



Steffen Hölldobler et al. (Hrsg.)

Ausgezeichnete Informatikdissertationen 2010

**Im Auftrag der GI herausgegeben durch die Mitglieder des
Nominierungsausschusses**

Abraham Bernstein, Universität Zürich
Steffen Hölldobler (Vorsitzender), Technische Universität Dresden
Günter Hotz, Universität des Saarlandes
Klaus-Peter Löhr, Freie Universität Berlin
Paul Molitor, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
Gustav Neumann, Wirtschaftsuniversität Wien
Rüdiger Reischuk, Universität zu Lübeck
Dietmar Saupe, Universität Konstanz
Myra Spiliopoulou, Otto-von Guericke-Universität Magdeburg
Harald Störrle, Technical University of Denmark
Dorothea Wagner, Universität Karlsruhe (TH)

Gesellschaft für Informatik e.V. (GI)

Lecture Notes in Informatics (LNI) - Dissertations

Series of the Gesellschaft für Informatik (GI), Volume D-11
ISBN 978-3-88579-415-8

Dissertations Editorial Board

Prof. Dr. Steffen Hölldobler (Chair), Technische Universität Dresden,
Fakultät für Informatik, Institut für Künstliche Intelligenz, 01062 Dresden

Abraham Bernstein, Universität Zürich
Steffen Hölldobler, Technische Universität Dresden
Günter Hotz, Universität des Saarlandes
Klaus-Peter Löhr, Freie Universität Berlin
Paul Molitor, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
Gustav Neumann, Wirtschaftsuniversität Wien
Rüdiger Reischuk, Universität zu Lübeck
Dietmar Saupe, Universität Konstanz
Myra Spiliopoulou, Otto-von Guericke-Universität Magdeburg
Harald Störrle, Technical University of Denmark
Dorothea Wagner, Universität Karlsruhe (TH)

Series Editorial Board

Heinrich C. Mayr, Alpen-Adria-Universität Klagenfurt, Austria
(Chairman, mayr@ifit.uni-klu.ac.at)
Hinrich Bonin, Leuphana Universität Lüneburg, Germany
Dieter Felner, Technische Universität Darmstadt, Germany
Ulrich Flegel, Hochschule Offenburg, Germany
Ulrich Frank, Universität Duisburg-Essen, Germany
Johann-Christoph Freytag, Humboldt-Universität zu Berlin, Germany
Michael Goedicke, Universität Duisburg-Essen, Germany
Ralf Hofestädt, Universität Bielefeld, Germany
Michael Koch, Universität der Bundeswehr München, Germany
Axel Lehmann, Universität der Bundeswehr München, Germany
Ernst W. Mayr, Technische Universität München, Germany
Thomas Roth-Berghofer, DFKI, Germany
Sigrid Schubert, Universität Siegen, Germany
Martin Warnke, Leuphana Universität Lüneburg, Germany

Dissertations

Steffen Hölldobler, Technische Universität Dresden, Germany

Seminars

Reinhard Wilhelm, Universität des Saarlandes, Germany

Thematics

Andreas Oberweis, Karlsruher Institut für Technologie (KIT), Germany

© Gesellschaft für Informatik, Bonn 2011

printed by Köllen Druck+Verlag GmbH, Bonn

Vorwort

Die Gesellschaft für Informatik e.V. (GI) vergibt gemeinsam mit der Schweizer Informatik Gesellschaft (SI), der Österreichischen Computergesellschaft (OCG) und dem German Chapter of the ACM (GChACM) jährlich einen Preis für eine hervorragende Dissertation im Bereich der Informatik. Hierzu zählen nicht nur Arbeiten, die einen Fortschritt in Kernbereichen der Informatik bedeuten, sondern auch Arbeiten aus dem Bereich der Anwendungen der Informatik in anderen Disziplinen und Arbeiten, die die Wechselwirkungen zwischen Informatik und Gesellschaft untersuchen. Die jährliche Auswahl dieser Dissertation stützt sich auf die von den Hochschulen für diesen Preis vorgeschlagenen Dissertationen. Jede Hochschule kann jedes Jahr nur eine Dissertation vorschlagen. Somit sind die im Auswahlverfahren vorgeschlagenen Kandidatinnen und Kandidaten bereits „Preisträger“ ihrer Hochschule.

Die 37 Einreichungen zum Dissertationspreis 2010 belegen die zunehmende Bedeutung und auch die Bekanntheit des Dissertationspreises. Wie jedes Jahr wurden die vorgeschlagenen Arbeiten im Rahmen eines Kolloquiums im Leibniz-Zentrum für Informatik Schloss Dagstuhl von den Nominierten vorgestellt. Für die Mitglieder des Nominierungsausschuss war das persönliche Zusammentreffen mit den Nominierten der Höhepunkt der Auswahl-tätigkeit, und für die Nominierten hat das Kolloquium sicher eine Reihe neuer Erfahrungen und wissenschaftlicher Kontakte geboten. Das sehr hohe wissenschaftliche Niveau der Vorträge, die regen Diskussionen und die angenehme Atmosphäre in Schloss Dagstuhl wurde von allen Teilnehmerinnen und Teilnehmern des Kolloquiums sehr begrüßt.

Wie in jedem Jahr fiel es dem Nominierungsausschuss sehr schwer, eine einzige Dissertation auszuwählen, die durch den Preis besonders gewürdigt wird. Mit der Präsentation aller vorgeschlagenen Dissertationen in diesem Band wird die Ungerechtigkeit, eine aus mehreren ebenbürtigen Dissertationen hervorzuheben, etwas ausgeglichen. Dieser Band soll zudem einen Beitrag zum Wissenstransfer innerhalb der Informatik und von den Universitäten und Hochschulen in die Bereiche Technik, Wirtschaft und Gesellschaft leisten.

Die beteiligten Gesellschaften verleihen den Dissertationspreis 2010 an Dr. Ing. Christian Kästner, der an der Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg promovierte, für seine hervorragende Dissertation „Virtual Separation of Concerns: Toward Preprocessors 2.0“.

Die Programmierung von variabler Software in Form einer Produktlinie gehört zu den großen Herausforderungen der aktuellen Softwaretechnikforschung. Herr Kästner stellt die in der Praxis weit verbreiteten annotationsbasierten Ansätze erstmals auf ein formales, wissenschaftliches Fundament, entwickelt darauf aufbauend praktisch einsetzbare Werkzeuge, evaluiert diese empirisch, widerlegt populäre Kritiken und zeigt neue Möglichkeiten und Chancen dieser Ansätze auf. Mit dieser Preisverleihung würdigen die beteiligten Gesellschaften eine herausragende wissenschaftliche Arbeit, die das Potenzial hat, die Programmierung von Produktlinien nachhaltig zu verbessern.

Ein besonderer Dank gilt dem Nominierungsausschuss, der sehr effizient und konstruktiv zusammengearbeitet hat. Bei Herrn Friedrich Gräter, Frau Julia Koppenhagen, Herrn Christoph Wernhard und Frau Sylvia Wunsch möchte ich mich für die Unterstützung bei der Entgegennahme der vorgeschlagenen Dissertationen, für das Erstellen der Webseiten,

für die Organisation des Kolloquiums sowie für die Zusammenstellung und Anpassung der Beiträge an das Format der GI-Edition Lecture Notes in Informatik (LNI) bedanken. Für die finanzielle Unterstützung des Nominierungskolloquiums sei den beteiligten Gesellschaften gedankt. Die Gastfreundlichkeit und die hervorragende Bewirtung auf Schloss Dagstuhl trugen zum Erfolg des Kolloquiums bei, wofür ich mich an dieser Stelle ebenfalls herzlich bedanke.

Für sein herausragendes Engagement für den Dissertationspreis – von dessen Anfängen bis heute – möchte ich mich im Namen aller Kolleginnen und Kollegen, aller Nominierten sowie der beteiligten Gesellschaften bei Herrn Günter Hotz bedanken. Herr Hotz ist nach der Nominierung des diesjährigen Preisträgers auf eigenen Wunsch aus dem Nominierungsausschuss ausgeschieden. Herr Hotz, Sie werden uns fehlen.

Steffen Hölldobler
Dresden im September 2011



Kandidaten für den GI-Dissertationspreis 2010

Dr. Christoph Becker	Technische Universität Wien
Dr. Heni Ben Amor	TU Bergakademie Freiberg
Dr. Nadja Betzler	Friedrich-Schiller-Universität Jena
Dr. Alexander Böhm	Universität Mannheim
Dr. Shelley Buchinger	Universität Wien
Dr. Nils Bulling	Technische Universität Clausthal
Dr. Manfred Claassen	ETH Zürich
Dr. Stephan Eggersgluß	Universität Bremen
Dr. Georg Heigold	RWTH Aachen
Dr.-Ing. Paula Herber	Technische Universität Berlin
Dr. André Hernich	Goethe-Universität Frankfurt
Dr.-Ing. Christian Kästner	Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg
Dr. Jens Keilwagen	Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
Dr. Emanuel Kitzelmann	Otto-Friedrich-Universität Bamberg
Dr.-Ing. Tobias Knopp	Universität zu Lübeck
Dr. Tyge-F. Kummer	ESCP Europe Wirtschaftshochschule Berlin
Dr. Sven Lahde	Technische Universität Braunschweig
Dr. Manja Lohse	Universität Bielefeld
Dr. Paul Lokuciejewski	Technische Universität Dortmund
Dr. Enno Lübbers	Universität Paderborn
Dr. Michael Luttenberger	Technische Universität München
Dr. Gerard de Melo	Universität des Saarlandes
Dr. Stefan Oppl	Johannes Kepler Universität Linz
Dr. Frank Raiser	Universität Ulm
Dr. Katharina Reinecke	Universität Zürich
Dr. Katharina Richter	Bauhaus-Universität Weimar
Dr. Sebastian Rönnau	Universität der Bundeswehr München
Dr.-Ing. Christopher Rohkohl	Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg
Dr. Loïc Royer	Technische Universität Dresden
Dr. Thomas Sauer	Universität Trier
Dr. Jochen Schlosser	Universität Hamburg
Dr. Holger Schmidt	Universität Duisburg-Essen
Dr. Marco Serafini	Technische Universität Darmstadt
Dr.-Ing. Johannes Singler	Karlsruher Institut für Technologie (KIT)
Dr. Martin Stommel	Universität Siegen
Dr. Georg Wittenburg	Freie Universität Berlin
Dr. Georg Zeller	Eberhard Karls Universität Tübingen

Mitglieder des Nominierungsausschusses für den GI-Dissertationspreis 2010



Von links nach rechts:

Prof. Dr. Gustaf Neumann
 Prof. Dr. Dr. h.c. mult. Günter Hotz
 Prof. Dr. Dorothea Wagner
 Prof. Dr. Harald Störle
 Prof. Dr. Dietmar Saupe
 Prof. Dr. Abraham Bernstein
 Prof. Dr. Paul Molitor
 Prof. Dr. Myra Spiliopoulou

Wirtschaftsuniversität Wien
 Universität des Saarlandes
 Universität Karlsruhe (TH)
 Technical University of Denmark
 Universität Konstanz
 Universität Zürich
 Martin-Luther-Univ. Halle-Wittenberg
 Otto-von-Guericke-Univ. Magdeburg

Nicht im Bild:

Prof. Dr. Steffen Hölldobler (Vorsitzender)
 Prof. Dr.-Ing. Klaus-Peter Lühr
 Prof. Dr. Rüdiger Reischuk

Technische Universität Dresden
 Freie Universität Berlin
 Universität zu Lübeck

Inhaltsverzeichnis

Christoph Becker	
Trustworthy Preservation Planning	11
Heni Ben Amor	
Imitation Learning of Motor Skills for Synthetic Humanoids	21
Nadja Betzler	
Eine Multivariate Komplexitätsanalyse von Wahlproblemen	31
Alexander Böhm	
Building Scalable, Distributed Applications with Declarative Messaging	41
Shelley Buchinger	
Quality of Experience von mobilen Multimediaanwendungen	51
Nils Bulling	
Modellierung und Verifikation von Fähigkeiten rationaler Agenten	61
Manfred Claassen	
Design and Validation of Proteome Measurements	71
Stephan Eggersglüß	
Robuste Erfüllbarkeitsalgorithmen zur Generierung hochwertiger Testmuster für digitale Schaltungen	81
Georg Heigold	
Eine Formulierung für den log-linearen, diskriminativen Ansatz in der Spracherkennung	91
Paula Herber	
Automatisierte HW/SW Co-Verifikation von SystemC Modellen mit Hilfe von Timed Automata	101
André Hernich	
Grundlagen der Anfrageverarbeitung beim relationalen Datenaustausch	111
Christian Kästner	
Virtuelle Trennung von Belangen	121
Jens Keilwagen	
Vorhersage von DNA-Bindungsstellen mit generativen, diskriminativen und hybriden Lernverfahren	131

Emanuel Kitzelmann

Ein kombinierter analytischer und suchbasierter Ansatz zur induktiven Synthese funktionaler Programme 141

Tobias Knopp

Effiziente Rekonstruktion und alternative Spulentopologien für Magnetic-Particle-Imaging 151

Tyge-F. Kummer

Akzeptanz von Ambient Intelligence in Krankenhäusern: Ein Ländervergleich zwischen Deutschland und Australien am Beispiel der Medikationsunterstützung . 161

Sven Lahde

Dynamische Auswahl von Netzen zur optimierten Nutzung von mobilem Internet 171

Manja Lohse

Untersuchung des Einflusses von Situationen und Erwartungen auf das Nutzerverhalten – empirische Analysen der Mensch-Roboter Interaktion 181

Paul Lokuciejewski

WCET-fähige Quellcode- und Assembler-Optimierungstechniken für Realzeitsysteme 191

Enno Lübbers

Multithreading als Programmier- und Ausführungsmodell für rekonfigurierbare Hardware 201

Michael Luttenberger

Lösen polynomieller Gleichungssysteme über Semiringen 211

Gerard de Melo

Graphenbasierte Methoden zur multilingualen Wissensintegration 221

Stefan Oppl

Unterstützung expliziter Articulation Work – Interaktive Externalisierung und Abstimmung mentaler Modelle 231

Frank Raiser

Graphtransformationssysteme in Constraint Handling Rules: Verbesserte Methoden zur Programmanalyse 241

Katharina Reinecke

Kulturell-Adaptive Benutzeroberflächen 251

Katharina Richter

Augmenting Designers' Memory – Case-Based Reasoning in der Architektur 261

Sebastian Rönnau

Effizientes Änderungsmanagement von XML-Dokumenten 271

Christopher RohkohlSchätzung und Korrektur von Bewegung für die interventionelle
Bildrekonstruktion von Herzgefäßen 281**Loïc Alain Royer**Unraveling the Structure and Assessing the Quality of Protein Interaction
Networks with Power Graph Analysis 291**Thomas Sauer**

Automated Enactment Tracking for Dynamic Workflows 301

Jochen Schlosser

TriXX BMI – Virtuelles Screening mit Indextechnologie 311

Holger SchmidtEine Methode zur Muster- und Komponentenbasierten Software-Entwicklung
im Bereich IT-Sicherheit 321**Marco Serafini**

Effiziente Fehlertoleranz für Web-Basierte Systeme 331

Johannes Singler

Algorithmenbibliotheken für Mehrkern-Prozessoren 341

Martin Stommel

Zur Erkennung verformbarer Objekte anhand ihrer Teile 351

Georg Wittenburg

Dienstplatzierung in Ad-hoc-Netzen 361

Georg Zeller

Maschinelle Lernmethoden zur Analyse von Tiling-Array-Daten 371

Trustworthy Preservation Planning

Christoph Becker

Institut für Softwaretechnik und interaktive Systeme
Technische Universität Wien, Österreich
becker@ifs.tuwien.ac.at

Abstract: Die Aufgabe der digitalen Langzeitarchivierung ist es, die Risiken abzuwehren, die die Vielzahl existierender digitaler Materialien auf den Ebenen der Datenströme, der Logik und der Semantik bedrohen und die langfristige Verfügbarkeit und Verständlichkeit dieser Materialien in Frage stellen. Die Aufgabe der vertrauenswürdigen Planung besteht dabei darin, authentischen Zugriff für die Zukunft sicherzustellen, indem die richtigen Aktionen definiert werden, um bestimmte Inhalte zu bewahren. Diese Planung ist ein komplexes interdisziplinäres Entscheidungsproblem mit einer Vielzahl an Kriterien. Dieser Artikel beschreibt einen systematischen Ansatz zur Planung von Langzeitarchivierung und eine Softwareumgebung, die die Planung unterstützt. Wir diskutieren Erfahrungen beim Einsatz in realen Problemsituationen, beschreiben einen Ansatz zur systematischen Klassifikation von Entscheidungskriterien und ein System zur Automatisierung der Messung von Kriterien, das die Skalierbarkeit und Vertrauenswürdigkeit von Planungsentscheidungen entscheidend verbessert.

1 Einleitung

In den vergangenen Jahrzehnten sind digitale Objekte zum primären Medium des Informationsaustausches avanciert. Eine jüngst publizierte Studie schätzt die im Jahr 2010 digital produzierte Informationsfülle auf etwa 1.2 Zettabyte. Auch wenn nur ein verschwindender Teil dieser Informationen aufbewahrungswürdig sein mag, sind die Datenmengen, die für die Zukunft am Leben erhalten werden wollen, dennoch schwindelerregend. Digitale Informationen sind im Gegensatz zu analogen Daten nicht durch die Bewahrung des Mediums allein zu sichern: Jegliches digitale Objekt benötigt zur Herstellung einer sinngebenden Wiedergabe eine technische Umgebung, die aus den codierten Informationen eine dem Nutzer zugängliche und verständliche Darstellung produziert. Die digitalen Inhalte unserer Zeit sind auf mehreren Ebenen bedroht: (1) Auf der Ebene der Datenströme benötigen wir sichere Verfahren, die verlässliche Speicherung und den Schutz vor Umwelteinflüssen garantieren; (2) Auf der logischen Ebene der Datenstrukturen und Formate benötigen wir Verfahren, die eine verlässliche und authentische Wiedergabe der enthaltenen Informationen ermöglichen; (3) Auf der Ebene der Semantik muss die Verständlichkeit von Informationen sichergestellt werden.

Die Aufgabe der digitalen Langzeitarchivierung (*digital preservation*) ist es, die Risiken abzuwehren, die die Vielzahl existierender digitaler Materialien auf den Ebenen der Datenströme, der Logik und der Semantik bedrohen und welche die langfristige Verfügbarkeit

und Verständlichkeit dieser Materialien in Frage stellen. Das erklärte Ziel besteht darin, langfristige, sichere und authentische Speicherung sowie den vertrauenswürdigen Zugriff auf digitale Inhalte in einer verwendbaren Form für eine definierte Benutzergruppe zu gewährleisten. Das erfordert auf Grund der konstanten Veränderungen der verwendeten Technologien kontinuierliche Aktionen zur Bewahrung der Objekte und zur Sicherstellung ihrer Lesbarkeit nach dem Ende der Verfügbarkeit der ursprünglichen technischen Umgebung, die zur Herstellung und Wiedergabe benutzt wurde. Solche Aktionen dienen daher im Allgemeinen entweder der Wiederherstellung einer äquivalenten Umgebung (Emulation) oder der Konvertierung des Objektes in eine Repräsentationsform, die mit aktuellen Umgebungen kompatibel ist (Migration).

Grundsätzlich steht meist eine Vielzahl potentieller Aktionen zur Verfügung. Deren Qualität variiert jedoch je nach eingesetzter Software stark, die Eigenschaften digitaler Objekte unterscheiden sich je nach dem Typ der Inhalte, und die Arten der Verwendung und die entsprechenden Anforderungen variieren je nach Zielgruppe und Zugriffsszenarien. Risikotoleranz, Präferenzen, Kosten sowie Einschränkungen technischer und organisationsbedingter Art schwanken je nach der betrachteten Sammlung von Inhalten, der verantwortlichen Organisation und ihrer Umgebung. Weiters sind all diese Faktoren konstanten Verschiebungen ausgesetzt, die es zu erkennen und zu behandeln gilt.

Die Aufgabe der Planung von vertrauenswürdiger Langzeitarchivierung besteht also darin, authentischen Zugriff für die Zukunft sicherzustellen, indem die richtigen Aktionen definiert werden, um bestimmte Inhalte zu bewahren. Das Kernproblem dieser Planung ist eine domänenspezifische Variante eines bekannten Problemes der Softwareherstellung – der Selektion einer optimalen Komponente zur Erfüllung spezifischer Funktionen und ihrer Integration in ein Software-System. In diesem Problem der Entscheidungsanalyse ergeben sich folgende Forschungsfragen: (1) Wie kann man die für eine bestimmte Situation optimale Aktion zur Langzeitarchivierung auswählen? (2) Wie kann man dabei vertrauenswürdige Planung sicherstellen? (3) Wie können die Entscheidungsprozesse skalierbar gemacht werden, sodass sie heutigen und künftigen Anforderungen entsprechen?

Dieser Beitrag stellt einen systematischen Ansatz zur Planung von Langzeitarchivierung vor. Eine Entscheidungsmethode für Situationen mit einer Vielzahl potentiell widersprüchlicher Kriterien wird begleitet von einem konkreten Arbeitsprozess und einem Softwarewerkzeug, das die Erstellung von Plänen für definierte Mengen von digitalen Objekten unterstützt. Eine Analyse von Einflussfaktoren, die berücksichtigt und evaluiert werden müssen, führt zu einer Kategorisierung von Entscheidungskriterien in einer Taxonomie. Auf dieser Basis wird ein System zur automatischen Messung vorgestellt und der momentane Abdeckungsgrad der Messungen analysiert. Dadurch wird der Aufwand der Evaluierung von Komponenten reduziert, die Skalierbarkeit deutlich verbessert und die Vertrauenswürdigkeit sichergestellt.

Wir stellen im Folgenden kurz den Kontext und Ansatz der Entscheidungsmethode vor und beschreiben die Softwarearchitektur des Planungssystems *Plato*. Im Abschnitt 3 diskutieren wir die Klassifikation von Entscheidungskriterien und eine erweiterbare Architektur, die Kriterien aus allen Kategorien der Klassifikationshierarchie unerstützt und deren Messung automatisiert. Anhand einiger Beispiele werden dabei die verwendeten Techniken erläutert; der Abdeckungsgrad der Messungen wird anhand realer Fallstudien analysiert.

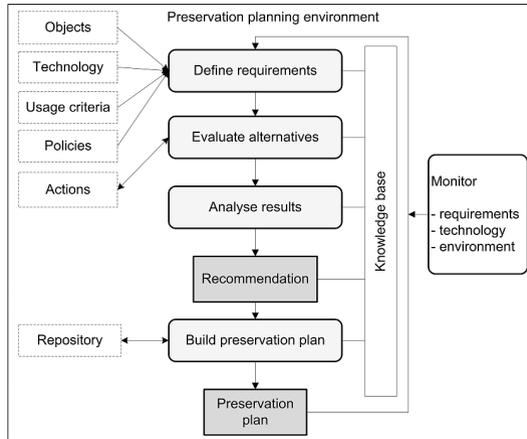


Abbildung 1: Die Planungsumgebung

Abschnitt 4 gibt einen Ausblick auf Implikationen und aktuelle Forschungs-Initiativen, die auf dieser Arbeit basieren.

2 Planung von Langzeitarchivierung

Einer der Schlüssel-Motivatoren für die exakte Definition der vorgestellten Methode ist das zunehmende Bestreben der Langzeitarchivierung, die Vertrauenswürdigkeit von Archivierungslösungen zu untersuchen, zu testen und zu beweisen. Der einflussreichste Standard ist das konzeptionelle OAIS-Referenzmodell [ISO03], das ein Archivsystem samt Informationsmodell beschreibt. Ein darauf basierender ISO-Standard, der Kriterien für die Vertrauenswürdigkeit von digitalen Archiven definiert, ist in Vorbereitung und wird von der vorgestellten Methode gezielt unterstützt [ISO10]. Dieser Standard legt größten Wert auf Nachvollziehbarkeit, beweis-basierte Entscheidungsfindung und transparente Dokumentation. Dieser Abschnitt stellt kurz den Kontext und die Methode der Planung vor, beschreibt die Architektur des Softwaretools Plato und diskutiert Anwendungen aus der Praxis.

2.1 Kontext und Methode

Abbildung 1 zeigt den Kontext und die wesentlichen Elemente einer Planungsumgebung. Die Methode zur Planung von Langzeitarchivierung ist eine Entscheidungsmethode auf der Basis von multikriterieller Entscheidungsanalyse und Nutzwertanalyse. Die vier Phasen zur Plan-Erstellung werden von 14 konkreten Schritten realisiert, die die Grundlage eines Kreislauf der Überwachung und Überarbeitung existierender Pläne bilden.

1. **Anforderungsdefinition.** – Eine genaue Definition des Kontextes legt den Grundstein für eine Spezifikation repräsentativer Beispieldaten, die die Diversität der Eigenschaften der gesamten Datenmenge repräsentieren und die wesentlichen Eigen-

schaften der in Frage stehenden Inhalte abbilden. Anforderungskriterien werden in hierarchischer Weise definiert, indem allgemeine Ziele in quantifizierbare Kriterien ausgeformt werden. Dabei muss ein breites Spektrum an Einflussfaktoren berücksichtigt werden, das von legalen Rahmenbedingungen und rechtlichen Bestimmungen über die organisatorischen Besonderheiten und technischen Gegebenheiten bis zu den spezifischen Wünschen der Benutzer und den strategischen Zielen der jeweiligen Organisation reicht. Der resultierende *objective tree*, der Anforderungsbaum mit evaluierbaren Kriterien, bildet die Basis für die Beurteilung der Lösungskandidaten.

2. **Evaluierung von Alternativen.** – Der Evaluierungsprozess basiert auf evidenzbasierter Entscheidungsfindung, die von kontrollierten Experimenten unterstützt wird. Alle verfügbaren Lösungskandidaten werden daher in einem kontrollierten Prozess auf das Test-Datenset angewandt. In diesem Sinne wird für jedes Entscheidungskriterium ein Messwert für jedes Experiment gesammelt.
3. **Analyse und Entscheidung.** – Damit systematische Vergleiche über verschiedene Kriterien möglich sind, wird für jedes Kriterium eine Nutzwertfunktion definiert, wodurch alle in verschiedenen Skalen vorliegenden Messwerte in eine gemeinsame Skala transformiert werden. Relative Gewichtungen auf allen Ebenen des Anforderungsbaumes modellieren die Präferenzen der Entscheidungsträger. Eine detaillierte Analyse der resultierenden Performanz aller Kandidaten, ihrer gewichteten Nutzwerte und der Experiment-Resultate führt zu einer fundierten und genau dokumentierten Empfehlung eines Kandidaten. Dabei weist eine Sensitivitätsanalyse den Benutzer auf diejenigen Teile des Anforderungsbaumes hin, die besonders sensibel sind in Bezug auf Änderungen der Prioritäten oder der Messwerte und daher besondere Aufmerksamkeit erfordern.
4. **Plan-Definition.** – Konkrete Schritte und Verantwortlichkeiten zur operativen Umsetzung des gewählten Kandidaten werden in einem *Preservation Plan* definiert.

A preservation plan defines a series of preservation actions to be taken by a responsible institution due to an identified risk for a given set of digital objects or records (called collection). The Preservation Plan takes into account the preservation policies, legal obligations, organisational and technical constraints, user requirements and preservation goals and describes the preservation context, the evaluated preservation strategies and the resulting decision for one strategy, including the reasoning for the decision. It also specifies a series of steps or actions (called *preservation action plan*) along with responsibilities and rules and conditions for execution on the collection. Provided that the actions and their deployment as well as the technical environment allow it, this action plan is an executable workflow definition. [BKG⁺09]

5. **Ausführung und Überwachung.** – Kontinuierliche Überwachung des operativen Planes muss nicht nur die Qualität der Ausführung kontrollieren, sondern auch unvermeidliche Veränderungen der Umgebung: Verschiebungen der Zielgruppen und

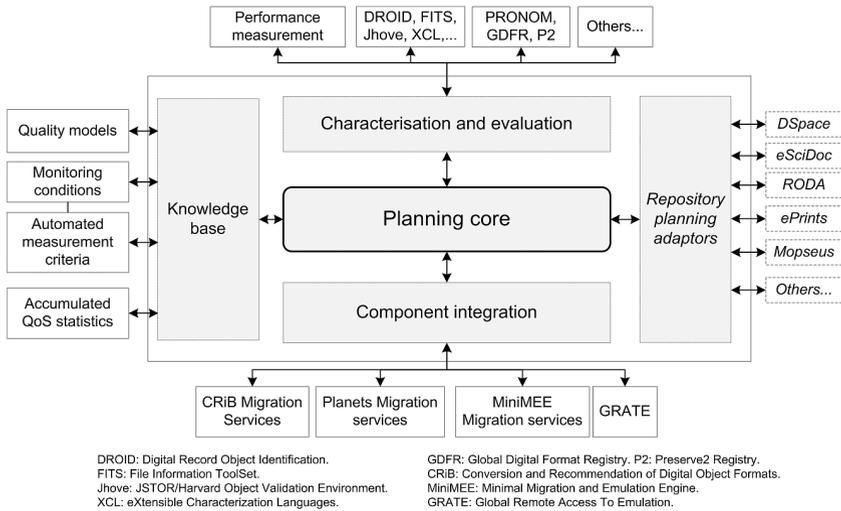


Abbildung 2: Integrationsarchitektur der Software-Umgebung Plato

ihrer Anforderungen sowie Änderungen in der Verfügbarkeit und in den Fähigkeiten technischer Umgebungen. Erkannte Änderungen führen zu einer neuen Iteration im Planungsprozess.

2.2 Das Planungswerkzeug Plato

Planungsverantwortliche Entscheidungsträger evaluieren potentielle Aktionen und Komponenten auf empirische Weise, indem sie automatische Messungen in einer kontrollierten Umgebung durchführen und auf Grund der gesammelten Messdaten die Komponente auswählen, die die Anforderungen einer bestimmten Situation am besten erfüllt. Zu diesem Zweck stellen wir eine verteilte Software-Architektur zur Planungsunterstützung vor, die Planung, Aktionen, und Charakterisierung flexibel integriert. Das Herzstück dieser Architektur bildet das Planungswerkzeug *Plato* (Planning Tool). Diese Software implementiert die Planungsmethode und erstellt solide, automatisch dokumentierte Archivierungspläne.

Plato realisiert und implementiert den beschriebenen Prozess zur Erstellung von Plänen. Es führt den Benutzer durch 14 konkrete Schritte in den beschriebenen Phasen, bietet weitgehende Integration mit automatischen Diensten und dokumentiert sämtliche Entscheidungen im Hintergrund. Das Werkzeug ist eine frei verfügbare open source Web-Applikation auf der Basis etablierter Enterprise Java Frameworks und integriert eine erweiterbare service-orientierte Architektur zur Auffindung, Ausführung und Evaluierung von Archivierungsaktionen (*preservation actions*), um auf diese Weise die kohärente Dokumentation, Standardisierung, Automatisierung und Nachvollziehbarkeit der Entscheidungsschritte zu garantieren. Plato ist unter <http://www.ifs.tuwien.ac.at/dp/plato> erreichbar. Die wesentlichen Bausteine der flexibel erweiterbaren Architektur werden im Folgenden kurz beschrieben.

1. Eine *Wissensbasis* enthält wiederverwendbare Qualitätsmodelle und Anforderungs-Definitionen.
2. *Komponenten-Integration* ermöglicht die verteilte Einbindung von Komponenten, die Archivierungsaktionen in verschiedenster Weise realisieren. Eine Reihe von Migrations-Services ist online verfügbar; Emulatoren sind in manchen Fällen eine wertvolle Alternative. Verteilter Online-Zugriff auf Emulatoren unterstützt die Evaluierung und Entscheidung und bedeutet eine substantielle Erleichterung, da die Installation und Konfiguration einer Emulationsumgebung für reine Evaluierungszwecke oftmals als zu große Hürde empfunden wird.
3. Services zur *Charakterisierung und Evaluierung* benutzen Informationsquellen und Analysewerkzeuge.
 - *Informationsquellen* enthalten Daten zu möglichen Komponenten und Services, aber auch Datenformaten und Risikoabschätzungen.
 - *Charakterisierungsadapter* stellen den Zugriff auf Werkzeuge und Services bereit, die Formate identifizieren und beschreiben, Risiken beurteilen, Eigenschaften und Charakteristiken extrahieren und Objekte vergleichen. Diese Charakteristiken können von erheblicher Heterogenität und Komplexität sein und befinden sich weiters im Prozess stetiger Entwicklung. In der Integrationsarchitektur ist diese Heterogenität daher über eine Abstraktionsebene vom Planungskern entkoppelt.
4. *Repository Adapter* werden in Zukunft die Konnektoren zur Verfügung stellen, die die Planungsfunktionalität in Repository-Systeme integrieren.

2.3 Anwendung und Fallstudien

Seit der ersten Veröffentlichung 2008 hat Plato stetig steigende Aufmerksamkeit erfahren; Anfang 2011 hatten sich bereits über 700 Benutzer aus 45 Top Level Domains registriert. Eine Reihe von Fallstudien analysierte in diesem Zeitraum die Anwendbarkeit, Stärken und spezifische Probleme der Methode und der Softwareumgebung. Die kontinuierliche Verbesserung führte zu mehreren Fällen von produktiver Entscheidungsfindung in realen Problemsituationen in mehreren europäischen Nationalbibliotheken. Auch das österreichische Nationalarchiv setzt Plato ein.

Tabelle 1 charakterisiert Kernpunkte einiger Fallstudien, zu denen Forschungs-Evaluierungen, Pilotprojekte und produktive Geschäftsentscheidungen zählen. Manche Studien wurden betreut, andere unabhängig von Dritten durchgeführt. Die Entscheidungskriterien und Schlussfolgerungen dieser Studien bilden ein wertvolles Fundament, auf dessen Basis nicht nur die Anwendbarkeit der Methode geprüft und der Fortschritt der Automatisierung gemessen wird, sondern auch aktuelle Herausforderungen und künftige Ziele ableitbar sind.

	Organisationstyp	Planungs-Daten-Set	Szenario	Kriterien	Schlüsselfaktoren	Empfehlung
1	Nationale Bibliothek	Bilddaten (80TB TIFF-5 Scans)	Betreute Produktiv-Entscheidung	24	Speicherkosten, Standardisierung, Automatisierte Qualitätssicherung	Konvertierung zu JPEG2000
2	Nationale Bibliothek	Bilddaten (72TB TIFF-6 Scans)	Betreute Produktiv-Entscheidung	33	Farbprofil-Komplikationen, Mangel an JPEG2000-Verbreitung	Status quo beibehalten
3	Nationale Bibliothek	Hochauflösende Bilddaten (TIFF-6 Negativ-Scan)	Betreute Produktiv-Entscheidung	40	Prozesskosten, Browser-Unterstützung	Status quo beibehalten
4	Nationale Bibliothek	Komplexe Dokumente (PDF)	Unabhängige Produktiv-Entscheidung	35	Migrationsqualität, Komplexität zusammengesetzter Objekte	Keep status quo
5	Nationale Bibliothek	Bilddaten (GIF)	Betreute Evaluierung	28	Format-Erwägungen	Konvertierung zu TIFF-6 (ImageMagick)
6	Forschungs-Institution	Publikationen in verschiedenen PDF-Versionen	Unabhängige Evaluierung	47	Objekteigenschaften, Format-Erwägungen	Konvertieren nach PDF/A (PdfCreator)
7	Nationales Archiv	Dokumente (Word-Perfect)	Unabhängige Evaluierung	38	Authentische Reproduktion der Datensätze	Original-Applikation mit Dioscuri emulieren
8	Nationales Archiv	Relationale SQL-Datenbank	Betreute Evaluierung (Produktiv-Pilot)	67	Interaktivität und Verhalten nicht relevant, Fokus auf Dokumentation der Inhalte	Konvertieren nach XML mit SIARD
9	Computer-Museum (fictitious)	Konsolen-Videospiele (Nintendo SNES)	Betreute Evaluierung (Forschung)	81	Interaktives Spielerlebnis	Emulation mit SNES9X 1.51 oder ZSNES 1.51
10	Forschungs-Institution	DOS-Videospiele	Unabhängige Evaluierung (Forschung)	44	Emulator-Kompatibilität, interaktives Spielerlebnis, Audio/Video-Qualität	Emulation: DosBOX auf Wine (Linux)
11	Professioneller Fotograf	Digitale Kamerarohdaten (CRW, CR2, NEF)	Betreute Evaluierung (Forschung)	69	Authentische Objekteigenschaften, Farbreproduktion, integrierte Metadaten	Konvertieren nach DNG (Adobe DNG Converter, verlustfreie Kompression)
12	Regionales Archiv	Digitale Kamerarohdaten (NEF)	Unabhängige Evaluierung	39	Format-Erwägungen, Prozesskontrolle	Konvertieren nach TIF (Photoshop CS4)

Tabelle 1: Einige Fallstudien, die mit Plato durchgeführt wurden

3 Kriterien und Messungen

Die Analyse der Anwendung der Planungsmethode mit den ersten Versionen von Plato ermöglichte es, eine Reihe von kritischen Herausforderungen herauszuarbeiten. Unter diesen stellt die manuelle Evaluierung, also die Messung von Entscheidungskriterien, die essentielle Herausforderung dar.

Eine detaillierte mehrstufige Analyse von 565 Entscheidungskriterien aus 13 Fallstudien führt zu der Erstellung einer Taxonomie von Entscheidungskriterien [BR11]. Prinzipiell kann ein gültiges Entscheidungskriterium sich nur auf Eigenschaften einer potentiellen Aktion und deren Ergebnis beziehen. Eine weitere Aufschlüsselung ergibt die folgenden Kategorien von messbaren Entscheidungskriterien:

- **Ergebniskriterien.** Diese Kriterien beschreiben das gewünschte Ergebnis einer Aktion.
 - *Objekt.* Diese Kategorie deckt alle Eigenschaften digitaler Objekte ab - sowohl gewünschte Aspekte wie etwa die *Durchsuchbarkeit* von Dokumenten als auch sogenannte *signifikante Eigenschaften*, die den tatsächlichen Kerngehalt der Objekte ausmachen und daher auch bei der Transformation der Repräsentation oder der Umgebung eines Objektes unverändert erhalten bleiben müssen. Diese Objekteigenschaften und ihre authentische Bewahrung stellen letzten Endes das fundamentale Kernproblem der Langzeitarchivierung dar.
 - *Format.* Diese Kriterien beschreiben Anforderungen an die Formate, in denen digitale Inhalte repräsentiert werden. Formate stellen einen signifikanten Ri-

sikofaktor der Langzeitarchivierung dar, weshalb dies oft ein entscheidender Aspekt ist.

- *Effekt*. Diese generische Kategorie beschreibt Effekte, die vom Ergebnis einer Aktion verursacht werden, jedoch nicht das Objekt selbst oder sein Format betreffen, zum Beispiel Kostenmodelle.
- **Aktion**. Eigenschaften der Komponenten, also der zu evaluierenden Aktionen, können in drei Kategorien unterteilt werden.
 - *Laufzeit*. Die *runtime properties* von Komponenten betreffen dynamisches Verhalten zur Laufzeit, Ressourcenverbrauch und Effizienz. Messungen müssen in einer kontrollierten Umgebung erfasst werden.
 - *Statisch*. Kriterien dieser Kategorie beziehen sich auf statische Eigenschaften der Komponenten, die nicht von empirisch zu überprüfendem Verhalten abhängig sind, wie etwa den Preis.
 - *Beurteilung*. Diese Kategorie sollte minimalisiert werden, ist jedoch manchmal relevant, wie zum Beispiel zur Bewertung von Benutzerfreundlichkeit. Auf Grund der Subjektivität ist eine genaue Dokumentation der Bewertung unerlässlich.

Basierend auf der vorgestellten Taxonomie wurde demonstriert, dass ein Großteil der Kriterien durch automatische Messungen in einer kontrollierten Umgebung bei realistischen Bedingungen evaluiert werden kann. Es wurde weiters demonstriert, dass kontrollierte Experimente und automatische Messungen die Wiederholbarkeit von Entscheidungen substantiell verbessern [BR10]. Zu diesem Zweck werden einerseits existierende Messtechniken und Werkzeuge über Adaptoren in die Messumgebung eingebunden, andererseits werden konkrete Messinstrumente vorgestellt, welche die bis dato technisch mögliche Messbarkeit erweitern.

Robuste off-the-shelf-Komponenten und verbreitete *digital preservation tools* werden zur Analyse und zum Vergleichen von Objekten integriert. Die *eXtensible Characterisation Languages*, eine Familie von systematischen Beschreibungs- und Extraktionssprachen, die im Rahmen des Projektes PLANETS entwickelt wurde, erlauben eine tiefgehende Analyse bestimmter Objekttypen. Die Integration einer vom Projekt *Preserv2* zur Verfügung gestellten RDF-Datenbasis erlaubt das dynamische Auffinden von Informationen über Dateiformate und deren Risikofaktoren. Zur Messung von Ressourcenverbrauch und Qualität von Komponenten wird eine kontrollierte Umgebung vorgestellt: *MiniMEE* (Minimal Migration and Emulation Engine) ist ein System zur transparenten robusten Messung von Ressourcenverbrauch und Qualität von Programmen unter Unix, Linux, Windows und Java-Umgebungen.

Zur Validierung der Taxonomie werden sämtliche bis dato definierten Fallstudien analysiert und kategorisiert, sodass die Abdeckungsrate der Messungen analysiert werden kann. Letztere unterscheidet sich naturgemäß stark je nach Szenario. Die Fallstudien 1 bis 4 etwa enthalten 32,5% statische Kriterien zur Aktion, 23% Objektkriterien und 20% Formatkriterien; die übrigen Kriterien kommen jeweils auf weniger als 10%. 67% der Kriterien dieser Studien können bereits automatisch gemessen werden – vor allem die aufwändigen

Messungen von Objektkriterien und von dynamischem Programmverhalten sind zu 100% abgedeckt. Bei komplexeren und dynamischeren Objekttypen jedoch ergibt sich eine deutlich niedrigere Abdeckung: Die messbaren Aspekte von Formaten und Komponenten stellen oft nur 20% der Kriterien dar.

4 Zusammenfassung und Ausblick

Die Arbeit hat eine systematische Methode zur Planung von Langzeitarchivierung vorgestellt. Die Methode wird von einem Tool unterstützt, das bereits in einem großem Maß eingesetzt wird. Wir haben auf der Basis einer Reihe von Anwendungsfällen eine Klassifikation von Einflussfaktoren und Entscheidungskriterien und ein erweiterbares System zur automatischen Messung von Kriterien vorgestellt. Die Arbeit zeigt, dass ein Großteil der Kriterien durch automatische Messungen in einer kontrollierten Umgebung bei realistischen Bedingungen evaluiert werden kann. Wir demonstrieren weiters, dass kontrollierte Experimente und automatische Messungen die Wiederholbarkeit von Entscheidungen substantiell verbessern. Dadurch wird der Aufwand der Evaluierung von Komponenten reduziert und die Skalierbarkeit deutlich verbessert. Die automatische Messung unterstützt außerdem die Vertrauenswürdigkeit von Entscheidungen, da ausführliches Beweismaterial in einer wiederholbaren und nachvollziehbaren Weise produziert wird und in standardisierter und vergleichbarer Form dokumentiert ist.

Die bisherige Diskussion führt zu einer Reihe von spezifischen Schlussfolgerungen, die auf neue Fragestellungen hinweisen.

- Die Planungsmethode ist prinzipiell unabhängig von der Art der eingesetzten Alternative (Migration, Emulation, Virtualisierung) und den Eigenschaften des Szenarios. Jedoch variiert der Grad der Automatisierung in der Realität stark, abhängig von Datentypen und evaluierten Aktionen.
- Der Abdeckungsgrad der automatischen Qualitätsvergleiche muss für einen weitreichenden Einsatz in der Praxis massiv verbessert werden, um Skalierbarkeit nicht nur von Aktionen, sondern auch von Entscheidungsprozessen sicherzustellen, die Aufgabe der kontinuierlichen Überwachung zu automatisieren und damit die vollständige Integration der Planungsumgebung mit *Digital Repository* Systemen zu ermöglichen. Das bedeutet die Ausweitung auf dynamische Eigenschaften von Objekten und auf Eigenschaften komplexer und neuartiger Objekte.
- All dies erfordert eine quantitative Evaluierung und Priorisierung von Eigenschaften und die Berücksichtigung der Robustheit, Varianz und Konfidenz von Messungen in der Beurteilung von Messwerten. Das fundamentale Problem dabei ist die prinzipielle Natur der Messwerte: Für die fundierte Verbesserung und Weiterentwicklung jeglicher Analysewerkzeuge sind validierte Benchmark-Datensätze nötig, die die komplette Validierung und Verifikation von Messungen erlauben.
- Der Stand der Technik in der Emulation muss um die Möglichkeit erweitert werden, das Verhalten und die Exaktheit der Reproduktion der Originalumgebung quantita-

tiv zu messen. Ohne quantifizierte Messungen ist die skalierbare Evaluierung von Emulation nicht möglich, wodurch der Einsatz in der Praxis zu einem Glücksspiel wird.

Einige der resultierenden Herausforderungen stellen einen Kernbestandteil des neuen EU-FP7-Forschungsprojektes SCAPE¹ dar, dessen Teilprojekt *Scalable Planning and Watch* auf der vorliegenden Arbeit basiert und die Entscheidungsprozesse auf umfangreiche Datenvolumina anwendbar machen soll, evaluiert auf Datensätzen aus den Bereichen Web Archiving, e-Science und Large Institutional Repositories.

Literatur

- [BKG⁺09] Christoph Becker, Hannes Kulovits, Mark Guttenbrunner, Stephan Strodl, Andreas Rauber und Hans Hofman. Systematic planning for digital preservation: Evaluating potential strategies and building preservation plans. *International Journal on Digital Libraries (IJDL)*, December 2009. <http://dx.doi.org/10.1007/s00799-009-0057-1>.
- [BR10] Christoph Becker und Andreas Rauber. Improving component selection and monitoring with controlled experimentation and automated measurements. *Information and Software Technology*, 52(6):641–655, June 2010.
- [BR11] Christoph Becker und Andreas Rauber. Decision Criteria in Digital Preservation: What to Measure and How. *Journal of the American Society for Information Science and Technology (JASIST)*, 2011.
- [ISO03] ISO. *Open archival information system – Reference model (ISO 14721:2003)*. International Standards Organization, 2003.
- [ISO10] ISO. *Space data and information transfer systems - Audit and certification of trustworthy digital repositories (ISO/DIS 16363)*. Standard in development, 2010.



Christoph Becker ist Senior Researcher am Institut für Softwaretechnik und Interaktive Systeme an der Technischen Universität Wien und bei Secure Business Austria sowie Research Fellow bei INESC-ID Lissabonn, Portugal. Als unabhängiger Berater und Software-Architekt war er seit 1998 an einer Reihe von Projekten in verschiedensten Sektoren beteiligt. Sein Studium an der TU Wien führte ihn vom BSc und MSc in Informatik (Software Engineering, 2004 und 2006) und einem MSc in Wirtschaftsinformatik (2007) zu den EU-Projekten DELOS, DPE und PLANETS. Nach dem Abschluss des Doktoratsstudiums 2010 war er am Projekt SHAMAN

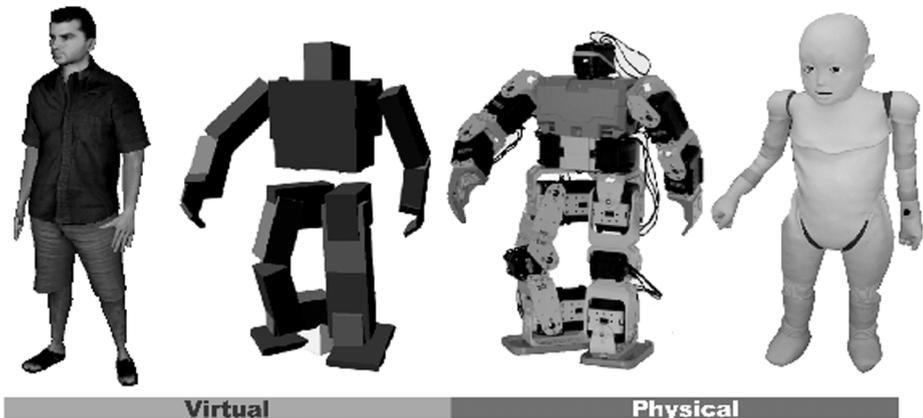
beteiligt und leitet jetzt den Bereich *Scalable Planning and Watch* des neuen EU-Projektes SCAPE. Seine Interessen reichen von Software Engineering und Information Management zu Decision Making, Risk Management, Information Systems Design, Enterprise Architecture und IT Governance.

¹SCAPE (SCALable Preservation Environments) startet am 1. Februar 2011 mit einem Gesamtbudget von 11.4 Millionen Euro unter der Koordination des Austrian Institute of Technology. Das Konsortium vereinigt mehrere Nationalbibliotheken, das European Web Archive, Microsoft Research, eScience-Forschungszentren, Industriepartner und Universitäten. Der Autor leitet das Teilprojekt *Scalable Planning and Watch*.

Imitation Learning of Motor Skills for Synthetic Humanoids

Heni Ben Amor

Institut für Informatik
Technische Universität Bergakademie Freiberg
amor@tu-freiberg.de



Abstract:In der hier besprochenen Arbeit werden Verfahren vorgestellt, die eine adaptive Bewegungsgenerierung für synthetische Humanoide ermöglichen. Die Verfahren basieren auf dem Prinzip des Imitationslernens: Bewegungen werden zuerst aufgezeichnet und dann mithilfe einer neuartigen Methode des maschinellen Lernens, dem Probabilistic Low-Dimensional Posture Model, in generative Modelle umgewandelt. Die gelernten Modelle können daraufhin zur Generierung von neuen Bewegungen zur Laufzeit genutzt werden. Die Verfahren werden an verschiedenen virtuellen und robotischen Humanoiden getestet und ausgewertet.

1 Einleitung

Die hier besprochene Arbeit befasst sich mit der Entwicklung und Anwendung adaptiver Methoden zur Bewegungsgenerierung für synthetische Humanoide, wie virtuelle Menschen oder androide Roboter. Hierzu wird ein neues Verfahren zum Imitationslernen vorgestellt, welches basierend auf einem oder mehreren Beispielbewegungen ein kompaktes,

statistisches Modell konstruiert. Dieses kann dazu verwendet werden, verschiedene Varianten der demonstrierten Bewegung zu erzeugen. Im Vordergrund steht dabei die Anpassung der Bewegung an dynamische Umgebungen und menschliche Interaktionspartner. Die Anwendung auf Problemstellungen in der Computeranimation und der Robotik zeigt, dass selbst komplexe Verhaltensmuster, wie das Greifen und Manipulieren von Objekten auf intuitive Weise realisiert werden können. Experimente mit einem fortschrittlichen androiden Roboter belegen zudem, dass der Ansatz zur Verbesserung der physischen Mensch-Roboter-Interaktion und -Kooperation genutzt werden kann.

2 Aufgabenstellung

Die Fragestellung, welcher in dieser Arbeit nachgegangen wurde, kann wie folgt zusammengefasst werden:

Wie kann man synthetischen Humanoiden auf intuitive und natürliche Weise motorische Fähigkeiten lehren, so dass diese daraufhin in unterschiedlichen Situationen und Umgebungen reproduziert werden können?

Die obige Fragestellung kann weiterhin in folgende Teilfragen zerlegt werden:

- Wie kann man motorische Fähigkeiten mit einem Minimum an Programmieraufwand spezifizieren?
- Ist es möglich einen generellen Ansatz zur Spezifikation von motorischen Fähigkeiten zu entwickeln, welcher sowohl für virtuelle Agenten als auch für (physisch präsente) Roboter anwendbar ist?
- Wie müssen menschliche Bewegungen und Posturen repräsentiert werden, um diesen Prozess zu unterstützen?
- Wie können trainierte Bewegungen auf neue Situationen angepasst werden?

3 Methodik

In der Arbeit wird ein Ansatz vorgestellt, welcher im Überlappungsbereich zwischen Künstlicher Intelligenz, Robotik, Computer Animation und Mensch-Maschine Schnittstellen ist. Insbesondere beruht der Ansatz auf dem Konzept der Imitation: Verhalten werden gelernt, in dem menschliche Bewegungen beobachtet und modelliert werden. Der Ablauf ist in Abbildung 1 dargestellt. Zuerst wird eine Demonstration der zu lernenden Bewegung mithilfe moderner Sensortechnologien aufgezeichnet. Anders als bei bisherigen Animationsstechniken, werden die aufgezeichneten Daten nicht direkt gespeichert, sondern zuerst

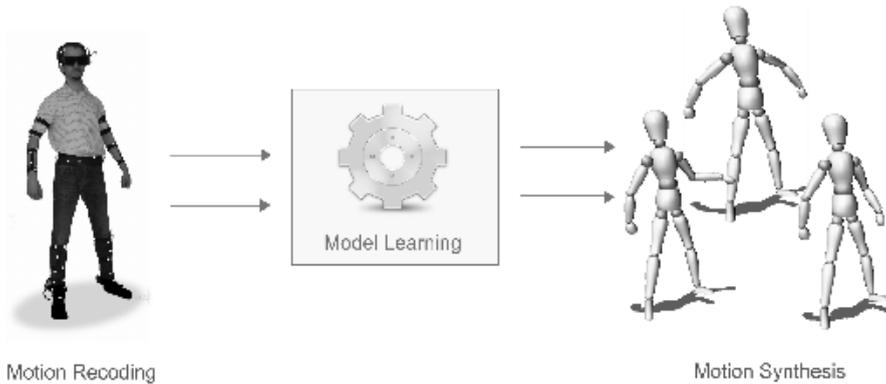


Abbildung 1: Überblick über das Verfahren zum Imitationslernen: Bewegungen werden ausgezeichnet und in mathematische Modelle überführt. Diese können daraufhin dazu verwendet werden beliebige neue und gleichzeitig ähnliche Bewegungen zu erzeugen. Die Generierung neuer Bewegungen ist dabei abhängig von der aktuellen Situation.

mithilfe mathematischer Methoden verarbeitet. Zu diesem Zweck wird ein neues statistisches Modell namens *Probabilistic Low-Dimensional Posture Model* (PLDPM) vorgestellt. Ein gelerntes Modell kann daraufhin verwendet werden, um eine auf die aktuelle Situation angepasste Bewegung zu generieren. Im Kern des Ansatzes stehen Verfahren zur Dimensionsreduktion und zum maschinellen Lernen.

4 Probabilistic Low-Dimensional Posture Model

Die PLDPM-Algorithmus ist ein unüberwachtes Lernverfahren zur Erzeugung einer kompakten Beschreibung der kinematischen und anatomischen Parameter die einem motorischen Verhalten zugrunde liegen. Dabei wird der Umstand ausgenutzt, dass natürliche Bewegung oftmals durch die Kombination einer kleinen Menge von Komponenten erzeugt werden kann. So wurde in [SFS98] mithilfe der PCA gezeigt, dass zwei Hauptkomponenten ausreichen um mehr als achtzig Prozent der Varianz in Handbewegungen abzudecken. Alexandrov und Kollegen zeigten in [AFM98], dass die erste Hauptkomponente von aufgezeichneten Rumpfbewegungen bereits mehr als 80% der inhärenten Varianz erfasst. Diese und andere Ergebnisse in der Literatur zeigen, dass Techniken der Dimensionsreduktion erfolgreich zur kompakten Repräsentation von Bewegungen eingesetzt werden können.

Aufbauend auf diesen Erkenntnissen, verwendet der Algorithmus zur Berechnung einer PLDPM Dimensionsreduktionstechniken zur automatischen Extraktion eines minimalen Satzes von Hauptkomponenten aus aufgezeichneten kinematischen Daten. Aus diesen Berechnungen ergibt sich ein *niedrig-dimensionaler Posturraum*: ein mathematischer Raum, in dem jeder Punkt eine Postur darstellt welche typisch für das modellierte Verhalten ist. Zusätzlich werden in dem PLDPM auch anatomische Einschränkungen gespeichert. Diese

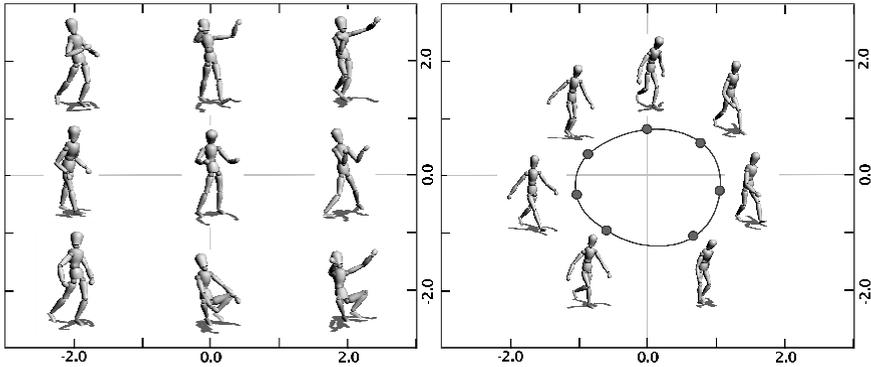


Abbildung 2: Links: Die Visualisierung eines niedrig-dimensionalen Raumes für 'box-lifting'. Rechts: Die Visualisierung eines niedrig-dimensionalen Raumes für 'walking'. Die Trajektorie durch sieben Punkte spezifiziert eine Gehbewegung.

gewährleisten, dass alle synthetisierten Körperhaltungen und Animationen natürlich und realistisch wirken. Um solche Beschränkungen aus den aufgezeichneten Daten zu extrahieren werden statistische Methoden verwendet. Daher ist kein Vorwissen über die Mechanik des modellierten Humanoiden notwendig.

In Abbildung 2 (links) sehen wir die Darstellung eines extrahierten niedrig-dimensionalen Raumes. Wie bereits erwähnt repräsentiert jeder Raum eine Postur. In Abbildung 2 (rechts) sehen wir einen niedrig-dimensionalen Raum für Gehbewegungen. Hier sehen wir, dass mehrere Punkte miteinander zu einer Trajektorie verbunden werden können, um eine Bewegung zu spezifizieren. Daraus lässt sich erkennen, dass die Generierung einer Bewegung mithilfe von PLDPMs einer Suche im niedrigdimensionalen Posturraum gleichkommt: Gesucht wird eine Trajektorie im Raum, die eine natürliche Bewegung erzeugt, welche gleichzeitig die Beschränkungen der Umgebung berücksichtigt.

Der Ansatz kann u.a. dazu verwendet werden, um Griffbewegungen und Gehbewegungen zu lernen.

5 Synthese von Griffen

Im Folgenden werden wir das Problem der Erzeugung von natürlichen Griffen für synthetische Humanoide betrachten. Gegeben einer geometrischen Beschreibung eines (zu greifenden) Zielobjektes, wird eine Handpostur gesucht, die zu einem natürlichen und stabilen Griff korrespondiert. Eine Schwierigkeit bei der Synthese von Griffen ist die Tatsache, dass Objekte auf eine Vielzahl von möglichen Weisen gegriffen werden können.

In Abbildung 3 sehen wir, wie der eingeführte Ansatz zur Imitation von Griffen verwendet werden kann. Zuerst werden mithilfe eines Fingertrackers Greifbewegungen aufgezeichnet. Die aufgezeichneten Griffe werden in eine PLDPM überführt. Jeder Punkt im PLDPM stellt einen Griff dar. Einige der Griffe im PLDPM sind jedoch anatomisch nicht plausi-

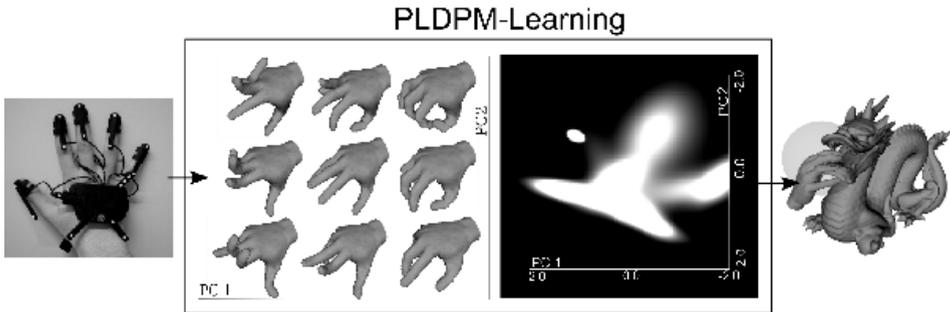


Abbildung 3: Der Ablauf des Griffsynthese Algorithmus: aufgezeichnete Bewegungen werden in ein PLDPM überführt. Mithilfe von Optimierungsalgorithmen werden draufhin neue Bewegungen generiert. Dabei wird mit Optimierungstechniken im Posturraum nach einem stabilen Griff gesucht.

bel und wirken unnatürlich. Hier kommen statistische Methoden zum Einsatz, um einzuschätzen wie realistisch ein Griff ist. Hierzu wird auf der Menge der trainierten Griffe eine Wahrscheinlichkeitsdichtefunktion (PDF) berechnet. Die PDF liefert für jeden Punkt im Posturraum die dazugehörige Wahrscheinlichkeit.

