

Statistische Bildanalyse eines konfokalen mikroskopischen 2-dimensionalen Ausschnitts aus dem Knorpelwachstum

- 1 – Einführung
- 2 – Bayessche Bildanalyse allgemein
- 3 – Datengewinnung und a-priori Annahmen
- 4 – MCMC Simulation und Reversible Jump Algorithmus
- 5 – Modifikationen des Standard-Algorithmus
- 6 – Zusammenfassung
- 7 – Literaturverzeichnis

1 Einführung

Bildanalyse

- Mathematisches Ziel: Annäherung des echten Bildes mittels Realisierungen aus einem gegebenen mathematischen Modell
- Biologisches Ziel: Beantwortung biologischer Fragen, die die Natur der Zellen und die zeitliche Veränderung ihrer Eigenschaften betreffen

2 Bayessche Bildanalyse allgemein

- $y = (y_{ij})$ gestörtes Bild
- Parametervektor X , der ein Bild $\mu(X) = (\mu_{ij}(X))$ induziert (Eindeutigkeit)
- A-priori Verteilung π_X auf einem Raum E
- $\mathcal{L}(y|x)$ Prozess, der die Entstehung der Beobachtung y bei einem bestimmten zugrunde liegenden Parametervektor x beschreibt (Störung)
- $\pi(y)$ Randdichte für die Beobachtung y , wird meist nicht berücksichtigt

- Schlussfolgerungen über das Originalbild aufgrund der a-posteriori Verteilung $\pi_{X|Y}(x|y)$

Satz von Bayes (bei gestörten Bildern)

$$\pi_{X|Y}(x|y) = \frac{\mathcal{L}(y|x)\pi_X(x)}{\pi(y)} \propto \mathcal{L}(y|x)\pi_X(x)$$

Störungsarten

Seien Y_i und Y_j ($i \neq j$) bedingt unabhängige Pixel für ein gegebenes μ , \mathcal{I} die Menge aller Pixel

- **Gaußsche additive Störung:**

$$Y = \mu(X) + \varepsilon, \quad \text{wobei } \varepsilon \sim N(0, \sigma^2 I)$$

Seien ε und X unabhängig, dann ist

$$\mathcal{L}(y_i | \mu_i(x)) \propto \frac{1}{\sigma} \exp\left(-\frac{(y_i - \mu_i(x))^2}{2\sigma^2}\right)$$

und

$$\mathcal{L}(y|x) = \mathcal{L}(y|\mu(x)) = \prod_{i \in \mathcal{I}} \mathcal{L}(y_i | \mu_i(x)) = K \frac{1}{\sigma} \exp^{\sum_{i \in \mathcal{I}} \left(-\frac{(y_i - \mu_i(x))^2}{2\sigma^2}\right)}$$

- **Binäre Störungen:** Jedes Einzelpixel wechselt mit Wahrscheinlichkeit p die Farbe

$$\mathcal{L}(y_i | \mu_i(x)) = \begin{cases} 1 - p & \text{falls } y_i = \mu_i(x) \\ p & \text{falls } y_i \neq \mu_i(x) \end{cases}$$

Es gilt

$$\mathcal{L}(y|x) = \mathcal{L}(y|\mu(x)) = \prod_{i \in \mathcal{I}} \mathcal{L}(y_i | \mu_i(x)) = (1-p)^{\sum_{i \in \mathcal{I}} \mathbb{1}_{\{y_i = \mu_i(x)\}}} \cdot p^{\sum_{i \in \mathcal{I}} \mathbb{1}_{\{y_i \neq \mu_i(x)\}}}$$

Schätzung von Bildern

Mehrere Möglichkeiten wie Bilder nach Ablauf der MCMC Simulation geschätzt werden können

- Maximum-a-posteriori (MAP)-Schätzer: Maximierung der a-posteriori Verteilung
- Minimum Mean Square Estimate (MMSE): Bildung des Mittelwerts der Pixel-Werte nach einer bestimmten Anzahl von Schritten; Schätzung für das ganze Bild setzt sich daraus zusammen
- Bild nach n -ter Iteration

3 Datengewinnung und a-priori Annahmen

Konfokale fluoreszierende Mikroskopie

- Visualisierung 3-dimensionaler Proben ohne physische Schnitte
- Einstellung eines Laserstrahls auf einen Punkt der mit fluoreszierendem Färbemittel gefärbten Probe
- Messung und Aufzeichnung zurückkommender Fluoreszenz
- Aufnahme des Färbemittels von Gewebeart abhängig
- Scannen über Gitter liefert 2-dimensionalen Schnitt
- Beobachtetes Bild $y = (y_{ij})$: verzerrt durch Hintergrundrauschen

Originaldaten

- Konfokale mikroskopische Bilder von Zellen (Knorpelwachstum)
- Zellen gefärbt, Hintergrund ungefärbt
- Skalierung mit Dark Ground Verfahren: Beobachtungswerte zwischen $\tau_0 > 0$ und 255
- Zellen als elliptische Objekte
- Bild ist Teil einer Zeitfolge, die Veränderungen der Zellengröße und -form zeigt
- Ziel: Erhalt von Schätzungen bestimmter Größen- und Formeigenschaften der Zellpopulation in einem bestimmten Wachstumszustand in verschiedenen Abständen

