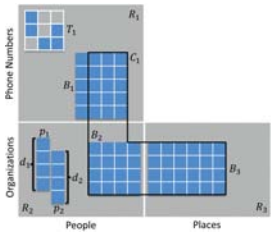
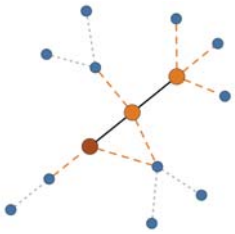
max planck institut
informatik

Bericht 2013/2014

14 15 16 17 18

max planck institut
informatik





Bericht 2013/2014

Direktorium

Prof. Dr. Thomas Lengauer
Prof. Dr. Kurt Mehlhorn
Prof. Dr. Bernt Schiele
Prof. Dr. Hans-Peter Seidel
Prof. Dr. Gerhard Weikum

Fachbeirat

Prof. Dr. Trevor Darrell, University of California, Berkeley, USA
Prof. Dr. Nir Friedman, Hebrew University of Jerusalem, Israel
Prof. Dr. Pascal Fua, École Polytechnique Fédérale de Lausanne, Schweiz
Prof. Dr. Thomas A. Funkhouser, Princeton University, USA
Prof. Dr. Jürgen Giesl, RWTH Aachen, Deutschland
Prof. Dr. Alon Halevy, Google Research, Mountain View, USA
Prof. Dr. Renée Miller, University of Toronto, Kanada
Prof. Dr. Yves Moreau, Katholieke Universiteit Leuven, Belgien
Prof. Dr. Nicole Schweikardt, Humboldt Universität Berlin, Deutschland
Prof. Dr. François Sillion, INRIA Rhône-Alpes, Frankreich
Prof. Dr. Emo Welzl, Eidgenössische Technische Hochschule Zürich, Schweiz
Prof. Dr. Gerhard J. Woeginger, Eindhoven University of Technology, Niederlande

Kuratorium

Hon. Adv. Professor (Tsinghua) Dr. Reinhold Achatz, Leiter Corporate Technology, Innovation & Quality, Thyssen Krupp AG, Essen
Dr. Siegfried Dais, Gesellschafter der Robert Bosch Industrietreuhand KG, Stuttgart
Christiane Götz-Sobel, Leiterin der Redaktion Naturwissenschaft und Technik des ZDF, München
Prof. Dr. Joachim Hertel, Denkprozess GmbH, Saarbrücken
Prof. Dr. Henning Kagermann, Präsident acatech, München
Annegret Kramp-Karrenbauer, Ministerpräsidentin des Saarlandes, Saarbrücken
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 Deutscher Akademischer Austauschdienst e.V. (DAAD)

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 FORSCHUNGSGRUPPE
24 FG . 1 AUTOMATISIERUNG DER LOGIK

25 DAS MAX PLANCK CENTER
26 EXZELLENZCLUSTER «MULTIMODAL COMPUTING AND INTERACTION»

28 DIE FORSCHUNGSSCHWERPUNKTE

30 ANALYSE VON BILDERN & VIDEOS
42 BIOINFORMATIK
58 GARANTIEN
66 INFORMATIONSSUCHE & DIGITALES WISSEN
80 MULTIMODALE INFORMATION & VISUALISIERUNG
92 OPTIMIERUNG

100 SOFTWARE

102 IMPRS-CS

104 ALUMNI

124 AKTUELLES

144 DAS INSTITUT IN ZAHLEN

146 DIE GEMEINSAME VERWALTUNG

148 INFORMATIONSDIENSTE & TECHNOLOGIEN

152 KOOPERATIONEN

154 PUBLIKATIONEN

158 WEGE ZUM INSTITUT

VORWORT

Regelmäßig 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 zur 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 180 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 sowie Zentrum für Bioinformatik 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 zahlreiche Neubauten am *Platz der Informatik* auf dem Saarbrücker Campus. In den nächsten Monaten wird das Gebäude des Centers for IT-Security, Privacy and Accountability (CISPA) am Ostende des Stuhlsatzenhauswegs fertiggestellt sein. Wir befinden uns mitten in der letzten Phase der Exzellenzinitiative, in deren Rahmen der Exzellenzcluster „Multimodal Computing and Interaction“ sowie die „Saarbrücken Graduate School of Computer Science“ gefördert werden. Schließlich freuen wir uns über eine weitere sehr erfolgreiche Evaluierung unseres Instituts durch unseren international besetzten Fachbeirat.

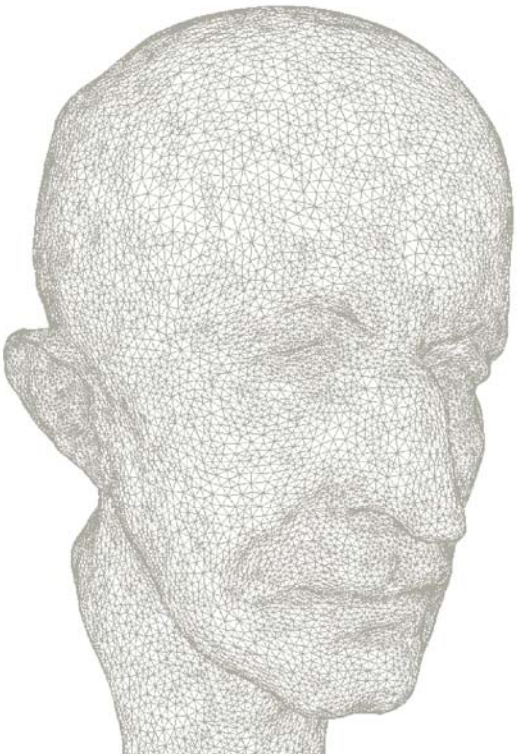
Der Bericht folgt einer einfachen Gliederung. Nach einer Übersicht über das gesamte Institut, die Abteilungen und die Forschergruppen, stellen wir die Forschungsschwerpunkte des Instituts vor. An diesen Themen, die quer zu den Abteilungen verlaufen, werden wir auch in den nächsten Jahren weiter forschen. Dem schließt sich ein Abschnitt über unsere Alumni sowie ein kurzer Überblick zu aktuellen Ereignissen an. Im letzten Teil des Berichts finden Sie eine Auswahl von aktuellen wissenschaftlichen Publikationen sowie aktuelle Kennzahlen unseres Instituts.

Wir wünschen Ihnen viel Spaß bei der Lektüre dieses Berichts.

Thomas Lengauer *Geschäftsführender Direktor*

Das Max-Planck-Institut für Informatik
Ein Überblick

Computersysteme beeinflussen alle Aspekte unseres Lebens. Sie bilden nicht nur die Grundlage für 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 nahezu 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 machtvollen und gleichzeitig 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 innerhalb kurzer Zeit zu dramatischen Änderungen im Alltag führt. Gerade die letzten 25 Jahre 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 an 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 Kaiserslautern und Saarbrücken. In einigen weiteren Instituten gibt es Abteilungen mit starken Informatikkomponenten. Die Neuausrichtung des Max-Planck-Instituts für Metallforschung in ein Institut für Intelligente Systeme hat die Informatik in der Max-Planck-Gesellschaft weiter gestärkt. Angesichts der Bedeutung des Gebietes ist die Gründung weiterer Institute in der Informatik oder in informatiknahen Bereichen 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 auf dem Weg zur Promotion und danach. Wir bringen künftige Vordenker und Führungskräfte für Wissenschaft und Wirtschaft hervor. In unserem Institut arbeiten über 180 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 stammt 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. Um eine Kultur für Neugründungen von Firmen zu schaffen und Firmengründungen und Lizenzierungen zu unterstützen, gründete die Max-Planck-Gesellschaft zusammen mit der Universität des Saarlandes die IT Inkubator GmbH im Starterzentrum der Universität des Saarlandes. Die IT Inkubator GmbH hat zwei Ziele: Zum einen werden Wissenschaftler bei der Gründung und Finanzierung von Neugründungen im High-Tech-Bereich unterstützt; zum anderen sollen Forschungsresultate an die nationale und internationale Wirtschaft vermarktet werden. Die offizielle Eröffnung fand im März 2015 in Anwesenheit der Ministerpräsidentin Annegret Kramp-Karrenbauer und des Präsidenten der Max-Planck-Gesellschaft, Professor Dr. Martin Stratmann, sowie des Präsidenten der Universität des Saarlandes, Professor Dr. Volker Linneweber statt.

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

Historie und Institutsstruktur

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 der 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“*. 2010 kam die neue Abteilung *„Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung“* hinzu, die von Bernt Schiele geleitet wird.

Neben den Abteilungen beherbergt das Institut selbstständige Forschungsgruppen. Derzeit ist die von Christoph Weidenbach geleitete Forschungsgruppe *„Automatisierung der Logik“* am Institut tätig, ebenso wie einige selbstständige Nachwuchsgruppen des Exzellenzclusters Multimodal Computing and Interaction und der Max-Planck Stanford Kooperation (geleitet von Mykhaylo Andriluka, Roland Angst, Andreas Karrenbauer, Michael Kerber, Haricharan Lakshman, Yangyan Li und Dominik Michels).

Senior Researcher

Orthogonal zur organisatorischen Struktur ist das Institut auf der wissenschaftlichen Seite in derzeit 29 Forschungsgruppen gegliedert. Diese Forschungsgruppen werden von Wissenschaftlern mit dem Status eines *„Senior Researcher“* geleitet. Direktoren und selbstständige Forschungsgruppenleiter gehören durch ihre Berufung ans Institut automatisch zu diesem Kreis. Darüber hinaus können auch promovierte Forscher über ein Aufnahmeverfahren ähnlich dem Berufungsverfahren auf eine Professur an einer Universität zum Senior Researcher werden. Aktuell hat das Institut folgende Senior Researcher: Ernst Althaus, Klaus Berberich, Andreas Bulling, Piotr Didyk, Mario Fritz, Martin Hoefer, Olga Kalinina, Andreas Karrenbauer, Michael Kerber, Thomas Lengauer, Christoph Lenzen, Tobias Marschall, Kurt Mehlhorn, Pauli Miettinen, Karol Myszkowski, Nico Pfeifer, Tobias Ritschel, Michael Sagraloff, Bernt Schiele, Marcel Schulz, Hans-Peter Seidel, Viorica Sofronie-Stokkermans, Jürgen Steimle, Thomas Sturm, Christian Theobalt, Jilles Vreeken, Christoph Weidenbach, Gerhard Weikum und Andreas Wiese.

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 Reiseroute 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 exponentielles Wachstum. Legen wir nun also die

ÜBERBLICK

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 stellt sich die Frage, ob das Programm auch „effizient" ist und die bestmögliche Berechnung 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 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 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, die 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 Mission der Abteilung *„Datenbanken und Informationssysteme"* ist die automatische Akquisition von Wissen von Internet-Quellen, Textdokumenten, und sozialen Medien. Das ultimative Ziel ist ein Computer, der alles weiß, was Wikipedia in einer formellen Wissensrepräsentation bereitstellt, und der dieses Wissen für das Verstehen von natürlicher Sprache, tiefen Textanalysen, und logischen Inferenzen nutzen kann. Digitales Wissen ist ein Schlüsselelement für eine Vielzahl intelligenter Computeranwendungen: die Suche nach Entitäten und komplexen Zusammenhängen im Internet oder in Unternehmen, die Analyse von Nachrichtentexten und sozialen Medien, das Zusammenfassen ganzer Textkorpora, sowie die Exploration und Analyse heterogener Big-Data-Sammlungen.

Die Abteilung für *„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 heut-

zutage in immer mehr Geräten und Umgebungen eingebettet. 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 Sensorinformation haben, diese nicht vollständig interpretieren und somit die 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 und 2012 verlängerten 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 20 Jahren bestanden digitale Inhalte überwiegend aus Text. Heute sind diese Inhalte erweitert um Audio, Video und Grafik, 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, Grafik 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. Deshalb ist unser zweites Ziel, eine ähnlich natürliche multimodale Interaktion mit Informationssystemen zu ermöglichen, 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 Forschungsprogramm des Clusters 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 Softwaresysteme.

ÜBERBLICK

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 Kaderschmiede 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 Jahren als überaus erfolgreich erwiesen, und eine Vielzahl von Nachwuchswissenschaftlern wurde auf Professuren im In- und Ausland berufen.

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 Software oder als Webservice zur Verfügung. Beispiele sind CGAL (Computational Geometry Algorithms Library) sowie der klinisch genutzte Webservice geno2pheno 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 102) und erlaubt nach der Promotion über internationale Kooperationsabkommen wie dem *„Max Planck Center for Visual Computing and Communication“* (siehe Seite 25), dem *„Indo Max Planck Center for Computer Sciences“* (*IMPECS*, siehe Seite 133) und internationale Forschungsprojekte den Austausch mit Spitzeninstitutionen 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 enthält zudem eine Vorstellung der IMPRS-CS, einen Abschnitt über unsere Alumni, eine Übersicht zu aktuellen Ereignissen, eine Darstellung des Instituts in Zahlen, infrastrukturelle Aspekte sowie eine tabellarische Auflistung von Kooperationen und Publikationen.

Wir wünschen Ihnen viel Freude bei der Lektüre und sind gern 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:

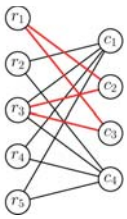
- **herausragende Grundlagenforschung im Bereich Algorithmen**
- **Umsetzung unserer Grundlagenarbeiten in Demonstratoren und allgemein nützlichen Softwarebibliotheken**
- **Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses in einer stimulierenden Arbeitsgruppe**

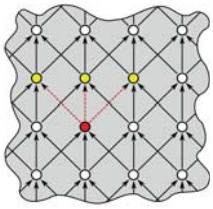
Wir sind in allen drei Aspekten erfolgreich und wirken durch Veröffentlichungen, Software und die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler selbst. Wir publizieren in den besten Zeitschriften, wir präsentieren unsere Ergebnisse auf den großen internationalen Tagungen des Gebiets, und unsere Softwarebibliotheken LEDA und CGAL werden weltweit genutzt. Viele ehemalige Mitglieder der Gruppe bekleiden Spitzenpositionen im In- und Ausland.

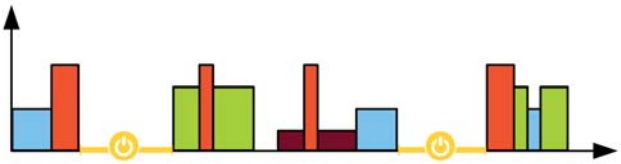
KONTAKT

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 entwerfen und analysieren 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, Analysen 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 optimale Ansteuerung von Displays. Einen Teil unserer theoretischen Einsichten setzen wir in Software-Demonstratoren und Softwarebibliotheken um, in einem Teil unserer praktischen Arbeiten kooperieren wir mit Unternehmen.

Herausragende theoretische Ergebnisse der letzten beiden Jahre sind unter anderem ein neuer Algorithmus zur hocheffizienten und gleichzeitig beweisbar korrekten Isolation von Nullstellen von Polynomen, sogenannte zertifizierende Algorithmen für Zusammenhangsprobleme in Graphen (d. h. Algorithmen, die nicht nur eine Lösung berechnen, sondern auch ein einfaches Zertifikat für die Richtigkeit der Lösung mitliefern) sowie ein einfacher (und damit praktisch anwendbarer) Algorithmus zur Berechung von Gleichgewichtspreisen im Modell von Fischer und Walras. Neben dem Design von guten Algorithmen versuchen wir auch, tieferliegende Zusammenhänge algorithmischer Natur zu erkennen. Dazu gehören algorithmische Erklärungsmodelle dafür, dass bestimmte Organismen in der Natur anscheinend sehr leicht kürzeste Wege berechnen können, oder eine mathematische Begründung dafür, dass sich Informationen in sozialen Netzen sehr schnell verbreiten, oder eine Erklärung, warum alle bekannten Algorithmen zur Berechnung der Frechet-Distanz von Kurven mindestens eine quadratische Laufzeit haben (ein subquadratischer Algorithmus für die Frechet-Distanz würde nämlich einen besseren Algorithmus für das Erfüllbarkeitsproblem implizieren).

Herausragende praktische Ergebnisse der letzten Jahre sind unsere Beiträge zu der im internationalen Verbund erstellten Softwarebibliothek CGAL sowie die Complete Search Suchmaschine und ihre Anwendung in einer der wichtigsten Literaturdatenbanken der Informatik. Auch unsere in den 90er Jahren gestartete Softwarebibliothek LEDA für Graphalgorithmen erfreut sich weiterhin zahlreicher Nutzung in Wissenschaft und Industrie.

Unsere theoretischen und praktischen Arbeiten befruchten sich aber auch gegenseitig. Unsere theoretischen Arbeiten sind beispielsweise 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 weiter durchgesetzt: Die DFG unterstützt diese Forschungsrichtung in ihrem Schwerpunktprogramm „Algorithm Engineering".

Die Gruppe ist darüber hinaus 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) und des Deutschen Akademischen Auslandsdienstes (DAAD). Zudem sind wir Teil des Transregio-Sonderforschungsbereiches AVACS (Automatic Verification and Analysis of Complex Systems).

Die Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses ist ebenso ein integraler Bestandteil unserer Arbeit. Wir halten Vorlesungen an der Universität des Saarlandes, die sich an Studierende, aber auch an unsere Doktoranden richten. Unsere jährliche Sommerschule bringt führende Experten und ausgezeichnete internationale Doktoranden nach Saarbrücken. 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 Alumni der Arbeitsgruppe in der Regel auf hoch attraktive Stellen in Forschung und Industrie wechseln. Zwei Alumni der Arbeitsgruppe – nämlich Susanne Albers und Peter Sanders – erhielten bisher den Leibnizpreis der DFG. :::

Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung

PROF. DR. BERNT SCHIELE

ABT. 2

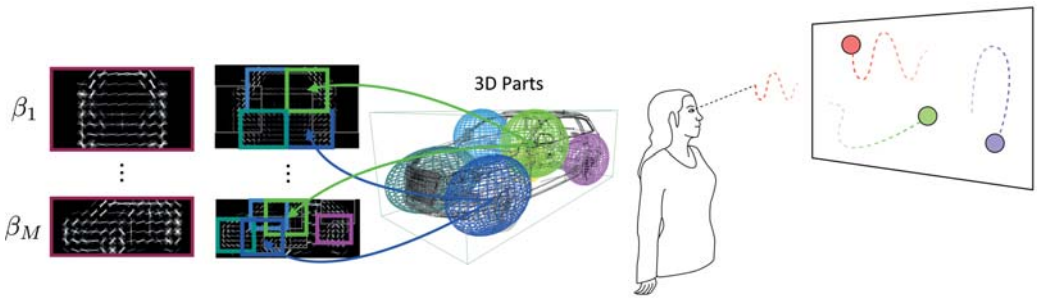
Die Arbeitsgruppe wurde 2010 neu gegründet und umfasst derzeit 30 Wissenschaftler.

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

KONTAKT

Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung
Sekretariat
Cornelia Balzert
Telefon +49 681 9325-2000
Email d2-office@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 in 3D gelernt werden. Diese ermöglichen nicht nur die robuste Detektion von Objekten, sondern erlauben zusätzliche Parameter wie z.B. die Blickrichtung zu schätzen, die essentiell sind für 3D-Szenenverstehen.

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, Personen robust zu finden und diese über längere Zeiträume zu verfolgen, auch wenn sie lange verdeckt sein sollten. 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.

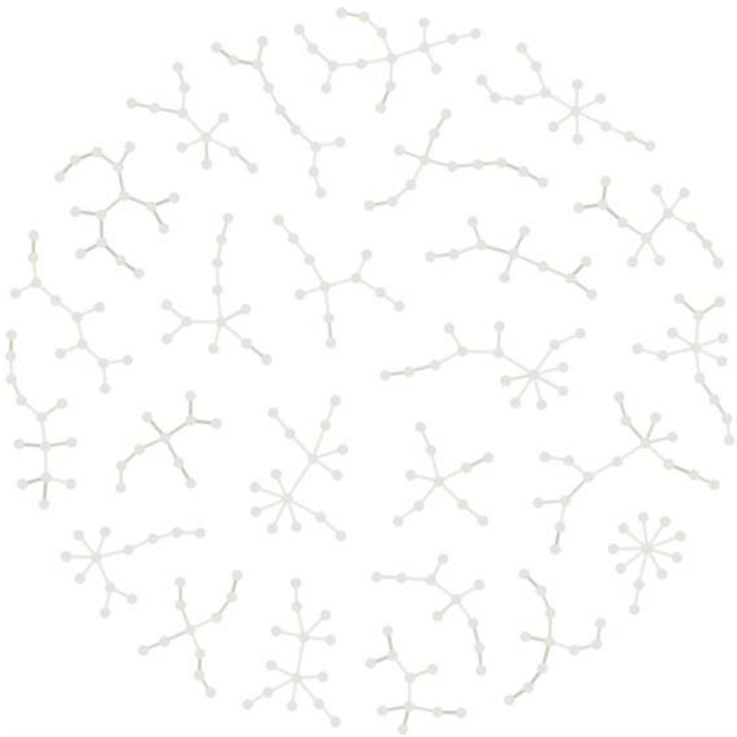
Der dritte Arbeitsbereich der Gruppe ist der Bereich des maschinellen Lernens. Diesem kommt die wichtige Rolle des Querschnittthemas zu, das die Gemeinsamkeit der anderen Arbeitsbereiche, die Verwendung probabilistischer Modellierungs- und Inferenzverfahren, darstellt. Diese erlauben z. B. die Modellierung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

Bioinformatik und Angewandte Algorithmik

PROF. DR. THOMAS LENGAUER, PH.D.

ABT. 3

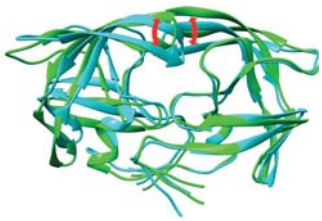
Diese Abteilung existiert seit Oktober 2001 und wird von Prof. Dr. Thomas Lengauer geleitet. Die Abteilung beschäftigt derzeit etwa 20 Wissenschaftler, die ausschließlich im Bereich Bioinformatik forschen.

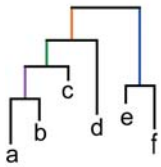


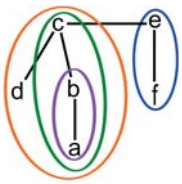
KONTAKT

Bioinformatik und Angewandte Algorithmik
Sekretariat
Ruth Schneppen-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 42). 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 Energiebilanz der molekularen Prozesse ist dabei von entscheidender Bedeutung. Zu diesem Thema leisten wir Grundlagenarbeit (*„Zusammenhang zwischen Veränderungen in der Molekülkonformation und der freien Energie“*, Seite 44).

Unsere Methoden werden in konkreten Fallbeispielen auf Infektionskrankheiten wie AIDS (*„Strukturelle Erkenntnisse über das Entstehen von Resistenzmutationen in der HIV-1-Protease“* Seite 46) sowie Hepatitis B und Hepatitis C angewendet. Bei der Suche nach optimierten Therapien für Infektionskrankheiten spielt AIDS eine zentrale 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 47). Ferner untersuchen wir die geografische Verbreitung des Virus (*„Konstruktion von viralen Transmissionsnetzen mittels genomischer Daten“*, Seite 48 und *„Expected Force – ein Maß für den Einfluss von Knoten in Infektionsnetzwerken“* Seite 49).

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 die Krebsfrüherkennung zum Beispiel anhand genetischer und so genannter epigenetischer Veränderungen erfolgen (*„Integrative Krebsdatenanalyse“*, Seite 50). 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 bei solchen Krankheiten ein Fehlverhalten zeigt. Die Kartierung des Epigenoms ist eine der großen weltweiten Herausforderungen der Biologie der nächsten Jahre (*„Kartierung von Epigenomen“*, Seite 51 und *„Analyse der dreidimensionalen Anordnung der DNA im Zellkern“*, Seite 52). Ein allgemeinerer Beratungsansatz zur Unterstützung der Diagnose einer breiten Vielfalt von genetischen Krankheiten wird in *„Phänotypische Merkmale erlauben die computergestützte klinische Diagnose von genetischen Krankheiten“*, Seite 53 beschrieben.

Ein Großteil der Methodenentwicklung in der Abteilung führt zu Softwaresystemen, die weltweit von zahlreichen akademischen, klinischen und oft auch industriellen Nutzern angewandt werden. Beispiele, über die in diesem Band berichtet wird, gibt es im Bereich der Epigenetik (*„EpiExplorer und RnBeads – integrative Methoden zur Analyse epigenomischer Daten“*, Seite 54 und *„BiQ Analyzer HiMod für die lokusspezifische Analyse von DNA Modifikationsdaten“*, Seite 55), der Analyse von Proteinfunktion und Proteinwechselwirkungsnetzen sowie der Optimierung von Therapien gegen virale Infektionen (*„Bioinformatische Unterstützung von HIV Therapie“*, Seite 47).

Weitere Themenbereiche, zu denen wir Grundlagenforschung leisten, umfassen die Frage wie verschiedene Viren evolutionär zueinander in Beziehung stehen (*„Verwandte Proteine in unverwandten Viren“*, Seite 56) und wie Variationen in individuellen (z. B. menschlichen) Genomen analysiert werden können (*„Strukturelle Variation in Genomen“*, Seite 57).

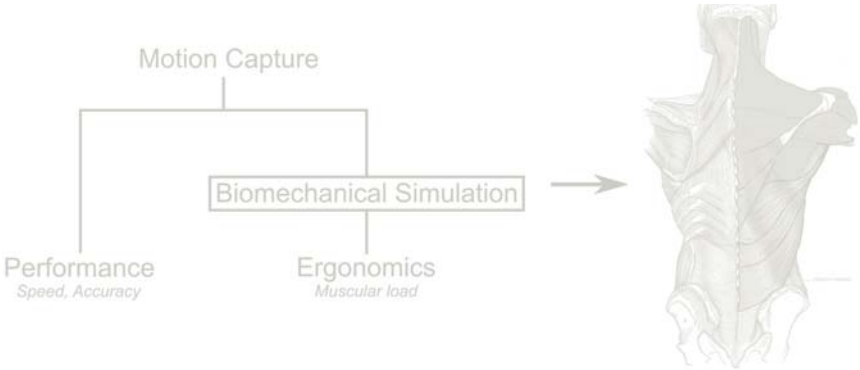
Die Abteilung ist eine der tragenden Säulen des Zentrums für Bioinformatik Saar, einer wissenschaftlichen Einrichtung an der Universität des Saarlandes, die Lehre und Forschung im Bereich der Bioinformatik zum Gegenstand hat. Die Abteilung ist Mitglied einer ganzen Anzahl von nationalen und internationalen Konsortien zu den Themen „Virale Infektionen“und „Epigenetik“. :::

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 (Visual Computing bzw. 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. Ihr zukünftiges Anwendungspotential wird durch Schlagworte wie Multimedia, digitale Fotografie, digitales Fernsehen, Telekommunikation und Telepräsenz, virtuelle Realität oder 3D-Internet aber lediglich angedeutet. 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 auf skalierbaren Displays. Außerdem soll der Benutzer in die Lage versetzt werden, auf möglichst intuitive Art und Weise mit seiner Umgebung zu interagieren.

Die genannten Herausforderungen erfordern auch in wissenschaftlicher Hinsicht neue Ansätze. Ein wichtiges Charakteristikum der Arbeitsgruppe ist 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. Außerdem berücksichtigen wir bei der Analyse und Synthese neuer Szeneninhalte die Fülle bereits vorhandener digitaler Daten, indem wir versuchen, aus diesen Daten geeignete statistische Modelle zu extrahieren, um damit spezifische Akquisitions-, Rekonstruktions-, Editier- und Darstellungs-Prozesse zu unterstützen. Unser langfristiges Ziel ist die Entwicklung von Methoden zur effizienten Handhabung der sehr umfangreichen Datensätze während des Akquisitionsprozesses, zur automatischen Extraktion von Struktur und Semantik und zur Umsetzung in geeignete rechnerinterne Repräsentationen, welche die Weiterverarbeitung, Darstellung und Interaktion mit den gewonnenen Daten möglichst optimal unterstützen. Zusätzlich hierzu ist dann aber noch die menschliche Wahrnehmung zu berücksichtigen.

Die wissenschaftlichen Aktivitäten der Arbeitsgruppe 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 Jahr 2003 gemeinsam eingerichtete *„Max Planck Center for Visual Computing and Communication“*. Ziel des Brückenschlags zwischen diesen 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 Kombination neuer Austauschmechanismen mit attraktiven Rückkehrmöglichkeiten soll zudem ein wesentlicher Beitrag zur Herausbildung und Rückgewinnung hervorragender Nachwuchswissenschaftler geleistet werden.

Darüber hinaus ist die Arbeitsgruppe 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 und zwischenzeitlich erfolgreich um eine weitere Förderperiode (2012 – 2017) verlängert. Hans-Peter Seidel ist wissenschaftlicher Koordinator des Exzellenzclusters.

Ein weiterer wichtiger Kooperationspartner ist das 2009 eingerichtete *„Intel Visual Computing Institute“*. Das 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.

Insgesamt sind aus dem Institut seit der Gründung der Abteilung vor fünfzehn Jahren mehr als 40 Professoren im In- und Ausland auf dem Gebiet der Computergrafik bzw. des Visual Computing hervorgegangen. Die außergewöhnliche Qualität dieses Personenkreises spiegelt sich auch in einer Reihe von renommierten nationalen und internationalen Preisen wider (u. a. Deutscher Mustererkennungspreis (3x), Eurographics Young Researcher Award (7x), ERC Starting Grant (5x), Eurographics Technical Contributions Award, Humboldt Forschungspreis, ERC Advanced Grant, DFG Leibniz-Preis (2x), Eurographics Distinguished Career Award). :::

Datenbanken und Informationssysteme

PROF. DR.-ING. GERHARD WEIKUM

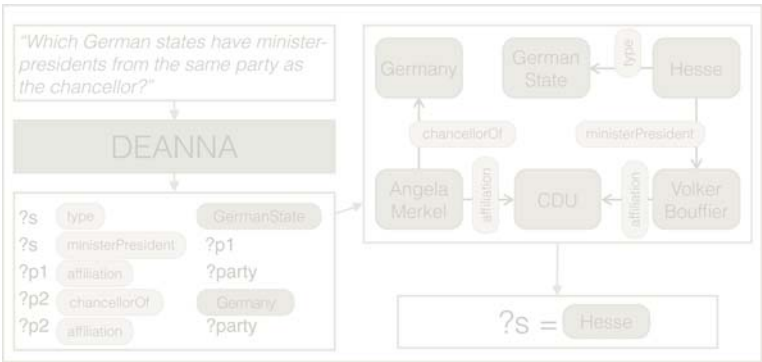
ABT. 5

Die von Gerhard Weikum geleitete Abteilung forscht in drei Themenfeldern:

1. **Algorithmische Wissensextraktion aus Texten und Webquellen und automatische Konstruktion großer Wissensbasen.**

2. **Semantisches Sprachverstehen durch automatisches Erkennen und Disambiguieren von Namen und Phrasen, die auf Entitäten und Relationen in Datenbanken und Wissensbasen abgebildet werden.**

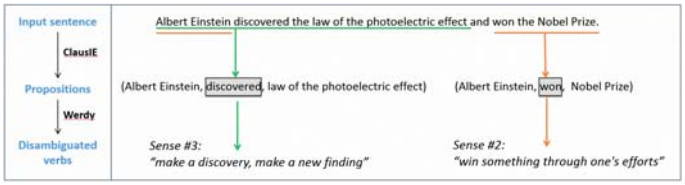
3. **Big-Data-Analytik und explorative Datenanalyse sowohl auf strukturierten Daten wie beispielsweise biologischen Netzwerken oder Produktbewertungen als auch auf unstrukturierten Daten wie Nachrichtentexten oder Online-Diskussionsforen.**

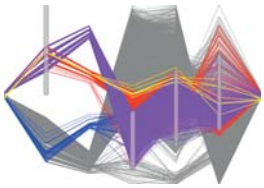


KONTAKT

Datenbanken und Informationssysteme
Sekretariat
Petra Schaaf
Telefon +49 681 9325-5000
Email d5-office@mpi-inf.mpg.de

ABT. 5





Das Leitthema und die strategische Mission der Abteilung ist die maschinelle Erschließung umfassender Wissensbasen aus Internetquellen, Texten und sozialen Medien. Ein Computer, der zum Beispiel den kompletten Inhalt von Wikipedia in einer formalen Wissensrepräsentation kennt und für Sprachverstehen, tiefe Textanalyse und logisches Schließen nutzen kann, wäre in der Lage, semantisch präzise Antworten auf komplexe Fragen zu geben, und könnte womöglich sogar die Abiturprüfung in bestimmten Fächern bestehen. Das Langzeitziel wäre, den Turing-Test zu bestehen: Kann sich ein Computer in einer Konversation mit einem menschlichen Partner so verhalten, dass der Gesprächspartner nicht unterscheiden kann, ob er mit einem Menschen oder einer Maschine kommuniziert?

Die Abteilung verfolgt dieses Ziel seit 2005 und war Vorreiter bei der automatischen Konstruktion formaler Wissensbasen – ein Trend, der später zu Entwicklungen wie dem Google Knowledge Graph und ähnlichen Projekten geführt hat. Unsere Wisssensbasis YAGO ist eine der drei größten öffentlich verfügbaren Wissensbasen. YAGO kennt nahezu 10 Millionen Entitäten wie Personen, Orte, Filme, Arzneimittel und vieles mehr sowie 200 Millionen Fakten über diese Entitäten und ihre Beziehungen untereinander. YAGO wurde und wird in vielen Projekten weltweit genutzt, u.a. auch vom IBM Watson System für die semantische Typprüfung beim Sieg im TV-Quiz Jeopardy Anfang 2011. Wir arbeiten an Verbesserungen und Erweiterungen von YAGO und Wissenstechnologie generell, insbesondere am Erschließen von temporalem Wissen und von Allgemeinwissen über alltägliche Gegenstände, Aktivitäten und anderes.

Digitales Wissen ist ein Schlüsselelement für eine Vielzahl intelligenter Computeranwendungen: die Suche nach Entitäten und komplexen Zusammenhängen im Internet oder in Unternehmen, die Analyse von Nachrichtentexten und sozialen Medien, das Zusammenfassen ganzer Textkorpora sowie die Exploration und Analyse heterogener Big-Data-Sammlungen. Eine Anwendung, bei der wir maschinelles Weltwissen intensiv nutzen, ist das AIDA-Projekt zum automatischen Erkennen und Verfolgen von Entitäten in Texten und Daten.

Methodisch forscht die Gruppe an der geschickten Verknüpfung von logikbasierten Algorithmen und statistisch basierten Verfahren. Methoden dieser Art sind zum einen zentral für die Wissensextraktion und zum anderen wichtige Komponenten bei der explorativen Datenanalyse sowohl auf strukturierten Daten als auch auf unstrukturierten Texten.

Viele der in der Gruppe entwickelten Werkzeuge und Systeme sind als Open-Source-Software öffentlich verfügbar und werden weltweit von anderen Forschungsgruppen genutzt. Dazu gehören insbesondere:

1. Softwarebibliotheken, die zur automatischen Konstruktion und Pflege der YAGO-Wissensbasis dienen, sowie die Wissensbasis selbst.

2. Die RDF-Suchmaschine RDF-3X, mit der große Kollektionen von RDF-Tripeln und graphstrukturierten Daten effizient nach komplexen Mustern durchsucht werden können.

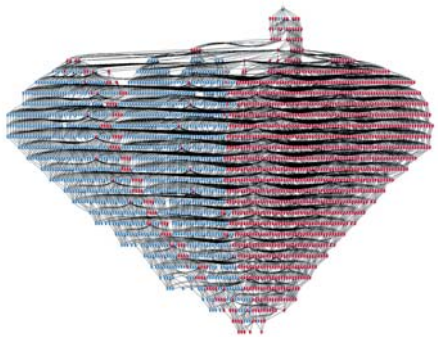
3. SOFIE, PROSPERA, PATTY, ClausIE und andere Werkzeuge zur Extraktion relationaler Fakten aus Webseiten und Texten.

4. AIDA, ein wissensbasiertes computerlinguistisches System zur präzisen Erkennung und Disambiguierung von Entitäten in englischen oder deutschen Texten.

5. Vielfältige Werkzeuge zur explorativen Analyse von multivariaten Daten, komplexen Netzwerken, Matrizen und Tensoren sowie Textkorpora.

Die Abteilung war und ist an einer Reihe von Drittmittelprojekten beteiligt, insbesondere dem EU-Forschungsprojekt *„LAWA: Longitudinal Analytics of Web Archive Data“*, dem ERC Synergy Grant *„imPACT: Privacy, Accountability, Compliance and Trust in Tomorrow's Internet“* und dem DFG-Exzellenzcluster *„Multimodal Computing and Interaction“*. Die Gruppe wurde mit einem Google Focused Research Award ausgezeichnet. :::

FG. 1 Automatisierung der Logik



Automatisierung der Logik

PROF. DR. CHRISTOPH WEIDENBACH

FG. 1

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 formulieren, 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 und gibt es aber bahnbrechende Verbesserungen in der Automation der Verfahren.

Berechnungen der Eigenschaften von Computersystemen sind typischerweise „hart", d.h. wenn sie überhaupt mit einem automatischen Verfahren lösbar sind, dann wächst die potentielle Anzahl der Berechnungsschritte mindestens exponentiell mit der Größe des Problems. Seit Mitte der 90er Jahre bis heute konnten trotzdem für viele Fragestellungen praktisch relevante Verfahren entwickelt werden, die vollautomatisch arbeiten. Die automatische Anwendung von Logiken erweiterte sich somit 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. Die erfolgreiche Anwendung von logikbasierten Analyse- und Beweistechniken weitete sich seit dieser Erkenntnis noch einmal generell auf harte Probleme, wie etwa auf kombinatorische Optimierungsprobleme, aus.

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, verteilten Protokollen und Systemen, Sicherheitseigenschaften, Software, aber auch für Entscheidungs- und Optimierungsprobleme und das Rechnen in spezifischen Domänen wie lineare und nicht-lineare Arithmetik. Wir versuchen immer komplexere Fragestellungen vollautomatisch und in akzeptabler Zeit beantworten zu können. Dazu müssen die heute verwendeten formalen Analyseverfahren in ihrer Produktivität erheblich gesteigert werden. Das ist das Ziel unserer Forschungsgruppe „Automatisierung der Logik". :::

KONTAKT

Automatisierung der Logik
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" eingerichtet. 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.

Die Forschungsschwerpunkte dieser Kooperation liegen in der Grundlagenforschung im Bereich des *Visual Computing and Communication* und umfassen insbesondere die Teilgebiete Bildakquisition, Bildanalyse, Rechnersehen, Bildsynthese, Visualisierung, Mensch-Maschine-Interaktion 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 wissenschaflichen 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 mit dem Status eines „Visiting Assistant Professors" *(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 mehr als zehn Jahren setzt dieses Modell dem oft beobachteten „Brain Drain" in die USA attraktive Rückkehrperspektiven in Deutschland entgegen. Auf diese Weise liefert es einen Beitrag zur Herausbildung und Sicherung des 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 29 Nachwuchswissenschaftler das Programm vollständig durchlaufen. Hiervon wurden inzwischen 21 auf Professuren berufen, vierzehn davon in Deutschland, sieben im europäischen Ausland, zwölf davon auf Lehrstühle.

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. :::

KONTAKT

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

Exzellenzcluster Multimodal Computing and Interaction

WISSENSCHAFTLICHER KOORDINATOR: PROF. DR. HANS-PETER SEIDEL

Der Exzellenzcluster Multimodal Computing and Interaction wurde im Jahr 2007 von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) im Rahmen der Exzellenzinitiative des Bundes und der Länder neu eingerichtet und im Jahr 2012 nach erfolgreicher Antragstellung um eine weitere Förderperiode (2012 – 2017) verlängert.

Ausgangspunkt des Forschungsprogramms im Cluster ist die Beobachtung, dass sich unsere Lebens- und Arbeitsumstände in den letzten zwei Jahrzehnten dramatisch verändert haben. Vor zwanzig Jahren bestanden digitale Inhalte überwiegend aus Text, heute sind diese Inhalte erweitert um Audio, Video und Grafik, 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, aber auch die Art der Wahrnehmung und Kommunikation, insbesondere durch Sehen, Hören und Körpersprache. 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. Dies wird als multimodale Verarbeitung bezeichnet. Die tägliche zwischenmenschliche Kommunikation beruht darüber hinaus auf einer Vielzahl unterschiedlicher Modalitäten (Sprache, Gestik, Mimik). Zweites Ziel ist daher eine ähnlich natürliche und multimodale Interaktion mit Informationssystemen zu schaffen, und zwar überall und zu jeder Zeit. Die Systeme müssen den Umgebungskontext berücksichtigen, auf Sprache, Text und Gesten reagieren sowie in angemessenen Modalitäten antworten.

Das vorgeschlagene Forschungsprogramm baut auf bestehenden Stärken auf. Der Cluster umfasst die Fachbereiche für Informatik, für Computerlinguistik, 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 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 weiteres ausdrückliches Ziel des Clusters ist die Qualifikation und Förderung des wissenschaftlichen Nachwuchses. Saarbrücken nimmt hier bereits seit langem eine führende Rolle ein und hat sich über die Jahre den Ruf einer Kaderschmiede für junge Wissenschaftler erworben. Der überwiegende Teil der bewilligten Mittel wird deshalb zur Einrichtung von wissenschaftlichen Nachwuchsgruppen verwendet. Dieses Konzept hat sich inzwischen als überaus erfolgreich erwiesen, und eine Vielzahl von Nachwuchswissenschaftlern wurden inzwischen auf Professuren im In- und Ausland berufen.

Das Institut trägt mit seinen wissenschaftlichen Aktivitäten maßgeblich zum Gelingen des Clusters bei. Alle Direktoren des Instituts gehören dem Cluster als Hauptantragsteller an, wissenschaftlicher Koordinator des Clusters ist Hans-Peter Seidel. :::

KONTAKT

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

DIE FORSCHUNGS-SCHWERPUNKTE

Forschungsschwerpunkte

ANALYSE VON BILDERN & VIDEOS

32 Artikulierte Posenschätzung

33 Zehn Jahre Fußgängerdetektion – was haben wir gelernt?

34 Markerlose Rekonstruktion statischer und dynamischer 3D-Szenen

35 3D-Objektdetektion

36 Neue Methoden für die komplexe Videobearbeitung

37 Videos mit natürlicher Sprache beschreiben

38 Skalierbarkeit der Objektklassen-Erkennung

39 Daten verstehen mit Topologie

40 Gelernte visuelle Repräsentationen

BIOINFORMATIK

44 Zusammenhang zwischen Veränderungen in der Molekülkonformation und der freien Energie

45 Neue Angriffspunkte gegen HIV

46 Strukturelle Erkenntnisse über das Entstehen von Resistenzmutationen in der HIV-1-Protease

47 Bioinformatische Unterstützung von HIV-Therapie

48 Konstruktion von viralen Transmissionsnetzen mittels genomischer Daten

49 Expected Force – ein Maß für den Einfluss von Knoten in Infektionsnetzwerken

50 Integrative Krebsdatenanalyse

51 Kartierung von Epigenomen

52 Analyse der dreidimensionalen Anordnung der DNA im Zellkern

53 Phänotypische Merkmale erlauben die computergestützte klinische Diagnose von genetischen Krankheiten

54 EpiExplorer und RnBeads – integrative Methoden zur Analyse epigenomischer Daten

55 BiQ Analyzer HiMod für die lokusspezifische Analyse von DNA Modifikationsdaten

56 Verwandte Proteine in unverwandten Viren

57 Strukturelle Variation in Genomen

GARANTIEN

60 Formale Verifikation von Peer-to-Peer-Protokollen

61 Verteilte Algorithmen für fehlertolerante Hardware

62 Automatisches Beweisen

63 Dynamisches Matching mit Präferenzen

64 Quantorenelimination – auch Aussagen kann man ausrechnen

INFORMATIONSSUCHE & DIGITALES WISSEN	68	Detektion und Analyse von sequenziellen Mustern in großen Datenmengen
	69	Skalierbare Analyse sehr großer Datenmengen
	70	AIDA – wer zum Kuckuck ist Müller?
	71	YAGO – eine digitale Wissensammlung
	72	Effiziente Suche in RDF-Wissensbasen
	73	Natürlichsprachliche Fragen logisch beantworten
	74	DEANNA – Antworten auf natürlichsprachliche Fragen
	75	Offene Informationsextraktion
	76	FERRARI: Schnelles Finden von Verbindungen in Graphen
	77	STICS – Suche und Analyse mit Wörtern, Dingen und Kategorien
	78	Siren – interaktive Bestimmung alternativer Beschreibungen
	79	KnowLife: Wissensextraktion aus medizinischen Texten
MULTIMODALE INFORMATION & VISUALISIERUNG	82	Modelle und Techniken zur Verbesserung von Stereo- und HDR-Bildern
	83	Rendering in Echtzeit
	84	Merkmalsbasierte Visualisierung
	85	In Richtung eines visuellen Turing-Tests: Von der Perzeption über die Repräsentation zu Deduktion
	86	Physikbasierte Geometrieverarbeitung und Animation
	87	Augenbasierte Mensch-Maschine Interaktion
	88	Optimierung von Nutzerschnittstellen mittels biomechanischer Simulation
	89	Digitale Fabrikation von deformierbaren Bildschirmen und berührungsempfindlichen Sensoren
	90	Perzeptuelle Herstellung
OPTIMIERUNG	94	Von Routenplanung zu Preisfindung und Lernen: Warum sind diese Probleme schwer zu berechnen?
	95	Energieeffiziente Algorithmen
	96	Geometrisches Packen: Koffer und mehr
	97	Regelbasierte Produktkonfiguration
	98	CGAL – exakte und effiziente geometrische Algorithmen
	99	Bessere Flachbildschirme dank diskreter Optimierung

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 von Personen und Objekten in Kamerasystemen bis hin zur Rekonstruktion und Beschreibung von 3D-Szenen. Für jede dieser Aufgaben gibt es vielfältige Anwendungen. Hierzu zählen zum Beispiel die Animation von Personen und Visualisierung von 3D-Szenen, die Indizierung von Bild- und Videomaterial oder auch die 3D-Erfassung der Umgebung. Diese Forschnungsgebiete liegen 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 unterschiedlichen 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 Posenschätzung von Personen erforscht, die auf monokularen Kameras beruhen und viele Personen gleichzeitig in komplexen Szenen detektieren und verfolgen können.

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

Ein in den letzten Jahren zusätzlich entstandenes Thema ist die Erstellung natürlicher Sprache für Bilder und Videos. Die Arbeiten am Institut sind bei dieser Entwicklung führend. So haben Forscher zum Beispiel vorgeschlagen, dieses Problem als Sprachübersetzungsproblem zu formulieren, bei dem die Eingabesprache durch Videodeskriptoren vorgegeben wird und die Ausgabesprache natürliche Sprache ist.

Auch die fortschrittliche Videobearbeitung ist ein Thema an der Schnittstelle von Bildverarbeitung und Computergrafik. Es wurden Techniken entwickelt, mit denen ganze Objekte in Szenen, zum Beispiel einzelne Darsteller, bearbeitet werden können, was weit über den gegenwärtigen Stand der Technik hinausgeht.

Eines der fundamentalen Probleme des Bildverstehens bleibt aber die Erkennung von Objekten. Durch die heutige Omnipräsenz von digitalem Bildmaterial werden automatische, visuelle Objektklassenerkennungstechniken und Indizierungstechniken immer wichtiger. Auch wenn heutige Verfahren bemerkenswerte Ergebnisse erzielen können, bleiben bedeutende Probleme: Wie können Objektmodelle auf skalierbare Art und Weise gelernt bzw. erstellt werden? Wie können wir Modelle lernen, die die 3D-Beschaffenheit von Objekten berücksichtigen? Ein zentrales Thema, das in verschiedenen Forschungsarbeiten am Institut bearbeitet wird, ist daher die Frage, wie solche Objektmodelle mit möglichst geringem manuellen Arbeitsaufwand erstellt werden können, um eine breite Anwendbarkeit heutiger Verfahren zu ermöglichen. :::

BEITRÄGE

Artikulierte Posenschätzung 32

Zehn Jahre Fußgängerdetektion – was haben wir gelernt? 33

Markerlose Rekonstruktion statischer und dynamischer 3D-Szenen 34

3D-Objektdetektion 35

Neue Methoden für die komplexe Videobearbeitung 36

Videos mit natürlicher Sprache beschreiben 37

Skalierbarkeit der Objektklassen-Erkennung 38

Daten verstehen mit Topologie 39

Gelernte visuelle Repräsentationen 40

Artikulierte Posenschätzung

Die menschliche Pose enthält vielfältige Informationen über Absicht, Haltung und innere Verfassung einer Person. Im Mittelpunkt unserer Forschung steht die Posenschätzung in realistischen Szenen wie Bildern und Videos, die auf YouTube gezeigt oder die mit einem Mobiltelefon aufgenommen wurden. Wir möchten Methoden entwickeln, auf denen Anwendungen wie Aktivitätserkennung, markerloses Motion Capturing (Bewegungserfassung) und Augmented Reality (Augmentierte Realität) aufbauen können.

Wir stützen uns auf jüngste Fortschritte in der hierarchischen Bilddarstellung mit Convolutional Neural Networks (CNN) und untersuchen zwei neue Forschungsrichtungen: Posenschätzung von mehreren Personen gleichzeitig und 3D-Posenschätzung mit nur einer kleinen Anzahl mobiler Kameras.

Erkennung und Posenschätzung in Szenen mit mehreren Personen

Wir schlagen eine Herangehensweise vor, die die Aufgabenstellung der artikulierten Menschenerkennung und der Posenschätzung gemeinsam löst. Mit unserem Ansatz können wir die Anzahl von Menschen in einer Szene erschließen, verdeckte Körperteile identifizieren und Körperteile verschiedener Menschen, die sich nahe beieinander befinden, eindeutig trennen [siehe Abbildung]. Unsere Methode basiert auf der Aufteilung und Markierung einer Reihe von Körperteilhypothesen, die mit einem CNN-basierten Körperteildetektor generiert wurden. Die Aufteilung wird dadurch erreicht, dass ein integer-lineares Programm gelöst wird, das correlation clustering Ansätzen ähnelt, wie sie bisher für die Bild- und Videosegmentierung vorgeschlagen wurden.

Ein Vorteil unserer Methode liegt darin, dass sie implizit Non-Maximum Suppression durchführt und dabei falsche Erkennungen von Körperteilen im Hintergrund entfernt und mehrfache korrekte Erkennungen, die sich auf dieselbe Person beziehen, zusammenführt.

Die Evaluation unseres Ansatzes auf standardisierte Benchmark-Tests zeigt seine Vorteile gegenüber bisherigen Strategien, die zuerst die Menschenerkennung und danach unabhängig die Posenschätzung durchführten.

3D-Posenschätzung in Mehrfachansicht

Wir schlagen eine neue Methode für das exakte markerlose Erfassen artikulierter Skelettbewegungen vor, von mehreren Personen in allgemeinen Szenen, in Gebäuden oder im Freien. Sie ist sogar bei der Eingabe von Daten, die mit nur zwei Kameras gefilmt wurden, anwendbar. Unser Ansatz vereint eine diskriminative bildbasierte gemeinsame Erkennungsmethode mit einem modellbasierten generativen Algorithmus zur Bewegungsverfolgung durch eine kombinierte Posenoptimierungsenergie. Die diskriminative teilbasierte Posenerkennungsmethode wird durch den Einsatz von Convolutional Neural Networks ausgeführt und schätzt unäre Potentiale für jedes Gelenk eines kinematischen Skelettmodells. Mithilfe dieser unären Potentiale werden Einschränkungen der Posen für das Tracking probabilistisch extrahiert, indem gewichtete Stichproben von einer durch das Modell geführten A-posteriori-Wahrscheinlichkeit gezogen werden. Zuletzt werden diese Einschränkungen mit einem auf Erscheinungsbild basierenden Modell-zu-Bild-Term kombiniert. Aufgrund der Schnelligkeit der CNN-Erkennung können Posen durch die iterative lokale Optimierung sehr effizient berechnet werden, und unsere Methode erbringt eine kombinierte Posenschätzungsenergie mit analytischen Ableitungen. Zusammen ermöglicht dies das Tracking von voll artikulierten Gelenkwinkeln mit einer Geschwindigkeit und einer temporalen Stabilität, die sich auf dem neuesten Stand der Technik befinden, und dies mit nur sehr wenigen Kameras. :::

KONTAKT

Mykhaylo Andriluka
ABT. 2 **Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung**
Telefon +49 681 9325-2119
Email andriluka@mpi-inf.mpg.de

Leonid Pishchulin
ABT. 2 **Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung**
Telefon +49 681 9325-1208
Email leonid@mpi-inf.mpg.de

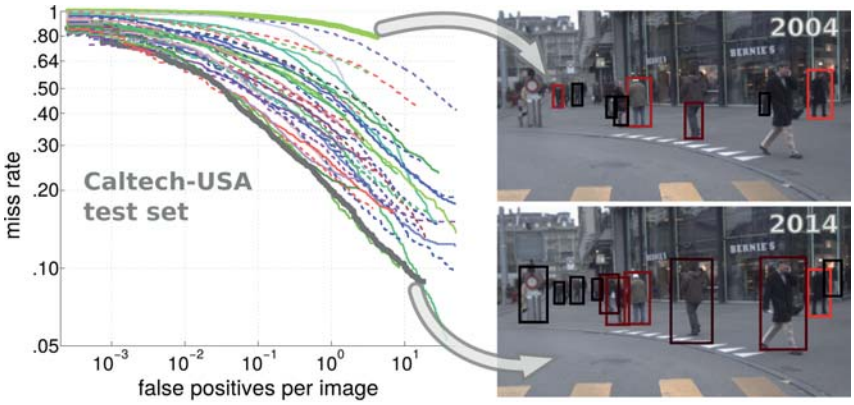
Zehn Jahre Fußgängerdetektion – was haben wir gelernt?

Die Objektdetektion ist eines der grundlegenden Probleme der Bildverarbeitung. Ein typisches Beispiel dafür ist die Fußgängerdetektion. Aufgrund ihrer vielfältigen Anwendungsmöglichkeiten in Fahrzeugsicherheit, Überwachung und Robotik ist sie ein aktives Forschungsgebiet, auf dem in den letzten zehn Jahren mehr als 1000 Arbeiten veröffentlicht wurden. Zudem profitiert die Fußgängerdetektion mittlerweile von standardisierten Datensätzen, auf denen Methoden evaluiert und verglichen werden können.

Im letzten Jahrzehnt wurden zahlreiche Herangehensweisen entwickelt, um die Fußgängerdetektion zu verbessern. Durch den Einsatz verschiedener Bildmerkmale, Signale und Klassifikatortypen konnte die Detektion stetig ausgebaut werden. Die Entwicklung größerer Systeme, die mehr Komponenten integrieren, ist dabei ein verlässliches Erfolgsrezept zur Steigerung der Qualität geworden (*„mehr ist mehr“*).

Wir haben unsere Forschung daher darauf konzentriert die grundlegenden Komponenten zu identifizieren, die eine Fußgängerdetektion hoher Qualität ermöglichen. Indem wir die Stärkung dieser grundlegenden Komponenten in den Mittelpunkt unserer Arbeit stellten, war es uns möglich, eine beständige Spitzenleistung auf bewährten standardisierten Benchmarks zu erhalten (*„weniger ist mehr“*).

Unsere besten Detektoren fußen auf mehrere Jahrzehnte alten Ideen (Gradientenorientierungsmerkmale, Filterbänke und verstärkte Entscheidungsbäume), die sorgfältig instanziiert und unseren neuesten Erkenntnissen angepasst wurden. Im Gegensatz zu bisherigen Arbeiten konnten wir dadurch aufzeigen, dass Spitzenleistungen bei der Fußgängerdetektion durch den Einsatz einer einzelnen rigiden Vorlage (keine Komponenten, keine verformbaren Teile) erzielt werden können. Die Vorlage wird dabei als *„sliding window“* angewandt (kein Vorwissen zu Geometrie oder Szene, keine „bottom-up“ Signale). Aufgrund seiner Schlichtheit ist unser Ansatz für praktische Anwendungen mit hoher Geschwindigkeit geeignet. Unsere gegenwärtigen Ergebnisse bei der Fußgängerdetektion übertreffen damit die *„deep convolutional neural networks“* (faltende neuronale Netzwerke) und Methoden, die komplexere Merkmale wie lokale binäre Muster und Kovarianz benutzen, bei weitem.



In den letzten zehn Jahren hat die Fußgängerdetektion große Fortschritte gemacht.

In den letzten Jahren haben unsere Ergebnisse die Spitzenleistungen, die auf standardisierten Benchmarks erzielt wurden, wiederholt vorangetrieben. Allein in den letzten beiden Jahren haben wir den Stand der Technik mit einer 30x Fehlerreduktion verbessert (Reduktion von falschen Erkennungen pro Bild bei einer 80 % Erkennungsrate auf dem Caltech Fußgänger-Datensatz). Unsere zur Fußgängerdetektion entwickelten Herangehensweisen haben auch Spitzenleistungen bei der Erkennung von Gesichtern und Verkehrsschildern erbracht. Bei der Gesichtserkennung sind unsere Ergebnisse dem Stand der Technik auf allen vier maßgeblichen Benchmark-Datensätzen ebenbürtig.

Obwohl im letzten Jahrzehnt bedeutende Fortschritte erzielt wurden, sind wir noch weit davon entfernt, bei dieser Aufgabe menschliche Leistungsfähigkeit zu erreichen, oder die angestrebte Qualität für automatische Operationen zu erreichen, die über die menschliche Leistungsfähigkeit hinausgeht. Wir erwarten, dass eine Hinwendung zu einem umfassenderen Szenenverständnis zukünftig dazu beitragen wird, die Fehler der gegenwärtigen Methoden zu reduzieren. :::

KONTAKT

Rodrigo Benenson
ABT. 2 **Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung**
Telefon +49 681 9325-2105
Email benenson@mpi-inf.mpg.de

Jan Hosang
ABT. 2 **Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung**
Telefon +49 681 9325-2123
Email jhosang@mpi-inf.mpg.de

Markerlose Rekonstruktion statischer und dynamischer 3D-Szenen

Rekonstruktion dynamischer Szenen aus Multi-Video Daten

Die Entwicklung neuer Algorithmen zur Rekonstruktion der Geometrie und Reflektanz bewegter Szenen aus Videodaten ist eine wichtige Aufgabe der Bilderkennung und Computergrafik. Rekonstruierte Animationsmodelle von Menschen und generellen Szenen sind für die Computeranimation sowie für visuelle Effekte unerlässlich. Zudem ist die Erfassung der bewegten Umgebung aus Sensordaten auch für autonome Systeme, wie Roboter und autonome Fahrzeuge, von immer größerer Bedeutung. Die Rekonstruktion dynamischer Szenenmodelle ist auch die Voraussetzung für die Produktion von 3D-Videos und virtuellen Replayeffekten in Fernsehübertragungen. Speziell die Rekonstruktion menschlicher Bewegungen ist wichtig in den Bereichen Biomechanik und Medizin sowie in den Sportwissenschaften und der Mensch-Maschine Interaktion. Die Entwicklung neuer Sensorik und neuartiger Brillendisplays ermöglicht auch neue Anwendungen im Bereich erweiterter Realität. Um diese Anwendungen zu implementieren, sind allerdings auch Verfahren notwendig, um die bewegte reale Umgebung in Echtzeit zu erfassen.

