
8. Modellbasiertes Erkennen der Bildstruktur

Josef Pauli

Die Aufgabe des maschinellen Bildverstehens besteht darin, Bildprimitive, wie beispielsweise Punkte, Kanten oder Bereiche, in Beziehung zu setzen und der so entstehenden Bildstruktur eine Semantik zuzuweisen. Ein wichtiges Teilproblem ist hierbei die Ermittlung von Korrespondenzen zwischen der Bildstruktur und einer a priori gegebenen Modellstruktur. Eine Modellstruktur besteht aus einfachen geometrischen Primitiven, die mit Hilfe von Nachbarschaftsbeziehungen zusammengefaßt werden. Falls mehrere, alternative Modellstrukturen gegeben sind, so ist diejenige mit der besten Übereinstimmung zur Bildstruktur zu ermitteln.

Maschinelles
Bildverstehen

In den vorangegangenen Kapiteln präsentierten wir Verfahren, mit denen sich Bildprimitive extrahieren und mit Merkmalen beschreiben lassen. Nun beschäftigen wir uns damit, eine Bildstruktur aus den Primitiven zu erzeugen, sie zu repräsentieren und Korrespondenzen zu einer Modellstruktur zu ermitteln. Dieses Vorgehen läßt sich als modellbasiertes Erkennen der Bildstruktur bezeichnen.

Im ersten Teilkapitel stellen wir zunächst eine einheitliche Repräsentationsform für Modell- und Bildstruktur vor. Anschließend geben wir ein allgemeines Schema zur Definition der Ähnlichkeit an. Schließlich formulieren wir das sogenannte Zuordnungsproblem. Dieses besteht darin, eindeutige Korrespondenzen zwischen Modell- und Bildstruktur so zu ermitteln, daß die Ähnlichkeit einen optimalen Wert erreicht. Im zweiten Teilkapitel geben wir drei unterschiedliche Verfahren zum Vergleich von Modell- und Bildstruktur an und diskutieren, inwieweit sie das Zuordnungsproblem lösen (zur Vertiefung siehe auch [Bunke 90]). Im dritten Teilkapitel beschreiben wir ein Verfahren zur Steuerung von Differenzschwellen zwischen Merkmalen. Damit können die Parameter der Vergleichsverfahren automatisch den Ungenauigkeiten, die während der Bildentstehung und -vorverarbeitung auftreten, angepaßt werden. Mit kritischen Anmerkungen und einem Ausblick auf wünschenswerte Weiterentwicklungen beenden wir das Kapitel.

Zur Demonstration dient uns das Anwendungsgebiet der visuellen Inspektion von Chips. Ein Chip enthält einen integrierten Schaltkreis (Integrated Circuit, IC), der durch feine Drähte mit dem Chip-Gehäuse verbunden ist. Die Drahtverbindung mit dem integrierten Schaltkreis heißt *Bondierung*. Die Abbildung 8-1 zeigt einen mikroskopisch aufgenommenen Chip-Ausschnitt mit drei Bondierungen. Die extrahierten Bereiche zu den Bondierungen sind in Abbildung 8-2 dargestellt. Bei

Inspektion
von Chips

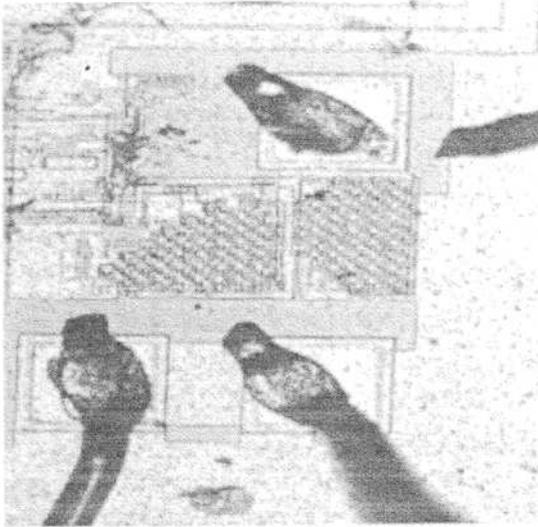


Abb. 8-1: Grauwertbild eines Chips mit drei Bondierungen.

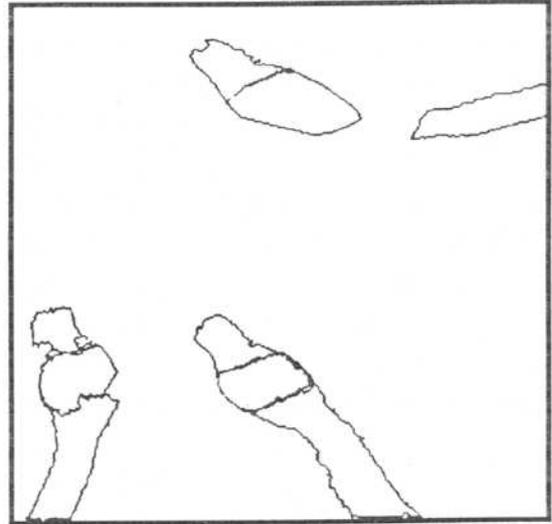


Abb. 8-2: Extrahierte Bereiche.

der Inspektion von Chips müssen fehlerhafte Bondierungen erkannt werden (siehe gebrochene Bondierung in der oberen Bildhälfte der Abbildung 8-2). Dies kann durch Vergleich mit fehlerfreien Modellbondierungen erfolgen. Eine Modellbondierung besteht jeweils aus der Kontaktstelle sowie dem Hauptteil und dem Endstück des Drahtes vor und nach der Kontaktstelle (siehe Abbildung 8-3).

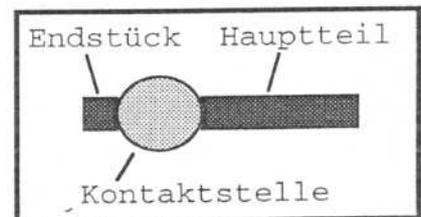


Abb. 8-3: Modell für eine fehlerfreie Bondierung

8.1 Problem der Bildstrukturerkennung

In diesem Teilkapitel beschäftigen wir uns zunächst mit einer relationalen Repräsentation von Modell- und Bildstruktur. Anschließend definieren wir Funktionen zur Berechnung von Ähnlichkeiten und betten diese Funktionen in ein allgemeines Schema. Abschließend formulieren wir für den Vergleich von Modell- und Bildstruktur das Zuordnungsproblem.

8.1.1 Repräsentation von Modell- und Bildstruktur

Die Modell- und die Bildstruktur müssen für den Vergleich einheitlich repräsentiert werden. Zu diesem Zweck stellen wir in diesem Abschnitt Relationalstrukturen ([Radig 84], [Shapiro et al. 84]) vor.

Der Begriff Modellstruktur darf nicht mit dem Modellbegriff der Logik verwechselt werden. Ein Modell ist ein a priori gegebenes Muster für ein reales Bild. Eine Modellstruktur beschreibt Beziehungen zwischen Merkmalen in diesem Muster.

Als grundlegenden mathematischen Begriff definieren wir zunächst eine *Relation*. Gegeben sei eine Trägermenge als disjunkte Vereinigung der Mengen C_1, \dots, C_p . Jede Teilmenge R des p -stelligen kartesischen Produkts $C_1 \times \dots \times C_p$ heißt *p-stellige Relation*. Relation

Zum Beispiel können wir einen Bildbereich durch die X- und Y-Koordinaten des Bereichsschwerpunkts repräsentieren. Hierzu genügt ein *Relationstupel* (S_{px}, S_{py}) einer zweistelligen Relation. Die Symbole S_{px} und S_{py} seien Abkürzungen beispielsweise für die Merkmale $(s_{px}, 150)$ und $(s_{py}, 140)$. Ein Merkmal besteht demnach aus dem Merkmalsnamen und dem Merkmalswert. Merkmal

Diese Form eines Relationstupels eignet sich noch nicht zur Repräsentation einer komplexen Struktur. Notwendig ist, daß für ein Relationstupel jeweils eine eindeutige *Referenz* festgelegt wird, die als zusätzliche Komponente in das Tupel aufzunehmen ist. Beim Relationstupel (Ref, S_{px}, S_{py}) ist das Symbol Ref eine Abkürzung etwa für die Referenz $(bereich, 1)$, die das Tupel eindeutig bezeichnet. Eine Referenz besteht, in Anlehnung an ein Merkmal, aus dem *Referenznamen* und der *Referenznummer*. Referenz

Gemäß dieser Vereinbarung treten sowohl bei den Referenzen als auch bei den Merkmalen explizit ihre Namen auf. Wir wollen diese Konvention beibehalten, die aus der Sicht der Implementierung zu aufwendig ist, um bei den Referenzen und den Merkmalen sofort den Typ zu erkennen.

Damit ist es nun möglich, Relationstupel von unterschiedlichen Relationen zu kombinieren und Relationalstrukturen aufzubauen. Eine *Relationalstruktur* ist eine Menge RS von Relationen R_1, \dots, R_q . Die Trägermenge für die Relationalstruktur ist die disjunkte Vereinigung von Mengen C_1, \dots, C_r . Eine Menge C_i umfaßt entweder Merkmale (mit demselben Merkmalsnamen) oder Referenzen (mit demselben Referenznamen). Eine Relation R_k besteht aus Tupeln, die in ihrer ersten Komponente das jeweilige Relationstupel bezeichnen. In den weiteren Komponenten sind dann entweder Referenzen für Tupel von anderen Relationen oder Merkmale aufgeführt. Relationalstruktur

Relationstupel, in deren Komponenten auf keine weiteren Tupel verwiesen wird, heißen *nicht strukturiert*, alle anderen *strukturiert*. Den durch ein nicht strukturiertes Relationstupel repräsentierten Bestandteil von Modell oder Bild nennen wir *Primitiv*. Den durch ein strukturiertes Relationstupel und allen damit verbundenen Tupeln repräsentierten Bestandteil von Modell oder Bild nennen wir *Objekt*. Die Menge aller Primitive und deren Beziehungen nennen wir *Struktur*.

Die Typen der Referenzen und der Merkmale legen auch den Typ eines Relationstupels fest. Der Typbegriff ist außerdem auf die Elemente übertragbar, die durch die Relationstupel repräsentiert werden. Wir können also ebenso vom Typ eines Primitivs oder eines Objekts sprechen.

Als Beispiel führen wir nun das Fragment einer Relationalstruktur an, das die Struktur einer Chip-Bondierung repräsentiert: Beispiel für ein Relationalstruktur

8. Modellbasiertes Erkennen der Bildstruktur

```
BER =
  { ((bereich,1), (spx,150), (spy,140)), ((bereich,2), ... ),
    ((bereich,3), ... ) }

PAAR =
  { ((paar,1), (bereich,1), (bereich,2), (berührung,1.0)),
    ((paar,2), (bereich,2), (bereich,3), (berührung,1.0)),
    ((paar,3), (bereich,1), (bereich,3), (berührung,0)) }

TRIP =
  { ((tripel,1), (bereich,1), (bereich,2), (bereich,3),
    (krümmung,180)) }

RS = {BER, PAAR, TRIP}
```

Ein Tupel der Relation *BER* setzt sich aus einer Referenz und zwei Merkmalen zusammen. Damit wird ein Bereich eindeutig bezeichnet und durch die X- und Y-Koordinate des Schwerpunkts charakterisiert. Ein Tupel der Relation *PAAR* besteht aus drei Referenzen und einem Merkmal. Mit der ersten Referenz wird das Tupel selbst bezeichnet, und mit den beiden anderen Referenzen auf die entsprechenden Tupel der Relation *BER* verwiesen. Das Berührungsmerkmal, als Nachbarschaftsbeziehung zwischen zwei Bereichen, nimmt den Wert 1.0 an, falls sich die Bereiche berühren, ansonsten 0. Mit einem Relationstupel der Relation *TRIP* wird eine Beziehung zwischen drei Bereichen repräsentiert. Zwischen den drei Bereichen wird zusätzlich ein Krümmungsmerkmal angegeben, das auf den Schwerpunktkoordinaten der Bereiche basiert und die Biegung einer Bondierung repräsentiert. Der Krümmungswert 180 ergibt sich etwa dadurch, daß die Schwerpunkte der drei Bereiche auf einer Geraden liegen und folglich einen Winkel von 180 Grad aufspannen.

Die Relationalstruktur *RS* besteht somit aus den drei Relationen {*BER*, *PAAR*, *TRIP*} und beschreibt die Struktur einer Chip-Bondierung. Den strukturellen Zusammenhang zwischen den Relationstupeln können wir visuell durch einen *Hypergraphen* [Schmidt, Ströhlein 89] veranschaulichen. Hierzu übertragen wir jedes Relationstupel in eine *Hyperkante*. Eine *Hyperkante* ist die Verallgemeinerung einer Kante und besteht aus zwei oder mehr *Endpunkten*. Bei der Darstellung eines Relationstupels besteht sie aus genau den Endpunkten, die als Komponenten im Tupel auftreten. Für *RS* ergibt sich der Hypergraph gemäß Abbildung 8.1-1.

Die großen, gemusterten Kreisscheiben sind die Hyperkanten, die kleinen, unterschiedlich geformten Figuren sind die Endpunkte des Hypergraphen. Die Textur einer Kreisscheibe markiert einen bestimmten Typ des Relationstupels. Die mit einer Kreisscheibe verbundenen Punkte stellen die Referenzen und Merkmale dar, die im Relationstupel auftreten. Voll gezeichnete Punkte sind Referenzen, hohl gezeichnete sind Merkmale. Mit der unterschiedlichen Form der Punkte werden verschiedene Typen von Referenzen oder Merkmalen angedeutet. Von den

Verbindungen einer Kreisscheibe zu den Punkten ist diejenige, die auf den Bezeichner des Relationstupels führt, etwas fetter dargestellt.

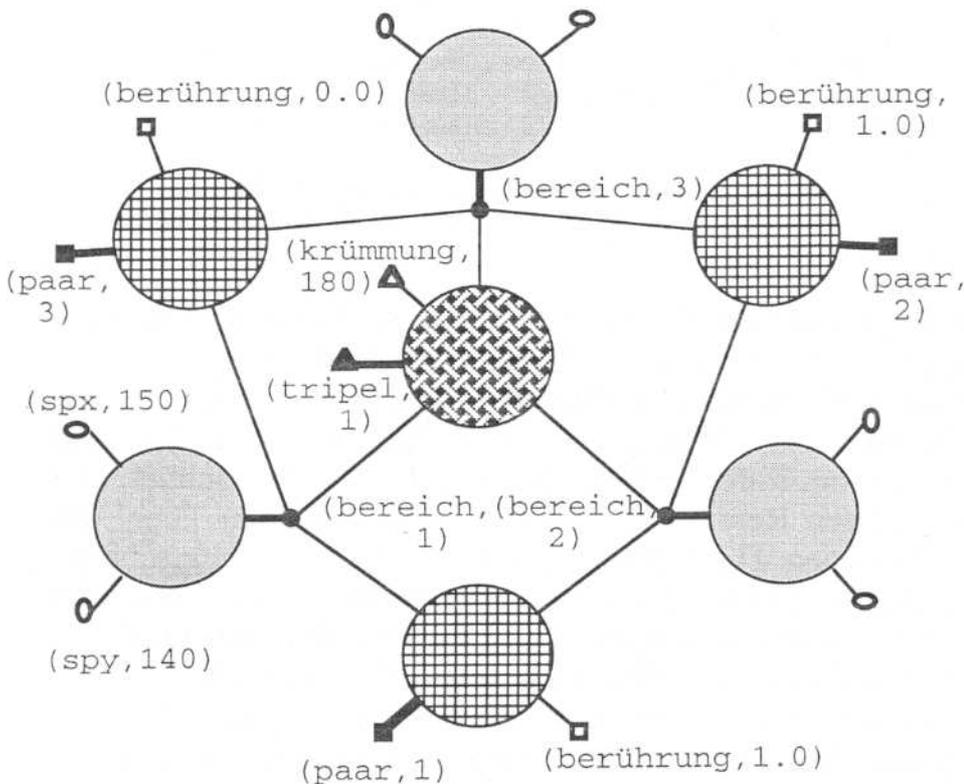


Abb. 8.1-1: Hypergraph für die Relationalstruktur RS .

8.1.2 Ähnlichkeit von Modell- und Bildstruktur

Bei einer realen Szene führt der Vorgang der Bildentstehung und Bildvorverarbeitung zu einer Bildstruktur, die von der Modellstruktur abweicht ([Sanfeliu, Fu 83], [Wong, You 85]). Ein Vergleich der beiden Strukturen muß folglich Abweichungen berücksichtigen, um eine Zuordnung zu ermöglichen. Nachfolgend entwickeln wir ein allgemeines Schema zur Berechnung der Ähnlichkeit von Modell- und Bildstruktur.

Modell- und Bildstruktur repräsentieren wir durch zwei Relationalstrukturen RS_M und RS_B . Infolgedessen steht zum einen jeder Menge C_{i_M} (der Trägermenge von RS_M) eine Menge C_{i_B} (der Trägermenge von RS_B) gegenüber, deren Elemente Referenzen oder Merkmale vom gleichen Typ sind. Zum anderen steht jeder Relation R_{k_M} eine Relation R_{k_B} gegenüber, deren Relationstupel vom gleichen Typ sind. Der Vergleich zwischen Modell- und Bildstruktur führt zu *Korrespondenzen* zwischen Relationstupeln und damit zu Korrespondenzen zwischen Referenzen bzw. zwischen Merkmalen. Natürlich können nur Relationstupel vom gleichen Typ und damit Referenzen bzw. Merkmale vom gleichen Typ miteinander korrespondieren.