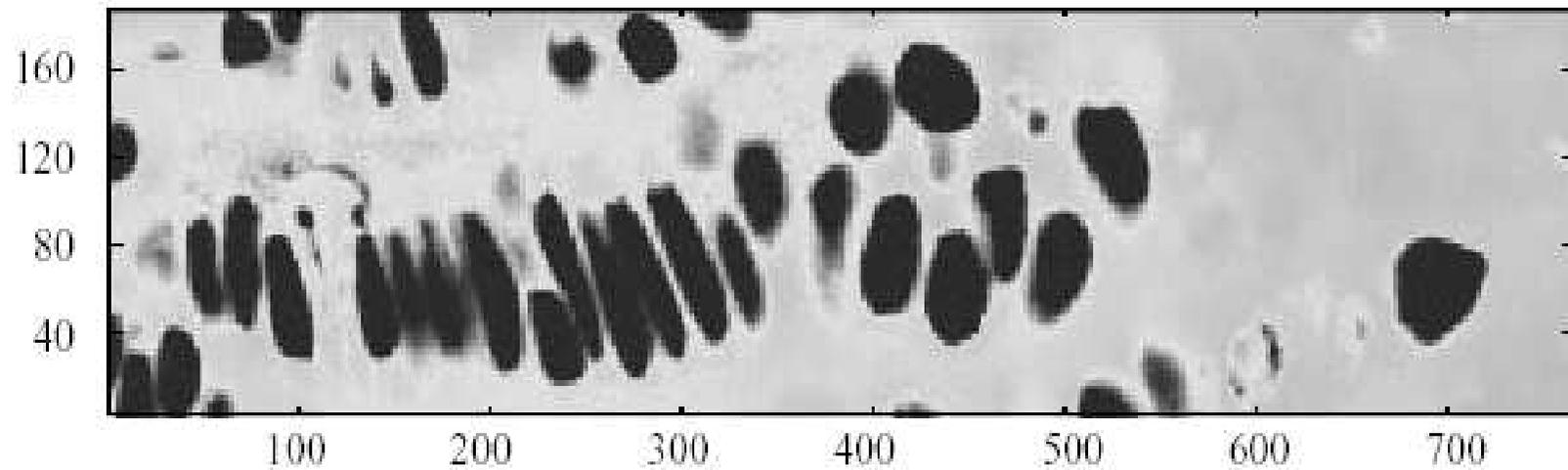


Figure 1: 2-dimensionaler Ausschnitt aus dem Knorpelwachstum

A-priori Annahmen

- Y_{ij} unabhängig untereinander
⇒ Störung pixelweise (Gaußsche additive Störung)
- Jedes Pixel besitzt zugehörige Intensität
- Forderung an das Bildmodell: Informationen über die geeignete Anzahl von Zellen, Lokalisation, Größe, Orientierung, Form und Intensität (markierte Punktprozesse)
- Vorgehen: Definieren Referenzmaß Γ (enthält Eigenschaften der Zellenverteilung) und schreiben Gesamtmodell als Dichte bzgl. Γ

Aussagen über Objekte und ihre Marken

- Darstellung jedes Objekts als Paar (l, m) , wobei l Lokalisation und $m = (a, b, \theta, \lambda)$ Marke
 - Modellieren Zellen als Ellipsen mit Zentrum l , Halb-Achsen der Länge a und b und mit Winkel θ , den Halb-Achse a mit x -Achse einschließt
 - Signalintensitätslevel λ
- $a, b \in M_{axis} = (\min_{axis}, \max_{axis})$, $\theta \in (0, \pi)$, $\lambda \in M_\lambda = (\min_\lambda, \max_\lambda)$
- $m \in M = M_{axis}^2 \times (0, \pi) \times M_\lambda$
- l ist Paar kartesischer Koordinaten im Fenster L mit Fläche A_L

- Für Zelle i schreiben wir $X_i = (l_i, m_i) = (l_i, a_i, b_i, \theta_i, \lambda_i)$
- Gesamtvektor $X = (X_1, \dots, X_N)$
- Bezeichnen Klasse aller möglichen Objekte mit ihrer Lokalisation mit
$$U = L \times M$$

Annahmen über das Referenzmodell

- Zellen dürfen überlappen
- Zell-Lokalisationen unterliegen homogenen Poissonprozess mit Intensität 1
- Anzahl der Punkte in einem Bereich A besitzt Poissonverteilung mit Erwartungswert $\rho(A)$ mit ρ Lebesgue-Maß
- Annahmen über die Parameterverteilung
 - a, b, θ und λ unabhängig
 - $a \sim N(\mu_a, \xi^2)$ und $b \sim N(\mu_b, \xi^2)$, aber auf M_{axis} beschränkt
 - θ besitzt Dichte $\frac{|\cos \theta| + \pi^{-1}}{3}$ auf $(0, \pi)$
 - $\lambda \sim U(\min_\lambda, \max_\lambda)$

- Dichte der Marke:

$$f_X(a, b, \theta, \lambda) = \frac{c}{2\pi\xi^2} e^{-\frac{1}{2\xi^2} [(a-\mu_a)^2 + (b-\mu_b)^2]} \frac{|\cos \theta| + \pi^{-1}}{3} \frac{1}{\max_\lambda - \min_\lambda}$$

