 Analyse	15
2.5 Proposition E — Approches spécifiques à la LSFM et à la fusion multivue	16
2.5.1 Présentation	16
2.5.2 Analyse	16
2.6 Proposition F — Réseaux antagonistes global-local pour <i>FuzeMyCell</i>	17
2.6.1 Présentation	17

2.6.2	Analyse	17
2.7	Récapitulatif	18
2.8	Conclusion	18
3	Propositions	20
3.1	Proposition : pipeline global–local inspiré de Wodzinski <i>et al.</i>	20
3.1.1	Idées préliminaires	20
3.1.2	Formalisation du pipeline	21
3.1.3	Algorithme global–local	21
3.1.4	Analyse de la proposition	21
3.2	Conclusion	22
4	Expérimentations et résultats	23
5	Conclusion	24
5.1	Résumé du travail effectué	24
5.2	Enseignements	25
5.3	Perspectives de recherche	25
A	De la citation	31
B	Rappels	32
C	D’autres rappels	33
D	Mesures détaillées	34
E	Fiches de lecture	35
F	Planification	41
G	Fiches de suivi	44

Préambule

Ce rapport s’inscrit dans le cadre du Projet de Recherche et Développement (PRED) mené d’octobre 2025 à janvier 2026 dans la cinquième année du parcours Informatique à Polytech Nantes. Le travail est conduit individuellement, en interaction continue avec mon encadrant Nicolas Normand ainsi qu’avec les travaux déjà engagés autour de ce projet. Ces échanges réguliers ont permis d’orienter la réflexion scientifique, d’affiner les choix méthodologiques et d’assurer la cohérence globale du travail.

Le projet proposé s’intègre dans une thématique de recherche plus large autour de la microscopie à feuillet de lumière (LSFM) et des méthodes de reconstruction volumique. Il participe également à une dynamique nationale portée par France BioImaging, infrastructure regroupant de nombreux laboratoires français travaillant sur l’imagerie du vivant. Dans ce cadre, le défi *FuzeMyCell* constitue l’un des défis officiels de *ISBI 2025*, la conférence internationale de référence en analyse d’images biomédicales. Les défis ISBI fournissent des jeux de données, des méthodologies d’évaluation et un cadre scientifique permettant de comparer des approches innovantes de reconstruction et de traitement d’images.

Le sujet étudié dans ce rapport présente un double intérêt. Sur le plan scientifique, il mobilise des notions centrales de formation d’images en microscopie (réponse impulsionnelle, diffusion, bruit), ainsi que des approches modernes de reconstruction 3D, qu’elles soient supervi-

sées, auto-supervisées ou adversariales. Sur le plan méthodologique, il offre l’opportunité de concevoir un pipeline complet capable de générer, à partir d’une seule vue LSFM, une image équivalente multivue, comparable à celle obtenue par fusion réelle, tout en évitant les contraintes expérimentales de la multivue.

Ce rapport retrace l’ensemble du travail accompli durant cette première phase : étude bibliographique approfondie, analyse du jeu de données et des limitations optiques, exploration des méthodes existantes, et élaboration d’un pipeline global-local adapté au défi. Il constitue ainsi la base méthodologique de la suite du projet, qui portera sur l’implémentation, l’entraînement et l’évaluation des modèles proposés dans le cadre d’*ISBI 2025*.

Introduction

1.1 Présentation de la problématique

La microscopie à feuillet de lumière (Light-Sheet Fluorescence Microscopy, LSFM) s'est imposée ces dernières années comme une technique de référence pour l'imagerie volumique d'échantillons biologiques vivants. En limitant l'illumination au seul plan observé, elle réduit fortement la phototoxicité et permet de capturer rapidement des volumes 3D complets. Cependant, malgré ces avantages, une vue unique obtenue en LSFM souffre de plusieurs limitations majeures : anisotropie de la réponse impulsionnelle (PSF), dégradation du signal et du contraste en profondeur, diffusion, et bruit croissant au sein des régions éloignées du plan focal optimal.

Traditionnellement, ces limitations sont compensées par la microscopie multivue. Cette approche consiste à acquérir plusieurs vues du même échantillon sous différents angles (généralement 2 à 4), puis à les réaligner dans un même référentiel spatial afin de produire une image fusionnée. Cette fusion permet de compenser les dégradations propres à chaque vue, offrant ainsi une image 3D de

meilleure qualité, plus isotrope et plus adaptée aux tâches d'analyse. Toutefois, cette amélioration s'obtient au prix d'une augmentation notable de l'exposition photonique, potentiellement dommageable pour l'échantillon, et nécessite un système optique plus complexe ainsi que des traitements lourds de recalage et de fusion.

Le défi *FuzeMyCell*, organisé par France BioImaging dans le cadre d'ISBI 2025, cherche à dépasser ces limitations en proposant une problématique ambitieuse : prédire une image 3D fusionnée directement à partir d'une seule vue LSFM. L'objectif est de fournir une alternative computationnelle à la multivue réelle, permettant à la fois de réduire l'exposition photonique, d'alléger les contraintes instrumentales et d'améliorer la qualité des images utilisées pour l'analyse biologique. En pratique, il s'agit donc de concevoir un modèle capable de restituer les structures atténuées ou dégradées par la profondeur à partir d'une seule acquisition.

Cependant, cette tâche présente un défi majeur : la capacité du modèle à généraliser. Les images LSFM va-

rient fortement selon l'instrument, les conditions d'acquisition, l'échantillon, la PSF ou encore le niveau de bruit. Un modèle performant doit donc être capable de restituer de manière fiable une qualité "équivalente multivue", même sur des données qu'il n'a jamais vues. Cette difficulté, combinée à la nature volumique et complexe des données, constitue le cœur de la problématique étudiée dans ce rapport.

1.2 Objectifs poursuivis

Dans ce contexte, le travail mené au cours de cette première phase du PRED poursuit quatre objectifs principaux, définis en amont avec l'encadrant et en cohérence avec les exigences du défi :

1. **Comprendre les mécanismes de formation des images LSFM**, en particulier le rôle de la réponse impulsionnelle, du bruit et de la diffusion dans la dégradation des volumes.
2. **Analyser l'état de l'art** des méthodes de restauration et de reconstruction 3D : déconvolution classique, apprentissage supervisé, méthodes auto-supervisées, architectures global-local, et approches adversariales.
3. **Concevoir un pipeline de reconstruction global-local** adapté à la prédiction d'une image équivalente multivue à partir d'une seule vue LSFM, en tenant compte des limites identifiées dans les travaux existants.

4. **Préparer la participation au défi ISBI 2025**, en définissant les fondations théoriques et méthodologiques nécessaires à l'implémentation et à la future évaluation du modèle.

Ces objectifs permettent de cadrer clairement la portée du travail et de structurer l'ensemble des analyses présentées dans ce rapport.

1.3 Travail réalisé

Le travail réalisé à ce stade correspond à la phase exploratoire et méthodologique du projet. Il comprend :

- une étude bibliographique approfondie portant sur la formation des images LSFM, les approches de fusion multivue, les modèles de déconvolution et les méthodes d'apprentissage profond utilisées en reconstruction 3D ;
- la classification des différentes familles de méthodes de reconstruction et l'identification de leurs limites, notamment en termes de généralisation et de complexité computationnelle ;
- l'analyse du jeu de données fourni dans le cadre du défi, incluant les vues uniques, les fusions multivues et les deux canaux considérés (noyaux et membranes) ;
- les premiers éléments conceptuels d'un pipeline global-local, inspiré des approches les plus prometteuses de l'état de l'art, mais adapté aux contraintes spécifiques du défi FuzeMyCell.

Le travail se concentre donc sur la compréhension des enjeux, la structuration d'une approche pertinente et la

préparation de la phase suivante, qui portera sur l’implémentation et l’expérimentation.

1.4 Contribution



1.5 Plan de l’étude

L’ensemble du rapport est structuré de manière progressive afin de guider le lecteur depuis les fondements théoriques jusqu’aux propositions méthodologiques formulées dans ce travail.

Le chapitre 2 présente le contexte scientifique général : les principes de la microscopie LSM, ses limitations intrinsèques, le rôle de France BioImaging dans la mise à disposition des jeux de données et la nature du défi ISBI 2025. Ce chapitre fournit ainsi les éléments nécessaires pour comprendre l’enjeu scientifique et instrumental auquel s’attaque le projet.

Le chapitre 3 décrit en détail le jeu de données Fuze-MyCell, les types d’images disponibles (vue unique et fusion multivue), ainsi que les métriques d’évaluation utilisées pour juger la qualité des prédictions (SSIM, nSSIM, nIOU). Il expose également les difficultés associées à la variabilité des acquisitions et à la généralisation des modèles.

Le chapitre 4 expose les concepts optiques essentiels à la compréhension de la problématique : réponse impulsionnelle du système, bruit et diffusion en profondeur, anisotropie de la résolution et limitations induites par la formation des images LSM. Ces éléments constituent le socle théorique indispensable avant d’aborder la reconstruction.

Le chapitre 5 propose un état de l’art détaillé des méthodes existantes pour la restauration et la reconstruction 3D : déconvolution classique, approches supervisées, méthodes auto-supervisées et architectures global-local ou adversariales. Chaque famille est analysée en regard de ses forces, de ses limites et de son adéquation avec les contraintes du défi.

