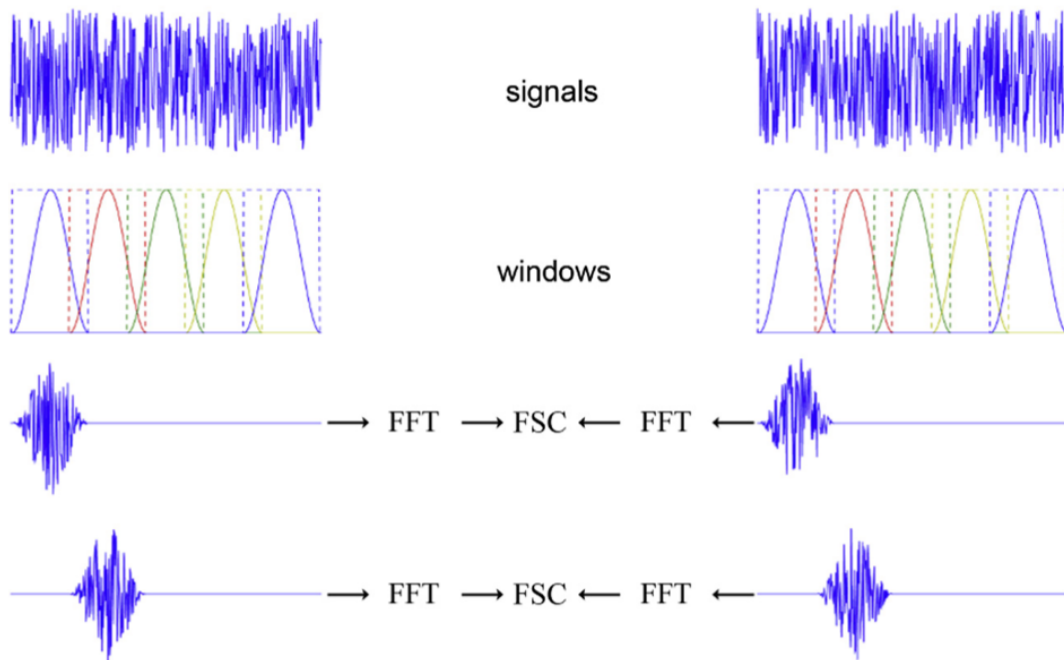


MonoRes: Automatic and Accurate Estimation of Local Resolution for Electron Microscopy Maps