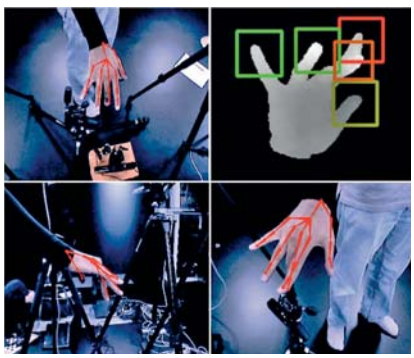


Abbildung 2: Markerloses Handtracking in Echtzeit

Das Ziel unserer Forschung ist daher die Entwicklung neuartiger *Performance Capture Algorithmen*. Dies sind Verfahren, die aus Videodaten detaillierte Modelle der Geometrie, der Bewegung und der Oberflächeneigenschaften von realen bewegten Szenen erfassen. Die Rekonstruktion soll hierbei ohne aktiven Eingriff in die Szene erfolgen, also zum Beispiel ohne die Verwendung von Markern, wie sie bei traditionellen Motion Capture Verfahren verwendet werden. In der Vergangenheit haben wir die ersten Performance Capture Verfahren entwickelt, die detaillierte Szenenmodelle von Personen in genereller Alltagskleidung und von generellen Objekten aus Videodaten rekonsturieren. Allerdings sind alle diese Verfahren auf die Anwendung in kontrollierten Studios mit kontrollierter Beleuchtung und kontrolliertem Hintergrund beschränkt. Im Berichtszeitraum haben wir daher angefangen, die algorithmischen Grundlagen des Performance Capture neu zu definieren, um langfristig in der Lage zu sein, Modelle von Realweltszenen außerhalb des Studios, d. h. Szenen mit komplexer Struktur und Beleuchtung, mit nur wenigen Kameras erfassen zu können.

Im Berichtszeitraum entwickelten wir zum Beispiel die ersten Algorithmen zur hoch detaillierten markerlosen Rekonstruktion der Skelettbewegung von Menschen und Tieren in genereller Umgebung mit nur sehr wenigen (2–3) Kameras. Ein weiterer Meilenstein war die Entwicklung neuer inverser Renderingverfahren, um Modelle der Beleuchtung, Reflektanz, und der detaillierten dynamischen Oberflächengeometrie in unkontrollierten Umgebungen zu berechnen. Diese Verfahren bilden die Grundlage für folgende wichtige Ergebnisse: Der ersten Methode zur Rekonstruktion beleuchtbarer Szenemodelle in generelle Umgebung, der ersten Methoden zur Rekonstruktion detaillierter Gesichtsmodelle aus zwei oder sogar nur einem Videostrom, oder der neuen Verfahren zur Rekonstruktion detaillierter Animatonsmodelle von Menschen mit nur zwei Kameras [siehe Abbildung 1]. Ein wichtiger neuer Forschungszweig ist auch die markerlose Rekonstruktion von Handbewegungen in Echtzeit aus wenigen oder gar nur einer Kameraperspektive [siehe Abbildung 2].

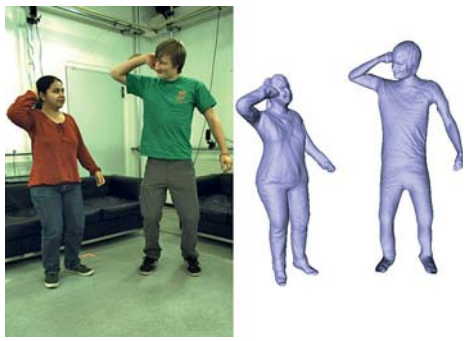


Abbildung 1: Performance Capture mit nur einer Stereokamera

Rekonstruktion statischer und dynamischer Szenen mit Tiefensensoren

Neuartige Tiefenkameras messen 2.5D-Szenengeometrie und Farbinformation in Echtzeit. Diese neuen Sensoren sind kostengünstig und können daher auch wichtige Werkzeuge sein, um einer breiten Gruppe von Anwendern die Rekonstruktion statischer und dynamischer Szenenmodelle zu ermöglichen. 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 algorithmisch zu erhöhen. Weiterhin entwickeln wir neue Verfahren, um selbst große statische Szenen in Echtzeit in hohem Detail zu scannen.

Zudem arbeiten wir an neuen Methoden, um die menschliche Skelettbewegung und Körpergeometrie in Echtzeit mit nur einer Tiefenkamera zu messen. In diesem Zusammenhang haben wir auch die ersten Verfahren überhaupt entwickelt, um deformierbare Oberflächenmodelle genereller Objekte in Echtzeit aus Tiefenkameradaten zu messen. :::

KONTAKT

Christian Theobalt
ABT. 4 Computergrafik
Telefon +49 681 9325-4028
Email theobalt@mpi-inf.mpg.de

3D-Objektdetektion

Die Detektion und Lokalisierung von Objekten in Bildern stellt einen wichtigen Bestandteil vieler Applikationen dar, etwa in der Robotik, dem autonomen Fahren, der Bildsuche oder der Überwachung. Traditionell ist die Objektdetektion als das Finden von Instanzen bestimmter Objektklassen (zum Beispiel Autos) in Bildern wie folgt definiert: Für ein gegebenes Eingabebild besteht die Aufgabe darin, ein zweidimensionales Rechteck auszugeben, das das Objekt bestmöglich umschließt.

In jüngster Zeit wurde zunehmend deutlich, dass Anwendungen wie das automatische Verstehen visueller Szenen und die Objektverfolgung von einer feiner aufgelösten und dreidimensionalen Objektrepräsentation profitieren können. Eine solche Repräsentation schließt neben dem nötigen, das Objekt umschließenden Rechteck auch eine Schätzung des jeweiligen Beobachtungspunkts und eine relative Positionsangabe von Objektteilen in 3D mit ein. Sie ermöglicht so das Herleiten von Nebenbedingungen auf der Szenenebene, die sowohl mehrere Objekte (Objekte können sich im Raum nicht überlappen) als auch verschiedene Ansichten desselben Objekts (Blickpunktschätzungen müssen mit der Kamerabewegung konsistent sein) betreffen können.

3D-Objektklassenmodelle

Das Ziel des Projekts besteht im Entwurf eines dreidimensionalen Objektklassendetektors, der zusätzlich zum traditionellen Rechteck [siehe Abbildung 1] Blickpunktschätzungen und die relative Position von Objektteilen in 3D ausgibt [siehe Abbildung 2].

Da die Modellierung von Objektklassen in 3D Trainingsmaterial in Form von 3D-Daten benötigt, greifen wir auf 3D-Computer-Aided Design (CAD) Modelle zurück, die als Geometrieprototypen fungieren. Zusätzlich benutzen wir 2D-Fotografien von Objekten, um deren Erscheinung realitätsnah modellieren zu können. Eine der größten Herausforderungen besteht hier darin, die Verbindung zwischen artifizieller Geometrie und realer Erscheinung herzustellen, was wir durch Techniken des nicht-fotorealistischen Abbildens erreichen.

Die 3D-Objektklassenrepräsentation besteht dann aus einer Ansammlung von Objektteilen, die sich im Rahmen eines probabilistischen Modells relativ zueinander bewegen können. Das Modell wird mithilfe von Techniken des maschinellen Lernens sowohl aus 3D-Geometrie- als auch aus 2D-Bilddaten generiert.

Unsere Experimente haben gezeigt, dass unser Modell exzellente Ergebnisse sowohl im Hinblick auf traditionelle Objektdetektion mittels das Objekt umschließender Rechtecke als auch in der Schätzung von Blickpunkten und relativer 3D-Position von Objektteilen liefert.

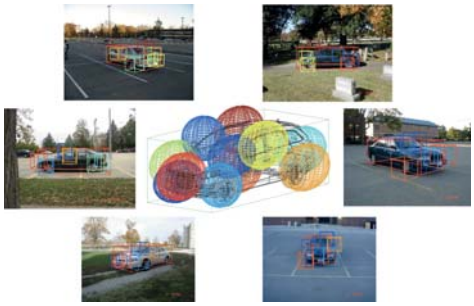


Abbildung 1

Verdeckungsmuster zur Objektklassendetektion

Der Fokus dieses Projekts lag auf der Verbesserung der Objektklassendetektion im Falle von partieller Verdeckung, die entsteht, wenn ein Objekt die Sicht auf ein anderes verdeckt. Dies kann beispielsweise oftmals in Straßenszenen beobachtet werden, wenn Autos die Sicht auf andere Fahrzeuge verdecken. Unser Ansatz basiert auf der Intuition, dass die daraus resultierenden Verdeckungen oft ähnlichen Mustern folgen, die sich zur Erkennung ausnutzen lassen, wie etwa für am Straßenrand parkende Autos.

Wir haben unsere 3D-Objektklassenrepräsentation um Verdeckungsmuster in Form von Objektpaaren erweitert. Unsere Experimente haben gezeigt, dass unser Modell sowohl in der 2D-Objektklassendetektion als auch in der Schätzung von Blickpunkten besser funktioniert als vorhergehende Arbeiten. :::

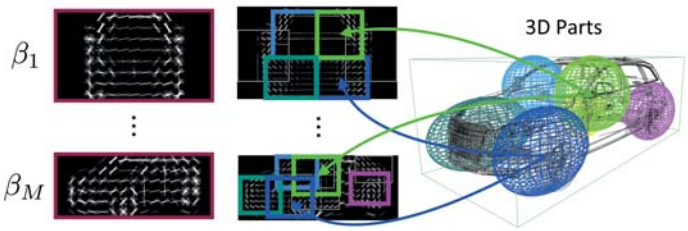


Abbildung 2

KONTAKT

Bojan Pepik
ABT. 2 **Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung**
Telefon +49 681 9325-2208
Email bojan@mpi-inf.mpg.de

Michael Stark
ABT. 2 **Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung**
Email stark@mpi-inf.mpg.de

Neue Methoden für die komplexe Videobearbeitung

Bildbearbeitungsmethoden spielen eine wichtige Rolle bei der Nachbearbeitung von Fotografien. Standardprogramme stellen Algorithmen für übliche Nachbearbeitungsaufgaben zur Verfügung, zum Beispiel spezielle Filter, um Rauschen zu entfernen, oder den Kontrast zu erhöhen.

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 in professionellen Film- und Videoproduktionen sind weitaus komplexer. Oftmals müssen ganze Szenenelemente, wie zum Beispiel Personen, nachträglich entfernt, verändert oder neu positioniert werden. Kein existierendes Filterverfahren könnte diese Aufgabe auch nur ansatzweise automatisch lösen. Die Konsequenz ist, dass solche Aufgaben in der Regel durch manuelle Bearbeitung einzelner Pixel gelöst werden, was selbst bei kurzen Videosequenzen mehrere Wochen dauern kann.

Zudem sind heutige private Videodatenbanken, sowie Online-Videodatenbanken sehr groß. Das Durchsuchen solcher Datenbanken ist eine algorithmische Herausforderung. Existierende Methoden basieren auf oft fehlerhaften und mehrdeutigen Textannotierungen, die den Videos von Benutzern hinzugefügt wurden. Idealerweise würde man die Videos anhand von räumlichen, zeitlichen, oder inhaltlichen Verknüpfungen durchsuchen. Man würde zum Beispiel Videos, die am gleichen Ort, oder zur gleichen Zeit aufgenommen wurden, oder Videos die ähnliche Szenen und thematische Inhalte zeigen, bei der Suche zusammenfassen. Algorithmen, die automatich solche inhaltlichen Zusammenhänge erkennen, müssen noch erforscht werden. Wir widmen uns daher der algorithmischen Grundlagenforschung in den beiden oben genannten Gebieten.

Videos im Panoramakontext

Kontextbasierte Suche in Videodatenbanken

Insbesondere kontext-basierte Beziehungen zwischen Videos eröffnen neue Möglichkeiten, um Videodatenbanken zu explorieren. Kontext-basierte Relationen erfassen, ob Videos in der gleichen Gegend, der gleichen Stadt, oder, zumindest zum Teil, an exakt dem gleichen Ort gedreht wurden. Wir entwickeln daher Methoden, um solche kontextuellen Beziehungen automatisch aus Videodatenbanken zu errechnen. Eines unserer Verfahren errechnet hierzu einen Graphen, eine so genannte *Videoscape*, dessen Knoten so genannte Portale sind, also bestimmte Orte, die in einem Video gezeigt werden. Die Kanten des Graphen sind Videos, die mit einem Portal verbunden sind, sofern sie diesen Ort zeigen. Das automatische Errechnen dieses Graphen ist eine komplexe Aufgabe, und wir haben hierzu neue Methoden der Bilderkennung und des maschinellen Lernens entwickelt.

Die Videoscape kann nun interaktiv erkundet werden, zum Beispiel kann man eine virtuelle Tour durch eine Stadt machen, indem man Videos anschaut, und an Portalen, deren 3D-Geometrie aus den Videos extrahiert wird, in ein anderes Video wechselt. Wir haben auch erforscht, wie Videos von einem bestimmten Ort gegen ein Hintergrundpanorama des Ortes registriert werden können. Hierdurch ergeben sich völlig neue Möglichkeiten, um räumliche und zeitliche Zusammenhänge zwischen Videos des gleichen Ortes zu erkunden.

Neue Methoden der Videobearbeitung

Wir haben neue Algorithmen entwickelt, um dichte Korrespondenzen zwischen Bildserien, auch bei starkem Rauschen und stark schwankenden Kameraeinstellungen, zu berechnen. Diese bilden die Grundlage für komplexe Videobearbeitungsschritte, wie das automatische Auffüllen des Szenenhintergrundes. Sie ermöglichen aber auch die Erstellung eines High Dynamic Range Bildes aus Einzelbildern verschiedener Belichtungszeit, selbst wenn sich die Szene während der Aufnahmen stark bewegt. Neu entwickelte maschinelle Lernverfahren ermöglichen es uns auch, Kompressionsartefakte aus Bildern und Videos zu entfernen, und die Bildauflösung algorithmisch zu erhöhen. :::

KONTAKT

Christian Theobalt
ABT. 4 Computergrafik
Telefon +49 681 9325-4028
Email theobalt@mpi-inf.mpg.de

Videos mit natürlicher Sprache beschreiben

Für automatische Systeme ist es wichtig, Menschen zu kommunizieren, was sie erkennen oder „sehen“. Derzeitige Ansätze zur Bilderkennung konzentrieren sich typischerweise auf die Generierung von isolierten Attributen (z. B. „Schneiden“, „Gurke“, „Teller“), die nicht gut für die Kommunikation mit dem Menschen geeignet sind. Daher untersuchen wir, wie man natürliche Sprache zur Beschreibung von Videos erzeugen kann. Ein entsprechender Satz für das obige Beispiel könnte sein: „Jemand schneidet die Gurke auf dem Teller“. Das Beschreiben von Videos mit natürlicher Sprache ist wichtig, z. B. für die automatische Untertitelung von Web-Videos, für die Mensch-Roboter-Interaktion, oder für die Unterstützung von Sehbehinderten. In unserer Arbeit betrachten wir zwei Szenarien. Einerseits erzeugen wir Beschreibungen für Kochvideos. Andererseits untersuchen wir das Problem der Erzeugung von Audiobeschreibungen für Filme, damit blinde Menschen einen Film auch verfolgen können, ohne ihn zu sehen.

Automatische Beschreibung von Kochvideos

Um das Problem der automatischen Video-Beschreibung genauer zu untersuchen, lernen wir, wie man Video-Schnipsel in einen natürlichsprachlichen Satz „übersetzen“ kann. Dafür nutzen wir Techniken aus der statistischen maschinellen Übersetzung für ein Sprachenpaar z. B. Englisch und Französisch. Für das Trainieren unseres Übersetzungsansatzes benötigt man Paare aus Videos und Sätze. Für Kochaktivitäten wie „eine Dose öffnen“ oder „Nudeln umrühren“ haben wir diese in großem Umfang gesammelt.

Im Gegensatz zu anderen Arbeiten können wir nicht nur einen kurzen Videoausschnitt mit einem einzigen Satz beschreiben, sondern auch ein langes Video mit mehreren Sätzen. Um sicherzustellen, dass wir eine konsistente Beschreibung erzeugen, stellt unser Modell sicher, dass die einzelnen Sätze das gleiche Thema haben. In unserem Küchenszenario ist das Thema das jeweilige gekochte Gericht.

Detailed: A man took a cutting board and knife from the drawer. He took out an orange from the refrigerator. Then, he took a knife from the drawer. He juiced one half of the orange. Next, he opened the refrigerator. He cut the orange with the knife. The man threw away the skin. He got a glass from the cabinet. Then, he poured the juice into the glass. Finally, he placed the orange in the sink.
Short: A man juiced the orange. Next, he cut the orange in half. Finally, he poured the juice into a glass.
One sentence: A man juiced the orange.

Abbildung 1: Eine Ausgabe unseres Systems: eine automatisch generierte detaillierte, kurze und Ein-Satz Beschreibung eines Videos

Während vorhergende Arbeiten sich nur auf die Beschreibung von Videos auf einem festen Niveau der Abstraktion konzentriert haben, erforschen wir, wie man Videos mit unterschiedlichem Detailliertheitsgrad beschreiben kann. Unser System kann für Kochvideos detaillierte, kurze oder Ein-Satz Beschreibungen generieren [Abbildung 1].

Filmbeschreibung

Bestehende Videobeschreibungsdatensätze konzentrieren sich auf kurze Videoschnipsel, sind nicht groß genug oder auf das Kochszenario beschränkt.

Um diese Einschränkungen zu überwinden, haben wir einen neuen Datensatz erstellt. Dieser enthält Filme mit den zugehörigen Textbeschreibungen. Wir nutzen zwei Quellen von Textdaten, Drehbücher und Audio-Beschreibungen, die für viele DVDs und Blu-rays verfügbar sind. Audio-Beschreibungen liefern sprachliche Beschreibungen von Filmen und ermöglichen es Sehbehinderten, einen Film zu verfolgen. Der gesammelte Datensatz ermöglicht in großem Umfang, Abläufe und Geschichten über mehrere Sätze hinweg zu untersuchen [Abbildung 2]. :::

AD: Abby gets in the basket.

Script: After a moment a frazzled Abby pops up in his place.

Mike leans over and sees how high they are.

Mike looks down to see – they are now fifteen feet above the ground.

Abby clasps her hands around his face and kisses him passionately.

For the first time in her life, she stops thinking and grabs Mike and kisses the hell out of him.

Abbildung 2: Beispiel Textbeschreibungen aus unserem Datensatz, oben mit Audiodeskription *(AD)*, unten mit Drehbüchern *(Skript)*

KONTAKT

Anna Rohrbach
ABT. 2 **Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung**
Telefon +49 681 9325-2111
Email arohrbach@mpi-inf.mpg.de

Marcus Rohrbach
ABT. 2 **Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung**
Telefon +49 681 9325-2111
Email rohrbach@mpi-inf.mpg.de

Skalierbarkeit der Objektklassen-Erkennung

Durch die Allgegenwärtigkeit digitaler Medien ist die automatische visuelle Erkennung von Objekten von zunehmender Wichtigkeit. Der Fokus liegt auf der Erkennung und Detektion ganzer Objektklassen, wie z.B. Autos, im Gegensatz zur Identifikation spezifischer Instanzen wie „ein bestimmter roter Sportwagen". Während die bestehenden Systeme heutzutage eine bemerkenswerte Erkennungsleistung für einzelne Klassen erreicht haben, bleibt die simultane Erkennung mehrerer Klassen eine große Herausforderung. Zur Trainingszeit bedarf das Erstellen von zuverlässigen Objektklassenmodellen einer ausreichenden Anzahl von repräsentativen Trainingsbeispielen – oft in der Form von annotierten Bildern. Zur Testzeit muss die Vorhersage effizient sein, so dass die korrekte Bezeichnung über eine große Anzahl von möglichen Klassen inferiert werden kann.

Automatische Identifizierung von wiederverwendbaren Komponenten

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 1]

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 [Abbildung 1].

Mitbenutzung von Berechnungen zwischen Objektklassen

Weit verbreitete Ansätze zur Objektdetektion ermöglichen die Detektion mehrerer Klassen durch die Kombination mehrerer Einzeldetektoren. Dies ist unerwünscht, da die Rechenzeit linear mit der Anzahl der Klassen ansteigt. Eine genauere Analyse dieser Architekturen zeigt, dass deren unabhängige Detektionsschemen Redundanz aufweisen. Intuitiv suchen ein Auto- und ein Fahrraddetektor nach Rädern, aber die Algorithmen nutzen dies nicht aus und suchen vielmehr zweimal nach Rädern. Deshalb führen wir das Konzept von *„sparselet"* ein, das die Gemeinsamkeiten zwischen solchen Teilen mittels einer gemeinsamen Basis erfasst, die wir mittels *„sparse coding"* berechnen. Im Gegenzug müssen wir nur die Aktivierung dieser Basis berechnen, die von allen Objektklassen geteilt wird. Aus dieser resultierenden Zwischenrepräsentation können wir die Aktivierungen der originalen Teildetektoren mit guter Genauigkeit zurückgewinnen. [Abbildung 2] Die resultierende Methode nutzt zusätzlich die Hardware-Beschleunigung der Grafikkarte, was zu einer 35-fachen Beschleunigung der Detektion von 20 Klassen führt und uns somit eine Erkennung in Echtzeit erlaubt.

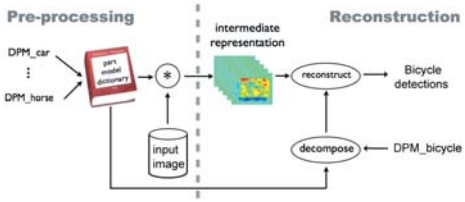


Abbildung 2: Effiziente Objektklassen-Erkennung durch Nutzung von Gemeinsamkeiten zwischen Objektklassen

Effektive Verwendung von Rechenzeit

Echtzeitsysteme genauso wie große bildbasierte Suchanwendungen sind oftmals durch ein Rechenbudget beschränkt. Derzeitige Detektionssysteme beziehen diese Beschränkung nicht mit ein und ändern ihre Verarbeitungsabfolge nicht bzgl. des zu erwartenden Gewinns oder Rechenaufwands eines Klassifikators oder Detektors. In unserer Arbeit schlagen wir eine Methode vor, die Zugang zu mehreren Bildklassifikatoren und -detektoren hat und lernt, diese mit einer optimalen Strategie anzuwenden, so dass eine durch die Anwendung definierte Belohnung unter den Rechenbudgetbeschränkungen optimiert wird. Zwischenergebnisse werden benutzt, um zu bestimmen, welcher Algorithmus als nächstes ausgeführt werden soll. Im Gegensatz zu früheren Ansätzen wählt unser *„reinforcement learning"* Ansatz auch Aktionen aus, die sich nicht unmittelbar durch eine Detektion auszahlen. Beispielsweise kann der Ansatz die Ausführung eines Bildklassifikators auswählen, der uns über den möglichen Inhalt des Bildes informiert, was zwar zu keiner Detektion führt, aber uns hilft, den Detektor auszuwählen, der als nächstes ausgeführt werden soll. Wir zeigen die Vorzüge dieses Ansatzes in verschiedenen Situationen, die zu einer Verbesserung der Detektionsleistung von bis zu 60% führen. :::

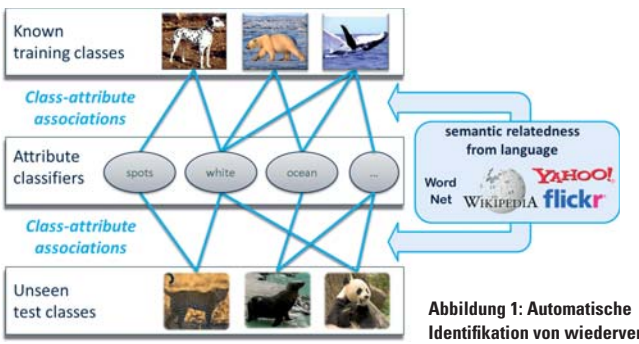


Abbildung 1: Automatische Identifikation von wiederverwendbaren Attributmodellen

KONTAKT

Mario Fritz
ABT. 2 **Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung**
Telefon +49 681 9325-1204
Email mfritz@mpi-inf.mpg.de

Marcus Rohrbach
ABT. 2 **Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung**
Telefon +49 681 9325-1206
Email rohrbach@mpi-inf.mpg.de
Internet http://www.d2.mpi-inf.mpg.de/nlp4vision

Daten verstehen mit Topologie

Wir leben im Informationszeitalter: riesige Datenmengen werden minütlich produziert. Beispielsweise werden täglich etwa 350 Millionen Bilder bei Facebook hochgeladen.

Als *Datenanalyse* bezeichnet man den Prozess, bei dem relevante Informationen aus einer Datensammlung extrahiert und daraus Schlussfolgerungen gezogen werden. Ein Beispiel ist die Analyse des Nutzerverhaltens auf einer Internetseite wie Youtube oder Netflix, um Videos personalisiert zu empfehlen. Für reale Datensammlungen wird die Datenanalyse durch unvermeidbare Ungenauigkeiten,sogenanntes *Rauschen*, erschwert.

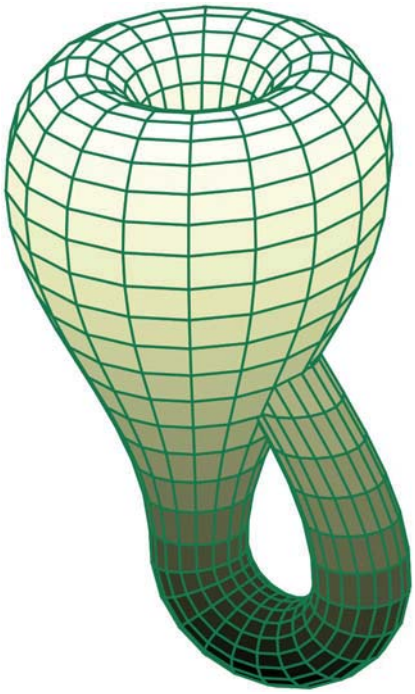
In vielen Fällen sind qualitative Zusammenfassungen für die Datenanalyse notwendig. Beispielsweise besteht ein erster Schritt für die Analyse einer Menge von Bildern darin, eine Klassifikation in ein paar wenige Kategorien vorzunehmen, zum Beispiel Bilder von Personen, von Gebäuden, von Landschaften etc. Durch das wachsende Interesse an der Datenanalyse werden neue Ansätze benötigt, um solche High-level-Informationen aus Daten zu extrahieren.

Topologische Datenanalyse

Eine vielleicht überraschende Verbindung wurde zwischen der Datenanalyse und der *Topologie* von geometrischen Formen beobachtet. Die Topologie ist die mathematische Sprache zur Klassifizierung von Formen anhand der Art, wie sie zusammenhängen. Um diese Idee zu illustrieren, betrachten wir ein Brötchen und einen Bagel. Diese sind topologisch verschieden, weil der Bagel einen „Tunnel“ enthält, der im Brötchen nicht existiert. Eine Brezel hingegen ist topologisch wiederum verschieden, weil sie mehr als einen Tunnel formt. Andererseits sind ein Bagel und eine Kaffeetasse unter topologischen Gesichtspunkten ununterscheidbar, da beide nur einen Tunnel besitzen und wir eine Form in die andere überführen können ohne zu irgendeinem Zeitpunkt den Zusammenhang der Form zu ändern.

Die Verbindung zur Datenanalyse ergibt sich daraus, dass sich viele Datensammlungen geometrisch interpretieren lassen (unter Umständen in einem hochdimensionalen Raum), und die Topologie eine High-level-Zusammenfassung dieser Daten liefert, die Details wie den genauen Abstand von zwei Punkten ignoriert. Jedoch reichen die klassischen Methoden der Topologie nicht aus, da sie für den idealisierten Fall von „sauberen“ Formen entwickelt wurden und damit sehr anfällig für Rauschen sind. Dieses Problem wird durch die *persistente Topologie* entschärft. Die grobe Idee besteht darin, nicht nur die Anzahl der topologischen Features (z. B. die Tunnel im oben beschriebenen Beispiel) zu zählen, sondern auch jedem dieser Features einen „Bedeutungswert“ zuzuordnen. Das erlaubt eine feinere Analyse der topologischen Eigenschaften, insbesondere eine Unterscheidung zwischen Rauschen und relevanten Eigenschaften der geometrischen Form.

Persistente Topologie wurde auf viele verschiedene Probleme in der Datenanalyse angewandt. Zum Beispiel wurde gezeigt, dass der Raum der „natürlichen Bilder“ geometrisch eine *Klein'sche Flasche* bildet. Dies ist eine verdrehte Version eines (ausgehöhlten) Bagels.



Eine Klein'sche Flasche eingebettet in drei Dimensionen

Algorithmische Herausforderungen

Wegen der wachsenden Größe von Datenmengen sind effiziente Ansätze zur Berechnung und Analyse von Persistenzinformationen notwendig. Forscher am Max-Planck-Institut in Saarbrücken haben sich dies als Ziel gesetzt. Die praktischen Probleme in diesem Themenfeld haben Verbindungen zu klassischen Feldern der Algorithmik, zum Beispiel Approximationsalgorithmen zur Generierung von geometrischen Formen, lineare Algebra zum Berechnen der Persistenz und kombinatorische Optimierung, um die Topologie von zwei Formen effizient zu vergleichen. :::

KONTAKT

Michael Kerber
ABT. 1 Algorithmen und Komplexität
Telefon +49 681 9325-1005
Email mkerber@mpi-inf.mpg.de

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 Merkmalmodelle

Inspiriert 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 Repräsentationen 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 unbekannten Variablen zu formulieren, um dieses schlecht konditionierte Lernproblem zu lösen. Unsere Experimente zeigen, dass diese Art von Repräsentationen gut geeignet ist für Aufgaben wie Objektklassenerkennung und -detektion und sogar gut mit Effekten wie Transparenz umgehen kann.

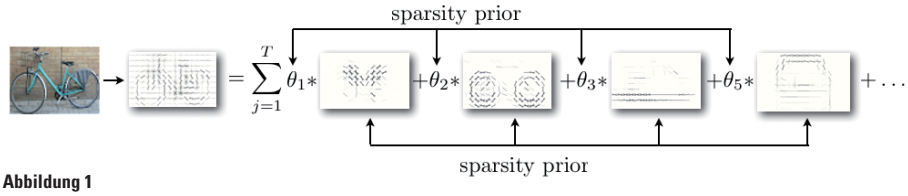


Abbildung 1

Kürzlich haben wir ein rekursives Schema definiert, welches uns erlaubt, hierarchische Repräsentationen basierend auf dem selben Prinzip abzuleiten. Unsere Studien haben die Wichtigkeit von holistischer Inferenz beim Lernen dieser Repräsentationen gezeigt, im Gegensatz zur sonst üblichen reinen Vorwärtspropagierung.

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 in Sensoren, Qualität und Quantität gegenübergestellt.

Wir haben Ansätze zur Domänenadaption untersucht, um die Lücke zwischen Daten aus dem Internet und Sensoren mit hoher und niedriger Qualität zu schließen [Abbildung 2]. 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 die Erkennung von Objekten in der realen Welt genutzt werden können. Ständig werden bessere Sensoren in elektronische Geräte des Massenmarktes eingebaut. Zur Zeit sind wohl 3D-Sensoren eines der prominentesten Beispiele. Unsere Untersuchungen zielen darauf ab, herauszufinden, 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.

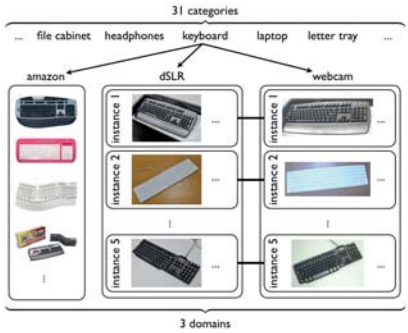


Abbildung 2

Repräsentationen zwischen synthetischen und realen Daten

Es gibt ein steigendes Interesse an der Verwendung von synthetisch generierten Daten für das Training von visuellen Klassifikatoren, um den Aufwand der Datensammlung zu verringern und damit mehr Daten zur Verfügung stellen zu können. Trotz des Fortschritts im Bereich der Synthetisierungstechniken unterscheiden sich solche Bilddaten immer noch sowohl visuell als auch statistisch von echten Bilddaten. Wir verwenden öffentliche und kommerziell verfügbare Materialsyntheseprogramme, um neue Beispiele für unsere Trainingsprozeduren zu erzeugen. Wir haben verschiedene Methoden für die Domänenadaption und Datenalinierung untersucht, um die Erkennung von Materialien realer und virtueller Daten zu unterstützen, was zu einer Verbesserung in der Erkennungsleistung von bis zu 8 % führt. :::

KONTAKT

Mario Fritz

ABT. 2 **Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung**

Telefon +49 681 9325-1204

Email mfritz@mpi-inf.mpg.de

BIOINFORMATIK

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.

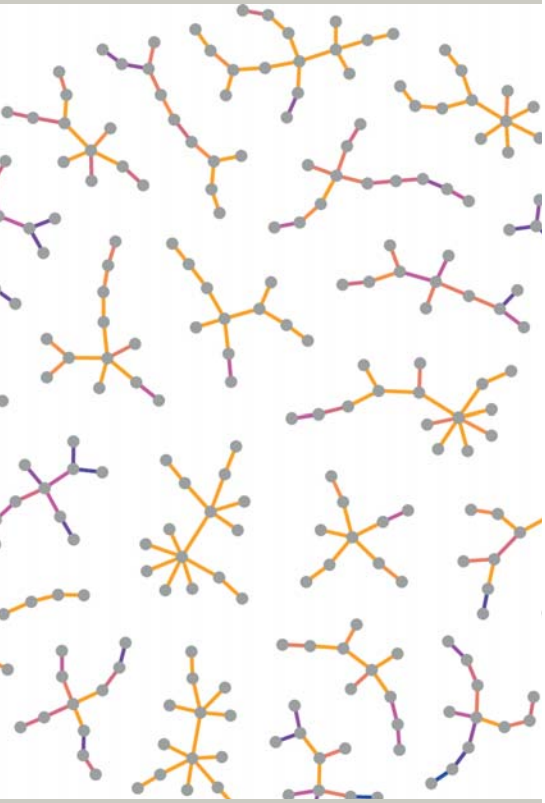
Seit etwa 25 Jahren trägt die Bioinformatik wesentlich zum Erkenntnisgewinn in den Biowissenschaften bei. Sie ist Teil einer Revolution der Biologie. Sie unterstützt Forscher bei der Planung von Experimenten, sammelt Daten, die aus allen Bereichen der Biologie stammen und wertet diese Daten mit computergestützten 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 etwa 20 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. :::

BEITRÄGE



Zusammenhang zwischen Veränderungen in der Molekülkonformation und der freien Energie . . . 44

Neue Angriffspunkte gegen HIV . . . 45

Strukturelle Erkenntnisse über das Entstehen von Resistenzmutationen in der HIV-1-Protease . . . 46

Bioinformatische Unterstützung von HIV-Therapie . . . 47

Konstruktion von viralen Transmissionsnetzen mittels genomischer Daten . . . 48

Expected Force – ein Maß für den Einfluss von Knoten in Infektionsnetzwerken . . . 49

Integrative Krebsdatenanalyse . . . 50

Kartierung von Epigenomen . . . 51

Analyse der dreidimensionalen Anordnung der DNA im Zellkern . . . 52

Phänotypische Merkmale erlauben die computergestützte klinische Diagnose von genetischen Krankheiten . . . 53

EpiExplorer und RnBeads – integrative Methoden zur Analyse epigenomischer Daten . . . 54

BiQ Analyzer HiMod für die lokusspezifische Analyse von DNA Modifikationsdaten . . . 55

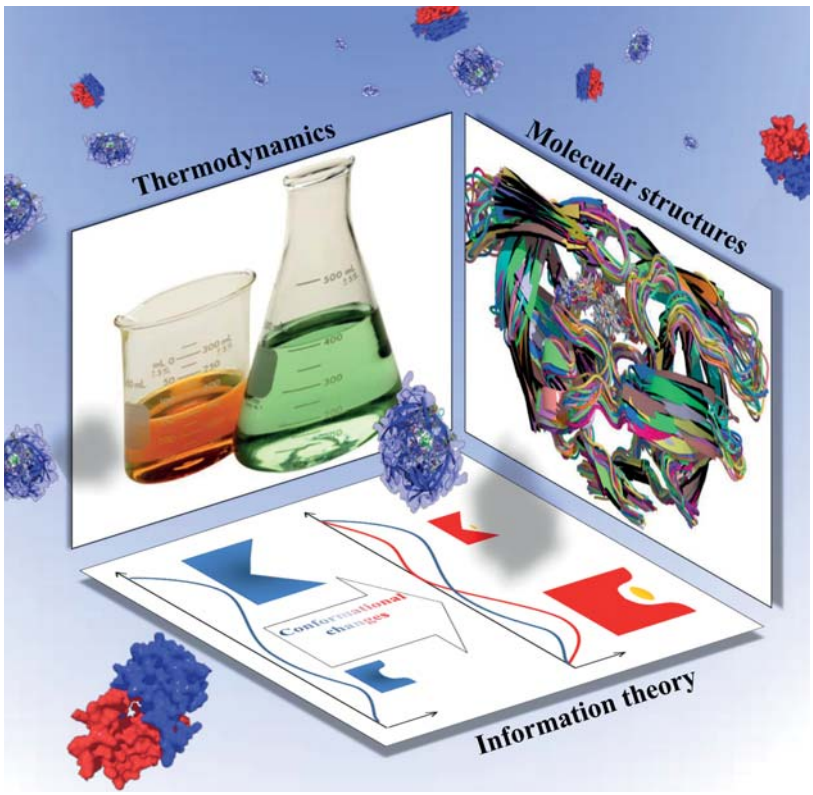
Verwandte Proteine in unverwandten Viren . . . 56

Strukturelle Variation in Genomen . . . 57

Zusammenhang zwischen Veränderungen in der Molekülkonformation und der freien Energie

Biomoleküle, wie beispielsweise Proteine, sind kleine Maschinen, die zusammenarbeiten, um das Leben eines Organismus aufrechtzuerhalten. Unser Hauptinteresse ist es, Theorien zu entwickeln, um die Beziehung zwischen Strukturen und Bewegungen von Biomolekülen, sowie ihre Rolle in wichtigen biomolekularen Interaktionen, wie zum Beispiel der Interaktion zwischen Proteinen und Medikamenten, zu erklären. Die atomaren dreidimensionalen Strukturen von Biomolekülen können z. B. durch die Kristallstrukturanalyse gewonnen werden und liefern die Momentaufnahme einer molekularen Bewegung.

Die hohe Rechengeschwindigkeit moderner Computer gibt uns die Möglichkeit, die atomaren Bewegungen von Biomolekülen zu simulieren und den Mechanismus ihrer Funktionsweise zu verstehen. Experimentell ermittelbare thermodynamische Größen, wie zum Beispiel Enthalpie, Entropie und freie Energie werden genutzt, um biologische Prozesse, wie die Bindung von Medikament und Protein, deren Interaktion durch Veränderungen in der Aminosäuresequenz (Mutation) beeinflusst wird, zu quantifizieren. Die freie Energie ist das Ergebnis von molekularen Interaktionen, die durch die Enthalpie beschrieben werden, und der Unordnung, die von der Entropie abhängig ist. Das Verständnis der Mechanismen, durch welche Bewegungen in Proteinen die Veränderung der freien Energie kontrollieren, ist entscheidend in vielen Bereichen, zum Beispiel in der Medikamentenentwicklung.



Ein auffallendes Phänomen bei biomolekularen Prozessen ist, dass wenn eine molekulares System einer Änderung unterworfen wird, die Änderungen in Enthalpie und Entropie sich zum großen Teil kompensieren. Das heißt, Enthalpie und Entropie sind recht großen Änderungen unterworfen, während die resultierende freie Energie jedoch nur vergleichsweise kleinen Änderungen unterworfen ist. Wir haben eine allgemeine Theorie entwickelt, die dieses Phänomen erklärt. Die Theorie greift auf Informationstheorie zurück. Die Einfachheit und Allgemeinheit der Konzepte aus der Informationstheorie ermöglicht uns eine unmittelbare Interpretation physikalischer Zusammenhänge. Die Anwendung der Informationstheorie in molekularen Simulationen ist ein vielversprechender Bereich, um bioinformatische Methoden zur Berechnung von Veränderungen in der freien Energie zu verbessern. Diese Methoden spielen eine wichtige Rolle bei der Vorhersage von Resistenzen gegen bestimmte Medikamente, welche durch Mutationen in der Aminosäuresequenz von Proteinen ausgelöst werden. :::

KONTAKT

Mazen Ahmad
ABT. 3 **Bioinformatik und Angewandte Algorithmik**
Telefon +49 681 9325-3105
Email mahmad@mpi-inf.mpg.de

Neue Angriffspunkte gegen HIV

35 Millionen Menschen waren laut Weltgesundheitsorganisation (WHO) im Jahr 2013 weltweit mit HIV infiziert. Etwa 1,5 Millionen Menschen sind im gleichen Jahr an AIDS gestorben – darunter auch 190.000 Kinder. Die Zahl der HIV-Neuinfektionen lag 2013 laut WHO weltweit etwa bei 2,1 Millionen. Um diesem Problem entgegenzuwirken, sind präventive Maßnahmen unumgänglich. In der HIV-Impfstoff-Forschung ist es in den letzten Jahren zu einigen wichtigen Fortschritten gekommen. So gelang es zum Beispiel Walker und Kollegen, Antikörper zu isolieren, die sehr viele verschiedene HIV-Stämme binden und damit neutralisieren können. Da eine HIV-Infektion bisher nicht heilbar ist, konzentriert sich ein Großteil der HIV-Forschung darauf, die Symptome der infizierten Patienten mit Hilfe von antiretroviralen Medikamenten zu lindern und deren Leben zu verlängern.

Vorhersage der Resistenz verschiedener HIV-Varianten gegen passive Antikörpertherapie

Es wurde vor Kurzem bei humanisierten Mäusen sowie nicht-menschlichen Primaten gezeigt, dass eine medikamentöse Therapie mit einer Kombination von breit neutralisierenden Antikörpern (bNAbs) eine Behandlungsoption sein kann. Eine klinische Studie der Phase I, bei der einer dieser bNAbs in Menschen getestet wurde, hat bereits erste positive Ergebnisse erzielt. Dies legt nahe, dass eine HIV-Therapie mit bNAbs in naher Zukunft möglich sein könnte.

Um über die Therapie für einen HIV-infizierten Patienten zu entscheiden, werden in Deutschland die wichtigen Bereiche des HIV-Genoms der Virusvarianten der Patienten sequenziert, die darüber Auskunft geben, welche antiviralen Medikamente noch aktiv sind, d. h., gegenüber welchen Medikamenten das Virus noch keine Resistenzen entwickelt hat.

Wenn die Antikörpertherapie mit bNAbs bei HIV-infizierten Patienten zugelassen wird, dann müsste man mit einer ähnlichen Begleitdiagnostik entscheiden können, welche Antikörper noch gegen die jeweiligen Virusvarianten aktiv sind. Zu diesem Zweck haben wir bioinformatische Vorhersagemodelle gebaut, die hochgenau abschätzen können, ob eine bestimmte Virusvariante resistent gegen einen bNAb ist oder nicht. Zusätzlich haben wir Methoden entwickelt, welche die Resultate solcher Vorhersagen besser verständlich machen (ein Teil davon ist in der Abbildung zu sehen). Auch wenn die Antikörpertherapie für HIV-infizierte Patienten noch ein paar Jahre von der Klinik entfernt ist, so könnten unsere Verfahren schon jetzt eingesetzt werden, um die Planung zukünftiger klinischer Studien zu unterstützen.

Analyse von verschiedenen Antikörpern gegen HIV

Ein wichtiger Schritt in Richtung eines universellen Impfstoffes gegen HIV ist die Untersuchung der Eigenschaften von Antikörpern, die das Virus neutralisieren können. Um die Wirksamkeit potentieller Kandidaten zu untersuchen, werden im Labor Tests durchgeführt, die zeigen, welche HIV-Stämme von einem bestimmten Antikörper neutralisiert werden können. Hierzu werden Virenstämme verwendet, welche die Diversität der verschiedenen in der Welt vorkommenden Varianten so gut wie möglich abdecken. Mit unseren Analysen haben wir gezeigt, dass bestimmte Virenstämme in diesem Zusammenhang

Motif Logo für die Klassifikation eines Testbeispiels mit unbekanntem Resistenzpotential gegen einen bestimmten bNAb. Das Logo zeigt die Positionen an, die für die Testsequenz den größten Einfluss auf die Vorhersage hatten. In diesem Beispiel sind die 5% wichtigsten Signale berücksichtigt. Blaue Großbuchstaben repräsentieren Buchstaben in der Testsequenz, die stark mit einer positiven Klassifikation assoziiert sind (HIV Variante ist nicht gegen bNAb resistent), wobei orangefarbene Kleinbuchstaben Buchstaben in der Testsequenz repräsentieren, die für eine Klassifikation als resistent sprechen.

weniger wichtig sind als andere, und dass bestimmte Antikörper gerade diese Stämme, die nicht relevant sind, nicht gut neutralisieren können. Dies führt dazu, dass diese Antikörper in den Bewertungen schlechter dastehen, als sie eigentlich sind. Die Forschungsergebnisse können dazu beitragen, die Antikörpertests zu verbessern und sind damit ein wichtiger Schritt auf dem Weg zur Entwicklung eines universell einsetzbaren Impfstoffes gegen HIV.

Zusätzlich konnten wir zeigen, dass eine Monotherapie mit einer bestimmten Klasse von bNAbs die virale Population dahingehend beeinflussen könnte, dass sie sich schneller in Richtung einer Art von viraler Population entwickelt, die mit schnellerem Krankheitsverlauf korreliert ist. Deswegen sollten diese Effekte in Überlegungen über Antikörpertherapieentscheidungen mit einbezogen werden. :::

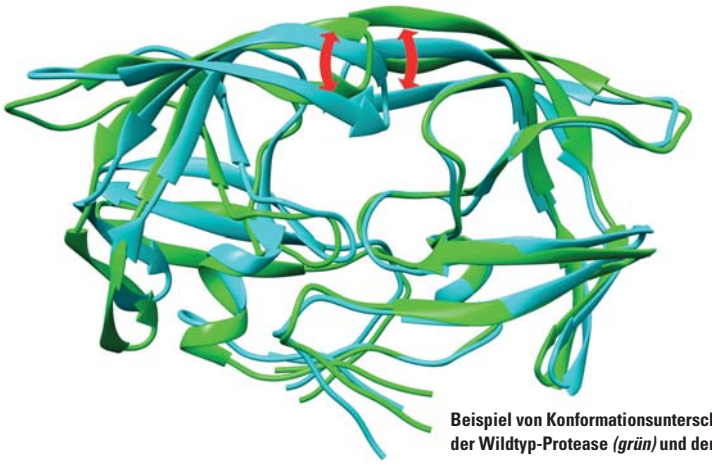
KONTAKT

Anna Feldmann
ABT. 3 **Bioinformatik und Angewandte Algorithmik**
Telefon +49 681 9325-3027
Email feldmann@mpi-inf.mpg.de

Nico Pfeifer
ABT. 3 **Bioinformatik und Angewandte Algorithmik**
Telefon +49 681 9325-3019
Email nico.pfeifer@mpi-inf.mpg.de

Strukturelle Erkenntnisse über das Entstehen von Resistenzmutationen in der HIV-1-Protease

Das Humane Immundefizienz-Virus HIV verursacht die Krankheit AIDS, die unheilbar ist und für die es auch keinen Impfstoff gibt. In vielen Fällen kann die Vervielfältigung des Virus jedoch durch antiretrovirale Medikamente unterdrückt werden, was Symptome lindert und den Krankheitsverlauf bremst. Eines der am weitesten verbreiteten Angriffsziele für die antiretrovirale Therapie ist die HIV-Protease. Hierbei handelt es sich um ein virales Protein, das für die Virusreifung, d. h. den Prozess, bei dem das Viruspartikel vollständig infektiös wird, erforderlich ist. Durch die hohe Mutationsrate von HIV entstehen Viruspartikel, die neue Eigenschaften haben und somit resistent gegen bestimmte antivirale Therapien sind. Das kann dazu führen, dass man die medikamentöse Therapie ändern muss. Obwohl sich die meisten wichtigen Mutationsstellen der HIV-Protease an der Stelle im Protein befinden, an der das Medikament (Inhibitor) bindet, existieren auch Mutationen, die weit von dieser Bindestelle entfernt sind. Es ist äußerst wichtig zu verstehen, wie diese Mutationen die Medikamentbindung beeinflussen, wenn man sich mit viraler Resistenz beschäftigt.



Beispiel von Konformationsunterschieden zwischen der Wildtyp-Protease *(grün)* und der mutierten Protease

Molekulardynamik und Thermodynamik

Experimentell bestimmte dreidimensionale Strukturen des Protease-Inhibitor-Komplexes, gewonnen durch die Kristallstrukturanalyse, stellen statische Information über die Konformationen dieser Moleküle und ihrer Interaktionen zur Verfügung. Molekulardynamik, eine Simulationstechnik für Moleküle, kann verwendet werden, um einen Eindruck über relevante Konformationen und ihre Dynamik mit der Kristallstruktur als Startpunkt zu erhalten. Nutzt man diesen Ansatz zusammen mit Methoden der statistischen Mechanik für die thermodynamische Analyse, ist es möglich, Unterschiede in der Bindungsenergie zwischen Inhibitor und Protein zu berechnen. Die freie Energie beschreibt den Zustand eines Systems von Molekülen und bestimmt auch die Wahrscheinlichkeit, mit der eine Konformation auftritt. Daher spielt diese Größe eine wichtige Rolle in molekularen Systemen.

Resistenzmutation L76V

Die Mutation in der Protease-Region des HIV Genoms, die durch den Austausch der Aminosäure Leucin zu Valin an Position 76 (L76V) gekennzeichnet ist, ist eine wichtige Resistenzmutation, die das Enzym resistent gegen die Inhibierung durch manche Medikamente, aber wiederum anfällig gegen andere Medikamente macht. Diese Aminosäure liegt weit von der Bindestelle des Proteins entfernt. Wir nutzten molekulardynamische Simulationen von Proteasesequenzen aus Patientenproben, die entweder Leucin oder Valin an Stelle 76 enthalten, mit unterschiedlichen Inhibitoren. Unterschiede in der freien Bindungsenergie zwischen Wildtyp-Protease (76L) und mutierter Protease (76V) bei Bindung an den Inhibitor wurden mittels thermodynamischer Berechnungen bestimmt, um die Stabilität beider Komplexe vergleichen zu können. Der Vergleich von Wildtyp und mutiertem Protein-Inhibitor-Komplex zeigt Unterschiede in der Affinität des Inhibitors und verschiedenen Proteinvarianten. Dies weist auf mögliche Mechanismen hin, wie die Ligandenbindung durch das Protein, mit der die L76V-Mutation beeinflusst wird. Simulationen der Protease ohne bindende Medikamente offenbarten Unterschiede zwischen den Konformationen des Wildtyp-Proteins und des mutierten Proteins [Abbildung]. Weil die ungebundene Protease mit ihren natürlichen Substraten interagiert, gibt die Analyse einen Einblick in mögliche Gründe für die evolutionäre Ausmerzung gewisser Mutationen, die schädlich für das Viruspartikel wären. Diese Analyse zeigt den Effekt von Mutationen, die weit entfernt von der Protein-Liganden-Schnittstelle sind, und gibt Anstöße für die Entwicklung von Medikamenten. :::

KONTAKT

Tomas Bastys
ABT. 3 Bioinformatik und Angewandte Algorithmik
Telefon +49 681 9325-3029
Email tbastys@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 [siehe Abbildung 1] zu unterbinden, werden Kombinationen von Medikamenten aus einer Grundmenge von über zwei Dutzend Medikamenten zusammengestellt [siehe Abbildung 2]. 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 bioinformatischen Methoden der virale Resistenz-Phänotyp ermittelt werden. Hierbei gibt es zwei Ansätze. Der erste besteht darin, von Experten manuell bestimmte Regeln zur Ermittlung des Phänotyps aus dem Genotypen in rechnergestützten Expertensystemen zur Anwendung kommen zu lassen. Der zweite systematischere Ansatz besteht in der Ermittlung des viralen Phänotyps aus einer geeigneten Menge klinischer Daten über die virale Resistenz. Am Max-Planck-Institut für Informatik verfolgen wir den zweiten Ansatz. Unsere Arbeit der letzten zwölf 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.

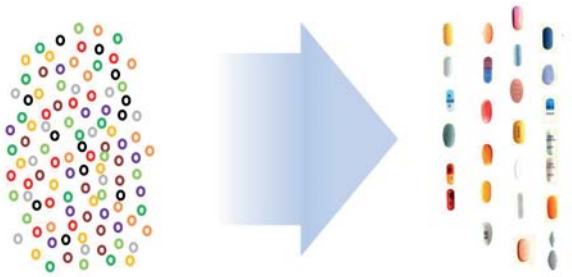


Abbildung 2: Millionen von HIV-Varianten stehen hunderte von Kombinationstherapien aus über zwei Dutzend Wirkstoffen gegenüber. Die Auswahl profitiert von der Unterstützung durch den Rechner.

Das Laborexperiment selbst ist dabei in der Regel in der Klinik nicht einsetzbar, sei es, weil es zu teuer, zu langwierig, oder weil es 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.

Eine weitere sich entwickelnde Möglichkeit für die antivirale Therapie ist die Therapie mit Antikörpern. Auch für diese noch in der Zukunft liegende Möglichkeit haben wir bereits bioinformatische Software entwickelt und Analysen vorgenommen (*„Neue Angriffspunkte gegen HIV“*, Seite 45).

Das Sammeln von Daten ist ein wesentlicher Bestandteil unserer Forschung. Die resultierenden Datenbanken erlauben auch die Analyse von Übertragungsnetzen des Virus zwischen verschiedenen Patienten und Patientengruppen (*„Konstruktion von viralen Transmissionsnetzen mittels genomischer Daten“*, Seite 48).

Die molekulare Basis von viraler Resistenz ist ein komplexes Mysterium, zu dem wir mit Fallstudien (*„Strukturelle Erkenntnisse über das Entstehen von Resistenzmutationen in der HIV-1-Protease“* Seite 46) sowie durch Grundlagenforschung (*„Zusammenhang zwischen Veränderungen in der Molekülkonformation und der freien Energie“*, Seite 44) beigetragen haben. :::

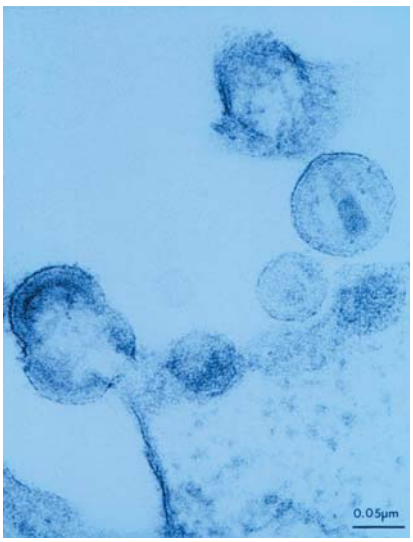


Abbildung 1: HIV Partikel, die von einer befallenen Immunzelle *(unten rechts)* abknospen *(courtesy Prof. Schneweis, Bonn)*

KONTAKT

Thomas Lengauer
ABT. 3 **Bioinformatik und Angewandte Algorithmik**
Telefon +49 681 9325-3000
Email lengauer@mpi-inf.mpg.de

Konstruktion von viralen Transmissionsnetzen mittels genomischer Daten

Sich schnell entwickelnde Pathogene

Das humane Immunodefizienzvirus Typ I (HIV) brachte uns eine der schlimmsten Pandemien der neueren Geschichte mit einer geschätzten Zahl von 2.1 Millionen Neuinfektionen im Jahr 2013. HIV wird im Wesentlichen durch Sexualkontakte zwischen Heterosexuellen (HET) und Männern, die Sex mit Männern haben (MSM), sowie durch die gemeinsame Benutzung infizierter intravenöser Nadeln von Drogenkonsumenten übertragen (IDU). Pathogene, die sich schnell verändern, wie HIV, reichern unter dem Selektionsdruck des menschlichen Immunsystems und der angewandten Wirkstofftherapie eine große Menge genomischer Mutationen an. Auf Grund dieser schnellen Veränderung des Virusgenoms lassen sich Netzwerke von Virusübertragung zwischen Patienten mit Hilfe von genetischen Daten des Virus, die aus den infizierten Personen extrahiert wurden, rekonstruieren.

Grenzwertfreie Netzwerke

Um die Entwicklung von Medikamentenresistenzen in HIV zu analysieren, wurden große HIV-Sequenzdatenbanken angelegt. Diese können jetzt genutzt werden, um nationale und globale HIV-Übertragungsnetzwerke zu konstruieren. Zur Konstruktion dieser Netzwerke werden im Allgemeinen die evolutionären Distanzen zwischen den Virussequenzen verwendet. Dem Netzwerk wird eine Kante hinzugefügt, falls diese Distanz einen bestimmten Grenzwert überschreitet. Ein anderer Ansatz besteht darin, phylogenetische Bäume, die den evolutionären Zusammenhang zwischen den Viren widerspiegeln, zu rekonstruieren. Diese Bäume helfen, Muster der Virenausbreitung zu identifizieren. Der grenzwertbasierte Ansatz wird dem phylogenetischen oft aufgrund seines geringeren Rechenaufwands vorgezogen.

Wegen des nach Infektionsweg unterschiedlichen Ansteckungsrisikos ist ein grenzwertbasierter Ansatz jedoch bei HIV nicht angemessen. Daher konstruieren wir Übertragungsnetze mit Hilfe von minimalen Spannbäumen. So muss kein Grenzwert bestimmt werden. Wir nutzen phylogenetische Bäume, um die evolutionäre Distanz mit hinreichender Genauigkeit zu bestimmen und setzen die Parallelverarbeitung ein, um phylogenetische Bäume in annehmbarer Zeit berechnen zu können.

Mit Hilfe eines solchen Verfahrens konnten wir Übertragungsnetze für 27.124 HIV-Sequenzen von Kliniken aus ganz Europa rekonstruieren. Es zeigte sich, dass die Netzwerkstabilität negativ mit der Größe des Netzes korreliert ist. Diese mangelnde Stabilität ist auf die Unsicherheit bei der Schätzung der Topologie des phylogenetischen Baumes zurückzuführen. Dies begründet sich in einer mathematisch beweisbaren Korrespondenz zwischen der Topologie des übertragungsnetzes, konstruiert als minimaler Spannbaum, und der Topologie des phylogenetischen Baumes. Insbesondere entspricht jeder Teilbaum im phylogenetischen Baum einem Teilgraphen im Übertragungsnetz [siehe Abbildung 1].

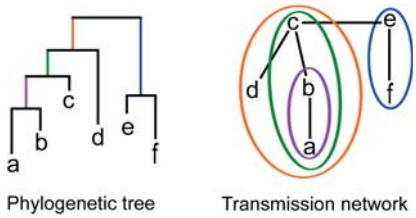


Abbildung 1: Topologische Entsprechung zwischen Übertragungsnetzwerken und phylogenetischen Bäumen. Farbige Kreise und Verbindungen zeigen die entsprechenden Teilgraphen und Teilbäume.

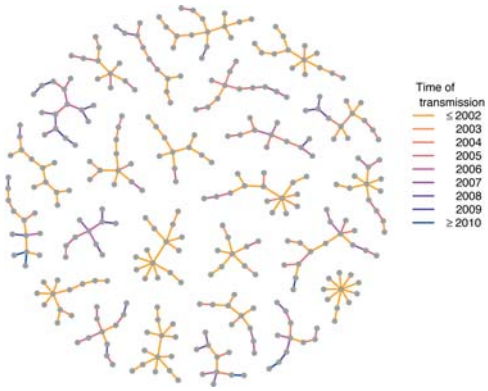


Abbildung 2: Transmissionsnetzwerk mit Kanten gefärbt gemäß des geschätzten Übertragungszeitpunkts

Zeitskalierte Netzwerke

Die Zeitpunkte zur Probeentnahme des Virus können zusammen mit einem phylogenetischen molekularen Uhrenmodell verwendet werden, um die Zeit von Evolutionsereignissen zu bestimmen, wie etwa den letzten Zeitpunkt, zu dem zwei Spezies von einem gemeinsamen Vorfahren divergiert sind.