Le chapitre 6 introduit le pipeline global-local développé dans le cadre de ce travail. Il en présente les motivations, la structure générale et les choix méthodologiques qui en découlent. Le pipeline constitue la proposition centrale de cette première phase du projet.

Enfin, la conclusion générale synthétise les apports de ce rapport intermédiaire et ouvre des perspectives pour la suite du PRED, en particulier l’implémentation, l’entraînement du modèle et l’évaluation comparative des solutions proposées.

État de l’art

L’objectif de ce chapitre est de présenter et d’analyser les principales familles de méthodes mobilisables pour la reconstruction d’images 3D en microscopie à feuillet de lumière (LSFM), dans la perspective du défi *FuzeMyCell*. Plutôt que de résumer chaque article indépendamment, nous regroupons les travaux étudiés en grandes catégories méthodologiques, chacune correspondant à une *proposition* ou famille de propositions :

- modèles physiques et méthodes de déconvolution ;
- méthodes de débruitage avancé ;
- approches d’apprentissage profond supervisé ;
- approches auto-supervisées, sans vérité terrain explicite ;
- méthodes spécifiques à la LSFM et à la fusion multivue ;
- architectures antagonistes global–local, directement liées au défi *FuzeMyCell*.

Pour chaque famille, nous présentons d’abord les principes et les contributions majeures, puis nous discutons leurs forces et leurs limites, en particulier vis-à-vis de la

problématique suivante : prédire une image 3D *équivalente multivue* à partir d’une seule vue LSFM.

2.1 Proposition A — Modèles physiques et déconvolution

2.1.1 Présentation

Une première famille de méthodes repose sur un modèle explicite de formation d’image. Dans ce cadre, le volume observé I_{obs} est modélisé comme la convolution du volume réel I_{rel} par la réponse impulsionnelle (PSF) du système optique, à laquelle s’ajoute du bruit :

$$I_{\text{obs}} = I_{\text{rel}} * h + n,$$

où h désigne la PSF et n un terme de bruit (souvent modélisé comme du bruit de Poisson en imagerie photonique).

L’algorithme de Richardson–Lucy (RL) constitue l’un des piliers historiques de cette approche [Ric72, ?]. Il

s'agit d'une méthode itérative de déconvolution maximale de vraisemblance pour un bruit de Poisson. À partir d'une estimation initiale $I^{(0)}$, l'algorithme applique des mises à jour de la forme :

$$I^{(k+1)} = I^{(k)} \cdot \left(\frac{I_{\text{obs}}}{I^{(k)} * h} * h^* \right),$$

où h^* est la PSF renversée et le quotient est pris point à point. Ce schéma permet de restaurer des détails fins mais tend à amplifier fortement le bruit haute fréquence lorsque le nombre d'itérations augmente.

Des variantes bayésiennes ont été proposées pour introduire des termes de régularisation et mieux contrôler l'augmentation du bruit. Les approches de déconvolution bayésienne multivue [?] intègrent explicitement plusieurs vues d'un même échantillon. Chaque vue est modélisée avec sa propre PSF et son propre niveau de bruit, et l'estimation du volume commun s'effectue via la maximisation d'une postérieure combinant vraisemblance et *a priori* (par exemple de type lissage ou parcimonie).

D'autres travaux proposent une déconvolution « expérimentalement non supervisée » [?], où la PSF et le volume sont ajustés conjointement à partir des données. Enfin, des méthodes telles que SPITFIR [?] combinent déconvolution et régularisation avancée, en s'appuyant sur des modèles statistiques de l'image pour guider l'optimisation.

2.1.2 Analyse

Intérêts de la proposition

Les méthodes de déconvolution présentent plusieurs atouts majeurs :

- **Modélisation physique explicite** de la formation d'image, permettant une interprétation directe des paramètres (PSF, bruit, régularisation) et une compréhension fine des effets de l'optique.
- **Capacité à améliorer la résolution effective** et le contraste lorsque la PSF est correctement estimée, en particulier pour des structures ponctuelles ou quasi-punctiformes.
- **Extension naturelle au cas multivue** : les formulations bayésiennes multivues exploitent l'information combinée de plusieurs angles d'illumination pour reconstruire un volume plus isotrope.
- **Contrôle explicite du compromis netteté/bruit** via des termes de régularisation bien identifiés.

Limites de la proposition

Dans le contexte de *FuzeMyCell*, ces approches présentent cependant des limites importantes :

- **Dépendance forte à la PSF** : une PSF mal mesurée ou variant en profondeur conduit à des artefacts de reconstruction, d'autant plus difficiles à corriger que la géométrie du système est complexe.
- **Amplification du bruit** : les méthodes de type RL tendent à renforcer le bruit haute fréquence après plusieurs itérations, phénomène particulière-

ment problématique en profondeur dans les images LSFM.

- **Coût computationnel** : la déconvolution 3D sur des volumes de grande taille est coûteuse, et la généralisation au multivue accroît encore cette complexité.
- **Adaptabilité limitée** : ces modèles sont conçus pour un couple (PSF, bruit) donné et s’adaptent mal à la variabilité des instruments et des échantillons.

Ces méthodes constituent donc une base conceptuelle indispensable pour comprendre la formation des images LSFM, mais elles ne suffisent pas, à elles seules, pour prédire une fusion multivue à partir d’une vue unique.

2.2 Proposition B — Méthodes de débruitage et restauration avancée

2.2.1 Présentation

Une deuxième famille de méthodes vise principalement le *débruitage* et la restauration locale des images, sans modéliser explicitement la PSF. Parmi elles, BM3D [?] est une méthode de référence. Son principe repose sur :

1. la recherche de blocs similaires dans l’image ;
2. leur regroupement en volumes 3D (piles de patches) ;
3. l’application d’un filtrage collaboratif dans un domaine transformé (par exemple via une transformée en cosinus ou en ondelettes) ;

4. la re-projection des blocs filtrés dans l’espace image.

Ce schéma exploite la redondance non locale de l’image pour distinguer le bruit des structures répétitives.

Des approches bayésiennes de restauration d’image [?] cherchent à modéliser la distribution a priori des patches ou des coefficients transformés. Dans le contexte de la LSFM, ces méthodes peuvent être utilisées comme *pré-traitement* pour améliorer le rapport signal/bruit avant des tâches de segmentation ou de reconstruction plus complexes.

2.2.2 Analyse

Intérêts de la proposition

- **Amélioration significative du rapport signal/bruit** sans nécessiter de connaissance détaillée de la PSF.
- **Robustesse** face à différents types de bruit, grâce à l’exploitation de la redondance non locale.
- **Compatibilité** avec de nombreuses méthodes aval : segmentation, suivi de cellules, mesure morphologique.

Limites de la proposition

- **Absence de correction structurelle globale** : ces méthodes ne compensent pas l’anisotropie de la PSF ni la perte d’information liée à la profondeur.
- **Risque de sur-lissage** : certains détails fins, notamment aux interfaces membranes/noyaux, peuvent être atténués.

- **Prise en compte limitée du contexte volumique** : bien que des variantes 3D existent, la plupart des développements initiaux ciblent des images 2D ou des volumes de taille limitée.

Ces méthodes constituent des briques de pré-traitement utiles, mais ne répondent pas à elles seules à la problématique d’une reconstruction équivalente multivue.

2.3 Proposition C — Apprentissage profond supervisé pour la restauration

2.3.1 Présentation

Avec l’essor de l’apprentissage profond, de nombreuses méthodes supervisées ont été proposées pour la restauration d’images biomédicales. CARE (Content-Aware Image Restoration) [?] est l’une des plus représentatives. Elle repose sur un réseau de type U-Net entraîné sur des paires d’images :

- en entrée, une image dégradée (bruit, flou, faible contraste);
- en sortie, une image *vérité terrain* de meilleure qualité (acquisition longue, plus haute dose, ou multivue).

Le réseau apprend ainsi une transformation non linéaire qui corrige les effets combinés de la PSF et du bruit.

Des variantes 3D et multi-canaux, ainsi que des réseaux résiduels profonds, ont été appliquées à des tâches telles que la super-résolution volumique, la correction

d’artefacts ou la restauration d’images LSFM [?, ?]. Dans ces études, l’apprentissage supervisé permet d’obtenir des améliorations importantes en termes de contraste et de visibilité des structures fines.

2.3.2 Analyse

Intérêts de la proposition

- **Capacité à apprendre des transformations complexes**, au-delà de ce qu’autorise un modèle linéaire basé sur la seule PSF.
- **Très bonnes performances** sur des données similaires à celles d’entraînement, en termes de restauration visuelle et de performance pour la segmentation.
- **Adaptation naturelle au 3D** via des architectures convolutives volumétriques.

Limites de la proposition

- **Nécessité d’une vérité terrain de haute qualité** : CARE suppose l’existence de volumes cibles fiables. Dans FuzeMyCell, la vérité terrain est elle-même une fusion multivue complexe, qui dépend de paramètres de recalage et de PSF.
- **Risque d’overfitting** : un réseau profond entraîné sur un jeu de données limité peut apprendre des artefacts spécifiques et mal généraliser à d’autres microscopes ou échantillons.
- **Hallucinations potentielles** : le réseau peut introduire des structures plausibles mais absentes, ce

qui est problématique pour l'analyse quantitative.