Korrespondenz
zwischen Modell-
und Bildstruktur

Wir unterscheiden zwei Arten von Abweichungen zwischen Modell- und Bildstruktur. Zum ersten können korrespondierende Merkmale verschiedene Werte haben. In diesem Fall sprechen wir von *Merkmalsdifferenzen*. Zum zweiten können zu Modellprimitiven die korrespondierenden Bildprimitive fehlen bzw. zu Bildprimitiven die korrespondierenden Modellprimitive. In diesem Fall sprechen wir von *Strukturfehlern*. Bei der Berechnung der Ähnlichkeit von Modell- und Bildstruktur müssen somit Merkmalsdifferenzen und Strukturfehler quantitativ erfaßt werden. Wir wollen zunächst damit beginnen, die Ähnlichkeit von Merkmalen zu formalisieren.

Differenz zwischen Merkmalen

- Eine Funktion zur Berechnung der Differenz zwischen Modell- und Bildmerkmal lautet etwa:

$$FD^m(K^{m_name}[w_M;w_B]) := |w_M - w_B| / FN^{m_name}(w_M, w_B)$$

Der hochgestellte Index m beim Funktionssymbol FD^m weist darauf hin, daß die Funktion eine Merkmalskorrespondenz als Parameter hat. Die korrespondierenden Merkmale (m_name_M, w_M) und (m_name_B, w_B) werden durch das Symbol $K^{m_name}[w_M; w_B]$ abgekürzt. Die tiefgestellten Symbole M bzw. B deuten auf Bestandteile von Modell- bzw. Bildstruktur hin. Mit Hilfe der Normierungsfunktion $FN^{m_name}(w_M, w_B)$ wird die Differenz zwischen den Merkmalen auf ein Intervall von 0 bis 1 transformiert.

- Diese normierte Differenz muß eine Schwelle T unterschreiten, um Modell- und Bildmerkmal als *ähnlich* zu definieren:

$$FD^m(K^{m_name}[w_M; w_B]) < T$$

In der Abbildung 8.1-2 ist für zwei korrespondierende Bereiche, von Modell- und Bildstruktur beispielhaft die Differenzschwelle T bezüglich der X-Koordinate des Bereichsschwerpunkts dargestellt.

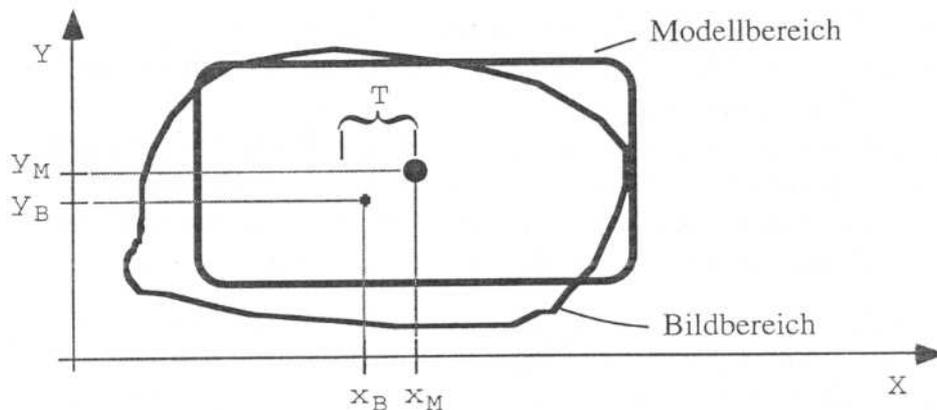


Abb. 8.1-2: Differenzschwelle T für den Vergleich der X-Koordinate des Schwerpunkts von Modell- und Bildbereich.

- Eine Ähnlichkeitsfunktion für Merkmale ist wie folgt definierbar:

$$FÄ^m(K^m_name[w_M;w_B]) := 1 - FD^m(K^m_name[w_M;w_B]) / T$$

Ähnlichkeit von
Merkmalen

Die Funktion $FÄ^m$ berechnet die Ähnlichkeit der korrespondierenden Merkmale (m_name_M, w_M) und (m_name_B, w_B) bei vorgegebener Differenzschwelle T .

Der Verlauf der Ähnlichkeitswerte bei festgehaltener Differenzschwelle und veränderlicher normierter Differenz ergibt eine lineare Funktion mit negativer Steigung. Je größer die Differenz zwischen den korrespondierenden Merkmalen ist, desto niedriger ist der Ähnlichkeitswert. Falls die Differenz die Schwelle T übersteigt, so liegt der Ähnlichkeitswert im negativen Bereich. Überträgt man die obige Definition der Ähnlichkeit von zwei Merkmalen auf die Ähnlichkeitsfunktion, so muß also der Funktionswert größer als 0 sein. Die Funktion kann maximal den Wert 1 erreichen. In diesem Fall sind die Werte der korrespondierenden Merkmale identisch.

Nachfolgend verwenden wir diese Funktion als Grundlage für komplexere Ähnlichkeitsfunktionen. Um die Definitionen zu vereinfachen, sei angenommen, daß negative Ähnlichkeitswerte der obigen Funktion einheitlich auf 0 gesetzt sind.

Wir haben nun die Grundlage geschaffen für die Definition einer weiteren Funktion, mit der die Ähnlichkeit von Modell- und Bildprimitive zu berechnen ist. Als Parameter ist eine Korrespondenz von nicht strukturierten Relationstupeln vorzugeben. Die korrespondierenden Modell- und Bildprimitive sind genau dann *ähnlich*, wenn der Funktionswert größer als eine *Ähnlichkeitsschwelle für Primitive* ist.

Ähnlichkeit von
Primitive

Wir verwenden für die Ähnlichkeitsfunktion zwischen Primitive das Symbol $FÄ^P$. Die Korrespondenz von zwei nicht strukturierten Relationstupeln, mit den Referenzen (p_name_M, i_M) und (p_name_B, i_B) erhält das Symbol $K^P_name[i_M; i_B]$. Ferner sei die Ähnlichkeitsschwelle S^P gegeben. Dann muß also für ähnliche Primitive die Bedingung gelten: $FÄ^P(K^P_name[i_M; i_B]) > S^P$.

Die Ähnlichkeitsfunktion für Primitive ist etwa zu definieren als:

- Gewichtete Summe der Ähnlichkeitswerte zwischen den Merkmalen der korrespondierenden Primitive;
- Ähnlichkeitswert derjenigen Merkmale, die unter allen Merkmalen der beiden korrespondierenden Primitive das höchste Gewicht haben;
- Ähnlichkeitswert derjenigen Merkmale, die unter allen Merkmalen der beiden Primitive den geringsten Ähnlichkeitswert haben.

Auf der Grundlage der Ähnlichkeitsfunktionen für Merkmale sowie für Primitive können wir nun eine Funktion definieren, mit der die Ähnlichkeit von Modell- und Bildobjekt berechnet werden kann. Ein Objekt ist dadurch charakterisiert, daß es von mehreren Relationstupeln repräsentiert wird, die jedoch alle von einem einzigem rekursiv erzeugt werden. Folglich ist als Funktionsparameter eine Korrespondenz von

Ähnlichkeit von
Objekten

strukturierten Relationstupeln vorzugeben. Die korrespondierenden Modell- und Bildobjekte sind genau dann *ähnlich*, wenn der Funktionswert größer als eine *Ähnlichkeitsschwelle für Objekte* ist.

Wir verwenden für die Ähnlichkeitsfunktion zwischen Objekten das Symbol $F\ddot{A}^\circ$. Die Definition von $F\ddot{A}^\circ$ stützt sich auf die Definitionen von $F\ddot{A}^m$ und $F\ddot{A}^p$. Die Korrespondenz von zwei strukturierten Relationstupeln mit den Referenzen (o_name_M, i_M) und (o_name_B, i_B) erhält das Symbol $K^{o_name}[i_M; i_B]$. Ferner sei die Ähnlichkeitsschwelle S° gegeben. Dann erfüllen also ähnliche Objekte die Bedingung:

$$F\ddot{A}^\circ(K^{o_name}[i_M; i_B]) > S^\circ.$$

Wie bei der Definition von Ähnlichkeitsfunktionen für Primitive gibt es auch für Objekte unterschiedliche Möglichkeiten, um die Ähnlichkeitswerte in den Komponenten der erzeugenden Relationstupel zu kombinieren. Eine Besonderheit besteht darin, daß Bildprimitive fehlen können, die in der Modellstruktur vorhanden sind (und umgekehrt). In diesem Fall können Pseudo-Komponenten in die Relationstupel der Bildstruktur eingefügt werden. Die Ähnlichkeit zwischen einer Komponente der Modellstruktur und einer Pseudo-Komponente der Bildstruktur ist dabei mit 0 zu definieren.

Mit Hilfe der Ähnlichkeitsfunktionen $F\ddot{A}^m$, $F\ddot{A}^p$ und $F\ddot{A}^\circ$ können wir nun als letzten Schritt eine Funktion $F\ddot{A}^s$ definieren, mit der die Ähnlichkeit von Modell- und Bildstruktur zu berechnen ist. Diese zusätzliche Definition ist dann erforderlich, wenn die Relationalstrukturen RS_M und RS_B nicht durch jeweils ein einziges Relationstupel erzeugt werden. Als Parameter der Funktion $F\ddot{A}^s$ haben wir eine Menge von korrespondierenden Relationstupeln. Für die Ähnlichkeitsfunktion $F\ddot{A}^s$ sind wiederum zahlreiche Definitionen möglich, etwa die gewichtete Summe oder das Produkt der Ähnlichkeitswerte der korrespondierenden Objekte. Modell- und Bildstruktur sind, gemäß der zugrundeliegenden Korrespondenzen, genau dann *ähnlich*, wenn der Ähnlichkeitswert größer als eine *Ähnlichkeitsschwelle für Strukturen* S^s ist.

Damit liegt nun ein allgemeines Schema vor, um die Ähnlichkeit beim Vergleich von Bild- und Modellstruktur zu berechnen. Das Schema erlaubt es, individuelle Definitionen für die Funktionen $F\ddot{A}^m$, $F\ddot{A}^p$, $F\ddot{A}^\circ$ und $F\ddot{A}^s$ je nach Anwendungsgebiet einzusetzen. Die einzige Anforderung an die Definitionen besteht darin, daß die Werte normiert im Intervall zwischen 0 und 1 liegen müssen (eine Begründung hierzu erfolgt in der Diskussion im Teilkapitel 8.3). Voraussetzung für die Anwendung der Funktionen ist, daß Korrespondenzen zwischen den Strukturbestandteilen und Differenzschwellen für die korrespondierenden Merkmale vorgegeben sind. Modell- und Bildstruktur können schließlich, gemäß der zugrundeliegenden Korrespondenzen, genau dann *zugeordnet* werden, wenn sie ähnlich sind. Der Ähnlichkeitswert liegt dann im reellen Intervall zwischen S^s und 1.

Ähnlichkeit von
Strukturen

Schema zur Ähn-
lichkeitsberech-
nung

Wir führen nun ein einfaches Beispiel an, um die Berechnung von Ähnlichkeitswerten zu demonstrieren. Wir nehmen an, es sei eine Modellbondierung (linkes Bild in Abbildung 8.1-3) für die reale Bondierung in der oberen Hälfte des Chip-Ausschnitts (siehe rechtes Bild) gegeben. Durch den Bruch dieser Bondierung ist der Hauptteil der Drahtes verschoben.

Beispiel zur Ähnlichkeitsberechnung

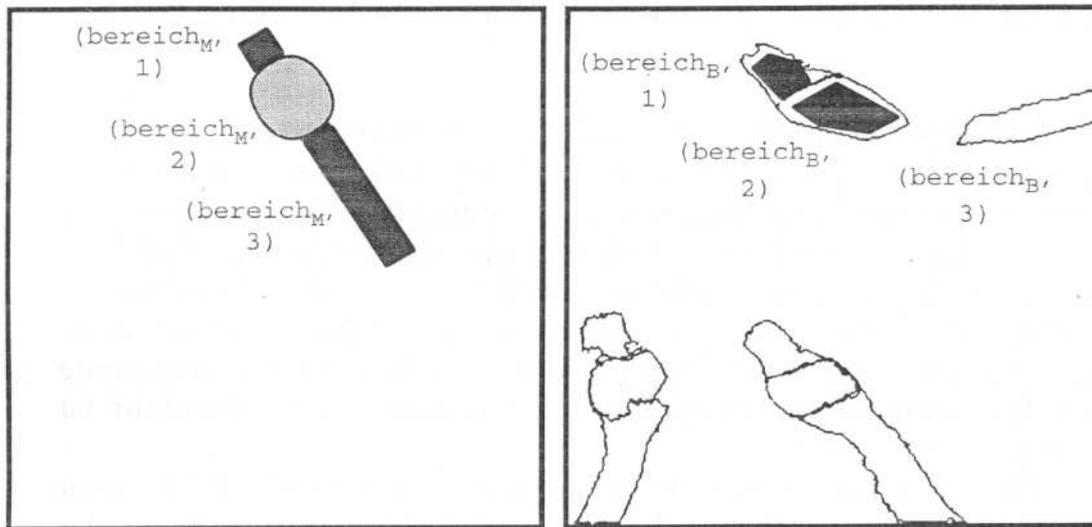


Abb. 8.1-3: Modellbondierung und drei Bildbondierungen.

Die Modellbondierung werde durch ein Relationstupel der Relation $TRIP_M$ sowie drei Relationstupeln der Relation BER_M repräsentiert. Für die zugehörige reale Bondierung im Bild sind Relationstupel der Relationen $TRIP_B$ und BER_B vorhanden. Die drei Bereiche einer Bondierung sind jeweils durch X- und Y-Koordinaten der Schwerpunkte beschrieben, zwischen den drei Bereichen wird als Nachbarschaftsbeziehung das Krümmungsmerkmal angegeben.

Wir setzen nun voraus, daß jeweils die Bereiche, die Endstück, Kontaktstelle und Hauptteil der Modellbondierung repräsentieren, mit dem jeweiligen Pendant der Bondierung im Bild korrespondieren. Dies ist mit Hilfe unserer Symbole folgendermaßen zusammenzufassen: $K^{bereich}[1;1]$, $K^{bereich}[2;2]$, $K^{bereich}[3;3]$. Die Korrespondenz zwischen den Krümmungsmerkmalen $(krümmung_M, w_M)$ und $(krümmung_B, w_B)$ kürzen wir mit dem Symbol $K^{krümmung}[w_M; w_B]$ ab.

Aufgrund des Bruches treten Abweichungen zwischen Modell- und Bildbondierung auf. Es sind dies vor allem Differenzen zwischen den Merkmalen der Bereiche, die jeweils den Hauptteil des Drahtes in Modell- und Bildbondierung repräsentieren. Ebenso haben wir große Differenzen beim Vergleich des Krümmungsmerkmals. Nach Vorgabe von Differenzschwellen für die X- und Y-Koordinaten der Bereichs-

8. Modellbasiertes Erkennen der Bildstruktur

schwerpunkte sowie für das Krümmungsmerkmal haben sich folgende Ähnlichkeitswerte ergeben:

$$F\ddot{A}P(K^{\text{bereich}}[1;1]) = 0.75; \quad F\ddot{A}P(K^{\text{bereich}}[2;2]) = 0.9$$

$$F\ddot{A}P(K^{\text{bereich}}[3;3]) = 0; \quad F\ddot{A}^m(K^{\text{krümmung}}[w_M;w_B]) = 0.35$$

Die Werte spiegeln die Situation wider. Kleine Differenzen zwischen Merkmalen verursachen hohe Ähnlichkeitswerte (0.75 und 0.9), große Differenzen bewirken niedrige Ähnlichkeitswerte (0 und 0.35).

Die Aufgabe besteht nun darin, einen Ähnlichkeitswert für Modell- und Bildbondierung gemäß der zugrundeliegenden Korrespondenzen zu ermitteln. Hierzu benötigen wir eine Ähnlichkeitsfunktion $F\ddot{A}^\circ$, um sie auf eine Korrespondenz zwischen Objekten anzuwenden. Der Parameter dieser Funktion ist eine Korrespondenz von Referenzen ($\text{tripel}_M, 1$) und ($\text{tripel}_B, 1$), durch die die beiden Objekte bezeichnet werden. Die korrespondierenden Referenzen kürzen wir mit dem Symbol $K^{\text{tripel}}[1;1]$ ab. Die Ähnlichkeitsfunktion definieren wir als gewichtete und normierte Summe der Ähnlichkeiten in den Komponenten. Im Beispiel gewichten wir die Bereiche und das Krümmungsmerkmal eines Bondierungsobjektes einheitlich mit dem Faktor 1. Wenn wir obige Ähnlichkeitswerte in untenstehende Funktion einsetzen, so erhalten wir als Ergebnis den Wert 0.5:

$$F\ddot{A}^\circ(K^{\text{tripel}}[1;1]) := \\ (F\ddot{A}P(K^{\text{bereich}}[1;1]) + F\ddot{A}P(K^{\text{bereich}}[2;2]) + \\ F\ddot{A}P(K^{\text{bereich}}[3;3]) + F\ddot{A}^m(K^{\text{krümmung}}[w_M;w_B])) / 4$$

Die Funktion berechnet die Ähnlichkeit von Modell- und Bildbondierung in Abhängigkeit von den vorgegebenen Differenzschwellen und den zugrundeliegenden Korrespondenzen zwischen den Bereichen.

