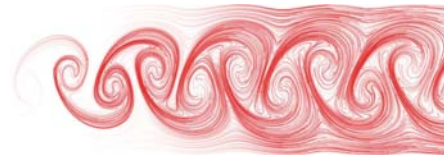
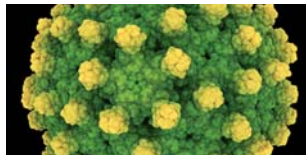


max planck institut
informatik

Bericht 2011



max planck institut
informatik



REPORT

Bericht 2011

Direktorium

Prof. Dr. Dr. Thomas Lengauer

Prof. Dr. Kurt Melihorn

Prof. Dr. Bernd Schiele

Prof. Dr. Hans-Peter Seidel

Prof. Dr. Gerhard Weikum

Fachbeirat

Prof. Dr. Pankaj Kumar Agarwal, Department of
Computer Science, Duke University, Durham, USA

Prof. Dr. Douglas L. Brutlag, Stanford University,
School of Medicine, USA

Prof. Dr. Joseph M. Hellerstein, EECS Computer
Science Division, University of California, Berkeley, USA

Prof. Dr. Yannis E. Ioannidis, Department of Informatics &
Telecommunications, University of Athens, Griechenland

Prof. Dr. Friedhelm Meyer auf der Heide, Heinz Nixdorf Institut,
Universität Paderborn, Deutschland

Prof. Dr. Eugene Myers, Howard Hughes Medical Institute,
Ashburn, USA

Prof. Dr. Frank Pfenning, Computer Science Department,
Carnegie Mellon University, Pittsburgh, USA

Prof. Dr. Claude Puech, INSITU, Paris, Frankreich

Prof. Dr. Éva Tardos, Cornell University, Ithaca, USA

Prof. Dr. Demetri Terzopoulos, Department of Computer
Science, University of California, Los Angeles, USA

Kuratorium

Hon. Adv. Professor (Tsinghua) Dr. Reinhold Achatz, Leiter
Corporate Research and Technologies, Siemens AG, München

Dr. Siegfried Dais, Stellvertretender Vorsitzender der
Geschäftsführung, Robert Bosch GmbH, Stuttgart

Christiane Götz-Sobel, Leiterin der Redaktion
Naturwissenschaft und Technik des ZDF, München

Dr. Christoph Hartmann, Minister für Wirtschaft und
Wissenschaft, Saarland

Prof. Dr. Joachim Hertel, Geschäftsführer
DACOS Software GmbH, Saarbrücken

Prof. Dr. Stefan Jähnichen, Präsident der Gesellschaft
für Informatik e. V., Bonn

Prof. Dr. Henning Kagermann, Präsident acatech, München

Prof. Dr. Volker Linneweber, Präsident der Universität
des Saarlandes, Saarbrücken

Prof. Dr. Wolf-Dieter Lukas, Ministerialdirektor,
Bundesministerium für Bildung und Forschung, Bonn

Dr. Nelson Mattos, Vize Präsident Engineering, EMEA,
Google, Zürich, Schweiz

Prof. Dr. Wolffried Stucky, Institut für Angewandte Informatik
und Formale Beschreibungsverfahren, Universität Karlsruhe

Prof. Dr. Margret Wintermantel, Präsidentin der
Hochschulrektorenkonferenz, Bonn



INHALTE

| | |
|------------|--|
| 7 | VORWORT |
| 8 | DAS MAX-PLANCK-INSTITUT FÜR INFORMATIK: EIN ÜBERBLICK |
| 14 | DIE ABTEILUNGEN IM ÜBERBLICK |
| | DIE ABTEILUNGEN |
| 14 | ABT . 1 ALGORITHMEN UND KOMPLEXITÄT |
| 16 | ABT . 2 BILDVERARBEITUNG UND MULTIMODALE SENSORVERARBEITUNG |
| 18 | ABT . 3 BIOINFORMATIK UND ANGEWANDTE ALGORITHMIK |
| 20 | ABT . 4 COMPUTERGRAFIK |
| 22 | ABT . 5 DATENBANKEN UND INFORMATIONSSYSTEME |
| | DIE FORSCHUNGSGRUPPEN |
| 24 | FG . 1 AUTOMATISIERUNG DER LOGIK |
| 25 | DAS MAX PLANCK CENTER |
| 26 | DIE FORSCHUNGSSCHWERPUNKTE |
| 28 | ANALYSE VON BILDERN & VIDEOS |
| 38 | BIOINFORMATIK |
| 48 | GARANTIEN |
| 56 | INFORMATIONSSUCHE & DIGITALE WISSEN |
| 66 | MULTIMODALE INFORMATION |
| 70 | OPTIMIERUNG |
| 76 | SOFTWARE |
| 82 | VISUALISIERUNG |
| 90 | IMPRS-CS |
| 92 | AKTUELLES |
| 102 | DAS INSTITUT IN ZAHLEN |
| 104 | INFORMATIONSDIENSTE & TECHNOLOGIEN |
| 108 | KOOPERATIONEN |
| 110 | PUBLIKATIONEN |
| 114 | WEGE ZUM INSTITUT |



V O R W O R T

Regelmäßig und mit diesem Heft jährlich legt das Max-Planck-Institut für Informatik einen Bericht für die breitere Öffentlichkeit vor. Wir wollen damit allen Wissenschaftsinteressierten Themen, Ziele und Methoden der modernen Informatik und die Arbeiten unseres Instituts vorstellen. Insbesondere hoffen wir, Ihnen, liebe Leser, die Faszination unserer Wissenschaft näher zu bringen.

Das Max-Planck-Institut für Informatik will ein Leuchtturm der Wissenschaft sein. Wir wirken entlang mehrerer Achsen. Erstens durch unsere wissenschaftliche Arbeit, die wir in Publikationen und Büchern, aber auch in Form von Software verbreiten. Zweitens durch die Ausbildung von Nachwuchs, insbesondere in der Promotion und danach. Wir bringen künftige Vordenker und Führungskräfte für Wissenschaft und Wirtschaft hervor. Drittens durch eine Leitrolle im Fach. Wir initiieren und koordinieren große Forschungsprogramme und übernehmen Aufgaben in wichtigen Gremien. Viertens als Anziehungspunkt für Talente aus dem In- und Ausland. Von den über 190 wissenschaftlichen Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern des Instituts kommt etwa die Hälfte aus dem Ausland. Fünftens durch den Transfer unserer Ergebnisse in die Wirtschaft. Dieser Transfer geschieht in Kooperationsprojekten, durch Ausgründungen und mittels einzelner Personen. Sechstens durch den Aufbau eines Kompetenzzentrums von Weltrang in Kooperation mit den anderen Informatikeinrichtungen am Standort (Fachbereiche Informatik und Computerlinguistik der Universität des Saarlandes, Deutsches Forschungszentrum für künstliche Intelligenz und Max-Planck-Institut für Softwaresysteme). Entlang jeder dieser Achsen waren wir in den letzten Jahren sehr erfolgreich.



Sichtbarer Ausdruck des Erfolgs der Saarbrücker Informatik sind die Neubauten und Bauaktivitäten am Platz der Informatik: Max-Planck-Institut für Softwaresysteme, Bioinformatik und Intel Visual Computing Institute, Informatikhörsaalgebäude, Bibliothek der Informatik und Mathematik und Exzellenzclustergebäude.



Der Bericht folgt einer einfachen Gliederung. Nach einer Übersicht über das Gesamtinstitut, die Abteilungen und die Forschergruppen stellen wir die Forschungsschwerpunkte des Instituts vor. An diesen Themen, die quer zu den Abteilungen verlaufen, werden wir auch in den nächsten Jahren weiter forschen. Dem schließt sich

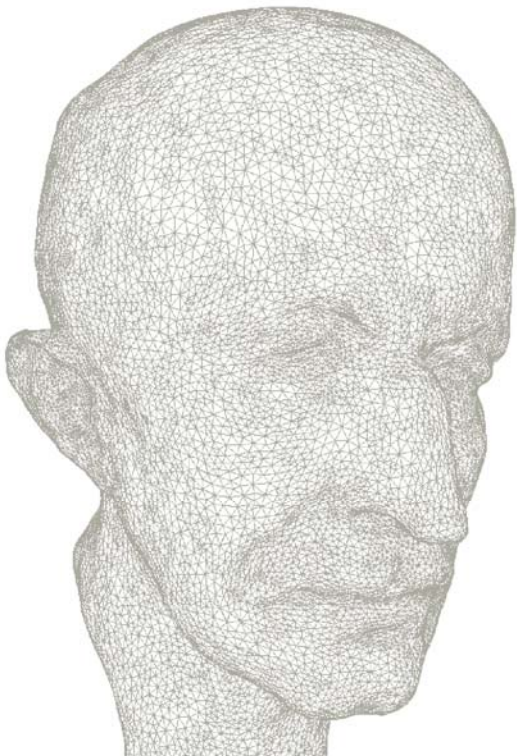
ein kurzer Überblick zu aktuellen Ereignissen an. Im letzten Teil des Berichts finden Sie eine Auswahl von wissenschaftlichen Publikationen für das Jahr 2011 sowie Kennzahlen unseres Instituts für diesen Zeitraum.

Wir wünschen Ihnen viel Spaß bei der Lektüre dieses Berichts.

Bernt Schiele Geschäftsführender Direktor

Das Max-Planck-Institut für Informatik Ein Überblick

Computersysteme beeinflussen in steigendem Maße unser Leben. Sie bilden die Grundlage für nicht nur praktisch alle geschäftlichen Prozesse, sondern haben schon seit längerem auch in Wissenschaft und Technik sowie in unseren Alltag und unsere Unterhaltung Einzug gehalten. Heute ist die digitale Informationsverarbeitung aus praktisch keinem Bereich des Lebens mehr wegzudenken. Damit ist sie ein die Gesellschaft bestimmender Faktor. Ferner sind Computer sowie die auf ihnen laufende Software und die aus ihnen gebildeten Netzwerke - allen voran das weltumspannende Internet - die komplexesten Strukturen, die je von Menschenhand geschaffen wurden. In der Tat sind Hardware und in noch weit größerem Maße Software so komplex, dass sie nicht mehr in all ihren Einzelheiten verstanden werden können. Das macht Computersysteme zu einem sowohl machtvollen als auch mysteriösen Werkzeug. Sowohl das Leistungsvermögen als auch die Geheimnisse von Computersystemen verlangen nach ihrer wissenschaftlichen Erforschung.



ÜBERBLICK

Beim wissenschaftlichen Umgang mit Computersystemen handelt es sich um Grundlagenforschung, die jedoch in vielen Fällen in kurzer Zeit zu dramatischen Änderungen im Alltag führt. Gerade die beiden letzten Jahrzehnte machen dies deutlich: World Wide Web, soziale Netzwerke, Suchmaschinen, Kompressionsverfahren für Videos und Musik und (das Bemühen um) sicheres Electronic Banking mittels kryptographischer Methoden sind wenige Jahre nach ihrer Entdeckung in Universitäten und Forschungsinstituten aus unserem Alltag nicht mehr wegzudenken.

Die Max-Planck-Gesellschaft als führende Einrichtung der Grundlagenforschung in Deutschland hat auf diese Entwicklung reagiert und 1990 das Max-Planck-Institut für Informatik (MPI-INF) in Saarbrücken gegründet. Im Jahr 2005 folgte die Gründung des Max-Planck-Instituts für Softwaresysteme (MPI-SWS) mit den Standorten Saarbrücken und Kaiserslautern. In einigen weiteren Instituten gibt es Abteilungen mit starken Informatikkomponenten. Die Neuausrichtung des Max-Planck-Instituts für Metallforschung in ein Institut für intelligente Systeme wird die Informatik in der Max-Planck-Gesellschaft weiter stärken. Angesichts der Bedeutung des Gebiets ist die Gründung weiterer Institute in der Informatik oder in informatiknahen Gebieten wünschenswert.

Zielsetzung

Das Max-Planck-Institut für Informatik will ein Leuchtturm der Wissenschaft sein. Wir wirken entlang mehrerer Achsen.

Erstens durch unsere wissenschaftliche Arbeit, die wir in Publikationen und Büchern aber auch in Form von Software verbreiten. Zurzeit konzentrieren sich unsere Arbeiten auf Algorithmen für sehr große multimodale Datenmengen. Multimodal steht dabei für Text, Sprache, Bilder, Videos, Graphen und hochdimensionale Daten.

Zweitens durch die Ausbildung von Nachwuchs, insbesondere während der Promotion und danach. Wir bringen künftige Vordenker und Führungskräfte für Wissenschaft und Wirtschaft hervor. In unserem Institut arbeiten über 190 Forscher und Forscherinnen, die im Schnitt etwa drei Jahre bei uns bleiben. Damit stellen wir der Gesellschaft pro Jahr über 60 hervorragend ausgebildete Nachwuchswissenschaftler zur Verfügung.

Drittens durch eine Leitrolle im Fach. Wir initiieren und koordinieren große Forschungsprogramme und übernehmen Aufgaben in wichtigen Gremien, etwa dem Wissenschaftsrat. Bei der Einwerbung des Exzellenzclusters „*Multimodal Computing and Interaction*“ und der Exzellenz-Graduiertenschule Informatik durch die Universität des Saarlandes hat das Institut eine wesentliche Rolle gespielt.

Viertens als Anziehungspunkt für Talente aus dem In- und Ausland. Von den Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern des Instituts kommt etwa die Hälfte aus dem Ausland. Damit stärken wir das Deutschland zur Verfügung stehende Talent und bilden Brückenköpfe im Ausland.

Fünftens durch den Transfer unserer Ergebnisse in die Wirtschaft. Dieser Transfer geschieht in Kooperationsprojekten, durch Ausgründungen und durch Personen. Intel gründete 2009 gemeinsam mit der Universität des Saarlandes, dem DFKI, dem MPI-SWS und dem MPI-INF das Intel Visual Computing Institute. Intel investiert zwölf Millionen US-Dollar in die neue Forschungseinrichtung mit Sitz auf dem Campus der Saarbrücker Hochschule. Im Mittelpunkt steht die Entwicklung zukünftiger Grafik- und Visual Computing-Technologien. Die Investition erfolgt über einen Zeitraum von fünf Jahren und ist bislang Intels umfangreichste Kooperation mit einer Universität in Europa.

Sechstens durch den Aufbau eines Kompetenzzentrums von Weltrang in Kooperation mit den anderen Informatik-einrichtungen am Standort Saarbrücken (Fachbereiche Informatik und Computerlinguistik der Universität des Saarlandes, Deutsches Forschungszentrum für künstliche Intelligenz und Max-Planck-Institut für Softwaresysteme).

Historie und Instiutsstruktur

Das Max-Planck-Institut für Informatik wurde im Jahre 1990 gegründet. Kurt Mehlhorn war der Gründungsdirektor und leitet seitdem die Abteilung „Algorithmen und Komplexität“. Auch Harald Ganzinger war von Anfang an mit dabei und leitete bis zu seinem Tod im Jahr 2004 die Abteilung „Logik der Programmierung“. Im Jahre 1999 folgte der Aufbau einer dritten Abteilung „Computergrafik“ unter der Leitung von Hans-Peter Seidel. Thomas Lengauer kam im Jahre 2001 an das Institut und leitet seitdem die Abteilung „Bioinformatik und Angewandte Algorithmik“. Seit 2003 leitet Gerhard Weikum die Abteilung „Datenbanken und Informationssysteme“. Im Sommer 2010 kam die neue Abteilung „Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung“ hinzu, die von Bernt Schiele geleitet wird.

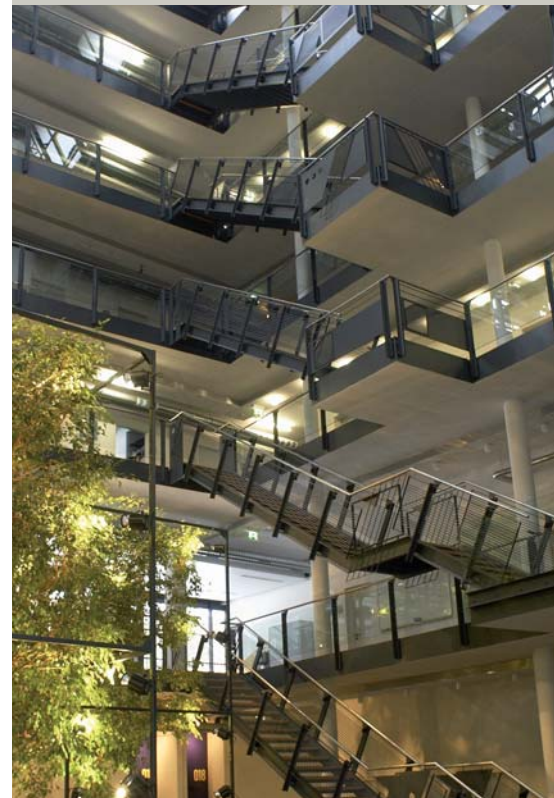
Neben den Abteilungen beherbergt das Institut selbständig arbeitende Forschungsgruppen. Derzeit ist die von Christoph Weidenbach geleitete Forschungsgruppe „Automatisierung der Logik“ am Institut tätig; ebenso wie einige selbständige Nachwuchsgruppen des Exzellenzclusters Multimodal Computing and Interaction und der Max-Planck Stanford Kooperation (Mario Albrecht, Jan Baumbach, Tobias Friedrich, Ivo Ihrke, Meinard Müller, Antti Oulasvirta, Tobias Ritschel, Ralf Schenkel, Carsten Stoll, Martin Theobald, Thorsten Thormählen, Michael Wand, Tino Weinkauff).

Forschungsthemen

Der zentrale Forschungsgegenstand des Instituts ist der Algorithmus. Ein Algorithmus ist eine Rechenvorschrift, eine genaue Anweisungsfolge an den Computer, wie er etwas zu berechnen hat. Unsere Arbeitshypothese ist, dass

die Entwicklung neuer Algorithmen einen schnelleren Fortschritt in der Informatik bewirken kann als die Hardwarebeschleunigung. Um ein typisches Beispiel zu nennen: Der Stand von Hardware und Algorithmen im Jahr 1970 ermöglichte die Berechnung einer optimalen Reisroute für einen Handelsreisenden (ein klassisches Optimierungsproblem und anerkannter Benchmark für die Rechenleistung) durch 120 Städte. Beim Hinzufügen einer weiteren Stadt multipliziert sich die Laufzeit des klassischen Algorithmus mit 120, bei der nächsten Stadt mit 121 und so weiter - ein superexponentielles Wachstum. Legen wir nun also die durch die heutige Technologie erhöhte Hardware-Geschwindigkeit und die Algorithmen von 1970 zusammen, so könnten wir heute lediglich optimale Routen zwischen 135 Städten ermitteln. Es ist der Fortschritt bei den Algorithmen, der es heute ermöglicht, optimale Routen zwischen Tausenden von Städten zu finden. Würden wir uns hier nur auf den Fortschritt bei der Hardware verlassen, wäre eine solche Leistung in Hunderten von Jahren nicht möglich.

Die Aufgabe, die von eigener Hand erstellten Algorithmen und deren Realisierung in Computerprogrammen zu verstehen, ist eine wissenschaftliche und hat zwei wichtige Aspekte. Zum einen die Frage, ob das Programm auch das berechnet, was beabsichtigt war, und dabei nicht „abstürzt“, „einfriert“ oder alle Ressourcen des Computers blockiert. Zum anderen die Frage, ob das Programm auch „effizient“ ist und der bestmögliche Algorithmus gefunden wurde. In der Abteilung „Algorithmen und Komplexität“ werden die Ressourcen untersucht, die ein Algorithmus für seine Berechnung braucht. Die wichtigsten Ressourcen sind Rechenzeit (Wie lange muss ich auf das Berechnungsergebnis



ÜBERBLICK

warten?) und Speicherplatz (Reicht mein Speicher für meine Berechnung?). Dabei werden nicht nur neue Algorithmen entwickelt, die den Bedarf an Rechenzeit und Speicherplatz minimieren und somit eine direkt hohe, praktische Relevanz haben, sondern es werden auch die grundsätzlichen Grenzen dieser Vorgehensweise beleuchtet: Wie viel Rechenzeit/Speicherplatz ist grundsätzlich für eine Berechnung notwendig?

Die Forschungsgruppe „*Automatisierung der Logik*“ erforscht mathematisch präzise, generische Verfahren zur Lösung schwieriger, so genannter harter Probleme. Typische Anwendungen der logikbasierten Verfahren sind die Verifikation von Systemen mit einem signifikanten digitalen Anteil sowie Optimierungsprobleme.

Computer werden heute vielfach dazu benutzt, Ausschnitte der realen oder einer virtuellen Welt auf dem Rechner nachzubilden, zu simulieren und darzustellen. Aufgrund der Bedeutung visueller Information für den Menschen hat sich die Computergrafik deshalb im vergangenen Jahrzehnt zu einer Schlüsseltechnologie der modernen Informations- und Kommunikationsgesellschaft entwickelt. Ein wichtiges Charakteristikum der Arbeiten in der Abteilung „*Computergrafik*“ ist dabei die durchgängige Betrachtung der gesamten Verarbeitungskette von der Datenakquisition über die Modellierung (Erzeugung einer geeigneten rechnerinternen Szenenbeschreibung) bis zur Bildsynthese (Erzeugung von beliebigen Ansichten). Hieraus ergeben sich folgende wissenschaftliche Herausforderungen: Zum einen wollen wir Modellierungswerkzeuge entwickeln, welche die effiziente Handhabung und Weiterverarbeitung der Datenflut auf der Eingabeseite ermöglichen, zum anderen suchen

wir neue Algorithmen zur schnellen und dabei qualitativ hochwertigen Darstellung unter enger Verzahnung mit den Möglichkeiten moderner Grafikhardware auf der Ausgabeseite.

Die Abteilung „*Bioinformatik und angewandte Algorithmik*“ trägt der Tatsache Rechnung, dass die Lebenswissenschaften durch die dramatischen technologischen Fortschritte im Umfeld der Genomsequenzierung zunehmend vom Computereinsatz abhängig sind. Der Computer hat hier eine zentrale Rolle übernommen, sowohl bei der Vorbereitung und Konfiguration von biologischen Experimenten als auch insbesondere bei der Interpretation von den durch sie generierten biologischen Daten. Der Rechner ist heute ein wesentliches Instrument der modernen Biologie und Medizin. Das Verständnis biologischer Vorgänge auf molekularer Ebene ist ohne den Rechner nicht möglich, zum einen, weil es in der modernen Biologie immense Datenmengen zu verarbeiten gilt, und zum anderen, weil die Komplexität der biochemischen Interaktionen in einem lebenden Organismus das Studium dieser Kreisläufe ohne Zuhilfenahme des Rechners aussichtslos macht. Bioinformatische Methoden sind somit ein Grundbestandteil für die moderne Forschung zur Diagnose und Therapie von Krankheiten geworden.

Die unabhängige Forschungsgruppe für „*Informatik für die Genomforschung und Epidemiologie*“ entwickelt unter der Leitung von Dr. Alice McHardy neue Methoden für die Analyse genomischer Sequenzen, um Fragestellungen von medizinischer und biotechnologischer Relevanz zu klären.

Die Abteilung „*Datenbanken und Informationssysteme*“ widmet sich im Be-

sonderen der Thematik der Suche, Verteilung und Organisation von Daten in digitalen Bibliotheken, wissenschaftlichen Datensammlungen sowie dem größten aller Computernetze, dem World Wide Web. Unser langfristiges Ziel besteht in der Entwicklung von leicht zu bedienenden, skalierbaren und präzisen Werkzeugen zur intelligenten Informationssuche, die den Benutzer aktiv bei der Formulierung von Anfragen und dem Finden von relevanten Informationen in verschiedensten Datenformaten unterstützen. Ein besonderer Augenmerk dieser Forschung liegt in der automatischen Extraktion von strukturierten Informationen aus unstrukturierten Quellen wie dem World Wide Web. Unsere Extraktionsverfahren kombinieren dabei Ansätze zur Mustererkennung, Extraktionsregeln sowie linguistische Methoden und statistische Lernverfahren. Auf diese Weise hat die Abteilung in den vergangenen Jahren bereits eine der umfassendsten, auf Wikipedia basierenden und frei verfügbaren Wissensbasen geschaffen. Für die effektive und effiziente Suche in semistrukturierten und unstrukturierten Datensammlungen entwickeln wir darüber hinaus neue Methoden und Software-Werkzeuge zur Suche und Analyse von XML-Dokumenten, graphbasierten RDF-Daten und sehr datenintensiven Internetarchiven. Zur besseren Skalierbarkeit verfolgen wir verschiedene Ansätze zur Implementierung dieser Methoden in verteilten Rechnersystemen.

Die 2010 gegründete Abteilung „*Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung*“ beschäftigt sich mit der Verarbeitung und dem Verstehen von Sensorinformation. Sensoren können sehr mächtig (z. B. Kameras) oder relativ einfach (z. B. GPS und Beschleunigung) sein. Sie sind heutzutage in immer mehr Geräten und Umgebungen einge-

bettet. Auch wenn die rechnergestützte Verarbeitung solcher Sensorinformation enorme Fortschritte erzielt hat, ist diese in aller Regel auf einfache Sachverhalte beschränkt. Das bedeutet insbesondere, dass Geräte und Computer, die Zugriff auf die Sensorinformationen haben, diese nicht vollständig interpretieren und somit ihre Umgebung nicht wirklich verstehen können. Solches Sensorverstehen ist aber die Grundvoraussetzung für viele Bereiche wie z.B. die Mensch-Maschine-Interaktion, die Indizierung von Bild- und Videodatenbanken, oder für autonome Systeme wie beispielsweise Roboter.

Exzellenzcluster Multimodal Computing and Interaction

Das Institut spielt eine wichtige Rolle in dem 2007 von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) eingerichteten Exzellenzcluster Multimodal Computing and Interaction. Alle Direktoren des Instituts gehören dem Cluster als Principal Investigators an, wissenschaftlicher Koordinator des Clusters ist Hans-Peter Seidel.

Ausgangspunkt des Forschungsprogramms im Cluster ist die Beobachtung, dass sich unsere Lebens- und Arbeitsumstände in den letzten zwei Dekaden dramatisch verändert haben. Vor zwanzig Jahren bestanden digitale Inhalte überwiegend aus Text, heute sind diese Inhalte erweitert um Audio, Video und Graphik, im Umfang explodiert und praktisch überall verfügbar. Als Herausforderung ergibt sich, diese multimodale Information auf robuste, effiziente und intelligente Weise zu organisieren, zu verstehen und zu durchsuchen sowie zuverlässige und sichere Systeme mit intuitiven multimodalen Interaktionsmöglichkeiten zu schaffen.

Der Exzellenzcluster Multimodal Computing and Interaction stellt sich diesen Herausforderungen. Der Begriff „multimodal“ bezeichnet sowohl die unterschiedlichen Arten von Information wie Text, Sprache, Bilder, Video, Graphik und hochdimensionale Daten wie auch die Art der Wahrnehmung und Kommunikation, insbesondere durch Sehen, Hören und Körpersprache. Unser erstes Ziel ist es, die Fähigkeiten von Computersystemen zu verbessern, Daten ganz unterschiedlicher Modalitäten effizient und robust zu erfassen, zu verarbeiten und darzustellen. Auch große, verteilte, verrauschte und unvollständige multimodale Daten sollen analysiert und interpretiert werden; das erfasste Wissen soll aufbereitet und in Echtzeit visualisiert werden. Wir bezeichnen dies als multimodale Verarbeitung. Die tägliche zwischenmenschliche Kommunikation beruht auf einer Vielzahl unterschiedlicher Modalitäten: Unser zweites Ziel ist eine ähnlich natürliche multimodale Interaktion mit Informationssystemen, und zwar überall und zu jeder Zeit. Die Systeme müssen den Umgebungskontext berücksichtigen, auf Sprache, Text und Gesten reagieren und in angemessenen Modalitäten antworten.

Das vorgeschlagene Forschungsprogramm baut auf bestehenden Stärken auf. Der Cluster umfasst die Fachbereiche für Informatik, für Computerlinguistik und Phonetik und für Angewandte Linguistik der Universität des Saarlandes, das Max-Planck-Institut für Informatik, das Deutsche Forschungszentrum für Künstliche Intelligenz sowie das Max-Planck-Institut für Software-systeme. Die beteiligten Einrichtungen haben sich auf ein gemeinsames und langfristiges Forschungsprogramm verständigt, das die Grundlage der Arbeiten



Ü B E R B L I C K

bildet. Universität und Land unterstützen den Cluster in besonderer Weise.

Ein ausdrückliches Ziel des Clusters ist die Qualifikation und Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses. Saarbrücken nimmt hier schon lange eine führende Rolle ein und hat sich über die Jahre den Ruf einer Kadenschmiede für junge Wissenschaftler erworben. Der überwiegende Teil der bewilligten Mittel wird deshalb zur Einrichtung von wissenschaftlichen Nachwuchsgruppen verwendet. Dieses Konzept hat sich in den vergangenen vier Jahren als überaus erfolgreich erwiesen, und eine Vielzahl von Nachwuchswissenschaftlern wurde inzwischen auf Professuren im In- und Ausland berufen.

Einen wesentlichen Teil der Aktivitäten des vergangenen Jahres nahm die Fertigstellung und Präsentation des Fortsetzungsantrags für den Zeitraum 2013 bis 2017 ein. Finale Entscheidungen für die zweite Programmphase der Exzellenzinitiative werden von der DFG am 15. Juni 2012 bekannt gegeben.

Publikationen und Software

Die wissenschaftlichen Ergebnisse des Max-Planck-Instituts für Informatik werden durch Vorträge und Publikationen in Form von Software und durch Webservices verbreitet. Unsere Publikationen erscheinen auf den besten Tagungen und in den besten Zeitschriften des Gebiets. Die meisten Publikationen sind im Repositorium des Instituts frei zugänglich [<http://www.mpi-inf.mpg.de/publications/>]. Einen Teil unserer Ergebnisse stellen wir in Form von herunterladbarer Software als Webservice zur Verfügung. Beispiele sind die CGAL (Computational Geometry Algorithms Library) bzw.

die GISAID EpiFlu Datenbank sowie der klinisch genutzte Webservice gen2pheno zur Beratung bei der HIV Therapie. Veröffentlichungen in Form von Software und Webdiensten machen unsere Ergebnisse direkter und für einen weiteren Kreis von Nutzern zugänglich als klassische Publikationen.

Nachwuchsförderung

Ein weiteres Ziel des Instituts ist die Schaffung eines stimulierenden Klimas für Nachwuchsforscher, damit diese die Möglichkeit haben, ihre eigenen Ideen zu entwickeln und eigene Gruppen aufzubauen. Das Max-Planck-Institut für Informatik betreibt ein aktives Förderprogramm für Doktoranden und Postdoktoranden. Dieses beginnt nach dem Bachelor mit dem Doktorandenprogramm der „*International Max Planck Research School for Computer Science*“ (IMPRS-CS, siehe Seite 90) und erlaubt nach der Promotion über internationale Kooperationsabkommen (wie dem „*Max Planck Center for Visual Computing and Communication*“, siehe Seite 25, im Bereich der Computergrafik und dem „*Indo Max Planck Center for Computer Science (IMPECS)*“, siehe Seite 101), und die Beteiligung an internationalen Forschungsprojekten, den Austausch mit Spitzeninstitutionen in der ganzen Welt. Wir ermutigen damit unsere Nachwuchsforscher, ihre eigenen Forschungsprogramme zu etablieren und zu anderen Einrichtungen zu wechseln. Seit Gründung des Instituts gingen zahlreiche Forscher vom Saarbrücker Max-Planck-Institut für Informatik zu anderen Forschungseinrichtungen und viele von ihnen nahmen eine Professur an.

Gliederung des Berichts

Nach einer Kurzvorstellung der Abteilungen und Forschungsgruppen des Instituts gibt dieser Bericht einen Überblick über die Institutsarbeit, der nach Themenbereichen gegliedert ist. Der Bericht endet mit der Vorstellung der IMPRS-CS, einer Übersicht zu aktuellen Ereignissen, einer Darstellung des Instituts in Zahlen, infrastrukturellen Aspekten sowie einer tabellarischen Auflistung von Kooperationen und Publikationen.

Wir wünschen Ihnen viel Freude bei der Lektüre und sind gerne bereit, weiterführende Fragen zu beantworten. Ansprechpartner werden für jedes Thema separat genannt. ...

Algorithmen und Komplexität

PROF. DR. KURT MEHLHORN

ABT. 1



Die Arbeitsgruppe existiert seit der Gründung des Instituts und umfasst derzeit etwa 40 Mitarbeiter und Doktoranden. Unsere Ziele sind:

- herausragende Grundlagenforschung im Bereich Algorithmen,
- Umsetzung unserer Grundlagenarbeiten in Demonstratoren und allgemein nützlichen Softwarebibliotheken,
- Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses in einer stimulierenden Arbeitsgruppe.

Wir sind in allen drei Aspekten erfolgreich und wirken durch Veröffentlichungen, Software und Personen. Wir publizieren reichlich in den besten Zeitschriften, wir präsentieren unsere Ergebnisse auf den großen internationalen Tagungen des Gebiets, unsere Softwarebibliotheken LEDA und CGAL werden weltweit genutzt, die CompleteSearch Suchmaschine bietet neuartige Möglichkeiten für die effiziente und intelligente Suche in großen Datenmengen. Viele ehemalige Mitglieder der Gruppe bekleiden Spitzenpositionen im In- und Ausland.



KONTAKT

Algorithmen und Komplexität

Sekretariat

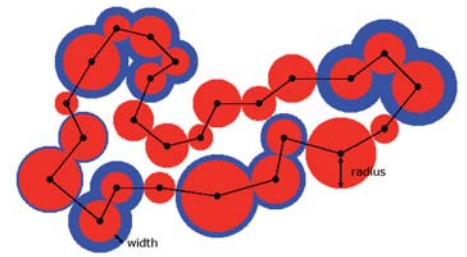
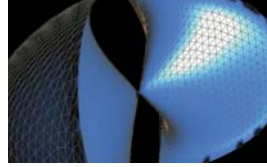
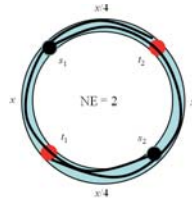
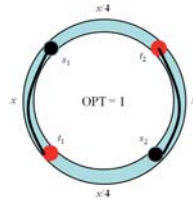
Ingrid Finkler-Paul | Christina Fries

Telefon +49 681 9325-1000

Email infi@mpi-inf.mpg.de

chfries@mpi-inf.mpg.de

ABT. 1



Algorithmen sind das Herz aller Softwaresysteme. Wir bearbeiten den Entwurf und die Analyse von Algorithmen in vielen Facetten: kombinatorische, geometrische und algebraische Algorithmen, Datenstrukturen und Suchverfahren, verschiedenste Rechnermodelle (sequentiell, parallel, verteilt, flacher Speicher oder Speicherhierarchie), exakte und approximative Lösungen, problemspezifische Methoden und allgemeine Heuristiken, deterministische und randomisierte Lösungen, obere und untere Schranken, Analyse im schlechtesten Fall und im Mittel. Dabei geht es um die Entwicklung effizienter Algorithmen sowohl für Modellprobleme, d. h., für die abstrahierte Version von Anwendungsproblemen, als auch für konkrete Anwendungen, z. B. die Ressourcenoptimierte Produktion von Halbleitern. Einen Teil unserer theoretischen Einsichten setzen wir um in Software-Demonstratoren und Softwarebibliotheken, in einem Teil unserer praktischen Arbeiten kooperieren wir mit Unternehmen.

Herausragende theoretische Ergebnisse der letzten beiden Jahre sind neue Algorithmen zur beweisbar korrekten Isolation von Nullstellen, zur Verbreitung von Informationen in Datennetzen, zur Lastbalancierung in Rechnernetzen, zur Lösung des Handlungsreisendenproblems oder zum Echtzeit-Scheduling. Grundlegendes Verständnis für viele algorithmische Fragestellungen liefern unsere jüngsten Analysen von zufälligen Graphen mit Eigenschaften von realen Netzwerken, unsere Arbeiten zur Komplexitätstheorie von randomisierten Suchheuristiken, aber auch unsere Analysen, wie bestimmte Optimierungsvorgänge in der Natur algorithmisch modelliert werden können.

Herausragende praktische Ergebnisse der letzten Jahre sind unsere Beiträge zur Softwarebibliothek CGAL, die die Behandlung auch von nicht-linearen Objekten ermöglichen, und die Complete Search Suchmaschine und ihre Anwendung in einer der wichtigsten Literaturdatenbanken in der Informatik.

Unsere theoretischen und praktischen Arbeiten befruchten sich gegenseitig. Unsere theoretischen Arbeiten sind die Grundlage für die Demonstratoren und Bibliotheken. So beruht die CompleteSearch Engine etwa auf einer neuen Indexstruktur, die mächtiger ist als bekannte Strukturen, aber dennoch nicht mehr Platz benötigt. Die Algorithmen in CGAL nutzen ein tiefes theoretisches Verständnis von algebraischen Kurven und Flächen.

Die Kombination von theoretischer und experimenteller Forschung in der Algorithmik hat sich inzwischen breiter durchgesetzt. Die DFG unterstützt diese Forschungsrichtung in ihrem Schwerpunktprogramm Algorithm Engineering.

Die Gruppe ist in internationale Projekte eingebunden: das GIF-Projekt Geometric Computing (mit der Universität Tel Aviv) und das Indo-German Max-Planck-Center for Computer Science (IMPECS). Zusätzlich besteht ein reger internationaler Austausch durch individuelle Förderungen der Spitzenforschung. Unsere Mitarbeiter wurden gefördert durch Stipendien der Humboldt-Gesellschaft, der Europäischen Union (Marie-Curie), sowie des Schweizer Nationalfonds. In Deutschland nehmen wir am Schwerpunktprogramm Algorithm Engineering teil und sind Teil des Transregio-Sonder-

forschungsbereiches AVACS (Automatic Verification and Analysis of Complex Systems).

Die Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses ist ein integraler Bestandteil unserer Arbeit. Wir halten Vorlesungen an der Universität des Saarlandes, die sich an Studierende, aber auch an unsere Doktoranden richten. Zu unserem Ausbildungskonzept gehört auch, dass wir unsere Doktoranden nach erfolgreicher Promotion erst nach einem mindestens einjährigen Aufenthalt an einer Forschungseinrichtung im Ausland weiterbeschäftigen. Die Gesamtheit dieser Maßnahmen hat dazu geführt, dass die Mitglieder der Arbeitsgruppe nach ihrer Tätigkeit am Max-Planck-Institut für Informatik bestens ausgerüstet auf sehr attraktive Positionen in der Industrie, und das nicht beschränkt auf die Forschung, wechseln oder ihre wissenschaftliche Karriere an führenden Universitäten oder Forschungsinstituten im In- und Ausland fortsetzen. ...

Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung

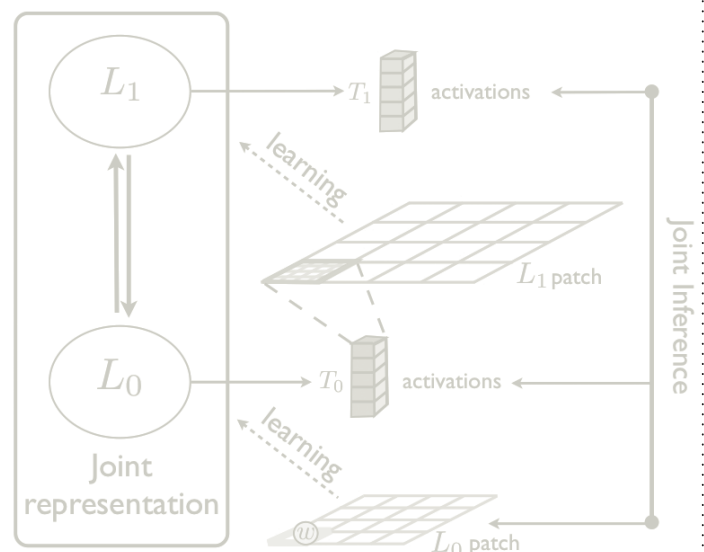
PROF. DR. BERNT SCHIELE

ABT. 2



Die Arbeitsgruppe wurde 2010 neu gegründet und umfasst derzeit zwölf Wissenschaftler.

Die Arbeitsgebiete der Gruppe sind zum einen die Computer Vision mit einem Schwerpunkt auf Objekterkennung und 3D-Szenenbeschreibung und zum anderen multisensorbasierte Kontexterkenkung im Bereich des Ubiquitous und Wearable Computing.



KONTAKT

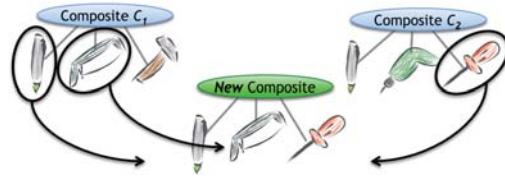
Bildverarbeitung und
multimodale Sensorverarbeitung

Sekretariat
Anja Weber

Telefon +49 681 9325-2000

Email aweber@mpi-inf.mpg.de

ABT. 2



Sensoren wie Kameras, GPS und Beschleunigungssensoren werden immer häufiger in Geräte und Umgebungen eingebettet und sind uns heute schon auf vielfältige Weise nützlich. Die rechnergestützte Verarbeitung der Sensorinformation hat enorme Fortschritte erzielt, ist aber in aller Regel auf einfache Sachverhalte beschränkt. Das bedeutet insbesondere, dass Geräte und Computer, die Zugriff auf diese Sensorinformation haben, diese nicht vollständig interpretieren und somit ihre Umgebung nicht wirklich verstehen können. Die Arbeitsgruppe beschäftigt sich deshalb mit dem Verstehen von Sensorinformation, wobei wir zum einen mächtige Sensoren wie Kameras aber auch eingebettete Sensoren wie z. B. Gyroskope und Beschleunigungssensoren verwenden.

Im Bereich der Computer Vision hat sich die Arbeitsgruppe z. B. mit dem Problem der Objekterkennung beschäftigt, das eines der fundamentalen Probleme des Bildverstehens darstellt. In den letzten Jahren hat dieses Gebiet der Computer Vision beeindruckende Fortschritte erzielt, wobei der Arbeitsgruppe hier eine Vorreiterrolle zukommt, indem sie neuartige Verfahren vorgestellt hat. Eines dieser Verfahren erkennt und segmentiert das Objekt simultan, was zu deutlich verbesserten Ergebnissen gegenüber Standardverfahren führte. In aktuellen Arbeiten wurden Verfahren vorgestellt, bei denen Objektmodelle direkt von Grafikmodellen gelernt werden oder auch Sprach- und Bildverarbeitung zu multimodalen Verfahren verbunden werden.

Ein weiteres zentrales Thema der Arbeitsgruppe ist die Detektion und Verfolgung von Personen unter Verwendung bewegter Kameras. Dieses Problem stellt auf der einen Seite besondere Herausforderungen an die Computer Vision, hat aber auch vielfältige Anwendungen wie z. B. das Verstehen von Bildern und Videos, oder in der Robotik und im Automobilsektor. Wenn z. B. ein Auto mit einer solchen Kamera ausgerüstet wird, könnte das Auto in der Zukunft die Bewegungen der Fußgänger vorhersagen und somit besser auf deren Verhalten reagieren. Die Arbeitsgruppe hat Verfahren entwickelt, die es ermöglichen, die Personen robust zu finden und diese über längere Zeiträume zu verfolgen. Ein kürzlich vorgestellter Ansatz erlaubt es hierbei nicht nur die Personen, sondern die gesamte 3D-Szene zu beschreiben, was einen weiteren Schritt in Richtung Bild- und Szenenverstehen bedeutet.

Neben der Computer Vision ist der zweite zentrale Arbeitsbereich der Forschung die Verarbeitung und das Verstehen multimodaler Sensorinformationen. Die zugrundeliegende Beobachtung ist hierbei, dass immer mehr Rechner und Sensoren in unserer Umgebung, in Objekten und auch Kleidung zu finden sind. Damit diese Rechner dem Menschen nützlich werden können, ohne dass dieser mit all diesen explizit interagieren muss, wird der Kontextsensitivität, d. h. dem automatischen Verstehen der jeweiligen Situation des Menschen, eine große Bedeutung beigemessen. In diesem Bereich hat die Arbeitsgruppe Verfahren zur Erkennung langfristiger Aktivitäten und

auch der Modellierung des persönlichen Tagesablaufes vorgestellt. Es konnte auch gezeigt werden, dass die Unterbrechbarkeit einer Person aufgrund weniger in Kleidung eingebetteter Sensoren mit erstaunlicher Genauigkeit vorhergesagt werden kann.

Der dritte Arbeitsbereich der Gruppe ist der Bereich des maschinellen Lernens. Diesem kommt die wichtige Rolle des Querschnittsthemas zu, das die Gemeinsamkeit der anderen Arbeitsbereiche die Verwendung probabilistischer Modellierungs- und Inferenzverfahren darstellt. Diese erlauben z. B. die Modellierung der Unsicherheiten, die bei jeder Sensorverarbeitung existieren. Zum andern erlauben diese die Verwendung großer Datenmengen und auch Vorwissen elegant zu integrieren. ...

Bioinformatik und Angewandte Algorithmik

PROF. DR. THOMAS LENGAUER, PH.D.

ABT. 3



Diese Abteilung existiert seit Oktober 2001 und wird von Prof. Dr. Dr. Thomas Lengauer geleitet. Die Abteilung beschäftigt derzeit etwa 20 Wissenschaftler, die ausschließlich im Bereich Bioinformatik forschen.

KONTAKT

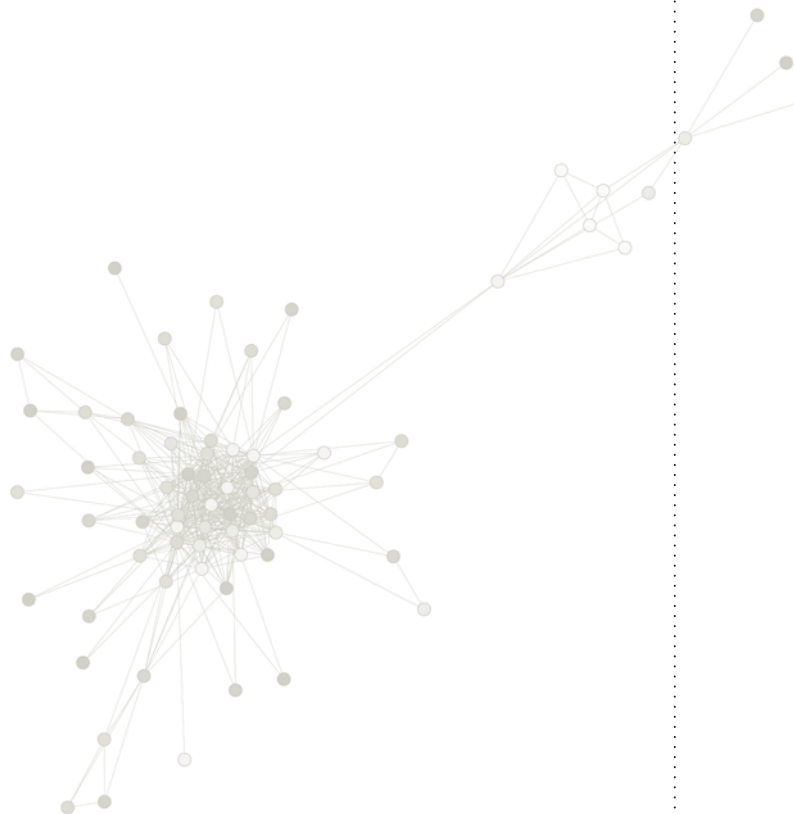
Bioinformatik und Angewandte Algorithmik

Sekretariat

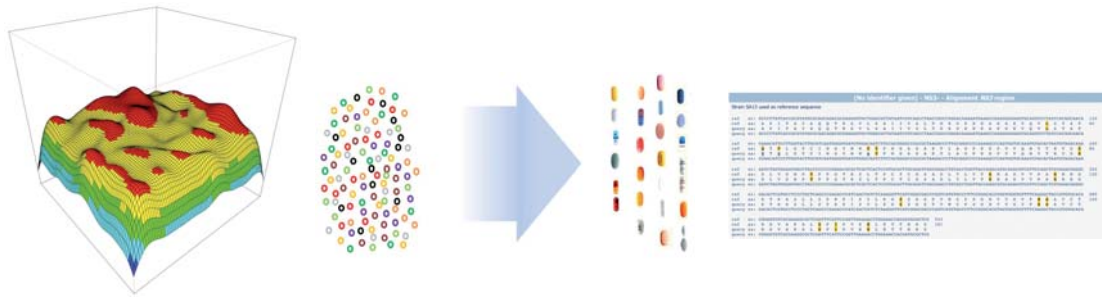
Ruth Schnepfen-Christmann

Telefon +49 681 9325-3000

Email ruth@mpi-inf.mpg.de



ABT. 3



Die Abteilung forscht vornehmlich an Themen, die im engeren oder weiteren Sinne für die Diagnose und Therapie von Krankheiten relevant sind. Auf molekularer Ebene können Krankheitsprozesse auf Anomalien in der „biochemischen Verschaltung“ eines Organismus zurückgeführt werden („*Bioinformatik*“, Seite 38). Die Bausteine solcher biochemischer Netzwerke sind DNS, RNS sowie Proteine. Die Verschaltung entsteht durch eine vorübergehende Bindung der Moleküle aneinander und an kleine organische Moleküle. Auf diese Weise katalysieren Proteine chemische Reaktionen, steuern das Ablesen von Genen oder leiten Signale innerhalb und zwischen Zellen weiter.

In unserer Forschung konzentrieren wir uns auf zwei Krankheitsgruppen.

Zum einen analysieren wir virale Infektionen. Das molekulare Verständnis der Krankheit erfordert hier die Aufklärung der Funktion der beteiligten viralen Proteine und ihrer Wechselwirkungen mit Molekülen des befallenen Patienten sowie mit Wirkstoffmolekülen (Medikamenten). Eine solche Analyse muss auf dem Niveau der dreidimensionalen Strukturen der beteiligten Moleküle geschehen. Die einzelnen Bindungsereignisse setzen sich zu komplexen biochemischen Netzwerken zusammen, deren Analyse für das Verständnis der molekularen Grundlage der Krankheit wesentlich ist.

Unsere Methoden werden in konkreten Fallbeispielen auf Infektionskrankheiten wie AIDS („*Proteinstruktur und -wechselwirkungen*“ Seite 40), Hepatitis B („*Analyse von HBV-Resistenzen*“, Seite 43), Hepatitis C („*Analyse von viralen Genomen mittels neuer Sequenzierverfahren*“, Seite 41) und EHEC („*Mit*

dem Computer auf der Jagd nach EHEC“, Seite 46) angewendet. Bei der Suche nach optimierten Therapien für Infektionskrankheiten spielt AIDS eine herausragende Rolle. Bei dieser Krankheit gehen wir am Max-Planck-Institut für Informatik sogar noch einen Schritt weiter: Wir analysieren Resistenzen des HI-Virus gegen verabreichte Wirkstofftherapien („*Bioinformatische Unterstützung von HIV Therapie*“, Seite 42). Ferner untersuchen wir die geografische Verbreitung des Virus („*Die Phylogenie von HIV*“, Seite 45).

Bei Krankheiten wie Krebs, neurodegenerativen oder immunologischen Erkrankungen greifen andere Prinzipien. Hier ist der Ausgangspunkt der Krankheit oft ein Zusammenspiel zwischen dem Genom des Patienten und der Umwelt. Daher kann zum Beispiel bei Krebs die Früherkennung anhand genetischer und so genannter epigenetischer Veränderungen erfolgen. Das Epigenom – die Gesamtheit aller chemischen Modifikationen der DNS im Zellkern sowie des sie umgebenden aus Proteinen bestehenden Chromatins – ist der Schlüssel für die komplexe Regulation der Zelle, die in solchen Krankheiten ein Fehlverhalten zeigt. Die Kartierung des Epigenoms ist eine der großen weltweiten Herausforderungen der Biologie der nächsten Jahre („*Die Entschlüsselung des zweiten Codes – bioinformatische Methoden zur Analyse des Epigenoms*“, Seite 44).

Ein Großteil der Methodenentwicklung in der Abteilung führt zu Softwaresystemen, die weltweit von zahlreichen akademischen, klinischen und oft auch

industriellen Nutzern angewandt werden. Beispiele hierfür, über die in diesem Band berichtet wird, gibt es im Bereich der Epigenetik, der Analyse von Proteinfunktion und Proteinwechselwirkungsnetzwerken sowie der Optimierung von Therapien gegen virale Infektionen.

Die Abteilung ist eine der tragenden Säulen des Zentrums für Bioinformatik Saar, einer wissenschaftlichen Einrichtung an der Universität des Saarlandes, die Lehre und Forschung im Bereich der Bioinformatik zum Gegenstand hat. Die Abteilung ist Mitglied nationaler und internationaler Konsortien, so des Deutschen Arevir-Netzes sowie der Europäischen Konsortien EuResist und CHAIN, die beide der bioinformatischen Forschung zur viralen Resistenzentwicklung dienen. Darüber hinaus ist sie der Klinischen Forschergruppe 129 der Deutschen Forschungsgemeinschaft zur Aufklärung der Funktion des Erregers HCV der Hepatitis C, sowie dem vom Bundesforschungsministerium geförderten Nationalen Genomforschungsnetz und den europäischen Konsortien BLUEPRINT (Epigenetik) und PRE-DEMICS (Erforschung von Viren mit erheblichem Epidemie Potential) zugehörig. ...

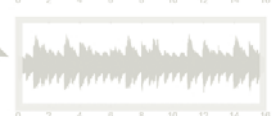
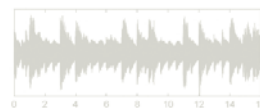
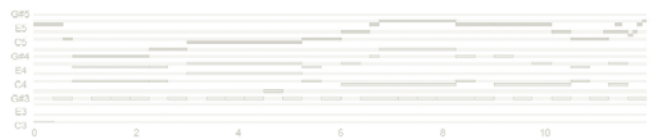
Computergrafik

PROF. DR. HANS-PETER SEIDEL

ABT. 4



Die Arbeitsgruppe Computergrafik wurde 1999 gegründet und umfasst derzeit knapp 40 Wissenschaftler. Ein wichtiges Charakteristikum der Arbeiten ist die durchgängige Betrachtung der gesamten Verarbeitungskette von der Datenakquisition über die Modellierung bis zur Bildsynthese (3D-Bildanalyse und -synthese). Typisch für das Gebiet ist das Zusammentreffen sehr großer Datensätze mit der Forderung nach schneller, wenn möglich interaktiver, Darstellung.



KONTAKT

Computergrafik

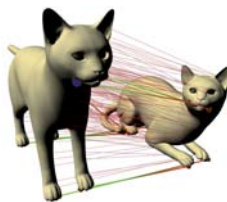
Sekretariat

Sabine Budde

Telefon +49 681 9325-4000

Email budde@mpi-inf.mpg.de

ABT. 4



Computer werden heute oft eingesetzt, um Ausschnitte der realen oder einer virtuellen Welt auf dem Rechner nachzubilden, zu simulieren und darzustellen. Aufgrund der Bedeutung visueller Information für den Menschen hat sich die Computergrafik im vergangenen Jahrzehnt zu einer Schlüsseltechnologie der modernen Informations- und Kommunikationsgesellschaft entwickelt, deren zukünftiges Anwendungspotential durch Schlagworte wie Multimedia, digitales Fernsehen, Telekommunikation, virtuelle Realität oder 3D-Internet lediglich angedeutet wird. Typisch für das Gebiet ist das Zusammentreffen sehr großer Datensätze mit der Forderung nach schneller (wenn möglich interaktiver) visueller Darstellung der Ergebnisse mit hoher Bildqualität. Außerdem soll der Benutzer in die Lage versetzt werden, auf möglichst intuitive Art und Weise mit seiner Umgebung zu interagieren.

Aufgrund der genannten Herausforderungen werden auch in wissenschaftlicher Hinsicht neue Ansätze benötigt. Ein wichtiges Charakteristikum der Arbeitsgruppe ist deshalb die durchgängige Betrachtung der gesamten Verarbeitungskette von der Datenakquisition über die Modellierung (Erzeugung einer geeigneten rechnerinternen Szenenbeschreibung) bis zur Bildsynthese (Erzeugung von beliebigen Ansichten). Diese integrierte Sichtweise ist notwendig, um die Leistungsfähigkeit moderner Hardware sowohl bei der Eingabe (bildgebende Verfahren) als auch bei der Ausgabe (Grafikhardware) adäquat auszunutzen. Inzwischen wurde für diese integrierte Sichtweise der Begriff der 3D-Bildanalyse und -synthese geprägt. Als zentrale wissenschaftliche Herausforderungen ergeben sich hieraus insbesondere die Entwicklung geeigneter Modellierungswerk-

zeuge zur effizienten Handhabung und Weiterverarbeitung der Datenflut auf der Eingabeseite sowie die Entwicklung neuer Algorithmen zur schnellen und dabei qualitativ hochwertigen Darstellung unter enger Verzahnung mit den Möglichkeiten und Perspektiven moderner Grafikhardware auf der Ausgabeseite.