Ces approches sont donc puissantes, mais leur dépendance à une vérité terrain fiable et leur tendance potentielle à halluciner des détails limitent leur applicabilité directe dans le cadre du défi.

2.4 Proposition D — Méthodes auto-supervisées sans vérité terrain

2.4.1 Présentation

Une quatrième famille de méthodes vise explicitement à s'affranchir de la nécessité d'une vérité terrain. Noise2Void (N2V) [?] en est un exemple emblématique. L'idée est d'entraîner un réseau de débruitage à partir d'images bruitées uniquement, en masquant certains pixels (ou voxels) et en demandant au réseau de les prédire à partir de leur voisinage immédiat. Le réseau apprend ainsi à modéliser la structure du signal, tandis que le bruit, supposé aléatoire, est en partie supprimé.

D'autres travaux de déconvolution non supervisée [?] proposent d'ajuster conjointement le volume et la PSF à partir des données expérimentales, en combinant des hypothèses statistiques sur le bruit et des contraintes sur la régularité de l'image.

2.4.2 Analyse

Intérêts de la proposition

- **Indépendance vis-à-vis d'une vérité terrain explicite** : l'entraînement se fait directement sur les

données expérimentales.

- **Amélioration de la qualité des images** sans nécessiter de protocoles d'acquisition longs ou multi-vues.
- **Adaptation aux conditions réelles** : le modèle apprend le bruit et la structure propres au microscope utilisé.

Limites de la proposition

- **Débruitage plutôt que reconstruction** : N2V vise la suppression du bruit aléatoire, mais ne reconstruit pas des structures complètement effacées ou fortement atténuées.
- **Correction limitée de l'anisotropie et de la diffusion** : en l'absence de vérité terrain plus riche, le réseau ne peut pas deviner la structure manquante en profondeur.
- **Contrôle limité de la fidélité quantitative** : il reste difficile de garantir que les intensités corrigées restent strictement cohérentes avec une mesure physique.

Ces méthodes sont donc très pertinentes comme brique de débruitage auto-supervisée, mais ne répondent pas à elles seules à l'objectif d'émuler une fusion multivue.

2.5 Proposition E — Approches spécifiques à la LSFM et à la fusion multivue

2.5.1 Présentation

Plusieurs travaux se concentrent spécifiquement sur la géométrie et l’optique des systèmes LSFM. Les microscopes à faisceau d’Airy [?] et les dispositifs multivues sophistiqués (par exemple IsoView [?]) proposent des architectures permettant d’améliorer l’isotropie de la PSF ou de combiner des vues multiples.

Des articles de synthèse sur la reconstruction en microscopie à feuillet de lumière [?] décrivent les différentes étapes d’un pipeline multivue :

- recalage rigide ou non rigide entre les vues ;
- correction de la PSF et éventuelle déconvolution multivue ;
- stratégie de fusion (pondération par la qualité locale, maximum d’intensité, approches bayésiennes) ;
- post-traitements pour la visualisation ou la segmentation.

Les travaux sur la combinaison multivue avec annotation temporelle (par exemple, MaMuT pour le suivi de cellules dans des embryons [?]) illustrent l’intérêt de ces fusions pour l’analyse biologique : la reconstruction multivue fournit effectivement une *vérité terrain* de référence pour le suivi et la segmentation.

2.5.2 Analyse

Intérêts de la proposition

- **Compréhension fine de la fusion multivue** : ces travaux décrivent précisément comment la vérité terrain du défi est produite.
- **Identification des limitations expérimentales** : phototoxicité, contraintes mécaniques de rotation de l’échantillon, complexité du recalage.
- **Définition claire des objectifs de reconstruction** : meilleure isotropie, correction de la perte de contraste en profondeur, homogénéisation du volume.

Limites de la proposition

- **Dépendance à un dispositif multivue réel** : ces pipelines supposent d’accéder à plusieurs vues, ce que le défi cherche précisément à éviter.
- **Difficulté de généralisation** à d’autres microscopes ou protocoles : chaque système optique nécessite un calibrage particulier.
- **Inadaptation directe à la vue unique** : ces approches définissent la vérité terrain, mais ne disent pas comment la prédire à partir d’une seule acquisition.

Ces travaux jouent donc un rôle de référence : ils fixent ce que l’on cherche à approcher par des méthodes d’apprentissage profond à partir d’une vue unique.

2.6 Proposition F — Réseaux antagonistes global–local pour *FuzeMyCell*

2.6.1 Présentation

La dernière famille de méthodes étudiée est directement liée au défi *FuzeMyCell*. Wodzinski et al. proposent un réseau antagoniste génératif (GAN) en deux étapes pour la fusion d’images LSFM [?].

Le générateur est composé de deux sous-réseaux :

1. un **réseau global 3D** opéré sur une version sous-échantillonnée du volume, chargé de capturer la structure d’ensemble et la cohérence volumique ;
2. un **réseau local 3D** appliqué sur des patches haute résolution, qui affine les détails fins et corrige localement la qualité de l’image.

Un discriminateur 3D est entraîné en parallèle pour distinguer les volumes prédits des fusions multivues de référence. La fonction de coût globale combine une perte adversariale, des termes de type norme L_1 ou L_2 entre prédiction et vérité terrain, et éventuellement des termes structurels (par exemple inspirés du SSIM) afin de stabiliser l’entraînement.

Cette architecture *global–local* reflète une observation clé : un réseau 3D haute résolution ne peut pas, pour des raisons de mémoire, voir l’intégralité du volume à la résolution native, alors qu’un réseau basse résolution seul ne peut pas capturer les structures les plus fines. La combinaison des deux niveaux permet de tirer parti à la fois du contexte global et de la précision locale.

2.6.2 Analyse

Intérêts de la proposition

- **Adaptation directe à la tâche du défi** : l’architecture est conçue pour prédire une image équivalente multivue à partir d’une vue unique.
- **Combinaison explicite global–local** : le réseau global assure la cohérence volumique, tandis que le réseau local corrige les détails.
- **Puissance expressive des GAN** : la perte adversariale incite le générateur à produire des volumes statistiquement proches des fusions multivues.

Limites de la proposition

- **Hallucinations potentielles** : comme pour tout GAN, le générateur peut introduire des structures plausibles mais inexistantes, ce qui pose un problème pour l’analyse quantitative.
- **Difficultés de généralisation** : les résultats du défi 2024 suggèrent des performances moindres sur les jeux de données cachés par rapport aux données d’entraînement.
- **Coût computationnel élevé** : l’entraînement conjoint d’un réseau global 3D, d’un réseau local patch-based et d’un discriminateur 3D nécessite des ressources mémoire et calcul importantes.

Malgré ces limites, cette famille de méthodes est la plus proche de l’objectif du projet. Elle fournit un canevas global–local que nous cherchons à adapter et à stabiliser, en particulier en maîtrisant mieux les risques d’hallucina-

tions et les problèmes de généralisation.

2.7 Récapitulatif

À l’issue de ce travail bibliographique, il est possible de synthétiser les principaux avantages et inconvénients de chaque famille de méthodes. Le tableau 2.1 en propose une vue d’ensemble.

2.8 Conclusion

Les différentes familles de méthodes recensées fournissent chacune une pièce du puzzle posé par le défi *FuzeMyCell*. Les approches de déconvolution et de débruitage offrent un socle théorique pour comprendre les limitations optiques et le rôle de la PSF, mais ne suffisent pas à reproduire une fusion multivue à partir d’une vue unique. Les méthodes supervisées d’apprentissage profond montrent qu’il est possible d’apprendre des transformations très complexes, au prix d’une forte dépendance à la vérité terrain et d’un risque d’hallucination. Les approches auto-supervisées permettent de s’affranchir de cette vérité terrain, mais restent centrées sur le débruitage. Enfin, les architectures antagonistes global–local représentent à ce jour la voie la plus prometteuse pour approcher une image équivalente multivue à partir d’une vue unique LSFM, tout en soulevant des questions de stabilité et de généralisation.

Ce bilan plaide en faveur d’une approche hybride, inspirée à la fois :

- des connaissances optiques et des modèles physiques de formation d’image ;
- des stratégies global–local pour la prise en compte simultanée du contexte volumique et des détails fins ;
- et des mécanismes de régularisation issus des méthodes classiques et auto-supervisées pour limiter les hallucinations.

La conception d’un tel pipeline, adapté aux contraintes du défi *FuzeMyCell*, fait l’objet du chapitre suivant.