8.1.3 Beschreibung des Zuordnungsproblems

In diesem Abschnitt formulieren wir das sogenannte Zuordnungsproblem (auch Identifikationsproblem genannt). Grundlage sind die in den Abschnitten 8.1.1 und 8.1.2 eingeführten Formalismen zur Repräsentation und Ähnlichkeit von Modell- und Bildstruktur.

Eine *Zuordnung* ist eine Menge von korrespondierenden Tupeln zweier Relationalstrukturen, für die der Ähnlichkeitswert, definiert durch die Ähnlichkeitsfunktion zwischen Strukturen, eine Schwelle S^S überschreitet. Wir wollen diese Zuordnung als *hypothetische Zuordnung* und ein Zuordnungstupel als *Zuordnungshypothese* bezeichnen.

Gibt man für die Merkmale hohe Differenzschwellen vor, so führt dies dazu, daß ein Modellprimitiv mit mehreren Bildprimitiven, bzw. ein Bildprimitiv mit mehreren Modellprimitiven ähnlich ist. Damit ist

Hypothetische Zuordnung

Eindeutige Zuordnung

etwa ein Bereich der Modellstruktur gleichzeitig zwei oder mehreren Bereichen der Bildstruktur zuzuordnen. Die hypothetische Zuordnung ist folglich nur eine Relation, jedoch keine Abbildung. Um der Bildstruktur eine eindeutige Semantik zuzuweisen, muß eine Zuordnung *eindeutig* sein. Das Ziel beim Vergleich von Strukturen besteht darin, eine Zuordnung zu finden, so daß die Relationstupel eindeutig miteinander korrespondieren und der Ähnlichkeitswert ein Optimum hat. Damit lautet das Zuordnungsproblem folgendermaßen:

Gegeben sind:

- Relationalstrukturen RS_M und RS_B ;
- Ähnlichkeitsfunktionen $FÄ^m$, $FÄ^p$, $FÄ^o$ und $FÄ^s$;
- Differenzschwellen für Merkmale.

Gesucht ist:

- Zuordnung der beiden Relationalstrukturen RS_M und RS_B , so daß die Relationstupel eindeutig miteinander korrespondieren und die Ähnlichkeit gemäß der Ähnlichkeitsfunktionen optimal ist.

Wir bezeichnen eine solche Zuordnung als *eindeutige, optimale Zuordnung*. Im nächsten Teilkapitel führen wir verschiedene Verfahren zum Vergleich von Modell- und Bildstruktur an, mit denen die eindeutige, optimale Zuordnung gefunden werden soll. Eine systematische Beurteilung dieser Verfahren soll anhand eines Katalogs von charakterisierenden Eigenschaften erfolgen:

Können beliebige Strukturen verglichen werden? Werden Merkmalsdifferenzen berücksichtigt? Sind Strukturfehler erlaubt? Ist die Zuordnung eindeutig? Ist die Zuordnung lokal oder global optimal? Wie hoch ist der Speicher- und Rechenzeitbedarf? Wird das Zuordnungsproblem gelöst?

Kriterien für Vergleichsverfahren

Für die Beantwortung dieser Fragen ist es sinnvoll, die einzelnen Vergleichsverfahren in ein allgemeines Problemlösungsschema zu betten. Der Vergleich von Modell- und Bildstruktur ist stets ein mehrstufig angelegter Vorgang, wobei ein *Ausgangszustand* in einen *Zielzustand* übergeführt wird. Der Ausgangszustand ist eine hypothetische Zuordnung zwischen Modell- und Bildstruktur, die im allgemeinen weder eindeutig noch optimal ist. Der Zielzustand ist eine eindeutige Zuordnung von Modell- und Bildstruktur, für die die Ähnlichkeit ein Optimum hat. Beginnend mit dem Ausgangszustand werden neue Zustände dadurch erzeugt, daß auf aktuelle Zustände Operationen angewendet werden. Die neuen Zustände stellen im Hinblick auf die "Nähe" zum Zielzustand eine Verbesserung dar. Dies bedeutet konkret, daß Zwischenlösungen des Vergleichsvorgangs im Sinne der Ähnlichkeitsfunktionen sukzessive verbessert werden. Der Vergleich von Modell- und Bildstruktur ist

Suche im Zustandsraum

somit eine Suche in einem *Raum von Zwischenlösungen*. Die Suche wird beendet, sobald der Zielzustand erreicht ist.

8.2 Vergleich von Modell- und Bildstruktur

Im vorangegangenen Teilkapitel haben wir Funktionen angeführt, die bei a priori vorliegenden Korrespondenzen die Ähnlichkeit von Modell- und Bildstruktur berechnen. In diesem Teilkapitel stellen wir drei unterschiedliche Verfahren vor, die die Korrespondenzen so bestimmen, daß eine möglichst eindeutige und (oder) optimale Zuordnung resultiert. Es sind dies folgende Verfahren:

- Iterative Relaxation von Zuordnungshypothesen
- Dynamische Optimierung von Zuordnungshypothesen
- Heuristische Suche von kompatiblen Zuordnungshypothesen

8.2.1 Iterative Relaxation von Zuordnungshypothesen

Wir beginnen damit, die Methode der *iterativen Relaxation* ([Rosenfeld et al. 76], [Hummel, Zucker 83], [Price 85]) zu beschreiben und diskutieren anschließend ihre Eignung für die Lösung des Zuordnungsproblems. Die Ausgangsbasis für den Vergleichsvorgang bilden Modell- und Bildprimitive, die von einem einzigen Typ sind. Zunächst zieht man die Merkmale der Modellprimitive heran, um hypothetisch Bildprimitive zuzuordnen. Diese Zuordnungshypothesen werden anschließend iterativ abgeschwächt oder verstärkt. Hierzu werden binäre Nachbarschaftsbeziehungen zwischen den Modell- bzw. zwischen Bildprimitiven herangezogen. Das Verfahren wird beendet, sobald der Iterationsprozeß konvergiert.

Die elementare Voraussetzung für die Anwendung des Verfahrens besteht darin, daß die Zuordnungshypothesen zwischen Modell- und Bildprimitiven keine definitiven "JA"- oder "NEIN"-Aussagen sind. Stattdessen werden *Wahrscheinlichkeitswerte* für die einzelnen Zuordnungstupel mit angegeben. Die Wahrscheinlichkeitswerte sind auf der Basis der Ähnlichkeitsfunktionen zu ermitteln. Beispielsweise soll ein hoher Ähnlichkeitswert für ein Zuordnungstupel einen hohen Wahrscheinlichkeitswert ergeben. Das Zuordnungsproblem ist nun nicht einfach dadurch zu lösen, daß die Zuordnungstupel mit den höchsten Werten ausgewählt werden. Typischerweise ergeben sich nämlich dabei Widersprüche in der Gesamtmenge der Zuordnungstupel. Der Grund hierfür liegt darin, daß dabei nur lokal Merkmale von Modell- und Bildprimitiven herangezogen werden. Deshalb sollen mit Hilfe von Restriktionen, die als Beziehungen zwischen den Primitiven vorliegen, solche Konflikte behoben werden. Ein Operator muß also dafür sorgen, daß

Iterative Relaxation

Modifikation von
Wahrscheinlich-
keiten

die Wahrscheinlichkeit von Zuordnungstupeln aktualisiert wird, indem Restriktionen in einem bestimmten Kontext berücksichtigt werden.

Es soll nun das Relaxationsverfahren auf das Paradigma der Suche im Zustandsraum übertragen werden. Der Ausgangszustand ist eine Menge von Zuordnungstupeln zwischen Modell- und Bildprimitiven. Ein Zuordnungstupel ist ein Paar aus Modell- und Bildprimitiv, die aufgrund ihrer Merkmale ähnlich sind. Wenn wir die Relationstupel zweier Primitive mit den Referenzen (p_name_M, i_M) und (p_name_B, i_B) bezeichnen, so ergibt sich der Ähnlichkeitswert durch Auswertung der Funktion $F\ddot{A}^P$. Für jedes Zuordnungstupel ist eine Wahrscheinlichkeit $WS[i_M, i_B]$ zu ermitteln. Diese ergibt sich etwa als Division des Ähnlichkeitswertes $F\ddot{A}^P(K^{p_name}[i_M; i_B])$ durch die Summe der Ähnlichkeitswerte zwischen dem Bildprimitiv (p_name_B, i_B) und den damit ähnlichen Modellprimitiven. Damit erhalten wir Wahrscheinlichkeitswerte, die von den Ähnlichkeitswerten abhängen und zusätzlich normiert sind.

Suche im Zustandsraum

Ein Zustandsübergang wird dadurch erreicht, daß auf die Wahrscheinlichkeitswerte der Zuordnungstupel ein *Relaxationsoperator* angewendet wird. Dieser Operator enthält Wahrscheinlichkeiten dafür, daß bestimmte Modell- und Bildprimitive zugeordnet werden sollen, unter der Bedingung, daß andere bereits zugeordnet sind. Die bedingten Wahrscheinlichkeiten können aus den strukturellen Beziehungen zwischen den Modellprimitiven bzw. den Bildprimitiven gebildet werden. Ein Beispiel für einen Relaxationsoperator ist:

Relaxationsoperator

$$WS_{t+1}[i_M, i_B] :=$$

$$\prod_{j_B = 1}^v \sum_{j_M = 1}^w BWS[i_M, i_B | j_M, j_B] * WS_t[j_M, j_B]$$

Die Wahrscheinlichkeit $WS_t[j_M, j_B]$, daß Modell- und Bildprimitive (p_name_M, j_M) und (p_name_B, j_B) zugeordnet sind, wird multipliziert mit der bedingten Wahrscheinlichkeit $BWS[i_M, i_B | j_M, j_B]$, daß auch die Primitive (p_name_M, i_M) und (p_name_B, i_B) zugeordnet werden sollen. Durch Summenbildung (dieses Wertes) über alle Modellprimitive und Produktbildung über alle Bildprimitive ergibt sich der neue Wahrscheinlichkeitswert. Die Symbole w und v sind die Anzahl der Modell- und Bildprimitive, t ist die Nummer der Iteration.

Der Zielzustand bei der Suche im Zustandsraum ist nicht exakt zu beschreiben. Er enthält zwar dieselbe Menge von Zuordnungstupeln wie der Ausgangszustand, jedoch mit veränderten Wahrscheinlichkeitswerten. Die Wahrscheinlichkeiten der Zuordnungstupel sind hierbei so justiert, daß sie sich durch weiteres Anwenden des Relaxationsoperators nicht mehr signifikant verändern. In diesem Fall kann für die Wahrscheinlichkeitswerte eine Schwelle gesetzt werden, so daß Zuordnungs-

Konvergenz der Relaxation

tupel, die diese Schwelle überschreiten als Zuordnungshypothesen akzeptiert und die übrigen zurückgewiesen werden.

Beispiel zur Relaxation

Wir wollen nun das Beispiel von Abschnitt 8.1.2 heranziehen, um das Relaxationsverfahren zu illustrieren. Wir nehmen an, es sei eine Modellbondierung für die reale Bondierung in der oberen Hälfte des Chip-Ausschnitts gegeben (siehe linkes und rechtes Bild in Abbildung 8.1-3). Die eingestellten Differenzschwellen für Merkmale bestimmen die hypothetische Zuordnung. Es sei die folgende Situation gegeben:

- Die beiden realen Bondierungen der unteren Hälfte des Chip-Ausschnitts scheiden als Hypothesen für die Zuordnung aus, weil die Merkmale zwischen Modell- und Bildbereichen zu verschieden sind.
- Bei der verbliebenen Bondierung ist der Bereich des verschobenen Drahhauptteils den Bereichen der Modellbondierung nicht zuzuordnen.
- Im übrigen kann aber jeder Bereich der Modellbondierung aufgrund der Differenzschwellen jedem der beiden verbliebenen Bildbereiche zugeordnet werden.

Folglich besteht die Aufgabe des Relaxationsverfahrens darin, die drei Bereiche der Modellbondierung den zwei Bereichen der Bildbondierung eindeutig und optimal zuzuordnen.

Ähnlichkeitswerte, Wahrscheinlichkeitswerte

Die Modellbereiche haben die Referenzen ($\text{bereich}_M, 1$), ($\text{bereich}_M, 2$), ($\text{bereich}_M, 3$) und die Bildbereiche haben die Referenzen ($\text{bereich}_B, 1$) und ($\text{bereich}_B, 2$). Aufgrund der Ähnlichkeitswerte zwischen den Bereichen von Modell- und Bildbondierung haben sich Wahrscheinlichkeitswerte (siehe Tabelle 8.2-1) für die Zuordnungstupel ergeben. Wir ersehen aus der Tabelle der Wahrscheinlichkeiten, daß die Werte etwa im reellen Intervall zwischen 0 und 0.6 liegen (mehrdeutige Zuordnung). Durch Einbeziehen einer Nachbarschaftsbeziehung zwischen Bereichen soll eine eindeutige Zuordnung ermittelt werden. Wir verwenden hierzu das Berührungsmerkmal zwischen jeweils zwei Bereichen. Daraus können für beliebige Kombinations-

Ähnlichkeit:
 $F\ddot{A}P (K^{\text{bereich}}[i_M; i_B])$

$i_M \backslash i_B$	1	2
1	0.75	0.65
2	0.6	0.9
3	0.1	0.5

Wahrscheinlichkeit:
 $WS[i_M, i_B]$

$i_M \backslash i_B$	1	2
1	0.517	0.317
2	0.413	0.439
3	0.068	0.243

Tab. 8.2-1: Ähnlichkeits- und Wahrscheinlichkeitswerte zwischen Modell- und Bildbereichen.

nen von Bereichsnummern i_M, i_B, j_M, j_B Werte der bedingten Wahrscheinlichkeit bereitgestellt werden. Wir definieren etwa:

$BWS[i_M, i_B | j_M, j_B] := 1$, falls sich sowohl die Modellbereiche $(bereich_M, i_M)$ und $(bereich_M, j_M)$ als auch die Bildbereiche $(bereich_B, i_B)$ und $(bereich_B, j_B)$ berühren. Ansonsten hat die bedingte Wahrscheinlichkeit den Wert 0. Bedingte Wahrscheinlichkeiten

Mit diesen Werten der bedingten und unbedingten Wahrscheinlichkeiten sowie dem angeführten Relaxationsoperator können wir nun das Relaxationsverfahren starten. In der Tabelle 8.2-2 sind markante Zwischenergebnisse bei insgesamt 10 Iterationen angeführt. Iteration

Die wiederholte Anwendung des Relaxationsoperators führt zu folgendem Ergebnis: Bereits nach der fünften Iteration erkennen wir die Tendenz, daß zwischen Modell- und Bildbondierung die Wahrscheinlichkeiten zwischen den Endstücken $(WS[1, 1])$ und den Kontaktstellen $(WS[2, 2])$ gegen hohe Werte konvergieren. Diese Tendenz bestätigt sich bis zum Abbruch bei der zehnten Iteration. Die endgültige Zuordnung besteht also darin, daß jeweils die Endstücke bzw. die Kontaktstellen von Modell- und Bildbondierung aufeinander abgebildet werden. Endgültige Zuordnung

2., 5. und 10. Iteration:

$WS_2[i_M, i_B]$			$WS_5[i_M, i_B]$			$WS_{10}[i_M, i_B]$		
$i_B \backslash i_M$	1	2	$i_B \backslash i_M$	1	2	$i_B \backslash i_M$	1	2
1	0.486	0.253	1	0.740	0.090	1	0.882	0
2	0.448	0.551	2	0.160	0.839	2	0	1.0
3	0.064	0.195	3	0.098	0.069	3	0.117	0

Tab. 8.2-2: Konvergenz der Wahrscheinlichkeitswerte.

Wir wollen nun das Relaxationsverfahren kritisch beurteilen.

- Verfahren der iterativen Relaxation werden üblicherweise eingesetzt, wenn Modell- und Bildstruktur einheitlich aus genau einem Typ von Primitiven bestehen. Dabei sollen jeweils zwischen zwei Primitiven Nachbarschaftsbeziehungen vorliegen, um die im Relaxationsoperator benötigten bedingten Wahrscheinlichkeitswerte zu ermitteln. Aktuelle Erweiterungen der Relaxationstechnik [Price 86] führen zur Anwendung des Verfahrens auch bei Strukturen, die aus komplexeren Beziehungen zwischen Primitiven bestehen. Eine interessante Anwendung der Relaxationstechnik erfolgte in [Heuser 90], bei der im Relaxationsoperator Projektionseigenschaften zwischen 3D- und 2D-Merkmalen formuliert sind.

Diskussion Anwendungsgebiete

Merkmalsdifferenz
und Strukturfehler

- Relaxationsverfahren basieren auf Differenzen zwischen den Merkmalen von Modell- und Bildprimitiven und Differenzen bei Nachbarschaftsmerkmalen. Diese fließen in Form von unbedingten und bedingten Wahrscheinlichkeiten in einen Relaxationsoperator ein. Damit werden ungenaue Merkmale aufgrund der Spezifikation des Verfahrens berücksichtigt. Ebenso können aber auch Abweichungen in der Struktur verarbeitet werden. Dies bedeutet konkret, daß etwa die Anzahl von Modell- und Bildprimitiven nicht gleich sein muß.

Speicher- und
Rechenzeitbedarf

- Der Speicherbedarf des Verfahrens ist sehr gering, da stets nur ein Zustand gehalten wird und alte Zustände nicht weiter berücksichtigt werden. Der Vergleich von Modell- und Bildstruktur ist deshalb auch keine Suche im eigentlichen Sinne. Die iterative Anwendung des Relaxationsoperators führt auf direktem Wege zum Ziel. Der Rechenzeitbedarf wird somit von der Anzahl der Iterationen bestimmt. Und diese hängt von der Art des Relaxationsoperators ab. Eine parallele Berechnung der Wahrscheinlichkeiten führt zu einer Reduzierung der Rechenzeit.