Obwohl ein solches Modell häufig eingesetzt wird, um eine virale Transmissionsdynamik aus phylogenetischen Bäumen abzuleiten, wurde es bisher nicht für die Analyse von Transmissionsnetzen genutzt. Wir haben diesen Ansatz verwendet, um Übertragungszeiten zwischen Individuen, die im Übertragungsnetz miteinander verbunden sind, zu berechnen und haben ein zeitskaliertes Netzwerk konstruiert [siehe Abbildung 2]. Aus diesem Netzwerk konnten wir das Zeitintervall zwischen verschiedenen Übertragungen extrahieren. Daraus ergab sich, dass HET-Intervalle mit 34 Monaten länger waren als MSM-Intervalle mit 25 Monaten. IDU-Intervalle waren mit nur 20 Monaten am kürzesten, was vermutlich auf das erhöhte Übertragungsrisiko bei Kontakt mit infiziertem Blut zurückzuführen ist. :::

KONTAKT

Prabhav Kalaghatgi
ABT. 3 Bioinformatik und Angewandte Algorithmik
Telefon +49 681 9325-3023
Email prabhavk@mpi-inf.mpg.de

Expected Force – ein Maß für den Einfluss von Knoten in Infektionsnetzwerken

Netzwerkmodelle sind aus der heutigen Gesellschaft nicht mehr wegzudenken. Sie beschreiben beispielsweise unsere sozialen Kontakte und andere fundamentale Infrastrukturen unserer Lebensweise. Weiterhin ist es möglich essentielle biologische Interaktionen als Netzwerke abzubilden.

Netzwerke nehmen im Alltag eine zentrale Rolle ein und eine ganze Reihe von Methoden zeigt die Wichtigkeit einzelner Knoten. Hierzu gehören der Grad eines Knotens oder auch sein Page Rank. Die Erfahrung der letzten Jahre zeigt allerdings, dass diese Maße für eine Vielzahl von Knoten, die geringen Einfluss im Netzwerk besitzen, wenig informativ sind. Dies weist auf ein allgemein mangelndes Verständnis bezüglich der Definition von Wichtigkeit eines Knotens und seines Einflusses innerhalb des gesamten Netzwerks hin. Da der Einfluss meist von weniger starken Knoten in Netzwerken ausgeht, ist der praktische und intellektuelle Nutzen einer neuen Methode zur akkuraten Quantifizierung von Einfluss unbestreitbar.

Mittels eines epidemiologischen Zugangs mit kontinuierlicher Repräsentation der Zeit gehen wir dieser Problemstellung nach. In der Epidemiologie wird die Stärke eines Prozesses global als seine *Force of Infection (FoI)*, also die derzeitige Infektionsrate, definiert. Unsere Aufgabe ist die Überführung dieser globalen, ausbruchspezifischen und zeitabhängigen Zufallsvariablen in eine ausbruch- und zeitunabhängige Eigenschaft eines individuellen Knotens. Da die FoI direkt zu der jeweiligen Anzahl von Kanten proportional ist, die infizierte und infizierbare Knoten verbinden, reduziert sich der ausbruchspezifische Teil zu einer multiplikativen Konstanten. Da der Ursprungsort lediglich die frühen Stadien eines Ausbruchs beeinflusst, lösen wir den Aspekt der Zeitabhängigkeit dadurch, dass wir nur die ersten Transmissionen betrachten. Die Zufallsvariable selbst wird durch ihren Erwartungswert beschrieben. Das resultierende Maß der *Expected Force* beschreibt das erwartete Ausmaß der Infektion, die von einem epidemischen Prozess ausgehen würde, der seinen Ursprung in dem gegebenen Knoten hat.

Frankfurt hat die höchste *Expected Force* von allen Flughäfen der Welt.

Wir haben dieses Maß ausgiebig auf simulierten und realen Netzwerken sowohl in kontinuierlichen als auch in diskreten Szenarien für alle grundlegenden epidemischen Modelle getestet. Die Expected Force kann mit hoher Genauigkeit epidemische Folgen für eine Vielzahl von Netzwerken und Verbreitungsprozessen vorhersagen. In unserer jüngsten Studie wird die Ausbreitung einer Pandemie über das Fluglinienetzwerk der Welt vorhergesagt. Dieser Simulation liegt ein realistisches Modell zugrunde, das lokale Populationsdynamiken sowie Reisegewohnheiten beinhaltet. Die Expected Force am Flughafen des Ausbreitungsortes korreliert zu 90 Prozent mit der für eine Verbreitung benötigten Virulenz der Infektion und zu 87 Prozent mit der Geschwindigkeit, mit der beobachtete lokale Ausbrüche pandemisch wurden.

Da die Expected Force nur von der lokalen Netzwerktopologie abhängt, können die epidemischen Folgen des Gesamtnetzwerkes auch dann vorhergesagt werden, wenn nur ein kleiner Teil des Netzwerkes bekannt ist. Tatsächlich ist es selten, dass die komplette Netzwerkstruktur bekannt ist. Netzwerke werden typischerweise aus indirekten, unvollständigen und verzerrten Beobachtungen hergeleitet.

Was sagt dies nun über den Einfluss in Netzwerken aus? Die Definition der Expected Force impliziert, dass der Einfluss eines Knotens sowohl durch seinen Grad als auch durch den Grad seiner Nachbarn bestimmt wird. Der relative Einfluss dieser beiden Faktoren unterscheidet sich bei Knoten mit niedrigem und hohem Ausbreitungspotential. Schwächere Knoten bekommen ihren relativ niedrigen Einfluss durch ihre Nachbarn, wohingegen einflussreichere Knoten ihre Stärke durch die große Anzahl ihrer Verbindungen erlangen. Dies bestätigt auch unsere moralischen Vorstellungen: Der beste Weg, um seinen persönlichen Einfluss zu vergrößern, besteht darin den Einfluss der Personen im unmittelbaren Umfeld zu erweitern. :::

KONTAKT

Glenn Lawyer

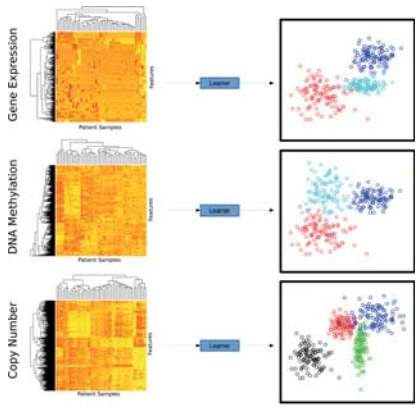
ABT. 3 **Bioinformatik und Angewandte Algorithmik**

Telefon +49 681 9325-3007

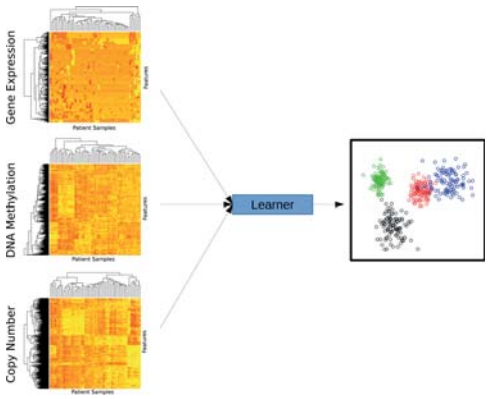
Email lawyer@mpi-inf.mpg.de

Integrative Krebsdatenanalyse

Viele Krebserkrankungen sind trotz intensiver Forschung schwierig zu heilen und verlaufen in vielen Fällen tödlich. Ein Grund hierfür ist die Heterogenität der Krankheit, d. h. dass ähnliche Symptome unterschiedliche genetische oder metagenomische Gründe haben können. Eine personalisierte Therapie, die nicht nur das Gewebe berücksichtigt, in dem der Tumor auftritt, sondern auch speziell auf den Patienten abgestimmt ist, bietet jedoch erhöhte Chancen auf Behandlungserfolg. Die Entscheidung, welche Therapie ein Patient erhält, basiert oft auf sogenannten Krebssubtypen, d. h. ein Krebstyp wird in verschiedene Untergruppen unterteilt. Diese Untergruppen unterscheiden sich bezüglich bestimmter klinischer Merkmale, wie z. B., ob eine Therapie oder ein Medikament anschlägt. Der Patient wird dann einem dieser Subtypen zugeordnet und entsprechend behandelt. Je genauer der Subtyp die Eigenheiten des Tumors widerspiegelt, desto besser kann die Therapie darauf abgestimmt werden. Etablierte Subtypen nutzen meist nur einzelne Informationsquellen, wie z. B. Genexpressionsdaten des Patienten. Tatsächlich findet man in Tumoren aber Veränderungen auf diversen unterschiedlichen Ebenen der Zelle. Diese Veränderungen beeinflussen sich oft gegenseitig, jedoch enthält keine der Ebenen alleine die gesamte Information über den Tumor. Daher wird für Krebspatienten oft eine große Menge unterschiedlicher molekularer Daten gemessen, u. a. auf genetischer sowie epigenetischer Ebene. Ein Ziel der Bioinformatik in diesem Kontext ist die Entwicklung von Methoden, die in der Lage sind, ebendiese verschiedenen Datentypen sinnvoll miteinander zu kombinieren.



Herkömmliche Ansätze analysieren die einzelnen Datentypen separat.



Die integrative Analyse von mehreren Datentypen kann Informationen auffinden, die von verschiedenen Datenquellen unterstützt wird.

Datenintegration

Ein Ansatz zur Integration dieser Daten ist rMKL-DR (*regularized Multiple Kernel Learning for Dimensionality Reduction*). Mittels dieser Methode werden in einem adaptiven Prozess Gewichtungen für die unterschiedlichen Datentypen gelernt, sodass ein Datentyp, der viel Information enthält, ein größeres Gewicht bekommt und daher mehr Einfluss auf das Ergebnis hat, als ein Datentyp mit weniger Information. Die integrierten Datenpunkte, in unserem Fall betreffend Tumorproben von Patienten, werden dann in einen niedrigdimensionalen Raum projiziert, in dem sie visualisiert und weiter analysiert werden können. Die Distanzen zwischen den Datenpunkten reflektieren deren Ähnlichkeiten basierend auf allen verwendeten Datentypen. Im Fall von Krebspatienten können diese Ähnlichkeiten zur Identifizierung von integrierten Subtypen genutzt werden, mit deren Hilfe über eine mögliche Therapie entschieden werden kann.

Interpretation

Konventionelle statistische Methoden sind im Allgemeinen nicht in der Lage, die molekulare Ursache für den Tumor zu identifizieren. Ebenso sind sie oft schlecht an neue Gegebenheiten anpassbar. Aus diesem Grund haben wir eine Methode entwickelt, die aus den gegebenen Daten mögliche Erklärungen für die Erkrankung extrahiert und zusätzlich einen Hinweis gibt, welche Erklärung gemäß den beobachteten Mustern in den Proben am wahrscheinlichsten ist. Für eine neue Probe wird vorhergesagt, welche der möglichen Erklärungen am zutreffendsten ist, d. h. die Methode liefert für die Probe eine Vorhersage, welcher Untergruppe der Krebspatient zugeordnet werden sollte sowie eine möglichst einfache Erklärung hierfür. Letztere kann Onkologen dabei helfen die genaue Ursache des Tumors zu untersuchen sowie eine geeignete Therapie zu finden. :::

KONTAKT

Adrin Jalali
ABT. 3 **Bioinformatik und Angewandte Algorithmik**
Telefon +49 681 9325-3028
Email ajalali@mpi-inf.mpg.de

Nora K. Speicher
ABT. 3 **Bioinformatik und Angewandte Algorithmik**
Telefon +49 681 9325-3027
Email nora@mpi-inf.mpg.de

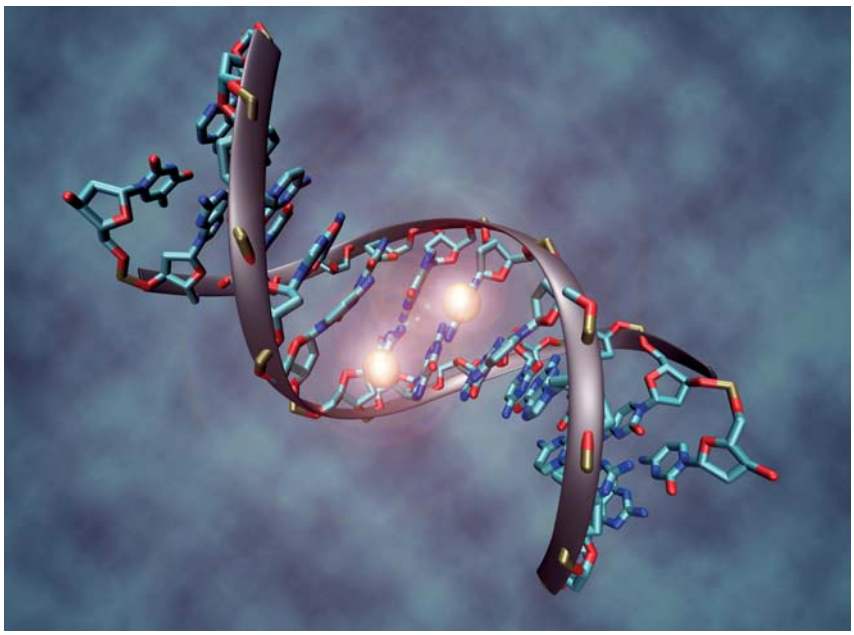
Kartierung von Epigenomen

Die Epigenetik ist ein Forschungsgebiet, das heute im Zentrum der weltweiten Aufmerksamkeit liegt. Der Grund hierfür ist, dass nach der Sequenzierung des menschlichen Genoms vor gut zehn Jahren schnell klar wurde, dass wesentliche Aspekte der Zellregulation nicht direkt aus der genomischen DNS abzulesen sind – denn diese ist ja in allen Zellen gleich. Dabei handelt es sich vor allem um solche Aspekte, in denen sich verschiedene Gewebe voneinander unterscheiden – etwa kranke von gesunden Zellen – und in denen sich zentrale biologische Prozesse wie die Antwort auf Stress und das Altern manifestieren.

Diese Aspekte der Zellregulation gehen auf die dynamische Organisation des Genoms im Zellkern zurück, die auf chemischen Modifikationen der genomischen DNS und des sie umgebenden Molekülgerüsts aus Proteinen basieren. Mit in den letzten zwei Jahrzehnten entwickelten molekularbiologischen Techniken können diese Modifikationen genomweit vermessen werden. Damit ist ihre Gesamtheit – das sogenannte Epigenom – kartierbar.

Während ein Mensch nur ein Genom hat, hat er dementgegen viele Epigenome. Im Prinzip unterscheiden sich die Epigenome in allen der etwa 200 Gewebetypen des Organismus; darüber hinaus unterscheiden sie sich in jedem Zelltyp in gesunden und krankhaft veränderten Zellen. Die Kenntnis des Epigenoms gilt als Voraussetzung für das Verständnis der Prozesse in dem betreffenden Zelltyp. Aus diesem Grund wurde vor einigen Jahren das International Human Epigenome Consortium (IHEC) gegründet – ein weltweiter Zusammenschluss von Wissenschaftlern mit dem Ziel, in den nächsten fünf Jahren mindestens 1000 Epigenome von menschlichen Zellen zu kartieren.

Das Max-Planck-Institut für Informatik ist an zwei Stellen an IHEC beteiligt. Zum einen ist es Partner im BLUEPRINT Projekt der EU. Dieses Projekt mit einer EU Fördersumme von 30 Mio Euro, der größten an ein einzelnes Projekt im Bereich der Biologie verliehenen Summe, hat zum Ziel, 100 Epigenome von Zellen der Blutlinie (hämatopoetische Zellen), sowohl von kranken (hauptsächlich bösartig veränderten) als auch gesunden Zellen, zu kartieren. Zum anderen ist es Partner im Deutschen Epigenom Programm (DEEP), dem vom BMBF mit rund 20 Mio. Euro finanzierten deutschen Beitrag zu IHEC. In DEEP werden vor allem Stoffwechsel- und Immunkrankheiten untersucht und weitere 70 Epigenome kartiert. Das Max-Planck-Institut koordiniert den Bioinformatikbereich von DEEP.



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

Neben der Kartierungsarbeit selbst umfassen die Forschungsarbeiten natürlich auch die biologische Interpretation der Daten. Dazu gehört das Auffinden von epigenetischen Mustern, die charakteristisch für bestimmte Krankheitstypen und -stadien sind.

Zu diesem Zweck werden am Max-Planck-Institut für Informatik seit Jahren Softwaresysteme entwickelt, die weltweit eingesetzt werden (siehe *„EpiExplorer und RnBeads – integrative Methoden zur Analyse epigenomischer Daten“* Seite 54 und *„BiQ Analyzer HiMod für die lokusspezifische Analyse von DNA Modifikationsdaten“*, Seite 55).

Neben der Entwicklung solcher Software ist das Max-Planck-Institut für Informatik auch an Validierungsstudien beteiligt, in denen die Software eingesetzt wird, um aus epigenetischen Daten neue biologische Erkenntnisse zu gewinnen. So konnten in einer im Jahre 2012 veröffentlichten Studie die Ursprungsgewebe von einer Reihe von verschiedenen bösartigen Tumoren identifiziert werden, die im Patienten nur noch in gewebsfremden Metastasen zu finden waren. Eine solche Gewebsbestimmung ist zentral für eine effektive Tumortherapie. :::

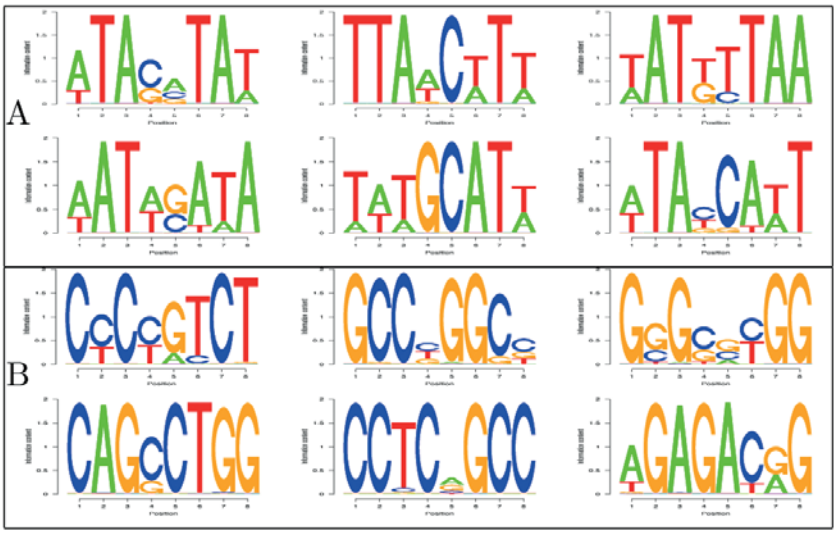
KONTAKT

Thomas Lengauer
ABT. 3 **Bioinformatik und Angewandte Algorithmik**
Telefon +49 681 9325-3000
Email lengauer@mpi-inf.mpg.de

Analyse der dreidimensionalen Anordnung der DNA im Zellkern

Das Genom aller eukaryotischer Organismen befindet sich im Zellkern. Hierzu muss es sehr kompakt verpackt werden, woran RNA und Proteine beteiligt sind, die das so genannte *Chromatin* bilden. Das menschliche Genom zum Beispiel umfasst ca. 3 Milliarden Basenpaare und ist ausgestreckt etwa 2 m lang. Es passt nur hochkomprimiert in den eintausendstel Millimeter großen Zellkern. Trotz der kompakten Struktur hat das Chromatin eine nicht zufällige dreidimensionale Anordnung im Raum. Diese Anordnung, die auch die *Konformation der Chromosomen* genannt wird, ist eng mit der Regulation und Funktion der Zellen verknüpft. Fehlerhafte Konformationen können zu Krankheiten führen. Ein besseres Verständnis der dreidimensionalen Struktur des Chromatins kann dazu beitragen, die Regulationsprozesse in der Zelle besser zu verstehen. Obwohl die Gesamtstruktur des Chromatins vom Zellzustand abhängt, können gemeinschaftliche Messungen vieler Zellen einen generellen Einblick in die räumliche Anordnung der Chromosomen geben. Wenn zum Beispiel Regionen, die in der Genomsequenz weit voneinander entfernt sind, in der dreidimensionalen Anordnung des Chromatins trotzdem immer nah beieinander sind, so legt dies eine funktionale Beziehung in dem jeweiligen untersuchten Gewebe nahe.

Innerhalb des letzten Jahrzehnts haben sich die molekularbiologischen Messmethoden, die zur Identifikation von Interaktionen in der Sequenz entfernter chromosomaler Bereiche verwendet werden können, sehr stark entwickelt, was nun eine genomweite Analyse dieser Interaktionen ermöglicht. Trotzdem sind diese Verfahren noch sehr teuer, insbesondere, wenn man viele verschiedene Zelltypen mit hoher Auflösung untersuchen möchte.



Visualisierung der DNA Sequenzmotive, die die Vorhersage am stärksten beeinflussen. Panel A zeigt die sechs stärksten Motive, die in den Regionen gefunden wurden, die mit einer bestimmten entfernten Region interagieren. In Panel B wird das gleiche für die Regionen gezeigt, die nicht mit der bestimmten Region interagieren. Jedes Sequenzmotiv ist als Sequenzlogo visualisiert, in dem die relative Höhe angibt, wie häufig ein bestimmter Buchstabe ist und die Gesamthöhe dem Informationsgehalt der Position entspricht.

In unserer Forschung befassen wir uns damit, statistische Modelle zu entwickeln, die die Verarbeitung der Daten aus solchen Experimenten verbessern. Unsere Modelle ermöglichen es für eine bestimmte chromosomale Region, potentielle Interaktionspartner vorherzusagen, also Segmente, die sich in der Konformation des Chromatins wahrscheinlich nahe beieinander befinden. Dies kann zum Beispiel ein Segment sein, das nur wenige Hundert Basenpaare lang ist und sich kurz vor einem Gen befindet, das mit einem anderen Segment interagiert, das einige Millionen Basenpaare im Genom entfernt ist, aber eine wichtige Rolle in der Expression des Gens spielt. Zusätzlich können wir die DNA-Sequenzmotive charakterisieren, die für die Vorhersage informativ sind, um eine Analyse potentieller genereller Zusammenhänge der zugrunde liegenden Mechanismen zu ermöglichen. Ein Anwendungsszenario für unser Modell ist ein solches, in dem die genomweiten Interaktionsdaten keine hohe Auflösung haben, aber für einige spezielle Bereiche Daten mit höherer Auflösung vorliegen. In diesem Fall kann ein Modell aus den Daten höherer Auflösung abgeleitet werden, das dann verwendet werden kann, um Interaktionen für die niedriger aufgelösten Daten vorherzusagen. Die Sequenzmotive, welche für die Vorhersage wichtig sind, könnten weitere Einblicke in die zugrunde liegenden Mechanismen geben. Zusätzlich könnten die Vorhersagen unserer Modelle dafür eingesetzt werden, existierende Methoden, die aus den Interaktionsdaten 3-D Modelle der Chromatinstruktur ableiten, zu verbessern. :::

KONTAKT

Sarvesh Nikumbh
ABT. 3 Bioinformatik und Angewandte Algorithmik
Telefon +49 681 9325-3028
Email snikumbh@mpi-inf.mpg.de

Phänotypische Merkmale erlauben die computergestützte klinische Diagnose von genetischen Krankheiten

Das Erstellen der korrekten differentiellen Diagnose für Patienten mit genetischen Krankheiten ist oft eine Herausforderung. Die Differentialdiagnose wird erschwert durch die große Anzahl genetischer Erkrankungen, von denen jede durch eine Vielzahl von klinischen Symptomen charakterisiert ist. Zusätzlich überlappen sich die Merkmale vieler Krankheiten und nicht alle Patienten zeigen die bekannten klinischen Symptome, die mit einer bestimmten Krankheit assoziiert sind. Die richtige Krankheit schnell zu diagnostizieren erspart unnötige Diagnoseverfahren, reduziert die Belastung für Patienten und die Kosten für die medizinische Versorgung. Aufgrund der Komplexität bei seltenen genetischen Krankheiten warten Patienten manchmal Jahre bis eine korrekte Diagnose gestellt wird.

In den letzten Jahren haben wir neue Algorithmen und statistische Ansätze entwickelt, um die computergestützte Differentialdiagnose zu ermöglichen. Diese Arbeit geschah in Kooperation mit der Gruppe von Prof. Dr. Peter Robinson an der Charité in Berlin. Unsere Ansätze nutzen die Human Phenotype Ontology (HPO), die in Berlin entwickelt wurde.

Der Phenomizer Webserver erlaubt computergestützte klinische Diagnosen

Im Phenomizer Webserver haben wir unsere neuen Ansätze implementiert und für Ärzte auf der ganzen Welt frei verfügbar gemacht. Der Benutzer gibt die klinischen Symptome des Patienten durch standardisierte HPO-Begriffe ein und der Phenomizer liefert eine Rangliste der am besten passenden Differentialdiagnose unter Verwendung aller genetischen Erkrankungen, die in der Datenbank annotiert sind. Derzeit kennt der Phenomizer mehr als 10.000 Krankheitssymptome und ihre Ähnlichkeit zueinander. Diese werden über 7.500 Krankheiten zugeordnet.

Die Phenomizer App vereinfacht die computergestützte Diagnose von genetischen Krankheiten im Klinikalltag.

Mit Hilfe schneller Methoden, die wir entwickelt haben, berechnet der Phenomizer für jedes Suchergebnis die geschätzte Wahrscheinlichkeit, das gleiche Ergebnis durch eine Zufallssuche zu erhalten. Innerhalb von Sekunden erhält der Arzt eine Liste mit den wahrscheinlichsten Ergebnissen, so dass er nicht mehr in Datenbanken oder Büchern mehrere Stunden suchen muss. Die Liste hilft der schnellen Erfassung der richtigen Krankheit oder um weitere Untersuchungen zu planen, um zwischen genetischen Krankheiten zu unterscheiden, die als gleichwahrscheinlich für die Anfrage gelten.

Mobilität für die klinische Praxis

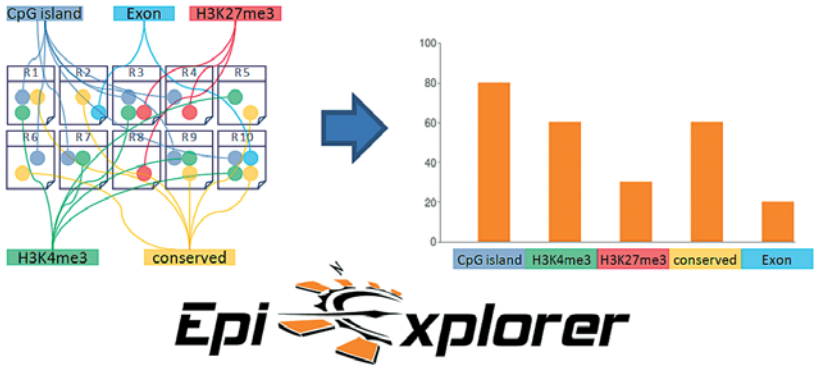
Um die schnelle Diagnose in der klinischen Praxis zu ermöglichen und aufgrund der weitverbreiteten Verfügbarkeit von Smartphones und Tablets, haben wir die Phenomizer App für Android basierte Systeme entwickelt. Die App ermöglicht die gleiche Funktionalität wie der Phenomizer Webserver auf mobilen Geräten und unterstützt zusätzlich das Speichern von Anfragen und den Austausch von solchen. Der Phenomizer Webserver wurde über 50.000 Mal in den letzten 3 Jahren mit Anfragen ausgeführt und über 1.000 Nutzer haben die App installiert. :::

KONTAKT

Marcel H. Schulz
ABT. 3 **Bioinformatik und Angewandte Algorithmik**
Telefon +49 681 9325-3115
Email mschulz@mpi-inf.mpg.de

EpiExplorer und RnBeads – integrative Methoden zur Analyse epigenomischer Daten

Unsere DNS kodiert das Aussehen und Verhalten aller Zellen unseres Körpers. Es gibt jedoch eine Vielzahl zusätzlicher Regulationsschichten, die das Schicksal der Zelle bestimmen. Die Verpackung der DNS beeinflusst, ob und wie die in der DNS codierten Gene abgelesen werden können und ist damit für die äußere Erscheinung und Funktion der Zelle, dem sogenannten *Phänotyp*, verantwortlich. Sie wird durch chemische Modifikationen der DNS selbst (DNS-Methylierung) oder ihres molekularen Gerüstes, z.B. durch Modifikation der an die DNS bindenden Histonproteine, beeinflusst. Die Analyse dieser *epigenetischen* Träger molekularer Information wird durch Software ermöglicht, die am Max-Planck-Institut für Informatik entwickelt wird: *EpiExplorer* basiert auf Technologie, die für die Suche nach textueller Information im Internet entwickelt wurde und stellt ein Werkzeug dar, mit dem genomische und epigenomische Merkmale schnell und intuitiv erkannt, dargestellt und interaktiv erkundet werden können. Bei *RnBeads* handelt es sich um ein leicht zu bedienendes Softwarepaket für die umfassende Analyse experimentell ermittelter DNS-Methylierungsdaten.



Mithilfe von EpiExplorer können (epi-)genomische Karten schnell und intuitiv durchsucht und visualisiert werden.

EpiExplorer – ein Werkzeug für die effiziente Suche und den Vergleich genomischer und epigenomischer Merkmale

Moderne Labortechniken ermöglichen eine umfassende „Kartierung" der epigenetischen Modifikationen verschiedenster Zelltypen und Individuen zu erschwinglichen Kosten (siehe auch *„Kartierung von Epigenomen"*, Seite 51). Große Herausforderungen der Bioinformatik bestehen in der Integration der sich ergebenden, äußerst vielschichtigen Datenflut und darin, das Verständnis des Zusammenspiels genomischer und epigenomischer Faktoren zu ermöglichen. Mithilfe von EpiExplorer können Wissenschaftler schnell und intuitiv große, heterogene Datensätze durchforsten und wissenschaftliche Hypothesen entwickeln. Dies geschieht genomweit in Echtzeit über das Internet. Das Tool integriert eine Vielzahl (epi-)genomischer Karten und ermöglicht die Identifikation besonders interessanter genomischer Regionen. Unter der Haube basiert EpiExplorer auf einem vielseitigen Indizierungsverfahren, welches sekundenschnelle, umfassende Analysen und Visualisierungen ermöglicht. Ebenso können Datensätze quantitativ verglichen werden und Benutzer können eigene Datensätze in ihre Analysen mit einbeziehen.

Umfassende Analyse von DNS-Methylierungsdaten mithilfe von RnBeads

Die Methylierung der DNS ist ein wichtiger Bestandteil der epigenetischen Regulation genetischer Programme und die derzeit wahrscheinlich am intensivsten erforschte epigenetische Modifikation. Sie spielt eine wichtige Rolle in der Embryonalentwicklung und ist an der Entstehung komplexer Krankheiten wie beispielsweise Krebs beteiligt. Derzeit gibt es eine Reihe experimenteller Verfahren, um genomweit DNS-Methylierungsmuster zu kartieren. Mithilfe von RnBeads können sowohl experimentell als auch bioinformatisch orientierte Wissenschaftler die Daten aus Laborexperimenten umfassend analysieren: Verzerrungen der Daten durch experimentelle Einflüsse können identifiziert und korrigiert und Muster in der Methylierung quantifiziert, visualisiert und verglichen werden. Beispielsweise ist es möglich, genomische Regionen zu identifizieren, deren Methylierungs-Fingerabdrücke sich signifikant zwischen Normal- und Krebsgewebe unterscheiden und diese anschließend mit biologischen Merkmalen zu annotieren. Identifizierte Regionen können in den EpiExplorer exportiert und dort mit anderen (epi)genomischen Karten verglichen werden. Obwohl eine umfassende Standardanalyse in RnBeads kein Expertenwissen voraussetzt, ermöglicht der modulare Aufbau des Softwarepakets konfigurierbare, individuelle Analysen. Standardmäßig werden umfassende und interpretierbare Resultate in HTML-Dokumenten ausgegeben. Somit ist es leicht, Analysen zu verwalten, zu vergleichen und mit Kollegen oder Kollaborationspartnern auszutauschen. :::

KONTAKT

Felipe Albrecht
ABT. 3 **Bioinformatik und Angewandte Algorithmik**
Telefon +49 681 9325-3008
Email albrecht@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

BiQ Analyzer HiMod für die lokusspezifische Analyse von DNA Modifikationsdaten

In jeder Zelle des menschlichen Körpers befindet sich eine identische Kopie seines Erbguts, die so genannte DNA (engl. für *deoxyribonucleic acid*). Auch wenn die DNA als Bauplan des Menschen angesehen wird, ist aufgrund der Vielzahl unterschiedlicher Zelltypen, wie beispielsweise Haut-, Herz- oder Leberzellen, offensichtlich, dass die Umsetzung dieses Bauplans eine komplexe Maschinerie erfordert, die die menschliche Entwicklung von der Eizelle bis ins hohe Alter steuert. Ein zentraler Bestandteil dieser Maschinerie ist das so genannte Epigenom, ein Oberbegriff für regulatorische Komponenten, die das Ablesen der DNA und somit die zelluläre Entwicklung beeinflussen (siehe auch *„Kartierung von Epigenomen“*, Seite 51). Eine simple chemische Modifikation der DNA – die DNA Methylierung – ist einer der am besten untersuchten epigenetischen Faktoren. Die zelluläre Maschinerie kann unter anderem anhand von DNA-Methylierung feststellen, welche Gene für die Produktion von Proteinen abgelesen werden sollen und welche nicht.

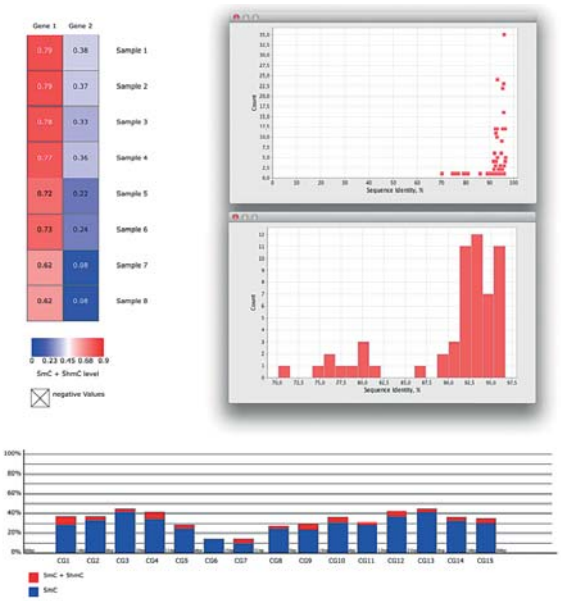
DNA-Methylierung als Informationquelle in der Medizin

Die Wichtigkeit der DNA-Methylierung zur Regulation der molekularbiologischen Vorgänge in der Zelle ist nicht nur beschränkt auf die normale Entwicklung des Menschen, sondern erstreckt sich auch in den medizinischen Bereich im Rahmen der Erforschung von Krankheiten. Fehler in den Methylierungsmustern der DNA haben einen starken Einfluss auf das Entstehen und Fortschreiten von diversen Krankheitsbildern, darunter sehr schwerwiegende Krankheiten wie Krebs oder Alzheimer. Allerdings ermöglicht die moderne Forschung nicht nur ein frühzeitiges Erkennen von Krankheiten anhand fehlerhafter DNA-Methylierung, sondern kann auch verbesserte Diagnosen stellen und so z. B. eine individuelle Einschätzung über den Erfolg der Chemotherapie bei bestimmten Krebsarten liefern. Um diesen Fortschritt auch und gerade im medizinischen Bereich zu gewährleisten, bedarf es zeitgemäßer und einfach zu bedienender Software, die die Analyse von Methylierungsdaten auch für Nicht-Bioinformatiker erlaubt.

Schritt halten mit dem Stand der Forschung

Wir entwickeln Software, die genau diesen Aufgabenbereich abdecken soll (siehe auch *„EpiExplorer und RnBeads – integrative Methoden zur Analyse epigenomischer Daten“*, Seite 54). BiQAnalyzer ist ein von uns entwickeltes und im Jahr 2005 veröffentlichtes Programm zur Visualisierung, Qualitätskontrolle und lokusspezifischen, d. h. zielgerichteten Analyse von DNA-Methylierungsdaten, das sich schnell als ein Standardwerkzeug etablierte. Der technische Fortschritt erlaubte es wenige Jahre später, weitaus schneller mehr Daten im Labor zu produzieren und erforderte eine Anpassung unserer Software für diese so genannten Hochdurchsatzverfahren (BiQ Analyzer HT, 2010; engl. für *high throughput*). Wichtig hierbei war die Erhaltung der einfachen Bedienbarkeit über dieselbe grafische Oberfläche, um Nutzern eine Umgewöhnung zu ersparen. Nicht nur im technologischen Bereich, sondern auch in der Biologie erfordern Neuentdeckungen eine Aktualisierung der Programme: Kürzlich wurden chemische Varianten der DNA-Methylierung entdeckt, deren Bedeutung immer intensiver erforscht wird. Im Falle der so genannten Hydroxymethylierung verdichten sich beispielsweise die Hinweise, dass es sich hierbei um einen wichtigen Faktor im Prozess der Demethylierung, also der gezielten Entfernung der Methylierung im Genom, handelt. Für diesen Vorgang stand bislang kein passendes Erklärungsmodell zur Verfügung.

BiQ Analyzer HiMod [siehe Abbildung] unterstützt die Analyse von regulären DNA-Methylierungsdaten und dieser neu entdeckten Varianten. Ein zusätzliches Problem ist hierbei, dass Standardexperimente keine Unterscheidung zwischen Methylierung und Hydroxymethylierung zulassen. Speziell angepasste Laborprotokolle sind erforderlich, um das Auftreten der Hydroxymethylierung im BiQ Analyzer HiMod über eine vergleichende Datenanalyse festzustellen. Die kontinuierliche Pflege und Weiterentwicklung von Bioinformatiksoftware ist essenziell zur Unterstützung von Forschern weltweit, nicht nur, um Biologie zu verstehen, sondern auch, um neue Ansätze in der Therapie von komplexen Krankheiten zu entdecken. :::



Verschiedene Visualisierungen von (Hydroxy-)Methylierungsdaten im BiQ Analyzer HiMod

KONTAKT

Peter Ebert

ABT. 3 **Bioinformatik und Angewandte Algorithmik**

Telefon +49 681 9325-3008

Email pebert@mpi-inf.mpg.de

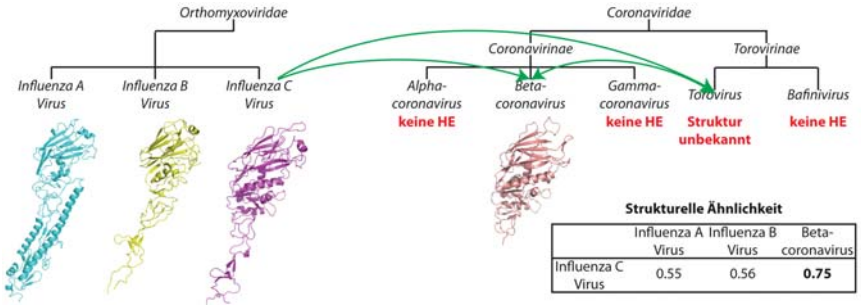
Internet http://biq-analyzer-himod.bioinf.mpi-inf.mpg.de

Verwandte Proteine in unverwandten Viren

Ein Virus ist ein kleines Partikel, das eine genomkodierende, in einer Proteinhülle eingekapselte Nukleinsäure (DNA oder RNA) enthält. In Viren fehlen die Ribosomen und andere essentielle molekulare Mechanismen. Um sich zu vermehren, sind Viren deswegen auf Wirtszellen der infizierten Organismen angewiesen.

Im Gegensatz zu zellulären Organismen haben Viren keinen gemeinsamen Ursprung. Der Ursprung und die Evolution der Viren sind Gegenstand einer anhaltenden wissenschaftlichen Diskussion. Die Stammbaumberechnung in Viren ist sehr kompliziert. In zellulären Organismen wird die Verwandtschaft üblicherweise von dem Vergleich der RNA-Sequenzen von ihren kleinen ribosomalen Untereinheit abgeleitet. Diese Möglichkeit fehlt bei Viren. Zusätzlich haben Viren um mehrere Größenordnungen erhöhte Mutationsraten. Das begrenzt die übliche sequenzbasierte Rekonstruktion der evolutionären Verwandtschaft auf nur sehr nah verwandte Virusfamilien. Die Bindeglieder zwischen Virusfamilien sind zum größten Teil unbekannt.

In unseren Studien verbinden wir den Sequenzvergleich mit der Analyse von dreidimensionalen Strukturen der Proteinen, um das Verstehen der viralen Evolution zu vertiefen. Proteine sind biologische Moleküle, die nahezu alle Prozesse in lebende Organismen umsetzen. Sie sind im Genom mittels Genen kodiert, die in Aminosäureketten transkribiert werden, die sich wiederum in komplexe dreidimensionale Strukturen falten. Die genaue Form dieser Struktur ist von der Reihenfolge der Aminosäuren bestimmt. Außerdem bestimmen diese Strukturen die biologischen Funktionen der Proteine. Aus evolutionärer Sicht lassen sich die Ähnlichkeiten zwischen den Strukturen verwandter Proteine manchmal auch dann feststellen, wenn die genetischen Sequenzen keine erkennbare Ähnlichkeit aufweisen.



	Influenza A Virus	Influenza B Virus	Beta-coronavirus
Influenza C Virus	0.55	0.56	**0.75**

Gentransfer von HEs. Grüne Pfeile entsprechen den potentiellen Routen des lateralen Gentransfers.

Wir haben alle bekannten Sequenzen und Strukturen aus scheinbar unverwandten Viren miteinander verglichen, um die potentiellen evolutionären Verknüpfungen festzustellen. Insbesondere waren wir an Viren mit unterschiedlichem Typ der genomkodierenden Nukleinsäure (DNA oder RNA, einzel- oder doppelsträngig) interessiert, da sie die größten Unterschiede im Lebenszyklus aufweisen. Wir haben zwei allgemeine Evolutionsschemata entdeckt: Entweder können die Proteine in den unterschiedlichsten viralen Spezies gefunden werden und sind somit sehr alt, wahrscheinlich so alt wie das Leben selbst, oder es wurden die verwandten Proteine mittels lateralem Gentransfer (ein Transfer von genetischem Material, der nicht vom Vorfahren zum Nachfahren erfolgt) zwischen den Viren übertragen.

Ein interessantes Beispiel stellt die Hemagglutininesterase (HE) des Toro- und Betacoronavirus dar. Bei diesen handelt es sich um zwei verwandte virale Gattungen der Familie der Coronaviren, die Magen- und Atemerkrankungen in Wirbeltieren verursachen. HEs vermitteln die Bindung zu dem Rezeptor der Wirtszelle und zerstören danach das beteiligte zelluläre Rezeptorprotein.

Ihre Sequenzen sind ähnlich der Sequenz von HE aus dem Influenza C Virus, aber durch einen Sequenzvergleich kann nicht festgestellt werden, in welchem Virus das Protein entstand. Allerdings hat der Vergleich der dreidimensionalen Strukturen der HEs aus Influenza A, Influenza B und Influenza C (Familie Orthomyxoviridae) mit der Struktur der HE von Betacoronavirus eindeutig gezeigt, dass HE ins Toro- und Betacoronavirus aus Influenza C, nach der Abspaltung von Influenza A und B, vor ca. 8000 Jahren eingeführt wurde. Da die anderen Viren der Familie der Coronaviren über keine HEs verfügen, muss ein lateraler Gentransfer in den Gattungen Toro- und Betacoronavirus stattgefunden haben. Sie haben gemeinsame Wirte, daher kann der Transfer entweder erst in eine der Gattungen und dann von dieser in die andere, oder zweimal unabhängig passiert sein. :::

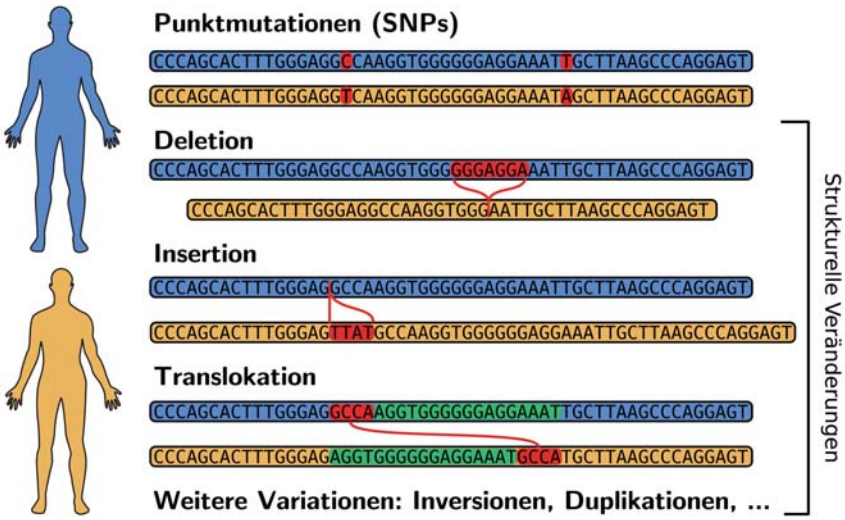
KONTAKT

Olga Kalinina
ABT. 3 Bioinformatik und Angewandte Algorithmik
Telefon +49 681 9325-3004
Email kalinina@mpi-inf.mpg.de

Strukturelle Variation in Genomen

Die Zellen unseres Körpers enthalten je eine Kopie des *Genoms* – unseres Erbguts. Das Genom ist in Chromosomen organisiert: Wir erben je 23 Chromosomen von Mutter und Vater. Dabei ist ein Chromosom im wesentlichen ein langes DNA-Molekül, dem von speziellen Proteinen eine räumliche Struktur gegeben wird. Die genetischen Informationen werden durch die DNA als Abfolge ihrer Bestandteile Adenin (A), Cytosin (C), Guanin (G) und Thymin (T) kodiert. In diesem Sinne lässt sich ein Chromosom als eine Buchstabenfolge aus A, C, G und T auffassen. Dementsprechend können wir das Genom als Menge solcher Buchstabenfolgen (eine für jedes Chromosom) verstehen. Das Forschungsgebiet der Genomik befasst sich unter anderem mit der Frage, wie das Genom eines Menschen dessen Eigenschaften beeinflusst. Dabei können ganz unterschiedliche Eigenschaften von Interesse sein, wie zum Beispiel die Körpergröße, das Risiko, an einer bestimmten Krankheit zu erkranken oder die Verträglichkeit eines Medikaments.

Die Genome zweier Menschen können sich auf vielfältige Weise unterscheiden, wie in der Abbildung illustriert. Traditionell standen Punktmutationen (SNPs) im Mittelpunkt vieler genetischer Studien. Das bedeutet, man hat sich auf Unterschiede einzelner Buchstaben beschränkt. In den letzten Jahren werden vermehrt auch größere Unterschiede, die so genannten *strukturellen Varianten*, wie zum Beispiel Löschungen oder Verdoppelungen ganzer DNA-Abschnitte, untersucht. Solche Varianten kommen im Menschen häufig vor und ihre Erforschung ist daher unabdingbar, um die volle Bandbreite genetischer Diversität zu erfassen. Dies wird ermöglicht durch neue Sequenziertechnologien in Kombination mit neuen Methoden der Bioinformatik, die wir aktiv entwickeln. Hochdurchsatzverfahren zur *Genomsequenzierung* ermöglichen es, parallel Millionen von kurzen DNA-Fragmenten zu lesen. Das bedeutet, dass diese Geräte *nicht* die Sequenz eines ganzen Chromosoms zurückliefern, sondern lediglich die Sequenzen kurzer Bruchstücke, die so



Unterschiede zwischen den Genomsequenzen zweier Personen

genannten *Reads*. Die Analyse der gelieferten Daten kommt daher einem Puzzle mit Millionen von Teilen gleich: Aus den Reads möchten wir Rückschlüsse auf das sequenzierte Genom ziehen. Dabei liegt unser Fokus auf dem Finden von strukturellen Unterschieden.

Unsere Methoden haben in einer großen Studie mit 250 Familien dazu beigetragen, strukturelle genetische Veränderungen im Detail zu erforschen. Dabei wurden je die vollständigen Genome eines Kindes und seiner Eltern sequenziert. Die große Anzahl der untersuchten Familien und die hohe Sequenziertiefe machen dieses Projekt zu einem weltweiten Vorreiter. Durch das Auslesen der Genome von Eltern und Kindern lässt sich die Frage beantworten, welche genetischen Varianten der Kinder *nicht* durch die Eltern vererbt wurden, sondern *neu* entstanden sind. Die Rate, mit der diese so genannten *de-novo-Mutationen* entstehen, ist von großer Bedeutung als Parameter für Modelle menschlicher Evolution.

Über die Grundlagenforschung hinaus hat das Studium struktureller genetischer Varianten potentiell eine große Bedeutung für die personalisierte Medizin. Assoziationsstudien, die darauf zielen, eine Verbindung zwischen dem Genom einer Person und klinisch relevanten Eigenschaften herzustellen, waren bisher auf Punktmutationen beschränkt. Unsere aktuellen Ergebnisse deuten darauf hin, dass das Berücksichtigen von strukturellen Varianten in solchen Studien zahlreiche neue, medizinisch relevante Erkenntnisse liefert. :::

KONTAKT

Tobias Marschall
ABT. 3 **Bioinformatik und Angewandte Algorithmik**
Telefon +49 681 302 70880
Email t.marschall@mpi-inf.mpg.de

GARANTIEN

Software und Hardware sollen 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.

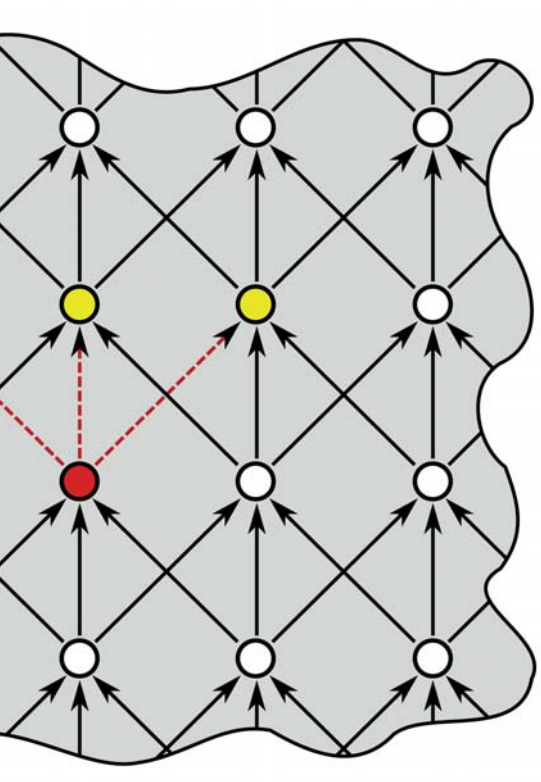
Computer sind heute ein allgegenwärtiger Teil unseres Lebens. Wir benutzen sie ständig – teils bewusst, wie den Rechner auf dem Schreibtisch, teils unbewusst, wie die elektronische Steuerung im Auto, im Flugzeug oder in der Waschmaschine. Je mehr wir unser Leben abhängig von Software machen, umso mehr 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 und inzwischen auch Hardware 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 verteiltes System von Programmen untersuchen, in dem die Teile selbständig aber auch miteinander agieren und dabei verschiedene Ziele verfolgen.

In dem Artikel *„Dynamisches Matching mit Präferenzen“* wird genau diese letzte Situation untersucht. Er untersucht wie der Prozess des Matching vor dem Hintergrund abläuft, dass die Individuen unterschiedliche Ziele verfolgen. Unter welchen Voraussetzungen kann ein solches Matching trotzdem gelingen?

Die beiden Artikel *„Verteilte Algorithmen für fehlertolerante Hardware“* und *„Formale Verifikation von Peer-to-Peer-Protokollen“* betrachten Garantien für hochgradig verteilte Systeme. Ersterer untersucht moderne Prozessor Hardware, der zweite moderne Internetprotokolle.

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. :::

BEITRÄGE



Formale Verifikation von Peer-to-Peer-Protokollen 60

Verteilte Algorithmen für fehlertolerante Hardware 61

Automatisches Beweisen 62

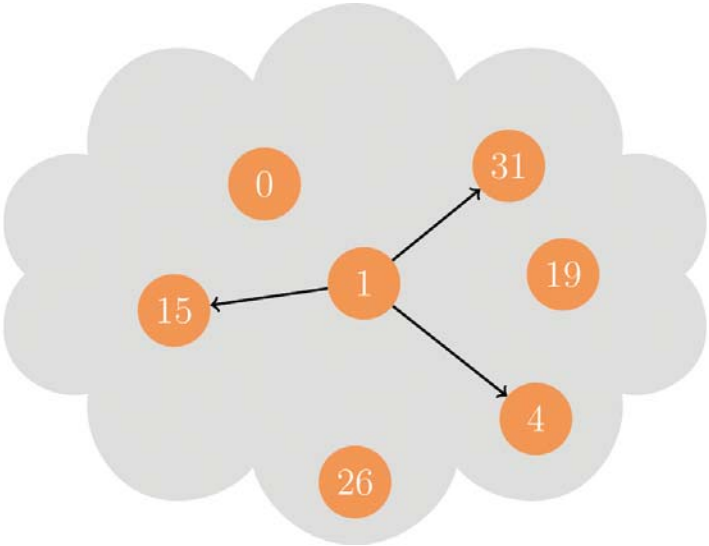
Dynamisches Matching mit Präferenzen 63

Quantorenelimination – auch Aussagen kann man ausrechnen 64

Formale Verifikation von Peer-to-Peer-Protokollen

Verteilte Rechnersysteme können auf verschiedene Weise organisiert sein. Ein E-Mail-System kann beispielsweise auf dem traditionellen Client-Server-Modell aufbauen. Alle Informationen sind dann an einem einzigen zentralen Ort (*Server*) gespeichert, und *Client*-Rechner wie Smartphones oder Laptops kommunizieren mit dem Server, um Nachrichten zu senden oder anzuzeigen oder um die E-Mail-Liste zu verwalten. Der Server legt fest, in welchem Maße Benutzer bzw. Clients auf Ressourcen und Informationen zugreifen können und koordiniert die Kommunikation zwischen verschiedenen Clients. Diese zentralisierte Organisation hat verschiedene Vorteile, aber auch einen entscheidenden Nachteil: die Abhängigkeit des Systems von einer einzigen Stelle – fällt der Server aus, dann steht das ganze System still.

Peer-to-Peer-Netze (P2P) sind eine populäre Alternative zum Client-Server-Modell. Viele moderne Internetanwendungen, die wir täglich benutzen, beruhen auf dieser Technik, wie etwa Skype, Adobe Flash Player, Jaman oder Tor. Die am Netz teilnehmenden *Knoten* bilden hier ein sogenanntes *Overlay*-Netz, das auf dem Internet aufsetzt. Innerhalb dieses Overlay-Netzes gibt es keinen Zentralknoten, den alle Nachrichten durchlaufen. Die Aufgabe, eine Nachricht von einem Absenderknoten x an den Empfängerknoten y weiterzuleiten, ist stattdessen auf viele Knoten *verteilt*. Jeder Knoten verwaltet dazu eine *Routing-Tabelle* mit den Adressen einiger weniger anderer Netzknoten. Falls der Knoten x die Adresse des Knotens y nicht kennt, leitet er sie an einen anderen Knoten z weiter, von dem er weiß, dass er näher an y liegt als er selbst. Die Datenstruktur, auf der diese Form der Nachrichtenweiterleitung aufbaut, wird als *verteilte Hashtabelle* bezeichnet. Chord, Pastry und Kademlia sind bekannte Protokolle für P2P-Netze.



Eine charakteristische Eigenschaft von P2P-Protokollen ist, dass neue Knoten jederzeit in das Netzwerk eintreten können, und schlimmer noch, dass sie jederzeit ohne Vorwarnung das Netzwerk wieder verlassen oder die Arbeit einstellen können. Das macht es schwierig, dafür zu sorgen, dass die Information in der Routing-Tabelle jedes Knotens aktuell bleibt. Inkonsistenzen zwischen den Tabellen der einzelnen Knoten können zu schwerwiegenden Problemen führen. Beispielsweise war Skype im August 2007 drei Tage lang für die Mehrheit seiner Benutzer nicht erreichbar, und man vermutet, dass dies auf ein Versagen der zugrundeliegenden P2P-Technik zurückzuführen war. Es ist darum wichtig, die für solche Protokolle postulierten Korrektheitsgarantien zu verifizieren. Leider ist es kaum möglich, solch eine Verifikation von Hand durchzuführen, ohne dass sich irgendwo Fehler einschleichen – dafür sind die Beweise einfach zu groß. Beispielsweise existieren sowohl für Pastry als auch für Chord von Hand erstellte „Beweise" für verschiedene Korrektheits- und Performanzgarantien; jedoch konnte auch gezeigt werden, dass keine bisher veröffentlichte Version dieser beiden Protokolle fehlerfrei ist.

Die formale Verifikation erweist sich hier als die bessere, wenn auch weitaus aufwendigere Alternative. *Interaktive* Werkzeuge ermöglichen einem Benutzer die schrittweise Erstellung eines mathematischen Beweises in einer formalen Sprache. Jeder Beweisschritt kann von einer *Theorembeweiser*-Software überprüft werden. Der Beweis als ganzer ist erfolgreich, falls der Theorembeweiser jeden einzelnen Schritt als korrekt nachweisen kann. Falls ein Schritt zu lang oder zu kompliziert ist, um ihn auf einmal automatisch zu beweisen, kann er in geeignete Teilschritte zerlegt werden. Die Größe des endgültigen Beweises hängt nun einerseits davon ab, wie gut der Theorembeweiser *große* Probleme lösen kann, und andererseits davon, wie gut er Probleme *aus der gegebenen Problemklasse* lösen kann. Zur Verifikation von P2P-Protokollen ist es z. B. erforderlich, dass der Beweiser mit Arithmetik und Mengenlehre umgehen kann, da die Knotenadressen typischerweise als Zahlen aus einem Ring repräsentiert werden. Die Entwicklung formaler Beweistechniken für solche Beweiser ist darum ebenso wichtig wie der Erfahrungsgewinn bei der Verifikation derartiger verteilter Systeme. :::

KONTAKT

Noran Azmy
FG. 1 **Automatisierung der Logik**
Telefon +49 681 9325-2908
Email azmy@mpi-inf.mpg.de

Verteilte Algorithmen für fehlertolerante Hardware

Verteiltes Rechnen ist ein Teilgebiet der Informatik, welches sich mit Systemen befasst, in denen die Kommunikation anstelle von Berechnungen die für eine schnelle Lösung relevante kritische Ressource darstellt. Darüber hinaus beschäftigt sich dieses Gebiet mit Fehlertoleranz, d. h. der Fähigkeit von Systemen, das gewünschte Verhalten selbst dann zu zeigen, wenn Teilkomponenten versagen. Da „Moore's Law", welches besagt, dass sich die Anzahl der elementaren Bausteine handelsüblicher Prozessoren etwa alle 18 Monate verdoppelt, in der Praxis weiterhin gilt, gewinnen beide Aspekte zunehmend an Bedeutung. Dies bedeutet, dass heutzutage z. B. ein Prozessor mit mehreren Kernen ein verteiltes System darstellt.

Falls Ihnen diese Behauptung merkwürdig erscheint, ziehen Sie Folgendes in Betracht:

1. Bei den heutigen Taktfrequenzen von über einem Gigahertz kann ein elektrisches Signal nicht in einem Taktzyklus von einem Ende eines Prozessors zum anderen gelangen.

2. Typische Prozessoren haben inzwischen Milliarden von Transistoren, was es praktisch unmöglich macht, sicherzustellen, dass jeder einzelne davon korrekt arbeitet.

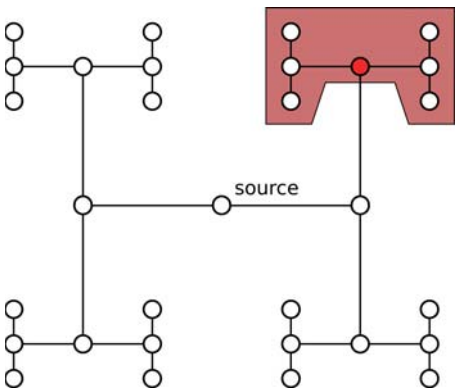


Abbildung 1: Taktbaum. Im Falle eines Fehlers an der rot markierten Verzweigung versagt der gesamte rot markierte Teil des Baums.

3. Die kleinsten verbauten Elemente auf Computerchips haben inzwischen eine Größe von 10–20 Nanometern (Millionstel Millimeter!). Auf dieser Größenskala erfordern es physikalische Effekte, sich mit *transienten Fehlern* auseinanderzusetzen, bei welchen sich Komponenten vorübergehend unvorhersehbar verhalten.