Famille de méthodes	Avantages principaux	Inconvénients principaux
A. Déconvolution physique	Modèle explicite de formation d'image; amélioration de la résolution; extension naturelle à la multivue	Forte dépendance à la PSF; amplification du bruit; adaptabilité limitée aux variations d'instrument
B. Débruitage avancé	Amélioration du rapport signal/bruit; robustesse au bruit; compatible avec de nombreuses tâches aval	Pas de correction structurelle globale; sur-lissage possible; prise en compte limitée du contexte volumique
C. Apprentissage supervisé	Très bonnes performances sur données proches; apprentissage de transformations complexes; architectures 3D naturelles	Nécessite une vérité terrain fiable; risque d'overfitting; hallucinations possibles
D. Auto-supervisé / sans vérité terrain	Pas besoin de vérité terrain explicite; entraînement directement sur données réelles; amélioration de la qualité sans acquisitions lourdes	Vise surtout le débruitage; corrige peu l'anisotropie; fidélité quantitative difficile à garantir
E. Approches LSFM/multivue	Compréhension fine de la vérité terrain; mise en évidence des limites expérimentales; définition claire des objectifs de reconstruction	Nécessitent un dispositif multivue réel; difficiles à généraliser; inapplicables directement à la vue unique
F. GAN global-local	Adapté à la tâche FuzeMyCell; combinaison explicite global-local; forte expressivité	Hallucinations potentielles; généralisation délicate; coût computationnel important

TABLE 2.1 – Synthèse des familles de méthodes étudiées pour la reconstruction d'images LSFM.

Propositions

Avant d'exposer la proposition méthodologique retenue, il est important de préciser que le présent chapitre ne constitue pas une version définitive de la solution envisagée pour le défi *FuzeMyCell*. À ce stade du projet, nous disposons déjà du jeu de données, mais son exploration approfondie, l'analyse statistique et les premiers entraînements n'ont pas encore pu être réalisés. Les choix décrits ici sont donc susceptibles d'évoluer au fur et à mesure des expérimentations et de la compréhension fine des données.

Nous nous appuyons explicitement sur les travaux de Wodzinski *et al.*, vainqueurs du défi 2025, dont l'architecture en deux étapes (prédiction globale suivie d'un raffinement local patch-based) a démontré un excellent compromis entre cohérence volumique et précision locale. Leur approche constitue un point de départ solide. Toutefois, plusieurs limites identifiées dans leur article – notamment le coût d'entraînement, la difficulté de généralisation et la sensibilité des métriques normalisées – ouvrent des pistes d'amélioration que nous explorons ici.

L'objectif de ce chapitre est donc de formuler une première proposition d'architecture global-local adaptée au défi, en identifiant les principes essentiels à conserver et les points à optimiser.

3.1 Proposition : pipeline global-local inspiré de Wodzinski *et al.*

3.1.1 Idées préliminaires

L'étude de l'état de l'art a permis d'identifier plusieurs constats importants :

- La vue unique LSFM présente une résolution anisotrope et une dégradation rapide du signal en profondeur, rendant difficile l'obtention d'une vérité terrain équivalente multivue.
- Les approches monothétiques (réseaux 3D entièrement convolutifs) peinent à gérer des volumes entiers en haute résolution en raison des contraintes mémoire.

- Les méthodes patch-based seules souffrent d'un manque de cohérence globale : chaque patch prédit indépendamment peut créer des discontinuités.

Le travail de Wodzinski *et al.* combine les avantages de ces deux approches :

- une **prédiction globale basse résolution** permettant de capturer la structure volumique du signal ;
- un **raffinement local haute résolution**, conditionné à la prédiction globale pour assurer cohérence et précision ;
- une **perte adversariale contrôlée** améliorant la qualité du détail sans provoquer trop d'hallucinations.

Ce paradigme global-local constitue une base efficace pour notre projet. Nous proposons donc une version adaptée, plus légère et mieux contrôlée pour faciliter l'entraînement et améliorer la généralisation sur les données du défi.

3.1.2 Formalisation du pipeline

On note :

- X : la vue unique LSFM en entrée ;
- $S(\cdot)$: une opération de sous-échantillonnage (downsampling contrôlé) ;
- G_{glob} : le réseau global basse résolution ;
- $U(\cdot)$: l'opération d'upscaling ;
- G_{loc} : le réseau patch-based local ;
- \hat{Y} : la prédiction multivue équivalente finale.

Le pipeline se décompose en trois étapes :

1. Prédiction globale basse résolution

$$X_{\text{glob}} = S(X), \quad \hat{Y}_{\text{glob}} = G_{\text{glob}}(X_{\text{glob}}), \quad \hat{Y}_{\text{glob}}^+ = U(\hat{Y}_{\text{glob}})$$

2. Raffinement local patch-based, conditionné par \hat{Y}_{glob}^+

3. Fusion des prédictions locales pour produire \hat{Y}

3.1.3 Algorithme global-local

Algorithme 1 Pipeline global-local basé sur une vue unique LSFM

Vue unique X Prédiction fusionnée \hat{Y} **Étape 1 :**
Prédiction globale $X_{\text{glob}} \leftarrow S(X)$ $\hat{Y}_{\text{glob}} \leftarrow G_{\text{glob}}(X_{\text{glob}})$ $\hat{Y}_{\text{glob}}^+ \leftarrow U(\hat{Y}_{\text{glob}})$ **Étape 2 :** **Raffinement local** chaque patch (i, j, k) Extraire $X_{\text{loc}}^{(i,j,k)}$ et $Y_{\text{glob}}^{(i,j,k)}$ $\hat{Y}_{\text{loc}}^{(i,j,k)} \leftarrow G_{\text{loc}}(X_{\text{loc}}^{(i,j,k)}, Y_{\text{glob}}^+)$ **Étape 3 :** **Fusion des patches** Combiner les prédictions locales pour obtenir \hat{Y}

3.1.4 Analyse de la proposition

Forces

- Le modèle capture la structure globale du volume malgré la mémoire limitée.
- Le conditionnement par la prédiction globale assure une bonne cohérence spatiale.
- Le raffinement local améliore la précision des détails.

- L’architecture s’adapte naturellement aux métriques d’évaluation du défi (nSSIM, nIOU).
- La limitation de la perte adversariale réduit le risque d’hallucinations.

Limites

- L’entraînement reste coûteux, même dans une version allégée de celle de Wodzinski *et al.*.
- La qualité dépend fortement de la stratégie de fusion des patches.
- La généralisation devra être vérifiée expérimentalement sur le jeu de test interne et externe.

3.2 Conclusion

Cette première proposition s’inscrit dans la continuité du meilleur pipeline identifié lors du défi ISBI 2025, tout en cherchant à en réduire la complexité et à en améliorer la robustesse. Elle constitue une base méthodologique solide pour les expérimentations ultérieures. Les prochains travaux consisteront à :

- explorer le jeu de données de manière détaillée ;
- implémenter le pipeline global–local ;
- définir et tester les pertes adaptées au défi ;
- évaluer empiriquement la qualité et la stabilité du modèle.

Les résultats obtenus permettront d’affiner ou d’ajuster la proposition présentée dans ce chapitre.

Expérimentations et résultats

À ce stade de l'avancement du projet, nous disposons de l'ensemble des données du défi *FuseMyCells* et d'une compréhension approfondie des objectifs méthodologiques. Cependant, les implémentations nécessaires au pipeline global-local ne sont pas encore suffisamment avancées pour permettre la conduite d'expérimentations pertinentes ou la production de résultats exploitables. Par conséquent, cette section ne présente pour l'instant aucun résultat numérique ni analyse qualitative. De ce fait elle est pour le moment vide.

Conclusion

À l'issue de cette première phase du projet, il est possible de dresser un bilan clair du travail accompli et d'identifier les pistes méthodologiques qui guideront la suite de notre participation au défi *FuseMyCells* de l'ISBI 2025. Ce rapport a permis de poser les fondations théoriques, techniques et conceptuelles nécessaires à la mise en place d'un pipeline de reconstruction 3D équivalente multivue à partir d'une unique acquisition LSFM, une problématique qui s'inscrit au cœur des recherches actuelles en imagerie biomédicale et en apprentissage profond.

5.1 Résumé du travail effectué

Le travail réalisé s'est articulé autour de plusieurs étapes complémentaires. Nous avons d'abord établi un état de l'art approfondi, structuré autour des grandes familles de méthodes impliquées dans la reconstruction volumique : déconvolution physique (Richardson–Lucy, modèles bayésiens), optimisation et débruitage (BM3D,

SPITFIR), apprentissage supervisé (CARE, DMI), approches auto-supervisées (Noise2Void), ainsi que les stratégies spécifiques à la microscopie multivue et à la formation des images en LSFM. Cette synthèse critique a permis d'identifier les forces et les limites de chaque approche au regard des contraintes du défi.

Nous avons ensuite étudié en détail les contributions publiées lors des éditions précédentes du défi, en particulier le modèle en deux étapes (*Two-Step Adversarial Network*) proposé par l'équipe victorieuse. Cette analyse a servi de base à la définition d'un pipeline global–local adapté à notre problématique.

Parallèlement, les premières réflexions méthodologiques ont été engagées concernant la structure du pipeline envisagé : une étape globale à basse résolution capturant la géométrie d'ensemble, suivie d'une étape locale concentrée sur les détails fins. Enfin, nous avons préparé l'organisation générale du développement expérimental, même si les implémentations ne sont pas encore suffisamment avancées pour présenter des résultats.

5.2 Enseignements

Plusieurs enseignements clés émergent de ce travail préparatoire.

Tout d’abord, l’analyse de la littérature a confirmé que la formation d’image en LSFM présente des contraintes fortes anisotropie de la PSF, diffusion, baisse du signal en profondeur rendant la reconstruction équivalente multivue difficile à réaliser sans modélisation explicite des phénomènes optiques.