Lösung des
Zuordnungs-
problems

- Ein wesentlicher Nachteil des Verfahrens besteht darin, daß die Wirkung des Relaxationsoperator nur schwer nachvollziehbar ist. Dieser läßt unmittelbare Aussagen über die Art der resultierenden Zuordnung nicht zu. Somit muß etwa nachgewiesen werden, daß das Verfahren konvergiert. Möglicherweise kann die Iteration auch ein lokales Extremum erreichen, ohne daß das globale Extremum gefunden wird. Hinzu kommt, daß keineswegs sichergestellt ist, daß die resultierende Zuordnung eindeutig ist. Verfahren der iterativen Relaxation sind aufgrund dieses Nachteils nur bedingt imstande, das Zuordnungsproblem zu lösen.

8.2.2 Dynamische Optimierung von Zuordnungshypothesen

Dynamische
Optimierung

Gemäß unseren Ausführungen im vorangegangenen Abschnitt liegt ein wesentlicher Nachteil der iterativen Relaxation darin, daß das Zustandekommen der endgültigen Zuordnung nur schwer nachvollziehbar ist. Deshalb beschreiben wir nun als transparentes Verfahren die Methode der *dynamischen Optimierung* ([Bellman 57], [Forney 73]) und diskutieren anschließend ihre Eignung für die Lösung des Zuordnungsproblems.

Die Ausgangssituation für den Vergleichsvorgang sei identisch zur iterativen Relaxation. Infolgedessen werden Modell- und Bildprimitive, die von einem einzigen Typ sind, aufgrund von Ähnlichkeiten in ihren Merkmalen zunächst hypothetisch zugeordnet. Die Ermittlung der endgültigen Zuordnung erfolgt schließlich durch Einbeziehen von Nachbarschaftsmerkmalen zwischen jeweils zwei Primitiven von Modell- und Bildstruktur. Im Unterschied zur Relaxation wird jedoch nicht mit Wahrscheinlichkeitswerten, sondern direkt mit den Ähnlichkeitswerten gearbeitet. Außerdem erfolgt der Vergleichsvorgang sequentiell in Anlehnung an eine bestimmte Reihenfolge unter den Modellprimitiven. Gemäß dieser Reihenfolge schränkt man sukzessive die Menge der Zu-

Ordnungshypothesen für die Modellprimitive ein. Anschließend kann unter den wenigen übriggebliebenen Zuordnungshypothesen auf effiziente Weise eine eindeutige und optimale Zuordnung ausgewählt werden. Bei der sukzessiven Einschränkung der Zuordnungshypothesen ist ein Zielkonflikt gegeben. Einerseits sollen die Zuordnungstupel, die Bestandteil der optimalen Zuordnung sind, nicht ausgeschlossen werden. Andererseits sollen aber möglichst wenige Zuordnungstupel als Hypothesen übrigbleiben. Die Grundlage für die Auflösung dieses Zielkonfliktes bildet das sogenannte *Bellmansche Optimalitätsprinzip*.

Die Motivation für die Anwendung dieses Verfahrens besteht darin, daß eine von mehreren Parametern abhängige komplexe Zielfunktion optimiert werden soll. Die direkte mathematische Vorgehensweise, etwa die Funktion nach den Parametern abzuleiten und Nullstellen zu berechnen, ist häufig nicht möglich oder zu rechenaufwendig. Für solche Situationen entwickelte man innerhalb der Wirtschaftswissenschaften die auf dem Bellmanschen Optimalitätsprinzip basierende, dynamische Optimierung. Das Optimalitätsprinzip besagt, daß eine Gesamtsequenz von Entscheidungen optimal ist, wenn jede echte Teilsequenz lokal optimal ist. Bei der Anwendung dieses Prinzips ermittelt man für die zu optimierende Zielfunktion eine gleichwertige, aber "besser strukturierte" Form und verwendet diese als Grundlage für einen mehrstufigen Optimierungsvorgang. Eine gut strukturierte Form einer Funktion ist beispielsweise die Summation über die Werte von mehreren einfachen Hilfsfunktionen.

Bellmansches
Optimalitätsprinzip

$$F(x_1, \dots, x_w) := F_1(x_1, x_2) + F_2(x_2, x_3) + \dots + F_{w-1}(x_{w-1}, x_w)$$

Die Hilfsfunktionen sind dadurch charakterisiert, daß sie weniger Parameter als die Originalfunktion haben (hier jeweils zwei Parameter). Diese Eigenschaft ist Voraussetzung, um die Optimierungsaufgabe zu vereinfachen. Allerdings hängt jede Hilfsfunktion mit anderen Hilfsfunktionen durch gemeinsame Parameter zusammen, beispielsweise F_1 und F_2 durch x_2 . Die Folge davon ist, daß bei der Ermittlung eines optimalen Parameterwertes all diejenigen Hilfsfunktionen einzubeziehen sind, die von diesem Parameter abhängen.

Reorganisation der
Zielfunktion

Die ursprünglich komplexe Optimierungsaufgabe ist nun dadurch zu lösen, daß man in aufeinanderfolgenden Stufen jeweils für genau einen Parameter den optimalen Wert ermittelt. Um dem erwähnten Zusammenhang zwischen Hilfsfunktionen Rechnung zu tragen, muß diese Optimierung auf jeder Stufe stets in Abhängigkeit von anderen Parametern erfolgen. Es sind dies gerade diejenigen Parameter, die bei den beteiligten Hilfsfunktionen zusätzlich auftreten.

Sequentialisierung
der Optimierung

Das Verfahren beginnt damit, daß die Hilfsfunktion F_1 bezüglich dem Parameter x_1 optimiert wird. Dies erfolgt jedoch in Abhängigkeit

Ablauf der
dynamischen
Optimierung

vom zweiten Parameter x_2 von F_1 . Im zweiten Schritt wird die Summe der Funktionen $F_1(x_1, x_2) + F_2(x_2, x_3)$ bezüglich x_2 in Abhängigkeit von dem Parameter x_3 optimiert. Hierbei tritt x_1 als freier Parameter nicht mehr auf, da je nach gewähltem x_2 ein optimaler Wert für x_1 bereits gegeben ist. Diese Methode wird fortgeführt bis zur Optimierung des Parameters x_{w-1} in Abhängigkeit von x_w . Es werden somit nach festgelegter Reihenfolge optimale Werte für die Parameter x_1, x_2, \dots, x_w ermittelt, wodurch schließlich ein optimaler Wert für die Zielfunktion F resultiert.

Damit ist die Optimierung der obigen Funktion F bezüglich der Parameter x_1, \dots, x_w rekursiv folgendermaßen zu formulieren:

$$Fh_1(x_1) := 0$$

$$Fh_{k+1}(x_{k+1}) := \underset{x_k}{\text{Opt}} \{ F_k(x_k, x_{k+1}) + Fh_k(x_k) \}$$

$$k = 1, \dots, w-1 \quad x_k \in \text{Grundmenge}$$

Das Symbol Opt ist die Abkürzung für die Minimum- oder Maximumbildung in einer Menge. Optimiert wird bezüglich dem Parameter x_k , der Werte einer bestimmten Grundmenge annimmt.

Wir verwenden nun das Verfahren der dynamischen Optimierung für das Zuordnungsproblem. Die zu optimierende Funktion ist die Ähnlichkeitsfunktion für Strukturen $F\ddot{A}^S$. Diese hat als (genau einen) Parameter eine Menge von korrespondierenden Relationstupeln zwischen Modell- und Bildstruktur. Um das Verfahren anwenden zu können, müssen wir an diesen Parameter folgende drei Bedingungen stellen. Erstens benötigen wir eine Menge von korrespondierenden, nicht strukturierten Relationstupeln (d.h. Korrespondenzen zwischen Primitiven). Zweitens muß für jedes Primitiv der Modellstruktur in der Menge von Korrespondenzen eine Zuordnungshypothese vorhanden sein. Die Kardinalität der Menge von Korrespondenzen entspricht also mindestens der Anzahl der Modellprimitive. Drittens soll die Ähnlichkeit der korrespondierenden Primitive jeweils die Ähnlichkeitsschwelle übersteigen.

Damit kann der Parameter der Funktion $F\ddot{A}^S$ in w Parameter x_1, \dots, x_w aufgespalten und unter diesen eine feste Anordnung festgelegt werden (w ist die Anzahl der vorhandenen Modellprimitive). Ein Parameter x_i nimmt als Wert eine Korrespondenz von Primitiven an. Die Grundmenge von x_i besteht aus all den Zuordnungshypothesen, die dem Modellprimitiv (p_name_M, i_M) ein Bildprimitiv zuordnen.

Wir übertragen nun das Verfahren der dynamischen Optimierung auf das Paradigma der Suche im Zustandsraum. Ein Zustand wird durch zwei disjunkte Mengen von Zuordnungshypothesen, der Auswahlmenge und der Kandidatenmenge, gebildet. Die Auswahlmenge enthält die ak-

Rekursions-
gleichung

Parameter der
Optimierung

Suche im
Zustandsraum

tuell ausgewählten Zuordnungshypothesen. Die Kandidatenmenge umfaßt die für die Vervollständigung der Zuordnung in Frage kommenden Zuordnungshypothesen. Entsprechend der Anzahl der zu optimierenden Parameter sollen die Zustände in w verschiedene Klassen eingeteilt werden. Wir wollen die Klassen von 1 bis w durchnummerieren. Bei einem Zustand der Klasse i enthält die Auswahlmenge Zuordnungshypothesen für die ersten i Modellprimitive der Anordnung. Die Auswahlmenge ist dabei stets so zu ermitteln, daß sie in Abhängigkeit von der Zuordnungshypothese für das letzte Modellprimitiv dieser Anordnung (Nummer i) optimal im Sinne der Ähnlichkeitsfunktion ist. Die Kandidatenmenge eines Zustands der Klasse i enthält Zuordnungshypothesen für die restlichen $w-i$ Modellprimitive der Anordnung.

Im Ausgangszustand ist die Auswahlmenge zunächst die leere Menge. Die Kandidatenmenge hingegen besteht aus allen korrespondierenden Modell- und Bildprimitiven, die aufgrund ihrer Merkmale ähnlich sind. Wenn wir die Relationstupel der Primitive mit den Referenzen (p_name_M, i_M) und (p_name_B, i_B) bezeichnen, so gilt also für die Zuordnungshypothesen der Kandidatenmenge die Bedingung:

Ausgangszustand

$$F\ddot{A}P(K^{p_name}[i_M; i_B]) > S^P.$$

Beginnend mit dem Ausgangszustand können wir folgendermaßen neue Zustände erzeugen: Wir reduzieren die Kandidatenmenge um alle Zuordnungshypothesen, die dem ersten Modellprimitiv ein Bildprimitiv zuordnen. Diese selektierten Zuordnungshypothesen bilden jeweils eine einelementige Auswahlmenge für die neuen Zustände. Die jeweilige Kandidatenmenge der neuen Zustände ist die reduzierte Kandidatenmenge des Ausgangszustands. Der Ausgangszustand wird also aufgespalten in so viele Zustände, wie die ursprüngliche Kandidatenmenge Zuordnungshypothesen für das erste Modellprimitiv enthält. Der Ausgangszustand (der Klasse 0) wird somit ersetzt durch eine Reihe von neuen Zuständen (der Klasse 1). Diese neuen Zustände sind, in der nächsten Iteration, nach demselben Prinzip aufzuspalten. Dann kann man die Zustände der Klasse 1 ersetzen durch Zustände der Klasse 2.

Zustandsübergang

Damit der Zustandsbaum mit zunehmender Rekursionstiefe nicht auch systematisch breiter wird, muß von Stufe zu Stufe eine geeignete Einschränkung auf relevante Zustände erfolgen. Dies geschieht nach dem Bellmanschen Optimalitätsprinzip und dessen Umsetzung nach obiger Rekursionsgleichung wie folgt: Durch den Übergang von einem Zustand der Klasse $i-1$ auf einen Zustand der Klasse i wird den Zuordnungshypothesen für die ersten $i-1$ Modellprimitive eine Zuordnungshypothese für das Modellprimitiv i hinzugefügt. Nun gibt es aber für die ersten $i-1$ Modellprimitive mehrere Alternativen von Zuordnungen, die mit derselben Zuordnungshypothese für das Modellprimitiv i ergänzt werden. Unter diesen Alternativen wird jene Zuordnung ausgewählt, die zusammen mit der aktuell hinzugefügten Zuord-

Beschränkung des Suchraumes

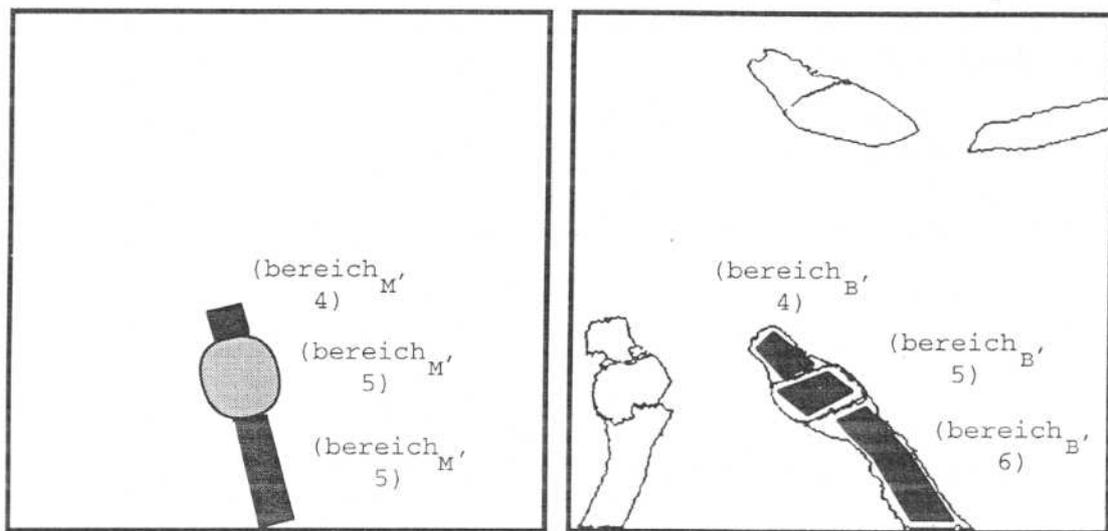


Abb. 8.2-1: Modellbondierung und drei Bildbondierungen.

nungshypothese im Sinne der Ähnlichkeitsfunktion optimal ist. Es bleiben damit also innerhalb der Klasse i nur so viele Zustände übrig, wie Bildprimitive dem Modellprimitiv i ähnlich sind. Durch Anwenden der Ähnlichkeitsfunktion auf Zwischenergebnisse der Zuordnung werden somit also aussichtslose Zustände verworfen.

Nach $(w-1)$ -facher Iteration erhalten wir schließlich im letzten Expansionsschritt Zustände der Klasse w . Die Auswahlmengen dieser Zustände enthalten Zuordnungshypothesen für alle w Modellprimitive. Die jeweiligen Kandidatenmengen sind hingegen leere Mengen. Unter diesen Zuständen ist der Zielzustand dadurch zu ermitteln, daß die Ähnlichkeitsfunktion, angewendet auf die jeweilige Auswahlmenge, optimiert wird.

Wir wollen nun ein einfaches Beispiel zur Demonstration der dynamischen Optimierung anführen. Hierzu nehmen wir an, daß eine Modellbondierung für die reale Bondierung in der rechten unteren Hälfte des Chip-Ausschnitts vorliegt (siehe Abbildungen 8-2 und 8.2-1).

Durch die eingestellten Differenzschwellen habe sich die Situation ergeben, daß die beiden Bondierungen in der oberen und linken unteren Bildhälfte als Zuordnungshypothesen ausscheiden, weil die Merkmale zwischen Modell- und Bildbereichen zu verschieden sind. Folglich besteht die Aufgabe der dynamischen Optimierung darin, die drei Regionen der Modellbondierung den drei Bereichen der Bildbondierung eindeutig und optimal zuzuordnen. Die Modell- und Bildbereiche haben die Referenzen $(\text{bereich}_M, 4)$, $(\text{bereich}_M, 5)$, $(\text{bereich}_M, 6)$ bzw. $(\text{bereich}_B, 4)$, $(\text{bereich}_B, 5)$ und $(\text{bereich}_B, 6)$.

Beim Vergleich zwischen den Bereichen von Modell- und Bildbondierung ergeben sich Ähnlichkeitswerte gemäß der Tabelle 8.2-3. Zu den drei Modellbereichen existieren insgesamt neun Zuordnungstupel.

Zielzustand

Beispiel zur dynamischen Optimierung

Ähnlichkeitswerte

Die Ähnlichkeitswerte liegen im reellen Intervall zwischen 0.2 und 0.9 (mehrdeutige Zuordnung).

Ähnlichkeit: $F\ddot{A}^p (K^{\text{bereich}}[i_M; i_B])$

$i_M \backslash i_B$	4	5	6
4	0.7	0.7	0.2
5	0.6	0.9	0.45
6	0.2	0.55	0.75

Tab. 8.2-3: Ähnlichkeitswerte zwischen den Bereichen.