Eine der grundlegendsten Herausforderungen bei der Entwicklung von Computerhardware ist die Verteilung des *Taktsignals*. Bis zu einer gewissen Grenze kann dies durch so genannte Taktbäume [siehe Abbildung 1] erfolgen. Ein Taktbaum ist dazu ausgelegt, das durch einen einzelnen Quartzoszillator erzeugte Taktsignal so zu verteilen, dass benachbarte Komponenten jeden Takt (beinahe) gleichzeitig empfangen. Hierdurch wird es möglich, Berechnungen *synchron* durchzuführen: Ein Berechnungsschritt wird ausgeführt, dann werden die Resultate „fixiert" und weitergegeben und schließlich werden die empfangenen Werte als Eingabe für den nächsten Berechnungsschritt verwendet. Solch eine synchrone Taktung hat viele Vorteile und ist daher das Mittel der Wahl – bis zu dem Punkt, an dem die Größe des Systems dies unpraktikabel werden lässt.

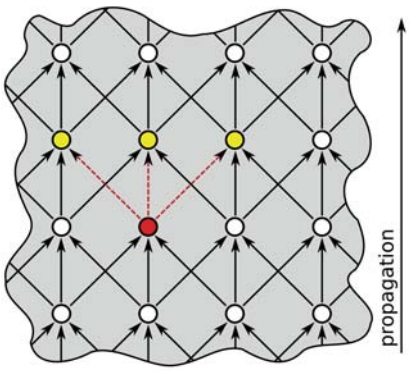


Abbildung 2: Teil eines Taktverteilungsgitters. Jeder Knoten wartet auf das *zweite* empfangene Taktsignal, bevor er das Taktsignal über seine ausgehenden Verbindungen weitergibt. Die gelben Knoten arbeiten folglich selbst dann korrekt, wenn der rote Knoten oder seine ausgehenden Verbindungen versagen.

Wir vertreten die Hypothese, dass die Anwendung verteilter Algorithmen es ermöglicht, ein hochqualitatives Taktsignal effizient und verlässlich in wesentlich größeren Systemen bereitzustellen, als dies mit einem einzelnen Taktbaum möglich wäre. Abbildung 2 veranschaulicht vereinfacht ein Prinzip zur Taktverteilung, was hierfür zur Anwendung kommen könnte. Im Gegensatz zu einem Taktbaum wird das Taktsignal dabei stets auf mehreren Wegen weitergegeben, was das „Umgehen" von fehlerhaften Knoten ermöglicht. Unsere Gruppe arbeitet an der Realisierung von diesem und ähnlichen Ansätzen, mit dem Ziel, größere und dennoch verlässlichere Computersysteme zu entwickeln. :::

KONTAKT

Christoph Lenzen
ABT. 1 Algorithmen und Komplexität
Telefon +49 681 9325-1008
Email clenzen@mpi-inf.mpg.de
Internet http://www.mpi-inf.mpg.de/departments/algorithms-complexity/research/theory-of-distributed-systems/

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.