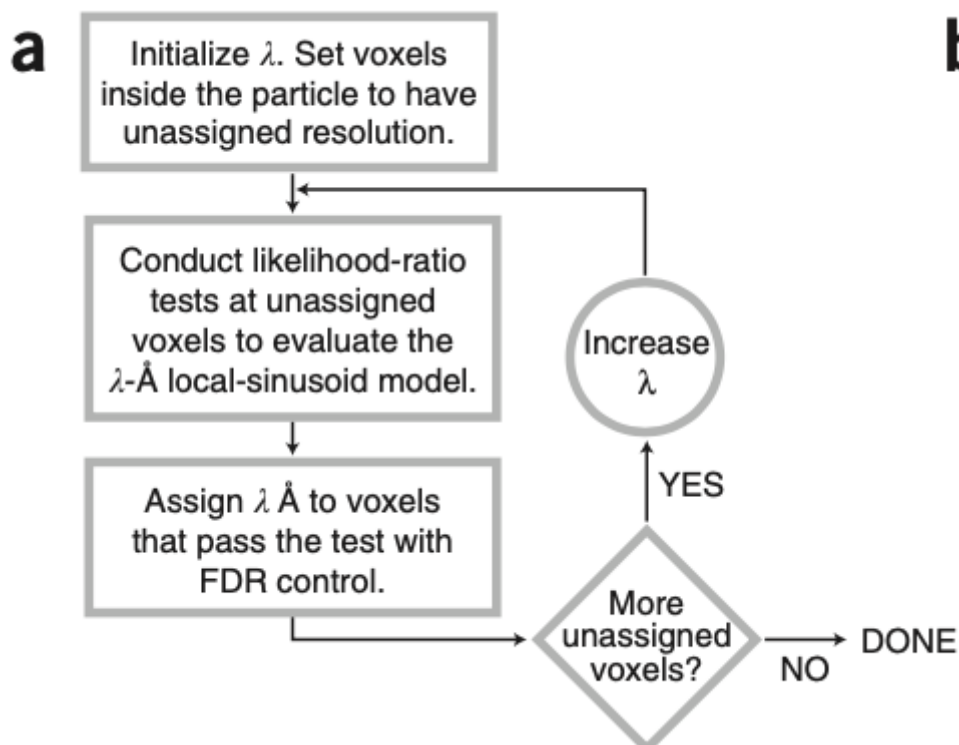
Review

BlocRes: 对密度图做一个局部的截断，然后进行计算FSC。



- 缺点：需要half maps，计算量大。

ResMap: 假设检验每个点周围能否找到频率为 ω 的正弦波。



- 缺点：最好需要half maps和mask；需要好的初始化参数 λ 。

Rietz Transform and Monogenic Signals

- **Hilbert transform:**

$$FT[H(f(t))] = -i \cdot \text{sign}(\omega) \hat{f}(\omega)$$

- **Example:** 若 $f(t) = \sin(\omega \cdot t)$, 则有 $H(f(t)) = \cos(\omega \cdot t)$.

- **Rietz transform:** 对H变换的n维推广。