Weiterhin wird für die Synthese von Griffen eine Metrik verwendet, mit welcher für jeden Griff eingeschätzt werden kann, wie stabil dieser im Bezug auf das betrachtete Objekt ist. Die PDF und die Stabilitätsmetrik werden kombiniert, um die Natürlichkeit und die Stabilität des aktuell betrachteten Punktes im Posturraum zu berechnen. Diese Information wird als Optimierungskriterium verwendet, so dass ein iteratives Optimierungsverfahren nach dem idealen Griff suchen kann.

6 Synthese von Ganzkörperbewegungen

6.1 Gehbewegungen für virtuelle Menschen

Der eingeführte Ansatz kann auch zur Synthese von Ganzkörperbewegungen verwendet werden. Der hauptsächliche Unterschied zu dem eingeführten Griffsynthese Beispiel ist die Sensortechnologie, mit welcher die kinematischen Daten aufgezeichnet werden. Wie wir in Abbildung 4 sehen, können Ganzkörperbewegungen bspw. durch Motion-Capturing Techniken aufgezeichnet werden.

Die aufgezeichneten Körperposturen werden dann ähnlich wie bei dem Griffbeispiel in ein PLDPM überführt. Erzeugt man in dem dazugehörigen Posturraum eine Trajektorie, so ergibt sich daraus eine Gehbewegung. Verschiedene Trajektorien korrespondieren dabei mit verschiedenen Gehbewegungen. Durch die Modulation der Trajektorie im Posturraum kann daher z.B. die Gangart und die Ganggeschwindigkeit variiert werden. Auf diese Weise ist es z.B. möglich eine Gehbewegung zu erzeugen, welche aktuellen Hindernissen in der Umgebung ausweicht. Während die bisherigen Beispiele sich hauptsächlich auf Daten

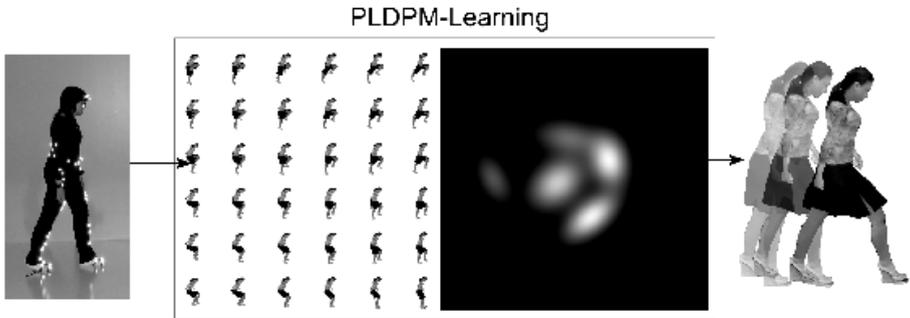


Abbildung 4: Imitationslernen einer Gehbewegung aus Motion Capture Daten. Zuerst wird die Bewegung aufgezeichnet. Ein Proband trägt Marker am Körper, die von speziellen Kameras erkannt werden. Die aufgezeichneten Daten werden daraufhin durch ein PLDPM verarbeitet. Aus dem Modell wird daraufhin eine neue Gehbewegung erzeugt, wobei Gangart und Geschwindigkeit variiert werden können.

aus Tracking und Motion Capturing Techniken gestützt haben, zeigt das folgende Beispiel, dass auch andere Daten zum Training verwendet werden können.

6.2 Programming-by-Demonstration für Roboter

Die Programmierung von Bewegungen für Roboter ist ein komplexer Prozess, welcher zudem Expertenwissen in einigen Wissenschaftsbereichen wie z.B. KI, Biomechanik oder Robotik voraussetzt. Der hier vorgestellte Imitationslernansatz kann jedoch dazu verwendet werden, den obigen Prozess intuitiver zu gestalten und damit zu erleichtern. Die Grundidee beruht dabei auf der Beobachtung, dass Kleinkinder und Jugendliche beim Erlernen von motorischen Fähigkeiten oftmals physisch von ihren Eltern oder einem Trainer unterstützt werden. Diese Beobachtung kann aufgegriffen und auf Roboter angewandt werden. In Abbildung 5 sehen wir wie dies geschehen kann.



Abbildung 5: Ein Proband demonstriert einem Roboter eine Aufstehbewegung indem er dessen Gelenke bewegt.

Ein Proband zeigt einem Roboter eine Aufstehbewegung, indem er dessen Gelenke be-

wegt. Während dieses Prozesses werden die Posturen des Roboters (die Konfiguration der Motoren) kontinuierlich aufgezeichnet und abgespeichert. Theoretisch ist es jetzt möglich die aufgezeichneten Daten wieder abzuspielen, damit der Roboter die Bewegung selbstständig durchführt. Dies gelingt jedoch in den meisten Fällen nicht, da die stabilisierenden Kräfte des Probanden fehlen. Daraus kann geschlossen werden, dass die demonstrierte Bewegung verändert werden muss, damit der Roboter diese selbstständig abspielen kann. Dieser Prozess kann durch den PLDPM-Algorithmus unterstützt werden. Abbildung 6 visualisiert diesen als ‘Kinesthetic Bootstrapping’ bezeichneten Prozess.

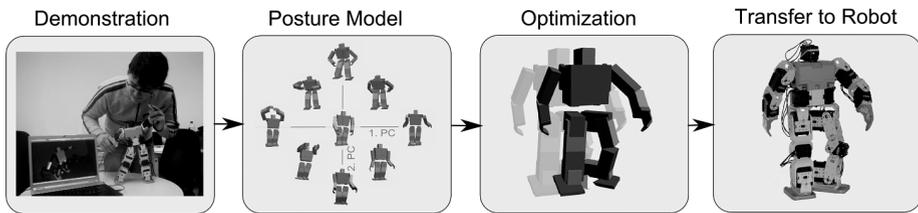


Abbildung 6: Überblick über Kinesthetic Bootstrapping: Kinesthetisch demonstrierte Bewegungen werden aufgezeichnet und ein PLDPM wird gelernt. Ein Simulator wird dann verwendet, um die Bewegung auf die physikalischen Parameter des Roboters anzupassen. Das Ergebnis wird dann auf dem Roboter abgespielt.

Aus den aufgezeichneten Daten wird zuerst ein PLDPM gelernt. Dieses wird daraufhin verwendet, um eine stabile Variante des demonstrierten Verhalten zu finden. Hierzu wird die Bewegung innerhalb eines Simulators optimiert. Im Gegensatz zu der Optimierung mit einem echten Roboter, kann die Optimierung in einem Simulator viel schneller erfolgen. Zudem wird dadurch garantiert, dass der Roboter beim Optimierungsprozess nicht beeinträchtigt wird. Nachdem eine optimale Bewegung im Simulator gefunden wurde, kann diese auf den echten Roboter übertragen und abgespielt werden.

Das Kinesthetic Bootstrapping Verfahren erlaubt es Robotern auf intuitive Weise neue Bewegungen beizubringen. Gleichzeitig beruht es nicht auf teuren Motion Capturing Techniken. Im Unterschied zu Motion Capture basierten Techniken, kann es zudem an jedem ort durchgeführt werden, an dem sich der Roboter befindet.

7 Physical Interaction Learning

Während es in den bisherigen Beispielen eine strikte Trennung von Demonstration und Reproduktion eines Verhaltens gab, zeigt das folgende Beispiel wie diese Trennung aufgehoben werden kann. Dies ist insbesondere in der Mensch-Roboter Interaktion hilfreich.

Der hier besprochene Physical Interaction Learning (PIL) Ansatz beruht im Kern auf dem PLDPM-Algorithmus. Im Unterschied zu Kinesthetic Bootstrapping, lernt der Roboter beim PIL *während* er mit dem Menschen interagiert. Hauptsächlich soll der Roboter lernen

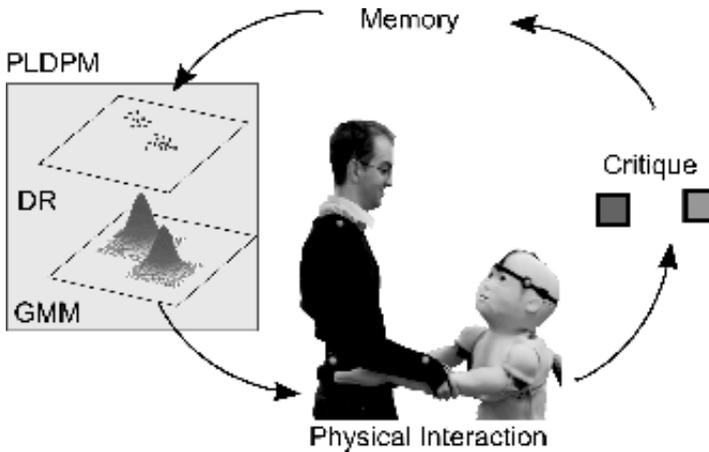


Abbildung 7: Überblick über Physical Interaction Learning: Nach einer physikalischen Interaktion beurteilt der Mensch ob die Interaktion erfolgreich war oder nicht. Diese Information wird abgespeichert und zum Erlernen von mehreren PLDPMs verwendet, welche wiederum den Roboter in der nächsten Interaktion steuern.

sich auf den Menschen und dessen Timing anzupassen. Abbildung 7 zeigt diesen Prozess. Der Mensch interagiert mit dem Roboter und bewertet danach, ob die Interaktion erfolgreich war oder nicht. Diese Information wird daraufhin gespeichert und zum Trainieren mehrerer PLDPMs verwendet. Diese wiederum steuern die Bewegung des Roboters in der nächsten Interaktion. Dieser Kreislauf verbessert zunehmend die Qualität der Interaktion zwischen Mensch und Roboter. Um dies zu testen wurde ein Experiment mit mehreren Probanden durchgeführt, in welchem die Probanden einem androiden Roboter beim Aufstehen assistieren sollen. Damit die Interaktion gelingt und für den Menschen mit einem minimalen Kraftaufwand verbunden ist, muss der Android den zeitlichen Ablauf seiner Bewegung auf den Menschen anpassen. Dies geschieht wie beschrieben mithilfe des Physical Interaction Learning. In Abbildung 8 sehen wir Beispielinteraktionen vor (oben) und nach (unten) dem Lernen. Die Experimente die in diesem Rahmen durchgeführt wurden, gehören weltweit zu den ersten Experimenten in denen enger körperlicher Kontakt zwischen Menschen und Androiden untersucht wurde.

8 Action Capture

Action Capture ist eine VR-basierte Methode zur Imitation von aufgezeichneten Aktionssequenzen durch virtuelle Menschen, welches im Kern auf PLDPMs basiert. Ähnlich wie bei Motion Capture, werden Bewegungen des Benutzers mithilfe moderner Sensortechnologie aufgezeichnet. Im Unterschied zu der letztgenannten Technik werden bei Action Capture jedoch auch Interaktionen zwischen dem Benutzer und der Umgebung aufgezeichnet. Ein motivierendes Beispiel für Action Capture ist das *Virtuelle Prototyping*.

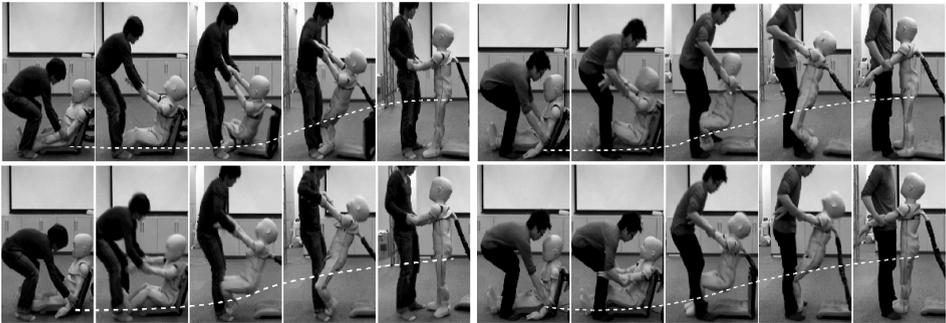


Abbildung 8: Darstellung der ersten (oben) und letzten (unten) Interaktion beim assistierten Aufstehen.

Beim Virtuellen Prototyping wird ein technisches Produkt zuerst in einer virtuellen Umgebung simuliert und evaluiert. Diese Evaluation wird in der Regel von einem Menschen mithilfe von Datenhandschuhen und Trackern durchgeführt. So kann bspw. früh erkannt werden, ob in einem Autoprototypen alle Knöpfe für den Fahrer erreichbar sind. Action Capture erlaubt es eine solche Evaluation aufzuzeichnen und als eine Aktionssequenz zu speichern. Auf diese Weise können die Aktionen danach von virtuellen Menschen mit verschiedenen Proportionen imitiert werden (siehe Abbildung 9). Dies resultiert in einer automatisierten und somit objektiveren Evaluation. Zudem führt dies zu deutlichen Zeiterparnissen beim Prototyping.

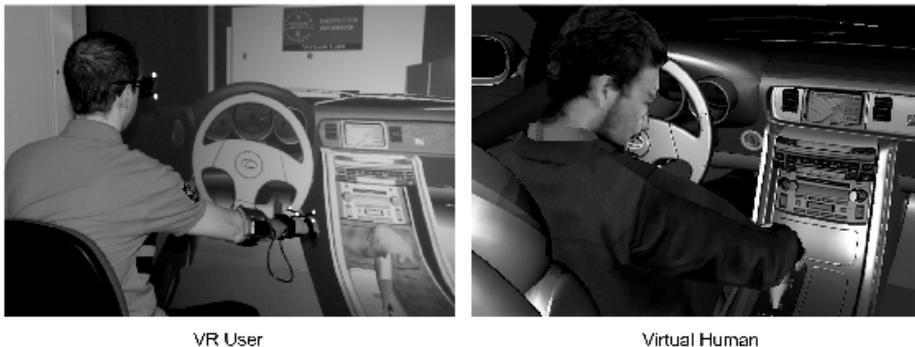


Abbildung 9: Links: Ein VR Benutzer evaluiert einen Autoprototypen. Rechts: Die Aktionen des Benutzers werden von einem virtuellen Menschen imitiert.

9 Zusammenfassung

Die hier besprochene Arbeit behandelt die Frage, wie man synthetischen Humanoiden motorische Fähigkeiten lehren kann. Ein allgemeiner Ansatz, der auf Imitationslernen basiert,

wurde vorgestellt und auf einer Reihe von synthetischen Humanoiden (virtuelle Menschen, kleine Humanoide Roboter, Androide Roboter) getestet. Der Ansatz ermöglicht eine intuitive und natürliche Spezifikation motorischer Fähigkeiten, ohne die Notwendigkeit für Expertenwissen. Es konnte gezeigt werden, dass mit diesem Ansatz verschiedene wichtige Probleme in der Robotik und Computer-Animation gelöst werden können, einschließlich der Synthese von natürlichen Griffen, der Synthese von Gehbewegungen und die physische Interaktion zwischen Mensch und Roboter.

Literatur

- [AFM98] A. Alexandrov, A. Frolov und J. Massion. Axial synergies during human upper trunk bending. *Exp. Brain Res.*, 118(2), 1998.
- [SFS98] M. Santello, M. Flanders und J. F. Soetiching. Postural Hand Synergies for Tool Use. *The Journal of Neuroscience*, 18(23):10105–10115, 1998.



Heni Ben Amor wurde am 1. Februar 1982 in Dernbach geboren. Nach dem Abitur am Mons-Tabor Gymnasium in Montabaur studierte er Computervisualistik an der Universität Koblenz-Landau. Das Studium schloss er erfolgreich mit dem Titel Dipl.-Informatiker (mit Auszeichnung) ab und erhielt für seine Arbeiten u.a. den Hochschulpreis der Universität Koblenz-Landau. Nach dem Studium arbeitete er 6 Monate am Intelligent Robotics Lab der Universität Osaka in Japan an der Entwicklung von androiden Robotern mit. Seit 2006 ist er wissenschaftlicher Mitarbeiter am Lehrstuhl für Virtuelle Realität und Multimedia der Technischen Universität Bergakademie Freiberg, wo er 2010 seine Promotion mit Auszeichnung abschloss.

Eine Multivariate Komplexitätsanalyse von Wahlproblemen

Nadja Betzler
Friedrich-Schiller-Universität Jena
Fakultät für Mathematik und Informatik
nadjabetzler@daad-alumni.de

Abstract: Die Dissertation “A Multivariate Complexity Analysis of Voting Problems” befasst sich mit NP-harten Problemen im Kontext von Wahlen. Das Ziel ist mittels Methoden der parametrisierten Algorithmik ein besseres Verständnis der kombinatorischen Schwierigkeit dieser Probleme zu erlangen und dabei relevante Szenarien zu identifizieren, in denen diese “tractable”, das heißt effizient lösbar, sind. Die betrachteten Probleme umfassen die Berechnung eines Gewinners sowie die Erstellung einer Konsensrangliste. Desweiteren wird die Frage nach einem Möglichen Gewinner im Falle von unvollständiger Information sowie die Beeinflussung eines Wahlausgangs durch Löschen oder Hinzufügen von Kandidaten untersucht. Der Schwerpunkt liegt auf einer theoretischen Analyse. Für das sogenannte RANK AGGREGATION-Problem werden einige der entwickelten Algorithmen auch experimentell evaluiert.

1 Einleitung

In vielen Bereichen des täglichen Lebens werden wir mit Wahlsituationen konfrontiert. Neben politischen Wahlen und der Wahl von Vorständen kann man auch die Einigung in der Familie oder im Freundeskreis auf ein gemeinsames Urlaubsziel oder Restaurant als Wahlprozess auffassen. Desweiteren erfolgt die Besetzung von Arbeitsstellen sowie von Ämtern oder die Verleihung von Preisen oft anhand von Auswahlverfahren, in denen typischerweise ein kleines Gremium Gewinner aus einer oft großen Bewerbermenge auswählt.

Die Arbeit beschäftigt sich mit einer multivariaten Komplexitätsanalyse kombinatorischer Probleme im Wahlkontext. Wahlen beschreiben hierbei den Prozess einer gemeinsamen Entscheidungsfindung mehrerer Parteien, wobei eine Wahl formal betrachtet eine Multimenge von Stimmabgaben über einer Menge von *Kandidaten* (oder Alternativen) ist. In dem üblichen Szenario liegen die Stimmabgaben als *Präferenzlisten* vor, das heißt als lineare Ordnung der Kandidaten. Neben den oben erwähnten Anwendungen hat die Informatik selbst vielfältige neue Wahlsituationen geschaffen. Ein typisches Problem betrifft das Erstellen einer Konsensrangliste aus mehreren „Rankings“ unterschiedlicher Suchmaschinen. Desweiteren treten informatikrelevante „Wahlprobleme“ in der Bioinformatik oder im Kontext von Datenbanken und Multiagentensystemen auf.

Die Untersuchung von Wahlproblemen mittels Methoden der Mathematik und Informatik hat als Teil des Forschungsgebiets „Computational Social Choice“ innerhalb der letzten Jahre stark an Bedeutung gewonnen [FHH10, FP10]. Die untersuchten kombinatorischen Probleme reichen hierbei von der Berechnung eines Gewinners anhand bestimmter Wahl-

verfahren über strategisches Wählen bis hin zur Beeinflussung des Wahlausgangs durch externe Agenten. Hinzu kommen verschiedene Szenarien basierend auf unterschiedlicher Verfügbarkeit von Information. Viele dieser Probleme sind NP-hart, das heißt im Allgemeinen wohl nicht effizient lösbar. Wir untersuchen den Ansatz einer parametrisierten Komplexitätsanalyse als möglichen Ausweg. Diese basiert auf einer zweidimensionalen Sichtweise. Zusätzlich zu der Eingabegröße betrachtet man einen Parameter, beispielsweise die Lösungsgröße oder die Anzahl der Kandidaten. Ein Problem ist nun *fixed-parameter tractable (FPT)* wenn es einen Algorithmus gibt, dessen nichtpolynomieller Anteil der Laufzeit nur von einer Funktion des Parameters abhängt. Wenn der betrachtete Parameter klein gemessen an der Eingabegröße ist, kann dies zu effizienten Algorithmen führen. Im Wahlkontext gibt es beispielsweise Situationen mit vielen Wählern aber nur wenigen Kandidaten, wie im Falle von politischen Wahlen. Hier kann die Beschränkung der inhärenten kombinatorischen Explosion von NP-harten Problemen auf eine Funktion, die nur von der Anzahl der Kandidaten abhängt, eine schnelle Berechnung einer Lösung erlauben. Eine multivariate Analyse erweitert das Konzept der parametrisierten Komplexität in dem Sinne, dass mehrere Parameter gemeinsam betrachtet werden [Nie10].

Obwohl die betrachteten Probleme meist eine Vielzahl von Parametrisierungen zulassen, die sinnvolle Szenarien abdecken, gibt es bisher nur sehr wenige Studien in diese Richtung. Das Ziel dieser Arbeit ist daher, die Untersuchung der multivariaten und insbesondere der parametrisierten Komplexität für wichtige Wahlprobleme voranzutreiben. Wir betrachten drei Arten von Problemen, die zu einer Einteilung der Arbeit in drei Teile führen:

- Die Berechnung eines Gewinners sowie die damit verbundene Fragestellung der Erstellung einer sinnvollen Konsensliste aus mehreren Eingaberankings.
- Die Berechnung eines möglichen Gewinners ausgehend von unvollständiger Information, d.h. von Präferenzlisten in Form von partiellen statt linearen Ordnungen.
- Die Beeinflussung eines Wahlausgangs durch einen externen Agenten mittels Hinzufügens oder Löschens von Kandidaten.

Bevor die einzelnen Ergebnisse der Arbeit vorgestellt werden, geben wir noch einen kurzen Überblick über die verwendete Methodik. Um *FPT-Algorithmen* zu erhalten, das heißt Algorithmen mit einer Laufzeit von $f(k) \cdot \text{poly}(n)$ für eine berechenbare Funktion f , eine Eingabe der Größe n und Parameter k , werden verschiedene algorithmische Techniken eingesetzt. Diese umfassen dynamisches Programmieren, Suchbäume sowie in Polynomzeit ausführbare Datenreduktionsregeln, die zu einer beweisbar nur vom Parameter abhängigen oberen Schranke für die Größe einer reduzierten Instanz führen. Desweiteren werden Netzwerkfluss- und „Matching“-Algorithmen sowie Integer Linear Program (ILP)-Formulierungen eingesetzt. Ein wesentlicher Bestandteil der Arbeit ist auch das Zeigen der Nichtexistenz von FPT-Algorithmen für bestimmte Szenarien. Hierbei werden neben der „klassischen“ polynomiellen Many-One Reduktion zum Beweisen von NP-Härteresultaten auch sogenannte *parametrisierte Reduktionen* eingesetzt. Mit diesen wird Härte und Vollständigkeit bezüglich der parametrisierten Komplexitätsklassen $W[1]$ und $W[2]$ gezeigt, wobei $W[1] \subseteq W[2]$ gilt und unter „vernünftigen“ komplexitätstheoretischen Annahmen ein $W[1]$ -hartes Problem nicht fixed-parameter tractable sein kann [DF99, FG06, Nie06].

2 Berechnung eines Gewinners

Für einige Wahlsysteme, die ansonsten über wünschenswerte Eigenschaften verfügen, ist bereits die Berechnung eines Gewinners NP-hart. Im ersten Teil der Arbeit untersuchen wir die parametrisierte Komplexität drei solcher prominenter Wahlsysteme, die nach Dodgson, Kemeny und Young benannt wurden. Unser Hauptaugenmerk liegt hierbei auf Kemeny's Wahlsystem und dem zugehörigen RANK AGGREGATION-Problem, das auch den Nutzen der Betrachtung verschiedener struktureller Parametrisierungen illustrieren soll.

2.1 Dodgson und Young

Ein *Condorcet-Gewinner* ist ein Kandidat, der alle anderen im direkten paarweisen Vergleich schlägt, das heißt in mehr als der Hälfte der Präferenzlisten besser platziert ist. Anhand von folgendem Beispiel mit drei Präferenzlisten über der Kandidatenmenge $\{a, b, c\}$ ist leicht zu sehen, dass es nicht immer einen Condorcet-Gewinner geben muss:

$$\text{Wähler 1: } a > b > c \quad \text{Wähler 2: } b > c > a \quad \text{Wähler 3: } c > a > b$$

Für die paarweisen Vergleiche gilt: Kandidat a schlägt b , b schlägt c und c schlägt a . Also gewinnt kein Kandidat alle paarweisen Vergleiche. In den von Dodgson und Young eingeführten Wahlsystemen beschreibt die Punktzahl eines Kandidaten die Anzahl der „Operationen“, die nötig sind, um diesen zu einem Condorcet-Gewinner zu machen. Die Operation für Dodgson ist das Vertauschen benachbarter Kandidaten in einer Stimmabgabe und bei Young das Löschen von Stimmabgaben. Unser Hauptergebnis ist, dass die Berechnung der Punktzahl eines Kandidaten bezüglich des Parameters Anzahl der Operationen für Dodgson fixed-parameter tractable ist, wohingegen das analoge Problem für Young W[2]-vollständig ist. Für Dodgson's Wahlsystem beantworten wir damit eine offene Frage von Christian et al. [CFRS07]. Wir geben dazu einen dynamischen Programmieralgorithmus an, der auf sogenannten „Defizitvektoren“ beruht, einer Struktur, die sich auch für andere Wahlprobleme als nützlich erwiesen hat. Die W[2]-Härte für Young konnte mittels einer Reduktion von einer Variante von DOMINATING SET gezeigt werden.

2.2 Rank Aggregation

Eine prominente Anwendung des im Folgenden definierten RANK AGGREGATION-Problems ergibt sich im Kontext von Metasuchmaschinen, wobei Eingabelisten von verschiedenen Suchmaschinen zusammengefasst werden müssen. Sei nun die Kendall-Tau-Distanz (*KT-Distanz*) zwischen zwei Präferenzlisten die Anzahl der Inversionen, das heißt die Anzahl der Kandidatenpaare mit unterschiedlicher relativer Reihenfolge. Damit kann das RANK AGGREGATION-Problem folgendermaßen definiert werden.

Tabelle 1: Überblick über Parametrisierungen und Resultate der Arbeit. Die Ergebnisspalte enthält entweder die zugehörige Laufzeit in der O^* -Notation (ohne polynomielle Faktoren) oder eine obere Schranke für die Kandidatenanzahl nach Anwendung der Datenreduktionsregeln.

Parameter	Ergebnis	Methode
Kandidatenanzahl m	$O^*(2^m)$	Dynamisches Programmieren
Kemeny score k	$O^*(1.53^k)$	Suchbaum
Max. Positionsbereich r	$O^*(32^r)$	Dynamisches Programmieren
Durchs. Positionsbereich r_a	NP-c für $r_a \geq 2$	Reduktion v. RANK AGGREGATION
Durchs. KT-Distanz d_a	$O^*(16^{d_a})$	Dynamisches Programmieren
	$11d_a$ Kandidaten	Datenreduktion

Gegeben: Eine Multimenge von Präferenzlisten über einer Kandidatenmenge.

Gesucht: Eine Konsensliste, die die Summe der KT-Distanzen der Konsensliste zu den einzelnen Eingabelisten minimiert.

Parametrisierungen. RANK AGGREGATION bietet mehrere Parametrisierungsmöglichkeiten, die in der Arbeit systematisch untersucht werden. Wir beginnen mit der Betrachtung von einigen „Standardparametern“, gefolgt von problemspezifischen Parametern, auf deren Betrachtung der Schwerpunkt der Untersuchung liegt. Tabelle 1 bietet einen Überblick über die Parametrisierungen und erzielten Ergebnisse.

Inhärente Parameter von Wahlproblemen sind die Anzahl der Wähler (Präferenzlisten) und der Kandidaten. RANK AGGREGATION ist bereits NP-hart wenn es nur vier Eingabelisten gibt [DKNS01] und somit auch nicht fixed-parameter tractable bezüglich der Wähleranzahl außer wenn $P=NP$. Im Gegensatz dazu stellt das Lösen einer Instanz mit wenigen Kandidaten kein Problem dar: Für jede Kandidatenreihenfolge lässt sich die Summe der Abstände einfach berechnen. Da man für eine „kleine“ Kandidatenanzahl m einfach alle $m!$ Kandidatenreihenfolgen durchtesten kann, erhält man so einen trivialen FPT-Algorithmus. In der Arbeit wurde nun ein dynamischer Programmieralgorithmus entwickelt, der den exponentiellen Laufzeitanteil auf 2^m verbessert.

Der wohl am häufigsten betrachtete Parameter in der Parametrisierten Algorithmik ist die Lösungsgröße, in unserem Fall also der *Kemeny-Score*, der die Summe der Abstände einer optimalen Konsensliste (eines *Kemeny-Rankings*) zu den Eingabelisten beschreibt. Mittels eines Suchbaumalgorithmus haben wir fixed-parameter tractability bezüglich diesem Parameter gezeigt. Das Ergebnis ist allerdings eher von theoretischem Interesse, da der Kemeny-Score für nichttriviale Instanzen meist sehr große Werte annimmt.

Im Folgenden diskutieren wir Parameter, die strukturelle Eigenschaften messen. Ausgangspunkt dieser Untersuchung ist, dass es in manchen Fällen plausibel erscheint, dass sich die Eingabelisten „ähnlich“ sind [CS05]. Im obigen Beispiel der Suchmaschinen kann man annehmen, dass es eine „beste“ Konsensliste gibt, aber die einzelnen Suchmaschinen diese nur verrauscht wiedergeben. Wir haben zwei komplementäre Arten von Parametri-

Tabelle 2: Resultate der Datenreduktionsregeln für einige Suchmaschinen-Instanzen, in denen die Kandidaten den Webseiten entsprechen. Die Laufzeiten sind in Sekunden angegeben. Die letzte Spalte wird anhand des Begriffs „architecture“ erläutert: Die Datenreduktionsregeln können die besten 36 Kandidaten sowie deren interne Reihenfolge in einem Kemeny-Ranking bestimmen. Dann folgt eine Gruppe von 12 Kandidaten, die die Positionen von 37 bis 48 einnehmen und deren interne Reihenfolge offen ist. Es folgen wiederum 30 Kandidaten mit bekannter Reihenfolge, usw.

Suchwort	# Kand.	Zeit	Struktur	reduzierte Instanz
affirmative action	127	0.21	1^{27}	$> 41 >$ 1^{59}
alcoholism	115	0.10	1^{115}	
architecture	122	0.16	1^{36}	$> 12 > 1^{30} > 17 >$ 1^{27}
blues	112	0.10	1^{74}	$> 9 >$ 1^{29}
cheese	142	0.20	1^{94}	$> 6 >$ 1^{42}
classical guitar	115	0.19	1^6	$> 7 > 1^{50} > 35 >$ 1^{17}
Death+Valley	110	0.11	1^{15}	$> 7 > 1^{30} > 8 >$ 1^{50}
field hockey	102	0.17	1^{37}	$> 26 > 1^{20} > 4 >$ 1^{15}
gardening	106	0.10	1^{54}	$> 20 > 1 > 1 > 9 > 1^8 > 4 >$ 1^9
HIV	115	0.13	1^{62}	$> 5 > 1^7 > 20 >$ 1^{21}
lyme disease	153	3.08	1^{25}	$> 97 >$ 1^{31}

sierungen betrachtet, um die Ähnlichkeit der Eingabelisten zu messen:

1. Den maximalen sowie den durchschnittlichen Positionsbereich in dem ein Kandidat auftritt.
2. Die durchschnittliche KT-Distanz zwischen allen Paaren von Eingabelisten.

Die Ergebnisse sind wie folgt. Wogegen schon ein konstanter durchschnittlicher Positionsbereich zu NP-Härte führt, lässt sich für den maximalen Positionsbereich fixed-parameter tractability mittels dynamischen Programmierens zeigen. Für den Parameter durchschnittliche KT-Distanz d_a zeigt die Arbeit fixed-parameter tractability mittels einer strukturellen Beobachtung und eines darauffbauenden dynamischen Programmieralgorithmus. Die zugehörige Laufzeit von $O^*(16^{d_a})$ wurde inzwischen auf $O^*(2^{\sqrt{d_a}})$ verbessert [KS10]. Im folgenden Abschnitt möchten wir nun kurz auf einen komplementären ebenfalls in der Arbeit betrachteten Ansatz eingehen. Dieser basiert auf Datenreduktionsregeln und führt ebenfalls beweisbar zur fixed-parameter tractability bezüglich d_a . Obwohl dieser Ansatz nicht zu einer Verbesserung der Worst-case Laufzeit führt, hat er folgenden „Mehrwert“: Er beruht auf einfachen in Polynomzeit ausführbaren Datenreduktionsregeln, deren Nutzen experimentell belegt werden konnte.

Zur Analyse der Datenreduktionsregeln benutzen wir die neu eingeführte Methode des *Partiellen Problemkerns*, die beweisbar zu fixed-parameter tractability führt. Die Analyse basiert auf der Einführung eines neuen Parameters, der die Anzahl der „Konfliktkandidatenpaare“ bezüglich verschiedener Mehrheiten misst, z.B. bilden die Kandidaten a und b ein Konfliktpaar bezüglich der 3/4-Mehrheit, wenn weder 3/4 der Wähler a gegenüber b noch 3/4 der Wähler b gegenüber a bevorzugen. Die experimentelle Evaluierung der

Datenreduktionsregeln sowie einiger anderer Algorithmen erfolgt anhand von Daten aus Sportwettkämpfen und Suchmaschinen. Tabelle 2 zeigt die Ergebnisse der Datenreduktionsregeln für einen mittels der vier Suchmaschinen Google, Lycos, MSN Live Search, und Yahoo! erzeugten Datensatz. Auch wenn die Instanzen nicht alle vollständig gelöst werden konnten, so konnten zumindest die besten Kandidaten eines Kemeny-Rankings identifiziert und geordnet werden. Die Instanzen sind ohne vorherige Datenreduktion mit dem „state-of-the-art“-ILP Algorithmus gar nicht oder nur in längerer Laufzeit lösbar.

3 Berechnung eines Möglichen Gewinners

In dem Standardmodell einer Wahl geben die Wähler ihre Stimmabgaben als lineare Ordnung über alle Kandidaten ab. In vielen Situationen erscheint dies unrealistisch oder man möchte schon etwas über den *möglichen* Ausgang einer Wahl erfahren, bevor die gesamte Information vorliegt. Dies führt direkt zu dem POSSIBLE WINNER Problem [XC08]:

Gegeben: Eine Multimenge partieller Ordnungen über eine Kandidatenmenge und ein favorisierter Kandidat.

Frage: Kann jede partielle Ordnung zu einer linearen Ordnung erweitert werden, so dass in der resultierenden Wahl der favorisierte Kandidat gewinnt?

Wir betrachteten das POSSIBLE WINNER Problem für eine Menge von Wahlsystemen, die als (*positionsbasierte*) *Punkteregeln* bezeichnet werden. Jeder Kandidat bekommt Punkte abhängig von seiner Position in einer als lineare Ordnung vorliegenden Stimmabgabe und ein Kandidat mit höchster Gesamtpunktzahl gewinnt. Prominente Beispiele sind wie folgt.

- (einfaches) *Mehrheitswahlrecht*: ein Kandidat bekommt einen Punkt für jede Stimmabgabe, in der er vorne steht.

- *k-Approval*: die ersten k Kandidaten einer Stimmabgabe bekommen einen Punkt.

- *Borda*¹: für m Kandidaten, bekommt der erste Kandidat einer Liste m Punkte, der zweite $m - 1$ Punkte usw.

- *Formel 1*: in jedem Rennen bekommt der erste Fahrer 25 Punkte, der zweite Fahrer 18 Punkte usw.

Eine bestimmte Regel kann hierbei durch einen *Punktevektor* beschrieben werden, der für jede Position die zugehörige Punktzahl angibt, z.B. $(25, 18, 15, 12, 10, 8, 6, 4, 2, 1, 0, \dots, 0)$ im Falle des Formel 1-Beispiels.

Dichotomie. Zuerst betrachten wir die Schwierigkeit des POSSIBLE WINNER Problems abhängig von der betrachteten Punkteregel. Obwohl für einige dieser Regeln inklusive der Borda-Regel schon bekannt war, das POSSIBLE WINNER NP-vollständig ist [XC08], gab es noch viele offene Fälle. Auch unter Ausnutzung einiger Ergebnisse aus der Literatur [XC08, BR10] geben wir eine komplette Dichotomie an:

Theorem. POSSIBLE WINNER kann für einfache Mehrheitswahlen, beschrieben durch $(1, 0, \dots, 0)$, und Veto, beschrieben durch $(1, \dots, 1, 0)$, in Polynomzeit gelöst werden und ist NP-vollständig für alle anderen Punkteregeln.

¹Benannt nach Jean-Charles de Borda (1733 – 1799)

Insbesondere zeigt die Arbeit mittels einer aufwändigen Many-One Reduktion von einer Variante des CLIQUE-Problems, dass POSSIBLE WINNER bereits für 2-Approval, d.h. $(1, 1, 0, \dots, 0)$, NP-vollständig ist, wohingegen es für einfache Mehrheitswahlen, d.h. $(1, 0, \dots, 0)$, mittels eines netzwerkflussbasierten Algorithmus in Polynomzeit lösbar ist.

Parametrisierte Komplexität. Die aus der Dichotomie folgende NP-Härte für fast alle Punkteregeln motiviert eine weitergehende Untersuchung der parametrisierten Komplexität. Neben der Betrachtung von Parametern, die den Grad der Unvollständigkeit einer Eingabeinstanz messen, zeigen wir, dass POSSIBLE WINNER fixed-parameter tractable bezüglich der Anzahl der Kandidaten ist. Außerdem zeigen wir für die Borda-Regel sowie für k -Approval, dass POSSIBLE WINNER schon für eine konstante Anzahl von Wählern NP-vollständig ist.

Im Folgenden beschreiben wir nun unsere Resultate für POSSIBLE WINNER unter k -Approval bezüglich kombinierter Parameter. Aus den oben erwähnten NP-Härteresultaten folgt, dass dieses Problem sowohl für mindestens zwei Wähler NP-hart ist als auch für eine konstante Anzahl von mindestens zwei Kandidaten, die einen/keinen Punkt pro Stimmabgabe bekommen. Da somit für die jeweils einzelnen Parameter keine fixed-parameter tractability zu erwarten ist, betrachten wir die beiden folgenden kombinierten Parameter.

- Anzahl t der Wähler kombiniert mit k .
- Anzahl t der Wähler kombiniert mit $k' := \text{Anzahl Kandidaten} \text{ minus } k$.

Obwohl dies auf den ersten Blick sehr restriktiv erscheinen mag, werden immer noch sinnvolle Szenarien abgedeckt; beispielsweise ein kleines Gremium bestehend aus t Wählern, das aus einer großen Anzahl von Bewerbern k Gewinner auswählt. Für beide kombinierten Parameter konnten wir polynomiell ausführbare Datenreduktionsregeln angeben, die zu einem sogenannten „Problemkern“ führen, aus dem fixed-parameter tractability folgt. Allerdings unterscheidet sich die jeweilige Größe des Problemkerns, das heißt in unserem Fall die Anzahl der Kandidaten, die nach der erschöpfenden Anwendung der entwickelten Datenreduktionsregeln höchstens übrig bleiben können, erheblich. Für den Parameter (t, k') lässt sich ein polynomieller Problemkern mit $O(tk'^2)$ Kandidaten beweisen, wohingegen wir für den Parameter (t, k) einen Beweis der Nichtexistenz eines Problemkerns polynomieller Größe erbringen (unter einigen Komplexitätstheoretischen Annahmen [BDFH09]).

4 Wahlkontrolle

Ein nicht zu vernachlässigender Aspekt bei der Durchführung von Wahlen betrifft die Beeinflussung des Wahlausgangs durch einen Außenstehenden zu dessen Gunsten. Wir betrachten das in der Literatur als *Wahlkontrolle* bezeichnete Szenario in dem ein externer Agent durch Löschen oder Hinzufügen von Kandidaten seinen Favoriten zum Gewinner machen möchte. Unser Hauptaugenmerk liegt hierbei auf folgendem, für $0 \leq \alpha \leq 1$ definiertem Wahlsystem, das nach A. H. Copeland benannt wurde.

Tabelle 3: Parametrisierte Komplexität von MAX-OUTDEGREE DELETION (MOD) und MIN-INDEGREE DELETION (MID) für die jeweils in der linken Spalte angegebene Klasse von gerichteten Graphen.

Parameter Problem	# gelöschte Knoten k		Maximalgrad d		(k, d)	
	MOD	MID	MOD	MID	MOD	MID
allgemein	W[2]-c	W[2]-c	NP-c für $d \geq 3$	FPT	FPT	FPT
azyklisch	W[2]-c	P	NP-c für $d \geq 3$	P	FPT	P
Turniergraph	W[2]-c	W[2]-c	-	-	-	-

Definition (Copeland $^\alpha$). *Ein Kandidat schlägt einen anderen Kandidaten im direkten Vergleich, wenn er von mehr als der Hälfte der Wähler bevorzugt wird, das heißt, eine bessere Position in der Präferenzliste einnimmt. Ein Kandidat erhält einen Punkt für jeden gewonnen direkten Vergleich und α Punkte für jeden unentschiedenen Vergleich. Ein Kandidat mit höchster Gesamtpunktzahl gewinnt.*

Wie man leicht sieht, kann man Copeland $^\alpha$ auch über entsprechende Probleme auf gerichteten Graphen charakterisieren. Jeder Kandidat entspricht dabei einem Knoten und es gibt eine Kante von A nach B , wenn Kandidat A Kandidat B schlägt. Dies kann man sich am Beispiel von Sportwettkämpfen verdeutlichen, wobei jede Mannschaft einem Knoten entspricht. Beispielsweise wird in der Fußballbundesliga ein Spielausgang mit 0, 1 oder 3 Punkten bewertet, was sich als Copeland $^{1/3}$ interpretieren lässt. Das Problem der Wahlkontrolle entspricht dann dem „Löschen“ oder „Hinzufügen“ von Mannschaften.

Wir haben nun die parametrisierte Komplexität für die verwandten Graphprobleme auf verschiedenen Graphklassen untersucht. In einer Copeland 0 -Wahl gewinnt ein Kandidat, der am meisten direkte Vergleiche gewinnt, da bei Gleichstand Null Punkte vergeben werden. Somit entspricht das wie folgt definierte MAX-OUTDEGREE DELETION-Problem (MOD) der Wahlkontrolle durch Löschen von Kandidaten unter Copeland 0 :

Gegeben: Ein gerichteter Graph, ein ausgezeichnete Knoten sowie ein „Budget“ einer maximal zu löschenden Knotenanzahl k .

Frage: Kann der ausgezeichnete Knoten durch Löschen von k Knoten zu einem Knoten mit maximalem Ausgangsgrad gemacht werden?

Das MIN-INDEGREE DELETION-Problem (MID) ist analog für Copeland 1 definiert. Das Ziel hierbei ist den ausgezeichneten Knoten durch möglichst wenige Löschungen zu einem Knoten mit kleinstmöglichem Eingangsgrad zu machen. Unsere Ergebnisse sind in Tabelle 3 dargestellt. Da die Probleme sich nur in der Bewertung eines Gleichstandes zwischen zwei Kandidaten (Knoten) unterscheiden, impliziert hierbei die W[2]-Vollständigkeit für einen Turniergraphen (in dem es eine gerichtete Kante zwischen jedem Knotenpaar gibt), dass Wahlkontrolle durch Kandidatenlöschung für jedes α auch schon für eine begrenzte Anzahl von Löschungen schwer zu lösen ist. Auf anderen Graphklassen ergeben sich jedoch beweisbare Komplexitätsunterschiede. Beispielsweise ist MOD auf azyklischen Graphen immer noch W[2]-vollständig, wogegen MID in Polynomzeit lösbar ist.

Um die Härteresultate für die Graphprobleme auf die Wahlprobleme zu übertragen, müssen die gerichteten Graphen wieder in eine Wahl überführt werden, d.h. man sucht eine Multimenge von Präferenzlisten, so dass ein Kandidat A in mehr als der Hälfte der Listen vor B steht, wenn es eine gerichtete Kante von A nach B gibt. Dies ist immer möglich, wenn man eine große Anzahl von Wählern zu Verfügung hat. Faliszewski et al. [FHHR08] stellten nun die Frage, ob dies auch für wenige Wähler möglich ist. In anderen Worten: Kann überhaupt ein schwer zu entscheidender Graph durch eine kleine Anzahl von Präferenzlisten „erzeugt“ werden? In der Arbeit beantworten wir diese Frage für die beiden Spezialfälle $\alpha = 0$ und $\alpha = 1$. Genauer gesagt zeigen wir NP-Härte für Wahlkontrolle durch Löschen oder Hinzufügen von Kandidaten im Falle einer konstanten Anzahl von Präferenzlisten. Desweiteren untersuchen wir die parametrisierte Komplexität von Kontrolle für das wohl einfachste Wahlsystem, dem Mehrheitwahlrecht in dem für jeden Wähler der beste Kandidat einen Punkt bekommt. Hier zeigen wir, dass Wahlkontrolle $W[1]$ -hart bezüglich der Anzahl zu löschender/hinzuzufügender Kandidaten ist.

5 Fazit

Obwohl die Untersuchung der Berechnungskomplexität von Wahlproblemen seit Anfang der 1990ziger Jahre stark an Bedeutung gewonnen hat und die zugrundeliegenden kombinatorischen Probleme aufgrund ihrer Struktur eine multivariate Komplexitätsanalyse geradezu herausfordern, gab es vor Beginn der Arbeit an meiner Dissertation nur sehr wenige Publikationen: In dem Übersichtsartikel [LR08] werden fünf Publikationen zitiert, die sich parametrisierter Algorithmik für Wahlsystem beschäftigen und drei davon sind wiederum Teil dieser Arbeit. In der Dissertation wurde somit im Sinne einer „Pionierarbeit“ erstmals eine systematische Untersuchung der parametrisierten Komplexität grundlegender Wahlprobleme angestrebt. Aufgrund der enormen Anzahl praxisrelevanter Wahlsituationen und dabei auftretender natürlicher Parameter kann die Arbeit nur einen ersten Schritt bedeuten und es bleiben viele spannende offene Fragen für zukünftige Forschungsarbeiten bestehen.

Literatur

- [BDFH09] H. L. Bodlaender, R. G. Downey, M. R. Fellows und D. Hermelin. On problems without polynomial kernels. *Journal of Computer and System Sciences*, 75(8):423–434, 2009.
- [BR10] D. Baumeister und J. Rothe. Taking the final step to a full dichotomy of the Possible Winner problem in pure scoring rules. In *Proceedings of the 19th European Conference on Artificial Intelligence (ECAI)*, Seiten 1019–1020 (short paper), 2010.
- [CFRS07] R. Christian, M. R. Fellows, F. A. Rosamond und A. Slinko. On complexity of lobbying in multiple referenda. *Review of Economic Design*, 11(3):217–224, 2007.
- [CS05] Vincent Conitzer und Tuomas Sandholm. Common Voting Rules as maximum likelihood estimators. In *Proceedings of the 21st Conference on Uncertainty in Artificial Intelligence (UAI)*, Seiten 145–152. AUAI Press, 2005.

- [DF99] R. G. Downey und M. R. Fellows. *Parameterized Complexity*. Springer, 1999.
- [DKNS01] C. Dwork, R. Kumar, M. Naor und D. Sivakumar. Rank aggregation methods for the Web. In *Proceedings of the 10th International World Wide Web Conference (WWW)*, Seiten 613–622, 2001.
- [FG06] J. Flum und M. Grohe. *Parameterized Complexity Theory*. Springer, 2006.
- [FHH10] P. Faliszewski, E. Hemaspaandra und L. A. Hemaspaandra. Using complexity to protect elections. *Communications of the ACM*, 53(1):74–82, 2010.
- [FHHR08] P. Faliszewski, E. Hemaspaandra, L. A. Hemaspaandra und J. Rothe. Copeland voting fully resists constructive control. In *Proceedings of the 4th International Conference on Algorithmic Aspects in Information and Management (AAIM)*, Jgg. 5034 of *LNCS*, Seiten 165–176. Springer, 2008.
- [FP10] P. Faliszewski und A. Procaccia. AI’s war on manipulation: are we winning? *AI Magazine*, 31(4):53–64, 2010.
- [KS10] M. Karpinski und W. Schudy. Faster algorithms for Feedback Arc Set Tournament, Kemeny Rank Aggregation and Betweenness Tournament. In *Proceedings of the 21st International Symposium on Algorithms and Computation (ISAAC)*, Jgg. 6506 of *LNCS*, Seiten 3–14. Springer, 2010.
- [LR08] C. Lindner und J. Rothe. Fixed-Parameter Tractability and Parameterized Complexity Applied to Problems From Computational Social Choice. Supplement in the *Mathematical Programming Glossary*, A. Holder, editor. INFORMS Computing Society, 2008.
- [Nie06] R. Niedermeier. *Invitation to Fixed-Parameter Algorithms*. Oxford University Press, 2006.
- [Nie10] R. Niedermeier. Reflections on multivariate algorithmics and problem parameterization. In *Proceedings of the 27th International Symposium on Theoretical Aspects of Computer Science (STACS’10)*, Jgg. 5 of *LIPICs*, Seiten 17–32, 2010.
- [XC08] L. Xia und V. Conitzer. Determining Possible and Necessary Winners under Common Voting Rules Given Partial Orders. In *Proceedings of the 23rd AAAI Conference on Artificial Intelligence (AAAI)*, Seiten 196–201. AAAI Press, 2008. Full version accepted with minor revisions to *Journal of Artificial Intelligence Research*.



Nadja Betzler wurde am 8. August 1979 in Stuttgart geboren. Von Oktober 2000 bis November 2006 studierte sie Bioinformatik an der Eberhard-Karls-Universität Tübingen. Ihre Diplomarbeit zum Thema „Steiner Trees in the Analysis of Biological Networks“ basiert auf einem DAAD-geförderten Forschungsaufenthalt am McGill Centre for Bioinformatics, Montreal, Kanada in der Gruppe von Prof. M. Hallett. Von November 2006 bis Dezember 2010 arbeitete sie als wissenschaftliche Mitarbeiterin in der Gruppe von Prof. R. Niedermeier an der Friedrich-Schiller-Universität Jena und schloss dabei im November 2010 ihre Dissertation ab. Nach einmonatigen Postdoc-Aufenthalt an

der TU Berlin im Januar 2011 folgt ein viermonatiger vom DAAD geförderter Forschungsaufenthalt bei Prof. A. Slinko an der University of Auckland, Neuseeland.

Building Scalable, Distributed Applications with Declarative Messaging

Alexander Böhm

SAP AG
alexander.boehm@sap.com

Abstract: Im Rahmen der Dissertation wird ein neuartiger Ansatz zur Implementierung von verteilten, auf dem Austausch von XML-Nachrichten basierenden Anwendungen vorgestellt. Grundlage hierbei sind ein nachrichtenorientiertes Programmiermodell sowie eine zugehörige, deklarative Regelsprache. Sie ermöglichen die in der Arbeit diskutierten Techniken zur automatischen Optimierung, effizienten Ausführung und automatisierten Verteilung von nachrichtenbasierten Anwendungen.

1 Einleitung

Verteilte, auf Nachrichtenaustausch basierte Anwendungen sind von großer und zunehmender Bedeutung für die Realisierung von unternehmensübergreifenden Geschäftsprozessen. Charakteristische Anforderungen an solche Anwendungen sind neben einfacher und effizienter Entwicklung eine hohe Ausführungsgeschwindigkeit sowie die Möglichkeit zur parallelen Ausführung auf mehreren Computersystemen, um eine möglichst hohe Skalierbarkeit sicherzustellen. Die heute gebräuchlichen Programmiersprachen und Ausführungssysteme erfüllen diese Anforderungen nur partiell (Abschnitt 2).

Im Rahmen der Dissertation wird ein neuartiger Ansatz zur Implementierung von verteilten, auf dem Austausch von XML-Nachrichten basierenden Anwendungen vorgestellt. Es werden ein nachrichtenorientiertes Programmiermodell und eine deklarative Regelsprache diskutiert, die eine kompakte Spezifikation der Anwendungslogik erlauben (Abschnitt 3.1). Diese deklarative Sprache ermöglicht die automatische Optimierung der Anwendung durch einen zugehörigen Compiler (Abschnitt 3.2). Weiterhin wird die Architektur eines Laufzeitsystems vorgestellt (Abschnitt 3.3), das die effiziente und zuverlässige Ausführung der Anwendung ermöglicht. Mehrere Messungen belegen hierbei die gegenüber dem Stand der Technik erzielten Leistungsverbesserungen (Abschnitt 3.4).

Ein weiterer Schwerpunkt der Arbeit ist die durch die deklarative Spezifikation der Geschäftslogik ermöglichte, automatisierte Verteilung der Anwendung auf mehrere Ausführungssysteme. Dies beinhaltet die Analyse der Datenabhängigkeiten innerhalb der Anwendung (Abschnitt 4.1), die Allokation unabhängiger Anwendungsteile auf einzelne Ausführungssysteme (Abschnitt 4.2) sowie die Generierung individueller, unabhängiger Teilanwendungen (Abschnitt 4.3). Des Weiteren werden formale Transformationsvorschriften vorgestellt (Abschnitt 4.4), die es erlauben, die Zahl der unabhängigen Anwendungsteile

le zu erhöhen. Hierdurch lässt sich die Skalierbarkeit von verteilten, nachrichtenbasierten Anwendungen deutlich verbessern (Abschnitt 4.5).

2 Verteilte, nachrichtenbasierte Anwendungen

2.1 Anwendungsszenarien

Verteilte, nachrichtenbasierte Anwendungen bestehen aus mehreren, räumlich verteilten Teilnehmern, die über den Austausch von XML-Nachrichten kommunizieren. Solche Anwendungen lassen sich als Netzwerk von Knoten visualisieren, zwischen denen XML-Nachrichten ausgetauscht werden.

Die einzelnen Knoten stellen somit einen Teil der Geschäftslogik der Gesamtanwendung zur Verfügung. Jede solche Teilanwendung reagiert hierbei auf die von anderen Knoten eingehenden Nachrichten. Das Ergebnis der im Rahmen dieser Teilanwendung abgearbeiteten Geschäftslogik wird für die anderen Knoten erneut in Form von an sie geschickten Nachrichten sichtbar.

Verteilte, auf dem Austausch von XML-Nachrichten basierte Anwendungen werden heutzutage in einer Vielzahl von Bereichen eingesetzt. Typische Beispiele sind unter anderem verteilte Finanzanwendungen [Ltd09], unternehmensübergreifende Geschäftsprozesse [ZDGH05] und soziale Online-Anwendungen [Fac10].

2.2 Stand der Technik

Die heute verfügbaren Lösungen zur Realisierung verteilter, nachrichtenbasierter Anwendungen ([ACKM04] gibt einen Überblick) basieren größtenteils auf existierenden Middleware-Lösungen, die durch zusätzliche Komponenten zur Nachrichtenverarbeitung erweitert werden. Dieser Ansatz erlaubt die schnelle Integration der benötigten Schnittstellen in bestehende Infrastruktur, erschwert jedoch die Implementierung von effizienten, nachrichtenbasierten Anwendungen:

- Die Verteilung der unterschiedlichen Teilaufgaben wie Applikationslogik, Nachrichtenaustausch, Transaktionskontrolle und Persistenz auf verschiedene Anwendungssysteme mit unterschiedlicher Datenrepräsentation (beispielsweise Geschäftsobjekte, XML-Nachrichten und Relationen) erfordert aufwändige Konvertierungsoperationen während der Datenverarbeitung. Dieser *Impedance Mismatch* verringert die Ausführungsgeschwindigkeit des angebotenen Dienstes. Darüber hinaus hat die starke Segmentierung negativen Einfluß auf die Wartbarkeit, Stabilität und Flexibilität des Gesamtsystems [Sto02].
- Die Implementierung der Geschäftslogik im Rahmen existierender Applikationsserver erfolgt weitgehend durch objektorientierte Programmiersprachen, wie bei-

spielsweise Java oder C#. Im Gegensatz zu deklarativen Sprachen erlauben diese durch ihren imperativen Charakter nur begrenzt automatische Optimierungen und erschweren dadurch die schnelle Entwicklung von effizienten Anwendungen.

- Die Skalierbarkeit einer mit dem aktuellen Stand der Technik realisierten, nachrichtenbasierten Anwendung ist durch die Leistungsfähigkeit des (einzelnen) Rechners begrenzt, auf dem sie ausgeführt wird. Um auf mehreren Computersystemen parallel ausgeführt werden zu können, müssen solche Anwendungen üblicherweise manuell umgeschrieben werden (z.B. um die Synchronisation von gemeinsam verwendeten Daten sicherzustellen). Dies verursacht einen erheblichen Mehraufwand an Entwicklungszeit und Kosten.

3 Deklarative Nachrichtenverarbeitung

Im Rahmen der Arbeit wird ein neuartiges Programmiermodell entwickelt, das die Geschäftslogik eines Teilnehmers in einer verteilten, nachrichtenbasierten Anwendung auf Basis zweier grundlegender Komponenten beschreibt. *Nachrichtenwarteschlangen* stellen eine Schnittstelle für asynchrone Kommunikation zur Verfügung und dienen darüber hinaus zur zuverlässigen Speicherung von XML-Nachrichten. Eine Menge von *deklarativen Regeln* implementiert die Anwendungslogik auf der Grundlage der in den Warteschlangen vorliegenden Nachrichten. Jede einzelne Regel spezifiziert hierbei, wie auf den Eingang einer neuen Nachricht in einer Warteschlange zu reagieren ist, und erzeugt als Konsequenz wiederum neue Nachrichten.

Im folgenden Abschnitt 3.1 wird vorgestellt, wie diese beiden grundlegenden Komponenten zur Implementierung der Geschäftslogik einer verteilten, nachrichtenbasierten Anwendung eingesetzt werden können. Die deklarative Formulierung der Anwendungslogik erlaubt eine weitestgehend automatische Optimierung der Anwendung durch einen entsprechenden Compiler (Abschnitt 3.2). Dieser überführt die initiale Anwendungsspezifikation in ein ausführbares Programm für das zugehörige Laufzeitsystem (Abschnitt 3.3).

3.1 Programmiermodell

3.1.1 Nachrichtenwarteschlangen

Das entwickelte Programmiermodell stellt zwei unterschiedliche Typen von Warteschlangen zur Verfügung. *Gateway queues* dienen zur nachrichtenbasierten Kommunikation mit externen Systemen (z.B. Web Services). Warteschlangen dienen zudem als zuverlässige, dauerhafte Speicherstrukturen für XML-Nachrichten. Diese *basic queues* erlauben es einer Anwendung, Zwischenergebnisse und Hilfsnachrichten lokal abzuspeichern, ohne diese an externe Systeme zu versenden. Als Konsequenz können alle Nachrichten, unabhängig davon, ob sie von einem externen Teilnehmer oder einer lokalen Anwendungsregel erzeugt wurden, durch einheitliche Speicher- und Zugriffsmechanismen verarbeitet werden.

3.1.2 Deklarative Regeln

Die Geschäftslogik einer verteilten, nachrichtenbasierten Anwendung wird mit Hilfe einer Menge von deklarativen Regeln ausgedrückt, die die in den Warteschlangen vorliegenden XML-Nachrichten verarbeiten und neue Nachrichten erzeugen. Diese neuen Nachrichten dienen wiederum als Eingabe für weitere Regeln oder können mit Hilfe von gateway queues an externe Systeme verschickt werden.

Zur Spezifikation dieser Anwendungsregeln kommt eine speziell entwickelte Regelsprache zum Einsatz. Diese basiert auf XQuery [BCF⁺07], einer deklarativen Anfragesprache für XML-Dokumente. Sie ermöglicht Entwicklern die direkte Verarbeitung der in den Warteschlangen vorliegenden XML-Nachrichten ohne aufwändige Typumwandlungen oder zusätzliche Programmierschnittstellen. Zusätzlich zu den bereits durch XQuery zur Verfügung gestellten Verarbeitungsfunktionen wie Dokumentkonstruktion, Datenextraktion und Schemavalidierung bietet die entwickelte Sprache einige notwendige Erweiterungen:

Regeldefinition Jede Regel ist auf einer Warteschlange der Anwendung definiert und hat einen anwendungsweit eindeutigen Namen. Um dem Anwendungsentwickler die Zuordnung von Regeln zu Warteschlangen zu ermöglichen, bietet die Regelsprache ein entsprechendes Definitionskonstrukt an.

Nachrichtenversand Das Ergebnis jeder Anwendungsregel ist eine (potentiell leere) Sequenz von Nachrichten, die in andere Warteschlangen eingefügt werden sollen (entweder zur Weiterverarbeitung durch eine andere Regel oder zum Versand an ein externes System). Da die der Regelsprache zugrunde liegende Anfragesprache XQuery keine Seiteneffekte unterstützt, wurde hierzu die Regelsprache in Anlehnung an die XQuery Update Facility [CDF⁺09] erweitert. Jede Anwendungsregel kann hierdurch mit Hilfe eines entsprechenden Konstrukts (`enqueue message`) Nachrichten in andere Warteschlangen einfügen.