$$x + 0 = x$$

$$x + (-x) = 0$$

$$\frac{x \cdot z}{y \cdot z} = \frac{x}{y}$$

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 Superpositionskalkül 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. Dabei interessiert uns insbesondere, wie sich die Fähigkeiten verschiedenartiger Beweisverfahren kombinieren lassen. Wir untersuchen einerseits, wie sich arithmetische Entscheidungsverfahren in Superposition integrieren lassen und andererseits, wie man Superpositionsbeweiser verwenden kann, um den Automatisierungsgrad interaktiver Beweiser zu verbessern. Außerdem beschäftigen wir uns mit der Frage, wie man Superposition für Business-Anwendungen, etwa zur Produktkonfiguration, einsetzen kann. :::

```
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,W),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**

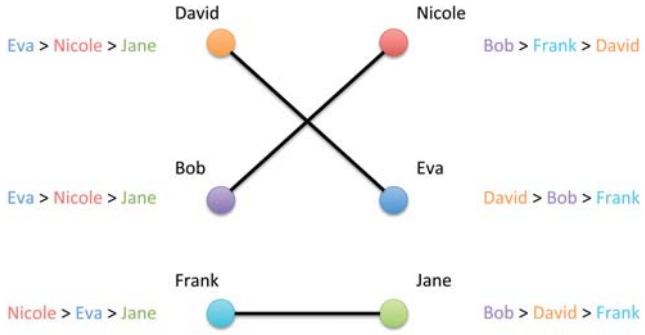
Telefon +49 681 9325-2905

Email uwe@mpi-inf.mpg.de

Dynamisches Matching mit Präferenzen

Matching, das Gruppieren von Elementen in überschneidungsfreie Paare, ist ein grundlegendes Problem in der Graphentheorie, der Kombinatorik und der Informatik. Viele zentrale Anwendungsbereiche für Matching ergeben sich, wenn sich Teilnehmer mit Präferenzen in Partnerschaften zusammenfinden oder Gruppen bilden. Sei zum Beispiel eine Menge von Jungen und Mädchen gegeben. Jeder Junge und jedes Mädchen hat eine Präferenzliste über die Personen des anderen Geschlechts. Wenn sie sich in Paaren zusammenfinden, welche Matchings sind als Ergebnis wünschenswert oder plausibel?

Eine natürliche Bedingung ist die *Stabilität*: Es gibt kein Paar von Teilnehmern, so dass beide den anderen lieber mögen als ihren momentanen Partner [Abbildung]. Für stabile Matchings gibt es zahlreiche Anwendungsmöglichkeiten bei der Analyse von dezentralen Arbeits- oder Immobilienmärkten, von Multi-Agenten Systemen, oder von zentralisierten Märkten wie dem NRMP Programm in den USA, wo angehende Ärzte an Krankenhäuser zugewiesen werden. Matching mit Präferenzen ist ein aktives Forschungsgebiet in der Informatik und der Ökonomie, dokumentiert u. a. durch die Nobelpreise für Ökonomie, die Alvin Roth und Lloyd Shapley vor einigen Jahren für ihre Arbeit in diesem Gebiet verliehen wurden.



Ein stabiles Matching mit drei Männern und drei Frauen

Dynamische Prozesse in Matching-Märkten

In dezentralen Märkten gibt es keine zentrale Instanz, die ein Matching diktiert. Stattdessen weichen die Teilnehmer wenn möglich zu bevorzugten Paaren ab. Es ist bekannt, dass solche *Matching-Dynamiken* einen „Pfad zur Stabilität" beschreiben – eine Sequenz von Matchings, die zu einem stabilen Matching konvergiert.

In großen Märkten müssen Teilnehmer oft erst mögliche Partner kennenlernen, um gemeinsame Projekte zu ermöglichen. Auf dem Arbeitsmarkt wird der Kontakt zu Firmen und Stellen beispielsweise oft nur über persönliche Kontakte hergestellt. Um diesen Aspekt einzubeziehen, haben wir lokal stabile Matchings betrachtet mit veränderlicher Sichtbarkeit in einem (sozialen) Netzwerk. Eine neue Paarung kann nur entstehen, wenn die Partner *sich momentan kennen* und abweichen möchten. Wir haben gezeigt, dass hier Instanzen ohne Pfad zur Stabilität entstehen können und Dynamiken nicht konvergieren. Interessanterweise kann Konvergenz wieder erreicht werden, wenn sich jeder Teilnehmer wiederholt an einen zufällig gewählten, vorherigen Partner erinnert. Die Stabilisierung des Marktes hängt also stark ab vom Gedächtnis als Mittel zur Überwindung der Lokalität.

Matching in dynamischen Märkten

In zentralisierten Matching-Märkten können ebenfalls Dynamiken entstehen. Betrachten wir zum Beispiel eine Firma, die zentrale Entscheidungen über Stellen und Angestellte fällen kann: Arbeitnehmer gehen in Rente, neue Stellen entstehen, Angestellte streben nach Beförderung oder Versetzung. Die Firma muss ein Matching von Angestellten und Jobs in dynamischer Umgebung *verwalten*. Eine natürliches Ziel ist dabei, unnötige Umschichtungen zu vermeiden und möglichst wenige Änderungen vorzunehmen. Es stellt sich heraus, dass stabile Matchings auf diese Weise nicht gut verwaltet werden können. Eventuell muss man viele Paarungen häufig ändern.

Ein anderes Stabilitätskriterium für Matchings ist die *Popularität*. Für ein gegebenes $\alpha \geq 1$ heißt ein Matching α-populärer als ein anderes Matching, wenn es α-mal so viele Teilnehmer gibt, die das erstere Matching dem letzteren gegenüber vorziehen. Ein Matching ist α-populär, wenn es kein α-populäreres Matching gibt. Popularität ist ein globales Kriterium, für jede Alternative bevorzugt eine Mehrheit der Teilnehmer den Status Quo. Der *Unpopulartitätsfaktor* α quantifiziert diese Idee. Für ein größeres α sind mehr Teilnehmer nötig, um ein Matching unpopulär zu machen. Daher vergrößert sich die Menge der α-populären Matchings.

Wir haben gezeigt, wie man α-populäre Matchings mit Dynamiken verwalten kann: Wir ersetzen ein Matching durch ein α-populäreres Matching so oft es geht. Für große Werte α nimmt diese Strategie sehr selten Änderungen vor, verwaltet aber unpopuläre Matchings. Unsere Analyse zeigt, wie ein kleineres α zu einer größeren Anzahl von Änderungen führt. Daneben konnten wir zeigen, dass die Strategie $O(d)$-populäre Matchings verwalten kann mit $O(d)$ Änderungen pro Iteration, wenn jeder Teilnehmer nur an d möglichen Partnern interessiert ist. :::

KONTAKT

Martin Hoefer
ABT. 1 **Algorithmen und Komplexität**
Telefon +49 681 9325-1055
Email mhoefer@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 $x_1, \ldots, x_{11}$ 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 Naturwissenschaften 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, digitale Historie, Multimodalität, semantische Suche und Textanalyse sowie natürlichsprachiger Zugang.

■ Zusätzlich zu Milliarden von Webseiten zählen Nachrichtenströme, Blogs, Tweets und soziale Netze mit mehreren hundert Millionen von Benutzern, Online-Communities über Fotos, Musik, Bücher, Gesundheit, Politik und wissenschaftliche Spezialthemen und nicht zuletzt Enzyklopädien wie Wikipedia zu den 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: Tabellen in Webseiten, 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.

■ Die Historie digitaler Information – beispielsweise frühere Versionen unserer Instituts-Webseite, die zum Teil vom Internet Archiv konserviert werden – ist eine potentielle Goldmine für tiefergehende Analysen entlang der Zeitdimension. Davon können Soziologen und Politologen profitieren, aber auch Medien- und Marktanalysten sowie Experten für geistiges Eigentum.

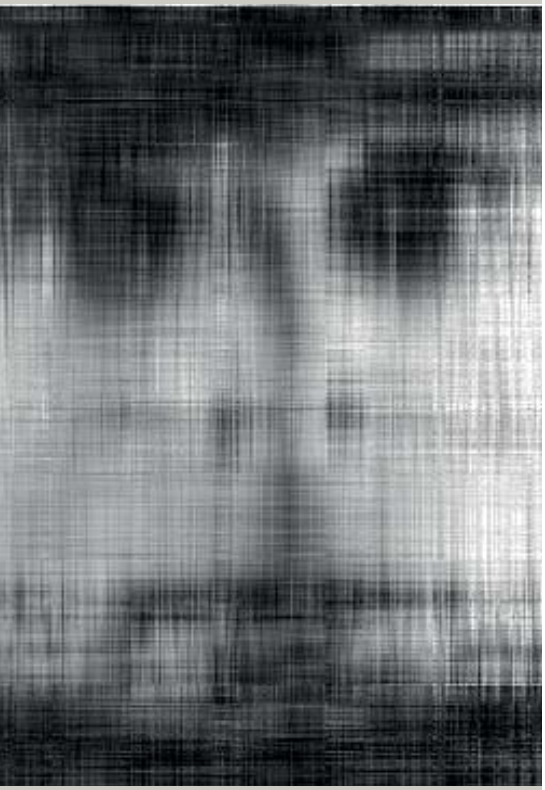
■ Zusätzlich zu textorientierten und strukturierten Daten erleben wir eine Explosion multimodaler Information: Milliarden von Menschen werden zu Datenproduzenten im Web, indem sie ihre Bilder, Videos und Tonaufzeichnungen mit dem Rest der Welt teilen. Ein Großteil solcher Daten ist in sozialen Medien zu finden, bei denen auch die Beziehungen und Interaktionen zwischen Nutzern von Bedeutung sind.

■ Anfragen im Internet oder in Unternehmen beziehen sich oft auf Entitäten und deren Attribute und Beziehungen: Personen, Unternehmen, Produkte, usw. Semantische Suche ist eine Technologie, mit der solche Anfragen gezielt auf Wissensbanken geleitet werden können, um so punktgenaue Antworten geben zu können. Zudem können Treffer in Texten mit strukturierten Daten verknüpft werden, und dies eröffnet ungeahnte Möglichkeiten für die semantische Textanalytik.

■ Durch den Vormarsch von Smartphones wird es zunehmend wichtiger werden, gesprochene Fragen, also vollständige Fragesätze und Dialoge, bearbeiten zu können. Hier sind computerlinguistische Analysen, statistisches Lernen und digitales Hintergrundwissen essentiell.

Am Max-Planck-Institut für Informatik wird dieses globale Thema unter verschiedenen Blickwinkeln untersucht. Die große Vision vom Quantensprung in der Wissenssuche wird in Arbeiten über automatische Wissensextraktion aus Internet-Quellen und über die semantische Anreicherung von Texten und natürlichsprachiger Suche verfolgt. Das Max-Planck-Institut für Informatik hat hier eine weltweite Vorreiterrolle. :::

BEITRÄGE



Detektion und Analyse von sequentiellen Mustern in großen Datenmengen 68

Skalierbare Analyse sehr großer Datenmengen 69

AIDA – wer zum Kuckuck ist Müller? 70

YAGO – eine digitale Wissensammlung 71

Effiziente Suche in RDF-Wissensbasen 72

Natürlichsprachliche Fragen logisch beantworten 73

DEANNA – Antworten auf natürlichsprachliche Fragen 74

Offene Informationsextraktion 75

FERRARI: Schnelles Finden von Verbindungen in Graphen 76

STICS – Suche und Analyse mit Wörtern, Dingen und Kategorien 77

Siren – interaktive Bestimmung alternativer Beschreibungen 78

KnowLife: Wissensextraktion aus medizinischen Texten 79

Detektion und Analyse von sequenziellen Mustern in großen Datenmengen

Das Finden häufiger Sequenzen von Elementen ist ein grundlegendes Problem der Mustererkennung. Es findet Anwendung in verschiedensten Bereichen. In der Spracherkennung, als eine konkrete Anwendung, hilft das Wissen über die Häufigkeit bestimmer Wortsequenzen (z.B. „get up at eight o'clock" und „get a potato clock"), die plausibelste unter den möglichen Interpretation der Spracheingabe auszuwählen. Eine weitere Anwendung ist die Analyse von Kundenverhalten. So kann etwa eine Online-Videothek erkennen, dass Kunden oft den Film Pulp Fiction zeitnah nach den beiden Filmen Kill Bill I und II ausleihen und in Zukunft Kunden eine entsprechende Empfehlung aussprechen.

Bestehende Verfahren zum Erkennen häufiger Sequenzen arbeiten meist nur auf einem einzelnen Rechner und stoßen daher bei heute gängigen Datenmengen schnell an ihre Grenzen. Im Rahmen unserer Forschung haben wir neuartige Verfahren zum Erkennen häufiger Sequenzen entwickelt, die auf MapReduce basieren und damit verteilt auf vielen Rechnern arbeiten können. MapReduce wurde von Google entwickelt und im Jahr 2004 der Öffentlichkeit vorgestellt. Es erlaubt die Verarbeitung sehr großer Datenmengen auf Clustern vieler herkömmlicher Rechner und kann zudem während der Verarbeitung auftretende Hard- und Softwarefehler kompensieren. Apache Hadoop, als eine quelloffene Implementierung von MapReduce, findet zwischenzeitlich breite Anwendung in Unternehmen und ist ein essentieller Baustein im Thema „Big Data".

Konkret betrachten wir drei Varianten des oben skizzierten Problems und haben für jede ein jeweils optimiertes Verfahren entwickelt. In der restriktivsten Variante suchen wir nur nach solchen Sequenzen, die ohne Lücken, d.h. „genau so", häufig in unseren Daten vorkommen. Die zweite Variante erlaubt Lücken bis zu einer bestimmten Länge (oder zeitlichen Abstand) und kann hierdurch zusätzliche interessante Sequenzen finden. Beispielsweise ist es vorstellbar, dass wir so die Wortsequenz „get up at _ o'clock" finden (mit _ als Platzhalter für eine Zahl), auch wenn diese für keine konkrete Uhrzeit häufig in unseren Daten vorkommt. Die letzte Variante erlaubt es zudem, Elemente anhand einer vordefinierten Hierarchie zu generalisieren. Bei der Anwendung auf natürlichsprachliche Dokumente können Wortvorkommen so zu ihrer Wortart (z. B. Artikel oder Adjektiv) verallgemeinert werden. So ließe sich etwa die Wortsequenz „get up <IN> eight o'clock" finden, mit <IN> als Platzhalter für eine beliebige Präposition (z.B. „at" oder „before").

Durch Experimente konnten wir zeigen, dass unsere Verfahren in der Lage sind, häufige Sequenzen der unterschiedlichen Varianten auf verschiedensten, realistischen, wirklich großen Datenmengen zu finden. In einer Sammlung von mehr als 50 Millionen Dokumenten können wir zum Beispiel so mit einem Cluster bestehend aus nur 11 herkömmlichen Rechnern, häufige Sequenzen von bis zu 50 Wörtern in weniger als einer Stunde finden, wohingegen bestehende Verfahren hierzu nicht in der Lage sind.

Die so gefundenen Sequenzen können mit zusätzlichen statistischen Informationen angereichert werden und mit Hilfe von speziellen Analyseumgebungen exploriert werden. So lässt sich beispielsweise die Häufigkeit einer Sequenz über die Zeit abbilden und sowohl Änderungen im Sprachgebrauch als auch in der Popularität bestimmter Entitäten analysieren („Wie häufig wurde Barack Obama in jedem der letzen 20 Jahre erwähnt?"). Ein weiteres Explorationsverfahren ermittelt schnell Sequenzen, die bestimmte Vorgaben erfüllen und erlaubt somit gezielte Exploration („Welche Filme wurde häufig zeitnah nach „Pulp Fuction" gesehen?"). Die Abbildung zeigt solch eine Exploration im Bereich der Textanalyse, welches mit unserer Software „SyntEx" erstellt wurde. Hier werden Muster der Form „<VERB> to <VERB> <NOUN>" geordnet nach ihrer Häufigkeit in einer Kollektion von New York Times-Artikeln angezeigt.

Sequenzexploration mit SyntEx

Alle unsere Verfahren stehen der Öffentlichkeit in Form quelloffener Softwarebibliotheken zur freien Verfügung. :::

KONTAKT

Kaustubh Beedkar
Universität Mannheim
Email kbeedkar@uni-mannheim.de

Klaus Berberich
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5005
Email kberberi@mpi-inf.mpg.de

Rainer Gemulla
Universität Mannheim
Email rgemulla@uni-mannheim.de

Skalierbare Analyse sehr großer Datenmengen

Die technischen Möglichkeiten der Datenerhebung und vor allem die Anzahl der verfügbaren Datenquellen sind in den letzten Jahren enorm angestiegen, sodass die Informationsverarbeitung heute vor neuen, nie dagewesenen Herausforderungen steht. Die Entwicklung des Web 2.0 und sozialer Netzwerke, die zunehmende Verbreitung von mobilen Endgeräten und Sensornetzwerken sowie Fortschritte in der Erhebung wissenschaftlicher Daten tragen maßgeblich zu dieser Entwicklung bei. Die entstehende Datenflut ist schwierig oder überhaupt nicht mit traditionellen Werkzeugen der Datenverarbeitung – wie zum Beispiel relationalen Datenbanksystemen – zu handhaben. Zum einen erfordert die Größe der Daten eine massiv-parallele Verarbeitung mit Hilfe von hunderten oder tausenden Computern, zum anderen sind neue Methoden der Datenanalyse zur Gewinnung nützlicher Informationen aus den Detaildaten notwendig.

Am Max-Planck-Institut für Informatik entwickeln wir effiziente, hochskalierbare Verfahren und Systeme zur statistischen Auswertung solch großer Datenmengen. Zum Beispiel stellen Internetfirmen wie Amazon, Google oder Netflix ihren Nutzern personalisierte Empfehlungen von Produkten, Webseiten, Nachrichten, Filmen oder Bildern zur Verfügung. Aus Sicht der Nutzer ermöglichen solch personalisierte Empfehlungen die gezielte Exploration der für sie interessanten Objekte; aus Sicht der Anbieter erhöhen sich dadurch Kundenzufriedenheit und Kundenbindung. Der US-amerikanische Online-Filmverleih Netflix erlaubt seinen mehr als 20 Millionen Nutzern beispielsweise die Bewertung der von ihnen gesehenen Filme mit einem 5-Sterne-System. Diese Bewertungen werden dann zur individuellen Empfehlung neuer, noch nicht gesehener Filme verwendet. Moderne Empfehlungssysteme arbeiten auf der Basis des sogenannten „kollaborativen Filterns“, d. h. das Verhalten von vielen Nutzern und Nutzergruppen wird ausgewertet, um Empfehlungen für jeden einzelnen Nutzer zu erstellen. Die Kernherausforderungen von Empfehlungssystemen sind hierbei (1) das Modellieren und

Abbildung 1: Eine unvollständige Matrix

Vorhersagen der Interessen jedes Nutzers und (2) das Generieren von interessanten Empfehlungen auf Basis dieser Vorhersagen.

Ein erfolgreiches Verfahren zur Vorhersage, das auch von Netflix in der Praxis eingesetzt wird, modelliert die vorhandenen Filmbewertungen in Form einer unvollständigen Matrix und versucht dann, die Matrix zu vervollständigen. Jede Zeile der Eingabematrix entspricht einem Nutzer, jede Spalte einem Film und jeder Eintrag einer Bewertung des entsprechenden Nutzers für den jeweiligen Film. Eine solche Eingabematrix ist in Abbildung 1 dargestellt; schwarze Punkte entsprechen hier unbekannten Bewertungen. Wir haben parallele Verfahren entwickelt, die unvollständige Matrizen mit Millionen von Nutzern und Filmen sowie Milliarden von Einträgen in wenigen Minuten vervollständigen können. Jeder Eintrag der Ausgabematrix entspricht dann einer vorhergesagten Bewertung. Abbildung 2 zeigt eine durch unsere Verfahren produzierte Ausgabematrix.

Eine Möglichkeit, Empfehlungen für jeden Nutzer zu erstellen, ist es, die Filme mit den höchsten vorhergesagten Bewertungen vorzuschlagen. Das ist al-

Abbildung 2: Vervollständigte Matrix

lerdings keine einfache Aufgabe, denn die vervollständigten Matrizen sind typischerweise zu groß, um sie komplett zu berechnen und zu verarbeiten. Wir haben Algorithmen entwickelt, welche diesen naiven Ansatz vermeiden und effizient gute Empfehlungen berechnen.

In der Praxis möchte man allerdings oft nicht einfach die Filme mit der höchsten vorhergesagten Bewertung empfehlen. Es ist zum Beispiel auch wichtig, dass Empfehlungen diversifiziert sind, d. h. dass jedem Nutzer möglichst unterschiedliche Filme vorgeschlagen werden (z. B. unterschiedliche Genres oder Regisseure). Die Verfügbarkeit von Lizenzen oder physischen Medien ist hier auch wichtig: Wenn ein Nutzer eine Empfehlung akzeptiert, soll diese auch schnell lieferbar sein. Die von uns entwickelten Verfahren erlauben eine effiziente, möglichst optimale Erstellung von personalisierten Empfehlungen unter solchen Rahmenbedingungen.

Neben personalisierten Empfehlungen arbeiten wir u. a. an Verfahren zur interaktiven Exploration großer Dokumentensammlungen, zur Analyse und automatischen Extraktion von Wissen aus natürlichsprachlichem Text sowie zur Mustererkennung in sequenziellen Daten. :::

KONTAKT

Rainer Gemulla
Universität Mannheim, Mannheim, Deutschland
Email rgemulla@uni-mannheim.de

Christina Teflioudi
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5029
Email chteflio@mpi-inf.mpg.de

AIDA – wer zum Kuckuck ist Müller?

Haben Sie schon einmal nach Ihrem eigenen Namen gegoogelt um herauszufinden, was das Web über Sie weiß? Diese Suche wird dadurch erschwert, dass Sie aller Wahrscheinlichkeit nach nicht die einzige Person mit Ihrem Namen sind. Webseiten mit Informationen über Sie sind zwischen vielen anderen versteckt – es sei denn, Sie sind wirklich berühmt! Dieses Szenario ist aber natürlich nicht das einzige, bei dem die Namensmehrdeutigkeit das Leben erschwert. Auch beim Lesen der Tageszeitung fällt auf, dass die meisten Namen mehrdeutig sind. Als Mensch gehen wir mit dieser Mehrdeutigkeit beinahe unmerklich um, die richtige Bedeutung erscheint uns offensichtlich. Nur in schwierigen Fällen – beispielsweise in dem Satz *„Müller ist Torschützenkönig."* – fällt es uns auf. Ohne weitere Kontextinformationen können wir nicht sagen, wer mit *„Müller"* gemeint ist: Gerd Müller, Bomber der Nation und Weltmeister von '74, oder Thomas Müller, Torschützenkönig der WM 2010?

Wenn nun Namen im Web – oder auch in jedem beliebigen Text – den eindeutigen Personen (oder Organisationen, Orten, Filmen, Musiktiteln, usw.) zugeordnet sind, ergeben sich daraus viele mögliche Anwendungen. Bisher konnten Suchmaschinen nur nach einer Buchstabenfolge suchen, jetzt kann dies der Nutzer wesentlich spezifischer tun. Sucht man beispielsweise nach der Firma Müller erscheinen keine Fußballergebnisse mehr. Auch für Forscher ergeben sich neue Möglichkeiten: Medienforscher können nun ganz einfach alle Artikel zu Gerd und Thomas Müller ausfindig machen, etwa um quantitative Vergleiche durchzuführen, ohne einen einzigen Artikel selbst gesehen zu haben.

Unsere AIDA-Methode löst die Mehrdeutigkeit von Namen auf, indem die Namen mit einer kanonischen Entitäten-Repräsentation einer Wissensbasis verknüpft werden. Solch eine Wissensbasis ist beispielsweise YAGO. Hier werden fast 10 Millionen solcher Entitäten gespeichert, darunter 1 Million Personen, aber auch Orte, Organisationen, Produkte und Ereignisse – ausführlichere Informationen zu diesem Thema finden Sie im Artikel *„YAGO – eine digitale Wissensammlung"* des vorliegenden Jahresberichts. Um einen gegebenen mehrdeutigen Namen korrekt aufzulösen, ermittelt AIDA aus verschiedenen Daten über die möglichen Entitäten Hinweise auf die vermutlich zutreffende Entität. Die richtige Kombination aller Hinweise identifiziert schließlich die korrekte Entität.

Die wichtigsten Bestandteile für eine korrekte Namensauflösung sind die Folgenden: Wahrscheinlich wird ein Name mit seiner prominentesten Bedeutung verwendet. Wenn *„Paris"* in einem Text steht, dann ist meist die französische Hauptstadt gemeint. Es muss starke Hinweise im Kontext geben, dass dies nicht der Fall ist. Im Beispielsatz *„Paris raubte Helena ihrem Mann, dem König von Sparta."* weisen die Wörter im Kontext von Paris darauf hin, dass es sich um eine Person der griechischen Mythologie handelt. Diese Art der kontextbezogenen Hinweise ist der zweite Bestandteil unseres Systems. Jede Entität in unserer Wissensbasis ist mit einer textuellen Beschreibung in Form von Schlüsselwörtern versehen, die mit der Umgebung des Namens im Text verglichen werden. Je besser die Schlüsselwörter einer Entität zum Kontext passen, desto größer ist die Indikation für diese. In einigen Fällen jedoch sind die Kontexthinweise nicht genug, insbesondere wenn der Kontext sehr kurz ist. Um diese Fälle korrekt zu

behandeln, löst unsere Methode alle Namen im Text zusammen auf und bevorzugt Entitäten, die gut zueinander passen. Im Beispielsatz *„Paris traf Helena"* sind Paris und Helena von Troja bessere Kandidaten als Paris Hilton und Helena Rubinstein.

Die Güte von AIDA wurde auf einer Sammlung von Nachrichtentexten getestet, AIDA erzielt bessere Ergebnisse als alle bisher bekannten Ansätze zur Disambiguierung von Namen. Das von AIDA bereitgestellte Wissen um die Entitäten eines Textes ermöglicht sowohl eine einfachere Suche in Texten als auch die Gewinnung von neuem Wissen aus diesen Texten, beispielsweise über Beziehungen zwischen Entitäten. :::

KONTAKT

Johannes Hoffart
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5004
Email jhoffart@mpi-inf.mpg.de

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

Mohamed Amir Yosef
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5009
Email mampi@mpi-inf.mpg.de
Internet http://www.mpi-inf.mpg.de/yago-naga/aida/

YAGO – eine digitale Wissensammlung

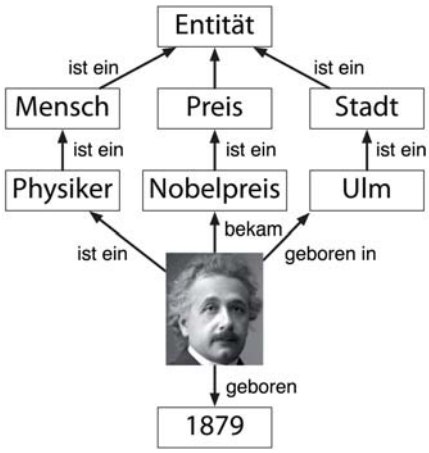
In den letzten Jahren hat sich das Internet zu einer bedeutenden Informationsquelle entwickelt. Zugfahrpläne, Nachrichten, ja sogar ganze Enzyklopädien sind inzwischen rund um die Uhr online verfügbar. Mithilfe von Suchmaschinen können wir diese Informationen abfragen, allerdings stößt man gelegentlich 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 Wissenssammlung 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, sodass 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.

Neue Erweiterungen der ursprünglichen Wissensbasis legen besonderes Augenmerk auf die Mehrsprachigkeit sowie 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 YAGO 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 YAGO 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 mit Hilfe der Kriterien Raum und Zeit wäre dann: Alle Wissenschaftler, die im 20. Jhd. gelebt haben und mit einem Nobelpreis ausgezeichnet wurden, sowie im weiteren Umkreis von Stuttgart geboren wurden. In YAGO 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 der Wissensbasis gespeichert sind. Die Mehrsprachigkeit von YAGO erlaubt es zudem, solche Suchen in vielen Sprachen auszuführen, beispielsweise nach „scientists" die einen „Nobel Prize" erhielten. :::



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
Email fabian@suchanek.name

Gerhard Weikum
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5100
Email weikum@mpi-inf.mpg.de
Internet http://www.mpi-inf.mpg.de/yago-naga/yago/

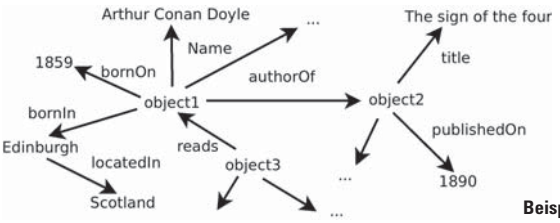
Effiziente Suche in RDF-Wissensbasen

Semantische Daten

Unser Fokus in dieser Arbeit liegt in der Verwaltung und Suche von semantischen Daten, also Daten die Informationen über Beziehungen zwischen Entitäten 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 Seiten hat Verknüpfungen zu seinen Freunden. Diese Beziehungen zwischen den Entitäten bilden eine Netz- oder Graphstruktur. Durch eine zugehörige formale Semantik werden die Datengraphen zu semantischen Netzen, d. h. zu Netzen, in denen automatisiert komplexe Schlussfolgerungen durch die Auswertung von ebenfalls semantischen Anfragen gezogen werden können. Ein Datenformat, das speziell für graphstrukturierte Daten entworfen wurde, ist das so genannte 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 einem Subjekt, Prädikat und Objekt. Im Graph entspricht dies der mit *<Prädikat>* beschrifteten Kante von einem Subjekt zu einem Objekt. Im Beispiel gibt es die Kante *<id1, geboren, 1859>*, die ausdrückt, dass das Subjekt *<id1>* mit dem Namen „Arthur Conan Doyle“ im Jahre 1859 geboren wurde.

Suche in RDF-Graphen

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 Auswertung von Suchanfragen 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:



Beispielgraph für RDF-Daten

?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. Die beiden von uns entwickelten Datenbanksysteme RDF-3X („*RDF Triples Express*“) und TriAD („*Triple Asynchronous Distributed*“) gehen 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 Hilfe von statistischen Modellen werden die verschiedenen Alternativen bewertet und dann die effizienteste Alternative ausgewählt.

Effizienz und Skalierbarkeit

Basierend auf diesen statistischen Ansätzen zum Indexieren von RDF-Daten und zum Optimieren von Suchanfragen haben wir vor Kurzem auch das TriAD System entwickelt, um diese Techniken auch für sehr große, verteilt gespeicherte RDF-Datensammlungen zu skalieren. Obwohl TriAD im Prinzip eine klassische Master-Client Architektur verfolgt, benutzen wir ein eigens entwickeltes Kommunikationsprotokoll, das auf dem Message Passing Interface (MPI) basiert und welches eine direkte, asynchrone Kommunikation der Rechenknoten untereinander erlaubt. RDF-Daten werden partitioniert und ähnlich zu RDF-3X in mehreren Permutationen in jedem Rechenknoten gespeichert. Ein neuer Ansatz von TriAD liegt jedoch darin, ein lokalitätsbasiertes Partitionierungsschema zu verwenden, bei welchem miteinander verknüpfte RDF-Daten auf dieselben Rechenknoten verteilt werden. Im Gegensatz zu einem zentralisierten System können wir in TriAD jedoch eine Suchanfrage auf den verschiedenen Partitionen, die über alle Rechenknoten verstreut liegen, parallel auswerten. In unseren aktuellen Experimenten, welche wir über einer Reihe von sowohl echten als auch synthetischen RDF-Datensätzen ausgewertet haben, konnten wir die sehr gute Effizienz und Skalierbarkeit von TriAD nachweisen. So konnten wir zum Beispiel für eine Instanz des synthetischen LUBM Benchmarks einen Performanzgewinn gegenüber einer zentralisierten Installation von RDF-3X von einem Faktor von mehr als 300 nachweisen (bei einer verteilten Installation von TriAD über 10 Rechenknoten hinweg). :::

KONTAKT

Sairam Gurajada
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5026
Email gurajada@mpi-inf.mpg.de

Natürlichsprachliche Fragen logisch beantworten

Moderne Suchmaschinen wie Google oder Bing können grundsätzlich keine natürlichsprachlichen Fragen beantworten und liefern stattdessen eine Liste von Dokumenten in denen der Benutzer Antworten auf seine Fragen finden könnte. Das Verstehen der natürlichen Sprache, sowohl der Frage als auch der Informationsquellen, stellt dabei das Hauptproblem dar, zu dem es bislang keine umfassende Lösung gibt. Viele linguistische Phänomene, wie die Mehrdeutigkeit von Wörtern und Phrasen (z. B. „Bank“: Geldinstitut oder Sitzgelegenheit?), erfordern viele Daten und komplexe Verfahren.

In unserer Forschung entwickeln wir neue Methoden zur Beantwortung von Fragen in *englischer Sprache* basierend auf der Datenbank *YAGO* (siehe *„YAGO – eine digitale Wissenssammlung“,* Seite 71) und gehen dabei in 2 Schritten vor:

1) Analyse der Bedeutung der Frage und
2) Suche nach einer Antwort in YAGO

Die Antwortsuche wurde bereits in unserer Gruppe erfolgreich erforscht, sodass der Fokus der aktuellen Forschung auf der Analyse der Bedeutung der Frage liegt. Hierzu kooperieren wir mit der Abteilung der Computerlinguistik der Universität des Saarlandes.

Analyse der Bedeutung einer Frage

Die Bedeutung einer Frage kann anhand der Bedeutungen ihrer Teilphrasen gebildet werden. Dabei werden aus einzelnen Wörtern Teilphrasen gebildet, aus denen wiederum größere Teilphrasen entstehen. Der Vorgang wird wiederholt bis nach einigen Schritten die gesamte Frage abgedeckt ist und eine korrekte Bedeutung der Frage hergeleitet werden konnte. In Abbildung 1 ist eine Beispielanalyse für die Frage *„Who saw the man with the telescope?“* dargestellt. Diese Frage ist allerdings mehrdeutig und kann auf 2 unterschiedliche Arten gedeutet werden:

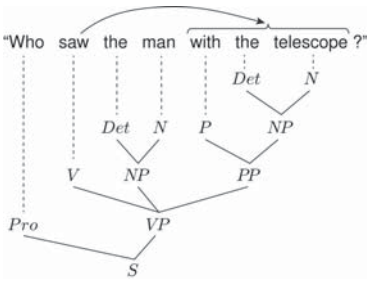


Abbildung 1

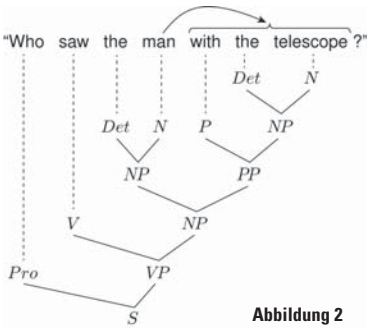


Abbildung 2

1) Frage nach einer Person, die mit Hilfe eines Teleskops einen Mann gesehen hat [Abbildung 1].

2) Frage nach einer Person, die einen Mann gesehen hat, der ein Teleskop mit sich trug [Abbildung 2].

Solche und andere Mehrdeutigkeiten treten in der englischen Sprache sehr häufig auf und erschweren das Sprachverstehen enorm.

Semantische Überprüfungen zur Auflösung von Mehrdeutigkeiten

Menschen können solche Mehrdeutigkeiten wie oben beschrieben aufgrund ihrer Lebenserfahrung und dem Kontextwissen (d. h. mit zusätzlichem Wissen über die momentane Situation) auflösen. Ein Computersystem hat jedoch keine Lebenserfahrung und benötigt zusätzlich zum Kontextwissen andere Formen von Wissen, z. B. generelles Wissen und Wissen über die englische Sprache, mit dem die wahre Bedeutung erkannt werden kann. Sollte z. B. dem Computersystem bekannt sein, dass nur der referenzierte Mann aus der obigen Frage ein Teleskop besitzt und sonst niemand (Kontextwissen), dann kann das Computersystem die erste Bedeutung verwerfen. Mit folgendem generellen Wissen und Wissen über die englische Sprache kann z. B. der Satz *„The chair saw the table.“* eindeutig analysiert werden.

Generelles Wissen (in Form einer *Ontologie*):

- Ein Stuhl ist ein Möbelstück.
- Ein Möbelstück ist kein Lebewesen.
- Ein Vorsitzender ist eine Person.
- Eine Person ist ein Lebewesen.

Wissen über die englische Sprache:

- „chair“ kann ein Möbelstück repräsentieren.
- „The chair“ kann einen Vorsitzenden (z. B. eines Vorstandes) repräsentieren.
- „saw“ kann ein Verb repräsentieren, dessen Subjekt ein Lebenwesen sein muss.

Durch die Kombination beider Wissensformen kann ein Computersystem erkennen, dass mit dem mehrdeutigen Ausdruck *„The chair“* ein Lebewesen gemeint ist und somit auf einen Vorsitzenden verwiesen wird und nicht auf ein Möbelstück. Kontextwissen ermöglicht dem Computersystem schließlich, die Referenz aufzulösen und zu erkennen, welche Person gemeint ist.

Solche semantischen Analysen realisieren wir mit Hilfe der *Prädikatenlogik* sowie entsprechender Verfahren aus dem Bereich des Automatischen Beweisens (siehe *„Automatisches Beweisen“*, Seite 62). Unser Fokus liegt dabei unter anderem auf frühzeitiger und effizienter Erkennung von semantischen Widersprüchen. :::

KONTAKT

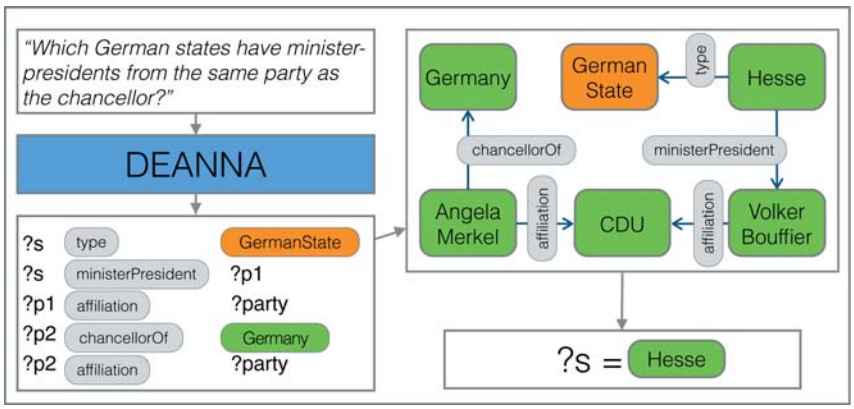
Eugen Denerz
FG. 1 **Automatisierung der Logik**
Telefon +49 681 9325-2914
Email edenerz@mpi-inf.mpg.de

DEANNA – Antworten auf natürlichsprachliche Fragen

Heutige Suchmaschinen liefern typischerweise Listen von Dokumenten als Ergebnis zurück, auch wenn viele Benutzeranfragen sich mit einem konkreten Fakt beantworten ließen. Erst in jüngerer Vergangenheit haben kommerzielle Suchmaschinen damit angefangen, konkretere Antworten auf solche Benutzeranfragen zu liefern. Sucht man beispielsweise nach *chancellor germany*, antworten kommerzielle Suchmaschinen häufig mit *Angela Merkel* und wichtigen Details zu ihrer Person. Diese Details stammen aus so genannten Wissensgraphen, die Fakten über Entitäten (z. B. Personen, Organisationen und Orte) sammeln und diese in Beziehung zueinander setzen. Dieses Faktenwissen wird in Form von Tripeln gespeichert, etwa (Angela Merkel, chancellorOf, Germany), um festzuhalten, dass Angela Merkel deutsche Bundeskanzlerin ist.

Bestehende Ansätze sind jedoch auf einfachste Fragen beschränkt und nutzen nicht das volle Potential von Wissensgraphen. Auch komplexe Informationsbedürfnisse, wie sie etwa bei Wissenschaftlern oder Journalisten vorkommen, lassen sich mit Hilfe von Wissensgraphen beantworten – etwa Antworten auf Fragen wie *„What was the party of Merkel's predecessor?"* oder *„Which German states have minister-presidents from the same party as the chancellor?"*. Jedoch lassen sich Informationsbedürfnisse dieser Komplexität nicht in wenigen Schlüsselwörtern ausdrücken, ohne dass Zusammenhänge verloren gehen.

Unser System DEANNA erlaubt es Benutzern, komplexe natürlichsprachliche Fragen zu stellen, welche dann mit Hilfe des in Wissensgraphen gespeicherten Faktenwissens beantwortet werden. Die Bedeutung der gegebenen natürlichsprachlichen Frage zu erfassen, ist hierbei nur eine der Herausforderungen. DEANNA bildet hierzu Abschnitte der gegebenen Frage auf Bestandteile der Wissensgraphen, wie Entitäten (z. B. *Angela Merkel*), Typen (z. B. *political party*) sowie Beziehungen (z. B. *chancellorOf*) ab und generiert aus diesen eine strukturierte Anfrage. Diese setzt sich zusammen aus Tripeln, deren Komponenten



Beantworten natürlichsprachlicher Fragen mit DEANNA

entweder Variablen oder Bestandteile der Wissengraphen sein können. So lässt sich unsere obige Frage zu Ministerpräsidenten aus Angela Merkels Partei mittels folgender Anfrage ausdrücken

?s type GermanState

?p1 presidentMinisterOf ?s

?p1 affiliation ?party

?p2 chancellorOf Germany

?p2 affiliation ?party

wobei Vorkommen der gleichen Variable, beispielsweise *?s*, Tripel miteinander verbinden.

Die Mehrdeutigkeit natürlicher Sprache erschwert das Erfassen der Bedeutung einer gegebenen Frage. *Merkel* etwa kann sich auf verschiedene Personen beziehen, beispielsweise die Kanzlerin oder den Fussballer Max Merkel. Ebenso kann *the chancellor* sowohl Jule Vernes gleichnamigen Roman aus dem Jahr 1875 bezeichnen, aber auch als Beziehung zwischen einer Person und einem Land interpretiert werden. Während solche Mehrdeutigkeiten für Menschen oft einfach aufzulösen sind, ist dies für Computer deutlich schwieriger.

Zum Auflösen von Mehrdeutigkeiten setzt DEANNA auf ein ganzzahliges lineares Programm (ILP: Integer Linear Program), bestehend aus einer Zielfunktion sowie einer Menge von einschränkenden Ungleichungen. Durch die Einschränkungen werden unsinnige Interpretationen der gegebenen natürlichsprachlichen Frage vermieden. Interpretiert man im Beispiel oben *the chancellor* etwa als Roman, gibt es keinerlei Verbindungen zum Rest der Frage, so dass dies fehlerhaft sein muss. Die Zielfunktion erfasst wie gut die Interpretationen der einzelnen Abschnitte der Frage zusammenpassen. Intuitiv ausgedrückt ermittelt das ganzzahlige lineare Programm so die plausibelste Gesamtinterpretation der Frage (erfasst durch die Zielfunktion), welche insgesamt Sinn macht (erfasst durch die Einschränkungen). :::

KONTAKT

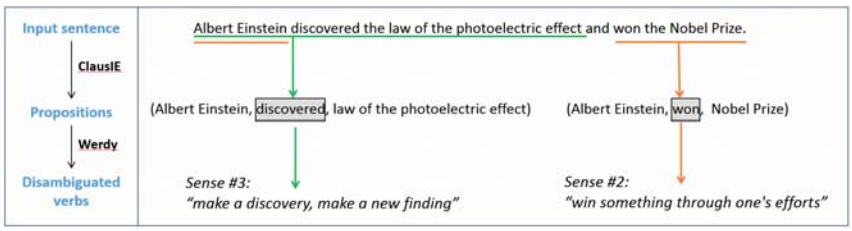
Mohamed Yahya
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5028
Email myahya@mpi-inf.mpg.de
Internet http://www.mpi-inf.mpg.de/departments/databases-and-information-systems/research/yago-naga/deanna/

Offene Informationsextraktion

Ein Großteil des durch Menschen generierten Wissens ist ausschließlich in textueller Form verfügbar, z. B. in Büchern, Nachrichtenartikeln und wissenschaftlichen Artikeln sowie auf Webseiten. Unsere natürliche Sprache ist für Menschen geschrieben: Sie kann verrauscht, mehrdeutig, subjektiv oder ohne Kontextinformationen schwer interpretierbar sein. Unsere Arbeit zielt darauf ab, das in Texten verborgene Wissen zu extrahieren und so in strukturierter Form zu repräsentieren, dass es automatisch durch Computer verarbeitet werden kann.

Das automatische Verstehen natürlicher Sprache ist ein sehr schwieriges Problem; es sind u. a. Techniken aus den Bereichen maschinelles Lernen, Logik, Linguistik und Datenverwaltung notwendig. Eine ideales – oder vielleicht idealisiertes – System ist ausreichend mächtig, um die Gesamtheit der Informationen aus einer Sammlung von Textdokumenten abzubilden, unabhängig vom jeweiligen Themengebiet (z. B. Biologie, Geschichte, Wirtschaft). Unsere Sprache, als primäre Repräsentation von Wissen, strukturiert Informationen schon auf systematische Art und Weise. Allerdings ist diese Strukturierung für Computer oft verborgen.

Wir haben ein System namens ClausIE entwickelt, das Sätze englischer Sprache in eine Form übersetzt, die einfacher durch Computer verarbeitet werden kann. ClausIE nutzt dafür die grammatische Struktur von Sätzen aus, insbesondere sind Aussagen oft in Teilsätzen *(engl. clauses)* ausgedrückt. Ein Teilsatz ist im Wesentlichen ein einfacher Satz, der sich aus grammatischen Einheiten zusammensetzt; einige notwendig (z. B. Subjekt und Verb), andere obligatorisch (z. B. Adverbiale). So enthält beispielsweise der englische Satz *„Albert Einstein discovered the law of the photoelectric effect and won the Nobel Prize“* zwei Teilsätze: *„Albert Einstein won the Nobel Prize“* und *„Albert Einstein discovered the law of the photoelectric effect.“* ClausIE erkennt solche Teilsätze und wandelt sie in sogenannte Propositionen um, die die



Übersicht über unsere Systeme zur offenen Informationsextraktion und Disambiguierung

Struktur des Teilsatzes offenlegen. In unserem Beispiel werden so die Propositionen *(Albert Einstein, discovered, law of the photoelectric effect)* sowie *(Albert Einstein, won, Nobel Prize)* generiert. Propositionen sind einfacher durch Computer zu verarbeiten, denn sie sind einfach, domänen-unabhängig und strukturiert.

Eine Proposition liefert allerdings kein umfassendes Bild der vorhandenen Informationen. In der Proposition *(Albert Einstein, won, Nobel Prize)* würden wir zum Beispiel gerne verstehen, dass *„Albert Einstein“* den deutschen Forscher, *„Nobel Prize“* den bekannten Preis, sowie *„won“* die Auszeichnung mit einem Preis meint. Das Problem des Erkennens und Auflösens von namentlich genannten Entitäten wurde in den letzten Jahren verstärkt untersucht. Weniger Augenmerk wurde allerdings auf Verben und Verbalphrasen gelegt, die das wesentliche Verbindungsglied der Teile einer Proposition darstellen. Unser Werdy-System verringert diese Lücke, indem auch Verben disambiguiert werden. So hat zum Beispiel das Verb *„win“* fünf verschiedene Bedeutungen in dem elektronischen Wörterbuch WordNet; andere häufige Verben wie z.B. *„take“* können über 40 Bedeutungen haben. Um unter diesen die korrekte Bedeutung zu finden, nutzt Werdy es aus, dass jede Bedeutung sowohl die möglichen Arten von Teilsätzen als auch die möglichen Argumente einschränkt. Die Bedeutung von *„win“*, die sich auf die Auszeichnung mit einem Preis bezieht, erfordert beispielsweise ein Subjekt und ein Objekt, das als Preis angesehen werden kann (wie z. B. der Nobelpreis). Indem Werdy diese Beobachtung systematisch ausnutzt, kann es die Präzision gegenüber vorhandenen Systemen deutlich erhöhen.

Die Abbildung illustriert unsere Methoden am obigen Beispiel. ClausIE und Werdy sind grundlegende Werkzeuge für das automatische Verstehen von Texten. In unserer weiteren Arbeit planen wir, große Mengen von Propositionen zu integrieren und darüber in einer fundierten, automatischen Weise zu schließen. :::

KONTAKT

Luciano Del Corro
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5029
Email delcorro@mpi-inf.mpg.de

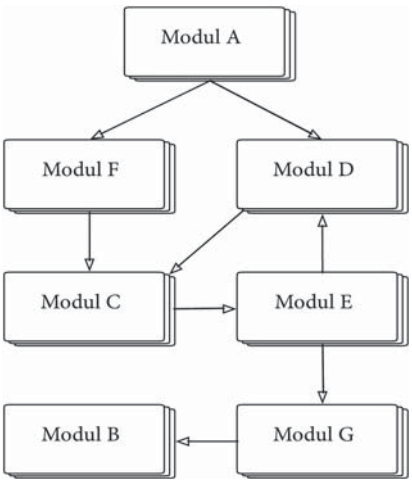
Rainer Gemulla
Universität Mannheim
Email rgemulla@uni-mannheim.de

FERRARI: Schnelles Finden von Verbindungen in Graphen

Die Modellierung von Entitäten und ihren direkten sowie indirekten Interaktionen erfolgt häufig in der Form so genannter *Graphen*. Beispiele hierfür sind die Beziehungen zwischen Personen in sozialen Netzwerken, Interaktionen zwischen Proteinen in der Bioinformatik, sowie die Modellierung von funktionalen Abhängigkeiten in technischen Systemen. Ein Beispiel für einen solchen Aufrufgraph ist in nebenstehender Abbildung dargestellt. In diesem Diagramm sind die funktionalen Abhängigkeiten in der Form von Pfeilen zwischen den verschiedenen Softwaremodulen (den Entitäten) dargestellt. Besonders im Laufe des letzten Jahrzehnts haben sich sowohl die Anzahl der Anwendungsbereiche, in denen Interaktionen in der Form von Graphen modelliert werden, als auch die jeweilige Anzahl der modellierten Entitäten und Interaktionen vervielfacht.

Finden von Verbindungen

Die effiziente Verarbeitung von Graphen mit einer sehr großen Anzahl von Entitäten und Interaktionen ist eine große Herausforderung. Selbst einfache Analysen von Graphen, die aus mehreren Millionen Entitäten und Interaktionen bestehen, sind sehr rechenaufwendig. In vielen Anwendungsfällen ist jedoch die schnelle Anfrageverarbeitung von größter Wichtigkeit. Betrachten wir erneut das Beispiel des Aufrufgraphen in einem Softwareprojekt. In diesem Anwendungsfall ist es für die schnelle Programmübersetzung sowie für Funktionstests sehr wichtig, Anfragen der Art *„Gibt es eine funktionale Abhängigkeit zwischen Softwaremodul A und Softwaremodul B?“* schnell zu beantworten. Diese Art der Anfrage wird in der Graphverarbeitung als *Erreichbarkeitstest* bezeichnet. Zur Beantwortung dieser Anfrageklasse ist es notwendig, den Graph auf die Existenz einer direkten oder indirekten Verbindung zwischen den vorgegebenen Entitäten zu untersuchen. Im Beispielgraph der Abbildung entspricht dies der Überprüfung des dargestellten Graphen auf die Existenz einer Abfolge von Pfeilen, die eine Verbindung von Softwaremodul A zu Softwaremodul B herstellen. Für sehr große Graphen



Funktionale Abhängigkeiten zwischen Softwaremodulen

sind die bisher bekannten, grundlegenden Verfahrensweisen aus der Graphentheorie ungeeignet, da zu ihrer Ausführung eine Vielzahl von Rechenschritten notwendig ist. Dies stellt vor allem für den typischen Anwendungsfall – die schnelle Beantwortung einer Vielzahl von aufeinander abfolgenden Erreichbarkeitstests – eine große Herausforderung dar.

Die FERRARI-Indexstruktur

Das in unserer Arbeitsgruppe entwickelte FERRARI-System, eine hocheffiziente *Indexstruktur* für Erreichbarkeitstests, erlaubt die schnelle Verarbeitung und Beantwortung dieser Art von Anfra-gen. Die Kernidee unseres Verfahrens liegt in der Vorberechnung eines bestimmten Anteils der Erreichbarkeitsinformationen im Eingabegraphen. In einem so genannten Erreichbarkeitsindex erfolgt die effiziente Repräsentation dieser Information in einer Datenstruktur. Der Aufbau dieser Datenstruktur erfolgt einmalig. Die enthaltene Information kann anschließend anfrageübergreifend verwendet werden, um die Beantwortungszeit von Erreichbarkeitstests stark zu verringern.

Hierfür berechnet das FERRARI-System Informationen über die indirekten Verbindungen im Eingabegraph. Anschließende Anfragen bezüglich der Erreichbarkeit zwischen den benutzerspezifizierten Eingabeentitäten kombinieren diese vorberechnete Information mit Standardalgorithmen aus der Graphentheorie zur schnellen Beantwortung. Diese Algorithmen können mit Hilfe des FERRARI-Systems viel schneller ausgeführt werden, da die aufgebaute Indexstruktur bereits essentielle Teile der Erreichbarkeitsinformation enthält, der entsprechende Anteil der Berechnung also übersprungen werden kann.

Erreichbarkeitsberechnungen spielen auch eine wichtige Rolle als funktionaler Baustein in einer Vielzahl von weiteren Graphanalysen. Schnelle Erreichbarkeitstest finden in diesen Fällen Anwendung, um die Ausführung von komplizierteren Analyseverfahren zu beschleunigen. In der praktischen Anwendung wurde durch das FERRARI-System ein sehr hoher Durchsatz auf einer Vielzahl von realistischen Graphen mit Millionen von Entitäten und Interaktionen nachgewiesen. Im Durchschnitt benötigt das vorgestellte System nur wenige Mikrosekunden zur individuellen Anfragebearbeitung. Die dafür aufgebaute Indexstruktur stellt dabei nur geringe Anforderungen bezüglich. der benötigten Zeit zur Vorberechnung und des Speicherbedarfs der resultierenden Datenstruktur. Dem Benutzer wird weiterhin die Möglichkeit gegeben, den Speicherbedarf der Indexstruktur von vornherein zu beschränken. Dies erlaubt eine hohe Flexibilität und den Einsatz von FERRARI in unterschiedlichen Problemszenarien. Das FERRARI-System wurde als quelloffene Software zur weiteren Verwendung in Forschung und kommerziellen Anwendungen zur Verfügung gestellt. :::

KONTAKT

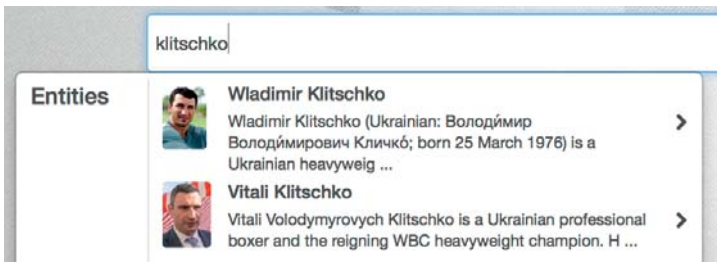
Stephan Seufert
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5017
Email sseufert@mpi-inf.mpg.de

STICS – Suche und Analyse mit Wörtern, Dingen und Kategorien

„Things, not Strings“ ist Googles Motto seit der Vorstellung des Knowledge Graphs und der Einführung von Entitäten in Googles Suchmaschine. Seitdem zeigt Google bei der Eingabe von beispielsweise „Klitschko“ als Suchbegriff nicht mehr nur Webseiten und Nachrichten an, sondern auch explizit Entitäten wie Wladimir Klitschko und seinen Bruder Vitali (mit strukturierten Fakten wie Geburtsdatum, Beruf sowie Beziehungen zu anderen Entitäten, alle aus dem Knowledge Graph). Darüber hinaus wird bei den Vervollständigungsvorschlägen beim Tippen zusätzlich angezeigt, dass einer der beiden aktiver Boxer ist, der andere Politiker.

Googles Ansatz hat jedoch noch Einschränkungen. Erstens scheint es, als würden nur prominente Entitäten angezeigt und vorgeschlagen werden. Im Gegensatz zum Klitschko-Beispiel wird bei der Suche nach der ukrainischen Popsängerin „Iryna Bilyk“ keine Entität vorgeschlagen (weder bei der Vervollständigung noch in den Suchergebnissen). Zweitens scheint Google nur einzelne Entitäten zu kennen, aber keine Gruppen, die mit einer Kategorie bezeichnet werden. Beispielsweise haben Suchen nach „Ukrainische Prominente“ oder „Osteuropäische Politiker“ nur die üblichen zehn blauen Links zum Ergebnis: Webseiten, welche die gesuchte Phrase beinhalten. Die Suchmaschine versteht die Absicht der Nutzer nach einer Auflistung von Personen in dieser Kategorie und Webseiten über diese nicht.

STICS, kurz für „Search with Strings, Things, and Cats“, zu Deutsch „Suche mit Wörtern, Dingen und Kategorien“, ist eine neue Suchmaschine, welche die Verwendbarkeit von Entitäten bei der Web- und Nachrichtensuche erweitert, da sie sowohl die Suche nach unbekannteren Entitäten erlaubt, als auch kategorieähnliche Phrasen versteht. STICS unterstützt die Nutzer hierbei nahtlos und bequem. Wenn die Suche beispielsweise „Merkel Ukrainische Opposition“ lautet, wird die oder der Suchende mit Hilfe einer automatischen Vervollständigung zur Entität ‚Angela_Merkel‘ und der Kategorie ‚Ukrainische_



Oppositionelle‘ geführt. Letztere wird automatisch zu ‚Vitali_Klitschko‘, ‚Arseniy_Yatsenyuk‘, etc. erweitert. Die Suchergebnisse enthalten auch Seiten, die darüber berichten, dass „die deutsche Kanzlerin den ukrainischen Oppositionsführer und früheren Schwergewichtschampion traf“, obwohl diese Texte weder „Angela Merkel“ noch „Vitali Klitschko“ enthalten. STICS ermöglicht dies mit Hilfe des Namenserkennungs- und Verknüpfungssystems AIDA, das mehrdeutige Wörter mit Entitäten in YAGO verbindet, welches wiederum die Kategorien der Entitäten enthält. Die genaue Funktionsweise von AIDA ist in *„AIDA – Wer zum Kuckuck ist Müller?“, Seite 62* beschrieben.

Die gleiche Technologie kann auch die Analyse von großen Archiven verbessern. Ein Beispiel ist die Visualisierung von Trends in der Ukraine-Krise, die am Maidan ihren Anfang nahm, dem Platz in Kiew auf dem Tausende Ukrainer Anfang 2014 protestierten. Bei einer Suche nach „Maidan“ wird schnell offensichtlich, dass der Name sehr mehrdeutig ist, da er nicht nur auf Ukrainisch, sondern auch auf Arabisch und Hindi „Platz“ bedeutet. Zählt man nun einfach die Artikel, in denen „Maidan“ vorkommt, zählt man eine große Menge irrelevanter Ergebnisse mit, was die Analyse verwässert. Spezifiziert man stattdessen die Entität ‚Maidan_Nezalezhnosti‘, werden nicht nur die falschen Ergebnisse ignoriert, sondern auch Artikel gefunden, die den Maidan nur unter dem deutschen Namen „Unabhängigkeitsplatz“ aufführen. Somit ist die mit STICS mögliche entitätsbasierte Analyse die einzige Möglichkeit, akkurate Zahlen zu erhalten.

Die strukturierte Wissensbasis, mit der alle Texte verknüpft sind, eröffnet weitere Möglichkeiten. In allen Wissensbasen sind Entitäten in einer Kategorienhierarchie geordnet, beispielsweise ist ‚Greenpeace‘ eine ‚Umweltorganisation‘, die wiederum einer Unterkategorie einer generellen ‚Organisation‘ ist. Diese Kategorienhierarchie erlaubt die Analyse ganzer Entitätsgruppen, beispielsweise kann man ‚Umweltorganisationen‘ und ‚Energiekonzerne‘ in Nachrichten verschiedener Kontinente vergleichen, und ein Bild davon erhalten, wie sich deren Medienpräsenz über die Zeit ändert. :::

KONTAKT

Johannes Hoffart
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5004
Email jhoffart@mpi-inf.mpg.de

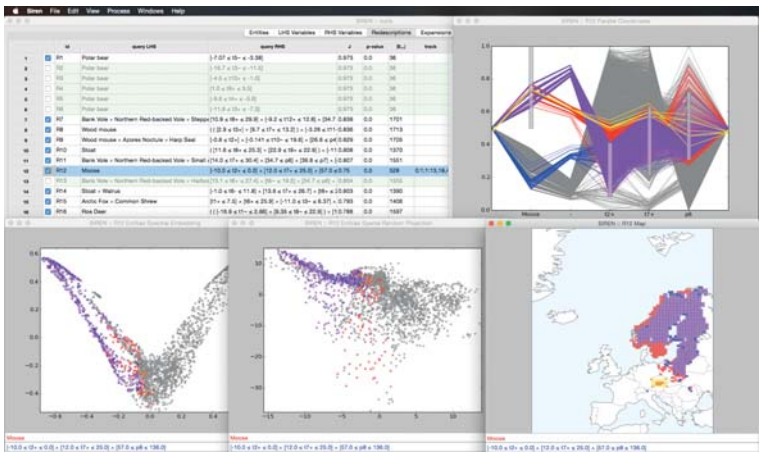
Dragan Milchevski
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5013
Email dmilchev@mpi-inf.mpg.de

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/stics/

Siren – interaktive Bestimmung alternativer Beschreibungen

Die Suche nach unterschiedlichen Möglichkeiten, Dinge zu beschreiben, steht am Anfang vieler wissenschaftlicher Fragestellungen. Für einen Biologen kann zum Beispiel die Beschreibung unterschiedlicher Lebensräume zum einen anhand der vorkommenden Tierarten und zum anderen anhand des jeweiligen Klimas von Interesse sein. Für einen Sozialwissenschaftler mag die Beschreibung von Wählern mittels ihres sozioökonomischen Status sowie ihres Wahlverhaltens aufschlussreich sein. Klassischerweise werden solche Fragen durch das explizite Testen von Hypothesen beantwortet: Ein Forscher stellt dafür zunächst eine These auf, wie etwa „folgende Arten leben unter folgenden klimatischen Bedingungen“ oder „Leute mit diesem sozioökonomischen Status, wählen jene Partei“ und sammelt anschließend Daten. Schließlich testet er, ob die aufgestellte These durch die erhobenen Daten bestätigt wird.

Durch das Aufkommen datenbasierter Wissenschaften sind wir heute in der Lage, diesen klassischen Ansatz derart zu erweitern, dass eine Hypothese aus vorhandenen Daten generiert und ihre Richtigkeit gleichzeitig getestet werden kann. In der Vergangenheit sind Methoden der Klassifikation, beziehungsweise allgemeiner, des überwachten Lernens, dazu benutzt worden, eine Beschreibung zu finden, wenn eine andere bereits gegeben ist. Das Ziel der *Alternativbeschreibungsbestimmung* ist es, Gruppen von Dingen zu finden, die auf unterschiedliche Weise beschrieben werden können. In dem Beispiel aus der Biologie wäre das Ziel also, jene Tierarten zusammen zu gruppieren, die gleichzeitig in Regionen vorkommen, die ebenso durch ein einheitliches Klima charakterisiert sind. Das Habitat des Elchs (*Alces alces*) in Europa kann zum Beispiel anhand des folgenden Klimas beschrieben werden: Maximale Temperatur im Februar zwischen –10° und 0° C, maximale Temperatur im Juli zwischen 12° und 25° C, Niederschlag im August zwischen 57 und 136 mm.



Allein mit dem Auffinden von Alternativbeschreibungen ist es allerdings nicht getan. Bereits ein kleiner Datensatz kann hunderte alternativer Beschreibungen enthalten, so dass das Verstehen und Überprüfen eine große Herausforderung darstellt. Darüber hinaus sind die Nutzer von Algorithmen zur Alternativbeschreibungsbestimmung üblicherweise Experten und ihr Wissen über spezielle Eigenschaften der Daten sollte daher in den Evaluationsprozess eingebunden werden. Unsere Software *Siren* unterstützt Experten durch eine Benutzeroberfläche mit der die Alternativbeschreibungen extrahiert, editiert und visualisiert werden können. Insbesondere die interaktiven Visualisierungen unterstützen den Nutzer bestmöglich, da mit ihnen die Daten gleichzeitig aus mehreren Blickwinkeln betrachtet werden können.

Die Abbildung zeigt die Benutzeroberfläche von Siren. Ein Benutzer hat hier die oben erwähnte Alternativbeschreibung ausgewählt, die das Habitat des Elchs in Europa beschreibt. Die Karte unten rechts zeigt, dass es eine Region im Norden Österreichs gibt, in der der Elch vorkommt, aber die Wetterbedingungen anders sind als erwartet (rote Markierung). Diese Region wurde vom Benutzer ausgewählt, dargestellt durch ein gelbes Polygon. Die entsprechenden Datenpunkte in den anderen Darstellungen werden von Siren ebenfalls in Gelb hervorgehoben. Auf den beiden 2D-Projektionen links neben der Karte ist zu erkennen, dass sich die markierten Datenpunkte nicht wesentlich von den anderen farblich hervorgehobenen Punkten unterscheiden. Mittels der Parallelkoordinaten-Grafik über der Karte jedoch lässt sich der Unterschied sehen: Die Regionen im ausgewählten Bereich (gelbe Linien in der Grafik) haben eine deutlich höhere Maximaltemperatur im Februar als gemäß der Alternativbeschreibung zu erwarten wäre (zweite graue Box von links). Über die nächsten Schritte kann der Benutzer nun gemäß seines Expertenwissens entscheiden: Er kann die Region als Anomalie betrachten und verwerfen oder die Alternativbeschreibung so erweitern, dass die Region mit eingeschlossen ist oder sogar die gesamte Alternativbeschreibung verwerfen.

Zur Zeit arbeiten wir mit Biologen aus Finnland, Deutschland und den USA zusammen, um die Alternativbeschreibungsbestimmung und Siren in ihre Datenanalyse-Abläufe einzubinden. Außerdem erkunden wir weitere Anwendungsbereiche und prüfen, inwiefern sich diese Technologie vermarkten lässt. :::

KONTAKT

Pauli Miettinen
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5012
Email pauli.miettinen@mpi-inf.mpg.de
Internet http://siren.mpi-inf.mpg.de

KnowLife: Wissensextraktion aus medizinischen Texten

Das Internet bietet eine Fülle von Möglichkeiten zur Suche und Recherche medizinischen Wissens. Allerdings sind medizinische Informationen im World Wide Web oft über mehrere Webseiten verteilt, so dass das Finden und Aufbereiten sehr mühsam und aufwendig ist. Versetzen Sie sich in die Rolle eines Patienten, bei dem kürzlich Diabetes diagnostiziert wurde. Eine typische Verhaltensweise des Patienten wäre, im Internet zu recherchieren, um mehr über Diabetes zu erfahren. Dazu muss er Informationen aus mehreren Quellen zusammenführen und entscheiden, welchen Informationen er vertrauen kann, was speziell in Online-Diskussionsforen ein Problem darstellt. Schlussendlich ist das Ziel des Patienten einen Gesamtüberblick über komplexe medizinische Sachverhalte zu erlangen – ungeachtet doppelter und gegebenfalls falscher Informationen.

Mit KnowLife präsentieren wir eine ganzheitliche Lösung für dieses Problem. KnowLife ist eine Wissensbasis mit über 500.000 medizinischen Fakten, die automatisch aus Texten extrahiert wurden. Ein Fakt besteht aus einem Tripel aus zwei medizinischen Entitäten und einer Relation zwischen diesen Entitäten, wie zum Beispiel *Diabetes-hatSymptom-Erschöpfung*. Alle Fakten zusammengenommen bilden einen Graphen, wobei Knoten in diesem Graphen medizinische Konzepte darstellen und die Kanten Relationen zwischen diesen Konzepten abbilden. Das Alleinstellungsmerkmal von KnowLife besteht darin, dass es ein breites Spektrum an medizinischem Wissen abdeckt. Im Gegensatz dazu extrahierten bisherige Arbeiten oft nur Fakten für Spezialbereiche innerhalb der Medizin, wie zum Beispiel Protein-Protein-Interaktionen oder Gen-Medikament-Beziehungen. Des Weiteren werden nicht nur wissenschaftliche Publikationen erschlossen, sondern auch Artikel aus Gesundheitsportalen und Online-Diskussionsforen mit einbezogen. Dadurch entsteht eine ganzheitliche Wissensbasis, die sich in ihrem Umfang nicht auf eine medizinische Fachrichtung oder bestimmte Informationsquellen einschränkt. KnowLife speichert Beziehungen zwischen Genen, Organen, Krankheiten, Symptomen, Behandlungen, Nebenwirkungen, aber auch Umwelt- und Lebensstilrisikofaktoren. Um eine bessere Interpretation der Fakten zu gewährleisten, werden viele der Fakten mit Kontextinformationen angereichert, wie zum Beispiel *Diabetes-hatSymptom-Erschöpfung während desErstenAuftretens*.

Zur Extraktion der Fakten setzen wir ein System ein, das medizinische Texte mittels statistischer Verfahren zur Erkennung relevanter Textpassagen verarbeitet, aber auch semantische Informationen in Betracht zieht. Die ermittelten Textpassagen deuten zu hoher Wahrscheinlichkeit auf einen Fakt hin. Die Passage *ist Anzeichen von* deutet zum Beispiel auf einen Fakt der Relation *hatSymptom* hin. Zur Bestimmung der Fakten, die schließlich in unsere Wissensbasis übernommen werden, überprüft unser System verschiedene Bedingungen, die auf der Semantik der Fakten und Relationen basieren. So prüft eine Bedingung, ob die Typsignatur einer Relation zu den Entitäten eines Faktes passt. Beispielsweise kann nur ein Medikament eine Nebenwirkung besitzen und die Nebenwirkung muss aus einer Menge von Symptomen stammen. Eine andere Art Regel bestimmt, ob ein Fakt andere Fakten ausschließt. So kann ein Medikament nicht eine Krankheit behandeln und die gleiche Krankheit gleichzeitig auch als Nebenwirkung verursachen. Durch diese Vorgehensweise erreichen die gesammelten Fakten in KnowLife eine hohe Genauigkeit von 93 %.

Unser Web-Portal http://knowlife.mpi-inf.mpg.de demonstriert die Einsatzfähigkeit von KnowLife und unterstützt eine Reihe von Anwendungsfällen: Für jedes Konzept in unserer Wissensbasis wird eine Infobox generiert, die alle wichtigen Informationen bündelt. Außerdem kann auf eine Webseite verwiesen werden, aus der das Portal automatisch Entitäten sowie Fakten extrahiert, die dann mit unserer Wissensbasis verbunden werden. Dadurch wird es Benutzern ermöglicht, sich schnell einen Gesamtüberblick über medizinische Konzepte und deren Beziehungen zu verschaffen, was auch das Rechercheproblem unseres Diabetes-Patienten vereinfacht. Um Experten eine bessere Bewertung medizinischen Wissens durch Autorität und Aktualität von Textquellen zu ermöglichen, werden Informationen über die Herkunft und Verlässlichkeit von Fakten bereit gestellt. Zum Beispiel wird auf klinische Studien oder wissenschaftliche Publikationen verwiesen. Das Portal bietet auch die Möglichkeit unsere Wissensbasis explorativ zu durchsuchen, indem automatisch relevante Beziehungen zwischen medizinischen Konzepten gefunden werden. Das erlaubt dem Benutzer unter anderem Arzneimittelwechselwirkungen zu bestimmen, indem er unserem Portal die von ihm eingenommenen Medikamente mitteilt. :::

KONTAKT

Patrick Ernst
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5006
Email pernst@mpi-inf.mpg.de

Amy Siu
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5026
Email siu@mpi-inf.mpg.de

Gerhard Weikum
ABT. 5 Datenbanken und Informationssysteme
Telefon +49 681 9325-5000
Email weikum@mpi-inf.mpg.de
Internet http://knowlife.mpi-inf.mpg.de

MULTIMODALE INFORMATION & VISUALISIERUNG

Bilder sind der schnellste Zugang zum menschlichen Bewusstsein. Algorithmen zur geeigneten Visualisierung digitaler Informationen auf unterschiedlichen Displays spielen daher in der Informatik eine herausragende Rolle. 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. Grafische Inhalte sind zudem nur ein Teil der Vielzahl von Informationen, die heutzutage von Computer- und Robotersystemen erfasst und erzeugt werden. Die Verarbeitung von grafischen Inhalten erfolgt daher zunehmend in Verbindung mit anderen Datenmodalitäten, die von Sensoren gemessen oder auf verschiedene neue Arten dargestellt werden müssen. Dieser multimodale Ansatz wird ganz neue Wege der Mensch-Maschine Interaktion ermöglichen.