$$\hat{s}_R(\omega) = -\frac{\omega}{\|\omega\|} \hat{s}(\omega) = -\frac{1}{\|\omega\|} (\omega_1 \hat{s}(\omega), \dots, \omega_n \hat{s}(\omega))$$

- **Analytic signals:** 1D复信号, 频域空间负半轴上取值是0, 并且时空间中实部等于原始信号。

解析信号可以通过Hilbert变换得到:

$$s_a(t) = s(t) + i s_H(t) = A(t) \cdot \exp(i\phi(t))$$

- **Monogenic signals:** 对于解析信号的n维推广。

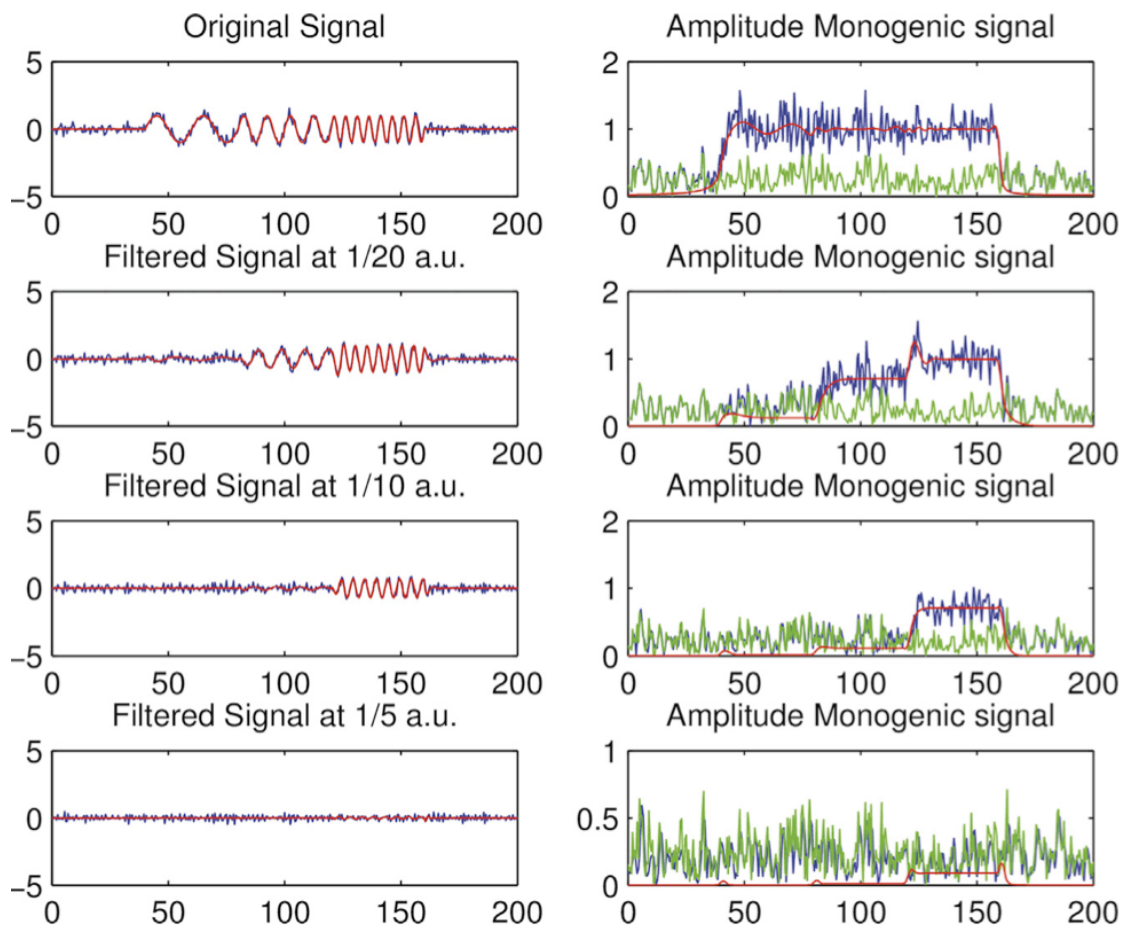
$$s_{MG}(r) = s(r) + \sum_j i_j [(s_R)_j(r)]$$