Deklarative Sichten auf die Nachrichtenhistorie Die dem im Rahmen der Arbeit entwickelten Programmiermodell zugrunde liegenden Warteschlangen dienen nicht nur als temporäre Zwischenspeicher, sondern als dauerhafte Ablage für Nachrichten. So wird eine Nachricht nach ihrer Verarbeitung nicht gelöscht, sondern bleibt weiterhin im System vorhanden und zugreifbar. Hieraus ergibt sich die Möglichkeit, den aktuellen Zustand der Anwendung mit Hilfe einer deklarativen Anfrage an die komplette Nachrichtenhistorie auszudrücken. Dies ermöglicht die einheitliche Behandlung von Nachrichten und Zustandsinformationen und bietet hierdurch weitere Freiheitsgrade bei der Anwendungsoptimierung und -ausführung durch den zugehörigen Compiler (Abschnitt 3.2) und das Laufzeitsystem (Abschnitt 3.3).

Um den Zugriff auf für die Anwendung relevante Teile der Nachrichtenhistorie zu vereinfachen, bietet die entwickelte Programmiersprache entsprechende deklarative Sichten an. Konzeptuell ähneln diese *slicings* den für relationale Datenbankmanagementsysteme entwickelten parametrisierten Sichten [Toy86]. Sie erlauben die Definition von logischen Nachrichtengruppen, auf die im Rahmen von Anwendungsregeln mit einem einfachen Funktionsaufruf zugegriffen werden kann.

Beispiel

Im folgenden Beispiel wird die praktische Verwendung der oben diskutierten Komponenten der Regelsprache kurz erläutert. Zuerst wird eine Warteschlange (basic queue) mit dem Namen `incomingRequests` definiert (Zeile 1).

Anschließend wird eine neue Regel mit dem Namen `sendOrderConfirmation` definiert (Zeile 3). Diese Regel wird ausgeführt, falls eine Nachricht in die zuvor definierte Warteschlange eingefügt wird. Mit Hilfe eines XPath-Ausdrucks wird nun überprüft, ob es sich bei der eingehenden Nachricht um eine Bestellung handelt (Zeile 4). Ist dies der Fall, so wird auf die Inhalte der Nachricht (Zeile 6 und 7) zugegriffen, des weiteren werden mit Hilfe einer deklarativen Sicht die Stammdaten des Kunden aus der Nachrichtenhistorie abgefragt (Zeile 8). Abschließend wird eine Ergebnismessage erzeugt und mit Hilfe des `enqueue message`-Konstrukts in die Warteschlange `customerReplies` eingefügt.

```
1 create queue incomingRequests kind basic mode persistent;  
2  
3 create rule sendOrderConfirmation for incomingRequests  
4 if (//order)  
5 then  
6   let $items := //order/items  
7   let $customerID := //customerID/text()  
8   let $address := qs:slice($customerID, "customerMasterdata")  
9   let $result := <confirmation>  
10  <status>OK</status> ... </confirmation>  
11  return enqueue message $result into customerReplies  
12 else ();
```

3.1.3 Ausführungsmodell

Die Datenverarbeitung in einer verteilten, nachrichtenbasierten Anwendung lässt sich als einfacher Zyklus beschreiben. In jeder Iteration dieses Zyklus wird entschieden, welche Nachrichten aktuell zu verarbeiten sind, wie diese Nachrichten zu verarbeiten sind und welches Ergebnis sich aus der Nachrichtenverarbeitung ergibt. Um eine deterministische Verarbeitung von Nachrichten sicherzustellen und gleichzeitig möglichst hohe Freiheitsgrade für automatische Anwendungsoptimierungen zu ermöglichen, werden die folgenden Anforderungen an einen solchen Ausführungszyklus definiert.

1. Jede Nachricht wird genau einmal verarbeitet. Die Verarbeitung erfolgt durch die Auswertung aller Regeln, die auf der Warteschlange, in der die Nachricht eingefügt wurde, definiert sind.
2. Die Regelverarbeitung erfolgt durch die Auswertung der Regeln nach der XQuery (Update) Semantik unter Einbeziehung der zusätzlichen Funktionen zum Zugriff auf die Nachrichtenhistorie (Abschnitt 3.1.2). Das jeweilige Ergebnis ist eine Sequenz von Ergebnismessages.

3. Das Ergebnis der Regelauswertung für eine Nachricht ist eine beliebige Verkettung aller entstandener Nachrichtensequenzen.
4. Die Verarbeitung der Ergebnismeldungen ist atomar, d.h. alle aus der Regelverarbeitung entstandenen Nachrichten werden im Kontext einer atomaren Transaktion in die entsprechenden Ziel-Warteschlangen eingefügt. Ebenfalls wird die aktuell verarbeitete Nachricht im Rahmen dieser Transaktion als verarbeitet gekennzeichnet.
5. Jeder Regelauswertungsvorgang für eine gegebene Nachricht sieht die gleiche Nachrichtenmenge beim Zugriff auf die Nachrichtenhistorie des Systems. Insbesondere sind nur solche Nachrichten sichtbar, die *vor* der aktuell zu verarbeitenden Nachricht eingefügt worden sind.

Diese Anforderungsliste beinhaltet starke, transaktionale Garantien (z.B. atomare Verarbeitung, Isolation paralleler Auswertungsprozesse), die zur Implementierung von zuverlässigen, verteilten Anwendungen benötigt werden. Gleichzeitig bietet sie jedoch auch Spielraum für weitgehende Optimierungsmöglichkeiten, die durch einen zugehörigen Compiler ausgenutzt werden können.

3.2 Regelcompiler

Die Aufgabe des Regelcompilers ist es, eine gegebene Anwendungsspezifikation in eine durch ein zugehöriges Laufzeitsystem (Abschnitt 3.3) ausführbare Form zu überführen. Durch die deklarative Spezifikation der Geschäftslogik ergeben sich hierbei weitgehende Optimierungsmöglichkeiten für den Compiler, durch die die spätere Ausführungsgeschwindigkeit erhöht werden kann. Optimierungspotentiale existieren hierbei auf verschiedenen Ebenen.

Umschreiben des Regelsatzes Das Ausführungsmodell erlaubt die weitreichende Modifikation des einer Anwendung zugrunde liegenden Regelsatzes. Beispielsweise kann der Compiler alle auf einer gemeinsamen Warteschlange definierten Regeln in eine einzelne, kombinierte Regel zusammenfassen. Dies erlaubt u.a. die Faktorisierung gemeinsamer Teilausdrücke und vermeidet den wiederholten Aufruf der Regelauswertungskomponente des Laufzeitsystems für eine einzelne Nachricht.

Optimierung einzelner Regeln Ein erheblicher Teil der entwickelten Regelsprache basiert auf der deklarativen Anfragesprache XQuery. Hierdurch lassen sich viele der für XQuery entwickelte Optimierungstechniken zur Optimierung der Anwendungsregeln nutzen.

Physische Optimierung Physische Optimierungen erlauben die selektive Anpassung von Anwendungsregeln an spezifische Merkmale des verwendeten Laufzeitsystems. Beispielsweise bietet das im Rahmen der Arbeit entwickelte Laufzeitsystem (Abschnitt 3.3) besonders effiziente Mechanismen zum Weiterleiten von unveränderten Nachrichten zwischen einzelnen Warteschlangen an. Erkennt der Compiler einen solchen Fall, kann er die entsprechenden Primitiven des Laufzeitsystems verwenden, um die spätere Ausführung zu beschleunigen.

3.3 Laufzeitsystem

Die Ausführung des durch den Compiler erzeugten Ergebnisses wird durch ein im Rahmen der Arbeit entwickeltes Laufzeitsystem übernommen. Dieses System besteht aus drei Hauptkomponenten.

Transaktionaler Nachrichtenspeicher Die Grundlage für das Laufzeitsystem bildet Natix [FHK⁺03], ein an der Universität Mannheim entwickeltes, natives XML-Datenbankmanagementsystem. Natix erlaubt die effiziente und zuverlässige Speicherung von XML-Dokumenten sowie deren transaktionale Verarbeitung. Zusätzlich wurde das System erweitert, um eine Warteschlangen-basierte Nachrichtenverwaltung, effiziente Mehrbenutzersynchronisation sowie mit Hilfe von Indexstrukturen schnellen Zugriff auf die Nachrichtenhistorie (slicings) zu ermöglichen.

Regelauswertungskomponente Die Regelauswertungskomponente implementiert das in Abschnitt 3.1.3 beschriebene Ausführungsmodell. Auf Basis der Anwendungsspezifikation entscheidet sie, wann und in welcher Reihenfolge Nachrichten abgearbeitet, wann neue Nachrichten in den Nachrichtenspeicher eingefügt und wann Nachrichten mit externen Systemen ausgetauscht werden. Neben einer modellkonformen Regelausführung liegt der Schwerpunkt hierbei auf einer möglichst schnellen und effizienten Regelverarbeitung, z.B. durch den Einsatz von mehreren parallelen Ausführungsprozessen.

Kommunikationssystem Das Kommunikationssystem ermöglicht dem Laufzeitsystem den Nachrichtenaustausch mit den anderen, an der verteilten Anwendung teilnehmenden Knoten. Hierzu werden verschiedene, sowohl synchrone wie auch asynchrone Transportprotokolle (HTTP, SMTP, ...) unterstützt.

3.4 Evaluation

Mächtigkeit und Benutzbarkeit der Regelsprache Um die praktische Tauglichkeit der Regelsprache zu erproben, wurden im Rahmen der Arbeit verschiedene Fallstudien von nachrichtenbasierten Anwendungen implementiert. Des Weiteren wurde untersucht, inwieweit sich für nachrichtenbasierte Anwendungen charakteristische Entwurfsmuster [HW04, vdATHKB03] realisieren lassen. Hierbei zeigte sich, dass sich selbst komplexe Entwurfsmuster mit nur geringem Entwicklungsaufwand umsetzen lassen. Des Weiteren ermöglichte die Regelsprache die schnelle Entwicklung der untersuchten Fallstudien, die sich im Vergleich zu existierenden Programmiersprachen, wie beispielsweise Java, deutlich kompakter implementieren ließen.

Leistungsfähigkeit des Laufzeitsystems Um die Leistungsfähigkeit des entwickelten Laufzeitsystems zu evaluieren, wurde die Ausführungsleistung des Systems mit der eines kommerziell verfügbaren Anwendungsservers verglichen. Als Anwendung wurde hierbei eine vereinfachte Version des TPC-App Benchmarks [Tra08] verwendet. Die Ausführungsgeschwindigkeit des Laufzeitsystems liegt dabei sehr deutlich über der des kommer-

ziellen Systems. Besonders anschaulich wird dies mit zunehmender Größe des zu verwaltenden Zustands sowie bei einer steigenden Zahl von parallelen Anwendungsinstanzen.

4 Automatische Anwendungsverteilung

Im letzten Teil der Arbeit wird die Möglichkeit zur automatischen Verteilung einer mit Hilfe der Regelsprache realisierten Anwendung auf mehrere Ausführungssysteme (Knoten) untersucht. Ziel hierbei ist es, die Skalierbarkeit der Anwendung zu verbessern, ohne - wie bei den meisten heute verfügbaren Programmiersprachen - aufwändige manuelle Anpassungen durchführen zu müssen. Das entwickelte Verfahren besteht aus vier einzelnen Schritten, die im Rahmen eines entsprechenden Compilers implementiert wurden und in den folgenden Abschnitten kurz vorgestellt werden.

4.1 Anwendungsfragmentierung

In einem ersten Schritt wird die Anwendung in einzelne, voneinander unabhängige Anwendungsfragmente, jeweils bestehend aus Warteschlangen und zugehörigen Regeln, zerlegt. Zwei Fragmente werden dabei als unabhängig angesehen, wenn die auf den Warteschlangen definierten Regeln des einen Fragments nicht auf die in den Warteschlangen des anderen Fragments abgelegten Nachrichten zugreifen. Diese Datenabhängigkeiten lassen sich leicht durch die mit Hilfe der deklarativen Sichten (Abschnitt 3.1.2) modellierten Zugriffsbeziehungen erkennen. Das Ergebnis der Anwendungsfragmentierung ist eine Menge von Fragmenten $F = \{f_1, \dots, f_n\}$. Jedes Fragment $f \in F$ enthält eine disjunkte Teilmenge der Warteschlangen der Anwendungsspezifikation.

4.2 Fragmentallokation

Nachdem die einzelnen Fragmente, in die eine Anwendung zerlegt werden kann, identifiziert sind, werden in einem nächsten Schritt diese n Fragmente auf eine zur Verfügung stehende Menge von h Knoten verteilt. Ziel ist eine möglichst gleichmäßige Verteilung des erwarteten Lastenaufkommens auf diese Knoten, um eine möglichst hohe Skalierbarkeit und Ausführungsgeschwindigkeit zu erreichen. Zu diesem Zweck versucht die Fragmentallokation die Netzwerkkommunikation zwischen den einzelnen Knoten zu minimieren, indem oft miteinander kommunizierende Fragmente auf dem gleichen Knoten platziert werden. Gleichzeitig wird versucht, die erwartete CPU- und I/O-Last möglichst gleichmäßig auf die h verfügbaren Knoten zu verteilen. Hierzu werden durch Sampling gewonnene Kostenabschätzungen sowie diverse Allokationsheuristiken verwendet.

Basierend auf einer gegebenen Anwendungsspezifikation A und einer zugehörigen Fragmentierung F erzeugt die Fragmentallokation eine Zuordnung $G = \{g_1, \dots, g_n\}$ der Fragmente zu den h zur Verfügung stehenden Knoten. Jede Zuordnung $g \in G$ enthält eine disjunkte, potentiell leere Teilmenge der Anwendungsfragmente.

4.3 Generierung einzelner Teilanwendungen

Nachdem die Anwendungsfragmente den zur Verfügung stehenden Knoten zugeordnet wurden, wird die initiale, vom Programmierer erstellte Anwendung A in eine Menge von unabhängigen Teilanwendungen $\{A_1, \dots, A_h\}$ transformiert. Jede dieser Anwendungen ist selbstständig auf dem Zielknoten ausführbar und stellt einen Teil der Funktionalität der ursprünglichen Anwendung zur Verfügung.

4.4 Skalierbarkeitstransformationen

Im günstigsten Fall wird durch die oben besprochenen drei Schritte eine initiale Anwendungsspezifikation A in eine Menge von unabhängigen Teilanwendungen $\{A_1, \dots, A_h\}$ transformiert, die das zu erwartende Lastenaufkommen optimal auf eine Menge von h verfügbaren Knoten verteilen.

Üblicherweise schränken jedoch die innerhalb einer Anwendung bestehenden Datenabhängigkeiten die Anzahl der unabhängigen Fragmente, in die die Anwendung zerlegt werden kann, stark ein. Selbst wenn die Anwendung in eine ausreichende Anzahl von Fragmenten zerlegt werden kann, so dass mindestens ein Fragment jedem verfügbaren Knoten zugeordnet werden kann ($F = \{f_1, \dots, f_n\} : n > h$), kann das Ergebnis suboptimal sein: Wie sich in mehreren Fallstudien zeigte, ist die Anwendungslast typischerweise ungleichmäßig zwischen den einzelnen Fragmenten verteilt, d.h. ein einzelnes, nicht weiter zerlegbares Fragment muss einen signifikanten Anteil der Anwendungslast bewältigen.

Diesem Problem lässt sich mit den im Rahmen der Arbeit entwickelten Skalierbarkeitstransformationen begegnen. Ziel dieser Transformationen ist es, die Anzahl der unabhängigen Fragmente, in die eine Anwendung zerlegt werden kann, zu erhöhen. Dies geschieht durch das Umschreiben der initialen Anwendungsspezifikation A in eine Spezifikation A' , die eine potentiell bessere Lastverteilung und Skalierbarkeit der Anwendung ermöglicht. Eine grundlegende Idee hierbei ist es, Teile der Nachrichtenhistorie, die eine weitere Zerlegung von Teilfragmenten verhindern, zu replizieren und dadurch eine weitere Aufteilung von Fragmenten zu ermöglichen. Des weiteren lassen sich Zugriffe auf die Nachrichtenhistorie mittels deklarativer Sichten (Abschnitt 3.1.2) in expliziten Nachrichtenfluss transformieren sowie aus dem Datenbankbereich bekannte Techniken wie vertikale und horizontale Datenpartitionierung einsetzen, um das Verteilungspotential weiter zu erhöhen.

4.5 Evaluation

Die praktische Anwendbarkeit des entwickelten Ansatzes zur automatischen Verteilung von nachrichtenbasierten Anwendungen wurde mit Hilfe von mehreren Fallstudien verifiziert. Hierbei konnten alle untersuchten Anwendungen ohne manuelle Anpassungen auf mehrere Knoten verteilt werden. Bereits durch die Anwendung von wenigen Skalierbarkeitstransformationen (Abschnitt 4.4) ließ sich das Verteilungspotential (und damit die Skalierbarkeit) der untersuchten Anwendungen deutlich erhöhen.

Literatur

- [ACKM04] Gustavo Alonso, Fabio Casati, Harumi Kuno und Vijay Machiraju. *Web Services: Concepts, Architectures and Applications*. Springer, 2004.
- [BCF⁺07] Scott Boag, Donald Chamberlin, Mary F. Fernández, Daniela Florescu, Jonathan Robie und Jérôme Siméon. XQuery 1.0: An XML Query Language. Bericht, World Wide Web Consortium (W3C), January 2007.
- [CDF⁺09] Donald Chamberlin, Michael Dyck, Daniela Florescu, Jim Melton, Jonathan Robie und Jérôme Siméon. XQuery Update Facility 1.0. Bericht, World Wide Web Consortium (W3C), June 2009.
- [Fac10] Facebook Homepage. World Wide Web, March 2010. <http://facebook.com/>.
- [FHK⁺03] Thorsten Fiebig, Sven Helmer, Carl-Christian Kanne, Guido Moerkotte, Julia Neumann, Robert Schiele und Till Westmann. Anatomy of a native XML Base Management System. *VLDB Journal*, 11(4):292–314, 2003.
- [HW04] Gregor Hohpe und Bobby Woolf. *Enterprise Integration Patterns*. Pearson Education, Inc., 2004.
- [Ltd09] FIX Protocol Ltd. Financial Information eXchange (FIX) Protocol. Bericht, April 2009.
- [Sto02] Michael Stonebraker. Too Much Middleware. *SIGMOD Record*, 31(1):97–106, 2002.
- [Toy86] Motomichi Toyama. Parameterized View Definition and Recursive Relations. In *Proceedings of the Second International Conference on Data Engineering, February 5-7, 1986, Los Angeles, California, USA*, Seiten 707–712. IEEE Computer Society, 1986.
- [Tra08] Transaction Processing Performance Council (TPC). TPC BENCHMARK App (Application Server) Specification Version 1.3. Bericht, February 2008.
- [vdAtHKB03] Wil M. P. van der Aalst, Arthur H. M. ter Hofstede, Bartek Kiepuszewski und Alastair P. Barros. Workflow Patterns. *Distributed and Parallel Databases*, 14(1):5–51, 2003.
- [ZDGH05] Olaf Zimmermann, Vadim Doubrovski, Jonas Grundler und Kerard Hogg. Service-oriented architecture and business process choreography in an order management scenario: Rationale, concepts, lessons learned. In Ralph Johnson und Richard P. Gabriel, Hrsg., *OOPSLA Companion*, Seiten 301–312. ACM, 2005.



Alexander Böhm wurde am 29. April 1979 in Heidelberg geboren. Nach dem Studium der Wirtschaftsinformatik an der Universität Mannheim mit den Schwerpunkten Datenbankmanagementsysteme, Computernetzwerke und Operations Research arbeitete er im Rahmen der Forschungsgruppe Datenbanken der Universität Mannheim an seiner Doktorarbeit über deklarative Nachrichtenverarbeitung. Seit dem erfolgreichen Abschluß seiner Promotion im Jahr 2010 ist er bei SAP im Bereich der In-Memory Datenbanksysteme tätig.

Quality of Experience von mobilen Multimediaanwendungen

Shelley Buchinger

shelley.buchinger@univie.ac.at

Abstract: Der Erfolg von mobilen Multimedia Services hängt von sehr unterschiedlichen Faktoren, wie zum Beispiel der Verfügbarkeit interessanter Inhalte, spezieller Eigenschaften der mobilen Geräte, der User Akzeptanz im Allgemeinen und natürlich von technischen Aspekten ab. Das Ziel dieser Dissertation besteht darin, Strategien für offene Probleme im Bereich mobiler Multimedia Services mit dem Fokus auf die Nutzerperspektive vorzuschlagen. Der hier gewählte Ansatz wird üblicherweise als Quality of Experience (QoE) bezeichnet und bildet die subjektive Erfahrung der Nutzer eines Ende-zu-Ende Systems ab. Auf der technischen Seite des Gebietes, wird zum Beispiel die Reduzierung der Serverbandbreite genauer überlegt und untersucht, da diese meistens den Flaschenhals eines Systems darstellt.

1 Problemstellung

Im Speziellen wird in dieser Arbeit überlegt, wie die mit Hilfe eines sogenannten Video-on-Demand-Services die zur Verfügung gestellten Filme am vorteilhaftesten an die Kunden verteilt werden können. Der einfachste Ansatz, den Nutzern die angefragten Videos zu liefern, besteht darin, jedem User den von ihm angeforderten Film einzeln mit *unicast* über einen virtuellen Kanal von b bit/s zu übertragen. Unter der Annahme, dass λ Kunden pro Sekunde Videos der Länge L anfragen, kann die Serverlast mit λL Kanälen bezeichnet werden, wobei jeder Kunde genau einen Kanal erhält. So ein System ist schwer skalierbar, da Videos viel Speicherkapazität benötigen und daher auf Festplatten gespeichert werden müssen. Die Zugriffszeiten von Festplatten sind allerdings von erheblich längerer Dauer und daher stellt die Serverbandbreite bei einer hohen Anzahl von Nutzern den Flaschenhals des Systems dar. In dieser Dissertation wird ein Verfahren entwickelt mit welchem die Serverbandbreite am effektivsten reduziert werden kann. Dabei wird besonderer Wert darauf gelegt, die vom Nutzer wahrgenommene Qualität nicht zu beeinträchtigen.

Bisher wurden bereits einige Methoden zur Reduzierung der verwendeten Serverbandbreite von Video-on-Demand-Systemen vorgeschlagen. Eine Auswahl der wichtigsten Vertreter wird in folgender Liste angegeben.

Batching: Anfragen, welche innerhalb eines fixen Zeitraums den Server erreichen, werden gebündelt. Das spart zwar Bandbreite, führt allerdings zu Wartezeiten am Anfang der Übertragung. Die Dauer der Wartezeiten hängt von der Länge des gewählten fixen Zeitraums ab [DSS94, BCLMM05].

Piggybacking: Die Datenrate neuer Anfragen wird beschleunigt und die älterer Anfragen wird verlangsamt. Somit können mehrere Übertragungen gebündelt werden. Leider kann mit dieser Methode nur wenig Serverbandbreite gespart werden, da die Datenrate um maximal 5% verändert werden kann [AWY96].

Periodic Broadcasting: Das Video wird in kleine Abschnitte unterteilt. Diese werden fortlaufend an alle Nutzer ausgestrahlt, wobei Abschnitte des Videobeginns häufiger gesendet werden. Trotz allem führt dieser Ansatz zu Wartezeiten am Anfang der Übertragung [KS03, Hu01, Bha05].

Patching: Der Hauptteil des Videos wird mit Hilfe eines Multicast-Kanals gebündelt ausgestrahlt. Der Anfang des Videos wird gleichzeitig je nach Bedarf an jeden Nutzer einzeln gesendet. Die notwendige Serverbandbreite hängt davon ab, wie weit die gebündelte Übertragung bereits fortgeschritten ist [HCS98].

Da Patching keine Wartezeiten verursacht, wurde dieser Ansatz oftmals weiterentwickelt. Einige Patchingmethoden wurden vorgeschlagen, jedoch keine erreichte die in der Theorie aufgestellten minimalen Anforderungen von $B^* = \ln(\lambda L + 1)$ Kanälen an die Serverbandbreite. Diese Patchingidee wurde in der Vergangenheit auch mit einer Cache-basierten Video-Verteilung kombiniert.

2 Ergebnisse der Arbeit

In dieser Dissertation wurde ein neues Verfahren zur Verteilung angefragter Filme eines Videos-on-Demand-Services, das *hierarchisches Patching* [HB08] genannt wird, entwickelt und vorgestellt. Es beruht auf der Annahme, dass die Kunden in der Lage sind, mehrere Kanäle gleichzeitig zu empfangen. Die zentrale Idee besteht darin, auch die Anfänge zu bündeln und über Multicastkanäle zu verteilen. Außerdem soll weiterhin Serverbandbreite gespart werden, indem einzelne Videoteile nicht sofort zum Zeitpunkt der Anfrage, sondern erst zu dem Zeitpunkt ausgestrahlt werden, an dem ein Nutzer diese Daten für eine Videodarstellung ohne Stockungen benötigt.

In der Abbildung 1 wird ein Beispiel gebracht, welches den Leser dabei unterstützen soll, die Abfolge von hierarchischem Patching nachzuvollziehen und dessen Sinn zu verstehen. Nutzer c_1 stellt zum Zeitpunkt 0 seine Anfrage an den Server und erzeugt somit einen Multicastkanal der Länge L . Der zweite Kunde c_2 fragt zum Zeitpunkt 2 das selbe Video an. Er kann sich über den vom Nutzer c_1 erzeugten Multicastkanal das Video vom Zeitpunkt 2 bis L herunterladen. Er benötigt allerdings wie beim klassischen Patching den versäumten Anfang über einen separaten Kanal, welcher Patch genannt wird. Dieser ist beim hierarchischem Patching wieder ein Multicastkanal und wird in diesem Beispiel mit $p_{2,1}$ bezeichnet. Nutzer c_3 kommt zum Zeitpunkt 3 an und hat die ersten drei Zeiteinheiten verpasst. Die zweite Zeiteinheit erhält er, indem er sich patch $p_{2,1}$ anschließt. Dem Nutzer c_2 fehlen also die erste und die dritte Zeiteinheit. Es müssen also zwei neue Patches $p_{3,1}$ und $p_{3,2}$ erzeugt werden. Der Kunde benötigt allerdings nicht beide Kanäle sofort. Patch $p_{3,2}$ wird erst in der Zukunft gebraucht, und dessen Übertragung beginnt daher erst zum Zeitpunkt 5. Die Anfrage des Kunden c_4 erreicht den Server zum Zeitpunkt

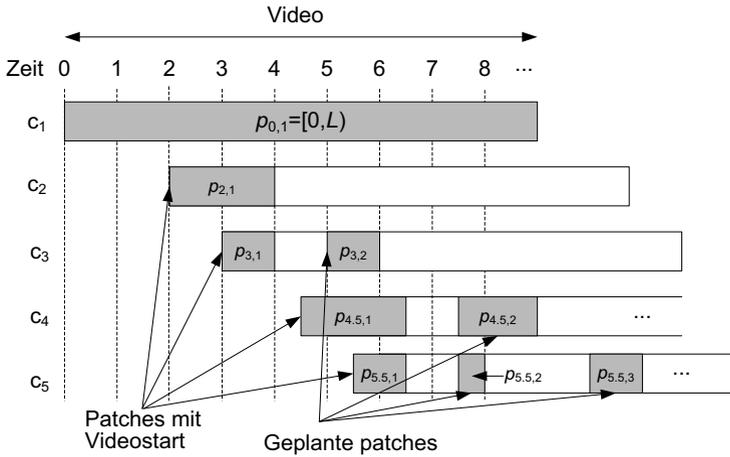


Abbildung 1: Hierarchisches Patching, ein Beispiel

4.5. Zu diesem Zeitpunkt ist nur der erste Patch $p_{0,1}$ verfügbar. Da die Übertragung von Patch $p_{3,2}$ in die Zukunft zum Zeitpunkt 5 gesetzt wurde, hat nun der Kunde c_4 noch immer die Möglichkeit, sich diesem anzuschließen. Die Serverbandbreite wird mit Hilfe von hierarchischem Patching reduziert, weil alle Patches Multicastkanäle sind und nur dann übertragen werden, wenn die Daten zum erstem Mal benötigt werden.

In dieser Dissertation konnte analytisch bewiesen werden, dass die Serverbandbreite unter Anwendung von hierarchischem Patching auf das bereits bekannte Minimum von $B^* = \ln(\lambda L + 1)$ reduziert werden kann. Außerdem werden in dieser Dissertation Ergebnisse von Simulationen präsentiert, welche dazu dienen, die Ersparnis der Bandbreite unter Verwendung von hierarchischem Patching im Vergleich zu anderen Patchingmethoden zu demonstrieren.

Wie bereits erwähnt wurde, wird bei hierarchischem Patching angenommen, dass ein Nutzer mehrere Kanäle gleichzeitig empfangen kann. In seltenen Fällen kann es in der anwendungsnahen Version des vorgeschlagenen Patching-Verfahrens, welches batched hierarchisches Patching genannt wird, vorkommen, dass diese Anzahl die Downloadkapazität des Kunden überschreitet wird. Um dies zu verhindern, wird ein spezielles Kodierungsverfahren vorgeschlagen. Es basiert auf der Beobachtung, dass der Anfang eines Videos mit hierarchischem Patching viel öfter gesendet wird als der Rest. Diese ursprünglich experimentell erkannte Eigenschaft konnte im Laufe der Arbeit analytisch bewiesen werden.

Es wurde die Wahrscheinlichkeit, dass der Zeitpunkt $x, 0 \leq x \leq L$ des Videos übertragen wird, gesucht. Dies wird durch die Dichtefunktion $f_{\lambda L}(x)$ dargestellt, welche wie folgt ausgedrückt wurde:

$$f_{\lambda L}(x) = \frac{1}{B^*} \frac{\lambda L}{\lambda L x + L}, \quad x \in [0, L], \tag{1}$$

wobei B^* die bereits oben erwähnten minimalen Anforderungen an die Serverbandbreite,

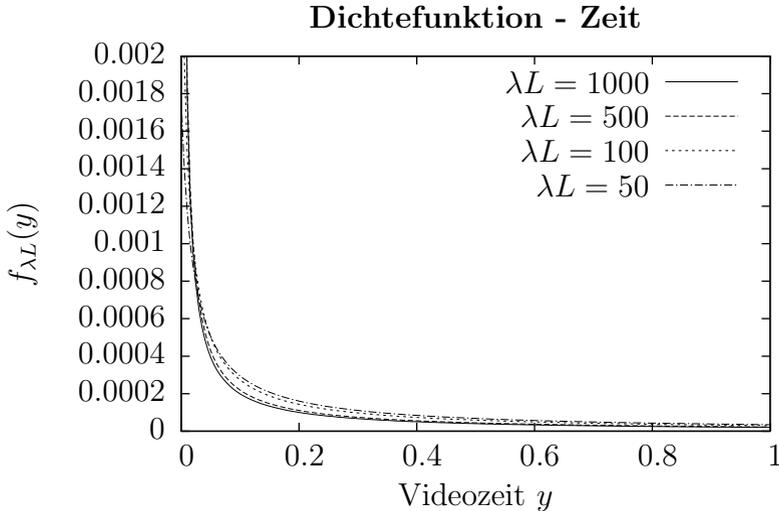


Abbildung 2: Die Dichtefunktion $f_{\lambda L}(x)$ gibt die Wahrscheinlichkeit an, dass der Zeitpunkt x , $0 \leq x \leq L$ des Videos übertragen wird.

welche mit hierarchischem Patching erreicht werden können, darstellt.

$$B^* = \ln(\lambda L + 1).$$

In Abbildung 2 kann man deutlich erkennen, dass die Werte der Dichtefunktion $f_{\lambda L}(x)$, wenn x gegen 0 geht, stark ansteigen. Es kann also behauptet werden, dass der Anfang viel öfter gesendet wird als der Rest.

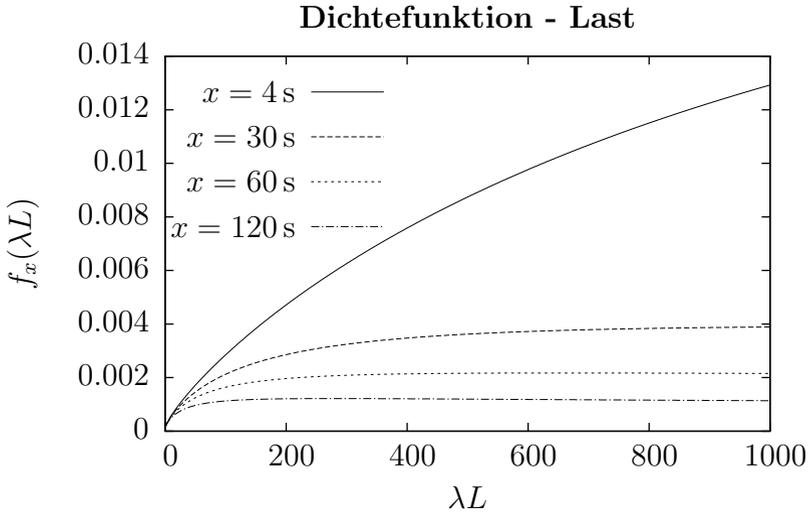
Außerdem konnte ein interessanter Zusammenhang zwischen $f_{\lambda L}(x)$ und der Menge an Kundenanfragen λL hergestellt werden. Um dies heraus zu kehren, wurde f als Funktion von λL neu definiert:

$$f_x(\lambda L) = \frac{1}{\ln(\lambda L + 1)} \frac{\lambda L}{\lambda L x + L}.$$

In Abbildung 3 wird die Wahrscheinlichkeit, dass die Zeitpunkte $x = 4, 30, 60$, und 120 s in Abhängigkeit von der Last λL für ein Video von zwei Stunden Länge übertragen werden, dargestellt. Die Werte von $f_{\lambda L}(x)$ steigen stark für kleine λL , was für das hiesige Vorhaben gut ist. Und wie erwartet ist die Steigung für kleine x besonders ausgeprägt.

Wenn man sich nun dazu entschließt, den Anfang eines Videos mit deutlich geringerer Bitrate zu kodieren als den Rest, dann kann unter Verwendung von hierarchischem Patching eine entscheidende Menge an Serverbandbreite eingespart werden. Diese Strategie wird mit *Low Start* [BH10] bezeichnet.

Wenn $0 \leq \alpha, \beta \leq 1$ und b die Kodierungsbitrate des Filmes darstellt, dann kann die Low

Abbildung 3: $P(x = 4, 30, 60, \text{ and } 120 \text{ s is transmitted})$

Start-Serverbandbreite $\hat{B}(\alpha, \beta)$ folgendermaßen aufgeschrieben werden:

$$\begin{aligned} \hat{B}(\alpha, \beta) &= \alpha b \ln(\lambda \beta L + 1) + b [\ln(\lambda L + 1) - \ln(\lambda \beta L + 1)] \\ &= b \ln(\lambda L + 1) - (b - \alpha b) \ln(\lambda \beta L + 1), \end{aligned} \quad (2)$$

wobei βL die Länge des Anfangs und αb die reduzierte Bitrate darstellen. $\hat{B}(\alpha, \beta)$ ist also auf jeden Fall kleiner als die ursprüngliche minimale Serverbandbreite $B = b \ln(\lambda L + 1)$.

In vielen Fällen ist dies auf natürliche Weise der Fall, da zu Beginn eines Filmes das Firmenlogo und/oder Credits angezeigt werden, welche eine deutlich geringere Bitrate bei der Kodierung benötigen als die meisten Videoszenen. Dies ist jedoch nicht immer der Fall. Vor allem moderne Filme beginnen nun immer häufiger mit einer Actionszene, um den Zuschauer gleich zu Beginn ins Geschehen eintauchen zu lassen und um ihn zu fesseln. In einem solchen Fall könnte sich die Reduzierung der Bitrate sehr negativ auf die Nutzerzufriedenheit auswirken.

Um sicher zu gehen, dass der vorgeschlagene Low Start-Ansatz die vom Kunden wahrgenommene Qualität auch dann nicht beeinträchtigt, wenn ein Film mit einer schwierig zu kodierenden Szene beginnt, wurde eine Nutzerstudie durchgeführt. Um sinnvolle Werte für α und β , also für die Länge des Anfangs und für das Ausmaß der Reduzierung der Bitrate zu wählen, wurden folgende Überlegungen angestellt:

Das Ziel von Low Start besteht darin, Serverbandbreite zu sparen. Daher wird als erstes darauf geachtet, *alpha* und *beta* so zu wählen, dass ein brauchbares Ergebnis erzielt werden kann. Dafür wird die Low Start-Bandbreitenfunktion $\hat{B}(\alpha, \beta)$ normiert, indem durch die Serverbandbreite ohne Anwendung von Low Start B , also wenn $\alpha = 1$ und $\beta = 0$

sind, dividiert wird.

$$\begin{aligned}
 \bar{B}(\alpha, \beta) &:= \frac{\hat{B}(\alpha, \beta)}{\hat{B}(1, 0)} \\
 &= \frac{\hat{B}(1, 0) - b(1 - \alpha) \ln(\beta \lambda L + 1)}{\hat{B}(1, 0)} \\
 &= 1 - \frac{(1 - \alpha) \ln(\lambda L \beta + 1)}{\ln(\lambda L + 1)}, \tag{3}
 \end{aligned}$$

wobei

$$\hat{B}(1, 0) = b \ln(\lambda L + 1).$$

Jetzt kann zum Beispiel eine Reduzierung der Serverbandbreite auf $R = 0.8$ festgelegt werden. Grafisch kann dieser Fall als Schnitt zwischen der Ebene mit der Höhe 0.8 mit der von $\bar{B}(\alpha, \beta)$ erzeugten Oberfläche dargestellt werden. Das Ergebnis kann in Abbildung 4 beobachtet werden, wobei $\lambda L = 1000$ gewählt wurde, da es nur notwendig ist, die Serverbandbreite zu reduzieren, wenn viele Anfragen das System erreichen.

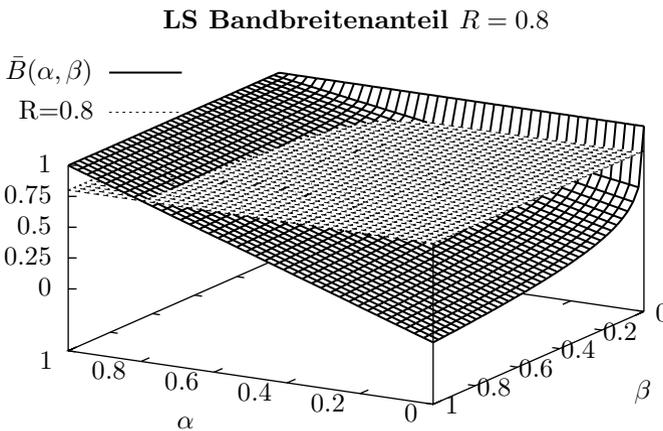


Abbildung 4: Bandbreite $\bar{B}(\alpha, \beta)$, Ebene $R = 0.8$

Wenn nun $\bar{B}(\alpha, \beta) = R$ gesetzt wird, kann β durch α folgendermaßen ausgedrückt werden:

$$\beta(\alpha) = \frac{(\lambda L + 1)^{\frac{1-R}{1-\alpha}} - 1}{\lambda L}. \tag{4}$$

Jetzt müssen nur noch Werte für α bestimmt werden und das Experiment kann aufgebaut werden. Die Auswahl der Bitraten für den Anfang der Videos richtete sich nach der

Einschätzung der vom Nutzer wahrgenommenen Qualität. Drei Qualitätsklassen wurden dafür definiert:

- Stufe 1: perfekt, keine erkennbaren Fehler (380 kbit/s, $\alpha = 1$)
- Stufe 2: gut, enthält aber Störungen (285 kbit/s, $\alpha = 0.75$)
- Stufe 3: noch akzeptabel, auch wenn das Video sichtbare Fehler enthält (247 kbit/s, $\alpha = 0.65$)

Bei einer gewünschten Serverbandbreitenreduzierung von $R = 0.8$ wurden zwei 30 Minuten lange Videos, $v_{0.65}^{0.8}$ und $v_{0.75}^{0.8}$, mit den in Tabelle 1 beschriebenen Eigenschaften erzeugt: Der obere Index von v steht für die erwünschte Bandbreitenreduzierung und der

Tabelle 1: Kodierungsparameter für Testvideos $R = 0.8$.

Video	Low Start	Bitrate kbit/s	Restdauer	Bitrate kbit/s
$v_{0.65}^{0.8}$	91 s	247	28 min 29 s	380
$v_{0.75}^{0.8}$	450 s	285	22 min 30 s	380

untere für α . Wenn R stärker reduziert werden soll, also auf 0.7, dann ergibt das ein Video, das mit $v_{0.65}^{0.7}$ bezeichnet wird und dessen Eigenschaften in Tabelle 2 angeführt werden. In diesem Fall kann kein zweites Video erzeugt werden, da das Ziel $R = 0.7$ mit der Qualitätsstufe 2 nicht einmal dann erreicht werden kann, wenn das gesamte Video mit $\alpha = 0.75$ kodiert wird.

Tabelle 2: Kodierungsparameter für Testvideos: $R = 0.7$.

Video	Low Start	Bitrate kbit/s	Restdauer	Bitrate kbit/s
$v_{0.65}^{0.7}$	670 s	247	18 min 50 s	380

Diese Videos wurden nun sowohl mit objektiven Methoden der Videoqualitätsmessung [DAO08], welche als Software zur Verfügung standen, als auch subjektiv mit Hilfe einer Nutzerstudie [ITU02] untersucht. Alle angewandten Methoden lieferten das gleiche Ergebnis:

Es konnte festgestellt werden, dass die Nutzer einen kurzen Anfang mit geringerer Bitrate gegenüber einer leichteren und dafür länger andauernden Störung bevorzugen.

Außerdem stellten die Nutzer keine Qualitätseinbußen bei Videos mit kurzen Anfängen fest. Man muss allerdings erwähnen, dass das Ergebnis der Nutzerstudie nicht in allen Fällen signifikant war. Daher galt es weitere Argumente zu finden, welche dieses Ergebnis bestätigen können.

Nach weiteren Beobachtungen konnte festgestellt werden, dass die Dateigrößen der Filme sich nach den gewählten Eigenschaften der Anfänge richteten. Genauer gesprochen, stellte

sich heraus, dass die Dateigröße von einem Video mit kurzem Low Start und geringerer Bitrate größer ist als die eines längeren und dafür moderateren Anfangs. Diese Eigenschaft würde eine stichfeste Begründung für das Ergebnis der objektiven Qualitätsmessung und der Nutzerstudie liefern. Sie bedeutet nämlich, dass Videos mit kurzen und schlechten Anfängen insgesamt mehr Bitrate zur Verfügung steht, als solchen mit besseren, aber dafür längeren Anfängen. Dies muss sich förmlich positiv auf die Gesamtqualität der Videos auswirken.

Daher galt es einen analytischen Beweis zu finden, der diese Beobachtung bestätigt und das Ergebnis der Studie untermauert. Die Dateigröße $s(\alpha)$ für eine gegebene Bitrate b , Videolänge L , Last λL und einer gewünschten Bandbreitenreduzierung R kann ausgedrückt werden als:

$$s(\alpha) = \beta(\alpha)L \cdot \alpha b + (1 - \beta(\alpha))L \cdot b, \quad (5)$$

wobei $\beta(\alpha)$ durch (4) gegeben ist.

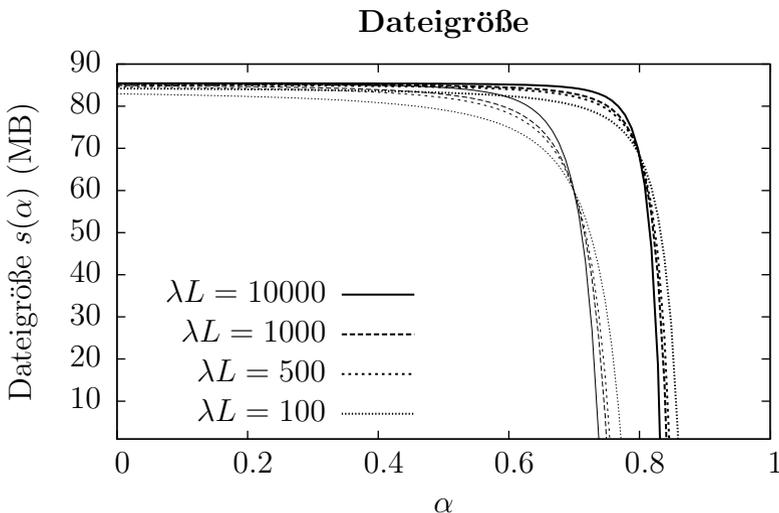


Abbildung 5: Video file size $s(\alpha)$, $R = 0.8$, $R = 0.7$

Das Verhalten der Funktion $s(\alpha)$ kann in Abbildung 5 beobachtet werden. Hier kann nun festgestellt werden, dass die Dateigröße mit steigendem α sinkt. Demnach ist die gesamte Datei kleiner, je höher die Bitrate des Anfangs ist und in Folge auch je länger dieser dauert.

Insgesamt konnte nun gezeigt werden, dass ein kurzer Low Start mit geringerer Bitrate einem längeren zu bevorzugen ist.

Um die Qualität von Video-on-Demand-Services speziell für Mobiles zu verbessern, wurde eine weitere Nutzerstudie zur Bestimmung der optimalen Framerate für verschiedene Handy-TV Inhaltstypen durchgeführt. Es stellte sich heraus, dass statt 25 oder 30 Bildern

pro Sekunde für Inhalte wie Nachrichtensendungen und Comics die Einstellung von 5 Bildern pro Sekunde bevorzugt wird. Die optimale Einstellung für Inhalte mit mehr Bewegung, wie zum Beispiel einem Fußballmatch, liegt auch nur bei 10 Bildern pro Sekunde.

3 Methodischer Ansatz der Arbeit

Das Spezielle dieser Arbeit besteht in der Kombination drei sehr unterschiedlicher Forschungsmethoden. Es wurde für die Berechnung der notwendigen Serverbandbreite ein analytisches Modell entwickelt. Eine Simulation wurde programmiert, um das vorgeschlagene Verfahren mit bereits existierenden Methoden besser vergleichen zu können. Zuletzt wurden Nutzerstudien durchgeführt, um die realen Auswirkungen der Kodierungsmethode "Low Start" auf die Nutzerzufriedenheit zu messen und die optimale Framerate zu bestimmen.

4 Anwendungsbereiche der Ergebnisse

Die Ergebnisse dieser Dissertation können einerseits für eine effizientere und adäquatere Kodierung von Videos im mobilen Bereich verwendet werden. Zum Beispiel wird Low Start bereits von IPTV-Anbietern angewendet. Die Nutzerzufriedenheit könnte gesteigert werden, wenn die Framerate von Videos, die am Handy konsumiert werden sollen, bei der Kodierung stark reduziert wird. Andererseits können die Ergebnisse für eine effiziente Medienverteilung eines Video-on-Demand-Systems verwendet werden.

5 Relevanz der Ergebnisse für die Medienproduktion oder -distribution

Für die AV-Medienproduktion ist das Low Start-Konzept sehr wichtig. Mit dem Wissen im Hinterkopf, dass ein Videobeginn, der wenig Bitrate benötigt, für die Verteilung der Medien von Vorteil ist, wird man eventuell Anfangsszenen, die sehr aufwändig zu kodieren sind, eher vermeiden. Natürlich ist es wichtig, den Zuseher gleich zu Beginn mit einem interessanten Inhalt zu fesseln. Dies sollte zumindest während der ersten Sekunden nicht mit einer sehr bewegten, aktiven Szene, wie zum Beispiel einer Explosion, geschehen. Auch die Erkenntnis, dass die Handy-TV-Nutzer eine geringere Bitrate bevorzugen, sollte auf die Parametereinstellungen bei der Kodierung einen Einfluss haben. Für die Bereitstellung eines Video-on-Demand-Systems könnte bei der AV-Mediendistribution überprüft werden, ob der aktuell verwendete Ansatz verbessert werden könnte.

Literatur

- [AWY96] C.C. Aggarwal, J.L. Wolf und P.S. Yu. On Optimal Piggyback Merging Policies for Video-On-Demand Systems. In *Proc. 1996 ACM SIGMETRICS Conf. Measurement and Modeling of Computer Systems*, 1996.
- [BCLMM05] G. Boggia, P. Camarda, L-Mazzeo und M. Mongiello. Performance of Batching Schemes for Multimedia-on-Demand Services. *IEEE Transactions on Multimedia*, 7(5):920–931, 2005.
- [BH10] Shelley Buchinger und Helmut Hlavacs. Optimal server bandwidth for mobile video on demand. *Annales des Télécommunications*, 65(1-2):31–46, 2010.
- [Bha05] M.S. Bhatia. Broadcasting Protocols. In *Proceeding of Parallel and Distributed Computing and Networks (PDCN 2005)*, Innsbruck, Austria, Feb. 2005.
- [DAO08] D.Vatolin, A.Moskvin und O.Petrov. MSU Video Quality Measurement Tool. http://compression.ru/video/quality_measure/video_measurement_tool_en.html, December 2008.
- [DSS94] A. Dan, D. Sitaram und P. Shahabuddin. Scheduling policies for an on-demand video server with batching. In *ACM Multimedia*, Seiten 391–398, Okt. 1994.
- [HB08] Helmut Hlavacs und Shelley Buchinger. Hierarchical Video Patching with Optimal Server bandwidth. *ACM Transactions on Multimedia Computing Communications and Applications (TOMCCAP)*, 4(1), 2008.
- [HCS98] K.A. Hua, Y. Cai und S. Sheu. Patching: A Multicast Technique for True Video-on-Demand Services. In *ACM Multimedia'98*, Seiten 191–200, Bristol, UK, Sept. 1998.
- [Hu01] A. Hu. Video-on-Demand Broadcasting Protocols: A Comprehensive Study. In *Proceedings of Twentieth Annual Joint Conference of the IEEE Computer and Communications Societies (INFOCOM 2001)*, Jgg. 1, Seiten 508–517, Anchorage, AK, USA, 2001.
- [ITU02] ITU-R BT.500-11. Methodology for the subjective assessment of the quality of television pictures. ITU-R BT.500-11, 2002.
- [KS03] T. Kameda und R. Sun. Survey on VOD broadcasting schemes. Bericht, School of Computing Science, SFU, August 2003.



Shelley Buchinger absolvierte 1999 ihr Mathematik Diplom-2008 ihr Mathematik/Informatikmanagement Lehramts- und 2010 ihr Doktoratsstudium der technischen Wissenschaften an der Universität Wien. Im Rahmen des Erasmusprogramms übersiedelte sie nach Rom, wo im Anschluss an ihr erstes Studium in der Industrie ihre berufliche Karriere begann. Heute ist sie als post-doc Assistentin in der Forschungsgruppe Entertainment Computing der Universität Wien tätig, wo sie ihre Arbeit auf die Themengebiete QoE, mobile Multimediaanwendungen, Nutzer-generierte Inhalte und hybride Qualitätsmodelle konzentriert. Im März 2011 wurde Shelley Buchinger der Doc.Award 2010, eine Auszeichnung der Stadt Wien für ihre wissenschaftliche Tätigkeit im Rahmen der Dissertation verliehen.

Modellierung und Verifikation von Fähigkeiten rationaler Agenten

Nils Bulling

Institut für Informatik, Technische Universität Clausthal, Deutschland
bulling@in.tu-clausthal.de

Abstract: In dieser Dissertation wird untersucht, wie rationales Verhalten von Agenten modelliert und verifiziert werden kann. Es werden diverse Ansätze durch formale logikorientierte Methoden ausgedrückt und die Komplexität der jeweiligen Modellverifikationsprobleme (*model checking problems*) bestimmt.

1 Einleitung

Temporale Logiken haben eine lange Tradition in der Informatik. Zu den prominentesten Temporallogiken zählen die *linear time temporal logic* **LTL** und die *computation tree temporal logic* **CTL**. In diesen Formalismen lassen sich beispielsweise *Deadlock*- und *Sicherheitseigenschaften* ausdrücken. Beide Logiken erlangten viel Aufmerksamkeit im Zusammenhang mit der Spezifikation und Verifikation von reaktiven Systemen [CES86].

Ende des 20. Jahrhunderts wurde in der klassischen verteilten KI ein neues Paradigma eingeführt, das der *Agenten*. Dieses hat zu einem wichtigen Forschungsgebiet im Bereich autonomer und verteilter Computersysteme [Woo02, Wei99] geführt. Ein großer Teil dieser Forschung beschäftigt sich mit Aspekten von kooperativen Agenten, insbesondere ihrer kollaborativen Fähigkeiten. Die *strategische* Logik **ATL** (*alternating time temporal logic*) wurde als ein formales Mittel vorgeschlagen [AHK02], um entsprechende Eigenschaften in Multiagentensystemen (MAS) zu spezifizieren und Schlussfolgerungen über selbige anzustellen. Bis heute gehört diese Logik zu den einflussreichsten ihrer Art und erfreut sich großer Beliebtheit, weil sie viele Erweiterungen zulässt, die ihre Ausdruckskraft erhöhen und sie so in neuen Kontexten anwendbar macht.

In **ATL** wird der **CTL**-Pfadquantor E (es gibt eine Berechnung) durch sogenannte *Kooperationsmodalitäten* $\langle\langle A \rangle\rangle$ ersetzt, die es erlauben, über Fähigkeiten einer Agentengruppe A zu reden. Eine Formel $\langle\langle A \rangle\rangle \gamma$ ist wahr, genau dann, wenn die Gruppe A eine Strategie hat, die γ garantiert, unabhängig davon wie sich die übrigen Agenten außerhalb von A verhalten. In verschiedenen Artikeln wurde gezeigt, dass sich diese Logik sehr gut zur Spezifikation und Verifikation von MAS, also *offenen Systemen*, eignet. Als illustrierendes Beispiel betrachten wir Mühle. Dieses Spiel ist gelöst, d.h. der beginnende Spieler hat eine Strategie, die ihn das Spiel nicht verlieren lässt. Dies lässt sich in **ATL** als $\langle\langle 1 \rangle\rangle \Box \neg \text{lose}_1$ ausdrücken (Spieler 1 hat eine Strategie, so dass er für alle Gegenstrategien von Spieler 2

nie verliert). Es gilt auch $\langle\langle 1, 2 \rangle\rangle \diamond \text{lose}_1$ (Spieler 1 und 2 haben eine Strategie, die Spieler 1 irgendwann verlieren lässt), $\langle\langle 1, 2 \rangle\rangle \diamond \text{lose}_2$ und $\neg \langle\langle 1, 2 \rangle\rangle \diamond (\text{lose}_1 \wedge \diamond \text{lose}_2)$, wenn beide Spieler, 1 und 2, kooperieren.

ATL erlaubt es allerdings nur, pure Fähigkeiten von Agenten zu modellieren, ohne auf höhere Konzepte wie Ziele, Präferenzen, Ressourcen oder ähnliche Eigenschaften einzugehen. Obwohl $\langle\langle 1, 2 \rangle\rangle \diamond \text{lose}_1$ gilt, sollte ein rationaler Spieler (hier: Spieler 1) die Absicht haben, zu gewinnen. Also sollte er in diesem Fall nicht mit Spieler 2 kooperieren. Hier knüpft meine Dissertation an. Es werden Logiken erweitert, um das Verhalten *rationaler* Agenten zu untersuchen. Der Schwerpunkt liegt auf der Entwicklung von *Logiken zur Modellierung* rationaler Agenten und den Komplexitätsuntersuchungen der zugehörigen *Modellverifikationsprobleme* (*model checking problems*).

Die Untersuchung des Verhaltens rationaler Agenten ist ein Kerngebiet der KI. In den letzten Jahren haben Computersysteme viele neue Anwendungsbereiche, in denen Systeme direkt oder indirekt mit Menschen interagieren oder den Menschen auf unterschiedlichste Arten unterstützen sollen (*human-centered computing*), erschlossen.

In meiner Arbeit werden unter anderem spieltheoretische Konzepte genutzt, um die oben genannten Aspekte zu untersuchen. Die Untersuchung von rationalem Verhalten war einer der Ausgangspunkte der Spieltheorie: Bei der Analyse von Spielen wird in der Regel angenommen, dass Spieler im Sinne eines festgelegten Lösungskonzeptes (z. B. Nash-Gleichgewicht) agieren. Entsprechende Zusammenhänge zwischen **ATL** und spieltheoretischen Konzepten wurden zwar bereits von mehreren Autoren untersucht (siehe z.B. [vdHW02, vOvdHW03]). Der Schwerpunkt lag jedoch hauptsächlich auf der Charakterisierung und weniger auf der Verwendung von solchen Lösungskonzepten.

Die Logik **ATLP** (*alternating time temporal logic with plausibility*) [BJD09], die in meiner Dissertation eingeführt wird, verallgemeinert existierende Ansätze und eignet sich sowohl zur Charakterisierung als auch zur Nutzung von spieltheoretischen Konzepten. Dadurch wird es ermöglicht, das Verhalten von Agenten auf ein plausibles zu reduzieren und so den Strategieraum mitunter stark einzuschränken.

In einer anderen Erweiterung von **ATL** steht nicht rationales Verhalten im Sinne von verfügbaren Strategien im Vordergrund, sondern ob Koalitionen Anreize (z.B. gemeinsame Ziele) haben, zu kooperieren [BCD08]. Dieser Ansatz kombiniert **ATL** mit Argumentationstheorie.

Beide beschriebenen Szenarien unterliegen der Annahme, dass Agenten vollständige Informationen über ihre Umgebung haben. Modelltheoretisch bedeutet dies, dass je zwei verschiedene Welten im Modell unterscheidbar sind. In meiner Dissertation werden zwei Ansätze betrachtet, die es erlauben, rationales Verhalten von Agenten mit *unvollständigen* Informationen zu modellieren. Um dies zu erreichen, wird **ATLP** um klassische epistemische Konzepte erweitert. Zusammenhänge zwischen epistemischen und doxastischen Eigenschaften in Verbindung mit Rationalitätsannahmen werden untersucht [BJ09a].

In dem zweiten Ansatz zur Modellierung von unvollständigen Informationen wird die qualitative Semantik von **ATL** („gewinne oder verliere“) um wahrscheinlichkeitstheoretische Konzepte erweitert. Motiviert wird diese Erweiterung durch eine Vielzahl von Szenarien, in denen die Gegner nicht genügend Informationen haben, um die für die Proponenten

ungünstigste Strategie zu identifizieren [BJ09b]. Letzteres entspricht aber genau der Annahme, die der restriktiven Semantik von **ATL** unterliegt.

Schließlich wird untersucht, wie sich Ressourcen auf das Verhalten rational agierender Agenten auswirken. Es wird gezeigt, dass viele Logiken dieser Art ein unentscheidbares Modellverifikationsproblem besitzen [BF10b].

2 Präliminarien: Strategische Logik und Modellverifikation

Die strategische Logik ATL Im Folgenden sei $\mathbb{A}gt = \{1, \dots, k\}$ eine nicht leere und endliche Menge von *Agenten*, Q eine nicht leere und endliche Menge von *Zuständen* und Π eine Menge von *Propositionen*. Die strategische Logik **ATL** [AHK02] (*alternating time temporal logic*) verallgemeinert die *computation tree logic* **CTL**: Die Pfadquantoren E und A werden durch die Kooperationsmodalitäten $\langle\langle A \rangle\rangle$ ersetzt, wobei $A \subseteq \mathbb{A}gt$ eine Gruppe von Agenten repräsentiert. Die Formel $\langle\langle A \rangle\rangle \gamma$ drückt aus, dass die Koalition A eine *kollektive Strategie* hat, um γ zu garantieren. Formal wird die Sprache von **ATL** durch folgende BNF-Grammatik definiert: $\varphi ::= p \mid \neg \varphi \mid \varphi \wedge \varphi \mid \langle\langle A \rangle\rangle \bigcirc \varphi \mid \langle\langle A \rangle\rangle \square \varphi \mid \langle\langle A \rangle\rangle \varphi \mathcal{U} \varphi$, wobei $A \subseteq \mathbb{A}gt$ und $p \in \Pi$. Für eine einelementige Gruppe $\{a\}$ wird einfachheitshalber $\langle\langle a \rangle\rangle$ geschrieben. Die temporalen Operatoren \square (immer), \bigcirc (im nächsten Moment) und \mathcal{U} (bis) erlauben es, Aussagen über zeitliche Abläufe entlang einer Berechnung (d.h., einer ω -Sequenz über Q) zu machen. Überdies wird $\diamond \varphi$ (irgendwann) als $\mathcal{U} \varphi$ definiert. Die Formel $\langle\langle A \rangle\rangle r \mathcal{U} s$ drückt beispielsweise aus, dass die Gruppe A eine Strategie hat, die die Proposition s wahr macht, und dass bis dahin r gilt.