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, zum Beispiel in der Computeranimation, der virtuellen Realität sowie in den Bereichen 3D-TV und 3D-Video.

Methoden zur effizienten Erzeugung, Modifikation und Simulation deformierbarer 3D Modelle sind die Grundlage vieler Visualisierungs- und Interaktionsverfahren. Die Algorithmen hierfür werden ebenso in unserer Arbeit erforscht. Biomechanische Simulations- und Bewegungserfassungsverfahren sind auch die Voraussetzung für die Entwicklung neuer, effizienter und ergonomisch optimierter Methoden der Mensch-Maschine-Interaktion, die an unserem Institut entwickelt werden.

Neuartige 2D- und 3D- Druckverfahren ermöglichen es zudem, sehr schnell reale 3D Modelle virtueller Objekte zu erzeugen, oder neue flexible Sensoren und Displays zu drucken. Die algorithmischen Grundlagen für diese Brücke zur Realität werden in unseren Arbeiten erforscht.

Um die Modelle virtueller Welten naturgetreu auf Geräten unterschiedlicher Leistung und auf einer Vielzahl neuer Displays (von klassischen Bildschirmen bis hin zu neuartigen Head-Mounted Displays) 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.

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. :::

BEITRÄGE

Modelle und Techniken zur Verbesserung von Stereo- und HDR-Bildern 82

Rendering in Echtzeit 83

Merkmalsbasierte Visualisierung 84

In Richtung eines visuellen Turing-Tests: Von der Perzeption über die Repräsentation zu Deduktion 85

Physikbasierte Geometrieverarbeitung und Animation 86

Augenbasierte Mensch-Maschine Interaktion 87

Optimierung von Nutzerschnittstellen mittels biomechanischer Simulation 88

Digitale Fabrikation von deformierbaren Bildschirmen und berührungsempfindlichen Sensoren 89

Perzeptuelle Herstellung 90

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

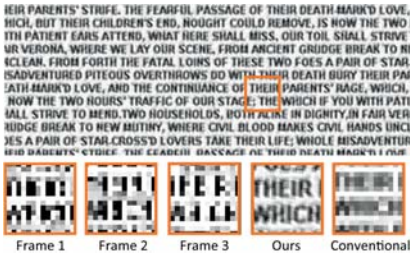
Für die Visualisierung steht immer der Mensch und seine visuelle Wahrnehmung am Ende einer Kette von Verarbeitungsschritten. Zur optimalen Ausgestaltung ist ein möglichst vollständiges und korrektes Modell der menschlichen visuellen Wahrnehmung entscheidend. Während die Sinnesphysiologie zahlreiche theoretische Modelle kennt, sind diese in der Praxis oftmals nicht anwendbar. Dies hat zwei Gründe: Erstens treffen sie zu stark vereinfachende Annahmen, 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 Computer zu finden, die effizient und zuverlässig die menschliche Wahrnehmung komplexer Inhalte, wie 2D- und 3D-Bilder oder Filme, vorhersagen können und deren Darstellung verbessern.

Verbesserte Wahrnehmung von Stereo-3D-Effekten

Basierend auf den Erfahrungen von Vergleichsmetriken für Bilder und Videos, wurde ein Verfahren entwickelt, um den 3D-Eindruck von Stereobildern qualitativ miteinander zu vergleichen. In Nutzerstudien wurde zunächst die Fähigkeit zur Wahrnehmung von Tiefenunterschieden aufgrund einfacher visueller Reize getestet. Ausgehend von diesen Erkenntnissen wurde ein Verfahren entwickelt, das den wahrnehmbaren Unterschied zwischen zwei Stereo-Bildern misst. Dieses findet Anwendung in der Komprimierung und Manipulation von Stereobildern sowohl für unterschiedliche Displaygrößen als auch Betrachtervorlieben, um einen optimalen und ungestörten 3D-Eindruck zu generieren. In einer Folgestudie wurde Eye-Tracking genutzt, um zu ermitteln, wie Menschen auf Tiefenänderungen durch den Wechsel von Stereo-Bildern reagieren. Es wurde ein Modell abgeleitet, mit dessen Hilfe sich die Zeit beschreiben lässt, die ein Mensch für den Übergang zwischen unterschiedlichen Tiefenebenen benötigt. Solch ein Modell kann direkt für den Schnitt von 3D-Filmen genutzt werden, wo abrupte Tiefenübergänge entstehen können. Entsprechende Abänderungen erlauben den schnelleren Wechsel zwischen Szenen und erhöhen dabei den Betrachtungskomfort.

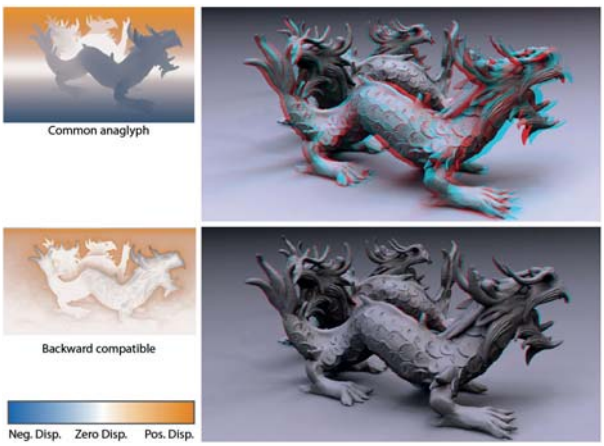
Überwindung der physikalischen Grenzen von Displays

Neben der Bewertung existierender Informationen ermöglichen solche Verfahren auch deren verbesserte Darstellung. So lässt sich zum Beispiel ein hoch aufgelöstes Bild derart verändern, dass es als solches sogar auf einem niedrig aufgelösten Bildschirm wahrgenommen wird. Somit erscheinen Bilder auf einem Monitor schärfer als eigentlich physikalisch möglich. Realisiert wird dies durch ein Modell, dass das Zusammenspiel zwischen der Darstellung niedrig aufgelöster, bewegter Bilder, sowie einer gleichzeitig stattfindenden Augenbewegung und der resultierenden menschlichen Verarbeitung der Informationen beschreibt. Für Videos hat auch die Bildwiederholungsrate einen starken Einfluss auf die Wahrnehmung von sich bewegenden Objekten. Eine neu entwickelte Software erlaubt es nun, eine scheinbare Bildwiederholungsrate von Bildsequenzen zu manipulieren, ohne die tatsächliche Bildwiederholungsrate zu verändern. Die Simulation von sich kontinuierlich verändernden Bildwiederholungsraten – sowohl über die Zeit selbst als auch räumlich innerhalb der Bilder des Videos – gibt Nutzern eine genaue Kontrolle über das tatsächlich wahrgenommene Erscheinungsbild von sich bewegenden Objekten.



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

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 menschlicher Wahrnehmung vorstellbar, das alle Inhalte auf allen Geräten für sämtliche Nutzer optimal darstellt. :::



Ein herkömmliches anaglyphes Stereobild *(oben)* enthält Farbartefakte. Mit unseren Ansätzen *(unten)* können diese Artefakte reduziert werden, während ein Tiefeneindruck erhalten bleibt.

KONTAKT

Piotr Didyk
ABT. 4 Computergrafik
Telefon +49 681 302 70756
Email pdidyk@mmci.uni-saarland.de

Karol Myszkowski
ABT. 4 Computergrafik
Telefon +49 681 9325-4029
Email karol@mpi-inf.mpg.de

Rendering in Echtzeit

Das Erzeugen fotorealistischer Bilder mithilfe von Computern ist eine Basistechnologie, die für viele visuelle Medien benötigt wird. Das nötige Maß an Realitätsnähe lässt sich jedoch nur mit hohem Berechnungsaufwand erreichen, sodass die Erzeugung eines einzigen Bilds oft mehrere Stunden dauern kann. Gleichzeitig ist Bildberechnung in Echtzeit Teil unseres Alltags geworden: In Computerspielen, Geo-Visualisierungsanwendungen, die auf Mobiltelefonen laufen, oder interaktiver Küchenplanungssoftware auf Desktop-PCs werden die nötigen Bilder ohne Zeitverzögerung aus den Eingaben des Benutzers erzeugt. Um eine solche Effizienz zu erreichen, mussten traditionell starke Vereinfachungen vorgenommen werden, was zur Entwicklung hochspezialisierter Grafikhardware führte. Mit unserer Forschung wollen wir die Lücke zwischen hochrealistischer Offline- und schneller interaktiver Bildberechnung schließen.

Eine typische Herausforderung für die interaktive Bildberechnung sind partizipierende Medien, also Materialien, die keine feste, undurchsichtige Oberfläche haben, sondern durch die Lichtstreuung in ihnen transparent erscheinen. Klassische Beispiele dafür sind Wolken und Nebel, aber auch eine große Zahl anderer Gegenstände, wie beispielsweise menschliche Haut, sind lichtdurchlässig. Die meisten bisherigen Berechnungsverfahren sind nicht in der Lage, solche Effekte in Echtzeit zu berechnen, und wenn, dann nur mit starken Einschränkungen, wie der Annahme einer festen Position des Objekts im Raum oder der Beschränkung auf isotrope Lichtstreuung. Wir haben verschiedene Ansätze vorgestellt, um diese Einschränkungen zu überwinden [siehe Abbildung 1]. Der erste erweitert das klassische Photon Mapping-Verfahren, sodass es auch auf sich langsam bewegende Wolken anwendbar ist. Der zweite basiert auf einer Zerlegung volumetrischer Objekte anhand der Haupt-Ausbreitungsrichtungen des Lichts, was Lichtstreuung zu einem effizient berechenbaren Diffusionsprozess vereinfacht. Der dritte basiert auf einfachem Weichzeichnen des Bilds auf physikalische

Abbildung 1: Mit unserer Methode in Echtzeit berechnete Wolken

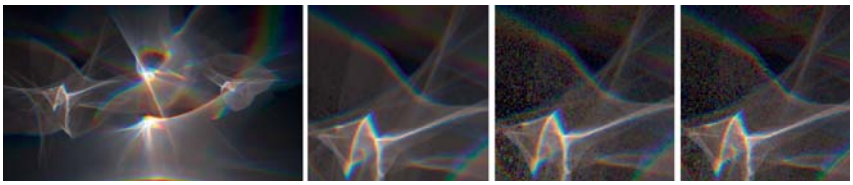


Abbildung 2: Mit Spectral Ray Differentials in Echtzeit berechnete Kaustik *(erstes Bild)*. Die drei linken Bilder zeigen einen Ausschnitt aus einem mit unserer Methode sowie aus zwei mit konkurrierenden Methoden berechneten, Bildern. Letztere zeigen Rauschen oder Bandartefakte, die wir mit geringem zusätzlichen Rechenaufwand entfernen.

motivierte Art und Weise, was Berechnung von Lichtstreuung mit geringem rechnerischen Aufwand innerhalb weniger Millisekunden erlaubt.

Eine besondere Herausforderung beim Berechnen von Bildern sind das Licht brechende Materialien, wie etwa bei einem Glasprisma. Dabei folgt Licht nicht einem einzelnen Strahl sondern wird, in Abhängigkeit von der Wellenlänge, räumlich verteilt. Das führt zu einer weiteren Dimension, die schwer abzutasten ist, was oft zu störendem Bildrauschen führt. In unserer Arbeit zu Spectral Ray Differentials haben wir Formeln hergeleitet, die die räumliche Änderung eines gebrochenen Lichtstrahls mit der Wellenlänge beschreiben [siehe Abbildung 2]. Einfach ausgedrückt, eine lokale Annäherung der Form eines Regenbogens. Mithilfe dieser Informationen können wir spektrale Daten innerhalb des Bilds so extrapolieren, dass durch die Lichtbrechung verursachtes Rauschen herausgefiltert wird. Die so erzeugten Bilder sind rauschfrei, enthalten aber eine leichte systematische Abweichung vom tatsächlichen Ergebnis, die jedoch oft als weniger störend empfunden wird. :::

KONTAKT

Tobias Ritschel
ABT. 4 Computergrafik
Telefon +49 681 9325-4157
Email ritschel@mpi-inf.mpg.de

Merkmalsbasierte Visualisierung

Wiederkehrende Strukturen findet man in der Natur und Technik. Ein Beispiel ist das symmetrische Arrangement von Atomen in Molekülen wie dem Benzol. Ein klassisches Beispiel für einen periodischen Vorgang ist die Verbrennung in einem Ottomotor, bei der die Gaskonzentration in einem Zylinder sich wiederholende Strukturen aufweist.

Wiederkehrende Strukturen variieren. Manchmal sind diese Variationen deutlich wahrnehmbar. Beispielsweise gleichen sich die Wetterabläufe über dem Atlantischen Ozean in jedem Sommer, jedoch sind sie nicht identisch. Die Strömungen um ein kleines und ein großes Auto sind nicht gleich, jedoch weisen sie eine hohe Ähnlichkeit auf.

Eine der Herausforderungen in der Visualisierungsforschung ist es, Anwendungswissenschaftlern die Entdeckung, die Quantifizierung und den Vergleich von wiederkehrenden Strukturen in ihren Datensätzen zu ermöglichen.

Was ist eine Struktur?

Wir entwickeln Algorithmen zum Vergleich von numerisch simulierten oder physisch gemessenen Datensätzen. Für solche Daten muss der Begriff „Struktur" zunächst definiert werden. Dies hängt von der zugrundeliegenden Anwendung ab, jedoch bezieht sich der Begriff häufig auf ein Arrangement geometrischer Objekte wie Linien oder Flächen. Strukturen in Skalarfeldern wie Druck oder Temperatur werden häufig mittels der Topologie der Isokonturen beschrieben. Diese generische Strukturbeschreibung hat sich schon in vielen Anwendungen bewährt. Hierbei werden die Strukturen in Form eines Baumes beschrieben, wobei die Größe eines Astes mit der Relevanz der Struktur korreliert. Die Strukturen in Vektorfeldern, wie z. B. Strömungen oder elektromagnetische Felder, können mittels der Bahnlinien der Partikel beschrieben werden. Eine Bahnlinie umfasst alle Punkte, an denen sich der Partikel im Laufe der Zeit befunden hat.

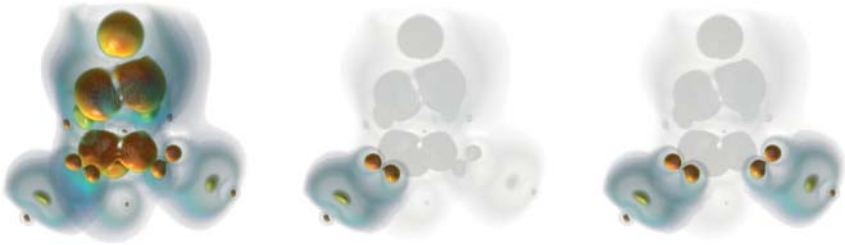


Abbildung 1: Zum Finden wiederkehrender Strukturen im *neghip* Datensatz *(links)* wird zunächst eine Struktur ausgewählt *(Mitte),* und dann findet unser Algorithmus die ähnlichsten Strukturen im gesamten Volumen *(rechts).*

Wie vergleicht man Strukturen?

Zum Vergleich von Strukturen benötigt man eine Funktion, die den Unterschied zwischen zwei Strukturen bemessen kann. Bei Bäumen und Bahnlinien erweist sich dies beispielsweise als relativ komplex. Wir haben neue Methoden in diesem Bereich entwickelt. Unsere Methode zum Vergleich von Bäumen nutzt die Baumhierarchie, um den Vergleich sowohl signifikant zu beschleunigen als auch rauschresistent zu machen. Das Ergebnis ist eine Tabelle, welche die paarweisen Unterschiede zwischen allen Strukturen im Baum aufzeigt. Abbildung 1 zeigt ein Beispiel aus der Praxis.

Die Schwierigkeit beim Vergleich von Bahnlinien liegt darin, dass Partikel im Verlauf ihrer Bewegung verschiedenen Strömungsmustern unterworfen sein können. Zum Beispiel kann ein Partikel zunächst durch einen Wirbel und dann durch eine hyperbolische Region laufen, während ein anderer Partikel nur durch den Wirbel läuft. Somit sind die Bahnlinien nur teilweise ähnlich. Deswegen segmentieren wir die Bahnlinien zunächst in verschiedene Bereiche. Das dient der Unterscheidung verschiedener Strömungsmuster und der Erkennung ihrer Ähnlichkeiten. Abbildung 2 zeigt ein Beispiel.

Zukünftige Arbeit

Das Konzept für die strukturelle Ähnlichkeit von Daten ermöglicht vielfältige Anwendungen. Beispielsweise kann man damit auch verschiedene Datensätze miteinander vergleichen. Das wird insbesondere dann interessant, wenn die beiden Datensätze aus verschiedenen Quellen kommen, beispielsweise simulierte und gemessene Daten. Eine weitere Möglichkeit ist die Identifikation von Ausreißern in einem Datensatz, also einer Struktur, die gerade *keine* Ähnlichkeit zu den anderen Strukturen in den Daten aufweist. :::

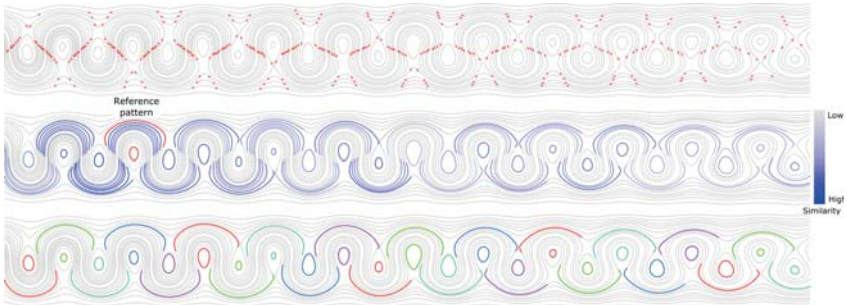


Abbildung 2: Die Bahnlinien im oberen Bild wurden in verschiedene Bereiche segmentiert, die miteinander verglichen werden. Das untere Bild hebt die Bahnlinien hervor, die der Referenzstruktur am ähnlichsten sind.

KONTAKT

Tino Weinkauf

ABT. 4 Computergrafik

Telefon +49 681 9325-4020

Email weinkauf@mpi-inf.mpg.de

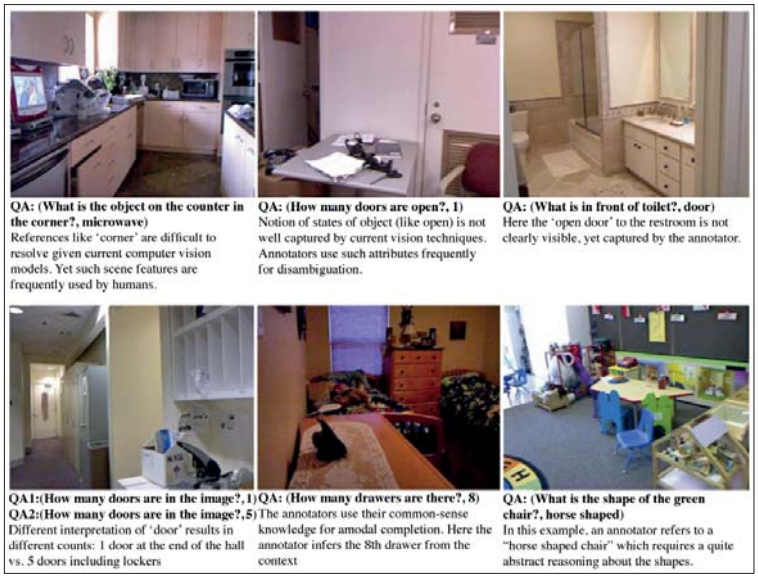
Internet http://feature.mpi-inf.mpg.de/

In Richtung eines visuellen Turing-Tests: Von der Perzeption über die Repräsentation zur Deduktion

Nachdem Methoden der automatischen Bildverarbeitung wie die Segmentierung und Objekterkennung immer ausgereifter werden, gibt ein vermehrtes Interesse, das Betätigungsfeld der Forschung auf das Verstehen von gesamten Szenen auszuweiten. Aber was ist genau mit dem „Verständnis" einer Szene gemeint und wie messen wir den Grad des „Verständnisses"? Heutzutage, bezieht sich solch ein „Verständnis" vielmals auf ein akkurates Markieren von Bildpunkt, Segmenten und Bildregionen mit semantischen Informationen. Wir entwickeln eine Problemstellung, die den Fortschritt eines ganzheitlicheren Szenenverständnisses messen kann und hin zu komplexeren Begriffen von Attributen und räumlichen Konzepten reicht.

Ein gleichermaßen großer Fortschritt wurde im Verständnis natürlicher Sprache gemacht. Beispielsweise wurden Methoden vorgestellt, die lernen können, Fragen zu beantworten und nur von Frage-Antwort-Paaren trainiert wurden. Solche Methoden verwenden eine Menge von Fakten, die dem System zur Verfügung stehen und als „Welt" bezeichnet werden. Basierend auf diesem Wissen wird die Antwort mittels Marginalisierung über mehrere Interpretationen abgeleitet.

Wir vereinen diese beiden Forschungsrichtungen, indem wir eine Frage-Antwort-Aufgabenstellung angehen, die sich auf natürliche Bilder bezieht. Diese Herausfordung formuliert eine ganzheitliche Fragestellung, die eine ganze Kette von Wahrnehmungen des Bildinhalts sowie das Verständnis der natürlichsprachlichen Frage über Repräsentation der erworbenen Informationen hin zur Deduktion der Antwort testet.



Benchmark – Datensatz über die Beantwortung von Fragen zu Bilder

Es mangelt an einem substanziellen Datensatz, der als Benchmark für die Beantwortung von Fragen zu natürlichen Bildern dienen kann. Solch eine Aufgabe nimmt Bezug auf die „Vision der künstlichen Intelligenz", einen visuellen Turing-Test aufzusetzen, der das menschliche Verständnis von Sprache und Bildern abbildet. Während wir noch nicht bereit sind, ein komplett unbeschränktes Szenario anzugehen, argumentieren wir, dass eine Frage-Antwort-Problemstellung basierend auf komplexen Indoor-Szenen ein zeitgemäßer Schritt in diese Richtung ist. Wir stellen einen neuen Datensatz vor, der über 12.000 Frage-Antwort-Paare beinhaltet, die von Menschen erstellt wurden. (Abbildung 1) Im Gegensatz zu vergleichbaren Bemühungen in der Literatur, verlangt unser Ansatz ein tiefes Verständnis visueller Szenen sowie der Frage, wobei der Annotierungsaufwand vertretbar bleibt und ein automatisches Evaluierungsprotokoll eine einfache Evaluierung und Analyse des Ansatzes ermöglicht.

Kombination von symbolischen Schlussfolgerungen mit unsicheren, visuellen Fakten

Während vorangegangene Ansätze zur Beantwortung von Fragen im Gebiet der Verarbeitung von natürlicher Sprache meist auf symbolischen Schlussfolgerungen basieren, muss unser Ansatz Unsicherheiten mit in Betracht ziehen, die von den Techniken des maschinellen Sehens zum Zweck des Szenenverständnisses herrühren. Wir schlagen eine Bayessche Formulierung vor, die über mehrere mögliche „Welten" marginalisiert, um die probabilistische Ausgabe von aktuellen Algorithmen der Szenensegmentierung verarbeiten zu können.

Auf diese Weise machen wir einen Schritt zur Überbrückung der Kluft zwischen der symbolischen Schlussfolgerung und den mit Unsicherheit behafteten Ausgaben aktueller Algorithmen der Bildverarbeitung. Während die menschliche Leistung auf dieser Fragestellung bei etwa 50 Prozent Genauigkeit liegt, erreichen unsere besten Algorithmen 13 Prozent. Wir haben einen Benchmark und eine Evaluierungsmethodik etabliert, die es uns ermöglichen, systematischen Fortschritt zu erzielen. Was das automatische Verständnis von Bildern und Sprache betrifft, liegt trotzdem weiterhin ein langer Weg vor uns, bis wir die menschliche Genauigkeit erreicht haben. :::

KONTAKT

Mario Fritz

ABT. 2 **Bildverarbeitung und multimodale Sensorverarbeitung**

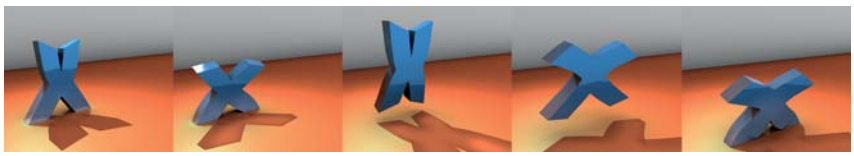
Telefon +49 681 9325-1204

Email mfritz@mpi-inf.mpg.de

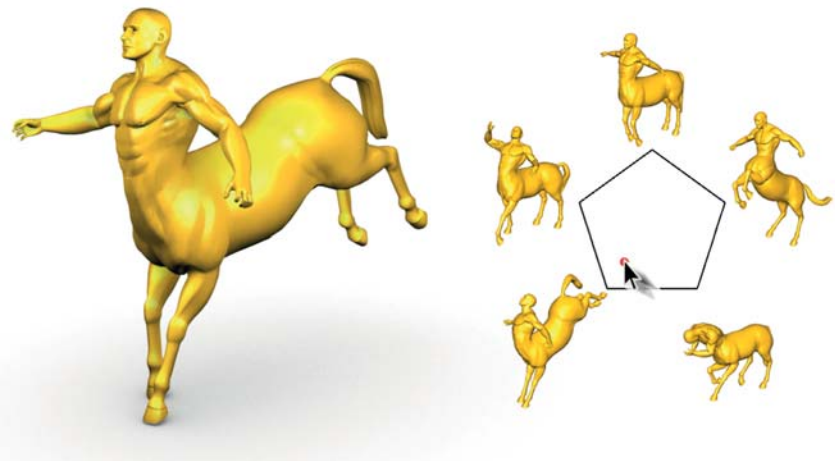
Internet http://www.d2.mpi-inf.mpg.de/visual-turing-challenge

Physikbasierte Geometrieverarbeitung und Animation

Die Modellierung digitaler geometrischer Formen ist wichtig für Anwendungen in Bereichen wie der digitalen Fabrikation, der Architektur, der Computeranimation und der virtuellen Realität. Moderne 3D-Messtechniken, zum Beispiel das 3D-Laserscannen, ermöglichen die akkurate Digitalisierung detailreicher realer Objekte, und moderne Fabrikationstechniken, zum Beispiel das 3D-Drucken, erlauben die automatische Realisierung physikalischer Objekte aus digitalen Entwürfen. Zwischen der Messung und der Fabrikation liegt das Fachgebiet Geometrieverarbeitung, das die Darstellung, Analyse, Modellierung und Optimierung digitaler geometrischer Daten umfasst.



Bilder einer Animation eines virtuellen Charakters. Die Bewegung wurde mit unserem Programm aus einfachen Nutzereingaben generiert.



Unser Computerprogramm erlaubt es, den von Beispielformen aufgespannten Formenraum interaktiv zu erforschen.

Physikbasierte Geometrieverarbeitung

Wir nutzen Konzepte aus der Kontinuumsmechanik um Verfahren für die Geometrieverarbeitung zu entwickeln. Beispiele sind unsere Methoden zum Editieren von Formen und zur Synthese neuer Formen aus Beispielen. Diese Modellierung ist attraktiv, da die resultierenden Verfahren es erlauben, komplexe Deformationen durch einfache Eingaben zu erzeugen. Die effiziente Berechnung der Deformationen stellt eine Herausforderung dar. Da die digitalen Formen hoch aufgelöst sind, müssen einerseits hochdimensionale nichtlineare Optimierungsprobleme gelöst werden, andererseits erwarten Nutzer einer Modellierungssoftware interaktives Feedback.

Wir haben effiziente Approximationsalgorithmen für diese Optimierungsprobleme entwickelt. In einer Vorberechnung wird ein reduziertes, niedrigdimensionales Optimierungsproblem konstruiert. In der interaktiven Phase wird dann nur das reduzierte Problem gelöst. Ein wichtiger Aspekt des Designs dieser Methoden ist, dass der zur Lösung des reduzierten Problems benötigte Rechenaufwand nicht von der Auflösung der zu verarbeitenden digitalen Formen abhängt. Ein Beispiel ist unser Verfahren zur nichtlinearen Interpolation von Formen. Dies ist der erste Algorithmus, der es ermöglicht, interpolierende Formen in einer Menge hochaufgelöster digitaler Geometrien in Echtzeit zu berechnen.

Physikbasierte Computeranimation

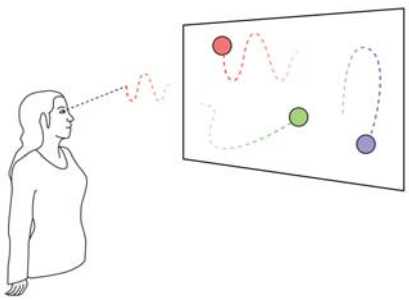
Ein Schlüsselproblem der Computeranimation ist es, realistisch wirkende Bewegungen virtueller Objekte und Charaktere zu erzeugen, die die Vorgaben eines Animators erfüllen. Mit traditionellen Techniken der Computeranimation ist dies sehr schwierig und aufwendig, da viele Freiheitsgrade bestimmt und Sekundärbewegungen per Hand modelliert werden müssen. Die physikalische Simulation kann für diese Modellierungen sehr hilfreich sein, es müssen allerdings Kräfte und physikalische Parameter gefunden werden, die dem von einem Animator gewünschten Effekt entsprechen. Durch Raum-Zeit-Optimierungsprobleme, bei denen die Vorgaben des Animators als Zwangsbedingungen genutzt werden, lassen sich die traditionellen Animationstechniken mit physikalischer Simulation kombinieren. Wir haben ein Verfahren entwickelt, dass es einem Animator erlaubt, durch die Vorgabe weniger Zwangsbedingungen interessante Bewegungen zu erzeugen. Durch die Optimierung werden automatisch Effekte erzeugt, die sonst aufwendig modelliert werden müssten. :::

KONTAKT

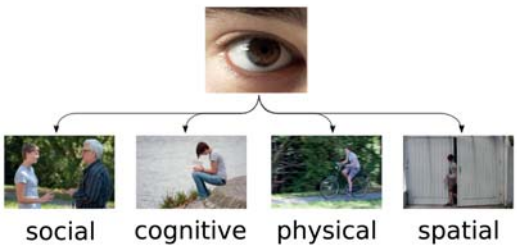
Klaus Hildebrandt
ABT. 4 Computergrafik
Telefon +49 681 9325-4012
Email hildebrandt@mpi-inf.mpg.de

Augenbasierte Mensch-Maschine Interaktion

Unsere Augen stellen eine attraktive Eingabemodalität für die Interaktion mit technischen Systemen dar. Im Gegensatz zu anderen und besser etablierten Modalitäten, wie Berührungs- oder Spracheingabe, sind unsere Augen in fast allem involviert, was wir täglich tun – überall und zu jeder Zeit, sogar im Schlaf. Die Blickrichtung zeigt auf natürliche Weise an, an was wir interessiert sind und worauf wir unsere Aufmerksamkeit lenken, und die Bewegungen der Augen werden durch die Situation, unsere Ziele, Absichten, Aktivitäten und sogar unsere Persönlichkeit gesteuert. Augenbewegungen werden zu guter Letzt ebenfalls durch verschiedene psychische Störungen und Erkrankungen beeinflusst, wie beispielsweise Alzheimer, Autismus und Demenz. Zusammengenommen unterstreichen alle diese Eigenschaften den hohen Informationsgehalt, der in unseren Augen steckt, sowie das große Potenzial, die Augen für implizite Mensch-Maschine Interaktion zu benutzen. Ein tragbarer Assistent könnte zum Beispiel das visuelle Verhalten alter Leute über längere Zeiträume überwachen, altersbedingte Demenz frühzeitig erkennen und damit eine bessere Behandlung ermöglichen. Daneben sind unsere Augen der sich am schnellsten bewegende, externe Teil unseres Körpers und können mit wenig Aufwand selbst über größere Entfernungen zielgenau positioniert werden. Diese Eigenschaften machen die Augen auch zu einer natürlichen und schnellen Eingabemöglichkeit für explizite Mensch-Maschine Interaktion, d. h. Interaktionen, in denen der Benutzer bewusst Eingaben mit seinen Augen macht.



Unsere Methode korreliert Smooth Pursuit Augenbewegungen des Nutzers mit den Bewegungen von interaktiven Objekten auf dem Bildschirm.



Unsere Methoden ermöglichen die Vorhersage verschiedener Aspekte unseres täglichen Lebens durch Analyse unserer Augenbewegungen *(von links nach rechts)*:
sozial *(soziale Interaktion vs. keine Interaktion)*, kognitiv *(konzentrierte Arbeit vs. Freizeit)*, physisch *(körperliche Aktivität vs. nicht aktiv)*, und räumlich *(innerhalb vs. außerhalb eines Gebäudes)*.

Trotz bedeutender Fortschritte in den letzten 10 Jahren in der Messung und Analyse von Augenbewegungen wurden bisherige Arbeiten im Bereich der augenbasierten Mensch-Maschine Interaktion vor allem unter kontrollierten Laborbedingungen durchgeführt. Diese Arbeiten beschäftigten sich dabei vornehmlich auch nur mit der Interaktion eines einzelnen Nutzers, mit einem einzigen Computer und der Interaktion mit sogenannten WIMP (windows, icons, mouse, pointer) – Benutzerschnittstellen. Bisherige Arbeiten haben zudem auch nicht die volle Bandbreite an Informationen untersucht, die – wie oben beschrieben – im alltäglichen visuellen Verhalten enthalten sind.

Zusammen mit unseren Kollaborationspartnern arbeiten wir an Methoden, die die Informationen nutzen können, die im visuellen Verhalten während aller expliziten und impliziten tagtäglichen Interaktionen zwischen Menschen und Computern enthalten sind. Entsprechend unserer Vision ermöglichen, unterstützen und verbessern unsere Augen solche Interaktionen universell, und Benutzerschnittstellen nutzen die volle Bandbreite der im visuellen Verhalten enthaltenen Informationen. Die Analyse des visuellen Verhaltens wird dann nicht länger eine Nischenanwendung für spezielle Nutzergruppen darstellen, sondern zentral für alle Interaktionen zwischen Menschen und Maschinen sein.

Wir arbeiten an dieser Vision durch
1) die Entwicklung von Sensorsystemen für die robuste und genaue Messung des visuellen Verhaltens in natürlichen Umgebungen,
2) die Entwicklung von Methoden für die automatische Analyse und Modellierung, die die große Variabilität und personenspezifische Eigenschaften im visuellen Verhalten berücksichtigen, sowie
3) die Nutzung der von diesem Verhalten abgeleiteten Informationenen für neuartige Anwendungen im Bereich der Mensch-Maschine Interaktion und die Entwicklung interaktiver, multimodaler und nach dem natürlichen Verhalten modellierter Benutzerschnittstellen.

Beispielsweise haben wir neue Methoden entwickelt, mit denen verschiedene Aspekte unseres täglichen Lebens durch Analyse unserer Augenbewegungen vorhergesagt werden können, wie beispielsweise körperliche Aktivität, soziale Interaktionen, oder konzentriertes Arbeiten. In einer anderen Arbeit haben wir so genannte *Smooth Pursuit* Augenbewegungen – Augenbewegungen, die wir zur Verfolgung sich bewegender Objekte ausführen – für die Mensch-Maschine Interaktion eingeführt und konnten zeigen, dass diese spontane, natürliche und robuste Interaktion mit Displays im öffentlichen Raum ermöglichen. :::

KONTAKT
Andreas Bulling
ABT. 2 **Bildverbeitung und multimodale Sensorverarbeitung**
Telefon +49 681 9325-2128
Email bulling@mpi-inf.mpg.de

Optimierung von Nutzerschnittstellen mittels biomechanischer Simulation

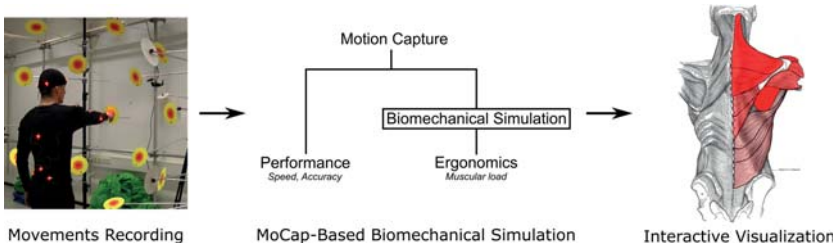
Sowohl die akademische als auch die industrielle Forschung beschäftigen sich mit der Gestaltung neuer Nutzerschnittstellen. Ziel ist es, dem Nutzer neue Möglichkeiten zur Dateneingabe und allgemeinen Interaktion mit dem Rechner zu geben. Dabei wird jedoch häufig übersehen, dass die neuen Bewegungsabläufe und Körperhaltungen auch ergonomisch sein müssen.

Wir haben eine einfach anwendbare Methode zur ergonomischen Bewertung und Gestaltung von Nutzerschnittstellen entwickelt. Sie beruht im Wesentlichen auf einer Kombination von optischem Motion Capture und biomechanischer Simulation. Beim optischen Motion Capture werden die Bewegungen eines Probanden durch am Körper befestigte Marker erfasst. Die biomechanische Simulation erfolgt dann auf Basis dieser Bewegungsdaten. Dadurch entsteht ein multivariater Datensatz mit über 400 Variablen, der Informationen zur Ergonomie (z. B. Muskelaktivierungen) und zur Eingabeleistung (z.B. Geschwindigkeit und Genauigkeit) enthält. Die Abbildung zeigt die einzelnen Schritte unserer Methode.

Verschiedene neue Ansätze wurden zur Untersuchung dieser komplexen Daten entwickelt. Die Fragestellungen lassen sich in vier Kategorien einordnen: (1) Untersuchung grundlegender ergonomischer Aspekte; (2) Optimierung von Designparametern; (3) Vergleichende Studien verschiedener Designs, die dem gleichen Zweck dienen; (4) Zusammengefasste Daten als Entscheidungshilfe beim Design.

Atlas von Muskelaktivierungen

Wir haben einen Atlas zur Ergonomie und Eingabeleistung für Zeigegesten in 3D entwickelt. Die Basis ist ein großer Datensatz, den wir durch Messung einer Vielzahl von Zeigegesten im gesamten egozentrischen Raum eines Nutzers erstellt haben. Ein Clustering dieser Daten zeigt Regionen mit unterschiedlichen Leistungs- und Ergonomiekosten auf. Dies ermöglicht gezielte Abwägungen zwischen Leistung und Ergonomie bei der Entwicklung neuer Nutzerschnittstellen. Diese Arbeit wurde in der führenden Fachzeitschrift ACM TOCHI veröffentlicht.



Unsere Methode nutzt optisches Motion Capture und biomechanische Simulation zur ergonomischen Vermessung von Nutzerschnittstellen. Interaktive Visualisierung hilft uns bei der Auswertung der komplexen Daten.

Wir haben diesen Ansatz auch für Touchscreen-Geräte weiterentwickelt. Die Ergebnisse zeigen die Stärken und Schwächen von fünf ausgewählten Geräteklassen auf. Wir haben hier insbesondere die Unterschiede bei der Eingabeleistung, der Körperhaltung und der zu erwartenden Ermüdung untersucht. Diese Arbeit hat eine *Best Paper Honorable Mention* Auszeichnung auf der führenden HCI-Konferenz ACM CHI'15 erhalten.

Interaktive Visualisierung

Existierende Visualisierungs- und Analyseprogramme unterstützen Designer und Forscher nicht hinreichend bei der Analyse solcher Datensätze. Wir haben zwei Defizite festgestellt. Zum einen fehlen Visualisierungsansätze insbesondere für die biomechanischen Aspekte in den Daten. Zum anderen kann das Design einer Nutzerschnittstelle nicht direkt als Visualisierungsgrundlage verwendet werden. Wir haben deshalb das vielseitige Visualisierungsprogramm *MovExp* entwickelt. Das Design einer Nutzerschnittstelle kann hier direkt importiert und anschließend in die Visualisierung integriert werden. Des Weiteren integrieren wir eine ganze Reihe von Visualisierungsansätzen für Muskelaktivierungen, Bewegungsrichtungen und anderen wichtigen Aspekten in diesen Daten. MovExp wurde auf der führenden Visualisierungskonferenz IEEE VIS'14 veröffentlicht.

Optimale Interaktion mit Handgesten

Eine weitere Studie widmet sich der Untersuchung neuer Eingabemethoden mittels *Hand-Tracking*. Wir haben eine detailierte Analyse der Leistung und der anatomischen Charakeristika von Fingerbewegungen durchgeführt. Die Ergebnisse zeigen Unterschiede von bis zu 50 Prozent in der Bewegungsgeschwindigkeit. Diese Ergebnisse haben wir direkt angewendet, um die Texteingabe mit solchen neuen Eingabemethoden zu optimieren. Hierzu haben wir eine neue Zielfunktion entwickelt, welche die Leistung, anatomische Faktoren und die Erlernbarkeit von Gesten einschließt. Diese Arbeit wurde auf der ACM CHI'15 veröffentlicht. :::

KONTAKT

Antti Oulasvirta
Cluster of Excellence on Multimodal Computing and Interaction
Telefon +358 50 3841561
Email antti.oulasvirta@gmail.com

Tino Weinkauf
ABT. 4 Computergrafik
Telefon +49 681 9325-4020
Email weinkauf@mpi-inf.mpg.de
Internet http://feature.mpi-inf.mpg.de/

Digitale Fabrikation von deformierbaren Bildschirmen und berührungsempfindlichen Sensoren

Grafische Nutzerschnittstellen zeichnen sich durch eine hohe Anpassbarkeit in ihren grafischen Inhalten aus. Diese können digital gestaltet und programmiert und so auf die jeweiligen Inhalte, den Nutzer und den spezifischen Anwendungskontext angepasst werden. Im Gegensatz dazu gibt es auf der Ebene der Bildschirme, die diese grafischen Inhalte anzeigen, nahezu keine Anpassbarkeit: Bildschirme sind fast ausnahmslos rechteckig, flach und starr, vergleichsweise dick und nur in einigen vordefinierten Größen erhältlich.

In dem Maße, in dem grafische Nutzerschnittstellen immer häufiger in die physische Umgebung eingebettet werden, wird diese Einschränkung zunehmend problematisch. Nutzerschnittstellen für das Internet of Things oder für Wearable computing müssen in Größe und Form dem physischen Nutzungskontext anpassbar sein und benötigen darüber hinaus weitere neue Eigenschaften. Beispielsweise sollten auf dem Körper getragene Bildschirme nicht nur der Körpergröße des Nutzers entsprechen, sondern auch sehr leicht, dünn und verformbar sein.

Wir schlagen Digitale Fabrikation als ein grundsätzlich neues Verfahren vor, um eingebettete Nutzerschnittstellen zu erstellen. Digitale Fabrikationsmethoden wie 3D-Druck und Laserstrahlschneiden werden bereits erfolgreich kommerziell eingesetzt, um Objekte mit hochgradig individuellen Formen in industrieller Fertigungsqualität herzustellen.

Unsere Verfahren ermöglichen es, über die reine statische Objektform hinausgehend, auch interaktive Ein- und Ausgabekomponenten mittels digitaler Fabrikation herzustellen. Dies ermöglicht es, neue Typen von eingebetteten und am Körper tragbaren Nutzerschnittstellen einfach, schnell und kostengünstig in kleinen Stückzahlen herzustellen.

Durch eine Vektorgrafik *(links)* können mit unseren Verfahren auf einfache, schnelle und kostengünstige Weise hochgradig individualisierte Touch-Bildschirme für eingebettete Nutzerschnittstellen *(Mitte)* sowie dehnbare Sensoren für Eingabe auf der menschlichen Haut *(rechts)* erstellt werden.

Gedruckte deformierbare Touch-Bildschirme

Mit *PrintScreen* haben wir das erste Verfahren für die Digitale Fabrikation von individuell entworfenen Bildschirmen vorgestellt: Anstatt einen massengefertigten Bildschirm zu kaufen, können lichtemittierende und berührungsempfindliche Bildschirme mit unseren Verfahren nun grafisch erstellt werden, ganz ähnlich wie herkömmliche Vektorgrafiken. Durch einen nachfolgenden Druckschritt, ähnlich dem klassischen Dokumentendruck, werden die Bildschirme dann fabriziert. Das ermöglicht es, hochgradig individuelle Lösungen auch in kleiner Stückzahl zu produzieren, beispielsweise für Prototypen und Kleinserienfertigungen, für Produkte, die an die individuelle Körpergröße des Nutzers angepasst sind, oder für interaktive Druckprodukte. Die Bildschirme sind mit ca. 0,1 mm sehr dünn und können verformt, aufgerollt sowie gefaltet werden. Sie können darüber hinaus auf verschiedene Materialien gedruckt werden, z. B. Folie, Papier, Holz, Keramik oder Leder. Zur Fertigung wird nur kostengünstige handelsübliche Ausstattung benötigt.

In weiterer Forschung haben wir mit *PrintSense* ein Verfahren entwickelt, um Sensoroberflächen zu drucken, die über reine Berührungs-Eingabe hinaus weitere Modalitäten erfassen, unter anderem Handgesten in der Nähe der Oberfläche sowie die Deformation des Sensors. Damit lassen sich multimodale interaktive Displayoberflächen realisieren.

Personalisierte berührungsempfindliche Oberflächen für Nutzerschnittstellen auf der Haut

Sensoroberflächen für Anwendungen auf der menschlichen Haut müssen für eine gute Anwendbarkeit nicht nur dünn, verformbar und in ihrer Größe anpassbar, sondern darüber hinaus auch dehnbar sein. Mit *iSkin* haben wir die erste dehnbare Sensoroberfläche für Nutzerschnittstellen auf der menschlichen Haut vorgestellt. Diese wird ebenfalls grafisch entworfen und dann durch digitale Fabrikationsmethoden hergestellt. Der dünne und größenteils transparente Sensor ist aus hautverträglichem Silikon gefertigt. Neben Form, Größe und Lage der berührungsempfindlichen Sensorelemente kann auch das visuelle Design des Sensors individuell gestaltet werden, um den ästhetischen Wünschen des Nutzers Rechnung zu tragen. Dieser Sensor ermöglicht zahlreiche neue Typen von Nutzerschnittstellen auf dem menschlichen Körper, wie beispielsweise aufklebbare Sensor-Tattoos, die eine sehr schnelle, direkte und diskrete Interaktion mit mobilen Computergeräten ermöglichen. :::

KONTAKT

Jürgen Steimle
ABT. 4 Computergrafik
Telefon +49 681 302-71935
Email jsteimle@mpi-inf.mpg.de

Perzeptuelle Herstellung

Neuartige dreidimensionale Drucktechnologien haben im Laufe der letzten Jahre einen ernormen Zuwachs erfahren. Auch wenn 3D-Drucker noch immer weniger verbreitet sind als handelsübliche 2D-Drucker, so ist dennoch zu erwarten, dass sich dies auf Grund der vielseitigen Möglichkeiten, die diese Technologie bietet, ändern wird. Anders als traditionelle Fertigungstechniken, wie Zuschneiden oder Spritzgießen, können 3D-Drucker komplexe dreidimensionale Objekte durch das Auftragen von kleinsten Druckmaterialmengen erstellen, die Schicht für Schicht aufgetragen werden. Dabei kann nicht nur die Gestalt der gedruckten Formen sehr genau kontrolliert werden, neueste 3D-Drucker sind zudem in der Lage, mehrere Materialen nahezu beliebig innerhalb des Druckobjekts zu verarbeiten. Das erlaubt nicht nur das finale Erscheinungsbild des Objektes zu bestimmen, sondern ermöglicht auch Kontrolle seiner mechanischen Eigenschaften.

Abbildung 1: Ein 3D-gedrucktes Modell eines Gebäudes mit festgelegten Texturen und Volumenstreuungseigenschaften der Objektoberfläche

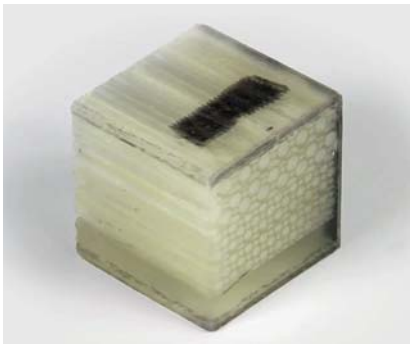


Abbildung 2: Ein 3D-gedrucktes Modell eines Buches mit festgelegten Verformungseigenschaften

Das präzise Auftragen des Druckmaterials erlaubt auf der einen Seite große Flexibilität in den Möglichkeiten der Herstellung, stellt auf der anderen Seite allerdings auch eine Herausforderung für die dafür notwendigen Computermodelle dar. Ist beispielsweise ein Objekt mit bestimmten gewünschten Eigenschaften (mechanisch oder optisch) gegeben, ist nicht klar, wie die Materialien, die von dem Drucker verarbeitet werden können, kombiniert werden müssen, um ein optimales Ergebnis zu erzielen. Das Finden einer Lösung zu diesem Problem erfordert eine optimale Verteilung der Druckmaterialen, um die spezifizierten Eigenschaften bestmöglich wiederzugeben. Moderne 3D-Drucker müssen zudem mit einigen Einschränkungen wie begrenzter Druckauflösung, limitierter Farbwiedergabe und eingeschränkten Druckmaterialeigenschaften umgehen, die die Fertigung eines solchen Objektes erschweren. Daher ist die Herstellung einer exakten Kopie real existierender Objekte immer noch eine Herausforderung. In unserer Arbeit zeigen wir, dass diese Probleme durch das Ausnutzen der menschlichen Wahrnehmung teilweise gelöst werden können. Wir glauben, dass das Verständnis, wie gedruckte Objekte von Benutzern erfahren werden, notwendig ist, um das Potenzial modernen Drucktechnologien vollständig ausnutzen zu können.

Ein Beispiel dieses wahrnehmungsinspirierten Herstellungsansatzes ist unsere aktuelle Arbeit unter dem Titel „Compliance“, die sich mit dem Druck verformbarer Materialien befasst. Sind für ein Objekt die gewünschten Verformungseigenschaften bekannt und sind außerdem die im 3D-Drucker verfügbaren Druckmaterialien bekannt, wollen wir jenes Material auswählen, welches am ehesten den definierten Anforderungen entspricht. Um diese Frage zu beantworten, muss ein Computermodell entwickelt werden, das vorhersagen kann, wie Menschen verschiedene Materialeigenschaften wahrnehmen. Hierzu führten wir zunächst Experimente durch, die die Fähigkeit menschlicher Teilnehmer untersuchten, Materialien nach ihrem Weichheitsgrad zu unterscheiden. Auf Grundlage dieser Daten konnten wir ein Computermodell entwickeln, das diese Diskrepanzen in der Oberflächenweichheit quantifizieren kann. Ein solches Modell kann dann genutzt werden, um die Unterschiede in der Wahrnehmung verschiedener Materialien vergleichen zu können und damit jenes Material auszuwählen, welches am besten für den Druck des Zielobjektes geeignet ist. Wir glauben, dass ähnliche Modelle für andere Materialeigenschaften gedruckter Objekte genutzt werden können, um nicht nur sehr exakte Kopien existierender Objekte im numerischen Sinn, sondern auch in der Art der menschlichen Wahrnehmung herstellen zu können. :::

KONTAKT

Piotr Didyk
ABT. 4 Computergrafik
Telefon +49 681 9325-1009
Email pdidyk@mmci.uni-saarland.de

OPTIMIERUNG

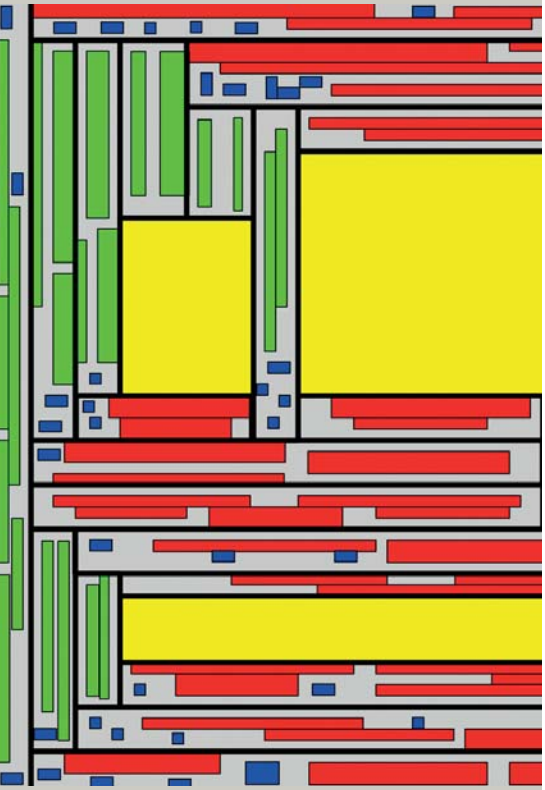
Optimierungsverfahren sind heutzutage von zentraler Bedeutung für die Effektivität von Unternehmen. Sie werden zum Beispiel eingesetzt, um den Bedarf an teuren Ressourcen wie Arbeit oder Rohstoffen zu reduzieren. Die Herausforderung an die Wissenschaft ist es, effektive Verfahren zum Lösen von Optimierungsproblemen 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 entscheidenen 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 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



Von Routenplanung zu Preisfindung und Lernen: Warum sind diese Probleme schwer zu berechnen? 94

Energieeffiziente Algorithmen 95

Geometrisches Packen: Koffer und mehr 96

Regelbasierte Produktkonfiguration 97

CGAL – exakte und effiziente geometrische Algorithmen 98

Bessere Flachbildschirme dank diskreter Optimierung 99

Von Routenplanung zu Preisfindung und Lernen: Warum sind diese Probleme schwer zu berechnen?

Preisfindungsprobleme treten üblicherweise in Situationen auf, in denen ein Ladenbesitzer anstrebt, Gegenstände mit maximalem Profit an Kunden zu verkaufen. Diese Klasse von Problemen umfasst viele Anwendungsszenarien: ein Händler, der Autos verschiedener Art verkauft, ein Verkehrsunternehmen, das Straßen besitzt und von Fahrern eine Maut erheben will, der Besitzer eines sozialen Netzwerkes (z.B. Facebook), der für Werbetreibende Produkte verkauft, usw. Die Herausforderungen hierbei liegen darin, die richtigen Preise zu finden – ein zu geringer Preis ist nicht profitabel; ein zu hoher Preis schreckt Kunden ab. In einem augenscheinlich damit nicht in Zusammenhang stehenden Problem, Routenplanung in Netzwerken, sind Algorithmen gefragt, die Daten (also Pakete) über ein Netzwerk senden und dabei bestimmte Qualitätskriterien garantieren, z.B. so viele Pakete wie möglich in einer gegebenen Zeit zu befördern. Die Herausforderungen der Routenplanung liegen nicht nur darin, die richtigen Anfragen zur Weiterleitung auszuwählen, sondern auch darin, ihre Routen im Netzwerk zu planen. Dies sind einige der grundlegenden Fragen in der Optimierung und in Netzwerken. Daher ist es keine Überraschung, dass diese Probleme eine starke Verbindung zu wichtigen Entwicklungen im Algorithmendesign, der Komplexitätstheorie, Graphentheorie und Optimierung aufweisen. Als Informatiker sind wir interessiert an effizienten rechnergestützten Lösungen für diese Probleme, oder wir suchen nach Erklärungen, warum solche Lösungen nicht existieren können.

In diesem Projekt zeigt sich, dass solche Berechenbarkeitsaspekte von Routenplanungs- und Preisfindungsproblemen mehr Ähnlichkeiten aufweisen als man meinen könnte. Netzwerk-Routenplanungsprobleme sind seit den 1980er Jahren populär. Andererseits wird Preisfindungsproblemen erst seit 2000 wachsende Aufmerksamkeit geschenkt – in den 1990er Jahren dachte kaum jemand daran, seine Produkte über das Internet zu verkaufen. Informatiker wussten sehr viel genauer, wie man Pakete verschickt, als wie man Preise festlegt. Wir hatten eine Vorstellung, warum ein bestimmtes Routenplanungsproblem sehr schwer zu berechnen ist, und dass es besser ist, es zu vermeiden, anstatt einen Computer bis zum Ende des Universums daran arbeiten zu lassen. Wenn wir auf ein praktisches Szenario stoßen, modellieren wir das Problem also so, dass es möglich ist die Lösung effizient zu berechnen. Wir hatten ein viel geringeres Verständnis von Preisfindungsproblemen.

Zusammen mit meinen Kollegen habe ich diese beiden Felder zusammengeführt, indem wir das Wissen von Routenplanungsproblemen übertrugen. Unsere Ergebnisse zeigen, dass Algorithmendesigner einem gemeinsamen Problem gegenüberstehen, wenn sie sich mit Routenplanung und Preisfindung beschäftigen. Dank dieser Erkenntnis verstehen wir nun, dass gewisse Ausprägungen von Preisfindungsproblemen rechnerisch schwer zu lösen sind: Zum Beispiel ist es sehr schwer, Profite von Mautstraßen zu maximieren (sogar näherungsweise), wenn es wesentlich mehr Fahrer gibt als mautpflichtige Straßenabschnitte. Theoretiker profitieren von den ergiebigen technischen Werkzeugen, die in unserer Arbeit entwickelt wurden. Anwender werden lernen, ihre Probleme so umzuformulieren, dass diese schwierigen Szenarien vermieden werden.

Wir haben diese Technik noch weiter vorangetrieben und schließlich ist es uns gelungen, die Techniken der Preisfindung sowie der Routenplanung zu übertragen, um die rechnerische Schwierigkeit von vielen weiteren Problemen besser zu verstehen. Diese Probleme entstehen regelmäßig in praktischen Szenarien und wir wissen, dass sie alle eine gemeinsame Quelle für rechnerische Komplexität teilen. Nach 25 Jahren verstehen wir nun vollständig, dass ein Computer aller Wahrscheinlichkeit nach nicht in der Lage ist, selbst eine sehr einfache Sprache zu lernen, d.h. er kann keinen deterministischen endlichen Automaten lernen. Informatiker hatten diese Einschränkung bereits vermutet: Ein bahnbrechendes Ergebnis von Kearns und Valiant zeigte, dass ein Algorithmus, der dieses Lernproblem lösen könnte, auch das berühmte kryptographische System RSA durchbrechen könnte, wodurch viele Forscher überzeugt wurden, dass ein solcher Algorithmus nicht existieren kann. Unsere Ergebnisse bieten ein noch überzeugenderes Indiz: Solch ein Algorithmus würde nicht nur das kryptographische System RSA brechen, sondern auch zehntausende andere rechnerisch schwere Probleme lösen (das heißt alle NP-schweren Probleme). :::

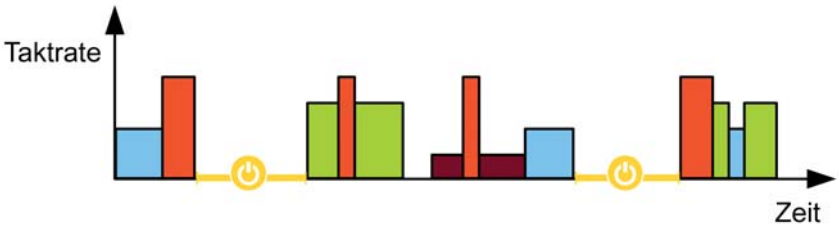
KONTAKT

Parinya Chalermsook
ABT. 1 Algorithmen und Komplexität
Telefon +49 681 9325-1017
Email parinya@mpi-inf.mpg.de

Energieeffiziente Algorithmen

Die Effizienz eines Algorithmus wird normalerweise anhand der Qualität der zurückgegebenen Lösung, und den dafür benötigten Ressourcen bewertet. Die traditionelle Analyse von Algorithmen betrachtet dabei zumeist Laufzeit und Speicherplatz. Da allerdings auch Energie eine beschränkt verfügbare und teure Ressource ist, ist es sinnvoll, Algorithmen (oder die von ihnen erzeugten Lösungen) auch im Hinblick auf den Energieverbrauch zu analysieren. Um Googles ehemaligen CEO Eric Schmidt zu zitieren: *„Das wichtigste für die Computer-Designer bei Google ist nicht Geschwindigkeit, sondern ein niedriger Stromverbrauch, weil Datenzentren so viel Strom wie eine Stadt verbrauchen können.“*

In den vergangenen Jahren gab es eine Welle an Forschungsarbeiten zum Thema energieeffiziente Algorithmen, um diesem Ziel eines niedrigen Stromverbrauchs näher zu kommen. Das naheliegendste algorithmische Problem, bei dem Energie als Ressource betrachtet wird, ist die Energieverwaltung direkt auf der Prozessorebene. Fast alle modernen tragbaren Computer haben nämlich einen Prozessor, der mit einem Schlafzustand ausgestattet ist und dessen Geschwindigkeit skaliert werden kann. Angenommen man möchte eine Anzahl von Programmen auf einem solchen Computer ausführen, die jeweils innerhalb eines vorgegebenen Zeitrahmens bearbeitet werden müssen und eine



Ein Schedule

bestimmte Anzahl von CPU-Zyklen benötigen. Dann muss das Betriebssystem entscheiden, wann und mit welcher Geschwindigkeit jedes Programm bearbeitet werden soll, beziehungsweise wann der Prozessor in den Schlafzustand versetzt werden soll. Diese Entscheidungen können einen großen Einfluss auf den Energieverbrauch des Prozessors haben, und damit auch auf die Akkulaufzeit. Dabei ist es manchmal von Vorteil, den Prozessor schneller als nötig laufen zu lassen, um ihn anschließend für eine längere Zeit in den Schlafzustand versetzen zu können. Diese Technik wird auch *Race to Idle* genannt. Andererseits ist es auch nicht optimal, den Prozessor immer mit der höchstmöglichen Geschwindigkeit laufen zu lassen, um die Zeit im Schlafzustand zu maximieren (wie es häufig in der Praxis gemacht wird).

Zusammen mit Chien-Chung Huang haben wir einen Algorithmus für das oben genannte Problem entwickelt. Die von unserem Algorithmus produzierte Lösung kommt dem optimalen Energieverbrauch beweisbar beliebig nahe. Außerdem wird diese Lösung in Polynomialzeit bestimmt, was als effizient angesehen wird. Die Grundidee unseres Algorithmus ist es, jedes Programm in kleinere Unterprogramme aufzuteilen und Reihenfolgen zu bestimmen, in denen diese Unterprogramme potenziell bearbeitet werden können. Wir beweisen, dass eine dieser Reihenfolgen zu einer hinreichend guten Lösung führt, und dass die beste Reihenfolge mittels *dynamischer Programmierung* effizient bestimmt werden kann. Unser Ergebnis ist das bestmögliche unter allgemein anerkannten komplexitätstheoretischen Annahmen. :::

KONTAKT

Antonios Antoniadis
ABT. 1 **Algorithmen und Komplexität**
Telefon +49 681 9325-1025
Email aantonia@mpi-inf.mpg.de

Sebastian Ott
ABT. 1 **Algorithmen und Komplexität**
Telefon +49 681 9325-1029
Email ott@mpi-inf.mpg.de

Geometrisches Packen: Koffer und mehr

Jeder, der schon einmal in Urlaub gefahren ist, kennt folgendes Problem: Bevor die Reise losgehen kann, muss man zu Hause seinen Koffer packen, und möchte dabei oft viel mehr mitnehmen, als in diesen hineinpasst (von den Gewichtsbeschränkungen der Fluglinien ganz zu schweigen). Anstelle alles mitzunehmen, wählt man dann möglichst nützliche Gegenstände aus, die tatsächlich in den Koffer hineinpassen.

Probleme dieser Art treten in vielen verschiedenen Situationen auf, z. B. beim Beladen von LKWs, beim Platzieren von Werbebannern auf Webseiten, oder, mit weiteren Nebenbedingungen, beim Beschriften von Landkarten mit Städte- und Ländernamen, so dass diese sich nicht überlappen. Obwohl diese Probleme auf den ersten Blick sehr verschieden wirken, lassen sie sich alle abstrakt wie folgt beschreiben: Gegeben sind geometrische Objekte, und wir nehmen hier der Einfachheit halber an, dass es sich um (zweidimensionale) Rechtecke handelt. Unser Ziel ist es, möglichst viele von ihnen auszuwählen, und zwar so, dass wir sie in einem gegebenen Bereich (z. B. Koffer, Ladefläche eines LKWs, etc.) anordnen können, ohne dass sie sich überlappen. Bei Bedarf ordnen wir den Objekten noch verschiedene Wichtigkeiten zu, um zum Beispiel zu beschreiben, dass der Reisepass beim Kofferpacken wichtiger ist als das dritte Paar Schuhe. Der Vorteil einer solchen abstrakten Beschreibung ist, dass die Lösungen, die wir finden, für viele Anwendungen verwendet werden können, also nicht nur fürs Kofferpacken, sondern auch beim Beladen von LKWs etc.

Wie wählen wir nun in der obigen Problemstellung die wichtigsten Objekte aus, die gerade noch so in die gegebene Fläche hineinpassen? Bei Problemen dieser Art gibt es sehr viele mögliche Lösungen, viel zu viele als dass wir die beste Lösung einfach finden könnten, indem wir alle Möglichkeiten ausprobieren (Selbst für den schnellsten Computer der Welt!). Daher entwickeln wir Algorithmen, die zwar nicht unbedingt immer die bestmögliche Lösung finden,

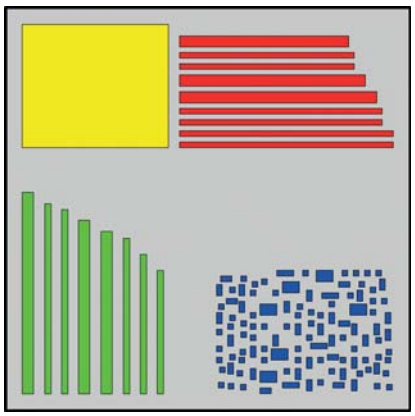


Abbildung 1: Die vier verschiedenen Typen der Rechtecke

dafür aber effizient sind und garantiert immer eine Lösung finden, die nicht zu weit vom Optimum abweicht (Approximationsalgorithmen).

Für das obige Problem machen wir das so: Ganz grob lassen sich die gegebenen Rechtecke einteilen in Rechtecke, die hoch und breit sind, Rechtecke, die hoch und schmal sind, Rechtecke, die breit und dünn sind, und schließlich in solche, die in beiden Dimensionen klein sind [siehe Abbildung 1]. Es stellt sich heraus, dass die ersten drei Gruppen die problematischen sind. Gäbe es nur Rechtecke von einer dieser Sorten, wäre das Problem viel einfacher. Insbesondere können die verschiedenen Rechteck-

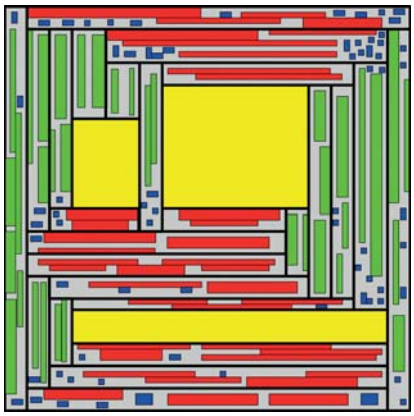


Abbildung 2: Die Einteilung der gegebenen Fläche in rechteckige Bereiche

typen in einer optimalen Lösung auf sehr komplizierte Art und Weise miteinander interagieren. Ganz grob beschrieben lösen wir dieses Problem nun, indem wir die gegebene Fläche in relativ wenige Bereiche unterteilen, in denen jeweils nur Rechtecke von einer dieser Gruppen platziert werden dürfen. Im zweiten Schritt verteilen wir die Rechtecke nun in diese Bereiche, so dass in jedem nur einer der genannten drei Rechtecktypen vorkommt. Mit mathematischen Methoden können wir nun beweisen, dass wir auf diese Weise immer eine Lösung finden, die höchstens marginal vom Optimum abweicht, und dass der gesamte Algorithmus (im theoretischen Sinne) effizient ist. :::

KONTAKT

Andreas Wiese
ABT. 1 **Algorithmen und Komplexität**
Telefon +49 681 9325-1015
Email awiese@mpi-inf.mpg.de

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 designet, 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. Alternativ oder zusätzlich werden Produkte anhand der hierarchischen Struktur des Zusammenbaus beschrieben.

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 CO_2-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. Zusätzlich wollen wir in der Lage sein, mathematisch präzise Analysen der Gesamtproduktstruktur zu berechnen. 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. Bei Regelsystemen, die insbesondere auch einen Prozess beschreiben, z.B. einen Herstellungs- oder Konfigurationsprozess, spielt zusätzlich Konfluenz des Regelsystems eine große Rolle: Unabhängig von der Reihenfolge der Regelanwendungen auf einen bestimmten Startzustand, ist das Ergebnis immer das gleiche.

Die aktuelle Forschung umfasst die Analyse vorliegender regelbasierter Systeme, die Entwicklung einer geeigneten formalen Sprache und den Ausbau automatischer Methoden zur Berechnung von Eigenschaften. Wir haben eine Formalisierung realisiert, die eine Verifikation eines regelbasierten Konfigurationssystems erlaubt, mit Betonung auf der Interaktivität eines solchen Systems: Kann es Entscheidungen des Nutzers geben, die zu Inkonsistenzen führen? Sie betrachtet im Kern die Variabilität in Form von Entscheidungen über Boolesche Werte (d. h. eine Variable im System kann mit den Werten „wahr“ oder „falsch“ belegt werden). Darauf basierend wurden Prozeduren implementiert, mit denen dann Eigenschaften eines regelbasierten Konfigurationssystems analysiert werden können. Eine erste Erweiterung des formalen Systems wurde zudem fertigestellt, in der zusätzlich die Variabilität in Form von Entscheidungen über Zahlenwerte berücksichtigt wird. :::

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

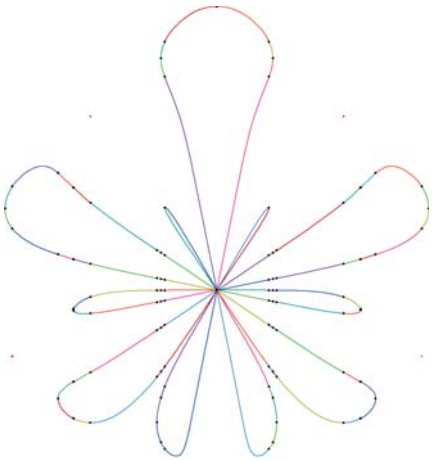
CGAL – exakte und effiziente geometrische Algorithmen

Die Softwarebibliothek CGAL (Computational Geometry Algorithms Library) stellt effiziente und zuverlässige geometrische Algorithmen und Datenstrukturen zur Verfügung. Unsere Abteilung ist aktives Mitglied bei der Entwicklung der Bibliothek seit ihren Anfängen in den späten 1990er Jahren. CGAL schließt die Lücke zwischen theoretischen Ergebnissen auf der einen Seite und Implementierungen, die in Wissenschaft sowie industrieller Praxis eingesetzt werden können. Die Philosophie der Bibliothek verlangt es, für jede mögliche Eingabe das korrekte Ergebnis zu berechnen, selbst wenn der Computer Rundungsfehler begeht. Dieses Ziel wird erreicht durch ein Design, das geometrische Konstruktionen und Prädikate von kombinatorischen Algorithmen und Datenstrukturen trennt. Naive geometrische Implementierungen führen aufgrund der hardwareseitigen Rundungsfehler in realen Anwendungen zu Abstürzen, Endlosschleifen oder schlichtweg falschen Ergebnissen. CGAL jedoch folgt dem „Exact Geometric Computation Paradigm“, dem Paradigma für exaktes geometrisches Rechnen, das korrekte Ergebnisse für beliebige Instanzen eines Problems garantiert, selbst wenn Degenerationen auftreten.

CGAL wird als Open-Source-Projekt von einer Gruppe von Forschungsinstituten in Europa und Israel und von GeometryFactory, einem Spin-off-Unternehmen, entwickelt. Letzeres offeriert auch Beratungsleistungen für industrielle Anwender. Geometrische Berechnungen treten in verschiedensten Bereichen auf: in geografischen Informationssystemen, in Empfehlungssystemen und bei der Planung drahtloser Kommunikation.

In der Gründungsphase von CGAL trug unsere Abteilung zum ersten geometrischen Kern bei und hat seitdem an der Entwicklung von Algorithmen zur Berechnung konvexer Hüllen und boolschen Operationen auf Nef Polyeder beigetragen. Die wichtigsten unserer jüngeren Beiträge zur Bibliothek bestehen aus Analysen von algebraischen Kurven und Oberflächen. Solche Berechnungen werden zum Beispiel in Bewegungsplanungen benötigt. Diese sind in Maschinenarithmetik aber sehr unzuverlässig. Der neueste Erfolg auf dem Gebiet der algebraischen Kurven setzt sich aus mehreren Bestandteilen zusammen: Durch Verwendung von theoretischen Ergebnissen aus der algebraischen Geometrie können wir es vermeiden, die Kurven in ein anderes Koordinatensystem zu übertragen und ersetzen gleichzeitig langsame symbolische Berechnungen auf Polynomen durch schnelle aber zertifizierte numerische Berechnungen. Darüber hinaus wurden die verbleibenden zeitfressenden polynomiellen Operationen auf der Grafikkarte implementiert, so dass diese bis zu 100 Mal schneller als bisher berechnet werden können.

Des Weiteren hat unsere Abteilung Beiträge zu kombinatorischen Strukturen in CGAL geleistet: In Zusammenarbeit mit der Gruppe von Dan Halperin an der Universität von Tel Aviv in Israel arbeiteten wir an Zerlegungen von parametrischen Flächen und erweiterten „Polykurven“, also Kurven die stückweise zusammengesetzt sind. Beide Ergebnisse sind Grundbausteine, die zum Beispiel beim 3D-Druck Anwendung finden.



Segmentierung einer algebraischen Kurve in x-monotone Teile und isolierte Punkte

Darüber hinaus braucht eine Bibliothek von der Größe CGALs ständige Pflege, sowie technische als auch personelle Ressourcen, um die Infrastruktur aufrechtzuerhalten: Quellcode-Verzeichnisse, Anpassungen an Multi-Core-Architekturen, Build-Systeme, Abhängigkeiten von externen Bibliotheken, Tests, Dokumentationen, Publikationen und auch Hilfestellungen in Mailinglisten und über die Website. All diese Aufgaben durchlaufen einen ständigen technologischen Fortschritt; dieser erleichtert aber schlussendlich die Integration neuer Entwickler und sorgt auch dafür, dass die Qualität der Bibliothek auf hohem industriellenNiveau bleibt. Detallierte Gutachten zu neuen Ergänzungen, im Stil von Zeitschrifteneinreichungen, sichern die Qualität der Bibliothek. Und schließlich verwenden wir CGAL auch in der Ausbildung von Studenten, lehren modernes Softwaredesign und präsentieren unsere Ergebnisse auf internationalen Konferenzen. :::

KONTAKT

Eric Berberich

ABT. 1 Algorithmen und Komplexität

Telefon +49 681 9325-1012

Email eric@mpi-inf.mpg.de

Internet http://www.cgal.org

Bessere Flachbildschirme dank diskreter Optimierung

Unser Ziel ist, den Stand der Bildschirmtechnik mit Hilfe diskreter Optimierung voranzubringen. Wir streben einen niedrigeren Energieverbrauch für Flachbildschirme der nächsten Generation durch die Reduzierung ihrer Adressierzeit an. Zu diesem Zweck nutzen wir eine Eigenschaft moderner Displays: die Pixel sind in einer Matrix angeordnet und werden durch jeweils einen Kontakt pro Zeile und einen pro Spalte angesteuert. Der Einfachheit halber stellen wir uns diese Kontakte als Schalter vor, so dass ein Pixel (i, j) genau dann leuchtet, wenn die Schalter für Zeile i und Spalte j geschlossen sind. Daraus folgt, dass nicht jedes beliebige Muster in einem Schritt dargestellt werden kann. Daher ist es notwendig, das Bild in mehrere Teilbilder zu zerlegen. Traditionell wird ein Bild Zeile für Zeile bei ausreichend hoher Bildrate angezeigt, so dass das Auge nur den Mittelwert wahrnimmt. Diese Methode wird als Einzeilenadressierung bezeichnet, da jedes Teilbild aus einer einzelnen Zeile besteht. Dies ist eine Hauptursache für übermäßigen Stromverbrauch, weil jeder Pixel nur für eine sehr kurze Zeit leuchtet und somit sehr hell sein muss, um eine ausreichende durchschnittliche Helligkeit zu erreichen. Es ist jedoch möglich, mehrere Zeilen auf einmal zu adressieren. Allerdings muss dazu ein diskretes Optimierungsproblem auf einem Treiberchip in Echtzeit gelöst werden. Durch den harten Wettbewerb auf dem Displaymarkt bedingen die Fertigungskosten sehr strenge Anforderungen an die verfügbare Chipfläche und somit auch an Rechenoperationen und Speicherbedarf. Deshalb haben wir einen voll-kombinatorischen Aproximationsalgorithmus für den praktisch relevanten Fall entwickelt, in dem die Pixel in aufeinanderfolgenden Zeilen gleichzeitig adressiert werden. Dies bedeutet, dass der Algorithmus nur Addition, Subtraktion und Vergleiche verwendet und sich somit kostengünstig in Hardware implementieren lässt. Trotzdem werden in Echtzeit Zerlegungen berechnet, deren Zielfunktionswert in der Praxis meistens weniger als ein Prozent vom Optimum entfernt ist.