Die wissenschaftlichen Aktivitäten der Arbeitsgruppe Computergrafik sind in eine Reihe von Projektaktivitäten auf nationaler, europäischer und internationaler Ebene eingebettet.

Von besonderer Bedeutung ist das von der Max-Planck-Gesellschaft und der Stanford University mit maßgeblicher Unterstützung des BMBF im Oktober 2003 gemeinsam eingerichtete „Max-Planck-Center for Visual Computing and Communication“, das im vergangenen Jahr für eine weitere Förderphase verlängert wurde. Ziel dieses Brückenschlags zwischen den beiden führenden Standorten in Deutschland und den USA ist es, die Forschungsanstrengungen auf diesem Schlüsselgebiet der modernen Informations- und Kommunikationstechnologie zu stärken und zu bündeln. Durch die Etablierung neuer Austauschmechanismen mit attraktiven Rückkehrmöglichkeiten soll zudem ein wesentlicher Beitrag zur Herausbildung und Rückgewinnung hervorragender Nachwuchswissenschaftler geleistet werden. Die Leitung des Zentrums liegt in den Händen von Professor Bernd Girod, Professor Leonidas Guibas (beide Stanford University) und Professor Hans-Peter Seidel (Max-Planck-Institut für Informatik).

Darüber hinaus ist die Gruppe Computergrafik maßgeblich in die Aktivitäten des Exzellenzclusters „Multimodal Computing and Interaction“ eingebunden. Der Exzellenzcluster wurde im Jahr

2007 im Rahmen der Exzellenzinitiative des Bundes und der Länder neu eingerichtet. Einen wesentlichen Teil der Aktivitäten des vergangenen Jahres nahm die Fertigstellung und Präsentation des Fortsetzungsantrags für den Zeitraum 2013 – 2017 ein. Finale Entscheidungen für die zweite Programmphase der Exzellenzinitiative werden von der DFG am 15. Juni 2012 bekannt gegeben. Wissenschaftlicher Koordinator des Exzellenzclusters ist Prof. Hans-Peter Seidel.

Eine weitere wichtige Entwicklung ist die Gründung des „Intel Visual Computing Institute“ im Mai des Jahres 2009. Das neue Forschungsinstitut ist auf dem Campus angesiedelt und wird gemeinsam von Intel, der Universität des Saarlandes, dem DFKI, dem Max-Planck-Institut für Informatik und dem Max-Planck-Institut für Softwaresysteme getragen. Im Governance Board des Instituts ist die Max-Planck-Gesellschaft, vertreten durch Prof. Hans-Peter Seidel.

Während der vergangenen zehn Jahre haben mehr als 30 ehemalige Nachwuchswissenschaftler der Gruppe Rufe auf Professuren im In- und Ausland erhalten. Die Gruppe hat eine Reihe von Preisen angezogen, darunter neben Nachwuchspreisen für die Wissenschaftler auch den Leibniz-Preis der Deutschen Forschungsgemeinschaft für Professor Hans-Peter Seidel. Mit der im Jahr 2010 erfolgten Berufung von Christian Theobalt (Stanford) auf eine W2-Dauerstelle am Institut wurde die Arbeitsgruppe inzwischen nochmals wesentlich gestärkt. ...

Datenbanken und Informationssysteme

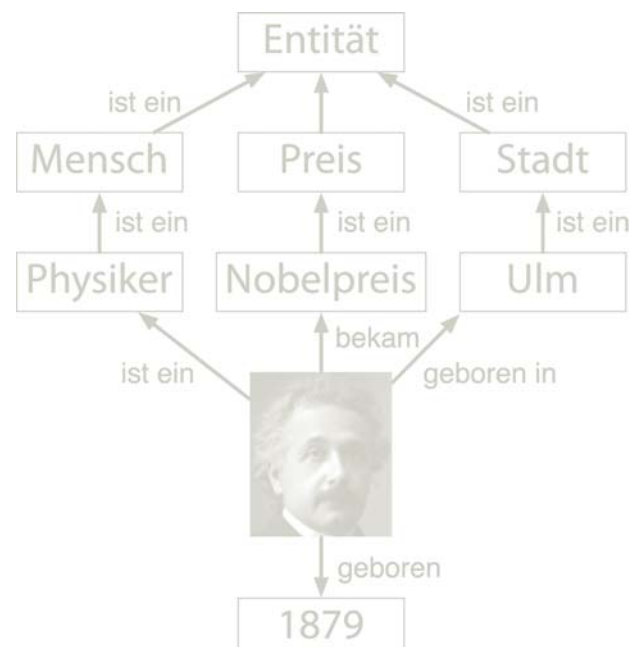
PROF. DR.-ING. GERHARD WEIKUM

ABT. 5



Die von Gerhard Weikum geleitete Abteilung forscht in fünf Themenfeldern:

1. **Wissenserschließung im Web mit statistisch und logisch basierten Methoden der automatischen Faktenextraktion aus Internet-Quellen wie Wikipedia**
2. **Text-Mining zur automatischen Klassifikation von Dokumenten und zur Identifikation interessanter Muster in großen Textkorpora, insbesondere in Text- und Web-Archiven über lange Zeitskalen**
3. **Ranking- und Inferenz-Verfahren für Anfragen, bei denen nur die Top-k-Antworten wichtig sind, und für den Umgang mit unsicheren Daten (z. B. für automatisch aus Texten extrahierte Relationen)**
4. **Anfrageverarbeitung und Optimierung von Ausführungsplänen für die effiziente Suche auf strukturierten und semistrukturierten Daten (z. B. im XML- oder RDF-Format)**
5. **Analyse von verteilten Daten, insbesondere in skalierbaren Peer-to-Peer-Systemen, und von Online-Communities, beispielsweise in sozialen Netzen und Web 2.0-Medien.**



KONTAKT

Datenbanken und Informationssysteme

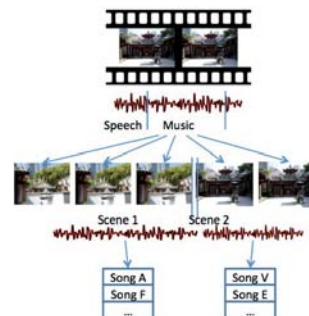
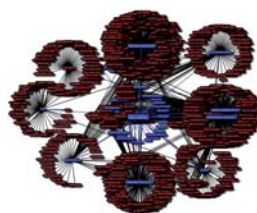
Sekretariat

Petra Schaaf

Telefon +49 681 9325-5000

Email schaaf@mpi-inf.mpg.de

ABT. 5



Ein zentrales Leitthema in den wissenschaftlichen Arbeiten der Abteilung ist die automatische Erschließung umfassender Wissensbasen aus Informationsquellen im World Wide Web sowie das Entdecken, Verfolgen und Analysieren von Mustern und individuellen Entitäten (Personen, Organisationen, usw.) und deren Querbeziehungen in dynamischen Web-Quellen. Im YAGO-NAGA-Projekt wurde mittels Faktenextraktion aus Wikipedia und Integration mit der WordNet-Taxonomie eine sehr große Wissenskollektion namens YAGO (*Yet Another Great Ontology*) erstellt. Für die Exploration und intelligente Suche auf YAGO wurde eine neuartige Suchmaschine namens NAGA (*Not Another Google Answer*) entwickelt. Beide beruhen auf dem Semantic-Web-Datenmodell RDF (*Resource Description Framework*), und die Gruppe hat eine der schnellsten RDF-Suchmaschinen entwickelt, genannt RDF-3X (*RDF Triple Express*). Eine Vielzahl weiterer Projekte, etwa zur Erschließung multilingualer Information, zur systematischen Sammlung multimodaler Daten (z.B. Fotos von Personen), zur Analyse der zeitlichen Veränderungen im Wissen oder zur Deduktion neuer Zusammenhänge auf der Grundlage von wahrscheinlichem, aber nicht hundertprozentig sicherem Wissen, sind um den YAGO-NAGA-Kern gruppiert und miteinander verzahnt.

Die Vision, die diese Arbeiten treibt, ist das langfristig erwartete Zusammenwachsen des *Semantic Web* mit formalen Ontologien und logikorientierter Suche und Inferenz, des *Social Web* (Web 2.0) mit seiner latenten „*Wisdom of the Crowds*“, und des de facto vorherrschenden *Statistical Web*, bei dem die Faktenextraktion

aus natürlichsprachigen Texten statistische Lernverfahren benötigt und Suchmaschinen inhärent probabilistisch arbeiten. Das Web könnte damit die Grundlagen einer allumfassenden Wissensbasis werden, die das gesamte Wissen der Menschheit – von vollständigen Enzyklopädien bis zu aktuellen Nachrichten – in formal strukturierter, maschinenlesbarer und damit für Programme und Web-Dienste leicht zu verarbeitender Form enthält. Der Nutzen einer solchen Wissensbasis wäre enorm.

Die Gruppe ist weltweit führend in ihrer Methodik der geschickten Verknüpfung von logikbasierten Algorithmen für strukturierte Datensätze und statistisch basierten Verfahren für unstrukturierte Textdaten. Erstere fallen in das Gebiet der Datenbanksysteme (DB) und Datenanalytik, letztere in den Bereich von Information-Retrieval (IR) und Suchmaschinen. Historisch sind diese beiden Richtungen getrennt gewesen; ihre Verbindung wird aber bei mehr und mehr gemischten Datenformen immer wichtiger für digitale Bibliotheken, soziale Online-Communities, e-Science-Verbünde und nicht zuletzt in Unternehmen und im Web selbst. In diesem – oft als DB-IR-Integration bezeichneten – aktuellen Forschungsgebiet gehört die Gruppe zu den Trendsettern.

Die Methodik umfasst das gesamte Spektrum von der Theoriebildung bis zum praktischen Einsatz neuer Konzepte in Anwendungen und Experimenten. Viele der in der Gruppe entwickelten Prototypsysteme sind als Open-Source-Software öffentlich verfügbar und werden weltweit von anderen Forschungsgruppen genutzt. Dazu gehören insbesondere:

1. die XML-Suchmaschine *TopX*, die über mehrere Jahre Spitzenplätze in der INEX-Benchmarking-Reihe erzielt hat und derzeit als Referenzsystem für den INEX-Wettbewerb auf einem semantisch annotierten Wikipedia-Korpus dient,
2. die RDF-Suchmaschine *RDF-3X*, mit der Semantic-Web-Daten und andere graphstrukturierte Daten sehr effizient nach komplexen Mustern durchsucht werden können,
3. die Softwarewerkzeuge, die zur automatischen Erstellung und Pflege der YAGO-Wissensbasis dienen, sowie die Wissenskollektion YAGO selbst, und
4. das skalierbare System *PROSPERA*, das mit hoher Präzision neue Fakten aus beliebigen Webseiten und natürlichsprachigen Texten extrahiert.

Die Abteilung ist an einer Reihe von Drittmittelprojekten beteiligt, insbesondere an den aktuellen EU-Forschungsprojekten „*Living Knowledge*“ und „*Longitudinal Analytics of Web Archive Data*“ sowie am DFG-Exzellenzcluster „*Multimodal Computing and Interaction*“. Die Gruppe wurde mehrfach mit Google Research Awards ausgezeichnet. ...

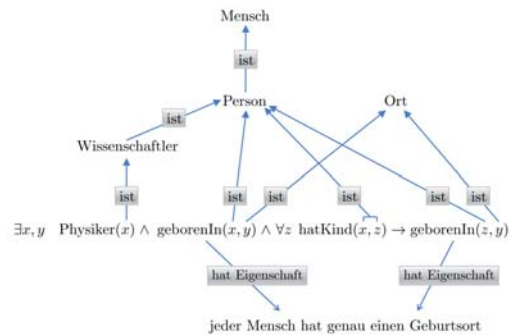
Automatisierung der Logik

PROF. DR. CHRISTOPH WEIDENBACH

FG. 1



FG. 1 Automatisierung der Logik



Die unabhängige Forschungsgruppe „Automatisierung der Logik“ unter der Leitung von

Prof. Dr. Christoph Weidenbach beschäftigt sich mit der kompletten Pipeline von der

Erforschung neuer Logiken bis hin zu industriell genutzten Werkzeugen.

Logiken sind Sprachen mit einer exakten Bedeutung und exakten Regeln zum Rechnen. Ein einfaches Beispiel dafür sind lineare Gleichungssysteme, wie wir sie aus der Schule, mit dem zu ihrer Lösung gehörenden Variableneliminationsverfahren, kennen. Logiken wurden Ende des 19. Jahrhunderts entwickelt, um allgemein mathematische Argumente exakt zu beschreiben, denn unsere alltägliche Sprache ist zum Beispiel auf Grund von Mehrdeutigkeiten für eine exakte Beschreibung ungeeignet. Mit der Erfindung des Computers und der Informationstechnologie wurden Logiken für die Beschreibung von Computersystemen und deren Eigenschaften weiterentwickelt, um auch diese analysieren und letztendlich beweisen zu können. Bis etwa Mitte der 90er Jahre erforderten solche Analyse- und Beweisverfahren grundsätzlich eine massive manuelle Interaktion durch den Menschen und damit einen hohen Zeit- und Geldaufwand. Seitdem gab es aber bahnbrechende Verbesserungen in der Automation der Verfahren.

Die Untersuchung der Eigenschaften von Computersystemen ist typischerweise „hart“, d. h., wenn sie überhaupt mit einem automatischen Verfahren lösbar sind, dann wächst die potenzielle Anzahl der Berechnungsschritte mindestens exponentiell mit der Größe des Problems. Seit Mitte der 90er Jahre bis heute konnten für viele Fragestellungen praktisch relevante Verfahren entwickelt werden, die vollautomatisch arbeiten. Die automatische Anwendung von Logiken erweiterte sich in dieser Zeit von Fragestellungen der Mathematik auf die Eigenschaften von Computersystemen im weitesten Sinne. Zusätzlich stellte sich heraus, dass viele der entwickelten Techniken generell erfolgreich auf Problemen mit großer Komplexität sind. Somit erweiterte sich die Anwendung von Analyse- und Beweisverfahren in den letzten Jahren noch einmal generell auf harte Probleme, wie etwa auf kombinatorische Optimierungsprobleme.

Unsere Arbeitsgruppe beschäftigt sich mit der Entwicklung von automatischen Verfahren zum Rechnen in Logiken. Die Verfahren sollen in der Lage sein, in akzeptabler Zeit Lösungen für praktisch relevante Anwendungen zu berechnen. Wir interessieren uns insbesondere für die Verifikation von Steuerungen, Protokollen, Sicherheitseigenschaften, Software, aber auch für Entscheidungs- und Optimierungsprobleme und das Rechnen in linearer und nicht-linearer Arithmetik. Um hier mit den immer komplexeren Fragestellungen Schritt zu halten, müssen die heute verwendeten formalen Analyseverfahren ihre Produktivität erheblich steigern. Das ist das Ziel unserer Forschungsgruppe „Automatisierung der Logik“.

KONTAKT

Automatisierung der Logik

Prof. Dr. Christoph Weidenbach

Sekretariat Jennifer Müller

Telefon +49 681 9325-2900

Email jmueller@mpi-inf.mpg.de

Max Planck Center for Visual Computing and Communication

PROJEKTLEITUNG: PROF. DR. HANS-PETER SEIDEL

Zur Stärkung des Wissenschafts- und Forschungsstandorts Deutschland wurde im Jahr 2003 unter maßgeblicher Förderung des BMBF (Bundesministerium für Bildung und Forschung) das „Max Planck Center for Visual Computing and Communication“ gegründet. Das Max Planck Center verbindet mit dem Max-Planck-Institut für Informatik in Saarbrücken und der Stanford University zwei weltweit führende Einrichtungen auf diesem Gebiet. Aufgrund des Erfolgs des Programms wurden im Jahr 2010 Mittel von bis zu 7,8 Mio Euro für eine weitere Förderphase bewilligt.

Die Forschungsschwerpunkte dieser Kooperation liegen auf der Grundlagenforschung im Bereich des Visual Computing and Communication und umfassen insbesondere die Teilgebiete Bildakquisition, Bildanalyse, Bildsynthese, Visualisierung sowie den ungestörten und schnellen Austausch von Bilddaten und Videos in komplexen Netzwerken.

Stärkung des Wissenschafts- und Forschungsstandorts Deutschland im Bereich der Informatik

Ein wesentliches Ziel des Programms ist die Herausbildung und Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses. Dies geschieht dadurch, dass besonders qualifizierten jungen Informatikern ein Weg zu früher wissenschaftlicher Selbstständigkeit bei gleichzeitiger enger Einbettung in ein international kompetitives, stimulierendes und wissenschaftliches Umfeld eröffnet wird. Hierbei wird besonders herausragenden jungen Postdoktoranden die Möglichkeit gegeben, unter der Betreuung je eines Mentors aus Deutschland und aus den USA, eigenständig mit einer kleinen Arbeitsgruppe bis zu fünf Jahre lang zu forschen. Nach einem zweijährigen Aufenthalt in Stanford, wo sie den Status eines „Visiting Assistant Professors“ innehaben (*Phase I*), kehren die Wissenschaftler nach Deutschland zurück und setzen ihre Arbeit als Nachwuchsgruppenleiter am Max-Planck-Institut für Informatik fort (*Phase II*). Die zweite Phase des Programms steht grundsätzlich auch herausragenden rückkehrwilligen Postdoktoranden aus anderen Ländern offen.

Aktueller Stand

Seit nunmehr acht Jahren setzt dieses Modell dem oft beobachteten „Brain Drain“ in die USA attraktive Rückkehrspalten in Deutschland entgegen. Auf diese Weise liefert es einen Beitrag zur Herausbildung und Sicherung hochqualifizierten wissenschaftlichen Nachwuchses und damit auch zur nachhaltigen Stärkung der Innovations- und Wettbewerbsfähigkeit des Standortes. Seit seiner Gründung hat sich das Max Planck Center in der internationalen Fachwelt den Ruf einer echten Talentschmiede erarbeitet. Seit Einrichtung des Programms im Jahr 2003 haben bisher insgesamt 14 Nachwuchswissenschaftler das Programm vollständig durchlaufen. Hiervon wurden inzwischen zwölf Nachwuchswissenschaftler (86 %) auf Professuren berufen, elf davon in Deutschland (79 %), sieben davon auf W3-Professuren.

Der Erfolg des Programms zeigt, dass es in Deutschland durchaus möglich ist, im weltweiten Kampf um die besten Köpfe erfolgreich zu bestehen. Einige Kernelemente dieses erfolgreichen Programms sind dessen internationale Ausrichtung sowie das flexible und hochdynamische Forschungsprogramm, dessen Ausrichtung die Bewerber selbst wesentlich mitgestalten. Weitere wichtige Elemente sind die frühe wissenschaftliche Selbstständigkeit der Nachwuchswissenschaftler bei gleichzeitiger enger Einbettung in ein internationales, wissenschaftliches Umfeld sowie die attraktiven Rückkehrperspektiven. Aufgrund ihres Erfolges könnten diese strukturellen Elemente des Programms möglicherweise auch für andere Fachdisziplinen einen Modellcharakter haben. ...



KONTAKT

Prof. Dr. Hans-Peter Seidel
 Sekretariat Sabine Budde
 Telefon +49 681 9325-4000
 Email budde@mpi-inf.mpg.de

Forschungsschwerpunkte

ANALYSE VON BILDERN & VIDEOS

- 30 Menschendetektoren und Haltungsschätzung
in anspruchsvollen Szenen der Realwelt
- 31 Skalierbarkeit der Objektklassen-Erkennung
- 32 3D-Szenenverständnis mit monokularen Kameras
- 33 Gelernte visuelle Repräsentationen
- 34 Bildbasierte 3D-Szenenanalyse
- 35 Markerlose Rekonstruktion dynamischer Szenen
- 36 Neue Methoden für die komplexe Videobearbeitung

BIOINFORMATIK

- 40 Proteinstruktur und -wechselwirkungen
- 41 Analyse von viralen Genomen mittels neuer Sequenzierungsverfahren
- 42 Bioinformatische Unterstützung von HIV-Therapie
- 43 Analyse von HBV-Resistenzen
- 44 Die Entschlüsselung des Zweiten Codes –
bioinformatische Methoden zur Analyse des Epigenoms
- 45 Die Phylodynamik von HIV
- 46 Mit dem Computer auf der Jagd nach EHEC

GARANTIEN

- 50 Rechnen in der Natur: Physarum berechnet kürzeste Wege
- 51 Geometrische Algorithmen – exakt und effizient
- 52 Der Umgang mit Egoismus in der Optimierung
- 53 Automatisches Beweisen
- 54 Model Checking für hybride Systeme
- 55 Quantorenelimination – auch Aussagen kann man ausrechnen

**INFORMATIONSSUCHE
& DIGITALES WISSEN**

- 58 Zufällige Telefonketten – effiziente Kommunikation in Datennetzen
- 59 Suche und Analyse in Web-Archiven
- 60 Informationssuche in sozialen Netzen
- 61 EnBlogue – was ist neu und interessant im Web 2.0 ?
- 62 YAGO – eine digitale Wissenssammlung
- 63 URDF – effizientes Schließen in unsicheren RDF-Wissensbasen
- 64 PICASSO findet den passenden Soundtrack für Bilder

**MULTIMODALE
INFORMATION**

- 68 Erkennung menschlicher Aktivitäten
- 69 Wissensbasierte Quellentrennung für Musiksignale

OPTIMIERUNG

- 72 Approximationsalgorithmen für schwere Optimierungsprobleme
- 73 Theorie der biologisch inspirierten Algorithmen
- 74 Das Traveling Salesman-Problem
- 75 Regelbasierte Produktkonfiguration

SOFTWARE

- 78 TopX 2.0 – effiziente Suche in digitalen Bibliotheken
- 79 RDF-3X – schnelle Suche auf semantischen Daten
- 80 Entscheidungsverfahren für Ontologien

VISUALISIERUNG

- 84 Verbesserung von Stereo- und HDR-Bildern: Modelle und Techniken
- 85 Fortschrittliches Echtzeit-Rendering
- 86 Rechnergestützte Fotografie
- 87 Statistische Modelle von Menschen
- 88 Korrespondenzen und Symmetrien in 3D-Szenen
- 89 Analyse von Strömungen

ANALYSE VON BILDERN & VIDEOS

Das Verstehen von Bildern und Videos ist eines der grundlegenden Probleme der Bildverarbeitung. Hierbei reichen die wissenschaftlichen Fragestellungen von der Modellierung und Verfolgung von Personen und Objekten in Kamerasystemen bis hin zur Rekonstruktion und Beschreibung von 3D-Szenen. Für diese Arbeiten gibt es vielfältige Anwendungen. Hierzu zählen die Animation von Personen und Visualisierung von 3D-Szenen, die Indizierung von Bild- und Videomaterial oder auch die 3D-Erfassung der Umgebung für Automotive-Anwendungen. Dieses Forschungsgebiet liegt somit an der Schnittstelle zwischen Computer Vision und Computergrafik, woraus sich vielfältige Möglichkeiten der Kooperation innerhalb des Instituts ergeben.

Verschiedene Forschungsgruppen des Max-Planck-Instituts für Informatik beschäftigen sich mit verschiedenen Aspekten des Bild- und Videoverstehens. Im Bereich der Modellierung von Personen wird auf der einen Seite z. B. an der Rekonstruktion von Animationsmodellen aus Multi-Video-Daten gearbeitet. Hierbei liegt das primäre Ziel darin, Personen möglichst detailgetreu modellieren und visualisieren zu können. Auf der anderen Seite werden Verfahren zur Detektion und Verfolgung von Personen erforscht, die nur monokulare Kameras benötigen und viele Personen gleichzeitig in komplexen Szenen detektieren und verfolgen können.

Auch wenn diese Arbeiten grundsätzlich verschiedene Zielsetzungen verfolgen und auch unterschiedliche Kamera-konfigurationen verwenden, profitieren sie voneinander, da in beiden Bereichen ähnliche Modelle und Algorithmen zur Anwendung kommen.

Ein weiterer Bereich des Bild- und Videoverstehens ist die Rekonstruktion und Beschreibung von 3D-Szenen. Auch hier gibt es verschiedene Arbeiten innerhalb des Institutes, die voneinander profitieren. Zum einen werden z. B. 3D-Szenen aus Bildfolgen rekonstruiert, um eine möglichst detailgetreue Oberflächenbeschreibung von 3D-Objekten zu ermöglichen. Zum anderen wird die 3D-Umgebung eines fahrenden Autos beschrieben. Hierbei liegt das besondere Augenmerk auf der vollständigen Erfassung und Beschreibung der Fußgänger und anderer Verkehrsteilnehmer. Alle diese Arbeiten zeigen, dass durch die Integration und Verwendung von 3D-Szenenmodellen deutlich robustere Ergebnisse zu erzielen sind.

Eines der fundamentalen Probleme des Bildverstehens ist die Erkennung von Objekten. Durch die heutige Omnipräsenz von digitalem Bildmaterial werden automatische, visuelle Objektklassenerkennungstechniken immer wichtiger. Auch wenn heutige Verfahren bemerkenswerte Ergebnisse erzielen können, bleibt es eines der bedeutendsten Probleme, wie Objektmodelle gelernt bzw. erstellt werden. Deshalb ist ein zentrales Thema verschiedener Forschungsarbeiten am Institut, wie solche Objektmodelle mit möglichst geringem manuellem Arbeitsaufwand erstellt werden können, um eine breite Anwendbarkeit heutiger Verfahren zu ermöglichen.

BEITRÄGE



| | |
|---|----|
| Menschedetektoren und Haltungsschätzung in anspruchsvollen Szenen der Realwelt | 30 |
| Skalierbarkeit der Objektklassen-Erkennung | 31 |
| 3D-Szenenverständnis mit monokularen Kameras | 32 |
| Gelernte visuelle Repräsentationen | 33 |
| Bildbasierte 3D-Szenenanalyse | 34 |
| Markerlose Rekonstruktion dynamischer Szenen | 35 |
| Neue Methoden für die komplexe Videobearbeitung | 36 |

ANALYSE VON
BILDERN & VIDEOS

BIOINFORMATIK

GARANTIEN

INFORMATIONSSUCHE
& DIGITALES WISSEN

MULTIMODALE
INFORMATION

OPTIMIERUNG

SOFTWARE

VISUALISIERUNG

Menschen-detektion und Haltungsschätzung in anspruchsvollen Szenen der Realwelt



Beispiele für Menschen-detektion und Haltungsschätzung unseres Ansatzes

Menschen zu detektieren und zu verfolgen ist eine Schlüsseltechnologie für viele Anwendungen z.B. in der Robotertechnik und Fahrzeugsicherheit, bei Szenarien der Mensch-Computer Interaktion oder für die Indizierung von Bildern und Videos aus dem Web oder von Überwachungskameras. Gleichzeitig ist es eines der anspruchsvollsten Probleme der Bildverarbeitung und eine wissenschaftliche Herausforderung für realistische und anspruchsvolle Szenen.

Wir haben einen neuen Ansatz entwickelt, Menschen zu detektieren und ihre Haltungen in komplexen Straßenszenen zu schätzen, mit zahlreichen Menschen und bei dynamischen Hintergründen. Unser Ansatz benötigt kein synchronisiertes Multikamerasystem, sondern kann Bilder aus einer bewegten, monokularen und unkalibrierten Kamera verarbeiten. Die Abbildungen zeigen einige Beispiele der Menschen-detektion und der Schätzung von Körperkonfigurationen. Die Hauptherausforderungen bei unserem Ansatz liegen in den häufigen Ganz- oder Teilverdeckungen der Personen, den überfüllten und wechselnden Hintergründen und in der Mehrdeutigkeit bei der 3D-Interpretation von Körperhaltungen bei monokularen Daten.

2D-Menschliche Haltungsschätzung

Verschiedene Schlüsselkomponenten tragen zum Erfolg des Ansatzes bei. Die erste ist eine neuartige und generische Prozedur für die Menschen-detektion und die 2D-Haltungsschätzung, die es erlaubt in monokularen Bildern und aufgrund robuster Bildmerkmale sowohl die Modell-Parameter als auch die Blickwinkel der Person zu schätzen.

Unser Ansatz fußt auf gelernten lokalen Erscheinungsmodellen der menschlichen Körperteile und eines kinematischen Modells des menschlichen Körpers. Die Erscheinung der Körperteile ist durch eine Menge lokaler Bildmerkmale repräsentiert. Wir setzen einen diskriminanten Klassifikator ein, der mit annotierten Daten trainiert ist, um zu lernen, welche dieser lokalen Merkmale die Anwesenheit des Körperteils an einer gegebenen Bildposition am besten vorhersagt. Wird die Ausgabe jedes Klassifikators als lokale Wahrscheinlichkeit interpretiert, können wir die optimale Konfiguration der Körperteile schätzen, wobei wir Belief-Propagation einsetzen.

3D-Schätzung menschlicher Haltungen und Mehrpersonenverfolgung

Das zweite Schlüsselement in unserem Ansatz ermöglicht die Personenverfolgung und die 3D-Haltungsschätzung. Im Kontrast zu vorherigen Arbeiten sammeln wir die Information in mehreren Schritten, um die Mehrdeutigkeiten der 3D-Haltungsschätzungen effektiv bei jedem Schritt zu reduzieren.

Konkret schlagen wir eine neue mehrstufige Inferenzprozedur für die 3D-Haltungsschätzung vor. Unser Ansatz übertrifft die bisherigen Arbeiten auf diesem Gebiet, in denen Haltungsschätzungen oft auf einfachen Bildmerkmalen wie Silhouetten und Kantenabbildung basieren, und häufig annehmen, dass die Information in den angrenzenden Frames von der Sequenz unabhängig ist. Im Kontrast zu diesen Ansätzen basiert unsere Schätzung der 3D-Wahrscheinlichkeit sowohl auf den 2D-Körperkonfigurationen als auch den Blickwinkeln, die aus einem mächtigen diskriminativen Berechnungsmodell erhalten werden. Zusätzlich verfeinern und verbessern wir diese Schätzungen, indem wir sie über die Zeit verfolgen, wodurch Abdeckungsereignisse und verschiedene Hypothesen in Bezug auf dieselbe Person miteinander verbunden werden können. Wir demonstrieren, dass eine Verbindung dieser Schätzungen die 3D-Haltungsschätzung signifikant eingrenzt und es erlaubt, viele der Mehrdeutigkeiten der Schätzung zu eliminieren, welche die erfolgreiche Optimierung verhindern. ...

KONTAKT

Mykhaylo Andriluka

ABT. 2 Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung

Telefon +49 681 9325-2119

Email andriluk@mpi-inf.mpg.de



Bernt Schiele

ABT. 2 Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung

Telefon +49 681 9325-2000

Email schiele@mpi-inf.mpg.de



Skalierbarkeit der Objektklassen-Erkennung

Dadurch dass digitales Bildmaterial heutzutage überall präsent ist, werden automatische Techniken zum visuellen Erkennen von Objekten immer wichtiger. Dabei liegt der Schwerpunkt auf der Erkennung von ganzen Objektklassen – wie zum Beispiel Autos – im Gegensatz zur Erkennung spezifischer Objektinstanzen – wie zum Beispiel eines bestimmten roten Sportwagens. Während derzeitige Systeme bemerkenswerte Erkennungsleistungen für individuelle Klassen bereitstellen, ist die gleichzeitige Erkennung vieler Klassen nach wie vor eine große Herausforderung: Das Lernen von Objektklassenmodellen erfordert eine ausreichend große Anzahl von repräsentativen Trainingsbeispielen, häufig in Form von manuell annotierten Bildern. Da das manuelle Annotieren teuer ist, versucht unsere Forschung die erforderliche Anzahl von Trainingsbeispielen zum Lernen von Objektklassenmodellen zu reduzieren, um dadurch die Skalierbarkeit zu erhöhen. Wir untersuchen drei unterschiedliche Wege, um dieses Ziel zu erreichen.

Wiederverwendung von Komponenten von Objektklassenmodellen

In diesem Projekt entwickeln wir ein Objektklassenmodell, das Objekte als Ansammlung von lokalisierten Teilformen repräsentiert. Ähnliche Objektklassen, wie Pferde und Giraffen [Abbildung 1], teilen auch ähnliche Repräsentationen. Die Komponenten eines Modells – beispielsweise die erwartete Variation in der Lokalisierung der Körperteile der Pferde – können daher wiederverwendet werden, um ein anderes Modell – zum Beispiel ein Giraffen-Modell – zu generieren. Wiederverwendete Modellkomponenten müssen nicht neu gelernt werden. Dadurch wird die Anzahl der erforderlichen Trainingsbeispiele reduziert. Die Konzentration auf die Objektform anstelle der Erscheinung erlaubt es, Modellkomponenten sogar für relativ unähnliche Klassen wiederzuverwenden, wie etwa für Pferde und Schwäne.

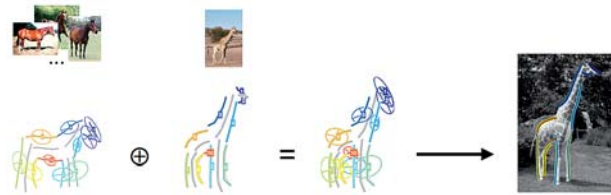


Abbildung 1: Wiederverwendung von Modellkomponenten, Beispielausgabe der Erkennung

Wiederverwendbare Komponenten automatisch erkennen

Um Modellkomponenten in der Praxis wiederverwenden zu können, müssen die wiederverwendbaren Komponenten zunächst automatisch identifiziert werden. In diesem Projekt korrespondieren die Modellkomponenten entweder mit verschiedenen Attributen, also visuellen Eigenschaften, wie Farbe und Textur oder mit ganzen Objektklassenmodellen. Wir schlagen vor, Objektklassen und Attribute in Bezug zu bringen, indem natürlich-sprachliche Informationsquellen durchsucht werden. Hierzu gehören beispielsweise WordNet, Wikipedia, Flickr und Yahoo web search [Abbildung 2]. Die ermittelten Beziehungen können sogar zur Generierung von Modellen der Klassen herangezogen werden, für die keine Trainingsbeispiele verfügbar sind und die somit gänzlich auf wiederverwendeten Komponenten anderer Modelle basieren. Die Erkennungsleistung des voll automatisierten Systems entspricht hierbei der Erkennungsleistung eines Systems, bei dem Objektklassen-Attributbeziehungen durch menschliche Testpersonen bereitgestellt werden.

Von 3D-CAD-Daten lernen

In einem Versuch, vollständig auf Trainingsbilder zu verzichten, möchte dieses Projekt Objektklassenmodelle von 3D-Daten aus computergestützten Zeich-

nungen (CAD) lernen. CAD-Modelle werden typischerweise in der Produktentwicklung, in Computerspielen oder bei Filmproduktionen eingesetzt und stehen für viele Objektklassen zur Verfügung. Weil CAD-Modelle eine genaue und detaillierte Repräsentation der Objektform zur Verfügung stellen, eignen sie sich für das Lernen von Objektklassenmodellen. Da sie zudem unabhängig vom Blickwinkel sind, können aus CAD-Modellen Darstellungen beliebiger Blickwinkel und somit künstliche Trainingsbeispiele gewonnen werden. Die größte Herausforderung dabei ist, die Kluft zwischen den künstlichen Trainingsbildern und den Testbildern aus der realen Welt zu überbrücken. Dies erreichen wir über eine formbasierte Abstraktion der Objekterscheinung. Unsere Experimente demonstrieren die außergewöhnliche Leistungsfähigkeit bei der Erkennung von Autos aus vielfältigen Blickwinkeln – sogar im Vergleich zu Ansätzen, die Trainingsbilder aus der realen Welt verwenden. ∴

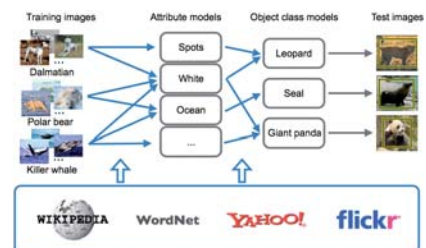


Abbildung 2: Automatische Identifikation von wiederverwendbaren Attributmodellen.

KONTAKT

Marcus Rohrbach

ABT. 2 Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung

Telefon +49 681 9325-1206

Email rohrbach@mpi-inf.mpg.de

Michael Stark

ABT. 2 Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung

Telefon +49 681 9325-2120

Email stark@mpi-inf.mpg.de

Internet <http://www.d2.mpi-inf.mpg.de/nlp4vision>



3D-Szenenverständnis mit monokularen Kameras

Szenenverständnis – der „heilige Gral“ des maschinellen Sehens

Inspiziert vom visuellen System des Menschen, galt visuelles Szenenverständnis vom Beginn der Forschungsaktivitäten an als der „heilige Gral“ des maschinellen Sehens. In der Anfangszeit wurde versucht ausgehend von Merkmalen wie Kanten und deren Ausrichtung eine vollständige Szenenbeschreibung und Szenenerfassung mittels Bottom-up-Methodik zu erlangen. Dabei wurde versucht sensornaher Merkmale zu extrahieren, um diese für ein abstrakteres Verständnis nach und nach zu gruppieren. Leider erwies sich die zuverlässige Extraktion dieser Low-level-Merkmale aufgrund ihrer begrenzten Ausdruckskraft und ihrer inhärenten Mehrdeutigkeiten als sehr schwierig. Als Folge dessen blieb Szenenverständnis trotz enormer Bemühungen selbst für relativ eingeschränkte und einfache Szenen ein illusorisches Ziel. Enttäuscht von den Ergebnissen dieser frühen Ansätze wandte sich die Forschungsgemeinschaft leichter Teilproblemen zu und erzielte bemerkenswerte Resultate im Bereich der Kamerageometrie, Bildsegmentierung, Objekterfassung und Objektverfolgung. Da die Leistungsfähigkeit dieser Algorithmen beginnt ein bemerkenswertes Niveau zu zeigen, glauben wir, dass das Problem der automatischen Erschließung und Erfassung von 3D-Szenen aus Einzelbildern und Videosequenzen neu untersucht werden sollte.

Anwendungen im Bereich Robotik und automobilier Sicherheit

Ohne Frage sind Anwendungsszenarien, wie zum Beispiel mobile Service-roboter und Fußgängerschutz im Automobilbereich, von hoher wissenschaftlicher und wirtschaftlicher Bedeutung. Daher benutzen wir die Erkennung von Fußgängern und Fahrzeugen mit einer bewegten Kamera, die auf einem Auto oder einem Roboter montiert ist, als Anwendungsbeispiel für unsere Arbeit. Für beide Anwendungsbereiche können wir domänenspezifisches Wissen wirksam einsetzen. Die Kamera kann zum Beispiel relativ zur Umgebung kalibriert

werden; daher ist die Kamerahöhe über Grund und die Ausrichtung der Kamera relativ zur Umgebung ungefähr bekannt. Darüber hinaus kann angenommen werden, dass der Grund in einer lokalen Umgebung flach ist und sich alle Objekte auf ihm befinden. Zusätzlich kann die Größe der Fußgänger sowie die Fahrzeughöhe als normalverteilt angenommen werden. Diese Annahmen stellen zusätzliche Nebenbedingungen dar, die es uns erlauben Mehrdeutigkeiten zu eliminieren und das Szenenverständnisproblem für solche Anwendungsbereiche leichter zu lösen. Eine Beispielszene ist in Abbildung 1 gezeigt.

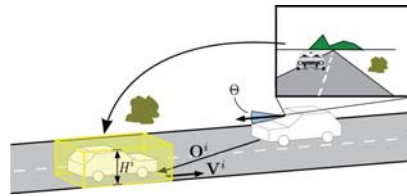


Abbildung 1: Das Ziel unseres System ist es eine 3D-Szene basierend auf einer Kombination von a priori Wissen und Bildfolgen einer monokularen Kamera zu erfassen.

Integriertes 3D-Szenenmodell

Das von uns entwickelte System kombiniert a priori Wissen mit leistungsfähigen *Objektklassendetektoren*, *semantischer Segmentierung* und dem Begriff von so genannten *Tracklets*. Objektklassendetektoren bestimmen die 2D-Position von Objekten in einem Bild; semantische Szenensegmentierung erkennt semantische Klassen wie Straße, Himmel oder Objekt für jeden Bildpunkt, während Tracklets Bildinformationen über mehrere Einzelbilder hinweg akkumulieren. Mit diesem Modell kann über die Zeit auf Grund geometrischer und dynamischer Konsistenz ein robusteres Ergebnis

erreicht werden (siehe Abbildung 2 als Beispiel für 2D-Detektionen, Segmentierung und Systemergebnis). Durch die 3D-Modellierung ist unser System in der Lage, komplexe Interaktionen, wie zum Beispiel Verdeckungen und physische Abgrenzung zwischen Objekten sowie geometrische Konsistenz, darzustellen. Unsere Ergebnisse sind ermutigend und zeigen, dass die Kombination der individuellen Algorithmen nicht nur die Erfassung eines 3D-Welt-Modells erlaubt, sondern gleichzeitig auch die Erkennungsleistung der Objektklassendetektoren verbessert. Und obwohl wir bei diesem Forschungsprojekt durchweg monokulare Kameras benutzen und daher nicht in der Lage sind, Tiefeninformation aus der Disparität eines Bildpaares zu extrahieren, ist unsere Methode in der Lage, vergleichbare Stereo-Kamerasysteme zu übertreffen. ...

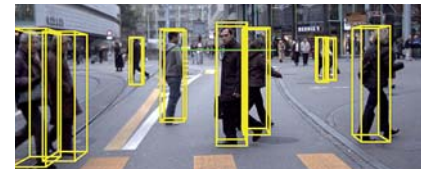
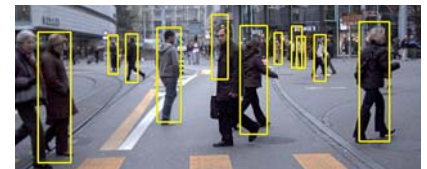


Abbildung 2: 2D-Objektdetektionen, semantische Szenensegmentierung und Ergebnisse unserer 3D-Szeneninferenz

KONTAKT

Bernt Schiele

ABT. 2 Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung

Telefon +49 681 9325-2000

Email schiele@mpi-inf.mpg.de

Christian Wojek

ABT. 2 Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung

Telefon +49 681 9325-2000

Email cwojek@mpi-inf.mpg.de

Internet <http://www.d2.mpi-inf.mpg.de/monocular-3d-scene>



Gelernte visuelle Repräsentationen

Der Fortschritt von Sensortechnologien erlaubt Maschinen, eine detailreiche Aufnahme von der Umgebung zu machen. Jedoch klafft eine große Lücke zwischen den unverarbeiteten Sensordaten, die ein Computer beispielsweise von einer Kamera bekommt und dem semantischen Verständnis eines Menschen, wenn dieser die selbe Szene sieht. Wir müssen diese Kluft überbrücken, um das volle Potential von Anwendungen wie der autonomen Robotik, der bildbasierten Suche und der visuellen Assistenz für Blinde zu entfalten.

Das automatische Bildverstehen hat durch Repräsentationen, die versuchen Schritt für Schritt diese Diskrepanz zu unterbinden, große Fortschritte gemacht. Jedoch sehen wir trotz des beeindruckenden Fortschritts immer noch eine Divergenz zwischen den Methoden und sind noch weit davon entfernt mit der Adaptivität, Effizienz und Effektivität der menschlichen Wahrnehmung gleichzuziehen. Deshalb streben wir prinzipielle Methoden an, mit denen es uns möglich ist, visuelle Repräsentationen abzuleiten, die letztendlich an die menschliche Wahrnehmung heranreichen oder sie sogar übertreffen.

Latente Additive Merkmal Modelle

Inspiziert durch Modelle aus der Dokumentenverarbeitung, haben wir Methoden, die automatisch Themen aus Texten extrahieren können, auf die visuelle Domäne angewendet. Mit diesen können wir Objekte und Bildbereiche in Unterteile und Unterstrukturen zerlegen und visuelle Repräsentation komplett unüberwacht lernen. Die Anwendbarkeit wurde durch eine Analogie zwischen Wörtern in der Textdomäne und lokalen Gradientenstrukturen in der visuellen Domäne ermöglicht. Abbildung 1 illustriert wie die Gradientenverteilung eines Fahrrads auf der linken Seite in Unterkomponenten auf der rechten Seite zerlegt wird. Wir verwenden Methoden, die es uns erlauben, Erwartungen über die unbekanntenen Variablen zu formulieren, um dieses schlecht konditionierte Lernproblem zu lösen. Unsere Experimente

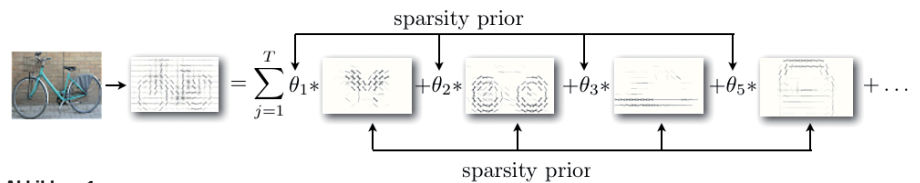


Abbildung 1

zeigen, dass diese Art von Repräsentationen gut geeignet ist für Aufgaben wie Objektklassenerkennung und -detektion und sogar gut mit Effekten wie Transparenz umgehen kann.

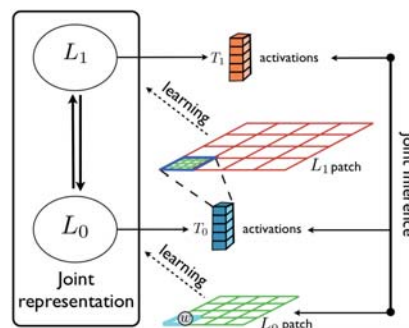


Abbildung 2

Kürzlich haben wir ein rekursives Schema definiert, welches uns erlaubt, hierarchische Repräsentationen basierend auf dem selben Prinzip abzuleiten [Abbildung 2]. Unsere Studien haben die Wichtigkeit von holistischer Inferenz beim Lernen dieser Repräsentationen gezeigt, im Gegensatz zur sonst üblichen reinen Vorwärtspropagierung. Momentan sind wir sehr daran interessiert, wie solche Repräsentationen auch über die Zeit und mehrere Bilder hinweg formuliert werden können.

Repräsentationen über Datendomänen und Sensoren hinweg

Die schnelle Entwicklung des Internets und mobiler Geräte stellt uns reichhaltige Informationsquellen zur Verfügung. Wenn wir diese nutzen wollen, sehen wir uns einer großen Heterogenität gegenübergestellt. Wir brauchen gute Repräsentationen, um diese Quellen auf einen gemeinsamen Nenner zu bringen.

Wir haben Ansätze zur Domänenadaptation untersucht, um die Lücke zwischen Daten aus dem Internet und Sensoren mit hoher und niedriger Qualität zu schließen [Abbildung 3]. Unsere Untersuchungen zeigen, dass einige der aufgetretenen Probleme durch das Lernen einer neuen Metrik behoben werden können und dadurch Bilddaten aus dem Internet effektiver für Erkennung von Objekten in der realen Welt genutzt werden können.

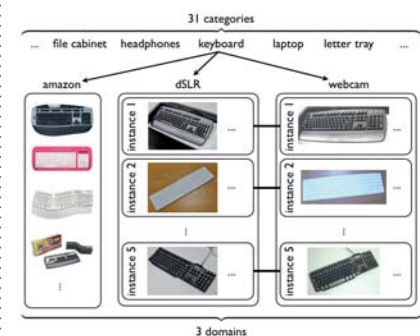


Abbildung 3

Ständig werden bessere Sensoren in elektronische Geräte des Massenmarktes eingebaut. Zur Zeit sind wohl 3D Sensoren eines der prominentesten Beispiele (z. B. in Mobiltelefonen, Spielekonsolen). Unsere Untersuchungen zielen darauf ab, wie 2D- und 3D-Repräsentationen am besten miteinander kombiniert werden können, um die Objekterkennung zu verbessern. Zu diesem Zweck haben wir Randbedingungen in den Objektgrößen verwendet und gezeigt wie diese die Klassifikation und Detektion verbessern. ...

KONTAKT

Mario Fritz

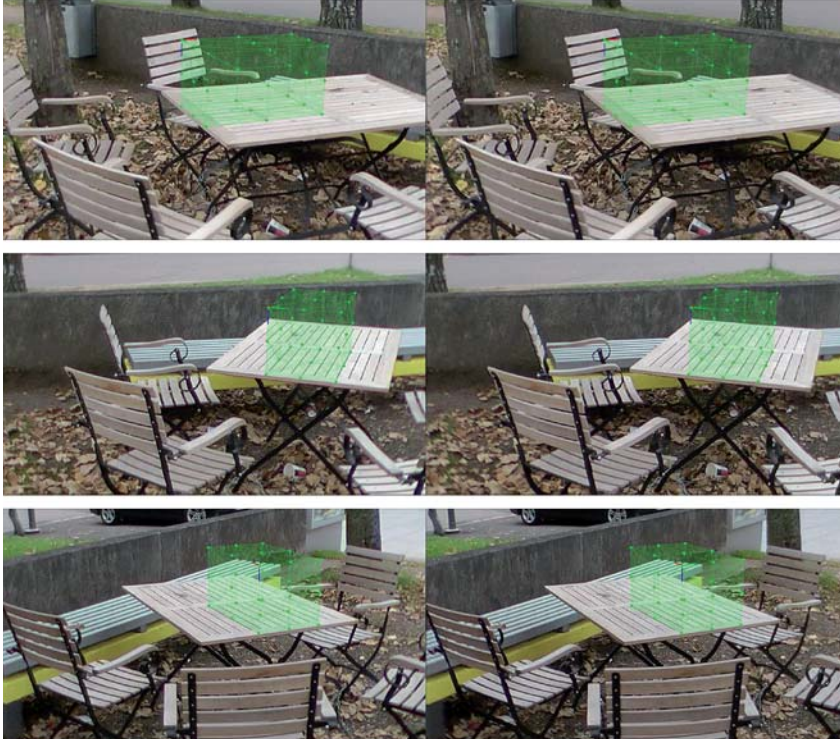
ABT. 2 Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung

Telefon +49 681 9325-1204

Email mfritz@mpi-inf.mpg.de



Bildbasierte 3D-Szenenanalyse



Schätzung der Kamerabewegung aus Stereo-Bildfolgen

Da ein immer größerer Anteil heutiger Filme in stereoskopischem 3D (S3D) gedreht wird, gibt es derzeit eine hohe Nachfrage nach Werkzeugen zur Erzeugung von Spezialeffekten für stereoskopische Bildfolgen. Die Schätzung der Kamerabewegung und die 3D-Rekonstruktion aus Bildfolgen stellen dabei einen wesentlichen Schritt dar, da diese die Platzierungen und die perspektivisch richtige Darstellung von virtuellen Objekten ermöglichen [Abbildung 1]. Bisher waren unsere Algorithmen nur in der Lage monokulare Bildfolgen zu verarbeiten. Durch Erweiterung des Kameramodells um Parameter, die speziell bei Stereokamerasystemen wichtig sind, können nun auch Ergebnisse für stereoskopische Bildfolgen erzeugt werden.

Durch die zeitliche Abhängigkeit einzelner Kameraparameter ergibt sich jedoch eine komplexere Struktur in den Algorithmen. Mit unserem Ansatz können trotzdem ähnliche Verarbeitungsgeschwindigkeiten wie im monokularen Fall erreicht werden. Darüber hinaus konnte ebenfalls gezeigt werden, dass die resultierende Genauigkeit der Schätzung bei unserem Ansatz höher ist als bei einer getrennten Schätzung von beiden Kameras.

Ein praktikables Kalibrationsverfahren für Kameras in größeren Szenen

In diesem Projekt wurde ein Verfahren entwickelt, das die Schätzung der Position und Orientierung einer oder mehrerer Kameras aus einer Serie von Fotografien oder aus Videobildfolgen erlaubt. Für die zuverlässige und genaue

Abbildung 1: Die Schätzung der Kamerabewegung erlaubt es den virtuellen grünen Würfel in dieser realen Stereo-Bildfolge immer aus der richtigen Perspektive darzustellen.

Schätzung der Kameraparameter ist es üblich, spezielle Kalibriermuster zu verwenden. Allerdings ist es bei der Verwendung von nur einem Muster lediglich möglich eine global konsistente Kalibrierung von Kameraansichten zu erzeugen, wenn das Kalibriermuster aus allen Ansichten sichtbar ist. Um dieses Problem zu umgehen, nutzt unser Verfahren mehrere codierte Muster, die über ein großes Volumen verteilt werden können. Nun ist es nicht mehr nötig, dass alle Kameraansichten ein bestimmtes Kalibriermuster sehen. Es reicht aus, wenn mindestens eines der Muster zu sehen ist und sich eine Verkettung der Bilder über die Muster ergibt [Abbildung 2]. Mit diesem praktikablen Verfahren wird eine einfache Kalibrierung von größeren Szenen möglich. So können zum Beispiel in einem Raum verteilt aufgestellte Kameras global konsistent kalibriert werden. Ein konkreter Anwendungsfall ergab sich beispielsweise bei der Kalibrierung eines sich autonom bewegenden Roboterkopfs, der in alle Richtungen blicken kann und dessen Kameras somit nicht mit einem einzigen Muster kalibriert werden konnten. ...

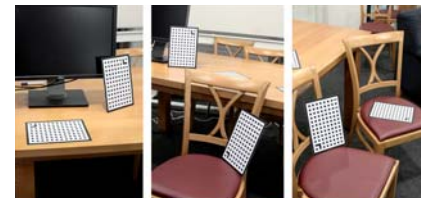


Abbildung 2: Unser Ansatz erlaubt die Kamerakalibrierung aus Bildern, wenn sich die Kameraansichten teilweise überlappen. Jedes der gezeigten Bilder enthält mehrere Kalibriermuster, wobei jeweils mindestens eines dieser Muster auch im nächsten Bild sichtbar ist.



KONTAKT

Thorsten Thormählen
ABT. 4 Computergrafik
 Telefon +49 681 9325-4017
 Email thormae@mpi-inf.mpg.de

Markerlose Rekonstruktion dynamischer Szenen

Rekonstruktion detaillierter Animationsmodelle aus Multi-Video Daten

Computergenerierte Personen, sogenannte Avatare, haben sich zu einem wichtigen Bestandteil visueller Medien entwickelt, so zum Beispiel in Computeranimationen, Filmen oder virtuellen vernetzten Welten. Um eine virtuelle Person überzeugend darstellen zu können, müssen die einzelnen Eigenschaften der Person, wie zum Beispiel ihre Bewegung, Geometrie und Oberflächenstruktur, extrem realistisch modelliert werden. Eine Möglichkeit dies zu erreichen, besteht darin, jeden Teilaspekt der Gesamterscheinung manuell in einem Animationsprogramm zu definieren. Dies ist allerdings ein extrem zeitaufwendiger und komplexer Prozess: Die Geometrie der Person muss in präziser Detailarbeit konstruiert werden und jede Nuance der Bewegung muss fein abgestimmt werden. Es ist daher leicht nachvollziehbar, dass komplett manuell erzeugte Animationen, insbesondere hinsichtlich der Qualität der Bewegungsanimation, nicht den Detailgrad eines echten Menschen erreichen.

Die Alternative zur manuellen Modellierung besteht darin, Teilaspekte der Animation an echten Menschen zu messen. So ermöglichen es Motion Capture Systeme, die Bewegung eines Skelettmodells aus Videobildströmen einer Person zu rekonstruieren. Leider ist diese Bewegungserfassung ein sehr komplexer Prozess und die zu vermessende Person muss oftmals einen speziellen hautengen Anzug mit optischen Markierungen tragen. Zudem können mit solchen Systemen weder die sich über die Zeit verändernde Geometrie noch die Textur einer Person gemessen werden.

In unserer Forschung haben wir völlig neuartige *Performance Capture Algorithmen* entwickelt. Diese ermöglichen zum ersten Mal, detaillierte Bewegung, dynamische Geometrie und dynamische Textur einer Person in komplexer Kleidung, wie zum Beispiel einem Rock oder einem Ballkleid, allein aus Multivideoströmen zu rekonstruieren. Unsere Verfahren erfordern daher keine optischen Marker in der Szene.



Abbildung 1: Von links nach rechts: Eines von 12 Eingabebildern; segmentierte Eingabebilder; rekonstruierte Skelett- und Oberflächenmodelle.