◦ i_j 是对于复单元 i 的n维推广, 满足 $i_j^2 = -1$, $i_j * i_k = -i_k * i_j$.

◦ $n=1 \rightarrow$ 复数; $n=3 \rightarrow$ 四元数.

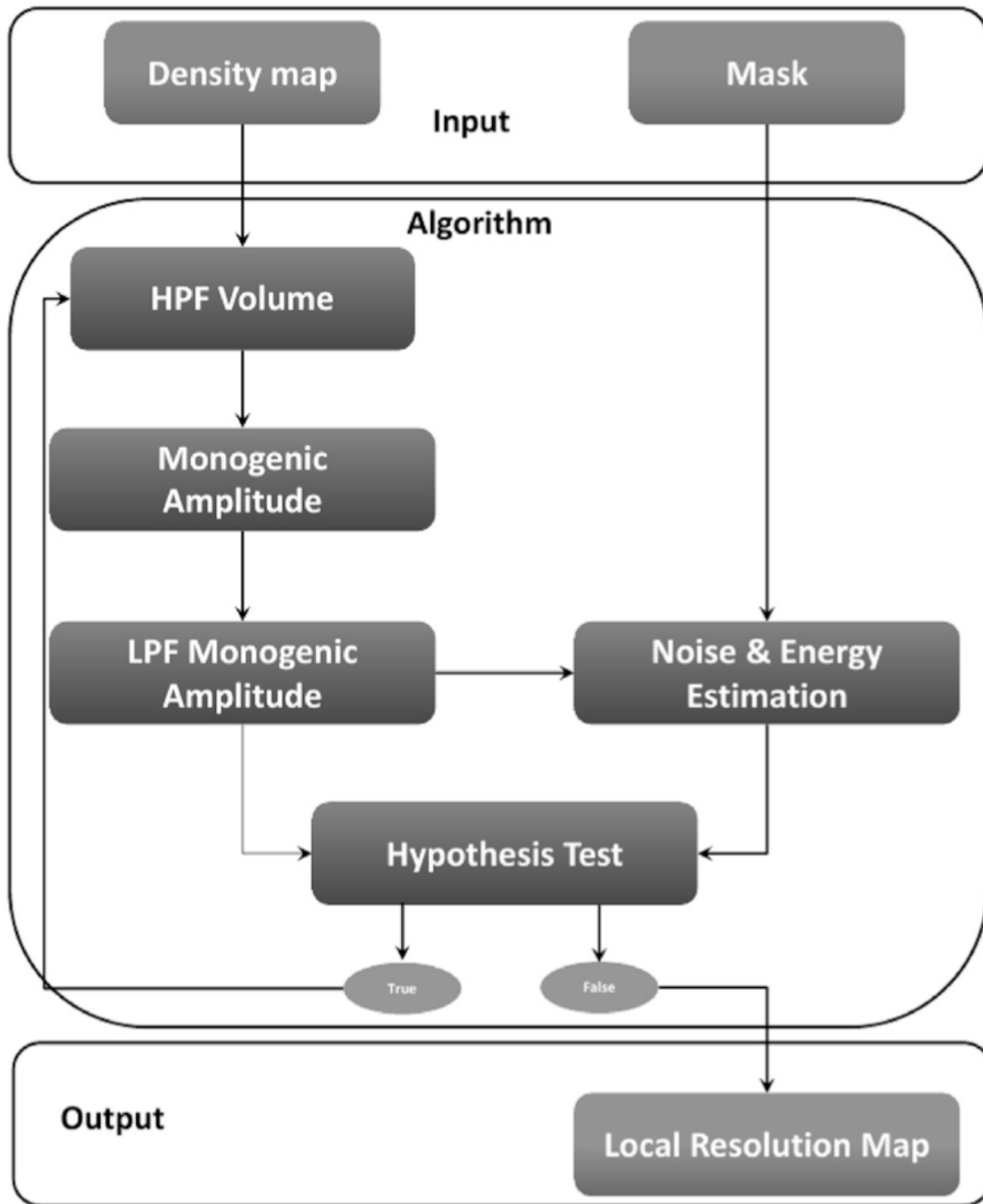
- **Monogenic amplitude**

$$A^2(r) = s^2(r) + \sum_j (s_R)_j^2(r)$$



Method

核心思想：如果某个点处的分辨率为 ω_0 ，那么在该点处做 ω_0 的高通滤波后的单基因振幅应该和噪声的单基因振幅没有区别。



- High pass filter: 对于当前的截断频率 ω_0 ，做 ω_0 上的高通滤波。
- Monogenic amplitude: 先计算出Rietz transform.

$$V_{R,\omega_0}(r) = FT^{-1}\left[-\frac{\omega}{\omega_0}\hat{V}_{HPF,\omega_0}(\omega)\right]$$

$$A_{MG\omega_0}(r) = \sqrt{V_{HPF,\omega_0}^2(r) + \sum_{j=1}^3 V_{R,\omega_0,j}^2(r)}$$
- Low pass filter: 对单基因振幅函数做 ω_0 处的低通滤波。(?)
- 估计噪声的单基因振幅：
 - 输入是单图加mask，通过mask外的体素来估计噪声的分布图。
 - 输入是half maps：二者相减除以根号2。
- 假设检验：

Noise threshold: $\varepsilon = CDF_{A_N}^{-1}(1 - \alpha)$

如果有高斯噪声的假设，那么只需要计算：

$$\varepsilon = \mu + CDF_{N(0,1)}^{-1}(1 - \alpha)\sigma$$

Result:

Table 2. Summary of Local Resolution for the Experimental Cases				
Volume	FSC (Å)	MonoRes Range (Å)	ResMap Range (Å)	Blocres Range (Å)
β-Galactosidase	2.2	[2.0, 4.8] (3.3)	[2.2 5.0] (2.6)	–
(Using halves)	2.2	[1.6, 4.0] (3.2)	[2.0 5.0] (2.7)	[2.2, 4.2] (2.6)
Proteasome	2.8	[2.0, 4.6] (2.8)	[2.2, 6.0] (2.7)	–
(Using halves)	2.8	[2.0, 4.1] (2.9)	[2.2, 6.0] (2.9)	[2.8, 4.0] (3.0)
TRPV1	3.3	[3.5, 6.8] (4.2)	[2.7, 5.2] (4.0)	–
Aquareovirus	3.6	[3.0, 5.6] (4.2)	–	–
The number in parentheses is the local resolution median.				