Ensuite, l’étude des approches existantes met en évidence que les méthodes classiques, bien que théoriquement solides, peinent à généraliser dans des contextes bruités ou fortement anisotropes. Les approches d’apprentissage profond, en particulier les architectures adversariales, offrent un gain substantiel lorsqu’elles sont utilisées avec prudence et encadrées par une bonne compréhension des limites optiques.

Enfin, le travail mené insiste sur la nécessité d’un pipeline hybride — combinant informations globales et détails locaux — pour répondre efficacement aux objectifs du défi. La structuration méthodologique établie ici constitue ainsi un socle robuste pour la suite du projet.

5.3 Perspectives de recherche

Les perspectives pour la seconde phase du projet sont nombreuses et clairement définies.

Dans un premier temps, il s’agira d’implémenter entièrement le pipeline global–local défini dans ce rapport, en s’inspirant du travail du vainqueur tout en apportant

plusieurs améliorations possibles : meilleure gestion de la généralisation, intégration de modules spécifiques à la PSF, stratégies de normalisation adaptées à la LSFM, ou encore mécanismes attentionnels pour la fusion locale.

Dans un second temps, l’accès désormais disponible aux données du défi permettra de mettre en place les premières expérimentations : exploration du jeu de données, tests d’intégrité, visualisations préliminaires, normalisation, et détermination des paramètres critiques (patches, résolutions intermédiaires, métriques de validation).

Enfin, une fois l’implémentation stabilisée, le travail se poursuivra par le développement d’un protocole d’entraînement rigoureux, l’évaluation comparative des modèles obtenus et l’analyse des limites rencontrées. Ces étapes permettront non seulement de préparer notre participation au défi ISBI 2025, mais également d’envisager des prolongements scientifiques plus larges, notamment autour de la reconstruction volumique à partir de données limitées et du rôle des modèles physiques dans l’apprentissage profond.

Ainsi, cette première phase a posé les bases du travail à venir : les fondations méthodologiques sont désormais établies, et les développements techniques pourront être engagés de manière progressive et structurée dans la suite du projet.

Bibliographie

- [BR17] Esra Belthangady and Loic A. Royer. Deep learning for microscopy. *Nature Methods*, 2017.
- [DFKE07] Kostadin Dabov, Alessandro Foi, Vladimir Katkovnik, and Karen Egiazarian. Image denoising by sparse 3d transform-domain collaborative filtering. *IEEE Transactions on Image Processing*, 16(8) :2080–2095, 2007. 39
- [DST⁺18] Thomas B. DeMarini, Spencer Shorte, Jean-Yves Tinevez, et al. Image reconstruction in light-sheet microscopy. *Nature Communications*, 2018.
- [HWL⁺23] S. Huang, Z. Wang, H. Li, X. Li, et al. Airy beam light sheet microscopy boosted by deep learning deconvolution. *Optics Express*, 31(6) :10918–10933, 2023. 40
- [KH⁺23] A. Kalhor, M. A. Haider, et al. Spitfir(e) : Spatially-invariant and explainable image restoration for fluorescence microscopy. *Scientific Reports*, 2023. 40
- [KKJP13] V. V. Kravtsov, V. V. Kravtsov Jr., and K. S. Pivovarov. Airy beam light-sheet microscopy. *Journal of Biomedical Optics*, 18(7), 2013.
- [KWS08] Philipp J. Keller, Annette D. Schmidt, Reinhard Wittbrodt, and Ernst H. K. Stelzer. Whole-animal functional and developmental imaging with isotropic spatial resolution. *Nature Methods*, 2008. 36
- [KVJ19] Alexander Krull, Tomas Vicar, and Florian Jug. Noise2void : Learning denoising from single noisy images. *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 2019. 38
- [Luc72] L. B. Lucy. An iterative technique for the rectification of observed distributions. *The Astronomical Journal*, 1972. 39
- [PAS⁺14] Stephan Preibisch, Fernando Amat, Evangelia Stamataki, et al. Efficient bayesian-based multi-view deconvolution for light-sheet microscopy. *Nature Methods*, 2014. 36
- [PST10] Stephan Preibisch, Stephan Saalfeld, and Pavel Tomancak. Software for multi-view light-sheet microscopy image reconstruction. *Nature Methods*, 2010. 36
- [Ric72] William H. Richardson. Bayesian-based iterative method of image restoration. *Journal of the Optical Society of America*, 1972. 11

- [RLC⁺18] Loic A. Royer, William C. Lemon, Amit Chhetri, et al. Deep learning enables cross-modality super-resolution in fluorescence microscopy. *Nature Methods*, 2018. 38
- [TOH17] M. Temerinac-Ott and J. Huiskens. Experimentally unsupervised deconvolution for multiview light-sheet microscopy. *Nature Communications*, 2017.
- [TONH11] M. Temerinac-Ott, K. Nitschke, and J. Huiskens. Deconvolution of multiview light-sheet data. In *Proceedings of IEEE International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, 2011.
- [TS96] H. J. Trussell and M. I. Sezan. Bayesian-based iterative method for image restoration. *Journal of Visual Communication and Image Representation*, 1996.
- [WBM⁺23] Michal Wodzinski, Matthew D. Berginski, Caitlyn L. McCaffrey, Brian C. Parks, Timothy J. Zolnik, et al. 3-d image-to-image fusion in light-sheet microscopy by two-step adversarial network : Contribution to the fusemycells challenge. *arXiv preprint*, 2023. 35
- [WSB⁺18] Martin Weigert, Uwe Schmidt, Tobias Boothe, et al. Content-aware image restoration : Pushing the limits of fluorescence microscopy. *Nature Methods*, 2018. 37
- [WTP⁺18] Carsten Wolff, Jean-Yves Tinevez, Tobias Pietzsch, et al. Multi-view light-sheet ima-

ging and tracking with the mamut software reveals the cell lineage of a direct developing arthropod limb. *eLife*, 2018. 37

Table des figures

F.1	Planification prévisionnelle	42
F.2	Planning effectif	43
H.1	Points à contrôler à l'issue de la phase I	50
H.2	Points à contrôler à l'issue de la phase II	51

Liste des tableaux

2.1	Synthèse des familles de méthodes étudiées pour la reconstruction d'images LSFM.	19
G.1	Avancement du projet par rapport au temps de travail théorique minimal (respectivement haut)	48

Liste des algorithmes

1	Pipeline global–local basé sur une vue unique LSM	21
---	--	----



De la citation



Rappels



D'autres rappels



Mesures détaillées



Fiches de lecture

3-D Image-to-Image Fusion in Light-Sheet Microscopy by Two-Step Adversarial Network.

Résumé. L'article de Wodzinski *et al.* [WBM⁺23] présente une méthode de fusion à partir d'une seule vue en microscopie à feuillet de lumière pour le défi *FuseMyCells*. Les auteurs proposent un réseau en deux étapes : un premier U-Net 3D basse résolution qui voit l'intégralité du volume et produit une reconstruction globale grossière, puis un second réseau patch-based haute résolution qui raffine localement les détails. La formation est formulée dans un cadre adversarial, avec un discriminateur qui compare la prédiction à la vérité terrain multivue. Les auteurs montrent que cette approche permet de produire des images équivalentes multivue en améliorant nettement la résolution axiale et le rapport signal sur bruit, tout en réduisant le coût expérimental (une seule vue) par rapport à la fusion multivue classique.

Analyse. Cet article constitue le point de référence direct pour notre projet : il s'agit de la solution gagnante pour le défi FuseMyCell 2024. Il illustre clairement l'intérêt d'une architecture *global-local* pour contourner la limite mémoire des volumes 3D complets. Il montre aussi que l'adversarial n'est pas suffisant en soi : le réseau doit être guidé par une vue globale cohérente. Pour notre PRED, ce travail sert de base à la définition du pipeline et des briques nécessaires (réseau global, réseau local, fonction de coût), mais il laisse ouverte la question de la généralisation à d'autres types de données, du contrôle de la stabilité du GAN et de la robustesse aux variations de PSF et de bruit, que nous cherchons à analyser et améliorer.

Software for Multi-View Light-Sheet Microscopy Image Reconstruction.

Résumé. Dans [PST10], Preibisch *et al.* décrivent un pipeline complet de reconstruction multivue pour la microscopie à feuillet de lumière : calibration géométrique, enregistrement des vues, modélisation de la réponse impulsionnelle (PSF) et fusion des volumes. La fusion est formulée comme un problème de maximum de vraisemblance, résolu par une déconvolution itérative de type Richardson–Lucy adaptée au cas multivue. L’article insiste sur la compensation de l’anisotropie de PSF et de la perte de signal en profondeur grâce aux vues complémentaires, et illustre l’approche sur des échantillons entiers (embryons de poisson, drosophile).

Analyse. Ce travail constitue un pilier de l’état de l’art en reconstruction multivue LSFM. Il fixe la « vérité terrain » instrumentale que l’on cherche à approcher : une image fusionnée isotrope, reconstruite à partir de plusieurs vues enregistrées et déconvolues. Dans le cadre de FuseMyCell, ce pipeline n’est pas directement exploitable (il suppose plusieurs acquisitions), mais il fournit la référence physique et algorithmique à reproduire avec une seule vue. Il met aussi en avant les limites pratiques : complexité de la calibration, coût en photons, temps de calcul de la déconvolution, qui motivent le recours à l’apprentissage profond.

