

Diese Übung stellt die Aufgabe, aus einem DNA-Chip, der üblicherweise die Größe eines Objektträgers hat, die Sektoren, die eine Ordnungseinheit für Spots darstellen, zu identifizieren. Diese Sektoren werden als Subimages organisiert. Die Auswertung der jeweiligen Spots wird in professionellen Auswertesystemen anhand dieser Sub-Images durchgeführt.

Führen Sie Partitionierung der DNA-Chips anhand der Zeilen- und Spaltenprofile durch. Die Definitionen

$$p(i) = \sum_j f(i, j) \text{ und } p(j) = \sum_i f(i, j)$$

sind für das Zeilenprofil  $p(i)$ , wobei die Grauwerte des Bildes  $f(i, j)$  entlang der Zeilen summiert werden, und analog dazu für das Spaltenprofil  $p(j)$ , angegeben.

1. Versuchen Sie anhand der Minima in den Zeilenprofilen die Anzahl der Sektorzeilen zu bestimmen.
  2. Bilden Sie Sub-Bilder, die jeweils eine Sektorzeile enthalten.
  3. Bilden Sie die Spaltenprofile anhand der Sektorbilder und bestimmen Sie daraus die Anzahl der Sektoren.
  4. Speichern Sie die Sektoren in einzelnen Dateien mit fortlaufender Nummer ab.
  5. Wenden Sie einen Medianfilter zur Verminderung des inhärenten Bildrauschens als Vorverarbeitungsschritt an. Wie verhalten sich die Profile?
  6. Versuchen Sie, anhand der Zeilen- und Spaltenprofile die Spots in einem Sektorbild zu lokalisieren, d.h. ein Seed-Point innerhalb des Spots wird bestimmt.
- 

Zum Testen der Algorithmen verwenden Sie die Files 'Def661Cy3.tif' und 'Def661Cy3.tif' .

---

Nützliche Funktionen: medfilt2(), sum(), imwrite().

Informationen über diese Funktionen erhalten Sie im Matlab-Help System.