Im letzten Jahr konnten wir unsere Performance Capture Verfahren in vielerlei Hinsicht deutlich verbessern. Ein neuer Algorithmus ermöglicht es uns zum ersten Mal, detaillierte Animationsmodelle von mehreren interagierenden Schauspielern zu erstellen [Abbildung 1]. Ein weiterer Meilenstein war die Entwicklung eines Verfahrens zur Schätzung der einfallenden Beleuchtung einer Szene aus Multi-Video Daten. Mit Hilfe dieses geschätzten Beleuchtungsmodells kann anschließend die Oberflächengeometrie der einer Person viel genauer rekonstruiert werden als dies bisher möglich war [Abbildung 2]. Eine weitere wichtige Neuerung war die Entwicklung eines sehr schnellen Bewegungsmessverfahrens, das komplexe Skelettbewegungen aus Multi-Video Daten messen kann, die vor einem beliebigen Szenenhintergrund aufgenommen wurden. Das heißt ein kontrollierter grüner Hintergrund, wie er in Studios üblich ist, wird nicht mehr benötigt. Durch diese neuen Methoden sind wir unserem langfristigen Ziel näher gekommen, detaillierte dynamische Szenenmodelle auch außerhalb des kontrollierten Studios zu messen, d. h. in Umgebungen, in denen die Beleuchtung nicht kontrolliert werden kann, und in denen die Kameras frei beweglich sind und unsynchronisiert aufnehmen.

Echtzeit Motion Capture mit Tiefensensoren

Die Performance Capture Methoden zur detailgenauen Rekonstruktion,



Abbildung 2: Links: Eingabebild; Rechts: 3D-Modell mit hochdetailliert rekonstruierter Oberfläche

die im vorherigen Abschnitt beschrieben wurden, erfordern sehr komplexe Berechnungen und sind daher nicht echtzeitfähig. Zudem brauchen diese Methoden mehrere Videokameras. Bewegungsmessung aus einer einzelnen Kameraperspektive stellt ein extrem komplexes, da hochgradig unterbestimmtes Berechnungsproblem dar.

Neuartige Tiefenkameras, wie zum Beispiel sogenannte Time-of-Flight Kameras, messen 2.5D-Szenengeometrie in Echtzeit. Durch die gemeinsame Verwendung von Tiefen- und Videodaten ist es leichter, Körperbewegungen auch aus einer einzelnen Kameraperspektive zu rekonstruieren. Leider sind die Tiefenkameradaten in der Regel sehr verrauscht, besitzen eine sehr geringe Auflösung und weisen systematische Verzerrungen auf. In unserer Forschung haben wir daher Methoden entwickelt, um Tiefensensoren zu kalibrieren, das Rauschen zu eliminieren und die Auflösung der Kameras durch Berechnungen auf den Originaldaten zu erhöhen (*Superresolutions-Verfahren*).

Mit diesen verbesserten Tiefendaten und durch ein von uns neu entwickeltes Verfahren kann die komplette Körperbewegung einer Person aus einer einzelnen Kameraperspektive gemessen werden. Der Echtzeitalgorithmus zur Bewegungsmessung kombiniert ein tiefenbasiertes Posenoptimierungsverfahren mit einem Verfahren zum schnellen Auffinden ähnlicher Posen aus einer großen Datenbank von Bewegungssequenzen. ...

KONTAKT

Christian Theobalt

ABT. 4 Computergrafik

Telefon +49 681 9325-4028

Email theobalt@mpi-inf.mpg.de

Internet <http://www.mpi-inf.mpg.de/resources/perfcap/>



Neue Methoden für die komplexe Videobearbeitung

Bildbearbeitungsmethoden spielen eine wichtige Rolle bei der Nachbearbeitung von Fotografien. Ein Beispiel ist die nachträgliche Bearbeitung von Bildern durch die Anwendung spezieller Filter, um Rauschen zu unterdrücken oder um den Kontrast zu verbessern. Oftmals ist es auch notwendig, einzelne Elemente aus Bildern zu entfernen und die entstehende Lücke algorithmisch zu füllen. Die Grundlage dieser und ähnlicher Methoden bilden mathematische Verfahren, die das Bildsignal analysieren und verändern bzw. filtern. Viele Standardprogramme zur Bildbearbeitung stellen solche Algorithmen zur Verfügung.

Die Nachbearbeitung von Videos ist eine ungleich schwierigere Aufgabe. Videos sind nicht nur eine zeitliche Abfolge von Einzelbildern. Veränderungen, die an Videos nachträglich vorgenommen werden, müssen daher nicht nur räumlich im Bild konsistent sein, sondern auch über die Zeit, d. h. über mehrere Videobilder hinweg. Viele kommerziell verfügbare Videobearbeitungsprogramme basieren aber auf der Annahme, dass Videos Folgen von Einzelbildern sind. Die Nachbearbeitung, die mit solchen Werkzeugen möglich ist, beschränkt sich daher oft auf die Anwendung einfacher Filter über ein Zeitfenster hinweg.

Typische Videobearbeitungsaufgaben sind allerdings weitaus komplexer, wie folgendes Beispiel zeigt: In professionellen Film- und Videoproduktionen kommt es oftmals vor, dass ganze Szenenelemente, wie zum Beispiel Personen, nachträglich entfernt werden müssen, oder dass ihre Position in der Szene verändert werden muss. Dies führt dazu, dass ganze Bildbereiche, die nun sichtbar werden, über die Zeit hinweg eingefüllt werden müssen. Zudem muss unter Umständen die Beleuchtung der Szene angepasst werden. Kein existierendes Filterverfahren wäre in der Lage eine solch komplexe Aufgabe auch nur annähernd automatisch zu lösen. Die Konsequenz ist, dass solche Aufgaben in der Regel durch manuelle Bearbeitung einzelner Pixel gelöst werden, was selbst bei kurzen Videosequenzen leicht einen

Arbeitsaufwand von mehreren Wochen nach sich ziehen kann. Für normale Anwender steht ein solcher Aufwand außer Frage.

Ziel dieses Forschungsvorhabens ist es daher, algorithmische Theorien und Methoden zu entwickeln, um komplexe Videobearbeitungsaufgaben, wie die eben genannte, effizient und automatisch zu lösen. Hierzu muss ein Algorithmus mehr kennen, als das Bildsignal zu jedem Zeitpunkt. Viel mehr ist es nötig, dass ein Algorithmus ein semantisches Verständnis für ein Video entwickelt: Welche Objekte sind vorhanden? Wie sieht die Beleuchtungssituation aus? Wie hängen einzelne Elemente eines Videos über die Zeit zusammen? Die algorithmischen Herausforderungen für jeden einzelnen dieser Verständnisschritte sind sehr groß, und die bisher entwickelte Theorie steckt noch in den Anfängen. Die Entwicklung von entsprechenden Verfahren ist essenziell, um auch unerfahrene Benutzer in die Lage zu versetzen, komplexe Videobearbeitungsaufgaben zu definieren und diese mit dem Computer weitgehend automatisch zu lösen.

Entfernen von Objekten und Einfüllen von dynamischem Hintergrund

Eine wichtige Teilaufgabe vieler komplexer Videobearbeitungsschritte ist das Einfüllen von dynamischem Hintergrund in einem Video. Wenn zum Beispiel ein Vordergrundobjekt aus einem Video entfernt werden soll, werden vorher verdeckte Szenenelemente des Hintergrunds sichtbar. Man könnte also sagen, dass ein Loch im Video entsteht, das algorithmisch eingefüllt werden muss. Die grundlegende Idee eines Einfüllverfahrens ist es, in anderen Bildern (also



Oben: Original Videobild, unten: Videobild, in dem die Person im Vordergrund entfernt und der dynamische Hintergrund automatisch eingefüllt wurde

zu anderen Zeitpunkten in einem Video) nach den entsprechenden Bildinhalten zu suchen, die man in das entstandene Loch im Video kopieren kann. Zu anderen Zeitpunkten im Video war der einzufüllende Bereich nämlich vielleicht unbedeckt. Sollte das Loch im Bereich unbeweglicher Hintergrundobjekte liegen, ist das Einfüllen im Wesentlichen ein Umkopieren von Bildinhalten. Sollte das einzufüllende Loch allerdings ein dynamisches Szenenelement freilegen, also zum Beispiel eine sich bewegende Person im Hintergrund, muss auch die Dynamik des Hintergrunds im Loch synthetisiert werden. Dies ist ein weitaus komplexeres Problem. Wir haben eines der ersten Verfahren entwickelt, um dynamischen Hintergrund automatisch einzufüllen. Ein Beispiel hierfür ist in der Abbildung zu sehen. ...



KONTAKT

Christian Theobalt

ABT. 4 Computergrafik

Telefon +49 681 9325-4028

Email theobalt@mpi-inf.mpg.de

B I O I N F O R M A T I K

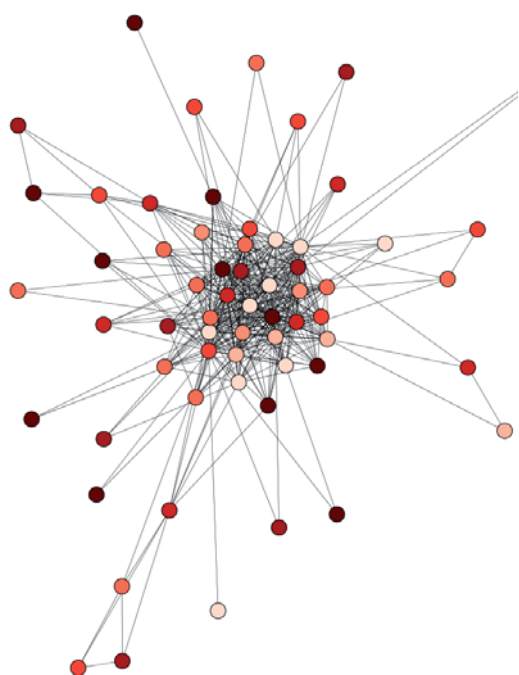
Die Bioinformatik ist eine Schlüsseldisziplin für den schnelleren Erkenntnisfortschritt in den Biowissenschaften, wie Biotechnologie, Pharmazie und Medizin. Die Bioinformatik vertieft und beschleunigt mit Hilfe des Computers die Planung von höchst komplexen biologischen Experimenten sowie die Interpretation der in sehr großen Mengen anfallenden Daten.

Seit etwa 20 Jahren trägt die Bioinformatik wesentlich zum Erkenntnisgewinn in den Biowissenschaften bei. Sie ist Teil einer Revolution der Biologie. Sie unterstützt Forscher bei der Planung von Experimenten, sammelt Daten, die aus allen Bereichen der Biologie stammen und wertet diese Daten mit computergestützten Methoden aus. Mit Hilfe der Bioinformatik dringen Wissenschaftler bis zu den molekularen Abläufen in Zellen – den Grundeinheiten von lebenden Organismen – vor, in ein komplexes System, das Materie, Energie und Information verarbeitet. Das Genom enthält den Bauplan der Zelle und den Ablaufplan ihrer Stoffwechselprozesse in komplex codierter Form. Um diese Zellprozesse zu unterhalten, müssen immer wieder Teile des Genoms „abgelesen“ werden, so etwa Gene, die zum Beispiel die Baupläne von Proteinen, den zellulären Molekular-Maschinen, zur Verfügung stellen. Das Ablesen der Gene wiederum wird durch komplexe molekulare Netzwerke gesteuert. Für die Synthese von Proteinen und auch für ihren Abbau gibt es spezielle molekulare Komplexe, die selbst wieder detaillierter molekularer Steuerung unterliegen. Die Zelle wandelt Energie um, sie kommuniziert mit Zellen in ihrer Umgebung, sie nimmt unterschiedliche Strukturen und Formen an und sie bewegt sich. Sie reagiert auf Änderungen in ihrer Umgebung, zum Beispiel auf Veränderungen des Lichts, der Temperatur und des pH-Werts und sie wehrt Eindringlinge ab. Fehlsteuerungen dieser Prozesse sind die molekulare Grundlage für Krankheiten. Therapien zielen darauf ab, ein verträgliches molekulares Gleichgewicht wieder herzustellen.

Seit gut zehn Jahren wird die klassische biologische Forschung, die bis dahin zumeist auf sehr eng eingegrenzte Teilsysteme der Zelle konzentriert war, durch Hochdurchsatz-Experimente ergänzt. Diese erfassen zellweit Daten, etwa durch eine umfassende Analyse des Genoms oder durch Messen von Häufigkeiten aller abgelesenen Gene (Transkriptom). Erfasst werden ferner die Varianten der von der Zelle verwandten Proteine (Proteom) und deren Wechselwirkungen (Interaktom). Aus diesen Daten kohärente Einsichten über die Biologie der Zelle, die Grundlagen von Krankheiten sowie Ansätze für Therapien abzuleiten, ist eine hoch komplexe informationstechnische Aufgabe. Dieser Herausforderung stellt sich die Bioinformatik. Am Max-Planck-Institut für Informatik wird in vielen der hier angesprochenen Bereiche geforscht.

Damit hat die Bioinformatik den hybriden Charakter einer Grundlagenwissenschaft, die frühzeitig klare Anwendungsperspektiven definiert. Diese einzigartige Eigenschaft wird durch eine beträchtliche Zahl von Ausgründungen aus bioinformatischen Forschungsgruppen unterstrichen. So hat beispielsweise Professor Lengauer mit seinen Mitarbeitern die Firma BioSolveIT GmbH gegründet, die Software für den Entwurf von Medikamenten entwickelt und vertreibt. Zu den Nutzern dieser Software gehören Pharmafirmen weltweit.

Das bis zum Jahr 2010 von der DFG geförderte Zentrum Bioinformatik Saar, dessen Vorsitzender Professor Lengauer ist, wurde unter den fünf Zentren in Deutschland bei der letzten Bewertung (2007) als führend in der Forschung eingestuft. ...



| | |
|--|----|
| Proteinstruktur und -wechselwirkungen | 40 |
| Analyse von viralen Genomen mittels neuer Sequenzierungsverfahren | 41 |
| Bioinformatische Unterstützung von HIV-Therapie | 42 |
| Analyse von HBV-Resistenzen | 43 |
| Die Entschlüsselung des Zweiten Codes – bioinformatische Methoden zur Analyse des Epigenoms | 44 |
| Die Phylodynamik von HIV | 45 |
| Mit dem Computer auf der Jagd nach EHEC | 46 |

ANALYSE VON
BILDERN & VIDEOS

BIOINFORMATIK

GARANTIEN

INFORMATIONSSUCHE
& DIGITALES WISSEN

MULTIMODALE
INFORMATION

OPTIMIERUNG

SOFTWARE

VISUALISIERUNG

Proteinstruktur und -wechselwirkungen

Proteine als biologische Maschinen

Proteine sind biologische Moleküle, die Prozesse des Lebens unterhalten: Sie stellen molekulare Maschinen dar, die molekulare Bausteine wie Nuclein- und Aminosäuren aufbauen und zerlegen, Energie umwandeln können und die Regulierung und Kommunikation in den Zellen ermöglichen. Dazu sind sie in der Lage, weil sie aus Ketten aus Aminosäuren bestehen, die sich in eine komplexe dreidimensionale Struktur falten, die in vielen Fällen eindeutig ist. Die besondere Form der dreidimensionalen Proteinstruktur wird von den physikalischen und chemischen Eigenschaften der ein Protein konstituierenden Aminosäurekette bestimmt. Die Strukturbiologen haben eine umfangreiche Datenbank von bis dato fast 80.000 öffentlich zugänglichen 3D-Strukturen von Proteinen zusammengestellt, die sich mit Hilfe von Computern analysieren lassen.

Dieses Paradigma erweitern wir auf molekulare Komplexe. Die Proteine treten nicht allein in Aktion. Sie sind Komponenten eines Fließbandes, das einzelne Handlungen ausführt, um ein größeres gemeinsames Ziel zu erreichen. Aus diesem Grund sammeln sich Proteine in vielen Fällen zu molekularen Komplexen, um ihre Aufgaben zu erfüllen. Diese Komplexe können aus bis zu hundert von Proteinen bestehen. Vorhersagen und Analysen der Eigenschaften der Proteinkomplexe stellen eine der wichtigsten Aufgaben der strukturellen Bioinformatik dar.

Strukturelle Bioinformatik von viralen Systemen

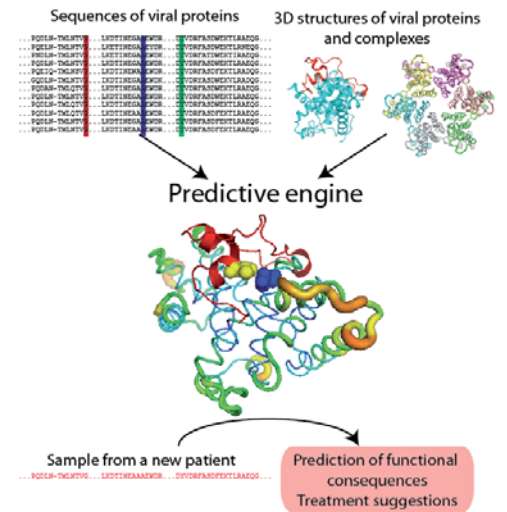
Viren befallen die Zellen anderer Organismen und nutzen diese, um sich zu reproduzieren und zu vervielfachen. Sie stellen kleine Systeme dar und bestehen in der Regel aus 10 bis 20 Proteinen. Unter Einsatz dieses begrenzten Instrumentariums beteiligen sie sich am komplexen Wechselwirkungsnetzwerk der Wirtszelle und benutzen die Proteine der Wirtszellen zur Unterstützung des Virus-Lebenszyklus. Gleichzeitig passen sie sich sehr schnell dem ständigen Druck

an, den das Immunsystem des Wirts und eine eventuelle medikamentöse Behandlung ausüben. Der Umfang der in Laboren und in klinischen Studien gewonnenen Daten über die Varianten der Proteinsequenzen in den Viren ist beeindruckend. Dies macht die viralen Systeme zu einem besonders spannenden Forschungsobjekt für die Bioinformatik.

Die bei verschiedenen Patienten isolierten Proteinsequenzen der Virusstämme liefern wertvolle Informationen für die Behandlung von Patienten, wie dies beispielsweise der Ansatz genotyp zeigt. Eine verfeinerte Analyse unter Berücksichtigung der Strukturinformationen soll nun zeigen, wie die für in einer untersuchte Sequenz manifestierte Variante die Proteinfunktion und die Wechselwirkungen des Proteins mit seinen molekularen Partnern beeinflusst. So kann zum Beispiel eine Mutation des aktiven Zentrum des Proteins die katalytische Fähigkeit des Proteins unterbinden, während eine andere Mutation in der Nähe nur die Stärke der Bindung an einen molekularen Hemmer reduziert. Findet die Mutation an einer Wechselwirkungsschnittstelle mit einem Wirtspartikel statt, zerstört das möglicherweise die Bindung und das mutierte Virus überlebt nicht.

Kombination aus Sequenz- und Strukturanalyse zur Vorhersage von Auswirkungen der Sequenzänderungen

Wir analysieren die Sequenzen von viralen Proteinen mit besonderen Eigenschaften, beispielsweise von solchen, die gegen bestimmte Medikamente resistent sind. Wir extrahieren die für diesen Phä-



notyp zuständigen Sequenzeigenschaften und analysieren sie im Zusammenhang der Proteinstruktur. Wir haben bereits zahlreiche Sequenzen viraler Proteine untersucht, die das Kapsid des Humanen Immundefizienz-Virus (HIV) bilden, und haben einige Mutationspaare vorhergesagt, die wahrscheinlich funktionell wechselwirken. Eine dieser Punktmutationen stellt die virale Infektiosität wieder her, die durch eine andere Mutation des Paares vorher behindert wurde. Mit Hilfe von Strukturanalyse konnten wir zeigen, dass dieses Paar von Aminosäuren dafür verantwortlich sein könnte, dass die einzelnen Proteinuntereinheiten eine stabile und geordnete Kapsidstruktur bilden.

In unserer Arbeit kombinieren wir genomische, Modellierungs- und biophysikalische Methoden, um die in einer vorgegebenen Sequenz beobachteten Änderungen auszuwerten und ihren potentiellen Einfluss auf die Proteinfunktion vorherzusagen. Wir analysieren ebenfalls die Bindungsaffinität zu Hemmern und können mögliche medikamentöse Behandlung vorschlagen.



KONTAKT

Olga Kalinina

ABT. 3 Bioinformatik und Angewandte Algorithmik

Telefon +49 681 9325-3004

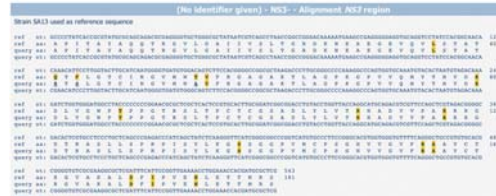
Email kalinina@mipi-inf.mpg.de

Analyse von viralen Genomen mittels neuer Sequenzierungsverfahren

Die Erforschung von Virusinfektionen basiert in starkem Maße auf der Analyse der Genomsequenzen des Virus und seines menschlichen Wirtes. Diese Genomsequenzen sind die Grundlage für das Verständnis des komplexen molekularen Zusammenspiels zwischen dem Krankheitskeim und dem Patienten, ein Wissen, das sowohl für die Entwicklung von Medikamenten als auch für die Optimierung von Therapien wichtig ist. Die Einführung von neuen Sequenzierungsverfahren führte zu einer starken Verringerung der Kosten und einem entsprechenden Ansteigen des Durchsatzes bei der Sequenzierung. Die Speicherung, Analyse und Interpretation von Sequenzdaten stellen die Forscher jedoch vor neue technische und methodische Probleme. In letzter Zeit wurde deutlich, dass das hauptsächliche Hindernis für den Fortschritt in der Hochdurchsatz-Genomforschung nicht die begrenzte Verfügbarkeit von Patientenproben oder Sequenzierungsgeräten ist. Vielmehr fehlen automatische Software-Werkzeuge und gut ausgebildete Bioinformatiker, die in der Lage sind, die Flut an Daten zu analysieren.

Standardisierung der viralen Sequenzanalyse mit Virana

Die Situation wird ferner dadurch erschwert, dass Virusgenome sich von Genomen multizellulärer Organismen, wie etwa des Menschen, durch ihre sehr hohe Evolutionsgeschwindigkeit und ihre Diversität innerhalb desselben Patienten unterscheiden. Diese viralen Genome können daher einen besonders komplexen Genotyp aufweisen. Aufgrund dieser Besonderheiten sind herkömmliche Software-Werkzeuge und Analysemethoden, die zur Untersuchung menschlicher Genome entwickelt wurden, für die Analyse von Viren nur bedingt geeignet. Ziel unserer Forschung ist es, diese Verfahrenslücke durch die Entwicklung von „Virana“ zu schließen, einem Softwarepaket und dazugehörigem Webservice für die Untersuchung viraler Sequenzdaten. Virana ist speziell auf die klinische Datenanalyse zugeschnitten und kann sowohl mit dem komplexen viralen Genotyp wie auch mit der besonderen zeit-



Auszug aus dem Webservice [geno2pheno\[hcv\]](#)

lichen Abfolge antiviraler Therapien umgehen. Der Virana-Webservice erlaubt es Medizinern, komplexe Sequenzanalysen auf eine skalierbare und reproduzierbare Weise selbst vorzunehmen. Die Ergebnisse dieser Analysen können dann bequem über das Internet mit Kollegen geteilt werden, um die Kommunikation und Zusammenarbeit in Forschungsgruppen und Kliniken zu fördern.

Sequenzdynamik des Hepatitis-C-Virus

Virana wird gegenwärtig bei unseren Kooperationspartnern an der Universitätsklinik Frankfurt im klinischen Umfeld angewendet, um die Evolution des Hepatitis-C-Virus in seinem Wirt zu untersuchen. Die Charakterisierung des äußerst komplexen Genotyps dieses Virus ist für die Untersuchung neuartiger Resistenzmechanismen wichtig, die das Virus entwickelt, um der Behandlung mit antiviralen Medikamenten zu entgehen. Die einzigartigen Methoden, die Virana bietet, gestatten es den Forschern, aus den Sequenzdaten statistische Rückschlüsse auf genotypische Marker, wie etwa seltene Sequenzvarianten und Genom-Haplotypen, zu ziehen. Diese Marker können im Verlauf einer Infektion verfolgt und mit phänotypischen Werten, wie zum Beispiel dem Therapieerfolg, kombiniert werden. Die sich daraus ergebenden Erkenntnisse über die Evolution des Virus helfen, klinische Entscheidungen zum Wohle des Patienten zu treffen. Die Ergebnisse solcher und ähnlicher Analysen finden dann in unser Softwaresystem [geno2pheno\[hcv\]](#) Eingang, einen kostenlosen Webservice, der Ärzte in der Identifikation von Resis-

tenzmutationen in viralen Genomen unterstützt [siehe Abbildung]. Damit können wichtige Erkenntnisse der personalisierten Genomforschung zum Wohle des Patienten genutzt werden.

Identifikation von krebserregenden Viren in humanen Tumoren

Neben der Verursachung von Infektionskrankheiten stehen Viren auch im Verdacht, an wenigstens 20% aller menschlichen Krebsfälle weltweit beteiligt zu sein. Verschiedene Spezies von Viren enthalten krebserregende Gene und können diese in das Genom des Menschen integrieren, ein Umstand, der die Transformation von gesunden Zellen zu Krebszellen auslösen kann. Verschiedene krebserregende Viren, wie z. B. Papillomaviren (HPV) und das Merkel-Zell-Polyomavirus wurden bereits identifiziert. Dies ermöglicht die Entwicklung von Impfstoffen, die bestimmte Krebsarten verhindern können. Zusammen mit Kooperationspartnern im Institut für Kinderonkologie an der Universitätsklinik Köln haben wir vor kurzem die Funktionen unserer Software Virana dahingehend erweitert, dass sie jetzt die Expression von bekannten und unbekannt viralen Genen in humanen Genexpressionsdaten des Neuroblastoms, einer wichtigen Krebsform bei Kindern, identifiziert. Diese virale Metagenomik-Analyse gestattet es den Forschern, menschliche Genkopien von den sehr ähnlichen viralen Kopien zu unterscheiden und kann verwendet werden, um Krebsproben mit einem hohem Durchsatz und auf gut interpretierbare Weise auf virale Genmuster zu untersuchen. ...



KONTAKT

Sven-Eric Schelhorn
ABT. 3 Bioinformatik und Angewandte Algorithmik
 Telefon +49 681 9325-3028
 Email sven@mpi-inf.mpg.de

Bioinformatische Unterstützung von HIV-Therapie

Die Vermeidung und Kontrolle von viraler Resistenz ist das zentrale Ziel bei der Auswahl von medikamentösen Therapien gegen virale Infektionen. HIV zum Beispiel gibt es in Millionen von Varianten. Um die Vervielfältigung der Viren im Körper des Patienten zu unterbinden, werden Kombinationen von Medikamenten aus einer Grundmenge von über zwei Dutzend Medikamenten zusammengestellt [siehe Abbildung 1]. Die wesentliche Information für die Auswahl ist der virale Genotyp, der mit Methoden der Genomsequenzierung aus Blutproben des Patienten ermittelt werden kann. Aus dem Genotyp kann mit Bioinformatik-Methoden der virale Resistenz-Phänotyp ermittelt werden. Hierbei gibt es zwei Ansätze. Der erste besteht darin, von Experten manuell bestimmte Regeln zur Ermittlung des Phänotyp aus dem Genotypen in rechnergestützten Expertensystemen zur Anwendung kommen zu lassen. Der zweite systematischere Ansatz besteht in der bioinformatischen Ermittlung des viralen Phänotypen aus einer geeigneten Menge klinischer Daten über die virale Resistenz. Am Max-Planck-Institut für Informatik verfolgen wir den zweiten Ansatz. Unsere Arbeit über die letzten zehn Jahre hat zu dem geno2pheno System geführt, das im Internet unter www.geno2pheno.org frei verfügbar ist und in Deutschland und Europa zur Behandlung von AIDS-Patienten eingesetzt wird. Analyseangebote des geno2pheno Servers haben Eingang in die europäischen Richtlinien zur Behandlung von AIDS-Patienten mit bestimmten Wirkstoffen gefunden. Im Jahr 2010 wurde die Arbeit an geno2pheno mit dem AIDS Forschungspreis der Heinz-Ansmann Stiftung gewürdigt.

Die Klasse der Analyseangebote von geno2pheno, die in die klinische Praxis Eingang gefunden haben, kann man als virtuelle Phänotypen bezeichnen. Unter einem virtuellen Phänotyp versteht man eine bioinformatische, also rechnergestützte, Prozedur, die das Ergebnis eines Laborexperiments schätzt, das für die Behandlung des Patienten informativ ist, also als Begleitdiagnostik bei der Medikamentenauswahl dienen kann.



Abbildung 1: Millionen von HIV-Varianten stehen hunderte von Kombinationstherapien aus über zwei Dutzend Wirkstoffen gegenüber. Die Auswahl profitiert von der Unterstützung durch den Rechner.

Das Laborexperiment selbst ist dabei in der Regel in der Klinik nicht einsetzbar, sei es, dass es zu teuer, zu langwierig, oder zu unzugänglich ist. Deshalb wird ein solches Experiment nur in einem begrenzten Forschungsszenario durchgeführt, um eine ausreichende Datenmenge zu erhalten, auf deren Basis der virtuelle Phänotyp entwickelt werden kann. geno2pheno stellt diverse virtuelle Phänotypen zur Verfügung, die als Begleitdiagnostik für die Verabreichung von bestimmten AIDS-Medikamenten dienen.

Darüber hinaus bietet geno2pheno bereits eine zweite Generation bioinformatischer Unterstützung der Therapieauswahl an. Diese Systeme ermitteln nicht nur die virale Resistenz gegen einzelne Wirkstoffe, sondern bewerten eine Therapie aus einer Kombination von Wirkstoffen insgesamt. Dabei wird auch in Betracht gezogen, wie schwierig es für das Virus ist, zukünftig Resistenz gegen die Therapie zu entwickeln. Diese zweite Generation von Vorhersagesystemen befindet sich noch in einem Forschungsstadium und hat bisher keine Verbreitung in der klinischen Praxis gefunden. Gründe

hierfür bestehen in einer noch nicht hinreichenden Validierung der Verfahren. Ferner kann die Genauigkeit der Verfahren weiter verbessert werden, unter anderem durch Hinzunahme zusätzlicher Information, zum Beispiel über die Therapie-Vergangenheit des Patienten oder über Aspekte seines Genotypen, vor allem solche, die das Immunsystem betreffen. Schließlich aber sind die Vorhersagen bisher auch nicht interpretierbar genug. Der Behandler erwartet von einer bioinformatischen Methode nicht nur das Vorhersageergebnis sondern auch eine Argumentation, die das Ergebnis dem Benutzer plausibel macht. Die Forschung zur Verbesserung der Vorhersagesysteme der zweiten Generation bildet zurzeit einen Fokus in unserer Arbeit.

Neue Sequenzierungstechniken ermöglichen die Auflösung im Wesentlichen der gesamten Virenpopulation im Patienten. Auf der Basis dieser Daten kann eine genauere Vorhersage des Therapieerfolges gemacht werden. Wenn die Anzahl der resistenten Viren ein gewisses Maß überschreitet, ist von der Therapie abzuraten [Abbildung 2].

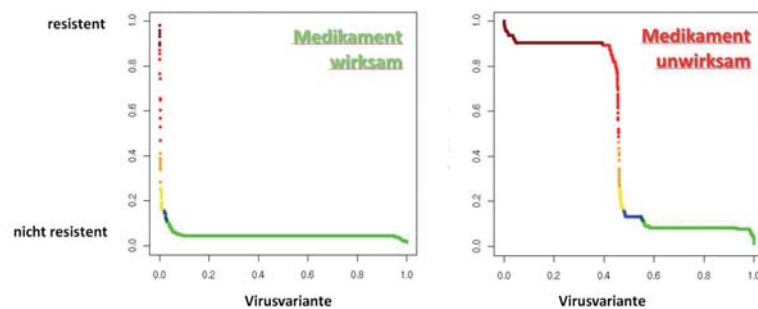


Abbildung 2: Für jedes Virus in der Population des Patienten wird eine Resistenzvorhersage gemacht. Sind zu viele Viren resistent, ist von dem Medikament abzuraten.



KONTAKT

Thomas Lengauer

ABT. 3 Bioinformatik und Angewandte Algorithmik

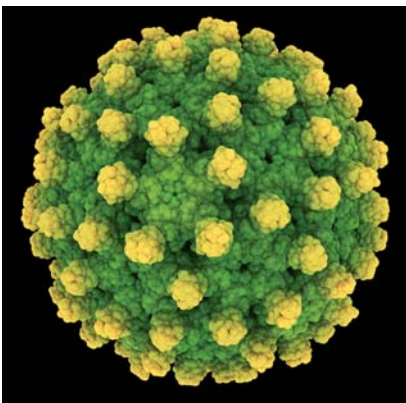
Telefon +49 681 9325-3000

Email lengauer@mpi-inf.mpg.de

Analyse von HBV-Resistenzen

Hepatitis B Virus

Das Hepatitis B Virus (HBV) infiziert humane Leberzellen, wodurch eine akute oder chronische Leberentzündung (Hepatitis) entsteht. Nach Schätzungen der Weltgesundheitsorganisation (WHO) haben weltweit 300 bis 420 Millionen Menschen eine chronische Hepatitis B und ca. eine Million Menschen sterben jährlich an den Folgen dieser Erkrankung. Um die Spätfolgen wie Leberzirrhose und Leberkrebs zu vermeiden, ist frühzeitig mit einer antiviralen Therapie zu beginnen. Ziel dieser Behandlung ist die dauerhafte Unterbindung der Vermehrung des Virus in den Leberzellen. Hierfür stehen mehrere Medikamente zur Verfügung,



Hepatitis B Viruspartikel (Bildquelle: Antonio Šiber)

Reverse-Transkriptase-Inhibitoren

Von großer Bedeutung für die Therapie von Hepatitis B ist die Wirkstoffklasse der nukleotid-analogen Reverse-Transkriptase-Inhibitoren. Diese Wirkstoffe, die ihren Namen durch ihre ursprüngliche Verwendung bei der AIDS Therapie haben, hemmen die Vervielfältigung der viralen DNA durch einen einfachen, aber genialen Trick. Die Bausteine der DNA, die Nukleotide, werden von einem speziellen viralen Protein, der Polymerase zu einer langen Kette miteinander verbunden. Hierzu befinden sich an beiden Seiten eines Nukleotids entsprechende chemische Bindestellen. Die Reverse-Transkriptase-Inhibitoren, welche bei der Therapie von Hepatitis B zum Einsatz kommen, sind ihrer chemischen Eigenschaft nach normalen Nukleotiden nachempfunden und werden daher von der viralen Polymerase in die DNA Kette mit eingebaut. Jedoch fehlt

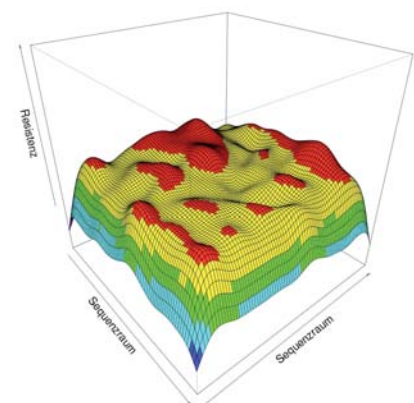
ihnen die chemische Gruppe, an welcher die Kettenverlängerung stattfindet, so dass es zu einem Kettenabbruch kommen und die virale DNA nicht vervollständigt werden kann. Diese Therapie verlangsamt die Vermehrung des Virus entscheidend und verhindert damit verbundene Folgeerkrankungen der Leber, aber nur solange sich das Virus nicht der Therapie angepasst und Resistenzen entwickelt hat. Eine Resistenz manifestiert sich in einer Veränderung der viralen Polymerase dergestalt, dass die Reverse-Transkriptase Inhibitoren von den normalen Nukleotiden unterschieden und daher abgewiesen werden können. Die Entwicklung von Resistenzen basiert auf Mutationen im viralen Genom, das den Bauplan für die Polymerase enthält. Resistenzen stellen eine große Schwierigkeit bei der langfristigen Behandlung von Hepatitis B dar.

Resistenzfaktor

Um die Auswahl und den Einsatz von Medikamenten bei Bestehen von viraler Resistenz zu optimieren, haben wir uns zusammen mit unseren Kooperationspartnern aus Medizin und Virologie ein großes Ziel gesetzt. Unsere Aufgabe ist die umfassende Vermessung des Resistenzverhaltens des Hepatitis B Virus. In aufwändigen Laborversuchen kann für ein Virus die Resistenz in Form eines leicht interpretierbaren Zahlenwertes bestimmt werden. Dieser Resistenzfaktor sollte idealerweise vor jeder Therapieentscheidung neu auf Basis der Patientenprobe für alle vorhandenen Medikamente bestimmt werden. Leider ist dies aus verschiedenen Gründen nicht möglich. Zum einen sind die Laborversuche zu teuer und zum anderen benötigen diese mehrere Wochen bis die Ergebnisse feststehen. Wir möchten deshalb einen Weg beschreiten, den wir bereits bei der Analyse des Humanen Immundefizienz-Virus (HIV) (siehe „Bioinformatische Unterstützung von HIV-Therapie“, Seite 42) erfolgreich erprobt haben.

Resistenzlandschaft

Die Basis unserer Forschung ist, dass die Eigenschaften des Virus in seinem Genom codiert sind. Wenn wir also einen Weg finden, den Resistenzfaktor aus dem Virusgenom abzuleiten, können wir die aufwändigen Labortests durch eine einfache Berechnung ersetzen. Hierzu benötigen wir einige hundert Messungen des Resistenzfaktors für verschiedene Virusgenome. Die geschickte Auswahl dieser Messungen ist für unser Vorhaben von großer Bedeutung. Denn zum einen können wir nur Zusammenhänge wiedergeben, die wir vorher in den Messungen gesehen haben. Und zum anderen müssen wir versuchen, mit wenigen gemessenen Virusvarianten die Resistenzfaktoren von möglichst vielen Varianten möglichst genau zu schätzen. Daher haben wir ein System entwickelt, das aus mehreren tausend Hepatitis B Viren aus ganz Europa einige hundert virale Prototypen auswählt. Diese Auswahl soll die Diversität des Virus widerspiegeln und es uns ermöglichen einen Algorithmus zu entwickeln, der uns in Zukunft bei der Auswahl der effektivsten Therapie unterstützen kann. ...



Hepatitis B Resistenzlandschaft (schematische Darstellung)

KONTAKT

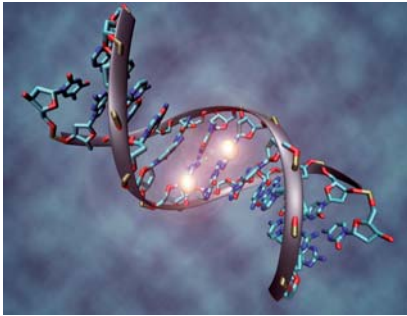
Bastian Beggel

ABT. 3 Bioinformatik und Angewandte Algorithmik
 Telefon +49 681 9325-3016
 Email beggel@mpi-inf.mpg.de
 Internet <http://www.genozpheno.org>



Die Entschlüsselung des Zweiten Codes – bioinformatische Methoden zur Analyse des Epigenoms

Unsere DNS kodiert das Aussehen und Verhalten aller Zellen unseres Körpers. Es gibt jedoch eine Vielzahl zusätzlicher Schichten der Regulation, die die Verpackung der DNS und damit das Schicksal der Zelle bestimmen. Bioinformatiker am Max-Planck-Institut für Informatik haben es sich zum Ziel gesetzt Beiträge zur Entschlüsselung dieses zweiten, *epigenetischen* Codes zu leisten, um damit das Verständnis von Entwicklung und Krankheit auf molekularer Ebene zu vertiefen und auf lange Sicht Krebstherapien zu verbessern.



Die Methylierung der DNS beeinflusst, wie gut diese für die Lesemaschinerie der Zelle zugänglich ist.

Krebs bringt die Verpackung der DNS durcheinander

Der aus 3 Milliarden Buchstaben bestehende Code, der sich *Humangenom* nennt, stellt den Bauplan für die molekularen Grundbausteine des Lebens dar. Im menschlichen Körper existiert eine Fülle verschiedener Zelltypen die alle über dasselbe Genom verfügen jedoch vollkommen unterschiedliche genetische Programme durchlaufen. Das *Epigenom* birgt die Information zur Kontrolle dieser Programme: Die DNS schwimmt nicht lose im Zellkern herum, sondern ist mehr oder weniger dicht an einem molekularen Gerüst, dem sogenannten Chromatin, aufgewickelt. Die Dichte dieser Packung beeinflusst, wie zugänglich die DNS für die molekulare Ablesemaschinerie der genetischen Information ist. Sie wird durch chemische Modifikationen an der DNS selbst (Methylierung der DNS) oder an den sogenannten Histonproteinen, aus denen sich besagtes Gerüst zusammensetzt, gesteuert. Folglich spielt die Epigenetik eine wichtige Rolle im Zusammenspiel aller Zellen im Organismus. Komplexe Gewebestrukturen können nur entstehen, wenn jede Zelle auch nach

zahlreichen Teilungen noch weiß, welches Programm sie zu befolgen hat, welches wiederum dadurch bestimmt wird, welche Regionen im Genom zugänglich und damit lesbar sind. In Krebszellen ist die Organisation dieser Verpackung abnormal: Programme, die zur Selbstkontrolle der Zelle beitragen – wie zum Beispiel durch programmierten Zelltod (Apoptose) bei Detektion von extremen Unregelmäßigkeiten – werden abgeschaltet während Programme, die zum Chaos in der DNS durch Umstrukturierungen führen, aktiv werden.

Die Schichten der epigenetischen Regulation verstehen

Der erste Schritt zur Lösung eines Problems ist es zu verstehen. Nach diesem Prinzip entwickeln Bioinformatiker am Max-Planck-Institut für Informatik in enger Zusammenarbeit mit Biowissenschaftlern Methoden um das komplexe Zusammenspiel von regulatorischen Schichten zu verstehen. Moderne Labortechniken ermöglichen eine umfassende „Kartierung“ der epigenetischen Modifikationen zu erschwinglichen Kosten. Eine der großen Herausforderungen der Bioinformatik ist die Auseinandersetzung mit der sich ergebenden, äußerst vielschichtigen Datenflut und deren Integration. Am Max-Planck-Institut für Informatik werden moderne statistische Methoden angewandt und entwickelt, die es erlauben Rückschlüsse über das Zusammenspiel genetischer und epigenetischer Faktoren zu ziehen. Verschie-

dene Webservices wurden zur Unterstützung der Analyse epigenomischer Daten entwickelt. Einer von ihnen, EpiExplorer, ermöglicht eine integrative Betrachtung und interaktive Exploration des menschlichen Genoms und Epigenoms, basierend auf Technologien für die Informationssuche im World Wide Web.

Die Identifikation epigenetischer Charakteristika bei Krebs hilft bei der Verbesserung von Therapien

Durch moderne Analyseverfahren ist es möglich, epigenetische Profile von gesundem und Tumorgewebe zu erstellen, zu vergleichen und damit krebsspezifische Änderungen zu identifizieren. Außerdem gleicht kein Tumor dem anderen: Während ein Tumortyp beispielsweise wachsen kann, weil seine Zellen sich äußerst effizient teilen, kann es einem anderen besonders gut gelingen, die Immunabwehr zu umgehen und somit ungestört wachsen. Diese Eigenschaften spiegeln sich im Epigenom des Tumors wieder. Tumortypen können mittels statistischer Lernverfahren charakterisiert werden. In Zukunft werden diese Erkenntnisse erheblichen Einfluss auf die Findung geeigneter, patientenspezifischer Therapien haben. Das Zauberwort heißt *personalisierte Medizin*: Klinische Untersuchungen werden in der Lage sein, epigenetische Fingerabdrücke von Tumoren zu erstellen. Mit diesem Fingerabdruck ist es dann möglich eine speziell auf den Patienten abgestimmte Behandlung durchzuführen. ...



KONTAKT

Yassen Assenov

ABT. 3 Bioinformatik und Angewandte Algorithmik

Telefon +49 681 9325-3009

Email yassen@mpi-inf.mpg.de



Konstantin Halachev

ABT. 3 Bioinformatik und Angewandte Algorithmik

Telefon +49 681 9325-3112

Email halachev@mpi-inf.mpg.de



Fabian Müller

ABT. 3 Bioinformatik und Angewandte Algorithmik

Telefon +49 681 9325-3009

Email fmueller@mpi-inf.mpg.de

Internet <http://epiexplorer.mpi-inf.mpg.de>

<http://www.computational-epigenetics.de>

Die Phylodynamik von HIV

Bei vielen Arten von Viren mutiert das Genom im gleichen Zeitrahmen wie die Übertragung der Krankheit. Eine Karte der Abstammungslinien, ein sogenannter phylogenetischer Baum, gibt diese Übertragungsmuster wieder. Auf der Basis der Genomsequenzen ist die Rekonstruktion phylogenetischer Strukturen nach biologischen Prinzipien möglich. Unsere Gruppe wendet phylogenetische Methoden an und entwickelt sie weiter, um die Übertragungsdynamik des gefährlichsten Infektionserregers unserer Zeit, des HI-Virus (HIV), abzuleiten.

Wissenschaft und Medizin haben im Kampf gegen HIV große Fortschritte gemacht. Das Verstehen des Lebenszyklus des Virus hat zu einem immer weiter anwachsenden Arsenal von Therapeutika geführt. Fortschritte in der Therapie haben die tödliche Krankheit zu einer kontrollierbaren Infektion gemacht. Eine Heilung gibt es jedoch nicht, und die Krankheit verbreitet sich immer weiter.

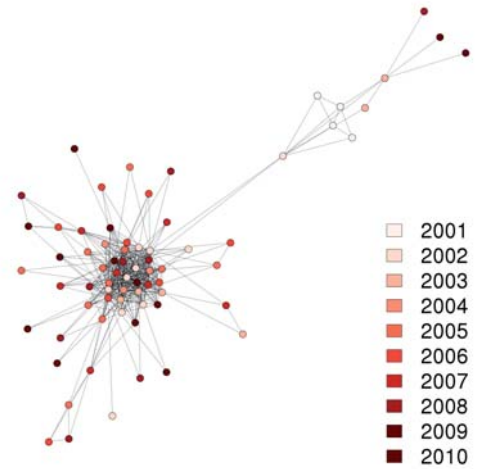
Übertragungsnetzwerk

In Zusammenarbeit mit dem Institut für Virologie an der Universität Köln haben wir eine Untersuchung von HIV-Übertragungsmustern in Nordrhein-Westfalen veröffentlicht. Die Studie zeigte vier große und anwachsende Übertragungsnetzwerke in der Region. Zwei davon betreffen Männer, die Sex mit Männern haben (MSM), eines betrifft Heterosexuelle und eines betrifft Personen, die sich Drogen spritzen (IVDU). Die ersten drei Netzwerke haben lose miteinander verbundene Strukturen, die sich jeweils auf die gesamte Region erstrecken. Diese beiden Faktoren implizieren, dass eine effektive Kontrollstrategie wäre, auf breiter Grundlage ein größeres Bewusstsein über die Krankheit zu erlangen und dieses aufrechtzuerhalten. Das IVDU-Netzwerk hat darüber hinaus eine eng gekoppelte Struktur und ist stark auf Köln konzentriert. Das zeigt, dass eine fokussierte Aktion in dieser Stadt einen beträchtlichen Nutzen für die gesamte Region haben könnte.

Die Studie wird jetzt europaweit erweitert. Die ersten Ergebnisse zeigen, dass einfache Entfernungsschwellwerte Netzwerke hervorbringen, die im Wesentlichen denen ähneln, die sich aus komplexeren Rekonstruktionen von Abstammungsdiagrammen ergeben. Die Geschwindigkeit, Einfachheit und Interpretierbarkeit dieser auf Schwellwerte bezogenen Verfahren macht es möglich, große Datensätze in epidemiologisch relevante Untereinheiten zu gliedern. Diese Untereinheiten sind besser mit hochentwickelte Methoden zu untersuchen, die Variationen in den Evolutionsraten oder Übertragungswahrscheinlichkeiten schätzen. Die Methoden bieten ebenfalls eine Grundlage für die Untersuchung von Migrationsbewegungen in einem Land und von landesspezifischen Unterschieden in der Übertragungsdynamik.

Modellierung der Ausbreitung der Krankheit

Die Infektion mit HIV ist das Ergebnis von intemem menschlichen Kontakt. Das deutet darauf hin, dass die Übertragungsdynamik von Krankheiten auf denselben Prinzipien basiert wie andere Formen sozialen Austausches. Ein Beispiel ist die Verbreitung von Gerüchten, ein Thema, das von der Abteilung „Algorithmen und Komplexität“ am Max-Planck-Institut für Informatik untersucht wird. Mit dieser Abteilung zusammen haben wir ein Modell der Verbreitung von Gerüchten auf bestimmten Zufallsgraphen entwickelt. In Übereinstimmung mit der bekannten Theorie der Netzwerk-Epidemiologie zeigt das Modell, dass ein unwidersprochenes (falsches) Gerücht sich schnell über das gesamte Netzwerk verbreitet. Unsere Arbeit zeigt, dass der beste Weg, gegen Falschinformationen vorzugehen, nicht der über die Schulung sachkundiger Experten ist, sondern eher die schnelle Verbreitung allgemeiner und leicht zu verstehender Wahrheiten.



Übertragungsnetzwerk innerhalb der heterosexuellen Bevölkerungsgruppe. Die farbliche Markierung der Punkte nach Jahr, in dem sie sequenziert wurden, zeigt, dass die frühesten Proben den Kern eines sich ausdehnenden Netzwerkes bilden.

Evolution der Quasispezies

Eine Viruspopulation in einem Patienten manifestiert sich in tausenden von Viruspartikeln mit geringfügigen Veränderungen über eine oder mehrere genomische Basissequenzen. Sie bildet eine Quasispezies. Neue Sequenzierverfahren gestatten nun einen Blick in die Zusammensetzung der Quasispezies. Unsere Forschung untersucht, wie die Zusammensetzung der Quasispezies mit dem evolutiven Verlauf der Infektion in Beziehung steht. Medikamentenresistenz z. B. würde zuerst in einer Minoritätsvariante des Virus auftreten. Zusätzlich zu der Arbeit an HIV und Hepatitis C mit unseren lokalen Kooperationspartnern hat die Arbeit bei der Untersuchung des Denguefiebers, in Zusammenarbeit mit dem Genome Institute of Singapore, Anwendung gefunden. ...



KONTAKT

Glenn Lawyer

ABT. 3 Bioinformatik und Angewandte Algorithmik

Telefon +49 681 9325-3007

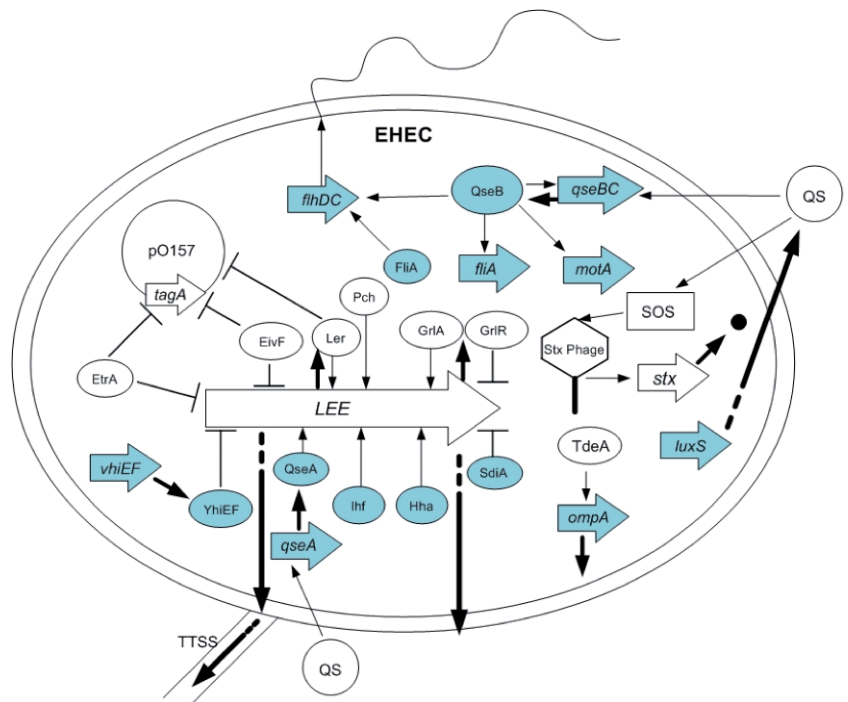
Email lawyer@mpi-inf.mpg.de

Mit dem Computer auf der Jagd nach EHEC

Der letzte Ausbruch einer durch Bakterien verursachten Seuche in Deutschland war die sogenannte EHEC Epidemie. Sie wurde durch humanpathogene, multi-resistente *Escherichia coli* Bakterien hervorgerufen. Die entsprechenden Erreger lassen sich weltweit quasi überall finden und können das sogenannte hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) auslösen, eine gefährliche und nur schwer zu behandelnde Krankheit. Unterschiedlichste Stämme lösten bereits in der Vergangenheit weltweit etliche Epidemien aus. Im letzten Sommer traf es Deutschland mit mehr als 4.300 Infizierten und über 50 Toten, wie das Robert Koch Institut berichtete. Da als Überträger diverse Gemüse in Betracht kamen, hatte die europäische Landwirtschaft als Konsequenz Verluste im mehrstelligen Millionen-Bereich zu beklagen.

Die Rekonstruktion der entstehenden molekularen Netzwerke ist schwierig, teuer und sehr zeitaufwändig. Die mühsam gewonnenen Erkenntnisse werden in öffentlich zugänglichen Referenzdatenbanken gespeichert. Es gibt solche Datenbanken jedoch nur für weniger als zehn Bakterienarten. Besonders anschaulich wird unsere Wissenslücke, wenn man die Anzahl von zehn Modellorganismen mit der Anzahl von 1.600 sequenzierten Mikroorganismen vergleicht. Wir kennen die Gene, wissen bei vielen auch welche Funktion sie haben könnten, aber wir wissen sehr wenig über die Regulation ihrer Aktivität. Dieses Wissen ist jedoch essentiell, um bakterielle Infektions-, Überlebens- und Vermehrungsstrategien verstehen, untersuchen und angreifen zu können.

Wir arbeiten an diesem Problem, indem wir evolutionär konservierte und regulatorisch aktive DNA Sequenzen in dem harmlosen Labor-Bakterium *E. coli* K-12 und in 16 human-pathogenen *E. coli* Bakterien identifizieren. Nur einige wenige Gene machen EHEC so gefährlich für den Menschen. Ohne diese Gene würde sich EHEC kaum von harmlosen Darmbakterien unterscheiden. Diese Ähnlichkeit ist der Ausgangspunkt für unsere Forschung. Wir haben zu-



Das molekulargenetische Programm der Pathogenität und Toxizität des EHEC Erregers. Veranschaulicht wird das Zusammenspiel der Gene und Proteine, die in Verbindung mit EHECs Pathogenität und Toxizität stehen. Die blau markierten Komponenten kommen auch in *E. coli* K-12 vor, einem harmlosen Forschungs-Stamm aus dem Labor. Für diese Gene werden durch Verwendung unseres EhecRegNet-Computersystems evolutionär konservierte transkriptionale Genregulationsbeziehungen identifiziert, genetische Schalter, die neue Angriffspunkte für weitere Labor-Untersuchungen liefern.

nächst die integrierte Datenbank und Analyse-Plattform EhecRegNet entwickelt. Dieses System sucht nach evolutionär konservierten, also ähnlichen Bereichen in der DNA von Modellorganismen, wie beispielsweise in *E. coli* K-12 und dem Genom von pathogenen Erregern, die uns helfen können, transkriptionale Gen-Regulationen vorherzusagen. Hier verwenden wir 3.489 bekannte Regulationen von *E. coli* K-12 zur Vorhersage bis jetzt unbekannter Genregulationen in den 16 pathogenen Stämmen. Für diese identifiziert EhecRegNet insgesamt 49.913 potentielle Genregulationen. Die computergestützte Methodik, die die evolutionäre Ähnlichkeit des Genoms mehrerer Organismen zur Übertra-

gung von Wissen automatisch ausnutzt, identifizierte ca. 68% der *E. coli* K-12 Genregulationen als konserviert in den 16 EHEC Keimen. Darunter finden sich auch Gene, die nachweislich eine wichtige Rolle für die Pathogenität und Toxizität spielen [siehe Abbildung]. EhecRegNet spart vor allem sehr viel Zeit und Geld, weil der Suchraum für weiterführende Laborexperimente extrem stark eingegrenzt wird. Vor allem aber erspart es viele, sehr gefährliche Experimente mit humanpathogenen Krankheits-Erregern.