Durch Einbeziehen einer Nachbarschaftsbeziehung zwischen Regionen soll eine eindeutige Zuordnung ermittelt werden. Wir verwenden hierzu das Berührungsmerkmal zwischen jeweils zwei Bereichen. Die Ähnlichkeit beim Vergleich des Berührungsmerkmals definieren wir als 1, falls sich zwei Bereiche in der Modellbondierung und die korrespondierenden Bereiche der Bildbondierung berühren. Ansonsten habe die Ähnlichkeit den Wert 0.

Nachbarschafts-
beziehung

Die Ähnlichkeitsfunktion für den Vergleich von Modell- und Bildbondierung muß die Ähnlichkeitswerte der korrespondierenden Bereiche und der korrespondierenden Berührungsmerkmale einbeziehen. Sie wird definiert als die Summe all dieser Ähnlichkeitswerte.

Ähnlichkeits-
funktion

Mit den oben angeführten Ähnlichkeitswerten sowie der Definition der Ähnlichkeitsfunktion können wir nun die dynamische Optimierung starten. Den Ablauf zeigt die Abbildung 8.2-2. Die Ovale repräsentieren Zuordnungshypothesen von Modell- und Bildprimitiven. Die Kanten zwischen den Ovalen repräsentieren Kombinationen von Zuordnungshypothesen. Die Ähnlichkeitswerte von korrespondierenden Modell- und Bildbereichen sowie die Ähnlichkeit von korrespondierenden Berührungsmerkmalen sind beigefügt.

Ablauf der
dynamischen
Optimierung

Im ersten Schritt wird in Abhängigkeit von den Zuordnungshypothesen für die Modellbereich ($\text{bereich}_M, 5$) jeweils eine optimale Zuordnungshypothese für den Modellbereich ($\text{bereich}_M, 4$) ermittelt. Die fettgedruckten Kanten in der Abbildung zeigen die optimalen Kombinationen von Zuordnungshypothesen. Nun kann nach demselben Prinzip auf der nächsten Stufe verfahren werden. In Abhängigkeit von den Zuordnungshypothesen für den Modellbereich ($\text{bereich}_M, 6$) werden optimale Zuordnungshypothesen für die Modellbereiche ($\text{bereich}_M, 4$) und ($\text{bereich}_M, 5$) ermittelt. Dabei ist die Zuordnungshypothese für den Modellbereich ($\text{bereich}_M, 4$) aufgrund des ersten Schrittes jetzt nicht mehr frei wählbar. Nach diesem zweiten Schritt sind wir bereits am Ende angelangt und brauchen nur noch die optimale Zuordnung auswählen.

Optimale
Zuordnung

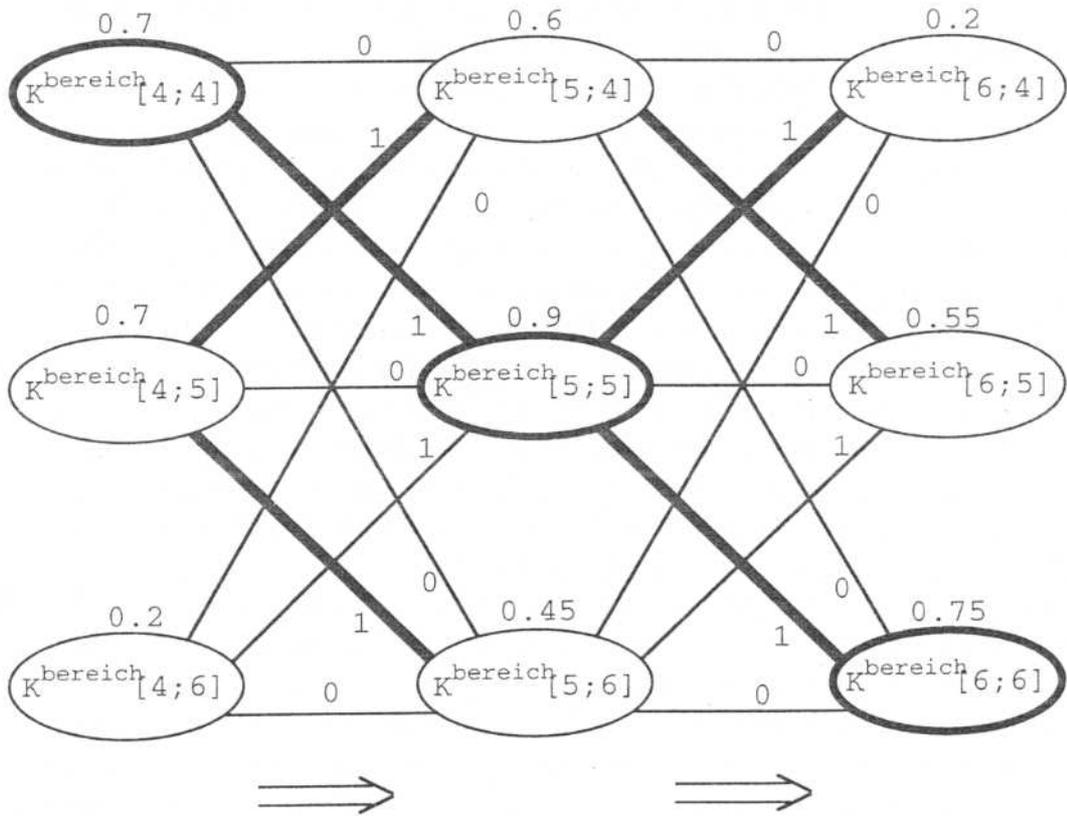


Abb. 8.2-2: Ablauf der dynamischen Optimierung.

Die optimale Zuordnung (siehe die fettgedruckten Ovale in der Abbildung 8.2-2) ist die Menge der Zuordnungshypothesen $\{K^{\text{bereich}} [4;4], K^{\text{bereich}} [5;5], K^{\text{bereich}} [6;6]\}$. Aufsummieren der Ähnlichkeiten entlang des Pfades in der Skizze liefert $0.7 + 1 + 0.9 + 1 + 0.75 = 4.35$. Bei einer einheitlichen Gewichtung erreichen wir einen normierten Ähnlichkeitswert von 0.87 . Dieser Wert ist optimal unter allen Zuordnungen. Wir stellen als Ergebnis der Optimierung fest, daß bei der Modellbondierung der Hauptteil des Drahtes, die Kontaktstelle und das Endstück des Drahtes mit dem jeweiligen Pendant der Bildbondierung korrespondieren.

Die zweitbeste Zuordnung umfaßt die Zuordnungshypothesen $\{K^{\text{bereich}} [4;5], K^{\text{bereich}} [5;4], K^{\text{bereich}} [6;5]\}$ und hat einen normierten Ähnlichkeitswert von 0.67 . Diese Zuordnung ist nicht eindeutig, da der Bildbereich ($\text{bereich}_B, 5$) sowohl dem Modellbereich ($\text{bereich}_M, 4$) als auch ($\text{bereich}_M, 6$) zugeordnet wird.

Diskussion
Anwendungs-
gebiete

Wir wollen nun Vor- und Nachteile des Verfahrens besprechen:

- Verfahren der dynamischen Optimierung werden in der Bildverarbeitung insbesondere zur Verarbeitung von Stereobildern [Ohta, Kanade 85] eingesetzt, um Grauwertverläufe zu vergleichen. Auf höherer Abstraktionsebene dienen sie zum Vergleich von Modell- und Bildstruktur,

wenn unter den Strukturbestandteilen eine Anordnung festgelegt werden kann ([Shapiro et al. 87], [Yamada, Kasvand 86]).

- Im Gegensatz zum Standardansatz der iterativen Relaxation müssen die Primitive nicht notwendigerweise von einem einzigem Typ sein. Außerdem ist das Verfahren nicht darauf beschränkt, Nachbarschaftsbeziehungen zwischen jeweils zwei Primitiven einzubeziehen. Wenn etwa Beziehungen zwischen jeweils drei Primitiven verarbeitet werden sollen, so muß lediglich die Zielfunktion auf eine Form gebracht werden, deren Hilfsfunktionen von drei Parametern abhängen.

- Differenzen in den Merkmalen von Modell- und Bildprimitiven sowie zwischen Nachbarschaftsmerkmalen fließen in die zu optimierende Zielfunktion ein und werden somit vom Verfahren berücksichtigt. Ebenso können aber auch Abweichungen in den Strukturen verarbeitet werden. Falls Modellprimitive vorhanden sind, die keine ähnlichen Bildprimitive haben, ist das Verfahren geringfügig abzuändern.

Merkmalsdifferenz
und Strukturfehler

- Der Vergleich von Modell- und Bildstruktur mit dem Verfahren der dynamischen Optimierung ist eine Suche im Zustandsraum. Das Neubilden von Zuständen mit anschließendem Löschen von aussichtslosen Zuständen entspricht einer Breitensuche mit Beschränkung des Suchraumes. Das Löschen von Zuständen erfolgt auf der Basis von aktuell erreichten Zwischenergebnissen und ist gemäß dem Bellmanschen Optimalitätsprinzips ausschließlich vergangenheitsbezogen. Stets werden dabei so viele Zustände weiterverarbeitet, wie ein bestimmtes Modellprimitive ähnliche Bildprimitive hat. Im obigen Beispiel wurden auf jeder Stufe drei Zustände weiterverarbeitet. Der Speicherbedarf des Verfahrens ist zwar höher als bei der Relaxation, aber durch die fortwährende Beschränkung des Suchraumes trotzdem sehr niedrig. Der Rechenaufwand korreliert unmittelbar mit der Anzahl der vorliegenden Zustände.

Speicher- und
Rechenzeitbedarf

- Die durch das Verfahren ermittelte Zuordnung ist zwar global optimal im Sinne der Ähnlichkeitsfunktion, aber nicht notwendigerweise eindeutig (siehe abschließende Bemerkung zum obigem Beispiel). Eindeutigkeit erreicht man alternativ auf zwei Wegen. Entweder man sucht alle eindeutigen Zuordnungen, die sich auf der letzten Stufe des Verfahrens ergeben, und ermittelt diejenige mit dem höchsten Ähnlichkeitswert. Oder man schränkt beim Übergang von einer Stufe zur nächsten Stufe die Kandidatenmenge eines Zustands so ein, daß nur noch eindeutige Zuordnungen entstehen. In beiden Fällen wird allerdings das Bellmansche Optimalitätsprinzip verletzt, so daß globale Optimalität bezüglich der Ähnlichkeitsfunktion nicht mehr gewährleistet ist. Der entscheidende Nachteil des Verfahrens liegt somit darin, daß grundsätzlich nicht gleichzeitig Eindeutigkeit und globale Optimalität der resultierenden Zuordnung gewährleistet sind. Das Verfahren der dynamischen Optimierung ist aufgrund dieses Nachteils nur bedingt imstande, das Zuordnungsproblem zu lösen.

Lösung des
Zuordnungs-
problems

8.2.3 Heuristische Suche kompatibler Zuordnungshypothesen

Heuristische Suche

Das Zuordnungsproblem ist mit den Verfahren der iterativen Relaxation und der dynamischen Optimierung nur bedingt zu lösen. Zum einen ist nicht gewährleistet, daß die endgültige Zuordnung sowohl eindeutig als auch global optimal ist. Zum anderen können lediglich bestimmte Typen von Strukturen verglichen werden. Um die Verfahren auf unterschiedliche Typen von Strukturen anzuwenden, müssen entweder die Verfahren modifiziert oder die Strukturen auf den erforderlichen Typ transformiert werden. In diesem Abschnitt wollen wir ein Verfahren beschreiben, das das Zuordnungsproblem ohne Einschränkungen löst. Wir bezeichnen das Verfahren als *heuristische Suche von kompatiblen Zuordnungshypothesen*.

Hypothetische Zuordnung

Die Ausgangssituation ist wieder dadurch gegeben, daß Modell- und Bildprimitive aufgrund von Ähnlichkeiten in ihren Merkmalen zunächst hypothetisch zugeordnet werden. Hinzu kommt nun eine *hypothetische Zuordnung von Beziehungen* zwischen Modell- und Bildstruktur. Damit sind beim Vergleichsvorgang die Merkmale von beliebig komplexen Beziehungen zwischen Primitiven involviert. Die endgültige Zuordnung ist eine Teilmenge der hypothetischen Primitiv- und Beziehungszuordnung und repräsentiert eine eindeutige, optimale Zuordnung zwischen Objekten (siehe Definition von Objekten in Abschnitt 8.1.1).

Die hypothetische Zuordnung besteht aus Paaren von nicht strukturierten Relationstupeln und Paaren von strukturierten Relationstupeln. Für korrespondierende, nicht strukturierte Relationstupel, etwa mit den Referenzen (p_name_M, i_M) und (p_name_B, i_B) , muß die Bedingung gelten: $F\ddot{A}^p(K^{p_name}[i_M; i_B]) > S^p$. Für korrespondierende, strukturierte Relationstupel, etwa mit den Referenzen (o_name_M, j_M) und (o_name_B, j_B) , muß gelten: $F\ddot{A}^o(K^{o_name}[j_M; j_B]) > S^o$. Durch diese beiden Forderungen wird gewährleistet, daß zur Ermittlung der endgültigen Zuordnung zwischen Modell- und Bildstruktur nur ähnliche Primitive bzw. ähnliche Objekte verwendet werden.

Kompatibilitätsgraph

Das Verfahren hat die charakterisierende Eigenschaft, daß sowohl die Korrespondenzen von Primitiven als auch von Beziehungen explizit repräsentiert werden. Wir können uns die Korrespondenzen als eine Menge von Knoten in einem Graphen veranschaulichen. Jeder Knoten wird durch eine Zuordnungshypothese zweier Relationstupel von Modell- und Bildstruktur repräsentiert. Dabei ist ein Knoten genau dann zu erzeugen, wenn obige Ähnlichkeitsbedingungen erfüllt sind. Die Gesamtmenge der Knoten stellt eine hypothetische Primitiv- und Beziehungszuordnung dar, die im allgemeinen nicht eindeutig ist. Voraussetzung für die Ermittlung einer eindeutigen Zuordnung ist die zusätzliche Repräsentation von Kompatibilitäten zwischen den Zuordnungshypothesen. Zwei Zuordnungshypothesen sind genau dann kompatibel, wenn die Referenzen eindeutig miteinander korrespondieren. Beispiels-

weise wäre die Kompatibilitätsbedingung verletzt, falls die beiden Referenzkorrespondenzen $((p_name_M, i_M)$ und $(p_name_B, i_B))$ sowie $((p_name_M, i_M)$ und $(p_name_B, k_B))$ gegeben sind. Zur Visualisierung einer gültigen Kompatibilitätsbedingung können die beteiligten Knoten durch eine Kante verbunden werden. Damit erhalten wir einen Graphen, bestehend aus Knoten und Kanten, den wir als *Kompatibilitätsgraph* bezeichnen.

Jeder vollständig verbundene Teilgraph (*Clique*) des Kompatibilitätsgraphen stellt eine eindeutige Zuordnung dar. Die Ermittlung von eindeutigen Zuordnungen kann somit als Suche nach Cliques [Bron, Kerbosch 73] im Kompatibilitätsgraphen realisiert werden. Eine maximale Clique ist dadurch gekennzeichnet, daß außerhalb der Clique kein weiterer Knoten des Kompatibilitätsgraphs existiert, der kompatibel ist mit allen Knoten der Clique. Die zugehörige Zuordnung bezeichnen wir als *maximal eindeutig*. Zur Lösung des Zuordnungsproblems muß diejenige maximale Clique im Kompatibilitätsgraphen gesucht werden, deren zugrundeliegende Zuordnung optimal im Sinne der Ähnlichkeitsfunktion ist.

Clique im Kompatibilitätsgraph

Der Aufwand für die Suche nach der besten Clique ist im allgemeinen exponentiell bezüglich der Knotenanzahl des Kompatibilitätsgraphen. Nachfolgend beschreiben wir einen Ansatz, der heuristisches Wissen verwendet, um die beste Clique möglichst effizient zu finden. Zu diesem Zweck übertragen wir zunächst das Verfahren auf das Paradigma der Suche im Zustandsraum.

Heuristische Suche von Cliques

Wie bei der dynamischen Optimierung ist jeder Zustand durch zwei disjunkte Mengen von Zuordnungshypothesen definiert. Die erste Menge (Auswahlmenge) enthält eine eindeutige Zuordnung, die noch widerspruchsfrei mit anderen Zuordnungshypothesen ergänzt werden kann. Die zweite Menge (Kandidatenmenge) enthält Zuordnungshypothesen, die für die Ergänzung der Zuordnung zur Verfügung stehen. Bezogen auf den Kompatibilitätsgraphen bedeutet dies, daß die Knoten der Auswahlmenge eine Clique bilden, die noch nicht maximal ist. Die Knoten, die zur Maximierung der Clique herangezogen werden können, befinden sich in der Kandidatenmenge. Die Knoten der Kandidatenmenge sind kompatibel mit allen Knoten der Auswahlmenge und bilden untereinander im allgemeinen keine Clique.

Suche im Zustandsraum

Im Ausgangszustand ist die Auswahlmenge zunächst die leere Menge. Die Kandidatenmenge repräsentiert durch ihre Zuordnungshypothesen die gesamte hypothetische Primitiv- und Beziehungszuordnung. Der Zielzustand ist dadurch charakterisiert, daß die Kandidatenmenge keine Zuordnungshypothesen mehr enthält, und die Auswahlmenge eine maximal eindeutige Zuordnung repräsentiert, die optimal im Sinne der Ähnlichkeitsfunktion ist. Zusätzlich definieren wir einen sogenannten *Endzustand*. Dieser unterscheidet sich vom Zielzustand da-

Ausgangszustand, Zielzustand

durch, daß die maximal eindeutige Zuordnung der Auswahlmenge nicht notwendigerweise optimal im Sinne der Ähnlichkeitsfunktion ist. Ein Zielzustand ist somit stets ein Endzustand, jedoch nicht umgekehrt.