Referenzmaß

- Sei ν Wahrscheinlichkeitsmaß der Markenverteilung
- Referenzmaß als markierter Poissonprozess auf $U = L \times M$ mit Intensitätsmaß $\mu = \rho \oplus \nu$
 \Rightarrow Gesamtanzahl der Objekte N in U besitzt eine Poissonverteilung mit Erwartungswert $\mu(U) = \rho(L) = A_L$, weiter gilt unter der Bedingung $N = n$, dass X_1, \dots, X_n unabhängig sind und
$$f_{X_i}(x) = \frac{\mu(dx_i)}{\mu(U)}$$
- Definieren Referenzmaß $\Gamma(x, n)$ als Maß dieses Prozesses auf
$$E = \bigcup_n U^n$$

- Unter Γ gilt

$$\begin{aligned}\mathbb{P}(X \in A) &= \frac{e^{-\mu(U)} [\mu(U)]^n}{n!} \int \dots \int_A \frac{\mu(dx_1)}{\mu(U)} \dots \frac{\mu(dx_n)}{\mu(U)} \\ &= \frac{e^{-\mu(U)}}{n!} \int \dots \int_A \mu(dx_1) \dots \mu(dx_n), \quad A \in U^n\end{aligned}$$

Das a-priori Bildmodell

- Wir setzen a-priori Bildmodell als Maß mit Dichte $p_X(x, n)$ bzgl. Γ auf E

$$p_X(x, n) = k\beta^n \mathbf{1}[\text{keine Überlappung}], \quad (1)$$

wobei k Konstante und β die Gesamtdichte der Zellen näher bestimmt

- Bedingung: Zellen dürfen nicht überlappen (Hardcore interaction model)
⇒ Marken und Lokalisation nicht mehr unabhängig
- Gesamtanzahl der Zellen meist kleiner als Erwartungswert $\beta\rho(L)$ der Poissonverteilung

- Mit Dichte $p_X(x, n)$ gilt

$$\mathbb{P}(X \in A) = \frac{e^{-\mu(U)}}{n!} \int \dots \int_A p_X(x, n) \mu(dx_1) \dots \mu(dx_n), \quad A \in U^n$$

Ausdruck der Bildmodelle als Summe von Lebesgue-Dichten

- Dichte $f_X(x_i)$ des Referenzprozesses:

$$f_X(x_i) = \frac{1}{A_L} \frac{c}{2\pi\xi^2} e^{-\frac{1}{2\xi^2}[(a_i - \mu_a)^2 + (b_i - \mu_b)^2]} \frac{|\cos \theta_i| + \pi^{-1}}{3} \frac{1}{\max_\lambda - \min \lambda} \quad (2)$$

für $l_i \in L$ und $(a_i, b_i, \theta_i, \lambda_i) \in M$, ansonsten $f_X(x_i) = 0$, $x_i \in \mathbb{R}^{6n}$

- Referenzmaß $\Gamma(x, n)$ besteht aus Untermaßen $\Gamma^n(x)$, $n = 0, 1, \dots$, wobei $\Gamma^n(x)$ Bilder betrifft, die n Zellen beinhalten ($6n$ Parameter)
- Unterdichte von $\Gamma^n(x)$ bzgl. Lebesgue-Maß auf \mathbb{R}^{6n} :

$$p_\Gamma^n(x) = \frac{e^{-A_L} A_L^n}{n!} \prod_{i=1}^n f_X(x_i) \text{ für } x_i \in U, i = 1, \dots, n$$

- A-priori Modell besitzt Dichte aus (1) bzgl. Γ
 \Rightarrow Summe von Untermaßen $\pi_X^n(x)$, $n = 0, 1, \dots$, wobei $\pi_X^n(x)$ folgende Unterdichte bzgl. des Lebesgue-Maßes auf \mathbb{R}^{6n} besitzt:

$$\begin{aligned} p_X^n(x) &= p_X(x, n) p_\Gamma^n(x) \\ &= k \beta^n \frac{e^{-A_L} A_L^n}{n!} \prod_{i=1}^n f_X(x_i) \mathbf{1}[\text{keine Überlappung}] \end{aligned}$$

für $x_i \in U$, $i = 1, \dots, n$

- Dichte $p_{X|Y}((x, n)|y)$ der a-posteriori Bildverteilung bzgl. Γ ist proportional zum Produkt der a-priori Dichten $p_X(x, n)$ und der Wahrscheinlichkeit der beobachteten Daten $\mathcal{L}(y|x)$
 \Rightarrow a-posteriori Bildverteilung ist Summe der Untermaße $\pi_{X|Y}^n(x|y)$

mit Unterdichten

$$p_{X|Y}^n(x|y) \propto p_X(x, n) p_{\Gamma}^n(x) \mathcal{L}(y|x), \quad n = 0, 1, \dots$$

bzgl. des Lebesgue-Maß auf \mathbb{R}^{6n}

- Darstellung der n -ten Unterdicthe:

$$p_{X|Y}^n(x|y) \propto \beta^n \frac{e^{-A_L} A_L^n}{n!} \prod_{i=1}^n f_X(x_i) \mathbf{1}[\text{keine Überlappung}] \mathcal{L}(y|x) \quad (3)$$

für $x_i \in U, i = 1, \dots, n$

4 MCMC Simulation und Reversible Jump Algorithmus

MCMC Simulation

- Durchlaufen einer ergodischer Markov-Kette mit stationärer Verteilung π
⇒ Erzeugung von Stichproben
- Verwendete Veränderungsoperationen:
 - Verlagerung (Shift): Translation einer Zelle
 - Veränderung der Zelle (Resize): Modifikation der Halb-Achsen einer Zelle
 - Rotation (Rotate): Änderung der Orientierung einer Zelle
 - Veränderung der Intensität (Intensity Change)