Die Semantik der Logik wird über *simultane Spielstrukturen* (*concurrent game structures*) (CGSS) definiert [AHK02]. Eine solche Struktur ist durch ein 7-Tupel $\mathfrak{M} = \langle \mathbb{A}gt, Q, \Pi, \pi, Act, d, o \rangle$ gegeben. Neben den bereits bekannten beinhaltet sie folgende Elemente: (i) eine Valuationsfunktion $\pi : \Pi \rightarrow \mathcal{P}(Q)$, (ii) eine nicht leere und endliche Menge Act von Aktionen, (iii) eine Verfügbarkeitsfunktion $d : \mathbb{A}gt \times Q \rightarrow \mathcal{P}(Act)$, welche angibt, welche Aktionen in welchen Zuständen von welchen Agenten ausgeführt werden können, und (iv) eine deterministische Transitionsfunktion o , die jedem Zustand $q \in Q$ und jedem Aktionsprofil $\langle \alpha_1, \dots, \alpha_k \rangle$ mit $\alpha_i \in d(i, q)$, für $1 \leq i \leq k$, einen eindeutig bestimmten Nachfolgezustand $q' = o(q, \alpha_1, \dots, \alpha_k)$ zuordnet. Anstelle von $d(a, q)$ schreiben wir $d_a(q)$. In Abbildung 1 ist eine CGS abgebildet.

Die Formel $\langle\langle A \rangle\rangle \gamma$ drückt aus, dass die Agenten in A eine sogenannte *Gewinnstrategie* haben, um γ zu verwirklichen. Es wird zwischen *speicherlosen Strategien für einen Agenten* a , $s_a : Q \rightarrow Act$ mit $s_a(q) \in d_a(q)$, die jedem

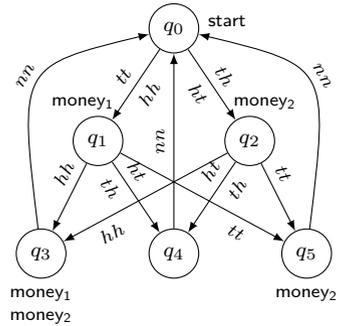


Abbildung 1: CGS \mathfrak{M} mit 2 Agenten, die die Aktionen h , t , und n ausführen können. Ein Tupel th entspricht dem Aktionsprofil, bei dem Agent 1 t und Agent 2 h ausführt. $start$, $money_1$ und $money_2$ sind Propositionen.

Zustand eine Aktion zuweist und *speichernutzenden Strategien* unterschieden. Letztere werden durch Funktionen $s_a : Q^+ \rightarrow Act$ mit $s_a(q_0 \dots q_n) \in d_a(q_n)$ repräsentiert. Eine *kollektive Strategie* s_A für eine Gruppe A ist ein Tupel $(s_{a_1}, \dots, s_{a_{|A|}})$, bestehend aus einer individuellen Strategie s_{a_i} für jeden Agenten $a_i \in A$. Für eine solche kollektive Strategie s_A wird $s_A|_a$ genutzt, um auf a 's Strategie s_a in s_A zu referenzieren, für $a \in A$.

Führen Agenten eine Strategie s_A aus, resultiert dies in einer Menge von Pfaden in der unterliegenden CGS. Für $A = \mathbb{A}gt$ wird genau ein Pfad generiert (Determinismus!). Ein *Pfad* oder eine *Berechnung* ist eine ω -Sequenz $\lambda = q_0q_1 \dots \in Q^\omega$ von Zuständen. $\lambda[i] = q_i$ bzw. $\lambda[i, j]$ referenziert auf den i -ten Zustand bzw. auf die Sequenz $\lambda[i] \dots \lambda[j]$ für $i \leq j$. Gültig ist auch $j = \infty$. Das *Resultat einer Strategie* s_A in einem Zustand q ist die Menge $out_{\mathfrak{M}}(q, s_A)$, die alle Pfade $\lambda = q_0q_1 \dots$ enthält, so dass $q_0 = q$ und es für jedes $i = 0, 1 \dots$ einen Aktionsvektor $\langle \alpha_1^{i-1}, \dots, \alpha_k^{i-1} \rangle$ mit $\alpha_a^{i-1} \in d_a(q_{i-1})$ für jeden Agenten $a \in \mathbb{A}gt$ gibt, so dass $\alpha_a^{i-1} = s_A|_a(q_0q_1 \dots q_{i-1})$ für jeden Agenten $a \in A$, und $o(q_{i-1}, \alpha_1^{i-1}, \dots, \alpha_k^{i-1}) = q_i$. Das Resultat einer speicherlosen Strategie wird analog definiert.

Die *speicherlose bzw. speichernutzende Semantik* von **ATL** wird wie folgt definiert (für andere Formeln ist die Semantik standard):

$\mathfrak{M}, q \models p$ gdw. $\lambda[0] \in \pi(p)$ und $p \in \Pi$;

$\mathfrak{M}, q \models \langle\langle A \rangle\rangle \gamma$ gdw. es gibt eine speicherlose bzw. speichernutzende Strategie s_A für A , so dass für alle Pfade $\lambda \in out(q, s_A)$ gilt $\mathfrak{M}, \lambda \models \gamma$ und

$\mathfrak{M}, \lambda \models \Box \gamma$ gdw. $\mathfrak{M}, \lambda[1, i] \models \gamma$ für alle $i \in \mathbb{N}_0$;

$\mathfrak{M}, \lambda \models \gamma \mathcal{U} \delta$ gdw. es gibt $i \in \mathbb{N}_0$, so dass $\mathfrak{M}, \lambda[i, \infty] \models \delta$ und $\mathfrak{M}, \lambda[j, \infty] \models \gamma$ für alle $0 \leq j < i$.

Die Logiken **ATL**⁺ und **ATL**^{*} erweitern **ATL**. **ATL**⁺ erlaubt Boolesche Kombinationen von Pfadformeln, z.B. $\langle\langle A \rangle\rangle (\Diamond_{clean} \wedge \Diamond_{deliver})$. **ATL**^{*} ist noch ausdrucksstärker: Temporaloperatoren und Kooperationsmodalitäten können beliebig kombiniert werden.

Beide Semantiken, die speicherlose und die speichernutzende, können auch um *unvollständige Informationen* erweitert werden. Dazu wird für jeden Agenten a eine *Äquivalenzrelation* $\sim_a \subseteq Q \times Q$ eingeführt. Stehen zwei Zustände in Relation, $q \sim_a q'$, bedeutet dies, dass beide Zustände für den Agenten a ununterscheidbar sind. Dies hat starke Auswirkungen auf die strategischen Fähigkeiten von Agenten.

Modellverifikation In Kombination mit diesen Logiken erlangte insbesondere das *Modellverifikationsproblem* (*model checking problem*), welches zur formalen Verifikation von Systemen eingesetzt wird, große Bedeutung. Das Modellverifikationsproblem erwartet als Eingabe ein Modell \mathfrak{M} , einen Zustand q in diesem Modell und eine Formel φ und entspricht der Frage, ob $\mathfrak{M}, q \models \varphi$ gilt. Es wird also bestimmt, ob die Formel φ in \mathfrak{M} und q wahr ist oder nicht.

Die Modellverifikationsprobleme von **ATL** bzw. **ATL**^{*} sind P- bzw. **2EXPTIME**-vollständig bzgl. der speichernutzenden Semantik [AHK02]. Die angegebene Komplexität für

ATL lässt sich auch nicht verbessern, wenn die weniger komplexen speicherlosen Strategien verwendet werden. Der Grund dafür ist, dass sich beide Semantiken für **ATL** nicht unterscheiden: Die Sprache ist nicht ausdrucksstark genug. Ein Resultat, welches in meiner Dissertation bewiesen wird, ist, dass beide Semantiken zu unterschiedlicher Komplexität bzgl. der Sprache **ATL**⁺ führen. Bisher wurde angenommen, dass das Modellverifikationsproblem für **ATL**⁺ für beide Semantiken Δ_3^P -vollständig ist [Sch04]. Leider bedeutet das neue Resultat aus meiner Dissertation, dass Agenten mit Speicher schwerer (unter den üblichen Annahmen) zu verifizieren sind, als zuvor geglaubt: Das Modellverifikationsproblem für **ATL**⁺ unter Verwendung der speichernutzenden Semantik ist **PSPACE**-vollständig [BJ10].

3 Modellierung rationaler Agenten

Analyse von rationalem Spiel In meiner Dissertation wird unter anderem untersucht, wie sich rationales Verhalten mithilfe von spieltheoretischen Mitteln analysieren lässt. **ATL** erlaubt es auszudrücken, dass eine Gruppe A eine Strategie hat, eine Formel γ zu garantieren: $\langle\langle A \rangle\rangle\gamma$. Alle möglichen Verhaltensweisen von A , als auch von den Opponenten $\text{Ag} \setminus A$, werden dabei betrachtet. Solch eine Aussage ist schwächer als sie auf den ersten Blick anmuten lässt. Oftmals ist es legitim anzunehmen, dass sich Agenten gemäß gewisser Rationalitätsannahmen verhalten. Sie sind nicht komplett unwissend, z. B. sollten in der Regel keine dominierten Strategien gespielt werden. Solche Beobachtungen erlauben es, den Lösungsraum einzuschränken und sich auf rationales Verhalten zu beschränken. Zu diesem Zweck stelle ich in meiner Dissertation die Logik **ATLP** (*alternating time temporal logic with plausibility*) und diverse Fragmente vor. In diesem Abstrakt wird hauptsächlich das Fragment **ATLP**^{base} betrachtet. **ATLP**^{base} erweitert **ATL** um die Operatoren PI_A und **(set-pl)** ω , wobei $\omega \in \Omega$ ein *Plausibilitätsterm* aus einer nicht leeren Menge Ω ist. Der erste Operator drückt aus, dass Agenten in A rational agieren, wohingegen der zweite Operator dynamisch beschreibt, was unter Rationalität zu verstehen ist. Der Leser möge sich unter dem *Plausibilitätsterm* ω etwa eine Beschreibung von Strategien im Nash-Gleichgewicht oder dominante Strategien vorstellen. Modelle für **ATLP**^{base} erweitern CGSS um folgende Elemente: Eine Menge Υ von *plausiblen* speicherlosen Strategieprofilen (*Plausibilitätsmenge*), eine Menge Ω von Plausibilitätstermen, und eine *Plausibilitätsabbildung* $\llbracket \cdot \rrbracket : Q \rightarrow (\Omega \rightarrow \mathcal{P}(\Sigma))$, welche jedem Plausibilitätsterm zustandsabhängig eine Menge von Strategien zuweist. Σ steht für die Menge aller speicherlosen Strategien. Anstelle von $\llbracket q \rrbracket(\omega)$ wird $\llbracket \omega \rrbracket^q$ geschrieben. Zur Illustration wird die Formel **(set-pl)** $\omega_{\text{NE}} \text{PI}_B \langle\langle A \rangle\rangle\gamma$ betrachtet. Sie liest sich wie folgt: Angenommen es ist rational, Strategien im Nash-Gleichgewicht zu spielen, **(set-pl)** ω_{NE} , und alle Agenten in der Gruppe B agieren gemäß dieser Rationalitätsannahme, PI_B , dann hat die Gruppe A eine Strategie, um γ zu garantieren.

In dieser Grundlogik ist die Denotation der Terme ω fest durch den Entwickler gegeben. Im nächsten Schritt zur vollständigen Logik **ATLP** wird **ATLP**^{base} so erweitert, dass plausible Strategien durch geschachtelte **ATLP**-Formeln charakterisiert werden können. Es werden Variablen σ , deren semantische Interpretation Strategien aus Σ sind, eingeführt. Für die Interpretation von spieltheoretischen Lösungskonzepten werden *Nutzenfunktionen* (wie in

der Spieltheorie üblich) benötigt. Sie geben an, wie erfolgreich Strategieprofile sind. Dazu werden temporallogische Formeln herangezogen: Erfüllt der durch ein vollständiges Strategieprofil eindeutig bestimmte Pfad die Zielformel, ist das Strategieprofil erfolgreich, sonst nicht. Daher nutzen wir auch den Begriff *Zielformel* für die Nutzenfunktion.

Zur Illustration wird erneut die CGS \mathfrak{M} aus Abbildung 1 betrachtet. Es wird angenommen, dass die beiden Agenten die Zielformeln η_1 bzw. η_2 aus Abbildung 2 besitzen. Die Abbildung zeigt das Normalformspiel $\mathcal{S}(\mathfrak{M}, (\eta_1, \eta_2), q_0)$, welches aus \mathfrak{M} , η_1 , η_2 und dem Startzustand q_0 gewonnen wird. Beispielsweise erfüllt der Pfad $(q_0q_1q_3)^\omega$, der zur Strategie (s_{hhh}, s_{hhh}) gehört, beide Zielformeln, und entsprechend ist der jeweilige Erfolg dieser Strategie für beide Agenten 1. Dieses Vorgehen erlaubt es, CGSS mit strategischen Spielen zu verknüpfen, und so Formeln mit Lösungskonzepten in Relation zu setzen. Beispielsweise charakterisiert die Formel

$$BA_a^{\eta_a}(\sigma) \equiv (\mathbf{set-pl} \sigma[\mathbb{A}gt \setminus \{a\}])\mathbf{PI} \left((\langle\langle a \rangle\rangle \eta_a) \rightarrow (\mathbf{set-pl} \sigma) \langle\langle \emptyset \rangle\rangle \eta_a \right)$$

eine Beste-Antwort-Strategie (BA) σ_a von Agent a für ein gegebenes Strategieprofil $\sigma_{\mathbb{A}gt \setminus \{a\}}$ der Gegner, wobei η_a die Zielformel von a ist. Die Formel liest sich wie folgt: Angenommen alle Spieler in $\mathbb{A}gt \setminus \{a\}$ spielen gemäß σ ($(\mathbf{set-pl} \sigma[\mathbb{A}gt \setminus \{a\}])$) und a hat eine Strategie, um seine Zielformel η_a zu erfüllen ($\langle\langle a \rangle\rangle \eta_a$), dann wird diese auch dann erfüllt, wenn a die Strategie σ_a spielt ($(\mathbf{set-pl} \sigma) \langle\langle \emptyset \rangle\rangle \eta_a$). Es gibt also keine bessere Strategie für a . In meiner Dissertation wird gezeigt, wie man durch Formeln von **ATLP** viele Standardlösungskonzepte charakterisieren kann [BJD09].

Die Logik **ATLP** erweitert die Grundlogik außerdem um die Möglichkeit, über Strategien zu quantifizieren und Plausibilitätsterme beliebig zu schachteln. Es wird gezeigt, dass **ATLP**^{base} Δ_3^P -vollständig und die allgemeine Logik **PSPACE**-vollständig ist. Weiterhin werden die oberen Komplexitäten von allen dazwischenliegenden Fragmenten bestimmt.

In meiner Dissertation werden auch syntaktische Fragmente und eingeschränkte Klassen von Modellen identifiziert, die ein handhabbares Modellverifikationsproblem besitzen. Es wird insbesondere gezeigt, dass Modellverifikation in polynomieller, deterministischer Zeit möglich ist, wenn die Menge der plausiblen Strategien eine gewisse Struktur hat, nämlich wenn diese rechteckig ist. Letzteres bedeutet, dass die Plausibilitätsmenge gegen Kombinationen von Teilstrategien abgeschlossen ist.

Unvollständige Informationen und Ungewissheit Die Logik **ATLP** erlaubt es, Aussagen über rationales Verhalten von Agenten mit perfekten Informationen zu treffen. In der

$\eta_1 \setminus \eta_2$	s_{hhh}	s_{hht}	s_{hth}	s_{htt}	s_{thh}	s_{tht}	s_{tth}	s_{ttt}
s_{hhh}	1,1	1,1	0,0	0,0	0,1	0,1	0,1	0,1
s_{hht}	1,1	1,1	0,0	0,0	0,1	0,1	0,1	0,1
s_{hth}	0,0	0,0	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1
s_{htt}	0,0	0,0	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1
s_{thh}	0,1	0,1	0,1	0,1	1,1	1,1	0,0	0,0
s_{tht}	0,1	0,1	0,1	0,1	1,1	1,1	0,0	0,0
s_{tth}	0,1	0,1	0,1	0,1	0,0	0,0	0,1	0,1
s_{ttt}	0,1	0,1	0,1	0,1	0,0	0,0	0,1	0,1

Abbildung 2: Strategien und die dazugehörigen Pfade für die CGS aus Abbildung 1. Als Zielformeln werden $\eta_1 \equiv \Box(\neg \text{start} \rightarrow \text{money}_1)$ und $\eta_2 \equiv \Diamond \text{money}_2$ gewählt. Pareto-optimale Profile sind fett und Nash Gleichgewichte grau hinterlegt dargestellt. Dabei ist $s_{x_0x_1x_2}$ die Strategie, in der der Spieler Aktion $x_i \in \{h, t\}$ in Zustand q_i spielt, für $i = 0, 1, 2$ und n in q_j für $j = 3, 4, 5$.

Dissertation wird **ATLP** daher erweitert, um auch Agenten mit unvollständigen Informationen modellieren zu können. Die resultierende Logik **CSLP** [BJ09a] beinhaltet nun auch epistemische Operatoren. Außerdem erlaubt das Plausibilitätskonzept eine nicht klassische Unterscheidung von epistemischen und doxastischen Eigenschaften. Das Zusammenspiel dieser Konzepte wird analysiert und die **KDT45**-Axiome werden betrachtet.

Einen anders motivierten Zugang zu unvollständigen Informationen verfolgt die Logik **pATL** (*alternating time temporal logic with probabilistic success*) [BJ09b]. Die Idee lässt sich am besten anhand einer anderen aber äquivalenten Interpretation der **ATL** Formel $\langle\langle A \rangle\rangle\gamma$ verdeutlichen: A hat eine Gewinnstrategie, die gegen die für A *ungünstigste* Strategie von A 's Opponenten erfolgreich ist. Dies bedeutet implizit, dass die Opponenten die Fähigkeit haben müssen, diese ungünstigste Strategie herauszufinden. Dafür müssen aber z. B. entsprechende Kommunikationswege vorhanden sein. Diese Annahme ist nicht immer gerechtfertigt. Darüber hinaus ist die Semantik von **ATL** qualitativ: Besteht nur eine Möglichkeit, die Formel falsch zu machen, egal wie unwahrscheinlich es ist, diese Möglichkeit zu finden, dann ist die Formel falsch. In vielen Szenarien (z.B. in diversen nicht sicherheitskritischen Systemen) ist es jedoch wünschenswert, Erfolg zu einer gewissen Wahrscheinlichkeit zu garantieren. Betrachten wir etwa den Fall, in dem die Opponenten n Strategien haben, von denen nur eine schlecht für A ist, also die betrachtete Formel γ falsch machen würde. Es gilt $\neg\langle\langle A \rangle\rangle\gamma$. Weiterhin sei es der Fall, dass jeder Opponent seine (individuelle) Strategie unabhängig von den anderen Opponenten wählt, z. B. aufgrund fehlender Kommunikationsmöglichkeiten. In diesem Fall ist γ jedoch mit einer Wahrscheinlichkeit von $1 - \frac{1}{n}$ wahr.

Dieses Beispiel dient als Motivation für **pATL**. Kooperationsmodalitäten werden zu $\langle\langle A \rangle\rangle_{\omega}^p\gamma$ erweitert. Sie drücken aus, dass die Gruppe A eine Strategie hat, γ mit einer Wahrscheinlichkeit von $p \in [0, 1]$ zu garantieren, wenn das erwartete Verhalten der Gegner durch eine Wahrscheinlichkeitsverteilung ω modelliert wird.

Die generische Logik **pATL**_{BH} erlaubt eine beliebige probabilistische Voraussage über das Verhalten der Gegner. Meine Dissertation befasst sich genauer mit zwei Instanzierungen: gemischte Strategien (hierzu wird die Logik **pATL**_{MMS} eingeführt) und Verhaltensstrategien (*behavioural strategies*) (dies führt zur Logik **pATL**_{BS}). Es wird unter anderem gezeigt, dass **pATL**_{MMS} **ATL** verallgemeinert: $\mathfrak{M}, q \models_{\text{ATL}} \langle\langle A \rangle\rangle\gamma$ gdw. $\mathfrak{M}, q \models_{\text{pATL}_{MMS}} \langle\langle A \rangle\rangle_{\omega}^1\gamma$, dies jedoch im Allgemeinen nicht für **pATL**_{BS} gilt. Überraschend sind insbesondere die Komplexitäten der Modellverifikationsprobleme beider Logiken. Obwohl die Theorie hinter **pATL**_{BS} sehr viel komplexer als die hinter **pATL**_{MMS} ist – die Semantik von der ersten Logik wird über kontinuierlichen Maßintegralen definiert und die der zweiten „nur“ über einer endlichen Summe – verhält es sich mit der Schwierigkeit der Verifikationsprobleme entgegengesetzt. Das Modellverifikationsproblem für **pATL**_{MMS} ist **PP**-hart und in **PSPACE** und für **pATL**_{BS} ist das Problem nur **P**-vollständig [BJ09b].

Agenten mit beschränkten Ressourcen Ein anderer Aspekt rationalen Verhaltens, der in meiner Dissertation betrachtet wird, ist der Effekt von Ressourcen auf die Fähigkeiten von Agenten. In **ATL** wird angenommen, dass Agenten alle ihre zur Verfügung stehenden Aktionen (immer) ausführen können. Es werden Erweiterungen von **ATL** betrachtet, in denen Aktionen Ressourcen konsumieren und produzieren können. Insbesondere die Pro-

duktion von Ressourcen stellt sich als kostenintensiv heraus. Es wird bewiesen, dass das Modellverifikationsproblem oftmals unentscheidbar ist, wenn der Verbrauch als auch die Produktion von Ressourcen möglich ist.

Zunächst wird die Auswirkung der Hinzunahme von Ressourcen zu **CTL**, also dem 1-Agenten-Fall, untersucht. Es wird gezeigt, wie ressourcenbeschränkte Systeme modelliert und durch die Logik **RTL** analysiert werden können. Das Gegenstück der **CTL**-Formel $E\gamma$ (es gibt eine Berechnung, entlang welcher γ gilt) ist die Formel $\langle \rho \rangle \gamma$: Für eine gegebene Menge ρ an verfügbaren Ressourcen gibt es eine Berechnung, die γ erfüllt und die mit den gegebenen Ressourcen realisierbar ist. Überdies werden verschiedene Sprachen unterschiedlicher Ausdrucksstärke vorgestellt und untersucht. Das Hauptresultat, welches Ergebnisse über (entscheidbare) Petri-Netz-Probleme nutzt, zeigt, dass das Modellverifikationsproblem für **RTL** entscheidbar ist [BF10a].

Aufbauend auf dem 1-Agenten-Fall werden ressourcenbeschränkte *Multiagentensysteme* betrachtet. Obwohl die Grundidee dieselbe ist, stellt sich dieses Szenario als weitaus komplexer dar. In meiner Arbeit wird analysiert, *was* in ressourcenbeschränkten Systemen prinzipiell verifizierbar ist (also, *was* entscheidbar ist). Handhabbare Teilsysteme sollen in zukünftiger Forschung identifiziert werden. Im Folgenden wird kurz auf die verschiedenen Logiken und deren Eigenschaften eingegangen. Zunächst werden die drei Logiken **RAL**, **RAL⁺** und **RAL^{*}**, die mit den drei bekannten Logiken **ATL**, **ATL⁺** und **ATL^{*}** korrespondieren, definiert. **RAL** ist die eingeschränkste Logik und **RAL^{*}** die ausdrucksstärkste. Es werden wieder speicherlose (durch ein r gekennzeichnet) und speichernutzende Strategien (durch ein R gekennzeichnet) betrachtet. Das erste Ergebnis ist ein negatives: Das Modellverifikationsproblem ist sogar schon für die ausdruckschwächste Sprache mit speicherlosen Strategien (d.h. für **RAL_r**) und einem einzigen Agenten unentscheidbar [BF10b]!

	\mathcal{L}_{RAL^*}	\mathcal{L}_{RAL^+}	\mathcal{L}_{RAL}	$pr\text{-}\mathcal{L}_{RAL^*}$	$pr\text{-}\mathcal{L}_{RAL^+}$	$pr\text{-}\mathcal{L}_{RAL}$
\models_R	U^1	U^1	U^1	U^1	U^1	U^1
\models_r	U^1	U^1	U^1	U^2	U^2	U^2
$rf+\models_R / \models_R^\infty$	U^2	U^2	U^2	U^2 / U_∞^2	$? / U_\infty^2$	$? / U_\infty^2$
$rf+\models_r$?	?	?	?	?	?
\models_R^k, \models_r^k	D	D	D	D	D	D

Abbildung 3: Übersicht über die Komplexitäten der Modellverifikationsprobleme. Jede Zelle entspricht der Logik, die sich aus Sprache und Semantik ergibt. Der Inhalt einer Zelle gibt an, ob das Problem entscheidbar (D) oder unentscheidbar (U^x) ist. x gibt die Anzahl der notwendigen Agenten an.

Zum Beweis der Unentscheidbarkeit wird das Halteproblem von 2-Zählerautomaten auf das entsprechende Modellverifikationsproblem reduziert. Dabei simulieren zwei verschiedene Ressourcentypen die Zählerstände vom Automaten, und ein Agent (der als

Gegner fungiert) simuliert die Berechnungen des Automaten.

Ist also nun alles andere auch unentscheidbar? Ohne weitere restriktive Annahmen ist dies offensichtlich der Fall. Aus diesem Grund werden zwei weitere einschränkende Annahmen gemacht. In den *ressourcenflachen* Varianten (kurz *rf*) können geschachtelte Kooperationsoperatoren nicht dynamisch auf die noch vorhanden Ressourcen zugreifen. Bei jedem Vorkommen eines Operators $\langle\langle A \rangle\rangle$ muss die Ressourcenverteilung explizit angegeben werden. In der zweiten Einschränkung, der *Proponenten-Restriktivität* (kurz *pr*), verbrauchen nur die Proponenten Ressourcen (d.h., die Agenten, die in den Kooperationsmodalitäten auftauchen). Die Opponenten sind diesbezüglich nicht eingeschränkt.

Weiterhin wird gezeigt, dass das Problem selbst im *pr*-Kontext für einen einzigen Agenten unentscheidbar bleibt, wenn speichernutzende Strategien verwendet werden. Ähnlich verhält es sich mit den *rf*-Varianten, in der Reduktion werden jedoch zwei Agenten genutzt. Auch für die Kombination von beiden Einschränkungen (d.h. im Fall von **rf-pr-RAL_R***) bleibt das Problem im Allgemeinen unentscheidbar. Es werden allerdings zwei Agenten und eine ausdrucksstärkere Sprache benötigt (oder eine etwas stärkere Semantik, auf die hier aber nicht weiter eingegangen werden kann).

Eine Übersicht über alle Resultate ist in Abbildung 3 dargestellt. Wie die Tabelle zeigt, sind noch nicht alle Kombinationen vollständig untersucht. In meiner Arbeit wurden auch *entscheidbare* Szenarien betrachtet, in dem die Menge der Ressourcen beschränkt oder eine beschränkte Semantik genutzt worden ist.

4 Schlussfolgerungen

In meiner Dissertation wurden formale Ansätze zur Modellierung von rationalen Agenten vorgestellt. Die meisten von ihnen basieren auf der strategischen Logik **ATL** [AHK02].

Ein großer Teil meiner Arbeit befasste sich mit rationalem Verhalten aus einer spieltheoretischen Perspektive. Dazu wurden zunächst die bereits vorhandenen Verbindungen zwischen strategischen Logiken und Spielen vorgestellt und erweitert. Daraus resultierte die flexible und ausdrucksstarke Logik **ATLP**, welche vorhandene Logiken verallgemeinert und es erlaubt, spieltheoretische Lösungskonzepte zu charakterisieren und diese auch zu nutzen, um die Effekte von Plausibilitätsannahmen über Multiagentensystemen zu analysieren. Dadurch ist es möglich, die Menge der Strategien einzuschränken und spezifischere Aussagen über Agenten zu machen. Im Einklang mit den Zielen der Arbeit – nämlich der Modellierung und der Verifikation von MAS – wird die Komplexität des Modellverifikationsproblems untersucht.

Ausgehend von **ATLP** wurde eine entsprechende Variante für unvollständige Informationen eingeführt. Die Logik **CSLP** hat ähnliche Eigenschaften und erlaubt Schlussfolgerungen über rationale Agenten mit eingeschränktem Wissen.

In diesem Kontext wurden zwei weitere Logiken untersucht. **CoalATL** kombiniert **ATL** mit Argumentationstheorie und erlaubt die Untersuchung von rationalen Koalitionen und ihrer Stabilität. **pATL** unterliegt der Annahme, dass es den Gegnern nicht immer möglich ist, uneingeschränkt zu kommunizieren, um so die für die Proponenten ungünstigste Gegenstrategie zu identifizieren. In der Logik wird das Verhalten der Gegner durch wahr-scheinlichkeitstheoretische Vorhersagen modelliert.

Schließen wurden Ressourcen und deren Auswirkungen auf rationales Verhalten betrachtet. Dies geschah in einem temporalen und in einem Multiagentenkontext. Es wurde gezeigt, dass die Verifikation von ressourcenbeschränkten Agenten im Allgemeinen sehr viel schwerer (größtenteils unentscheidbar) ist.

Literatur

- [AHK02] R. Alur, T. A. Henzinger und O. Kupferman. Alternating-Time Temporal Logic. *Journal of the ACM*, 49:672–713, 2002.
- [BCD08] Nils Bulling, Carlos Chesnevar und Jürgen Dix. Modelling Coalitions: ATL + Argumentation. In Lin Padgham und David Parkes, Hrsg., *Proceedings of the Seventh International Joint Conference on Autonomous Agents and Multi-Agent Systems*, Seiten 681–688, Estoril, Portugal, May 2008. ACM Press.
- [BF10a] Nils Bulling und Berndt Farwer. Expressing Properties of Resource-Bounded Systems: The Logics RBTL and RBTL*. In J. Dix, M. Fisher und P. Novak, Hrsg., *Post-Proceedings of CLIMA '09*, number 6214 in LNCS 6214, Seiten 22–45, Hamburg, Germany, September 2010.
- [BF10b] Nils Bulling und Berndt Farwer. On the (Un-)Decidability of Model-Checking Resource-Bounded Agents. In *Proceedings of the 19th European Conference on AI (ECAI 2010)*, Seiten 567–572, Lisbon, Portugal, August 16-20 2010.
- [BJ09a] Nils Bulling und Wojciech Jamroga. Rational Play and Rational Beliefs under Uncertainty. In *Proc. of AAMAS'09*, p. 257–264, Hungary, May 2009. ACM Press.
- [BJ09b] Nils Bulling und Wojtek Jamroga. What Agents Can Probably Enforce. *Fundamenta Informaticae*, 93:81–96, 2009.
- [BJ10] Nils Bulling und Wojciech Jamroga. Verifying Agents with Memory is Harder than It Seemed. *AI Communications*, 23(4):389–403, December 2010.
- [BJD09] Nils Bulling, Wojtek Jamroga und Jürgen Dix. Reasoning about Temporal Properties of Rational Play. *Annals of Mathematics and AI*, 53(1-4):51–114, 2009.
- [CES86] E.M. Clarke, E.A. Emerson und A.P. Sistla. Automatic Verification of Finite-State Concurrent Systems Using Temporal Logic Specifications. *ACM Transactions on Programming Languages and Systems*, 8(2):244–263, 1986.
- [Sch04] P. Y. Schobbens. Alternating-Time Logic with Imperfect Recall. *Electronic Notes in Theoretical Computer Science*, 85(2):82–93, 2004.
- [vdHW02] W. van der Hoek und M. Wooldridge. Tractable Multiagent Planning for Epistemic Goals. In C. Castelfranchi und W.L. Johnson, Hrsg., *Proceedings of the First International Joint Conference on Autonomous Agents and Multi-Agent Systems (AAMAS-02)*, Seiten 1167–1174. ACM Press, New York, 2002.
- [vOvdHW03] S. van Otterloo, W. van der Hoek und M. Wooldridge. Knowledge as Strategic Ability. *Electronic Lecture Notes in Theoretical Computer Science*, 85(2), 2003.
- [Wei99] G. Weiss, Hrsg. *Multiagent Systems. A Modern Approach to Distributed Artificial Intelligence*. MIT Press: Cambridge, Mass, 1999.
- [Woo02] M. Wooldridge. *An Introduction to Multi Agent Systems*. John Wiley & Sons, 2002.



Dr. Nils Bulling wurde 1981 in Hamburg geboren. Nach seinem Informatikstudium an der TU Clausthal war er dort als wissenschaftlicher Mitarbeiter beschäftigt und promovierte in 2010 bei Prof. Dr. J. Dix. Im Januar 2011 wurde er zum Akademischen Rat a. Z. an der TU Clausthal ernannt. Seine Forschungsgebiete sind in Bereichen der Logik, Multiagentensysteme und Verifikation angesiedelt. In den letzten Jahren publizierte er zu diesen Themen regelmäßig Artikel in Journalen, auf Konferenzen und Workshops. Für viele Zeitschriften, internationale Konferenzen und Workshops fungierte er als Gutachter und war Mitglied bei diversen Programmkomitees von internationalen Veranstaltungen. Er hielt regelmäßig Vorträge auf Konferenzen, wurde zu diversen Dagstuhlseminaren eingeladen und gab Kurse auf internationalen Summerschools.

Design and Validation of Proteome Measurements

Manfred Claassen

Departement Informatik
ETH Zürich
manfred.claassen@inf.ethz.ch

Abstract: Die Proteomik ist ein Teilbereich der Biologie, der die vollständige Charakterisierung eines Proteoms zum Ziel hat. Massenspektrometrie basierte Proteomik hat sich als erfolgreichste Strategie zum Erreichen dieses Ziels herausgebildet. Diese Arbeit stellt statistische Methoden zur optimalen Planung und Validierung von Shotgun-Proteomik-Experimenten vor. Diese Methoden ermöglichen eine effiziente, zuverlässige und zugleich umfassende Proteomcharakterisierung.

Der erste Teil der Arbeit stellt Methoden zur Schätzung von False Discovery Raten für Peptid- und Proteinidentifikationen vor. Diese Methoden ermöglichen die zuverlässige und umfassende Identifikation von ungewöhnlichen chemischen Proteinmodifikationen. Die Anwendung dieser Methoden hat gezeigt, dass diese Varianten zu einem beträchtlichen Anteil der massenspektrometrischen Daten beitragen. Diese Arbeit stellt einen generalisierten Target-Decoy Ansatz zur Schätzung von False Discovery Raten für Proteinidentifikationen vor. Unsere Resultate zeigen, dass die Zuverlässigkeit von Proteinidentifikationen in grossen Studien bis dato bei weitem überschätzt wurde. Angesichts dieser Resultate schlagen wir Richtlinien für die Zusammenstellung von Proteinidentifikationen vor, die eine definierte Konfidenz gewährleisten. Dieser Teil schliesst mit der Formulierung eines generischen Systems zum Vergleich von Proteinidentifikationsmethoden, das die Zuverlässigkeit der Identifikationen berücksichtigt. Ein systematischer Vergleich von tausenden von Proteinidentifikationsvarianten hat gezeigt, dass einfache Methoden bereits optimale Performanz erzielen.

Der zweite Teil der Arbeit entwickelt einen nichtparametrischen Bayesschen Ansatz zur optimalen Planung von Shotgun-Proteomik-Studien. Hierfür wird die Aufgabe der Proteomabdeckungsvorhersage eingeführt. Ein erweitertes infinites Markovmodell wird zur Durchführung der Proteomabdeckungsvorhersage für einfache Shotgun-Proteomik-Experimente vorgestellt. Diese Arbeit stellt das neue Konzept eines fraktalen Dirichlet Prozesses vor, um die Ähnlichkeit der Peptidverteilungen in integrierten Proteomikstudien zu erfassen. Der fraktale Dirichlet Prozess erweitert den hierarchischen Dirichlet Prozess um selbstbezügliche Basismasse. Der fraktale Dirichlet Prozess wird erfolgreich zur Proteomabdeckungsvorhersage für integrierte Proteomikstudien verwendet. Diese Arbeit diskutiert rationale Stopkriterien für derartige Studien und evaluiert diese mit Hilfe der vorgestellten Methoden zur Proteomabdeckungsvorhersage. Schliesslich werden die Methoden zur Proteomabdeckungsvorhersage in einem System zur Planung von Proteomikstudien eingesetzt, das eine Sequenz von Experimenten bestimmt, die den maximalen erwarteten Zuwachs der Proteomabdeckung erzielt.

Die Mechanismen von komplexen Krankheiten wie zum Beispiel Krebs oder Diabetes sind bis zum heutigen Tage nicht vollständig verstanden. Systembiologie zielt auf die Aufklärung dieser Mechanismen durch ausdrucksfähige Modelle von biologischen Systemen unter Berücksichtigung all Ihrer molekularen Bestandteile. Proteomik steuert neue Technologien zur Datenanalyse bei, die es erlauben, ein Proteom zu charakterisieren, d.h. die Proteinbestandteile eines biologischen Systems zu identifizieren. Jüngste technologische Fortschritte haben Biologen in die Lage versetzt, Proteome systematisch unter verschiedenen Perturbationen auszumessen und damit zu systemübergreifenden Modellen von biologischen Prozessen auf molekularer Ebene beizutragen [AM03]. Auf Massenspektrometrie basierte Proteomik hat sich als die erfolgreichste Technologie zur Charakterisierung eines Proteoms etabliert [WWY01, BAM⁺07, BGG⁺08, dGOC⁺08, SWR⁺09]. Die weitreichende Abdeckung eines Proteoms ist mit erheblichem experimentellem Aufwand verbunden, wozu eine sehr grosse Menge an verrauschten massenspektrometrischen Daten [Aeb09] gesammelt und analysiert werden muss. Die notwendigen statistischen Methoden zur rationalen Planung solcher Projekte und Bewertung der Verlässlichkeit der reportierten Proteinidentifikationen sind bisher nur unzureichend verstanden gewesen.

Diese Dissertation entwickelt neue statistische Konzepte zum Planen und Validieren von *Shotgun* Proteomik Experimenten und demonstriert wie diese angewendet werden, um effizient zuverlässige und weitreichende Proteomabdeckung zu erzielen.

Die weitreichendste Proteomabdeckung wurde bisher von der *Shotgun* Proteomik Strategie erreicht. Diese Strategie umfasst Schritte zur Extraktion von Proteinen aus der biologischen Quelle, deren enzymatischem Verdau und optional deren Fraktionierung nach physiko-chemischen Eigenschaften. Die resultierenden Peptidmixturen werden mit Tandem-Massenspektrometrie untersucht. Einzelne Peptidspezies werden dabei im Massenspektrometer isoliert und fragmentiert. Die dabei aufgenommenen Fragmentationenspektren geben Aufschluss über die Massen der entstandenen Fragmentionen. Diese Spektren stellen die Datengrundlage zur Rekonstruktion der Peptide bzw. der respektiven Proteine der initialen biologischen Probe dar. Eine Reihe von Suchmaschinen (*Search Engines*) wurden entwickelt, um in einem ersten Schritt Fragmentationenspektren den Peptidsequenzen einer Proteinsequenzdatenbank zuzuordnen [NVA07]. Die resultierenden Peptid-Spektrum Zuordnungen stellen die Grundlage für den letzten Auswertungsschritt dar, der Inferenz der biologisch relevanten Proteinidentitäten der ursprünglich untersuchten Probe [RM02, NA05].

Der stochastische Zusammenhang zwischen dem Objekt des Interesses, dem Protein, und dessen indirekter verrauschter Beobachtung, dem Fragmentationenspektrum, stellt die erwähnten Inferenzmethoden eine grosse Herausforderung dar und ist Ursache für die inhärente Unsicherheit, die Peptid- und Proteinidentifikationen anhaftet. Die Fähigkeit, diese Unschärfe zu quantifizieren, stellt eine zwingend notwendige Voraussetzung zur Auswertung dieser Identifikationen dar. Der erste Teil dieser Dissertation präsentiert Ansätze zur Quantifizierung dieser Unschärfe in Form von *False Discovery Rates* [BH95]. Diese Ansätze verallgemeinern die *Target-Decoy Strategie* zur Validierung von Peptid-Spektrum Zuordnungen von einfachen Datenbanksuchen [MYL02, EG07]. Allen *Target-Decoy*

Strategien ist die Grundidee gemeinsam, aus den Suchergebnissen gegen eine chimäre Sequenzdatenbank aus tatsächlich erwarteten Proteinsequenzen und nicht vorkommenden Nonsense-Sequenzen den Anteil der falsch positiven Identifikationen abzuschätzen. Die Herausforderung bei der Entwicklung von solchen Strategien besteht in der Gestaltung geeigneter chimärer Datenbanken und einer statistisch kohärenten Ableitung eines Schätzers für *False Discovery Rates* anhand der Identifikationen, die auf unbiologische synthetische bzw. Zufallssequenzen fallen.

In dieser Arbeit habe ich die einfache *Target-Decoy Strategie* für iterierte Datenbanksuchen angepasst. Diese Anpassung ermöglicht die effiziente Berücksichtigung von chemisch modifizierten Peptid- und Proteinvarianten, die nicht explizit in der Proteindatenbank aufgeführt werden (z.B. splice-Varianten). Dieser Ansatz hat die Zusammenstellung von zuverlässigen Identifikationen erlaubt, die aus einer iterierten Datenbanksuche resultierten, bei der hunderte von chemischen Aminosäurevarianten für die Suche zugelassen waren. Die Anwendung dieser Strategie hat ergeben, dass ein signifikanter Anteil der spektralen Evidenz in Shotgun Proteomik Experimenten auf modifizierte, zum Teil bisher nicht ausreichend berücksichtigte Peptidvarianten zurückzuführen ist [CABc].

In einem weiteren Schritt stellt diese Dissertation eine generalisierte Target-Decoy Strategie vor, um *False Discovery Rates* für Proteinidentifikationen zu schätzen. Proteinidentifikationen sind als Gruppen von Peptid-Spektrum Zuordnungen definiert und stellen das eigentlich biologisch relevante Ergebnis eines Shotgun Proteomik Experimentes dar. Eine Reihe verschiedener Methoden zur Inferenz von Proteinidentifikationen wurden in den letzten Jahren vorgestellt [RM02, NA05]. Da die statistische Signifikanz von Proteinidentifikationen jedoch bisher nur zum Teil verstanden wurde, war es schwierig, die Güte der einzelnen Methoden zur Proteininferenz zu bewerten. Obwohl Proteinidentifikationen das biologisch relevante Ergebnis einer Proteomikstudie sind, wurden Konfidenzmasse typischerweise auf dem Level der Peptid-Spektrum Zuordnungen reportiert. Diese Vorgehensweise nimmt implizit an, dass die Konfidenzmasse für Peptid-Spektrum Zuordnungen eine gute Approximation für die entsprechenden Masse für Proteinidentifikationen sind. Wir zeigen, dass die Fehler auf Ebene der Peptid-Spektrum Zuordnungen jedoch in einer nicht-trivialen Weise auf die Ebene der Proteinidentifikationen propagieren. Hierfür stellen wir eine neue Methode vor, die die Statistik dieser Fehlerpropagierung berücksichtigt und auf diese Weise erlaubt, explizit *False Discovery Rates* von Proteinidentifikationen zu schätzen [CRS⁺09].

Unsere Strategie basiert auf der etablierten Annahme, dass falsch positive Peptid-Spektrum Zuordnungen mit gleicher Wahrscheinlichkeit entweder auf die Target- oder Decoy-Datenbank fallen. Wir verwenden die Anzahl der in der Decoy-Datenbank identifizierten Proteine als einen Schätzer von Proteinen in der Target-Datenbank, die falsch positive Peptid-Spektrum Zuordnungen enthalten. Da das Vorkommen von falsch positiven Peptid-Spektrum Zuordnungen nur eine notwendige, aber nicht hinreichende Bedingung für eine falsch positive Proteinidentifikation ist, stellt dieser Schätzer jedoch noch nicht den gewünschten Schätzer für die falsch positiven Proteinidentifikationen dar. Um den

gewünschten Schätzer abzuleiten, treffen wir die Annahme, dass falsch positive Proteinidentifikationen uniform über die Proteindatenbank verteilen. Wir zeigen, dass unter dieser Annahme die Anzahl der falsch positiven Proteinidentifikationen einer Variante der hypergeometrischen Verteilung folgt. Die Spezifikation dieser Verteilung ermöglicht es den Erwartungswert der Anzahl falsch positiver und damit die *False Discovery Rate* der Proteinidentifikationen anzugeben.

Auf der Basis von *False Discovery Rate* für alle Proteinidentifikationen haben wir eine Target-Decoy Strategie entwickelt, um lokale *False Discovery Rates* für Teilmengen von Proteinidentifikationen zu bestimmen. Damit ist es nun möglich, die Verlässlichkeit von Identifikationsgruppen besonderen Interesses separat zu quantifizieren. In diesem Kontext haben wir unter anderem in der Community umstrittene Identifikationen untersucht, die ausschliesslich durch eine einzelne Peptid-Spektrum Zuordnung nachgewiesen wurden und konnten zeigen, dass diese tatsächlich mit grosser Unsicherheit behaftet sind.

Diese Methoden erlauben es zum ersten Mal, die Unschärfe von Proteinidentifikationen in heterogenen Datensätzen beliebiger Grösse akkurat zu quantifizieren. Mit Hilfe dieser Methode haben wir insbesondere herausgefunden, dass der Anteil an falsch positiven Proteinidentifikationen bisher stark unterschätzt wurde. Wir haben weiter festgestellt, dass dieser Unterschied um so stärker ausfällt je grösser das zugrunde liegende Datenvolumen ist. Diese Ergebnisse haben insbesondere Implikationen für die Interpretation von Daten im Kontext von grossen Shotgun Proteomik Studien, die eine grosse Proteomabdeckung zum Ziel haben. Jenseits individueller Studien, trifft diese Erkenntnis auch auf die Bewertung von Proteomics-Datenbanken zu. Unser Ansatz zur Schätzung von *False Discovery Rates* für Proteinidentifikationen kann zur automatischen Kurierung solcher Datenbanken verwendet werden und trägt damit nicht zuletzt auch zu Systembiologieprojekten bei, die auf diesen Ressourcen basieren

Diese Arbeit stellt in einen weiteren Schritt einen formalen Ansatz vor, der es für ein gegebenes Arsenal an Interpretationsmethoden wie z.B. Suchmaschinen und Proteininferenzmaschinen erlaubt, Richtlinien zur optimalen Auswertung von massenspektrometrischen Daten abzuleiten. Bis vor kurzem war ein ausgewogener Vergleich der vielen unterschiedlichen Proteininferenzmethoden nicht möglich, da die Güte von Proteinidentifikationen nicht angemessen quantifizierbar war. Wir schlagen ein Leistungsmass für Proteininferenzmethoden vor, das einen solchen Vergleich erlaubt. Dieses Leistungsmass misst die erwartete Anzahl korrekter Proteinidentifikationen für eine benutzerdefinierte *False Discovery Rate* auf Ebene der Proteinidentifikationen. Für die Datensätze, die in dieser Arbeit untersucht worden sind, haben wir gefunden, dass die beste Strategie darin besteht, alle spektrale Evidenz von ausreichender Qualität zu berücksichtigen. Wir haben insbesondere herausgefunden, dass für grosse Studien die spektrale Evidenz mit weit grösserer Sorgfalt ausgewählt werden muss, als bisher angenommen. [CRH⁺10].

Der **zweite Teil** dieser Dissertation entwickelt einen nichtparametrisch Bayesschen Formalismus zur optimalen Planung einer Shotgun Proteomik Studie, die eine effiziente Ab-

deckung eines Proteoms zum Ziel hat. Komplementär zum ersten Teils der Arbeit, deren Gegenstand die bestmögliche Auswertung vorhandener experimenteller Daten ist, behandelt der zweite Teil die rationale Vorabauswahl von Experimenten mit maximalem erwarteten Informationsgehalt.

Erfahrungsgemäss erzeugen Shotgun Proteomik Studien, die eine grosse Proteomabdeckung zum Ziel haben, einen Grossteil redundanter, uninformativer Daten indem sie die selben Peptide immer wieder aufs Neue messen [SCA09]. Aufgrund von Effizienz- und Sensitivitätserwägungen, ist es von Vorteil diese Redundanz zu vermeiden. Die Vermeidung von redundanten Informationen schont offensichtlich Ressourcen, ohne Einschränkungen in der Proteomabdeckung hinnehmen zu müssen. Darüber hinaus führt die Vermeidung dieser Experimente aber auch zu kleineren Datensätzen, die, wie wir in unserer vorhergehenden Studie zur Verlässlichkeit von Proteinidentifikationen gesehen haben, auch zu einer verminderten Akkumulation von falsch positiven Identifikationen führen. Dieser Effekt könnte den Nachweis von weniger häufig observierten Proteinen erleichtern und sich damit sogar positiv auf die Abdeckung auswirken. Zusammengefasst ist es also von Vorteil, eine Shotgun Proteomik Studie so zu planen, dass sie sich auf die informativen Experimente konzentriert [BCA11].

Diese Dissertation trägt ein formales System zur Planung von Proteomik Studien bei, um deren erwartete Proteomabdeckung zu maximieren. Basierend auf einer kleinen Menge von bereits durchgeführten (LC-MS/MS) Experimenten, eignet sich dieses System zur Vorhersage einer Sequenz von Experimenten mit optimaler erwarteter Proteomabdeckung. Diese Arbeit entwickelt einen nichtparametrischen Bayesschen Formalismus um diese Aufgabe zu implementieren. Dieser Formalismus charakterisiert die Peptidverteilungen, die im Laufe eines LC-MS/MS Experimentes untersucht werden, mit Hilfe von geeignete Varianten von hierarchischen Dirichlet Prozessen [TJBB06]. Die komplexen Ähnlichkeitsmuster zwischen den Peptidverteilungen in multidimensionalen Fraktionierungsexperimenten hat die Formulierung des fraktalen Dirichlet Prozesse, einer neuen Klasse von rekursiven stochastischen Prozessen inspiriert. Wir haben gezeigt, wie diese Prozesse verwendet werden können, um akkurat Proteomabdeckungsvorhersage ausgehend von einer kleine Anzahl von Experimenten durchzuführen.

Zuerst führe ich die Aufgabe der *Proteomabdeckungsvorhersage* ein [CAB09]. Diese Aufgabe umfasst die Schätzung der erwarteten Anzahl von neuen Proteinidentifikationen nach Durchführung einer spezifizierten Sequenz von Shotgun Proteomik Experimenten. *Proteomabdeckungsvorhersage* stellt eine zentrale Aufgabe bei der Planung von Shotgun Proteomik Projekten dar. Neben deren Rolle in der Planung von grossen Projekten, ermöglicht *Proteomabdeckungsvorhersage* die Formulierung von rationalen Stop-Kriterien für bereits fortgeschrittene Projekte, die bereits nahezu maximale Proteomabdeckung erreicht haben. Proteomabdeckungsvorhersage kann darüber hinaus die Entwicklung von neuen experimentellen Methoden mit grossen Abdeckungspotential unterstützen.

Ich habe ein erweitertes infinites Markov Modell entwickelt, das es erlaubt, Proteomab-

deckung für Wiederholungen eines Flüssigkeitschromatografie Tandem-Massenspektrometrie (LC-MS/MS) Experimentes vorherzusagen [CAB09]. LC-MS/MS ist das elementare Experiment einer Shotgun Proteomik Studie. Während eines solchen Experimentes werden Peptide aus einer Vielzahl von unbekanntem Peptidverteilungen gezogen. Diese Peptidverteilungen haben üblicherweise überlappenden Support. Das vorgestellte infinite Markov Modell erlaubt es, diese Verteilungen konsistent mit den erhobenen massenspektrometrischen Daten auf Bayessche Art und Weise zu charakterisieren und schlussendlich Proteomabdeckungsvorhersage durchzuführen. Das Modell implementiert einen hierarchischen Dirichlet Prozess. Ein solcher Prozess stellt eine Verteilung über eine Menge von unendlich dimensional diskreten Verteilungen dar. Dieser Prozess ist derart gestaltet, dass die einzelnen diskreten Verteilungen mit positiver Wahrscheinlichkeit gemeinsame Atome aufweisen können. Aufgrund der Konjugiertheitseigenschaften dieses Prozesses ist weiterhin für gegebene Observationen eine kompakte Darstellung der prediktive Verteilung einer Prozessinstanz möglich. Aufgrund dieser Eigenschaften ist dieser Prozess geeignet, die prediktiven Peptidverteilungen eines LC-MS/MS-Experimentes für eine Reihe von bereits durchgeführten Experimenten zu charakterisieren. Proteomabdeckungsvorhersage ergibt sich nun natürlich durch Sampling der prediktiven Peptidverteilungen.

Proteomabdeckungsvorhersage für ein *D. melanogaster* Datensatz ergab das folgende Resultat: Die maximal mögliche Abdeckung durch die Anhäufung von falsch positiven Peptididentifikationen ist beschränkt und liegt insbesondere unterhalb der tatsächlich vorhandenen Gesamtzahl der Proteine, der sogenannten Sättigungsabdeckung.

Die meisten grossen Shotgun Proteomik Studien basieren auf multidimensionalen Fraktionierungsexperimenten, die ein Ensemble von überlappenden Peptid- bzw. Proteinverteilungen untersuchen [BCA11]. Ein Modell für eine solche Ansammlung von Experimenten setzt die Berücksichtigung dieses Überlapps voraus.

Diese Anforderung inspirierte das neue generelle Konzept des *fraktalen Dirichlet Prozesses* [CABa]. Dieser stochastische Prozess generalisiert den hierarchischen Dirichlet Prozess [TJBB06] durch die Einführung von selbstbezüglichen Basismassen. Der hierarchische Dirichlet Prozess beschreibt eine Verteilung über eine Menge von (unendlich dimensionale) diskrete Verteilungen. Jede einzelne diskrete Verteilung folgt einem Dirichlet Prozess, deren Basismasse eine gemeinsame diskrete Verteilung ist. Diese Konstruktion gewährleistet, dass die Verteilungen eines hierarchischen Dirichlet Prozesses ähnlich zu einander sind und insbesondere Atome teilen können. Der *fraktale Dirichlet Prozess* verwendet ein Ensemble von Basismassen, die Linearkombination von allen zu ziehenden Verteilungen sind. Dieses Konzept erlaubt es explizit, den Überlapp, bzw. die Ähnlichkeit zwischen beliebigen Teilmengen einer Gruppe von diskreten Verteilungen zu erfassen. Die Charakterisierung der a posteriori Verteilung des *fraktalen Dirichlet Prozesses* führt auf ein System von Rekursionsgleichungen. Die Lösung dieser Gleichungen ermöglichte die Formulierung eines Gibbs Samplers für Bayessche Inferenz der Prozessparameter.

Ich stelle eine Variante des *fraktalen Dirichlet Prozesses* vor, um Proteomabdeckungsvor-

hersage für multidimensionale Fraktionierungsexperimente durchzuführen [CAB11]. Die Anwendung dieser Methode auf einen Datensatz für das Bakterium *L. interrogans* ergab, dass Proteomabdeckung bereits mit einigen wenigen Experimenten sehr genau vorhergesagt werden kann. Extrapolation des gegebenen Datensatzes hat weiterhin gezeigt, dass die Sättigungsabdeckung bereits erreicht wurde und damit weitere Experimente keinen nennenswerten Zuwachs an neuen Proteinidentifikationen erwarten lassen [SBM⁺]. Eine weitere Anwendung dieser Methode bestätigte das Erreichen der Sättigungsabdeckung im Kontext Studien des menschlichen Proteoms [BMS⁺] und des Nematoden *C. elegans* [SJR⁺].

Dieser Teil der Dissertation schliesst mit der Beschreibung eines Ansatzes zur optimalen Planung einer Shotgun Proteomik Studie [CABb]. Optimale Planung wird in diesem Zusammenhang als kombinatorisches Optimierungsproblem definiert. Ziel dieser Optimierung ist es eine Sequenz von Experimenten zu finden, deren erwartete Proteomabdeckung maximal ist. Die erwartete Proteomabdeckung einer Sequenz von Experimenten kann mit Hilfe der oben beschriebenen Methoden angegeben werden. Wir zeigen, dass das Optimierungsproblem auf ein Maximum K-Cover Problem reduziert werden kann. Wir explorieren verschiedene Möglichkeiten, dieses Problem zu lösen und für die Aufgabe der optimalen Experimentplanung einzusetzen.

Die statistischen Konzepte, die in dieser Dissertation entwickelt wurden, sind nicht auf Anwendungsszenarien in der Massenspektrometrie basierten Proteomik beschränkt. Der erste Teil der Arbeit generalisiert die Target-Decoy Strategie zur Schätzung von *False Discovery Rates* von Proteinidentifikationen, d.h. von Aggregaten von Peptid-Spektrum Zuordnungen. Die Target-Decoy Strategie ist generell anwendbar zur Bewertung der Zuverlässigkeit von Inferenzresultaten, die auf der Zuordnung von Observationen (z.B. Peptid-Spektrum Zuordnungen) zu Hypothesen (z.B. Proteinen) basieren, die aus einer statischen Kollektion von Hypothesen ausgewählt werden (z.B. Proteindatenbank). Nach Zusammenstellung einer geeigneten Kollektion von Decoy-Hypothesen, kann die Target-Decoy Strategie einfach angewendet werden. Ein weiteres Einsatzgebiet wäre zum Beispiel eine Retrieval-Aufgabe, die die Zuordnung von Melodie-Abschnitten zu Liedern aus einer Musikdatenbank umfasst.

Der zweite Teil der Arbeit führt den fraktalen Dirichlet Prozess ein. Dieser Prozess stellt ein neues Mass über einer Menge von diskreten Massen dar und generalisiert den hierarchische Dirichlet Prozess. Wir konnten zeigen, dass ein solcher Prozess besonders geeignet ist, um die Ähnlichkeitsmuster zwischen Peptidverteilungen in integrierten Shotgun Proteomik Experimenten einzufangen. Es wird interessant sein, ob es weitere Anwendungsszenarien gibt, die ebenfalls Strukturen aufweisen, die besonders gut durch den fraktalen Dirichlet Prozess repräsentiert werden.

Diese Dissertation schlägt neue statistische Methoden vor, die Experimentatoren rationale Entscheidungskriterien liefert, welche Daten zu messen sind und wie diese am Besten ausgewertet werden können, um letzten Endes effizient die grösstmögliche und zugleich

verlässliche Proteomabdeckung zu erzielen. Die auf diese Weise erzeugten Ergebnisse stellen eine wichtige Ressource für weitere quantitative orientierte Proteomik Ansätze dar und stärken auf diese Weise die Rolle von proteomischen Daten im Kontext von interdisziplinären Systembiologieprojekten, die auf heterogenen Datenressourcen basieren.

Diese Arbeit adressiert Fragen und entwickelt Methoden, die an der Grenze zwischen Biologie und maschinellem Lernen positioniert sind. Diese Arbeit macht die Verwendbarkeit von Konzepten des maschinellen Lernens zur Beantwortung von biologisch relevanten Fragen deutlich und veranschaulicht zugleich, wie biologische Fragestellungen neue Aufgaben und Konzepte für das Feld des maschinellen Lernens inspirieren kann. Ich bin überzeugt davon, dass beide Disziplinen in Zukunft weiterhin von dieser Synergie profitieren werden.