Alle unsere Ergebnisse sowie weitere bioinformatische Analysemethoden sind öffentlich zugänglich über <http://www.ehecrgnet.de>.

KONTAKT

Jan Baumbach

ABT. 3 Bioinformatik und Angewandte Algorithmik

Telefon +49 681 302-70880

Email jbaumbac@mpi-inf.mpg.de

Internet <http://csb.mpi-inf.mpg.de>



G A R A N T I E N

Software soll verlässlich sein. Das wichtigste Kriterium für Verlässlichkeit ist die Korrektheit. Fast genauso wichtig aber ist oft die Performanz: Eine korrekte Antwort, die man nicht rechtzeitig bekommt, ist nicht hilfreich. Die Suche nach Korrektheits- und Performanzgarantien ist eine abteilungsübergreifende Fragestellung am Max-Planck-Institut für Informatik.

Computer sind heute ein allgegenwärtiger Teil unseres Lebens. Wir benutzen sie ständig – teils bewusst, wie den Rechner auf dem Schreibtisch, teils unbewusst, wie die elektronische Steuerung im Auto, im Flugzeug oder in der Waschmaschine. Je mehr wir unser Leben abhängig von Software machen, umso mehr stellt sich die Frage, ob das Vertrauen, das wir in diese Produkte setzen, gerechtfertigt ist. Die Beantwortung dieser Frage ist insbesondere deshalb so schwierig und komplex, weil Software nicht robust ist. Ein einziger Fehler in einer Zeile eines Programms mit mehreren hunderttausend Zeilen oder eine kleine Änderung in der Berechnungsweise des Prozessors kann dazu führen, dass das Programm als Ganzes abstürzt und nicht mehr funktioniert. Oder die Entwickler haben eine seltene aber mögliche Eingabe nicht berücksichtigt und plötzlich generiert eine jahrelang zuverlässig arbeitende Software ein falsches Ergebnis. Die Gewährung von Garantien wird noch komplexer, wenn wir nicht nur ein einzelnes Programm, sondern ein System von Programmen untersuchen, in dem die Teile selbständig aber auch miteinander agieren und dabei verschiedene Ziele verfolgen.

In dem Artikel „*Der Umgang mit Egoismus in der Optimierung*“ wird genau die letzte Situation untersucht. Ein Beispiel dafür sind auch unsere aktuellen Internetprovider, die sich auf der einen Seite verpflichtet haben, jeglichen Internetverkehr weiterzuleiten, aber im Sinne einer Profitoptimierung den Datentransfer von gut zahlenden Kunden bevorzugen wollen.

Die Natur ist in vielem ein Vorbild für garantiert korrekte und schnelle „*Berechnungen*“. So berechnet der Schleimpilz *Physarum Polycephalum* den kürzesten Weg durch ein Labyrinth zwischen

Ein- und Ausgang. Im Artikel „*Rechnen in der Natur: Physarum berechnet kürzeste Wege*“ wird erörtert, dass sich dieses experimentell beobachtete Verhalten des Pilzes durch den Einsatz geeigneter mathematischer Modelle der Informatik sogar beweisen lässt.

Garantien für geometrische Berechnungen sind insbesondere deshalb wichtig, weil heute fast jede größere Maschine, wie ein Flugzeug, am Computer konstruiert wird. Verklemmt sich z. B. auf Grund eines Berechnungsfehlers das Ruder eines Flugzeugs im Laufe seines Lebenszyklus, so ist das keine wünschenswerte Situation. Der Artikel „*Geometrische Algorithmen – exakt und effizient*“ beschreibt und was für ein exaktes Rechnen im Geometriecontext tatsächlich notwendig ist.

Um allgemeine Garantien von Programmen unabhängig von konkreten Problemstellungen zu gewähren, bedarf es deduktiver Methoden, die es erlauben, die gewünschten Eigenschaften aus dem Programm herzuleiten. Dazu sind sowohl automatische Beweisverfahren, wie sie im Artikel „*Automatisches Beweisen*“ diskutiert werden, als auch Techniken notwendig, um die verwendeten Theorien, insbesondere die Arithmetik, beherrschen zu können. Dieser Aspekt wird in dem Artikel „*Quantorenelimination – auch Aussagen kann man ausrechnen*“ behandelt. Es ist heute im Allgemeinen noch nicht möglich, alle gewünschten Garantien in akzeptabler Zeit zu geben. In diesem Fall, ist es sinnvoll, systematische auf Modellannahmen basierende Verfahren anzuwenden, wie sie in dem Artikel „*Model Checking für hybride Systeme*“ vorgestellt werden. ...


```

1[0:Inp] || -> F(U,skf6(U))* .
3[0:Inp] || equal(U,V) -> F(U,skf8(V)
2[0:Inp] || F(U,skf8(V))* -> equal(U
4[0:Inp] || F(U,V)* F(U,skc1)* -> F(
5[0:Inp] || F(U,skf6(V))* -> F(V,skc
6[0:Inp] || F(U,skf6(V)) -> F(V,skc1
7[0:Inp] || F(U,V)* F(W,V) F(U,skc1)
Derived: 8[0:Res:3.1,2.0] || equal(U
Derived: 10[0:Res:3.1,4.0] || equal(
Derived: 9[0:Res:1.0,4.0] || F(U,skc
Derived: 11[0:Res:1.0,5.0] || -> F(
Derived: 14[0:Res:11.1,4.0] || F(skf
Derived: 13[0:Res:11.1,2.0] || -> F
Derived: 12[0:Res:11.1,5.0] || -> F
Derived: 16[0:Res:9.1,4.0] || F(U,sk
Derived: 15[0:Res:9.1,5.0] || F(U,sk
Derived: 18[0:SpR:13.1,13.1] || ->
Derived: 17[0:SpR:13.1,11.1] || ->
Derived: 22[0:Res:19.1,4.0] || F(U,s
Derived: 21[0:Res:19.1,2.0] || -> F
...
Derived: 1193[2:MRR:1192.0,1192.1,1.

```

Rechnen in der Natur: Physarum berechnet kürzeste Wege 50

Geometrische Algorithmen – exakt und effizient 51

Der Umgang mit Egoismus in der Optimierung 52

Automatisches Beweisen 53

Model Checking für hybride Systeme 54

Quantorenelimination – auch Aussagen kann man ausrechnen 55

ANALYSE VON
BILDERN & VIDEOS

BIOINFORMATIK

GARANTIE

INFORMATIONSSUCHE
& DIGITALES WISSEN

MULTIMODALE
INFORMATION

OPTIMIERUNG

SOFTWARE

VISUALISIERUNG

Rechnen in der Natur: Physarum berechnet kürzeste Wege

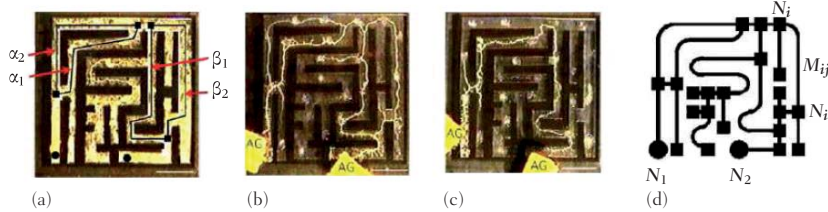


Abbildung 1: (a) zeigt die Ausgangssituation: das Labyrinth ist gleichmäßig mit dem Schleimpilz (gelb) bedeckt. Nahrung (Haferflocken) wird an den Stellen AG bereitgestellt. Der Pilz zieht sich auf den kürzesten Pfad zwischen den Nahrungsquellen zurück (Abbildungen (b) und (c)). (d) zeigt den unterliegenden Graph. Aus *Nature*, 407:470, 2000.

Physarum Polycephalum ist ein Schleimpilz, der scheinbar kürzeste Wege berechnen kann. Nakagaki, Yamada, und Tóth (*Nature*, Volume 407, 2000) berichten über folgendes Experiment [siehe auch Abbildung 1]: Sie brachten den Physarum-Pilz, der sich, in Stücke geschnitten, wiedervereinigt, wenn diese nebeneinander liegen, auf einem Labyrinth auf und fütterten den Pilz an zwei Stellen mit Haferflocken. Nach einiger Zeit bildeten sich alle Teile des Pilzes zurück, die nicht zum kürzesten Weg zwischen den Nahrungsquellen gehörten, und nur der kürzeste Weg blieb über. Das Experiment kann man sich unter der URL www.youtube.com/watch?v=tL02n3YMcXw&t=4m43s ansehen.

Tero, Kobayashi und Nakagaki (*Journal of Theoretical Biology*) haben in 2007 ein Modell für das Verhalten des Pilzes vorgeschlagen und ausführlich begründet. Sie modellieren den Pilz als ein elektrisches Netzwerk mit Widerständen, die sich über die Zeit hinweg ändern. Abbildung 2 gibt die Definition wieder. Die Autoren implementierten eine Computersimulation des Modells und berichteten, dass das Modell in der Simulation immer gegen den kürzesten Weg konvergiert, d. h. die Durchmesser der Kanten auf dem kürzesten Weg konvergieren gegen 1 und die anderen Durchmesser konvergieren gegen 0. Dies gilt für jede Anfangsbedingung. Es wird dabei vorausgesetzt, dass der kürzeste Weg eindeutig ist. Miyaji und Ohnishi (*International Journal of Pure and Applied Mathematics*, 47:353-369, 2008) begannen die theoretische Analyse des Modells. Sie bewiesen die Konvergenz unter der Voraussetzung, dass G planar (= kreuzungsfrei in die Ebene einbettbar) ist.

Ein Team aus drei Mitarbeitern des Max-Planck-Instituts für Informatik (Vincenzo Bonifaci, Kurt Mehlhorn und Girish Varma) konnte kürzlich das Ergeb-

nis wesentlich verallgemeinern und die Konvergenz für alle Graphen zeigen. Sei $G = (V, E, s_0, s_1, L)$ ein beliebiges ungerichtetes Netzwerk mit positiver Längenfunktion $(L_e)_{e \in E}$ und sei $D_e(0) > 0$ der Durchmesser der Kante e zum Zeitpunkt 0. Dann konvergiert die Dynamik (1) gegen den kürzesten Weg von Quelle zu Senke, falls dieser eindeutig ist. Ohne die Annahme der Eindeutigkeit liegt auch Konvergenz vor, die Konvergenzeigenschaft ist aber schwieriger zu formulieren.

Unser Beweis beruht wesentlich auf der Einsicht, dass die Funktion

$$V = \frac{1}{\min_{S \in \mathcal{C}} C_S} \sum_{e \in E} L_e D_e + (C_{\{s_0\}} - 1)^2$$

entlang aller Trajektorien des Systems abnimmt. Dabei ist \mathcal{C} die Menge der s_0 - s_1 Schnitte, d. h. die Menge aller $S \subseteq V$ mit $s_0 \in S$ und $s_1 \notin S$, $C_S = \sum_{e \in \delta(S)} D_e$ ist der Gesamtdurchmesser der Kanten im Schnitt S , und schließlich ist $\min_{S \in \mathcal{C}} C_S$ die Kapazität des minimalen Schnitts. Den ersten Term in der Definition kann man als die Hardwarekosten des Netzwerks bezeichnen, wenn man das Pro-

dukt aus Länge und Durchmesser einer Kante als die Kosten der Kante interpretiert. Die Kosten werden auf die Kapazität des minimalen Schnitts normalisiert.

Diskussion und offene Probleme

Physarum ist ein Beispiel für das Rechnen in der Natur. Ein anderes Beispiel ist die Organisation großer Vogelschwärme oder Ameisenvölker. Physarum kann aber anscheinend noch mehr als das Berechnen von kürzesten Wegen. In Labor- und Computerexperimenten hat es seine Befähigung zum Entwurf von guten Netzwerken bewiesen. Gut bedeutet dabei billig und gleichzeitig widerstandsfähig gegen Ausfälle. Dieses Verhalten ist aber theoretisch noch vollkommen unverstanden.

Die Analyse von dynamischen Systemen ist traditionell in der Physik, Biologie und Systemtheorie beheimatet. Die Informatik kann aber neue Methoden beisteuern. In unserem Beweis spielt etwa das max-flow min-cut Theorem eine zentrale Rolle. ...

Das Physarum Modell: $G = (N, E)$ ist ein ungerichteter Graph mit zwei ausgezeichneten Knoten s_0 und s_1 , die für die Nahrungsquellen stehen. Jede Kante $e \in E$ hat eine positive Länge L_e und einen positiven Durchmesser $D_e(t)$; L_e ist fest, aber $D_e(t)$ ist eine Funktion der Zeit. Der Widerstand $R_e(t)$ von e ist $R_e(t) = L_e / D_e(t)$. Ein Strom der Stärke 1 fließt von s_0 nach s_1 . Sei $Q_e(t)$ der sich einstellende Fluss über die Kante $e = (u, v)$, wobei (u, v) eine beliebige Orientierung der Kante e ist. Der Durchmesser einer Kante e ändert sich gemäß der Gleichung

$$\dot{D}_e(t) = |Q_e(t)| - D_e(t). \quad (1)$$

Dabei ist \dot{D}_e die Ableitung von D_e bezüglich der Zeit. Im Gleichgewicht ($\dot{D}_e = 0$) ist der Fluss gleich dem Durchmesser. Ansonsten wächst (schrumpft) der Durchmesser, wenn der Fluss größer (kleiner) als der Durchmesser ist.

Abbildung 2: Das mathematische Modell



KONTAKT

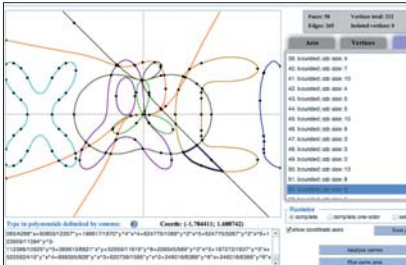
Kurt Mehlhorn

ABT. 1 Algorithmen und Komplexität

Telefon +49 681 9325-1000

Email melhorn@mpi-inf.mpg.de

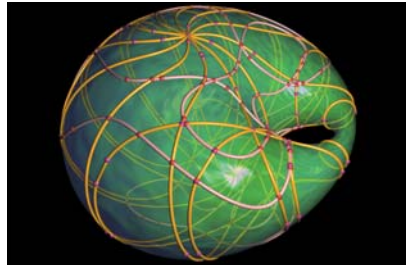
Geometrische Algorithmen – exakt und effizient



Geometrische Algorithmen spielen eine wichtige Rolle für die Lösung vieler alltäglicher Fragestellungen. Ein Beispiel ist das sogenannte „Piano Mover's Problem“, bei dem es darum geht, durch Berechnung zu entscheiden, ob beim nächsten Umzug das Klavier durch den Treppenaufgang passt. Ein weiterer wichtiger Anwendungsbereich sind CAD-Verfahren, die bei der Konstruktion und Visualisierung von technischen Bauteilen inzwischen unabdingbar geworden sind. Bei der Implementierung geometrischer Algorithmen treten häufig Schwierigkeiten auf, die sich aus Rechenungenauigkeiten, als Folge von Rundungsfehlern, ergeben. Falsche Resultate, Abstürze oder nicht-terminierende Programme können die Folge sein.

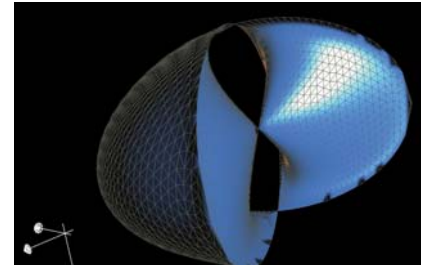
Die Gruppe „Geometric Computing and Computer Algebra“ möchte Lösungen für das oben genannte Problem bereitstellen. Hierbei beschäftigen wir uns hauptsächlich mit dem algorithmischen Grundgerüst, auf dem die jeweils spezialisierten Lösungsverfahren aufbauen. Solche Grundoperationen umfassen boolesche Operationen (Schnitt, Vereinigung, etc.), oder die Arrangementberechnung von geometrischen Objekten, d.h. eine explizite Beschreibung der Zerlegung der Ebene (Raumes), die durch die Objekte implizit definiert ist.

Die von uns entwickelten Verfahren sind so konstruiert und implementiert, dass *alle* möglichen Eingaben *exakt* verarbeitet werden können. Die Umsetzung von Algorithmen mit dieser Eigenschaft geht leider häufig mit einer Reihe von Nachteilen einher. Zum einen erhöht sich die Komplexität des Algorithmus und, was noch viel schlimmer ist, man erkaufte sich die Vollständigkeit und Ex-



aktheit mit einer deutlichen Verschlechterung der Laufzeit. Der Grund dafür ist, dass zur Behandlung gekrümmter geometrischer Objekte Lösungen zu algebraischen Gleichungssystemen gefunden und exakt weiterverarbeitet werden müssen und entsprechende symbolische Operationen rechnerisch sehr aufwendig sind. Aus diesem Grund vertraut man in kommerziellen Systemen ausschließlich auf den Einsatz numerischer, approximativer Verfahren und nimmt mögliche negative Auswirkungen billigend in Kauf.

Will man allerdings Exaktheit und Vollständigkeit gewährleisten, so sind bestimmte symbolische Operationen, wie etwa die Berechnung eines gemeinsamen Teilers zweier Polynome, oder deren Resultante, unvermeidbar. Die Leistungsfähigkeit eines exakten Algorithmus hängt somit entscheidend davon ab, inwiefern solche Operationen effizient implementiert und, vor allem, sparsam eingesetzt wurden. Bei der Umsetzung der symbolischen Berechnungen setzt die Forschungsgruppe auf modulare Methoden aus der Computeralgebra. Dabei werden die Berechnungen in viele Einheiten von deutlich niedrigerer Komplexität zerlegt und die Einzelergebnisse schließlich zu einer Gesamtlösung zusammengesetzt. Unter Verwendung massiv paralleler Hardwarearchitektur, wie sie auf modernen Graphikkarten (GPU) vorzufinden ist, ist es uns so gelungen, einige wichtige symbolische Berechnungen um ein Hundertfaches zu beschleunigen. Darauf auf-



Arrangements von Kurven in der Ebene bzw. auf einem so genannten Dupin-Zykloiden. Das rechte Bild zeigt eine exakte Triangulierung einer algebraischen Fläche.

bauend haben wir neue Algorithmen zur Arrangementberechnung entwickelt, die nur solche symbolischen Operationen verwenden, welche auf die GPU ausgelagert werden können. Die wurde vor allem durch die Kombination entsprechender Werkzeuge aus verschiedenen mathematischen Gebieten, wie der Numerik, der Computer Algebra, und der algebraischen Geometrie erzielt. Im Vergleich zu den bisher existierenden Methoden, konnten wir so die Effizienz exakter Verfahren um ein Vielfaches verbessern. Erstmals wurde somit auch die Konkurrenzfähigkeit solcher Verfahren gegenüber rein numerischen Methoden, welche keinerlei Zusatzgarantien liefern, nachgewiesen.

Schließlich beschäftigen wir uns auch mit der Lösung klassischer, fundamentaler Probleme, wie etwa dem Finden der Lösungen einer polynomiellen Gleichungssysteme. Dabei haben wir erstmalig praktische, einfache und effiziente Verfahren entwickelt, die die besten theoretischen Schranken für die Komplexität dieser Probleme einstellen bzw. deutlich verbessern. Dieser Beitrag ist insofern als fundamental zu betrachten, als dass sich die Vielzahl aller theoretisch schnellen Algorithmen aus der Computeralgebra bzw. Numerischen Analysis bisher als nicht sonderlich praxistauglich erwiesen haben. ...

KONTAKT

Michael Sagraloff

ABT. 1 Algorithmen und Komplexität

Telefon +49 681 9325-1006

Email msagrало@mpi-inf.mpg.de

Internet <http://www.mpi-inf.mpg.de/departments/d1/areas/software.htm>

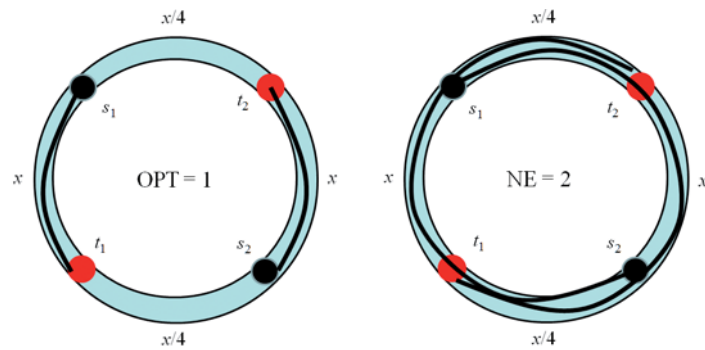


Der Umgang mit Egoismus in der Optimierung

In unserer Forschung konzentrieren wir uns auf Optimierungsprobleme, die im weiteren Sinne mit Egoismus (*selfishness*) zu tun haben. Ein Beispiel dafür sind Planungsprobleme, bei denen Maschinen von egoistischen Agenten kontrolliert werden und nur der jeweilige Agent weiß, wie schnell seine Maschine ist. Diese Agenten sind nur an der Maximierung des eigenen Profits interessiert, der nicht unbedingt mit dem globalen Optimierungsziel übereinstimmen muss. Unsere Aufgabe ist es daher Mechanismen zu kreieren, die sicherstellen, dass die Angabe der wahren Kosten die beste Strategie für die Agenten ist. Ein Mechanismus bekommt auf diese Weise bestenfalls wahrheitsgemäße Angaben von den Agenten, weist den Maschinen ihre Jobs zu und bezahlt diese Agenten für ihre Arbeit.

Ein Problem, mit dem wir uns vor kurzem in diesem Bereich befasst haben, ist die Maximierung der Mindestauslastung egoistischer Maschinen, d.h. die Optimierung der Max-Min-Fairness der Jobzuteilung. Dabei handelt es sich um ein Standardmaß von Fairness im Bereich der gerechten Aufteilung (*fair division*). Eine solche Zuteilung ist zum Beispiel in Szenarien von Bedeutung, bei denen die jeweiligen Jobs Festplatten verschiedener Kapazitäten darstellen und wir ein Backup-Medium herstellen wollen, das aus Parallelspeichungen der maximal möglichen Kapazität besteht. Diese Kapazität wird dann durch die Größe der kleinsten Speicherung begrenzt.

Der Profit eines Agenten ist die Auszahlung des Mechanismus abzüglich der Kosten, die für die Bearbeitung der zugeteilten Jobs entstehen. Diese Kosten hängen von der Geschwindigkeit ab, die nur der jeweilige Agent kennt. Unser Ziel ist es, dass die Agenten dem Mechanismus ihre wahren Geschwindigkeiten mitteilen, da wir sonst die Zielfunktion nicht optimieren können. Ist die Zuteilung durch einen Mechanismus monoton, dann ist eine wahrheitsgemäße Angabe der Kosten für die Agenten die bestmögliche Strategie. Monoton bedeutet,



dass wenn ein Agent sein Angebot, d.h. seine angegebenen Kosten für die Ausführung einer Arbeitseinheit, erhöht, die Gesamtgröße der ihm durch den Mechanismus azugewiesenen Jobs als Ergebnis nicht erhöht wird. Die Zusammenstellung der zugeteilten Jobs muss allerdings nicht unbedingt gleich bleiben.

Gemeinsam mit Giorgos Christodoulou und Annamaria Kovacs habe ich den ersten monotonen Approximationsalgorithmus mit einem konstanten Approximationsverhältnis entwickelt. Kürzlich habe ich gemeinsam mit Leah Epstein und Asaf Levin dieses Ergebnis weiter optimiert und eine beliebig gute Approximation erreicht, dessen Laufzeit „fast“ polynomial ist.

Ein Gebiet, mit dem wir uns aktuell beschäftigen, ist das *Selfish Routing*, insbesondere auf Ringen. In diesem Bereich betrachten wir Netzwerke mit Agenten: Jeder Agent hat einen Startpunkt und ein Ziel und möchte so schnell wie möglich von seinem Startpunkt zu seinem Ziel gelangen. Wie lange dies dauert, hängt davon ab, wieviele andere Agenten die gleichen Kanten benutzen.

Über das *Selfish Routing* in Bezug auf allgemeine Graphen ist prinzipiell schon viel bekannt, aber die Ringstruktur wurde bis jetzt noch nicht sehr detailliert

untersucht. Erste Forschungsergebnisse gibt es allerdings bereits, da diese Struktur sehr praxisrelevant ist. Beispielsweise besteht das Internet in Europa aus ineinandergreifenden Ringen (*interlocking rings*), das deutsche Netzwerk speziell aus einem Einzelnen. Die Forschung hat sich in Bezug auf allgemeine Graphen vor allem mit dem symmetrischen Problem beschäftigt, bei dem alle Spieler die gleichen Start- und Zielpunkte haben. Wir beschäftigen uns hingegen mit dem asymmetrischen Spiel, bei dem verschiedene Spieler unterschiedliche Start- und Zielpunkte und damit unterschiedliche Strategien haben.

Wenn es unser Ziel ist, die maximale Latenz der Spieler zu minimieren, können wir zeigen, dass der Preis der Anarchie genau zwei ist. Dies bedeutet, dass jedes Nash-Gleichgewicht (*stabile Lösung*) sich höchstens um den Faktor zwei vom bestmöglichen Routing unterscheidet. Dieses kann aber nur erreicht werden, wenn für alle Spieler die Pfade festgelegt sind. Das Bild zeigt ein Beispiel bei dem der Preis der Anarchie gleich zwei ist. Hier bezeichnet x die Anzahl der Spieler auf einer Kante. Man bemerke, dass wenn ein Spieler im rechten Bild abweicht und seine direkte Kante benutzt, seine Kosten auf zwei steigen, da der andere Spieler diese Kante auch benutzt.



KONTAKT

Rob van Stee

ABT. 1 Algorithmen und Komplexität

Telefon +49 681 9325-1005

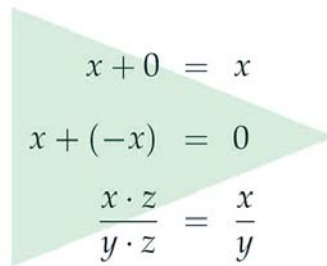
Email vanstee@mpi-inf.mpg.de

Automatisches Beweisen

Um garantieren zu können, dass eine Hardware oder Software korrekt arbeitet, muss man sie verifizieren – das heißt, die Korrektheit formal nachweisen. Kernelement einer jeden Verifikation ist die Untersuchung, ob bestimmte Eigenschaften aus anderen, bereits bekannten Eigenschaften eines Systems folgen. Mit der Frage, wie man Computerprogramme zum Lösen solcher Beweisaufgaben einsetzen kann, beschäftigen sich Wissenschaftler bereits lange Zeit. Schon seit den fundamentalen theoretischen Ergebnissen von Gödel und Turing zu Beginn des zwanzigsten Jahrhunderts weiß man, dass nicht alles, was im mathematischen Sinne *wahr* ist, auch *beweisbar* ist, und dass nicht alles, was *beweisbar* ist, *automatisch beweisbar* ist. Deduktionssysteme unterscheiden sich dementsprechend deutlich in ihrer Ausdrucksstärke und ihren Eigenschaften: *Entscheidungsverfahren* sind auf eine bestimmte Art von Daten (etwa reelle Zahlen) spezialisiert und können innerhalb dieses Bereichs garantiert die Korrektheit oder Inkorrektheit einer Aussage nachweisen. *Automatische Beweiser* für die so genannte *erststufige Logik* können mit beliebigen, in einem Programm definierten Datentypen umgehen. Hier steht aber nur fest, dass sie einen Beweis finden, falls er existiert; falls keiner existiert, dann suchen sie möglicherweise erfolglos weiter, ohne jemals anzuhalten. Noch schwierigere Probleme können mit *interaktiven Beweisern* bearbeitet werden; diese funktionieren allerdings nur mit Benutzerunterstützung und ohne jede Vollständigkeitsgarantie.

Wie arbeitet ein automatischer Beweiser für *erststufige Logik*? Ein Programm zu schreiben, das aus gegebenen Formeln neue Formeln logisch korrekt ableitet, ist nicht schwer. Eine logisch korrekte Ableitung ist allerdings nicht unbedingt eine sinnvolle Ableitung. Wer zum Beispiel $2 \cdot a + 3 \cdot a$ erst in $2 \cdot a + 3 \cdot a + 0$ und dann in $2 \cdot a + 3 \cdot a + 0 + 0$

umwandelt, der macht zwar keinen Rechenfehler, kommt seinem Ziel aber keinen Schritt näher. Die eigentliche Herausforderung besteht also darin, aus unendlich vielen *korrekten* Ableitungen die wenigen *sinnvollen* Ableitungen herauszusuchen. Dabei stellt man zunächst fest, dass es nützlich ist, Gleichungen so anzuwenden, dass sich das Ergebnis vereinfacht, also etwa „ $x + 0 = x$ “ nur von links nach rechts und nicht umgekehrt.



kompliziert → einfach

Gleichungsanwendung

Dieser Ansatz reicht allerdings nicht immer aus. Deutlich wird das beispielsweise bei der Bruchrechnung: Bekanntlich muss man einen Bruch hin und wieder erweitern, bevor man damit weiterrechnen kann. Beim Erweitern passiert aber genau das, was man eigentlich vermeiden möchte: Die Gleichung $(x \cdot z) / (y \cdot z) = x / y$ wird von rechts nach links angewendet – aus einem einfachen

Ausdruck wird ein komplizierterer. Der 1990 von Bachmair und Ganzinger entwickelte Superpositions-kalkül bietet einen Ausweg aus diesem Dilemma. Einerseits rechnet er vorwärts, andererseits aber identifiziert und repariert er systematisch die möglichen Problemfälle in einer Formelmenge, für die ein Rückwärtsrechnen unvermeidbar sein könnte. Superposition ist damit die Grundlage fast aller heutigen Beweiser für *erststufige Logik* mit Gleichheit. Das gilt auch für unseren am Institut entwickelten Beweiser SPASS.

Derzeit arbeiten wir in unserer Forschungsgruppe insbesondere an Verfeinerungen des allgemeinen Superpositionsverfahrens für spezielle Anwendungen. Beispielsweise entwickeln wir Techniken, um die Fähigkeiten verschiedener Beweisverfahren (Superposition und arithmetische Entscheidungsverfahren) zu kombinieren. Wir beschäftigen uns mit der Frage, wie man auch sehr große Datenmengen, wie sie z. B. bei der Untersuchung von Ontologien (Wissensbasen) auftreten, mit Superposition behandeln kann. Außerdem benutzen wir Superposition, um Netzwerkprotokolle zu verifizieren, und um probabilistische Systeme zu analysieren, d. h. Systeme, deren Verhalten teilweise von zufälligen Entscheidungen abhängt.

```

1[0:Inp] || -> F(U,skf6(U))*
3[0:Inp] || equal(U,V) -> F(U,skf8(V))*
2[0:Inp] || F(U,skf8(V))* -> equal(U,V)
4[0:Inp] || F(U,V)* F(U,skc1)* -> F(skf5(V),V)*
5[0:Inp] || F(U,skf6(V))* -> F(V,skc1) F(skf7(U,V),U)*
6[0:Inp] || F(U,skf6(V)) -> F(V,skc1) F(skf7(U,V),skf6(V))*
7[0:Inp] || F(U,V)* F(W,V) F(U,skc1)* F(W,skf5(V))* -> .
Derived: 8[0:Res:3.1,2.0] || equal(U,V)* -> equal(U,V)
Derived: 10[0:Res:3.1,4.0] || equal(U,V)* F(U,skc1)* -> F(skf5(skf8(V)),skf8(V))*
Derived: 9[0:Res:1.0,4.0] || F(U,skc1) -> F(skf5(skf6(U)),skf6(U))*
Derived: 11[0:Res:1.0,5.0] || -> F(U,skc1) F(skf7(U,V),U)*
Derived: 14[0:Res:11.1,4.0] || F(skf7(U,V),skc1)* -> F(U,skc1) F(skf5(U),U)*
Derived: 13[0:Res:11.1,2.0] || -> F(skf8(U),skc1) equal(skf7(skf8(U),V),U)*
Derived: 12[0:Res:11.1,5.0] || -> F(skf6(U),skc1) F(U,skc1) F(skf7(skf7(skf6(U),V),
Derived: 16[0:Res:9.1,4.0] || F(U,skc1) F(skf5(skf6(U)),skc1) -> F(skf5(skf6(U)),skf
Derived: 15[0:Res:9.1,5.0] || F(U,skc1) -> F(U,skc1) F(skf7(skf5(skf6(U)),V),skf5(sk
Derived: 18[0:Spr:13.1,13.1] || -> F(skf8(U),skc1)* F(skf8(U),skc1)* equal(U,U)
Derived: 17[0:Spr:13.1,11.1] || -> F(skf8(U),skc1)* F(skf8(U),skc1)* F(U,skf8(U))*
Derived: 22[0:Res:19.1,4.0] || F(U,skc1) -> F(skf8(U),skc1) F(skf5(skf8(U),skf8(U))
Derived: 21[0:Res:19.1,2.0] || -> F(skf8(U),skc1)* equal(U,U)
...
Derived: 1193[2:MRR:1192.0,1192.1,1.0,1180.0] || -> .
    
```

Ausgabe eines automatischen Beweisers



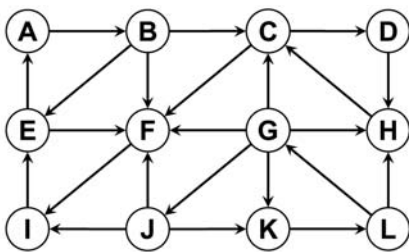
KONTAKT

Uwe Waldmann
FG. 1 Automatisierung der Logik
 Telefon +49 681 9325-2905
 Email uwe@mpi-inf.mpg.de

Model Checking für hybride Systeme

Das Verhalten vieler technischer Geräte lässt sich beschreiben, indem man ihre Zustände und Zustandsübergänge angibt. Eine Waschmaschine kann sich beispielsweise im Anfangszustand „Tür geöffnet, Trommel leer, Maschine ausgeschaltet“ befinden oder auch im Zustand „Waschgang“. Zustandsübergänge sind Wechsel von einem Zustand in einen anderen. Diese können automatisch stattfinden, wie der Wechsel zwischen Waschgang und Abpumpen, oder durch äußere Einwirkungen, beispielsweise durch die Betätigung eines Schalters. Nun gibt es aber auch denkbare Zustände, die offenbar unerwünscht sind, zum Beispiel „Wasserzulauf geöffnet, Tür geöffnet“. Wenn wir nachweisen wollen, dass das Gerät *sicher* ist, dann müssen wir zeigen, dass es keine Möglichkeit gibt, durch Zustandsübergänge aus dem Anfangszustand in einen derartigen *unsicheren* Zustand zu geraten.

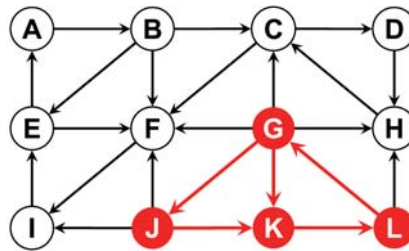
Wie kann man dabei vorgehen? Man kann Zustände und Zustandsübergänge durch einen *Graphen* beschreiben. Hierzu symbolisiert man jeden Zustand durch einen Kringel und jeden möglichen Zustandsübergang durch einen Pfeil. Das Ergebnis sieht vielleicht wie folgt aus:



Beispiel

Angenommen A ist der Anfangszustand und L ist unsicher. Was sind dann die Vorgängerzustände von L , also die Zustände, von denen aus ein Pfeil

nach L zeigt? Offenbar gibt es nur einen solchen Zustand, nämlich K . Also ist auch K unsicher, denn sollte K erreichbar sein, dann kann man von dort aus auch L erreichen. Ebenso sind die Vorgängerzustände von K , nämlich G und J , unsicher. Betrachtet man nun die Vorgängerzustände von G und J , also L und G , dann stellt man fest, dass diese bereits als unsicher bekannt sind. Das bedeutet, es gibt keine Möglichkeit, von außen in die Zustandsmenge $\{G, J, K, L\}$ hineinzukommen.



Unsichere Zustände

Damit ist klar, dass $\{G, J, K, L\}$ die einzigen Zustände sind, die per se unsicher sind oder von denen aus man einen unsicheren Zustand erreichen kann. Alle anderen Zustände sind also sicher, insbesondere auch der Anfangszustand A . Man bezeichnet dieses Verfahren, die Sicherheit eines Systems nachzuweisen, als *Model Checking* oder *Modellüberprüfung*.

Leider wird in der Praxis die Anzahl der Zustände schnell zum Problem. Nehmen wir an, dass das Verhalten einer elektronischen Steuerung von 60 Bits (b_1, \dots, b_{60}) abhängt, also von 60 Bauelementen, die jeweils den Wert wahr oder falsch annehmen können. Nun sind 60 Bits nicht viel, aber wenn man alle möglichen Kombinationen daraus betrachtet, erhält man 2^{60} Zustände, also über eine Trillion. Das *symbolische Model Checking* bietet hier einen Ausweg: Man zählt die Mengen der unsicheren Zustände und die zulässigen Zustandsübergänge nicht

wie oben explizit auf, sondern repräsentiert sie *symbolisch* durch logische Formeln. Beispielsweise steht die Formel

$$b_5 \text{ und nicht } b_{32}$$

für alle Zustände, bei denen b_5 wahr und b_{32} falsch ist – das sind eine Vierteltrillion Zustände, die man anderenfalls explizit aufzählen müsste.

Ein neues Problem taucht auf, wenn wir versuchen, auf diese Weise auch die Sicherheit einer Fahrzeugsteuerung nachweisen. Eine solche Steuerung ist ein *hybrides* System. Das heißt, man hat es nicht mehr nur mit sprunghaften, *diskreten* Zustandswechslern (Beschleunigen/Bremsen) zu tun, sondern auch mit Variablen wie der Geschwindigkeit, die sich gleitend, *kontinuierlich* ändern können. In den Zustandsformeln müssen also auch numerische Variablen vorkommen, zum Beispiel

$$b_5 \text{ und nicht } b_{32} \text{ und } (x_2 > 50)$$

Die diskreten Zustandsübergänge kann man auch mit dieser Erweiterung noch wie bisher behandeln. Wie sieht es aber mit den kontinuierlichen Zustandsübergängen aus? Solange das dynamische Verhalten mathematisch gesehen einfach ist, wie zum Beispiel bei gleichförmiger Änderung der Geschwindigkeit, kann man zu diesem Zweck ein Verfahren einsetzen, das als *Quantorenelimination* bekannt ist. Man benötigt allerdings einige technische Tricks, um zu verhindern, dass man zu schnell zu große Formeln erhält. In unserer Arbeitsgruppe beschäftigen wir uns zur Zeit insbesondere mit der Entwicklung von Verfahren, die auch bei einem komplizierteren dynamischen Verhalten anwendbar sind. ...



KONTAKT

Uwe Waldmann

FG. 1 Automatisierung der Logik

Telefon +49 681 9325-2905

Email uwe@mpi-inf.mpg.de

Quantorenelimination – auch Aussagen kann man ausrechnen

Das Verständnis von *Rechnen* auf Computern hat sich historisch in mehreren Schritten erheblich weiterentwickelt. In der Frühzeit der elektronischen Rechenanlagen stand, neben der Handhabung großer Datenmengen, die numerische Verarbeitung von Zahlen im Vordergrund. Die Entwicklung der Computeralgebra seit Mitte der sechziger Jahre des 20. Jahrhunderts erweiterte dies auf das Rechnen mit symbolischen Ausdrücken: Ein einfaches Beispiel ist die Berechnung von $(x-1) \cdot (x+2) + 2$ mit dem Ergebnis $x^2 + x$. Dass hier tatsächlich Rechenarbeit geleistet wurde, wird unter anderem daran deutlich, dass die Auswertung des ursprünglichen Ausdrucks für ein konkretes x doppelt so viele arithmetische Operationen erfordert wie die des Ergebnisses. Auf dieser Grundlage wurde es beispielsweise möglich, reelle Funktionen automatisch abzuleiten oder sogar unbestimmte Integrale vollautomatisch zu berechnen.

In der Mathematik tauchen symbolische Ausdrücke typischerweise in komplexen Aussagen auf, die einige der in den Ausdrücken vorkommenden Symbole quantifizieren können, wie zum Beispiel folgende Aussage über reelle Zahlen: *Für alle x gibt es ein y , so dass $x^2 + xy + b > 0$ und $x + ay^2 + b \leq 0$.* Was kann es bedeuten, eine solche Aussage „auszurechnen“? Ob unsere Aussage wahr ist oder nicht, hängt von der Wahl von a und b ab. Wir bestimmen daher die möglichen a und b für die die Aussage wahr ist. Das Ergebnis lässt sich wieder als eine Aussage formulieren, die jetzt jedoch keinerlei Quantifizierungen mehr enthält: $a < 0$ und $b > 0$. Auch hier wurde erhebliche Rechenarbeit geleistet, denn im Gegensatz zur ursprünglichen Formulierung kann man anhand des Ergebnisses für konkrete Wahlen von a und b mit minimalem Aufwand feststellen, ob unsere betrachtete Aussage wahr ist oder nicht.

Aussagen über reelle Zahlen, die arithmetische Operationen, Vergleiche, logische Verknüpfungen und Quantifizierungen wie in unserem Beispiel erhalten, kann man stets so ausrechnen, dass im Ergebnis keinerlei Quantifizierungen mehr auftauchen. Im Spezialfall, dass in einer Aussage alle auftretenden Symbole quantifiziert sind, enthält das Ergebnis überhaupt keine Symbole; es ist dann entweder $0=0$ („wahr“) oder $1=0$ („falsch“).

Betrachten wir zum Beispiel eine Folge von reellen Zahlen, die wie folgt gebildet wird: Die ersten beiden Elemente x_1 und x_2 sind beliebig. Alle weiteren werden nach der Regel $x_{n+2} = |x_{n+1}| - x_n$ gebildet. Starten wir etwa mit 1, 2, so erhalten wir nachfolgend 1, -1, 0, 1, 1, 0, -1, 1, 2, und wir sehen, dass sich die Folge nach den ersten neun Gliedern wiederholt. Diese Tatsache kann man als eine „für alle“-Aussage über x_1, \dots, x_{11} formulieren. Unser Verfahren berechnet daraus $0 = 0$. Damit beweisen wir automatisch, dass sich die Folge für beliebige Startwerte nach den ersten neun Gliedern wiederholen wird.

Wenn wir unsere Aussagen auf ganze anstelle reeller Zahlen beziehen, so kann es – mathematisch beweisbar – keine Software geben, die Entsprechendes leistet. In diesem Sinne bewegen sich die hier diskutierten Verfahren hart an der Grenze des mathematisch Möglichen. Neben ganzen und reellen Zahlen gibt es in den Naturwissen-

schaften aber zahlreiche andere Domänen, die am Institut im Hinblick auf entsprechende Verfahren erforscht werden. Dies schließt sogar Bereiche ein, in denen die Symbole nicht nur für Zahlen, sondern auch für Funktionen stehen. In den Aussagen können dann neben der Arithmetik auch Ableitungen auftreten.

Diese theoretische Forschung findet ihre praktische Umsetzung im Softwaresystem Redlog, das weltweit von zahlreichen Wissenschaftlern als ein mächtiges und effizientes Rechenwerkzeug geschätzt wird. Die Rechenzeit für unseren obigen Beweis über die Zahlenfolge beträgt mit Redlog nur etwa 0.07 Sekunden.

Eine aktuelle Anwendung von Redlog in diesem Jahr bestand beispielsweise in der Analyse einer automatischen Geschwindigkeitsregelung für Autos. Hierbei wird die Geschwindigkeit automatisch so geregelt, dass ein Auffahren auf ein vorausfahrendes Fahrzeug unmöglich ist. Redlog berechnete Ausgangsgeschwindigkeiten, bei denen die Kontrolle gefahrlos an die Anlage übergeben werden kann.

Weitere interessante Anwendungen finden sich im Bereich der Analyse komplexer Systeme in den Naturwissenschaften, wie etwa elektrische Netzwerke in der Physik, Reaktionssysteme in der Chemie oder Gen-Regulations-Netzwerke in der Biologie. ...



KONTAKT

Thomas Sturm

FG. 1 Automatisierung der Logik

Telefon +49 681 9325-2920

Email sturm@mpi-inf.mpg.de

INFORMATIONSSUCHE & DIGITALES WISSEN

Digitale Information hat unsere Gesellschaft und Wirtschaft, das Arbeiten in den Wissenschaften und das Alltagsleben fundamental verändert. Moderne Suchmaschinen liefern zu praktisch jeder Frage nützliche Informationen, und das Internet hat das Potential, die weltweit umfassendste Sammlung maschinell verarbeitbaren Wissens zu sein. Doch Wissensstrukturen im Internet sind amorph, und Suchmaschinen haben selten präzise Antworten auf Expertenfragen, für die man Lexika und Fachliteratur zu Rate ziehen muss. Eine große Herausforderung und Chance ist der Schritt vom Rohstoff „Information“ zum computergestützten, intelligenten Umgang mit digitalem Wissen.

Parallel zum Anvisieren dieses Quantensprungs beobachten wir eine Komplexitätsexplosion beim Rohstoff digitaler Information: Quantität, strukturelle Vielfalt, Multimodalität, digitale Historie und Verteilung.

■ Zusätzlich zu den mehr als 20 Milliarden Webseiten zählen heute Online-Nachrichtenströme, Blogs, Tweets und soziale Netze mit mehreren hundert Millionen von Benutzern, Web2.0-Communities über Photos, Musik, Bücher, wissenschaftliche Spezialthemen und nicht zuletzt die Enzyklopädie Wikipedia zu den potentiell wichtigen Informationsquellen. Das Gesamtvolumen dieser Daten liegt in der Größenordnung von Exabytes: 10 hoch 18 Bytes – mehr als eine Millionen Terabyte-Platten.

■ Dabei kommen zunehmend ausdrucksstärkere Datenrepräsentationen zum Einsatz: XML-Dokumente, RSS-Feeds, semantisch verknüpfte RDF-Graphen und vieles mehr. Die reichere Struktur und Heterogenität der Daten erhöht wiederum die Komplexität zur Beherrschung dieser digitalen Vielfalt.

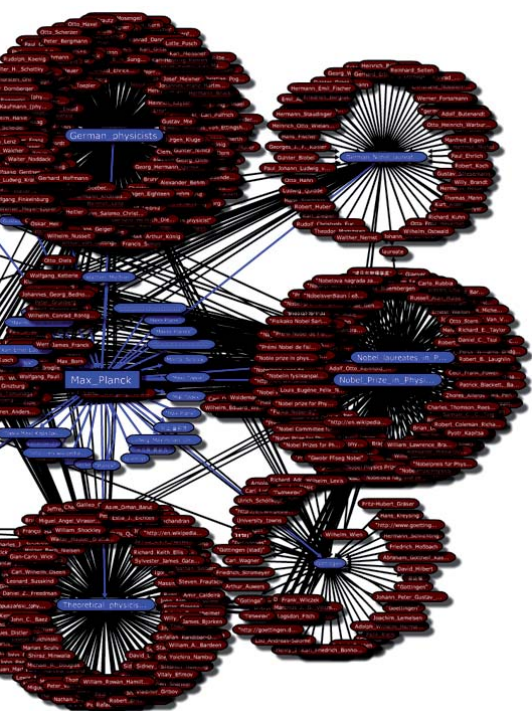
■ Zusätzlich zu textorientierten und strukturierten Daten erleben wir eine Explosion multimodaler Information: Milliarden von Menschen werden zu Datenproduzenten im Web, indem sie ihre Bilder, Videos und Tonaufzeichnungen mit dem Rest der Welt teilen. Dies geht häufig einher mit zwischenmenschlichen Kontakten, die über das Internet entstehen und in großen Online-Netzen organisiert sind.

■ Die Historie digitaler Information – beispielsweise frühere Versionen unserer Instituts-Webseite, die zum Teil vom Internet Archive konserviert werden – ist eine potentielle Goldmine für tiefer-

gehende Analysen entlang der Zeitdimension. Davon können Soziologen und Politologen profitieren, aber auch Medien- und Marktanalysten sowie Experten für geistiges Eigentum.

■ Die Quantität und Vielfalt der im Internet verfügbaren Information ist so hoch geworden, dass Suchmaschinen längst nicht mehr alle relevanten Verweise in einem zentralen Index vorrätig halten können. Daher muss globale Informationssuche langfristig mit verteilten Algorithmen angegangen werden, indem beispielsweise viele lokale Suchmaschinen für spezifische Aufgaben dynamisch gefördert werden. Hier spielen dann nicht nur die lokale Rechen- und Suchgeschwindigkeit eine wichtige Rolle, sondern auch die Kommunikationseffizienz im Netz der Netze, dem Internet, und den darin eingebetteten Peer-to-Peer-Netzen.

Am Max-Planck-Institut für Informatik wird dieses globale Thema unter verschiedenen Blickwinkeln untersucht. Zum einem beschäftigen wir uns mit der effizienten Suche auf semistrukturierten XML-Dokumenten, die vor allem in digitalen Bibliotheken und bei e-Science-Daten eine wichtige Rolle spielen. Einen weiteren Forschungsbereich stellt der skalierte Umgang mit graphstrukturierten RDF-Daten dar, die im Semantic-Web-Kontext entstehen, aber auch als Datenrepräsentation in der Computational-Biology an Bedeutung gewinnen. Bei anderen Projekten steht die benutzerorientierte Sicht auf Web2.0-Communities und multimodale Daten im Vordergrund. Die große Vision vom Quantensprung in der Wissensuche wird schließlich in Arbeiten über automatische Wissensextraktion aus Web-Quellen wie zum Beispiel Wikipedia verfolgt. Das Max-Planck-Institut für Informatik hat hier eine weltweite Vorreiterrolle. ...



| | |
|--|----|
| Zufällige Telefonketten – effiziente Kommunikation in Datennetzen | 58 |
| Suche und Analyse in Web-Archiven | 59 |
| Informationssuche in sozialen Netzen | 60 |
| EnBlogue – was ist neu und interessant im Web 2.0? | 61 |
| YAGO – eine digitale Wissenssammlung | 62 |
| URDF – effizientes Schließen in unsicheren RDF-Wissensbasen | 63 |
| PICASSO findet den passenden Soundtrack für Bilder | 64 |

ANALYSE VON
BILDERN & VIDEOS

BIOINFORMATIK

GARANTIE

INFORMATIONSSUCHE
& DIGITALES WISSEN

MULTIMODALE
INFORMATION

OPTIMIERUNG

SOFTWARE

VISUALISIERUNG

Zufällige Telefonketten – effiziente Kommunikation in Datennetzen

Wie kann man schnell und effizient eine eilige Nachricht an eine größere Gruppe von Menschen schicken? Ein klassisches Verfahren ist die Telefonkette. Im einfachsten Fall der sequentiellen Telefonkette basiert es auf einer geordneten Liste der Gruppenmitglieder. Dabei wird die zu verbreitende Neuigkeit zunächst dem Ersten auf dieser Liste mitgeteilt. Der ruft nun den Zweiten an, der den Dritten, und so weiter.

In der Informatik treten ähnliche Aufgabenstellungen auf, wenn Informationen in Rechnernetzen verbreitet werden müssen. Ein Unternehmen mit Filialen an mehreren Standorten könnte seine Kundendaten in jeder Filiale lokal speichern. Dies hat den Vorteil, dass in jeder Filiale schnell und unkompliziert auf diese Daten zugegriffen werden kann, und dass die Daten auch dann zur Verfügung stehen, wenn die zentrale Datenbank kurzzeitig nicht erreichbar ist. Bei Verwendung solcher replizierter Datenbanken müssen natürlich Änderungen, die sich im Datenbestand einer Filiale ergeben, zügig an alle anderen kommuniziert werden.

In zwei zentralen Aspekten unterscheidet sich dieses Telefonkettenproblem der Informatik von dem der Alltagswelt. Erstens können solche Datenbanksysteme sehr groß sein. Bei einem Netz von einigen tausend Knoten, in diesem Beispiel die Filialen, würde die Informationsausbreitung viel zu lange dauern, wenn die Knoten in einer festen Reihenfolge nacheinander die Nachricht weitergeben.

Ein zweiter Aspekt ist die Robustheit des Verfahrens. Unter Robustheit versteht man, dass ein Verfahren auch dann noch gut funktionieren soll, wenn einzelne Teilschritte nicht fehlerfrei abgelaufen sind. Bei einer Telefonkette betrifft dies hauptsächlich das Problem, dass ein Teilnehmer nicht erreichbar ist, oder dass er zwar erreichbar ist, aber dann aus irgendwelchen Gründen die Nachricht nicht weitergibt. Die klassische sequentielle Telefonkette ist augenscheinlich nicht sehr robust. Sowie ein Teilnehmer die Nachricht nicht weitergibt, bleiben alle nachfolgenden uninformatiert.

Aus diesen Gründen sind Verfahren, die sich an der klassischen Telefonkette orientieren, für die Anwendung in der Informatik ungeeignet. Dennoch gibt es für die in der Informatik auftretenden Telefonkettenprobleme eine überraschend einfache Lösung. Bei der *zufälligen Telefonkette* ruft jeder, der über die Nachricht verfügt, zufällig gewählte andere Teilnehmer an. Zur Vereinfachung der Darstellung sei angenommen, dass alle Anrufe gleich lange dauern. Dies führt dazu, dass der Informationsaustausch in Runden abläuft. In jeder Runde ruft jeder informierte Teilnehmer bei einem zufällig gewählten anderen Teilnehmer an. Dieser ist dann spätestens ab diesem Zeitpunkt ebenfalls informiert.

Die zufällige Telefonkette ist erstaunlich effizient und robust. Nehmen wir als Beispiel ein Datennetz mit 1024 Knoten, die alle miteinander kommunizieren können. Dann benötigt die zufällige Telefonkette im Schnitt nur 18,09 Runden, bis alle Knoten informiert wurden. Ähnlich gut sieht es mit der Robustheit aus. Selbst wenn wir annehmen, dass jeder zehnte Teilnehmer nie erreichbar ist, genügen im Schnitt nur 19,49 Runden, um die übrigen zu informieren. Dabei spielt es keine Rolle, welche 10% der Teilnehmer ausfallen.

Die gute Performance der randomisierten Telefonkette motiviert weitere Forschungsanstrengungen. Eine hochspannende Frage ist, was die optimale Menge an Zufall ist. Erste Ergebnisse zeigen, dass eine einzige Zufallsentscheidung pro Teilnehmer genauso gute Ergebnisse liefern kann wie die vollständig zufällige Telefonkette. Tatsächlich liegt das Optimum wohl dazwischen. Folgendes sehr einfache Protokoll zeigt dies.

Wir setzen voraus, dass alle Teilnehmer eine (bspw. alphabetisch) geordnete Liste aller Teilnehmer besitzen. Wenn ein Teilnehmer informiert wird, wählt er eine zufällige Position auf der Liste und ruft, beginnend an dieser Position, in der Ordnung der Liste bei anderen an. Erreicht er jemanden, der schon informiert ist, so wählt er eine neue zufällige Startposition und setzt dort sein geordnetes Anrufen fort. Dieses einfache Protokoll informiert 1024 Knoten im Schnitt in nur 14,11 Runden. Selbst wenn (zufällig gewählte) 10% der Teilnehmer nie erreichbar sind, werden im Schnitt nur 15,09 Runden benötigt.

Ein weiterer Vorteil dieses Verfahrens ist, dass wir ein Terminationskriterium angeben können. Beispielsweise können wir festlegen, dass Teilnehmer aus dem Verfahren ausscheiden, wenn sie zum vierten Mal einen informierten Knoten angerufen haben. Dies ist das erste Mal, dass ein Terminationskriterium für eine randomisierte Telefonkette angegeben wurde, und dennoch garantiert wird, dass alle Teilnehmer erreicht werden. Es sorgt ferner für ein sehr effizientes Verfahren – im Schnitt tätigt ein Teilnehmer nur fünf Anrufe. Das vorgeschlagene Terminationskriterium führt allerdings zu einer minimalen Erhöhung der Laufzeit. Hier beispielsweise benötigen wir 14,14 Runden, um 1024 Knoten zu informieren. Offenbar liegt eine Trade-off-Situation vor: Je früher die Teilnehmer aufhören, desto länger benötigt das Verfahren. Doch selbst wenn die Teilnehmer sofort ausscheiden, nachdem sie einen informierten Knoten angerufen haben, ist das neue Verfahren noch leicht besser als die vollständig zufällige Telefonkette und benötigt 17,63 Runden statt 18,09. ...