- Geburt (Birth): Hinzufügen einer Zelle
 - Tod (Death): Löschen einer Zelle
 - Spaltung (Split): Aufteilen einer Zelle in zwei neue
 - Verschmelzung (Merge): Vereinigung zweier angrenzender Zellen zu einer
- Simulation mittels Reversible Jump Algorithmus (Green (1995))

Durchführung des Reversible Jump Algorithmus

- Samplen ergodische Markov-Kette mit stationärer Verteilung $\pi_{X|Y}$, die sich aus Untermaßen $\pi_{X|Y}^n$ und Unterdichten $p_{X|Y}^n$ auf dem \mathbb{R}^{6n} , $n = 0, 1, \dots$ aus (3) zusammensetzt
- Bezeichnungen:
 - ν Veränderung, die Zelle hinzufügt
 - $j_\nu(x)$ Wahrscheinlichkeit, dass diese Veränderung im Zustand x ausgewählt wird
 - ν' entgegengesetzte Veränderung
 - $j_{\nu'}(x')$ Wahrscheinlichkeit, dass diese Veränderung im Zustand x' ausgewählt wird
 - $X \in \mathbb{R}^{6n}$ Bild mit n Zellen

- allgemeine Vorgehensweise
 - 1. Schritt: Auswahl des Veränderungsprozesses (Geburt, Tod,...)
 - 2. Schritt: Bestimmung eines möglichen neuen Zustands x'
 - 3. Schritt: Bestimmung der Akzeptanzwahrscheinlichkeit $\alpha_\nu(x, x')$
 - 4. Schritt: Annahme oder Ablehnung der Akzeptanzwahrscheinlichkeit $\alpha_\nu(x, x')$

Herleitung der Akzeptanzwahrscheinlichkeit $\alpha_\nu(x, x')$

- Eine Markov-Kette hat eine stationäre Verteilung $\pi_{X|Y}$, falls jede Kombination aus Veränderung und entgegengesetzter Veränderung die Detailed-Balance-Condition bzgl. $\pi_{X|Y}$ erfüllt:

Beispiel: Geburt-Tod

Für $A \subset \mathbb{R}^{6n}$ und $B \subset \mathbb{R}^{6(n+1)}$ muss gelten

$$\mathbb{P}\{X \in A \text{ gefolgt von Geburt führt zu } X' \in B\} = \mathbb{P}\{X \in B \text{ gefolgt von Tod führt zu } X' \in A\}$$

- Sei $C_x = \{u : g(x, u) \in B \text{ und } q(u) > 0\}$, wobei u eine Zufallsvariable ist, die aus der Dichte $q(u) = f_X(u)$ erzeugt wird und $g(x, u) \in \mathbb{R}^{6(n+1)}$

- Betrachten Paare der Mengen A und B , so dass $C_x \neq \emptyset$ für alle $x \in A$ und $x' \in B$
 \Rightarrow Detailed-Balance-Condition ist äquivalent zu

$$\int_A \int_{C_x} p_{X|Y}^n(x|y) j_\nu(x) q(u) \alpha_\nu(x, g(x, u)) du dx = \int_B p_{X|Y}^{n+1}(x'|y) j_{\nu'}(x') \alpha_{\nu'}(x', g(x', u)) dx'$$

Umwandlung des Doppelintegrals durch Substitution $x' = g(x, u)$ in Integral über B ergibt

$$p_{X|Y}^n(x|y) j_\nu(x) q(u) \alpha_\nu(x, x') \left| \frac{dx'}{d(x, u)} \right|^{-1} = p_{X|Y}^{n+1}(x'|y) j_{\nu'}(x') \alpha_{\nu'}(x', x)$$

für alle x, u und $x' = g(x, u)$, wobei $\left| \frac{dx'}{d(x, u)} \right|$ Jacobi-Matrix der Transformation $x' = g(x, u)$

- Gleichung ist erfüllt für

$$\alpha_\nu(x, x') = \min\{1, R_\nu\} \text{ und } \alpha_{\nu'}(x', x) = \min\{1, R_\nu^{-1}\},$$

wobei

$$R_\nu = \frac{j_{\nu'}(x')p_{X|Y}^{n+1}(x'|y)}{j_\nu(x)p_{X|Y}^n(x|y)q(u)} \left| \frac{dx'}{d(u, x)} \right|$$

Konkretes Vorgehen

- Weisen jeder Veränderung gleiche Wahrscheinlichkeit zu

$$j_\nu(x) = \begin{cases} \frac{1}{8} & \text{für jede Veränderung, falls } n \geq 2 \\ \frac{1}{7} & \text{für jede Veränderung außer Verschmelzung, falls } n = 1 \\ 1 & \text{für eine Geburt, falls } n = 0 \end{cases}$$