Literatur

- [Aeb09] R. Aebersold. A stress test for mass spectrometry-based proteomics. *Nat Methods*, 6(6):411–2, 2009.
- [AM03] R. Aebersold und M. Mann. Mass spectrometry-based proteomics. *Nature*, 422(6928):198–207, 2003.
- [BAM⁺07] E. Brunner, C. H. Ahrens, S. Mohanty, H. Baetschmann, S. Loevenich, F. Potthast, E. W. Deutsch, C. Panse, U. de Lichtenberg, O. Rinner, H. Lee, P. G. Pedrioli, J. Malmstrom, K. Koehler, S. Schimpf, J. Krijgsveld, F. Kregenow, A. J. Heck, E. Hafen, R. Schlapbach und R. Aebersold. A high-quality catalog of the *Drosophila melanogaster* proteome. *Nat Biotechnol*, 25(5):576–83, 2007.
- [BCA11] M. Beck, M. Claassen und R. Aebersold. Comprehensive proteomics. *Current Opinion in Biotechnology*, 22:3–8, 2011.
- [BGG⁺08] Katja Baerenfaller, Jonas Grossmann, Monica A. Grobei, Roger Hull, Matthias Hirsch-Hoffmann, Shaul Yalovsky, Philip Zimmermann, Ueli Grossniklaus, Wilhelm Gruissem und Sacha Baginsky. Genome-Scale Proteomics Reveals Arabidopsis thaliana Gene Models and Proteome Dynamics. *Science*, 320(5878):938–941, 2008.
- [BH95] Yoav Benjamini und Yosef Hochberg. Controlling the False Discovery Rate: A Practical and Powerful Approach to Multiple Testing. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)*, Seiten 289–300, 1995.
- [BMS⁺] M. Beck, J. Malmstroem, A. Schmidt, M. Claassen, O. Rinner, F. Herzog und R. Aebersold. Comprehensive Proteome Map of a Human Cell Line. *in prep.*
- [CABa] M. Claassen, R. Aebersold und J. M. Buhmann. The Fractal Dirichlet Process. *in prep.*
- [CABb] M. Claassen, R. Aebersold und J. M. Buhmann. Optimal Design of Integrated Proteomics Experiments. *in prep.*
- [CABc] M. Claassen, R. Aebersold und J. M. Buhmann. Reliable, Efficient and Comprehensive Identification of Modified Peptides with an Iterated Target-Decoy Database Search Strategy. *in prep.*

- [CAB09] M. Claassen, R. Aebersold und J. M. Buhmann. Proteome coverage prediction with infinite Markov models. *Bioinformatics*, 25(12):i154–60, 2009.
- [CAB11] M. Claassen, R. Aebersold und J. M. Buhmann. Proteome Coverage Prediction for Integrated Proteomics Datasets. *Journal of Computational Biology*, 18(3):283–293, 2011.
- [CRH⁺10] M. Claassen*, L. Reiter*, M. O. Hengartner, J. M. Buhmann und R. Aebersold. Generic Comparison of Protein Inference Engine Families. *Molecular & Cellular Proteomics*, submitted, 2010.
- [CRS⁺09] M. Claassen*, L. Reiter*, S. P. Schrimpf, M. Jovanovic, A. Schmidt, J. M. Buhmann, M. O. Hengartner und R. Aebersold. Protein Identification False Discovery Rates for Very Large Proteomics Data Sets Generated by Tandem Mass Spectrometry. *Mol Cell Proteomics*, 8(11):2405–2417, 2009.
- [dGOC⁺08] L.M.F. de Godoy, J.V. Olsen, J. Cox, M.L. Nielsen, N.C. Hubner, F. Fröhlich, T.C. Walther und M. Mann. Comprehensive mass-spectrometry-based proteome quantification of haploid versus diploid yeast. *Nature*, 455(7217):1251–1254, 2008.
- [EG07] J. E. Elias und S. P. Gygi. Target-decoy search strategy for increased confidence in large-scale protein identifications by mass spectrometry. *Nat Methods*, 4(3):207–14, 2007.
- [MYL02] R.E. Moore, M.K. Young und T.D. Lee. Qscore: an algorithm for evaluating SEQUEST database search results. *Journal of the American Society for Mass Spectrometry*, 13(4):378–386, 2002.
- [NA05] A.I. Nesvizhskii und R. Aebersold. Interpretation of shotgun proteomic data: the protein inference problem. *Molecular & Cellular Proteomics*, 4(10):1419, 2005.
- [NVA07] A. I. Nesvizhskii, O. Vitek und R. Aebersold. Analysis and validation of proteomic data generated by tandem mass spectrometry. *Nat Methods*, 4(10):787–97, 2007.
- [RM02] J. Rappsilber und M. Mann. What does it mean to identify a protein in proteomics? *Trends Biochem Sci*, 27(2):74–8, 2002.
- [SBM⁺] A. Schmidt, M. Beck, J. Malmstroem, H.N. Lam, M. Claassen, D. Campell und R. Aebersold. Proteome-wide high-throughput screening using directed mass spectrometry: Application to the human pathogen *L. interrogans*. *in prep*.
- [SCA09] A. Schmidt, M. Claassen und R. Aebersold. Directed mass spectrometry: towards hypothesis-driven proteomics. *Curr Opin Chem Biol*, 13(5-6):510–7, 2009.
- [SJR⁺] S.P. Schrimpf, M. Jovanovic, L. Reiter, M. Claassen, J. Malmström, A. Sendoel, E. Brunner, B. Roschitzki, C. Panse, R. Schlapbach, P.E. Hunziker, R. Aebersold und M.O. Hengartner. Complementary Separation Techniques to Identify Complex Proteomes. *in prep*.
- [SWR⁺09] S.P. Schrimpf, M. Weiss, L. Reiter, C.H. Ahrens, M. Jovanovic, J. Malmström, E. Brunner, S. Mohanty, M.J. Lercher, P.E. Hunziker et al. Comparative functional analysis of the *Caenorhabditis elegans* and *Drosophila melanogaster* proteomes. *PLoS Biol*, 7(3):e48, 2009.
- [TJBB06] Yee W. Teh, Michael I. Jordan, Matthew J. Beal und David M. Blei. Hierarchical Dirichlet Processes. *Journal of the American Statistical Association*, 101(476):1566–1581, December 2006.

- [WWY01] M. P. Washburn, D. Wolters und J. R. Yates, 3rd. Large-scale analysis of the yeast proteome by multidimensional protein identification technology. *Nat Biotechnol*, 19(3):242–7, 2001.



Manfred Claassen wurde geboren am 10. Mai 1977, in Maracay, Venezuela. Er studierte Biochemie und Informatik an der Universität Regensburg, Eberhard Karls Universität Tübingen und der Universität Claude Bernard Lyon. An der Universität Tübingen schloss er 2004 den Diplomstudiengang Biochemie und 2006 den Diplomstudiengang Informatik ab. Während des Studiums arbeitete er als wissenschaftlicher Mitarbeiter in der Brock Gruppe (Tübingen, Immunfluoreszenzmikroskopie), der Pietro Gruppe (Lyon, Multi Drug Resistance) und der Kohlbacher Gruppe (Tübingen, Proteinstrukturmodellierung). Von September 2006 bis Mai 2010 arbeitete Manfred Claassen als wissenschaftlicher Mitarbeiter in den Gruppen von Ruedi Aebersold und Joachim Buhmann an der ETH Zürich. Im Rahmen seiner interdisziplinären Doktorarbeit entwickelte er neuartige Konzepte maschinellen Lernens zur Auswertung von massenspektrometrie basierten Proteomik Daten. Nach Abschluss seines Doktorats im Mai 2010 blieb er der ETH für einen kurzen Postdoc bis Dezember 2010 erhalten. Eine seiner publizierten Arbeiten wurde auf der ISMB 2009 mit dem Ian Lawson Van Toch Memorial Award for Outstanding Student Paper ausgezeichnet. Desweiteren erhielt Manfred Claassen 2010 das Stipendium für Angehende Forschende des Schweizerischen Nationalfonds SNSF. Seit Januar 2011 ist er als Postdoc in der Gruppe von Daphne Koller an der Stanford University tätig und forscht an probabilistischen Modellen zur Beschreibung von molekularen Systemen in der Immunologie.

Robuste Erfüllbarkeitsalgorithmen zur Generierung hochwertiger Testmuster für digitale Schaltungen

Stephan Eggersglüß

Arbeitsgruppe Rechnerarchitektur
Fachbereich 3 – Mathematik und Informatik
Universität Bremen, 28359 Bremen
segg@informatik.uni-bremen.de

Abstract: Der Produktionstest ist ein zentraler Punkt für die Sicherstellung der Korrektheit von gefertigten Schaltungen. Durch die Komplexität und die fortschreitende Miniaturisierung heutiger Computerchips stoßen klassische Testgenerierungsverfahren an ihre Grenzen und können nicht mehr die notwendige Testqualität sicherstellen. In dieser Arbeit werden neue Verfahren zur Testgenerierung vorgestellt. Diese Verfahren basieren auf Boolescher Erfüllbarkeit (SAT) und ermöglichen so den Einsatz von hoch optimierten Suchalgorithmen. Neben innovativen Lösungstechniken werden auch neue Methoden zur SAT-Instanzgenerierung präsentiert, welche erstmalig auch die Generierung von hochwertigen Tests zulassen. Experimentelle Untersuchungen auf großen industriellen Schaltungen zeigen eine signifikante Erhöhung der Testqualität. Dies wiederum erzeugt eine erhöhte Sicherheit von Computerchips.

1 Einleitung

Die Verbreitung von integrierten Schaltungen hat in den letzten Jahren stark zugenommen. Sie finden sich heute in einem Großteil von Geräten unseres Alltags, wie z.B. in Mobiltelefonen oder Spielkonsolen, aber auch in vielen sicherheitskritischen Anwendungen wie medizinischen Apparaturen und Automobilen. Durch den anhaltenden Fortschritt im Entwurf und in der Fertigung integrierter Schaltungen erhöht sich aber auch die Fehleranfälligkeit der Computerchips. Ein fehlerhaftes Verhalten der Chips wäre gerade in sicherheitskritischen Anwendungen fatal und muss unter allen Umständen vermieden werden.

Daher wird jeder gefertigte Chip einem Produktionstest unterzogen, um Fertigungsfehler auszuschließen. Die Wichtigkeit dieses Tests wird insbesondere dadurch deutlich, dass etwa die Hälfte der Fertigungskosten für den Test ausgegeben werden. In dem Test werden Stimuli (Testmuster) an die Eingänge der Chips angelegt, um die Korrektheit zu prüfen. Die Testmuster werden durch spezielle ATPG-Verfahren (engl. *Automatic Test Pattern Generation*) für verschiedene Fehlermodelle generiert. Optimalerweise existiert in der Testmenge für jeden potentiellen Fehler ein Testmuster, welches diesen Fehler detektiert. Durch die Komplexität heutiger Schaltungen und die kleinen Fertigungsstrukturen stoßen die klassischen ATPG-Verfahren jedoch an ihre Leistungsgrenzen. Oft sind sie nicht mehr in der Lage, für jeden Fehler ein Testmuster zu generieren. Hierdurch wird die Testqualität beeinträchtigt und das Risiko erhöht, dass fehlerhafte Chips ausgeliefert werden.

Klassische ATPG-Verfahren wie z.B. FAN [FS83] arbeiten auf einer strukturellen Beschreibung des Schaltkreises auf logischer Gatterebene. Obwohl diese Verfahren in den

letzten Jahrzehnten stark optimiert wurden und viele Tests für einfache Fehler sehr schnell generieren können, haben diese strukturellen Verfahren große Probleme, Tests für schwierige Fehler zu generieren. Gerade die Anzahl der schwierig zu testenden Fehler ist jedoch in den letzten Jahren stark gestiegen. Daraus resultiert unmittelbar eine stark gesunkene Fehlerüberdeckung. Das Maß der Fehlerüberdeckung misst den Anteil der Fehler, welche durch die generierte Testmenge entdeckt werden. Hinzu kommt der durch die Miniaturisierung stark steigende Einfluss von neuen Fehlereffekten, die typischerweise nur von Tests hoher Qualität entdeckt werden. Diese hochwertigen Tests sind jedoch schwieriger zu generieren und verschärfen die Probleme der klassischen Verfahren weiter. Da die Produktqualität und die Sicherheit stark von der Qualität und Fehlerüberdeckung des Tests abhängt, existiert ein dringender Bedarf der Industrie an neuen robusten ATPG-Verfahren, welche eine hohe Fehlerüberdeckung sicher stellen.

Eine Alternative zu den strukturellen Verfahren sind ATPG-Verfahren basierend auf Boolescher Erfüllbarkeit (SAT, engl. *satisfiability*). Dieses klassische Problem der Informatik war das erste Problem, für welches die NP-Vollständigkeit bewiesen werden konnte [Coo71]. Trotzdem existieren vollautomatische SAT-Beweiser, welche mittels dedizierter Beweistechniken und leistungsfähiger Heuristiken in der Lage sind, viele praktische Probleme zuverlässig zu lösen. SAT-Beweiser arbeiten üblicherweise auf einer Booleschen Formel in *Konjunktiver Normal Form* (KNF) und können durch die Homogenität der KNF Techniken wie Konflikt-basiertes Lernen effektiv einsetzen. Besonders im letzten Jahrzehnt sind viele leistungsfähige SAT-Beweiser entwickelt worden wie z.B. MiniSat [ES04].

Erste SAT-basierte ATPG Ansätze wurden bereits in den 1990er Jahren vorgestellt [Lar92, SBS96, MS97]. Diese hatten jedoch die folgenden gravierenden Nachteile, welche einen praktischen Einsatz entgegenstanden:

- *Laufzeit* – Für die Testgenerierung müssen typischerweise SAT-Instanzen für Tausende von Fehlern gelöst werden. Obwohl der Aufwand der Instanzgenerierung linear in der Anzahl der Elemente ist, wird ein Großteil der Laufzeit hierfür aufgewendet. Für viele „leichte“ Fehler ist die Zeit, welche für den Aufbau der SAT-Instanz benötigt wird, sogar größer als die Zeit für das Lösen der Instanz. Hinzu kommt, dass während der Transformation in eine SAT-Instanz strukturelle Informationen über das Problem verloren gehen. Diese Informationen werden von klassischen ATPG-Verfahren benutzt, um den Lösungsprozess zu beschleunigen.
- *Verzögerungsfehler und Qualität* – Die Generierung von Tests für die immer wichtiger werdende Klasse von Verzögerungsfehlern wurde im Umfeld von SAT-basierter Testgenerierung bisher unzureichend bis gar nicht behandelt. Außerdem war es bisher nicht möglich, hochwertige Tests zu erzeugen, die eine bessere Fehlererkennung von z.B. geringen Verzögerungsfehlern (engl. *Small Delay Defects*) ermöglichen und im praktischen Einsatz überaus wichtig sind.
- *Kompaktheit der Testmuster* – SAT-Beweiser belegen aus Gründen der Effizienz alle Booleschen Variablen der Instanz mit einem Wert, obwohl große Teile – wie von klassischen ATPG-Verfahren vorgenommen – mit einem *X*-Wert („don’t care“) belegt werden können. Dies ist sowohl für die Laufzeit unvorteilhaft als auch für die generierten Testmuster. Testmuster mit wenigen bis gar keinen *X*-Werten lassen sich schlecht kompaktieren und resultieren in einer großen Testmenge, was zusätzliche Kosten verursacht.

Jüngst wurde in [SFD⁺05] das SAT-basierte ATPG Werkzeug PASSAT vorgestellt, welches einen modernen SAT-Beweiser nutzt. Hier wurde insbesondere gezeigt, dass SAT-basiertes ATPG trotz der skizzierten Nachteile für „schwierige“ Fehler durchaus erfolgversprechend ist. Die in der vorliegenden Arbeit vorgestellten Techniken und Verfahren setzen auf PASSAT auf. Durch den Einsatz der neu entwickelten Verfahren können nun die dargestellten Nachteile erstmalig behoben werden und die Performanz und Robustheit SAT-basierter ATPG-Ansätze signifikant gesteigert werden. Dies ermöglicht den erfolgreichen Einsatz in industrieller Praxis.

Die Arbeit ist gegliedert wie folgt. Abschnitt 2 stellt die für das Verständnis der Arbeit benötigten Grundlagen vor. In Abschnitt 3 wird ein neuer Ablauf für die SAT-Instanzgenerierung beschrieben. Der Ablauf ermöglicht durch den Einsatz von mehrwertigen Logiken insbesondere die Generierung hochwertiger Tests. Strukturelles Wissen wird eingesetzt, um trotz des stark gestiegenen Aufwands eine effiziente Testgenerierung zu ermöglichen.

In Abschnitt 4 werden innovative ATPG-spezifische Lösungstechniken präsentiert. Durch den Einsatz von neuen Datenstrukturen und Methodiken kann die SAT-Instanzgenerierung dynamisch in den Suchprozess integriert und strukturelle Informationen können genutzt werden, um den Suchprozess signifikant zu beschleunigen. Zusätzlich erlaubt das neue Verfahren die effiziente Wiederverwendung von gelernten Informationen und die Generierung von kompakten Testmustern, d.h. Testmuster mit vielen X -Werten, um die Testkosten zu senken.

Eine Auswahl der Ergebnisse der experimentellen Untersuchungen des resultierenden ATPG-Systems auf großen industriellen Schaltungen werden in Abschnitt 5 gegeben und zeigen insbesondere eine signifikante Erhöhung der Fehlerüberdeckung. Eine Zusammenfassung der Arbeit wird schließlich in Abschnitt 6 gegeben.

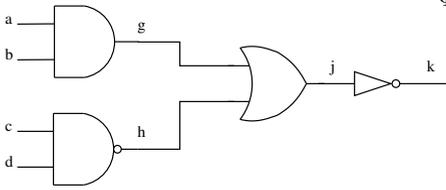
2 Grundlagen

In diesem Abschnitt werden die Grundlagen SAT-basierter Testgenerierung kurz beschrieben. Eine ausführliche Darstellung ist in [DEFT09] gegeben. Um einen SAT-Beweiser für ein Schaltkreis-basiertes Problem wie ATPG anzuwenden, muss das Problem in eine Boolesche Formel in KNF konvertiert werden. Eine KNF Φ über m Boolesche Variablen ist eine Konjunktion von Klauseln $\omega_1, \dots, \omega_n$. Eine Klausel ω ist eine Disjunktion von Literalen $\lambda_1, \dots, \lambda_k$. Ein Literal ist eine Boolesche Variable in positiver (λ) oder negativer Form ($\bar{\lambda}$). Die Formel Φ ist genau dann erfüllt, wenn alle n Klauseln erfüllt sind. Eine Klausel ist genau dann erfüllt, wenn mindestens ein Literal erfüllt ist.

Eine Schaltung \mathcal{C} ist ein gerichteter Graph bestehend aus einer Menge aus Signalleitungen S und eine Menge von Gattern G . Jede Signalleitung $x \in S$ wird durch eine Boolesche Variable x_v (oder kurz x) repräsentiert. Die Funktionalität jedes Gatters $g \in G$ der Schaltung wird in einer KNF durch eine Menge von Klauseln Φ_g ausgedrückt, welche über die charakteristische Funktion des Gatters erstellt werden kann. Die KNF $\Phi_{\mathcal{C}}$ einer Schaltung \mathcal{C} wird über die Konjunktion der einzelnen KNFs der Gatter gebildet:

$$\Phi_{\mathcal{C}} = \prod_{i=1}^n \Phi_{g_i} \text{ für } n = |G|$$

Abbildung 1 zeigt einen Beispiel-Schaltkreis, während die dazugehörige KNF in Abbildung 2 gegeben ist. Des Weiteren müssen für die Testgenerierung für Fehler F Bedin-

Abbildung 1: Schaltung C

$$\begin{aligned}
 \Phi_C = & \underbrace{(a + g) \cdot (b + g) \cdot (\bar{a} + \bar{b} + \bar{g})}_{\Phi_g(\text{AND})} \\
 & \cdot \underbrace{(c + \bar{h}) \cdot (d + \bar{h}) \cdot (\bar{c} + \bar{d} + h)}_{\Phi_h(\text{NAND})} \\
 & \cdot \underbrace{(\bar{g} + j) \cdot (\bar{h} + j) \cdot (g + h + \bar{j})}_{\Phi_j(\text{OR})} \\
 & \cdot \underbrace{(\bar{j} + \bar{k}) \cdot (j + k)}_{\Phi_k(\text{INV})}
 \end{aligned}$$

Abbildung 2: KNF der Schaltung C

gungen formuliert werden, welche die Aktivierung von F sowie die Beobachtbarkeit an einem Ausgang sicherstellen. Diese Bedingungen werden im Folgenden mit Φ_F bezeichnet (siehe [SBS96, DEFT09] für Details). Die SAT-Instanz Φ_{Test}^F anhand derer sich das Testmuster für F berechnen lässt wird wie folgt zusammengesetzt: $\Phi_{\text{Test}}^F = \Phi_C^F \cdot \Phi_F$,

wobei Φ_C^F die KNF des für F relevanten Schaltkreis-Teils darstellt. Diese KNF wird einem SAT-Beweiser übergeben, welcher entweder eine erfüllende Belegung zurück gibt aus der sich dann das Testmuster extrahieren lässt oder beweist, dass keine Lösung existiert. In diesem Fall ist der Fehler untestbar.

In den frühen SAT-basierten Ansätzen [Lar92, SBS96, MS97] wurde das ATPG-Problem als ein rein Boolesches Problem beschrieben. Neben den Booleschen Werten 0 und 1 kommen in der Praxis aber auch zusätzliche Werte vor. Der Wert Z beschreibt einen hochohmigen Zustand und kommt in sogenannten Tri-State Elementen, z.B. Bus-Systeme, vor. Des Weiteren wird der Wert U („unbekannt“) benötigt um z.B. nicht-kontrollierbare Eingänge korrekt zu behandeln. In [SFD⁺05] wird daher die 4-wertige Logik $\mathcal{L}_4 = \{0, 1, U, Z\}$ für die Schaltkreis-Modellierung vorgestellt. Für die Transformation in eine SAT-Instanz wird eine Boolesche Kodierung verwendet. Jeder Signalleitung x werden statt einer Variable x zwei Variablen x, x^* zugewiesen, um alle Werte von \mathcal{L}_4 darstellen zu können. Diese Modellierung ist für den praktischen Einsatz zwingend notwendig, erhöht aber die Größe der KNF deutlich. Dies wiederum erhöht den Aufwand des ATPG-Verfahrens und führt zu nicht akzeptabler Laufzeit. Außerdem ist die Modellierung nicht für die Generierung hochwertiger Tests ausreichend. Um diese Probleme zu lösen, wird im folgenden Abschnitt ein neuer Ablauf für die SAT-Instanzgenerierung präsentiert.

3 Mehrwertige Logiken und Hochwertige Tests

Der Einsatz von mehrwertigen Logiken führt durch die notwendige Boolesche Kodierung zu einer deutlichen Erhöhung des Aufwands für den SAT-Beweiser. In diesem Abschnitt wird daher ein neuer Ablauf für die SAT-Instanzgenerierung vorgestellt, welcher strukturelle Informationen nutzt, um die Darstellung der KNF für den SAT-Beweiser zu optimieren. Der neue Ablauf ermöglicht nicht nur die effiziente Generierung von Tests hoher Qualität, sondern beschleunigt auch die Testgenerierung für klassische Fehlermodelle.

Während bei klassischen Fehlermodellen wie dem Haftfehlermodell die Betrachtung eines Zeittakts t ausreicht, ist für Verzögerungsfehler die Betrachtung zweier Zeittakte t_1, t_2

notwendig. Um das Verhalten einer Signalleitung über zwei Zeittakte hinweg korrekt zu modellieren, wird die folgende 16-wertige Logik \mathcal{L}_{16} benutzt:

$$\mathcal{L}_{16} = \{00, 01, 10, 11, 0U, 1U, U0, U1, UU, 0Z, 1Z, Z0, Z1, UZ, ZU, ZZ\}$$

Diese Logik ist das kartesische Produkt aus $\mathcal{L}_4 \times \mathcal{L}_4$. Das erste Zeichen jedes Wertes repräsentiert den Wert, den die Signalleitung in t_1 annimmt, während das zweite Zeichen den Wert in t_2 darstellt. Der Wert 10 stellt z.B. eine fallende Flanke, also die Transition von 1 nach 0, dar. Diese Logik ist ausreichend für die Generierung von *nicht robusten* Tests für Verzögerungsfehler bzw. Transitionsfehler.

Für die Generierung von hochwertigen Tests, sogenannten *robusten* Tests [KC98] sind jedoch noch weitere Werte notwendig. Um zu verhindern, dass Fehlereffekte maskiert werden, müssen bestimmte Signalleitungen abhängig vom Fehlerort einen statischen Wert annehmen. Die Werte 00, 11, ZZ sind jedoch nicht ausreichend. Diese stellen zwar den gleichen Wert zu beiden Zeitpunkten dar, können aber nicht ausschließen, dass sich der Wert zwischen t_1 und t_2 ändert, z.B. durch kleine Ausschläge. Daher werden in der 19-wertigen Logik \mathcal{L}_{19s} die statischen Werte S0, S1, SZ eingeführt:

$$\mathcal{L}_{19s} = \{S0, 00, 01, 10, 11, S1, 0U, 1U, U0, U1, UU, 0Z, 1Z, Z0, Z1, UZ, ZU, ZZ, SZ\}$$

Anhand dieser Logik kann das Verhalten des Schaltkreises so modelliert werden, dass hochwertige Tests erzeugt werden können. Um jedoch einen SAT-Beweiser anwenden zu können, muss das Problem Boolesch kodiert werden. Die Nutzung einer solchen Booleschen Kodierung resultiert aufgrund der großen Anzahl an Werten allerdings in übermäßig großen SAT-Instanzen und nicht akzeptablen Lösungszeiten. Das Problem wird durch folgenden Ansatz [EFG⁺10] gelöst.

Nicht alle Signalleitungen können jeden Wert aus \mathcal{L}_{16} oder \mathcal{L}_{19s} annehmen. Der Wert Z kann z.B. nur in Tri-State Elementen angenommen werden, welche üblicherweise nicht in großer Zahl vorkommen. Auch andere Werte können anhand der strukturellen Eigenschaften des Schaltkreises bereits im Vorfeld für Signalleitungen ausgeschlossen werden. Grundidee des neuen Ansatzes ist daher der Einsatz von mehreren Logiken, welche nur eine Teilmenge an Werten besitzen. Dies ermöglicht eine kompaktere KNF-Darstellung, was sich positiv auf die Laufzeit auswirkt. Eine Auflistung der verwendeten Logiken und ihrer Wertemengen ist in Abbildung 3 zu sehen.

Abbildung 4 zeigt den neuen Ablauf der SAT-Instanzgenerierung. Zuerst wird einmalig als Präprozessor eine strukturelle Analyse der Schaltung durchgeführt, welche jedes Element bzgl. der Wertemenge klassifiziert. Diese Klassifizierung ist so abstrakt gehalten, dass sie unabhängig von Fehlermodell und Qualität der Testmuster (z.B. nicht robuste oder robuste Testmuster [KC98]) ist. Für die Testgenerierung wird dann abhängig von Fehlermodell und gewünschter Qualität für jedes Element bestimmt, welche Logik die beste KNF Repräsentation bietet. So ist der neue Ablauf in der Lage, die Größe der SAT-Instanz signifikant zu verkleinern und damit die Laufzeit zu verbessern.

Die Größe der KNF-Repräsentation ist allerdings nicht der einzige Faktor, der für die Generierung von „guten“ SAT-Instanzen wichtig ist. Wie in [ED08] gezeigt wurde, kann die Wahl einer „schlechten“ Booleschen Kodierung für eine verwendete Logik die Größe und Laufzeit signifikant erhöhen. In [ED08] wurde daher gezeigt, wie sich „gute“ Boolesche Kodierungen für die verwendeten Logiken generieren lassen.

Der Ablauf wird nicht nur erfolgreich bei der Generierung von (hochwertigen) Tests für Verzögerungsfehler eingesetzt, sondern auch für das klassische Haftfehlermodell. Hier

Logik	Wertemenge
\mathcal{L}_{19s}	$\mathcal{L}_{16} \cup \{S0, S1, SZ\}$
\mathcal{L}_{16}	$\mathcal{L}_9 \cup \{0Z, 1Z, Z0, Z1, UZ, ZU, ZZ\}$
\mathcal{L}_{11s}	$\mathcal{L}_9 \cup \{S0, S1\}$
\mathcal{L}_9	$\mathcal{L}_6 \cup \{U0, U1, UU\}$
\mathcal{L}_{8s}	$\mathcal{L}_6 \cup \{S0, S1\}$
\mathcal{L}_6	$\mathcal{L}_{4B} \cup \{0U, 1U\}$
\mathcal{L}_{6s}	$\mathcal{L}_{4B} \cup \{S0, S1\}$
\mathcal{L}_{4B}	$\{00, 01, 10, 11\}$
\mathcal{L}_4	$\{0, 1, U, Z\}$
\mathcal{L}_B	$\{0, 1\}$

Abbildung 3: Verwendete Logiken

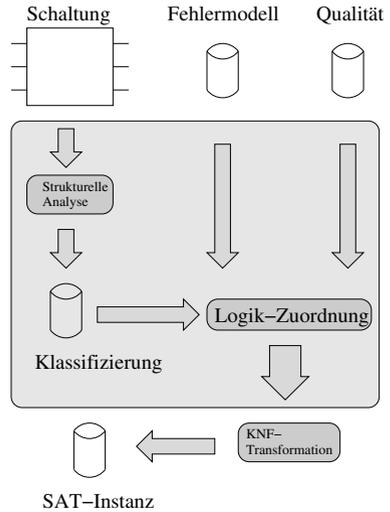


Abbildung 4: Ablauf

wird eine *hybride Logik* bestehend aus \mathcal{L}_B und \mathcal{L}_4 verwendet [DEF⁺08], die das Laufzeitproblem des in [SFD⁺05] vorgestellten Ansatzes behebt. Das bestehende Verfahren wurde in [TED10] erweitert, um eine bessere Erkennung der immer wichtiger werdenden *Small Delay Defects* zu bieten und damit die Qualität zu steigern.

4 Innovative Lösungstechniken

Neben der Generierung von kompakten SAT-Instanzen konnte die Effizienz der Verfahren auch insbesondere durch die Entwicklung von neuen Lösungstechniken gesteigert werden. Wie in der Einleitung geschrieben, ist der Aufwand für die Instanzgenerierung für jeden Fehler ein beträchtlicher Aufwand. Zudem werden im Lösungsprozess keinerlei strukturelle Informationen verwendet. In [ED11] wurde die neue Technik *Dynamic Clause Activation* (DCA) vorgestellt. Diese Technik behebt den Nachteil des vorherrschenden Anteils der Instanzgenerierung an der Gesamtlaufzeit dadurch, dass sie große Teile der Instanzgenerierung dynamisch in den Suchprozess integriert. Zudem erlauben die neu entwickelten Datenstrukturen von DCA die Benutzung struktureller Informationen im Suchprozess.

Abbildung 5 zeigt die schematische Darstellung des notwendigen SAT-Systems, welches die DCA Technik verwendet. Das System besteht aus einem *Algorithmischen Teil* und einem *Schaltkreis-Teil*. Zuerst wird in Kombination mit dem in Abschnitt 3 vorgestellten Ablauf die gesamte KNF des Schaltkreises einmalig generiert und in speziellen Datenstrukturen im Schaltkreis-Teil gespeichert. Für jeden Fehler werden dann nur die Fehler-spezifischen Bedingungen erstellt und in der lokalen KNF Φ_{dyn} des Algorithmischen Teils gespeichert. Diese sind typischerweise sehr klein.

Der Suchalgorithmus arbeitet nur auf Φ_{dyn} . Während des Suchprozesses wird Φ_{dyn} dynamisch durch Teile der Schaltkreis-KNF erweitert. Nach jeder Belegung einer Variable wird eine Aktivierungsanfrage an den Schaltkreis Teil gesendet. Durch speziell in Datenstrukturen aufbereitete strukturelle Informationen kann bestimmt werden welche Abhängigkeiten bestehen. Die entsprechenden Klauseln aus der Schaltkreis-KNF werden aktiviert. Auf diese Weise wächst Φ_{dyn} dynamisch. Hierbei ist zu beachten, dass die Datenstrukturen von

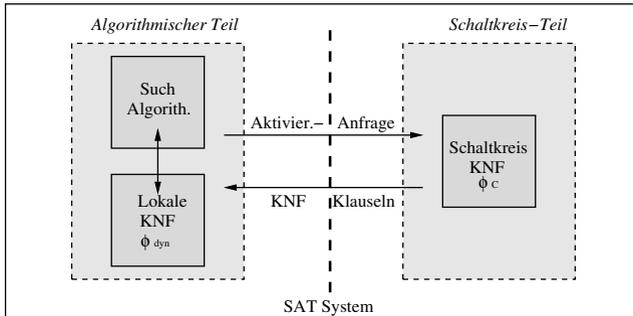


Abbildung 5: Entwickeltes SAT-System

Schaltkreis-KNF und Suchalgorithmus eng verzahnt sind und eine effiziente Überprüfung der Abhängigkeiten und Aktivierung ermöglichen, ohne den Suchprozess signifikant zu verlangsamen. Es sei an dieser Stelle explizit erwähnt, dass die Fehler-spezifischen Bedingungen meist schon durch das Belegen weniger Variablen erfüllt werden. Durch die vorgehaltenen strukturellen Informationen kann frühzeitig erkannt werden, wenn alle Bedingungen erfüllt sind bzw. wenn diese unerfüllbar sind, ohne alle Klauseln aktivieren zu müssen. Dies führt im Vergleich zur klassischen Variante, in der erst die komplette SAT-Instanz erzeugt und alle Variablen belegt werden zu einer signifikanten Beschleunigung des Lösungsprozesses. Weiterhin resultiert die partielle Belegung auch in kompakteren Tests, was bislang immer ein Schwachpunkt von SAT-basierten Ansätzen war. Die Kompaktheit lässt sich weiterhin durch nachgeschaltete Techniken verbessern [ED07].

Die Techniken und Datenstrukturen eines SAT-Beweisers sind hoch optimiert und Modifikationen führen daher typischerweise zu einem beträchtlichen Verlust an Performanz. Ein großer Vorteil des vorgestellten Ansatzes ist es, dass durch die dynamisch wachsende SAT-Instanz die effizienten Techniken eines SAT-Beweisers nicht modifiziert werden müssen und ihre Effektivität und Schnelligkeit behalten.

Eine der wichtigsten Techniken für den SAT-Beweiser ist die Konfliktanalyse und der resultierende Gebrauch von „Konfliktklauseln“. Tritt während der Suche ein Konflikt auf, wird eine Konfliktklausel gelernt, welche verhindert, dass der Suchprozess noch einmal in diesen Konflikt läuft. Die gelernten Informationen werden nach der Lösung des Problems verworfen. In [ED09] wird ein Verfahren vorgestellt, wie sich die gelernten Informationen effizient in Fehler-abhängige und Fehler-unabhängige Informationen trennen lassen. Während die Fehler-abhängigen Informationen verworfen werden, können die Fehler-unabhängigen Informationen in den Suchprozess für andere Fehler miteinbezogen werden und Teile des Suchraums vorweg beschneiden. Diese Methode lässt sich nahtlos in die bestehende Aktivierungsmethodik der DCA-Technik integrieren.

Zusammengefasst zeigt Abbildung 6 den neuen Lösungsablauf. Nachdem die Schaltkreis-KNF generiert wurde, müssen für jeden Fehler nur die Fehler-spezifischen Bedingungen extrahiert werden. Der Suchprozess arbeitet auf einer durch den Gebrauch von strukturellen Informationen dynamisch wachsenden KNF. Nach Ende jedes Suchprozesses werden die gelernten Informationen extrahiert, gespeichert und dann effizient in die folgenden Suchvorgänge eingebunden. Auf diese Weise kann der ATPG-Prozess signifikant beschleunigt werden.

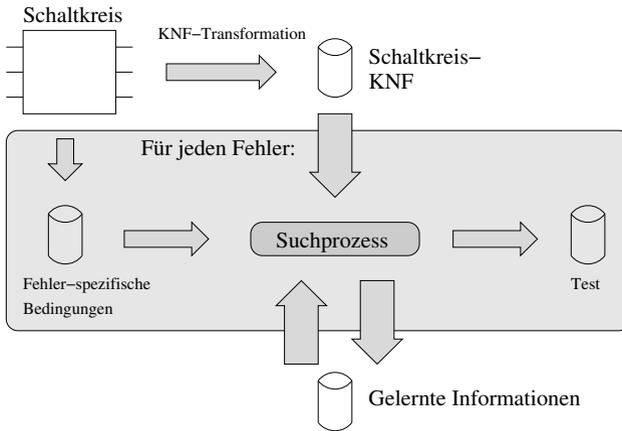


Abbildung 6: Neuer Lösungsablauf

5 Experimente

Die vorgestellten Techniken und Verfahren wurden implementiert und in das industrielle ATPG-System von NXP Semiconductors (früher Philips) integriert. Die Grundlage des entwickelten SAT-Systems ist der SAT-Beweiser MiniSat [ES04]. Weiterhin wurden die entwickelten Verfahren umfassend an großen industriellen Schaltungen evaluiert. Stellvertretend für die gesamten Ergebnisse, deren Präsentation den Rahmen dieses Artikels sprengen würde, werden in diesem Abschnitt die Auswirkungen des SAT-basierten ATPG-Ansatzes auf die Fehlerüberdeckung und die Fehlereffizienz im Vergleich zu klassischen ATPG-Verfahren präsentiert. Die Fehlereffizienz wird im Allgemeinen herangezogen, um die Effektivität von ATPG-Verfahren zu bewerten. Hier wird gemessen für wie viel Prozent der Fehler entweder ein Testmuster gefunden wurde oder bewiesen wurde, dass keines existiert. Optimalerweise liegt diese daher bei 100%. Die Fehlerüberdeckung gibt die Prozentzahl an Fehlern an, für die ein Test generiert werden konnte. Eine Erhöhung dieser Kennzahl ist insbesondere für die Qualität und Sicherheit des Produkts wichtig.

Tabelle 1 zeigt die Auswirkungen auf die Fehlerüberdeckung und Fehlereffizienz für das wichtige Transitionsfehlermodell [ED10]. Verglichen wird der entwickelte Ansatz SAT mit einem industriellen FAN-basierten ATPG Werkzeug, welches über Jahre hoch optimiert wurde und sich in industriellem Einsatz befindet. Die erste Spalte gibt den Namen der Schaltung an, welcher auch die ungefähre Größe wiedergibt, z.B. hat p1330k ca. 1,3 Millionen Elemente. Die Fehlerüberdeckung des jeweiligen Ansatzes wird in Spalte $\%FÜ$ angezeigt, während die jeweilige Fehlereffizienz in Spalte $\%FE$ gegeben ist. Spalte $Zeit(F)$ zeigt die Laufzeitverbesserung des SAT-basierten Ansatzes gegenüber FAN an. Die Laufzeitverbesserung gegenüber der ursprünglichen Version von PASSAT [SFD⁺05] ist in Spalte $Zeit(P)$ gegeben.¹ Spalte $+\%FÜ$ präsentiert den Zugewinn an Fehlerüberdeckung durch den in dieser Arbeit vorgestellten Ansatz.

Die Ergebnisse zeigen, dass in den meisten Fällen ein großer Laufzeitgewinn erzielt werden konnte und die Lücke, die in dieser Hinsicht zwischen SAT-basiertem ATPG und struk-

¹Hier wird allerdings schon der neue Ablauf der SAT-Instanzgenerierung verwendet. Diese Zahl stellt also die Auswirkung der neuen Lösungstechniken dar. Die Auswirkungen des neuen Ablauf zur SAT-Instanzgenerierung können in [DEF⁺08, EFG⁺10] nachgelesen werden.

Tabelle 1: Auswirkungen auf Fehlerüberdeckung / Fehlereffizienz – Transitionsfehlermodell

Schaltung	FAN		SAT				
	%FÜ	%FE	Zeit(F)	Zeit(P)	%FÜ	%FE	+%FÜ
p44k	55,15	99,40	0,96x	17,27x	55,36	99,98	+0,21
p57k	96,36	98,71	0,97x	3,96x	97,22	99,97	+0,86
p77k	34,46	67,62	1,59x	13,51x	34,46	100,00	+0,00
p80k	94,86	98,58	1,25x	1,40x	96,06	100,00	+1,20
p88k	92,33	97,56	2,04x	0,94x	94,00	100,00	+1,67
p99k	89,91	95,95	1,86x	0,73x	90,90	99,98	+0,99
p177k	76,13	96,56	0,36x	32,73x	77,57	99,96	+1,44
p456k	84,17	94,43	0,08x	0,38x	86,04	99,17	+1,87
p462k	57,68	97,48	1,01x	5,80x	57,95	100,00	+0,27
p565k	94,81	99,44	1,38x	1,54x	95,02	99,99	+0,21
p1330k	90,44	99,54	0,96x	3,34x	90,57	100,00	+0,13

turellem ATPG existierte, geschlossen werden konnte. Der Einsatz von SAT-basiertem ATPG resultiert zudem in einer sehr hohen Fehlereffizienz welche verlässlich zwischen 99–100% ist. Dies führt zu einer signifikanten Steigerung der Fehlerüberdeckung um bis zu 1,87% und ermöglicht so den Test auf einer großen Menge von Fehlern, welche bisher unentdeckt geblieben worden wären. Daher wird durch den neu entwickelten Ansatz die Testqualität deutlich gesteigert.

6 Zusammenfassung

Klassische ATPG-Verfahren stoßen aufgrund der Komplexität heutiger Schaltungen an ihre Leistungsgrenzen und sind nicht mehr in der Lage die gewünschte Testqualität sicher zu stellen. In dieser Arbeit wurden neue Verfahren für SAT-basierte Testgenerierung vorgestellt. Diese beheben die Nachteile von bisherigen SAT-basierten ATPG-Verfahren und erlauben so den praktischen Einsatz. Sie ermöglichen außerdem die Generierung von hochwertigen Tests und verbessern die Robustheit und Effizienz des Lösungsprozesses durch einen neuen Ablauf zur SAT-Instanzgenerierung und innovativen Lösungstechniken. Dies resultiert in einer stark gestiegenen Fehlereffizienz und Fehlerüberdeckung. Hierdurch kann die Testqualität und damit auch die Sicherheit von Computerchips signifikant erhöht werden.

Literatur

- [Coo71] S. A. Cook. The complexity of theorem proving procedures. In 3. *ACM Symposium on Theory of Computing*, Seiten 151–158, 1971.
- [DEF⁺08] R. Drechsler, S. Eggersgluß, G. Fey, A. Glowatz, F. Hapke, J. Schloeffel und D. Tille. On Acceleration of SAT-based ATPG for Industrial Designs. *IEEE Trans. on Computer-Aided Design of Integrated Circuits and Systems*, 27(7):1329–1333, 2008.
- [DEFT09] R. Drechsler, S. Eggersgluß, G. Fey und D. Tille. *Test Pattern Generation using Boolean Proof Engines*. Springer, 2009.
- [ED07] S. Eggersgluß und R. Drechsler. Improving Test Pattern Compactness in SAT-based ATPG. In *IEEE Asian Test Symp.*, Seiten 445–450, 2007.
- [ED08] S. Eggersgluß und R. Drechsler. On the Influence of Boolean Encodings in SAT-based ATPG for Path Delay Faults. In *Int'l Symp. on Multiple-Valued Logic*, Seiten 94–99, 2008.

- [ED09] S. Eggersgluß und R. Drechsler. Increasing Robustness of SAT-based Delay Test Generation using Efficient Dynamic Learning Techniques. In *IEEE European Test Symp.*, Seiten 81–86, 2009.
- [ED10] S. Eggersgluß und R. Drechsler. Robust algorithms for high-quality test pattern generation using Boolean satisfiability. In *Int'l Test Conf.*, Seiten 1–10, 2010.
- [ED11] S. Eggersgluß und R. Drechsler. Efficient Data Structures and Methodologies for SAT-based ATPG providing High Fault Coverage in Industrial Application. *IEEE Trans. on Computer-Aided Design of Integrated Circuits and Systems*, 2011. zur Veröffentlichung angenommen.
- [EFG⁺10] S. Eggersgluß, G. Fey, A. Glowatz, F. Hapke, J. Schloeffel und R. Drechsler. MONSOON: SAT-based ATPG for Path Delay Faults Using Multiple-Valued Logics. *Jour. of Electronic Testing: Theory and Applications*, 26(3):307–322, 2010.
- [ES04] N. Eén und N. Sörensson. An extensible SAT solver. In *Int'l Conf. on Theory and Applications of Satisfiability Testing*, Jgg. 2919 of *Lecture Notes in Computer Science*, Seiten 502–518, 2004.
- [FS83] H. Fujiwara und T. Shimono. On the Acceleration of Test Generation Algorithms. *IEEE Trans. on Computers*, 32(12):1137–1144, 1983.
- [KC98] A. Krstić und K.-T. Cheng. *Delay Fault Testing for VLSI Circuits*. Kluwer Academic Publishers, Boston, MA, 1998.
- [Lar92] T. Larrabee. Test Pattern Generation Using Boolean Satisfiability. *IEEE Trans. on Computer-Aided Design of Integrated Circuits and Systems*, 11(1):4–15, 1992.
- [MS97] J. P. Marques-Silva und K. A. Sakallah. Robust Search Algorithms for Test Pattern Generation. In *Int'l Symp. on Fault-Tolerant Computing*, Seiten 152–157, 1997.
- [SBS96] P. Stephan, R. K. Brayton und A. L. Sangiovanni-Vincentelli. Combinational Test Generation Using Satisfiability. *IEEE Trans. on Computer-Aided Design of Integrated Circuits and Systems*, 15(9):1167–1176, 1996.
- [SFD⁺05] J. Shi, G. Fey, R. Drechsler, A. Glowatz, F. Hapke und J. Schloeffel. PASSAT: Efficient SAT-based Test Pattern Generation. In *IEEE Annual Symp. on VLSI*, Seiten 212–217, 2005.
- [TED10] D. Tille, S. Eggersgluß und R. Drechsler. Incremental Solving Techniques for SAT-based ATPG. *IEEE Trans. on Computer-Aided Design of Integrated Circuits and Systems*, 29(7):1125–1130, 2010.

Stephan Eggersgluß studierte Informatik an der Universität Bremen, wo er 2006 nach 8 Semestern sein Diplom erhielt. Im Jahr 2006 war er außerdem Diplomand in der Design-



for-Test Gruppe von Philips Semiconductors, Hamburg. Seit Oktober 2006 ist er an der Universität Bremen als wissenschaftlicher Mitarbeiter der Arbeitsgruppe Rechnerarchitektur unter der Leitung von Prof. Dr. Rolf Drechsler in Lehre und Forschung tätig. Seit 2010 ist er außerdem im Deutschen Forschungszentrum für Künstliche Intelligenz (DFKI) beschäftigt. Seine Forschungsinteressen konzentrieren sich auf den Einsatz von formalen Methoden im Test digitaler Schaltungen. Außerdem beschäftigt er sich mit effizienten Erfüllbarkeitsalgorithmen und Timing Analysis für digitale Schaltungen. Er schloß seine Promotion 2010 mit dem Prädikat

„summa cum laude“ ab und seine Dissertation wurde mit dem *E.J. McCluskey Best Doctoral Thesis Award 2010* des Test Technology Technical Council (TTTC) der IEEE Computer Society ausgezeichnet.

Eine Formulierung für den log-linearen, diskriminativen Ansatz in der Spracherkennung

Georg Heigold

Speech Research Group, Google Inc.
1600 Amphitheatre Pkwy, Mountain View, CA, USA
heigold@google.com

Abstract: Konventionelle Spracherkennungssysteme basieren auf Hidden Markov Modellen (HMMs), in denen die Zustände durch Gaußsche Mischverteilungen beschrieben werden. Im Gegensatz zu anderen Anwendungsgebieten werden diskriminative Techniken wie log-lineare Modellierung erst seit kurzem in der Spracherkennung untersucht. Diese Dissertation führt einen log-linearen Formalismus im Kontext der diskriminativen Trainingskriterien ein - mit Beispielen aus der kontinuierlichen Spracherkennung, dem Part-of-Speech-Tagging und der Handschrifterkennung. Der theoretische und experimentelle Vergleich von verschiedenen Trainingsalgorithmen bildet den Schwerpunkt dieser Arbeit.

1 Einführung

Die Sprache ist eines der natürlichsten Mittel der menschlichen Kommunikation. Daher ist die automatische Spracherkennung eine wichtige Komponente für die Entwicklung von Mensch-Maschine-Schnittstellen, Telekommunikationsdienstleistungen und Multimedia-Tools. Spracherkennung kann als eigenständiges Werkzeug (z.B. Datenerfassung und Vorbereitung von Dokumenten) eingesetzt werden oder als Eingabe für die weitere Verarbeitung natürlicher Sprache dienen (z.B. Übersetzung gesprochener Sprache und Verstehen gesprochener Sprache).

Automatische Spracherkennung ist der Prozess der Umwandlung eines akustischen Signals (Sprache) in geschriebenen Text (erkannte Wörter) durch eine Maschine. In dieser Arbeit wird die automatische Spracherkennung im Rahmen der statistischen Entscheidungstheorie untersucht. Strukturierte statistische Modelle werden verwendet, um die Komplexität der Aufgabe zu reduzieren. Üblicherweise wird das statistische Modell in das Sprachmodell und das akustische Modell zerlegt. Letzteres verwendet akustische Merkmale, die in einem Vorverarbeitungsschritt aus dem akustischen Signal gewonnen werden. Der Wortfehler ist das am häufigsten verwendete Maß, um die Leistungsfähigkeit eines Spracherkennungssystems zu bewerten.

Die betrachteten akustischen Modelle haben eine immense Anzahl freier Modellparameter. Diese Parameter werden anhand eines geeigneten Trainingskriteriums geschätzt. Traditionell wird das akustische Modell durch generative Modelle dargestellt. Die diskriminativen

Techniken basieren auf einem direkteren Ansatz und versuchen den Wortfehler eines Spracherkennungssystems direkt zu optimieren.

Diese Dissertation legt den Schwerpunkt auf diskriminative Verfahren für das akustische Modell. Beim herkömmlichen generativen Ansatz (z.B. Maximum Likelihood) kann diese Komponente unabhängig vom Sprachmodell untersucht werden [Rab89]. Im diskriminativen Ansatz gilt diese Vereinfachung nicht mehr, da der Satz-Posterior – die Hauptgröße in der Bayesschen Entscheidungsregel – nicht nur den richtigen Satz, sondern auch alle konkurrierenden Satzthesen berücksichtigt. Dies führt typischerweise zu einer Reduktion der Wortfehler, aber auch zu einer deutlichen Zunahme der Komplexität des Trainingsalgorithmus [BBdSM86, JK92, Nor96, VOWY97]. Aus diesem Grund sind effiziente und verlässliche Optimierungsverfahren wichtig. Die (Unter-)Menge der Satzthesen wird mittels einer Netzstruktur kompakt dargestellt.

Einer der Hauptkritikpunkte an den herkömmlichen Gaußschen HMMs ist, dass sie den Satz-Posterior nur indirekt mit Hilfe der Bayesschen Regel modellieren. Im Gegensatz dazu bieten die log-linearen Modelle [Jay03] eine einfache und direkte Parameterisierung dieser Hauptgröße in der Mustererkennung. Aus diesem Grund wird erwartet, dass die log-linearen Modelle geeigneter für die Mustererkennung sind. In manchen Anwendungsgebieten haben sich log-lineare Modelle einschließlich der Conditional Random Fields (CRFs) als nützlich erwiesen. Vereinzelt werden daher seit kurzer Zeit diese diskriminativen Modelle anstelle der herkömmlichen generativen Gaußschen HMMs auch in der Spracherkennung untersucht. Zudem werden vermehrt Algorithmen mit guten theoretischen Eigenschaften eingeführt und getestet. Regularierungs-Techniken [HTF01] und das Margin-Konzept [Vap95] zielen auf eine bessere Generalisierbarkeit der Modelle, während Optimierungsalgorithmen basierend auf unteren Schranken [Bis06] oder Wachstumstransformationen [GKNN91] und konvexe Optimierung [BV04] zu Algorithmen mit stärkeren Konvergenzeigenschaften führen.

2 Wissenschaftliche Ziele

Das Ziel dieser Arbeit ist es, ein Rahmenwerk für log-lineare Modellierung im Kontext diskriminativer Trainingskriterien einzuführen - mit Beispielen aus der automatischen Spracherkennung, dem Part-of-Speech Tagging und der Handschrifterkennung. Die Arbeit befasst sich sowohl theoretisch als auch experimentell mit den verschiedenen Aspekten eines Trainingsalgorithmus, der aus dem Modell bzw. der Parameterisierung, dem Trainingskriterium und dem Optimierungsalgorithmus besteht. Namentlich umfasst die Dissertation die folgenden Problemstellungen:

- Theoretischer und experimenteller Vergleich von diskriminativen Gaußschen HMMs und log-linearen HMMs, siehe Abschnitt 3.
- Direkte Evaluierung des Nutzens des Margin-Konzepts für die kontinuierliche Spracherkennung mit großem Wortschatz, siehe Abschnitt 4.
- Herleitung eines EM-artigen Optimierungsalgorithmus, der auf alle gängigen Op-

timierungsprobleme in der Spracherkennung angewandt werden kann, siehe Abschnitt 5.

- Untersuchung von konvexer Optimierung in der Spracherkennung mit dem Ziel, ein komplettes Modell von Grund auf neu zu trainieren, siehe Abschnitt 6.
- Konsistente Auswertung der hergeleiteten Resultate und vorgeschlagenen Algorithmen auf verschiedenen Aufgaben aus der Spracherkennung, des Part-of-Speech Tagging und der Handschrifterkennung, siehe Abschnitt 7.

3 Äquivalenzrelationen für Gaußsche und log-lineare Modelle

Herkömmliche Spracherkennungssysteme verwenden Gaußsche HMMs. Dieses Modell definiert den Satz-Posterior indirekt über die Verbundwahrscheinlichkeit. Zudem ist es ein gerichtetes Modell mit etlichen Einschränkungen an die Modellparameter: die Varianzen der Gauß-Verteilungen müssen positiv sein und die bedingten Wahrscheinlichkeiten in den HMMs müssen korrekt normalisiert sein. Im Gegensatz dazu liefert das log-lineare Modell eine direkte Parameterisierung des Satz-Posteriors und ist ein ungerichtetes Modell ohne Einschränkungen an die Modellparameter.

In der Vergangenheit wurde verschiedentlich gezeigt, dass diskriminative Gaußsche HMMs immer in ein äquivalentes log-lineares Modell umgeformt werden können. Die Gegenrichtung ist weniger offensichtlich, da das log-lineare Modell nicht notwendigerweise positive Varianzen oder normalisierte bedingte Wahrscheinlichkeiten impliziert. Dieser Umstand führte zur Vermutung, dass die log-linearen Modelle mächtiger als die Gaußschen Modelle sind [SL02, Jay03, GMAP05]. Verschiedene Gruppen veröffentlichten Vergleichsergebnisse [SL02, GMAP05], die diese Vermutung zu untermauerten.

In der vorliegenden Dissertation wird bewiesen, dass diese beiden Modelle unter schwachen Annahmen gleich mächtig sind, d.h. jedes log-lineare Modell kann in ein Gauß-Modell umgeformt werden, das exakt dieselben Posteriors erzeugt. Für den Beweis machen wir uns die Beobachtung zunutze, dass die Modellparameter nicht eindeutig sind, siehe Abbildung 1 für ein einfaches Beispiel. Diese zusätzlichen Freiheitsgrade reichen aus, um die Einschränkungen an die Parameter der Gauß-Modelle zu erzwingen, ohne die Posteriors zu ändern. In der Arbeit wurden drei Beispiele näher diskutiert: die Gaußschen Mischverteilungen, ein einfaches Markov-Modell erster Ordnung (siehe Abbildung 2 für eine Verifikation der Formeln) und Gaußsche HMMs.

Sorgfältig aufgesetzte Experimente für Aufgaben unterschiedlicher Komplexität (einschließlich kontinuierlicher Spracherkennung mit großem Wortschatz und auf bis zu 1500 Stunden Audio-Daten trainiert) bestätigen dieses Resultat. Trotzdem dürften die log-linearen Modelle aufgrund der einfacheren und flexibleren Parameterisierung, die unter gewissen Annahmen zu einem konvexen Optimierungsproblem führt, in der Praxis Vorteile haben.

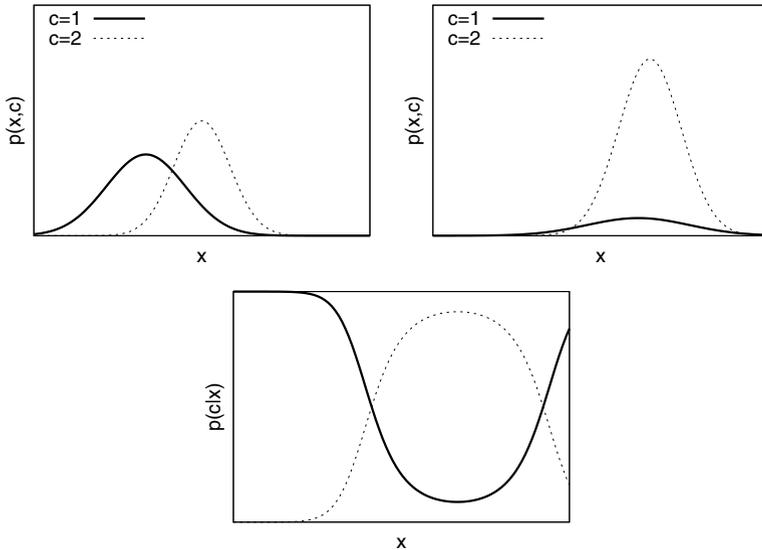


Abbildung 1: Die Posteriors $p(c|x)$ zweier unterschiedlicher Gaußscher Modellen mit Prior $p(x, c)$ (d.h. unterschiedliche Mittelwerte, Varianzen und Priors) können exakt identisch sein, wobei c der Klassenindex und x die Beobachtung ist. Die Posteriors werden über die Bayes-Regel von der Verbundwahrscheinlichkeit abgeleitet: $p(c|x) = \frac{p(x,c)}{p(x,1)+p(x,2)}$.

4 Integration des Margin-Konzepts in das Standard-Training

Minimum Phone Error (MPE) [Pov04], Maximum Mutual Information (MMI) [BBdSM86, Nor96, VOWY97] und Minimum Classification Error (MCE) [JK92] sind typische Beispiele für Trainingskriterien in der Spracherkennung. Diese Kriterien basieren auf einer Verlustfunktion, die zudem eine Form von Regularisierung enthalten kann. Im Gegensatz dazu sind die large-margin Klassifikatoren im maschinellen Lernen weit verbreitet. Diese versuchen, die Trainingsdaten mit möglichst großem Abstand zu trennen; eine zusätzliche Verlustfunktion bestraft inkorrekt klassifizierte Beobachtungen. Dieser Ansatz wird durch Resultate aus der statistischen Lerntheorie gerechtfertigt [Vap95] und erzielt gute Ergebnisse auf vielen Klassifizierungsaufgaben.

Nach unserem besten Wissen gibt es jedoch bisher keine verlässliche und umfassende Studie zur Nützlichkeit des Margin-Konzepts für die Erkennung von Zeichenketten, insbesondere für die kontinuierliche Spracherkennung mit großem Wortschatz. Die vorliegende Arbeit versucht diese Lücke zu schließen. Zu diesem Zweck wird gezeigt, wie ein Margin-Term in die herkömmlichen Trainingskriterien eingebaut werden kann, den man nach Belieben ein- und ausschalten kann, sodass der Einfluss des Margins direkt gemessen werden kann. Die so abgeänderten Kriterien sind identisch mit den Support-Vektor-Maschinen mit einer geeigneten Verlustfunktion. Diese Vorgehensweise hat den Vorteil, dass wir die bisherigen effizienten Trainingsalgorithmen aus der Spracherkennung mit minimalem Aufwand weiterverwenden können.

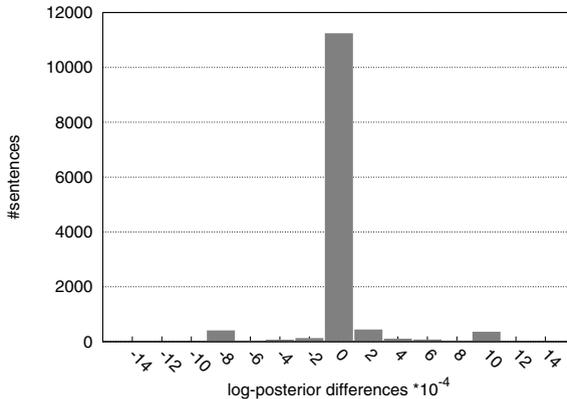


Abbildung 2: Verteilung der Unterschiede in den logarithmierten Posteriors für ein einfaches CRF und Markov-Modell erster Ordnung aus dem Part-of-Speech Tagging. Im Idealfall (d.h. ohne numerische Ungenauigkeiten) wären alle Beobachtungen bei exakt Null. In diesem Beispiel wurde das CRF auf dem French-Media-Korpus [DMR⁺04] geschätzt und dann in ein äquivalentes Markov-Modell umgeformt.

Die Auswertung des Margin-Terms wurde auf verschiedenen Aufgaben aus der Spracherkennung, dem Part-of-Speech Tagging und der Handschrifterkennung gemacht. Wie erwartet hängt der Nutzen des Margin-Terms klar von den Trainingsbedingungen ab. Für einfache Aufgaben wie z.B. das Erkennen von Ziffernketten, bei denen fast keine Trainingsfehler gemacht werden und somit die Überanpassung ein ernsthaftes Problem darstellt, dominiert der Margin-Term. Für die komplexeren Aufgaben aus der kontinuierlichen Spracherkennung mit großem Wortschatz (wovon manche auf mehr als 1000 Stunden Audio-Daten trainiert wurden) wurden jedoch nur sehr kleine - wenn auch konsistente - Verbesserungen gegenüber den besten existierenden Systemen mit dem Margin-Term erzielt. In diesem Fall scheint der Margin-Term von untergeordneter Bedeutung zu sein bzw. scheinen die diversen Heuristiken (z.B. schwaches Sprachmodell im Training) wirksame Approximationen an das Margin-Konzept zu sein.

5 EM-artige Optimierung

Generative Gaußsche HMMs werden häufig mit Expectation-Maximization (EM) [Bis06] trainiert und einfache log-lineare Modelle werden traditionellerweise mit dem Generalized Iterative Scaling (GIS) [DPDPL97] optimiert. Beide Algorithmen sind Beispiele der EM-artigen Optimierungsalgorithmen. Dies sind iterative Verfahren mit dem Vorteil, dass sie das Trainingskriterium in jeder Iteration verbessern - und dies ohne Schrittweiten einstellen bzw. auf ausgeklügelte Weise aktualisieren oder numerische Optimierungen entlang ausgesuchter Suchrichtungen machen (was mit schwer vorhersagbaren Laufzeit verbunden ist) zu müssen. Dies ist eine ziemlich starke Eigenschaft, die herkömmliche Gradientenverfahren nicht haben.

