

fiche de lecture:Multi-view light-sheet

nael klein

December 2025

1 Informations générales

1.1 Titre

Multi-view light-sheet imaging and tracking with the MaMuT software reveals the cell lineage of a direct developing arthropod limb

1.2 Auteurs

Carsten Wolff, Jean-Yves Tinevez, Tobias Pietzsch, Evangelia Stamatakis, Benjamin Harich, Leo Guignard, Stephan Preibisch, Spencer Shorte, Philipp J. Keller, Pavel Tomancak, Anastasios Pavlopoulos

1.3 Année

2018 — eLife

1.4 Source / DOI / PDF

PDF : [elife-34410-v2.pdf](#) DOI : [10.7554/eLife.34410](#)

2 Résumé de l'article

Cet article présente une approche complète pour imager, reconstruire et suivre la lignée cellulaire d'un membre d'arthropode en développement (*Parhyale hawaiensis*) grâce à une combinaison de :

- microscopie multi-vues par light-sheet,
- reconstruction volumique isotrope,
- analyse cellulaire manuelle et semi-automatique,
- et surtout l'utilisation du logiciel **MaMuT** (Massive Multi-view Tracker).

L'objectif est d'obtenir la lignée cellulaire complète, cellule par cellule, pour comprendre la morphogenèse d'un appendice arthropode. Le pipeline permet de passer de plusieurs TB d'imagerie brute à une reconstruction dynamique très précise.

3 Objectifs

- Imager un membre en développement avec une résolution temporelle et spatiale suffisante pour suivre chaque cellule individuellement.
- Fusionner plusieurs vues LSFM pour obtenir un volume isotrope.
- Suivre la lignée cellulaire complète pendant plusieurs jours.
- Démontrer les capacités de MaMuT pour l'annotation multi-view à grande échelle.

4 Méthodologie

4.1 1. Acquisition multi-vue LSFM

- Plusieurs vues sont acquises autour de l'échantillon pour compenser l'anisotropie inhérente à une seule vue LSFM.
- Chaque vue capture un stack complet à intervalles réguliers (développement long).

4.2 2. Reconstruction 3D multi-vue

Comme rappelé dans le PDF (pages finales), le pipeline repose sur :

- Registration rigoureuse des vues (Fiji + BigDataViewer),
- Fusion volumique basée sur la PSF locale,
- Déconvolution éventuellement appliquée pour améliorer le contraste,
- Stockage de données massives (plusieurs téraoctets).

4.3 3. MaMuT (Massive Multi-view Tracker)

D'après les pages du PDF concernant les auteurs (p. 25), MaMuT a été développé principalement par Tinevez, Pietzsch et Preibisch.

MaMuT permet :

- annotation manuelle ou semi-automatique des cellules,
- visualisation simultanée de plusieurs vues,
- parcours temporel de la lignée cellulaire,
- organisation des annotations en arbres de lignage.

4.4 4. Analyse biologique

- Reconstruction complète de la lignée de centaines de cellules.
- Identification des divisions, orientations, déplacements.
- Cartographie 4D du développement du membre.

5 Résultats principaux

5.1 1. Lignée cellulaire complète du membre

- Suivi détaillé de la formation d'un appendice arthropode.
- Détection des divisions fondatrices du patron segmentaire.

5.2 2. Reconstruction multi-vue robuste

- Fusion des vues donnant un volume isotrope.
- Résolution suffisante pour suivre les noyaux pendant plusieurs jours.

5.3 3. Validation biologique

- Correspondance entre trajectoires cellulaires et morphologie finale.
- Mise en évidence de règles de développement robustes.

5.4 4. Robustesse du logiciel MaMuT

- Traitement de datasets massifs.
- Navigation fluide dans les vues fusionnées.
- Export des arbres de lignage exploitables pour analyses ultérieures.

6 Forces

- Pipeline complet : acquisition \rightarrow fusion \rightarrow tracking \rightarrow lignée.
- Combinaison unique de multi-view LSFM et annotation cellulaire massive.
- MaMuT facilite une annotation extrêmement complexe.
- Résolution temporelle suffisante pour suivre toutes les divisions cellulaires.

7 Faiblesses / limites

- Très coûteux en stockage (plusieurs TB).
- Annotation semi-automatique nécessitant un travail manuel considérable.
- Dépend fortement de la qualité de la fusion multi-vue.
- La segmentation automatique reste limitée.

8 Pertinence pour le challenge Fuse My Cells

Cet article est très pertinent car :

- Il montre concrètement ce que permet une **fusion multi-vue LSFM idéale** : résolution isotrope, suppression de l'anisotropie axiale, structures fines nettes.
- Le challenge Fuse My Cells demande justement de produire une image équivalente à cette fusion multi-vue à partir d'une seule vue.
- Les reconstructions du papier montrent l'importance du contraste et de la qualité volumique pour la segmentation — écho direct aux métriques N-SSIM et N-IOU.
- L'approche montre ce que les données "ground truth biologiques" devraient idéalement représenter.

9 Notions importantes

- Multi-view LSFM
- Fusion volumique et registration
- MaMuT (annotation multi-vue)
- Lignée cellulaire (cell lineage)
- Reconstruction 4D du développement

10 Référence BibTeX

```
@article{Wolff2018MaMuT,  
  title={Multi-view light-sheet imaging and tracking with the MaMuT  
        software reveals the cell lineage of a direct developing  
        arthropod limb},  
  author={Wolff, Carsten and Tinevez, Jean-Yves and Pietzsch, Tobias  
        and Stamatakis, Evangelia and Harich, Benjamin and
```

```
        Guignard, Léo and Preibisch, Stephan and Shorte, Spencer and  
        Keller, Philipp J and Tomancak, Pavel and Pavlopoulos,  
        Anastasios},  
    journal={eLife},  
    year={2018},  
    doi={10.7554/eLife.34410}  
}
```