- Falls gegenwärtiger Zustand x n Zellen besitzt und eine Veränderung durch Geburt gewählt wird, wird eine Zufallsvariable $u = (l, a, b, \theta, \lambda)$ definiert
 - Erzeugen Wert durch Dichte $q(u) = f_X(u)$ aus (2)
 - Vorschlag $x' = (x_1, \dots, x_n, u)$ durch neue Zelle $x_{n+1} = u$
- Veränderung durch Tod löscht letzte Zelle in Liste

- Akzeptanzwahrscheinlichkeiten

$\alpha_{Geburt}(x, x') = \min\{1, R_\nu\}$ und $\alpha_{Tod}(x, x') = \min\{1, R_\nu^{-1}\}$, wobei

$$R_\nu = \frac{j_{Tod}(x') p_{X|Y}^{n+1}(x'|y)}{j_{Geburt}(x) p_{X|Y}^n(x|y) q(u)} \times 1$$

Einsetzen und Kürzen ergibt

$$R_\nu = \frac{j_{Tod}(x')}{j_{Geburt}(x)} \frac{\beta A_L}{n+1} \frac{\mathcal{L}(y|x')}{\mathcal{L}(y|x)} \mathbb{1}[\text{keine Überlappung in } x']$$

- Bemerkung: Zelle kann an beliebiger Stelle eingefügt/gelöscht werden
- Verlagerung, Veränderung, Rotation, Intensitätsveränderung analog (sogar einfacher, da kein Dimensionswechsel)
- Spaltung und Verschmelzung ähnlich (Al-Awadhi 2001, Rue & Hurn 1999)

Sampler Leistung

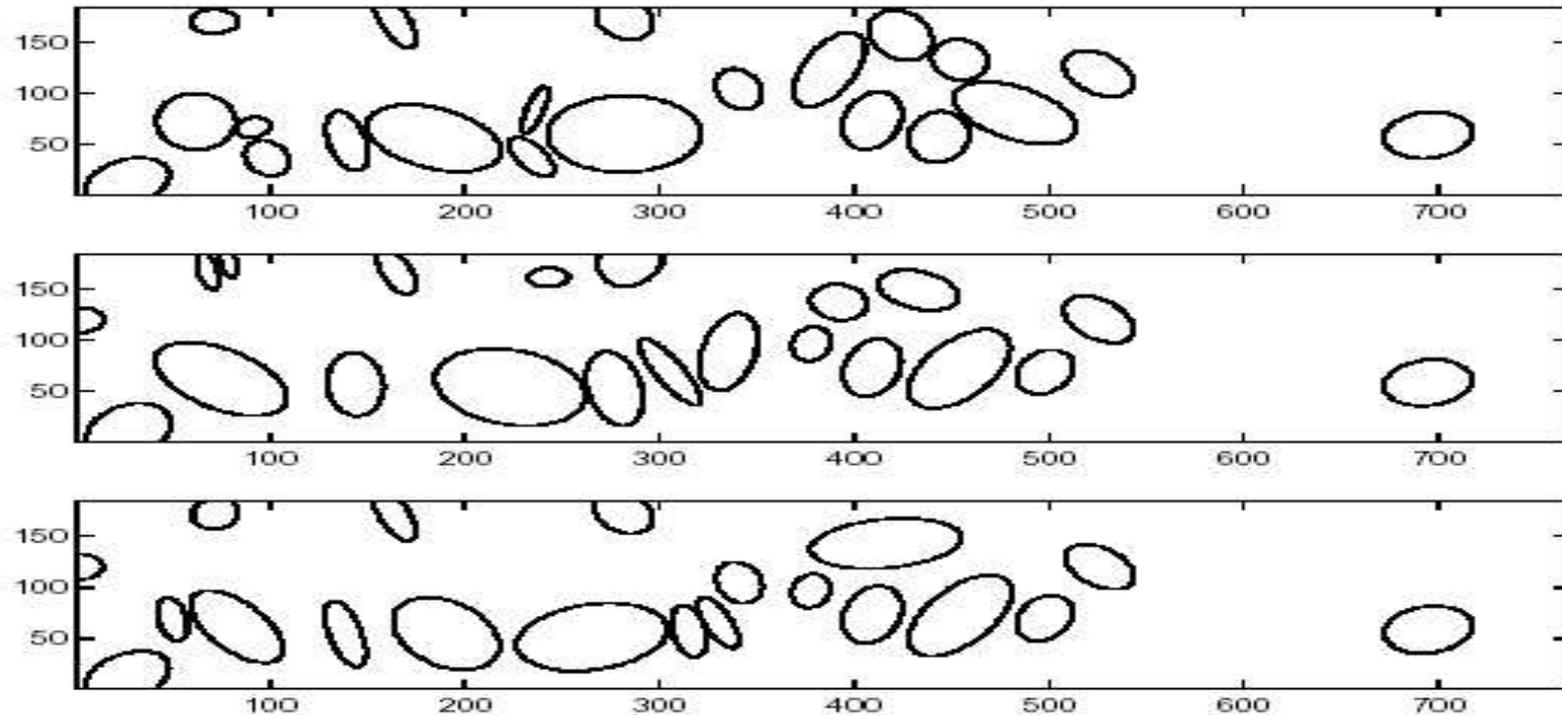


Figure 2: Bilder nach 25.000 Iterationen mit drei verschiedenen Keimen

5 Modifikationen des Standard-Algorithmus

Verbesserung des Geburtsprozesses

- Verbesserung der Akzeptanzrate durch Auswahl von Punkten mit hoher Intensität
- Modifizierter Algorithmus mit pixelweisen Gewichten p_i , $i = 1, \dots, S$

$$p_i \propto \begin{cases} 1 & \text{falls } Y_i < 30 \\ \frac{Y_i}{3} - 9 & \text{falls } 30 \leq Y_i < 90 \\ 21 & \text{falls } 90 \leq Y_i \end{cases}$$