Für das Trainieren diskriminativer Gaußscher HMMs oder log-linearer Modelle mit verborgenen Variablen bzw. verfeinerten Trainingskriterien (z.B. MPE statt MMI) ist bisher kein vergleichbarer, konstruktiver Optimierungsalgorithmus bekannt. Die meisten Gruppen trainieren heutzutage diskriminative Gaußsche HMMs mit empirischen Varianten des Extended Baum Welch (EBW) [Pov04, Mac10]. Mit EBW werden zwar in der Regel gute Ergebnisse in der Praxis erzielt, er bietet aber kaum theoretisch nachgewiesene Garantien bezüglich des Konvergenzverhaltens.

In dieser Arbeit wurde ein EM-artiger Optimierungsalgorithmus für log-lineare Modelle mit verborgenen Variablen hergeleitet, der auch in Kombination mit anderen Trainingskriterien als MMI (z.B. MPE) funktioniert. Wegen der Äquivalenz der Gaußschen HMMs und log-linearen HMMs (siehe Abschnitt 3) kann dieser Algorithmus insbesondere auch für alle gängigen diskriminativen Optimierungsprobleme Gaußscher HMMs in der Spracherkennung angewandt werden.

Der vorgeschlagene Algorithmus wurde auf verschiedenen einfachen Aufgaben (optische Zeichenerkennung mit Mischverteilungsmodellen, Erkennung gesprochener Ziffernketten mit kontinuierlichen HMMs und Part-of-Speech Tagging mit diskreten HMMs) getestet und mit existierenden gradienten-basierten Algorithmen verglichen. Die Experimente bestätigen die theoretischen Eigenschaften des Algorithmus und erzielen vergleichbare Fehlerraten wie mit den üblichen Verfahren (jedoch ohne die Notwendigkeit Parameter von Hand einzustellen). Die erhöhte Garantie bezüglich Konvergenz ist aber im Allgemeinen auf Kosten der Konvergenzgeschwindigkeit, da der Algorithmus vom ungünstigsten Verlauf des Trainingskriteriums ausgeht.

6 Konvexe Optimierung mit log-linearen HMMs

In der Spracherkennung werden üblicherweise nicht-konvexe Optimierungsprobleme verwendet, um die Gaußschen HMMs zu trainieren. Von einem theoretischen Standpunkt aus ist diese Situation unbefriedigend, da das Training in einem lokalen Optimum stecken bleiben kann. Somit hängt das Resultat im Allgemeinen von der Initialisierung und dem Optimierungsalgorithmus ab. Dies erschwert es, Ergebnisse anderer Gruppen zu reproduzieren und unterschiedliche Verfahren auf faire Weise zu vergleichen. Von einem praktischen Standpunkt aus erfordert dieser Ansatz viel Erfahrung, Empirik und das Einstellen von Parametern, um gute Fehlerraten zu erzielen.

Aus diesem Grund ist ein narrensicherer Ansatz wünschenswert. Log-lineare Modelle erscheinen in diesem Kontext vielversprechend, da sie unter gewissen Voraussetzungen zu einem konvexen Optimierungsproblem führen. Diese Arbeit hat zwei konvexe Optimierungsprobleme formuliert, um die Machbarkeit und Nützlichkeit dieses Ansatzes in der Spracherkennung zu testen.

Erste Experimente für die Erkennung gesprochener Ziffernketten legen nahe, dass diese Kriterien stabil zu einem konkurrenzfähigen globalen Optimum konvergieren. Zudem haben wir das Trainingskriterium auf Satzebene benutzt, um das komplette HMM-Modell von Grund auf neu zu trainieren. Ohne langwieriges Hand-Tuning und Approximatio-

nen wurde damit ein konkurrenzfähiges Spracherkennungssystem trainiert. Jedoch muss gesagt werden, dass die konvexe Optimierung noch weit davon entfernt ist, um standardmäßig und in großen Systemen eingesetzt zu werden.

7 Ein transducer-basierter Ansatz für diskriminatives Training

Standardimplementierungen des diskriminativen Trainings in der Spracherkennung verwenden Wortgraphen, um die Menge der konkurrierenden Satzypothesen in kompakter Form darzustellen. Für die wichtigsten Trainingskriterien wie zum Beispiel MMI [Mac10] und MPE [Pov04] gibt es spezifische Algorithmen, um deren Gradienten effizient zu berechnen. Eine solche Implementierung ist jedoch zu wenig flexibel für unsere Anforderungen. Wir verwenden stattdessen eine Implementierung, die auf gewichteten Transducer beruht, und die mit geringem Aufwand für unterschiedliche Modelle (Gauß, log-linear), unterschiedliche Trainingskriterien (MMI, MPE) und Aufgaben (Spracherkennung, Part-of-Speech Tagging, Handschrifterkennung) verwendet werden kann. Ähnliche Ansätze sind bereits bekannt für das herkömmliche diskriminative Training [Mac10], die Conditional Random Fields (CRFs) [LMP01, GMAP05] oder das Lernen gewichteter Transducer [Eis01].

Neuartig an unserem Ansatz ist, dass die verschiedenen Trainingskriterien mit demselben effizienten Algorithmus optimiert werden, was z.B. das Testen unterschiedlicher Trainingskriterien erheblich erleichtert. Zu diesem Zweck wird der Gradient als Funktion von (formalen) Kovarianzen zweier Zufallsvariablen geschrieben. Das Berechnen der Kovarianz ist in unserem Fall nicht trivial, da sie eine Summe über die kombinatorisch vielen Pfade des Transducer enthält. Diese Dissertation zeigt, dass diese Größe mit Hilfe des bekannten Forward/Backward- bzw. Single-Source-Shortest-Path-Algorithmus [Rab89] in Kombination mit dem Erwartungshalbring [Eis01] effizient berechnet werden kann. Unser Ansatz ist ähnlich zu dem in [Eis01]. Der Unterschied besteht darin, dass wir den Erwartungshalbring zur Berechnung der Kovarianz und nicht des Erwartungswertes einsetzen, was im Allgemeinen zu einer deutlichen Reduktion der Komplexität zugunsten unseres Algorithmus führt. Da die Kovarianz eine wichtige Größe in der Statistik ist, dürfte dieses Resultat eine nützliche Erweiterung der bestehenden Toolkits für probabilistische Transducer sein.

Als eine interessante Anwendung soll hier die Berechnung des exakten Wortfehlers für alle Sätze in einem Wortgraphen bezüglich eines gegebenen Referenzsatzes erwähnt werden. Der Transducerformalismus führt zu einer eleganten und kompakten Implementierung des Problems [Moh03]. Dieser Ansatz wird hier eingesetzt, um ein Spracherkennungssystem moderater Größe bezüglich des exakten Wortfehlers zu optimieren. Die experimentellen Ergebnisse legen nahe, dass die verschiedenen Approximationen an den Wortfehler, die sonst verwendet werden, nahezu optimal sind.

8 Conclusion

Das Ziel dieser Arbeit war es, log-lineare Techniken für die Erkennung von Zeichenketten - mit dem Schwerpunkt auf verfeinerten akustischen Modellen in der Spracherkennung - zu untersuchen. Dafür wurde ein einheitliches und effizientes Rahmenwerk entwickelt. Die wissenschaftlichen Beiträge dieser Arbeit decken verschiedene Aspekte eines Trainingsalgorithmus ab.

Die ersten zwei theoretischen Beiträge führen zu einer Vereinheitlichung drei wichtiger Technologien in der Mustererkennung: der Gaußschen HMMs, der log-linearen HMMs und der Support-Vektor-Maschinen:

- Beweis exakter Äquivalenzrelationen für diskriminative Gaußsche HMMs und log-lineare HMMs in der Spracherkennung.
- Herleitung eines effizienten margin-basierten Trainings für die kontinuierliche Spracherkennung mit großem Wortschatz und mit klarem Bezug zu herkömmlichem Training in der Spracherkennung und margin-basiertem Training aus dem maschinellen Lernen. Dies hat es uns erlaubt, den Nutzen eines Margin-Terms direkt auszuwerten.

Die nächsten zwei Beiträge behandeln praktische Aspekte aus der numerischen Optimierung:

- Herleitung eines allgemeinen EM-artigen Optimierungsalgorithmus für log-lineare Modelle mit verborgenen Variablen, der auf alle üblichen Optimierungsprobleme in der Spracherkennung angewandt werden kann und der an ein paar einfachen Aufgaben experimentell getestet wurde.
- Trainieren eines kompletten Spracherkennungsmodells von Grund auf neu mit konvexer Optimierung und konkurrenzfähigem Wortfehler, aber ohne die in der Spracherkennung üblichen Approximationen und Heuristiken.

Eine flexible und effiziente Formulierung und Implementierung des diskriminativen Trainings war unentbehrlich, um die verschiedenen theoretischen Resultate an einer Vielzahl unterschiedlicher Aufgaben erfolgreich zu überprüfen und auszuwerten:

- Reduktion der Berechnung der Kovarianz zweier Zufallsvariablen dargestellt als Transducer auf den herkömmlichen effizienten Single-Source-Shortest-Path-Algorithmus mit einem geeigneten Halbring.
- Eine rein transducer-basierte Formulierung des diskriminativen Trainings mit der Kovarianz als Schlüsselgröße, wodurch sich das Problem auf Standardalgorithmen reduzieren lässt.

Als Nebenprodukt der transducer-basierten Formulierung haben wir ein Spracherkennungssystem moderater Größe bezüglich des exakten Wortfehlers optimiert.

Danksagung

Die hier vorgestellte Dissertation wäre ohne die fachliche Unterstützung vieler Personen nicht zu Stande gekommen. An dieser Stelle möchte ich nur kurz einigen davon danken: Prof. Dr.-Ing. Hermann Ney für die Ermöglichung, immense Unterstützung und die vielen interessanten Diskussionen, Dr. Ralf Schlüter für die Unterstützung beim diskriminativen Training, Thomas Deselaers, Philippe Dreuw, Stefan Hahn, Patrick Lehnen, Markus Nußbaum, David Rybach, Muhammad Ali Tahir und Simon Wiesler für die Unterstützung bei den verschiedenen Experimenten und Diskussionen.

Literatur

- [BBdSM86] L.R. Bahl, P.F. Brown, P.V. de Souza und R.L. Mercer. Maximum Mutual Information Estimation of Hidden Markov Model Parameters for Speech Recognition. In *IEEE International Conference on Acoustics, Speech, and Signal Processing (ICASSP)*, Seiten 49–52, Tokyo, Japan, Mai 1986.
- [Bis06] C.M. Bishop. *Pattern Recognition and Machine Learning*. Springer, 2006.
- [BV04] S. Boyd und L. Vandenberghe. *Convex Optimization*. Cambridge, 2004.
- [DMR⁺04] L. Devillers, H. Maynard, S. Rosset et al. The French Media/Evalda Project: The Evaluation of the Understanding Capability of Spoken Language Dialog Systems. In *International Conference on Language Resources and Evaluation (LREC)*, Lisbon, Portugal, Mai 2004.
- [DPDPL97] S.A. Della Pietra, V.J. Della Pietra und J. Lafferty. Inducing Features of Random Fields. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 19(4):380–393, 1997.
- [Eis01] J. Eisner. Expectation Semirings: Flexible EM for Finite-state Transducers. In *International Workshop on Finite-State Methods and Natural Language Processing (FSM-NLP)*, Helsinki, Finland, August 2001.
- [GKNN91] P.S. Gopalakrishnan, D. Kanevsky, A. Nadas und D. Nahamoo. An Inequality for Rational Functions with Applications to Some Statistical Estimation Problems. *IEEE Transactions on Information Theory*, 37(1):107 – 113, 1991.
- [GMAP05] A. Gunawardana, M. Mahajan, A. Acero und J.C. Platt. Hidden Conditional Random Fields for Phone Classification. In *Interspeech*, Seiten 117 – 120, Lisbon, Portugal, September 2005.
- [HTF01] T. Hastie, R. Tibshirani und J. Friedman. *The Elements of Statistical Learning*. Springer-Verlag, 2001.
- [Jay03] E.T. Jaynes. *Probability Theory: The Logic of Science*. Cambridge, 2003.
- [JK92] B.-H. Juang und S. Katagiri. Discriminative Learning for Minimum Error Classification. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 40(12):3043–3054, 1992.

- [LMP01] J. Lafferty, A. McCallum und F. Pereira. Conditional Random Fields: Probabilistic Models for Segmenting and Labeling Sequence Data. In *International Conference on Machine Learning (ICML)*, Seiten 282 – 289, San Francisco, CA, USA, June – July 2001.
- [Mac10] W. Macherey. *Discriminative Training and Acoustic Modeling for Automatic Speech Recognition*. Dissertation, RWTH Aachen University, 2010.
- [Moh03] M. Mohri. Edit-Distance of Weighted Automata: General Definitions and Algorithms. *International Journal of Foundations of Computer Science*, 14(6):957 – 982, 2003.
- [Nor96] Y. Normandin. Maximum Mutual Information Estimation of Hidden Markov Models. In K. K. Paliwal C.-H. Lee, F. K. Soong, Hrsg., *Automatic Speech and Speaker Recognition*, Seiten 57–81. Kluwer Academic Publishers, Norwell, MA, USA, 1996.
- [Pov04] D. Povey. *Discriminative Training for Large Vocabulary Speech Recognition*. Dissertation, Cambridge, England, 2004.
- [Rab89] L. R. Rabiner. A Tutorial on Hidden Markov Models and Selected Applications in Speech Recognition. *Proceedings of the IEEE*, 77(2):257–286, Februar 1989.
- [SL02] L. Saul und D. Lee. Multiplicative Updates for Classification by Mixture Models. In T.G. Dietterich, S. Becker, and Z. Ghahramani, Hrsg., *Advances in Neural Information Processing Systems (NIPS)*. MIT Press, 2002.
- [Vap95] V. Vapnik. *The Nature of Statistical Learning Theory*. Springer-Verlag, 1995.
- [VOWY97] V. Valtchev, J. J. Odell, P. C. Woodland und S. J. Young. MMIE Training of Large Vocabulary Recognition Systems. *Speech Communication*, 22(4):303 – 314, 1997.



Georg Heigold studierte Physik an der ETH Zürich. Nach dem Abschluss als Diplom-Physiker im April 2000 arbeitete als Software-Entwickler bei De La Rue in Bern. Von 2004 bis 2010 war er wissenschaftlicher Mitarbeiter am Lehrstuhl für Sprachverarbeitung und Mustererkennung der RWTH Aachen. Im Sommer 2008 war er Praktikant bei Microsoft Research in Redmond. Im Juni 2010 schloss er seine Dissertation über diskriminative und log-lineare Methoden in der Spracherkennung mit Erfolg ab. Seit Ende 2010 arbeitet er als Research Scientist bei Google in Mountain View.

Automatisierte HW/SW Co-Verifikation von SystemC Modellen mit Hilfe von Timed Automata

Paula Herber
International Computer Science Institute
Berkeley, CA, USA

herber@icsi.berkeley.edu

Abstract: SystemC hat sich zum de-facto Standard zur Modellierung und Simulation im HW/SW Co-Design entwickelt. Existierende Verifikationstechniken für SystemC sind jedoch meist ad hoc und unsystematisch. Wir präsentieren ein formal fundiertes Framework zur systematischen und umfassenden Co-Verifikation von SystemC Modellen. Das Framework basiert auf einer von uns definierten formalen Semantik für SystemC und verwendet eine Kombination von Model Checking und Konformitätstesten zur automatisierten Qualitätssicherung während des gesamten Entwurfsablaufs. Wir demonstrieren die Leistungsfähigkeit unseres Ansatzes mit einem Packet Switch und einem System zur Anti-Blockier- und Anti-Schlupf-Regulierung.

1 Einleitung

Eingebettete Systeme werden häufig in Bereichen eingesetzt, in denen ein Fehler zu hohen finanziellen Verlusten oder sogar zu Verletzungen und Todesfällen führen kann, zum Beispiel zur Steuerung von Flugzeugen, Zügen und Satelliten. Als Folge davon wird es immer wichtiger, die Korrektheit eingebetteter Systeme mit systematischen und umfassenden Verifikationstechniken sicher zu stellen. Eine besondere Herausforderung ist dabei, dass in eingebetteten Systemen Hardware- und Software-Anteile eng miteinander verflochten sind. Um solche Systeme zu modellieren und zu simulieren wird häufig die Systembeschreibungssprache SystemC [IEE05] eingesetzt. SystemC ist eine Erweiterung von C++ zur integrierten Modellierung von Hardware und Software. Die Modelle können außerdem auf verschiedenen Abstraktionsebenen in einer Co-Simulation ausgeführt werden und damit während des gesamten Entwurfsablaufs ständig überprüft werden. Für eine umfassende Qualitätssicherung ist eine Simulation allein allerdings nicht ausreichend. Das erste Problem ist, dass mit einer Simulation nicht alle möglichen Eingabeszenarien abgedeckt werden können. Das ist insbesondere bei eingebetteten Systemen ein Problem, weil diese in der Regel nicht terminieren und eine kontinuierliche Umgebung steuern. Die Anzahl möglicher Eingabetraces ist deshalb unendlich groß und die Traces können unendlich lang sein. Ein weiteres Problem ist, dass der Automatisierungsgrad begrenzt ist. Die Simulation selbst funktioniert zwar automatisch, die Simulationsergebnisse müssen aber in der Regel manuell ausgewertet werden. Das ist auch die Ursache für das dritte Problem, dass die Konsistenz zwischen verschiedenen Abstraktionsebenen sehr schwer zu etablieren ist.

Um die genannten Probleme zu lösen haben wir das Framework VeriSTA (Framework zur **Verifikation** von SystemC Modellen mit Hilfe von Timed Automata) entwickelt [HPG10]. Die übergeordnete Idee ist, abstrakte Modelle via Model Checking zu verifizieren und anschließend Konformitätstests zu generieren um die Konformität verfeinerter Modelle zum abstrakten Modell zu prüfen. Mit diesem Ansatz erhalten wir Garantien über bestimmte Eigenschaften des abstrakten Entwurfs und stellen gleichzeitig die Konsistenz verfeinerter Entwürfe über den Entwurfsablauf hinweg sicher. Das Ergebnis ist ein systematischer, umfassender und formal fundierter Qualitätssicherungsprozess, der den Entwurfsprozess von der abstrakten Spezifikation bis zur finalen Implementierung unterstützt. Als Basis haben wir eine formale Semantik für SystemC entwickelt, die auf einer Transformation gegebener SystemC Modelle in die wohl-definierte Sprache der UPPAAL Timed Automata (UTA) [BY04] beruht. Das resultierende formale Modell verwenden wir sowohl zum Model Checking [HFG08], als auch zur Generierung von Konformitätstests [HPG10, HFG09].

Im Folgenden geben wir zunächst einen Überblick über verwandte Arbeiten. Dann stellen wir kurz das Framework VeriSTA vor und anschließend gehen wir auf die formale Semantik für SystemC und die darauf aufbauenden Verifikationstechniken ein. Zuletzt werden wir unsere experimentellen Ergebnisse darstellen und mit einem Fazit schließen.

2 Verwandte Arbeiten

Bestehende Ansätze zur Formalisierung von SystemC sind überwiegend auf eine synchrone Untermenge des Sprachumfangs beschränkt [MRR03, GKD06] oder sie vernachlässigen das Zeitverhalten ganz [HMT06, Man05]. Außerdem werden bei fast allen Ansätzen nur einfache Kommunikationsmuster und statische Sensitivitäten berücksichtigt. Ansätze, die auch dynamische Sensitivitäten handhaben können, erfordern entweder eine manuelle Formalisierung gegebener Modelle [TCMM07] oder erzeugen sehr große Modelle [KEP06]. Wir wollen die Semantik zur HW/SW Co-Verifikation einsetzen, d. h. die Modelle, die wir betrachten beinhalten Software, synchrone und asynchrone HW-Anteile, und ggf. komplexe Kommunikationsmuster. Wir müssen also nicht nur das exakte Zeitverhalten, sondern auch dynamische Sensitivität und komplexe Kommunikationsmuster berücksichtigen. Außerdem benötigen wir eine Formalisierung die es erlaubt, formale Modelle automatisch aus gegebenen SystemC Modellen zu generieren.

Die bestehenden Ansätze zur Generierung von Konformitätstests aus Timed Automata Modellen sind im wesentlichen in den beiden Werkzeugen CoVer [HLM⁺08] und TRON [LMN05, HLM⁺08] umgesetzt, die UPPAAL um Möglichkeiten zur Testgenerierung erweitern. Bei CoVer ist allerdings das Problem, dass es nur mit deterministischen Spezifikationen umgehen kann. Bei TRON werden die Konformitätstests *online* während der Testausführung berechnet. Beides ist nicht akzeptabel, einerseits weil SystemC Modelle inhärent nicht-deterministisch sind und andererseits weil nur die *offline* Generierung von Testfällen es ermöglicht, sie in einem verfeinernden Entwurfsablauf in jedem Entwurfschritt wiederholen zu können.

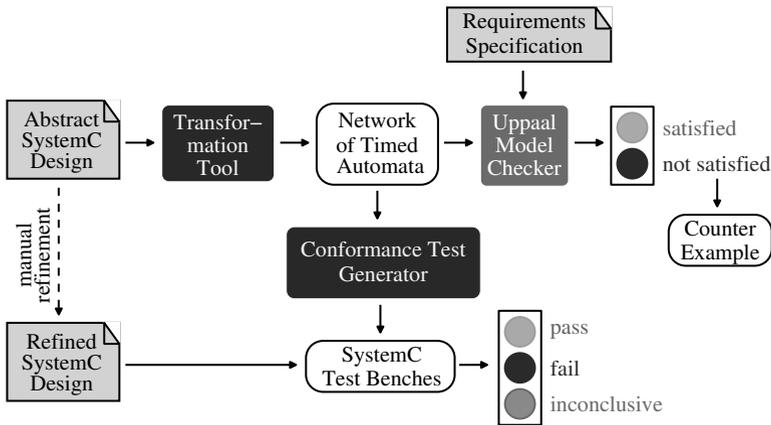


Abbildung 1: VeriSTA Framework

3 Framework zur HW/SW Co-Verifikation

Unser Framework VeriSTA ist in Abb. 1 dargestellt. Es basiert auf der Annahme, dass HW/SW Systeme in einem verfeinernden Entwurfsablauf entwickelt werden, bei dem ein abstraktes Modell schrittweise bis zur endgültigen Implementierung verfeinert wird. Ein solcher Verfeinerungsschritt ist auf der linken Seite von Abb. 1 dargestellt. Wir wollen Model Checking verwenden, um zu verifizieren, dass das abstrakte Modell eine gegebene Anforderungsspezifikation erfüllt. Um dies zu ermöglichen wird das abstrakte Modell zunächst in ein semantisch äquivalentes UTA Modell transformiert. Das so generierte UTA Modell kann direkt als Eingabe für den UPPAAL Model Checker verwendet werden und ermöglicht damit die vollautomatische und vollständige Verifikation von Sicherheits-, Lebendigkeits- und zeitlichen Eigenschaften. Die zu verifizierenden Eigenschaften müssen als Anforderungsspezifikation in temporaler Logik (UPPAAL unterstützt eine Untermenge der *Computation Tree Logic* CTL) gegeben sein. Wenn eine Eigenschaft sich als nicht erfüllt herausstellt, liefert der Model Checker zusätzlich ein Gegenbeispiel, das in der UPPAAL Werkzeugumgebung visualisiert und animiert werden kann. Zur Generierung von Konformitätstests gehen wir davon aus, dass uns eine Menge von Eingabe-Traces als SystemC Test Benches zur Verfügung stehen. Diese werden zusammen mit dem Systemmodell in ein UTA Modell transformiert. Aus diesem Modell generieren wir Konformitätstests, d. h. wir berechnen die Menge aller möglichen Ausgabe-Traces für jeden gegebenen Eingabe-Trace. Diese können zur Generierung von SystemC Test Benches verwendet werden, die automatisch prüfen, ob ein verfeinertes Modell Traces liefert, die auch im abstrakten Modell erlaubt sind. Ist das der Fall, ist das verfeinerte Modell konform zum abstrakten Modell. Insgesamt haben wir mit der Formalisierung, dem Transformationswerkzeug, dem Model Checker und der Generierung von Konformitätstests den eingangs beschriebenen Qualitätssicherungsprozess vollständig umgesetzt.

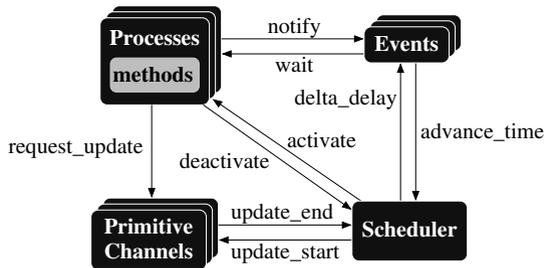


Abbildung 2: Repräsentation von SystemC Modellen in UPPAAL

4 Formale Semantik für SystemC

SystemC erweitert C++ zur Modellierung von Hardware. Dazu werden z. B. Konstrukte zur Modellierung von Zeit, Nebenläufigkeit und Reaktivität eingeführt. Die Modelle können außerdem mit Hilfe des SystemC Schedulers in einer ereignis-diskreten Simulation ausgeführt werden. Die Grundidee unserer Formalisierung ist, dass wir die Semantik aller relevanten SystemC-Konstrukte in der formalen Sprache der UTA formal definieren können. Damit können wir den gesamten Umfang der SystemC Semantik erfassen, inklusive beliebigen Zeitverhaltens, dynamischer Sensitivität und komplexer Kommunikationsmuster. Die formale Semantik ist außerdem so formuliert, dass auf Basis der Formalisierung ein gegebenes SystemC Modell automatisch in ein semantisch äquivalentes UTA Modell transformiert werden kann. Ein besonderer Vorteil ist dabei, dass die Struktur des SystemC Modells im UTA Modell erhalten bleibt. Zusammen mit der C-ähnlichen Aktionsprache von UTA führt dies dazu, dass das formale Modell eines gegebenen SystemC-Modells sehr gut nachvollziehbar ist. In der UPPAAL Werkzeugumgebung können die Modelle visualisiert und simuliert werden. Weiterhin können mit dem UPPAAL Model Checker wichtige Eigenschaften, zum Beispiel Lebendigkeit, Sicherheit oder die Einhaltung von Zeitschranken, vollautomatisch verifiziert werden. Die einzigen Bedingungen, die wir an ein SystemC Modell stellen müssen, damit es in ein UTA Modell transformiert werden kann, sind: (1) Es darf keine dynamische Speicher- oder Prozessallokation verwendet werden. Diese Bedingung ist in sicherheitskritischen eingebetteten Systemen typischerweise erfüllt. (2) Es dürfen nur Variablen verwendet werden, die auf beschränkte Integer abgebildet werden können. Dies ist akzeptabel, da die meisten Datentypen auf Integer Variablen abgebildet werden können. Wenn beide Voraussetzungen erfüllt sind, kann jedes SystemC Modell durch ein äquivalentes UTA Modell repräsentiert werden.

Ein SystemC Modell besteht aus einer Menge von Modulen, die Methoden und Prozesse enthalten. Während Methoden sequentiellen Code enthalten, werden Prozesse nebenläufig ausgeführt und ihre Ausführung wird von Ereignissen gesteuert. In Abb. 2 ist dargestellt, wie wir SystemC Modelle innerhalb von UPPAAL repräsentieren. Jede Methode wird auf einen einzelnen Automaten abgebildet. Diese Methoden-Automaten werden dann in Prozess-Automaten verpackt, die die Interaktion mit Ereignissen, primitiven Kanälen und dem Scheduler übernehmen. Die Interaktion erfolgt dabei über UPPAAL-Kanäle, zum Beispiel benachrichtigen die Prozesse die Ereignisse über einen `notify` Kanal und die Er-

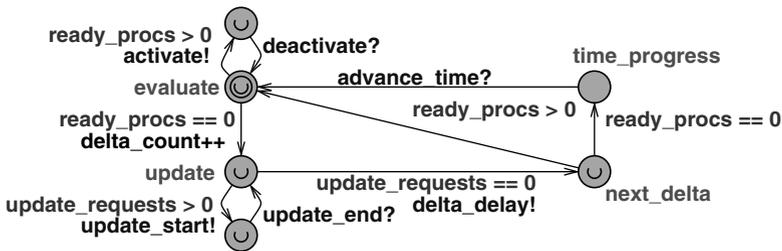


Abbildung 3: SystemC Scheduler in UPPAAL

eignisse stoßen die Prozesse über einen `wait` Kanal an. Dabei werden sowohl statische als auch dynamische Sensitivitäten berücksichtigt. Um die Ausführungssemantik von SystemC zu formalisieren haben wir vordefinierte Modelle für Ereignisse, Prozesse, primitive Kanäle und den Scheduler entwickelt, die deren Semantik formal beschreiben und damit eine formale Semantik definieren. Weiterhin können sie für die Transformation von SystemC Modellen beliebig oft instanziiert werden. Dadurch erhalten wir eine kompositionale Transformation, d. h. wir übersetzen jedes Modul einzeln und setzen das System anschließend in einer Instanzierungs- und Bindungsphase zusammen. Die vollständige formale Semantik ist in [HFG08] und [Her10] angegeben.

Als Beispiel für die konkrete Modellierung von SystemC in UTA ist in Abb. 3 das UTA Modell des SystemC Schedulers dargestellt. Der Scheduler führt SystemC-Modelle in einer ereignis-diskreten Simulation aus. Dabei werden Delta-Zyklen verwendet, um parallele Prozesse zu sequenzialisieren. Jeder delta-Zyklus besteht aus einer `evaluate`- und einer `update`-Phase. In der `evaluate`-Phase werden alle Prozesse, die bereit zur Ausführung sind, mit dem Signal `activate` angestoßen. Erst wenn kein Prozess mehr bereit ist, geht der Scheduler in die `update`-Phase über. In dieser werden alle primitiven Kanäle aktualisiert, d. h. die Daten, die vorher von den Prozessen berechnet wurden, werden übernommen. Der Vorteil dieser Zweiteilung ist, dass alle parallelen Prozesse trotz Sequentialisierung auf den gleichen Daten arbeiten. Wenn ein Delta-Zyklus abgeschlossen ist, werden darüber die Ereignisse über das Signal `delta_delay` benachrichtigt, dadurch können neue Prozesse angestoßen werden. Wenn das geschieht, geht der Scheduler in `next_delta` über und startet einen neuen Delta-Zyklus. Wenn nach einem Delta-Zyklus keine Prozesse mehr bereit zur Ausführung sind geht der Scheduler in den Wartezustand `time_progress` über und wartet darauf, dass das nächstliegende zeitverzögerte Ereignis auslöst. Wenn das geschieht, erhält der Scheduler das Signal `advance_time` und startet einen neuen Delta-Zyklus. Damit ist die Ausführungssemantik des Schedulers vollständig modelliert. Eine Besonderheit der Modellierung ist, dass die Prozesse nicht gezielt gestartet werden, sondern nur ein `activate` Signal über einen binären Kanal gesendet wird. Dies führt dazu, dass die Auswahl des jeweils nächsten Prozesses nicht-deterministisch erfolgt. Der Vorteil davon ist, dass beim Model Checking des resultierenden UTA Modells jede mögliche Ausführungsreihenfolge abgedeckt wird. Damit können wir auch Fehler aufdecken, die mit einer Simulation grundsätzlich nicht aufgedeckt werden können, weil sich die Simulation immer für eine Reihenfolge entscheidet.

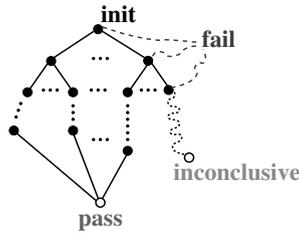


Abbildung 4: Akzeptanzgraph

5 Model Checking und Konformitätstesten

Die von uns definierte formale Semantik für SystemC ermöglicht unmittelbar die Anwendung des UPPAAL Model Checkers, wie bereits in Abb. 1 dargestellt. Weiterhin dient sie uns als Basis für Konformitätstests. Das Ziel des Konformitätstestens ist es, für eine gegebene Menge von Eingabetraces zu prüfen, ob sich das verfeinerte Modell konform zum abstrakten Modell verhält. Um dies zu erreichen, berechnen wir zunächst alle möglichen Ausgabe-Traces des abstrakten Modells für einen gegebenen Eingabetrace [HFG09]. Dazu führen wir das UTA Modell, das unsere Spezifikation darstellt, symbolisch aus. Zur formalen Fundierung der Ausführung haben wir in [Her10] eine vollständige symbolische Semantik für UTA angegeben, die die in [BY04] angegebene Semantik um Datenvariablen und binäre und broadcast- Kanäle erweitert. Die symbolische Ausführung liefert uns alle möglichen Ausgabe-Traces in Form eines Akzeptanzgraphen, der zusammen mit dem verfeinerten Modell ausgeführt werden kann um dessen Konformität zu prüfen. Im Akzeptanzgraphen (s. Abb 4) wird jeder vollständig berechnete Ausgabe-Trace mit einem **pass** abgeschlossen, jeder Ausgabe-Trace, bei dem die Berechnung wegen der Begrenzung interner Berechnungsschritte abgebrochen werden musste mit einem **inconclusive**, und implizit führen alle Traces die gar nicht enthalten sind zu einem **fail**. Der Akzeptanzgraph akzeptiert also nur solche Ausgabe-Traces, die auch im abstrakten Modell möglich sind. Wir führen damit die Konformität zwischen dem verfeinerten und dem abstrakten SystemC Modell auf die Konformität zwischen dem verfeinerten SystemC Modell und dem abstrakten UTA Modell zurück. Als formale Basis verwenden wir die *relativized timed input output conformance relation* von Larsen [LMN05]:

$$I \text{ rtioco } S \text{ iff } \forall \sigma \in \text{TTr}_i(\mathcal{E}) : \text{TTr}_o((I, \mathcal{E}), \sigma) \sqsubseteq \text{TTr}_o((S, \mathcal{E}), \sigma)$$

Die *rtioco* Relation ist eine Erweiterung von Tretmans *ioco* Relation um Zeit und eine explizite Umgebung. Eine Implementierung I ist *rtioco* konform zu einer Spezifikation S , wenn für jeden zeitbehafteten Eingabe-Trace σ , der in einer gegebenen Umgebung \mathcal{E} möglich ist, die auf der Implementierung beobachteten zeitbehafteten Ausgabe-Traces $\text{TTr}_o((I, \mathcal{E}), \sigma)$ in der Menge der auf der Spezifikation möglichen zeitbehafteten Ausgabe-Traces $\text{TTr}_o((S, \mathcal{E}), \sigma)$ enthalten ist. Um die *rtioco*-Relation für unsere Zwecke einzusetzen, haben wir die Verfeinerung auf Mengen von Traces so umformuliert, dass sie eine explizite Verfeinerung auf symbolischen Traces erlaubt. Das hat den Vorteil, dass wir explizit ausdrücken können, dass die Implementierung das Zeitverhalten der Spezifikation verfei-

Property	1m1s	2m1s	1m2s	2m2s	satisfied
no deadlock	22.28 s	56.49 s	43.73 s	211.26 s	✓
every packet forwarded	3.02 s	3.38 s	3.30 s	4.89 s	⚡
forward within time limit	129.16 s	46.63 s	298.41 s	544.88 s	✓

Tabelle 1: Aufwand des Model Checkings: Packet Switch

Property	counter-examples		verification	
no deadlock	–	–	722.54 s	✓(<i>maybe</i>)
ABS reacts within time limit	2.56 s	⚡	555.56 s	✓(<i>maybe</i>)
ASR reacts within time limit	3.51 s	⚡	844.15 s	✓(<i>maybe</i>)

Tabelle 2: Aufwand des Model Checkings: ABS/ASR

nen darf. Auf der formalen Grundlage der Konformitätsrelation können aus dem Akzeptanzgraphen SystemC Test Benches erzeugt werden, die verfeinerte Modelle ausführen, beobachten und die beobachteten Ausgaben mit dem Akzeptanzgraphen vergleichen. Die Besonderheit gegenüber bestehenden Arbeiten ist dabei, dass das mögliche Verhalten der Spezifikation *offline* berechnet wird und der Algorithmus auch nicht-deterministische Modelle handhaben kann. Um dem Problem der Zustandsexplosion entgegenzutreten haben wir verschiedene Optimierungen entwickelt [HPG10]. Zum Beispiel nutzen wir die Besonderheiten der SystemC Semantik, um Zustände möglichst effizient zusammen zu fassen. Außerdem begrenzen wir die Anzahl interner Berechnungsschritte um die Terminierung sicher zu stellen und haben noch einige weitere Speicher- und Laufzeitoptimierungen umgesetzt, wie z.B. bit state hashing und die Auslagerung von Zuständen auf die Festplatte.

6 Experimentelle Ergebnisse

Zur Evaluierung des VeriSTA Frameworks haben wir zwei Fallstudien verwendet: das erste Beispiel ist ein Packet Switch aus der SystemC Referenzimplementierung. Das größere Beispiel ist ein System zur Anti-Blockier- und Anti-Schlupf-Regulierung (ABS/ASR). Zu diesem haben wir neben dem abstrakten Modell mit etwa 500 Zeilen Code ein verfeinertes Modell, das etwa 5000 Zeilen Code umfasst und Implementierungsdetails wie z.B. einen CAN-Bus und dessen Anbindung an die ECU enthält. Der zeitliche Aufwand zur Transformation der Modelle ist aufgrund unseres kompositionalen Ansatzes linear in der Codegröße und liegt für die genannten Beispiele unter zwei Sekunden. Für die Auswertung des Model Checking Ansatzes haben wir beim Packet Switch die Anzahl an Masters und Slaves zwischen 1 und 4 variiert (s. Tabelle 1). Für alle Variationen haben wir wichtige Eigenschaften für beliebige Eingaben geprüft, z.B. dass es keine Verklemmung geben kann und dass die Daten immer innerhalb einer gegebenen Zeitschranke weitergeleitet werden. Diese Eigenschaften konnten mit dem Model Checking Ansatz vollautomatisch und vollständig geprüft werden. Zu beachten ist, dass der Beweis der Eigenschaft,

	CPU Time (s)			Memory Usage (MB)		
	Base	Optim	Improv	Base	Optim	Improv
Packet Switch 1m1s	25.11	9.49	62.2%	58	5	91.4%
Packet Switch 1m2s	34.27	13.90	59.4%	98	5	94.9%
Packet Switch 2m1s	42.38	20.72	51.1%	160	5	96.9%
Packet Switch 2m2s	54.77	27.43	49.9%	275	13	95.3%
Packet Switch 4m4s	⚡	443	∞	⚡	302	∞
ABS/ASR System	⚡	10210	∞	⚡	302	∞

Tabelle 3: Generierung von Konformitätstests

dass jedes Paket weitergeleitet wird, fehlgeschlagen ist. Dies liegt an der Verwendung von `sc_signals` in der Implementierung. Deren Semantik nach führen aufeinanderfolgende identische Pakete nicht zu einem Statuswechsel der Signale und damit auch nicht zu einer Weiterleitung im Packet Switch Beispiel. Dies ist ein typischer Randfall, der mit Hilfe von Simulationen sehr schwierig aufzudecken ist. Mit unserem Model Checking Ansatz konnte dieses Problem innerhalb von wenigen Sekunden aufgedeckt und seine Ursache dank der graphischen Animation der Gegenbeispiele leicht nachvollzogen werden. Das ABS/ASR System ((s. Tabelle 2)) kann mit dem Model Checking Ansatz nicht mehr vollständig verifiziert werden. Das Ergebnis *maybe satisfied*, d. h. für die gegebene Menge Speicher konnte kein Gegenbeispiel gefunden werden, es konnte aber auch nicht der gesamte Zustandsraum exploriert werden. Damit können zwar keine Garantien mehr über das ABS/ASR System abgegeben werden, die Experimente zeigen aber, dass die Generierung von Gegenbeispielen auch beim ABS/ASR System sehr schnell und effizient funktioniert. Der Ansatz eignet sich daher auch bei Modellen, die nicht mehr vollständig verifiziert werden können, sehr gut zur Fehlererkennung und -lokalisierung. Tabelle 3 zeigt den Aufwand der Generierung von Konformitätstests. Die Tabelle zeigt, dass unsere Optimierungen sehr erfolgreich waren, die Laufzeiten konnten um etwa 50 % reduziert werden und die Speichernutzung sogar um mehr als 90 %. Außerdem konnten wir mit dem optimierten Algorithmus auch Modelle handhaben, für die vorher der Speicher nicht ausgereicht hat.

Um die Eignung unseres Ansatzes zur Fehlererkennung zu prüfen, haben wir Fehler aus verschiedenen vordefinierten Fehlerklassen (z. B. fehlende oder falsche Bedingungen und Zuweisungen, Übertragungsverzögerungen und -verluste) in die Modelle eingestreut und diese dann mit den automatisch erzeugten Testbenches ausgeführt. Beim ABS/ASR System haben wir dabei das verfeinerte Modell verwendet, beim Packet Switch haben wir die Fehler in das abstrakte Modell eingestreut. In beiden Fällen konnten mit unserem Ansatz alle betrachteten Fehlerarten aufgedeckt werden.

7 Fazit

Das VeriSTA Framework erlaubt die systematische, umfassende, formal fundierte und automatisierte HW/SW Co-Verifikation von SystemC Modellen mit Hilfe von Timed Auto-

meta. Es basiert auf einem Qualitätssicherungsprozess, der den HW/SW Co-Design Prozess effizient und durchgängig von abstraktem Entwurf bis hin zur endgültigen Implementierung unterstützt. Die Grundidee ist es, abstrakte Modelle mit Hilfe von Model Checking zu verifizieren und anschließend Konformitätstests für verfeinerte Modelle zu generieren. Zur Etablierung einer formalen Basis haben wir die informell definierte Semantik von SystemC auf die formal wohl-definierte Semantik von UPPAAL Timed Automata abgebildet. Basierend auf dieser Abbildung können gegebene SystemC Modelle automatisch in semantisch äquivalente UTA Modelle transformiert werden. Damit bleibt den Entwicklern der mühsame und zeitaufwändige Prozess der formalen Spezifikation erspart. Weiterhin ermöglicht es die Anwendung des UPPAAL Model Checkers, mit dem temporale Eigenschaften vollautomatisch und vollständig verifiziert und Gegenbeispiele zur Fehlersuche graphisch animiert und simuliert werden können. Für die Transformation verwenden wir einen kompositionalen Ansatz, bei dem einzelne SystemC-Konstrukte und SystemC-Module separat übersetzt werden. Als Folge davon skaliert der Ansatz sehr gut und auch große SystemC Modelle können in kurzer Zeit übersetzt werden. Das informell definierte Verhalten eines SystemC Modells bleibt dabei vollständig erhalten, außerdem ist die Transformation strukturerhaltend, was die Fehlersuche bei fehlschlagenden Beweisversuchen stark vereinfacht. Darüber hinaus sind die generierten Modelle kompakt und gut verständlich und können verhältnismäßig effizient via Model Checking verifiziert werden. Unser Ansatz zur Generierung von Konformitätstests kann nicht-deterministische Modelle handhaben und berechnet *offline* alle möglichen Ausgabe-Traces für einen gegebenen Eingabe-Trace. Um dem Problem der Zustandsexplosion zu begegnen haben wir verschiedene Optimierungen entwickelt, die die Anzahl der Zustände drastisch reduzieren. Weiterhin verwenden wir die berechneten Ausgabe-Traces zur Generierung von SystemC Test Benches, mit denen verfeinerte Modelle automatisch ausgeführt und bewertet werden können. Unsere experimentellen Ergebnisse belegen die vollautomatische Anwendbarkeit, die Performanz und die Eignung zur Fehlererkennung unseres Ansatzes.

Zur Zeit arbeiten wir an verschiedenen Erweiterungen des VeriSTA Frameworks, beispielsweise an der automatischen Generierung von Eingabe-Traces und an einer Erweiterung für *Transaction Level Models*. Langfristig wollen wir den Model Checking Ansatz mit typischen Hardware-Verifikationstechniken wie *satisfiability solving* verbinden, um eine höhere Effizienz zu erzielen. Wir sind zuversichtlich, dass wir damit unseren Ansatz auch auf große und heterogene Systeme, z. B. Multiprozessor-Systeme, anwenden können.

Literatur

- [BY04] Johan Bengtsson and Wang Yi. Timed Automata: Semantics, Algorithms and Tools. In *Lecture Notes on Concurrency and Petri Nets*, LNCS 3098. Springer, 2004.
- [GKD06] Daniel Große, Ulrich Kühne, and Rolf Drechsler. HW/SW Co-Verification of Embedded Systems using Bounded Model Checking. In *Great Lakes Symposium on VLSI*. ACM Press, 2006.
- [Her10] Paula Herber. *A Framework for Automated HW/SW Co-Verification of SystemC Designs using Timed Automata*. PhD thesis, Technical University of Berlin, 2010.

- [HFG08] Paula Herber, Joachim Fellmuth, and Sabine Glesner. Model Checking SystemC Designs Using Timed Automata. In *International Conference on Hardware/Software Co-design and System Synthesis (CODES+ISSS)*. ACM press, 2008.
- [HFG09] Paula Herber, Florian Friedemann, and Sabine Glesner. Combining Model Checking and Testing in a Continuous HW/SW Co-Verification Process. In *Tests and Proofs*, volume 5668 of *LNCS*. Springer, 2009.
- [HLM⁺08] Anders Hessel, Kim G. Larsen, Marius Mikucionis, Brian Nielsen, Paul Pettersson, and Arne Skou. *Formal Methods and Testing*, chapter Testing Real-Time Systems Using UPPAAL. Springer, 2008.
- [HMT06] Ali Habibi, Haja Moinudeen, and Sofiene Tahar. Generating Finite State Machines from SystemC. In *Design, Automation and Test in Europe (DATE)*. IEEE Press, 2006.
- [HPG10] Paula Herber, Marcel Pockrandt, and Sabine Glesner. Automated Conformance Evaluation of SystemC Designs using Timed Automata. In *IEEE European Test Symposium*, 2010.
- [IEE05] IEEE Standards Association. IEEE Std. 1666–2005, Open SystemC Language Reference Manual, 2005.
- [KEP06] Daniel Karlsson, Petru Eles, and Zebo Peng. Formal verification of SystemC Designs using a Petri-Net based Representation. In *Design, Automation and Test in Europe (DATE)*. IEEE Press, 2006.
- [LMN05] Kim G. Larsen, Marius Mikucionis, and Brian Nielsen. *Formal Approaches to Software Testing*, chapter Online Testing of Real-time Systems Using UPPAAL. Springer, 2005.
- [Man05] Ka Lok Man. An Overview of SystemCFL. In *Research in Microelectronics and Electronics*, volume 1, 2005.
- [MRR03] Wolfgang Müller, Jürgen Ruf, and Wolfgang Rosenstiel. *SystemC: Methodologies and Applications*, chapter An ASM based SystemC Simulation Semantics. Kluwer Academic Publishers, 2003.
- [TCMM07] Claus Traulsen, Jerome Cornet, Matthieu Moy, and Florence Maraninchi. A SystemC/TLM semantics in Promela and its possible applications. In *Workshop on Model Checking Software (SPIN)*, LNCS 4595. Springer, 2007.



Paula Herber ist seit August 2010 als Stipendiatin des DAAD am International Computer Science Institute in Berkeley, Kalifornien. Ihre Forschungsinteressen gelten der Verifikation und Validierung eingebetteter Systeme. Insbesondere interessiert sie, wie formale und semi-formale Techniken kombiniert werden können um eine umfassende und effiziente Qualitätssicherung von HW/SW-Systemen zu erreichen. Vorher hat sie am Fachgebiet Programmierung eingebetteter Systeme der TU Berlin als wissenschaftliche Mitarbeiterin gearbeitet. Dort hat sie im Februar 2010 ihre Promotion mit dem Titel *A Framework for Automated HW/SW Co-Verification of SystemC Designs using Timed Automata* abgeschlossen. Auch ihr Diplom hat sie im März 2006 von der TU Berlin erhalten, sie hat dort Wirtschaftsingenieurwesen mit der Fachrichtung Informations- und Kommunikationssysteme studiert.

Grundlagen der Anfrageverarbeitung beim relationalen Datenaustausch

André Hernich

Humboldt-Universität zu Berlin
hernich@informatik.hu-berlin.de

Abstract: Relationaler Datenaustausch behandelt die Übersetzung relationaler Datenbanken eines Schemas in ein anderes Schema. Eine grundlegende Frage ist, wie Anfragen an das Zielschema beantwortet werden können. Während man sich in dieser Frage bei so genannten monotonen Anfragen einig ist, hat sich deren Beantwortung für nicht-monotone Anfragen als weitaus schwieriger herausgestellt. Diese Arbeit gibt einen Überblick über die Grundlagen der Anfrageverarbeitung im relationalen Datenaustausch mit Schwerpunkt auf nicht-monotone Anfragen.

1 Einleitung

Beim relationalen Datenaustausch geht es um die Übersetzung relationaler Datenbanken eines Schemas in ein anderes Schema. Dies ist eines von vielen Problemen, die bei der Informationsintegration anfallen und unterliegt Anwendungen wie der Datenrestrukturierung und dem Austausch von Daten zwischen unabhängig voneinander entwickelten Anwendungen. Werkzeuge für diese Aufgabe existieren bereits seit längerer Zeit. Neuere Werkzeuge wie *Clio* nehmen solche Übersetzungen typischerweise automatisch basierend auf einem *Schema-Mapping* – einer *deklarativen* Spezifikation der Beziehungen zwischen Quell- und Zieldaten – vor. Aufbauend auf den Erfahrungen mit *Clio* haben sich Fagin, Kolaitis, Miller und Popa in der wegweisenden Arbeit [FKMP05] genauer mit grundlegenden und algorithmischen Fragestellungen zum relationalen Datenaustausch auseinandergesetzt. Mittlerweile nimmt die Forschung auf diesem Gebiet einen wichtigen Platz in der Datenbanktheorie ein und konzentriert sich auch auf Themen wie z.B. die Übersetzung von XML-Daten, Mehr-Parteien-Datenaustausch und die Manipulation (Komposition, Inversion u.a.) von Schema-Mappings selbst. Die Arbeiten [Kol05, Bar09] und das kürzlich erschienene Buch [ABLM10] geben einen schönen Überblick.

Formal besteht ein Schema-Mapping aus einem Quellschema, einem Zielschema und einer endlichen Menge von Aussagen, die die Beziehungen zwischen Quell- und Zieldaten herstellen. In der Literatur betrachtet man häufig Schema-Mappings, bei denen die Aussagen spezielle erststufige Formeln sind – so genannte *tgds* (engl. *tuple-generating dependencies*) und *egds* (engl. *equality-generating dependencies*), zu deren Definition an dieser Stelle auf Abschnitt 2 verwiesen sei. Wir werden uns hier der Einfachheit halber auf solche Schema-Mappings beschränken.

Üblicherweise existieren zu einer Quelldatenbank S mehrere Zieldatenbanken T , in die S gemäß eines Schema-Mappings M übersetzt werden kann. Solche Zieldatenbanken T heißen *Lösungen* für S unter M . Das wirft sofort zwei grundlegende Fragen auf. Die Erste

ist, welche Lösung zu einer gegebenen Quelldatenbank berechnet werden soll. In vielen Fällen haben sich hier die in [FKMP05] eingeführten *universellen Lösungen* bewährt.

Die zweite Frage ist, wie Anfragen über dem Zielschema (d.h. Anfragen an das Resultat des Datenaustauschs) beantwortet werden können, so dass die Antworten semantisch konsistent mit der Quelldatenbank sind. Das Problem besteht hier in der Existenz unterschiedlicher Lösungen. Auf welche dieser Lösungen sollte man sich zur Beantwortung der Anfrage also beziehen? Diese Frage ist nicht nur für den relationalen Datenaustausch wichtig, sondern auch in der Informationsintegration. Eine Antwort auf diese Frage liefert insbesondere ein wichtiges Kriterium zur Auswahl der zu berechnenden Lösung. Es herrscht weitgehend Einigkeit darüber, dass zur Beantwortung so genannter *Vereinigungen konjunktiver Anfragen* (einer Klasse von Anfragen, die viele der in der Praxis gestellten Anfragen abdeckt) die in [FKMP05] vorgestellte *Sichere Antworten-Semantik* gut geeignet ist. Unter dieser Semantik werden Anfragen durch die Menge aller Tupel beantwortet, die unabhängig von der konkreten Lösung eine Antwort zur Anfrage sind. Um die sicheren Antworten für solche Anfragen zu bestimmen, reicht es im Prinzip aus, universelle Lösungen zu berechnen und die entsprechende Anfrage darauf auszuwerten [FKMP05]. Ähnliche Resultate gelten auch für andere monotone Anfragen [DNR08]. Für viele nicht-monotone Anfragen liefert die Sichere Antworten-Semantik allerdings unintuitive Antworten. Die Frage nach einer geeigneten Semantik für nicht-monotone Anfragen und wie man nicht-monotone Anfragen unter einer solchen Semantik auswertet hat sich als weitaus schwieriger herausgestellt.

Diese Arbeit fasst die Hauptergebnisse meiner Dissertation [Her10] zusammen. Sie beschäftigt sich zum Einen mit der Berechnung der sicheren Antworten für monotone Anfragen und zum Anderen mit Semantiken für nicht-monotone Anfragen und der Komplexität der Auswertung solcher Anfragen unter diesen Semantiken. Die Hauptresultate lassen sich in drei Bereiche einteilen:

1. *Die Komplexität der Berechnung universeller Lösungen.* Wie bereits angesprochen sind universelle Lösungen zur Berechnung der sicheren Antworten zu Vereinigungen konjunktiver Anfragen von Bedeutung. Wir konstruieren hier ein Schema-Mapping M , bei dem unentscheidbar ist, ob eine gegebene Quelldatenbank eine universelle Lösung unter M besitzt. Bei der Konstruktion von Schema-Mappings muss man also sorgfältig sein, wenn wichtige Aufgaben durchführbar sein sollen. Bemerkenswert ist hierbei, dass M fest und nicht Teil der Eingabe ist. Außerdem verwendet M nur tgds. Der Beweis verstärkt insbesondere Resultate aus [DNR08].
2. *Semantiken für nicht-monotone Anfragen.* Hier geht es um Semantiken für die Beantwortung nicht-monotoner Anfragen. Zum Einen wird die von Libkin in [Lib06] entwickelte CWA-Semantik auf eine größere Klasse von Schema-Mappings erweitert und untersucht. Die CWA-Semantik war die erste Semantik speziell für nicht-monotone Anfragen und liefert in vielen Fällen, in denen die sicheren Antworten unintuitiv sind, die gewünschten Resultate. Zum Anderen wird die GCWA*-Semantik eingeführt, die einen etwas anderen Ansatz verfolgt und auf Ideen aus dem Bereich der deduktiven Datenbanken basiert. Einer der Vorteile dieser Semantik ist, dass sie im Unterschied zur CWA-Semantik nicht syntaktisch, sondern semantisch orientiert ist, d.h. Anfragen an logisch äquivalente Schema-Mappings gleich beantwortet.

3. *Die Komplexität der Beantwortung nicht-monotoner Anfragen.* Hier wird die Komplexität der Beantwortung nicht-monotoner Anfragen unter den in 2. angesprochenen Semantiken untersucht. Wir konzentrieren uns dabei auf die *Datenkomplexität* (die Komplexität bei festem Schema-Mapping und fester Anfrage). Die Auswertung nicht-monotoner Anfragen ist in einigen Fällen sehr schwierig: co-NP- bzw. NP-schwer bzw. sogar unentscheidbar. Das Hauptresultat und der am technischsten herausforderndste Teil ist ein Beweis, dass sich die so genannten *universellen Anfragen* unter hinreichend, aber nicht allzu stark eingeschränkten Schema-Mappings unter der GCWA*-Semantik in Polynomialzeit auswerten lassen.

Der restliche Teil dieser Arbeit ist wie folgt strukturiert. In Abschnitt 2 werden grundlegende Begriffe eingeführt, auf die wir in den nachfolgenden Abschnitten immer wieder zurückgreifen. Abschnitt 3 bespricht die Sichere Antworten-Semantik und Anfrageauswertung unter dieser Semantik. Unter Anderem setzen wir uns hier mit der Komplexität der Berechnung universeller Lösungen auseinander. Abschnitt 4 stellt Semantiken zur Beantwortung nicht-monotoner Anfragen vor und Abschnitt 5 beschäftigt sich mit der Komplexität der Auswertung nicht-monotoner Anfragen unter diesen Semantiken.

Für eine ausführliche Darstellung der hier vorgestellten Ergebnisse sei auf meine Dissertation [Her10] verwiesen.

2 Grundbegriffe aus der Datenbanktheorie

Dieser Abschnitt gibt einen kurzen Überblick über die wichtigsten Grundbegriffe aus der Datenbanktheorie. Eine umfassende Einführung gibt [AHV95].

Ein *Schema* σ ist eine endliche Menge von Relationssymbolen, wobei jedes Relationssymbol R eine Stelligkeit $\text{ar}(R)$ hat. Eine σ -*Instanz* I ordnet jedem $R \in \sigma$ eine endliche Relation R^I der Stelligkeit $\text{ar}(R)$ zu. Mit $\text{dom}(I)$ bezeichnen wir die Menge aller in I vorkommenden Werte, d.h. derjenigen Elemente v , für die ein $R \in \sigma$, ein Tupel $(v_1, \dots, v_{\text{ar}(R)}) \in R^I$ und ein $i \in \{1, \dots, \text{ar}(R)\}$ existiert, so dass $v = v_i$. Wir nehmen an, dass $\text{dom}(I) \subseteq \text{Dom}$ für eine feste, unendliche Menge Dom . Außerdem sei Dom die Vereinigung zweier disjunkter, unendlicher Mengen *Const* und *Null*, deren Elemente wir *Konstanten* bzw. *Nulls* nennen. Nulls dienen als Platzhalter für Konstanten, können also als Variablen angesehen werden. Ein *Atom* ist ein Ausdruck der Form $R(v_1, \dots, v_{\text{ar}(r)})$, so dass $R \in \sigma$ und jedes v_i in Dom liegt. Wir schreiben $R(\bar{v}) \in I$ an Stelle von $\bar{v} \in R^I$ und identifizieren Instanzen mit der Menge der Atome $R(\bar{v})$ mit $R(\bar{v}) \in I$. Für eine σ -Instanz I und eine τ -Instanz J bedeutet dann $I \subseteq J$, dass alle Atome aus I auch in J vorkommen, und $I \cup J$ bezeichnet die $\sigma \cup \tau$ -Instanz, die aus allen Atomen aus I und J besteht.

Beispiel 1. Sei $\tau = \{\text{Autoren}, \text{BücherInfos}\}$ mit zweistelligen Relationssymbolen *Autoren* und *BücherInfos*. Die Datenbank

<i>Autoren:</i>	Name	Buch_ID	<i>BücherInfos:</i>	ID	Titel
	S. Arora	1		1	Computational Complexity
	B. Barak	1		2	Model Theory
	W. Hodges	2			

können wir dann durch folgende τ -Instanz repräsentieren:

$$T = \{\text{Autoren}(\text{S. Arora}, 1), \text{Autoren}(\text{B. Barak}, 1), \text{Autoren}(\text{W. Hodges}, 2), \\ \text{BücherInfos}(1, \text{Computational Complexity}), \text{BücherInfos}(2, \text{Model Theory})\}.$$

Wir nehmen an, dass alle in der Datenbank vorkommenden Werte aus *Const* stammen. \square

Erststufige Anfragen. Anfragen an Instanzen und Aussagen in Schema-Mappings formulieren wir in erststufiger Logik (FO). Atomare FO-Formeln über einem Schema σ sind Formeln der Gestalt $R(u_1, \dots, u_{\text{ar}(R)})$ oder $u_1 = u_2$, wobei $R \in \sigma$ und jedes u_i eine Variable oder ein Element aus *Const* ist. Formeln der ersten Gestalt nennen wir *Relationsatome* (über σ). Wenn φ und ψ FO-Formeln über σ sind und x eine Variable ist, dann sind auch $\neg\varphi$, $(\varphi \star \psi)$ für $\star \in \{\wedge, \vee, \rightarrow\}$, $\exists x \varphi$ und $\forall x \varphi$ FO-Formeln über σ . Die Menge *frei*(φ) der in φ frei vorkommenden Variablen ist wie üblich definiert. Für eine FO-Formel φ und ein Tupel $\bar{x} = (x_1, \dots, x_k)$ von Variablen deutet die Schreibweise $\varphi(\bar{x})$ an, dass *frei*(φ) = $\{x_1, \dots, x_k\}$.

Eine Belegung für eine FO-Formel φ über σ in einer σ -Instanz I ist eine Abbildung $\alpha: \text{frei}(\varphi) \rightarrow \text{dom}(I) \cup \text{const}(\varphi)$ (mit $\text{const}(\varphi)$ bezeichnen wir die Menge der Konstanten in φ), die wir so auf *Const* erweitern, dass für alle $c \in \text{Const}$ gilt: $\alpha(c) = c$. Wir schreiben $(I, \alpha) \models \varphi$, um anzudeuten, dass φ in I unter der Belegung α erfüllt ist. Die Relation \models ist wie üblich definiert. Beispielsweise gilt $(I, \alpha) \models R(u_1, \dots, u_{\text{ar}(R)})$ genau dann, wenn $(\alpha(u_1), \dots, \alpha(u_{\text{ar}(R)})) \in R^I$; $(I, \alpha) \models u_1 = u_2$ genau dann, wenn $\alpha(u_1) = \alpha(u_2)$; und $(I, \alpha) \models \exists x \varphi$ genau dann, wenn ein $v \in \text{dom}(I) \cup \text{const}(\varphi)$ existiert mit $(I, \alpha[v/x]) \models \varphi$, wobei die Belegung $\alpha[v/x]$ wie α definiert ist, nur dass x der Wert v zugeordnet wird.