Efficient Bayesian-Based Multi-View Deconvolution for Light-Sheet Microscopy.

Résumé. Dans [PAS⁺14], les mêmes auteurs étendent la déconvolution multivue en proposant une formulation bayésienne plus efficace, intégrant explicitement les incertitudes sur les PSF et sur le bruit. Ils dérivent un schéma itératif qui généralise Richardson–Lucy au cas multivue et exploitent des optimisations numériques (blocage par vues, parallélisation) pour traiter des volumes très volumineux. Les résultats montrent une amélioration nette de la résolution et de la qualité de contraste, avec un temps de calcul réduit par rapport aux approches naïves.

Analyse. Cet article raffine les bases théoriques de la fusion multivue et clarifie le rôle de la PSF, du bruit et des hypothèses statistiques. Il souligne aussi que la déconvolution multivue idéale reste coûteuse et sensible aux erreurs de modèle. Pour notre projet, il sert de référence pour comprendre ce que signifie « vérité terrain » en reconstruction : un compromis entre modèle physique détaillé et contraintes de calcul. Il justifie l’idée de remplacer explicitement la déconvolution par un réseau entraîné à imiter son effet, tout en gardant en tête les limites liées aux variations de PSF et de conditions expérimentales.

Whole-Animal Functional and Developmental Imaging with Isotropic Spatial Resolution.

Résumé. Keller *et al.* [KWS08] présentent IsoView et des configurations de microscopie à feuillet de lumière permettant d’obtenir une résolution quasi isotrope sur des

organismes entiers en combinant plusieurs vues. Ils décrivent en détail la géométrie des acquisitions, les limites optiques (diffusion, aberrations) et l’impact de la PSF sur la résolution axiale. La fusion multivue permet de reconstruire des volumes 3D détaillés et temporels, ouvrant la voie à l’imagerie fonctionnelle et développementale à grande échelle.

Analyse. Cet article apporte le contexte expérimental : il montre ce que permet la multivue en pratique, mais aussi pourquoi elle est difficile à généraliser en routine (montages complexes, acquisitions longues, phototoxicité). Il légitime l’objectif du défi FuseMyCell : obtenir des volumes comparables à ces reconstructions isotropes, mais à partir d’une seule vue. Dans notre PRED, ce travail sert de cadre pour discuter les contraintes optiques (PSF anisotrope, dégradation en profondeur) et pour définir les critères de « bonne » reconstruction (isotropie, conservation des structures fines).

Multi-View Light-Sheet Imaging and Tracking with the MaMuT Software.

Résumé. Wolff *et al.* [WTP⁺18] introduisent MaMuT, un logiciel dédié à l’annotation et au suivi de cellules dans des données LSFM multivues volumineuses. L’article se concentre sur la gestion de gros volumes, la visualisation multi-angle, la définition de lignées cellulaires et la reproductibilité des annotations. Il illustre l’outil sur le développement d’un membre d’arthropode,

en exploitant pleinement les reconstructions multivues pour suivre les cellules dans le temps.

Analyse. Bien que MaMuT ne soit pas une méthode de reconstruction, cet article montre clairement pourquoi la qualité de la fusion multivue est cruciale pour l’analyse biologique : segmentation, tracking et quantification dépendent directement de la netteté et de l’isotropie du volume final. Pour FuseMyCell, cela rappelle que la métrique « visuelle » ne suffit pas : le but est d’obtenir des volumes utilisables par des pipelines d’analyse ultérieurs. Cet article renforce l’idée que la qualité doit être évaluée à la fois au niveau pixel (N_SSIM) et au niveau segmentation/utilisation.

Content-Aware Image Restoration : Pushing the Limits of Fluorescence Microscopy (CARE).

Résumé. Weigert *et al.* [WSB⁺18] proposent CARE, un réseau de restauration supervisé qui apprend à mapper des images de microscopie bruitées ou dégradées vers des images de haute qualité (vérité terrain) acquises en conditions optimales. L’approche repose sur un U-Net 2D/3D entraîné avec une perte de type MSE/MAE, et est appliquée à la débruitage, la super-résolution ou la restauration après sous-échantillonnage. Les auteurs montrent des gains importants sur la qualité visuelle et la quantité de photons nécessaires, à condition de disposer de couples d’images dégradées / vérité terrain.

Analyse. CARE est un modèle essentiel pour notre projet car il formalise la restauration d’images comme une régression supervisée image-à-image. Cependant, il requiert une vérité terrain expérimentale, ce qui n’est pas réaliste dans FuseMyCell (on ne peut pas acquérir pour chaque vue une fusion multivue complète). L’article sert donc à la fois de modèle et de contre-exemple : l’architecture et les idées (réseau de restauration, pertes de régression) sont intéressantes, mais la dépendance à la vérité terrain limite son applicabilité directe. Cela motive l’exploration de variantes non supervisées ou adversariales.

Deep Learning Enables Cross-Modality Super-Resolution in Fluorescence Microscopy.

Résumé. Royer *et al.* [RLC⁺18] montrent que des réseaux de deep learning peuvent apprendre à prédire des images de haute résolution ou de haute qualité à partir d’images acquises dans un autre mode (microscopie confocale, LSM, etc.). L’article introduit un cadre de « cross-modality super-resolution » où un réseau entraîné sur des paires d’images (mode basse résolution / mode haute résolution) apprend à reproduire les caractéristiques de la modalité cible. Les auteurs démontrent des améliorations importantes sur des données biologiques volumineuses.

Analyse. Ce travail illustre un point clé pour FuseMyCell : on peut utiliser des acquisitions coûteuses (multivue, haute résolution) comme vérité terrain pour entraî-

ner un modèle qui, ensuite, travaille à partir de données plus simples (monovue, basse résolution). Il justifie la stratégie du défi, où la fusion multivue sert de vérité terrain pour guider un réseau appliqué à une seule vue. L’article souligne toutefois les risques de sur-apprentissage à un type d’échantillon ou de montage précis, ce qui pose la question de la généralisation que nous discutons dans notre analyse critique.

Noise2Void : Learning Denoising from Single Noisy Images.

Résumé. Krull *et al.* [KVJ19] proposent Noise2Void, une méthode de débruitage auto-supervisée qui apprend à prédire le signal à partir du contexte, sans jamais voir la valeur cible de chaque pixel. Le réseau est entraîné à partir d’images bruitées seules, en « masquant » certains pixels et en demandant au réseau de les reconstruire à partir de leurs voisins. Cette approche permet de s’affranchir de vérités terrain propres, tout en atteignant des performances proches de méthodes supervisées sur des images de microscopie.

Analyse. Noise2Void montre qu’il est possible d’apprendre une transformation image-à-image utile (ici, le débruitage) sans vérité terrain explicite, ce qui est très pertinent pour FuseMyCell. Même si la tâche n’est pas la même (reconstruction multivue vs débruitage), la philosophie auto-supervisée pourrait inspirer des variantes où le réseau s’entraînerait sur des contraintes internes

aux données (symétries, projections, consistency losses). Dans notre projet, cet article est un exemple important d’approche qui contourne la nécessité de vérités terrain parfaites, ce qui est exactement l’une de nos contraintes.

Image Denoising by Sparse 3D Transform-Domain Collaborative Filtering (BM3D).

Résumé. Dabov *et al.* [DFKE07] introduisent BM3D, une méthode de débruitage fondée sur le regroupement de patches similaires en blocs 3D, suivie d’une transformée (par exemple, en cosinus) et d’un seuillage des coefficients. L’algorithme exploite la redondance non locale des patches pour séparer bruit et signal, et reste une référence classique en débruitage d’images, avec une extension aux volumes 3D.

Analyse. BM3D n’est pas spécifique à la microscopie, mais fournit un point de comparaison important pour les méthodes de restauration apprises. Il montre ce que l’on peut obtenir avec des modèles « explicites » basés sur la parcimonie et la redondance, sans apprentissage. Dans notre état de l’art, il sert de baseline conceptuelle pour évaluer la valeur ajoutée des approches profondes (CARE, Noise2Void, SPITFIR(e)) en termes de maîtrise du bruit sans lisser les structures fines cruciales pour l’analyse cellulaire.

Bayesian-Based Iterative Method of Image Restoration / An Iterative Technique for the Rectification of Observed Distributions.

Résumé. Les travaux de Richardson [?] et Lucy [Luc72] introduisent la méthode de Richardson–Lucy, un algorithme itératif de restauration d’image basé sur un modèle de convolution avec une PSF connue et un bruit de type Poisson. À chaque itération, l’image estimateur est corrigée en utilisant le ratio entre l’image observée et l’image reconstruite, reconvolué par la PSF conjuguée. L’algorithme garantit des estimations positives et converge vers le maximum de vraisemblance sous certaines hypothèses.

Analyse. Richardson–Lucy est au cœur de nombreuses approches de déconvolution en microscopie, y compris celles utilisées pour la reconstruction multi-vue. Dans notre projet, cet algorithme sert de référence théorique pour comprendre comment la PSF et le bruit sont modélisés et pourquoi les reconstructions profondes cherchent à imiter son effet. Il rappelle aussi les limites pratiques : amplification du bruit avec le nombre d’itérations, besoin d’une PSF précise, sensibilité au modèle. Ces contraintes motivent l’idée de déléguer la « déconvolution effective » à un réseau, tout en gardant en tête la physique sous-jacente.