$\Rightarrow p_i$ anstatt $\frac{1}{A_L}$ im Nenner der Akzeptanzwahrscheinlichkeit für eine Geburt

- Starke Gewichtung für einen gut gewählten Geburtsvorschlag, führt oft zu $\alpha_{Geburt} = 1$ und somit zu automatischer Akzeptanz
 - ⇒ Höhere Akzeptanzrate von Geburten, womit der Anteil an Iterationen, die eine Geburt vorschlagen, reduziert werden kann
 - ⇒ Erneute Zuteilung der Iterationszahl zwischen den verschiedenen Veränderungen führt zur Erhöhung der Anzahl der anderen Veränderungen

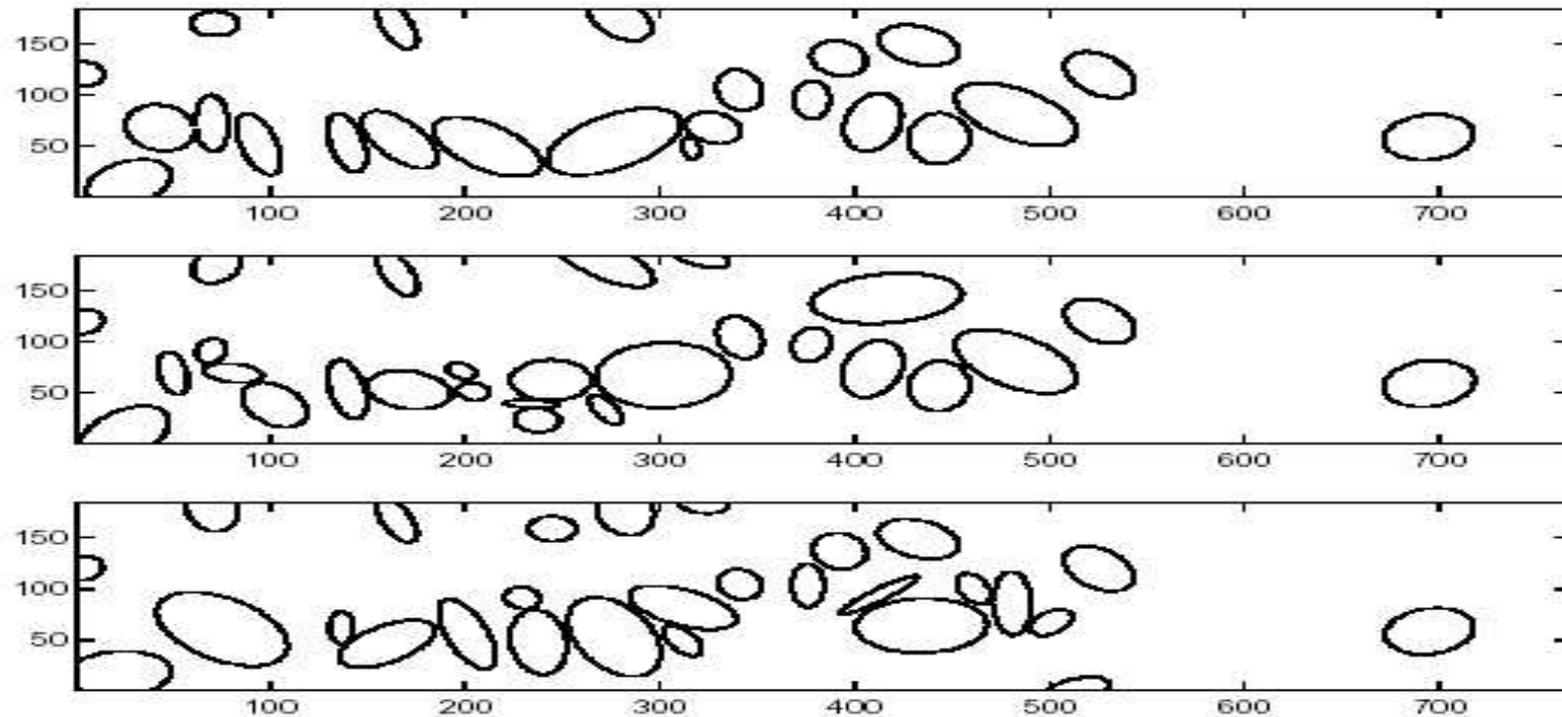


Figure 3: Bilder nach der Verbesserung des Geburtsprozesses nach 25.000 Iterationen