Eine *FO-Anfrage* über σ besteht aus einer FO-Formel φ über σ und einem Tupel $\bar{x} = (x_1, \dots, x_k)$ der freien Variablen von φ ; wir notieren solche Anfragen als $\varphi(\bar{x})$. Für eine σ -Instanz I und ein Tupel $\bar{v} = (v_1, \dots, v_k)$ über *Dom* schreiben wir $I \models \varphi[\bar{v}]$, falls $(I, \alpha) \models \varphi$ für die Belegung α mit $\alpha(x_i) = v_i$. Das *Resultat* von $\varphi(\bar{x})$ auf I , geschrieben $[[\varphi(\bar{x})]]^I$, ist die Menge aller Tupel $\bar{v} \in \text{Dom}^k$ mit $I \models \varphi[\bar{v}]$.

Eine *Vereinigung konjunktiver Anfragen (UCQ)* ist eine FO-Anfrage, die nur aus atomaren FO-Formeln, Konjunktion, Disjunktion und Existenzquantoren aufgebaut ist.

Beispiel 2. Seien τ und T wie in Beispiel 1. Die folgende FO-Anfrage über τ ist dann ein UCQ: $\varphi(x) := \exists y (\text{BücherInfos}(y, \text{Computational Complexity}) \wedge \text{Autoren}(x, y))$. Das Resultat von $\varphi(x)$ auf T ist die Menge der Autoren von *Computational Complexity*, d.h. $[[\varphi(x)]]^T = \{\text{S. Arora}, \text{B. Barak}\}$. \square

Schema-Mappings. Ein *Schema-Mapping* $M = (\sigma, \tau, \Sigma)$ besteht aus zwei disjunkten Schemata σ, τ , dem *Quell-* und dem *Zielschema*, sowie einer endlichen Menge Σ von Aussagen, bei denen wir zwischen *st-tgds*, *t-tgds* und *egds* unterscheiden. *St-tgds* (engl. *source-to-target tuple-generating dependencies*) sind FO-Formeln der Gestalt $\forall \bar{x} \forall \bar{y} (\varphi(\bar{x}, \bar{y}) \rightarrow \exists \bar{z} \psi(\bar{x}, \bar{z}))$, wobei φ eine Konjunktion von Relationsatomen über σ ist, ψ eine Konjunktion von Relationsatomen über τ ist und in φ, ψ keine Konstanten vorkommen. Ähnlich sind *t-tgds* (engl. *target tuple-generating dependencies*) definiert. Der einzige Unterschied besteht darin, dass φ wie ψ eine Konjunktion von Relationsatomen über τ ist. *Egds* (engl.

equality-generating dependencies) sind FO-Formeln der Gestalt $\forall \bar{x}(\varphi(\bar{x}) \rightarrow y = z)$, wobei φ eine Konjunktion von Relationsatomen über τ ist, y und z in \bar{x} vorkommen und φ keine Konstanten enthält.

Eine *Quellinstanz* S für M ist eine σ -Instanz, die *keine* Nulls enthält. Eine *Lösung für S unter M* ist eine τ -Instanz T , so dass $S \cup T$ alle Aussagen in Σ erfüllt.

Beispiel 3. Sei $\sigma = \{\text{Bücher}\}$ mit einem zweistelligen Relationssymbol *Bücher* und sei τ wie in Beispiel 1. Angenommen, Quelldatenbanken vom Schema σ speichern in der Relation *Bücher* Tupel der Form (Buchtitel, Autor), wie z.B. in der σ -Instanz

$$S = \{\text{Bücher}(\text{Comput. Compl.}, \text{S. Arora}), \text{Bücher}(\text{Comput. Compl.}, \text{B. Barak}), \\ \text{Bücher}(\text{Model Theory}, \text{W. Hodges})\}.$$

Solche σ -Instanzen könnten dann in τ -Instanzen übersetzt werden, z.B. mit Hilfe des Schema-Mappings $M = (\sigma, \tau, \Sigma)$, bei dem Σ das st-tgd und das egd

$$\forall x \forall y (\text{Bücher}(x, y) \rightarrow \exists z (\text{Autoren}(y, z) \wedge \text{BücherInfos}(z, x))), \\ \forall x_1 \forall x_2 \forall y (\text{BücherInfos}(x_1, y) \wedge \text{BücherInfos}(x_2, y) \rightarrow x_1 = x_2)$$

enthält. Hier ist S eine Quellinstanz für M und die Instanz T aus Beispiel 1 eine Lösung für S unter M . Andere Lösungen für S ergeben sich, wenn man in T die Einträge 1 und 2 durch verschiedene Werte v_1, v_2 ersetzt oder neue Tupel (v_1, v_2) zu *Autoren* ^{T} hinzufügt. \square

3 Sichere Antworten und universelle Lösungen

Anfrageverarbeitung im relationalen Datenaustausch heißt, Anfragen über dem Zielschema mit den Informationen der Quellinstanz und des Schema-Mappings zu beantworten. Die Anfrage $q(x)$ aus Beispiel 2 ist eine mögliche Anfrage über dem Zielschema des Schema-Mappings aus Beispiel 3; hier ist intuitiv klar, dass die Antwort die Menge $\llbracket q(x) \rrbracket^T$ aus Beispiel 2 sein sollte. Eine häufige Annahme beim relationalen Datenaustausch ist, dass die Quellinstanz nach der Übersetzung nicht mehr zur Verfügung steht und die Anfrage mit Hilfe einer Lösung beantwortet werden muss. Da Quellinstanzen in der Regel mehr als eine Lösung besitzen, muss man sich fragen, auf welche Lösungen man sich zur Beantwortung der Anfrage beziehen soll. Fagin, Kolaitis, Miller und Popa führen in [FKMP05] die *Sichere Antworten-Semantik* ein und zeigen, dass viele interessante Anfragen unter dieser Semantik mit universellen Lösungen ausgewertet werden können.

Definition 4 (Sichere Antworten [FKMP05]). Sei M ein Schema-Mapping, S eine Quellinstanz für M und $q(\bar{x})$ eine Anfrage über dem Zielschema von M . Die Menge der *sicheren Antworten* auf $q(\bar{x})$ unter M und S besteht aus allen Tupeln $\bar{a} \in \text{Dom}^{|\bar{x}|}$, so dass für alle Lösungen T für S unter M gilt: $\bar{a} \in \llbracket q(\bar{x}) \rrbracket^T$.

Die sicheren Antworten einer Anfrage sind also all jene Antworten, die immer im Anfrageresultat enthalten sind, egal auf welcher Lösung die Anfrage beantwortet wird.

Eine *universelle Lösung* für eine Quellinstanz S unter einem Schema-Mapping M ist eine Lösung T , so dass für *alle* Lösungen T' für S unter M ein Homomorphismus von T nach

T' existiert [FKMP05]. Hierbei ist ein Homomorphismus von T nach T' eine struktur- und konstantenbewahrende Abbildung $h: \text{dom}(T) \rightarrow \text{dom}(T')$, d.h. $h(c) = c$ für alle Konstanten $c \in \text{dom}(T)$ und für alle $R(v_1, \dots, v_k) \in T$ gilt: $R(h(v_1), \dots, h(v_k)) \in T'$. Gewissermaßen sind universelle Lösungen allgemeinste Lösungen. Wenn wir zu Beispiel 3 zurückkehren, so ist die Instanz, die man aus T durch Ersetzen der Konstanten 1 und 2 durch verschiedene Nulls \perp_1 und \perp_2 erhält, eine universelle Lösung für S unter M .

Wie in [FKMP05] gezeigt, gilt für alle Schema-Mappings M , alle Quellinstanzen S , alle universellen Lösungen T für S unter M und alle UCQs $q(\bar{x})$ über dem Zielschema von M , dass die sicheren Antworten auf $q(\bar{x})$ unter M und S gerade die Tupel in $[[q(\bar{x})]]^T$ sind, die keine Nulls enthalten. Die Berechnung der sicheren Antworten auf UCQs reduziert sich also im Wesentlichen auf die Berechnung universeller Lösungen. Leider existieren universelle Lösungen nicht in jedem Fall. In einer mit [FKMP05] beginnenden Serie von Arbeiten wurden immer schwächere Einschränkungen an Schema-Mappings präsentiert, die es für feste Schema-Mappings ermöglichen, in Polynomialzeit festzustellen, ob eine Quellinstanz eine universelle Lösung besitzt, und – wenn ja – eine zu berechnen. Die Entscheidbarkeit der Existenz universeller Lösungen blieb aber offen und wurde letztendlich in einem recht starken Sinn negativ beantwortet:

Satz 5 ([Her10]). *Es gibt ein Schema-Mapping $M = (\sigma, \tau, \Sigma)$, bei dem Σ nur aus st-tgds und t-tgds besteht, so dass folgendes Problem unentscheidbar ist: Gegeben eine Quellinstanz S für M , gibt es eine universelle Lösung für S unter M ?*

Aus dem Beweis folgt auch, dass das Problem, ob die zur Berechnung universeller Lösungen eingesetzte Chase-Prozedur für die Menge Σ in M bei gegebener Quellinstanz terminiert, unentscheidbar ist. Die oben genannten Resultate verstärken insbesondere Ergebnisse aus [DNR08].

4 Semantiken für nicht-monotone Anfragen

Man hat schnell realisiert, dass die Sichere Antworten-Semantik für nicht-monotone Anfragen nicht immer die gewünschten Resultate liefert. Dazu folgendes Beispiel:

Beispiel 6. Wir betrachten das *Kopier-Schema-Mapping* $M = (\{R\}, \{R'\}, \Sigma)$, bei dem R, R' zweistellige Relationssymbole sind und Σ nur das st-tgd $\forall x \forall y (R(x, y) \rightarrow R'(x, y))$ enthält. Führt man sich vor Augen, dass ein Schema-Mapping eine Transformation von Quell- in Zieldaten beschreibt, so ist es natürlich, anzunehmen, dass die Relation R' nach der Transformation eine *Kopie* von R ist. Insbesondere sollte das Resultat einer Anfrage $q(\bar{x})$ über $\{R'\}$ sich nicht vom Resultat der entsprechenden Anfrage $q'(\bar{x})$ über $\{R\}$, bei der R' nur durch R ausgetauscht ist, unterscheiden. Bei der FO-Anfrage $q(x) := \exists y (R'(x, y) \wedge \neg R'(y, x))$ und der Quellinstanz $S = \{R(a, b)\}$ würde man also das Resultat $\{a\}$ erwarten. Die sicheren Antworten auf $q(x)$ unter M und S sind jedoch leer. \square

In der Literatur existieren verschiedene Ansätze für Semantiken, unter denen nicht-monotone Anfragen sinnvoll beantwortet werden können. Wir besprechen im Folgenden die *CWA-Semantik* und die *GCWA*-Semantik*. Neben diesen Semantiken gibt es noch zwei weitere Semantiken, die 2008 von Libkin und Sirangelo sowie Afrati und Kolaitis untersucht wurden und im Wesentlichen Weiterentwicklungen der CWA-Semantik darstellen.

4.1 Die CWA-Semantik

Die CWA-Semantik war die erste Semantik, die speziell zur Beantwortung nicht-monotoner Anfragen entwickelt wurde. Libkin [Lib06] konzipierte die CWA-Semantik für Schema-Mappings mit st-tgds und [Her10] erweiterte sie auf den generelleren Fall von Schema-Mappings mit st-tgds, t-tgds und egds. Wie auch die späteren Semantiken basiert diese auf der Idee „unerwünschte“ Daten aus Lösungen „auszublenden“ bzw. die sicheren Antworten nur bzgl. der Menge der Lösungen zu berechnen, die solche Daten nicht beinhalten (in Beispiel 6 würden wir nur Kopien der Quellinstanz als Lösung zulassen). Prinzipiell unterscheiden sich die verschiedenen Semantiken nur darin, nach welcher Regel Daten ausgeblendet werden. Alle Semantiken basieren auf einer Variante der so genannten *Closed World Assumption* (CWA), die intuitiv alle Daten als unzulässig ansieht, die nicht aus den Quelldaten und dem Schema-Mapping folgen.

Bei der CWA-Semantik formalisiert man die zulässigen Lösungen durch *CWA-Lösungen*. CWA-Lösungen basieren im folgenden Sinn auf der CWA:

1. Alle Atome der CWA-Lösung müssen durch das Schema-Mapping und die Quellinstanz in einem bestimmten Sinn *gerechtfertigt* sein.
2. Jede mögliche Rechtfertigung darf nur einmal verwendet werden.
3. Die CWA-Lösung enthält nur *Fakten* (Aussagen, die sich durch konjunktive Anfragen ohne freie Variablen ausdrücken lassen), die aus dem Schema-Mapping und der Quellinstanz logisch folgen.

Bei der Erweiterung auf Schema-Mappings mit tgds und egds in [Her10] besteht die Hauptschwierigkeit in der Formalisierung der Anforderungen 1 und 2. Dies wird in [Her10] durch einen ableitungsbasierten Ansatz mittels einer passend kontrollierten Variante der *Chase-Prozedur* realisiert. Zudem wird dort ein *2-Personen-Spiel* eingeführt, mit dem sich diese Anforderungen charakterisieren lassen. Es zeigt sich, dass CWA-Lösungen spezielle *universelle Lösungen* sind und eine Quellinstanz genau dann eine CWA-Lösung besitzt, wenn sie eine universelle Lösung besitzt. Aus Satz 5 folgt also unmittelbar die Unentscheidbarkeit der Existenz von CWA-Lösungen. Außerdem ist der von Fagin, Kolaitis und Popa eingeführte *Kern der universellen Lösungen* die „kleinste“ CWA-Lösung (bis auf Umbenennung von Nulls).

Anfragen werden in der CWA-Semantik dadurch beantwortet, dass man die sicheren Antworten bzgl. CWA-Lösungen berechnet¹; allerdings wird zur Beantwortung von Anfragen auf individuellen CWA-Lösungen eine Semantik verwendet, die speziell für die Beantwortung von Anfragen mit Nulls konzipiert wurde. Wir werden hier nicht näher darauf eingehen. In vielen Fällen läßt sich die Auswertung von Anfragen unter der CWA-Semantik – ähnlich wie in Abschnitt 3 für die sicheren Antworten beschrieben – auf die Auswertung auf einzelnen CWA-Lösungen zurückzuführen.

4.2 Die GCWA*-Semantik

Die CWA-Semantik liefert in vielen Fällen, in denen die sicheren Antworten unintuitiv sind, die gewünschten Resultate. So zum Beispiel für die Anfrage in Beispiel 6. Zwei

¹Genau genommen ergibt dies nur eine der vier in [Lib06, Her10] eingeführten CWA-Semantiken. Der Einfachheit halber gehen wir hier aber nicht näher darauf ein.

Eigenschaften, die recht natürlich scheinen, fehlen ihr aber: Erstens ist sie nicht invariant unter logisch äquivalenten Schema-Mappings, d.h. Anfragen an die Zielschemata verschiedener Schema-Mappings M_1, M_2 der Form $M_i = (\sigma, \tau, \Sigma_i)$ mit logisch äquivalenten Mengen Σ_1 und Σ_2 können verschieden beantwortet werden. Zweitens reflektiert sie nicht notwendigerweise die gewohnte Semantik von tgds:

Beispiel 7. Sei $M = (\{P\}, \{R\}, \Sigma)$, wobei P einstellig und R zweistellig ist, und Σ aus dem tgd $\theta := \forall x(P(x) \rightarrow \exists y R(x, y))$ besteht. Sei $q(x) := \forall x \forall y \forall y' (R(x, y) \wedge R(x, y') \rightarrow y = y')$. Unter der CWA-Semantik liefert $q(x)$ für die Quellinstanz $S = \{P(a)\}$ die Antwortmenge $\{a\}$, was intuitiv besagt, dass es genau ein Tupel der Form (a, \cdot) in R gibt. Allerdings sagen S und θ ja wegen $P(a) \in S$ aus, dass *mindestens ein* b mit $R(a, b)$ existiert. D.h. es existiert ein solches b oder zwei oder drei usw. Die CWA-Semantik spiegelt das nicht wieder. \square

Die in [Her10] eingeführte GCWA*-Semantik ist invariant unter logisch äquivalenten Schema-Mappings und reflektiert intuitiv die gewohnte Semantik der Constraints. Letzteres wird in [Her10] ausführlich argumentiert. Inspiriert wurde die GCWA*-Semantik durch verschiedene CWA-basierte Semantiken aus dem Bereich der deduktiven Datenbanken, die in [Her10] zuerst in den Kontext des relationalen Datenaustauschs übertragen und dann auf ihre Tauglichkeit zur Beantwortung nicht-monotoner Anfragen in diesem Kontext hin untersucht wurden. Es stellte sich heraus, dass diese Semantiken zu stark oder zu schwach sind bzw. nicht die erforderlichen Eigenschaften aufweisen, bildeten aber dennoch einen guten Ausgangspunkt für die GCWA*-Semantik. Anders als die anderen Semantiken ist die GCWA*-Semantik nicht nur für Schema-Mappings mit st-tgds (und evtl. t-tgds und egds) definiert, sondern generell für alle möglichen Schema-Mappings, die in der Literatur betrachtet werden. Weiterhin ist für Schema-Mappings mit st-tgds und egds die Definition vergleichsweise einfach:

Definition 8 (GCWA*-Semantik [Her10]). Sei M ein Schema-Mapping mit st-tgds und egds und sei S eine Quellinstanz für M . Eine *GCWA*-Lösung* für S unter M ist eine Lösung für S unter M ohne Nulls, die eine Vereinigung minimaler Lösungen für S unter M ist. Die Menge der *GCWA*-Antworten* auf eine Anfrage $q(\bar{x})$ über M 's Zielschema besteht aus allen Tupeln $\bar{a} \in \text{Dom}^{|\bar{x}|}$, so dass für alle GCWA*-Lösungen T für S unter M gilt: $\bar{a} \in \llbracket q(\bar{x}) \rrbracket^T$.

Für Schema-Mappings wie in Definition 8 lassen sich GCWA*-Lösungen auch analog zur Definition von Lösungen unter der so genannten *generalisierten CWA* (GCWA) für deduktive Datenbanken charakterisieren.

5 Komplexität der Auswertung nicht-monotoner Anfragen

Schließlich wollen wir uns der Frage nach der Komplexität der Beantwortung von Anfragen unter den in Abschnitt 4 vorgestellten Semantiken zuwenden. Wir konzentrieren uns auf die *Datenkomplexität* dieses Problems, d.h. die Komplexität bzgl. eines *festen* Schema-Mappings und einer *festen* Anfrage. Der Vollständigkeit halber sei erwähnt, dass die meisten der in Abschnitt 4 besprochenen Semantiken für monotone Anfragen mit der Sicheren Antworten-Semantik übereinstimmen, d.h. Resultate für die Sichere Antworten-Semantik gehen unmittelbar auf diese Semantiken über.

Generell hat die Auswertung nicht-monotoner Anfragen unter all den angesprochenen Semantiken eine hohe Komplexität. Bei den CWA-Semantiken und der GCWA*-Semantik gibt es z.B. einfache Schema-Mappings und sehr einfache *existenzielle Anfragen* (FO-Anfragen der Form $\exists \bar{x} \varphi$, wobei φ quantorenfrei ist), bei denen dieses Problem je nach Semantik co-NP- bzw. NP-schwer ist. Bei der GCWA*-Semantik kann es sogar schon für durch st-tgds definierte Schema-Mappings co-NP-schwer sein. Lässt man in der Anfrage neben Existenzquantoren auch Allquantoren zu, so kann es unentscheidbar werden. Man muss allerdings beachten, dass die Resultate die Datenkomplexität betreffen, d.h. sie zeigen, dass es ein Schema-Mapping M und eine Anfrage $q(\bar{x})$ gibt, für die das entsprechende Problem schwer ist. Das bedeutet nicht, dass es für alle solchen Schema-Mappings und Anfragen schwer ist.

In Anbetracht des gerade erwähnten Unentscheidbarkeitsresultats mag das folgende Resultat überraschend sein. Es betrifft die Klasse der *universellen Anfragen*, d.h. FO-Anfragen der Gestalt $\forall \bar{x} \varphi$, wobei φ quantorenfrei ist, und besagt, dass das Auswertungsproblem für durch st-tgds definierte Schema-Mappings und *alle* universellen Anfragen unter der GCWA*-Semantik in co-NP liegt. Außerdem wird gezeigt, dass es für Schema-Mappings M mit *gepackten* st-tgds und universelle Anfragen $q(\bar{x})$ in Polynomialzeit möglich ist, bei Eingabe des Kerns der universellen Lösungen (im Folgenden kurz *Kernlösung*) für eine Quellinstanz S unter M die GCWA*-Antworten auf $q(\bar{x})$ unter M und S zu berechnen. Ein st-tgd der Gestalt $\forall \bar{x} \forall \bar{y} (\varphi(\bar{x}, \bar{y}) \rightarrow \exists \bar{z} \psi(\bar{x}, \bar{z}))$ ist dabei *gepackt*, wenn je zwei verschiedene Relationsatome in ψ eine Variable aus \bar{z} gemeinsam haben. Man zeigt leicht, dass jedes st-tgd $\forall \bar{x} \forall \bar{y} (\varphi(\bar{x}, \bar{y}) \rightarrow \exists \bar{z} \psi(\bar{x}, \bar{z}))$, das höchstens zwei Relationsatome in ψ mit Variablen aus \bar{z} besitzt, logisch äquivalent zu einer Menge von gepackten st-tgds ist, die höchstens so groß wie die Anzahl der Relationsatome in ψ ist. Durch gepackte st-tgds spezifizierte Schema-Mappings bilden somit eine interessante Klasse von Schema-Mappings. Wir können nun das Hauptresultat formulieren:

Satz 9 ([Her10]). *Sei M ein Schema-Mapping mit gepackten st-tgds und sei $q(\bar{x})$ eine universelle Anfrage über M 's Zielschema. Dann gibt es einen Polynomialzeitalgorithmus, der bei Eingabe der Kernlösung für eine Quellinstanz S für M die Menge der GCWA*-Antworten auf $q(\bar{x})$ unter M und S ausgibt.*

Es ist bekannt, dass für Schema-Mappings M mit st-tgds die Kernlösungen für eine Quellinstanz effizient berechnet werden kann (wenn M fest ist). Somit liefert obiger Algorithmus auch einen Polynomialzeitalgorithmus zur Berechnung der GCWA*-Antworten bei Eingabe einer Quellinstanz für M . Interessant ist hier, dass die Kernlösung auch zur Auswertung von UCQs und anderen Anfragen unter der Sicheren Antworten-Semantik verwendet werden kann. Man muss somit nur diese eine Lösung vorhalten, um solche Anfragen und auch universelle Anfragen zu beantworten. Es ist ebenfalls interessant, dass das Schema-Mapping, das im oben angesprochenen Unentscheidbarkeitsbeweis konstruiert wird, aus gepackten st-tgds besteht.

Theorem 9 ist das technisch herausforderndste Resultat in [Her10]. Im Wesentlichen reduziert man das Problem zuerst auf ein *Erfüllbarkeitsproblem* für *existenzielle Anfragen* über einer bestimmten Menge von Lösungen: der Menge der Lösungen, die sich als Vereinigung von inklusionsminimalen Bildern von Homomorphismen auf der Kernlösung dar-

stellen lassen. Ein wichtiges Teilproblem, das hierzu gelöst wird, ist, für ein gegebenes Atom ein inklusionsminimales homomorphes Bild der Kernlösung zu finden, das dieses Atom enthält. Im Allgemeinen existieren unendlich viele solcher Bilder; es reicht aber aus, endlich viele Repräsentanten zu betrachten. Der Hauptteil des Beweises besteht darin, aus den im Allgemeinen exponentiell vielen Repräsentanten polynomiell viele herauszufinden, auf die man sich bei der Suche nach einem geeigneten Repräsentanten beschränken kann. Hierzu nutzen wir unter Anderem die besondere Struktur universeller Lösungen unter Schema-Mappings mit st-tgds aus, die bereits in anderen Arbeiten zum Thema relationaler Datenaustausch eine wichtige Rolle spielte.

Literatur

- [ABLM10] Marcelo Arenas, Pablo Barceló, Leonid Libkin und Filip Murlak. *Relational and XML Data Exchange*. Morgan & Claypool, 2010.
- [AHV95] Serge Abiteboul, Richard Hull und Victor Vianu. *Foundations of Databases*. Addison-Wesley, 1995.
- [Bar09] Pablo Barceló. Logical Foundations of Relational Data Exchange. *SIGMOD Record*, 38(1):49–58, 2009.
- [DNR08] Alin Deutsch, Alan Nash und Jeff Rammel. The Chase Revisited. In *Proceedings of the 27th ACM Symposium on Principles of Database Systems (PODS)*, Seiten 149–158, 2008.
- [FKMP05] Ronald Fagin, Phokion G. Kolaitis, Renée J. Miller und Lucian Popa. Data Exchange: Semantics and Query Answering. *Theoretical Computer Science*, 336(1):89–124, 2005.
- [Her10] André Hernich. *Foundations of Query Answering in Relational Data Exchange*. Dissertation, Institut für Informatik, Goethe-Universität Frankfurt am Main, 2010. Veröffentlicht beim Logos Verlag Berlin, ISBN 978-3-8325-2735-8, 2010.
- [Kol05] Phokion G. Kolaitis. Schema Mappings, Data Exchange, and Metadata Management. In *Proceedings of the 24th ACM Symposium on Principles of Database Systems (PODS)*, Seiten 61–75, 2005.
- [Lib06] Leonid Libkin. Data Exchange and Incomplete Information. In *Proceedings of the 25th ACM Symposium on Principles of Database Systems (PODS)*, Seiten 60–69, 2006.



André Hernich wurde am 22. Januar 1980 in Prenzlau geboren. Zum Wintersemester 2000/01 begann er ein Informatikstudium an der Technischen Universität Berlin, das er im Februar 2005 mit einem Diplom abschloss. Seine Diplomarbeit schrieb er am Lehrstuhl *Theoretische Informatik – Algorithmik und Logik* von Prof. Dr. Siefkes. Nach dem Studium war er als wissenschaftlicher Mitarbeiter tätig und arbeitete an seiner Promotion, zuerst an der Humboldt-Universität zu Berlin und dann an der Goethe-Universität Frankfurt am Main, jeweils in der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. Schweikardt. Seit April 2010 ist er wissenschaftlicher

Mitarbeiter in der Arbeitsgruppe *Logik in der Informatik* von Prof. Dr. Grohe an der Humboldt-Universität zu Berlin.

Virtuelle Trennung von Belangen*

Christian Kästner
Philipps Universität Marburg
FB 12, Hans-Meerwein Str., 35032 Marburg

Abstract: Bedingte Kompilierung ist ein einfaches und häufig benutztes Mittel zur Implementierung von Variabilität in Softwareproduktlinien, welches aber aufgrund negativer Auswirkungen auf Codequalität und Wartbarkeit stark kritisiert wird. Wir zeigen wie Werkzeugunterstützung – Sichten, Visualisierung, kontrollierte Annotationen, Produktlinien-Typsystem – die wesentlichen Probleme beheben kann und viele Vorteile einer modularen Entwicklung emuliert. Wir bieten damit eine Alternative zur klassischen Trennung von Belangen mittels Modulen. Statt Quelltext notwendigerweise in Dateien zu separieren erzielen wir eine *virtuelle Trennung von Belangen* durch entsprechender Werkzeugunterstützung.

1 Einleitung

Der C-Präprozessor *cpp* und ähnliche lexikalische Werkzeuge¹ werden in der Praxis häufig verwendet, um Variabilität zu implementieren die zur Kompilierzeit entschieden wird. Quelltextfragmente, die mit *#ifdef* und *#endif* annotiert werden, können später beim Übersetzungsvorgang ausgeschlossen werden. Durch verschiedene Übersetzungsoptionen oder Konfigurationsdateien können so verschiedene Programmvarianten, mit oder ohne diese annotierten Quelltextfragmente, erstellt werden.

Annotationsbasierte Ansätze wie lexikalische Präprozessoren sind zum Implementieren von *Softwareproduktlinien* sehr gebräuchlich. Eine Softwareproduktlinie ist dabei eine Menge von verwandten Anwendungen in einer Domäne, die alle aus einer gemeinsamen Quelltextbasis generiert werden können [BCK98]. Ein Beispiel ist eine Produktlinie für Datenbanksysteme, aus der man Produktvarianten entsprechend des benötigten Szenarios generieren kann, etwa ein Datenbanksystem mit oder ohne Transaktionen, mit oder ohne Replikation, usw. Die einzelnen Produktvarianten werden durch Features (auch Merkmale genannt) unterschieden, welche die Gemeinsamkeiten und Unterschiede in der Domäne beschreiben – im Datenbankbeispiel etwa Transaktionen oder Replikation. Eine Produktvariante wird durch eine Feature-Auswahl spezifiziert, z. B. „Die Datenbankvariante mit

*Dieses Dokument ist eine übersetzte Kurzfassung der Dissertation “Virtual Separation of Concerns” und teilt Textfragmente mit folgender Publikation: C. Kästner, S. Apel, and G. Saake. Virtuelle Trennung von Belangen (Präprozessor 2.0). In *Software Engineering 2010 – Fachtagung des GI-Fachbereichs Softwaretechnik*, number P-159 in Lecture Notes in Informatics, pages 165–176, Gesellschaft für Informatik (GI), 2010.

¹Ursprünglich wurde *cpp* für Metaprogrammierung entworfen. Von seinen drei Funktionen (a) Einfügen von Dateiinhalten (*#include*), (b) Makros (*#define*) und (c) bedingte Kompilierung (*#ifdef*) ist hier nur die bedingte Kompilierung relevant, die üblicherweise zur Implementierung von Variabilität verwendet wird. Neben *cpp* gibt es viele weitere Präprozessoren mit ähnlicher Funktionsweise und für viele weitere Sprachen.

Transaktionen, aber ohne Replikation und Flash“. Kommerzielle Produktlinienwerkzeuge, etwa jene von *pure-systems* und *BigLever*, unterstützen Präprozessoren explizit.

Obwohl annotationsbasierte Ansätze in der Praxis sehr gebräuchlich sind, gibt es erhebliche Bedenken gegen ihren Einsatz. In der Literatur werden insbesondere lexikalische Präprozessoren sehr kritisch betrachtet. Eine Vielzahl von Studien zeigt dabei den negativen Einfluss der Präprozessornutzung auf Codequalität und Wartbarkeit, u.a. [SC92, Fav97, EBN02]. Präprozessoranweisungen wie *#ifdef* stehen dem fundamentalen Konzept der Trennung von Belangen entgegen und sind sehr anfällig für Fehler. Viele Forscher empfehlen daher, die Nutzung von Präprozessoren einzuschränken oder komplett abzuschaffen, und Produktlinien stattdessen mit ‚modernen‘ Implementierungsansätzen wie Komponenten und Frameworks [BCK98], Feature-Modulen [Pre97], Aspekten [KLM⁺97] oder anderen zu implementieren, welche den Quelltext eines Features modularisieren.

Wir rehabilitieren annotationsbasierte Implementierungen indem wir zeigen, wie Werkzeugunterstützung die meißten Probleme adressieren und beheben oder zumindest die Vorteile einer modularen Implementierung emulieren kann. Mit Sichten auf die Implementierung emulieren wir Modularität trotz verstreutem Quelltext. Durch visuelle Repräsentation von Annotationen verbessern wir Lesbarkeit und Programmverständnis. Mit disziplinierten Annotationen und einen produktlinienorientiertem Typsystem stellen wir Konsistenz sicher und verhindern bzw. erkennen Syntax- und Typfehler in der gesamten Produktlinie. Neben allen Verbesserungen zeigen und erhalten wir auch Vorteile von annotationsbasierten Implementierungen wie Einfachheit, hohe Ausdruckskraft und Sprachunabhängigkeit. Zusammenfassend verbessern wir annotationsbasierte Implementierung und bieten eine Form der Trennung von Belangen an ohne dass der Quelltext notwendigerweise in Module aufgeteilt wird. Wir sprechen daher von *virtueller Trennung von Belangen*.

Unsere Ergebnisse zeigen dass annotationsbasierte Implementierungen mit entsprechenden Verbesserungen mit modularen Implementierungen konkurrieren können. Modulare und annotationsbasierte Implementierungen haben jeweils ihre Stärken und wir zeigen Möglichkeiten für eine Integration und Migration auf. Wir geben zwar keine endgültige Empfehlung für die einen oder anderen Form der Produktlinienimplementierung, wir zeigen jedoch dass für Präprozessoren trotz ihres schlechten Rufs noch Hoffnung besteht; sie wurden nur in der Forschung weitgehend ignoriert. Durch die vorgestellten Verbesserungen stellt die virtuelle Trennung von Belangen einen konkurrenzfähigen Implementierungsansatz für Softwareproduktlinien dar.

2 Kritik an Präprozessoren

Im Folgenden werden die drei häufigsten Argumente gegen annotationsbasierte Implementierungen vorgestellt: unzureichende Trennung von Belangen, Fehleranfälligkeit und unlesbarer Quelltext.

Trennung von Belangen. Die unzureichende Trennung von Belangen und die verwandten Probleme fehlender Modularität und erschwelter Auffindbarkeit von Quelltext eines Features sind in der Regel die größten Kritikpunkte an Präprozessoren. Anstatt den Quelltext

eines Features in einem Modul (oder eine Datei, eine Klasse, ein Package, o.ä.) zusammenzufassen, ist Feature-relevanter Code in präprozessorbasierten Implementierungen in der gesamten Codebasis verstreut und mit dem Basis Quelltext sowie dem Quelltext anderer Features vermischt. Im Datenbankbeispiel wäre etwa der gesamte Transaktions Quelltext (z. B. Halten und Freigabe von Sperrern) über die gesamte Codebasis der Datenbank verteilt und vermischt mit dem Quelltext für Replikation und andere Features.

Die mangelnde Trennung von Belangen wird für eine Vielzahl von Problemen verantwortlich gemacht. Um das Verhalten eines Features zu verstehen, ist es zunächst nötig, den entsprechenden Quelltext zu finden. Dies bedeutet, dass die gesamte Codebasis durchsucht werden muss; es reicht nicht, ein einzelnes Modul zu durchsuchen. Man kann einem Feature nicht direkt zu seiner Implementierung folgen. Vermischter Quelltext lenkt zudem beim Verstehen ab. Die erschwerte Verständlichkeit des Quelltextes durch Verteilung und Vermischung des Quelltextes erhöht somit die Wartungskosten und widerspricht jahrzehntelanger Erfahrung im Software-Engineering.

Fehleranfälligkeit. Wenn Präprozessoren zur Implementierung von optionalen Features benutzt werden, können dabei sehr leicht subtile Fehler auftreten, die sehr schwer zu finden sind. Das beginnt schon mit einfachen Syntaxfehlern, da lexikalische Präprozessoren wie *cpp* auf Basis von Token arbeiten, ohne die Struktur des zugrundeliegenden Quelltextes zu berücksichtigen. Damit ist es ein leichtes, etwa nur eine öffnende Klammer, aber nicht die entsprechende schließende Klammer zu annotieren, wie in Abbildung 1 illustriert (die Klammer in Zeile 4 wird in Zeile 17 geschlossen; falls Feature *HAVE_QUEUE* nicht ausgewählt ist, fehlt dem resultierendem Program eine schließende Klammer). In diesem Fall haben wir den Fehler selber eingebaut, aber ähnliche Fehler können leicht auftreten und sind schwer zu erkennen (wie uns ausdrücklich von mehreren Produktlinienentwicklern bestätigt wurde). Verteilung von Featurecode macht das Problem noch ernster.

Schlimmer noch, ein Compiler kann solche Probleme bei der Entwicklung nicht erkennen, solange nicht der Entwickler (oder ein Kunde) irgendwann eine Produktvariante mit einer problematischen Featurekombination erstellt und übersetzt. Da es aber in einer Produktlinie sehr viele Produktvarianten geben kann (2^n für n unabhängige, optionale Features; industrielle Produktlinien haben hunderte bis tausende Features, beispielsweise hat der Linux Kernel über 10 000 Konfigurationsoptionen), ist es unrealistisch, bei der Entwicklung immer alle Produktvarianten zu prüfen. Somit können selbst einfache Syntaxfehler über lange Zeit unentdeckt bleiben und im Nachhinein (wenn ein bestimmtes Produkt generiert werden soll) hohe Wartungskosten verursachen.

Syntaxfehler sind nur eine einfache Kategorie von Fehlern. Darüber hinaus können natürlich genauso auch Typfehler und Verhaltensfehler auftreten, im schlimmsten Fall wieder nur in wenigen spezifischen Featurekombinationen. Beispielsweise muss beachtet werden, in welchem Kontext eine annotierte Methode aufgerufen wird. In Abbildung 2 ist die Methode *set* so annotiert, dass sie nur enthalten ist, wenn das Feature *Write* ausgewählt ist; in allen anderen Varianten kommt es zu einem Typfehler in Zeile 3, wo die Methode dennoch aufgerufen wird. Obwohl Compiler in statisch getypten Sprachen solche Fehler erkennen können, hilft dies nur wenn die problematische Featurekombination kompiliert wird.

```

1  static int __rep_queue_filedone(
2      dbenv, rep, rfp)
3      DB_ENV *dbenv;
4      REP *rep;
5      __rep_fileinfo_args *rfp; {
6  #ifndef HAVE_QUEUE
7      COMPQUIET(rep, NULL);
8      COMPQUIET(rfp, NULL);
9      return (__db_no_queue_am(dbenv));
10 #else
11     db_pgno_t first, last;
12     u_int32_t flags;
13     int empty, ret, t_ret;
14 #ifdef DIAGNOSTIC
15     DB_MSGBUF mb;
16 #endif
17     // weitere 100 Zeilen C Code
18 }

```

Abbildung 1: Modifizierter Quelltextauszug aus Oracle's Berkeley DB mit Syntaxfehler, wenn *HAVE_QUEUE* nicht ausgewählt ist.

```

1  class Database {
2      Storage storage;
3      void insert(Object key, Object data) {
4          storage.set(key, data);
5      }
6  }
7  class Storage {
8  #ifndef WRITE
9      boolean set(Object key, Object data) {
10         ...
11     }
12 #endif
13 }

```

Abbildung 2: Quelltextauszug mit Typfehler, wenn *WRITE* nicht ausgewählt ist.

Unlesbarer Quelltext. Beim Implementieren von Features mit *cpp* und ähnlichen Präprozessoren wird nicht nur der Quelltext verschiedener Features vermischt, sondern auch die Präprozessoranweisungen mit den Anweisungen der eigentlichen Programmiersprache. Viele Präprozessoranweisungen können vom eigentlichen Quelltext ablenken und zudem das gesamte Quelltextlayout zerstören. Es gibt viele Beispiele, in denen Präprozessoranweisungen den Quelltext komplett zerstückeln und damit die Lesbarkeit und Wartbarkeit einschränken. Dies gilt insbesondere, wenn, wie in Abbildung 3, der Präprozessor feingranular eingesetzt wird, um nicht nur Statements, sondern auch Parameter oder Teile von Ausdrücken zu annotieren. Über das einfache Beispiel hinaus sind auch lange und geschachtelte Präprozessoranweisungen (siehe Abbildung 1) mitverantwortlich für schlechte Lesbarkeit. Auch wenn das Beispiel in Abbildung 3 konstruiert wirkt, findet man ähnliche Beispiele in der Praxis. In Abbildung 4 sieht man etwa den Anteil an Präprozessoranweisungen im Quelltext des Echtzeitbetriebssystems *Femto OS*.

3 Virtuelle Trennung von Belangen

Nach einem Überblick über die wichtigsten Kritikpunkte von Präprozessoren diskutieren wir Lösungsansätze, die wir in ihrer Gesamtheit *virtuelle Trennung von Belangen* nennen. Diese Ansätze lösen zwar nicht alle Probleme, können diese aber meist abschwächen. Zusammen mit den Vorteilen der Präprozessornutzung, die anschließend diskutiert wird, halten wir Präprozessoren für eine echte Alternative für Variabilitätsimplementierung.

Trennung von Belangen. Eine der wichtigsten Motivationen für die Trennung von Belangen ist Auffindbarkeit, so dass ein Entwickler den gesamten Quelltext eines Features an einer einzigen Stelle finden und verstehen kann, ohne von anderen Quelltextfragmenten

```

1  class Stack {
2      void push(Object o
3      #ifdef TXN
4          , Transaction txn
5      #endif
6          ) {
7          if (o==null
8      #ifdef TXN
9              || txn==null
10         #endif
11         ) return;
12     #ifdef TXN
13         Lock l=txn.lock(o);
14     #endif
15     elementData[size++] = o;
16     #ifdef TXN
17         l.unlock();
18     #endif
19     fireStackChanged();
20     }
21 }

```

Abbildung 3: Java Quelltext zerstückelt durch feingranulare Annotationen mit *cpp*.

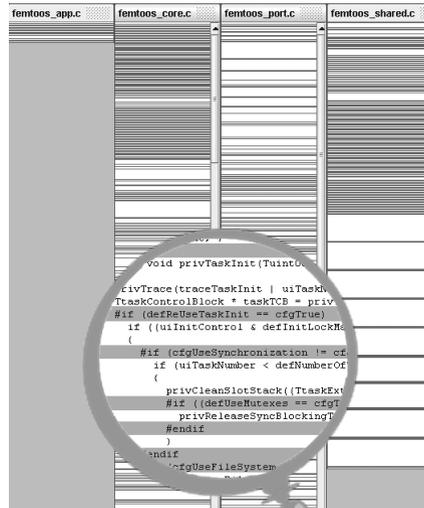


Abbildung 4: Präprozessoranweisungen in Femto OS (rote Linie = Präprozessoranweisung, weiße Linien = C-Code).

abgelenkt zu sein. Die Kernfrage „welcher Quelltext gehört zu diesem Feature“ kann mit *Sichten* auch in verteiltem und vermischtem Quelltext beantwortet werden [KAK08].

Mit verhältnismäßig einfachen Werkzeugen ist es möglich, (editierbare) Sichten auf Quelltext zu erzeugen, die den Quelltext aller irrelevanten Features ausblenden. Technisch kann das analog zum Einklappen von Quelltext in modernen Entwicklungsumgebungen wie Eclipse implementiert werden. Abbildung 5 zeigt beispielhaft ein Quelltextfragment und eine Sicht auf das darin enthaltene Feature *TXN*. Im Beispiel wird offensichtlich, dass es nicht ausreicht, nur den Quelltext zwischen *#ifdef*-Anweisungen zu zeigen, sondern dass auch ein entsprechender Kontext erhalten bleiben muss (z. B. in welcher Klasse und welcher Methode ist der Quelltext zu finden). In Abbildung 5 werden diese Kontextinformationen grau und kursiv dargestellt. Interessanterweise sind diese Kontextinformationen ähnlich zu Angaben, die auch bei Modulen in Schnittstellen wiederholt werden müssen.

Mit Sichten können dementsprechend einige Vorteile der physischen Trennung von Belangen emuliert werden. Damit können auch schwierige Probleme bei der Modularisierung wie das „Expression Problem“ [TOHS99] oder die Implementierung von Featureinteraktionen [CKMRM03] auf natürliche Weise gelöst werden: entsprechender Quelltext erscheint in mehreren Sichten.

Das Konzept von Sichten für präprozessorbasierte Implementierungen kann leicht erweitert werden, so dass nicht nur Sichten auf einzelne Features, sondern auch editierbare Sichten auf den gesamten Quelltext einer Produktvariante möglich sind. Diese Möglichkeiten von Sichten gehen über das hinaus, was bei modularer Implementierung möglich ist; dort müssen Entwickler das Verhalten von Produktvarianten oder Featurekombinationen im Kopf aus mehreren Modulen rekonstruieren, was besonders bei feingranularen Interaktionen mühsam sein kann.

```

1 class Stack implements IStack {
2     void push(Object o) {
3         #ifdef TXN
4             Lock l = lock(o);
5         #endif
6         #ifdef UNDO
7             last = elementData[size];
8         #endif
9         elementData[size++] = o;
10        #ifdef TXN
11            l.unlock();
12        #endif
13        fireStackChanged();
14    }
15    #ifdef TXN
16        Lock lock(Object o) {
17            return LockMgr.lockObject(o);
18        }
19    #endif
20    ...
21 }

```

(a) Original Quelltext

```

1 class Stack [] {
2     void push([]) {
3         Lock l = lock(o);
4         []
5         l.unlock();
6         []
7     }
8     Lock lock(Object o) {
9         return LockMgr.lockObject(o);
10    }
11    ...
12 }

```

(b) Sicht auf das Feature TXN (ausgeblendet Code ist markiert mit '[]'; Kontextinformation ist schrägestellt und grau dargestellt)

Abbildung 5: Sichten emulieren Trennung von Belangen.

Sichten können viele Nachteile der fehlenden physischen Trennung von Belangen abmildern, aber zugegebenermaßen nicht alle Nachteile beseitigen. Separate Kompilierung oder modulare Typprüfung von Features sind durch Sichten nicht möglich. In der Praxis können Sichten aber bereits eine große Hilfe darstellen. Atkins et al. haben beispielsweise mit Sichten in einem vergleichbaren Kontext eine Produktivitätssteigerung der Entwickler um 40 % gemessen [ABGM02].

Fehleranfälligkeit. Auch Fehler, die bei Präprozessornutzung entstehen können, können mit Werkzeugunterstützung verhindert oder erkannt werden. Wir stellen insbesondere zwei Gruppen von Ansätzen vor: disziplinierte Annotationen gegen Syntaxfehler wie in Abbildung 1 und produktlinienorientierte Typsysteme gegen Typfehler wie in Abbildung 2. Auf Fehler im Laufzeitverhalten (z. B. Deadlocks) gehen wir nicht weiter ein, da diese unserer Meinung nach kein spezifisches Problem von Präprozessoren darstellen, sondern bei modularisierten Implementierungen genauso auftreten können.

Disziplinierte Annotationen. Als disziplinierten Annotationen verstehen wir Ansätze, welche die Ausdrucksfähigkeit von Annotationen einschränken und sie auf syntaktische Sprachkonstrukte beschränken. Dies verhindert Syntaxfehler ohne aber die Anwendbarkeit in der Praxis zu behindern [KAT⁺09]. Syntaxfehler entstehen im wesentlichen dadurch, dass lexikalische Präprozessoren Quelltext als reine Zeichenfolgen sehen und erlauben, dass jedes beliebige Zeichen, einschließlich einzelner Klammern, annotiert werden kann. Disziplinierte Annotationen dagegen berücksichtigen die zugrundeliegende syntaktische Struktur des Quelltextes und erlauben nur, dass ganze Programmelemente wie Klassen, Methoden oder Statements annotiert (und entfernt) werden können. Die Annotationen in Abbildungen 2 und 5a sind diszipliniert, da nur ganze Statements und Methoden annotiert werden. Syntaxfehler wie in Abbildung 1 sind nicht mehr möglich, wenn disziplinierte Annotationen

durchgesetzt werden.

Disziplinierte Annotationen erleichtern zudem die Analyse des Mappings zwischen Features und Quelltextfragmenten, wie Sie etwa für Quelltext-Transformationen und Typprüfungen gebraucht werden. Auf technischer Seite erfordern disziplinierte Annotationen aufwendigere Werkzeuge als undisziplinierte, da der Präprozessor die zugrundeliegende Quelltextstruktur analysieren muss. Werkzeuge für disziplinierte Annotationen können entweder für bestehenden Quelltext prüfen, ob dieser in disziplinierter Form vorliegt, oder sie können (wie in CIDE, s.u.) bereits in der Entwicklungsumgebung alle Annotationen verwalten und überhaupt nur disziplinierte Annotationen erlauben. Mit entsprechender Infrastruktur können disziplinierte Annotationen auch sprachübergreifend angeboten werden [KAT⁺09].

Produktlinienorientierte Typsysteme. Mit angepassten Typsystemen für Produktlinien ist es möglich, alle Produktvarianten einer Produktlinie auf Typsicherheit zu prüfen, ohne jede Variante einzeln zu kompilieren. Damit können viele wichtige Probleme erkannt werden, wie beispielsweise Methoden oder Klassen, deren Deklaration in einigen Produktvarianten entfernt, die aber trotzdem noch referenziert werden (siehe Abbildung 2). Im Rahmen der Dissertation wurde ein produktlinienorientierte Typsystem für annotationsbasierte Produktlinien entwickelt [KA08, KATS11].

Während ein normales Typsystem prüft, ob es zu einem Methodenaufruf eine passende Methodendeklaration gibt, wird dies von produktlinienorientierten Typsystemen erweitert, so dass zudem auch geprüft wird, dass in jeder möglichen Produktvariante entweder die passende Methodendeklaration existiert oder dass auch der Methodenaufruf gelöscht wurde. Wenn Aufruf und Deklaration mit dem gleichen Feature annotiert sind, funktioniert der Aufruf in jeder Variante; in allen anderen Fällen muss die Beziehung zwischen den jeweiligen Annotationen geprüft werden (wozu effiziente SAT Solver eingesetzt werden). Durch diese erweiterten Prüfungen zwischen Aufruf und Deklaration (und vielen ähnlichen Paaren) wird mit einem Durchlauf die gesamte Produktlinie geprüft; es ist nicht nötig, jede Produktvariante einzeln zu prüfen.

Durch Informationen über den Variantengenerierungsprozess kann ein produktlinienorientierte Typsystem die gesamte Produktlinie sehr effizient prüfen. Die exponentielle Komplexität in Produktlinien wird in praktischen Fällen weitgehend vermieden; die gesamte Produktlinie kann mit nur geringem, nahezu konstantem Overhead gegenüber der Typprüfung von einer einzelnen Variante geprüft werden [KATS11].

Wie bei Sichten emulieren produktlinienorientierte Typsysteme wieder einige Vorteile von modularisierten Implementierungen. Anstelle von Modulen und ihren Abhängigkeiten gibt es verteilte, markierte Codefragmente und Abhängigkeiten zwischen Features. Das Typsystem prüft dann, dass auch im verteilten Quelltext diese Beziehungen zwischen Features beachtet werden. Durch die Kombination von disziplinierten Annotationen und produktlinienorientierten Typsystemen kann die Fehleranfälligkeit von Präprozessoren reduziert werden, mindestens auf das Niveau von modularisierten Implementierungsansätzen.

Schwer verständlicher Quelltext. Während Sichten bereits einen Beitrag geleistet haben, Quelltext leichter lesbar zu machen, wurden zudem zusätzlich alternative Darstellungsformen exploriert und evaluiert. Etwa können Annotationen statt durch textuelle Anweisungen durch Hintergrundfarben dargestellt werden, wie in Abbildung 6 illustriert.

```

1 class Stack {
2     void push(Object o, Transaction txn) {
3         if (o==null || txn==null) return;
4         Lock l=txn.lock(o);
5         elementData[size++] = o;
6         l.unlock();
7         fireStackChanged();
8     }
9 }

```

Abbildung 6: Hintergrundfarbe statt textueller Anweisung zum Annotieren von Quelltext.

Damit wird die textuelle Vermischung von Hostsprache und Variabilitätssprache vermieden. Hintergrundfarben und ähnliche visuelle Repräsentationen sind besonders hilfreich bei langen und geschachtelten Annotationen, die bei textuellen Annotationen häufig schwierig nachzuvollziehen sind, besonders wenn das *#endif* einige hundert Zeilen nach dem *#ifdef* folgt wie in Abbildung 1. In einem kontrollierten Experiment mit 43 Studenten konnten wir zeigen dass Hintergrundfarben bei bestimmten Aufgaben die Verarbeitungsgeschwindigkeit gegenüber textuellen Annotationen signifikant beschleunigt.

Trotz aller grafischen Verbesserungen und Werkzeugunterstützung sollte man nicht aus dem Auge verlieren, dass Präprozessoren nicht als Rechtfertigung dafür dienen darf, Quelltext gar nicht mehr zu modularisieren. Sie erlauben nur mehr Freiheit und zwingen Entwickler nicht mehr, alles um jeden Preis zu modularisieren. Typischerweise wird ein Feature weiterhin in einem Modul oder eine Klasse implementiert, lediglich die Aufrufe verbleiben verteilt und annotiert im Quelltext. Wenn dies der Fall ist, befinden sich auf einer Bildschirmseite Quelltext (nach unseren Erfahrungen mit CIDE und Messungen in 30 Millionen Zeilen C Quelltext) selten Annotationen zu mehr als zwei oder drei Features, so dass man auch mit einfachen grafischen Mitteln viel erreichen kann.

Vorteile von Präprozessoren und Integration. Neben allen Problemen haben Präprozessoren auch Vorteile, die wir hier nicht unter den Tisch fallen lassen wollen. Der erste und wichtigste ist, dass Präprozessoren ein *sehr einfaches Programmiermodell* haben: Quelltext wird annotiert und entfernt. Präprozessoren sind daher sehr leicht zu erlernen und zu verstehen. Im Gegensatz zu vielen anderen Ansätzen wird keine neue Spracherweiterung, keine besondere Architektur und kein neuer Entwicklungsprozess benötigt. Diese Einfachheit ist der Hauptvorteil des Präprozessors und wahrscheinlich der Hauptgrund dafür, dass er so häufig in der Praxis verwendet wird.

Zweitens sind Präprozessoren *sprachunabhängig* und können für viele Sprachen *gleichförmig* eingesetzt werden. Anstelle eines Tools oder einer Spracherweiterung pro Sprache (etwa AspectJ für Java, AspectC für C, Aspect-UML für UML usw.) funktioniert der Präprozessor für alle Sprachen gleich. Selbst mit disziplinierten Annotationen können Werkzeuge sprachübergreifend verwendet werden [KAT⁺09].

Drittens verhindern Präprozessoren nicht die traditionellen Möglichkeiten zur Trennung von Belangen. Eine primäre (dominante) Dekomposition in Module ist weiterhin möglich und sinnvoll. Präprozessoren fügen aber weitere Ausdrucksfähigkeit hinzu, wo traditionelle

Modularisierungsansätze an ihre Grenzen stoßen mit querschneidenden Belangen oder mehrdimensionaler Trennung von Belangen [KLM⁺97, TOHS99]. Eben solche Probleme können mit verteilten Quelltext und später Sichten auf den Quelltext leicht gelöst werden.

Schlußendlich ist auch eine Integration von Annotationen mit eher klassischen Kompositionsbasierten Entwicklungsmodellen möglich. Im Rahmen der Arbeit wurden beide Ansätze gegenübergestellt und festgestellt dass beide sich ergänzen können. Unter Anderm haben wir vorgestellt wie Annotationen vollautomatisch und inkrementell in Feature-Module transformiert werden können (und vice versa) [KAK09]. Ein typisches Anwendungsszenario ist es Produktlinien zunächst mit Annotationen zu implementieren und dann, bei Bedarf, schrittweise in eine modularere Implementierungsform zu überführen.

Werkzeuge und Evaluation. Alle vorgestellten Verbesserungen – Sichten auf Features und Produktvarianten, disziplinierte Annotationen, ein produktlinienorientiertes Typsystem und visuelle Darstellung von Annotationen – sind in unserem Produktlinienwerkzeug-Prototyp CIDE implementiert. Die unterschiedlichen Konzepte und ihre Kombinationen wurden in verschiedenen Projekten evaluiert. Unter anderem wurden im Rahmen der Dissertation 13 nicht-triviale Fallstudien (in den Sprachen Java, C, C++, Haskell, Python, XML, HTML und AntLR) mit CIDE implementiert um unter andere die Ausdrucksfähigkeit disziplinierter Annotationen und die Skalierbarkeit des Typsystems zu demonstrieren. Darunter befindet sich auch etwa eine in Features zerlegte Version des Datenbankmanagementsystems Berkeley DB. Die Korrektheit des Typsystems wurde zudem, für ein auf Featherweight Java basierendes Subset von Java, mit dem Theorembeweiser *Coq* formal bewiesen. Den Nutzen von Farben haben wir in einem kontrollierten Experiment mit 43 Studenten empirisch evaluiert und Aussagen zur Verteilung von Annotationen in bestehendem Quelltext mit 40 Open-Source Projekten mit insgesamt 30 Millionen Zeilen C Code evaluiert. CIDE ist steht unter einer Open Source Lizenz und ist unter <http://fosd.de/cide> zusammen mit allen Fallbeispielen zur Verfügung.

4 Zusammenfassung

Unsere Kernmotivation für diesen Beitrag war es zu zeigen, dass Präprozessoren für die Produktlinienentwicklung durchaus Potential haben. Mit Werkzeugunterstützung – Sichten, Typsysteme, Visualisierung, etc. – können viele der Probleme, für die sie kritisiert werden, leicht behoben oder zumindest abgeschwächt werden. Obwohl wir nicht alle Probleme lösen können (beispielsweise ist ein separates Kompilieren von Features nicht möglich), haben Präprozessoren auch einige Vorteile, insbesondere das einfache Programmiermodell und die Sprachunabhängigkeit und stellen damit nach unserer Auffassung eine ernstzunehmende Alternative für die Produktlinienimplementierung.

Als Abschluss möchten wir noch einmal betonen, dass wir selber nicht endgültig entscheiden können, ob eine echte Modularisierung oder eine virtuelle Trennung langfristig der bessere Ansatz ist. In unserer Forschung betrachten wir beide Richtungen und auch deren Integration. Dennoch möchten wir mit diesem Beitrag Forscher ermuntern, die Vorurteile gegenüber Präprozessoren (üblicherweise aus Erfahrung mit *c++*) abzulegen und einen

neuen Blick zu wagen. Entwickler in der Praxis, möchten wir im Gegenzug ermuntern, nach Verbesserungen Ausschau zu halten bzw. diese von den Werkzeugherstellern einzufordern.

Literatur

- [ABGM02] David L. Atkins, Thomas Ball, Todd L. Graves und Audris Mockus. Using Version Control Data to Evaluate the Impact of Software Tools: A Case Study of the Version Editor. *IEEE Trans. Softw. Eng. (TSE)*, 28(7):625–637, 2002.
- [BCK98] Len Bass, Paul Clements und Rick Kazman. *Software Architecture in Practice*. Addison-Wesley, 1998.
- [CKMRM03] Muffy Calder, Mario Kolberg, Evan H. Magill und Stephan Reiff-Marganiec. Feature Interaction: A Critical Review and Considered Forecast. *Computer Networks*, 41(1):115–141, 2003.
- [EBN02] Michael Ernst, Greg Badros und David Notkin. An Empirical Analysis of C Preprocessor Use. *IEEE Trans. Softw. Eng. (TSE)*, 28(12):1146–1170, 2002.
- [Fav97] Jean-Marie Favre. Understanding-In-The-Large. In *Proc. Int'l Workshop on Program Comprehension*, Seite 29, 1997.
- [KA08] Christian Kästner und Sven Apel. Type-checking Software Product Lines – A Formal Approach. In *Proc. Int'l Conf. Automated Software Engineering (ASE)*, Seiten 258–267, 2008.
- [KAK08] Christian Kästner, Sven Apel und Martin Kuhlemann. Granularity in Software Product Lines. In *Proc. Int'l Conf. Software Engineering (ICSE)*, Seiten 311–320, 2008.
- [KAK09] Christian Kästner, Sven Apel und Martin Kuhlemann. A Model of Refactoring Physically and Virtually Separated Features. In *Proc. Int'l Conf. Generative Programming and Component Engineering (GPCE)*, Seiten 157–166, 2009.
- [KAT⁺09] Christian Kästner, Sven Apel, Salvador Trujillo, Martin Kuhlemann und Don Batory. Guaranteeing Syntactic Correctness for all Product Line Variants: A Language-Independent Approach. In *Proc. Int'l Conf. Objects, Models, Components, Patterns (TOOLS EUROPE)*, Seiten 175–194, 2009.
- [KATS11] Christian Kästner, Sven Apel, Thomas Thüm und Gunter Saake. Type Checking Annotation-Based Product Lines. *ACM Trans. Softw. Eng. Methodol. (TOSEM)*, 2011. accepted for publication.
- [KLM⁺97] Gregor Kiczales et al. Aspect-Oriented Programming. In *Proc. Europ. Conf. Object-Oriented Programming (ECOOP)*, Seiten 220–242, 1997.
- [Pre97] Christian Prehofer. Feature-Oriented Programming: A Fresh Look at Objects. In *Proc. Europ. Conf. Object-Oriented Programming (ECOOP)*, Seiten 419–443, 1997.
- [SC92] Henry Spencer und Geoff Collyer. #ifdef Considered Harmful or Portability Experience With C News. In *Proc. USENIX Conf.*, Seiten 185–198, 1992.
- [TOHS99] Peri Tarr, Harold Ossher, William Harrison und Stanley M. Sutton, Jr. N Degrees of Separation: Multi-Dimensional Separation of Concerns. In *Proc. Int'l Conf. Software Engineering (ICSE)*, Seiten 107–119, 1999.