KONTAKT

Benjamin Doerr

ABT. 1 Algorithmen und Komplexität

Telefon +49 681 9325-1004

Email doerr@mpi-inf.mpg.de

Suche und Analyse in Web-Archiven

Das World Wide Web (kurz: Web) wächst ständig, und täglich kommen neue Inhalte hinzu. Ein Teil dieser Inhalte wird im Web erstmals und ausschließlich veröffentlicht und spiegelt aktuelles Geschehen wieder. In den letzten Jahren ist das Bewusstsein dafür gewachsen, dass im Web veröffentlichte Inhalte wertvoll sind und langfristig bewahrt werden müssen. Nationalbibliotheken und Organisationen wie das Internet Archive [<http://www.archive.org>] haben diese Aufgabe übernommen. Andere Inhalte wurden ursprünglich vor langer Zeit veröffentlicht und sind nun erstmals, dank verbesserter Digitalisierungsverfahren, im Web verfügbar. Ein Beispiel hierfür sind Zeitungsarchive. Das im Web zugängliche Archiv der britischen Zeitung *The Times* etwa reicht bis ins Jahr 1785 zurück.

Unsere aktuelle Forschung beschäftigt sich mit ausgeklügelten skalierbaren Suchverfahren, die dem Benutzer den Zugriff auf die oben genannten Web-Archive erleichtern. Darüber hinaus entwickelt unsere Forschungsgruppe effiziente Analyseverfahren für Web-Archive. Mithilfe solcher Analysen lassen sich unter anderem Erkenntnisse über Veränderungen im Sprachgebrauch oder populäre Themen der Vergangenheit gewinnen. Im Folgenden beschreiben wir drei Teilaspekte unserer Arbeiten.

Zeitreisen in Web-Archiven

Bestehende Suchverfahren ignorieren die in Web-Archiven vorhandene Zeitdimension. So ist es beispielsweise nicht möglich, eine Suche nur auf jene Dokumente zu beschränken, die in einem gewissen Zeitraum oder zu einem bestimmten Zeitpunkt existiert haben. Unter solch einer Zeitreise-Anfrage verstehen wir eine aus Schlüsselwörtern bestehende Anfrage wie „*Prognosen zur Bundestagswahl*“, die um einen zeitlichen Kontext, beispielsweise September 2009, erweitert ist. Ergebnis dieser Anfrage sind relevante Dokumente, die im genannten Zeitraum tatsächlich existiert haben. Unsere Verfahren basieren auf dem invertierten Index, welcher für jedes Wort

eine Liste der Dokumente enthält, in denen das Wort vorkommt. Je nachdem welche Anfragen unterstützt werden sollen, speichert der invertierte Index für jedes Dokument eine Identifikationsnummer, wie häufig das Wort im Dokument vorkommt oder an welchen Stellen im Dokument das Wort zu finden ist. Wir erweitern die pro Wortvorkommen gespeicherte Information um ein Gültigkeits-Zeitintervall. Zudem nutzen wir aus, dass sich verschiedene Versionen eines Dokumentes typischerweise nur geringfügig unterscheiden. Dies erlaubt uns, die Größe des Index dramatisch zu reduzieren. Eine Beschleunigung der Anfragebearbeitung lässt sich durch redundante Datenhaltung erzielen, indem man für jedes Wort mehrere Listen mit den Wortvorkommen in bestimmten Zeiträumen unterhält. Daraus ergibt sich ein Zielkonflikt zwischen Zeiteffizienz und Platzbedarf. Unser Ansatz beinhaltet verschiedene Optimierungsverfahren, um in diesem Zielkonflikt unter bestimmten Vorgaben (beispielsweise einer Beschränkung des Platzbedarfs) zu vermitteln.

Informationsbedürfnisse mit Zeitbezug

Informationsbedürfnisse von Benutzern haben häufig einen Zeitbezug. Dieser kann unmittelbar aus der Suchanfrage ersichtlich sein, beispielsweise wenn diese explizit ein Jahr oder Jahrhundert erwähnt. Web-Archive sind ideale Dokumentensammlungen, um solche Informationsbedürfnisse zu bedienen. Bestehende Suchverfahren scheitern jedoch oft an diesen zeitbezogenen Informationsbedürfnissen. Der Grund hierfür ist, dass ihnen die Bedeutung in Dokumenten enthaltener Zeitangaben verborgen bleibt. Für die Suchanfrage „*Deutsche Maler 15. Jahrhundert*“ wird ein Dokument mit Details zum Leben von Albrecht Dürer, welches viele Jahresangaben wie sein Geburtsjahr 1471 enthält, nicht zwingend als relevant eingestuft.

Der Grund hierfür ist, dass bestehende Suchverfahren nicht wissen oder erkennen können, dass das Jahr 1471 im 15. Jahrhundert liegt. Um solche Beziehungen zwischen Zeitangaben zu erkennen, repräsentieren unsere Verfahren Zeitangaben formal als Zeitintervalle. Dieses Wissen kann dann verwendet werden, um bessere Suchergebnisse für Informationsbedürfnisse mit Zeitbezug zu erreichen. Hierzu erweitern wir so genannte *Statistical Language Models* um das Wissen über Zeitangaben.

Identifikation charakteristischer Phrasen

Ein weiterer Gegenstand unserer Forschung ist die Analyse von Web-Archiven. Betrachtet man einen beliebigen Ausschnitt eines Web-Archives, beispielsweise alle Dokumente, die von Olympischen Spielen handeln, so lassen sich darauf aufschlussreiche Analysen durchführen. Man kann etwa fragen, welche Personen, Orte oder allgemein Phrasen besonders charakteristisch für ein bestimmtes Jahr sind. Eine Phrase wird hierbei als charakteristisch angesehen, wenn sie häufig in Dokumenten des bestimmten Jahres jedoch selten in Dokumenten anderer Jahre vorkommt. In unserem Olympia-Beispiel könnten etwa die Phrasen *Vogelnest*, *Michael Phelps* und *Amnesty International* charakteristisch für Dokumente des Jahres 2008 und damit für die Olympischen Spiele in Peking sein. Um solche charakteristischen Phrasen effizient zu ermitteln, benötigt man Statistiken über die Häufigkeit so genannter *n-Gramme* (d.h. Folgen eines oder mehrerer Wörter) in Dokumenten eines bestimmten Jahres. Zur verteilten Berechnung dieser Statistiken entwickeln wir Verfahren, die effizient sowie elastisch sind und somit eine reibungslose Skalierung der Rechenkapazität erlauben, um dem Wachstum von Web-Archiven in Zukunft Stand halten zu können. ...



KONTAKT

Klaus Berberich

ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme

Telefon +49 681 9325-5018

Email kberber@mpi-inf.mpg.de

Informationssuche in sozialen Netzen

Das Aufkommen des Web 2.0 hat den Umgang mit dem Web revolutioniert. Statt Informationen wie früher ausschließlich zu konsumieren, kann nun jedermann einfach selbst Inhalte generieren und veröffentlichen. Onlinedienste wie del.icio.us, Flickr, LibraryThing, YouTube, MySpace, Facebook oder die vor allem in Deutschland verbreiteten Dienste StudiVZ und wer-kennt-wen bieten eine einfache Möglichkeit, Bilder, Videos, Bookmarks und ähnliche Daten ins Web zu stellen. Darüber hinaus erlauben sie es, dass Benutzer interagieren, indem sie zum Beispiel Inhalte mit anderen Benutzern teilen oder die Daten anderer Benutzer erforschen, kommentieren, bewerten und sie mit Schlagwörtern, so genannten Tags, versehen. Das manuelle Annotieren von Inhalten – der eigenen, aber auch der anderer Benutzer – ist dabei eine der nützlichsten Funktionen. Die so vergebenen Tags sind oft sehr gute inhaltliche Beschreibungen, weil sie frei gewählt werden können, ohne sich an ein vorgegebenes Schema halten zu müssen. Verschiedene Benutzer belegen häufig das gleiche Bild oder das gleiche Video mit unterschiedlichen Tags, die ihre jeweiligen Interessen wiedergeben. Die meisten Dienste bieten komfortable und intuitive Schnittstellen, um Inhalte basierend auf ihren Annotationen zu finden, zum Beispiel über so genannte „Tagwolken“.

Zusätzlich erlauben es die Dienste, explizite Listen von Freunden zu unterhalten und bieten oft einen damit zusammenhängenden Mehrwert. So wird man

zum Beispiel automatisch über neu-eingestellte Inhalte, neue Bewertungen oder, insbesondere in letzter Zeit, über den aktuellen Aufenthalt seiner Freunde informiert. Auf diese Weise bildet sich ein *soziales Netz*, ein dichtes Beziehungsgeflecht der Benutzer, in dem die Anzahl der Freunde oft als Indikator für das Ansehen im Netz interpretiert wird. Während die Liste der Freunde zunächst mit Freunden und Bekannten aus dem „echten“ Leben gefüllt wird, die den gleichen Dienst nutzen, wächst sie im Lauf der Zeit um vorher unbekannte Benutzer, die ähnliche Interessen verfolgen.

Die dichte Vernetzung der Benutzer zusammen mit den vielfältigen Annotationen erlauben es, die „Weisheit der Massen“ auszunutzen, um wertvolle Inhalte zu finden, die von Freunden empfohlen werden – entweder von direkten Freunden oder transitiv von Freunden der eigenen Freunde. Diese Empfehlung kann entweder explizit (z.B. durch Bewertungen und Kommentare) oder implizit (z.B. durch die intensive Vergabe von Annotationen) erfolgen. Bei der Suche in solchen Systemen müssen daher die Beziehungen und die Distanz zwischen den Benutzern berücksichtigt werden, da man in der Regel seinen engen Freunden stärker vertraut als flüchtigen Bekannten, also solchen Benutzern, die im Beziehungsnetz weit entfernt sind. Die vorhandenen sozialen Netze bieten solche Funktionen aber nur sehr eingeschränkt (zum Beispiel nur für die eigenen, aber nicht für transitive Freunde) oder überhaupt nicht an.

Die von uns entwickelte Suchmaschine SENSE („*Socially ENhanced Search and Exploration*“) schließt diese Lücke, indem sie Inhalte in sozialen Netzen anhand von Annotationen sucht und dabei diese Annotationen nach der Stärke ihrer Beziehung zu dem Benutzer gewichtet, der die Suchanfrage gestellt hat. Neben dem Abstand der Benutzer im Beziehungsnetz kann außerdem die inhaltliche Überlappung der Annotationen, die sie verwendet haben, die Gewichtung beeinflussen. Im Vergleich zu den in den meisten heutigen Systemen vorhandenen, rein häufigkeitsbasierten Suchen lässt sich durch eine solche personalisierte Suche eine signifikante Steigerung der Ergebnisqualität erzielen. SENSE verwendet dabei hocheffiziente und skalierbare Suchalgorithmen, um mit der gewaltigen Datenmenge zurechtzukommen, die in den großen sozialen Netzen vorhanden ist. Das schnelle Wachstum dieser Dienste und insbesondere die sehr hohe Rate, mit der neue Inhalte und Annotationen generiert werden, erfordert optimierte Indexierungsstrategien, um die gespeicherten, transitiven Beziehungen der Benutzer ständig aktuell zu halten. SENSE verwendet dafür eine neuartige Methode, die Änderungen im Beziehungsgeflecht erst dann effizient umsetzt, wenn dies durch eine Anfrage notwendig wird. ...



KONTAKT

Tom Crecelius

ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme

Telefon +49 681 9325-5006

Email tcrecel@mpi-inf.mpg.de



Ralf Schenkel

ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme

Telefon +49 681 302-70798

Email schenkel@mpi-inf.mpg.de

EnBlogue – was ist neu und interessant im Web 2.0?

Die Popularität des Web 2.0 und die damit verbundene Masse an verfügbaren Webinhalten macht es zunehmend schwierig oder sogar unmöglich ständig über aktuelle und wichtige Themen informiert zu bleiben. Benutzer des Internets, die zuvor meist reine Konsumenten von Webinhalten waren, generieren nun ihrerseits Informationen. Dies geschieht häufig in Form so genannter Micro-News (z.B. Twitter) oder Blogbeiträgen, die über das ganze Web verteilt sind. Um in diesem endlosen Strom von Informationen nicht den Überblick zu verlieren, braucht man Methoden, die die Essenz der aktuellen Ereignisse extrahieren und in geeigneter Form an Anwender weitergeben.

Mit enBlogue wurde am Max-Planck-Institut für Informatik ein Ansatz entwickelt, der Datenströme des Web 2.0 kontinuierlich nach interessanten Ereignissen durchsucht, die Aufmerksamkeit in Blogs, Twitter oder anderen Medien erregt haben. Der Name enBlogue soll an die Redensart „*etwas ist en vogue*“ erinnern.

EnBlogue verarbeitet zeitlich und inhaltlich annotierte Webinhalte und untersucht diese auf überraschende Veränderungen, die Hinweise auf ein interessantes Ereignis geben. Dabei werden nicht nur einzelne Themen und Annotationen (so genannte *Tags*) in ihrer Popularität bewertet, sondern auch die Korrelationen zwischen verschiedenen Themen berücksichtigt. Zwei Themen sind stark korreliert, falls die relative Anzahl der Dokumente, die über beide Themen zugleich berichten, hoch ist. Dabei sind besonders die dynamischen Anstiege der Korrelation interessant.

Beispielsweise sind unter normalen Umständen die Themen *Island* und *Flugbetrieb* nicht sonderlich stark korreliert. Dies änderte sich abrupt mit dem Ausbruch des Eyjafjallajökull im Frühjahr 2010.



Die enBlogue Webseite

Die Auswahl der Themen ist a priori unbeschränkt, richtet sich aber in erster Linie nach den von Benutzern generierten Annotationen. Dabei können auch Methoden zur Klassifizierung in Themenbereiche sowie zum Entdecken von Personennamen und Orten zum Einsatz kommen. Das enBlogue-System erlaubt auch eine Mischung von Personen, Orten und regulären Themen.

Ein Modell, welches sowohl die Quantität der Änderung als auch deren zeitliche Nähe und Intensität berücksichtigt, wird angewandt, um Themenpaare in einer übersichtlichen und benutzerfreundlichen Art und Weise zu ordnen.

EnBlogue ermöglicht einen Einstieg in aktuelle und interessante Themen, mit deren Hilfe Benutzer zu den eigentlichen Daten weitergeleitet werden.

Eine Personalisierung, die bestimmte Themengebiete je nach Benutzerinteressen bevorzugt und dabei auch den Ort des Geschehens (falls vorhanden) berücksichtigt, ist derzeit Bestandteil der Forschung. ...



Von enBlogue identifizierte Ereignisse des 8. Juli 1996 (anhand des New York Times Archivs)



KONTAKT

Sebastian Michel
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
 Telefon +49 681 302 70803
 Email smichel@mpi-inf.mpg.de
 Internet http://blogue.mmci.uni-saarland.de

YAGO – eine digitale Wissensammlung

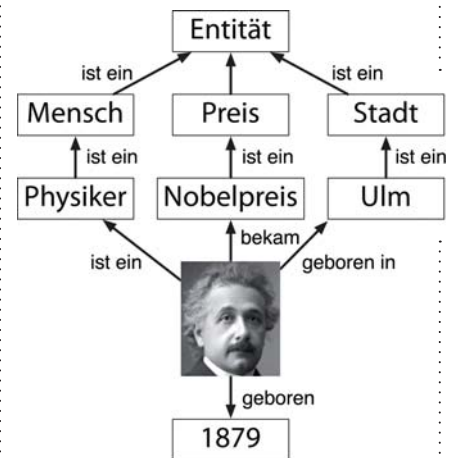
In den letzten Jahren hat sich das Internet zu einer bedeutenden Informationsquelle entwickelt. Zugfahrpläne, Nachrichten, ja sogar ganze Enzyklopädien sind inzwischen rund um die Uhr online verfügbar. Mithilfe von Suchmaschinen können wir diese Informationen abfragen, allerdings stößt man gelegentlich an die Grenzen dieser Technologie. Nehmen wir beispielsweise an, dass wir wissen möchten, welche bekannten Wissenschaftler auch politisch aktiv sind. Diese Frage lässt sich kaum so formulieren, dass sie von Google sinnvoll beantwortet werden kann. Alle Anfragen nach „Wissenschaftler Politiker“ geben lediglich Stellungnahmen zu politischen Ereignissen zurück. Die Ursache für dieses Problem liegt darin, dass die heute verwendeten Computer zwar Unmengen an Daten speichern können, aber weit davon entfernt sind, diese in einen Kontext einzuordnen oder gar zu verstehen. Wenn es gelänge, dem Computer diese Daten als Wissen begreiflich zu machen, so könnte dieses Wissen nicht nur bei der Internetsuche helfen, sondern auch bei vielen anderen Aufgaben, wie dem Verstehen gesprochener Sprache oder der automatischen Übersetzung eines Textes in mehrere Sprachen. Dies ist das Ziel des Projektes „YAGO-NAGA“ am Max-Planck-Institut für Informatik.

Damit der Computer das Wissen überhaupt verarbeiten kann, muss es auf eine strukturierte Art abgespeichert werden. Eine solche strukturierte Wissensammlung heißt Ontologie. Die Bausteine einer Ontologie sind Entitäten. Eine Entität ist jede Art von konkretem oder abstraktem Objekt: der Physiker Albert Einstein, das Jahr 1879 oder der Nobelpreis. Die Entitäten sind durch Relationen miteinander verbunden. So ist beispielsweise Albert Einstein über die Relation „geboren“ mit dem Jahr 1879 verbunden (siehe Grafik). Wir haben einen Ansatz entwickelt, der eine solche Ontologie automatisch erstellt. Dazu nutzen wir die Online-Enzyklopädie Wikipedia. Wikipedia enthält Artikel zu Abertausenden von Persönlichkeiten, Produkten und Organisationen. Jeder dieser Artikel wird eine Entität in unserer Ontologie.

Beispielsweise gibt es einen Artikel über Albert Einstein, so dass der Physiker als Entität in die Ontologie aufgenommen werden kann. Jeder Artikel in Wikipedia ist bestimmten Kategorien zugeordnet, der Artikel über Einstein zum Beispiel der Kategorie „Geboren 1879“. Durch das Schlüsselwort „Geboren“ kann der Computer den Fakt aufnehmen, dass Einstein 1879 geboren ist. Dadurch erhalten wir eine sehr große Ontologie, in der alle in Wikipedia bekannten Entitäten ihren Platz haben. Diese Ontologie heißt YAGO (*Yet Another Great Ontology*, <http://www.mpi-inf.mpg.de/yago-naga/yago/>). Momentan enthält YAGO fast 10 Millionen Entitäten und rund 80 Millionen Fakten.

YAGO2, eine kürzlich erschienene Erweiterung der ursprünglichen Wissensbasis, legt besonderes Augenmerk auf die Einordnung von Entitäten und Fakten in Raum und Zeit – zwei Dimensionen, die bei der Suche in einer Wissensbasis von großem Nutzen sind. So ist zum Beispiel die große Mehrheit der ca. 900 000 Personen-Entitäten in YAGO2 über ihr Geburts- und Todesdatum in der Zeit verankert, um diese auch in ihren historischen Kontext stellen zu können. So lassen sich beispielsweise Fragen nach wichtigen historischen Ereignissen zu Lebzeiten eines bestimmten Präsidenten, Kaisers oder Papstes beantworten oder auch die Frage, wann die betreffende Person überhaupt Präsident war.

Die meisten der ca. 7 Millionen Orte in YAGO2 sind mit geographischen Koordinaten versehen, die sie auf der Erdoberfläche platzieren. So kann bei Anfragen an die Wissensbasis auch die räumliche Nähe zweier Orte ein Kriterium sein. Eine beispielhafte Suche in Zeit und Raum mit Hilfe der Kriterien Raum und Zeit wäre dann: Alle Wissenschaftler, die im 20. Jahrhundert gelebt haben und mit einem Nobelpreis ausgezeichnet wurden, sowie im weiteren Umkreis von Stuttgart geboren wurden. In YAGO2 findet sich hier u.a. Albert Einstein, da sowohl die Zeit, in der dieser gelebt hat (1879–1955), als auch dessen Geburtsort Ulm (70 km Luftlinie zu Stuttgart) in YAGO2 gespeichert sind.



In unserem nächsten Artikel über URDF beschreiben wir, wie man das Wissen in YAGO2 verwenden kann, um neues Wissen abzuleiten. ...



KONTAKT

Johannes Hoffart

ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5028
Email jhoffart@mpi-inf.mpg.de



Fabian Suchanek

ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5000
Email suchanek@mpi-inf.mpg.de



Gerhard Weikum

ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5000
Email weikum@mpi-inf.mpg.de
Internet <http://www.mpi-inf.mpg.de/yago-naga/yago/>

URDF – effizientes Schließen in unsicheren RDF-Wissensbasen

Automatisches Schließen in unsicheren Wissensbasen

Trotz verbesserter Techniken zur Wissensextraktion können automatisch extrahierte Wissensbasen oft ein hohes Maß an Unschärfe bzw. Inkonsistenzen enthalten. Oft sind solche Inkonsistenzen nicht leicht zu entdecken und sogar einem menschlichen Benutzer nicht auf den ersten Blick ersichtlich. In großen RDF-Wissensbasen mit Millionen von Fakten kann eine automatisierte Suche nach Inkonsistenzen häufig nur durch komplizierte, logikbasierte Inferenztechniken ausgeführt werden, wobei ein über-eifriges Entfernen von Inkonsistenzen sogar zum Verlust korrekter Daten führen kann. Automatisches Schließen in großen Wissensbasen braucht daher eine hohe Robustheit im Hinblick auf unvollständige, ungenaue oder sogar inkonsistente Daten, welche wir im Folgenden unter dem Begriff *unsichere Daten* zusammenfassen wollen. Während sich traditionelle Anfragetechniken auf den Umgang mit sicheren Daten beschränken, fokussiert sich die Forschung in unserem neuesten Projekt, *URDF*, speziell auf die Anfragbearbeitung über unsicheren RDF-Wissensbasen.

So können wir beispielsweise in URDF ausdrücken, dass viele Personen im gleichen Ort wie ihr Ehepartner wohnen. Hierbei handelt es sich um eine eher heuristische Regel, die auch von einigen Instanzen (in diesem Falle Personen) in der Wissensbasis verletzt werden kann. Andererseits können wir jedoch mit Sicherheit ausschließen, dass eine Person in mehreren, geographisch unterschiedlichen Orten geboren wurde. Dies stellt also eine strikte Bedingung dar, die bei der Antwortbearbeitung nicht verletzt werden darf. In einer logikbasierten Repräsentation werden solche Regeln häufig als Implikationen, so genannte *Horn-Klauseln*, repräsentiert, wobei eine konjunktive Bedingung von Fakten einen neuen Fakt impliziert:

$$\begin{aligned} & \text{marriedTo}(\text{person}_1, \text{person}_2) \wedge \\ & \text{livesIn}(\text{person}_2, \text{location}_1) \\ & \rightarrow \text{livesIn}(\text{person}_1, \text{location}_1) \end{aligned}$$

Die obige Formulierung liegt in Prädikatenlogik erster Ordnung vor. Wir können also häufige Muster zwischen den Instanzen in der Wissensbasis erkennen, und wir verallgemeinern (bzw. lernen) dann solche Muster als Regeln erster Ordnung auf induktive Weise. Umgekehrt können wir von einer solchen Regel erster Ordnung wiederum deduktiv auf einzelne Instanzen schließen. In diesem Falle können wir die Regel also zum Beispiel auf die Personen „Angela Merkel“, „Joachim Sauer“ und den Ort „Berlin-Mitte“ anwenden:

$$\begin{aligned} & \text{marriedTo}(\text{Joachim_Sauer}, \text{Angela_Merkel}) \\ & \wedge \text{livesIn}(\text{Angela_Merkel}, \text{Berlin-Mitte}) \\ & \rightarrow \text{livesIn}(\text{Joachim_Sauer}, \text{Berlin-Mitte}) \end{aligned}$$

Eine spezielle Variante von Horn-Klauseln besteht in der Gruppierung von rein negierten Fakten innerhalb einer Disjunktion, also beispielsweise:

$$\begin{aligned} & \neg \text{bornIn}(\text{Angela_Merkel}, \text{Hamburg}) \vee \\ & \neg \text{bornIn}(\text{Angela_Merkel}, \text{Bremen}) \end{aligned}$$

Diese Horn-Klausel lässt uns ausdrücken, dass „Angela Merkel“ nicht in „Hamburg“ und ebenfalls in „Bremen“ geboren worden sein kann. Durch den Einsatz von Negationen wie im obigen Beispiel können wir nun Inkonsistenzen formal identifizieren. Wenn also im Extraktionsschritt beide Fakten $\text{bornIn}(\text{Angela_Merkel}, \text{Hamburg})$ und $\text{bornIn}(\text{Angela_Merkel}, \text{Bremen})$ irrtümlich als Eingabefakten in die Wissensbasis eingefügt wurden, können wir durch die obige Negation formulieren, dass nur einer der beiden Fakten wahr sein kann.

Effiziente Auswertungsstrategien

URDF unterstützt sowohl logikbasierte als auch probabilistische Auswertungsstrategien zum Beantworten von Benutzeranfragen. Beim propositionalen (aussagenlogischen) Schließen wird versucht, dem Benutzer eine konsistente Sicht über eine möglicherweise inkonsistente Wissensbasis als Antwort auf eine Anfrage zu liefern. Dieses Problem wird in URDF auf das Maximale-Erfüllbarkeitsproblem (Max-Sat), ein klassisches Problem in der Aussagenlogik, zurückgeführt. Für URDF wurde dabei ein neuartiges, hocheffizientes Verfahren zum Lösen einer Verallgemeinerung dieses Max-Sat-Problems unter Einbeziehung strikter und nichtstriker Regeln entwickelt. Probabilistisches Schließen erlaubt es uns andererseits, Fakten nicht nur binäre Wahr/Falsch-Werte zuzuordnen, sondern auch Konfidenzgewichte, die einer probabilistischen Interpretation ihrer Ableitungen entsprechen.

Diese enorme Expressivität von regelbasierten und probabilistischen Inferenztechniken stellt natürlich auch enorme Herausforderungen an neue, effiziente Auswertungsstrategien für Anfragen. Beiden oben genannten, logikbasierten und probabilistischen Auswertungsstrategien liegt eine enorm höhere kombinatorische Komplexität als klassischen Auswertungsstrategien in relationalen Datenbanken zugrunde. Exakte Auswertungsalgorithmen können daher nicht mehr für große Datenmengen, wie sie bei der Wissensextraktion aus dem World Wide Web entstehen, eingesetzt werden. Unsere Forschungen konzentrieren sich aus diesem Grunde auch auf effiziente Approximationsalgorithmen mit guten Approximationsgarantien, die speziell auf diese Auswertungsstrategien zugeschnitten sind. ...



KONTAKT

Martin Theobald

ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme

Telefon +49 681 9325-5007

Email martin.theobald@mpi-inf.mpg.de

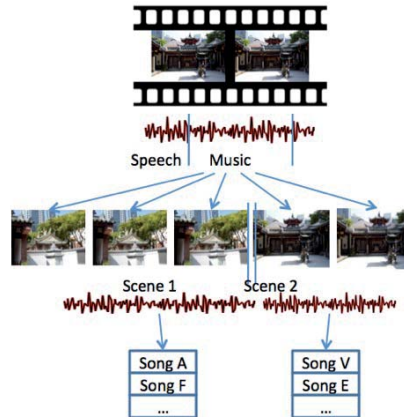
PICASSO findet den passenden Soundtrack für Bilder

Folgendes Problem kennt vermutlich jeder: Man hat während einer Urlaubsreise unzählige Fotos gemacht und möchte diese nach der Reise den Freunden präsentieren. Was dazu noch fehlt ist ein gut passender Soundtrack. Unser Ansatz, namens PICASSO, findet solch einen Soundtrack und zwar vollkommen automatisch aus einer vom Benutzer bereitgestellten Menge an Musikstücken.

Es gibt zwei Welten, die separat betrachtet durch die Forschung der letzten Jahre relativ gut verstanden sind. Das ist zum einen die Welt der Musik und zum anderen die Welt der Bilder. Für jede dieser Welten gibt es entsprechende Methoden, um für ein gegebenes Objekt ähnliche Objekte zu finden. So können zum Beispiel zu einem gegebenen Urlaubsfoto ähnliche Fotos gefunden werden. Charakteristika wie Farben, Helligkeit und Kanten werden benutzt, um diese Ähnlichkeiten zu berechnen. Für Musik sind jedoch andere charakteristische Eigenschaften, wie beispielsweise die Klangfarbe oder der Rhythmus, für eine präzise Suche entscheidend.

Was bislang fehlte ist eine Verbindung zwischen der Welt der Musik und der Welt der Bilder. Mit PICASSO wurde ein Ansatz entwickelt, der diese Verbindung lernt und anwenden kann.

Um einen möglichst breiten Bereich beider Medien abzudecken, bedarf es einer großen Menge an Beispiel-Verknüpfungen von Bild und Musik. Die Idee, die dabei hinter PICASSO steht, ist die Analyse von Filmen. Filme bieten genau die Daten, die wir für unsere Aufgabenstellung benötigen: (bewegte) Bilder und die dazu passende Filmmusik, die manuell von erfahrenen Regisseuren zugewiesen wurde. Durch die Analyse von über 50 Filmen erzeugt PICASSO eine große Menge an Paaren der Form (Bild, Filmmusik).

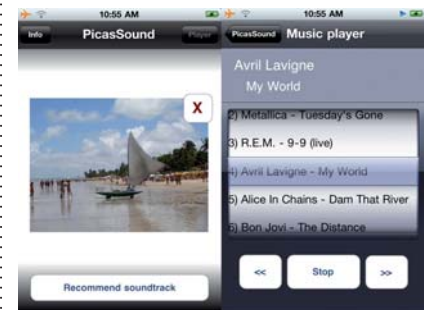


Der Prozess hinter der Erzeugung der PICASSO Datenbank

Für ein gegebenes Foto sucht PICASSO eine Filmszene, die dem Foto ähnelt. Damit sind wir in der Welt der Musik angekommen und können anhand der Filmmusik den am besten passenden Song auswählen. Aus Effizienzgründen haben wir den letzten Schritt dieser Suche bereits vorberechnet, d. h. wir können direkt von der Szene auf ein Musikstück springen. Die Abbildung oben veranschaulicht diesen Prozess.

Das Ganze funktioniert auch für eine Menge von Fotos gleichzeitig. Dabei wird für jedes Foto eine Vielzahl von geeigneten Soundtracks berechnet und anschließend wird bestimmt, welche Soundtracks am besten für die Ge-

samtheit der Fotos geeignet sind. Man möchte dabei natürlich vermeiden, dass der Soundtrack zwar zu dem Hauptteil der Fotos passt, aber zu einigen davon gar nicht. Man sucht vielmehr den Mittelweg, also einen Soundtrack, der gut zu allen Fotos passt. PICASSO ist auch auf Videos anwendbar. Dabei wird das Video als Reihe von Bildern interpretiert, für die dann ein Soundtrack empfohlen wird.



Bildschirmfotos der iPhone App PicasSound

Es existiert bereits eine kostenlose Anwendung, namens PicasSound, für iPhones sowie Android basierte Smartphones. Damit können Fotos aufgenommen werden oder man kann aus bestehenden Fotos auswählen. PICASSO schlägt dann die zehn geeignetsten Musikstücke, die sich auf dem Smartphone befinden, vor. Sie können direkt abgespielt werden. ...



KONTAKT

Sebastian Michel

ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme

Telefon +49 681 302-70803

Email smichel@mmci.uni-saarland.de



Aleksandar Stupar

ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme

Telefon +49 681 302-70807

Email astupar@mmci.uni-saarland.de

Internet <http://picasso.mmci.uni-saarland.de/demo/>

MULTIMODALE INFORMATION

Die Menge aber auch die Wichtigkeit multimodaler Daten ist in den letzten Jahren geradezu explodiert. Deshalb wird Forschung zur Handhabung solcher Daten immer wichtiger. Diese reicht von der Modellierung über die Indizierung bis hin zum Verstehen multimodaler Sensordaten. Das Max-Planck-Institut für Informatik trägt dieser Entwicklung Rechnung und verfolgt einige der interessantesten Fragestellungen in diesem Gebiet.

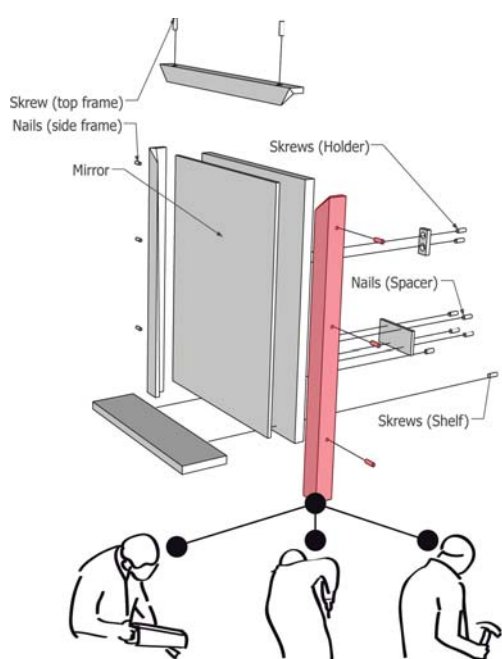
Sensoren wie Kameras, Mikrophone, GPS und Beschleunigungssensoren werden immer häufiger in Geräte und Umgebungen eingebettet und sind uns heute schon auf vielfältige Weise nützlich. Die rechnergestützte Verarbeitung der Sensorinformation hat enorme Fortschritte erzielt, ist aber in aller Regel auf einfache Sachverhalte beschränkt. Das bedeutet insbesondere, dass Geräte und Computer, die Zugriff auf multimodale Sensorinformation haben, diese nicht vollständig interpretieren und somit ihre Umgebung nicht wirklich verstehen können.

Im Folgenden werden zwei Arbeitsbereiche vorgestellt, die unterschiedliche Probleme der multimodalen Sensorverarbeitung adressieren. Der erste Bereich beschäftigt sich mit der automatischen Verarbeitung von Musikdaten. Ein zentrales Thema ist hierbei das effiziente Auffinden einzelner Audioausschnitte oder anderer Musikfragmente in großen Musikdatenbeständen. Die erforschten Verfahren sind nicht nur für die Bearbeitung von Suchanfragen verwendbar, sondern auch zur inhaltsbasierten Musikanalyse. Unter anderem geht es hier um die Erkennung und Verlinkung semantischer Bezüge in verschiedenen Versionen unterschiedlicher Modalitäten eines Musikstückes.

Ein zweiter Bereich erforscht die Verwendung von tragbaren Sensoren, wie sie heute schon in Handys, Uhren oder auch in Kleidungsstücken zu finden sind. Hierbei liegt der Fokus auf dem Erfassen und Verstehen des Kontextes der Person. Dieser spielt eine entscheidende Rolle bei der Mensch-Computer-Interaktion. Die Kontexterfassung kann natürliche Kommunikation ermöglichen, zum Beispiel mit Robotern, die die Ziele des Benutzers verstehen und zum richtigen Zeitpunkt Unterstützung bieten. Die hier beschriebenen Arbeiten konzentrieren sich auf eine bestimmte Art des Kontextes: die Erkennung menschlicher Aktivitäten. ...

Erkennung menschlicher Aktivitäten 68

Wissensbasierte Quellentrennung für Musiksignale 69



ANALYSE VON
BILDERN & VIDEOS

BIOINFORMATIK

GARANTIEN

INFORMATIONSSUCHE
& DIGITALES WISSEN

MULTIMODALE
INFORMATION

OPTIMIERUNG

SOFTWARE

VISUALISIERUNG

Erkennung menschlicher Aktivitäten

Erkennung menschlicher Aktivitäten mit tragbaren Sensoren

Das Erfassen und Verstehen des Kontexts eines Benutzers spielt eine entscheidende Rolle bei der Mensch-Computer-Interaktion. Diese kann natürliche Kommunikation ermöglichen, zum Beispiel mit Robotern, die die Ziele des Benutzers verstehen und zum richtigen Zeitpunkt Unterstützung bieten. In unserer Arbeit konzentrieren wir uns auf eine bestimmte Art von Kontext: die Erkennung menschlicher Aktivitäten.

Bei der Erkennung von kurzen und individuellen Aktivitäten, wie zum Beispiel dem Händeschütteln oder Laufen konnten bereits beeindruckende Fortschritte erzielt werden. Dagegen sind komplexere menschliche Aktivitäten, die mehrere Minuten oder Stunden dauern können und typischerweise aus einer Reihe von Subaktivitäten bestehen, wie zum Beispiel die Morgenroutine oder eine Montageaufgabe, bisher weitaus weniger adressiert worden. In unserer Forschungsgruppe untersuchen wir verschiedene Aspekte bei der Erkennung komplexer menschlicher Aktivitäten.

Erfassung von Bewegungsdaten zu menschlichen Aktivitäten

Am Körper angebrachte, tragbare Sensoren können Aktivitäten direkt aus der Ich-Perspektive zu jeder Zeit und an jedem Ort erfassen. Angesichts der Fortschritte in der Mikrotechnologie sind kostengünstige Sensoren bereits heute weit verbreitet und in Uhren, Handys oder sogar Kleidungsstücken zu finden. Bewegungsdaten können dann erfasst und analysiert werden, um die Aktivitäten mithilfe von Techniken des maschinellen Lernens zu verstehen.

Zusammengesetzte Aktivitäten: Entdecken und Kombinieren relevanter Subaktivitäten

Im Allgemeinen ist nicht die bloße Abfolge individueller Aktivitäten interessant, sondern vielmehr das übergeordnete Ziel, das durch kombinierte Subaktivitäten erreicht werden soll. Da eine zusammengesetzte Aktivität neben den

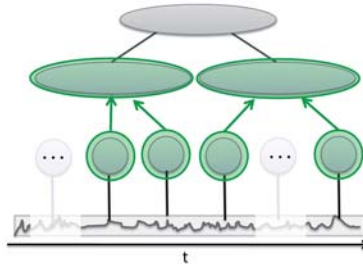


Abbildung 1: Relevante Teile zusammengesetzter Aktivitäten

relevanten Subaktivitäten auch irrelevante Aktivitäten enthalten kann, kann die Beobachtung aller auftretenden Subaktivitäten suboptimal sein und die Erkennung verwirren. Viele zusammengesetzte Aktivitäten können bereits durch eine Untermenge an diskriminativen Subaktivitäten erkannt werden [Abbildung 1]. So kann beispielsweise das *Mittagessen* durch das *Gehen zu einer bestimmten Tageszeit* charakterisiert werden, ohne die eigentliche Aktivität des *Essens* zu beobachten. In einer Diskriminanzanalyse haben wir beobachtet, dass ein überraschend kleiner Bruchteil relevanter Subaktivitäten ausreichen kann, um die zusammengesetzte Aktivität zu erkennen.

Hierarchisches Modell für zusammengesetzte Aktivitäten

Aktivitäten als Hierarchie betrachtet, bringt Vorteile mit sich. Beim Umsetzen einer Bauanleitung für einen Spiegel [Abbildung 2] besteht eine Aufgabe darin, den Rahmen zu befestigen. Diese scheinbar einfache Aufgabe setzt sich aus mehreren Schritten zusammen, die von verschiedenen Nutzern niemals exakt reproduziert wird: Zusammengesetzte Aktivitäten können unterbrochen werden, die Dauer kann sehr unterschiedlich sein und deren Subaktivitäten können in verschiedener Reihenfolge erfolgen.

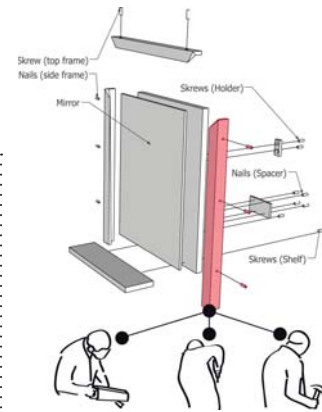


Abbildung 2: Zusammengesetzte Aktivität für eine Konstruktionsaufgabe

Die Verwendung der gleichen Ansätze wie bei der Erkennung individueller Aktivitäten ist suboptimal, da diese eine große Menge an Trainingsdaten benötigen. Daher schlagen wir ein hierarchisches Modell vor, das relevante Subaktivitäten erkennt und verbindet, um zusammengesetzte Aktivitäten in ähnlicher Weise zu erkennen, wie man auch Buchstaben zu Worten verbindet. Experimente zeigen überlegene Leistungen im Vergleich zu Standardansätzen, die zur Erkennung von individuellen Aktivitäten verwendet werden.



Zusammengesetzte Aktivitäten und Wissenstransfer

Subaktivitäten, die in verschiedenen Aktivitäten vorkommen, können ähnlich zu einem Vokabular wiederverwendet werden. Durch Übertragung gemeinsam verwendeter Subaktivitäten können dann neue zusammengesetzte Aktivitäten mit minimalen Trainingsdaten gelernt werden. ...

KONTAKT

Ulf Blanke

ABT. 2 Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung

Telefon +49 681 9325-2000

Email blanke@mpi-inf.mpg.de

Bernt Schiele

ABT. 2 Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung

Telefon +49 681 9325-2000

Email schiele@mpi-inf.mpg.de



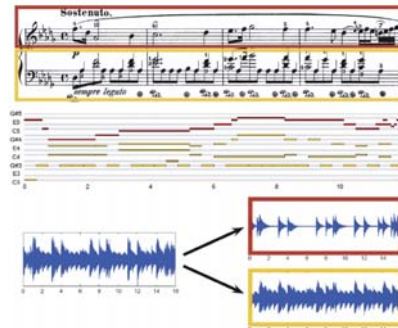
Wissensbasierte Quellentrennung für Musiksignale

Die Zerlegung von überlagerten Schallquellen in ihre Einzelbestandteile, auch als Quellentrennung („*Source Separation*“) bekannt, stellt eine der zentralen Fragestellungen der digitalen Audio-signalverarbeitung dar. Im Bereich der digitalen Sprachsignalverarbeitung geht es z. B. darum, aus einer Audioaufnahme mit mehreren gleichzeitig redenden Sprechern, die einzelnen Sprachsignale zu rekonstruieren.

Auch im Bereich der Musiksignalverarbeitung gibt es zahlreiche verwandte Fragestellungen, die häufig unter dem Begriff der *Quellentrennung* subsumiert werden. Hierbei entsprechen den Quellen gewisse Melodie- oder Instrumentalstimmen, die es aus einem polyphonen Klanggemisch herauszutrennen gilt. Viele Verfahren zur Quellentrennung basieren auf Annahmen wie dem Vorliegen mehrerer Audiokanäle, z. B. mehrere Mikrophone signale aufgenommen aus verschiedenen Richtungen, oder der statistischen Unabhängigkeit der Quellensignale. Im Fall von Musikaufnahmen sind diese Annahmen allerdings häufig nicht gegeben. Zum einen liegen Musikaufnahmen oft nur in Mono (ein Kanal) oder in Stereo (zwei Kanäle) vor. Zum anderen sind die verschiedenen musikalischen Quellen einer Aufnahme in keinsten Weise unabhängig. Ganz im Gegenteil, Instrumentalstimmen in polyphonen Musikaufnahmen sind typischerweise stark korreliert: Sie teilen dieselben Harmonien, folgen denselben melodischen Linien und Rhythmen und interagieren miteinander. Dies macht die Rekonstruktion von musikalischen Stimmen aus einem polyphonen Klanggemisch zu einem äußerst schwierigen und im Allgemeinen auch unlös**baren** Problem.

Bei der Zerlegung von Musiksignalen werden daher häufig spezifische musikalische Eigenschaften und weiteres Zusatzwissen genutzt. Zum Beispiel zeichnet sich die Melodiestimme häufig durch Dominanz in der Lautstärke und zeitliche Kontinuität aus, was ihre Extraktion wesentlich erleichtern kann. Weiterhin wird bei der Trennung der Bassstimme ausgenutzt, dass es sich hierbei meist um die tiefste Stimme handelt. Die Extraktion der Schlagzeugspur lässt sich insbesondere dann gut bewerkstelligen, wenn die anderen Quellen vorwiegend von harmonischer Natur sind. Hierbei wird ausgenutzt, dass perkussive Elemente (*vertikale spektrale Strukturen*) sich grundsätzlich von harmonischen Elementen (*horizontale spektrale Strukturen*) unterscheiden. Weiterhin lässt sich eine Singstimme häufig von den anderen Begleitstimmen dadurch abgrenzen, dass sie ein starkes Vibrato und Gleiteffekte aufweist.

In den letzten Jahren wurden auch verstärkt multimodale Strategien der Quellentrennung entwickelt, bei denen die Kenntnis des Notentexts ausgenutzt wird („*Score-Informed Source Separation*“). Neuere Ansätze zeigen, dass sich mittels dieser Zusatzinformation auch stark überlappende Quellen zu einem gewissen Grad trennen lassen. Weiterhin lassen sich über die Notenschrift die zu trennenden Stimmen leicht spezifizieren und dann auf die Audiodomäne übertragen. Die Strategie einer informierten Quellentrennung setzt allerdings voraus, dass der Notentext synchronisiert zu den Audiodaten vorliegt. Die automatisierte Berechnung einer zeitlich hochauflösenden Synchronisation stellt allerdings für sich schon ein schwieriges Forschungsproblem dar. ...



Multimodale Strategie zur Quellentrennung. Die Spezifikation der zu trennenden Stimmen (z.B. hier die linke und die rechte Hand von Chopins Prélude Nr. 15 „Regentropfen“) erfolgt über eine Notentextdarstellung (oben). Eine Audioaufnahme zu demselben Stück kann dann in die entsprechenden Spuren zerlegt werden (unten). Die Synchronisation von Notentext und Audioaufnahme erfolgt über eine MIDI Darstellung (Mitte).



Benutzeroberfläche zur Spezifikation von Notengruppen, die dann in entsprechenden Audioaufnahmen verstärkt, abgeschwächt, oder anderweitig modifiziert werden können.



KONTAKT

Meinard Müller

ABT. 4 Computergrafik

Telefon +49 681 9325-4005

Email meinard@mpi-inf.mpg.de

OPTIMIERUNG

Optimierungsverfahren sind heutzutage von zentraler Bedeutung für die Effektivität von Unternehmen. Sie werden zum Beispiel eingesetzt, um den Bedarf an teuren Ressourcen wie Arbeit oder Rohstoffen einzusparen. Die Herausforderung an die Wissenschaft ist es, effektive Verfahren zum Lösen von Optimierungsproblemen zu entwickeln. Mit Hilfe dieser Verfahren sollen sich schnell optimale Lösungen finden lassen oder zumindest solche, die nahe am Optimum liegen.

Gute Optimierungsverfahren sind in verschiedensten Bereichen von zentraler Bedeutung. Bei großen Unternehmen haben sie einen entscheidenden Einfluss auf die Wettbewerbsfähigkeit. Durch sorgfältige Planung können in Industrieprojekten oft große Mengen an Ressourcen eingespart werden, was zu geringeren Kosten führt. Allerdings sind solche Planungsprobleme meist sehr komplex und haben viele unterschiedliche Anforderungen zu berücksichtigen. Das macht es für den Computer schwer, optimale oder zumindest sehr gute Lösungen zu finden.

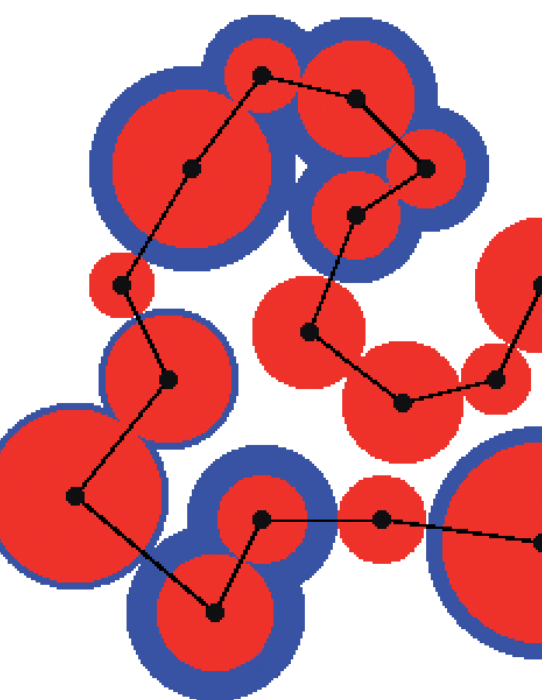
Am Max-Planck-Institut für Informatik beschäftigen wir uns mit schwierigen Optimierungsproblemen aus verschiedensten Anwendungsbereichen wie der industriellen Optimierung oder der Medizin. Zum einen entwickeln wir ausgefeilte Verfahren, um höchst effizient optimale Lösungen zu finden. Ist das zugrunde liegende Problem zu schwierig,

um eine optimale Lösung schnell zu berechnen, entwickeln wir Verfahren, die zumindest eine Lösung finden, die nahe am Optimum liegt. Außerdem erforschen wir, in welcher Weise die Verwendung von Zufallsentscheidungen zu effektiveren und einfacheren Optimierungsverfahren führen kann. Hierbei betrachten wir auch Verfahren, welche durch Optimierungsprozesse in der Natur inspiriert sind. Solche Verfahren ermöglichen es oft, eine gute Lösung für ein gegebenes Problem ohne viel Entwicklungsaufwand zu erzielen.

Da die Optimierung in sehr vielen verschiedenen Bereichen eine wesentliche Rolle spielt, untersuchen Wissenschaftler aus allen Forschungsgebieten des Instituts Optimierungsprobleme. Optimierung ist heutzutage ein wesentlicher Schlüssel zur effizienten Gestaltung von Planungsabläufen. Diese Bedeutung wird auch in Zukunft weiter zunehmen. ...

BEITRÄGE

| | |
|---|----|
| Approximationsalgorithmen für schwere Optimierungsprobleme | 72 |
| Theorie der biologisch inspirierten Algorithmen | 73 |
| Das Traveling Salesman-Problem | 74 |
| Regelbasierte Produktkonfiguration | 75 |



ANALYSE VON
BILDERN & VIDEOS

BIOINFORMATIK

GARANTIEN

INFORMATIONSSUCHE
& DIGITALES WISSEN

MULTIMODALE
INFORMATION

OPTIMIERUNG

SOFTWARE

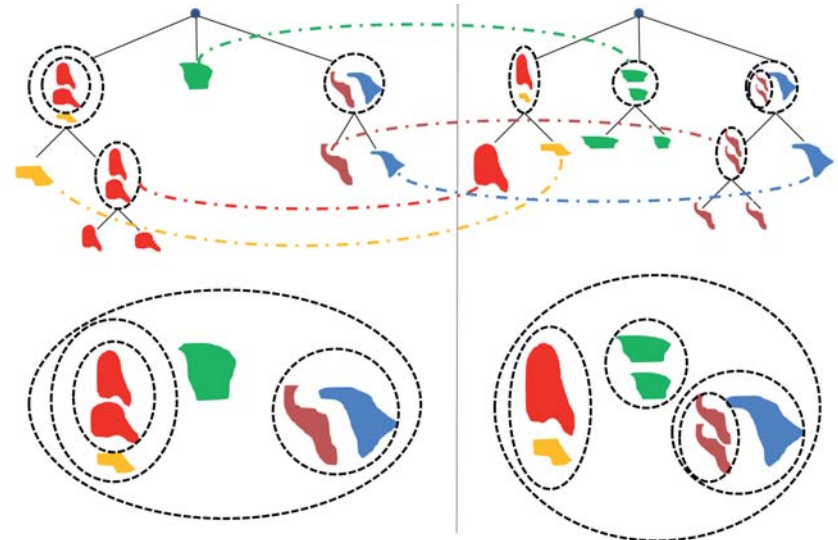
VISUALISIERUNG

Approximationsalgorithmen für schwere Optimierungsprobleme

Eine der grundlegenden Methoden zum Umgang mit NP-schweren Optimierungsproblemen ist der Entwurf von Algorithmen mit polynomineller Laufzeit, welche eine Lösung finden, die vom Optimum beweisbar nicht weit entfernt ist. Man bezeichnet einen Algorithmus als x -Approximationsalgorithmus für ein Maximierungs- (oder Minimierungs-) Problem, wenn er in polynomieller Zeit in Größe der Eingabe läuft und eine Lösung ausgibt, deren Zielwert von der optimalen Lösung höchstens um einen Faktor x abweicht. In diesem allgemeinen Rahmen habe ich mich mit Problemen aus unterschiedlichen Bereichen beschäftigt, einschließlich Problemen auf Graphen, Computational Economics, algorithmischer Geometrie und mathematischer Programmierung. Ein Beispiel dafür werde ich im Folgenden erläutern.

Matching von Videobildern lebender Zellen

In Zusammenarbeit mit Stefan Canzar, Gunnar W. Klau und Julian Mestre betrachteten wir ein Problem, das in natürlicher Weise bei der rechnergestützten Analyse von Videodaten lebender Zellen auftaucht. Die Untersuchung der Zellbeweglichkeit mit Hilfe von Videodaten lebender Zellen fördert das Verständnis wichtiger biologischer Prozesse, wie z.B. die Wundheilung oder die Wirksamkeit von Medikamenten und Immunantworten. Auf Segmentierung basierende Methoden zum Zelltracking verfolgen normalerweise einen zweistufigen Ansatz: Das Ziel des ersten Nachweisschritts ist die separate Identifizierung der einzelnen Zellen in jedem Bild des Videos. In einem zweiten Schritt erfolgt die Verbindung aufeinanderfolgender Bilder und damit das *Tracking* einer Zelle, durch Zuordnung von in einem Bild erkannten Zellen zu im nächsten Bild erkannten



Beispiel eines gültigen Matchings zwischen Segmentmengen von zwei Videobildern

Zellen. Jedoch führen ein beschränkter Kontrast und Störungen in der Videosequenz oft zu *Übersegmentierung* in der ersten Stufe: eine einzelne Zelle besteht aus mehreren Segmenten. Eine der Hauptherausforderungen in diesem Bereich der Anwendung besteht daher in der Fähigkeit die biologische Zellteilung von Übersegmentierung zu unterscheiden.

Ein Lösungsansatz besteht in der Abstimmung von Segmentmengen zwischen benachbarten Bildern, wo die Segmentmengen aus einer hierarchischen Clustering-Prozedur entstehen. Eine Illustration hierfür findet sich in der Abbildung, welche das hierarchische Clustering von zwei aufeinanderfolgenden Videobildern darstellt. Ein Matching hier bedeutet, dass eine Segmentmenge in einem bestimmten Level der Hierarchie in einem Videobild mit einer Segmentmenge in dem anderen Videobild identifiziert wird. Da Segmentmengen, die verschiedene Zellen im gleichen Bild darstellen, disjunkt sein müssen, können keine zwei

Knoten auf einem Pfad von Wurzel bis Blatt gleichzeitig gematcht werden. In der Abbildung ist ein solches gültiges Matching mithilfe der gestrichelten Linie exemplarisch dargestellt. Typischerweise weist man jedem Paar von Segmentmengen (eins von dem ersten und das andere von dem zweiten Videobild) ein nicht-negatives Gewicht zu, das die Wahrscheinlichkeit widerspiegelt, mit der dieses Paar die gleiche Zelle repräsentiert. Das Ziel ist ein gültiges Matching zwischen den Segmentmengen der beiden Videobilder zu finden, welches die Summe der Gewichte maximiert.

Während das Problem ursprünglich aus dem Bereich „*Computational Biology*“ stammt, haben wir es in Bezug auf seine Approximierbarkeit studiert. Als erstes zeigten wir, dass das Problem NP-schwer ist; wir haben sogar gezeigt, dass es eine konstante Zahl $x > 1$ gibt, so dass es NP-schwer ist, eine x -Approximation zu finden. Auf der anderen Seite konnten wir einen 2-Approximationsalgorithmus für dieses Problem konstruieren. ...