Zustandsübergang

Ausgehend von einem beliebigen, alten Zustand erhalten wir einen neuen Zustand dadurch, daß Auswahl- und Kandidatenmenge neu gebildet werden. Die neue Auswahlmenge ergibt sich aus der alten dadurch, daß eine Zuordnungshypothese aus der alten Kandidatenmenge selektiert und der alten Auswahlmenge hinzugefügt wird. Die neue Kandidatenmenge ergibt sich aus der alten dadurch, daß die selektierte Zuordnungshypothese sowie alle diejenigen Zuordnungshypothesen entfernt werden, die nicht kompatibel sind mit der neuen Auswahlmenge. Im Unterschied zum Vorgehen bei der dynamischen Optimierung wird jeweils aus einem Zustand nur ein Nachfolgezustand gebildet und beide Zustände bleiben erhalten. Nach dem ersten Übergang besteht somit die Zustandsmenge aus Ausgangszustand und neuem Zustand.

Freiheitsgrade

Beim Übergang zwischen Zuständen haben wir grundsätzlich zwei Freiheitsgrade. Zunächst ist ein Zustand auszuwählen, auf dessen Grundlage ein neuer Zustand gebildet werden soll. Anschließend ist eine Zuordnungshypothese der Kandidatenmenge zu selektieren, um damit die Auswahlmenge und die Kandidatenmenge neu zu bestimmen. Wenn die Kandidatenmenge nicht die leere Menge ist, haben wir einen Endzustand noch nicht erreicht, und es gibt mehrere Alternativen, aus dem ausgewählten Zustand einen neuen zu erzeugen. Wesentlich für das Verfahren ist somit, eine geeignete Strategie für die Auswahl und Neubildung von Zuständen zu realisieren.

Strategie für Zustandsübergänge

Wir geben nun (präalgorithmisch) eine Strategie zur sukzessiven Auswahl und Neubildung von Zuständen an. Anschließend führen wir aus, unter welchen Bedingungen die Strategie zum Zielzustand führt.

0. Es sei eine Menge von aktuellen Zuständen gegeben. Zu Beginn besteht diese Menge aus dem Ausgangszustand. Die einzelnen Zustände sind mit Hilfe einer Funktion F bewertet.
1. Unter allen aktuellen Zuständen wird derjenige ausgewählt, der eine optimale Bewertung hat.
2. Falls der ausgewählte Zustand kein Endzustand ist, und falls irgendeine Neubildung möglich ist, so daß der neue Zustand nicht bereits in der Menge der aktuellen Zustände vorhanden ist, dann führe man diese Neubildung durch, bewerte den neuen Zustand, füge ihn der aktuellen Menge hinzu und fahre fort bei Schritt 1.
3. Falls der ausgewählte Zustand kein Endzustand ist und falls gemäß Schritt 2 keine Neubildung möglich ist, dann lösche man den ausgewählten Zu-

stand aus der aktuellen Menge, und fahre fort bei Schritt 1.

4. Falls der ausgewählte Zustand ein Endzustand ist, so ist das Verfahren beendet.

Das wichtigste Beurteilungskriterium für die Strategie muß sein, ob der Endzustand zugleich der Zielzustand ist, und ob dieser möglichst effizient erreicht wurde. Dazu ist es zunächst erforderlich, eine Realisierung der Funktion F , die aktuelle Zustände bewertet, anzugeben. Wir definieren die Funktion F als die Summe von zwei Hilfsfunktionen FG und FH . Die Funktion FG bewertet das Zwischenergebnis, das mit dem aktuellem Zustand auf dem Weg vom Ausgangszustand zum Zielzustand bereits erreicht ist. Die Funktion FH berechnet einen Wert dafür, wie weit der Zielzustand vom aktuellem Zustand noch entfernt ist. Da jedoch der Weg vom aktuellem Zustand zum Zielzustand nicht bekannt ist, handelt es sich bei dieser Funktion um eine Schätzfunktion. Wenn etwa die Aufgabe darin besteht, durch eine Suche im Zustandsraum den Wert einer Zielfunktion zu maximieren, so wird durch die Funktion FH eine obere Schranke für den Betrag zwischen aktuellem Zustand und dem Zielzustand ermittelt.

Endzustand,
Zielzustand

Obige Strategie entspricht dem sogenannten *A*-Algorithmus* [Pearl 84]. Es kann gezeigt werden, daß die Strategie mit einer minimalen Anzahl von Zustandsneubildungen zum Zielzustand führt.

Um das Verfahren für die Lösung des Zuordnungsproblems zu verwenden, müssen wir eine konkrete Definition für die Funktion F angeben. Ein Zustand Z ist spezifiziert durch die Auswahlmenge A und die Kandidatenmenge K . Die Auswahlmenge ist das aktuell erreichte Zwischenergebnis auf dem Weg zum Zielzustand (der eindeutigen, optimalen Zuordnung). Die Kandidatenmenge zeichnet den weiteren Weg vor, der möglicherweise zum Zielzustand führt. Somit können wir definieren: $F(Z) := FG(A) + FH(K)$

Heuristische
Funktion

Zur Definition von FG und FH ziehen wir die Ähnlichkeitsfunktion $FÄ^S$ heran. Die Funktion FG ermittelt einen Ähnlichkeitswert für die Teilzuordnung, die durch die Zuordnungshypothesen der Auswahlmenge gegeben ist. Diese Zuordnung ist zwar eindeutig, aber nicht maximal eindeutig. Die Funktion FH basiert auf den Zuordnungshypothesen der Kandidatenmenge und ermittelt eine Abschätzung dafür, um welchen additiven Betrag sich die Ähnlichkeit $FG(A)$ bestenfalls erhöht, wenn aus der Auswahlmenge durch Hinzufügen von Elementen der Kandidatenmenge eine maximal eindeutige Zuordnung erzeugt wird.

Damit die obige Strategie zur eindeutigen, optimalen Zuordnung führt, müssen die Definitionen von FG und FH folgende zwei Bedingungen erfüllen:

Bedingungen an
die heuristische
Funktion

- Falls in einem Zustand die Kandidatenmenge K leer ist und somit die Auswahlmenge A eine maximal eindeutige Zuordnung beschreibt, lie-

fert die Funktion F den Wert der Ähnlichkeitsfunktion $F\ddot{A}^S$. In diesem Fall gilt also: $F(Z) = FG(A) = F\ddot{A}^S(\{A\})$

• Falls in einem Zustand die Kandidatenmenge nicht leer ist und somit eine maximal eindeutige Zuordnung noch nicht vorliegt, ermittelt die Funktion F eine obere Schranke für den Ähnlichkeitswert. Für jede maximal eindeutige Zuordnung (MeZ), die aus Auswahl- und Kandidatenmenge des Zustands Z gebildet werden kann, gilt also:

$$F\ddot{A}^S(MeZ) \leq F(Z)$$

Im allgemeinen Fall schätzt also die Funktion F die Ähnlichkeitswerte von maximal eindeutigen Zuordnungen nach oben ab. Im Unterschied zur dynamischen Optimierung bewertet diese Funktion nicht nur das aktuell erreichte Ergebnis (die Teilzuordnung), sondern beinhaltet auch eine Vorausberechnung des prinzipiell noch erreichbaren Endergebnisses. Die Suche von Zuordnungshypothesen wird also mit Hilfe einer heuristischen Funktion gesteuert.

Beispiel zur heuristischen Suche

Wir wollen nun ein Beispiel zur Demonstration der heuristischen Suche von kompatiblen Zuordnungshypothesen anführen. Hierzu nehmen wir an, daß eine Modellbondierung für die reale Bondierung in der linken unteren Hälfte des Chip-Ausschnitts vorliegt (siehe Abbildungen 8-2 und 8.2-3). Durch die eingestellten Differenzschwellen habe sich die Situation ergeben, daß die beiden Bondierungen in der rechten Bildhälfte als Zuordnungshypothesen ausscheiden, weil die Merkmale zwischen Modell- und Bildbereichen zu verschieden sind. Folglich besteht die Aufgabe darin, die drei Bereiche der Modellbondierung den drei Bereichen der Bildbondierung eindeutig und optimal zuzuordnen. Die Modell- und Bildbereiche haben die Referenzen $(bereich_M, 7)$, $(bereich_M, 8)$, $(bereich_M, 9)$, $(bereich_B, 7)$, $(bereich_B, 8)$ und $(bereich_B, 9)$.

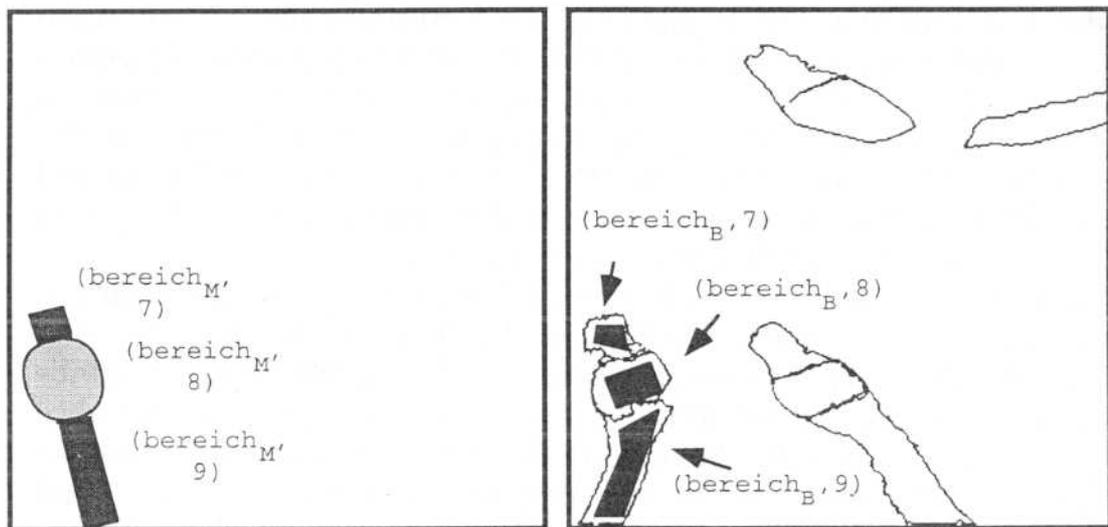


Abb. 8.2-3: Modellbondierung und drei Bildbondierungen.

Beim Vergleich zwischen den Bereichen von Modell- und Bildbondierung haben sich Ähnlichkeitswerte gemäß der Tabelle 8.2-4 ergeben. Wir ersehen aus der Tabelle, daß zu den drei Modellbereichen insgesamt neun Zuordnungshypothesen existieren. Von diesen haben fünf Zuordnungshypothesen hohe Ähnlichkeitswerte, in einem kleinen Intervall zwischen 0.7 und 0.95 (mehrdeutige Zuordnung).

Ähnlichkeitswerte

Ähnlichkeit: $F\ddot{A}P (K^{\text{bereich}}[i_M; i_B])$

$i_M \backslash i_B$	7	8	9
7	0.85	0.8	0.25
8	0.7	0.95	0.5
9	0.2	0.5	0.9

Tab. 8.2-4: Ähnlichkeitswerte zwischen den Bereichen.

Durch Einbeziehen einer Nachbarschaftsbeziehung zwischen Bereichen soll eine eindeutige Zuordnung ermittelt werden. Wir verwenden hierzu das Krümmungsmerkmal zwischen jeweils drei Bereichen, das nach Abschnitt 8.1.1 in den Relationstupeln der Relationen $TRIP_M$ bzw. $TRIP_B$ auftritt. Der Krümmungswert hängt von der Reihenfolge der Bereiche ab, und insbesondere davon, welcher Bereich der mittlere von den dreien ist. Bei der Modellbondierung können wir uns a priori für eine Reihenfolge entscheiden. Bei der Bildbondierung müssen alle möglichen Reihenfolgen repräsentiert werden. Für die drei Bereiche der Bildbondierung haben wir also sechs alternative Reihenfolgen unter den Bereichen festzulegen. Die Beziehung zwischen den Bereichen der Modellbondierung wird durch genau ein Relationstupel repräsentiert, für die sechs alternativen Beziehungen der Bildbondierung benötigen wir sechs Relationstupel. Damit können wir sechs Zuordnungshypothesen bilden, die jeweils eine Korrespondenz zwischen den Krümmungen von Modell- und Bildbondierung implizieren. Beim Vergleich des Krümmungsmerkmals habe sich die Situation ergeben, daß aufgrund der Ähnlichkeitsbedingung lediglich zwei Zuordnungstupel als Hypothesen verbleiben (jeweils mit dem Ähnlichkeitswert 0.8).

Nachbarschaftsbeziehung

Insgesamt besteht also die hypothetische Primitiv- und Beziehungszuordnung aus 11 Zuordnungshypothesen (neun für die Bereichs- und zwei für die Beziehungskorrespondenzen). Der zugehörige Kompatibilitätsgraph ist in Abbildung 8.2-4 dargestellt. Das Symbol $K^{\text{bereich}}[i_M; i_B]$ ist die Abkürzung für die Korrespondenz zwischen Modell- und Bildbereichen mit den Referenzen $(\text{bereich}_M, i_M)$ und $(\text{bereich}_B, i_B)$. Das Symbol $K^{\text{tr}}[i_M, j_M, k_M; i_B, j_B, k_B]$ ist die Abkürzung für die Korrespondenz zweier Beziehungen von Modell- und

Kompatibilitätsgraph

Bildbondierung. Dabei korrespondieren die Modellbereiche $(\text{bereich}_M, i_M)$, $(\text{bereich}_M, j_M)$, $(\text{bereich}_M, k_M)$ in dieser Reihenfolge mit den Bildbereichen $(\text{bereich}_B, i_B)$, $(\text{bereich}_B, j_B)$, $(\text{bereich}_B, k_B)$. Das jeweilige Krümmungsmerkmal wird gemäß der angegebenen Bereichsreihenfolge berechnet.

In Abschnitt 8.1.2 wurde für die Korrespondenz von Beziehungen zwischen drei Bereichen das Symbol $K^{\text{tripel}}[n_M; n_B]$ eingeführt. Dabei waren n_M und n_B die Nummern der Beziehungen. Zur Veranschaulichung der Kompatibilitäten (in Abbildung 8.2-4) werden diese Nummern im Symbol $K^{\text{tr}}[i_M, j_M, k_M; i_B, j_B, k_B]$ ersetzt durch die Nummern der an einer Beziehung beteiligten Bereiche.

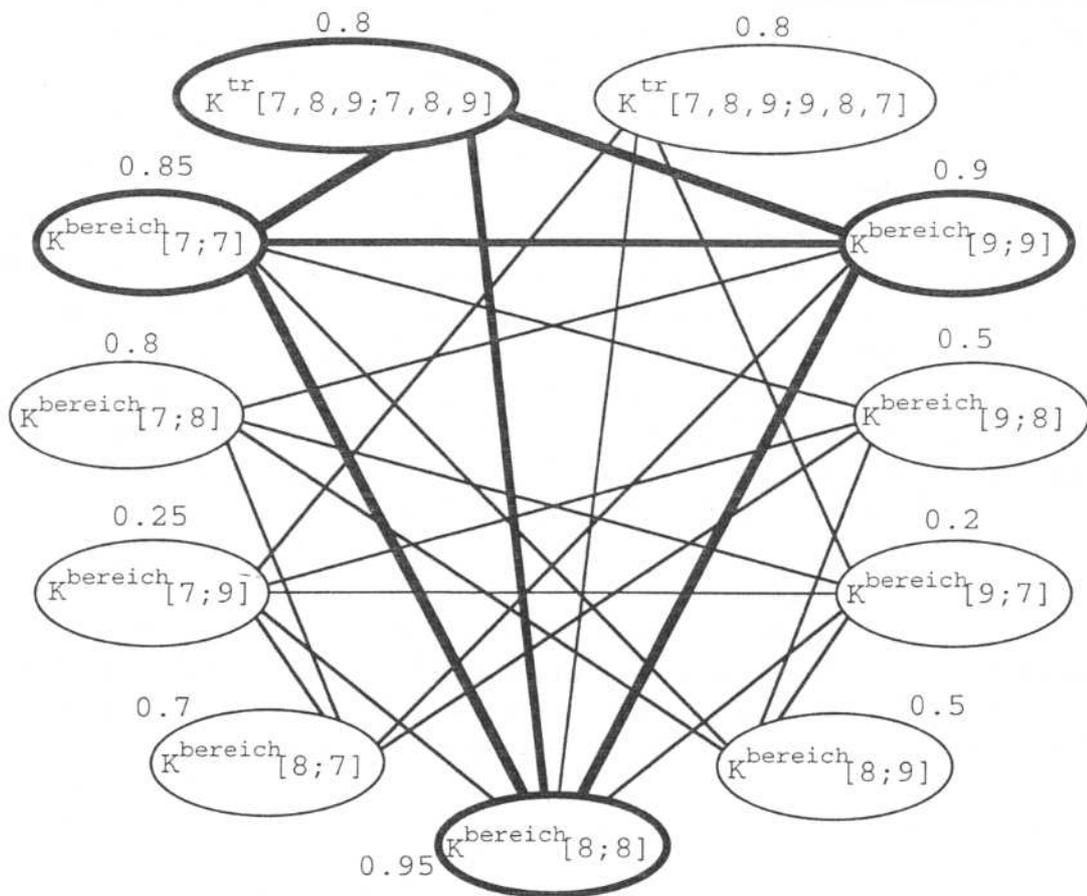


Abb. 8.2-4: Kompatibilitätsgraph für Modell- und Bildbondierung.