Diese Erfindung wurde von uns erfolgreich patentiert. Sie wird zur Zeit von Dialog Semiconductor unter dem Namen SmartXtend vermarktet und ist in OLED-Displays von Futaba (früher TDK) verbaut. Dadurch wurden z. B. auch transparente und flexible Displays Realität. Mit dem Lenovo S800 [Abbildung 1], dem Explay Crystal und dem Nexian Glaze M9090 gibt es drei Mobiltelefone auf dem internationalen Markt, die unsere Technologie enthalten.

Abbildung 1: Lenovo S800

In einem Folgeprojekt, das von der Deutschen Forschungsgemeinschaft gefördert wird, dehnen wir unsere Forschung auf weitere Displaytechnologien aus. Unsere Arbeit wird in Geräten wie OLED-Displays, Plasma-Bildschirmen und E-Paper Anwendung finden.

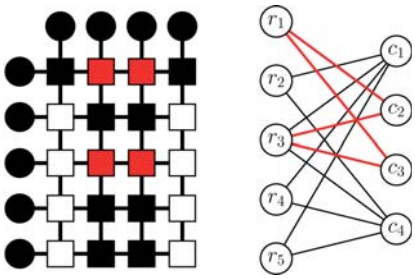


Abbildung 2: Repräsentierung einer Bildschirmmatrix durch einen bipartiten Graphen

Dazu entwickeln wir neue ausgeklügelte Steuerungsalgorithmen. Wir leisten damit einen Beitrag zur Theorie der Adressierung von Bildschirmen mit passiver Matrix, die zur Zeit ein profundes Verständnis der zugrunde liegenden algorithmischen Probleme vermissen lässt. Wir schließen eine Forschungslücke im Themengebiet der Approximationsalgorithmen für Bicliquenzerlegungsprobleme, die auch in anderen Anwendungen (wie z. B. Graphenzeichnen, EDV-Sicherheit und Genetik) vorkommen, die somit ebenfalls von der Grundlagenforschung in diesem Projekt profitieren. In der Tat sind wir vor Kurzem bereits einen großen Schritt weiter gekommen, in dem wir sehr scharfe untere und obere Schranken für Aproximationsfaktoren von Polynomialzeitalgorithmen für Bicliquenüberdeckung und Bicliquenpartitionierung gezeigt haben. :::

KONTAKT

Andreas Karrenbauer
ABT. 1 Algorithmen und Komplexität
Telefon +49 681 9325 1007
Email karrenba@mpi-inf.mpg.de

SOFTWARE

Informatik ist zum einen eine Grundlagenwissenschaft, die sich mit universellen Berechnungs- und Problemlösungsmethoden und deren fundamentalen Eigenschaften wie Korrektheit und Komplexität beschäftigt. Auf der anderen Seite besitzt sie aber auch den Charakter einer Ingenieurswissenschaft und lebt von den vielfältigen Berührungspunkten mit verschiedensten Anwendungen. Die Entwicklung von Software erfüllt in diesem Kontext mehrere Funktionen. Sie ist Grundlagenforschungsgegenstand, Resultat der Umsetzung neuer Ergebnisse der Grundlagenforschung sowie die ingenieurmäßige Realisierung einer Spezifikation zur Lösung eines konkreten Anwendungsproblems. Somit ist Software ein inhärenter Bestandteil und Bindeglied der Informatikforschung.

http://www.mpi-inf.mpg.de/software

AIDA

AIDA ist eine Methode und ein Online-Tool zur Ermittlung von Entitäten und zur Auflösung von Mehrdeutigkeiten. In einem natürlichsprachlichen Text oder einer Webtabelle werden Mehrdeutigkeiten von Namen aufgelöst, indem die Namen mit einer kanonischen Entitäten-Repräsentation einer Wissensbasis verknüpft werden.

CGAL

CGAL ist ein Softwareprojekt, das effiziente und zuverlässige geometrische Algorithmen und Datenstrukturen in Form einer C++-Bibliothek zur Verfügung stellt.

ClausIE

ClausIE ist ein System zur offenen Informationsextraktion. Mit Hilfe von ClausIE werden Beziehungen und ihre Argumente in natürlichsprachlichen Texten identifiziert und extrahiert.

EpiExplorer

EpiExplorer integriert Daten über verschiedene (epi-)genomische Markierungen von Genomsequenzen und ermöglicht ihre Untersuchung und Exploration über eine interaktive Schnittstelle.

FunSimMat

FunSimMat ist eine umfassende Datenbank über funktionelle Ähnlichkeiten zwischen Proteinen und Proteinfamilien und ein Werkzeug für einfache und schnelle Priorisierung von Krankheitsgenen.

Geno2Pheno

Mit Geno2Pheno lassen sich Arzneimittelresistenzen des HI-Virus und der Hepatitis B und C Viren anhand der viralen Genomsequenz vorhersagen.

LEDA

LEDA ist eine C++-Klassenbibliothek für effiziente Datenstrukturen und Algorithmen.

NEFI

NEFI ist ein erweiterbares Werkzeug zur Extraktion von Graphen aus Bildern von Netzwerken.

pfstools

Werkzeuge zum Lesen, Schreiben, Manipulieren und Anschauen von High-Dynamic-Range (HDR) Bildern und Videos.

RnBeads

RnBeads ist ein R-Paket zur umfassenden Analyse von DNS-Methylierungsdaten, die mit den heute gängigen experimentellen Protokollen erhoben werden.

SPASS | SPASS+T

SPASS ist ein automatischer Theorembeweiser. SPASS+T erweitert den Theorembeweiser SPASS um Theorieunterstützung.

Waldmeister

Waldmeister ist ein Theorembeweiser für Gleichungslogik.

YAGO

Yago ist eine riesige digitale Wissenssammlung mit über 900.000 Entitäten.

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.

IMPRS-CS

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 einen Promotionsfördervertrag. Außerdem helfen wir unseren Studierenden 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

Andrea Ruffing
IMPRS-CS
Telefon +49 681 9325-1801
Email aruffing@mpi-inf.mpg.de
Internet http://www.imprs-cs.de

ALUMNI

SUSANNE ALBERS

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotions-Studentin am MPI-INF von 1990 bis 1993**
- **Promotion 1993 am MPI-INF**
- **Senior Researcher am MPI-INF von 1993 bis 1999**
- **Heute: Professorin an der TU München**

Forschung

Meine Forschungsinteressen waren schon immer Algorithmen, mit einem Schwerpunkt auf Online- und Approximationsalgorithmen. Des Weiteren interessiere ich mich u.a. für algorithmische Spieltheorie und für die Entwicklung von Algorithmen.

Meine Zeit am MPI-INF

Ich fand es faszinierend in dem äußerst inspirierenden und lebendigen Forschungsumfeld des MPI-INF zu arbeiten. Es war sehr anregend mit meinen Kollegen zu diskutieren und zusammenzuarbeiten, zum Beispiel mit Naveen Garg, Torben Hagerup, Hans-Peter Lenhof, Stefano Leonardi, Peter Sanders sowie Stefan Schirra (und die Liste der Namen ist lange nicht vollständig). Mit vielen von ihnen habe ich heute noch engen Kontakt. Des Weiteren war es immer eine lehrreiche Erfahrung am berühmten Mittagsseminar teilzunehmen, bei dem Gruppenmitglieder und Gäste von ihrer neuesten Forschungsarbeit berichteten. Am Institut herrschte eine sehr offene und demokratische Atmosphäre. Jedes Gruppenmitglied erhielt die Möglichkeit seinen eigenen Forschungsinteressen nachzugehen und ein internationales Netzwerk an Kontakten aufzubauen. Es war auch spannend zu beobachten wie Kurt Mehlhorn und Harald Ganzinger das Institut in der Anfangszeit aufbauten. Vom allerersten Tag an war das MPI-INF eine erstklassige internationale Forschungseinrichtung.

Zusätzlich zu der wissenschaftlichen Arbeit gab es da auch noch die Freizeitaktivitäten. Am außergewöhnlichsten war der Kochkurs, den Wolfgang Paul, Professor an der Universität des Saarlandes, und Ingrid Finkler-Paul für die Mitglieder der Nachwuchsgruppe bei sich zuhause veranstalteten. Die Fotokopien der Rezepte habe ich heute noch. Im Allgemeinen sind die Mitglieder der Abteilung *„Algorithmen und Komplexität“* oft gemeinsam abends ausgegangen. Treffpunkt war meist das Stiefelbräu in der Nähe des St. Johanner Markts. Ich erinnere mich auch noch an tolle Abendessen mit Naveen Garg, Marina Papatriantafilou, Philippas Tsigas und Christos Zaroliagis. Alles in allem war meine Zeit am MPI-INF nicht nur eine wissenschaftliche Herausforderung, sondern hat auch unheimlich viel Spaß gemacht! :::

ANDRE ALTMANN

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotions-Student am MPI-INF von 2005 bis 2011**
- **Promotion 2011 at MPI-INF**
- **Heute: Senior Research Fellow am University College London, Großbritannien**

Forschung

Meine Forschung konzentriert sich auf das Kombinieren von High-Troughput-Sequenzierung mit Neuroimaging um die Krankheitsprozesse, die in Funktionsstörungen des Gehirns ablaufen, besser verstehen und nützliche Biomarker identifizieren zu können, und somit die rechnergestützte Diagnostik und Prognose von Funktionsstörungen des Gehirns zu ermöglichen.

Meine Zeit am MPI-INF

Ich habe mich der Gruppe *„Bioinformatik und Angewandte Algorithmik"* am Max-Planck-Institut für Informatik in Saarbrücken im November 2005 angeschlossen – direkt nach meinem Master-Abschluss (damals hieß es noch Diplom) in Informatik an der RWTH Aachen. Der Lehrplan an der RWTH verlangte, dass man Kurse in einem Anwendungsbereich besucht. Ich entschied mich für Biologie und die Kurse, die ich daraufhin besuchte, weckten mein Interesse für die Anwendung von rechnergestützten Ansätzen um in der Biologie – speziell in der Molekularbiologie – Probleme zu lösen und Fragestellungen zu beantworten.

Als ich dann an das MPI-INF kam, hatte ich das Glück an einem aufregenden Thema zu arbeiten, das über die rein biologischen Fragestellungen hinausging. Es befasste sich zusätzlich mit der Anwendung von rechnergestützten Ansätzen und Datamining um medizinische Entscheidungen zu unterstützen. Genauer gesagt entwickelten wir Berechnungsmodelle für die Optimierung von Medikamenten-Zusammenstellungen, welche Patienten verabreicht werden, die mit dem Humanen Immundefizienz-Virus (HIV) infiziert sind. Im Rahmen des Projekts hatte ich Kontakt mit einem interdisziplinären Team an Ärzten, Virologen, Biologen und Informatikern, die mir ein gutes Verständnis darüber vermittelten, wie Informatik eingesetzt werden kann um die Medizin voranzubringen.

Meine Zeit am MPI-INF war sehr aufregend und zählt immer noch zu meinen besten Forschungserfahrungen. Hier habe ich auch mein erstes Paper geschrieben und die Fähigkeiten erlernt, die man benötigt um qualitativ hochwertige Forschung zu betreiben. Das Wichtigste für mich ist, dass ich während meiner Zeit am MPI-INF viele tolle Leute kennengelernt habe, mit denen ich bis heute befreundet bin. :::

ALUMNI

JAN BAUMBACH

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotion 2008 an der Universität Bielefeld**
- **Senior Researcher am MPI-INF von 2010 bis 2012**
- **Heute: Professor an der University of Southern Denmark, Dänemark**

Forschung

Mein gegenwärtiger Forschungsschwerpunkt liegt bei der kombinierten Analyse von biologischen Netzwerken mit OMICS-Daten, der Modellierung von Genexpressionsabläufen sowie der Entdeckung von Biomarkern und Berechnungsmethoden für die personalisierte Medizin.

Meine Zeit am MPI-INF

Das MPI-INF hat nicht nur meine eigene Karriere erheblich angekurbelt. Es hat mir auch geholfen Pionierarbeit zu leisten im Bereich der Atemluftanalyse für die nichtinvasive biomedizinische Diagnostik von ausgeatmeten metabolomischen Proben. Des Weiteren hat das hohe Ansehen des Instituts dazu geführt, dass viele international renommierte Bioinformatiker hierher gekommen sind um an Vorträgen, Projekten und Symposien teilzunehmen. Etliche meiner derzeitigen Projekte bauen immer noch auf den Kollaborationen auf, die damals zu meiner Zeit in Saarbrücken initiiert wurden. Manche von ihnen sind treibende Kraft in ganzen Forschungsbereichen der Bioinformatik. :::

NIKO BEERENWINKEL

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotions-Student am MPI-INF von 2001 bis 2004**
- **Promotion 2004 am MPI-INF**
- **Heute: Professor at ETH Zürich, Schweiz**

Forschung

Meine derzeitige Forschungsarbeit befindet sich an der Schnittstelle von Mathematik, Statistik und Informatik mit der Biologie und Medizin, von den mathematischen Grundlagen biostatistischer Modelle bis hin zu klinischen Anwendungen.

Das Ziel unserer Forschung ist es die Entwicklung von medizinischen Eingriffen in komplexen und sich rasch entwickelnden Systemen zu unterstützen mittels der statistischen Modellierung von großen Mengen von molekularen Profiling-Daten, der Analyse biologischer Netzwerke und Vorhersage der Auswirkungen von Perturbationen, und der Entwicklung mathematischer Modelle der evolutionären Dynamik von Erreger- und Tumorzellenpopulationen.

Meine Zeit am MPI-INF

Nachdem ich 1999 mein Diplomstudium an der Universität Bonn mit meiner Diplomarbeit zum Thema algebraische Zahlentheorie unter Florian Pop abgeschlossen hatte, änderte sich meine anfängliche Einschätzung der Verbindung zwischen Biologie, Mathematik und Informatik grundlegend als ich mich Thomas Lengauers Forschungsgruppe an der GMD in St. Augustin anschloss. Bioinformatik – heute eine gut ausgebaute wissenschaftliche Disziplin, die ihre Wurzeln in der Informatik hat und für die Life Sciences von zentraler Bedeutung ist – war damals noch ein junges und weniger klar definiertes Fachgebiet. Mir wurde schnell bewusst, dass die Bioinformatik, auch Computational Biology genannt, ein faszinierendes und hochdynamisches Feld ist, voll mit unbeantworteten (und ungefragten) Fragen und zahlreichen Anwendungen, vor allem in den Bereichen Biologie und Medizin.

Als Thomas Lengauer im Jahr 2001 nach Saarbrücken ging, um dort am MPI für Informatik die Abteilung für *„Bioinformatik und Angewandte Algorithmik“* aufzubauen, hatte ich das Glück mich ihm als Doktorand anschließen zu können. An einem meiner ersten Tage in dem Gebäude, das früher als Stuhlsatzenhausweg 85 bekannt war, ging ich nach oben in den sechsten Stock um dort einen Drucker zu benutzen, da unserer im fünften Stock zu dem Zeitpunkt noch nicht installiert worden war. Am Drucker begegnete ich zufällig Harald Ganzinger, der mir ansah, dass ich hier neu war, sich vorstellte und sofort begann mich über meine Forschung auszufragen. Obwohl mich Harald überrumpelte, hinterließ dieses frühe Treffen bei mir einen bleibenden Eindruck, weil es ein Beweis war für die freundliche, bodenständige, offene und anregende Atmosphäre, die am MPI-INF herrschte, und die ich während meiner gesamten Zeit immer wieder zu spüren bekam und genoss. Die wissenschaftliche Exzellenz des Instituts betrachtete ich lange Zeit als selbstverständlich und lernte sie erst später wirklich zu schätzen. 2004 erhielt ich meinen Doktortitel in Informatik von der Universität des Saarlandes und bekam von der Max-Planck-Gesellschaft die Otto-Hahn-Medaille verliehen, nachdem Thomas Lengauer mich an das Fachgebiet der Bioinformatik herangeführt und mir die einmalige Gelegenheit geboten hatte an einem aufregenden Projekt zu arbeiten, das sich mit der Entwicklung von Arzneimittelresistenzen bei HIV-Erkrankungen befasste. :::

ALUMNI

BRUNO BLANCHET

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotion 2000 an der Ecole Polytechnique, Paris, Frankreich**
- **Unabhängiger Forschungsgruppenleiter am MPI-INF von 2001 bis 2004**
- **Heute: Senior Researcher bei INRIA Paris, Frankreich**

Forschung

Meine Forschung konzentriert sich auf die automatisierte Verifizierung von Sicherheitsprotokollen, sowohl in symbolischen als auch in rechnergestützten Modellen.

Meine Zeit am MPI-INF

Von 2001 bis 2004 leitete ich die Nachwuchsgruppe *„Static Analysis“* am Max-Planck-Institut für Informatik. Gleichzeitig forschte ich auch am CNRS als Mitglied der Gruppe *„Abstrakte Interpretation“* der École Normale Supérieure (ENS) in Paris. Jeden Monat verbrachte ich drei Wochen am MPI-INF und eine Woche an der ENS. Wissenschaftlich gesehen war das eine aufregende Zeit dank der Zusammenarbeit mit Forschern in Saarbrücken und Paris, und auch mit Martín Abadi (University of California, Santa Cruz) und Cédric Fournet (Microsoft Research, Cambridge). Was ich besonders schätzte, waren die hervorragenden Arbeitsbedingungen am MPI-INF. :::

KASIA BOZEK

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotions-Studentin am MPI-INF von 2007 bis 2011**
- **Promotion 2011 am MPI-INF**
- **Heute: Gruppenleiterin am Okinawa Institute of Science and Technology, Japan**

Forschung

Mein Forschungsgebiet ist Computational Biology. Meine Projekte lassen sich in drei Hauptbereiche gliedern: Metabolomik, HIV und die zirkadiane Uhr.

Bei allen diesen Projekten habe ich eine Reihe verschiedener Methoden angewandt, von komparativer Metabolomik/Erbgut/Genexpressionsanalyse über das Modellieren in der Strukturbiologie bis hin zu Methoden des maschinellen Lernens zum Zweck der Virusklassifizierung.

Meine Zeit am MPI-INF

Nachdem ich mein Master-Studium in Informatik an der Universität Warschau in Polen erfolgreich abgeschlossen hatte, wendete ich mich dem Bereich Computational Biology zu. Von 2007 bis 2011 war ich Doktorandin in der Abteilung *„Bioinformatik und Angewandte Algorithmik“* des MPI-INF. Mein Doktorvater war Professor Thomas Lengauer.

Meine Zeit am MPI-INF war großartig, denn das war die Zeit in der ich dieses neue und aufregende Forschungsgebiet entdeckte. Dank des anregenden und inspirierenden Umfelds innerhalb der Gruppe und des Instituts lernte ich wissenschaftlich zu arbeiten – kreativ zu sein, kritisch zu betrachten, und Lösungsansätze für ein vorgegebenes Problem zu bewerten. Das MPI-INF bot mir ein erfahrungsreiches und einmaliges Forschungsumfeld, in dem ich aufblühen und mich in meine gewünschte Richtung weiterentwickeln konnte.

Das resultierte nicht nur in einer hohen Anzahl von Publikationen, sondern öffnete auch viele Türen zu neuen Möglichkeiten. Nach dem MPI-INF zog ich nach Shanghai um dort eine Post-Doc-Stelle am CAS-MPG Partner Institute for Computational Biology anzutreten. Dort konnte ich dann viele der Fähigkeiten und Methoden anwenden, die ich am MPI-INF erlernt hatte. Jetzt ziehe ich nach Japan, um dort am Okinawa Institute of Science and Technology als Gruppenleiterin zu arbeiten.

Meine Zeit am MPI-INF werde ich bis ans Ende meiner beruflichen Karriere in bester Erinnerung behalten. Das war der Ort an dem meine wissenschaftliche Neugier erstmals geweckt wurde, und wo ich die Fähigkeiten und Hilfsmittel erlernte, die ich für den Rest meiner wissenschaftlichen und beruflichen Laufbahn anwenden werde. :::

ALUMNI

ELMAR EISEMANN

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotion 2008 an der Universität Grenoble und INRIA Rhône-Alpes, Frankreich**
- **Senior Researcher am MPI-INF von 2008 bis 2009**
- **Heute: Professor an der TU Delft, Niederlande**

Forschung

Meine Forschung befasst sich mit einer großen Bandbreite an Themen aus dem Bereich Computergrafik, vor allem mit Spieletechnologie, Rendering, Geometrieverarbeitung und Visualisierung.

Meine Zeit am MPI-INF

Nach meiner Doktorarbeit bewarb ich mich auf eine Stelle als Forschungsgruppenleiter am Cluster of Excellence MMCI der Universität des Saarlandes und des Max-Planck-Instituts für Informatik. Zunächst nahm ich bei der Eurographics Kontakt mit Hans-Peter Seidel auf und er lud mich daraufhin ein, meine Arbeit am MPI-INF vorzustellen. Beim Konferenzdinner kamen bereits die ersten MPI-INF-Studenten auf mich zu und so bekam ich einen ersten Eindruck von der fantastischen Atmosphäre und von dem Teamgeist, die hier herrschten. Dieser Eindruck bestätigte sich auch während meines ganzen Besuchs und nach dem herzlichen Empfang, der mir bereitet wurde, wusste ich sofort, dass Saarbrücken als nächster Schritt in meiner beruflichen Laufbahn die richtige Wahl sein würde.

Ich erinnere mich noch lebhaft an die seriöse aber stets positive Arbeitsatmosphäre, zusammen mit dem buchstäblichen Streben nach „Exzellenz“ und den vielfältigen Möglichkeiten zur Zusammenarbeit, die meinen Horizont eindeutig erweitert haben. Die vielen Veranstaltungen, die in Saarbrücken stattfanden, waren beeindruckend, und ich hatte auch die Gelegenheit an der Organisation der EGSR- und HPG-Konferenzen mitzuwirken, die im Jahr 2010 auf dem Campus ausgerichtet wurden.

Abgesehen von der Arbeit habe ich auch noch viele andere Aktivitäten von damals in bester Erinnerung. Zum Beispiel als wir direkt nach einer Deadline und 48 Stunden ohne Schlaf auf das Saarbrücker Oktoberfest gegangen sind, die Ausflüge zu Kletterparks oder als ich mit einer kleinen Gruppe den Kölner Karneval besucht habe. Dieses Erlebnis – zusammen mit der Tatsache, dass ich beim Cluster-Launch als Prinz verkleidet war – hat dazu geführt, dass auf meinen Türschild künftig „Prinz Elmar Eisemann“ zu lesen war.

Ich bin wirklich dankbar für die fantastische Zeit, die ich am MPI-INF verbracht habe, und die meinen weiteren beruflichen Werdegang stark beeinflusst hat. Es ist toll mit so vielen guten Kontakten von damals bis heute in Verbindung geblieben zu sein und ich möchte mich bei allen von Ihnen bedanken für ihre langjährige Unterstützung. Mögen die nächsten 25 Jahre (und noch viele weitere) genauso erfolgreich sein wie die ersten 25! :::

NAVEEN GARG

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotion 1994 am IIT Delhi, Indien**
- **Post-Doc am MPI-INF von 1994 bis 1997**
- **Heute: Professor am IIT Delhi, Indien**

Forschung

Meine Forschungsinteressen liegen in den Bereichen Design und Analyse von Algorithmen, Entwurf von Approximationsalgorithmen für NP-schwere Probleme, kombinatorische Optimierung und Graphentheorie.

Meine Zeit am MPI-INF

Ich kam im September 1994, nach meiner Promotion am IIT Delhi, als Post-Doc erstmals ans MPI-INF. Damals war das Institut noch in einem kleinen Gebäude nahe des Philosophen-Cafés untergebracht. Ich gebe zu, dass es mir ziemlich schwer fiel, mich an das graue Wetter in Saarbrücken zu gewöhnen, aber die Heiterkeit, Wärme und Kameradschaft meiner Kollegen am MPI-INF haben es möglich gemacht. Ich habe mehr als drei Jahre am MPI-INF verbracht und dort viele Freunde gefunden – Freunde, mit denen ich bis heute in Verbindung geblieben bin, und deren Freundschaft ich sehr wertschätze.

Es gab da einen besonderen Vorfall, der mir bis heute in Erinnerung geblieben ist und von dem ich oft erzähle. Es geschah an einem Tag im November 1996. Gegen Mittag hatte es angefangen zu schneien, und da es der erste Schneefall des Winters war, standen wir alle an unseren großen Bürofenstern und beobachteten mit Begeisterung wie sich draußen alles weiß färbte. Es war ein bezaubernder Anblick, aber irgendjemand schien beschlossen zu haben, dass es einfach nicht mehr aufhören sollte zu schneien. Nach acht Stunden lag so viel Schnee am Boden, dass alle Busse von der Straße schlitterten und an Fahren – ob mit Fahrrad oder Auto – nicht mehr zu denken war. Damals bin ich immer mit dem Fahrrad zum Institut gekommen und wohnte 7 km entfernt, am anderen Ende der Stadt, hoch oben auf einer Anhöhe namens Bellevue (nein, nicht im Gefängnis!). An dem Abend blieb mir keine andere Wahl als zu Fuß nach Hause zu gehen, wo ich erst nach über zwei Stunden ankam. Es war ein wunderschönes aber auch anstrengendes Erlebnis, das mir unvergessen bleibt.

Ich verließ Saarbrücken im Jahr 1997, um als Assistant Professor an das IIT Delhi zu wechseln, wo ich bis heute meiner Lehrtätigkeit nachgehe. Meine Verbindung zum MPI-INF ist über die Jahre jedoch immer enger geworden. Meine Gruppe, die sich am IIT Delhi auf Approximationsalgorithmen spezialisiert, war von 2005 bis 2010 Partnergruppe der MPG, und seit 2010 bin ich Co-Direktor des Indo-German Max Planck Center for Computer Sciences (IMPECS). Ich glaube bis auf wenige Ausnahmen habe ich seit meiner Abreise aus Saarbrücken das MPI-INF jeden Sommer besucht. Darunter waren auch zwei längere Aufenthalte: einmal im Jahr 2012 als Bessel-Preisträger, und einmal für mein Sabbatical von 2006 bis 2007. Zwar gab es über die Jahre einige Wechsel in der Belegschaft an Wissenschaftlern, die ich dort kennengelernt und mit denen ich zusammengearbeitet habe, doch das MPI-INF hat mich stets mit derselben Herzlichkeit und Hilfsbereitschaft empfangen wie eh und je.

Das MPI-INF feiert 25-jähriges Jubiläum. Viele von uns, die diese Hallen betreten haben, haben dieser großartigen Einrichtung viel zu verdanken, denn sie hat nicht nur unsere wissenschaftlichen Fähigkeiten geschärft, sondern uns auch viele neue Freundschaften und Erfahrungen beschert. Das Institut war und ist ein wichtiger Teil meines Lebens, und wie jeder um mich herum sagt: „mein zweites Zuhause“. :::

ALUMNI

RAMESH HARIHARAN

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **PhD 1994 am Courant Institute of Mathematical Sciences, New York, USA**
- **Post-Doc am MPI-INF von 1994 bis 1995**
- **Heute: Chief Technology Officer bei Strand Life Sciences Ltd, Bangalore, Indien**

Forschung

Meine Forschung konzentriert sich auf die Entwicklung und Analyse von Algorithmen mit beweisbaren Garantien. In letzter Zeit arbeite ich an Algorithmen für Graphen mit Zusammenhangsproblemen. Sowohl meine Doktorarbeit als auch einige meiner nachfolgenden Arbeiten befassten sich mit der Entwicklung von schnellen Pattern-Matching-Algorithmen für Stringmuster, zweidimensionale Muster und Baummuster.

Meine Zeit am MPI-INF

Auch 20 Jahre später denke ich immer wieder gerne an meine Zeit am MPI-INF zurück. Zu meinen lebhaftesten Erinnerungen zählen die dynamischen Diskussionen bei Vorträgen mit Kurt Mehlhorn, Naveen Garg, Sanjiv Mahajan, Torben Hagerup, Pierre Kelsen, Sunil Arya, Shiva Chaudhuri und anderen.

Weitere tolle Erlebnisse waren dabei zu sein als Sanjiv Mahajan wieder eine ausgefallene Idee hatte (zum Beispiel als er in Bars Lieder auf Hindi trällerte); mit Shiva Chaudhuri und Jesper Traff lange Strecken entlang der Saar zu laufen, gefolgt von meinem ersten Marathon in Berlin; mit dem immerlächelnden Pierre Kelsen Badminton zu spielen; mit Theresa Deutsch zu lernen; mit Andrea Esser Hermann Hesses „Siddharta“ auf Deutsch zu lesen; oder in der Zeit vor dem Schengener Abkommen an den wachsamen französischen Grenzposten vorbeizuschleichen, um im Einkaufszentrum auf der anderen Seite der Grenze einzukaufen. Das sind Bilder, die mir für immer unvergessen bleiben werden. :::

GEORGIANA IFRIM

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotions-Studentin am MPI-INF von 2005 bis 2008**
- **Promotion 2008 am MPI-INF**
- **Heute: Dozentin an der Universität Dublin, Irland**

Forschung

Meine Forschungsinteressen liegen hauptsächlich in den Bereichen maschinelles Lernen, Datamining und Informationsextraktion. Meine neueste Forschungsarbeit befasst sich mit dem Entwerfen von groß angelegten Echtzeit-Methoden des maschinellen Lernens für Datenströme von Nachrichtenanwendungen und sozialen Medien. Das Ziel ist es, neuartige Methoden zu entwickeln, um sowohl neue als auch klassische Anwendungen aus dem Bereich des digitalen Journalismus, wie etwa Social-Indexing und Story-Tracking, zu ermöglichen.

Meine Zeit am MPI-INF

Die Zeit am MPI-INF war wirklich etwas Besonderes, denn das Forschungsumfeld war sehr dynamisch und produktiv, und die vielen Nationalitäten, die innerhalb der Forschergemeinschaft am MPI-INF vertreten sind, waren eine kulturelle und soziale Bereicherung. Während meines fünfjährigen Aufenthalts am MPI-INF lernte ich Deutsch und schloss viele neue Freundschaften, ich beteiligte mich an den traditionellen Weihnachts- und Sommerausflügen und arbeitete sehr fleißig. Bei internationalen Konferenzen trug ich stolz mein Ansteckschild, das mich als Mitglied des Instituts auswies, und so wurde ich ein Teil der MPI-INF-Identität. Das MPI-INF schaffte die Grundlagen meiner wissenschaftlichen Laufbahn, aber auch meines Privatlebens, denn es bescherte mir einmalige Arbeits- und Lebenserfahrungen, einen Doktortitel, und meinen Lebenspartner. :::

ALUMNI

NICOLE MEGOW

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotion 2006 an der TU Berlin**
- **Post-Doc und Senior Researcher am MPI-INF von 2008 bis 2012**
- **Heute: Professorin an der TU München**

Forschung

Ich forsche auf dem Gebiet der diskreten Optimierung an der Schnittstelle von diskreter Mathematik, theoretischer Informatik und Operations Research. Ich beschäftige mich mit der Entwicklung und mathematischen Analyse von effizienten Algorithmen, vorrangig Approximationsalgorithmen, für kombinatorische Optimierungsprobleme wie sie beispielsweise in der Produktion, Logistik oder der Steuerung von Computersystemen entstehen.

Meine Zeit am MPI-INF

Das MPI-INF habe ich als Paradies zum Forschen in Erinnerung. Ich habe in Kurt Mehlhorns Gruppe eine großartige, produktive Post-Doc-Zeit verbracht, die mich und meine wissenschaftliche Laufbahn sehr geprägt hat. Am Institut treffen exzellente (Nachwuchs-)Wissenschaftler mit unterschiedlichen Forschungsschwerpunkten in einer sehr offenen und kommunikativen Umgebung aufeinander. Hinzu kommen die vielen Kurzzeit-Forschungsgäste aus aller Welt. Ich habe hier viele interessante Menschen kennengelernt und ein breites Forschungsnetzwerk geknüpft. Kurt, es war eine tolle Zeit! Darüber hinaus habe ich die großartige Unterstützung der Administration bei der Organisation von Veranstaltungen (z. B. der jährlichen Sommerschule ADFOCS und des MPG Career Development-Seminars) sehr genossen. Es macht alles so viel einfacher mit einem so engagierten, erfahrenen Team.

Insgesamt fühlte ich mich vom MPI-INF immer sehr unterstützt – und letztendlich von der gesamten Max-Planck-Gesellschaft. :::

SEBASTIAN MICHEL

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotionsstudent am MPI-INF von 2004 bis 2007**
- **Promotion 2007 am MPI-INF**
- **Senior Researcher am MPI-INF von 2009 bis 2014**
- **Heute: Professor an der TU Kaiserslautern**

Forschung

Meine Forschungsinteressen sind Datenbanken und (verteilte) Informationssysteme, speziell Top-k Query Processing, Event Detection, Query Processing über Datenströme und Multimedia Information Retrieval.

Meine Zeit am MPI-INF

Mein Informatikstudium habe ich an der Philipps-Universität Marburg begonnen und war dort insbesondere in der AG Datenbanksysteme unter Prof. Dr. Bernhard Seeger tätig. Zum Ende meiner Diplomarbeit, im Herbst 2003, hatte ich ein Gespräch mit Bernhard, der mir mitteilte, dass ein gewisser Gerhard Weikum demnächst eine Direktorenstelle am Max-Planck-Institut in Saarbrücken antritt und er dadurch voraussichtlich offene Doktorandenstellen hat. Es mag ein Klischee sein, aber ich bin in der Tat damals zurück an meinen Arbeitsplatz gegangen und habe im Internet nachgeschaut, wo Saarbrücken genau liegt. Bernhard hatte mittlerweile wohl Gerhard geschrieben, so dass dieser mich einige Tage später angeschrieben hat und mich zu einem Vorstellungsgespräch nach Saarbrücken eingeladen hat. Wo das liegt, wusste ich ja zumindest mittlerweile. Also ging es im September 2003 auf nach Saarbrücken zum Vorstellungsgespräch bei Gerhard, damals noch an der Universität des Saarlandes. Und – Überraschung – ich habe die Stelle bekommen, sonst könnten Sie das hier schließlich nicht lesen. Im März 2004 bin ich dann ans MPI-INF gekommen.

Ich hatte eine tolle Zeit am MPI-INF: nette Kolleginnen und Kollegen und einen außergewöhnlichen Doktorvater. Wir haben sehr erfolgreich publiziert, Studierende betreut und Seminare organisiert. Neben Gerhard hat mich insbesondere die Zusammenarbeit mit Prof. Dr. Peter Triantafillou geprägt. Peter kam für einen, ich glaube sechsmonatigen, Forschungsaufenthalt von der Universität Patras, Griechenland, ans MPI-INF – die Zusammenarbeit ging weit über diese sechs Monate hinaus. MPI-INF bedeutet für mich, neben herausragenden Forschungsmöglichkeiten, hohem Niveau und netten Leuten, vor allem „offene Türen“, im wortwörtlichen wie übertragenen Sinne. Als ich Juli 2007 dann mit summa cum laude meinen Doktortitel in der Hand hielt bin ich als PostDoc an die EPF Lausanne in die Arbeitsgruppe von Prof. Dr. Karl Aberer gewechselt und durfte dort Erfahrung in der Betreuung von Doktoranden, Lehre und Projektmanagement sammeln.

Ende 2008 wurde ich auf die Ausschreibung für Nachwuchsgruppenleiterpositionen am MMCI Exzellenzcluster der Universität des Saarlandes aufmerksam, auf die ich mich schließlich bewarb und eine der Stellen bekam, die ich im August 2009 antrat und auch direkt Senior Researcher am MPI-INF wurde. Ich habe die Freiheit am MMCI sehr genossen, profitierte zugleich aber auch von der Einbindung am MPI-INF, insbesondere erneut von der Zusammenarbeit mit Gerhard Weikum. Neu waren Personal- und Budgetverantwortung, Promotionsrecht sowie die Möglichkeit selbstständig Lehrveranstaltungen – bei einer sehr geringen ständigen Lehrverpflichtung – anbieten zu können.

Im März 2014 habe ich schließlich einen Ruf auf eine W3-Professur im Bereich Datenbanken und Informationssysteme an der Technischen Universität Kaiserslautern, als Nachfolger von Prof. Dr. Theo Härder, angenommen. Es ging also auf nach Rheinland-Pfalz. Ein befreundeter Kollege meinte, als er von meiner Berufung nach Kaiserslautern erfahren hat: *„An den so ähnlichen Dialekt haben Sie sich ja bereits gewöhnt!“* :::

ALUMNI

THOMAS NEUMANN

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotion 2005 an der Universität Mannheim**
- **Post-Doc und Senior Researcher am MPI-INF von 2005 bis 2010**
- **Heute: Professor an der TU München**

Forschung

Meine Forschungsinteressen sind die Bereiche Anfrageoptimierung, graphstrukturierte Datenbanken und verteilte Anfrageverarbeitung.

Meine Zeit am MPI-INF

Die Arbeit am Max-Planck-Institut für Informatik war sehr produktiv, die große, gemischte Gruppe und die offene Atmosphäre führten zu vielen gemeinsamen Arbeiten. Unter anderem entstand in Kooperation mit Gerhard Weikum das RDF-3X System für die effiziente Verarbeitung und Suche in graph-strukturierten RDF-Datenbasen. Dieses Projekt war sowohl für sich alleine sehr erfolgreich und international sichtbar, als auch ungemein nützlich für die Kooperation mit anderen Gruppenmitgliedern, die an Wissensextraktionsprojekten wie z. B. YAGO arbeiteten. Diese Breite der in der Gruppe abgedeckten Themenbereiche und die leichte Möglichkeit der Zusammenarbeit waren wesentliche Kennzeichen des MPI-INF und machten den Aufenthalt sehr angenehm und produktiv. :::

ANTTI OULASVIRTA

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotion 2006 an der Universität Helsinki, Finnland**
- **Senior Researcher am MPI-INF von 2011 bis 2014**
- **Heute: Professor an der Aalto University, Finnland**

Forschung

Meine Gruppe hat sich als Forschungsziel gesetzt die optimalen Zustände der Interaktion zwischen Mensch und Computer zu identifizieren und auszuschöpfen. Wir formulieren Interface-Design-Probleme als Optimierungsaufgaben, entwickeln prädiktive Interaktionsmodelle und setzen Berechnungsmethoden für Interface-Design um.

Meine Zeit am MPI-INF

Der Entschluss, an das MPI-INF zu wechseln war womöglich das größte Wagnis meiner Karriere. In Helsinki ließ ich eine erfolgreiche Forschungsgruppe zurück, die ich seit drei Jahren mitgeleitet hatte. Ich wusste nicht viel über das MPI-INF; nur, dass es im Bereich Informatik einen ausgezeichneten Ruf genoss, und dass Saarbrücken scheinbar ein nettes Städtchen mitten in Europa war. Mit meiner Spezialisierung in den Bereichen Kognitionswissenschaft, Neurowissenschaft und Informatik hatte ich das Gefühl, dass die Arbeit, die ich in Helsinki leitete, mein Fachgebiet intellektuell nicht voranbrachte. Meine Bewerbung auf eine Festanstellung in Helsinki wurde zweimal abgelehnt, genau wie die in Zürich, also begann ich ernsthaft über meine Optionen nachzudenken. Deswegen überzeugte ich meine Frau, eine Anästhesistin, und meine Tochter, damals 4 Jahre alt, mit mir umzuziehen – obwohl keiner von uns auch nur ein Wort Deutsch sprach! Wir verkauften unser wunderschönes Haus, packten unser Hab und Gut in einen Umzugslaster, und los ging's.

Bereits in den allerersten Tagen, die ich dort verbrachte – an einem leeren Schreibtisch in dem MPI-INF-Gebäude, das schon damals (und seit eh und je) überfüllt war – wurde mir bewusst wie ausgezeichnet und herausragend dieses Institut doch ist. Sämtliche Gruppenleiter und Professoren, die dort arbeiteten – darunter viele, mit denen ich später langfristig zusammenarbeiten würde – waren sehr ehrgeizige und brillante Wissenschaftler. Am MPI-INF herrschte nie eine „friss-oder-stirb"-Mentalität; stattdessen war die Atmosphäre stets von Kollegialität und Unterstützung geprägt. Ich brauchte ungefähr ein Jahr um mich „nach oben zu kalibrieren" und dasselbe Niveau zu erreichen. Mein besonderer Dank gilt Professor Hans-Peter Seidel, meinem Betreuer in der Abteilung 4. Obwohl mein Forschungsbereich nicht sein persönliches Fachgebiet war, haben sein Vertrauen in mich und seine Ratschläge zum Thema Führungsposition in der Forschung meine persönliche Entwicklung als Gruppenleiter maßgeblich gefördert. Am Anfang trafen wir uns jede Woche, später wurden die Abstände etwas größer. Ich weiß noch als ich einmal an seine Tür im zweiten Stock klopfte und ihn fragte: *„Hast Du eine Minute Zeit?"* Daraufhin antwortete er: *„Nein, habe ich nicht. Aber komm' trotzdem rein."* Unter seiner Führung fing ich an Doktoranden und Post-Docs zu rekrutieren und eine Gruppe aufzubauen. Wir schafften die Grundlagen für etwas, das mir später ein ERC Starting Grant einbrachte, und an dem ich bis heute arbeite.

Während meines Aufenthaltes am MPI-INF haben andere Gruppenleiter einen starken Einfluss auf mich gehabt, vor allem Dr. Tino Weinkauf, Prof. Christian Theobalt, Dr. Jürgen Steimle, Dr. Timo Kötzing und Dr. Andreas Karrenbauer. Unserer Familie ging es dort auch gut. Obwohl der Umzug in ein fremdes Land anfänglich mit Stress verbunden war, haben wir in der näheren Umgebung viele schöne Ausflugsziele entdeckt und konnten so mehr Zeit miteinander verbringen als damals in Finnland. Meine Tochter schloss später das erste Schuljahr an der Ost-Schule ab, und kommt jetzt auf die Deutsche Schule in Helsinki – die einzige deutschsprachige Schule in ganz Finnland. Und meine Frau beherrschte nach einer Weile gut genug Deutsch, um in einem Krankenhaus arbeiten zu können. Wenn ich jetzt auf die drei Jahre in Saarbrücken zurückblicke, dann weiß ich, dass sich das Wagnis gelohnt hat. :::

ALUMNI

KNUT REINERT

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotions-Student am MPI-INF von 1994 bis 1999**
- **Promotion 1999 am MPI-INF**
- **Heute: Professor an der FU Berlin**

Forschung

Das Ziel meiner Forschungsarbeit ist es translationale Forschung in den rechnergestützten Life Sciences zu ermöglichen indem die (Kommunikations-)Lücken zwischen theoretischen Algorithmikern, Statistikern, Programmierern und Anwendern in der Biomedizin geschlossen werden. Von besonderem Interesse ist dabei die Entwicklung von mathematischen Modellen und Algorithmen um lange Genomsequenzen zu analysieren, die Entwicklung von Algorithmen um aus Massenspektrometrie gewonnene Daten zu analysieren (z. B. um eine differentielle Expression von Proteinen zwischen normalen und „kranken" Proben festzustellen), und die Umsetzung von Methoden, die für Forscher im Labor oder in der Klinik von Nutzen sind.

Meine Zeit am MPI-INF

Da ich im Saarland geboren bin, war es für mich eine logische Entscheidung, in Saarbrücken Informatik zu studieren – damals (wie heute) eine der besten Adressen für dieses Fachgebiet in ganz Deutschland. Ich begann meine wissenschaftliche Laufbahn als Master-Student, und mir wurde relativ schnell klar, dass Kurt Mehlhorns Algorithmen-Gruppe meinen Interessen entsprach. Deswegen spezialisierte ich mich auf Algorithmen. Als ich dann anfing unter Michiel Smid meine Master-Arbeit zu schreiben, war das genau die Zeit, in der das MPI-INF gegründet und Kurt Mehlhorn zum Direktor ernannt wurde. Die Gruppe von Kurt Mehlhorn zog in denselben Behelfsbau, in dem ich zusammen mit anderen Master-Studenten – darunter Hannah Bast und Michael Seel – meine Master-Forschung betrieb (meine jetzige Frau habe ich übrigens in der Bibliothek des MPI-INF kennengelernt).

Während meiner Doktorandenzeit setzte ich mich mit verschiedenen Themenbereichen auseinander, und einer davon befasste sich mit den Problemen eines bis dato noch relativ neuen Fachgebiets, nämlich Computational Biology, damals unter der Leitung von Hans-Peter Lenhof. Die Probleme, die bei der Arbeit mit biologischen Daten auftreten können, faszinierten mich, und so beschloss ich mich diesem Feld zu widmen. Im Rahmen meiner Recherche arbeitete ich mit internationalen Partnern zusammen, genauer gesagt mit Gene Myers und seinem Doktoranden John Kececioglu, die später einen erheblichen Einfluss auf meinen weiteren beruflichen Werdegang haben würden. :::

MARCUS ROHRBACH

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotions-Student am MPI-INF von 2010 bis 2014**
- **Promotion 2014 am MPI-INF**
- **Heute: Post-Doc an der Universität Berkeley, USA**

Forschung

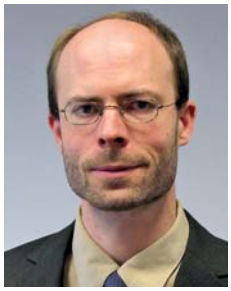
Meine Forschungsinteressen sind Computer Vision, Computerlinguistik und maschinelles Lernen.

Meine Zeit am MPI-INF

Auch wenn das Fundament schon vorher gelegt wurde, war mein PhD am MPI-INF eine Art Grundsteinlegung für mindestens drei Dinge. Erstens war es nicht nur für mich ein Neuanfang in Saarbrücken nach meinem Master in Darmstadt, sondern auch für die Computer Vision and Multimodal Computing Abteilung oder „D2“, wie wir intern oft sagen. Betreut von Direktor Bernt Schiele war ich als einer der ersten Doktoranden und Gruppen-Admin beim Aufbau eingebunden. Zweitens war mein PhD ein Grundstein für die berufliche und wissenschaftliche Zukunft, wie zur Zeit für meine Tätigkeit als PostDoc an der UC Berkeley. Und drittens habe ich am MPI-INF meine jetzige Frau, Anna Rohrbach, kennengelernt, ein wichtiger Grundstein für mein Leben.

Es macht immer wieder Spaß Bernt und seine Gruppe zu besuchen, zu kollaborieren und an den Retreats teilzunehmen. :::

ALUMNI



BODO ROSENHAHN

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotion 2003 an der Christian-Albrechts Universität Kiel**
- **Senior Researcher am MPI-INF von 2005 bis 2008**
- **Heute: Professor an der Leibniz Universität Hannover**

Forschung

Meine Forschung befasst sich mit automatisierter Bildauswertung, von der klassischen Computer-Vision bis hin zur Verarbeitung von optischen Signalen und zur biomedizinischen Bildanalyse.

Meine Zeit am MPI-INF

Wenn ich zurückblicke auf die Zeit, die ich am MPI-INF verbracht habe, bin ich zutiefst dankbar dafür, ein Teil davon gewesen zu sein. Mein herzlichster Dank gilt allen Mitgliedern der Abteilung 4, die mich in Saarbrücken begleitet haben. Das Institut ist eine einmalige und aufgeschlossene Forschungseinrichtung, wie ich es noch nie woanders erlebt habe, und das perfekte Sprungbrett für junge Forscher. Am Tag meiner Ankunft hatte ich ein Treffen mit meinem Betreuer, Hans-Peter Seidel. Er sagte mir, ich solle sofort anfangen, mich anderswo zu bewerben, und ich dachte mir: *„Wow! Ich habe hier noch nicht mal angefangen, und schon will er mich wieder loswerden!“* Im zweiten Satz versicherte er mir, dass ich mir um meinen Posten keine Sorgen machen brauche, solange meine Forschung Fortschritte erzielt. Und dann wurde mir klar: Hier will ich sein. :::

PETER SANDERS

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotion 1996 an der Universität Karlsruhe**
- **Post-Doc und Senior Researcher am MPI-INF von 1997 bis 2004**
- **Heute: Professor an der Universität Karlsruhe**

Forschung

Ich beschäftige mich mit der Entwicklung, Umsetzung und Analyse von effizienten Algorithmen, wobei die Analyse sowohl theoretischer als auch experimenteller Natur sein kann. Zu den Themenbereichen, mit denen ich oft in Berührung komme, zählen parallele Verarbeitung und Kommunikation in Netzwerken, das Lösen von Problemen mit „unregelmäßigen" Strukturen, randomisierte Algorithmen, Speicherhierarchien (Festplatten, Caches) und realistische Modelle für Probleme und Maschinen.

Meine Zeit am MPI-INF

Meine Zeit am MPI-INF war ausschlaggebend für meine Karriere. Vom ersten Tag an wurde ich in das äußerst internationale Team integriert und konnte in verschiedenen Themenbereichen mit Studenten, Post-Docs und Senior Researchern zusammenarbeiten. Mit Dagstuhl in der Nähe hätte man fast meinen können, dass Reisen überhaupt nicht notwendig seien, weil die Koryphäen dieses Fachgebiets sowieso alle irgendwann vorbeikommen. Insbesondere ist Saarbrücken einer der besten Orte an dem man sein kann, wenn man sich mit Graphalgorithmen, Algorithmen für Speicherhierarchien oder Algorithm Engineering befassen will. Für mich erlangten diese Bereiche eine bleibende und wichtige Bedeutung.

Ein weiterer interessanter Aspekt des MPI-INF ist die enge Zusammenarbeit zwischen dem Institut und der Universität. Auch ohne verbindliche Lehrverpflichtung hat man die Möglichkeit Lehrerfahrung zu sammeln. :::

ALUMNI

HOLGER THEISEL

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotion 1996 an der Universität Rostock**
- **Post-Doc am MPI-INF von 2002 bis 2005**
- **Forschungsgruppenleiter am MPC-VCC von 2005 bis 2006**
- **Heute: Professor an der Universität Magdeburg**

Forschung

Meine Forschungsarbeit konzentriert sich auf diverse Aspekte und Unterbereiche der Visualisierung, nämlich Strömungsvisualisierung, Informationsvisualisierung, Visual Analytics, Volumenvisualisierung und Tensorvisualisierung.

Des Weiteren befasse ich mich mit Computergrafik, vor allem in den Bereichen Geometrieverarbeitung und computergestütztes geometrisches Design.

Meine Zeit am MPI-INF

Als ich im Jahr 2002 an das MPI für Informatik kam, war das für mich eine große Chance. Ich war mir damals, ehrlich gesagt, noch relativ unsicher, was meine eigenen Fähigkeiten als Wissenschaftler und meine Karrierechancen anbelangte. Das änderte sich schlagartig als ich begann, mit der Computergrafik-Gruppe des MPI-INF zu arbeiten. Dieses hochmotivierende und inspirierende Umfeld hat mir sehr dabei geholfen, zu erkennen, was ich erreichen möchte und wozu ich fähig bin.

Ich erinnere mich noch an die langen Nächte vor Deadlines, als alle hart arbeiteten und sich gegenseitig halfen, die Forschungsergebnisse zu finalisieren. Ich erinnere mich auch an die netten sozialen Aspekte, sowohl am MPI-INF als auch bei mehreren Konferenzen, an denen ich mit Kollegen vom MPI-INF teilnahm. Ich bin und bleibe dem MPI-INF (vor allem Hans-Peter Seidel) dankbar für diese Chance, die ich bekam; denn damals wusste ich noch überhaupt nicht, welchen Weg ich einschlagen würde. Es erfüllt mich mit Stolz und Freude ein Alumnus des Max-Planck-Instituts für Informatik zu sein. :::

CHRISTIAN WOJEK

Wissenschaftlicher Lebenslauf

- **Promotion 2010 an der TU Darmstadt**
- **Post-Doc am MPI-INF von 2010 bis 2011**
- **Heute: Computer Vision Senior Scientist bei Carl Zeiss Corporate Research, Jena**

Forschung

Meine Forschung befasst sich derzeit mit der robusten und verlässlichen, praktischen Anwendung von Computer-Vision-Methoden im biomedizinischen Bereich (Mikroskopie, Augenheilkunde) und in der Industrie. Speziell konzentriere ich mich auf multimodale Registrierung, multimodale Segmentierung und auf die Erkennung von Anomalien und Ereignissen.

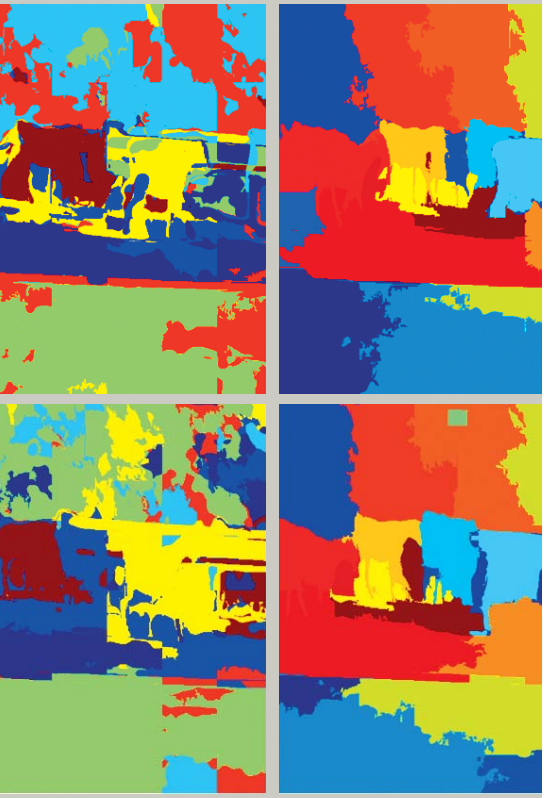
Meine Zeit am MPI-INF

Ich habe meine Zeit am MPI-INF genossen, vor allem wegen des erstklassigen Forschungsumfelds. Obwohl ich damals einer der ersten Mitglieder der Abteilung von Bernt Schiele war, konnte ich dank der großartigen Unterstützung der IT-Abteilung des Instituts meine Forschungsarbeit von Anfang an produktiv betreiben. Ich erinnere mich auch noch an zahlreiche konstruktive Gespräche – vor allem auf den Gruppen-Retreats, während den Freitag-Meetings und kurz vor Deadlines – die meinen Aufenthalt am MPI-INF zu einem inspirierenden und vergnüglichen Erlebnis machten. :::

AKTUELLES

Der aktuelle Teil des Berichtes beinhaltet einen Überblick über wichtige Ereignisse der letzten beiden Jahre: geleistete Nachwuchsarbeit, Berufungen und Ehrungen von Wissenschaftlern, gewonnene Stipendien und erfolgreiche Kooperationen sowie wichtige Ereignisse rund um das Max-Planck-Institut für Informatik. Dazu zählen beispielsweise wissenschaftliche Konferenzen, die Begehung durch den Fachbeirat, der Besuch des Kuratoriums, der Start der neuen Webseite sowie die Eröffnung des neuen Gebäudes des Max-Planck-Instituts für Softwaresysteme in Kaiserslautern.

BEITRÄGE



Preise, Ehrungen, Auszeichnungen . . . 126

Personalien . . . 130

Stipendien . . . 131

Außerakademische Aktivitäten / Patente . . . 132

Kooperationen . . . 133

CeBIT 2013/2014 . . . 134

IOI-Training 2014/2015 . . . 135

ADFOCS 2013 und 2014 . . . 136

Forschungstage Informatik . . . 137

Eröffnung neues Gebäude MPI-SWS in Kaiserslautern . . . 138

Kuratoriumssitzung . . . 139

Fachbeiratsbegehung 2015 . . . 140

Besuch der indischen Botschafterin
und des indischen Generalkonsuls . . . 141

Industriemesse . . . 141

Wissenschaftsausstellung in Saarbrücken . . . 142

Start der neuen Webseite . . . 142

Sommerfest der IMPRS-CS . . . 143

Firmenlauf Saarland . . . 143

Preise, Ehrungen, Auszeichnungen

Erasmusmedaille

Die Academia Europaea hat Professor **Kurt Mehlhorn** mit ihrer höchsten Auszeichnung, der Erasmus Medaille für das Jahr 2014, bedacht.

Diese jährlich vergebene Ehrung bescheinigt den Preisträgern andauernde international beachtete Wissenschaftsleistungen auf höchstem Niveau und Anerkennung durch Fachkollegen. In der Laudatio wurde die zentrale Rolle der Algorithmen innerhalb jedes Computersystems betont und Kurt Mehlhorn als Europas *„Mr. Algorithm"* gepriesen. Er ist unter den 24 Preisträgern der neunte Naturwissenschaftler, der vierte Deutsche und der erste Informatiker überhaupt. :::

Ehrendoktor der Universität Göteborg für Kurt Mehlhorn

GÖTEBORGS UNIVERSITET

Ein Ehrendoktor ist eine ehrenhalber verliehene Auszeichnung einer Universität oder Fakultät, die für besondere akademische oder wissenschaftliche Verdienste verliehen wird. Im Kontrast zur regulären Promotion ist der Dr. h.c. kein akademischer Grad für eine konkrete wissenschaftliche Arbeit, sondern Ausdruck von besonderer Wertschätzung.

Kurt Mehlhorn, in langjähriger Zusammenarbeit der Universität Göteborg verbundener Gründungsdirektor des MPI-INF, ist von dieser zum doctor honoris causa ausgezeichnet worden. In der Laudatio wurden seine grundlegenden Beiträge zu vielfältigen Bereichen der Informatik gleichberechtigt mit seiner Hingabe als Hochschullehrer gewürdigt. :::

Als Zeichen der Ehrendoktorwürde wird Kurt Mehlhorn vom Dekan der Fakultät mit Lorbeer bekränzt.

Hector Wissenschaftspreis für Thomas Lengauer

Hector Stiftung II

Professor Thomas Lengauer, Direktor am Max-Planck-Institut für Informatik wurde 2015 mit dem Hector Wissenschaftspreis ausgezeichnet. Die Hector Stiftung II würdigt damit seine Leistungen auf dem Gebiet der Bioinformatik und sein Engagement in der Hochschullehre. Der Preis wird jährlich an herausragende Forscher deutscher Universitäten vergeben und ist mit je 150.000 Euro dotiert. Zu dem Preis gehört auch die Ernennung zum Fellow der Hector Fellow Academy, die interdisziplinäre Projekte und akademische Netzwerke fördert. :::

Preise, Ehrungen, Auszeichnungen

Heinz Maier-Leibnitz-Preis

Die DFG vergibt den Heinz Maier-Leibnitz-Preis an Nachwuchswissenschaftlerinnen und -wissenschaftler in Anerkennung für herausragende Leistungen. Er soll die Preisträgerinnen und -träger darin unterstützen, ihre wissenschaftliche Laufbahn weiterzuverfolgen. Der Preis ist aber nicht als Würdigung der Dissertation allein zu verstehen; vielmehr haben die Preisträgerinnen und -träger nach der Promotion bereits ein eigenständiges wissenschaftliches Profil entwickelt.

Nicole Megow, ABT. 1, erhielt die Auszeichnung 2013 als eine von insgesamt zehn Preisträgern. :::

Elisabeth Schiemann Kolleg

Im Elisabeth-Schiemann-Kolleg unterstützen wissenschaftliche Mitglieder der Max-Planck-Gesellschaft hervorragende junge Wissenschaftlerinnen nach der Postdoc-Phase auf ihrem Weg zu einer Lebenszeitprofessur oder Direktorinnenstelle an Forschungseinrichtungen.

Das Schiemann-Kolleg fördert solche Aktivitäten seiner Kollegiatinnen, die dazu dienen, sich erfolgreich in der Wissenschaft zu etablieren. Zugleich bietet das Kolleg aber auch ein interdisziplinäres Forum, in dem der fachübergreifende wissenschaftliche Austausch gepflegt wird. Die Unterstützung ist dabei ideeller Natur und beinhaltet keine finanzielle Förderung.

In diese 2013 zum ersten mal aufgelegte Förderstruktur wurde **Nicole Megow**, aus der Abteilung von Kurt Mehlhorn, zusammen mit vier weiteren jungen Wissenschaftlerinnen aufgenommen. :::

Lise-Meitner-Preis

Der Lise-Meitner-Preis, vom MPI-INF an Nachwuchswissenschaftlerinnen im Bereich Informatik verliehen, wurde im Jahr 2014 **Zeynep Akata**, INRIA Rhone-Alpes in Grenoble, zugesprochen. Mit dem Preis verbunden ist ein Forschungsaufenthalt am MPI-INF mit eigenem Sachetat. Für zwei Jahre wird sie in der Arbeitsgruppe von Professor Bernt Schiele zu *„Zero-shot and Few-shots Learning Methods for Large-scale and Fine-grained Image Classification“* forschen.
[http://www.mpi-inf.mpg.de/news/employment/lise-meitner-award-fellowship/] :::

Chinese Government Award

Mit dem „Chinese Government Award for Outstanding Students Abroad“ zeichnet die chinesische Regierung Studenten der Volksrepublik China aus, die mit besonders großem Erfolg im Ausland studieren. Die chinesische Regierung würdigt das Engagement der Studenten und möchte damit deren Heimatbindung stärken. **Chenglei Wu**, Doktorand in der ABT. 4 bei Professor Theobalt, wurde dieser Preis 2014 verliehen. :::

CREST International Research Grant

Die japanische Institution zur Förderung der Wissenschaften, JST, vergibt im Rahmen des Core Research for Evolutionary Science and Technology (CREST) Wissenschaftspreise für Teams von Wissenschaftlern. Ziel dieser Wissenschaftspreise ist die Förderung von revolutionär neuen Ideen in Wissenschaft und Technik, von denen man sich neue Forschungsfelder erhofft. **Andreas Bulling**, ABT. 2, wurde 2014 mit diesem Preis bedacht. :::

Otto-Hahn-Medaille

Die Max-Planck-Gesellschaft vergibt diese Ehrung an junge Wissenschaftler für herausragende Erkenntnisse innerhalb der Promotion.

Carola Doerr, bis 2013 Postdoktorandin in der Abteilung von Kurt Mehlhorn, erhielt die Medaille 2013. Sie bekam die Auszeichnung für ihre Dissertationsschrift *„Toward a Complexity Theory for Randomized Search Heuristics: Black-Box Models“*, für die sie im Jahr 2011 an der Universität des Saarlandes promoviert wurde.

Ndapandula Nakashole forschte von 2009 bis 2013 in der Abteilung von Professor Gerhard Weikum, wo sie 2012 promoviert wurde. Für ihre Dissertation *„Automatic Extraction of Facts, Relations, and Entities for Web-scale Knowledge Base Population“*, die die Gutachter mit summa cum laude bewerteten, wurde sie im Jahr 2014 mit der Otto-Hahn-Medaille ausgezeichnet. :::

Eurographics Young Researcher Award

Die Europäische Gesellschaft für Computergrafik vergibt jährlich zwei Preise an junge Forscher, die schon substantielle Beiträge geliefert haben und von denen man sich auch weiterhin Bedeutendes erhofft. Ziel dieses Preises ist es, die Sichtbarkeit der Preisträger zu erhöhen. Für das Jahr 2014 nominierte die Eurographics **Tobias Ritschel,** ABT. 4, als einen der Preisträger. :::

Preise, Ehrungen, Auszeichnungen

NATIONAL ACADEMY OF ENGINEERING

Professor Kurt Mehlhorn, Gründungsdirektor des Max-Planck-Instituts für Informatik und Leiter der Abteilung 1 *„Algorithmen und Komplexität“*, wurde 2014 von der US-amerikanischen National Academy of Engineering als *Foreign Associate* in die Sektion Computerwissenschaften aufgenommen. Die Aufnahme erfolgt durch Beschluss der Mitglieder und wird Personen zugedacht, die Herausragendes geleistet haben. Im Bereich Ingenieurswesen ist diese Akademie-Mitgliedschaft eine der höchsten Auszeichnungen und wird häufig als Ehrung für ein Lebenswerk zuteil. :::

Khwarizmi International Award

Khwarizmi International Award

Die Iranische Wissenschaftsorganisation IROST (Iranian Research Organization for Science and Technology) vergibt seit 1987 jährlich den Khwarizmi International Award an Personen, die Herausragendes in Wissenschaft und Technik, vorzugsweise im Bereich digitaler oder mechanischer Entwicklungen, geleistet haben. Seit 1991 kann der Preis auch ausländischen Forschern zugesprochen werden. Der Preis wird in Erinnerung an den berühmten iranischen mittelalterlichen Universalgelehrten Abu Jafar Mohammad Ibn Mousa Khwarizmi vergeben, aus dessen Namen der Begriff Algorithmus abgeleitet wurde und durch dessen Wirken die indische Mathematik und die Verwendung der Zahl Null in der westlichen Welt bekannt wurde. **Kurt Mehlhorn** wurde für das Jahr 2013 mit der höchsten Kategorie dieses Preises ausgezeichnet. :::

Zwei Preise für „The Captury“

Das Start-Up *„The Captury“*, von drei Forschern der Arbeitsgruppe von Professor Christian Theobalt gegründet, wurde mit insgesamt zwei Preisen bedacht:
Im *„Gründerwettbewerb – IKT Innovativ“* errangen „The Captury“ 2013 einen Hauptpreis. In diesem Wettbewerb werden bundesweit innovative Unternehmensgründungen im Bereich der Informations- und Kommunikationstechnologien (IKT) durch das Bundesministerium für Wirtschaft und Energie (BMWi) prämiert.
„1,2,3,GO“ ist der Wettbewerb um den besten Businessplan in der Großregion Saar-Lor-Lux-Trier-Wallonie und wird von der Gemeinschaft der Industrie- und Handelskammern der Großregion vergeben. :::

the captury

Dr.-Eduard-Martin-Preis

Mahmoud Fouz, Doktorand von Benjamin Doerr, ABT. 1, wurde für seine exzellente Dissertation *„Randomized Rumor Spreading in Social Networks & Complete Graphs“* der Dr.-Eduard-Martin-Preis 2013 verliehen. Der Preis wird von der Universität des Saarlandes vergeben und trägt den Namen des langjährigen Präsidenten der Vereinigung der Freunde der Universität des Saarlandes. Jährlich geht der Preis an die besten Nachwuchswissenschaftler der Universität des Saarlandes. :::

LICS Test-of-Time Award

Vom Symposium *„Logic in Computerscience“* der Association for Computing Machinery wird jährlich ein Preis für Veröffentlichungen vergeben, die 20 Jahre zuvor publiziert wurden und seitdem kontinuierlich merklichen Einfluss auf das Gebiet der automatisierten Logik hatten. Dieser Preis unterscheidet sich insofern von anderen Preisen für Veröffentlichungen, als er den nachgewiesenen Einfluss eines zurückliegenden *Papers* repräsentiert. **Uwe Waldmann** wurde für das Jahr 2013 für einen dieser Preise ausgewählt. :::

Preise, Ehrungen, Auszeichnungen

ERC Grant

Der Europäische Forschungsrat vergibt regelmäßig sogenannte ERC Grants. Diese auf EU Ebene höchste Forschungsförderung bringt nicht nur umfangreiche finanzielle Unterstützung, sondern auch erhebliches Prestige für die jeweiligen Gewinner, die aus einem strengen Auswahlverfahren als Preisträger hervorgehen.

Mit diesem Förderprogramm sollen Forschungsvorhaben der sogenannten *Frontier Research*, also hochriskante Forschung an der Grenze des aktuellen Wissens, unterstützt werden.

Wissenschaftler des MPI für Informatik konnten im Berichtszeitraum zwei dieser stark umkämpften Preise erringen, einen *Starting Grant* für Wissenschaftler am Beginn ihrer Karriere, die ein neues Wissensgebiet erforschen wollen, und einen *Synergy Grant*, die finanziell am besten ausgestattete Variante des Preises für Forschungskollektive.

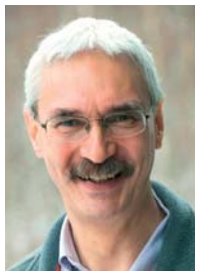
European Research Council

Established by the European Commission

ERC Starting Grant