KONTAKT

Khaled Elbassioni

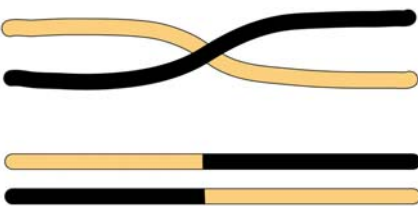
ABT. 1 Algorithmen und Komplexität

Telefon +49 681 9325-1007

Email elbassio@mpi-inf.mpg.de

Theorie der biologisch inspirierten Algorithmen

Biologisch inspirierte Algorithmen sind allgemeine Suchalgorithmen, die vielfältig von Ingenieurwissenschaften und im Bereich der kombinatorischen Optimierung eingesetzt werden. Als Beispiel für solche Algorithmen gelten Evolutionäre Algorithmen (EAs). Der klassische Entscheidungsprozess resultiert aus dem Evolutionsmodell und dem darwinschen Prinzip, dass nur der am besten Angepasste überlebt. In Abhängigkeit von diesem natürlichen Evolutionsprinzip wird eine einzelne mögliche Lösung *Individuum* und eine Gruppe solcher möglichen Lösungen *Population* genannt. Mit Hilfe einer sogenannten Fitnessfunktion, die von den gegebenen Problemen abhängt, werden die Lösungen ausgewertet. Eine Nachfolgepopulation kann aus der Vorgängerpopulation nach biologischen Prinzipien erzeugt werden. Dies geschieht mit Hilfe der sogenannten Variationsoperatoren, in denen das genetische Material der Eltern von den Kindern geerbt wird. Die in diesem Fall wichtigsten Operatoren sind Kreuzung und Mutation. Bei der Kreuzung entsteht in der Regel ein Kind von zwei Erwachsenen, während die Mutation ein Kind mit neuen Eigenschaften ausstattet [siehe Abbildung]. Von der ersten Population an besteht das Ziel für das gegebene Problem darin, viele möglichst gute Lösungen zu erhalten. Nach der Erzeugung der Nachkommen wird eine neue Vorgängerpopulation geschaffen, indem Individuen unter Eltern und Nachkommen ausgewählt werden. Dieser Prozess wird lange genug wiederholt, damit eine gute Lösung gefunden werden kann.



Kreuzung

Eine andere Art der biologisch inspirierten Algorithmen ist die Ameisenkolonie-Optimierung. Die Vorbilder hierfür sind die Orientierungs- und Kommunikationsmechanismen von Ameisen.

Diese Algorithmen bilden mehrere mögliche Lösungen eines gegebenen Problems bestehend aus unterschiedlichen Komponenten. Die an „guten“ Lösungen beteiligten Komponenten setzen mit Hilfe eines materiellen Stoffes sogenannte *Pheromone* aus und werden bei späteren Lösungen mit höherer Wahrscheinlichkeit genutzt. Dabei hoffen wir, eine optimale Lösung als Kombination aus vielen guten Komponenten zu entwickeln.

Biologisch inspirierte Algorithmen werden insbesondere dann verwendet, wenn für ein gegebenes (neues) Problem kein guter, problemspezifischer Algorithmus zur Verfügung steht. Daher kann nicht erwartet werden, dass diese Algorithmen einen speziell konstruierten Lösungsweg übertreffen können. Somit besteht das Ziel der Forschung nicht darin, zu zeigen, dass biologisch inspirierte Algorithmen die problemspezifischen Algorithmen übertreffen. Der Schwerpunkt liegt eher auf dem Verständnis der Arbeitsprinzipien dieses neuen Prozesses.

Forschungsschwerpunkt

Während biologisch inspirierte Algorithmen bereits in vielen Fällen erfolgreich eingesetzt wurden, steckt die theoretische Auseinandersetzung mit diesen Algorithmen, im Vergleich zum Verstehen der klassischen Algorithmen, nach wie vor in den Kinderschuhen.

Wir prüfen, ob mit biologisch inspirierten Suchprozessen spezifische Probleme gelöst werden können, und welche Strukturen bei der Verwendung gut bzw. schlecht sind. Dabei liegt der Hauptfokus auf der benötigten Zeit, die

ein Algorithmus braucht, um die optimale Lösung für ein gegebenes Problem, zu finden. Da die biologisch inspirierten Algorithmen eine besondere Klasse von stochastischen Algorithmen darstellen, können zahlreiche klassische Analysemethoden verwendet werden.

Wir konnten belegen, dass die biologisch inspirierten Methoden häufig gute Lösungen für wohlbekannte Probleme bieten können, ohne dabei das problemspezifische Wissen zu benutzen. Sie sind in der Lage, problemspezifische Algorithmen für eine weite Bandbreite von kombinatorischen Problemen zu imitieren. So gelang beispielsweise ein ausdrücklicher Beweis dafür, dass mit Hilfe von biologisch inspirierten Algorithmen die kürzeste Strecke zwischen allen Punkten eines gegebenen Graphs effektiv berechnet werden kann. Beispielhaft ist ebenfalls, dass EAs mit Rekombination und Mutation erwiesenermaßen Vorteile im Vergleich zu EAs zeigen, die nur die Mutation als Variationsoperator verwenden.

Andere Studien zeigen, dass die Verfahren zur Optimierung von biologisch inspirierten Algorithmen nach mehreren Kriterien zusätzliche Vorteile für die effiziente Suche bringen. Viele Optimierungsprobleme werden durch eine Zielfunktion vorgegeben, die durch viele Nebenbedingungen optimiert werden muss. Diese Nebenbedingungen werden als zusätzliche gleiche Zielfunktionen bei Mehrfach-Kriterien-Verfahren betrachtet. Dies verleiht der Suche nach Evolutionären Algorithmen zusätzliche Suchrichtungen, die zu effizienteren Prozessen mit unterschiedlichen Problemen der kombinatorischen Optimierung führen. ...



KONTAKT

Benjamin Doerr

ABT. 1 Algorithmen und Komplexität

Telefon +49 681 9325-1004

Email doerr@mpi-inf.mpg.de



Tobias Friedrich

ABT. 1 Algorithmen und Komplexität

Telefon +49 681 9325-1055

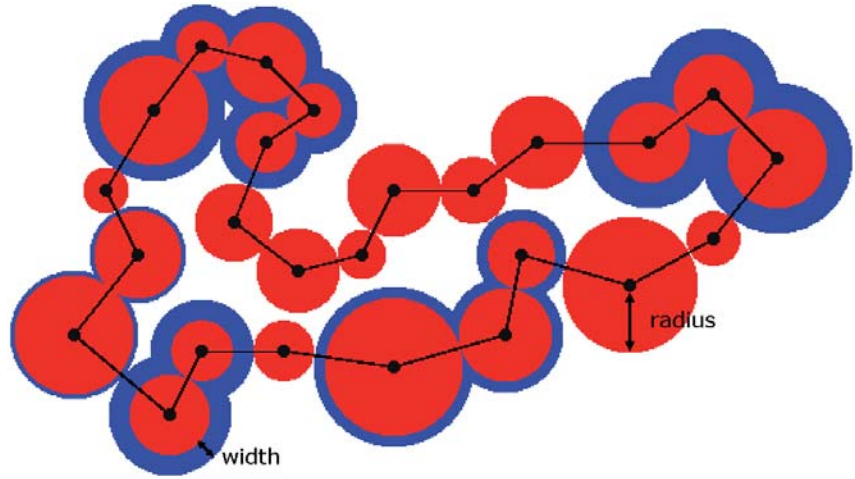
Email tfried@mpi-inf.mpg.de

Das Traveling Salesman-Problem

Das Traveling Salesman-Problem (TSP) (das Problem des Handlungsreisenden) ist möglicherweise das bekannteste Problem der kombinatorischen Optimierung. Das Ziel besteht darin, bei gegebenen Orten und Entfernungen zwischen diesen Orten eine kürzeste Route zu finden, die jeden Ort mindestens einmal besucht und die zum Ausgangspunkt zurückführt. Das Problem des Handlungsreisenden wird vielfältig im Bereich Transport und Logistik verwendet, kann aber auch der Chipherstellung dienen. Dort sind die Bohrlöcher die zu besuchenden „Orte“, und die Zeit stellt die Entfernung zwischen den Orten, die erforderlich ist, um den Bohrkopf von einem Bohrloch zum nächsten zu bewegen, dar.

Beim Traveling Salesman-Problem handelt es sich um ein NP-schweres Optimierungsproblem. Das bedeutet, dass die Laufzeit der uns für die optimale Lösung des Problems bekannten Algorithmen mit der Größe des Problems exponentiell wächst (weit verbreitet ist die Meinung, dass dieses Verhalten den Problemen inhärent ist). Nichtsdestotrotz wurde in den vergangenen Jahrzehnten ein bemerkenswerter Fortschritt bei der Lösung von TSP-Instanzen in der Praxis erreicht. Der Ausgangspunkt für die Lösung der TSP-Instanzen in der realen Welt besteht darin, eine untere Schranke für die Länge der optimalen Tour auszurechnen, die auch die Schranke der „Subtour LP“ genannt wird. Die Subtour LP liefert ausgezeichnete untere Schranken bei der Lösung von TSP-Problemen in der Praxis. Sie liegen 1–2% entfernt von der Länge der optimalen Tour. Allerdings ist der theoretisch schlechteste Fall der Subtour LP noch nicht ausreichend verstanden.

Der bekannte Christofides-Algorithmus führt immer zu einer Tour-Länge, die höchstens $3/2$ der Subtour LP beträgt. Das bedeutet, dass das Worst-Case-Verhältnis zwischen optimaler Tourlänge und der Schranke der Subtour LP höchstens $3/2$ beträgt. Es gibt aber auch Beispiele, die belegen, dass das Worst-Case-Verhältnis mindestens $4/3$



Darstellung einer unteren Schranke der Subtour LP. Der Wert der Subtour LP beträgt das Doppelte der Summe der Radien der roten Kreise plus das Doppelte der Breite der blauen Bereiche.
Quelle: <http://www.tsp.gatech.edu/>

ist, und eine seit langem bestehende Vermutung lautet, dass das Worst-Case-Verhältnis für alle Problemfälle tatsächlich genau $4/3$ beträgt.

Die Lösung dieser Vermutung würde nicht nur unsere wissenschaftliche Neugier stillen (denn es ist überraschend, dass ein derart gut erforschtes Problem immer noch so schlecht verstanden ist), es könnte uns auch zur ersten Verbesserung des dreißig Jahre alten Christofides-Algorithmus führen.

Meinen Co-Autoren David Williamson und Frans Schalekamp und mir gelang es vor kurzem, eine verwandte Ver-

mutung zu lösen: Angenommen wir verfügen über mehrere Handlungsreisende, die nicht notwendigerweise in demselben Ort starten müssen, aber zusammengekommen alle Orte besuchen müssen. Dann können wir zeigen, dass die Differenz zwischen der optimalen Lösung und der Schranke der Subtour LP maximal $10/9$ ist.

In unseren gegenwärtigen Forschungen versuchen wir, unsere Technik auszuweiten, um die Hauptvermutung zu lösen. Ein möglicher Ansatz, den wir zur Zeit verfolgen, ist die Betrachtung von eingeschränkten TSP-Instanzen, in denen jede Entfernung entweder 1 oder 2 ist. ...

KONTAKT

Anke van Zuylen

ABT. 1 Algorithmen und Komplexität

Telefon +49 681 9325-1035

Email anke@mpi-inf.mpg.de

Internet <http://www.mpi-inf.mpg.de/>

[departments/d1/areas/optimization.html](http://www.mpi-inf.mpg.de/departments/d1/areas/optimization.html)



Regelbasierte Produktkonfiguration

Das Prinzip von Produktlinien spielt in der heutigen Industrie und Wirtschaft eine große Rolle. Hierbei werden verschiedene Produkte basierend auf einer möglichst hohen Anzahl gleicher Bauteile zusammengefasst und gemeinsam designed, entwickelt und produziert. Ein typisches Beispiel ist die konzerninterne Herstellung verschiedener Automobilmodelle auf einer gemeinsamen Basis. Ein aktuell gerne praktizierter Ansatz zur Beschreibung von Produktlinien ist die Verwendung von Regeln: Sie geben an, welche Bauteile in einem bestimmten Kontext oder nach einer expliziten Vorauswahl von Bauteilen zu einem Gesamtprodukt konfiguriert werden können. Kontexte können zum Beispiel zeitlicher oder technischer Natur sein.

Ein Beispiel für eine Bauteilauswahl bei einem Auto wäre die Wahl einer Farbe, die eines Motors oder eines Ausstattungsdetails wie einer Klimaanlage. Ein zeitlicher Kontext wäre ein bestimmtes Bau- oder Modelljahr, ein technischer Kontext könnte eine Obergrenze für den CO₂-Ausstoß oder das Gesamtgewicht sein. Die Regeln selbst beschreiben dann Abhängigkeiten zwischen den Bauteilen und Kontexten: Ein starker Motor bedingt durch die mögliche Erzielung hoher Geschwindigkeiten bestimmte Radkombinationen, während die Anhängerzugvorrichtung schwache Motoren ausschließt. Diese Wechselwirkungen stellen so genannte Wenn-Dann-Regeln dar, die dann durch Entscheidungen des Benutzers dieses Regelsystems aktiv werden. Im Rahmen unserer Forschung interessieren wir uns für eine formale Beschreibung und Verifikation solcher Regelsysteme. Bei vielen der sich heute bereits im Einsatz befindlichen Systeme liegt die Herausforderung aber nicht darin, das Regelsystem zu erstellen, sondern wichtige globale Eigenschaften wie Widerspruchsfreiheit zuzusichern.

Der oben beschriebene Regelansatz zeichnet sich insbesondere durch seine Flexibilität aus. Regeln lassen sich leicht auf die Art der zu konfigurierenden Produkte und die damit in Frage kommenden Bauteile und das jeweilige Anwendungsgebiet anpassen. Der gewünschte Detailgrad kann frei gewählt werden: So kann ein Produkt aus reiner Verkaufssicht oder aber bis zur letzten, einzelnen Schraube betrachtet werden. Der Ansatz kann auch zur Beschreibung von aus Einzelmodulen komponierten Produkten angewendet werden. Neben der Automobilindustrie sind zum Beispiel auch Anwendungen für Softwareprodukte, die sich aus einzelnen Bausteinen zusammensetzen, möglich. Produktionsanlagen, die aus einer Abfolge von Einzelanlagen bestehen, oder die Komposition von Geschäftsangeboten aus einzelnen Dokumentteilen, lassen sich ebenfalls mit Hilfe von Regelsystemen beschreiben.

Während auf der Anwendungsseite bereits vielversprechende Erfahrungen mit Regelsystemen gesammelt wurden, ist eine entsprechende Formalisierung, d. h. eine explizite und konsistente Erfassung eines regelbasierten Systems in eine Sprache der Logik, noch ein Thema der Grundlagenforschung. Die Formalisierung ist aber eine Voraussetzung zur Zusicherung globaler Eigenschaften. Zu diesen wichtigen Eigenschaften gehören Konsistenz, d. h. Widerspruchsfreiheit des Regelsystems, oder die Eindeutigkeit der berechneten Resultate. Weitere Beispiele für Eigenschaften sind die globale

Anzahl der möglichen Produkte aus einer Produktlinie unter Vorauswahl von Bauteilen oder Kontexten, Optimalitätseigenschaften von Produkten wie minimale Herstellungskosten, oder die Erkennung von Bauteilen, die zu keinem Produkt (mehr) beitragen.

Die aktuelle Forschung umfasst die Analyse vorliegender regelbasierter Systeme, die Entwicklung einer geeigneten formalen Sprache und den Ausbau automatischer Methoden zur Berechnung von Eigenschaften. ...



KONTAKT

Ching Hoo Tang

FG. 1 Automatisierung der Logik

Telefon +49 681 9325-2919

Email chtang@mpi-inf.mpg.de



Christoph Weidenbach

FG. 1 Automatisierung der Logik

Telefon +49 681 9325-2900

Email weidenbach@mpi-inf.mpg.de

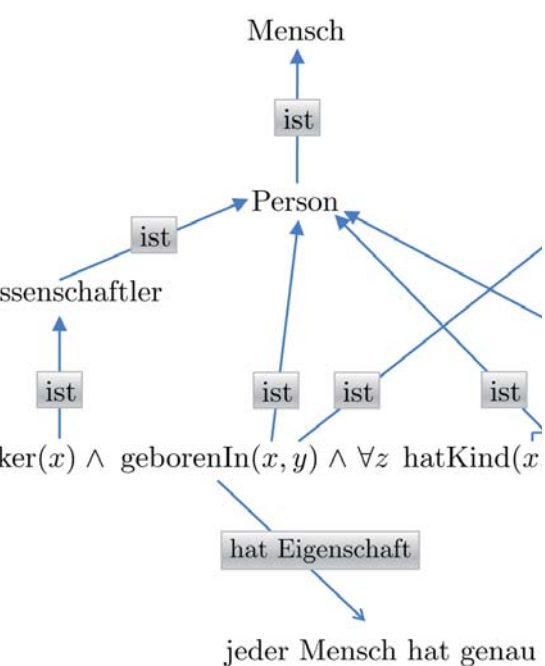
SOFTWARE

Informatik ist einerseits eine Grundlagenwissenschaft, die sich mit universellen Berechnungs- und Problemlösungsmethoden und deren fundamentalen Eigenschaften wie Korrektheit und Komplexität beschäftigt. Andererseits hat sie auch den Charakter einer Ingenieurwissenschaft und lebt von den vielfältigen Berührungspunkten mit verschiedensten Anwendungen. Die Entwicklung von Software erfüllt in diesem Kontext viele Funktionen. Sie ist Grundlagenforschungsgegenstand, Resultat der Umsetzung neuer Ergebnisse der Grundlagenforschung, als auch die ingenieurmäßige Realisierung einer Spezifikation zur Lösung eines konkreten Anwendungsproblems. Somit ist Software inhärenter Bestandteil und Bindeglied der Informatikforschung.

Am Max-Planck-Institut für Informatik wird diese Philosophie seit der Gründung des Instituts mit großem Erfolg umgesetzt. Alle Abteilungen und Gruppen arbeiten daran, die Ergebnisse ihrer Grundlagenforschung in praxisrelevante Softwaresysteme umzusetzen und für Wissenschaft und Industrie verfügbar zu machen. Es gibt eine beachtliche Anzahl am Institut entwickelter Softwaresysteme aus allen Abteilungen und Gruppen, die ihren Weg in die Wissenschaftsgemeinde gefunden haben und an vielen Orten der Welt für Forschungsarbeiten verwendet werden. Dabei handelt es sich überwiegend um kostenfreie Open-Source-Software. In einigen Fällen wurden aber auch Startup-Firmen gegründet, die die Software industriell weiterentwickeln und vertreiben.

Die geschickte Umsetzung mathematischer Modelle und Algorithmen in lauffähige Software ist wie bereits erwähnt ein wichtiger Forschungsgegenstand. Algorithmen, die abstrakt sehr gute, mathematisch analysierbare Laufzeit- und Speicherplatzeigenschaften haben, so genannte asymptotische Komplexitätsmaße, sind in der Implementierung auf modernen Rechnern und gerade auf den aktuell immer wichtiger werdenden verteilten Mehrprozessor- und Cluster-Systemen nicht automatisch effizient. Eigenschaften der Kommunikation, Prozessoren, Speicher und Festplatten sowie die Charakteristika realer Daten müssen im Engineering geeignet berücksichtigt werden, um einsatztaugliche Softwaresysteme zu erstellen. Gelingt die Erstellung eines Softwaresystems für ein neu entwickeltes Verfahren, so liefert das System wiederum wertvolle Hinweise auf relevante Spezialfälle oder sinnvolle Generalisierungen des behandelten Problems oder der verwendeten Methoden.

Die Artikel zum Forschungsschwerpunkt Software sind ein Querschnitt durch unsere Aktivitäten. Dieses Jahr ist unser Schwerpunkt die Erweiterung der syntaktischen Suchmöglichkeiten im World Wide Web (WWW) um semantische Information. Die Artikel „*TopX 2.0 – effiziente Suche in digitalen Bibliotheken*“ und „*RDF-3X – schnelle Suche auf semantischen Daten*“ beschreiben zwei Softwarelösungen zu diesem Thema. Der Artikel „*Entscheidungsverfahren für Ontologien*“ hat die semantische Struktur von Information selbst als Gegenstand und beschreibt eine logikbasierte Software zur Beantwortung von komplexen Suchanfragen.



TopX 2.0 – effiziente Suche in digitalen Bibliotheken 78

RDF-3X – schnelle Suche auf semantischen Daten 79

Entscheidungsverfahren für Ontologien 80

ANALYSE VON
BILDERN & VIDEOS

BIOINFORMATIK

GARANTIEN

INFORMATIONSSUCHE
& DIGITALES WISSEN

MULTIMODALE
INFORMATION

OPTIMIERUNG

SOFTWARE

VISUALISIERUNG

TopX 2.0 – effiziente Suche in digitalen Bibliotheken

Volltextsuche in semistrukturierten Dokumenten

TopX ist eine Suchmaschine zur Volltextsuche in so genannten semistrukturierten Dokumenten, einem Datenformat, das zum Beispiel in digitalen Bibliotheken häufig zum Einsatz kommt. Diese Dokumente sind semistrukturiert, da sie semantische Annotationen und Strukturierungsmerkmale mit reichhaltigen Textpassagen in einem einheitlichen Format, dem bekannten XML-Format (*Extensible Markup Language*), repräsentieren. Insbesondere semantische Annotationen sind interessant für die Anfrageauswertung, da sie entscheidend dazu beitragen können, den textuellen Inhalt, der mit einer solchen Annotation gekennzeichnet wurde, zu disambiguieren und somit besser zu verstehen. So kann zum Beispiel die Anfrage „*Wer waren ehemalige Doktoranden von Max Planck, die selbst bekannte Wissenschaftler wurden?*“ in eine spezifische Pfadanfrage über einer entsprechenden Dokumentstruktur übersetzt werden:

```
//article[//person ftcontains „Max Planck“]
//doctoral_students/scientist
(gemäß XPath 2.0 Full-Text Standard)
```

Als Treffer dieser Anfrage über einem auf Wikipedia basierenden, annotierten Korpus können in diesem Fall direkte Verweise u.a. zu „*Gustav Ludwig Hertz*“ oder „*Erich Kretschmann*“ geliefert werden, die dann als kompakte Antworten mit weiterführenden Links, zum Beispiel zu deren Enzyklopädieeinträgen, angezeigt werden können.

Explorative Suche

Die Voraussetzung für eine erfolgreiche Anwendung dieser Anfragesprache ist allerdings eine genauere Kenntnis der Dokumentstruktur, des so genannten XML-Schemas, durch den Benutzer. Um den Benutzer in der Formulierung solcher Anfragen zu unterstützen, ermöglicht TopX zusätzlich eine explorative Form der Suche in digitalen Bibliotheken. Hier kann der Anwender der Suchmaschine über einfache Stichwortanfragen eine Dokumentensammlung mit anfangs

unbekanntem Schema erkunden, mehr über die enthaltenen Dokumente und deren Schema lernen und dabei schrittweise die Anfragen verfeinern. Die Expressivität der Anfragesprache (die die internationalen W3C-Standards XPath 2.0 und XQuery 1.0 Full-Text unterstützt) erlaubt dabei eine schrittweise Präzisierung der Anfragen. So kann der Benutzer zum Beispiel in einem auf Wikipedia-Artikeln basierenden Korpus mit einer reinen Stichwortsuche nach „*Max Planck*“ beginnen. Diese Anfrage würde (unter anderem) Links zu der Person „*Max Planck*“ als auch zur „*Max-Planck-Gesellschaft*“ unter den besten Treffern liefern. Eine einfache Verfeinerung der Anfrage unter Ausnutzung der Dokumentstruktur könnte dann folgendermaßen aussehen

```
//article[//person ftcontains „Max Planck“]
```

und würde der Suchmaschine mitteilen, Treffer zur Person „*Max Planck*“ zu bevorzugen.

Darüber hinaus können überspezifizierte Anfragen, die sonst zu keinem Treffer führen würden, dynamisch während der Anfrageauswertung relaxiert werden, während durch ontologie-basierte Anfrageexpansionen auch Treffer zu semantisch ähnlichen Konzepten gefunden werden können.

Effizienz und Skalierbarkeit

Weite Teile der Implementierung von TopX wurden über die letzten Jahre hinweg kontinuierlich verbessert und teilweise sogar vollkommen neu gestaltet. Insbesondere die interne Dokument-

indexierung von TopX wurde von der Verwendung eines Datenbanksystems auf eine völlig neu entwickelte, speziell für TopX optimierte Indexstruktur umgestellt. Diese neue Indexstruktur unterstützt hocheffiziente Formen der Indexkomprimierung und des verteilten Indexierens über mehrere Rechner (Cluster) hinweg, was maßgeblich zur Skalierbarkeit der Suchmaschine beiträgt. Unsere experimentellen Ergebnisse und die regelmäßige, sehr erfolgreiche Teilnahme an internationalen Benchmark-Wettbewerben untermauern die weltweit starke Position von TopX zur Informationssuche auf semistrukturierten Daten, die kommerzielle Produkte weit übertrifft.

Anwendungsspektrum und Open-Source Verfügbarkeit

TopX zielt sowohl auf die direkte Benutzeranwendung als auch auf die Integration mit anderen Systemen. Durch die Unterstützung des internationalen XQuery 2.0 Full-Text Standards bietet TopX nun auch die Möglichkeit, Konzepte aus imperativen Programmiersprachen, wie beispielsweise Schleifen oder Fallunterscheidungen, bei der Formulierung von Anfragen zu unterstützen, was die Verwendbarkeit von TopX mit automatisch generierten Anfragen erweitert.

Der ursprüngliche Prototyp von TopX ist bereits seit 2006 als Open-Source Paket frei verfügbar. Eine entsprechende Open-Source Veröffentlichung der aktuellen TopX 2.0 Version mit Unterstützung verteilter Indexstrukturen, inkrementeller Indexaktualisierung sowie der Volltextsuche gemäß des XQuery 2.0 Full-Text Standards ist zur Zeit in Vorbereitung. ...



KONTAKT

Martin Theobald

ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme

Telefon +49 681 9325-5007

Email martin.theobald@mpi-inf.mpg.de

RDF-3X – schnelle Suche auf semantischen Daten

Semantische Daten

RDF-3X ist ein Datenbanksystem zur Verwaltung und Suche auf semantischen Daten, also Daten die Informationen über Beziehungen zwischen Objekten enthalten. Solche Beziehungen sind allgegenwärtig. Ein Buch hat beispielsweise einen oder mehrere Autoren, ein Protein nimmt an bestimmten Reaktionen teil und ein Benutzer von Web 2.0 Webseiten hat Verknüpfungen zu seinen Freunden. Diese Beziehungen zwischen Dingen – oder abstrakter: Entitäten – bilden zusammen mit den Entitäten selbst eine Netz- oder Graphstruktur. Durch eine zugehörige formale Semantik werden die Datengraphen zu semantischen Netzen, d. h. Netzen in denen automatisiert Schlüsse gezogen werden können.

Ein Datenformat, das speziell für graphstrukturierte Daten entworfen wurde, ist das *Resource Description Framework (RDF)*. Eine RDF-Datensammlung besteht aus Tripeln, die jeweils einer Kante und dem zugehörigen Knotenpaar im Datengraphen entsprechen. Ein Tripel besteht in RDF-Schreibweise aus Subjekt, Prädikat und Objekt. Im Graph entspricht dies der mit „Prädikat“ beschrifteten Kante von Subjekt zu Objekt. Im Beispiel gibt es die Kante $\langle id1, geboren, 1859 \rangle$, die ausdrückt, dass das Subjekt „id1“ mit dem Namen Arthur Conan Doyle 1859 geboren wurde. Weitere Kanten wie $\langle id1, autorVon, id2 \rangle$, $\langle id1, geborenIn, Edinburgh \rangle$ und $\langle Edinburgh, liegtIn, Schottland \rangle$ geben an, dass das Objekt „id2“ von id1 geschrieben wurde, dass id1 in Edinburgh geboren ist und dass Edinburgh in Schottland liegt.

Suche in RDF-Graphen

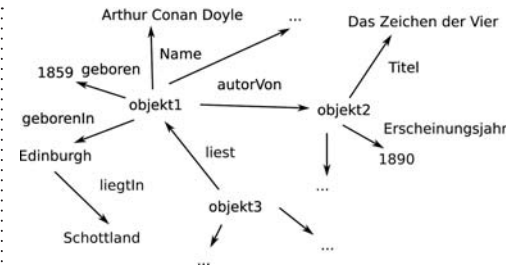
Auch komplexe Zusammenhänge lassen sich durch diese Art von Verweisen relativ einfach formulieren. Die Einfachheit und Flexibilität, die durch die Graphstruktur der Daten erreicht wird, führt allerdings dazu, dass die Suche in RDF relativ aufwändig ist. Suchanfragen werden normalerweise in einer Anfragesprache wie zum Beispiel SPARQL formuliert und beschreiben ein Muster, das in den Daten gesucht werden soll. Wenn man

beispielsweise die Titel von Büchern schottischer Autoren sucht, kann man das mit folgenden Tripel-Mustern beschreiben:

```
?autor <geborenIn> ?stadt
?stadt <liegtIn> Schottland
?autor <autorVon> ?buch
?buch <Titel> ?titel
```

Die mit Fragezeichen beginnenden Teile sind jeweils Variablen, deren Werte vom Datenbanksystem bestimmt werden müssen. Die Teile in spitzen Klammern sind vom Benutzer als Suchbedingung vorgegebene Werte. Um diese Anfrage zu beantworten, muss das Datenbanksystem also alle Tripel finden, die die Muster der Anfrage erfüllen. Da die Datengraphen sehr groß sind, kommen dabei aber für die einzelnen Teile viele Millionen Tripel in Frage, was eine effiziente Suche sehr schwierig macht.

Das von uns entwickelte Datenbanksystem RDF-3X (RDF Triples Express) geht diese Probleme auf mehreren Ebenen an. Zunächst einmal werden die Daten selbst geeignet gespeichert, damit einzelne Tripel-Muster effizient ausgewertet werden können. Wir haben dazu die Daten geschickt komprimiert und mit Suchbäumen indexiert, so dass jedes beliebige Tripel-Muster sehr schnell ausgewertet werden kann. Das allein reicht jedoch nicht aus, denn Benutzer sind meist an größeren Zusammenhängen interessiert und stellen deshalb Anfragen mit mehreren verknüpften Tripel-Mustern. Daher bilden wir solche zusammengesetzten Anfragen auf Ausführungsstrategien mit algebraischen Operatoren ab und wählen aus den verschiedenen Ausführungsalternativen diejenige aus, die voraussichtlich am schnellsten die Antworten zur Anfrage liefern kann. Mit Hilfen von statistischen Modellen werden die verschiedenen Alternativen be-



Beispielgraph für RDF-Daten

wertet und dann die effizienteste Alternative ausgewählt. Für die Beispielanfrage müsste man etwa schätzen, ob es mehr Autoren oder mehr Städte gibt und wie sich dies auf die Laufzeit der Ausführung auswirkt. Eine sorgfältige Auswahl der Ausführungsstrategie kann die Anfrageverarbeitung oft um einen Faktor 10 oder mehr beschleunigen.

Effizienz und Skalierbarkeit

Die Suche in semantischen Daten ist schon bei relativ kleinen Graphen schwierig, da die Graphen häufig keine bekannte Struktur aufweisen (d. h. keinem Schema genügen). Trotzdem war uns wichtig, dass RDF-3X nicht nur auf kleinen Daten, sondern auch auf sehr großen Datensätzen mit Milliarden von Kanten effizient funktioniert. Ein großes Problem ist dabei auch, solche großen Daten zu aktualisieren, d. h. neue Daten einzufügen und gegebenenfalls alte zu entfernen, ohne dabei die ganze Datenbank anhalten zu müssen. Im Lauf der Zeit haben wir deshalb zahlreiche Techniken wie *Sideways Information Passing* und *Triple Versioning* in RDF-3X eingebaut, um zu solchen Datengrößen zu skalieren. In experimentellen Vergleichen mit anderen Systemen schneidet RDF-3X regelmäßig hervorragend ab. Gerade bei komplexen Anfragen mit vielen Tripel-Mustern ist RDF-3X häufig weit schneller als andere Systeme. ...



KONTAKT

Thomas Neumann

ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme

Telefon +49 681 9325-5007

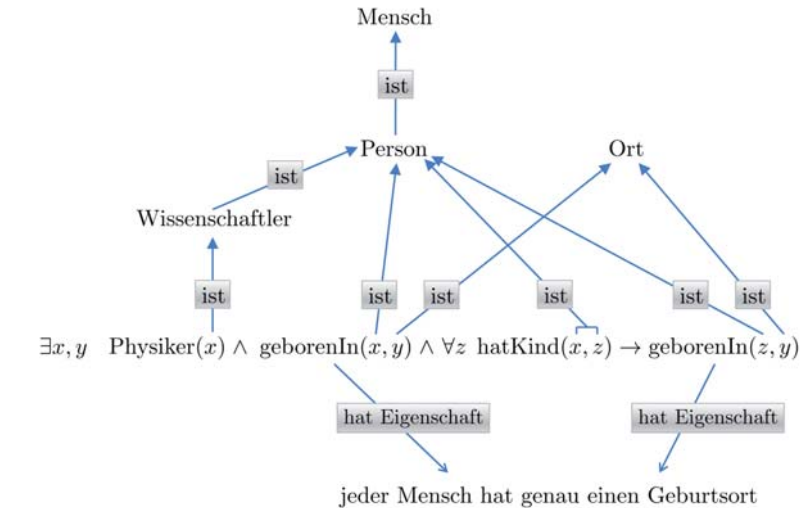
Email neumann@mpi-inf.mpg.de

Entscheidungsverfahren für Ontologien

Die Antworten auf viele Fragen lassen sich heute bereits mit Hilfe von Suchmaschinen im Internet finden. Allerdings erlauben diese Suchmaschinen nur eine rein syntaktische Suche anhand von Schlüsselwörtern. Aus der Anfrage „Welcher Physiker ist dort geboren, wo alle seine Kinder geboren sind?“ extrahiert ein Internetsuchdienst die Schlüsselwörter „Physiker“, „Kind“, „alle“ und „geboren“ und liefert als Ergebnis Dokumente, die diese Schlüsselwörter enthalten. Die Wörter der Anfrage müssen in den gefundenen Dokumenten exakt vorkommen. Auf die obige Anfrage bekommt man eine Fülle von Dokumenten, die die extrahierten Schlüsselwörter enthalten, aber typischerweise nicht das gesuchte Ergebnis. Eine Umformulierung der Frage kann zwar zum gewünschten Ergebnis führen, das eigentliche Problem liegt aber darin, dass heutige Suchmaschinen die Bedeutung der Informationen in den Dokumenten und der Anfrage nicht kennen, sondern nur rein syntaktisch mit den Wörtern, also den Zeichenketten, arbeiten.

Damit die Bedeutung von Wörtern und Sätzen und das damit transportierte Wissen von einem Computer verarbeitet und verstanden werden kann, muss dieses Wissen explizit und nutzbar gemacht werden. Für obiges Beispiel handelt es sich bei solchem Wissen um die Tatsache, dass Physiker und Kinder Menschen sind und man nur an einem Ort geboren sein kann. Die Aggregation allgemeinen Wissens dieser Art heißt Ontologie. Bestimmte Ontologien können automatisch erstellt werden. Ein Beispiel für eine automatisch generierte Ontologie ist YAGO (siehe „YAGO – eine digitale Wissenssammlung“, Seite 62).

Eine Herausforderung besteht aktuell darin, all die Fragen, die sich mit Hilfe des in einer Ontologie verankerten Wissens beantworten lassen, in kurzer Zeit zu beantworten. Dazu ist es zunächst notwendig, die Ontologie in eine geeignete Sprache, eine so genannte beschreibende Logik, zu überführen. Eine in Logik übersetzte Ontologie hat die Eigenschaft, dass der Computer mit Hilfe geeigneter Methoden alles herlei-



ten kann, was sich aus der Ontologie schließen läßt. Um auf diese Weise effektiv Fragen beantworten zu können, wird die Ontologie zunächst kompiliert: Sie wird in eine kompakte Darstellung aller notwendigen logischen Konsequenzen überführt, die frei von Widersprüchen ist. Mit Hilfe dieser Darstellung kann der Computer effizient Antworten auf Fragen finden, die aus der ursprünglichen Ontologie folgen. Allerdings sind die zur Kompilation notwendigen Operationen im ungünstigsten Fall sehr rechenintensiv. Die bisher dafür bekannten Verfahren liefern auf Ontologien mit mehreren zehn Millionen Einträgen keine Antworten in akzeptabler Zeit. Die Operationen auf die Struktur von Ontologien so abzustimmen, dass eine effiziente Kompilation möglich ist, ist die Herausforderung, die es zu bewältigen gilt, um effektive Entscheidungsverfahren zu erhalten. Gegenwärtig kompilieren unsere Verfahren Ontologien mit bis zu zehn Millionen Einträgen in etwa einer Stunde. Basierend auf der kompilierten Darstel-

lung der Ontologie können Anfragen dann sehr effizient beantwortet werden.

Die oben genannte Anfrage beinhaltet darüber hinaus die Struktur einer so genannten Quantorenalternierung: „es gibt (Physiker) – für alle (Kinder)“. Anfragen mit solch einer Struktur sind im Allgemeinen besonders aufwendig zu beantworten. Mit unserem neuen Ansatz lassen sich prinzipiell beliebige Verschachtelungen solcher Quantorenalternierungen effizient bearbeiten. Bei der Frage „Hat jeder deutsche Physiker mindestens einen Vorfahren, der auch Naturwissenschaftler war?“ handelt es sich zum Beispiel um eine „für alle – es gibt“ Anfrage. Ein weiteres Beispiel für eine Anfrage mit einer Quantorenalternierung ist die Frage nach dem ersten deutschen Kanzler: „Gibt es einen deutschen Kanzler, so dass alle deutschen Kanzler nicht seine Vorgänger sind?“. All diese Anfragen beantworten unsere Verfahren bereits heute auf einer kompilierten Ontologie in weniger als einer Sekunde. ...



KONTAKT

Christoph Weidenbach

FG. 1 Automatisierung der Logik

Telefon +49 681 9325-2900

Email weidenbach@mpi-inf.mpg.de



Patrick Wischnewski

FG. 1 Automatisierung der Logik

Telefon +49 681 9325-2908

Email wischnew@mpi-inf.mpg.de

VISUALISIERUNG

Bilder sind der schnellste Zugang zum menschlichen Bewusstsein. Algorithmen zur geeigneten Visualisierung digitaler Informationen spielen daher in der Informatik eine herausragende Rolle. Die Anforderungen an diese Visualisierungsalgorithmen sind aber dramatisch gestiegen: Immer realistischer und schneller müssen künstliche und natürliche Welten dargestellt werden – in Flugsimulatoren, chirurgischen Operationsplanungssystemen, Computerspielen oder bei der Abbildung großer Datenmengen in den Natur- und Ingenieurwissenschaften.

Die Basis qualitativ hochwertiger computergenerierter Bilder sind akkurate Szenenmodelle. Am Max-Planck-Institut für Informatik entwickeln wir Verfahren zur Rekonstruktion dynamischer Szenen. Dies gewinnt immer mehr an Bedeutung und findet viele Anwendungen in der Computeranimation sowie in den Bereichen 3D-TV und 3D-Video (siehe hierzu auch die Forschungsberichte aus dem Bereich *Analyse von Bildern und Videos*).

Auch die Rekonstruktion statistischer Modelle von bestimmten Objektkategorien, wie Gesichtern oder menschlichen Körpern, aus 3D-Scans ist Gegenstand unserer Forschung. Diese Modelle ermöglichen es uns zum einen die Bewegung des Gesichts oder des Körpers zu simulieren, zum anderen kann aber auch eine sich verändernde Gesichts- oder Körperform simuliert werden, beispielsweise nach einer Erhöhung des Gewichts. Die Lösungen vieler Probleme in der Bildverarbeitung, der Computeranimation und der 3D-Bewegungsmessung werden durch diese Modelle dramatisch vereinfacht. Die statistische Analyse von 3D-Geometrie ermöglicht es auch grundlegende Ähnlichkeiten und Symmetrien zwischen verschiedenen 3D-Modellen sowie innerhalb eines einzelnen 3D-Modells zu entdecken. Man kann auf diese Weise die grundlegenden Bausteine von 3D-Formen erkennen und daraus Regeln ableiten, wie vollautomatisch neue Versionen dieser Formen erstellt werden könnten.

Um die Modelle virtueller Welten naturgetreu erscheinen zu lassen, entwickeln wir auch neue Methoden zur Simulation der Lichtausbreitung in Szenen, der so genannten globalen Beleuchtung. Ein Fokus liegt hierbei auf der Entwicklung von Echtzeit-Algorithmen.

Die durch die Bildsynthese oder durch Bildaufnahme entstandenen Bilder umfassen typischerweise einen Helligkeitsbereich (Dynamik), der nahe an die reale Welt heran reicht. In unserer Arbeit befassen wir uns mit Algorithmen zur Bildverarbeitung auf solchen High Dynamic Range Bildern (HDR) sowie Methoden zu deren Darstellung auf Standarddisplays. Zudem erforschen wir Methoden, die auf der Modellierung menschlicher Wahrnehmung basieren, um die Darstellungsqualität auf neuartigen Stereodisplays zu verbessern.

Darüber hinaus stellen auch Fotografien und Videos Formen visueller Medien dar. Diese sind sowohl ästhetisch ansprechend als auch wichtige Instrumente der Datenanalyse. Wir arbeiten daher an neuen optischen Systemen für Kameras und entwickeln die klassische Kamera zu einem Berechnungsinstrument weiter, das aus einzelnen Bildern weit mehr Informationen extrahieren kann als reine Lichtintensitäten, wie zum Beispiel 3D-Geometrie.

Bildgebungsverfahren (oder Renderingverfahren) spielen auch bei der visuellen Auswertung komplexer Datensätze eine immer wichtigere Rolle. Solche Daten fallen in vielen Bereichen der Wissenschaft und in praktischen Anwendungen an, zum Beispiel bei der Wettersimulation, der Strömungssimulation oder in der statistischen Analyse gesellschaftlicher Entwicklungen. Am Max-Planck-Institut für Informatik entwickeln wir daher Methoden, um solche komplexen Datensätze so darzustellen, dass wichtige Zusammenhänge und Effekte in den Daten erkannt werden können. ...



Verbesserung von Stereo- und HDR-Bildern:

Modelle und Techniken 84

Fortschrittliches Echtzeit-Rendering 85

Rechnergestützte Fotografie 86

Statistische Modelle von Menschen 87

Korrespondenzen und Symmetrien in 3D-Szenen 88

Analyse von Strömungen 89

ANALYSE VON
BILDERN & VIDEOS

BIOINFORMATIK

GARANTIEN

INFORMATIONSSUCHE
& DIGITALES WISSEN

MULTIMODALE
INFORMATION

OPTIMIERUNG

SOFTWARE

VISUALISIERUNG

Verbesserung von Stereo- und HDR-Bildern: Modelle und Techniken

Computermodelle menschlicher Wahrnehmung

Für die Visualisierung steht immer der Mensch und seine visuelle Wahrnehmung am Ende einer Kette von Verarbeitungsschritten. Zu deren optimaler Ausgestaltung ist ein möglichst komplettes und korrektes Modell der menschlichen visuellen Wahrnehmung notwendig. Während die Sinnesphysiologie zahlreiche theoretische Modelle kennt, sind diese in der Praxis oftmals nicht anwendbar. Dies hat zwei Gründe: Erstens gehen sie auf zu stark vereinfachte Annahmen zurück, die auf reale Fragestellungen kaum übertragbar sind. Zweitens sind sie oft nur passive Beschreibungen physiologischer Gesetzmäßigkeiten. Die Herausforderung unserer Arbeit liegt darin, konkrete Verarbeitungsschritte für den Computer zu finden, die effizient und zuverlässig die menschliche Wahrnehmung komplexer Inhalte, wie 2D- und 3D-Bilder oder Filme, vorhersagen können und gleichzeitig deren Darstellung verbessern.

Die Berechnung des wahrgenommenen Unterschieds zwischen zwei Filmsequenzen ist ein solches von uns entwickeltes Verfahren. Aufbauend auf physiologischen Modellen berechnet das Verfahren aus der Stärke, der Größe und den Veränderungen visueller Muster in beiden Eingaben eine dritte Bildsequenz. In dieser wird sichtbar, ob die Unterschiede der Eingabe erkennbar sind, und wenn ja, wie stark. Es kann erstaunlich

sein, wie stark der perzeptuelle Unterschied von einem naiv numerischen, berechneten Wert abweicht. Der Ansatz kann verwendet werden, um Video-Kompressionsverfahren oder Rendering-Verfahren zu steuern oder zu vergleichen.

In einem weiteren unserer Verfahren wird der Unterschied zwischen zwei Stereobildern berechnet. Unsere Arbeit geht hier über die verfügbaren sinnesphysiologischen Modelle hinaus: In Nutzerstudien wurde zunächst ein Modell für Stereowahrnehmung entwickelt. Dieses beschreibt erstmals, wie stark der Tiefeneindruck einer Fläche mit Strukturen einer bestimmten Frequenz und Amplitude für den Menschen ist. Ausgehend von diesem Modell wurde ein Verfahren entwickelt, das den wahrnehmbaren Unterschied zwischen zwei Stereo-Bildern misst. Dieses findet Anwendung in der Komprimierung und Manipulation von Stereobildern. Auch die Darstellung eines Inhalts auf sehr verschiedenen Ausgabegeräten profitiert von unserem Ansatz: Würden beispielsweise Stereo-Bilder, die für eine Kinoleinwand konzipiert sind, ohne Änderung auf dem wesentlich kleineren Display eines Smartphones dargestellt werden, wäre der Raumeindruck gestört oder es würde zu einer Überanstrengung der Augen kommen.

Unsere Verfahren erlauben weiterhin, über die Bewertung existierender Informationen hinaus die Darstellung von Inhalten zu verbessern. Ist z. B. berechnen

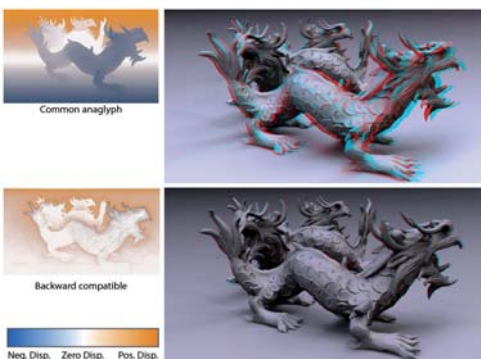
HER PARENTS' STRIFE, THE FEARFUL PASSAGE OF THEIR DEATH MARK'D LOVE,
HIGH, BUT THEIR CHILDREN'S END, NOUGHT COULD REMOVE, IS NOW THE TWO
TH PATIENT EARS ATTEND, WHAT HERE SHALL MISS, OUR TOIL SHALL STRIVE
UR VERONA, WHERE WE LAY OUR SCENE, FROM ANCIENT GRUDGE BREAK TO RI
CLEAR, FROM FORTH THE FATAL LOINS OF THESE TWO FOES A PAIR OF STAR
ADVENTURED PITEOUS OVERTHROWS DO WITH THEIR DEATH BURY THEIR PAI
ATH MARK'D LOVE, AND THE CONTINUANCE OF THEIR PARENTS' RAGE, WHICH
NOW THE TWO HOUSES' TRAFFIC OF OUR STAGE; THE WHICH IF YOU WITH PATI
ALL STRIVE TO BLEND TWO HOUSEHOLDS, BOTH WARE IN DIGNITY, IN FAIR VER
RUDGE BREAK TO NEW UNITY, WHERE CIVIL BLOOD MAKES CIVIL HANDS UNCI
YES A PAIR OF STAR-CROSS'D LOVERS TAKE THEIR LIFE; WHOLE MISADVENTUR
EDD HABENT'S STAGE: THE LEADER: DARRAGE OF THEIR DEATH MARK'D LOVE



Einer unserer Ansätze filtert ein bewegtes Bild, so dass Einzelbilder (1-3, unten links) detaillierter auf die menschliche Retina abgebildet werden, als bei herkömmlichen Verfahren (Rechts).

bar, wie das Auge ein bewegtes Original-Bild verarbeiten wird, kann man ein Bildschirm-Bild bei der Darstellung derart verändern, dass der Sinnesindruck dem Original am nächsten kommt. Solche Ansätze erlauben, bewegte Bilder auf einem Monitor schärfer erscheinen zu lassen, als eigentlich physikalisch möglich ist, Körpern einen Stereo-Eindruck zu geben, obwohl fast keine Tiefeninformation dargestellt wird oder Farben heller wirken zu lassen, als der Monitor physikalisch ermöglicht.

Zusammen mit ähnlichen von uns entwickelten Verfahren für die Modellierung der Wahrnehmung von Bildern und Videos mit hohem Kontrast (HDR), Blendeffekten, Hell-Dunkel-Gradienten oder Farben wird ein zunehmend ganzheitliches Computer-Modell der menschlichen Wahrnehmung vorstellbar, das alle Inhalte auf allen Geräte für alle Nutzer optimal darstellt. ...



Ein herkömmliches anaglyphes Stereobild (Oben) enthält Farb-Artefakte. Mit unseren Ansätzen (Unten) können diese Artefakte reduziert werden, während ein Tiefeneindruck erhalten bleibt.



KONTAKT

Karol Myszkowski

ABT. 4 Computergrafik

Telefon +49 681 9325-4029

Email karol@mpi-inf.mpg.de

internet <http://www.mpi-inf.mpg.de/~karol>



Tobias Ritschel

ABT. 4 Computergrafik

Telefon +49 681 9325-4157

Email ritschel@mpi-inf.mpg.de

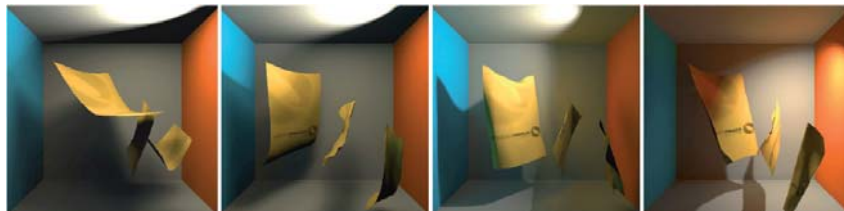
internet <http://www.mpi-inf.mpg.de/~ritschel>

Fortschrittliches Echtzeit-Rendering

Effiziente Simulation indirekter Beleuchtung

Die Erzeugung photo-realistischer Bilder durch den Computer (Rendering) ist die Basistechnologie verschiedener visueller Medien. In Kinofilmen zunächst nur für Spezialeffekte verwendet, sind ganze Filme, die nur am Rechner entstehen, heute selbstverständlich. Der für Kinofilme benötigte Realismus allerdings wird nur durch einen immensen Rechenaufwand, der mit hohen Kosten verbunden ist, ermöglicht. Beispielsweise werden zur Berechnung eines einzelnen Kinobilds typischerweise mehrere Stunden benötigt. Zugleich ist interaktives Echtzeit-Rendering aber ein Teil unseres Alltags: Von Computerspielen über Geovisualisierung wie Google Earth bis zum interaktiven Küchenplaner wird ein Bild zu einer Nutzereingabe (Interaktion) quasi instantan erzeugt. Um diese Geschwindigkeit zu erreichen, wurden zahlreiche vereinfachende Annahmen getroffen, die zur Entwicklung hochspezialisierter Grafikhardware (GPUs) geführt haben. Unsere Arbeit beschäftigt sich damit, die Lücke zwischen hochrealistischem Offline-Rendering und interaktivem Rendering zu schließen.

Im Speziellen erlauben unsere Verfahren erstmalig die interaktive Simulation indirekter Beleuchtung. Bei direkter Beleuchtung hat das Licht eine bestimmte Quelle, wird von einer Fläche reflektiert und trifft dann in das Auge. In der Natur allerdings, trifft diese Vereinfachung oftmals nicht zu. Zahlreiche visuelle Effekte, wie die Wirkung von Materialien oder das Verstehen räumlicher Anordnungen, sind nachweislich von indirekter Beleuchtung mitbestimmt. Um diese effizient zu berechnen, werden in unseren Verfahren ebenfalls vereinfachende Annahmen getroffen. Sie unterscheiden sich von klassischen numerischen Verfahren zur Berechnung indirekter Beleuchtung (Finite-Elemente Radiosity oder Raytracing) durch zwei Aspekte: erstens durch die Ausnutzung von Grafik-Hardware und zweitens durch das Einbeziehen von Annahmen über menschliche Betrachter.



Interaktive Simulation eines indirekt beleuchteten dynamischen Stück Stoffs

Um existierende, kommerzielle Grafikhardware voll auszunutzen, verwenden unsere Verfahren Kombinationen bereits existierender Funktionalität z. B. das Zeichnen von Punkten oder das Anwenden lokaler Bild-Filter. Diese Anwendungen werden in GPUs durch tausende parallele Kerne gleichzeitig ausgeführt: Gelingt es, diese Funktionalität zu nutzen, werden Qualität oder Geschwindigkeit um Größenordnungen verbessert. Unsere Verfahren erlauben insbesondere komplexe Lichtverteilungen und komplexe dynamische Geometrie in die Berechnung einzubeziehen.



Unsere Verfahren erzielen die Qualität einer Referenzlösung (links, Stunden) um Größenordnungen schneller (rechts, wenige Sekunden).

Um für Menschen wahrnehmbare Effekte zu berechnen, beziehen unsere Verfahren Kenntnisse über die menschliche visuelle Wahrnehmung mit ein und erweitern diese. Es ist beispielsweise für

indirekte Beleuchtung nicht vollständig bekannt, wie diese wahrgenommen wird und damit auch nicht, welche Vereinfachungen getroffen werden können. In Nutzer-Studien untersuchen wir, wie beispielsweise indirekte Schattenverläufe wahrgenommen werden, was uns erlaubt, die richtigen Vereinfachungen für deren Berechnung zu treffen.

Die (eigentlich lange bekannte) Idee, Berechnungen in einem Netzwerk (der „Cloud“) auszuführen und dann auf „Client“-Geräte wie Smartphones zu übertragen und darzustellen, ist auch auf Rendering anwendbar. Unsere Arbeiten zu Grafikhardware und menschlicher Wahrnehmung finden auch auf diese Probleme Anwendung. In einem von uns entwickelten System werden Berechnungen auf einem Server ausgeführt, deren Ergebnisse (3D-Information und Farben) dann so codiert werden, dass sichtbare Fehler minimiert werden. Dies ist möglich, indem beispielsweise Kanten der 3D- oder Farbinformation erhalten werden. Die Grafikhardware der Client-Seite kann dann verwendet werden, um aus diesen Informationen ein perzeptuell plausibles Bild zu extrapolieren. :::



KONTAKT

Karol Myszkowski

ABT. 4 Computergrafik

Telefon +49 681 9325-4029

Email karol@mpi-inf.mpg.de

internet <http://www.mpi-inf.mpg.de/~karol>



Tobias Ritschel

ABT. 4 Computergrafik

Telefon +49 681 9325-4157

Email ritschel@mpi-inf.mpg.de

internet <http://www.mpi-inf.mpg.de/~ritschel>

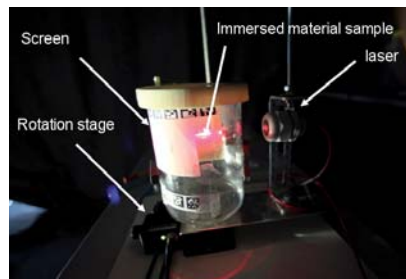
Rechnergestützte Fotografie

Die Verbreitung digitaler Kameras ist inzwischen so groß, dass diese universell zur Verfügung stehen. Der Kontext jedoch, indem sie eingesetzt werden entspricht immer noch der herkömmlichen Fotografie. Dabei haben moderne Kameras, bedingt durch ihren integrierten Prozessor und die direkte Signalwandlung auf dem Chip, erhebliche Vorteile gegenüber filmbasierten Kameras. Sowohl in der direkten Verarbeitung der Daten auf der Kamera als auch im Einsatz als Messgerät erweist sich die moderne Kamera als unentbehrlich. Das neuentstandene Fachgebiet „*Computational Photography*“, oder rechnergestützte Fotografie, beschäftigt sich mit der Frage wie herkömmliche Kameras durch rechen-technische Verfahren verbessert werden können. Unsere Arbeitsgruppe erforscht Algorithmen für den Einsatz digitaler Kameras in der Messtechnik die neuartige Anwendungsfelder, z. B. in der 3D-Rekonstruktion und im fotorealistischen Rendering, ermöglichen.