Relaxierter Modell Sampler

- Bisher:
Vorschläge, in denen sich Zellen überlappen, werden automatisch abgelehnt
⇒ Einführen von Zwischenschritten in MCMC-Simulation
- Vorgehen
 - Sei E_0 Unterraum von E , in dem keine Zellen überlappen
 - Samplen von der a-posteriori Bildverteilung $\pi_{X|Y}$, deren Träger vollständig in E_0 liegt
 - Definieren Verteilung $\tilde{\pi}$ auf E
 - Legen zweite Markov-Kette auf E fest, die die Detailed-Balance-Condition bzgl. $\tilde{\pi}$ erfüllt

- Definieren modifizierten MCMC Algorithmus mit stationärer Verteilung $\pi_{X|Y}$, der Ausflüge nach $E \setminus E_0$ nutzt, indem er Vorschläge $x' \in E_0$ erzeugt:
 - * Gegenwärtige Zustand $x \in E_0$
 - * Separater Prozess von Haupt-Markov-Kette mit Vorschlägen in E bis Zustand $x' \in E_0$
 - * x' Vorschlag für Haupt-Markov-Kette
 - * Bei Ablehnung des Vorschlags bleibt die Kette in x
- Akzeptanzwahrscheinlichkeit, die für die Detailed-Balance-Condition der Haupt-Markov-Kette bzgl. $\pi_{X|Y}$ benötigt wird:

$$\alpha(x, x') = \min\left\{1, \frac{p_{X|Y}^{n'}(x'|y) \tilde{p}^n(x)}{p_{X|Y}^n(x'|y) \tilde{p}^{n'}(x')}\right\},$$

wobei n und n' Anzahl der Zellen in Bildern x und x' und $\tilde{p}^n(x)$ Unterdichte von $\tilde{\pi}$ bzgl. Lebesgue-Maß auf \mathbb{R}^{6n}

- Unterdichte von $\tilde{\pi}$ bzgl. des Lebesgue-Maß auf \mathbb{R}^{6n} :
Schnelles Erreichen des Zustands $x' \in E_0$
 \Rightarrow Setzen die Dichte von $\tilde{\pi}$ proportional zu derjenigen von $\pi_{X|Y}$ im Zustand $x \in E_0$ und bestrafen die Zustände in $E \setminus E_0$ anhand ihres Zellenüberlappungsgrads

$$\tilde{p}^n(x) = \tilde{K} \beta^n \frac{e^{-A_L} A_L^n}{n!} \left[\prod_{i=1}^n f_X(x_i) \right] e^{-\gamma \nu(x)} \tilde{\mathcal{L}}(y|x),$$

wobei

- $\nu(x)$ Anzahl der Pixel in x , die von mehr als einer Zelle bedeckt werden

- $\tilde{\mathcal{L}}(y|x)$ modifizierte Version der Likelihood-Funktion, in der Intensität des Pixels gleich der mittleren Intensität der Pixel ist, die ihn bedecken
- Konstante γ regelt Grad der Bestrafung überlappender Zellen
 - * Falls γ klein gewählt wird, ist die mittlere Dauer der erfolgreichen Ausflüge groß
 - * Falls γ groß gewählt wird, ist die mittlere Dauer der Ausflüge dementsprechend klein
- Schutz vor Durchlauf, indem Kette viel Zeit in Zuständen weit von E_0 verbringt: Maximallänge m
- Anwendung des relaxierten Modells auch nur auf ein Unterfenster möglich

Konstruktion geeigneter Anfangszustände

- Gefahr: Kette arbeitet sich einen Weg durch Gebiete mit extrem niedriger Wahrscheinlichkeit und verbraucht zur Verfügung stehende Rechenzeit
- Lösung: Start der Markov-Kette an einem Punkt nahe des Teils des Bildraums, der gesampelt werden soll:
 - Anwendung von Thresholding und morphologischen Operationen
→ Erzeugung einer Ausgangsapproximation des echten Bildes
 - Umwandlung des Bilds in eine Menge von elliptischen Objekten
→ Bildung eines legitimen Bildes im Bildraum E_0

Mathematische Morphologie

- Thresholding: Pixel mit einem beobachteten Wert größer als eine vorgegebene Schranke als 'Objekt', andere Pixel als 'Hintergrund'
- Opening Operator: Erosion und Dilatation
 - Sei A die Menge aller Objektpixel, B symmetrisches strukturierendes Element, B_p das mit seinem Bezugspunkt zum Pixel p verschobene strukturierende Element
 - Erosion (Abtragung): $A \ominus B = \{p : B_p \subset A\}$
 - Dilatationsschritt (Ausdehnung): $A \oplus B = \{p : B_p \cap A \neq \emptyset\}$

Erzeugung von Ellipsen - Herleitung der Ellipsengleichung

- Menge der 'Objekt'-Mittelpunkte (X, Y) als Stichprobe einer bivariaten Normalverteilung mit Erwartungswertvektor (μ_x, μ_y) , $Var(X) = \sigma_x^2$, $Var(Y) = \sigma_y^2$ und $Cov(X, Y) = \rho \sigma_x^2 \sigma_y^2$
- Schätzung der Parameter mit Standard-Methoden
- Umriss der Ellipse als Normalverteilung der Form

$$\frac{(x - \mu_x)^2}{\sigma_x^2} + \frac{(y - \mu_y)^2}{\sigma_y^2} - \frac{2\rho(x - \mu_x)(y - \mu_y)}{\sigma_x \sigma_y} = C$$

