

fiche de lecture: Lucy-Richard Deconvolution

nael klein

December 2025

1 Informations générales

1.1 Titre

Spatially-Variant Lucy–Richardson Deconvolution for Multiview Fusion of Microscopical 3D Images

1.2 Auteurs

Maja Temerinac-Ott, Olaf Ronneberger, Roland Nitschke, Wolfgang Driever, Hans Burkhardt

1.3 Année

2011 — IEEE International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)

1.4 Source / DOI / PDF

PDF : TemerinacISBI2011.pdf

2 Résumé de l'article

Cet article présente un cadre complet pour la fusion multivue d'images SPIM (Selective Plane Illumination Microscopy) fondé sur une déconvolution Lucy–Richardson régularisée et capable de gérer une PSF spatialement variable.

Le pipeline proposé comprend l'extraction de marqueurs fluorescents (beads), la registration basée sur ces marqueurs, l'estimation locale de la PSF et enfin une déconvolution multivue réalisée par un schéma Overlap–Save (OS). Cette approche permet :

- de modéliser la variation réelle de la PSF à travers le volume,
- de limiter l'usage mémoire grâce à un découpage en blocs,
- de paralléliser efficacement le traitement,

- d'améliorer nettement la qualité des structures reconstruites par rapport aux méthodes de blending classiques.

3 Objectifs

- Proposer une méthode de fusion multivue réaliste pour SPIM en tenant compte de la PSF variable le long de la lightsheet (Fig. 3, p. 2).
- Réduire le coût mémoire et le temps de calcul par un traitement par blocs Overlap-Save.
- Intégrer une version régularisée (TV) du Lucy-Richardson multivue afin d'éviter l'amplification du bruit.
- Comparer la reconstruction obtenue à l'état de l'art (blending multibande de Fiji).

4 Méthodologie

4.1 1. Contexte SPIM et acquisition multivue

Le SPIM permet l'imagerie rapide de volumes vivants, mais souffre d'une PSF fortement anisotrope et variable dans le volume. Les échantillons sont tournés autour de l'axe y (Fig. 1, p. 1), donnant plusieurs vues 3D du même objet.

4.2 2. Enregistrement basé sur les beads fluorescents

Les auteurs extraient automatiquement les beads :

- filtrage Gaussien + maxima locaux,
- seuillage d'Otsu,
- exclusion des maxima hors de la structure biologique.

Les correspondances entre vues sont obtenues via des descripteurs locaux basés sur Group Averaging (p. 2). Cette étape permet une registration fiable, indépendante de la calibration instrumentale.

4.3 3. PSF spatialement variable

La PSF est estimée localement autour de chaque bead. La Figure 3 (p. 2) montre des PSF plus larges aux bords du lightsheet, et plus fines au centre. Ceci motive une modélisation PSF-variant plutôt que l'approche classique PSF-invariant.

La PSF au centre d'un bloc est interpolée à partir des 4 PSF les plus proches.

4.4 4. Déconvolution Lucy–Richardson multivue (LR)

Les auteurs rappellent le modèle de vraisemblance Poisson (Eq. 1, p. 3) et l’itération LR standard (Eq. 3). Ils introduisent :

- une régularisation TV (Eq. 5),
- l’extension multivue (Eq. 7–9), où chaque vue contribue à un facteur de correction.

4.5 5. Overlap–Save (OS) et traitement par blocs

Le volume est découpé en blocs ($s \times s \times s$) ; chaque bloc est élargi d’une marge r pour la déconvolution puis recadré ensuite. Ce schéma :

- réduit la mémoire utilisée,
- permet l’utilisation locale d’une PSF approximativement invariant dans le bloc,
- autorise une exécution parallélisée.

L’algorithme final LRMOS-TV est donné en pseudo-code dans l’Algorithme 1 (p. 3).

5 Résultats principaux

- Fusion de 6 vues SPIM d’embryon de poisson-zèbre 24h (résolution : $751 \times 1040 \times 1388$ voxels).
- Le LRMOS-TV reconstruit mieux les bords cellulaires et les détails fins que le blending multibande (Fig. 6, p. 6).
- Les MIP yz/xz montrent une restitution plus cohérente des régions absorbées/occluses, absente du blending (Fig. 7).
- Temps de calcul : 45 min pour 6 vues (Matlab sur 4×QuadCore Xeon, p. 4).

6 Forces

- Prise en compte réaliste d’une PSF spatialement variable.
- Déconvolution multivue théoriquement fondée (Lucy–Richardson Poisson + TV).
- Réduction mémoire très efficace grâce à Overlap–Save.
- Pipeline entièrement automatisé : extraction beads, registration, PSF estimation, fusion.
- Résultats visuellement supérieurs aux méthodes traditionnelles (blending).

7 Faiblesses / limites

- Temps de calcul encore élevé (bien que parallélisable).
- La PSF doit être estimée à partir des beads, ce qui dépend de leur distribution spatiale.
- Le TV peut lisser certaines structures très fines.
- Le modèle Poisson, bien qu’adapté, reste une approximation du bruit réel SPIM.

8 Pertinence pour le challenge Fuse My Cells

Cet article est particulièrement pertinent pour le challenge *Fuse My Cells*, car il traite directement la problématique fondamentale du challenge : reconstruire une image 3D cohérente à partir de vues dégradées et anisotropes. Plusieurs éléments clés s’appliquent à notre problématique :

- L’étude utilise une fusion multivue SPIM, identique au principe biologique à l’origine du challenge, où plusieurs vues corrigent l’anisotropie et les pertes d’information.
- La gestion d’une **PSF spatialement variable** est cruciale : le challenge vise à restaurer des structures fines dans un volume où la qualité du signal varie fortement selon la profondeur.
- L’usage d’une **déconvolution régulière par TV** rapproche le travail des approches modernes cherchant à améliorer la qualité structurale (critère proche du N-SSIM).
- Le découpage Overlap-Save s’apparente à une approche patch-based 3D optimisée, similaire à ce que le challenge encourage (patch-based training, extraction locale).
- L’article montre que la fusion améliore fortement les bords cellulaires — un élément essentiel pour obtenir de bons scores N-IOU nucleus/membrane.

Même si l’approche n’est pas un modèle d’apprentissage profond, elle fournit un cadre théorique solide sur la correction de la PSF, la fusion multivue et la restauration 3D, directement utile pour concevoir ou justifier un pipeline moderne pour Fuse My Cells.

9 Notions importantes

- PSF spatialement variable (lightsheet)
- Lucy-Richardson Poisson

- Total Variation (TV)
- Overlap–Save (traitement par blocs)
- Fusion multivue SPIM
- Registration basée sur des marqueurs fluorescents

10 Référence BibTeX

```
@inproceedings{Temerinac2011,
  title={Spatially-Variant Lucy-Richardson Deconvolution
        for Multiview Fusion of Microscopical 3D Images},
  author={Temerinac-Ott, Maja and Ronneberger, Olaf and
        Nitschke, Roland and Driever, Wolfgang and
        Burkhardt, Hans},
  booktitle={2011 IEEE International Symposium on
        Biomedical Imaging},
  year={2011}
}
```