

Ziel dieser Übung ist die Segmentierung der Spots eines DNA-Chips. Der Datensatz im File "SectorCY3.tif" enthält einen einzigen Sektor eines Chips. Die Segmentierung soll mittels Region-Growing implementiert werden.

1. Schreiben Sie eine Funktion, die die Pixel eines Spots segmentiert. Die Funktion benötigt einen Threshold, wobei alle Pixel mit höherem Grauwert dem Spot zugeordnet werden.
    - a. Der Threshold wird als *Mittelwert + 3\*Standardabweichung* einer beliebigen rechteckigen ROI über dem Hintergrund mit mindestens 100 Pixel definiert.
    - b. Die Seed-points sind in einer Liste mit den Tupeln  $(i,j,n)$  vorgegeben,  $i$  und  $j$  bezeichnen die Zeile und die Spalte des Seedpoints,  $n$  gibt die Nummer des Seedpoints an.
    - c. Das Resultat ist eine Matrix, in der die Punkte des Spots mit dem zugehörigen Index  $n$  gekennzeichnet sind und alle anderen 0 gesetzt sind.
  2. Berechnen Sie die Mittelwerte und Standardabweichungen aller Spots und tragen Sie die Werte über dem Spot-Index  $n$  auf.
- 

Liste der Seed-Pointst:

(40,103,1), (40,153,2), (40,204,3), (40,254,4), (40,302,5), (40,353,6), (40,406,7)  
(91,103,8), (91,153,9), (91,204,10), (91,254,11), (91,302,12), (91,353,13), (91,406,14)  
(140,103,15), (140,153,16), (140,204,17), (140,254,18), (140,302,19), (140,353,20), (140,406,21)  
(191,103,22), (191,153,23), (191,204,24), (191,254,25), (191,302,26), (191,353,27), (191,406,28)  
(240,103,29), (240,153,30), (240,204,31), (240,254,32), (240,302,33), (240,353,34), (240,406,35)  
(290,103,36), (290,153,37), (290,204,38), (290,254,39), (290,302,40), (290,353,41), (290,406,42)  
(340,103,43), (340,153,44), (340,204,45), (340,254,46), (340,302,47), (340,353,48), (340,406,49)