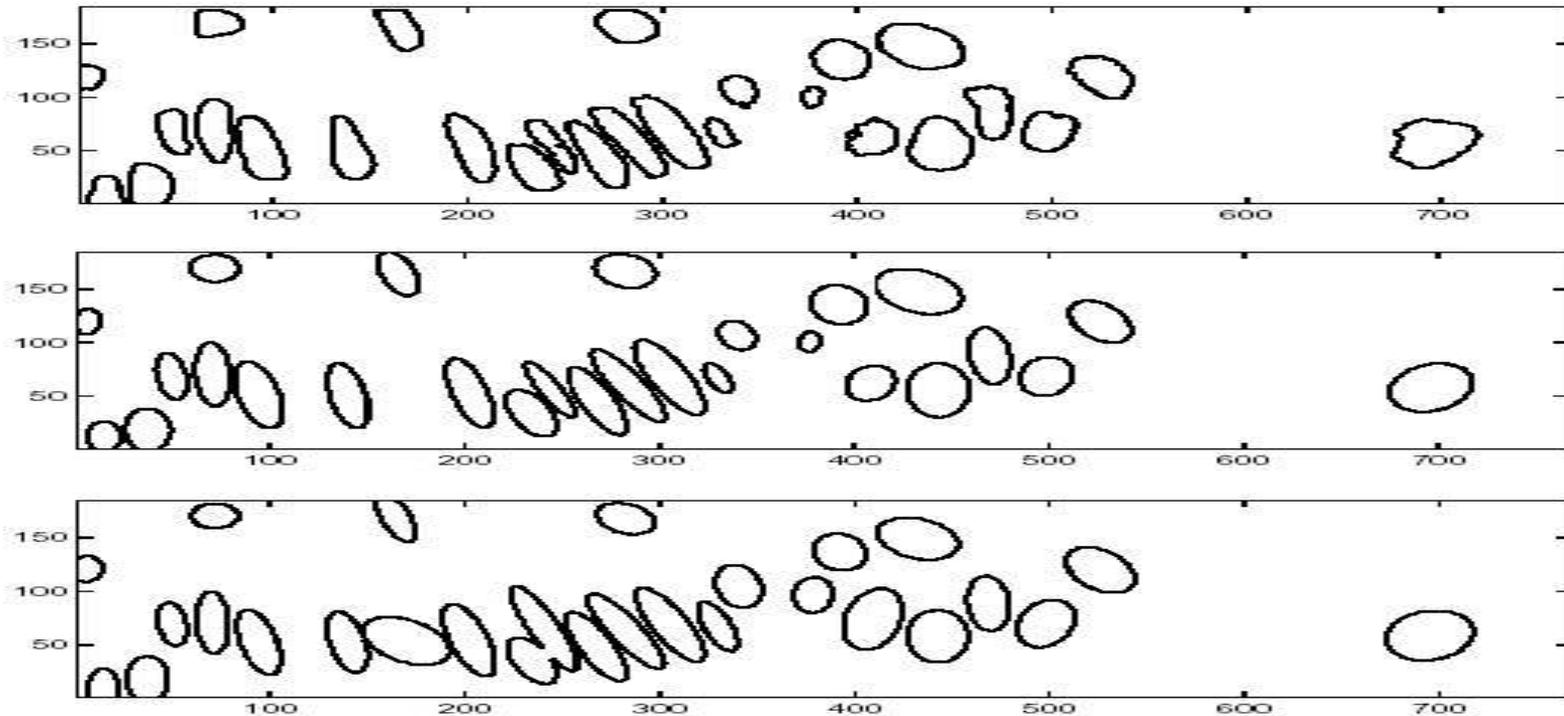


Figure 5: Bild nach (a) Thresholding und Anwendung morphologischer Operationen, (b) Erzeugung von Ellipsen und (c) 20.000 Iterationen

6 Zusammenfassung

- Ausgangsposition: gestörtes Bild
- Ziel: Erzeugung eines Bilds bzw. zugehörigem Parametervektor, der aus der Modellklasse stammt
- Erzeugung von Bildern mit Hilfe des Reversible Jump Algorithmus, wobei die Akzeptanzwahrscheinlichkeit der Vorschläge von den Beobachtungswerten (Intensitäten) abhängt
- Verbesserung der Konvergenzgeschwindigkeit unter Umständen möglich durch Modifikationen des Algorithmus (Veränderung der Geburtsprozesse, Konstruktion geeigneter Ausgangszustände)

7 Literaturverzeichnis

- AL-AWADHI, F., JENNISON C. UND HURN M.: *Statistical Analysis for a Confocal Microscopy 2-D Section of Cartilage Growth*. Statistics Group Research Report, University of Bristol, 2002.
- AL-AWADHI, F.: *Statistical Image Analysis and Confocal Microscopy*. Dissertation, University of Bath - UK, 2001.
- GREEN, P.J.: Reversible Jump Markov Chain Monte Carlo Computation and Bayesian Model Determination. *Biometrika* **82**:711-732, 1995.
- HURN, M. UND RUE, H.: *The Art and Science of Bayesian Image Analysis. High Level Image Priors in Confocal Microscopy Applications* 36-43, Leeds University Press, 1997.