Vermessung der Reflektanzeigenschaften von Materialien unter allgemeinen Umweltbedingungen

Die genaue Darstellung kleinster Variationen im Erscheinungsbild von synthetisch generierten Abbildern realer Objekte ist von enormer Bedeutung für das Realismusempfinden künstlich generierter Darstellungen. Die Reflektanzeigenschaften von Materialien sind eine der wichtigsten Ursachen für die veränderliche Erscheinung von Objekten unter leicht unterschiedlichen Blickrichtungen. Ein Beispiel hierfür ist die Bewegung von Glanzlichtern auf polierten Oberflächen. Zwar existieren mathematische Modelle für die Beschreibung dieser Eigenschaften, die Parameter dieser Modelle sind jedoch schwierig manuell zu kontrollieren. Daher haben in den letzten Jahren Messverfahren für die Aufnahme

dieser Parameter von echten Materialien an Bedeutung gewonnen. In unseren Arbeiten haben wir die bisherigen Modelle entscheidend ergänzt. So ist von uns zum ersten Mal der Energietransfer gewisser Materialien vermessen worden. Bisherige Modelle arbeiten mit einer einzigen Reflektanzfunktion pro Farbkanal. In der Wirklichkeit treten jedoch oft Energieumwandlungsprozesse auf. So wandeln in Waschmitteln verwendete optische Aufheller, die so genannten „Weißmacher“, UV-Licht in sichtbares Licht um. Die Wäsche erscheint weißer als weiß. Zur genauen Beschreibung des Effekts war es notwendig ein neues mathematisches Modell und ein dazu korrespondierendes Messverfahren zu entwickeln. In einer anderen Arbeit wurde der Effekt des umgebenden Mediums auf die Reflektanzeigenschaften eines Materials untersucht. Es ist bekannt dass Objekte, z. B. im Wasser ein unterschiedliches Erscheinungsbild als an der Luft aufweisen. Um dieses Phänomen korrekt zu simulieren war es notwendig verschiedene Materialien in verschiedenen Medien zu vermessen. Dieses ermöglicht die Darstellung virtueller Objekte innerhalb unterschiedlicher Medien, wie Luft, Wasser und Öl.



Aufbau zur Vermessung des Reflektanzverhaltens unterschiedlicher Materialien innerhalb verschiedener Medien: Eine flache Probe wird in das Gefäß gegeben, welches daraufhin mit Flüssigkeiten verschiedenen Brechindizes aufgefüllt wird. Der Laser beleuchtet die Probe aus unterschiedlichen Richtungen. Die Reflektanz wird auf dem Schirm außerhalb des Zylinders gemessen.

Kaleidoskopische Kameras zur Erzeugung hemisphärischer Blickrichtungsverteilungen

Eine andere Anwendung neuartiger Kameratechnologien stellt die dreidimensionale Digitalisierung von Objekten dar. Die Digitalisierung, auch 3D-Scanning genannt, wird in immer größerem Umfang in der Messtechnik, Qualitätskontrolle, im Reverse Engineering, aber auch in der Unterhaltungsindustrie, hier vor allem in Filmproduktionen, eingesetzt. Ein grundlegendes Problem dieser Systeme stellt die fehlende Rundumsicht herkömmlicher Kameras dar: ein Objekt kann nur aus einer Perspektive auf einmal betrachtet werden. Daraus folgt dass eine Rundumdigitalisierung *dynamischer* Objekte nur mit dem erheblichen Aufwand von Mehrkamerasystemen möglich ist. Zusätzlich besteht ein direkter Zusammenhang zwischen Kameraanzahl und Digitalisierungsqualität, d. h., wie z. B. in der CT-Technologie, zahlt sich auch hier eine hohe Anzahl von Blickpunkten auf das Objekt durch robustere Digitalisierungsverfahren und erhöhte Geometriequalität aus. In unserer Gruppe wurde ein Verfahren entwickelt, das es ermöglicht mit Hilfe eines Spiegelsystems eine hohe Anzahl (> 200) von virtuellen Blickpunkten *gleichzeitig* mittels einer *einzigsten* Kamera aufzunehmen.

KONTAKT

Ivo Ihrke

ABT. 4 Computergrafik

Telefon +49 681 302-70756

Email ihrke@mpi-inf.mpg.de

internet <http://www.mpi-inf.mpg.de/departments/d4/areas/giana/>



Statistische Modelle von Menschen

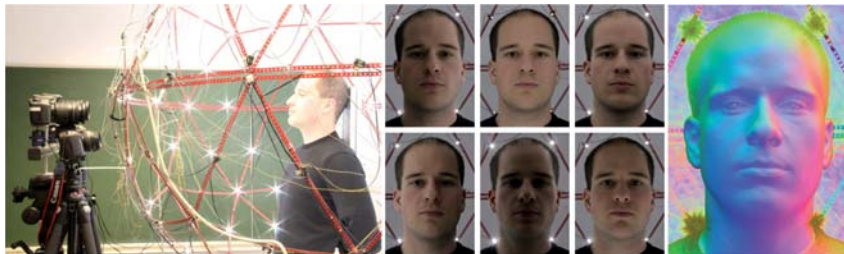


Abbildung 1 von links nach rechts: Proband in der Lightstage, Erfassung des Gesichts unter verschiedenen Beleuchtungsbedingungen, rekonstruierte Richtung der Oberflächennormalen (farbkodiert)

Statistische Gesichtsmodelle

Um die 3D-Geometrie eines Gesichts genau zu erfassen, wird am Institut eine so genannte Lightstage verwendet. Eine Lightstage ist eine Kugel auf der ca. 160 Lichtquellen angeordnet sind und in deren Mitte sich das Gesicht eines Probanden befindet [siehe Abbildung 1]. Diese Apparatur erlaubt es, das Gesicht unter verschiedenen Beleuchtungsbedingungen zu fotografieren, um dessen Eigenschaften sehr genau zu erfassen. So sind zum Beispiel in den 3D-Rekonstruktionen eines Gesichts einzelne Poren zu erkennen. Des Weiteren können die diffuse und spiegelnde Komponente des reflektierten Lichts, der Glanz der Haut oder die Stärke des in die Haut eingedrungenen Lichts erfasst werden.

Wir arbeiten derzeit daran, eine große Datenbank aufzubauen, die Gesichter enthält, die mit der Lightstage vermessen wurden. Um die Gesichtsausdrücke der Probanden zu erfassen, darf eine einzelne Messung in der Lightstage nur den Bruchteil einer Sekunde dauern, da es besonders bei angespannten Gesichtsausdrücken schwierig ist diese länger zu halten. Eine solche Messung stellt somit hohe Anforderungen an die verwendeten Hardwarekomponenten. Ziel des Projektes ist es, die Auflösung und Realitätsnähe unserer derzeitigen statistischen Gesichtsmodelle mit der neuen Datenbank stark zu verbessern. Die resultierenden Gesichtsmodelle und deren Mimik sollen auf den ersten Blick nicht mehr von ihren realen Vorbildern unterscheidbar sein. Anwendungen für solche Gesichtsanimationen gibt es u. a. im Internet, wo lebensechte virtuelle Mitarbeiter die Besucher einer Seite betreuen.

Die Verwendung eines statistischen Gesichtsmodells kann darüber hinaus die automatische Erfassung von Gesichtern in Videos verbessern, um z. B. einen Computer oder Roboter durch Gesichtsausdrücke zu steuern.

Statistische Körpermodelle

Ein detailliertes Modell des menschlichen Körpers ist in vielen Anwendungen der Bilderkennung und der Computergrafik von sehr großer Bedeutung, so zum Beispiel in der markerlosen Bewegungsmessung, der Mensch-Maschine-Interaktion oder der Computeranimation. Bisher verwendete Modelle bilden in der Regel nur die Geometrie und Bewegung einer bestimmten Person sehr genau ab. Die Notwendigkeit zur Erstellung eines personenspezifischen Modells verhindert es

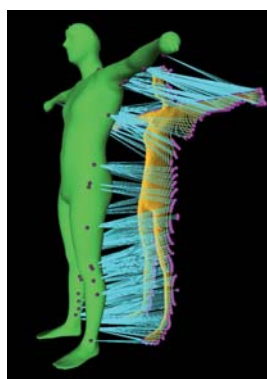


Abbildung 2: Mit Hilfe einer Tiefenkamera kann das statistische Körpermodell an eine beliebige Person angepasst werden, wodurch robuste Bewegungsmessung möglich wird.

allerdings, dass diese Bildverarbeitungsverfahren auf beliebige Personen angewendet werden können. Wir haben daher ein neues Körpermodell von Menschen entwickelt, welches durch zwei niedrigdimensionale Parameterräume beschrieben wird. Der erste Parameterraum bestimmt die Gelenkwinkel des menschlichen Skeletts und somit die Bewegung des Körpers. Die Hauptinnovation ist der zweite Raum, welcher die Kontrolle der Körperform und -konstitution durch wenige intuitive Parameter zulässt. Beispiele für solche Parameter sind: Gewicht, Körpergröße, Beinlänge, Hüftumfang, Muskularität etc. Das Modell wurde mit Hilfe eines maschinellen Lernverfahrens aus Laserscans von über 120 echten Personen beiderlei Geschlechts und verschiedenen Alters erzeugt. Es bildet daher nicht nur die Bewegungsfreiheit eines Menschen ab, sondern auch die Spannweite der Variabilität der Körperform in der Bevölkerung. Dieses neue Modell können wir an Bild- oder Videodaten anpassen und somit die Bewegung und die Konstitution einer bestimmten Person viel genauer messen. Mit Hilfe eines ebenfalls neu entwickelten Verfahrens, MovieReshape, können wir Bewegungen auch in 2D-Videostreamen, also normalen Filmen und Videos, aus einer einzigen Kameraperspektive messen. Nach Erfassung der Bewegung einer Person können nun ihre Körperformparameter verändert und auf die gesamte Videosequenz übertragen werden. Mittlerweile ist es auch möglich, das Körpermodell an die Bilddaten einer Tiefenkamera anzupassen, so dass eine viel genauere Messung der Körperbewegung in Echtzeit möglich wird [Abbildung 2].

KONTAKT

Christian Theobalt

ABT. 4 Computergrafik

Telefon +49 681 9325-4028

Email theobalt@mpi-inf.mpg.de



Thorsten Thormählen

ABT. 4 Computergrafik

Telefon +49 681 9325-4017

Email thormae@mpi-inf.mpg.de



Korrespondenzen und Symmetrien in 3D-Szenen

Korrespondenzen

Eines der wichtigsten Probleme der modernen Informatik ist das maschinelle *Verstehen* von *Strukturen* in Daten. Wir Menschen haben bemerkenswerte Fähigkeiten, Strukturen in den Sinneseindrücken unserer Umwelt zu erkennen. Offensichtlich sind Computer sehr weit von vergleichbaren kognitiven Fähigkeiten entfernt. Nichtsdestotrotz hat die maschinelle Strukturierung von Daten viele Vorteile: So macht es einer Maschine nichts aus, tagelang in riesigen Datenmengen zu suchen, und sie kann dabei extrem große Datenbestände durchforsten. Bemerkenswerte Strukturen auf dieser Skala sind für den Menschen oft nicht oder nicht so leicht sichtbar.

Unser Forschungsgebiet beschäftigt sich mit dem maschinellen „Verstehen“ von geometrischen Formen. Unser Ziel ist es, dem Computer beizubringen, zu einem gewissen Grade zu verstehen, wie geometrische Objekte strukturiert sind. Um uns diesem Fernziel zu nähern, haben wir uns in den letzten Jahren vor allem mit einem low-level-Problem beschäftigt, dem Etablieren von *Korrespondenzen*. Das Ziel ist es hier, festzustellen, ob zwei geometrische Objekte im Wesentlichen gleich sind, und falls ja, welche Paare von Punkten aus beiden Objekten einander entsprechen. Dieses Problem haben wir auf zwei Arten untersucht: Zum einen haben wir Modelle und Algorithmen entwickelt, um Korrespondenzen zwischen geometrischen Objekten zu berechnen. Zum anderen haben wir uns auch damit beschäftigt, die Struktur solcher Korrespondenzen zu analysieren, um so weitere Informationen über die Geometrie zu erhalten.

Korrespondenzprobleme und Symmetrie

Das Korrespondenzproblem kann in vielfältiger Weise dargestellt werden. Der erste Aspekt ist das Transformationsmodell: Welche Änderungen sind für ähnliche Formen akzeptabel? Das einfachste Modell erlaubt starre Transformationen (Rotation, Spiegelung, Verschiebung [Abbildung 1]), es ist aber auch

möglich, dass sich ein Objekt verformt hat und die Korrespondenzfindung dies tolerieren muss [Abbildung 2]. Ein noch allgemeineres Modell sind semantische Korrespondenzen: Hier lernt der Computer die statistische Abhängigkeit von Form und Funktion mit Hilfe von Verfahren aus dem maschinellen Lernen [Abbildung 3] aus wenigen Trainingsbeispielen. Ein zweiter Aspekt ist die Frage, ob Korrespondenzen nur zwischen Paaren von Objekten hergestellt werden sollen, oder auch innerhalb eines Objektes oder einer größeren Modellkollection. Letzteres Problem wird auch als *partielle Symmetrienerkennung* bezeichnet.

Anwendungen

Korrespondenzinformationen sind für viele Anwendungen ganz offensichtlich nützlich. Korrespondenzalgorithmen erlauben beispielsweise mehrere Scans eines Gebäudes (starre Transformationen) oder einer Person (deformierbares Modell) in einem Datensatz zusammenzuführen. Das Finden semantischer Symmetrien ist darüber hinaus hilfreich um z. B. große Geodatenbanken wie 3D-Stadtscans automatisch zu annotieren. Neben diesen direkten Anwendungen von Korrespondenzen ergeben sich weitere, weniger offensichtliche, aber mindestens eben so interessante Anwendungen, wenn man die Symmetriestruktur einer 3D-Szene analysiert: Symmetrien führen zu einer Zerlegung in Bausteine, die nun neu zusammengesetzt werden können um so automatisch neue Modelle zu erzeugen [Abbildung 4]. Auch das Editieren und Erzeugen von Modellvarianten kann stark vereinfacht werden, wenn Symmetrieeinformationen berücksichtigt werden. Solche Methoden sind hilfreich, um den Aufwand für das Erstellen neuer Modelle oder Varianten z. B. in Computerspielen zu erleichtern. ...

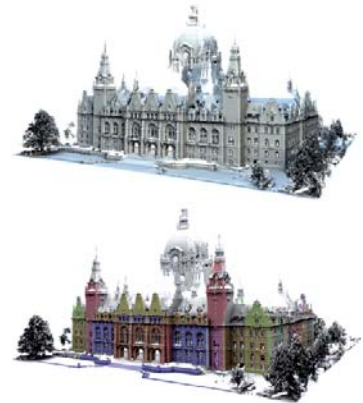


Abbildung 1: Partielle Symmetrienerkennung. Eine Punktwolke aus einem 3D-Laserscan wird automatisch in Bausteine zerlegt. Datensatz: IKG Hannover.

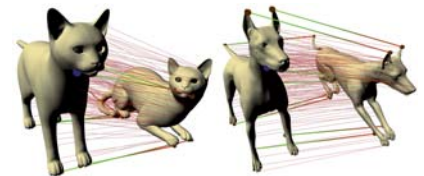


Abbildung 2: Automatisch berechnete Korrespondenzen zwischen deformierten 3D-Modellen in verschiedenen Posen. Datensatz: TOSCA Benchmark.



Abbildung 3: Semantische Korrespondenzen, die mit Hilfe maschinellen Lernens aus wenigen Beispielen abgeleitet wurden. Datensatz: IKG Hannover.



Abbildung 4: Sind die partiellen Symmetrien einer 3D-Szene bekannt, können Variationen durch das Neuzusammensetzen von Bausteinen automatisch erzeugt werden. Datensatz: IKG Hannover.

KONTAKT

Michael Wand

ABT. 4 Computergrafik

Telefon +49 681 9325-4008

Email mwand@mpi-inf.mpg.de

Internet <http://www.mpi-inf.mpg.de/statgeo/>



Analyse von Strömungen

Strömungen von Flüssigkeiten und Gasen sind in vielen technischen Prozessen von großem Interesse. So geht es beispielsweise bei der Entwicklung eines Kraftstoff sparenden Fahrzeuges unter anderem um die Verringerung des Luftwiderstandes. Dazu wird zunächst die Strömung um das Fahrzeug im Computer simuliert. In einer anschließenden Strömungsanalyse können dann Wirbel identifiziert werden, die häufig einen negativen Einfluss auf den Luftwiderstand haben. Ziel moderner Analyseverfahren ist die Erhöhung des physikalischen Verständnisses von einer Strömung, um Rückschlüsse auf nötige Veränderungen am Design eines Fahrzeuges zu ermöglichen.

Strömungsvisualisierung in der Praxis

Die Eigenschaften einer Strömung lassen sich anhand der Bewegung von Partikeln erklären. Ein Partikel bewegt sich mit der Strömung auf seiner so genannten *Bahnlinie*. Sie umfasst alle Punkte, an denen sich der Partikel im Laufe der Zeit befunden hat. In einem realen Experiment im Strömungslabor ist eine Bahnlinie jedoch nur schwer sichtbar zu machen, da ein einfaches Foto nur den momentanen Aufenthaltsort des Partikels wiedergeben kann. Deswegen werden andere *charakteristische Kurven* zur Visualisierung herangezogen: Eine *Streichlinie* besteht aus einer Vielzahl von Partikeln, die alle nacheinander vom selben Ort aus in die Strömung eingebracht wurden. Im Labor wird dazu fortwährend Rauch aus einer Düse geblasen, der sich dann mit der Strömung bewegt und somit die Streichlinie bildet. Eine weitere Möglichkeit zur Visualisierung ist eine *Zeitlinie*. Sie entsteht durch eine kurzzeitige Abgabe von Rauch entlang eines Schlitzes: Die anfangs gerade Rauchlinie wird durch die Strömung fortgetragen und in Wirbeln eingerollt. Dadurch werden interessante Strömungsmuster sichtbar.



Abbildung 1: Die Streichlinien in der Strömung hinter einem Zylinder stellen – im Gegensatz zu Bahnlinien – klar die Verwirbelungen in der Strömung dar.

Strömungsvisualisierung im Computer

Während sich in der Praxis Streich- und Zeitlinien einfach und Bahnlinien nur schwer sichtbar machen lassen, ist es in einer computergestützten Visualisierung genau umgekehrt. Es ist seit langem bekannt, dass sich Bahnlinien mathematisch mittels *gewöhnlicher Differentialgleichungen* ausdrücken lassen, für deren Lösung es Standardverfahren gibt. Zudem ermöglichen diese Gleichungen auch Rückschlüsse auf wichtige Eigenschaften von Bahnlinien. So lässt sich beispielsweise deren Krümmung ermitteln, ohne die Bahnlinien selbst berechnen zu müssen. Viele wichtige Verfahren der computergestützten Strömungsanalyse basieren auf der einfachen, aber leistungsfähigen Repräsentation von Bahnlinien mittels *gewöhnlicher Differentialgleichungen*. Zur Berechnung von Streich- und Zeitlinien gab es lange Zeit nur vergleichsweise aufwändige Algorithmen, die zudem keinen Rückschluss auf die inhärenten Eigenschaften der Linien boten. Zusammen mit unserem Kooperationspartner Prof. Dr. Holger Theisel von der Universität Magdeburg ist es uns gelungen, einen neuen mathematischen Ansatz zu entwickeln, der es erlaubt, Streich- und Zeitlinien mittels *gewöhnlicher Differentialgleichungen* auszudrücken. Diese Arbeit wurde mit dem *Best Paper Award* der jährlichen IEEE Visualization Konferenz ausgezeichnet.

Neue Möglichkeiten

Dadurch ergibt sich eine ganze Reihe von neuen Verfahren für die Strömungsanalyse, da die inhärenten Eigenschaften von Streich- und Zeitlinien erstmals mathematisch kompakt dargestellt werden können. Abbildung 2 zeigt beispielsweise eine so genannte *Wirbelkernlinie* im Zentrum sich rotierender Streichlinien. Derartige Wirbelkerne können nun erstmals auf Basis unseres neuen mathematischen Ansatzes berechnet werden und stellen eine wichtige Grundlage zur Identifikation von Wirbeln in Strömungen dar. Des Weiteren lassen sich Streich- und Zeitlinien in vielen Fällen mit dem neuen Ansatz wesentlich schneller berechnen. Die 5000 Streichlinien in Abbildung 1 wurden mit dem neuen Verfahren in knapp einer Minute berechnet. Der klassische Algorithmus benötigt dafür mehr als zwei Stunden. ...

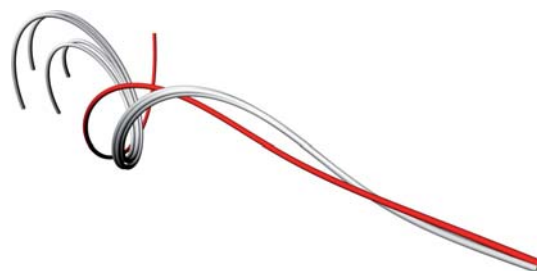


Abbildung 2: Wirbelkernlinie (rot) im Zentrum sich rotierender Streichlinien.

KONTAKT

Tino Weinkauff

ABT. 4 Computergrafik

Telefon +49 681 9325-4020

Email weinkauff@mpi-inf.mpg.de

Internet <http://feature.mpi-inf.mpg.de/>



International Max-Planck Research School for Computer Science (IMPRS-CS)

Die Ausbildung des wissenschaftlichen Nachwuchses ist von elementarer Bedeutung für die Zukunft von Wissenschaft, Forschung und Innovation in Deutschland. Die Max-Planck-Gesellschaft hat daher gemeinsam mit der Hochschulrektorenkonferenz eine Initiative zur Nachwuchsförderung ins Leben gerufen: die International Max Planck Research Schools (IMPRS). Diese bieten besonders begabten deutschen und ausländischen Studierenden die Möglichkeit, sich im Rahmen einer strukturierten Ausbildung unter exzellenten Forschungsbedingungen auf die Promotion vorzubereiten. Auf diese Weise sollen verstärkt junge Wissenschaftler angeworben und ausgebildet werden.



I M P R S - C S

Förderung des Wissenschaftlichen Nachwuchses

Die IMPRS-CS ist ein Angebot für Nachwuchswissenschaftlerinnen und -wissenschaftler, die zwischen dem Bachelor- oder Masterabschluss und der Promotion stehen. Dies umfasst ein erstklassiges Ausbildungsangebot, wissenschaftliche Schwerpunktbildung, oft mit thematischer Verzahnung mehrerer Promotionen, und eine enge Zusammenarbeit von Doktoranden und ihren Betreuern.

Ein Schwerpunkt liegt auf der internationalen Zusammenarbeit: Die IMPRS-CS will insbesondere ausländische Bewerberinnen und Bewerber für eine Promotion in Deutschland gewinnen, sie mit den Forschungseinrichtungen vertraut machen und ihr Interesse für eine spätere Tätigkeit in oder in Kooperation mit deutschen Forschungseinrichtungen wecken. Über 50 Prozent unserer Doktoranden stammen aus dem Ausland, wobei Bulgarien, China, Indien und Polen zu den am stärksten vertretenen Herkunftsländern zählen.

Programme der IMPRS-CS

Die IMPRS-CS bietet in Zusammenarbeit mit der Universität des Saarlandes und der Saarbrücker Graduiertenschule für Informatik Programme für die Qualifizierung zum Promotionsstudium sowie für die Promotion selbst.

Alle Graduiertenprogramme werden in enger Kooperation mit dem Max-Planck-Institut für Informatik, dem Max-Planck-Institut für Softwaresysteme und dem Fachbereich Informatik der Universität des Saarlandes angeboten. Die Projekte werden gemeinsam von den Wissenschaftlern der Max-Planck-Institute und deren Kollegen aus dem Fachbereich Informatik der Universität betreut. Hervorragende Englischkenntnisse sind für alle Bewerber unerlässlich.

Finanzielle Unterstützung

Die zur IMPRS-CS zugelassenen Studierenden erhalten ein Stipendium, das Gebühren, Lebenshaltungskosten und Krankenversicherungskosten sowohl der Studierenden als auch gegebenenfalls ihrer Ehepartner und Kinder abdeckt. Außerdem helfen wir unseren Stipendiaten bei der Wohnungssuche und organisatorischen Problemen aller Art und bieten Englisch- und Deutschkurse auf mehreren Niveaus, gemeinsame Aktivitäten und Exkursionen an. ...

KONTAKT



Jennifer Gerling
IMPRS-CS

Telefon +49 681 9325-1801

Email jgerling@mpi-inf.mpg.de

Internet <http://www.imprs-cs.de>

AKTUELLES

Der aktuelle Teil beinhaltet einen Überblick über wichtige Ereignisse des letzten Jahres: geleistete Nachwuchsarbeit, Berufungen und Ehrungen von Mitgliedern des Instituts, gewonnene Stipendien und erfolgreiche Kooperationen sowie wichtige Ereignisse rund um das Max-Planck-Institut: wissenschaftliche Konferenzen, das Richtfest des neuen Gebäudes für das Max-Planck-Institut für Softwaresysteme und die Begehung durch den Fachbeirat.

ARFUL PASSAGE OF THEIR DEATH
 END, NOUGHT COULD REMOVE, IS
 THAT HERE SHALL MISS, OUR TOIL
 OUR SCENE, FROM ANCIENT GRUD
 TAL LOINS OF THESE TWO FOES /
 RTHROWS DO WITH THEIR DEATH
 CONTINUANCE OF THEIR PARENTS
 FIC OF OUR STAGE; THE WHICH IF
 HOUSEHOLDS, BOTH ALIVE IN DIGN
 Y, WHERE CIVIL BLOOD MAKES CI
 LOVERS TAKE THEIR LIFE; WHOL
 ADEIII PASSAGE OF THEIR DEATH



Frame 3



Ours

| | |
|--|-----|
| Ehrungen/Auszeichnungen | 94 |
| Stipendien | 94 |
| Personalien | 94 |
| Kooperationen | 95 |
| CeBIT 2011 | 96 |
| Konferenzberichte | 97 |
| Exzellenzcluster Multimodal Computing and Interaction | 98 |
| Begehung durch den Fachbeirat | 99 |
| Forschungstage 2011 | 100 |
| Richtfest für den Neubau des Max-Planck-Instituts für Softwaresysteme | 100 |
| IMPECS | 101 |
| IOI Training 2011 | 101 |

Ehrungen / Auszeichnungen

Paris Kanellakis Preis

Einen der renommiertesten Preise, die bisher an Mitglieder unseres Institutes vergeben wurden, erhielt Kurt Mehlhorn. Er wurde im Juli „für seinen Beitrag zur Algorithmenentwicklung mittels der LEDA-Bibliothek“ als erster Deutscher mit dem Paris Kanellakis Theory and Practice Award für 2010 ausgezeichnet. Die weltweit größte Vereinigung von Informatikern, die Association for Computing Machinery (ACM), vergibt diesen Preis jährlich für Leistungen der Theorie, die signifikanten und nachweisbaren Einfluss auf die Praxis der Computerprogrammierung haben. Das Renommee des Preises ist entsprechend hoch. LEDA selbst ist leicht zu nutzen, effizient und korrekt. Um diese Eigenschaften zu erzielen, waren wesentliche theoretische Fortschritte nötig. Ein revolutionärer Gedanke liegt etwa darin, dass die Routinen von LEDA nicht nur die nötigen Ergebnisse in kurzer Zeit, sondern parallel dazu auch eine Begründung für das Ergebnis liefern. ...



ACM-SIGMOD Preis

Gerhard Weikum, Direktor am Max-Planck-Institut für Informatik, wurde von der Special Interest Group on Management of Data innerhalb der Association for Computing Machinery mit dem diesjährigen SIGMOD Preis geehrt. Er erhielt den Preis „für seinen bedeutenden Dienst an der Gemeinschaft der Datenbankentwickler“. In der Begründung wird er als langjähriger Wegweiser und geschickter Organisator gerühmt, der sich um die Zusammenarbeit und Veröffentlichungskultur verdient gemacht hat. Besonders erwähnt werden seine Pionierarbeit bei selbst-optimierenden Datenbanken und seine strikten Anforderungen beim Publizieren. ...

Stipendien

Google Stipendium Europa



Der Internet-Riese Google fördert mit dem *Google European Doctoral Fellowship Programme* ausgezeichnete Doktoranden in der Informatik oder anverwandten Bereichen. Dabei wird nicht verlangt, dass die Forschungsthemen für Google relevant sind. *Carola Winzen*, Doktorandin bei Professor Kurt Mehlhorn, bewarb sich mit ihrem Forschungsgebiet der Komplexitätstheorie für randomisierte Algorithmen. Sie wurde mit einem von lediglich dreizehn für das Jahr 2011 vergebenen Stipendien ausgezeichnet. ...

Marie Curie Intra-European Fellowship



Eine Gesellschaft kann im einfachsten Fall als die Menge von intersubjektiven Beziehungen beschrieben werden, bei der die Individuen paarweise interagieren, jedes Individuum als ein Knoten und die Beziehung zu einem anderen Individuum als Kante betrachtet wird. Innerhalb sozialer Netzwerke wie z.B. Facebook, verbreiten sich Meinungen und Ansichten, so z.B. die Reputation bestimmter Produkte, durch Mund-zu-Mund Propaganda, d.h. von einem Individuum zu benachbarten. Diese Meinungspropagation lässt sich mittels Graphen-Verfahren simulieren. Für die Forschung zur Entwicklung von Modellen, die auf ähnlichen Graphen-Strukturen beruhen, konnte sich *Nikolaos Fountoulakis* erfolgreich für ein *Marie Curie Intra-European Fellowship Stipendium* bewerben. Darüber hinaus studierten während des Jahres 2011 sieben Doktoranden am MPI-INF, die durch das Stipendium Microsoft Research PhD Scholarship gefördert wurden. ...

Personalien

Rufe

Alice McHardy, seit 2007 am MPI-INF Leiterin der Forschungsgruppe „*Computational Genomics and Epidemiology*“ hat einen Ruf auf den Lehrstuhl für Algorithmische Bioinformatik an der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf erhalten. Parallel dazu betreut sie aber weiterhin das Forschungsgebiet am Max-Planck-Institut für Informatik. ...

Hendrik Lensch, ehem. Doktorand bei Hans-Peter Seidel, wurde auf den renommierten Lehrstuhl für Computergrafik, ehem. Prof. Strasser, an der Universität Tübingen berufen. ...

Senior Researchers

Im Verlauf des Jahres 2011 konnten auf Grund ihrer exzellenten Leistungen drei Wissenschaftler zu Senior Researchers ernannt werden: Zum einen *Rainer Gemulla*, AG5, dessen Forschungsgebiete *Probability & Uncertainty in Data Management* und *Large-Scale Statistical Computing* sind. Zweitens *Tino Weinkauff*, AG4, der sich mit dem Thema *Topological Methods and Feature Extraction* auseinandersetzt. Und als Dritter *Michael Sagraloff*, der zu den Komplexen *Algebraic Geometry* und *Nonlinear Computational Geometry* forscht. ...

Kooperationen

Siemens-Kooperation (Support von Doktoranden)

Im Jahr 2010 wurde mit der Siemens AG eine Kooperationsvereinbarung geschlossen, in der Siemens die Ausbildung von Doktoranden am Max-Planck-Institut durch Stipendien fördert. Bereits 2011 wurden drei Nachwuchskräfte durch diese Struktur unterstützt.



Claudio Magni, Doktorand bei Professor Kurt Mehlhorn, erhält Unterstützung für seine Arbeit zum Thema Improved Approaches in Pro-

duction Planning. Er untersucht u.a. den komplexen Prozess der Herstellung von LEDs bei Siemens. Dort müssen bei einzelnen Produktionsschritten vielfältige und mehrfach zusammenhängende Verfahrensparameter ausgewertet werden. Zur Beschleunigung der Prozessoptimierung analysiert Claudio Magni die derzeitigen Steuerungsprozesse und entwirft eine ganzheitlichere Herangehensweise.



Als Mitarbeiter von Professor Gerhard Weikum versucht *Mohamed Yahya* automatisiertes Antworten mittels wissensbasierter Techniken auch bei

komplexen Fragestellungen zu ermöglichen. Siemens will und muss den Kunden seiner high-tech Produkte ausführlichen und tiefgründigen Support bieten. Die dort vorliegenden Wissensdatenbanken sind häufig unübersichtlich groß und mehrfach zusammenhängend. Die Zusammenarbeit mit Mohamed Yahya dient u.a. der Entwicklung von Schnittstellen, die natürliche Sprachstrukturen verstehen. Hiermit erhoffen sich die Siemens-Verantwortlichen z.B. einen leichteren und intuitiveren Zugang zu ihren wissensbasierten Systemen.



Ching Hoo Tang, von Professor Christoph Weidenbach betreut, komplettiert das Trio. Seine Forschung fügt sich in die Bestrebungen von Sie-

mens ein, die Produktentwicklung trotz steigender Komplexität effizient und beherrschbar zu halten. Z.B. erlauben regelbasierte Systeme eine variable Realisierung der Produktkonfiguration. Das Ziel von Ching Hoo Tang ist es, eine geeignete Formalisierung für Systeme zu finden, in denen Produkte anhand von Benutzerentscheidungen und Regeln automatisch abgeleitet werden. Damit wäre es möglich, Eigenschaften solcher Systeme mit Hilfe automatischer Prozeduren zu untersuchen. Hierzu gehört vor allem die kritische Frage nach möglichen Inkonsistenzen im Regelwerk durch widersprüchliche Regeln. ...

Intel Visual Computing Institute - IVCI

Vor zwei Jahren wurde das IVCI als größte Intel Forschungseinrichtung in Europa gegründet. Auf Grund der weltweit einzigartigen Dichte von Informatikern/Computerwissenschaftlern im Saarland entschloss sich Intel sein Institut in Saarbrücken anzusiedeln. Die Lenkung des IVCI erfolgt durch ein Steuerungskomitee, das paritätisch von Intel und den vier saarländischen Partnern, beide Max-Planck-Institute (MPI-INF und MPI-SWS), DFKI, und der Universität des Saarlandes, besetzt wird. Das Vertrauen in die Qualität des Standortes zeigt sich auch darin, dass von den drei Direktoren nur einer von Intel kommt. Für zunächst fünf Jahre wurden zwölf Millionen Euro durch das High-Tech Unternehmen bereitgestellt. Die Projekte sind dabei nicht von Intel vorgegeben, sondern werden nach ihrem wissenschaftlichen Wert beurteilt. Für das Max-Planck-Institut für Informatik erfüllt Prof. Christian Theobalt die Funktion des steering committee Mitglieds. Eines seiner Projekte zu markerless motion capture wird ebenfalls im Rahmen des Intel-Instituts bearbeitet. ...



software
campus

SoftwareCampus

Im Rahmen der Partnerschaft innerhalb der EIT ICT Labs, eine Wissens- und Innovationsgemeinschaften des Europäischen Innovations- und Technologieinstituts, unterstützt das MPI-INF als Teil der Initiative SoftwareCampus die Verbindung von Informatik im wissenschaftlichen Umfeld und Informatik als strategischer Industriezweig. Der Initiative ging die Erkenntnis voraus, dass es für die deutsche high-tech Industrie kaum geeigneten Führungsnachwuchs gibt, der eine solide Ausbildung in Informatik oder anverwandten Gebieten genossen hat. Bei SoftwareCampus wird exzellenten Masterstudenten oder Doktoranden parallel zur akademischen Ausbildung Betreuung durch deutsche Softwareunternehmen zuteil. Die Studenten erhalten dabei Kontakt zur obersten Führungsrunde der Industriepartner. So wird z.B. René Obermann, Vorstandsvorsitzender der Deutschen Telekom AG, exklusiv ein Wochenende mit dem Nachwuchs verbringen. Beim diesjährigen IT-Gipfel, am 6.12.2011 wurden die ersten Nachwuchskräfte präsentiert. ...



Max Planck Science Gallery

Als Publikumsmagnet hat die Max-Planck-Gesellschaft im absoluten Zentrum von Berlin die Science Gallery im WissenschaftsForum am Gendarmenmarkt eröffnet. Die Science Gallery stellt eine permanent „offene Tür“ in die Welt internationaler Spitzenforschung dar, die sich gleichermaßen an Flaneure wie an gezielte Besucher wendet. Die Ausstellungen erfolgen vollständig digital nach einem multimedialen interaktiven Gesamtkonzept. Ausstellungen sind dadurch binnen Minuten austauschbar. Vom MPI-INF wurden für die Erstaussstellung Arbeiten von Prof. Dr. Dr. Thomas Lengauer zum Thema Medikation bei HIV-Patienten und von Prof. Dr. Alice McHardy Material ihrer Forschung zur Evolution des Grippevirus H1N1 verwendet. ...

CeBIT 2011

Die CeBIT als weltweit bekannte Computermesse ist eine der attraktivsten Plattformen, um Kontakte außerhalb des Forschungsumfeldes zu knüpfen, sich bei Industriepartnern und Presse bekannt zu machen und sich Impulse für industrie-relevante Forschungsthemen geben zu lassen.

Traditionell stellt das MPI-INF auf einem Gemeinschaftsstand neueste Entwicklungen der Öffentlichkeit vor. Die Kombination der Partner, neben dem MPI-INF noch die Universität des Saarlandes, das Deutsches Forschungsinstitut für Künstliche Intelligenz und der Cluster of Excellence on Multimodal Computing and Interaction, garantiert Exponate höchster wissenschaftlicher Qualität.

Michael Wand und Art Tevs präsentierten diesmal ein Verfahren, Punktwolken, die z. B. vom Laserscan der Fassaden einer gesamten Stadt stammen, am Rechner zu verarbeiten. Dabei gibt es zwei wesentliche Herausforderungen: Zum einen führen solche 3D-Scans zu riesigen Datenmengen, bis in den Bereich von mehreren Terabytes. Dennoch sollen die Daten in Echtzeit visualisiert und bearbeitet werden. Hierzu wurden neue Algorithmen und Datenstrukturen entwickelt, die die Echtzeitbearbeitung ermöglichen, wobei die Szenengröße nur durch den zur Verfügung stehenden Festplattenplatz begrenzt ist. Zum anderen ist eine manuelle Bearbeitung bei großen Datenmengen schon aufgrund des Arbeitsaufwands unmöglich.



Präsentation des Max-Planck-Institutes auf der CeBIT 2011

Diese Aufgabe wurde durch neuentwickelte Algorithmen gelöst, die ähnliche Elemente (wie Türen oder Fenster in Fassaden von Gebäuden) automatisch identifizieren, was eine weiter automatisierte Datenverarbeitung ermöglicht.

Große Resonanz bei Presse und Besuchern erhielt weiterhin eine, von der Gruppe um Thorsten Thormählen entwickelte, Software, die Schminktipp vorschlägt. Basierend auf einer Datenbank mit referenzierten Beispielen wird einer Probandin ein Makeup vorgeschlagen, das auf dem 3D-Modell ihres Gesichts aufgelegt wird. Diese Kombination aus direkter Alltagsrelevanz und aktuellen Techniken der Computergraphik erschien Besuchern

wie Journalisten gleichermaßen so attraktiv, dass das Programm vielfach von anderen Medien erwähnt und von Kosmetikfirmen und Schönheitssalons angefragt wurde. Zahlreiche namhafte nationale und internationale Agenturen berichteten darüber: AFP, The Independent, BBC, Discovery News, Bayern 3, RBB, D-News. Das Demonstrationsvideo bei der Plattform „youtube“ wurde mehrere tausend Mal abgerufen. Selbst 40 Wochen nach der CeBIT brachte das Nachrichtenmagazin „Der Spiegel“ in seiner Ausgabe Nr. 50/2011 einen Artikel darüber. ...

Konferenzberichte

Konferenzen ermöglichen Forschern und Interessierten eines Gebietes sich einige Tage ausschließlich mit dem spezifizierten Thema zu befassen. Durch die fachliche und räumliche Kondensation profitieren Etablierte wie Einsteiger und erhalten in kurzer Zeit viele neue Impulse. Für die Ausrichter selbst ergeben sich Gestaltungsspielräume innerhalb des Programms und, bei erfolgreichem Ablauf, eine gute Reputation.

Im Spätsommer 2011 war Saarbrücken für zwei Wochen das Zentrum der europäischen Algorithmik. Nacheinander fanden zwei international renommierte Veranstaltungen zum Thema Algorithmen statt: Vom 29. August bis 2. September die Sommerschule ADFOCS (Max Planck Advanced Course on the Foundations of Computer Science), eine Woche darauf, vom 05. bis 09. September, die ALGO, die europäische Konferenz zu Algorithmen. Die dritte wichtige Konferenz, die in diesem Jahr vom MPI-INF organisiert wurde, war die FroCoS2011 – 8th International Symposium Frontiers of Combining Systems (07. bis 09. Oktober).

ADFOCS

In der Sommerschule behandeln etablierte Informatikforscher mit internationalen Nachwuchswissenschaftlern aktuelle Themen, die abstrakt und daher schwierig zu durchdringen sind. Das übermittelte Wissen wird direkt im Anschluss an konkreten Aufgaben ausprobiert. Die erlernten und entwickelten Rechenabläufe können später in der Computerwissenschaft eingesetzt werden, um zum Beispiel schneller zu einem Ergebnis zu kommen. Sie dienen auch dazu, Rechnungen exakt durchzuführen, die bisher nur näherungsweise lösbar waren. Außerdem helfen sie, miteinander verknüpfte Ergebnisse, die sonst nur in wechselseitiger Annäherung (Approximation) gelöst werden könnten, gleichzeitig zu erzielen.

Die mehr als 100 Kursteilnehmer, größtenteils Doktoranden der Informatik und Mathematik, aber auch junge Promovierte, lernen von den Professoren effektive Lösungsansätze und tieferes Verständnis für die inneren Verknüpfungen der Theorie. Die Anforderungen an die Kursteilnehmer sind hoch: „*Sie brauchen breites mathematisches Wissen, Forscherdrang und allerbeste Fähigkeiten*“, erklärt Anke van Zuylen, ehemalige Forscherin an der Tsinghua Universität in Beijing, China, und eine der diesjährigen Organisatoren der Sommerschule. Neben Deutschen und einer Reihe von Europäern nahmen auch junge Mathematiker und Informatiker aus den USA, Japan, Chile, dem Iran und Indien teil. Der Sommerkurs fand bereits zum zwölften Mal in jährlicher Folge statt.

ALGO

Mehr als 300 Teilnehmer, davon ein Viertel Nichteuropäer, stellten ihre Erkenntnisse des letzten Jahres vor. Fragestellungen, wie zum Beispiel „*Wie erfolgreich ist strategisches Marktverhalten?*“, sind immer praxisnah und stammen meist direkt aus der Entwicklungstätigkeit.

Die ALGO setzte sich aus sechs verschiedenen Workshops zusammen, die sich den unterschiedlichen Anwendungen der Algorithmik widmeten, zum Beispiel der Bioinformatik. Dort wurde untersucht, wie man noch schneller berechnen kann, welcher Wirkstoff am ehesten eine Grippe-Epidemie eindämmt. In einem anderen Workshop ging es um die Frage von Transportproblemen, etwa mit welchem Takt und welchen Haltezeiten eine Bahnstrecke sowohl für Personen – als auch für Güterverkehr effizient genutzt werden kann.

In acht eingeladenen Vorträgen, sogenannten *key notes*, fassten führende Forscher den aktuellen Stand der Wissenschaft im jeweiligen Gebiet zusammen. Darüber hinaus befassten sich über 170 Einzelpräsentationen mit aktuellen Forschungsthemen. Vieles von dem, was an neuen Themen in der Konferenz vorgestellt wurde, findet sich später in Sensornetzwerken und Mobilfunkanwendungen, in schnelleren oder exakteren Berechnungen innerhalb des Internets oder auch im Aufbau von Energieverbänden wieder.

FroCoS 2011

Die verschiedenen Gebiete der Informatik (z.B. Logik, künstliche Intelligenz, Programmentwicklung) benötigen spezialisierte und darum ggf. sehr unterschiedliche Formalismen und Schlussfolgerungsmethoden. Für die praktische Anwendung ist es nötig, diese Spezialstrukturen miteinander zu kombinieren und in übergreifend einsetzbare Systeme zu integrieren. Mittlerweile wurde in vielfältiger Weise mit der Entwicklung von generellen Methoden begonnen, in denen gezeigt wird, wie spezielle formale Systeme zu kombinieren und integrieren sind, oder auch wie komplexe Systeme modularisiert und analysiert werden können.

FroCoS (Frontiers of Combining Systems) widmet sich genau diesem Forschungsgegenstand und zielt auf dessen Weiterentwicklung. Die Konferenz FroCoS 2011 bot dazu die Plattform: Ca. 30 Wissenschaftler aus 8 Ländern diskutierten mit 20 weiteren Teilnehmern, die vom Max-Planck-Institut für Informatik und der Universität des Saarlandes kamen, über Forschung auf dem Gebiet von Kombination, Modularisierung und Integration von (vor allem Logik-basierenden) Systemen und deren praktische Verwendung. ...

Exzellenzcluster Multimodal Computing and Interaction

Das Institut spielt eine wichtige Rolle im 2007 von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) eingerichteten Exzellenzcluster Multimodal Computing and Interaction. Alle Direktoren des Instituts gehören dem Cluster als Principal Investigators an, wissenschaftlicher Koordinator des Clusters ist Hans-Peter Seidel.

Ausgangspunkt des Forschungsprogramms im Cluster ist die Beobachtung, dass sich unsere Lebens- und Arbeitsumstände in den letzten zwei Dekaden dramatisch verändert haben. Vor zwanzig Jahren bestanden digitale Inhalte überwiegend aus Text, heute sind diese Inhalte erweitert um Audio, Video und Graphik, sie sind im Umfang explodiert und praktisch überall verfügbar. Als Herausforderung ergibt sich, diese multimodale Information auf robuste, effiziente und intelligente Weise zu organisieren, zu verstehen und zu durchsuchen, sowie zuverlässige und sichere Systeme mit intuitiven multimodalen Interaktionsmöglichkeiten zu schaffen.

Der Exzellenzcluster Multimodal Computing and Interaction stellt sich diesen Herausforderungen. Der Begriff „multimodal“ bezeichnet dabei sowohl die unterschiedlichen Arten von Information, wie Text, Sprache, Bilder, Video, Graphik und hochdimensionale Daten, wie auch die Art der Wahrnehmung und Kommunikation, insbesondere durch Sehen, Hören und Körpersprache. Unser erstes Ziel ist es, die Fähigkeiten von Computersystemen zu verbessern und Daten ganz unterschiedlicher Modalitäten effizient und robust zu erfassen, zu verarbeiten und darzustellen.

Auch große, verteilte, verrauschte und unvollständige multimodale Daten sollen analysiert und interpretiert werden; das erfasste Wissen soll aufbereitet und in Echtzeit visualisiert werden. Wir bezeichnen dies als multimodale Verarbeitung. Die tägliche zwischenmenschliche Kommunikation beruht darüber hinaus auf einer Vielzahl unterschiedlicher Modalitäten. Unser zweites Ziel ist daher eine ähnlich natürliche und multimodale Interaktion mit Informationssystemen, und zwar überall und zu jeder Zeit. Die Systeme müssen den Umgebungskontext berücksichtigen, auf Sprache, Text und Gesten reagieren und in angemessenen Modalitäten antworten.

Das vorgeschlagene Forschungsprogramm baut auf bestehenden Stärken auf. Der Cluster umfasst die Fachbereiche für Informatik, für Computerlinguistik und Phonetik und für Angewandte Linguistik der Universität des Saarlandes, darüber hinaus das Max-Planck-Institut für Informatik, das Deutsche Forschungszentrum für Künstliche Intelligenz sowie das Max-Planck-Institut für Softwaresysteme. Die beteiligten Einrichtungen haben sich auf ein gemeinsames und langfristiges Forschungsprogramm verständigt, das die Grundlage der Arbeiten bildet. Universität und Land unterstützen den Cluster in besonderer Weise.

Ein ausdrückliches Ziel des Clusters ist die Qualifikation und Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses. Saarbrücken nimmt hier schon lange eine führende Rolle ein und hat sich über die Jahre den Ruf einer Kader-

schmiede für junge Wissenschaftler erworben. Der überwiegende Teil der bewilligten Mittel wird deshalb zur Einrichtung von wissenschaftlichen Nachwuchsgruppen verwendet. Dieses Konzept hat sich in den vergangenen vier Jahren als überaus erfolgreich erwiesen, und eine Vielzahl von Nachwuchswissenschaftlern wurden inzwischen auf Professuren im In- und Ausland berufen.

Einen wesentlichen Teil der Aktivitäten des vergangenen Jahres nahm die Fertigstellung und Präsentation des Fortsetzungsantrags für den Zeitraum 2013 bis 2017 ein. Finale Entscheidungen für die zweite Programmphase der Exzellenzinitiative werden von der DFG am 15. Juni 2012 bekannt gegeben. ...

Begehung durch den Fachbeirat

Die wissenschaftlichen Leistungen des Max-Planck-Instituts für Informatik werden alle zwei Jahre durch seinen Fachbeirat begutachtet. Der Fachbeirat setzt sich aus weltweit renommierten Wissenschaftlern im Bereich Informatik zusammen [http://www.mpi-inf.mpg.de/about/index_d.html]. Die Mitglieder werden nach fachlicher Kompetenz im Hinblick auf die am Institut durchgeführte Forschung und ihrer Unabhängigkeit vom Institut ausgewählt. Die Grundlage der Begehung durch den Fachbeirat stellt der Fachbereitsbericht dar, ein schriftlicher Statusbericht, der über die abgeschlossenen, laufenden und geplanten wissenschaftlichen Vorhaben und Projekte des Instituts informiert. Er hat für die Jahre 2009-2011 einen Umfang von fast 700 Seiten und kann von den Internetseiten des Instituts heruntergeladen werden [<http://www.mpi-inf.mpg.de/publications/index.html>]. Die Begehung des Instituts durch den Fachbeirat dauert zwei Tage, in 2011 waren es die letzten beiden Maitage.



Der Fachbeiratsbericht und die Begehung sind ausschlaggebend für die Evaluation des Instituts, die im Anschluss durch den Fachbeirat erfolgt. Die Be-



gehung selbst ist unterteilt in verschiedene Stationen: Zunächst finden Vorträge der Abteilungsleiter statt, die sowohl die Entwicklung der jeweiligen Abteilungen/ großen Gruppen aufzeigen als auch die in der Begutachtungsperiode erzielten Forschungshighlights vorstellen. Ein solches Highlight betrifft die Verwendung von Zufall in der Verbreitung von Nachrichten: In der Abteilung „Algorithmen und Komplexität“ konnte mathematisch exakt bewiesen werden, dass die parallele Verbreitung einer Nachricht unter n Personen, bei der jede Person in jeder Runde zufällig ihren Kommunikationspartner wählt, höchstens $\log(n)$ Runden dauert. Darüber hinaus besucht der Fachbeirat in Einzelterminen alle Senior Researcher/ Gruppenleiter des Instituts, um deren Ergebnisse zu diskutieren und sich ein umfassendes Bild von allen Gruppen zu verschaffen. Am zweiten Tag der

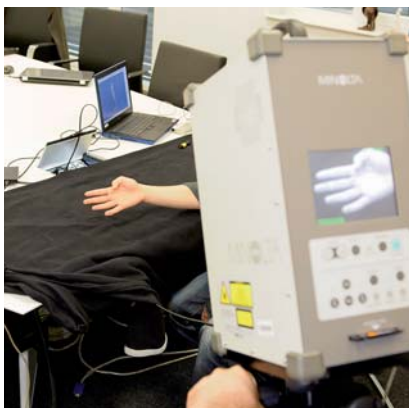
Begehung verwandelt sich das Foyer des Hauptgebäudes in eine Posterlandschaft, in der alle Forscher, vom Doktorand bis zum Professor, ihre persönlichen Arbeiten präsentieren. Der Fachbeirat nutzt diese Gelegenheit, um mehr über individuelle Forschungsleistungen zu erfahren.

Somit wird das Institut von der Gesamtstruktur bis zum individuellen Wissenschaftler differenziert und ausführlich begutachtet. Das Ergebnis der Begutachtung ist bindend und bezieht sich auf das Institut als Ganzes: von der globalen Struktur, bis zu den einzelnen Forschungsleistungen. ...

Forschungstage 2011

Das Max-Planck-Institut für Informatik veranstaltet jährlich, in Zusammenarbeit mit dem Fachbereich Informatik der Universität des Saarlandes und dem DFKI, die Forschungstage Informatik für hochbegabte Informatikschüler.

Auch in diesem Jahr wurden vom 18. bis 20. Juli 2011 die erfolgreichen Teilnehmer der zweiten Runde des Bundeswettbewerbs Informatik sowie die jeweils zwei besten Abiturientinnen und Abiturienten rheinland-pfälzischer Schulen mit Leistungskurs Informatik eingeladen. Die Schüler hatten dabei die Gelegenheit in aktuelle Forschungsthemen hinein zu schnuppern und aktiv daran mitzuarbeiten.



Das „Schnuppern“ bestand aus der Teilnahme an Vorträgen, beispielsweise zum Thema „Schleimpilzrechner“, oder dem Besuch einer aktuellen Vorlesung aus dem Informatikstudium zum Thema „Optimization“. In verschiedenen Workshops konnten die Teilnehmer zum Beispiel einen 3D-Scanner bauen und diesen anschließend selbst testen, oder miterleben, wie eine drahtlose hochperformante digitale Übertragung von Daten innerhalb eines Gebäudes aufgebaut ist. Die Gruppenarbeiten waren so gestaltet,

dass alle Bereiche abgedeckt waren: von den Grundlagen der Informatik über Programmieren und Netzwerke bis hin zu Grafik und Computer Sehen, war für jeden etwas dabei.

Das Motto der Forschungstage Informatik lautet „Fordern und Fördern“. Das Max-Planck-Institut für Informatik engagiert sich damit unter anderem, junge Menschen für das Fach Informatik zu begeistern, neue Talente zu identifizieren und zu fördern. ...

Richtfest für den Neubau des Max-Planck-Instituts für Softwaresysteme

Nach knapp eineinhalbjähriger Bauzeit konnte im Februar 2011 das Richtfest für das neue Gebäude gefeiert werden. Der Neubau rundet den „Platz der Informatik“ architektonisch nach Osten hin ab. Das Gebäude wurde für unser Schwesterinstitut, das Max-Planck-Institut für Softwaresysteme, errichtet und wird nach dem fertiggestellten Innenausbau auch die Gemeinsame Verwaltung von MPI-INF und MPI-SWS beherbergen. Im Frühjahr 2012 wird der Einzug erfolgen. ...



IMPECS – Indo-German Max Planck Center for Computer Science

Das „Indo-German Max Planck Center for Computer Science“ (IMPECS) wurde am 03. Februar 2010 von Bundespräsident Horst Köhler im Indian Institute of Technology in Dehli (IIT Dehli) eröffnet. Das Ziel des Centers ist die Förderung von erstklassiger Grundlagenforschung in der Informatik durch die enge Kooperation zwischen indischen und deutschen Wissenschaftlern. Durch gemeinsame Forschung, dem Austausch von Doktoranden und Postdocs, einer Max Planck Gastprofessur und zahlreichen Workshops und Schools soll die Zusammenarbeit gefördert werden. Das IMPECS wird vorerst fünf Jahre lang von der MPG, dem Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) und dem indischen Ministerium für Wissenschaft und Technologie (DST) finanziert. Das Leitungsgremium besteht aus

Kurt Mehlhorn (MPI-INF) und Rupak Majumdar (MPI-SWS) von MPG-Seite Naveen Garg (IIT Delhi) und Manindra Agrawal (IIT Kanpur) von der indischen Seite.

IMPECS finanziert rund zehn deutsch-indische Forschungsgruppen. Auf indischer Seite kann jede Universität/Institution teilnehmen; auf deutscher Seite muss hingegen ein Partner vom MPI-INF oder vom MPI-SWS sein. Zur Zeit werden sechs binationale Forschungsgruppen gefördert, weitere Gruppen sind ausgeschrieben.

Durch das IMPECS besteht ein aktiver Austausch von Postdocs und Studenten in beiden Richtungen. Prof. Pan-kaj Agarwal von der Duke University hat 2010 eine Max-Planck Gastprofessur

erhalten. Prof. Manindra Agarwal vom IIT Kanpur, Preisträgerin des Humboldt Research Awards, hat im Sommer 2011 das Max-Planck-Institut für Informatik für zwei Monate besucht. Als Auftaktveranstaltung fand schon im April 2010 in Delhi ein gemeinsamer Workshop statt.

Darüber hinaus hat das IMPECS die „School on Parameterized and Exact Computation“ am IMSc Chennai im Dezember 2010, eine School und einen Workshop über „Geometric Computing“ am IIT Delhi im Oktober und November 2010 und, gemeinsam mit Microsoft Research, eine „School on Approximability“ am IISc Bangalore im Januar 2011 kofinanziert. Mehr Informationen dazu unter [\[www.impecs.org\]](http://www.impecs.org).