Die Zuordnungshypothesen sind im Kompatibilitätsgraphen durch Ovale, und die Kompatibilitäten durch Kanten dargestellt. Den einzelnen Zuordnungshypothesen sind die Ähnlichkeitswerte beigefügt (für die korrespondierenden Beziehungen ist der Ähnlichkeitswert der Krümmungsmerkmale angegeben). Eine maximal eindeutige Zuordnung umfaßt in diesem Beispiel stets vier Zuordnungshypothesen (drei zwischen den Relationen BER_M und BER_B und eine zwischen den Relationen $TRIP_M$ und $TRIP_B$). Folglich sind im Kompatibilitätsgraphen maximale Cliques von Interesse, die jeweils aus vier Knoten bestehen. Unter allen

Maximale Clique
im Kompatibilitäts-
graph

nungshypothese $K^{\text{bereich}}[9;9]$ und bildet die Auswahlmenge des neuen Zustands. Die neue Kandidatenmenge ergibt sich zu:

$$\left\{ \begin{array}{l} K^{\text{bereich}}[7;7], K^{\text{bereich}}[7;8], K^{\text{bereich}}[8;7], K^{\text{bereich}}[8;8], \\ K^{\text{tripel}}[7,8,9;7,8,9] \end{array} \right\}$$

Die Bewertung von Auswahlmenge bzw. Kandidatenmenge ergibt sich zu 0.9 bzw. 4.1, damit erreicht der neue Zustand einen Wert von 5.0. Nun stehen also insgesamt drei Zustände zur Verfügung. Von diesen ist erneut der Ausgangszustand der am höchsten bewertete und wird abermals zur Neubildung eines Zustands herangezogen.

Eindeutige, optimale Zuordnung

Wiederholt man die Neubildung von Zuständen jeweils auf der Grundlage des am höchsten bewerteten Zustands, so gelangt man zum Zielzustand. Dieser ist dadurch gekennzeichnet, daß die Kandidatenmenge die leere Menge ist, die Auswahlmenge eine maximale Clique beschreibt, und die zugrundeliegende Zuordnung den höchsten erreichbaren Ähnlichkeitswert aufweist. Der Zielzustand ist in Abbildung 8.2-8 durch vier fettgedruckte Ovale zusammen mit sechs fettgedruckten Kanten dargestellt. Diese Clique besteht aus den Zuordnungstupeln:

$$\left\{ \begin{array}{l} K^{\text{bereich}}[7;7], K^{\text{bereich}}[8;8], K^{\text{bereich}}[9;9], \\ K^{\text{tripel}}[7,8,9;7,8,9] \end{array} \right\}$$

Der Ähnlichkeitswert ist 3.5 und nach Normierung 0.875. Diese Zuordnung ist dadurch charakterisiert, daß zwischen Modell- und Bildbondierung jeweils Drahtstück, Kontaktstelle und Endstück miteinander korrespondieren.

Diskussion

Zum Abschluß dieses Teilkapitels beurteilen wir das Verfahren der heuristischen Suche von kompatiblen Zuordnungshypothesen.

Anwendungsgebiete

- Ein wichtiger Unterschied zu den ersten beiden Verfahren besteht darin, daß sowohl die Korrespondenz von Primitiven als auch die Korrespondenz von Nachbarschaftsbeziehungen zwischen Modell- und Bildstruktur explizit repräsentiert wird. Dies ist die Grundlage für den Vergleich von beliebigen Strukturen.

Merkmalsdifferenz und Strukturfehler

- Das Verfahren berücksichtigt Differenzen in den Merkmalen von Modell- und Bildprimitiven sowie von Modell- und Bildbeziehungen. Diese Differenzen fließen in eine zu optimierende Ähnlichkeitsfunktion ein. Fehler in den Strukturen können ebenfalls bearbeitet werden ([Tsai, Fu 83], [Menhardt 90]). Dies betrifft nicht nur unterschiedliche Anzahlen von Primitiven zwischen Modell- und Bildstruktur, sondern auch etwaige fehlende Beziehungen zwischen den Primitiven.

Speicher- und Rechenzeitbedarf

- Ein Nachteil des Verfahrens liegt darin, daß der Speicherbedarf im Vergleich zu den beiden anderen Verfahren größer ist. Dies liegt daran,

daß im allgemeinen viele Zustände aufzubewahren sind, da sie eventuell für die Neubildung von Zuständen benötigt werden.

- Der Rechenaufwand liegt ebenfalls höher als bei den anderen beiden Verfahren. Er wird bestimmt durch die Anzahl der notwendigen Zustandsübergänge. Mit einer geeigneten heuristischen Funktion ([Yang, Tai 88], [Eric, Grimson 90]) ist der Rechenaufwand zu verringern. Dabei kann die heuristische Funktion auch eine nichtadditive Form haben [Pearl 84], um die Suche nach der optimalen Zuordnung auf der Basis von komplexeren Ähnlichkeitsfunktionen durchzuführen.
- Mit dem Verfahren der heuristischen Suche von kompatiblen Zuordnungshypothesen ist das Zuordnungsproblem ohne Einschränkungen zu lösen.

Lösung des Zuordnungsproblems

8.3 Steuerung von Differenzschwellen

Die Ausgangssituation der Vergleichsverfahren war stets die hypothetische Zuordnung von Primitiven bzw. Beziehungen zwischen Primitiven. Diese rudimentäre Zuordnung wird durch Differenzschwellen für korrespondierende Merkmale und Ähnlichkeitsschwellen für korrespondierende Merkmale, Primitive, Objekte und Strukturen bestimmt. Da die Ähnlichkeitswerte von den Differenzschwellen abhängen (siehe Abschnitt 8.1.2 und Abbildung 8.3-2), können die Ähnlichkeitsschwellen trivialerweise auf Null gesetzt werden. Das endgültige Ergebnis eines Vergleichsvorgangs, d.h. die eindeutige, optimale Zuordnung zwischen Modell- und Bildstruktur, hängt somit ausschließlich von den Differenzschwellen der Merkmale ab. Üblicherweise kann der Benutzer diese Parameter durch "Probieren" justieren. In diesem Teilkapitel beschreiben wir ein adaptives Verfahren, mit dem die Differenzschwellen automa-

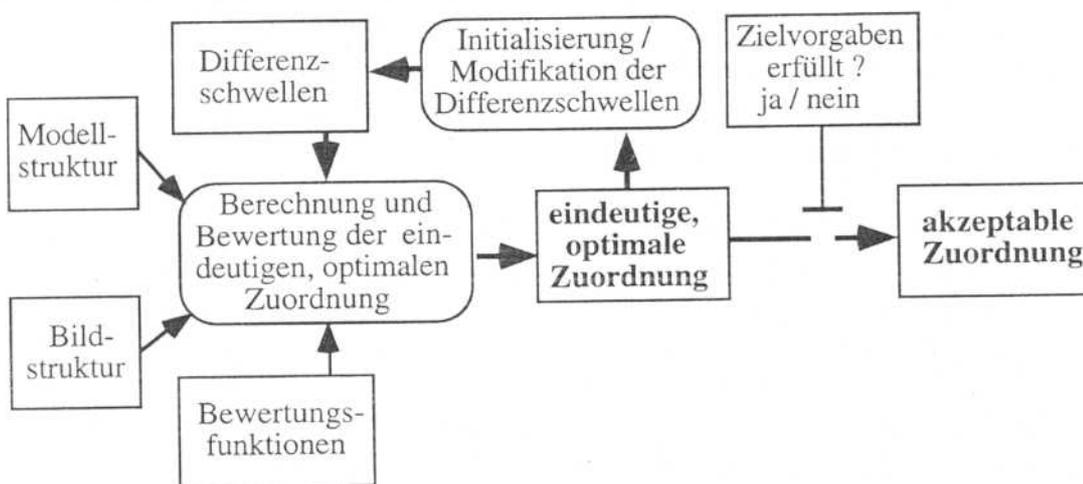


Abb. 8.3-1: Adaptionszyklus zur Steuerung des Vergleichsverfahrens.

tisch eingestellt werden [Pauli 90].

Die adaptive Steuerung eines Vergleichsverfahrens erfolgt durch *iterative Modifikation* der Differenzschwellen (siehe Abbildung 8.3-1). Dies führt zur sukzessiven Verbesserung der Zuordnung zwischen Modell- und Bildstruktur. Beim Start der Adaption sind *Zielvorgaben* bereitzustellen, um eine *akzeptable Zuordnung* zu beschreiben. Damit wird formal spezifiziert, wie gut eine Zuordnung zwischen Modell- und Bildstruktur sein muß, damit das Bild als "erkannt" gelten kann. Der Adaptionszyklus umfaßt die Schritte der Anwendung des Vergleichsverfahrens auf die Relationalstrukturen von Modell- und Bildstruktur, der Bewertung der resultierenden Zuordnung und schließlich der Modifikation von Differenzschwellen. Für eine zielgerichtete Steuerung werden geeignete *Adaptionsstrategien* eingesetzt. Die Adaption ist beendet, sobald die Zuordnung die Zielvorgaben erfüllt.

Für eine zielgerichtete Adaption muß die Wirkung von Parametermodifikationen im Vergleichsverfahren und damit auf die resultierende Zuordnung beschrieben werden. Wir wollen zunächst die Wirkung einer *Vergrößerung von Differenzschwellen* auf die Werte der Ähnlichkeitsfunktionen untersuchen. Grundlegend ist dabei der Verlauf der Ähnlichkeitsfunktion F_{Δ}^m für Merkmale (siehe Abbildung 8.3-2). In der Abbildung sind Modell- und Bildmerkmal konstant gehalten und haben eine normierte Differenz von 0.2. Der Ähnlichkeitswert steigt monoton, wenn die Differenzschwelle vergrößert wird. Wenn die Differenzschwelle über dem Wert 0.2 liegt, so sind die beiden Merkmale ähnlich (siehe Abschnitt 8.1.2) und können zugeordnet werden.

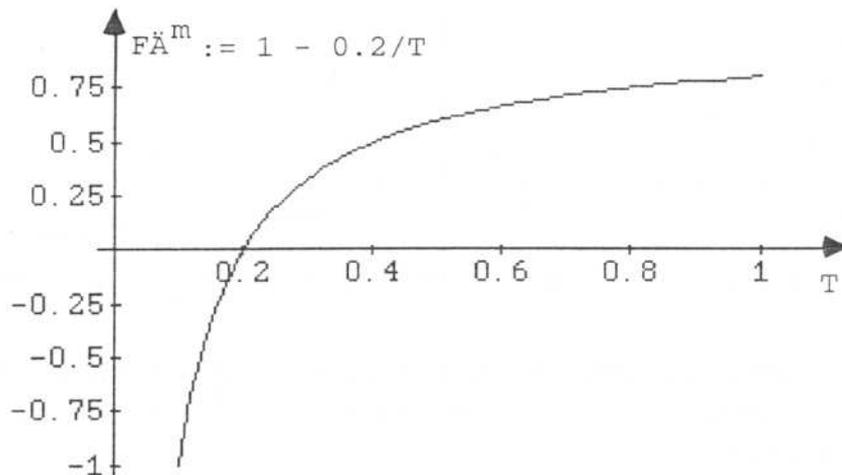


Abb. 8.3-2: Auswirkung der Vergrößerung einer Differenzschwelle auf die Ähnlichkeit von korrespondierenden Merkmalen.

Davon ausgehend leiten wir intuitiv die Wirkung einer Vergrößerung von Differenzschwellen auf die gesamte Zuordnung zwischen Modell- und Bildstruktur her. Die Vergrößerung führt dazu, daß Merkmale

Adaptionsverfahren

Vergrößerung von Differenzschwellen

Stufenartiger Verlauf der Ähnlichkeit

abrupt ähnlich werden und sich folglich die Ähnlichkeit der Zuordnung stufenartig verändert. Für Merkmale, die bereits zugeordnet sind, werden die Differenzschwellen nicht weiter vergrößert, wodurch der Ähnlichkeitswert zwischen den Stufen konstant bleibt. Zusammengefaßt haben wir somit bei Vergrößerung von Differenzschwellen einen *stufenartig konstanten Verlauf der Ähnlichkeit*. Dieser stufenartige Verlauf kann entweder monoton ansteigen oder nicht monoton sein.

Hierzu wollen wir ein Beispiel anführen. Wir nehmen an, daß drei Modellbondierungen für die realen Bondierungen des Chip-Ausschnitts vorliegen (siehe Abbildung 8-2 sowie 8.3-8 oben links). Insbesondere stehen damit also den neun Modellbereichen ebenfalls neun Bildbereiche gegenüber. Als Ähnlichkeitsfunktion für die Zuordnung zwischen den Bereichen wird vereinfachend die Summe der Gewichtswerte der Zuordnungstupel herangezogen. Das Gewicht eines Zuordnungstupels sei definiert als das Gewicht des zugeordneten Bildbereichs. Das Gewicht des Bildbereichs ergebe sich aus deren Fläche (dem liegt die Heuristik zugrunde, daß großflächige Bereiche wichtiger sind als kleine Bereiche). Damit werden durch Vergrößerung der Differenzschwelle immer mehr Bereiche zugeordnet, und die Summe der Gewichtswerte nimmt stufenartig zu (siehe Abbildung 8.3-3a). Nun sei abermals die obige Situation gegeben, mit dem einzigen Unterschied, daß als Ähnlichkeitsfunktion das mittlere Gewicht der Zuordnungstupel verwendet wird. Bei Vergrößerung der Differenzschwelle nimmt zwar die Anzahl der Zuordnungstupel zu, ein monotonen Verhalten des mittleren Gewichtswertes ist jedoch nicht feststellbar (siehe Abbildung 8.3-3b).

Beispiele für
Ähnlichkeits-
funktionen

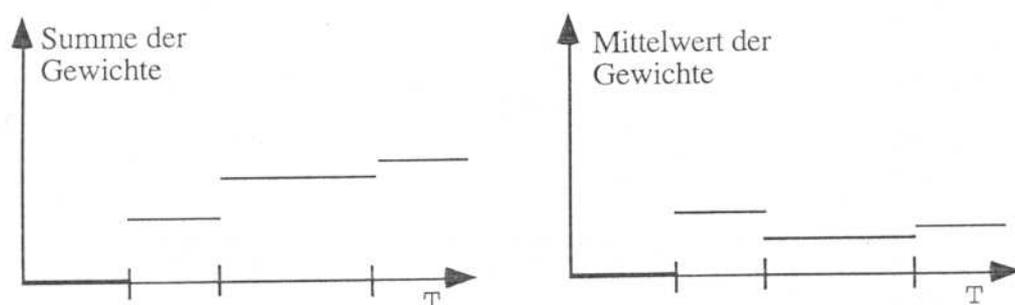


Abb. 8.3-3: Vergrößerung der Differenzschwelle führt zu monoton ansteigendem Verhalten (a), bzw. nicht monotonem Verhalten (b) von Ähnlichkeitsfunktionen.

Bislang wurde ausschließlich über die Wirkung einer Vergrößerung von Differenzschwellen gesprochen. Wenn die Differenzschwellen bereits zu hoch eingestellt sind, so müssen sie geeignet verkleinert werden. Dies ist zwar für die Lösung des Zuordnungsproblems nicht notwendig, da ohnehin die optimale Zuordnung ermittelt wird. Jedoch wären die Speicherkapazität und Rechenzeit unnötig ausgereizt. Beispielsweise haben bei der heuristischen Suche von Zuordnungshypothesen

Verkleinerung von
Differenzschwellen

große Differenzschwellen eine hohe Zahl von Knoten des Kompatibilitätsgraphen zur Folge. Damit steigt auch der Aufwand zur Ermittlung einer optimalen Zuordnung.

Wir benötigen neben den Ähnlichkeitsfunktionen zusätzlich Funktionen, die den Grad der Eindeutigkeit der hypothetischen Zuordnung berechnen. Diese Funktionen bezeichnen wir als Kompatibilitätsfunktionen. Bei *Verkleinerung der Differenzschwellen* sinkt die Anzahl der ähnlichen Merkmale und somit steigt der Grad der Eindeutigkeit. Dies bedeutet ein Ansteigen des Wertes der Kompatibilitätsfunktion.

Wir wollen nachfolgend die Ähnlichkeits- und die Kompatibilitätsfunktionen gemeinsam als *Bewertungsfunktionen* bezeichnen. Um die Adaption effektiv und zielgerichtet durchführen zu können, müssen adäquate Adaptionsstrategien realisiert werden. Diese basieren grundsätzlich darauf, daß Bewertungsfunktionen zugrundeliegen, die einen monoton ansteigenden oder absteigenden Verlauf haben. Üblicherweise wird nicht eine einzelne sondern vielmehr eine Kombination von Bewertungsfunktionen herangezogen, um eine Zuordnung zu bewerten. So könnte man etwa bei der Beurteilung einer Zuordnung vorrangig an einer möglichst hohen Zahl von Zuordnungstupeln interessiert sein. Sekundär wäre etwa ein hoher mittlerer Ähnlichkeitswert der Zuordnungstupel. Die endgültige Auswahl und Gewichtung der Bewertungsfunktionen hängt von subjektiven Beurteilungskriterien des Systembenutzers ab, der sich typischerweise an der aktuellen Anwendung und der Qualität der Bildsegmentierung orientiert.