Professor Christian Theobalt, ABT. 4, hat einen der begehrten Preise des Europäischen Forschungsrates gewonnen. In seinem Forschungsvorhaben *„CapReal – Performance Capture of the Real World in Motion“* möchte er neue effiziente Möglichkeiten entwickeln, in Bewegtbildern, die in natürlichen Umgebung-en aufgenommen wurden, automatisch Menschen in ihren Bewegungen zu detektiert und dreidimensional zu beschreiben. Das ERC bewilligte ihm dafür über einen Zeitraum von fünf Jahren die Gesamtsumme von 1,48 Millionen Euro.

ERC Synergy Grant



Prof. Gerhard Weikum

Prof. Michael Backes

Prof. Peter Druschel

Prof. Rupak Majumdar

Prof. Gerhard Weikum hat zusammen mit drei Kollegen, **Prof. Michael Backes** (Universität des Saarlandes und Max-Planck-Fellow), **Prof. Peter Druschel** und **Prof. Rupak Majumdar** (beide Max-Planck-Institut für Softwaresysteme) den höchstdotierten Preis des Europäischen Forschungsrates gewonnen. Das Antragsteam setzte sich dabei mit einem von lediglich 13 erfolgreichen Vorhaben bei insgesamt knapp 450 Anträgen im Jahr 2013 durch.

Für ihr Projekt *imPACT* erhalten sie rund zehn Millionen Euro, um zu erforschen, wie man im Internet Anwender gegen Ausspähung und Betrug schützen und Täter entlarven kann, ohne dabei den Handel, die freie Meinungsäußerung sowie den Zugang zu Informationen im Internet einzuschränken. *imPACT* steht als Akronym für *„Privacy, Accountability, Compliance, and Trust in Tomorrow's Internet“*. [www.impact-erc.eu/] :::

Personalien

Neue Senior Researcher 2013/14

Senior Researcher werden durch einstimmigen Beschluss der Direktoren des Max-Planck-Instituts für Informatik ernannt, wenn ihre wissenschaftlichen Leistungen von überragender Qualität sind. Dazu werden diese auch von externen Gutachtern unabhängig bewertet. Diese Ernennung ist einer der Meilensteine der akademischen Karriere; damit verbunden ist die Berechtigung, Doktoranden bis zu deren Promotion eigenständig zu betreuen.

Während des Berichtszeitraums wurde folgenden jungen Wissenschaftler diese Ernennung zuteil:

Klaus Berberich | ABT. 5
Information Retrieval and Data Mining

Andreas Bulling | ABT. 2
Machine Learning and Pattern Recognition

Piotr Didyk | ABT. 4
Displays, Computational Fabrication, and Perception

Mario Fritz | ABT. 2
Scalable Learning and Perception

Klaus Hildebrandt | ABT. 4
Applied Geometry

Martin Hoefer | ABT. 1
Disign of Algorithms and Combinatorial Optimization

Andreas Karrenbauer | ABT. 1
Discrete Optimization

Michael Kerber | ABT. 1
Topological and Geometric Computing

Christoph Lenzen | ABT. 1
Theory of Distributed Computing

Tobias Marschall | ABT. 3
Algorithms for Computational Genomics

Pauli Miettinen | ABT. 5
Data Mining

Nico Pfeifer | ABT. 3
Statistical Learning in Computational Biology

Tobias Ritschel | ABT. 4
Rendering and GPUs

Marcel Schulz | ABT. 3
High-throughput Genomics and Systems Biology

Jürgen Steimle | ABT. 4
Embodied Interaction

Thomas Sturm | FG. 1
Arithmetic Reasoning

Sun He | ABT. 1
Randomized Algorithms and Computational Geometry

Jilles Vreeken | ABT. 5
Exploratory Data Analysis

Andreas Wiese | ABT. 1
Combinatorial Optimization and Approximation Algorithms

Rufe

Im Berichtszeitraum ging eine Reihe von Rufen auf Professorenstellen an Nachwuchswissenschaftler unseres Instituts:

Khaled Albassari | ABT. 1
Universität Abu Dhabi

Gilles Bailly | ABT. 4
CNRS France

Syan Bhattacharya | ABT. 1
Institute of Mathematical Sciences Chennai

Martin Cadik | ABT. 4
Brno University of Technology

Carola Doerr | ABT. 1
CNRS France

Philip Geevarghese | ABT. 1
Institute of Mathematical Sciences Chennai

Rainer Gemulla | ABT. 5
Universität Mannheim

Klaus Hildebrandt | ABT. 4
TU Delft

Matthias Hullin | ABT. 4
Universität Bonn

Arjun Jain | ABT. 4
IIT Bombay

Kwang In Kim | ABT. 4
Universität Lancaster

Nicole Megow | ABT. 1
Technische Universität München

Sebastian Michel | ABT. 5
Technische Universität Kaiserslautern

Antti Oulasvirta | ABT. 4
Universität Aalto

Thomas Sauerwald | ABT. 1
Universität Cambridge

Jens M. Schmidt | ABT. 1
Technische Universität Ilmenau

Marc Spaniol | ABT. 5
Universität Caen Basse-Normandie

Rob van Stee | ABT. 1
Universität Lancaster

Fabian Suchanek | Otto Hahn Gruppe
Télécom ParisTech

Jacobo Urbani | ABT. 5
Universität Amsterdam

Magnus Wahlström | ABT. 1
Royal Holloway University of London

Michael Wand | ABT. 4
TU Utrecht und nachfolgend Universität Mainz

Tino Weinkauf | ABT. 4
KTH Stockholm

Shanshan Zhang | ABT. 2
Nanjing University of Science and Technology

Stipendien

Stipendien dienen der Lebensunterhaltssicherung und werden an herausragende Wissenschaftler verliehen. Zweck ist das ausschließliche sich Widmen des Forschungsthemas. Die Erteilung bestimmter Stipendien schließt erhebliches Prestige mit ein und ist oftmals mit einem nicht unwesentlichen Karrierefortschritt verbunden.

Während des Berichtszeitraums wurden Mitarbeitern und Gästen des Max-Planck-Instituts für Informatik einige renommierte Stipendien gewährt:

Samsung Scholarship

Seong Joon Oh hat mit dem Samsung Scholarship die Möglichkeit erhalten, in der Abteilung von Professor Schiele zu forschen. Seit 2002 werden besonders talentierte koreanische Studenten, von denen man sich in der Zukunft weltweiten Einfluss erhofft, mit dieser Förderung an die besten internationalen Forschungseinrichtungen entsandt. :::

Google Anita Borg Stipendium

Silke Jansen, ABT. 4, hat 2013 ein Google Anita Borg Stipendium erhalten. In Gedenken an Dr. Anita Borg vergibt Google Inc. dieses Stipendium seit 2004 an junge Wissenschaftlerinnen der Informatik. Diese sollen darin bestärkt werden, in den Computerwissenschaften Herausragendes zu leisten und Führungspositionen anzustreben. Die Förderung hat neben der finanziellen Unterstützung der Stipendiatinnen auch die Teilnahme an einer gesonderten Klausurtagung zum Inhalt. :::

Humboldt Research Fellowship

Die Humboldt Stiftung vergibt Stipendien für überdurchschnittlich begabte Postdoktoranden, wenn diese noch am Beginn ihrer akademischen Karriere stehen (bis vier Jahre nach der Promotion). Dafür ausgewählte ausländische Forscher werden für 6 bis 24 Monate unterstützt, um ihre Forschung in Deutschland fortzuführen. Sie sind in ihrer Themenwahl nicht eingeschränkt und können auch frei wählen, an welcher deutschen Forschungseinrichtung sie während der Förderdauer bleiben wollen. **Anna Adamaszek, Ran Duan** und **Artur Jez**, drei Postdoktoranden aus der Abteilung von Kurt Mehlhorn, sowie **Yusuke Sugano** bei Bernt Schiele konnten ein solches Stipendium einwerben. :::

Alexander von Humboldt-Professur

Professor Wolfgang Heidrich von der King Abdullah University of Science and Technology in Thuwal, Saudi Arabien, wurde von der Alexander von Humboldt Stiftung mit einem Professorenstipendium unterstützt. Für seine

Forschungsleistungen zu computergestützter Fotografie und Darstellung hat die Stiftung ihn mit einem Preisgeld von 60.000 Euro bedacht und zu einem Forschungsaufenthalt in Deutschland eingeladen. Wie bei Humboldt Stipendien üblich, kann der Geförderte den Ort für seinen Studienaufenthalt selbst wählen. Seit September 2014 beherbergt das Max-Planck-Institut für Informatik den Wissenschaftler. :::

Alexander von Humboldt
Stiftung/Foundation

Außerakademische Aktivitäten

Patente

Die Grundlagenforschung des Max-Planck-Instituts für Informatik führt manchmal zu Ergebnissen, die eine direkte kommerzielle Verwertung ermöglichen. Besteht eine merkliche Erfindungshöhe, lassen sich solche Ergebnisse als Erfindung oder zum Patent anmelden. Die Tabelle zeigt die Patent-, Lizenz- und Erfindungsaktivitäten des Max-Planck-Instituts für Informatik im Jahr 2014. :::

Thema	Aktivität	Beteiligte
A Clipping-free Algorithm for Efficient HW-Implementation of Local Dimming LED-Backlight	Übertragungs-/ Verwertungsvereinbarung	Karrenbauer
Videoscapes: Exploring Sparse, Unstructed Video Collections	Erfindungsmeldung	Kim / Theobalt / Tompkin / Kautz
Method and System for Tracking an Object in a Sequence of Digital Video Images	Erfindungsmeldung	Stoll / Theobalt / Seidel
A Perceptual Mode for Disparity	Patentverwaltungs- und Verwertungsvereinbarung	Didyk / Ritschel / Eisemann / Myszkowski / Seidel
Method and Apparatus for Encoding High Dynamic Range Video	Patentverlängerung	Mantiuk / Krawczyk / Myszkoski / Seidel
Apparant Display Resolution Enhancement for Moving Images	Patentanmeldung und Lizenzvertrag	Didyk / Eisemann / Ritschel / Myszkowski / Seidel
Backward Compatible High Dynamic Range MPEG Video Encoding	Lizenzvertrag	Efremov / Mantiuk / Krawczyk / Myszkowski / Seidel
A System for Automatic Material Suggestions for 3D Objects	Erfindungsmeldung	Jain / Thormählen / Ritschel / Seidel

Kooperationen

Intel Visual Computing Institute

Im Jahr 2009 wurde das IVCI als größte Intel Forschungseinrichtung in Europa gegründet. Auf Grund des Stellenwerts, den die saarländische Informatik weltweit einnimmt, 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 Universität des Saarlandes) besetzt wird. Das Vertrauen in die Qualität des Standortes zeigt sich auch darin, dass von den drei Direktorenposten nur einer durch Intel besetzt wird. Für zunächst fünf Jahre wurden zwölf Millionen Euro von dem Hightechunternehmen bereitgestellt. Die Projekte sind dabei nicht von Intel vorgegeben, sondern werden vom Steering Committee nach ihrem wissenschaftlichen Wert beurteilt. Vertreter des Max-Planck-Instituts für Informatik in diesem Steering Committee ist Prof. Christian Theobalt. Zwei seiner Projekte, *„Markerless Motion Capture“* und *„User-Centric Video Processing“*, werden ebenfalls im Rahmen des Intel-Instituts bearbeitet. Mehr Informationen unter [www.intel-vci.uni-saarland.de]. :::

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 Delhi (IIT Dehli) eröffnet. Das Ziel des Centers ist die Förderung erstklassiger Grundlagenforschung in der Informatik durch die enge Kooperation zwischen indischen und deutschen Wissenschaftlern. Durch gemeinsame Forschung, den Austausch von Doktoranden und Postdocs, eine Max Planck Gastprofessur und zahlreiche 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) sowie Naveen Garg (IIT Delhi) und Manindra Agrawal (IIT Kanpur).

IMPECS finanziert rund zehn deutsch-indische Forschungsgruppen. Als indischer Partner kann sich jede Universität/Institution bewerben; unter den deutschen Beteiligten muss hingegen ein Partner dem MPI für Informatik oder dem MPI für Softwaresysteme angehören. Zur Zeit werden acht binationale Forschungsgruppen gefördert, weitere Gruppen sind ausgeschrieben.

Durch das IMPECS besteht ein beidseitiger aktiver Austausch von Postdocs und Studenten. Z. B. hat Prof. Manindra Agarwal vom IIT Kanpur, Preisträger des Humboldt Research Awards, das Max-Planck-Institut für Informatik im Sommer 2011 für mehrere Monate besucht. Prof. Helmut Seidl von der TU München ging im Herbst 2011 für zwei Monate an die IISc Bangalore.

Darüber hinaus hat das IMPECS die Workshops *„Complexity Theory“* in Kanpur und *„Recent Trends in Algorithms and Complexity“* in Mysore kofinanziert. Mehr Informationen unter [www.impecs.org] . :::

Bertram Somieski

CeBIT 2013/2014

Die saarländische IT präsentiert ihre Leistungsfähigkeit

Jedes Jahr im März öffnen sich die Tore des Hannoveraner Messegeländes zur CeBIT. Selbst wenn die Besucherrekorde der „Nullerjahre" nicht mehr erreicht werden, kommen doch Hunderttausende, um sich über Neuheiten der Digitaltechnik zu informieren. Seit 1970 steht das „Centrum für Büroautomation, Informationstechnologie und Telekommunikation" für eine internationale Leistungsschau mit hoher Innovationsdichte, großem Medienecho und breitem öffentlichem Interesse.

In Halle 9, die jedes Jahr unter einem neuen Motto steht, finden sich die Forschungsstände von Forschungsinstitutionen, Bundeswehr und Bundesländern. Traditionell ist das MPI-INF am Gemeinschaftsstand der saarländischen Informatik vertreten. Dort stellen Universität und An-Institute gemeinsam Neuheiten aus, um einem interessierten Publikum die Leistungsfähigkeit der saarländischen IT zu präsentieren.

Zur CeBIT 2013 war vom MPI-INF die Arbeitsgruppe von Professor Theobalt vertreten. *„Capturing Reality in Realtime"* heißt ihr System, das in Echtzeit Personen in einem Videostream detektieren und verfolgen kann. Das Ganze kommt dabei ohne Markierungspunkte oder spezielle Studioumgebung aus und arbeitet selbst dann stabil, wenn sich zwei Personen zeitweilig gegenseitig verdecken. „The Captury", das für die Vermarktung dieser Idee gegründete Start-Up Unternehmen, wurde vom Bundesminister für Wirtschaft und Technologie Philipp Rösler mit einem Hauptpreis des Gründerwettbewerbs „IKT Innovativ" ausgezeichnet.

Annegret Kramp-Karrenbauer, Ministerpräsidentin des Saarlandes, am Stand von Dr. Nils Hasler

Die Datenbrille Google Glass zeigt eine PIN...

... da staunt selbst die Polizei.

2014 fand ein weiteres Projekt große Beachtung, das in einer Kooperation zwischen MPI-INF und CISPA entstanden ist: Mittels der Datenbrille Google Glass wird dem Träger eine PIN-Nummer eingeblendet, die sonst nirgendwo sichtbar ist. Diebstahl von PINs im Online-Banking kann so verhindert werden. Gleichfalls mit großem Interesse bedacht wurden die anderen Präsentationen von Forschern des MPI-INF. Die Forschungsgruppe um Tobias Ritschel hat ein Computerprogramm entwickelt, das Einzelbilder nach künstlerischen Aspekten zu einem Gesamtbild arrangiert. Die Abteilung von Gerhard Weikum stellte eine neue Suchmaschine vor, die News-Artikel durchsucht und deren Inhalte mit semantischen Verknüpfungen versehen kann.

Besuchen hohe Amtsträger der saarländischen Politik die CeBIT, ist ein Besuch am Stand in Halle 9 obligatorisch, da der Informatik als Aushängeschild des Saarlandes auch bundesweite Bedeutung zugemessen wird. :::

Bertram Somieski

„The Captury" wird mit einem Hauptpreis des Gründerwettbewerbs „IKT Innovativ" ausgezeichnet.

IOI Training 2014/2015

Vorbereitung auf die Informatikolympiade

Das Max-Planck-Institut für Informatik ist zusammen mit dem Bundesministerium für Bildung und Forschung, der Gesellschaft für Informatik (GI) und dem Fraunhofer IuK-Technologie Verbund Träger der Initiative *„Bundesweit Informatik Fördern“* [http://www.bwinf.de/]. Wir engagieren uns insbesondere bei der Weiterbildung der im nationalen Wettbewerb erfolgreichen Schüler, um sie für die Teilnahme an internationalen Wettbewerben zu qualifizieren. So waren wir auch dieses Jahr zusammen mit Dr. Wolfgang Pohl, dem Geschäftsführer des BWINF, Organisator des Abschluss- und Auswahltrainings für die Informatikolympiade 2015 (IOI).

Vom 26. bis 29. Mai trainierten Simon Bürger, Tobias Lenz und Gregor Matl, alles ehemalige erfolgreiche Olympiateilnehmer, fünf ausgewählte Schüler. Wie jedes Jahr gab es ein straffes und forderndes Programm, das morgens um 9 Uhr begann und bis weit in die Abendstunden reichte.Wir sind den Organisatoren des Gästehauses Braunshausen, das gemeinsam vom Saarländischen Turner- und Sportbund getragen wird, sehr dankbar, dass sie uns wieder einmal Unterkunft und Infrastruktur kurzfristig zur Verfügung gestellt haben.

Eine typische Aufgabe der Informatikolympiade ist ein Problem, das zuerst konzeptionell gelöst und dann fehlerfrei

programmiert werden muss. Das dafür benötigte Hintergrundwissen umfasst bereits Stoff, der erst in Spezialvorlesungen im Hauptstudium der Informatik unterrichtet wird.

Ein Beispiel für eine aktuelle Aufgabe ist: Spieler A merkt sich eine Zahl zwischen 1 und n, Spieler B muss die Zahl raten. Er darf nur Fragen des Typs *„Ist die Zahl kleiner als k?“* stellen. Spieler A antwortet mit *„Ja“* oder *„Nein“*, darf aber insgesamt einmal lügen. Ein *„Ja“* von Spieler A kostet x Euro, ein *„Nein“* y Euro. Im Abhängigkeit von x, y und n, was ist der kostenoptimale Algorithmus für Spieler B um die Zahl zu raten?

Das Training besteht aus der Bearbeitung genau solcher Probleme, aber auch aus der anschließenden Diskussion der Lösungen der Teilnehmer und der damit dann verbundenen Erweiterung des Wissens- und Methodenrepertoires.

Bei der Konzeption des Abschlusstrainings ist der Erfolg bei der späteren Olympiade aber nur ein Aspekt. Wir wollen bei den Teilnehmern vor allem auch die Faszination für die Informatikforschung wecken. Dazu wurde das „Rechnen der Aufgaben“ im Programm immer wieder durch wissenschaftliche Vorträge und Diskussionen ergänzt. Dieses mal waren es die Vorträge zu den Themen *„Was und wie können Quantencomputer besonderes leisten?“* von Prof. Dr. Markus Bläser und *„Offene Probleme im Automatischen Beweisen“* von Prof. Dr. Christoph Weidenbach. :::

Christoph Weidenbach

ADFOCS 2013 und 2014

Die Sommerschule für junge Algorithmiker

Eine zum Klassiker avancierte Sommerschule ist die ADFOCS – Max Planck Advanced Course on the Foundations of Computer Science. Allsommerlich kommen junge Algorithmiker (Masterstudenten und Doktoranden) in Saarbrücken zusammen, um ihre Kenntnisse in der Theorie der Computerwissenschaften zu vertiefen. Die jungen Wissenschaftler werden fünf Tage im August intensiv geschult. Standard ist die Gewinnung von Dozenten mit internationalem Renommee:

2013: **Lukasz Kowalik**, Institute of Informatics, University of Warsaw, **Dániel Marx,** Computer and Automation Research Institute, Hungarian Academy of Sciences (MTA SZTAKI), **Saket Saurabh**, Department of Informatics, University of Bergen

2014: **Sanjeev Khanna**, University of Pennsylvania, USA, **Aleksander Madry**, EPFL, Switzerland, **Yurii Nesterov,** Catholic University of Louvain, Belgium

Prof. Kurt Mehlhorn rief diese Weiterbildungsveranstaltung im Jahr 2000 ins Leben, um Nachwuchswissenschaftler aus aller Welt abseits des normalen Lehrbetriebs direkt mit Spitzenwissenschaftlern zusammen zu bringen. Deren Aufgabe ist es, aktuelle Forschungsthemen in die Vorlesungen und Übungen einfließen zu lassen. Die mittlerweile 15. Auflage zeugt vom anhaltenden Interesse an dieser Sommerschule. :::

Bertram Somieski

Forschungstage Informatik

Das „Fordern und Fördern" hochbegabter Informatikschüler

Das Max-Planck-Institut für Informatik veranstaltet jährlich, in Zusammenarbeit mit dem Fachbereich Informatik der Universität des Saarlandes, dem DFKI, dem Zentrum für Bioinformatik sowie den Unternehmen AbsInt GmbH und Logic4Business GmbH, die Forschungstage Informatik für hochbegabte Informatikschüler.

So wurden auch 2013, 2014 und 2015 die erfolgreichen Teilnehmer aus der zweiten Runde des Bundeswettbewerbs Informatik sowie die besten Abiturientinnen und Abiturienten rheinland-pfälzischer Schulen mit Leistungskurs Informatik eingeladen. Die Schüler hatten die Gelegenheit, in aktuelle Forschungsthemen der Informatik hineinzuschnuppern und aktiv daran mitzuarbeiten.

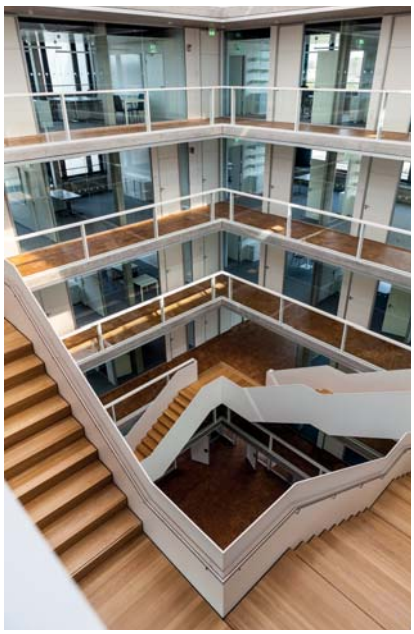
Nach einer sportlichen Kennenlernveranstaltung am ersten Abend folgten an den nächsten beiden Tagen Vorträge, beispielsweise zum Thema *„Schadsoftware"*, sowie der Besuch einer aktuellen Vorlesung aus dem Informatikstudium. In verschiedenen Workshops konnten die Teilnehmer dann beispielsweise einen 3D-Scanner bauen und diesen anschließend selbst testen, oder miterleben, wie katastrophale Fehler durch statische Programmanalysen vermieden werden können. Die Gruppenarbeiten waren so gestaltet, dass alle Bereiche abgedeckt waren: von den Grundlagen der Informatik über die Themen Programmieren und Bioinformatik bis hin zu Grafik und Computer Sehen, wurde ein breites Spektrum aktueller Informatikforschung abgedeckt.

Das Motto der Forschungstage Informatik lautet „Fordern und Fördern". Das Max-Planck-Institut für Informatik versucht damit unter anderem, junge Menschen für das Fach Informatik zu begeistern, neue Talente zu entdecken und sie zu fördern. :::

Jennifer Müller

Eröffnung des neuen Gebäudes des Max-Planck-Instituts für Softwaresysteme in Kaiserslautern

Im Jahr 2005 wurde das Max-Planck-Institut für Softwaresysteme als damals zweites Institut der Max-Planck-Gesellschaft, das sich ausschließlich Themen der Computerwissenschaft widmet, gegründet. Von Beginn an war das Institut an zwei Standorten – Kaiserslautern und Saarbrücken – angesiedelt. Die Sieger der Bau-Ausschreibung für das neue Gebäude dieses Instituts trugen genau dem Rechnung: Das Nürtinger Architektenbüro Weinbrenner-Single-Arabzadeh setzte sich mit einem Doppelentwurf durch, obwohl beide Bauten in einem separaten Wettbewerb ausgeschrieben waren. Nachdem im Oktober 2012 das erste der beiden Bauvorhaben offiziell in Saarbrücken eingeweiht werden konnte, erfolgte am 02. Juli 2013 die Einweihung des Kaiserslauterer Gebäudes.



Der architektonische Entwurf setzt das vorgegebene Ziel der Kommunikationsförderung strikt um: Eine mäandergeführte Innentreppe verbindet sechs Etagen außenliegender Büroräume, die quadratisch ein lichtdurchflutetes Atrium umschließen. Eine innovative Dachkonstruktion verleiht dem Atrium noch zusätzliche Helle. Neben den ca. 100 Arbeitsplätzen und 6 Seminarräumen, die der Bau bietet, kann das Atrium als ein großer Veranstaltungsraum genutzt werden. Zusammen mit modernster Kommunikationstechnik sind alle Bedingungen für ein modernes Institutsgebäude erfüllt. Am Eingang zur Universität in Kaiserslautern gelegen, setzt der Bau jetzt ein architektonisches und repräsentatives Highlight. :::

Bertram Somieski

Kuratoriumssitzung

Unterstützung, Inspiration, Kritik und Anregung

Jedes Max-Planck-Institut verfügt über ein eigenes Kuratorium aus Repräsentanten gesellschaftlicher Kräfte, die mit dem Institut in Wechselbeziehung stehen. Es stellt eine der Verbindungen zwischen dem Institut und der Öffentlichkeit dar. Vertreter von Exekutive, Industrie, Wissenschaft, Medien und akademischen Organisationen bilden das Kuratorium des MPI-INF. Es ist die Aufgabe der Kuratoren, die Anliegen des Instituts zu vermitteln und das Vertrauen der Öffentlichkeit in die Arbeit der autonom organisierten Forschung zu stärken. Deren vielfältige Vernetzungen innerhalb der Gesellschaft ermöglichen ihnen Rückmeldungen zur Stärkung des Standorts und zur strategischen Ausrichtung der Einrichtung. Auf Seite 4 des vorliegenden Berichtes sind die aktuellen Kuratoren benannt.

Am 05. Februar 2013 kam das Kuratorium des MPI-INF zu seiner Sitzung zusammen. Zusammen mit Professor Wolffried Stucky als Vorsitzender nahmen als Kuratoren u.a Ministerpräsidentin Annegret Kramp-Karrenbauer, Dr. Siegfried Dais, Gesellschafter der Robert Bosch Industrietreuhand KG, und Christiane Götz-Sobel, Leiterin der Redaktion Wissenschaft und Technik des ZDF, an der Sitzung teil. Professor Bernt Schiele, Geschäftsführender Direktor des MPI-INF, erläuterte den momentanen Stand des Instituts in Wissenschaft und Gesellschaft und gab Ausblicke auf kommende Aktivitäten. Er dankte dem Kuratorium für Unterstützung und Inspiration, für Kritik und Anregung.

Professor Stucky überreicht Nicole Megow die Urkunde zum Senior Researcher.

Professor Kurt Mehlhorn fasste Tätigkeiten zur nachhaltigen Zentrumsbildung zusammen und Professor Hans-Peter Seidel informierte über den saarländischen Anteil der Exzellenzinitiative. In der Kuratoriumssitzung wurde auch Simone Bischoff, Institutsbetreuerin in der Generalverwaltung, verabschiedet und ihr Nachfolger Dr. Christoph Freudenhammer vorgestellt. In seiner Rolle als geschäftsführender Direktor dankte Professor Schiele Simone Bischoff für die langjährige vertrauensvolle und produktive Zusammenarbeit.

Vier Nachwuchswissernschaftler, die im Verlauf des Jahres 2012 zum Senior Researcher ernannt wurden, stellten in wissenschaftlichen Vorträgen ihre Themen vor. Olga Kalinina, Antti Oulasvirta, Thomas Sauerwald und Nicole Megow demonstrierten den Kuratoren mit ihren Ergebnissen die Bandbreite und Tiefe der Forschung unseres Instituts. Im Anschluss erhielten Sie vom Vorsitzenden des Kuratoriums ihre Ernennungsurkunden. Der wissenschaftliche Teil der Zusammenkunft wurde durch eine Postersitzung komplettiert, auf der junge Forscher des MPI für Informatik ihre Ergebnisse präsentieren konnten. :::

Bertram Somieski

Fachbeiratsbegehung 2015

Wissenschaftliche Vorträge, Gespräche mit den Senior Researchern und Poster Sessions

Der Fachbeirat mit den Senior Researchern

Die Max-Planck-Gesellschaft wird zwar hauptsächlich von der Bundesregierung und den Ländern finanziert, ist aber in ihrer Arbeit nur der wissenschaftlichen Exzellenz verpflichtet. Diese wird für jedes Institut alle zwei Jahre durch den so genannten Fachbeirat überprüft und bewertet. Ihm gehören führende Wissenschaftler der jeweiligen Forschungsgebiete des Instituts an. Der Fachbeirat selbst wird dabei regelmäßig erneuert: die Amtszeit eines Mitglieds beträgt maximal sechs Jahre.

Poster Session: Die Arbeit der Wissenschaftler wird begutachtet.

Die vom Präsident der Max-Planck-Gesellschaft bereits berufenen Mitglieder des Fachbeirats sind:

Prof. Dr. Travor Darell
von der Universität Berkeley,
Prof. Dr. Nir Friedman
von der Hebrew Universität Jerusalem,
Prof. Dr. Pascal Fua
von der EPFL Lausanne,
Prof. Dr. Jürgen Giesl
von der RWTH Aachen,
Prof. Dr. Alon Halevy
von Google Research in Mountain View, Kalifornien,
Prof. Dr. Yves Moreau
von der Universität Leuven,
Prof. Dr. Nicole Schweikardt
von der Humboldt Universität Berlin,
Prof. Dr. François Sillion
von INRIA Grenoble Rhône-Alpes und
Prof. Dr. Emo Welzl
von der ETH Zürich.

2015 wurden sie turnusgemäss ergänzt von:

Prof. Dr. Renée J. Miller
von der Universität Toronto,
Prof. Dr. Gerhard J. Woeginger
von der Universität Eindhoven und
Prof. Dr. Thomas A. Funkhouser
von der Universität Princeton.

Die Begehung 2015 begann mit wissenschaftlichen Vorträgen aller Direktoren und ausgesuchter Senior Researcher. Dem schlossen sich Einzelgespräche der Fachbeiratsmitglieder mit allen Senior Researchern des Instituts an. In zwei Poster Sessions begutachtete der Fachbeirat die Arbeit aller Wissenschaftler des Instituts. :::

Christoph Weidenbach

Besuch der indischen Botschafterin und des indischen Generalkonsuls

Kontaktpflege zum Institut und zu den eigenen Landsleuten

Die indische Botschafterin Sujatha Singh und Raveesh Kumar, indischer Generalkonsul in Frankfurt/M, weilten am 17. April 2013 und am 04. Februar 2014 im Saarland. Hierbei haben sie neben der Pflege geschäftlicher und akademischer Kontakte immer auch den Kontakt zu ihren Landsleuten im Fokus. In offenen Gesprächsrunden baten sie um Rückmeldung zu deren Lebensverhältnissen, gesellschaftlichen Erfahrungen und Arbeitsbedingungen. :::

Bertram Somieski

Industriemesse

Informatik transparent vermittelt

Grundlagenforschung hat den Ruf, häufig unanschaulich oder nicht direkt anwendbar zu sein – die Fortschritte mancher Bereiche der Informatik allgemeinverständlich zu kommunizieren ist daher oftmals eine Herausforderung. Dass zumindest Teile aktueller Erkenntnisse und Entwicklungen relativ transparent vermittelbar sind, sollte der Öffentlichkeit am 25. September 2013 in einer Industriemesse gezeigt werden. Zielgruppe waren lokale und regionale Industriebetriebe, denen Kooperationsmöglichkeiten eröffnet wurden und Inspiration für eigenen Fortschritt vermittelt wurde. Daneben stand die Veranstaltung allen Interessierten aus Universität, Stadt und Region offen. In Ergänzung zum Fokus auf Grundlagenforschung, der die Wissenschaft des MPI-INF sonst auszeichnet, standen diesmal Ergebnisse mit Anwendungsmöglichkeiten im Vordergrund. Zusammen mit dem Fachbereich Informatik und dem DFKI präsentierte sich das MPI-INF in einer großen Leistungsschau am 25. November 2013. Mit 56 Ausstellungsstücken, die in den Foyers beider MPI Gebäude, den Räumen des Exzellenzclusters und den Räumlichkeiten des DFKI zu sehen waren, konnte die Anwendungsbreite von informationstechnischen Entwicklungen des gesam-

ten Standorts Saarbrücken dokumentiert werden. Die Messe wurde mit einem Vortrag von Professor Hans-Peter Seidel eröffnet, er gab einen Überblick über *„Multimodal Computing and Interaction“*. :::

Bertram Somieski

Wissenschaftsausstellung in Saarbrücken

„Digital – Der Fingerzeig nach vorn" – Forschung zum Anfassen im Hauberrisser Saal

Im Rahmen des Wissenschaftsjahrs „Digitale Gesellschaft" organisierte die Stadt Saarbrücken eine Ausstellung mit dem Titel *„Digital – Der Fingerzeig nach vorn"*. Mit dem Hauberrisser Saal des Rathauses stand für die informatikbezogenen Einrichtungen der Universität und die An-Institute eine attraktive Räumlichkeit zur Verfügung. Im Vordergrund stand die Präsentation anwendungsnaher Forschungsergebnisse, die mittels leichtverständlicher Exponate auch Nichtfachleuten leichten Verständniszugang ermöglichen sollten.

Einen ganzen Monat, vom 25. September bis zum 25. Oktober 2014, konnten Zufallsgäste, Rathausbesucher, oder angemeldete Gruppen Packungsvolumina optimieren, Sortieralgorithmen nachspielen oder sich im Duell mit einem Computer messen, wer die besseren Rundreisewege finden kann. Das MPI-INF war mit insgesamt sechs Exponaten vertreten, die ein buntes Spektrum an Forschungsthemen abbildeten. Jeden Dienstag gab es einen offenen „Internet-Treff für Senioren" mit einer Führung durch die Ausstellung.

Eine Podiumsdiskussion im Rahmen der Ausstellung wurde aus aktuellem Anlass dem Thema „Pandemie durch infizierte Fluggäste?" gewidmet. Die Ergebnisse der Untersuchungen von Glenn Lawyer aus der Arbeitsgruppe von Professor Thomas Lengauer machten deutlich, dass diese Gefahr zwar prinzipiell besteht, jedoch die damals aktuelle Ebola-Epedemie keine unmittelbare Gefahr für Mitteleuropa darstellte. :::

Bertram Somieski

Eine Initiative des Bundesministeriums für Bildung und Forschung

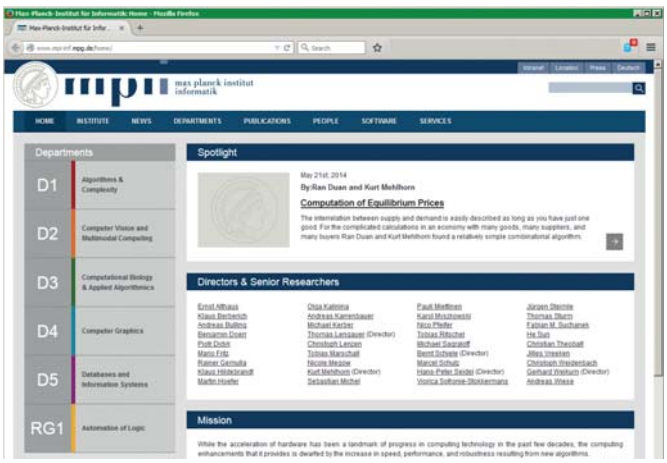
Wissenschaftsjahr 2014

DIE DIGITALE GESELLSCHAFT

Start der neuen Webseite

Nach intensiver Vorbereitung und Gestaltung wurde am 22. Mai 2014 die neue Internetpräsenz des MPI-INF freigeschaltet. In Kooperation mit einer lokalen Werbeagentur wurde ein modernes Aushängeschild für unser Institut entwickelt. Dabei entstand eine leicht zu navigierende und klar strukturierte Webseite, die den Aufbau, die Angebote und die Forschungsergebnisse des Instituts widerspiegelt. :::

Bertram Somieski



Sommerfest der IMPRS-CS

International Feiern und Genießen

Die International Max Planck School for Computer Science fördert und begleitet ausländische Studenten bei ihrem Informatik-Studium an der Universität des Saarlandes mit Stipendien, Hilfe bei Behördengängen und Kontakten zu lokalen Strukturen. Jeden Sommer lädt die IMPRS-CS die Mitarbeiter beider Max-Planck-Institute und deren Angehörige zum Sommerfest auf dem Platz der Informatik ein. Als Ergänzung zu Grillgut und Getränken aus dem Saarland kochen die Gäste Gerichte ihrer Heimat, stellen internationales Backwerk

zur Verfügung und bieten exotische Salate an. Mit einem bunten Unterhaltungsprogramm, das mit Angeboten für Kleinstkinder im Krabbelalter beginnt und Live-Musik, Karaoke und Solodarbietungen einschließt, werden Gäste allen Alters unterhalten. Körperliche Betätigung ist bei Ballsportarten oder beim Tanzen möglich. Als besonders anspruchsvoll und schweißtreibend erwies sich die einstündige Zumba-Veranstaltung, bei der vier junge Frauen eine Choreographie von der Bühne aus vortanzten. :::

Bertram Somieski

Firmenlauf Saarland

Die „Planck Quanten" hatten einen guten Lauf

Der saarländische Firmenlauf erfreut sich seit seiner Gründung 2005 großer Beliebtheit. Er ist das Sportereignis im Saarland, das die meisten Teilnehmer anzieht. Bei knapp einer Million Saarländer vereint er jedes Jahr bis zu 15.000 Starter. Firmen und Hausgemeinschaften, Arztpraxen und Schulen entsenden Teams zu je vier Personen, wobei deren Ambitionen zwischen sportlicher Zeit, farbenfrohem Kostüm und reiner Spaßteilnahme changieren.

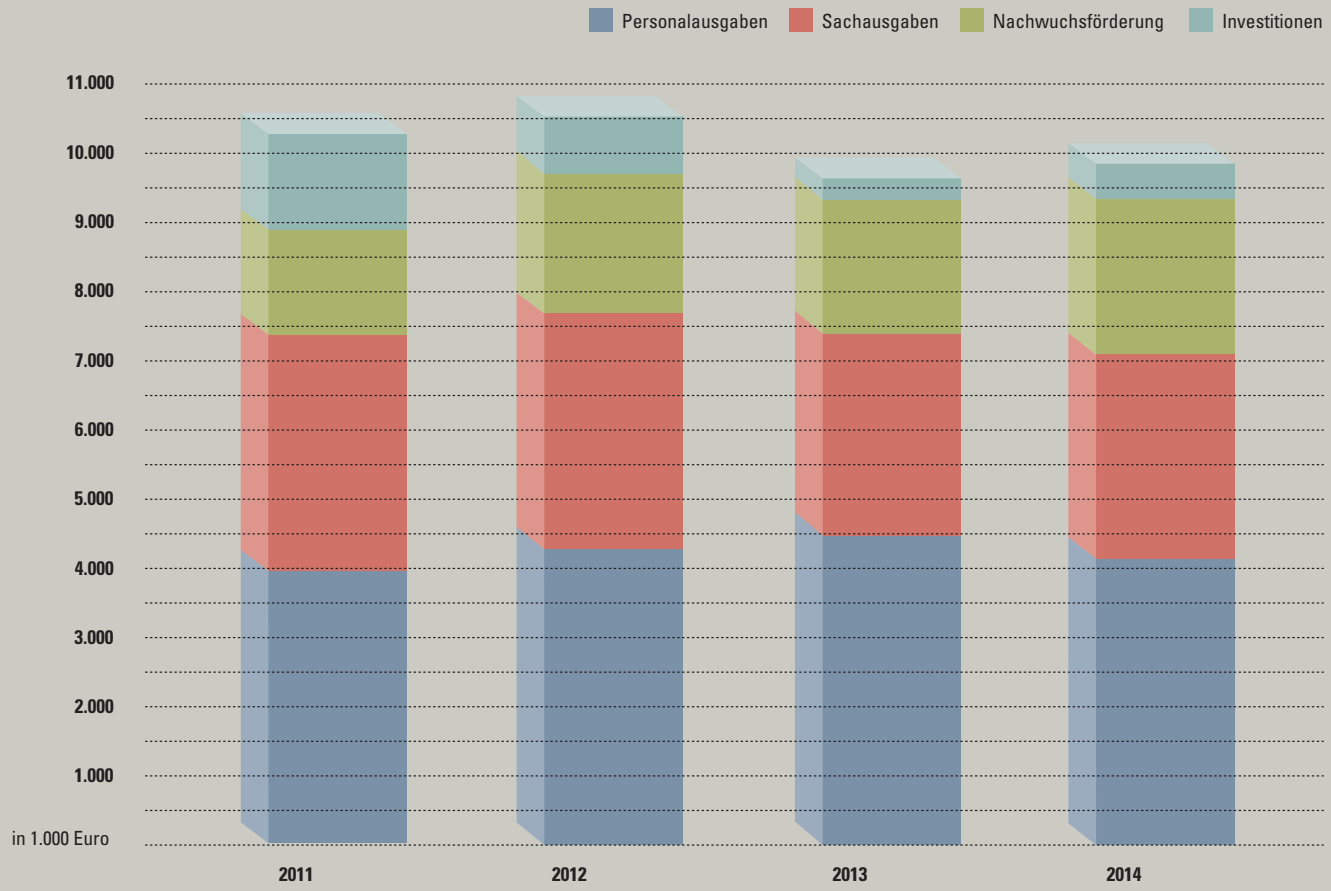
Seit vielen Jahren nehmen auch Sportbegeisterte beider Max-Planck-Institute an diesem Lauf teil. Je nach Witterung trotzen sie Hitze, Regengüssen oder

kaltem Wind. Auf dem 5 km Rundkurs durch die Dillinger Innenstadt und das anschließende Hüttengelände sorgen vier Live-Bands für Kurzweil und Ablenkung. Im Sommer 2014 erreichte das Team „Planck Quanten #2" in der Mixed-Wertung den 93. von 1276 Plätzen. In der Einzelwertung der Frauen erreichte Lili Jiang sogar den 60. von insgesamt ca. 5000 Plätzen. :::

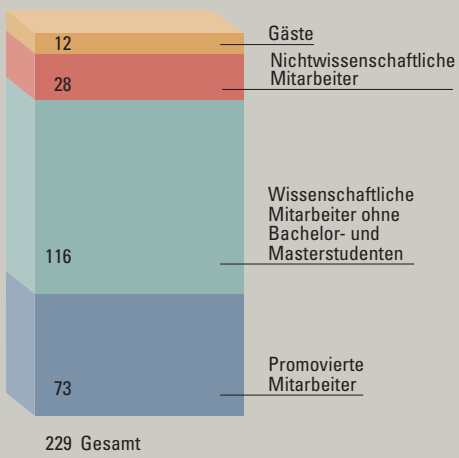
Bertram Somieski

Das Institut in Zahlen

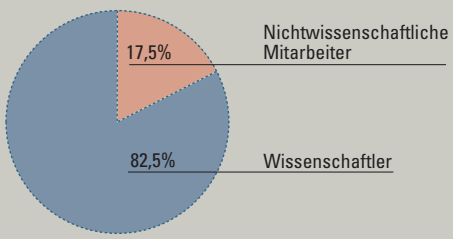
Betriebsmittel ohne Drittmittel 2011 bis 2014



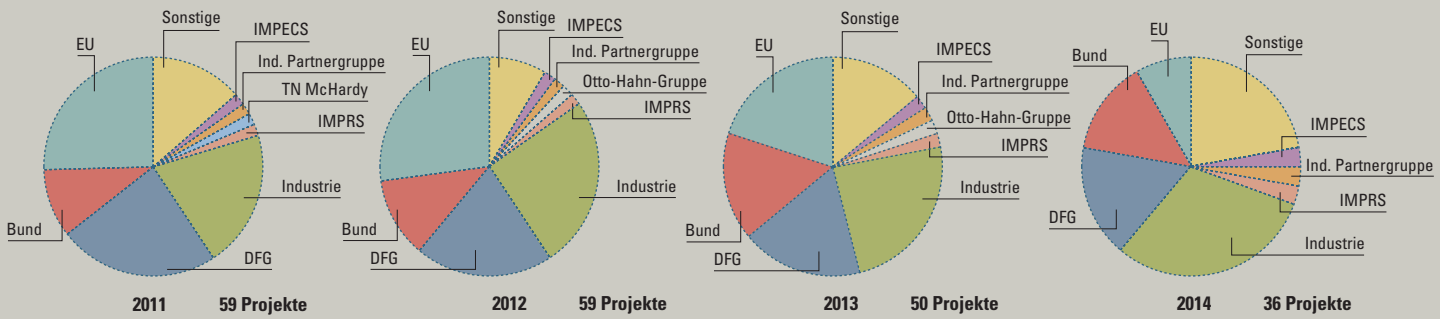
Mitarbeiter am Institut Stand 1.1.2015



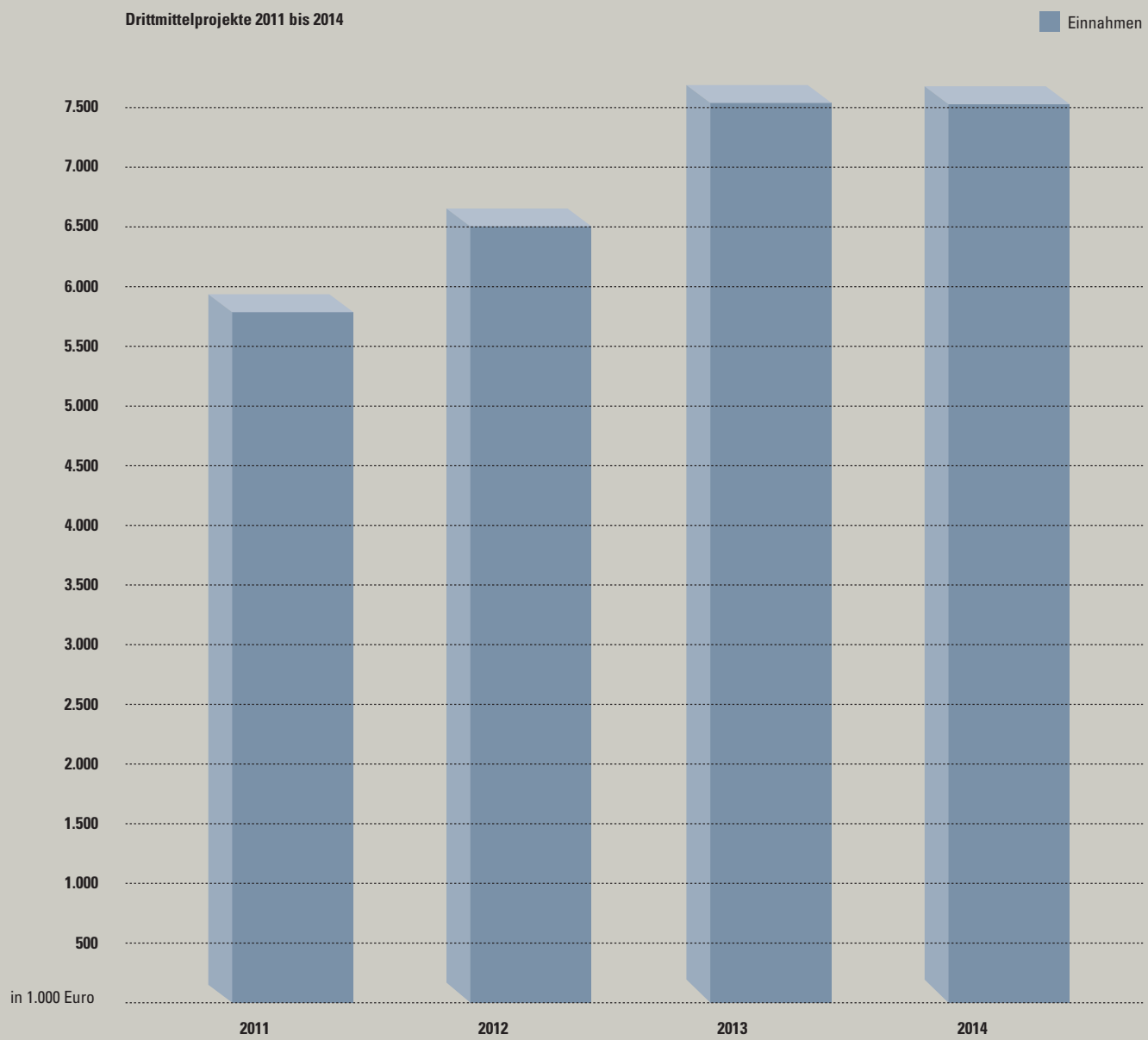
Verhältnis von Wissenschaftlern zu nichtwissenschaftlichen Mitarbeitern am Institut Stand 1.1.2015



Drittmittelprojekte 2011 bis 2014 Anzahl und Verteilung



Drittmittelprojekte 2011 bis 2014



KONTAKT

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

Gemeinsame Verwaltung der Max-Planck-Institute für Informatik und Softwaresysteme

MPI für Informatik Saarbrücken

GEMEINSAME VERWALTUNG

MPI für Softwaresysteme Saarbrücken

MPI für Softwaresysteme Kaiserslautern

Nach Gründung des MPI für Softwaresysteme im Jahre 2004 haben sich beide Informatik-institute auf den Betrieb einer Gemeinsamen Verwaltung verständigt. In dieser Verwaltung sind alle Servicebereiche beider Institute integriert: Personal- und Finanzverwaltung, Allgemeine Dienste, Öffentlichkeitsarbeit, Haustechnik und Bibliothek, die als Verbund-bibliothek von allen Informatik-Einrichtungen auf dem Universitätscampus genutzt wird. Seit 2011 gehört auch die IST (Information, Services and Technology) dazu.

Exzellente Forschung braucht exzellenten Service. Dieses Leitprinzip ist für den administrativen und wissenschaftlichen Service, den die Gemeinsame Verwaltung der beiden Max-Planck-Institute für Informatik und für Softwaresysteme Kaiserslautern/Saarbrücken erbringt, oberster Leitsatz allen Verwaltungshandelns. Darunter fällt auch eine vielfältige Unterstützung aller Wissenschaftler in Fragen außerhalb ihrer Forschungstätigkeiten. Wissenschaftler, die ihre Zeit im Institut beginnen oder beenden, erhalten spezielle Unterstützung

Die Schaffung einer offenen und freundlichen Umgangskultur mit Wissenschaftlern und Gästen aus aller Welt gehört gleichermaßen zu den Standards in der Gemeinsamen Verwaltung. Das umfasst die Unterstützung ausländischer Wissenschaftler und Gäste in bürokratischen und sozialen Angelegenheiten, die ihr Leben in Deutschland betreffen.

Dies ist nur möglich, weil alle Verwaltungsmitarbeiterinnen und -mitarbeiter weit über das übliche Maß hinaus, engagiert den Servicegedanken leben. Dafür sind ihnen alle Mitglieder des Instituts sehr dankbar. :::

KONTAKT

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

Informationsdienste und Technologien

Der Eigenanspruch des Instituts, erstklassige Forschungsergebnisse hervorzubringen, wird unterstützt durch ungehinderte weltweite Kooperation und Kommunikation in einem motivierenden Umfeld mit einer flexiblen, hochwertigen, zuverlässigen und einfach nutzbaren Ausstattung.

Diese Eigenschaften passen auch auf unsere IT-Infrastruktur: 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 daraus 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 image-basierter Installationssysteme. Stattdessen verwenden wir ein weitgehend von uns genau nach dem aus den wissenschaftlichen Anforderungen resultierenden Bedarf konzipiertes und weiterentwickeltes Installationssystem zur automatisierten Installation, Konfiguration und Wartung.

Sobald die Routinen für eine automatische Installation implementiert sind, können die resultierenden Software-Konfigurationen beliebig wiederholt und sehr schnell auf die ganze Infrastruktur angewandt werden. Diese Implementierungsarbeit ist aufwändig und verzögert in manchen Fällen die Re-

alisierung. Die Vorteile für die Betriebssicherheit, die kürzere Installationszeit insbesondere bei der parallelen Installation vieler Maschinen und der damit reduzierte Gesamtaufwand 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. Prototypische 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 Virenscanner 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 Virenscannern 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.

Überwachungssysteme auf Basis von Open-Source-Software informieren die IT-Mitarbeiter über kritische Zustände in der gesamten Infrastruktur und alarmieren sie per E-Mail und fallweise auch per SMS. Unter anderem überwachen die Systeme die Stromversorgung und die Kühlung, das Netzwerk und die Server-Systeme aber auch komplexe Prozesse und Dienste wie den Versand und den Empfang von E-Mails unter betriebs- und sicherheitstechnischen Aspekten.

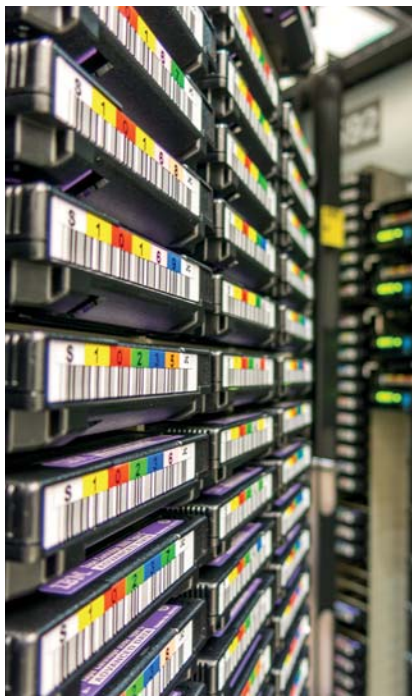
Kooperation und Kommunikation

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 Instituts 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 Terminal-Zugang und den Zugriff auf E-Mail und andere wichtige Datenbanken und Dienste an. Kooperation in der Softwareentwicklung wird durch den geschützten weltweiten Zugang zu verschiedenen Projektarchiven unterstützt (Software-Repository: Subversion, Git und Github).

Die zuvor beschriebene logische Netzwerkstruktur ist mit einem Backbone mit z.T. mehrfacher 10GB-Bandbreite realisiert, der unsere Flur- und Data-Center-Switche verbindet. 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 Internet-Konnektivität wird über einen mit der Universität des Saarlandes gemeinsam genutzten 10-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 10 Gigabit-Ethernet. Abgesehen vom Anschluss 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 anderthalb 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 jeweils 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 beschriebenen größeren Systeme können flexibel in die Grid-Engine (GE) 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.

Im Jahr 2014 wurde dieses Setup um ein neues Cluster erweitert. Es besteht aus 12 Systemen mit je 20 Kernen und je 256 GByte Hauptspeicher. Jedes dieser Systeme ist zusätzlich mit zwei Server-GPU-Karten (Graphic Processor Unit) mit je 12 GByte Hauptspeicher ausgestattet. Am Institut speziell dafür entwickelte Programme können so die hohe Rechenleistung und den damit verbundenen hohen Durchsatz dieser Technologie nutzen.

File-Service und Datensicherung

Die ca. 560 TB Daten des Instituts werden über die Protokolle NFS und CIFS (SMB) zur Verfügung gestellt. Aktuell verteilen 37 File-Server die Volumes von etwa 70 RAID-Systemen mit mehr als 4000 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.

Die 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 auf einen Band-Roboter sichert und einem reinen 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. 450 Terabyte Brutto-Daten der verschiedenen Backupläufe auf etwa 30 Terabyte untergebracht werden.

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. Unser System wurde kürzlich um einen zweiten Roboter erweitert. Dieser bietet Platz für ca. 1200 Bänder mit einer Gesamtkapazität von fast 5PB (unkomprimiert). Der neue Roboter wird an einem anderen geographischen Standort betrieben, um auch einen Schutz der Daten gegen Katastrophenfälle zu erreichen. Dies wird zusätzlich auch durch die Lagerung von Bändern in einem speziellen feuersicheren Datentresor 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 Kooperationen wie beispielsweise dem Deutschen Epigenom Programm „DEEP“ [http://www.deutsches-epigenom-programm.de]. Um den daraus resultierenden, 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 beispielsweise bei Problemen mit selbstadministrierten Systemen im Server-Hosting 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 Support-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 Support-Gruppen decken dementsprechend die spezifischen Bedürfnisse ihres Institutes ab und sind für den Service für die Wissenschaftler zuständig.

Personalstruktur

Neben Leitung und IT-Einkauf (zwei Stellen) arbeiten sechs wissenschaftliche Mitarbeiter und zwei Techniker an Core-Themen. Für die zusätzlichen Administrationsaufgaben zur Unterstützung der gemeinsamen Bibliothek und des Exzellenzclusters steht jeweils ein Mitarbeiter zur Verfügung.

Die Support-Gruppe (zwei wissenschaftliche Mitarbeiter und ein Techniker) des Max-Planck-Instituts für Informatik wird bei der Anwenderbetreuung (Servicedesk) durch ein Team von Studenten unterstützt. Der Servicedesk ist 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-Core
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

::: Deutsches Forschungszentrum für künstliche Intelligenz, *Kaiserslautern, Deutschland*

::: ETH Zürich, *Zürich, Schweiz*

::: IST Austria, *Klosterneuburg, Österreich*

::: Katholieke Universiteit Leuven, *Leuven, Belgien*

::: Max-Planck-Institut für Intelligente Systeme, *Tübingen, Deutschland*

::: Microsoft Research, *Cambridge, Großbritannien*

::: RWTH Aachen, *Aachen, Deutschland*

::: Stanford University, *Stanford, USA*

::: Technicolor, *Paris, Frankreich*

::: Technische Universität Darmstadt, *Darmstadt, Deutschland*

::: Tsinghua University, *Peking, China*

::: University of British Columbia, *Vancouver, Kanada*

::: University College London, *London, Großbritannien*

::: University of California, *Berkeley, USA*

::: Universität des Saarlandes, *Saarbrücken, Deutschland*

::: Universität Tel Aviv, *Tel Aviv, Israel*

BIOINFORMATIK

::: BioSolveIT GmbH, *Sankt Augustin, Deutschland*

::: CeMM Research Center for Molecular Medicine, *Wien, Österreich*

::: Heinrich-Heine-Universität, *Düsseldorf, Deutschland*

::: Informa s.r.l, *Rom, Italien*

::: Karolinska Institut, *Stockholm, Schweden*

::: Research Center for Natural Sciences, Hungarian Academy of Sciences, *Budapest, Ungarn*

::: Siemens Healthcare Diagnostics, *Berkeley, USA*

::: Universität Basel, *Basel, Schweiz*

::: Universität Heidelberg, *Heidelberg, Deutschland*

::: Universität Köln, *Köln, Deutschland*

::: Universität des Saarlandes, *Saarbrücken, Deutschland*

::: Viiv Healthcare, *Brentford, Großbritannien*

::: Goethe-Universität, *Frankfurt am Main, Deutschland*

GARANTIEN

::: INRIA Nancy, *Nancy, Frankreich*

::: Massachusetts Institute of Technology, *Cambridge, USA*

::: Tata Institute of Fundamental Research, *Mumbai, Indien*

::: Technische Universität München, *München, Deutschland*

::: Technische Universität Wien, *Wien, Österreich*

::: Universität Freiburg, *Freiburg, Deutschland*

::: Universität Oldenburg, *Oldenburg, Deutschland*

::: Universität Tel Aviv, *Tel Aviv, Israel*

INFORMATIONSSUCHE & DIGITALES WISSEN

::: Carnegie-Mellon University, *Pittsburgh, USA*

::: Google, *Mountain View, USA*

::: Google, *Zürich, Schweiz*

::: IBM Almaden Research Center, *San Jose, USA*

::: IIT Bombay, *Bombay, Indien*

::: IIT Delhi, *Delhi, Indien*

::: Max-Planck-Institut für Software Systeme, *Kaiserslautern und Saarbrücken, Deutschland*

::: Microsoft Research, *Redmond, USA*

::: Paris Telecom University, *Paris, Frankreich*

::: Siemens AG, *München, Deutschland*

::: Tsinghua University, *Peking, China*

::: Universität Amsterdam, *Amsterdam, Niederlande*

::: University of California, *Santa Cruz, USA*

::: University of Glasgow, *Glasgow, Großbritannien*

::: Universität des Saarlandes, *Saarbrücken, Deutschland*

MULTIMODALE INFORMATION & VISUALISIERUNG

::: Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, *Freiburg, Deutschland*

::: Carnegie Mellon University, *Pittsburgh, USA*

::: Centre National de la Recherche Scientifique, *Lyon, Frankreich*

::: Czech Technical University, *Prag, Tschechien*

::: ETH Zürich, *Zürich, Schweiz*

::: Harvard University, *Cambridge, USA*

::: Keio University, *Minato, Japan*

::: KIT, *Karlsruhe, Deutschland*

::: Lancaster University, *Lancaster, Großbritannien*

::: Ludwig-Maximilians-Universität München, *München, Deutschland*

::: Massachusetts Institute of Technology, *Cambridge, USA*

::: Mircosoft Research, *Seattle, USA*

::: Stanford University, *Palo Alto, USA*

::: Technische Universität Delft, *Delft, Niederlande*

::: Technische Universität Dresden, *Dresden, Deutschland*

::: Technische Universität München, *München, Deutschland*

::: Universität Erlangen-Nürnberg, *Erlangen, Deutschland*

::: Universität Helsinki, *Helsinki, Finnland*

::: Universität Magdeburg, *Magdeburg, Deutschland*

::: University of Cambridge, *Cambridge, Großbritannien*

::: University College London, *London, Großbritannien*

::: Zuse Institut Berlin, *Berlin, Deutschland*

OPTIMIERUNG

::: Aalto University, *Aalto, Finland*

::: Carnegie Mellon University, *Pittsburgh, USA*

::: IIT Delhi, *Delhi, Indien*

::: Königlich Technische Hochschule, *Stockholm, Schweden*

::: Logic4Business GmbH, *Saarbrücken, Deutschland*

::: Siemens AG, *Wien, Österreich*

::: Universität in Santiago de Chile, *Santiago, Chile*

::: Universität Tel Aviv, *Tel Aviv, Israel*

::: Universität Valparaíso, *Valparaiso, Chile*

Ausgewählte Publikationen

[1] *Spectral Graph Reduction for Efficient Image and Streaming Video Segmentation*, 2014, *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*. Oral.

[2] A. Adamaszek and A. Wiese. Approximation schemes for maximum weight independent set of rectangles. In *Proceedings of the 54th Annual Symposium on Foundations of Computer Science (FOCS)*, 2013, pp. 400–409. IEEE.

[3] M. Ahmad, V. Helms, T. Lengauer, and O. V. Kalinina. How Molecular Conformational Changes Affect Changes in Free Energy. *Journal of Chemical Theory and Computation*, 11(7):150629134059007, 2015.

[4] A. Antoniadis, N. Barcelo, M. Nugent, K. Pruhs, and M. Scquizzato. Energy-efficient circuit design. In *Innovations in Theoretical Computer Science, ITCS'14, Princeton, NJ, USA, January 12-14, 2014*, 2014, pp. 303–312.

[5] A. Antoniadis, C. Huang, and S. Ott. A fully polynomial-time approximation scheme for speed scaling with sleep state. In *Proceedings of the Twenty-Sixth Annual ACM-SIAM Symposium on Discrete Algorithms, SODA 2015, San Diego, CA, USA, January 4-6, 2015*, 2015, pp. 1102–1113.

[6] Y. Assenov, F. Müller, P. Lutsik, J. Walter, T. Lengauer, and C. Bock. Comprehensive analysis of DNA methylation data with RnBeads. *Nature Methods*, 11(11):1138–1140, 2014.

[7] M. Bachynskyi, G. Palmas, A. Oulasvirta, and T. Weinkauf. Informing the design of novel input methods with muscle coactivation clustering. *ACM Transactions on Computer-Human Interaction (TOCHI)*, 21(6):30, 2015.

[8] G. Bailly, A. Oulasvirta, D. P. Brumby, and A. Howes. Model of visual search and selection time in linear menus. In *Proceedings of the SIGCHI Conference on Human Factors in Computing Systems*, 2014, pp. 3865–3874. ACM.

[9] J. Batra, N. Garg, A. Kumar, T. Mömke, and A. Wiese. New approximation schemes for unsplittable flow on a path. In *Proceedings of the Twenty-Sixth Annual ACM-SIAM Symposium on Discrete Algorithms*, pp. 47–58.

[10] U. Bauer, M. Kerber, and J. Reininghaus. Distributed computation of persistent homology. In *2014 Proceedings of the Sixteenth Workshop on Algorithm Engineering and Experiments, ALENEX 2014, Portland, Oregon, USA, January 5, 2014*, 2014, pp. 31–38.

[11] P. Baumgartner and U. Waldmann. Hierarchic superposition with weak abstraction. In M. P. Bonacina, ed., *Automated Deduction – CADE-24*, Lake Placid, NY, USA, 2013, LNAI 7898, pp. 39–57. Springer.

[12] D. Becker, P. Lutsik, P. Ebert, C. Bock, T. Lengauer, and J. Walter. BiQ Analyzer HiMod: an interactive software tool for high-throughput locus-specific analysis of 5-methylcytosine and its oxidized derivatives. *Nucleic acids research*, 42(Web Server issue):W 501–7, 2014.

[13] E. Berberich, P. Emeliyanenko, A. Kobel, and M. Sagraloff. Exact symbolic-numeric computation of planar algebraic curves. *Theoretical Computer Science*, 491: 1–32, 2013.

[14] E. Berberich, D. Halperin, M. Kerber, and R. Pogalnikova. Deconstructing approximate offsets. *Discrete & Computational Geometry,* 48(4):964–989, 2012.

[15] K. Berberich and S. Bedathur. Computing n-gram statistics in MapReduce. In *Advances in Database Technology (EDBT 2013)*, Genova, Italy, 2013, pp. 101–112. ACM.

[16] S. Bhattacharya, M. Hoefer, C.-C. Huang, T. Kavitha, and L. Wagner. Maintaining nearpopular matchings. In *Proc. 42nd Intl. Colloq. Automata, Languages, Programming (ICALP),* 2015, vol. 2, pp. 504–515.

[17] K. Bringmann. Why walking the dog takes time: Frechet distance has no strongly subquadratic algorithms unless SETH fails. In *55th IEEE Annual Symposium on Foundations of Computer Science, FOCS 2014, Philadelphia, PA, USA, October 18-21, 2014*, 2014, pp. 661–670.

[18] A. Bulling, U. Blanke, and B. Schiele. A tutorial on human activity recognition using body-worn inertial sensors. *ACM Computing Surveys,* 46:1–33, 2014.

[19] A. Bulling, U. Blanke, and B. Schiele. A tutorial on human activity recognition using body-worn inertial sensors. *ACM Computing Surveys,* 46(3):33:1–33:33, 2014.

[20] P. Chalermsook, B. Laekhanukit, and D. Nanongkai. Independent set, induced matching, and pricing: Connections and tight (subexponential time) approximation hardnesses. In *54th Annual IEEE Symposium on Foundations of Computer Science, FOCS 2013, 26-29 October, 2013, Berkeley, CA, USA,* 2013, pp. 370–379.

[21] P. Chalermsook, B. Laekhanukit, and D. Nanongkai. Pre-reduction graph products: Hardnesses of properly learning dfas and approximating EDP on dags. In *55th IEEE Annual Symposium on Foundations of Computer Science, FOCS 2014, Philadelphia, PA, USA, October 18-21, 2014,* 2014, pp. 444–453.

[22] C. Chen and M. Kerber. An output-sensitive algorithm for persistent homology. *Computational Geometry: Theory and Applications,* 46(4):435–447, 2013.

[23] D. Chen, D. I. Levin, P. Didyk, P. Sitthi-Amorn, and W. Matusik. Spec2fab: a reducertuner model for translating specications to 3d prints. *ACM Transactions on Graphics (TOG),* 32(4):135, 2013.

[24] D. Dhungana, C. H. Tang, C. Weidenbach, and P. Wischnewski. Automated verification of interactive rule-based congu-ration systems. In E. Denney, T. Bultan, and A. Zeller, eds., *28th IEEE/ACM International Conference on Automated Software Engineering (ASE 2013),* Palo Alto, CA, USA, 2013, pp. 551–561. IEEE.

[25] R. Duan and K. Mehlhorn. A combinatorial polynomial algorithm for the linear Arrow-Debreu market. *Information and Computation,* 243:112–132, 2015. a preliminary version appeared in ICALP 2013, LNCS 7965, pages 425-436.

[26] H. Errami, M. Eiswirth, D. Grigoriev, W. M. Seiler, T. Sturm, and A. Weber. Detection of hopf bifurcations in chemical reaction networks using convex coordinates. *J. Comput. Physics,* 291:279–302, 2015.

[27] A. L. Fietzke and C. Weidenbach. Superposition as a decision procedure for timed automata. *Mathematics in Computer Science,* 6(4):409–425, 2013.

[28] A. Geiger, M. Lauer, C. Wojek, C. Stiller, and R. Urtasun. 3d traffic scene understanding from movable platforms. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence (PAMI)*, 36(5):1012–1025, 2013.

[29] M. Ghaffari, A. Karrenbauer, F. Kuhn, C. Lenzen, and B. Patt-Shamir. Near-optimal distributed maximum flow: Extended abstract. In *Proceedings of the 2015 ACM Symposium on Principles of Distributed Computing, PODC 2015, Donostia-San Sebastián, Spain, July 21-23, 2015*, 2015, pp. 81–90.

[30] D. Günther, A. Jacobson, J. Reininghaus, H.-P. Seidel, O. Sorkine-Hornung, and T. Weinkauf. Fast and memory-efficient topological denoising of 2D and 3D scalar fields. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics (Proc. IEEE VIS)*, 20(12):2585–2594, 2014.

[31] M. Hoefer and L. Wagner. Locally stable marriage with strict preferences. In *Proc. 40th Intl. Colloq. Automata, Languages, Programming (ICALP),* 2013, vol. 2, pp. 620–631.

[32] J. Hoffart, F. M. Suchanek, K. Berberich, and G. Weikum. YAGO2: A spatially and temporally enhanced knowledge base from Wikipedia. *Artificial Intelligence*, 194:28–61, 2013.

[33] J. Hosang, R. Benenson, P. Dollár, and B. Schiele. What makes for effective detection proposals? *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence (TPAMI),* In Press.

[34] J. Kappes, B. Andres, F. Hamprecht, C. Schnörr, S. Nowozin, D. Batra, S. Kim, B. Kausler, T. Kröger, J. Lellmann, N. Komodakis, B. Savchynskyy, and C. Rother. A comparative study of modern inference techniques for structured discrete energy minimization problems. *International Journal of Computer Vision,* pp. 1–30, 2015.

[35] S. Karayev, M. Fritz, and T. Darrell. Anytime recognition of objects and scenes. In *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 2014. oral.

[36] T. Lengauer, N. Pfeifer, and R. Kaiser. Personalized HIV therapy to control drug resistance. *Drug Discovery Today: Technologies*, 11:57–64, 2014.

[37] Y. Li, H. L. Nguyen, and D. P. Woodruff. Turnstile streaming algorithms might as well be linear sketches. In *Symposium on Theory of Computing, STOC 2014, New York, NY, USA, May 31-June 03, 2014,* 2014, pp. 174–183.

[38] M. Malinowski and M. Fritz. A multi-world approach to question answering about real-world scenes based on uncertain input. In *Neural Information Processing Systems (NIPS),* 2014.

[39] S. Metzler and P. Miettinen. Clustering boolean tensors. *Data Mining and Knowledge Discovery,* pp. 1–31, 2015.

[40] S. Mukherjee, G. Weikum, and C. Danescu-Niculescu-Mizil. People on drugs: Credibility of user statements in health communities. In S. A. Macskassy, C. Perlich, J. Lescovec, W. Wang, and R. Ghani, eds., *KDD'14, 20th ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining,* New York, NY, USA, 2014, pp. 65–74. ACM.

[41] C. H. Nguyen, T. Ritschel, and H.-P. Seidel. Data-driven color manifolds. *ACM Trans. Graph.*, 34(2), 2015.

[42] S. Olberding, M. Wessely, and J. Steimle. Printscreen: Fabricating highly customizable thin-film touch-displays. In *Proceedings of the 27th Annual ACM Symposium on User Interface Software and Technology [Best Paper Award – top 1%],* New York, NY, USA, 2014, UIST ,14, pp. 281–290. ACM.

[43] B. Pepik, M. Stark, P. Gehler, and B. Schiele. Multi-view and 3d deformable part models. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence (TPAMI),* 2015.

[44] M. Pilipczuk, P. Sankowski, and E. J. van Leeuwen. Network sparsification for steiner problems on planar and bounded-genus graphs. In *55th IEEE Annual Symposium on Foundations of Computer Science, FOCS 2014, Philadelphia, PA, USA, October 18-21, 2014,* 2014, pp. 276–285.

[45] M. Regneri, M. Rohrbach, D. Wetzel, S. Thater, B. Schiele, and M. Pinkal. Grounding action descriptions in videos. *Transactions of the Association for Computational Linguistics (TACL)*, 1(Mar): 25–36, 2013.

[46] K. Rematas, T. Ritschel, M. Fritz, and T. Tuytelaars. Image-based synthesis and re-synthesis of viewpoints guided by 3d models. In *Proc. CVPR,* 2014.

[47] M. Rempfler, M. Schneider, G. D. Ielacqua, X. Xiao, S. R. Stock, J. Klohs, G. Székely, B. Andres, and B. H. Menze. Reconstructing cerebrovascular networks under local physiological constraints by integer programming. *Medical Image Analysis,* 25(1):86 – 94, 2015.

[48] H. Saikia, H.-P. Seidel, and T. Weinkauf. Extended branch decomposition graphs: Structural comparison of scalar data. *Computer Graphics Forum (Proc. EuroVis),* 33(3): 41–50, 2014.

[49] S.-E. Schelhorn, M. Fischer, L. Tolosi, J. Altmüller, P. Nürnberg, H. Pfister, T. Lengauer, and F. Berthold. Sensitive detection of viral transcripts in human tumor transcriptomes. *PLoS computational biology,* 9(10):e1003228, 2013.

[50] C. Schulz, C. von Tycowicz, H.-P. Seidel and K. Hildebrandt. Animating deformable objects using sparse spacetime constraints. *ACM Transactions on Graphics (SIGGRAPH)*, 33(4):109:1–109:10, 2014.

[51] N. K. Speicher and N. Pfeifer. Integrating different data types by regularized unsupervised multiple kernel learning with application to cancer subtype discovery. *Bioinformatics (Oxford, England),* 31(12):i 268–i275, 2015.

[52] S. Sridhar, F. Mueller, A. Oulasvirtta, and C. Theobalt. Fast and robust hand tracking using detection-guided optimization. In *IEEE Intl. Conf. on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR),* 2015.

[53] M. Stikic, D. Larlus, S. Ebert, and B. Schiele. Weakly supervised recognition of daily life activities with wearable sensors. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence (PAMI),* 33(12):2521–2537, 2011.

[54] T. Sturm. Subtropical real root finding. In *Proceedings of the 2015 ACM on International Symposium on Symbolic and Algebraic Computation,* New York, NY, USA, 2015, ISSAC ,15, pp. 347–354. ACM.

[55] S. Tang, M. Andriluka, and B. Schiele. Detection and tracking of occluded people. *International Journal of Computer Vision (IJCV)*, 2014.

[56] K. Templin, P. Didyk, K. Myszkowski, M. M. Hefeeda, H.-P. Seidel, and W. Matusik. Modeling and optimizing eye vergence response to stereoscopic cuts. *ACM Transactions on Graphics (Proc. SIGGRAPH),* 33(4), 2014.

[57] K. Templin, P. Didyk, K. Myszkowski, and H.-P. Seidel. Perceptually-motivated stereoscopic film grain. *Computer Graphics Forum (Proceedings Pacific Graphics 2014, Seoul, South Korea),* 33(7):349–358, 2014.

[58] C. von Tycowicz, C. Schulz, H.-P. Seidel, and K. Hildebrandt. An efficient construction of reduced deformable objects. *ACM Transactions on Graphics (SIGGRAPH Asia),* 32(6):213:1–213:10, 2013.

[59] M. Weigel, T. Lu, G. Bailly, A. Oulasvirta, C. Majidi, and J. Steimle. iskin: Flexible, stretchable and visually customizable on-body touch sensors for mobile computing. In *Proceedings of the 33rd Annual ACM Conference on Human Factors in Computing Systems [Best Paper Award – top 1%],* New York, NY, USA, 2015, CHI ,15, pp. 2991–3000. ACM.

[60] C. Wu, M. Zollhöfer, M. Niessner, M. Stamminger, S. Izadi, and C. Theobalt. Real-time shadingbased refinement for consumer depth cameras. *ACM Transactions on Graphics (Proc. SIG-GRAPH Asia),* 2014.

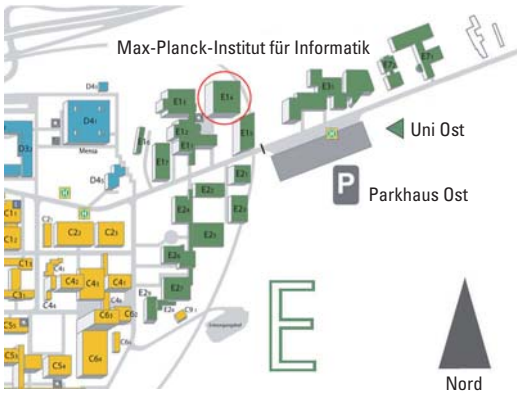
[61] M. A. Yosef, J. Hoffart, M. Spaniol, and G. Weikum. AIDA: An online tool for accurate disambiguation of named entities in text and tables. In H. V. Jagadish, J. Blakeley, J. M. Hellerstein, N. Koudas, W. Lehner, S. Sarawagi, and U. Röhm, eds., *Proceedings of the 37th International Conference on Very Large Data Bases (VLDB 2011),* Seattle, USA, 2011, Proceedings of the VLDB Endowment, pp. 1450–1453. VLDB Endowment.

[62] Y. Zhang, A. Bulling, and H. Gellersen. Sideways: A gaze interface for spontaneous interaction with situated displays. In *Proc. of the 31st SIGCHI International Conference on Human Factors in Computing Systems (CHI 2013),* 2013, pp. 851–860.

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 mit zahlreichen Städten 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 Busterminal“*

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

IMPRESSUM

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

Redaktion & Koordination
Klaus Berberich
Eugen Denerz
Volker Maria Geiß
Jan Hosang
Thomas Kesselheim
Thomas Lengauer
Kurt Mehlhorn
Jennifer Müller
Nico Pfeifer
Bernt Schiele
Nathalie Schultes
Hans-Peter Seidel
Bertram Somieski
Christian Theobalt
Uwe Waldmann
Christoph Weidenbach
Gerhard Weikum

Lektorat
Kamila Kolesniczenko
Nathalie Schultes

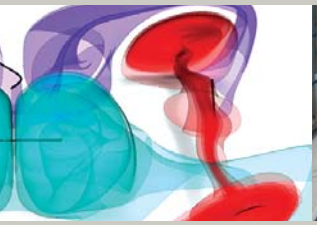
Kontakt
Max-Planck-Institut für Informatik
Telefon +49 681 9325-0
Telefax +49 681 9325-5719
Email info@mpi-inf.mpg.de
Internet http://www.mpi-inf.mpg.de

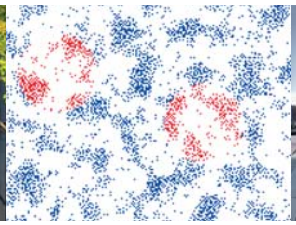
Berichtszeitraum
1. Januar 2013 bis 31. Dezember 2014

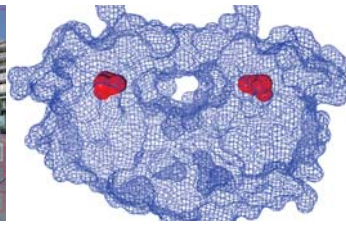
Gestaltung
Behr Design | Saarbrücken

Druck
Druckerei Wollenschneider | Saarbrücken

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