IOI Training 2011

Vom 14. bis 16. Juni trainierten Prof. Dr. Markus Bläser, Fabian Gundlach, Stephan Seufert, Dr. Wolfgang Pohl, Prof. Dr. Christoph Weidenbach und Dr. Anke van Zuylen das deutsche Olympia Team für die Informatik Olympiade 2011 in Thailand. Das Training fand im Gästehaus des Saarländischen Turnerbunds in Braunshausen statt. Die Schüler Sebastian Gieße, Tobias Lenz, Johannes Kirschner, Patrick Klitzke und Aaron Montag rekrutierten sich aus den Gewinnern der Bundeswettbewerbe Informatik und Jugend forscht. Sie sind die Deutschland-Besten ihres Jahrgangs. Der Wettkampf der Informatik Olympiade besteht aus dem Lösen von Aufgaben mit Hilfe des Computers. Er setzt Fähigkeiten voraus, wie man sie von einem Informatik Studenten mit Bachelor Abschluss erwarten würde. Das Ziel des Trainings bestand aber nicht nur darin, die Schüler für den Wettkampf zu rüsten, sondern ihnen auch einen breiteren Blick auf die Informatik als Wissenschaft zu ermöglichen. So beschäftigten wir uns

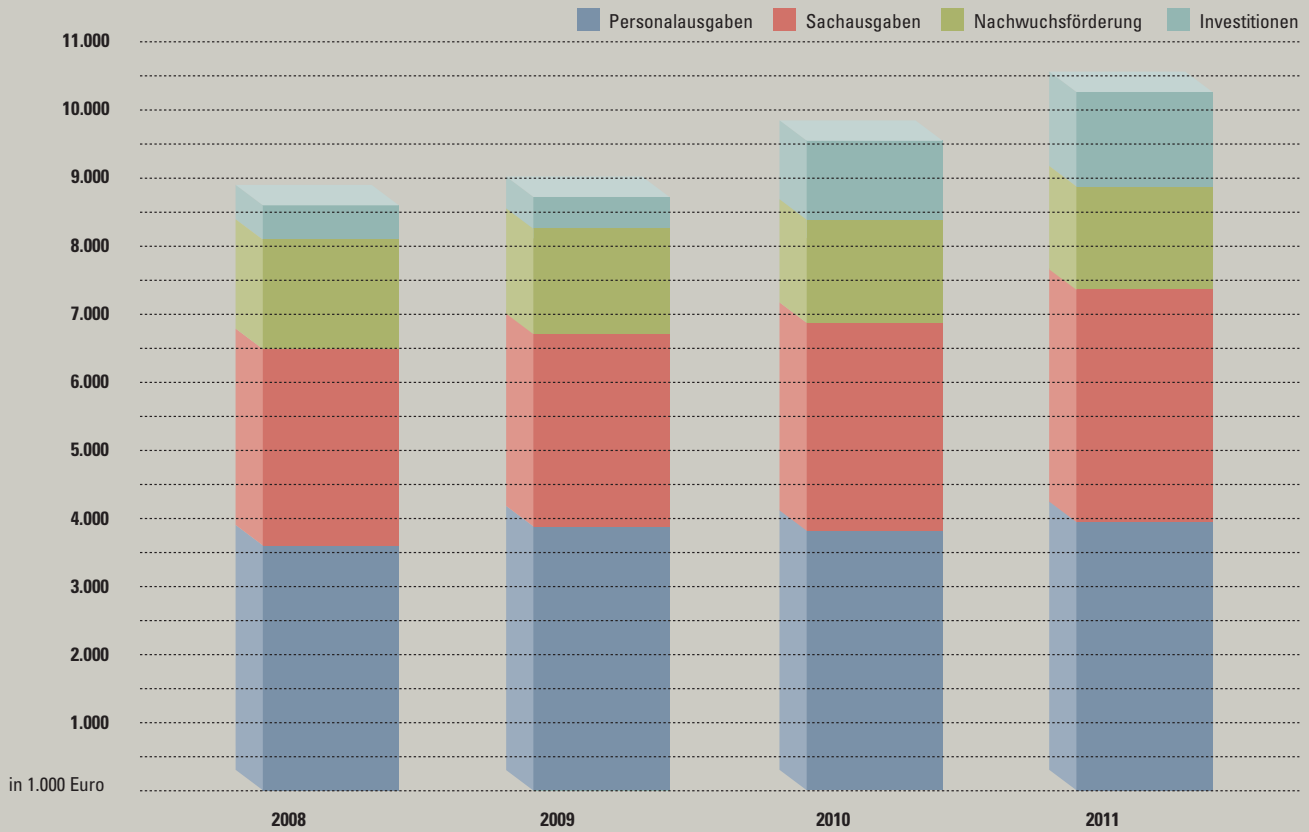
mit wissenschaftlichen Fragen im Zusammenhang mit der Lösung von Hilberts 10. Problem durch die Wissenschaftler Martin Davis, Hillary Putnam, Julia Robinson und Juri Matijassewitsch. Darüber hinaus diskutierten wir verwandte Probleme in Hinblick auf die berühmte P=NP Frage der Informatik. Den Abschluss bildete ein Beitrag zu der Geschichte des Chaos Computerclubs

mit anschließenden Erörterungen zur Informatik Sicherheit im Allgemeinen. Den obligatorischen Fußballwettbewerb Trainer gegen Trainierte entschied das Trainerteam knapp für sich. Allerdings zu einem hohen Preis: Der nächste Tag offenbarte deutliche Defizite in der allgemeinen Trainerfitness, die sich durch eine anhaltende Bewegungsunfähigkeit artikulierten.

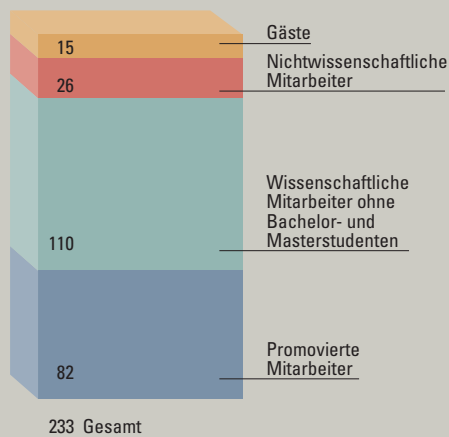


Das Institut in Zahlen

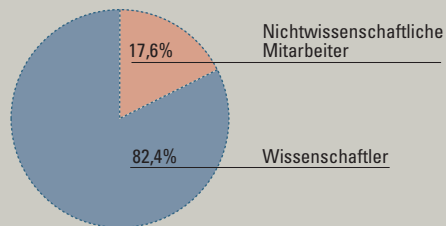
Betriebsmittel ohne Drittmittel 2008 bis 2011



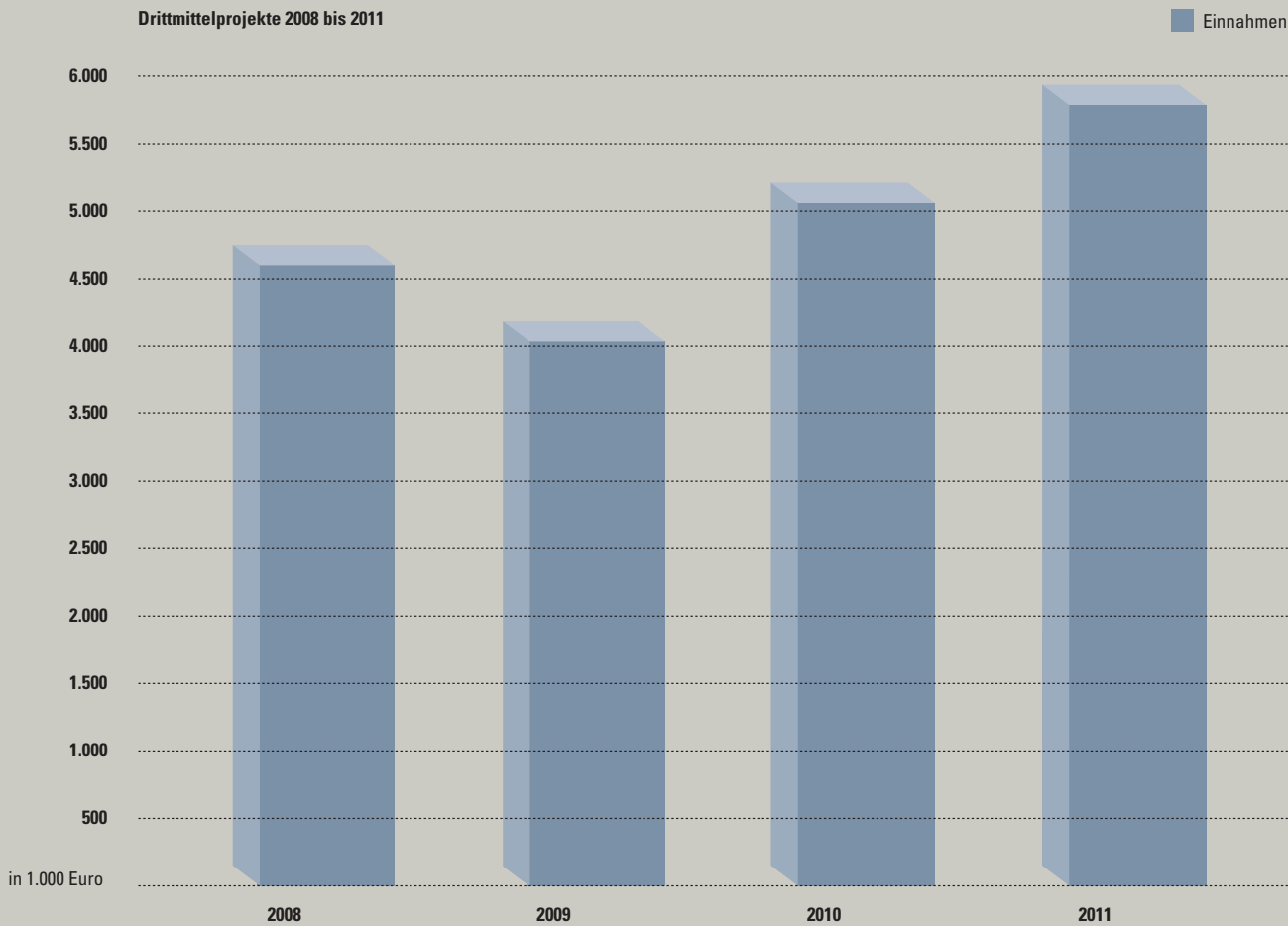
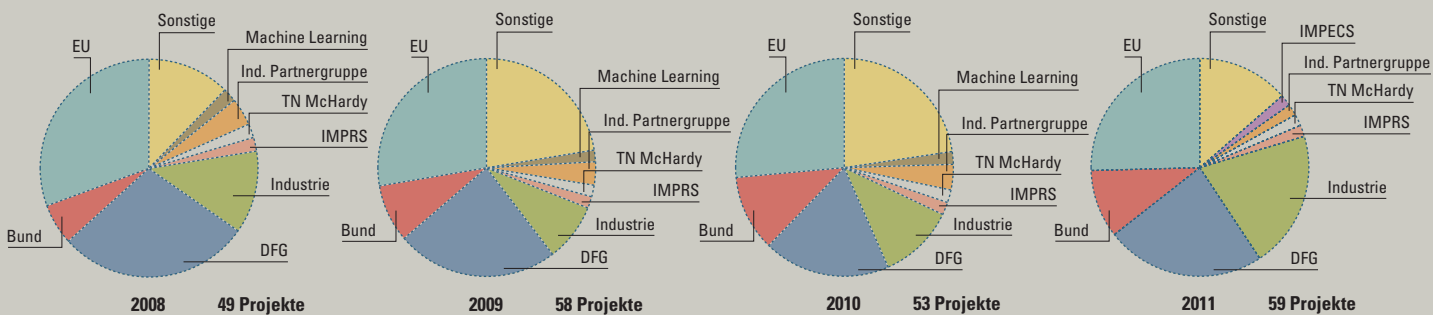
Mitarbeiter am Institut Stand 1.1.2012



Verhältnis von Wissenschaftlern zu nichtwissenschaftlichen Mitarbeitern am Institut Stand 1.1.2012



Drittmittelprojekte 2008 bis 2011 Anzahl und Verteilung



KONTAKT

Volker Maria Geiß
Gemeinsame Verwaltung
 Telefon +49 681 9325-7000
 Email geiss@mpi-inf.mpg.de

Informationsdienste und Technologien

Ungehinderte weltweite Kooperation und Kommunikation in einem motivierenden Umfeld bilden die Basis für ein Institut mit dem Anspruch, erstklassige Forschungsergebnisse hervorzubringen. Flexibilität, Qualität und Zuverlässigkeit der Ausstattung sowie ihre einfache Nutzbarkeit leisten dazu einen entscheidenden Beitrag.

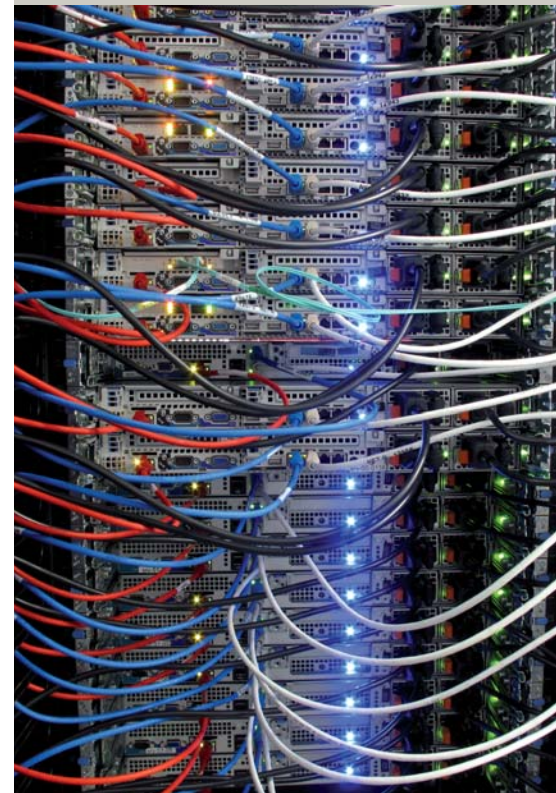
Dieser Anspruch lässt sich auf unsere IT-Infrastruktur übertragen: Wir betreiben ein vielfältiges, sich den Anforderungen entsprechend schnell änderndes System, das sich dem Anwender einheitlich und verlässlich präsentiert. Trotz der notwendigen Offenheit, die man für die Unterstützung internationaler Kooperation braucht, vernachlässigt es dabei nicht die Sicherheit.

Vielfalt der Werkzeuge

Die Forschung an der vordersten Front in der Informatik bedeutet meist auch den Einsatz innovativer Systeme verschiedenster Herkunft, ebenso wie den Einsatz von Prototypen und Cross-Plattform Setups in Hard- und Software. Als Konsequenz unterstützen wir sowohl Hardware unterschiedlicher Hersteller als auch alle gängigen Betriebssysteme: MacOS auf Klienten, Solaris für File-Server sowie Linux und Windows für Klienten und Server-Systeme. Um die Benutzung der resultierenden heterogenen Infrastruktur zu vereinfachen, sind die Benutzerdaten und die meisten wichtigen Software-Pakete auf allen Plattformen verfügbar.

Automatisierung als Garantie für Zuverlässigkeit

Ständige Updates und Upgrades bei Soft- und Hardware in heterogenen Systemen stellen hohe Anforderungen an die Zuverlässigkeit der Installations- und Administrationsvorgänge. Dabei verbietet schon die Vielzahl der eingesetzten Hard- und Softwarekomponenten den Einsatz von image-basierten Installationssystemen. Stattdessen verwenden wir ein weitgehend von uns genau nach dem eigenen Bedarf konzipiertes und weiterentwickeltes automatisiertes Installationssystem.



Sobald die Routinen für eine automatische Installation implementiert sind, können die resultierenden Software-Konfigurationen beliebig wiederholt und sehr schnell auf die ganze Infrastruktur angewendet werden. Diese Implementierungsarbeit ist aufwändig und verlangsamt in manchen Fällen die Reaktion. Die Vorteile für die Betriebssicherheit, der Gesamtaufwand und die Zeit bis zum Fertigstellen größerer Änderungen wiegen diesen Nachteil jedoch eindeutig auf.

Das System ist so flexibel gestaltet, dass es durch spezifische Erweiterungen des Installationssystems schnell an neue Anforderungen, z. B. seitens der Hardware, angepasst werden kann. Es wird allerdings nur für sich wiederholende Vorgänge genutzt. Kurzlebige Spezialinstallationen werden von Hand durchgeführt.

Sicherheit und Schutz

Pauschale Schutzmechanismen gegen Sabotage und Spionage sind in offenen Systemen nicht möglich. Sie schränken die Nutzbarkeit zu sehr ein. Die Sicherheitsrichtlinien können deshalb nur einen Kompromiss darstellen, der flexibel den Anforderungen folgt.

Zwar können die Strukturierung des Netzwerks, die Firewall, die Verschlüsselung für externe Zugriffe oder die Virens Scanner einige direkte Gefahren abwenden. Indirekte Gefahren aber, die unter anderem durch den Anschluss virenverseuchter Rechner im Intranet oder durch Fehler in extern agierenden Software-Systemen entstehen, müssen mit aktuellen Softwareständen und kontinuierlich aktualisierten lokalen Virens Scannern bekämpft werden.

Betriebssicherheit

Die Stromversorgung und die Kühlung sind zur Überbrückung von Ausfall- und Wartungszeiten redundant ausgelegt. Eine unterbrechungsfreie Stromversorgung (USV) unterstützt dieses System bei kurzen Stromausfällen. Ein großer Generator sichert den Betrieb der Kern-Infrastruktur bei längeren Ausfällen.

Ein Überwachungssystem auf Basis von Nagios (Open Source) informiert die IT-Mitarbeiter über kritische Zustände in der gesamten Infrastruktur und alarmiert sie per E-Mail und SMS. Unter anderem überwacht das System die Stromversorgung und die Kühlung, das Netzwerk und die Server-Systeme aber auch komplexe Prozesse und Dienste wie der Versand und der Empfang von E-Mails.

Kooperation und Kommunikation

Unser Netzwerk ist nach organisatorischen und sicherheitsrelevanten Gesichtspunkten in verschiedene Bereiche aufgeteilt. Extern zugreifbare aber anonym nutzbare Dienste (DNS (Internet-Adressbuch), WWW, FTP (Datentransfer), SMTP (E-Mail) etc.) werden an der Firewall des Institutes in mehreren entmilitarisierten Zonen (DMZs) zusammengefasst, die entsprechend ihrer Bedeutung und ihres Gefährdungspotentials unterschieden werden.

Gastwissenschaftler und Studenten können eigene Hardware per Kabel oder Funk-Lan anschließen. Das Netzwerk lenkt sie automatisch in dafür eingerichtete Gäste-Netze.

Die internationale Kooperation verlangt darüber hinaus externe Zugriffsmöglichkeiten auf interne Ressourcen der Infrastruktur (Intranet). Hier bieten wir unter anderem einen gesicherten Ter-

minal-Zugang und den Zugriff auf E-Mail und andere wichtige Datenbanken und Dienste an. Die Kooperation in der Softwareentwicklung wird durch einen geschützten Zugang zu einer Versionsdatenbank unterstützt (Software-Repository: Subversion).

Ein Backbone mit 10 GB Bandbreite verbindet unsere Flur- und Data-Center-Switches. Er dehnt sich über Gigabit und 10-Gigabit Standleitungen zu allen betreuten Standorten und zu mehreren Partnern an den Universitäten in Kaiserslautern und Saarbrücken aus. Die Organisationsstruktur dient als Grundlage für die Konfiguration, die je nach Institut oder Abteilung unterschiedlich ist. Die Internet-Konnektivität wird über einen mit der Universität des Saarlandes gemeinsam genutzten 2,6 Gigabit-XWIN-Anschluss des DFN-Vereins realisiert.

Workstations und Notebooks werden über ihren Etagen-Switch mit Gigabit-Ethernet versorgt. Zentrale Server, Server-Farmen und Cluster-Systeme



nutzen je nach Bandbreitenbedarf Gigabit- oder 10Gigabit-Ethernet. Abgesehen von Notebooks und Workstations sind die meisten Netzwerkverbindungen ausfallsicher mit mehreren Leitungen realisiert.

Compute-Service

Wir betreiben mehrere größere Systeme, die mit bis zu 64 eng gekoppelten Prozessoren und bis zu einem Terabyte Hauptspeicher ausgestattet sind. Diese Maschinen werden für wissenschaftliche Forschungen und Applikationen genutzt, die eine hohe Parallelität und einen uniformen Zugriff auf den großen Hauptspeicher benötigen.

Unser bisher größtes Cluster, mit 128 Systemen mit je acht Kernen und 48 GByte Hauptspeicher, wurde Mitte 2010 in Betrieb genommen. Es wird unter der „Grid Engine“ betrieben. Durch die automatische Verteilung der Prozesse auf die einzelnen Rechner des Clusters erreichen wir eine hohe Auslastung des Gesamtsystems. Die zuvor erwähnten größeren Systeme können flexibel in dieses System integriert werden. Berechnungen werden ihrem Bedarf entsprechend kategorisiert, so dass die GE-Software die optimale Verteilung der für die Berechnung notwendigen Prozesse auf die verfügbare Hardware vornehmen kann. Die Priorisierung bestimmter Prozesse hilft bei der angemessenen und fairen Verteilung der Ressourcen auf die insgesamt anstehenden Berechnungen.

File-Service und Datensicherung

Die ca. 150 TB Daten des Instituts werden über die Protokolle NFS und CIFS (SMB) zur Verfügung gestellt. Ca. 20 File-Server verteilen die Volumens von etwa 60 RAID-Systemen mit mehr



als 3000 Festplatten. Die RAID-Systeme sind über ein redundant ausgelegtes Storage Area Network (SAN) an die Server angeschlossen. Um auch gegen den Ausfall eines ganzen RAID-Systems geschützt zu sein, werden alle RAID-Volumes paarweise mit Hilfe von ZFS gespiegelt betrieben. Das ZFS-File-System nutzt Prüfsummen, um die Daten gegen schleichende Veränderungen zu schützen. Das bedeutet auch, dass zeitraubende File-System-Überprüfungen vor einem Daten-Zugriff entfallen können. Die File-Systeme werden im laufenden Betrieb geprüft.

Unsere Spiegelhälften werden in unterschiedlichen Brandabschnitten untergebracht, damit auch ein Brand möglichst ohne Verlust der Daten oder der Zugriffsmöglichkeit überstanden wird. Mindestens drei Fileserver teilen sich jeweils eine Sicht auf den Plattenbestand und können durch virtuelle Netzwerkadressen und SAN Technik in sehr kurzer Zeit füreinander einspringen. Dies erlaubt auch Updates der Server ohne spürbare Unterbrechungen des Dienstes.

Unsere Datensicherung basiert auf zwei unterschiedlichen Systemen: einem konventionellen Band-Backup, das die Daten direkt mittels des Tivoli Storage Managers TSM auf einen Band-Roboter (Storage Tek) sichert und einem Online-Disk-Backup-System, das mit Hilfe von Datenvergleichen den Platzbedarf minimiert und die gesicherten Daten immer online bereit hält (Open-Source-System Backup PC). Da keine Daten in diesem System wirklich mehrfach gehalten werden, können ca. 615 Terabyte Bruttodaten der verschiedenen Backupläufe auf etwa 36 Terabyte untergebracht werden. Um die Vorteile von Disk- und Tape-Technologien zu vereinen, werden wir dieses System in Zukunft mit dem Bandroboter kombinieren.

Der Bandroboter hat in der aktuellen Ausbaustufe die Möglichkeit, auf 700 Bänder mit einer Gesamtkapazität von 700 TB zuzugreifen (unkomprimiert). Er steht in einem eigens dafür vorbereiteten Raum, um dem Schutz der Datenkonserven schon bei ihrer Lagerung im Roboter einen maximalen

Stellenwert einzuräumen. In der nächsten Ausbaustufe wird das System um einen zweiten Roboter erweitert, der dann an einem anderen geographischen Standort betrieben wird, um auch einen Schutz der Daten gegen Katastrophenfälle zu erreichen. Dies wird im Augenblick zumindest offline durch die Lagerung von Kopien in einem speziellen feuersicheren Datentresor vor Ort oder an einem zweiten Standort erreicht.

Spezialsysteme

Für spezielle Forschungsaufgaben, insbesondere aus dem Bereich der Computergrafik, werden diverse Spezialsysteme benötigt. Es stehen u.a. ein digitales Videoschnittsystem, mehrere 3D-Scanner, Multivideoaufnahmesysteme und 3D-Projektionssysteme zur Verfügung. Externe Kommunikation und Kollaboration werden durch den Betrieb mehrerer Videokonferenz-Installationen unterstützt.

Flexible Unterstützung wissenschaftlicher Projekte

Die beschriebenen Dienste, Server und Compute-Cluster werden für eine Vielzahl wissenschaftlicher Projekte in den unterschiedlichsten Szenarien eingesetzt, teilweise auch in internationalen Kooperationen wie beispielsweise der „CADE ATP System Competition“ [<http://www.cs.miami.edu/~tptp/CASC/>].

Um den daraus resultierenden und sehr unterschiedlichen Anforderungen gerecht werden zu können, bietet IST eine fein abgestufte Betreuung an, die vom reinen Server-Hosting in Einzelfällen bis hin zur Applikationsbetreuung reicht. Die Aufgabentrennung ergibt sich in den meisten Fällen aus der Schnittmenge der Projektanforderungen und dem Portfolio von IST. So kann IST bei Problemen mit

selbstadministrierten Systemen nur beratend zur Seite stehen.

Zuständigkeiten

IT-Einkauf, Installation, Administration, Betrieb, Anwenderbetreuung und Fortschreibung der beschriebenen Systeme und Techniken sind die Aufgaben von IST (Information Services and Technology), einer Abteilung der Gemeinsamen Verwaltung der Institute für Informatik und Softwaresysteme.

Bedingt durch das Engagement der beiden Institute in Kooperationen mit Fachbereichen und Instituten der Universität, ist IST auch für die IT der „Campusbibliothek Informatik + Mathematik“ und des Exzellenzclusters „Multimodal Computing and Interaction“ zuständig.

IST teilt sich in eine Core- und zwei davon unabhängige Front-Gruppen auf. Vereinfacht dargestellt ist die Core-Gruppe für Dienste und Dienstleistungen zuständig, die für beide Institute identisch sind oder sogar gemeinsam betrieben werden. Die Front-Gruppen decken dementsprechend die spezifischen Bedürfnisse ihres Institutes ab und sind für den Service für die Wissenschaftler zuständig.

Personalstruktur

Neben Leitung und Einkauf (zwei Stellen) steuert das Max-Planck-Institut für Informatik sechs wissenschaftliche Mitarbeiter und einen Techniker bei. IST-Core wird darüber hinaus durch drei wissenschaftliche Mitarbeiter des Max-Planck-Instituts für Softwaresysteme ergänzt. Für die zusätzlichen Administrationsaufgaben zur Unterstützung der gemeinsamen Bibliothek und des Exzellenzclusters steht jeweils ein Mitarbeiter zur Verfügung.

Die Front-Gruppe wird bei der Anwenderbetreuung (Servicedesk) durch ein Team von Studenten unterstützt. Sie sind einerseits virtuell per E-Mail oder Web-Interface, zu Bürozeiten aber auch persönlich erreichbar. Neben der Bearbeitung von Fragen zur Benutzung der Infrastruktur pflegt diese Gruppe auch Informationssysteme, wie beispielsweise ein Dokumentations-Wiki. :::

KONTAKT

Jörg Herrmann

Gemeinsame Verwaltung

IT-Abteilung

Telefon +49 681 9325-5800

Email jh@mpi-klsb.mpg.de

Internet <http://www.mpi-klsb.mpg.de/gvw/ist.html>



Ausgewählte Kooperationen

ANALYSE VON BILDERN & VIDEOS

- ::: Intel Visual Computing Institute, Saarbrücken, Deutschland
- ::: Katholieke Universiteit Leuven, Leuven, Niederlande
- ::: Microsoft Research, Cambridge, Großbritannien
- ::: Stanford University, Stanford, USA
- ::: Technische Universität Darmstadt, Darmstadt, Deutschland
- ::: Toyota, Brüssel, Belgien
- ::: University of British Columbia, Vancouver, Kanada
- ::: University of California, Berkeley, USA
- ::: Universität Passau, Passau, Deutschland
- ::: Universität des Saarlandes, Saarbrücken, Deutschland

BIOINFORMATIK

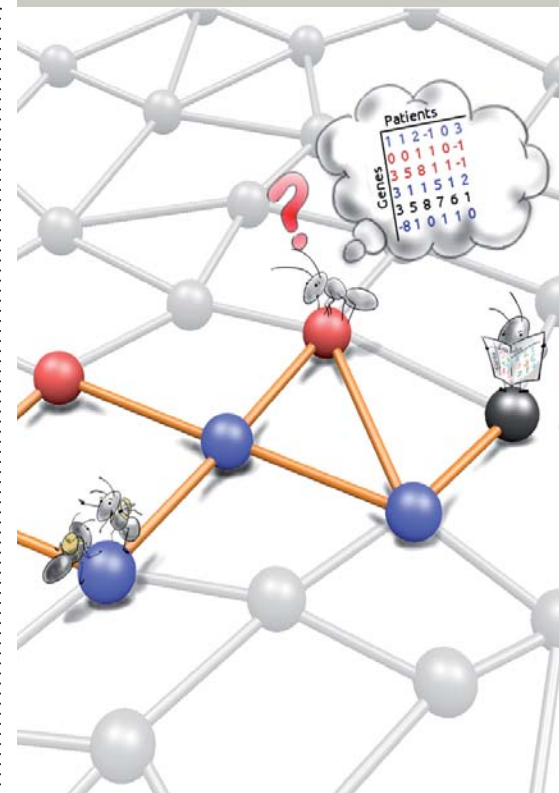
- ::: BioSolveIT GmbH, Sankt Augustin, Deutschland
- ::: Heinrich-Heine-Universität, Düsseldorf, Deutschland
- ::: Informa s.r.l, Rom, Italien
- ::: Karolinska Institut, Stockholm, Schweden
- ::: Stanford University, Stanford, USA
- ::: University of British Columbia, Vancouver, Kanada
- ::: Universität Freiburg, Freiburg, Deutschland
- ::: Universität Heidelberg, Heidelberg, Deutschland
- ::: Universität Köln, Köln, Deutschland
- ::: Universität des Saarlandes, Saarbrücken, Deutschland
- ::: Universität Tor Vergata, Rom, Italien
- ::: Wolfgang-Goethe-Universität, Frankfurt, Deutschland

GARANTIEN

- ::: Carnegie Mellon University, Pittsburg, USA
- ::: Chinese Academy of Sciences, Peking, China
- ::: New York University, New York, USA
- ::: Technion, Haifa, Israel
- ::: University of Canberra, Canberra, Australien
- ::: Universität Freiburg, Freiburg, Deutschland
- ::: University of Haifa, Haifa, Israel
- ::: University of Nancy, Nancy, Frankreich
- ::: Universität Oldenburg, Oldenburg, Deutschland
- ::: University of Pittsburgh, Pittsburgh, USA

INFORMATIONSSUCHE & DIGITALES WISSEN

- ::: DERI, Galway, Irland
- ::: EPFL Lausanne, Lausanne Schweiz
- ::: European Archive Foundation, Amsterdam, Niederlande
- ::: FluidOps AG, Walldorf, Deutschland
- ::: German-Israeli Foundation for Scientific Research and Development, Israel
- ::: Google, Zürich, Schweiz
- ::: Gottfried Wilhelm Leibniz Universität Hannover, Hannover, Deutschland
- ::: Universität Duisburg-Essen, Duisburg, Deutschland
- ::: Hebrew University of Jerusalem, Jerusalem, Israel
- ::: IIT Bombay, Bombay, Indien
- ::: Jülich Supercomputing Centre, Jülich, Deutschland
- ::: Karlsruhe Institute of Technology (KIT), Karlsruhe, Deutschland



- ::: Microsoft Research, *Cambridge, Großbritannien*
- ::: Microsoft Research, *Redmond, USA*
- ::: RWTH Aachen, *Aachen, Deutschland*
- ::: Siemens AG, *München, Deutschland*
- ::: Stanford University, *Stanford, USA*
- ::: Stichting European Archive, *Stichting, Niederlande*
- ::: Technische Universität Ilmenau, *Ilmenau, Deutschland*
- ::: Yahoo! Research, *Barcelona, Spanien*

MULTIMODALE INFORMATION

- ::: Hochschule für Musik Saar, *Saarbrücken, Deutschland*
- ::: Rheinische Friedrich Wilhelms Universität Bonn, *Bonn, Deutschland*
- ::: Technische Universität Darmstadt, *Darmstadt, Deutschland*
- ::: Universität des Saarlandes, Excellence Cluster Multimodal Computing and Interaction, *Saarbrücken, Deutschland*

OPTIMIERUNG

- ::: Aarhus University, *Aarhus, Dänemark*
- ::: Chennai Mathematical Institute, *Chennai, Indien*
- ::: Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, *Kiel, Deutschland*
- ::: Danish Technical University, *Kopenhagen, Dänemark*
- ::: Durham University, *Durham, Großbritannien*
- ::: ETH Zürich, *Zürich, Schweiz*
- ::: Indian Institute of Technology Delhi, *Neu Delhi, Indien*
- ::: Indian Institute of Technology Kanpur, *Kanpur, Indien*

- ::: INRIA Saclay – Ile de France, *Paris, Frankreich*
- ::: Prostep AG, *Darmstadt, Deutschland*
- ::: Siemens AG, *Wien, Österreich*
- ::: TATA Institute of Fundamental Research Mumbai, *Mumbai, Indien*
- ::: University of Adelaide, *Adelaide, Australien*
- ::: University of Birmingham, *Birmingham, Großbritannien*
- ::: University of Liverpool, *Liverpool, Großbritannien*
- ::: Universität Paderborn, *Paderborn, Deutschland*
- ::: Universität des Saarlandes, *Saarbrücken, Deutschland*

SOFTWARE

- ::: Forschungsgesellschaft für Angewandte Naturwissenschaften, *Wachtberg, Deutschland*
- ::: Linköping University, *Linköping, Schweden*
- ::: Los Alamos National Laboratory, *Los Alamos, USA*
- ::: Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, *Bonn, Deutschland*
- ::: Technische Universität Dortmund, *Dortmund, Deutschland*
- ::: University of California, *Davis, USA*
- ::: Universität Hannover, *Hannover, Deutschland*
- ::: Universität Siegen, *Siegen, Deutschland*

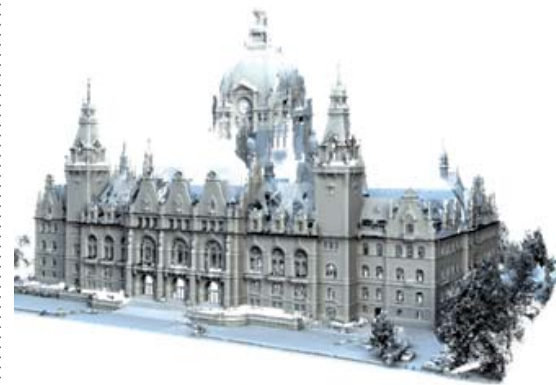
VISUALISIERUNG

- ::: Indian Institute of Technology Delhi, *Delhi, Indien*
- ::: Media Lab, Massachusetts Institute of Technology, *Massachusetts, USA*

- ::: Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg, *Magdeburg, Deutschland*
- ::: Stanford University, *Stanford, USA*
- ::: Technical University of Denmark, *Kopenhagen, Dänemark*
- ::: Telecom ParisTech, *Paris, Frankreich*
- ::: University of Bristol, *Bristol, Großbritannien*
- ::: University of British Columbia, *Vancouver, Kanada*
- ::: University College London, *London, Großbritannien*
- ::: Universität des Saarlandes, Excellence Cluster Multimodal Computing and Interaction, *Saarbrücken, Deutschland*

Ausgewählte Publikationen

- [1] F. ALVANAKI, S. MICHEL, K. RAMAMRITHAM AND G. WEIKUM. EnBlogue – Emergent Topic Detection in Web 2.0 Streams. In *Proceedings of the ACM SIGMOD International Conference on Management of Data, SIGMOD 2011, Athens, Greece, Athens, Greece, 2011*. ACM.
- [2] A. ANAND, S. BEDATHUR, K. BERBERICH AND R. SCHENKEL. Temporal Index Sharding for Space-Time Efficiency in Archive Search. In W.-Y. Ma, J.-Y. Nie, R. A. Baeza-Yates, T.-S. Chua and W. B. Croft, eds., *34th ACM SIGIR Conference on Research and Development in Information Retrieval (SIGIR 2011)*, Beijing, China, 2011, pp. 545–554. ACM.
- [3] M. ANDRILUKA, S. ROTH AND B. SCHIELE. Discriminative appearance models for pictorial structures, 2011.
- [4] B. ARANDA, H. BLANKENBURG, S. KERRIEN, F. S. BRINKMAN, A. CEOL, E. CHAUTARD, J. M. DANA, J. DE LAS RIVAS, M. DUMOUSSEAU, E. GALEOTA, A. GAULTON, J. GOLL, R. E. W. HANCOCK, R. ISSERLIN, R. C. JIMENEZ, J. KERSEMAKERS, J. KHADAKE, D. J. LYNN, M. MICHAUT, G. O'KELLY, K. ONO, S. ORCHARD, C. PRIETO, S. RAZICK, O. RIGINA, L. SALWINSKI, M. SIMONOVIC, S. VELANKAR, A. WINTER, G. WU, G. D. BADER, G. CESARENI, I. M. DONALDSON, D. EISENBERG, G. J. KLEYWEGT, J. OVERINGTON, S. RICARD-BLUM, M. TYERS, M. ALBRECHT AND H. HERMJAPOB. Psicquic and psiscore: accessing and scoring molecular interactions. *Nature Methods*, 8(7):528–529, 2011.
- [5] P. BAUMGARTNER AND U. WALDMANN. A combined superposition and model evolution calculus. *Journal of Automated Reasoning*, 47(2):191–227, August 2011.
- [6] E. BERBERICH, P. EMELIYANENKO, A. KOBEL AND M. SAGRALO. Arrangement computation for planar algebraic curves. In M. Moreno Maza, ed., *Proceedings of the 4th Internal Workshop on Symbolic-Numeric Computation*, San Jose, USA, June 2011, pp. 88–99. ACM. An extended version has been submitted to Theoretical Computer Science.
- [7] K. BERBERICH, A.-C. KÖNIG, D. LYMBEROPOULOS AND P. ZHAO. Improving Local Search through External Log. In *34th ACM SIGIR Conference on Research and Development in Information Retrieval (SIGIR 2011)*, Beijing, China, 2011, pp. 785–794. ACM.
- [8] U. BLANKE, R. REHNER AND B. SCHIELE. South by south-east or sitting at the desk: Can orientation be a place? In *Wearable Computers (ISWC), 2011 15th Annual International Symposium on*, San Francisco, USA, July 2011, pp. 43–46. IEEE.
- [9] M. BOKELOH, M. WAND, V. KOLTUN AND H.-P. SEIDEL. Pattern-aware deformation using sliding docks. *ACM Transactions on Graphics (Proc. Siggraph Asia)*, 30(6):123:1–123:10, December 2011.
- [10] T.-H. H. CHAN AND K. M. ELBASSIONI. A QPTAS for TSP with fat weakly disjoint neighborhoods in doubling metrics. *Discrete & Computational Geometry*, 46(4):704–723, 2011.
- [11] F. Y. L. CHIN, Z. GUO AND H. SUN. Minimum Manhattan Network is NP-complete. *Discrete & Computational Geometry*, 45(4):701–722, 2011.
- [12] W. DAMM, C. IHLEMANN AND V. SOFRONIE-STOKKERMANS. Decidability and complexity for the verification of safety properties of reasonable linear hybrid automata. In E. Frazzoli and R. Grosu, eds., *Hybrid Systems: Computation and Control 2011*, Chicago, 2011, pp. 73–82. ACM.



- [13] P. DIDYK, T. RITSCHER, E. EISEMANN, K. MYSKOWSKI AND H.-P. SEIDEL. A perceptual model for disparity. *ACM Transactions on Graphics (Proceedings SIGGRAPH 2011)*, 30(4), 2011.
- [14] B. DOERR, M. FOUZ AND T. FRIEDRICH. Social networks spread rumors in sublogarithmic time. In *Proceedings of the 43rd ACM Symposium on Theory of Computing, STOC 2011*, 2011, pp. 21–30. ACM.
- [15] B. DOERR, M. FOUZ AND T. FRIEDRICH. Social networks spread rumors in sublogarithmic time. In *Proceedings of the 43rd ACM Symposium on Theory of Computing (STOC 2011)*, 2011, pp. 21–30. ACM Press.
- [16] P. DOLLAR, C. WOJEK, B. SCHIELE AND P. PERONA. Pedestrian detection: An evaluation of the state of the art. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, PP(99):1, August 2011.
- [17] M. Y. ELTABAKH, Y. TIAN, F. ÖZCAN, R. GEMULLA, A. KRETTEK AND J. MCPHERSON. CoHadoop: flexible data placement and its exploitation in Hadoop. In *Proceedings of the VLDB Endowment*, Seattle, USA, June 2011, vol. 4, pp. 575–585. VLDB Endowment.
- [18] D. EMIG AND M. ALBRECHT. Tissue-specific proteins and functional implications. *Journal of Proteome Research*, 10(4):1893–1903, 2011.
- [19] L. EPSTEIN, A. LEVIN AND R. VAN STEE. Max-min online allocations with a reordering buffer. *SIAM J. Discrete Math.*, 25(3):1230–1250, 2011.
- [20] L. FEUERBACH, R. B. LYGSO, T. LENGAUER AND J. HEIN. Reconstructing the ancestral germline methylation state of young repeats. *Molecular Biology and Evolution*, 28(6):1777–1784, January 2011.
- [21] N. FOUNTOLAKIS, M. KHOSLA AND K. PANAGIOTOU. The multiple-orientability thresholds for random hypergraphs. In *Proceedings of the Twenty-Second Annual ACM-SIAM Symposium on Discrete Algorithms, SODA 2011*, 2011, pp. 1222–1236. SIAM.
- [22] T. FRIEDRICH AND L. LEVINE. Fast simulation of large-scale growth models. In *Proceedings of the 15th International Workshop on Randomization and Computation (RANDOM 2011)*, 2011, LNCS 6845, pp. 555–566. Springer.
- [23] F. GASSE AND V. SOFRONIE-STOKKERMANS. Efficient TBox subsumption checking in combinations of \mathcal{CL} and (fragments of) \mathcal{EL}_0 . In R. Rosati, S. Rudolph and M. Zakharyashev, eds., *Proceedings of the 24th International Workshop on Description Logics (DL-2011)*, Barcelona, Spain, June 2011, CEUR Workshop Proceedings, vol. 745, pp. 125–135. CEUR Workshop Proceedings.
- [24] A. GEIGER, C. WOJEK AND R. URTASUN. Joint 3D estimation of objects and scene layout. In J. Shawe-Taylor, R. Zemel, P. Bartlett, F. Pereira and K. Weinberger, eds., *Neural Information Processing Systems (NIPS)*, Granada, Spain, December 2011, pp. 1467–1475.
- [25] R. GEMULLA, E. NIJKAMP, P. J. HAAS AND Y. SISMANIS. Large-Scale Matrix Factorization with Distributed Stochastic Gradient Descent. In *Proceedings of the 17th ACM SIGKDD international conference on Knowledge discovery and data mining*, San Diego, USA, 2011, pp. 69–77. ACM New York.
- [26] R. HARREN, K. JANSEN, L. PRÄDEL AND R. VAN STEE. A $(5/3 + \epsilon)$ -approximation for strip packing. In *WADS*, 2011, pp. 475–487.
- [27] J. HOART, M. A. YOSEF, I. BORDINO, H. FÜRSTENAU, M. PINKAL, M. SPANIOL, B. TANEVA, S. THATER AND G. WEIKUM. Robust Disambiguation of Named Entities in Text. In *Proceedings of the 2011 Conference on Empirical Methods in Natural Language Processing*, Edinburgh, Scotland, UK, July 2011, pp. 782–792. The Association for Computational Linguistics.
- [28] S. KARAYEV, M. FRITZ, S. FIDLER AND T. DARRELL. A probabilistic model for recursive factorized image features. In *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, Colorado Springs, CO, USA, June 2011. IEEE.
- [29] M. KERBER AND M. SAGRALO. Efficient real root approximation. In *International Symposium on Symbolic and Algebraic Computation (ISSAC)*, San Jose, USA, 2011, pp. 209–216. ACM. An extended version has been submitted to Journal of Symbolic Computation.
- [30] M. H. KIM, T. RITSCHER AND J. KAUTZ. Edge-aware color appearance (SIGGRAPH 2011). *ACM Trans. Graph.*, 30(2):13, 2011.
- [31] T. LU, S. MERZ AND C. WEIDENBACH. Towards verification of the Pastry routing protocol using TLA+. In R. Bruni and J. Dingel, eds., *FMOODS/FORTE 2011*, Reykjavik, Iceland, 2011, LNCS 6722, pp. 244–258. Springer. Accepted.
- [32] P. LUTSIK, L. FEUERBACH, J. ARAND, T. LENGAUER, J. WALTER AND C. BOCK. BiQ analyzer HT: locus-specific analysis of DNA methylation by high-throughput bisulfite sequencing. *Nucleic Acids Research*, 39(suppl 2):W551–W556, May 2011.
- [33] P. MIETTINEN AND J. VREEKEN. Model Order Selection for Boolean Matrix Factorization. In *Proceedings of the 17th ACM SIGKDD Conference on Knowledge Discovery and Data Mining (KDD-2011)*, San Diego, CA, USA, 2011. ACM.

- [34] M. MÜLLER, D. P. W. ELLIS, A. Klapuri AND G. RICHARD. Signal processing for music analysis. *IEEE Journal on Selected Topics in Signal Processing*, 5(6):1088–1110, 2011.
- [35] N. NAKASHOLE, M. THEOBALD AND G. WEIKUM. Scalable Knowledge Harvesting with High Precision and High Recall. In *4th ACM International Conference on Web Search and Data Mining (WSDM)*, Hong Kong, 2011, pp. 227–236. ACM.
- [36] L. PISHCHULIN, A. JAIN, C. WOJEK, M. ANDRILUKA, T. THORMÄHLEN AND B. SCHIELE. Learning people detection models from few training samples. In *Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, Colorado Springs, USA, 2011, pp. 1473–1480. IEEE.
- [37] S. REISS, I. REBHAN, P. BACKES, I. ROMERO-BREY, H. ERE, P. MATULA, L. KADERALI, M. POENISCH, H. BLANKENBURG, M.-S. HIET, T. LONGERICH, S. DIEHL, F. RAMREZ, T. BALLA, K. ROHR, A. KAUL, S. BÜHLER, R. PEPPERKOK, T. LENGAUER, M. ALBRECHT, R. EILS, P. SCHIRMACHER, V. LOHMANN AND R. BARTENSCHLAGER. Recruitment and activation of a lipid kinase by Hepatitis C virus NS5A is essential for integrity of the membranous replication compartment. *Cell Host & Microbe*, 9(1):32–45, 2011.
- [38] I. RESHETOUSKI, A. MANAKOV, H.-P. SEIDEL AND I. IHRKE. Three-dimensional kaleidoscopic imaging. In *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 2011, pp. 353–360.
- [39] M. ROHRBACH, M. STARK AND B. SCHIELE. Evaluating knowledge transfer and zero-shot learning in a large-scale setting. In *2011 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, Colorado Springs, USA, 2011, pp. 1641–1648. IEEE.
- [40] H. SAIGO, A. ALTMANN, J. BOGOJESKA, F. MÜLLER, S. NOWOZIN AND T. LENGAUER. Learning from past treatments and their outcome improves prediction of in vivo response to anti-HIV therapy. *Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology*, 10:Article 6, 2011.
- [41] S.-E. SCHELHORN, J. MESTRE, E. ZOTENKO AND M. ALBRECHT. Inferring physical protein contacts from large-scale purification data of protein complexes. *Molecular & Cellular Proteomics*, 10(6):M110.004929, 2011.
- [42] K. SCHERBAUM, T. RITSCHEL, M. HULLIN, T. THORMÄHLEN, V. BLANZ AND H.-P. SEIDEL. Computer-suggested facial makeup. *Computer Graphics Forum (Proceedings EUROGRAPHICS 2011)*, 30(2):485–492, April 2011.
- [43] M. STIKIC, D. LARLUS, S. EBERT AND B. SCHIELE. Weakly supervised recognition of daily life activities with wearable sensors, 2011.
- [44] T. STURM AND A. TIWARI. Verification and synthesis using real quantifier elimination. In E. Schost and I. Z. Emiris, eds., *Proceedings of the 36th international symposium on Symbolic and algebraic computation (ISSAC 2011)*, San Jose, CA, June 2011, pp. 329–336. ACM.
- [45] V. SVICHER, V. CENTO, R. SALPINI, F. MERCURIO, M. FRAUNE, B. BEGDEL, Y. HAN, C. GORI, L. WITTKOP, A. BERTOLI, V. MICHELI, G. GUBERTINI, R. LONGO, S. ROMANO, M. VISCA, V. GALLINARO, N. MARINO, F. MAZZOTTA, G. M. DE SANCTIS, H. FLEURY, P. TRIMOULET, M. ANGELICO, G. CAPPIELLO, X. X. ZHANG, J. VERHEYEN, F. CECCHERINI-SILBERSTEIN AND C. F. PERNO. Role of Hepatitis B virus genetic barrier in drug-resistance and immune-escape development. *Digestive and Liver Disease*, 43(12):975–983, December 2011.
- [46] N. TANDON, G. DE MELO AND G. WEIKUM. Deriving a web-scale common sense fact database. In W. Burgard and D. Roth, eds., *AAAI*, 2011. AAAI Press.
- [47] A. TEVS, A. BERNER, M. WAND, I. IHRKE AND H.-P. SEIDEL. Intrinsic Shape Matching by Planned Landmark Sampling. In O. Deussen and M. Chen, eds., *Computer Graphics Forum (Proc. EUROGRAPHICS)*, Llandudno, UK, 2011, pp. 543–552. Blackwell.
- [48] L. TOLOSI AND T. LENGAUER. Classification with correlated features: unreliability of feature ranking and solutions. *Bioinformatics*, 27(14):1986–1994, May 2011.
- [49] T. TUYTELAARS, M. FRITZ, K. SAENKO AND T. DARRELL. Kernelized nbnn. In *IEEE International Conference on Computer Vision*, Barcelona, Spain, 2011. IEEE.
- [50] T. WEINKAUF, H. THEISEL, A. V. GELDER AND A. PANG. Stable Feature Flow Fields. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 17(6):770–780, June 2011.
- [51] T. WITTKOP, D. EMIG, A. TRUSS, M. ALBRECHT, S. BÖCKER AND J. BAUMBACH. Comprehensive cluster analysis with Transitivity Clustering. *Nature Protocols*, 6(3):285–295, 2011.
- [52] C. WOJEK, S. WALK, S. ROTH AND B. SCHIELE. Monocular 3D scene understanding with explicit occlusion reasoning. In *Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, Colorado Springs, 2011, pp. 1193–2000. IEEE.
- [53] C. WU, B. WILBURN, Y. MATSUSHITA AND C. THEOBALT. High-quality shape from multi-view stereo and shading under general illumination.

In *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, Colorado Springs, 2011, pp. 969–976. IEEE.

[54] F. XU, Y. LIU, C. STOLL, G. BHARAJ, H.-P. SEIDEL, J. KAUTZ AND C. THEOBALT. Video-based characters - creating new human performances from a multi-view video database. *ACM Transactions on Graphics (Proceedings of ACM Siggraph 2011)*, 30(4):1–20, 2011.

[55] M. A. YOSEF, J. HOART, M. SPANIOL AND G. WEIKUM. AIDA: An Online Tool for Accurate Disambiguation of Named Entities in Text and Tables. In *37th International Conference on Very Large Data Bases*, Seattle, USA, 2011. VLDB Endowment.

[56] M. J. ZILLER, F. MÜLLER, J. LIAO, Y. ZHANG, H. GU, C. BOCK, P. BOYLE, C. B. EPSTEIN, B. E. BERNSTEIN, T. LENGAUER, A. GNIRKE AND A. MEISSNER. Genomic distribution and inter-sample variation of non-CpG methylation across human cell types. *PLoS Genetics*, 7(12):e1002389, December 2011.

Wege zum Institut

Das Max-Planck-Institut für Informatik (Gebäude E1 4) befindet sich auf dem Campus der Universität des Saarlandes etwa 5 km nordöstlich vom Zentrum der Stadt Saarbrücken im Wald nahe bei Dudweiler.

Saarbrücken besitzt einen eigenen Flughafen (Saarbrücken-Ensheim) und ist mit Auto-, Shuttle-Bus- und Zugverbindungen an die Flughäfen Frankfurt und Luxemburg angebunden. Zugstrecken verbinden Saarbrücken im Stundentakt innerhalb Deutschlands. Regelmäßig verkehrende Züge schaffen eine Anbindung an die Städte Metz, Nancy und Paris. Autobahnen führen nach Mannheim/Frankfurt, Luxemburg/Trier/Köln, Straßburg und Metz/Nancy/Paris.

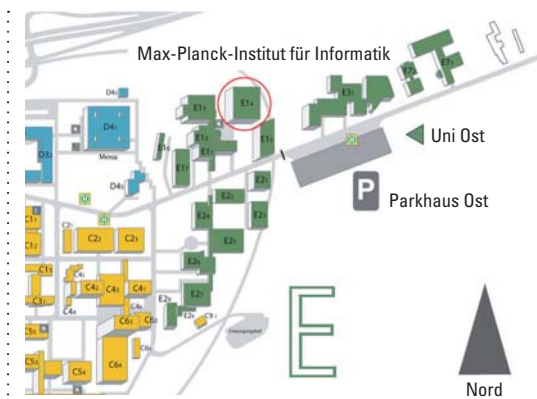
Sie erreichen den Campus...

von Saarbrücken-Ensheim, Flughafen
mit dem Taxi in ungefähr 20 Minuten

von Saarbrücken, Hauptbahnhof
mit dem Taxi in ungefähr 15 Minuten
mit dem Bus in ungefähr 20 Minuten
Richtung „Dudweiler-Dudoplatz“ oder „Universität Campus“
Ausstieg „Universität Mensa“
alternativ Ausstieg „Universität Campus“

von Frankfurt oder Mannheim über die Autobahn A6
Abfahrt „St.Ingbert-West“
den weißen Schildern „Universität“ zum Campus folgend

von Paris über die Autobahn A4
Abfahrt „St.Ingbert-West“
den weißen Schildern „Universität“ zum Campus folgend



I M P R E S S U M

Herausgeber

Max-Planck-Institut für Informatik
Campus E1 4
D-66123 Saarbrücken

Redaktion & Koordination

Völker Maria Geiß
Kamila Kolesniczenko
Manuel Lamotte-Schubert
Thomas Lengauer
Kurt Mehlhorn
Jennifer Müller
Marcus Rohrbach
Thomas Sauerwald
Bernt Schiele
Jens Schmidt
Hans-Peter Seidel
Bertram Somieski
Ingolf Sommer
Martin Theobald
Christian Theobald
Uwe Waldmann
Christoph Weidenbach
Gerhard Weikum

Lektorat

Kamila Kolesniczenko

Fotos & Bildbearbeitung

Manuel Lamotte-Schubert

Kontakt

Max-Planck-Institut für Informatik
Telefon +49 681 9325-0
Telefax +49 681 9325-5719
Email info@mpi-inf.mpg.de
Internet <http://www.mpi-inf.mpg.de>

Berichtszeitraum

1. Januar 2011 bis 31. Dezember 2011

Gestaltung

Behr Design | Saarbrücken

Druck

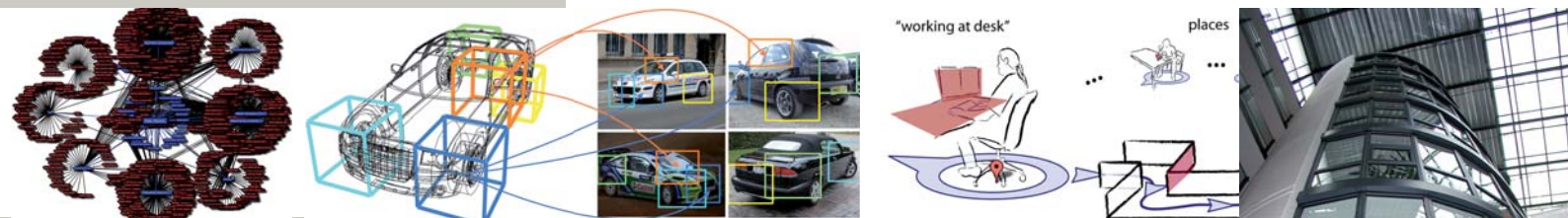
Kubbli GmbH | Blieskastel

⋮





max planck institut
informatik



Max-Planck-Institut für Informatik
Campus E1 4
D-66123 Saarbrücken

Telefon +49 681 9325-0
Telefax +49 681 9325-5719
Email info@mpi-inf.mpg.de
Internet <http://www.mpi-inf.mpg.de>



max planck institut
informatik