Airy Beam Light-Sheet Microscopy Boosted by Deep Learning Deconvolution.

Résumé. Dans [HWL⁺23], les auteurs combinent un éclairage par faisceau d’Airy avec une déconvolution basée sur deep learning pour améliorer la qualité des images LSFM. Le faisceau d’Airy permet d’obtenir une feuille de lumière plus étendue avec une meilleure invariance axiale, mais au prix d’un PSF plus complexe. Un réseau de déconvolution entraîné sur données simulées et expérimentales est alors utilisé pour récupérer un signal net et bien résolu. Les expériences montrent un gain important sur la résolution et le contraste, tout en conservant les avantages d’excitation du faisceau d’Airy.

Analyse. Cet article relie directement les aspects optiques (choix du faisceau, forme de la PSF) et les aspects algorithmiques (déconvolution profonde). Il montre que le deep learning peut compenser des PSF inhabituelles tant que le processus est bien modélisé. Pour FuseMyCell, il illustre une approche proche de la nôtre : utiliser l’apprentissage pour inverser une combinaison de PSF anisotrope et de bruit. Il suggère également l’importance de données simulées et de modèles physiques pour enrichir l’entraînement, ce qui est une piste de travail possible pour améliorer la généralisation du pipeline global–local.

SPITFIR(e) : Spatially-Invariant and Explainable Image Restoration for Fluorescence Microscopy.

Résumé. SPITFIR(e) [KH⁺23] propose une méthode de restauration d’images de fluorescence fondée sur un modèle énergétique explicite, qui combine une

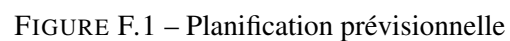
vraisemblance statistique et des termes de régularisation adaptés aux images biologiques. L’approche cherche à rester interprétable, en explicitant les hypothèses sur le bruit et la structure du signal, tout en conservant de bonnes performances de débruitage et de rehaussement des structures.

Analyse. Cet article se place à mi-chemin entre les approches purement physiques et les méthodes de deep learning. Il rappelle l’importance de la transparence des modèles de restauration, notamment en contexte biomédical. Pour notre projet, SPITFIR(e) apporte un contrepoint intéressant aux réseaux « boîtes noires » : il suggère que des hybrides entre modèles explicites et réseaux pourraient être pertinents, par exemple en imposant des régularisations inspirées de la physique dans la fonction de coût. Il souligne aussi que la qualité de la restauration ne se réduit pas à des métriques globales : il faut préserver les détails importants pour l’analyse biologique.



Planification

Début du projet :	20/10/2025	
Semaine d'affichage :	1	



Chef de projet : Nael Klein

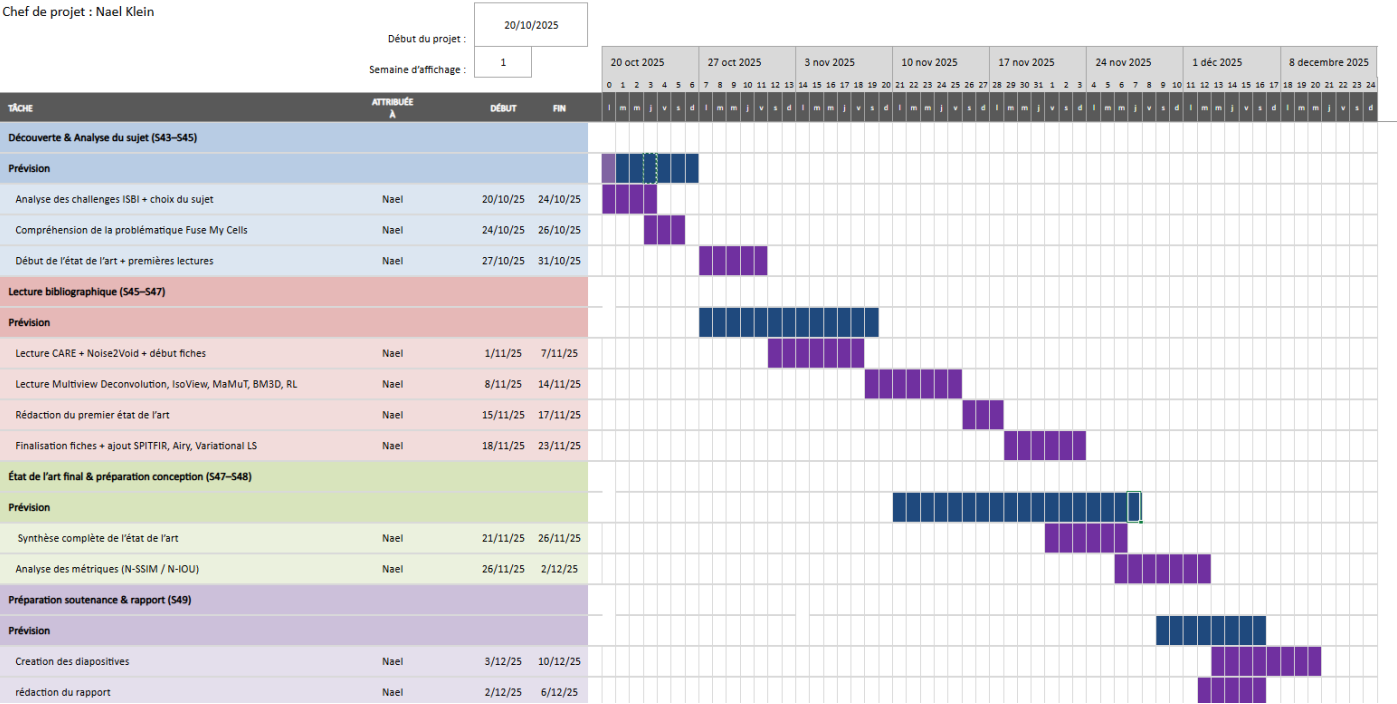


FIGURE F.2 – Planning effectif



Fiches de suivi

Fiche de suivi de la semaine 1 du 28 octobre 2025 au 3 novembre 2025

Temps de travail de Nael KLEIN: 3 h 00 m

Travail effectué.

- Étude préliminaire du challenge Fuse My Cells.
- Lecture des premiers articles fournis dans le cadre du projet.
- Analyse du contexte général du challenge et des objectifs techniques.

Travail non effectué.

- Aucun point particulier signalé.

Échanges avec le commanditaire.

- Aucun échange particulier : prise en main autonome du sujet.

Planification pour la semaine prochaine.

- Approfondir la lecture de l'état de l'art.
- Préparer la liste des articles essentiels à analyser.
- Définir les premières pistes méthodologiques.

Fiche de suivi de la semaine 2 du 11 novembre 2025 au 17 novembre 2025

Temps de travail de Nael KLEIN: 4 h 00 m

Travail effectué.

- Lecture approfondie d'articles clés en préparation de l'état de l'art.
- Début de rédaction des premières fiches de lecture.
- Analyse des objectifs spécifiques imposés par le challenge.

Travail non effectué.

- Aucun point notable.

Échanges avec le commanditaire.

- Échanges ponctuels pour validation des sources bibliographiques.

Planification pour la semaine prochaine.

- Continuer la rédaction des fiches de lecture.
- Finaliser la synthèse des publications majeures.

Fiche de suivi de la semaine 3
du 18 novembre 2025 au 24 novembre 2025

Temps de travail de Nael KLEIN: 2 h 00 m

Travail effectué.

- Analyse détaillée des métriques N-SSIM et N-IOU du challenge.
- Avancement significatif dans l'écriture de l'état de l'art.
- Vérification et mise à jour des liens bibliographiques.

Travail non effectué.

- Aucun point particulier.

Échanges avec le commanditaire.

- Courtes discussions sur la structuration de la bibliographie.

Planification pour la semaine prochaine.

- Finaliser l'état de l'art.
- Structurer le chapitre « Propositions ».

- Lecture approfondie de SPITFIR(e) [?].
- Lecture de Airy Beam Light-Sheet + Deep Learning.
- Lecture de Variational Light-Sheet Reconstruction.
- Finalisation complète des fiches de lecture.
- Synthèse totale de l'état de l'art.
- Vérification de l'accessibilité des PDFs et de la bibliographie.
- Création du dépôt Git : <https://github.com/Nael-internship/Pred-SIBM-Fuse-My-Cells.git>.

Travail non effectué.

- Aucun point.

Échanges avec le commanditaire.

- Aucun échange cette semaine (travail en autonomie).

Planification pour la semaine prochaine.

- Début de la conception méthodologique.
- Analyse approfondie des métriques d'évaluation.
- Structuration du rapport et début des schémas.
- Ajout des méthodes au dépôt Git.

Fiche de suivi de la semaine 4
du 25 novembre 2025 au 1 décembre 2025

Temps de travail de Nael KLEIN: 7 h 00 m

Travail effectué.

Fiche de suivi de la semaine 5
du 2 décembre 2025 au 8 décembre 2025

Temps de travail de Nael KLEIN: 6 h 30 m

Travail effectué.

- Structuration du pipeline complet du projet (global/local).
- Définition précise des tailles de patches et résolutions.
- Préparation du plan de soutenance et début des diapositives.
- Travail sur les métriques N-SSIM et N-IOU.
- Préparation des éléments à valider avec l'encadrant.