Nachdem Art und Priorität der Beurteilung festgelegt sind, müssen Sollwerte für die Bewertungsfunktionen vorgegeben werden, um damit Zielvorgaben für die Adaption festzulegen. Zur Initialisierung der Adaption sind außerdem die Auswirkungen einer Modifikation von Differenzschwellen qualitativ zu beschreiben (siehe oben). Zusätzlich müssen initiale Werte für die Differenzschwellen vorgegeben werden.

Nach der Initialisierungsphase können wir die Adaption starten. Innerhalb der Zyklen ist fortwährend der aktuelle Zustand der Adaption zu ermitteln. Darauf basierend sollen die Differenzschwellen adäquat modifiziert werden. Wir unterscheiden vier *Adaptionszustände*. Die Differenzschwellen können zu *klein* oder zu *groß* sein, es kann ein *Konfliktzustand* vorliegen oder es sind bereits *alle Zielvorgaben erfüllt*. In den Abbildungen 8.3-4, 8.3-5, 8.3-6 und 8.3-7 sind die verschiedenen Adaptionszustände für zwei Bewertungsfunktionen FB_1 und FB_2 graphisch illustriert. Die Bewertungsfunktionen beurteilen die Zuordnung in Abhängigkeit von den eingestellten Differenzschwellen. Vereinfachend seien linearisierte Funktionsverläufe angenommen. Die Sollwerte für die Bewertungsfunktionen sind mit Z_1 und Z_2 bezeichnet.

- Wenn Differenzschwellen klein sind, so entstehen zuwenig Zuordnungshypothesen. Eine Vergrößerung der Differenzschwellen führt zur

8.3 Steuerung von Differenzschwellen

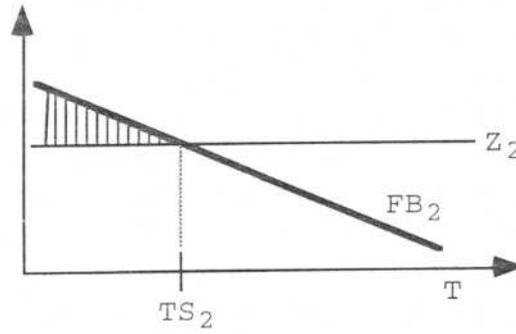
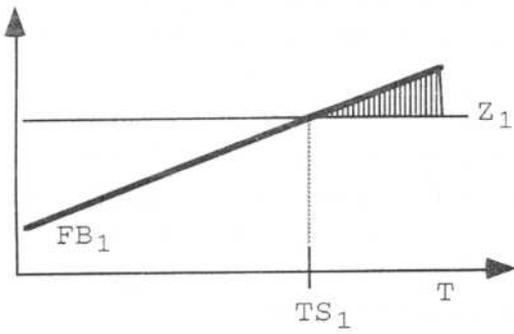


Abb. 8.3-4: Bei Vergrößerung der Differenzschwelle T erreicht der Wert der Bewertungsfunktion FB_1 den Sollwert Z_1 .

Abb. 8.3-5: Bei Verkleinerung der Differenzschwelle T erreicht der Wert der Bewertungsfunktion FB_2 den Sollwert Z_2 .

Verbesserung der Zuordnung und damit zur Annäherung an die Sollwerte der Ähnlichkeitsfunktionen (siehe Abbildung 8.3-4).

- Wenn Differenzschwellen groß sind, so ist der Grad der Eindeutigkeit der Zuordnung sehr niedrig (d.h. die hypothetische Zuordnung ist viel umfangreicher als die eindeutige Zuordnung). Eine Verkleinerung der Differenzschwelle führt zur Annäherung an die Sollwerte der Kompatibilitätsfunktionen (siehe Abbildung 8.3-5).

Große Differenzschwellen

- Ein Konfliktzustand ist dadurch gekennzeichnet, daß eine Differenzschwelle zugleich vergrößert und verkleinert werden sollte, um alle Bewertungsfunktionen dem Ziel näher zu bringen (siehe in Abbildung 8.3-6 das Intervall zwischen TS_1 und TS_2). Zur Aufhebung von Konflikten werden Bewertungsfunktionen unterschiedlich gewichtet, so daß eine differenzierte Abschwächung von Zielvorgaben nach unterschiedlichen Gewichten erfolgen kann.

Konfliktzustand

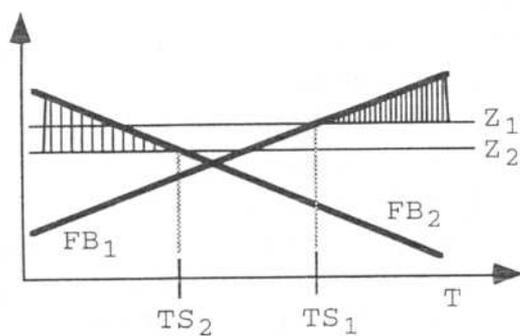


Abb. 8.3-6: Konfliktzustand zwischen den Zielvorgaben der beiden Bewertungsfunktionen im Intervall zwischen TS_1 und TS_2 .

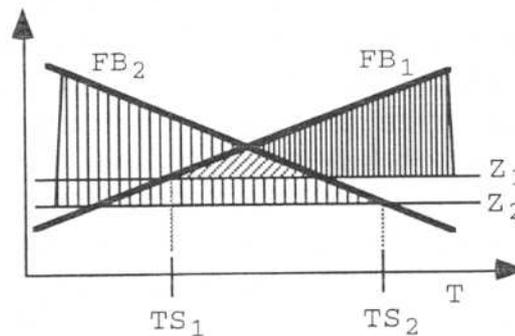


Abb. 8.3-7: Im Intervall zwischen TS_1 und TS_2 sind die Zielvorgaben der beiden Bewertungsfunktionen erfüllt.

Ende der Adaption • Wenn alle Zielvorgaben erfüllt sind, so ist die Adaption beendet (siehe in Abbildung 8.3-7 das Intervall zwischen TS_1 und TS_2).

Bei der Adaption ist zu berücksichtigen, daß die verschiedenen Merkmale unterschiedlich stark verrauscht sind. Deshalb muß die Anwendung von Adaptionsstrategien eine *individuelle Modifikation* von Differenzschwellen gewährleisten. Wir beschreiben zwei Adaptionsstrategien, die in Abhängigkeit vom Adaptionszustand die Differenzschwellen individuell modifizieren. Dabei sei angenommen, daß aufgrund der aktuellen Zuordnung die Differenzschwellen zu klein sind. Etwaige Konfliktfälle seien bereits behoben.

Adaptions-
strategien

- Die erste Strategie verarbeitet Information über die bereits zugeordneten Relationstupel von Modell- und Bildstruktur. Es wird zunächst ein mittlerer Abstand zwischen aktuellen und gewünschten Werten der Bewertungsfunktionen berechnet. Weiterhin wird für alle zugeordneten Relationstupel die mittlere *Ausgereiztheit* der Differenzschwellen ermittelt. Die Kombination der beiden Größen ergibt Modifikationsfaktoren. Diese sind zu verwenden zur Ermittlung von Differenzschwellen für diejenigen Relationstupel der Modellstruktur, die noch nicht zugeordnet sind.

- Die zweite Strategie verarbeitet Information über die noch nicht zugeordneten Relationstupel. Wenn die Differenzschwellen klein sind, dann wurden typischerweise zu wenig Relationstupel zugeordnet. Deshalb selektiert man zunächst alle Relationstupel aus Modell- und Bildstruktur, die noch nicht zugeordnet wurden. Davon ausgehend werden Differenzschwellen so vergrößert, daß mindestens ein weiteres (oder mehrere) Zuordnungstupel entsteht.

Gesamtstrategie

- Der Nachteil der ersten Strategie liegt darin, daß bei einer kleinen Menge von Relationstupeln die Aussagen über die Ausgereiztheit der Differenzschwellen statistisch nur eine geringe Zuverlässigkeit haben. Der Nachteil der zweiten Strategie liegt darin, daß eventuell viele Adaptionenzyklen nötig sind, da jeweils nur ein weiteres Zuordnungstupel entsteht. Um die Nachteile zu beheben, kombinieren wir beide Strategien zu einer Gesamtstrategie. Wir verwenden die erste Strategie, falls die Zuordnung einen Umfang hat, der eine bestimmte statistische Zuverlässigkeit garantiert. Die zweite Strategie verwenden wir, falls die Menge der Zuordnungstupel klein ist oder die Zuordnung über eine bestimmte Anzahl von Zyklen nicht besser wurde.

Diese Strategien haben wir für den Fall der Vergrößerung von Differenzschwellen beschrieben. Nach geringfügiger Abwandlung sind sie auch zur Verkleinerung von Differenzschwellen verwendbar.

Beispiel zur
Adaption

Nun setzen wir das Adaptionsverfahren ein, um den (Beispiel-) Chip nach Bondierungsfehlern zu untersuchen. Das Ziel bestehe darin, alle neun Bereiche der drei Bondierungen zu identifizieren. Hierzu kann alternativ eines der drei beschriebenen Vergleichsverfahren (aus Teil-

kapitel 8.2) eingesetzt werden. Zur einfachen Illustration soll beim Vergleich lediglich der Schwerpunkt der Bereiche herangezogen werden, jedoch keine Nachbarschaftsbeziehungen. Die Beispiele von Teilkapitel 8.2 zeigen, daß zwischen Modell- und Bildstruktur jeweils die Endstücke, die Kontaktstellen und die Hauptteile der Drähte einander zugeordnet werden (allerdings nur, wenn mit den Differenzschwellen eine Zuordnung überhaupt möglich ist; siehe Beispiel in 8.2.1). Für die derart korrespondierenden Modell- und Bildbereiche haben sich normierte (euklidische) Differenzen gemäß der Tabelle 8.3-8 ergeben.

i	1	2	3	4	5	6	7	8	9
	0.062	0.025	0.312	0.075	0.025	0.062	0.037	0.012	0.025

Tab. 8.3-1: Normierte Differenz zwischen den Schwerpunkten von Modell- und Bildbereich ($\text{bereich}_M, i$) und ($\text{bereich}_B, i$).

Die Ähnlichkeitswerte zwischen den Modell- und Bildbereichen in den Tabellen 8.2-1, 8.2-3 und 8.2-4 basieren genau auf diesen normierten Differenzen. Das Adaptionsverfahren hat nun die Aufgabe, sukzessive die Differenzschwellen für Bereichsschwerpunkte so zu modifizieren, daß letztlich alle neun Bereiche der Bildstruktur den Bereichen der Modellstruktur richtig zugeordnet werden. Die Abbildung 8.3-8 enthält die Modellstruktur des Chip-Ausschnitts und eine Folge von fünf Bildern, die Zwischenergebnisse der Adaption zeigen. Bei der Differenzschwelle $T := 0.02$ wird ein Bildbereich zugeordnet, bei $T := 0.03$ vier Bildbereiche, bei $T := 0.07$ sieben Bildbereiche, bei $T := 0.08$ acht Bildbereiche, und bei der Differenzschwelle $T := 0.4$ werden alle Bildbereiche zugeordnet. Der im letzten Adaptionszyklus zugeordnete Bildbereich (mit der Referenz ($\text{bereich}_B, 3$)) erfordert im Vergleich zu den anderen Bereichen eine sehr große Differenzschwelle (hier 0.4). Daraus sind Vermutungen über eine fehlerhafte Bondierung abzuleiten, wodurch eine genauere Untersuchung des Chip-Ausschnitts notwendig wird.

Abschließend besprechen wir die Tauglichkeit des Adaptionsverfahrens.

Diskussion

- Das vorgestellte Verfahren wurde bei unterschiedlichen Typen von Bildern erprobt und hat sich hierbei gut bewährt. Die wichtigste Entwurfsentscheidung besteht darin, die Abweichungen zwischen Modell- und Bildstruktur einheitlich durch normierte Ähnlichkeitsfunktionen zu bewerten. Damit können einfache Adaptionsstrategien realisiert und somit die vorgestellten Vergleichsverfahren automatisch gesteuert werden.

- Vorteilhaft ist, daß man nur wenig Modelle braucht, um eine Bildstruktur zu identifizieren. Ausgehend von einer einzigen Modellstruktur (oder einigen wenigen) wird diese sukzessive der zugrundeliegenden Bildstruktur angepaßt.

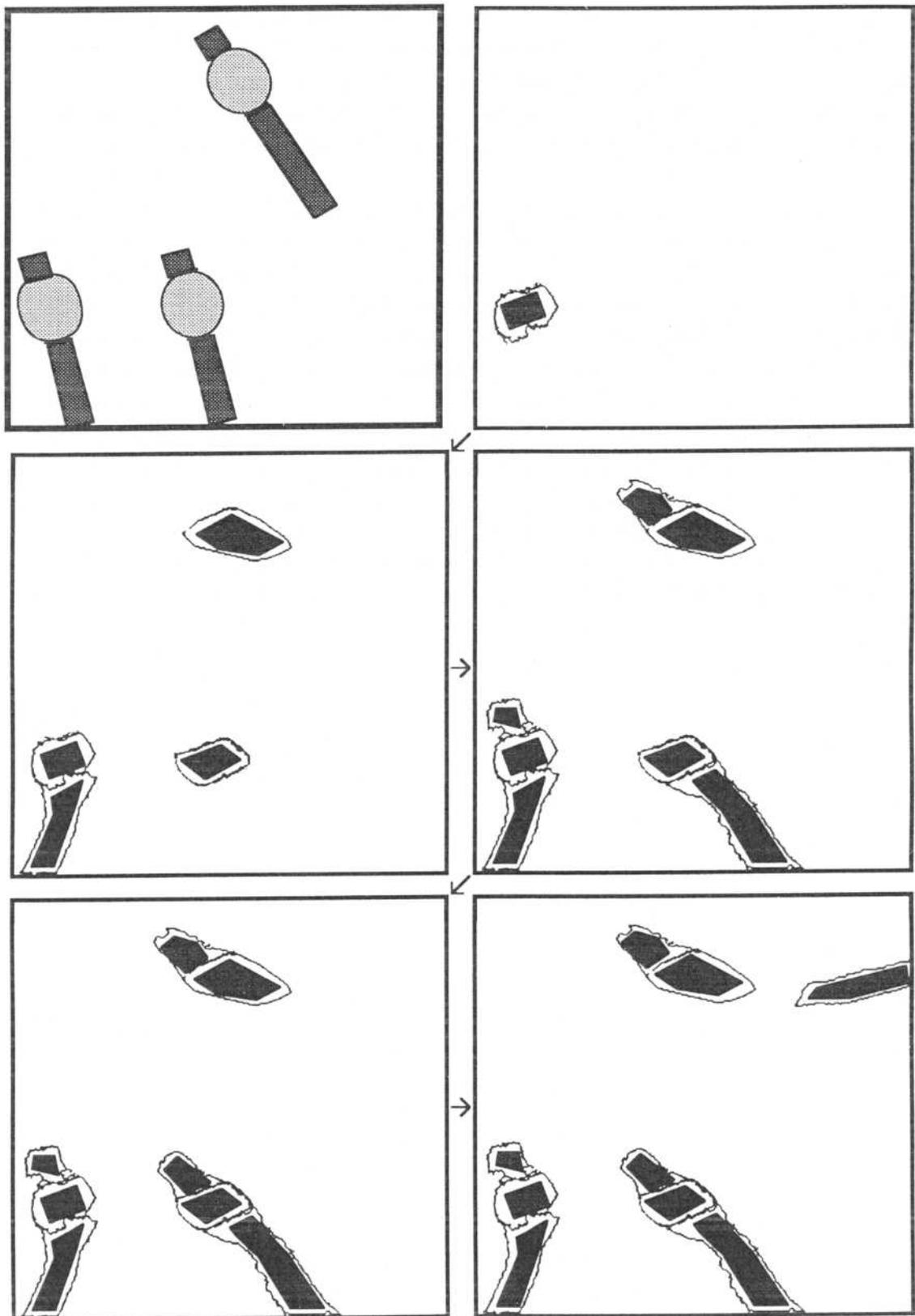


Abb. 8.3-8: Schrittweise Verbesserung der Zuordnung.

- Probleme ergeben sich, wenn die Adaption unüberlegt initialisiert wurde. Hat man sehr kleine Differenzschwellen gewählt, so sind viele Adaptionszyklen erforderlich, um zum Endergebnis zu kommen. Außerdem können etwa bei ungeeignet festgesetzten Sollwerten für die Bewertungsfunktionen Konfliktzustände bei der Adaption auftreten.

Mit einem Ausblick auf notwendige Weiterentwicklungen beenden wir dieses Kapitel. Ein robustes System der Bildverarbeitung zeichnet sich dadurch aus, daß die Vergleichsverfahren eng mit den Verfahren der Bildverbesserung und -segmentierung zusammenwirken [Pauli et al. 92]. Im Rahmen dieser Kopplung sollen Bildprimitive so extrahiert werden, daß sich die Bildstruktur nicht fundamental von der Modellstruktur unterscheidet. Dies könnte man dadurch erreichen, daß auch die Segmentierung modellbasiert durchgeführt wird. Dabei sollten die Steuerparameter der Bildsegmentierung wie die Differenzschwellen der Vergleichsverfahren automatisch adaptiert werden. Um die nötigen Modelle zu erhalten und die adaptiven Verfahren geeignet zu initialisieren, sollte explizit Wissen über die abgebildete Szene und die physikalischen Gesetze der Bildentstehung repräsentiert und verarbeitet werden.

Weiterentwicklungen