Travail non effectué.

- Absence d'expérimentation (pas d'accès aux données).
- Pas de calcul de métriques.

Échanges avec le commanditaire.

- Aucun échange direct cette semaine.
- Préparation du support destiné à validation ultérieure.

Planification pour la semaine prochaine.

- Finalisation des diapositives de soutenance.
- Rédaction du texte oral.
- Validation du pipeline avec l'encadrant.
- Intégration progressive dans la partie « Conception ».

Fiche de suivi de la semaine 6 du 9 décembre 2025 au 15 décembre 2025

Temps de travail de Nael KLEIN: 20 h 00 m

Travail effectué.

- Finalisation complète des diapositives de soutenance (structure, visuels, schémas et cohérence narrative).
- Finalisation du rapport : relectures, harmonisation du style, intégration complète de l'état de l'art et des propositions.
- Intégration du pipeline global-local dans la version définitive du rapport.
- Réalisation de premiers tests techniques : chargement des volumes, préparation du prétraitement, vérification de la configuration des scripts.
- Mise en place de l'environnement nécessaire pour les expérimentations à venir.

Travail non effectué.

- Expérimentations complètes impossibles (accès partiel aux données).
- Calculs de métriques toujours impossibles à ce stade.

Échanges avec le commanditaire.

- Préparation d'un point d'avancement à échanger avec l'encadrant concernant la validation du rapport et du diaporama.
- Clarification des priorités pour la phase expérimentale, afin d'anticiper la reprise dès l'accès complet aux données.

Planification pour la semaine prochaine.

- Débuter la préparation orale pour la soutenance (répétitions, timing, structure).
- Préparer l'intégration des premiers résultats dès que les données seront accessibles.
- Vérifier la cohérence finale entre rapport, diaporama et démonstration prévue.

partie « haute » de la fourchette correspond à 50 % de temps supplémentaire au titre du travail personnel.

Fiche de suivi de la semaine 7
du au

Temps de travail de Nael KLEIN: 0 h 00 m

Travail effectué.

Travail non effectué.

Échanges avec le commanditaire.

Planification pour la semaine prochaine.

Le tableau [G.1](#) récapitule le taux d'avancement du projet. Rappelons que le temps de travail théorique *minimal* correspond au temps indiqué sur la maquette pédagogique auquel on ajoute un strict minimum de 20 % correspondant au travail personnel hors emploi du temps. La

Semaine	Temps prévu		Nael KLEIN					
	bas	haut	hebdo.	Σ	%	hebdo.	Σ	%
	h : m	h : m	h : m	h : m		h : m	h : m	
1	10 : 00	12 : 30	3 : 00	3 : 00	30 (24)	:	:	
2	20 : 00	25 : 00	4 : 00	7 : 00	35 (28)	:	:	
3	30 : 00	37 : 30	2 : 00	9 : 00	30 (24)	:	:	
4	40 : 00	50 : 00	7 : 00	16 : 00	40 (32)	:	:	
5	50 : 00	62 : 30	6 : 30	22 : 30	45 (36)	:	:	
6	60 : 00	75 : 00	20 : 00	42 : 30	70 (56)	:	:	
7	70 : 00	87 : 30	0 : 00	42 : 30	60 (48)	:	:	

TABLE G.1 – Avancement du projet par rapport au temps de travail théorique minimal (respectivement haut)



Auto-contrôle et auto-évaluation

• • • Cette annexe est *obligatoire*.

La figure H.1 permet d'énumérer un certain nombre de points importants dans les trois composantes du travail :

1. rapport ;
2. présentation orale ;
3. travail de fond ;

ainsi que d'évaluer notre niveau de satisfaction à l'issue de la phase I, composée de trois étapes :

1. étude préalable ;
2. étude bibliographique ;
3. conception générale.

Les points de satisfaction ou d'insatisfaction peuvent être approfondis.

• • • La figure H.2 permet d'énumérer un certain nombre de points importants dans les trois compo-

santes du travail ainsi que d'évaluer notre niveau de satisfaction à l'issue de la phase II, constituée de :

1. la conception détaillée ;
2. la réalisation ;
3. la recette.

Rapport	Organisation	Plan	Equilibre			x
			Coherence		x	
			Introductions (partielles)		x	
			Transitions			x
	Tableaux, figures		Conclusions (partielles)		x	
			Numerotés			
			Légendes		x	
			Références (non "en ligne")			
	Rédaction	Orthographe	Coquilles		x	
			Fautes évitables		x	
	Bibliographie	Références	Anglais, jargon			
			Aisée		x	
			Absence de plagiat !		x	
			Suffisantes (nombre, intérêt)			
	Références dans le texte		Pérennes		x	
			Complètes (auteurs, pages...)			
			Conséquences (volume)		x	
						x
Projection	Organisation	Plan	Liaisons			
			Numerotation		x	
			Informatif			
			Concis		x	
	Contenu		Clair			
			Orthographe		x	
			Illustrations			
			Aisance		x	
	Oral	Présentation	Tenue		x	
			Articulation, compréhension		x	
	Durée		Respect			
			Temps de parole équilibré		x	
			Pertinence		x	
			Argumentation			
	Réponses				x	
					x	
Travail	Etude	Bibliographie	Adéquate		x	
			Suffisante		x	
			Clair			
			Formalisé		x	
	Hypothèses envisagées		Nombre		x	
			Pertinence			
			Analyse <i>a priori</i>		x	
			Tableau comparatif		x	
	Validation		Choix argumenté(s)		x	
			Faisabilité		x	
	Complexité		Temps consacré			
			Résultats obtenus		x	
			Difficulté			
			Intrinsèque		x	
	Annexes		Vis-à-vis du binôme			
			Régularité			
			Détailées		x	
			Prévisionnel et justifications		x	
	Gantt		Effectifs, erreurs, corrections			
					x	
	Proposition note haute					
	Proposition note basse					
	Proposition de note du jury					
	Proposition de note haute					
	Proposition de note basse					
	Proposition de note du jury					
	Proposition de note haute					
	Proposition de note basse					
	Proposition de note du jury					
	Proposition de note haute					
	Proposition de note basse					
	Proposition de note du jury					
	Proposition de note haute					
	Proposition de note basse					
	Proposition de note du jury					
	Proposition de note haute					
	Proposition de note basse					
	Proposition de note du jury					
	Proposition de note haute					
	Proposition de note basse					
	Proposition de note du jury					
	Proposition de note haute					
	Proposition de note basse					
	Proposition de note du jury					
	Proposition de note haute					
	Proposition de note basse					
	Proposition de note du jury					
	Proposition de note haute					
	Proposition de note basse					
	Proposition de note du jury					
	Proposition de note haute					
	Proposition de note basse					
	Proposition de note du jury					
	Proposition de note haute					
	Proposition de note basse					
	Proposition de note du jury					
	Proposition de note haute					
	Proposition de note basse					
	Proposition de note du jury					
	Proposition de note haute					
	Proposition de note basse					
	Proposition de note du jury					
	Proposition de note haute					
	Proposition de note basse					

Rapport	Organisation	Plan	Equilibre	A	B	C	D
		Fluidité	Conférence			x	
			Introductions (partielles)		x		
			Transitions			x	
			Conclusions (partielles)		x		
			Numérotés	x			
		Tableaux, figures	Légendés	x			
			Références (non "en ligne")		x		
			Coquilles			x	
			Fautes évitables		x		
			Franglais, jargon	x			
	Rédaction	Orthographe	Aisée		x		
			Absence de plagiat !				
			Rédaction				

Proposition de note haute	15,91
Proposition de note basse	10,91

Proposition de note du jury	13,5
-----------------------------	------

Projection	Organisation	Plan	Liaisons	A	B	C	D
	Contenu	Numérotation	Informatif				
			Concis			x	
			Clair			x	
			Orthographe		x		
			Illustrations		x		
Oral	Présentation	Aisance	Tenue				
			Articulation, compréhension				
			Respect				
	Durée	Temps de parole équilibré	Pertinence				
			Argumentation				
	Réponses						

Proposition de note haute	15,56
Proposition de note basse	10,56

Proposition de note du jury	13,5
-----------------------------	------

Travail	Conception	Générale	Clarté	A	B	C	D
		Niveau de détail adéquat	Argumentation				
			Validation			x	
			Formalisation adéquate (algorithme)				
			Validation		x		
			"Fonctionnalités"		x		
	Réalisation	Développement	Volume, environnement...		x		
			Tests (unitaires, d'intégration, fonctionnel, de performance...)			x	
			Livraison du paquetage				
			Redéploiement du paquetage				
			Temps consacré				
	Recette	Complexité	Résultats obtenus				
			Difficulté				
			Intrinsèque		x		
	Annexes	Fiches d'avancement	Vis-à-vis du binôme				
			Régularité			x	
			Détailées				
		Gantt	Prévisionnel et justifications			x	
			Effectif, erreurs, corrections				
				x			

Proposition de note haute	12,97
Proposition de note basse	7,97

Proposition de note du jury	10
-----------------------------	----

PROPOSITION DE NOTE (!)	12,33
-------------------------	-------

NOTE PROJET	10,5
-------------	------

FIGURE H.2 – Points à contrôler à l’issue de la phase II