Christian Kästner ist wissenschaftlicher Mitarbeiter in der Gruppe für Programmiersprachen und Softwaretechnik an der Philipps Universität Marburg. Er promovierte 2007 bis 2010 am Datenbanklehrstuhl von Gunter Saake an der Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg. Er interessiert sich für Korrektheit und Verständlichkeit von Systemen mit Variabilität, insbesondere Implementierungsmechanismen, Werkzeuge, Typsysteme, Featureinteraktionen, und Refactoring. Er ist Autor und Coautor von über 50 begutachteten wissenschaftlichen Beiträgen.

Vorhersage von DNA-Bindungsstellen mit generativen, diskriminativen und hybriden Lernverfahren

Jens Keilwagen

Abteilung Molekulare Genetik

Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben
Jens.Keilwagen@ipk-gatersleben.de

Abstract: Probabilistische Modelle werden heutzutage aufgrund ihrer Flexibilität in vielen Bereichen zur Modellierung und Klassifikation von anfallenden Daten genutzt. Von entscheidender Bedeutung ist neben der Wahl des entsprechenden Modells auch die Wahl des Lernverfahrens, welches die Modellparameter aus gegebenen Daten inferiert. Häufig wird dieser Aspekt völlig aus den Augen gelassen, obwohl er sehr viel Potenzial birgt. In der vorgelegten Dissertation wird u.a. ein verallgemeinertes Lernverfahren vorgestellt und auf biologische Daten angewendet. Die objektorientierte und quelloffene Implementierung ermöglicht eine Vielzahl weiterer Anwendungen und Erweiterungen.

1 Einführung

“Wir ertrinken in Informationen - aber wir hungern nach Wissen!”

(Rutherford D. Rogers, NY Times, 1988)

Im fortschreitenden Informationszeitalter mit der Erhebung von Massendaten auf allen Ebenen der Wirtschaft, der Wissenschaft und des Lebens ist Rutherford D. Rogers Aussage lebendiger und greifbarer denn je. Im Zeitalter großer Suchmaschinen, in denen Millionen an Informationen nur einen Klick entfernt sind und historische als auch aktuelle Daten neue Möglichkeiten eröffnen, bedarf es geeigneter, computergestützter Systeme, um dem Nutzer ein Maximum an sinnvollen Informationen zu präsentieren und ihm damit den Weg zum Wissen zu ebnet.

Gerade in den Wissenschaften stieg in den letzten Jahren der Bedarf der Datenauswertungen durch die Entwicklung neuer Hochdurchsatzexperimente rasant an. Neben der Medizin gehören vor allem die experimentellen Wissenschaften, wie Chemie, Physik und Biologie zu den großen Datenproduzenten. Dabei ist neben der Speicherung und Visualisierung dieser Daten besonders die Klassifikation und die Hypothesenbildung in den Fokus der Forschung gerückt. Diese Aufgaben prägen das Forschungsgebiet des maschinellen Lernens, dessen Vorhersagen einen entscheidenden Einfluss auf die weiteren Forschungsrichtungen anderer Disziplinen haben.

Im Bereich der molekularen Genetik sind dabei vor allem Analysen von Bindungs-

stellen auf der DNA und ihrer Arbeitskopie der mRNA, die ein wichtiger Bestandteil in der Regulation der Aktivität von Genen sind, in den Fokus des maschinellen Lernens gerückt. Diese Analysen umfassen zum Beispiel die Erkennung von Transkriptionsfaktorbindungsstellen [KGR⁺03, BEFK03], Transkriptionstartstellen [SZR06, AVS09], Donor- und Akzeptorspleißstellen [BK97, Sal97, YB04], Nukleosomenbindungsstellen [SFMC⁺06, PTF⁺07], miRNA-Bindungsstellen [LhSJR⁺03, MRS⁺09], und Insulatorbindungsstellen [KAS⁺07].

In den Analysen werden dabei häufig probabilistische Modelle genutzt, um die gegebenen Daten zu modellieren und später eine Klassifikation neuer Daten zu ermöglichen. Probabilistische Modelle definieren dabei eine Menge von Annahmen, die sich als bedingte statistische Unabhängigkeiten schreiben lassen. Die Leistungsfähigkeit eines probabilistischen Modells hängt dabei jedoch nicht nur von diesen Annahmen sondern auch von den Modellparametern ab, die aus den gegebenen Daten gelernt werden.

Für die Inferenz der Modellparameter werden unterschiedliche Lernverfahren genutzt, die in verschiedene Kategorien aufgeteilt werden können. Lernverfahren, die die Modellparameter ausschließlich aus den gegebenen Daten bestimmen, nennt man *nicht-bayesisch*, während man solche, die auch Vorwissen in Form einer A-Priori-Verteilung in die Bestimmung der Modellparameter eingehen lassen, als *bayesisch* bezeichnet.

Darüber hinaus kann man Lernverfahren auch anhand ihrer Zielfunktion unterscheiden. *Generative* Lernverfahren zielen auf die exakte Repräsentation der Verteilung der Trainingsdaten, während *diskriminative* Lernverfahren auf eine exakte Klassifikation der Trainingsdaten zielen. Neben diesen beiden sich konträr gegenüberstehenden Lernverfahren gibt es eine Reihe von *hybriden* Lernverfahren, die eine Interpolation zwischen den beiden Zuvorerwähnten ermöglichen.

In der vorgelegten Dissertation wurde ein vereinheitlichtes Lernverfahren vorgestellt, das es ermöglicht, zwischen sechs etablierten Lernverfahren zu interpolieren – unter ihnen bayesische, nicht-bayesische, generative, diskriminative und hybride. Für Anwendung dieses Lernverfahrens auf Markov Random Fields wurde zudem eine A-Priori-Verteilung hergeleitet, die in Spezialfällen eine bekannte A-Priori-Verteilung einfacherer Modelle ist. Auf Basis dieser theoretischen Arbeiten können nun probabilistische Modelle effizienter für die Klassifikation unterschiedlicher Daten einschließlich biologischer Sequenzdaten genutzt werden.

2 Parameterlernen probabilistischer Modelle

Probabilistische Modelle beschreiben eine Verteilung für einen Ereignisraum, in dem sie jedem Ereignis eine Wahrscheinlichkeit zuordnen. Betrachten wir den Ereignisraum aller Sequenzen \underline{x} mit Label c , dann beschreibt ein solches Modell die Verteilung $P(c, \underline{x}|\lambda)$, wobei die Modellparameter λ die Verteilung und damit die Wahrscheinlichkeit für jedes Paar (c, \underline{x}) spezifizieren.

2.1 Lernverfahren

Für die Klassifikation neuer Daten ist die Wahl der Modellparameter und damit die Frage “Wie erhält man gute Modellparameter?” entscheidend. In den letzten Jahren gab es eine Reihe von Neu- und Weiterentwicklungen auf diesem Forschungsgebiet. Im weiteren beschränken wir uns auf sechs weit verbreitete Lernverfahren.

Vergleicht man die Zielfunktionen des nicht-bayesischen, generativen *Maximum Likelihood* (ML) Prinzips [Fis22], des bayesischen, generativen *Maximum A-Posteriori* (MAP) Prinzips [Bis06], des nicht-bayesischen, diskriminativen *Maximum Conditional Likelihood* (MCL) Prinzips [WGR⁺02], des bayesischen, diskriminativen *Maximum Supervised Posteriori* (MSP) Prinzips [GKM⁺02], des nicht-bayesischen, hybriden *Generative-Discriminative Trade-Off* (GDT) Prinzips [BT04] und des bayesischen, hybriden *Penalized Generative-Discriminative Trade-Off* (PGDT) Prinzips [BT04], so stellt man fest, dass drei Terme ausreichen, um diese Lernverfahren zu definieren:

1. die *Conditional Likelihood* $P(c|\underline{x}, \underline{\lambda}) = \frac{P(c, \underline{x}|\underline{\lambda})}{\sum_{\tilde{c}} P(\tilde{c}, \underline{x}|\underline{\lambda})}$,
2. die *Likelihood* $P(c, \underline{x}|\underline{\lambda})$, und
3. die A-Priori-Verteilung $Q(\underline{\lambda}|\underline{\alpha})$.

Mit dem Ziel der Vereinigung und Verallgemeinerung dieser sechs Lernverfahren, schlagen wir ein verallgemeinertes generative-diskriminatives Lernverfahren vor, das die Modellparameter $\underline{\lambda}$ als Maximum des gewichteten Produkts der Terme Conditional Likelihood, Likelihood, and A-Priori-Verteilung bestimmt [?]. Die Zielfunktion des Lernverfahren lautet für einen Datensatz mit N Sequenzen

$$\hat{\underline{\lambda}} = \operatorname{argmax}_{\underline{\lambda}} \left[\beta_0 \left[\sum_{n=1}^N \log P(c_n | \underline{x}_n, \underline{\lambda}) \right] + \beta_1 \left[\sum_{n=1}^N \log P(c_n, \underline{x}_n | \underline{\lambda}) \right] + \beta_2 \log Q(\underline{\lambda} | \underline{\alpha}) \right]$$

mit den Wichtungsfaktoren $\underline{\beta} := (\beta_0, \beta_1, \beta_2)$, $\beta_0, \beta_1, \beta_2 \in [0, 1]$, und $\beta_0 + \beta_1 + \beta_2 = 1$. Wir erhalten die sechs etablierten Lernverfahren als Spezialfälle wie in Abbildung 1 dargestellt.

2.2 A-Priori Verteilung für Markov Random Fields

Die vorgestellten Lernverfahren lassen sich grundsätzlich auf alle probabilistischen Modelle anwenden. Eine Klasse von probabilistischen Modellen, die sehr flexibel ist und sich daher zum Beispiel hervorragend für die Klassifikation von Spleißstellen eignet, sind Markov Random Fields [YB04]. Viele einfachere Modelle wie inhomogene [Sal97] und permutierte [EYSJ02] Markov Modelle gehören zu der Klasse der Markov Random Fields. Während es für diese Modelle eine gut interpretierbare und weit verbreitete A-Priori-Verteilung gibt, fehlte eine vergleichbare Verteilung für Markov Random Fields.

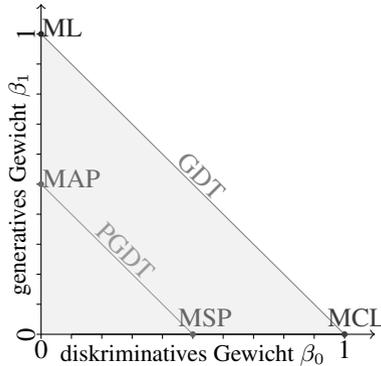


Abbildung 1: Zweidimensionale Projektion des durch die Wichtungsfaktoren $\underline{\beta}$ aufgespannten Simplexes des verallgemeinerten generative-diskriminativen Lernverfahrens. Die Punkte $(0, 1)$, $(0, 0.5)$, $(1, 0)$, and $(0.5, 0)$ korrespondieren mit den ML, MAP, MCL, und MSP Prinzipien, während die Geraden $\beta_1 = 1 - \beta_0$ und $\beta_1 = 0.5 - \beta_0$ dem GDT und dem PGDT Prinzip entsprechen.

Um die Ergebnisse von Markov Random Fields mit denen von einfacheren Modellen vergleichbar zu machen, nutzen wir das gleiche Lernverfahren. Dies war im Falle von bayesischen Lernverfahren so nicht möglich, da eine vergleichbare und allgemeine A-Priori-Verteilung für Markov Random Fields fehlte. Die Herleitung einer entsprechenden A-Priori-Verteilung [?] ermöglicht eine verbesserte Analyse der Modellannahme und erlaubt damit fundierte Aussagen über die zu analysierenden Daten.

Abbildung 2 zeigt die A-Priori-Verteilung für einen und zwei freie Parameter. Untersucht man die hergeleitete Verteilung für einen freien Parameter, so stellen wir fest, dass sie sich am Maximum ähnlich einer Gauß- und in den Schwänzen ähnlich einer Laplaceverteilung verhält. Für zwei freie Parameter erhalten wir bereits eine unsymmetrische Verteilung, die weder mit einer mehrdimensionalen Gauß- noch mit einer mehrdimensionalen Laplaceverteilung vergleichbar ist.

Um eine zügige Analyse von Sequenzdaten zu ermöglichen, haben wir die Komponenten probabilistische Modelle, Lernverfahren und A-Priori-Verteilung objektorientiert in der quelloffenen Softwarebibliothek Jstacs [KGG⁺08] implementiert. Dadurch können zum einen praktische Problemstellungen wie Klassifikations- oder Modellierungsaufgaben rasch umgesetzt werden. Andererseits erlaubt es das schnelle Implementieren und Testen neuer Komponenten, seien es Modelle, Lernverfahren oder A-Priori-Verteilungen.

3 Probabilistische Modelle in der Bioinformatik

Nachdem wir im letzten Kapitel vor allem theoretische Aspekte angesprochen haben, werden wir uns in diesem Kapitel drei praktischen Anwendungen probabilistischer Modelle

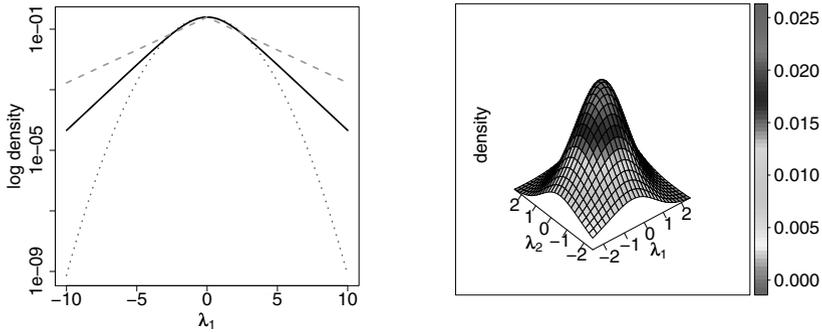


Abbildung 2: Visualisierung der A-Priori-Verteilung für einen und zwei freie Parameter. In linken Abbildung werden neben der hergeleiteten Verteilung auch der Gauß- und Laplaceverteilung gepunktet bzw. gestrichelt dargestellt.

in der Bioinformatik widmen.

3.1 Transkriptionsfaktorbindungsstellenerkennung

Die Vorhersage von Transkriptionsfaktorbindungsstellen basierend auf einer Menge ähnlicher Bindungsstellen ist eine zentrale Aufgabe, um unser Verständnis der Genregulation zu verbessern. Zur Lösung dieser Aufgabe werden Modelle unter Verwendung bereits publizierter Bindungsstellen gebildet, die anschließend zur Klassifikation und damit Vorhersage neuer Bindungsstellen genutzt werden können.

Traditionell wird dabei auf generativ gelernte probabilistische Modelle zurückgegriffen. Basierend auf den Ausführungen im letzten Kapitel, können wir das generative Lernverfahren durch das verallgemeinerte generative-diskriminative Lernverfahren austauschen [?]. Abbildung 3 zeigt die gemittelten Ergebnisse eines 1.000-fachen Hold-out Experiments für die Transkriptionsfaktorenfamilien AR/GR/PR und NF- κ B projiziert auf den Simplex der Wichtungsfaktoren $\underline{\beta}$ (vgl. Abb. 1). Wir finden die besten Ergebnisse im Innerern des Simplexes, was darauf hindeutet, dass ein hybrides Lernverfahren am besten funktioniert.

Vergleichen wir das jeweils beste Ergebnis mit den entsprechenden Ergebnissen für die traditionell verwendeten ML und MAP Prinzipien, dann finden wir eine signifikante Verbesserung der Güte. Diese Beobachtung deutet darauf hin, dass neben der Wahl des Modells auch die Wahl des Lernverfahren einen entscheidenden Einfluss auf die Güte der Vorhersage hat.

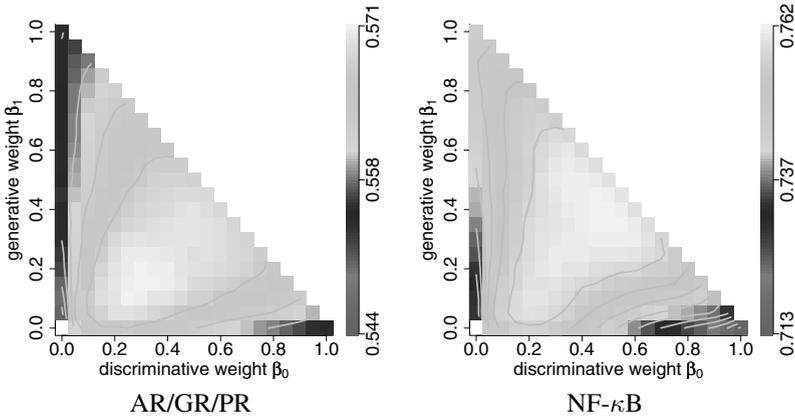


Abbildung 3: Gemittelte auc-PR für die Transkriptionsfaktorbindungsstellen datensatz AR/GR/PR und NF- κ B basierend auf einem 1.000-fachen Hold-out Experiment unter Nutzung des verallgemeinerten generative-diskriminative Lernverfahrens. Helle Bereiche entlang der Winkelhalbierenden zeigen gute Resultate, während dunkle Bereiche auf den Achsen weniger gute Resultate visualisieren. Die Konturlinien symbolisieren Vielfache des Standardfehlers des besten Ergebnisses.

3.2 Erkennung von Annotationsfehlern in biologischen Datenbanken

Aufgrund der rasant zunehmenden Zahl von biologischen Experimenten und dem damit verbundenen Erkenntnisgewinn ist die persistente Speicherung der Ergebnisse nicht mehr wegzudenken. Insbesondere die Speicherung und Nutzung von annotierten Transkriptionsfaktorbindungsstellen hat in den letzten Jahren einen neuen Markt für IT-Firmen eröffnet [WDKK96].

Datenbanken wie TRANSFAC beziehen dabei ihren Inhalt aus Veröffentlichungen anderer Wissenschaftler. Sogenannte Annotatoren lesen die entsprechenden Veröffentlichungen und fügen die Transkriptionsfaktorbindungsstellen in die Datenbanken ein. Dieser Vorgang birgt Risiken, da sich an unterschiedlichen Stellen Fehler einschleichen können, zum einen während der Veröffentlichung und zum anderen während der Integration in die Datenbanken. Typische Annotationsfehler sind Verschiebungen von Bindungsstellen, falsche oder fehlende Annotation des Doppelstrangs und zusätzliche Annotation von Bindungsstellen.

Zur Identifikation solcher Annotationsfehler analysierten wir die sieben größten Datensätze der frei verfügbaren Datenbank CoryneRegNet [BWKT09] unter Nutzung eines generativ gelernten probabilistischen Modells, das wir MotifAdjuster nennen [?].

Wir fanden in diesen sieben Datensätzen, dass mehr als ein Drittel der Daten für eine bedeutende Korrektur vorgeschlagen wurden. Vergleicht man die Sequenzlogos der sieben Datensätze vor und nach der von MotifAdjuster vorgeschlagenen Korrektur, so finden wir

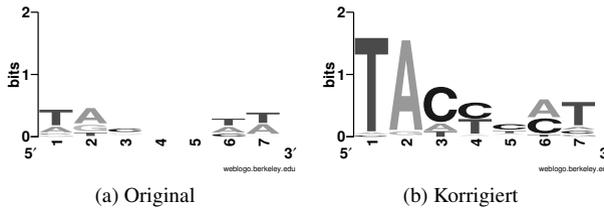


Abbildung 4: Sequenzlogos für Bindungsstellen des Transkriptionsfaktors NarL. Die Abbildung (a) zeigt das Sequenzlogo basierend auf den annotierten Bindestellen der Datenbank, während Abbildung (b) das Sequenzlogo nach der Korrektur durch MotifAdjuster zeigt. Die Größe der Nukleotide symbolisiert den Grad der Konserviertheit. Wir finden daher eine deutlich bessere Übereinstimmung des rechten Sequenzlogos mit der in der Literatur erwähnten Konsensussequenz TACYMT.

eine deutliche bessere Übereinstimmung mit den aus der Literatur bekannten Konsensussequenzen. Beispielhaft zeigt die Abbildung 4 die Sequenzlogos der Bindungsstellen des Transkriptionsfaktors NarL vor und nach der Korrektur.

Bei genauerer Untersuchung der vorgeschlagenen Korrekturen für den NarL Datensatz, finden wir zwei Bindungsstellen, die laut MotifAdjuster entfernt werden sollten, und elf, die verschoben werden sollten. Vergleicht man diese Vorhersagen mit den Angaben in der Originalliteratur, um die Güte von MotifAdjuster zu bestimmen, dann finden wir in zwölf von dreizehn der fraglichen Bindungsstellen eine Bestätigung der Vorhersage. Nur in einem Fall unterscheidet sich die Vorhersage von der Angabe in der Literatur. Bei eingehendem Studium der Literatur stellt man fest, dass diese Bindungsstelle noch kontrovers diskutiert wird.

Zusammenfassend stellen wir fest, dass die computergestützte Vorhersage von Annotationsfehlern in Datenbanken mittels generativ gelernter probabilistischer Modelle sinnvoll ist und tatsächlich auftretende Fehler findet.

3.3 Diskriminative de-novo Motiverkennung

Neben der Vorhersage neuer Bindungsstellen, die bereits annotierten Bindestellen ähneln, ist die de-novo Vorhersage von Bindungsstellen, d.h. die Vorhersage ohne bekannte Beschreibung der Bindungsstellen, in vielen Fragestellungen von großem Interesse. Viele biologische Experimente erlauben es, die Region der Bindung des Proteins an die DNA einzugrenzen, aber die Bindungsstelle nicht exakt zu lokalisieren. Aus diesem Grund werden probabilistische Modelle genutzt, um die Bindungsstellen weiter einzugrenzen.

In den letzten Jahren wurden in diesem Bereich viele neue Verfahren vorgestellt. Zwei Erweiterungen haben sich dabei als besonders vorteilhaft herausgestellt. Zum einen konnte gezeigt werden, dass Programme, die einen diskriminativen Lernverfahren nutzen, häufig

	A-GLAM	DEME	DME	Gibbs Sampler	Improbizer	MEME	Weeder	Dispom
wohlwollend	4	4	0	0	4	2	6	9
strikt	3	0	0	0	2	1	0	9

Tabelle 1: Motiverkennungsresultate für acht Programme und zwei Auswertestrategien. Jede Zeile zeigt die Anzahl der Datensätze, auf denen die Programme jeweils erfolgreich waren.

bessere Resultate liefern als die Programme, die ein generatives Lernverfahren verwenden. Der zusätzliche Kontrolldatensatz, der für die Nutzung eines diskriminativen Lernverfahrens notwendig ist, ermöglicht es, zufällig auftretende Teilsequenzen zu ignorieren.

Zum anderen erwies sich die Nutzung einer Positionsverteilung für die Bindungsstellen als sinnvoller zusätzlicher Modellierungsansatz, da Bindungsstellen aufgrund ihrer Funktionalität häufig in der Nähe weiterer Signale auftreten.

Interessanterweise gibt es bisher noch keinen Ansatz der beide Erweiterungen kombiniert. Aus diesem Grund haben wir Dispom, ein diskriminatives Motivsucheprogramm entwickelt, das zusätzlich eine Positionsverteilung der Bindungsstellen aus den Daten lernt [?]. Um die Güte dieses Programm mit bereits existierenden Programmen zu vergleichen, haben wir Dispom zusammen mit sieben häufig genutzten Programmen in verschiedenen Szenarien getestet. Diese Programme umfassen Ansätze mit probabilistischen Modellen, die sowohl generativ als auch diskriminativ gelernt werden. Einige diese Programme nutzen sogar eine Positionsverteilung für die Bindungsstellen.

Bei unserem Vergleich stellten wir fest, dass viele Programme unter vereinfachten Annahmen wesentlich besser funktionierten als unter realeren Annahmen. Besonders deutlich zeigt sich der Unterschied zwischen den Programmen, wenn die Länge der Bindungsstellen a-priori unbekannt ist. Tabelle 1 zeigt die Resultate der acht Programme für neun verschiedene Datensätze und zwei verschiedene Auswertungsstrategien. In beiden Fällen schneidet Dispom deutlich besser ab als die existierenden Programme.

Nach diesem eindeutigen Vergleich nutzten wir Dispom für die Erkennung von auxinabhängigen Transkriptionsfaktorbindungsstellen. Obwohl Auxin eines der wichtigsten Pflanzenhormone ist, versteht man die Bindung von auxinabhängigen Transkriptionsfaktor an die DNA nur teilweise und die Bindungsstellen werden durch eine wenig spezifischen Konsensussequenz beschrieben. Mit Dispom waren wir in der Lage ein spezifisches DNA-Bindungsmotiv zu finden, welches zudem eine hohe Positionsabhängigkeit aufweist.

Diese Ergebnisse verdeutlichen, dass die Kombination eines geeigneten Lernverfahrens und eines passenden probabilistischen Modells entscheidend für die Güte eines Programms ist.

4 Zusammenfassung

Probabilistische Modelle werden in vielen Bereichen für Datenmodellierung und Klassifikation eingesetzt. Neben der Wahl des Modells ist vor allem die Wahl des Lernverfahrens kritisch, da es die Modellparameter bestimmt und damit die Güte des Modells direkt beeinflusst. In der vorgelegten Dissertation konnte ein neues Lernverfahren entwickelt werden, das einen theoretischen Rahmen für sechs bisher eher lose verbundene Lernverfahren geschaffen und eine neue Sichtweise eröffnet hat. Durch die Nutzung dieser generativen, diskriminativen und hybriden Lernverfahren konnte die Erkennung von DNA-Bindungsstellen in einer Reihe von Anwendungen signifikant verbessert.

Die im Zusammenhang mit der Dissertation erstellte quelloffene und objektorientierte Softwarebibliothek ermöglicht das einfache Kombinieren verschiedener Modelle und Lernverfahren. Zudem erlaubt es die rasche Umsetzung neuer Modelle und Lernverfahren und bildet damit die Grundlage für viele weitere Anwendungs- und Forschungsprojekte auch außerhalb der Bioinformatik.

Literatur

- [AVS09] Thomas Abeel, Yves Van de Peer und Yvan Saeys. Toward a gold standard for promoter prediction evaluation. *Bioinformatics*, 25(12):i313–i320, Jun 2009.
- [BEFK03] Y. Barash, G. Elidan, N. Friedman und T. Kaplan. Modeling Dependencies in Protein-DNA Binding Sites. In *proceedings of Seventh Annual International Conference on Computational Molecular Biology*, Seiten 28–37, 2003.
- [Bis06] Christopher M. Bishop. *Pattern Recognition and Machine Learning*. Information Science and Statistics. Springer, New York, 1st. Auflage, 2006.
- [BK97] C. Burge und S. Karlin. Prediction of complete gene structures in human genomic DNA. *J Mol Biol*, 268(1):78–94, Apr 1997.
- [BT04] G. Bouchard und Bill Triggs. The Tradeoff Between Generative and Discriminative Classifiers. In *IASC International Symposium on Computational Statistics (COMPSTAT)*, Seiten 721–728, Prague, August 2004.
- [BWKT09] Jan Baumbach, Tobias Wittkop, Christiane Katja Kleindt und Andreas Tauch. Integrated analysis and reconstruction of microbial transcriptional gene regulatory networks using CoryneRegNet. *Nat Protoc*, 4(6):992–1005, 2009.
- [EYSJ02] K. Ellrott, C. Yang, F. M. Sladek und T. Jiang. Identifying transcription factor binding sites through Markov chain optimization. In *Proceedings of the European Conference on Computational Biology (ECCB 2002)*, Seiten 100–109, 2002.
- [Fis22] R. A. Fisher. On the Mathematical Foundations of Theoretical Statistics. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical or Physical Character*, 222:309–368, 1922.
- [GKM⁺02] Peter Grünwald, Petri Kontkanen, Petri Myllymäki, Teemu Roos, Henry Tirri und Hannes Wettig. Supervised posterior distributions. Presented at the Seventh Valencia International Meeting on Bayesian Statistics, 2002.
- [KAS⁺07] Tae Hoon Kim, Ziedulla K Abdullaev, Andrew D Smith, Keith A Ching, Dmitri I Loukinov, Roland D Green, Michael Q Zhang, Victor V Lobanenko und Bing Ren. Analysis of the vertebrate insulator protein CTCF-binding sites in the human genome. *Cell*, 128(6):1231–1245, Mar 2007.

- [KGG⁺08] Jens Keilwagen, Jan Grau, André Gohr, Stefan Posch und Ivo Grosse. A Java framework for statistical analysis and classification of biological sequences. <http://www.jstacs.de/>, 2008.
- [KGR⁺03] Alexander E. Kel, Ellen Gössling, Ingmar Reuter, Evgeny Chermushkin, Olga V. Kel-Margoulis und Edgar Wingender. MATCH: A tool for searching transcription factor binding sites in DNA sequences. *Nucleic Acids Res*, 31(13):3576–3579, Jul 2003.
- [LhSJR⁺03] Benjamin P. Lewis, I hung Shih, Matthew W. Jones-Rhoades, David P. Bartel und Christopher B. Burge. Prediction of Mammalian MicroRNA Targets. *Cell*, 115(7):787–798, 2003.
- [MRS⁺09] M. Maragkakis, M. Reczko, V. A. Simossis, P. Alexiou, G. L. Papadopoulos, T. Dalamagas, G. Giannopoulos, G. Goumas, E. Koukis, K. Kourtis, T. Vergoulis, N. Koziris, T. Sellis, P. Tsanakas und A. G. Hatzigeorgiou. DIANA-microT web server: elucidating microRNA functions through target prediction. *Nucl. Acids Res.*, 37(suppl.2):W273–276, 2009.
- [PTF⁺07] Heather E Peckham, Robert E Thurman, Yutao Fu, John A Stamatoyannopoulos, William Stafford Noble, Kevin Struhl und Zhiping Weng. Nucleosome positioning signals in genomic DNA. *Genome Res*, 17(8):1170–1177, Aug 2007.
- [Sal97] Steven L. Salzberg. A method for identifying splice sites and translational start sites in eukaryotic mRNA. *Comput. Appl. Biosci.*, 13(4):365–376, 1997.
- [SFMC⁺06] Eran Segal, Yvonne Fondufe-Mittendorf, Lingyi Chen, Annchristine Thåström, Yair Field, Irene K. Moore, Ji-Ping Z. Wang und Jonathan Widom. A genomic code for nucleosome positioning. *Nature*, 442(7104):772–778, July 2006.
- [SZR06] Sören Sonnenburg, Alexander Zien und Gunnar Rätsch. ARTS: accurate recognition of transcription starts in human. *Bioinformatics*, 22(14):e472–e480, Jul 2006.
- [WDKK96] E Wingender, P Dietze, H Karas und R Knuppel. TRANSFAC: A database on transcription factors and their DNA binding sites. *Nucleic Acids Res*, 24:238–241, 1996.
- [WGR⁺02] Hannes Wettig, Peter Grünwald, Teemu Roos, Petri Myllymäki und Henry Tirri. On Supervised Learning of Bayesian Network Parameters. Bericht HIIT Technical Report 2002-1, Helsinki Institute for Information Technology HIIT, 2002.
- [YB04] Gene Yeo und Christopher B. Burge. Maximum Entropy Modeling of Short Sequence Motifs with Applications to RNA Splicing Signals. *Journal of Computational Biology*, 11(2-3):377–394, 2004. PMID: 15285897.



Jens Keilwagen wurde am 02. Oktober 1981 in Oschatz geboren. Nach dem Abitur im Jahr 2000 und anschließendem Zivildienst, studierte er von 2001 bis 2005 an Martin-Luther-Universität (MLU) Halle–Wittenberg Bioinformatik. Während seines Studiums arbeitete er am Institut für Informatik an den Lehrstühlen *Software-Engineering und Programmiersprachen*, *Theoretische Informatik* und *Datenbanken und Informationssysteme* sowie am Institut für Zoologie am Lehrstuhl *Entwicklungsbiologie*. Nach Abschluss seines Studiums begann er unter Betreuung von Prof. Grosse am IPK Gatersleben seine Promotion, die er im Juli 2010 an der MLU verteidigte. Derzeit arbeitet Jens Keilwagen am IPK Gatersleben in der Nachwuchsforschergruppe *Dateninspektion*

an der Analyse von Sequenzdaten DNA-bindender Proteine und RNAs, historischen Genbankdaten und Next-Generation-Sequencing Daten.

Ein kombinierter analytischer und suchbasierter Ansatz zur induktiven Synthese funktionaler Programme

Emanuel Kitzelmann*

emanuel@icsi.berkeley.edu

Abstract: Induktive Programmsynthese beschäftigt sich mit der automatisierten Konstruktion von Computer-Programmen auf Basis von unvollständigen Spezifikationen wie z.B. Eingabe/Ausgabe-Beispielen. Es lassen sich zwei komplementäre Ansätze unterscheiden: Im effizienten aber eingeschränkten *analytischen* Ansatz wird eine rekursive Funktionsdefinition generiert, indem rekurrente Strukturen zwischen den einzelnen Beispielen gefunden und generalisiert werden. Im mächtigeren aber ineffizienten *erzeuge-und-teste* Ansatz werden unabhängig von den bereitgestellten Beispielen solange Programme einer Klasse generiert, bis ein Programm gefunden wurde das alle Beispiele korrekt berechnet. Hauptbeitrag dieser Arbeit ist der neue Algorithmus IGOR2 zur induktiven Synthese funktionaler Programme, der den analytischen Ansatz generalisiert und mit Suche in einem Programmraum kombiniert, um einen guten Kompromiss zwischen Expressivität und Effizienz zu erreichen. IGOR2 ist terminierend und garantiert Korrektheit synthetisierter Programme bzgl. gegebener Beispiele. Experimente zeigen, dass IGOR2 nicht-triviale Programme in verschiedenen Domänen induzieren kann und meist effizienter ist als andere vergleichbare Systeme.

1 Einleitung und Motivation

Induktive Programmsynthese oder *Induktives Programmieren (IP)* bezeichnet das automatisierte Generieren von Programmen aus unvollständigen Spezifikationen wie z.B. Eingabe/Ausgabe-(E/A-)Beispielen. Seit kurzem wird IP in steigendem Maße praktisch angewandt und hat das Potential, verschiedene Anwendungsgebiete stark zu beeinflussen. Einige Beispiele: Universelle oder Mehrzweck-Computer in verschiedenen Formen – Desktops, Smartphones, Netbooks etc. – erobern in steigendem Maße den Alltag von vielen Menschen. Für optimale Produktivität muss ihre Software auf intuitive Weise individuell anpassbar und in ihrer Funktionalität erweiterbar sein. Endnutzer haben üblicherweise jedoch weder Programmier- noch Spezifikations-Kenntnisse, sondern drücken ihre Erwartungen intuitiv durch *Beispiele* aus. In [Gul11] wird ein System zur *Endnutzer-Programmierung mittels IP* beschrieben, das in Echtzeit auf Basis von wenigen Beispielen leistungsfähige String-Transformationen lernt und als interaktives Add-in für die Tabellenkalkulation MS Excel realisiert ist. In [SK11] zeigen Ute Schmid und ich, wie IP und speziell der im Folgenden vorgestellte Algorithmus IGOR2 in der *Kognitiven Modellierung* verwendet werden kann, um das Lernen von produktivem Problemlöse-Wissen in Form rekursiver Regeln

*Der Autor wurde während des Verfassens dieses Artikels im Rahmen des DAAD-FIT-Programms gefördert.

zu modellieren. Dies ist eine wichtige Voraussetzung für zukünftige intelligente Agenten, die sich autonom an neue Situationen und Problemstellungen anpassen können müssen. Für *domäne-konfigurierbare Planungssysteme* (z.B. [NAI⁺03]), die mit Domänenwissen in Form von *Hierarchischen Task-Netzwerken (HTNs)* – eine Form nicht-deterministischer Programme – ausgestattet werden und in praktischen Anwendungen auf Grund höherer Effizienz gegenüber domäne-unabhängigen Planern bevorzugt werden, muss das Domänenwissen bislang zeitaufwendig und kostspielig von Hand erstellt werden. In [NLK06] wird eine Technik beschrieben, wie solches programmformiges Domänenwissen automatisch generiert werden kann. Das evolutionäre IP-System ADATE “erfindet” und optimiert Algorithmen [Ols95]. In der testgetriebenen *Software-Entwicklung* schließlich, wo Testfälle, oft in Form von E/A-Beispielen, der Ausgangspunkt der Implementierung sind, könnte IP eingesetzt werden, um automatisch passenden prototypischen Code zu erzeugen.

Wir befassen uns im Folgenden mit der induktiven Programmierung rekursiver funktionaler Programme. Hier lassen sich bisherige Systeme gemäß zweier Ansätze klassifizieren: Im *analytischen* Ansatz [Sum77, KS06] werden syntaktische Regularitäten zwischen gegebenen Beispielen bestimmt und dann zu einer rekursiven Funktionsdefinition verallgemeinert. Dies ist effizient, setzt aber (i) stark eingeschränkte Formen synthetisierbarer Programme sowie (ii) Beispielmengen, die bis zu einer bestimmten Komplexität vollständig sind voraus. Im *erzeuge-und-teste (E&T)* Ansatz [Ols95, Kat07] werden hingegen wiederholt Programme einer definierten Klasse unabhängig von den gegebenen Beispielen generiert und dann gegen die Beispiele getestet, bis ein korrektes Programm gefunden wurde. Dieser Ansatz überwindet die starken Restriktionen des analytischen Ansatzes, allerdings zu dem Preis einer kombinatorischen Suche in riesigen Programmräumen.¹

Der im Folgenden beschriebene Algorithmus IGOR2 [Kit10] kombiniert beide Ansätze, indem einerseits in einem relativ unbeschränkten Programmraum *gesucht* wird, die Programmkandidaten allerdings nicht unabhängig von den gegebenen Beispielen, sondern *analytisch* generiert werden, wodurch viele mit den Beispielen inkompatible Programme gar nicht konstruiert und betrachtet werden. IGOR2 kann Hintergrundwissen in Form von vordefinierten (Hilfs-)Funktionen verwenden und automatisch neue rekursive Hilfsfunktionen einführen. Es werden komplexe rekursive Muster wie das der Ackermann-Funktion oder der wechselseitig-rekursiven Definition von *odd/even* gefunden. Experimente zeigen, dass IGOR2 nicht-triviale Programme in unterschiedlichen Domänen effizient synthetisieren kann. IGOR2 synthetisiert Programme, die über die Möglichkeiten bisheriger analytischer Systeme hinaus gehen und dies oft effizienter als E&T-Systeme.

2 Der IGOR2-Algorithmus

Funktionen, die synthetisiert werden sollen, nennen wir *Zielfunktionen*, während Funktionen, die bereits implementiert sind und als Hilfsfunktionen verwendet werden können, *Hintergrundfunktionen* genannt werden.

¹In Kapitel 3 meiner Dissertation [Kit10] sind diese zwei Ansätze und ihre Methoden sowie auch induktive logische Programmierung (ILP) ausführlich dargestellt und im Zusammenhang diskutiert.

2.1 Konstruktorsysteme als Objektsprache

Die kurz eingeführten Termersetzungs-Konzepte sind detailliert z.B. in [BN99] behandelt. Spezifikationen von Ziel- und Hintergrundfunktionen sowie synthetisierte Zielfunktionen werden als *orthogonale Konstruktor-Termersetzungs-Systeme* (*Konstruktor-Systeme*, *KSe*) repräsentiert. Ein KS ist eine Menge von Ersetzungsregeln über einer algebraischen Signatur (Funktionssymbole) und Variablen, wobei die Signatur in *definierte Funktionen* \mathcal{D} und *Konstruktoren* \mathcal{C} partitioniert ist und die Regeln die Form $f(p_1, \dots, p_n) \rightarrow t$ haben; dabei ist $f \in \mathcal{D}$ eine definierte Funktion, die p_i sind *Konstruktorterme*, bestehen also nur aus Konstruktoren und Variablen, und Variablen der rechten Seite t (Körper) sind auch in der linken Seite $f(p_1, \dots, p_n)$ (Kopf) enthalten ($\text{Var}(t) \subseteq \text{Var}(f(p_1, \dots, p_n))$). Die p_i heißen *Muster*. Wir schreiben Term-Sequenzen wie p_1, \dots, p_n auch kurz als \mathbf{p} .

Ein KS ist *orthogonal*, wenn jeder Kopf jede Variable maximal einmal enthält und keine zwei Köpfe unifizieren. Zwei Terme t_1, t_2 unifizieren, wenn es eine Substitution (von Variablen durch Terme) σ gibt, so dass $t_1\sigma = t_2\sigma$ ist. Orthogonale KSe sind eine einfache Form funktionaler Programme (ohne Funktionen höherer Ordnung). Ein Eingabeterm wird ausgewertet, indem wiederholt Subterme mit Funktionsköpfen gematcht werden, was jeweils zu einer Substitution σ führt, und die Subterme durch die entsprechenden Körper, substituiert mit σ , ersetzt werden. Orthogonalität garantiert *eindeutige Normalformen*. Die nicht-unifizierenden Muster in den Regelköpfen einer definierten Funktion fungieren zum einen als *Bedingungen* für die Anwendung der entsprechenden Regeln und zum anderen dekomponieren sie einen gematchten Term in Subterme, gebunden an die Mustervariablen. Dieses Konzept heißt *Musterabgleich*.

2.2 Syntheseproblem, Suchstrategie und Induktives Bias

Spezifikationen von Ziel- und Hintergrundfunktionen sind orthogonale KSe mit der Restriktion, dass die Körper Konstruktorterme sind (keine Funktionsaufrufe enthalten). Spezifikationsregeln *ohne* Variablen bezeichnen E/A-Beispiele, während eine Spezifikationsregel *mit* Variablen die *Menge* aller ihrer Instanzen als E/A-Beispiele repräsentiert. Wir nennen beide Sorten Spezifikationsregeln schlicht (E/A-)Beispiele oder Beispielregeln und deren linke bzw. rechte Seiten (Beispiel-)Eingaben bzw. Ausgaben.

Definition 1 (Syntheseproblem). Gegeben zwei Spezifikationen Φ und B mit disjunkten definierten Funktionen, $\mathcal{D}_\Phi \cap \mathcal{D}_B = \emptyset$, genannt *Zielfunktionen* und *Hintergrundfunktionen*, finde ein KS P mit definierten Funktionen $\mathcal{D}_P \supseteq \mathcal{D}_\Phi$, so dass

1. P orthogonal ist,
2. P keine Hintergrundfunktionen (neu) definiert ($\mathcal{D}_P \cap \mathcal{D}_B = \emptyset$), und
3. $P \cup B$ für alle $f(\mathbf{i}) \rightarrow o \in \Phi$, $f(\mathbf{i})$ zu o auswertet.

Als durchgehendes Beispiel nehmen wir die Funktion *reverse* zum Umkehren einer Liste. Wir repräsentieren Listen algebraisch mittels der Konstruktoren $[]$ (leere Liste) und $..:$

Listing 1: Spezifikation (vier Beispiele) für die reverse-Funktion

```

1 reverse ([], ys)           → ys
2 reverse (x1 : [], ys)     → x1 : ys
3 reverse (x1 : x2 : [], ys) → x2 : x1 : ys
4 reverse (x1 : x2 : x3 : [], ys) → x3 : x2 : x1 : ys

```

Listing 2: Synthetisierte Implementation der reverse-Funktion

```

reverse ([], ys)   → ys
reverse (x : xs, ys) → reverse (xs, x : ys)

```

(ein Element, linkes Argument, vorne an eine Liste, rechtes Argument, anfügen). Wir spezifizieren `reverse` mit einem zusätzlichen (Akkumulator-)Parameter, dessen Listenwert an die umgekehrte Liste angehängt wird.² Listing 1 zeigt vier Beispiele (wir spezifizieren keine Hintergrundfunktionen). IGOR2 synthetisiert die korrekte Lösung in Listing 2.

Die induktive Synthese eines Lösungs-KSs erfolgt per *uniformer Kostensuche* in einem Raum orthogonaler KSe, wobei $Var(r) \subseteq Var(l)$ für Regeln $l \rightarrow r$ (s. Abschnitt 2.1) *nicht* gelten muss. Wir nennen solche KSe und die entsprechenden Regeln und Körper *offen* und reguläre KSe (die die Eigenschaft erfüllen) *geschlossen*. Offene KSe haben keine eindeutigen Normalformen, repräsentieren also keine Funktionen. Ziel der Such-(Synthese-)operatoren ist es, geschlossene KSe zu erreichen. IGOR2s Syntheseoperatoren (Abschnitt 2.3) stellen sicher, dass alle konstruierten KS-Kandidaten die Bedingungen aus Def. 1 erfüllen. Jedes *geschlossene* KS ist daher eine Lösung. Die *Kosten* eines KSs sind definiert als die Anzahl disjunkter Muster in seinen Köpfen. “Günstigere” KSe berechnen die Beispiele also mit weniger Fallunterscheidungen und werden bevorzugt (*induktives Bias* [Mit80]). Das initiale Kandidaten-KS besteht aus einer Regel pro Zielfunktion.

Als initiale Hypothese einer Menge von Beispielregeln nimmt IGOR2 ihre *speziellste Generalisierung* (*least general generalization, LGG*) [Plo70]. D.h., falls alle Regeln dasselbe Symbol an einer bestimmten Position aufweisen, wird dieses Symbol behalten; falls die Symbole variieren, wird eine Variable eingefügt. *Dieselbe* Variable wird an zwei unterschiedlichen Positionen eingeführt, sofern die entsprechenden Subterme in den Beispielregeln an beiden Positionen dieselben sind. Der LGG für die Beispielregeln aus Listing 1 ist `reverse(xs, ys) → zs`. Die beiden Variablen `xs`, `zs` resultieren aus den unterschiedlichen Symbolen `[]` bzw. `ys` (1. Beispiel) und `_:_` (Beisp. 2, 3, 4) an den entsprechenden Positionen. Diese initiale Regel ist *offen*, da die Variable `zs` nicht im Kopf erscheint.

²Man mag einwenden, dass wir mit dieser Art Spezifikation bereits eine bestimmte Lösung vorgeben. Das ist einerseits wahr und auch nicht unbedingt verkehrt: Grundsätzlich ist es sinnvoll, den Benutzer soviel Information wie möglich nicht nur über die Funktion im mathematischen Sinne, sondern auch über die Form der Implementation (z.B. ein bestimmtes Algorithmen-Muster) spezifizieren zu lassen, sofern er dies wünscht. Andererseits würde IGOR2 aber auch dann die `reverse` Funktion (anders) korrekt synthetisieren, wenn man den zweiten Parameter in der Spezifikation weg ließe. Wir haben die Spezifikation mit explizitem Akkumulator-Parameter gewählt, da dieses konkrete Problem interessant genug ist, um einige Möglichkeiten von IGOR2 darstellen zu können, gleichzeitig aber einfach genug, um die komplette Synthese durchzugehen.

2.3 Synthese-Operatoren

Wenn im Rahmen der Suche ein KS gewählt worden ist, wird eine der offenen Regeln r zur Verfeinerung ausgewählt. Eine Verfeinerung besteht aus einer Menge s von Nachfolgeregeln. IGOR2 wendet unabhängig voneinander drei Operatoren an, um Verfeinerungen zu berechnen: (i) Die Regel r wird in eine Menge von wenigstens zwei neuen Regeln mit nicht-unifizierenden Mustern, die spezieller als das von r sind, aufgesplittet; (ii) offene Subterme im Körper von r werden als neue Unterprobleme betrachtet und entsprechend neue Hilfsfunktionen eingeführt; (iii) der Körper von r wird durch den (rekursiven) Aufruf einer definierten Funktion ersetzt. Nun angenommen, ein KS P und eine offene Regel $r \in P$ sind gewählt worden. Das Anwenden der Syntheseoperatoren resultiert in einer endlichen (möglicherweise leeren) Menge $\{s_1, \dots, s_n\}$ von Verfeinerungen. Für jedes s_i ($1 \leq i \leq n$) wird ein Nachfolge-Kandidaten-KS P_i generiert durch: $P_i = (P \setminus \{r\}) \cup s_i$.

Aufsplitten von Regeln durch Musterspezialisierung. Betrachten wir die Beispiele aus Listing 1 und die entsprechende initiale Regel $\text{reverse}(xs, ys) \rightarrow zs$. Die Mustervariable xs resultiert aus den unterschiedlichen Konstruktoren $[]$ (1. Beispiel) und $:_:$ (Beispiele 2, 3, 4) an der entsprechenden Position. Wir nennen eine solche Position, die eine *Variable* im Kopf einer initialen Regel und (unterschiedliche) *Konstruktoren* in den Beispieleingaben bezeichnet, *Pivotposition*. Der Splitting-Operator partitioniert die Beispiele nun entlang der unterschiedlichen Konstruktoren an der Pivotposition und erzeugt eine neue initiale Regel für jede Untermenge. In unserem Beispiel wird Beispiel 1 in eine, Beispiele 2, 3, 4 in eine zweite Untermenge sortiert, was zu folgenden neuen Regeln führt:

$$\begin{aligned} \text{reverse}([], ys) &\rightarrow ys \\ \text{reverse}(x : xs, ys) &\rightarrow z : zs \end{aligned}$$

Da die neuen Regeln immer die unterschiedlichen Konstruktoren an der Pivotposition enthalten, ist sichergestellt, dass sie nicht unifizieren. Falls mehrere Pivotpositionen existieren, wird für jede eine Verfeinerung und ein entsprechendes neues KS generiert.

Behandlung von Unterproblemen. Die initiale Regel $\text{reverse}(x : xs, ys) \rightarrow z : zs$ für die Beispiele 2, 3, 4, die aus dem Aufsplitten der ursprünglichen initialen Regel resultierte, ist offen aufgrund der Variablen z , zs . Da diese beiden Variablen echte Subterme der rechten Seite sind, können sie als Unterprobleme betrachtet werden. Der entsprechende Operator ersetzt diese Variablen durch Aufrufe neuer (Hilfs-)Funktionen sub1 , sub2 ,

$$\text{reverse}(x : xs, ys) \rightarrow \text{sub1}(x : xs, ys) : \text{sub2}(x : xs, ys)$$

und leitet Spezifikationsregeln für diese ab, indem die entsprechenden Subterme der Beispielregeln der reverse Funktion genommen werden:³

³Diese (neuen) Beispiele für sub1 , sub2 lassen erkennen, welche Funktionen diese berechnen würden, wenn sie fertig synthetisiert würden: sub1 soll das letzte Element der Eingabeliste liefern und sub2 die reverse Funktion angewendet auf die Eingabeliste verkürzt um das letzte Element. Tatsächlich würde reverse auf diese Weise synthetisiert, wenn ys als Akkumulator *nicht* spezifiziert wäre. Da wir diesen aber in den Beispielen spezifiziert haben, wird die kostengünstigere Variante mit Verwendung dieses Akkumulator-Parameters synthetisiert, wie wir im Folgenden sehen werden.

$$\begin{array}{llll} \text{sub1 } (x1 : [], \text{ys}) & \rightarrow x1 & \text{sub2 } (x1 : [], \text{ys}) & \rightarrow \text{ys} \\ \text{sub1 } (x1 : x2 : [], \text{ys}) & \rightarrow x2 & \text{sub2 } (x1 : x2 : [], \text{ys}) & \rightarrow x1 : \text{ys} \\ \text{sub1 } (x1 : x2 : x3 : [], \text{ys}) & \rightarrow x3 & \text{sub2 } (x1 : x2 : x3 : [], \text{ys}) & \rightarrow x2 : x1 : \text{ys} \end{array}$$

Der Syntheseschritt wird komplettiert durch das Berechnen initialer Regeln für diese neuen Funktionen, die dann zum Kandidaten-KS hinzugefügt werden:

$$\begin{array}{ll} \text{reverse } ([], \text{ys}) & \rightarrow \text{ys} \\ \text{reverse } (x : \text{xs}, \text{ys}) & \rightarrow \text{sub1 } (x : \text{xs}, \text{ys}) : \text{sub2 } (x : \text{xs}, \text{ys}) \\ \text{sub1 } (x : \text{xs}, \text{ys}) & \rightarrow z \\ \text{sub2 } (x : \text{xs}, \text{ys}) & \rightarrow \text{zs} \end{array}$$

Konstruktion (rekursiver) Funktionsaufrufe. Zwei Varianten dieses Operators konstruieren verschieden mächtige Formen (rekursiver) Funktionsaufrufe. Wenn $f(\mathbf{p}) \rightarrow t$ eine offene Regel ist, generiert die erste Variante Verfeinerungen der Form $f(\mathbf{p}) \rightarrow f'(\mathbf{p}')$, die zweite Variante Verfeinerungen der Form $f(\mathbf{p}) \rightarrow f'(g_1(\mathbf{p}), \dots, g_n(\mathbf{p}))$. Dabei ist f' eine definierte Ziel-, Hintergrund- oder in einem früheren Syntheseschritt eingeführte Hilfsfunktion (mglw. $f = f'$), \mathbf{p}' eine Sequenz von Konstruktortermen und die g_i neue definierte Funktionen, die in weiteren Schritten induziert werden.

Betrachten wir nochmals die Beispiele für `reverse` (Listing 1) und die initiale Regel für Beispiele 2, 3, 4 aus dem Ergebnis des Splittings: $\text{reverse}(x:\text{xs}, \text{ys}) \rightarrow z:\text{zs}$. Die erste Operatorvariante generiert daraus die Regel $\text{reverse}(x:\text{xs}, \text{ys}) \rightarrow \text{reverse}(p1, p2)$, wobei $p1, p2$ Konstruktortermine über den Variablen x, xs, ys sind. Damit dieser rekursive Aufruf die entsprechenden Beispiele 2, 3, 4 korrekt berechnet, muss offensichtlich als Vorbedingung gelten, dass die Beispielausgaben 2, 3, 4 von anderen (zu einfacheren Beispielausgaben) gehörenden Ausgaben subsumiert werden. Derartige Matches werden zunächst gefunden. Z.B. wird Ausgabe 2 ($x1:\text{ys}$) von Ausgabe 1 (ys) mit der Substitution $[\text{ys}/x1:\text{ys}]$ subsumiert. Diese Substitution wird nun auf die entsprechende *Eingabe* 1 ($[], \text{ys}$) angewandt mit dem Ergebnis ($[], x1:\text{ys}$). Damit Beispiel 2 nun korrekt (durch einen rekursiven Aufruf von Beispiel 1) berechnet wird, müssen die zu findenden Argumente $p1, p2$ Eingabe 2 zur substituierten Eingabe 1 transformieren. Zwei passende Kandidaten werden gefunden: $(p1, p2) = ([], x:\text{ys})$ und $(p1, p2) = (\text{xs}, x:\text{ys})$. Der erste speziellere Kandidat wird aussortiert, weil er unpassend zur korrekten Berechnung der weiteren Beispiele ist. Wir erhalten daher als Nachfolge-KS die geschlossene und korrekte Lösung (Listing 2):

$$\begin{array}{ll} \text{reverse } ([], \text{ys}) & \rightarrow \text{ys} \\ \text{reverse } (x : \text{xs}, \text{ys}) & \rightarrow \text{reverse } (\text{xs}, x : \text{ys}) \end{array}$$

Die zweite Operatorvariante wird nur angewendet, wenn die erste fehlschlägt und keine passenden Konstruktortermine als Argumente findet. Die Idee ist, dass in einem solchen Fall die Argumente mglw. durch rekursive (Hilfs-)Funktionen berechnet werden müssen, also irgendeine Form geschachtelter Funktionsaufrufe notwendig ist. In Abschnitt 3 werden wir Beispiele sehen, allerdings wird diese Variante aus Platzgründen hier nicht erklärt.

Listing 3: `swap`, induziert aus 6 Beispielen in 6.82 Sekunden

```

swap (x0 : x1 : xs, 0, 1)      → x1 : x0 : xs
swap (x0 : x1 : x2 : xs, 0, n+2) → swap (x1 : swap (x0 : x2 : xs, 0, n+1), 0, 1)
swap (x0 : x1 : x2 : xs, n+1, m+2) → x0 : swap (x1 : x2 : xs, n, m+1)

```

Listing 4: `weave`, induziert aus 11 Beispielen in 33.35 Sekunden; man beachte die automatisch eingeführte rekursive Unterfunktion `sub36`, die das erste Element entfernt und die Listen rotiert

```

weave (nil)                → []
weave ((x:xs) :: xss)      → x : weave (sub36((x:xs) :: xss))
sub36 ((x:[]) :: nil)     → nil
sub36 ((x:[]) :: (y:ys) :: xss) → (y:ys) :: xss
sub36 ((x:y:xs) :: nil)   → (y:xs) :: nil
sub36 ((x:y:xs) :: (y:ys) :: xss) → (y:ys) :: sub36 ((x:y:xs) :: xss)

```

2.4 Eigenschaften

Jedes KS, welches als Lösung gefunden wird, berechnet alle gegebenen Beispiele vollständig korrekt (was Termination für die gegebenen Beispieleingaben einschließt). Dies ist nicht trivial, da IGOR2 die Kandidaten nicht gegenüber den Beispielen testet (im Gegensatz zu E&T-Methoden). Außerdem hängen die Regeln eines KS, da sie sich gegenseitig (rekursiv) aufrufen, voneinander ab, werden aber *unabhängig* voneinander generiert. Der Beweis⁴ erfolgt in zwei Schritten: Zunächst wird gezeigt, dass jeder einzelne Synthesepoperator nur Regeln konstruiert, die in einem extensionalen, von den anderen konstruierten Regeln unabhängigen Sinne, korrekt gegenüber den entsprechenden Beispielen sind. Zweitens wird gezeigt, wie daraus die Korrektheit des gesamten KSs folgt.

Der IGOR2-Problemraum, der durch ein initiales Kandidaten-KS und die beschriebenen Synthesepoperatoren definiert ist, ist zirkelfrei und endlich (falls die Tiefe von Funktionskompositionen beschränkt ist). Damit ist die Suche, die IGOR2 anwendet, terminierend. Weiterhin ist die Suche vollständig in dem Sinne, dass ein Lösungs-KS gefunden wird, sofern es eines gibt, das mit einer endlichen Folge von Anwendungen der Synthesepoperatoren erreichbar ist.

3 Experimente

Ein IGOR2-Prototyp ist in der interpretierten, termersetzungsbasierten Spezifikations- und Programmiersprache MAUDE [CDE⁺03] entwickelt und mehrere Experimente sind auf einem Intel Dual Core 2.33 GHz, 4GB RAM, Ubuntu-Rechner durchgeführt worden.

IGOR2 synthetisierte korrekte Implementierungen diverser Funktionen für natürliche Zah-

⁴Nachzulesen in [Kit10, Kapitel 4], wie auch die Beweise der weiteren Behauptungen.

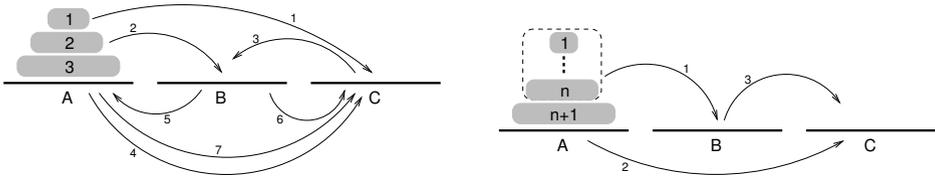


Abbildung 1: *Türme von Hanoi*: Links die Lösung für drei Scheiben (entspricht Listing 5), rechts die allgemeine rekursive Lösung (entspricht Listing 6, Pfeile 1 und 3 repräsentieren rekursive Aufrufe).

Listing 5: Beispiel für die *Türme von Hanoi* für drei Scheiben

```
Hanoi(3, a, b, c, s) → move(1, a, c, move(2, b, c, move(1, b, a,
                                move(3, a, c,
                                move(1, c, b, move(2, a, b, move(1, a, c, s))))))
```

len, Listen, und Listen von Listen, darunter = und \leq , Addition, Fakultät (gegeben Multiplikation) und die Ackermannfunktion (in 3 Sek. aus 17 Beispielen), *reverse*, *take* und *drop* (die ersten n Elemente einer Liste behalten bzw. entfernen), *zip* (zwei Listen zu einer Liste von Paaren zusammenfügen), *swap* (zwei Elemente einer Liste an spezifizierten Positionen tauschen, z.B. $\text{swap}([a,b,c,d], 2, 4) \rightarrow [a,d,c,b]$), *Quicksort* (gegeben *Append* und *Partition*) und, für Listen von Listen, *weave* (in Rotation über alle gegebenen Listen ein Element nach dem anderen in eine einfache Liste schreiben). Außerdem konnte IGOR2 rekursive Strategien für Benchmark-Probleme im Problemlösen und Planen, wie z.B. für die *Türme von Hanoi*, *Rocket*, oder das Bauen von Türmen in der *Blocksworld*, lernen.

Die Funktion *swap* wurde z.B. mittels 6 Beispielen (keine Hintergrundfunktionen) spezifiziert, eingeschränkt auf Fälle, in denen die gegebenen Positionen in der Liste vorhanden und unterschiedlich waren und die erste Position kleiner als die zweite war. Listing 3 zeigt die induzierte korrekte Lösung. Die korrekte Lösung für *weave* ist in Listing 4 gezeigt. Für die *Türme von Hanoi* illustriert Abbildung 1 die Lösung für drei Scheiben sowie die allgemeine rekursive Lösung für beliebig viele Scheiben. Die rekursive Lösung (Listing 6) ist aus den Lösungen für ein bis drei Scheiben (für das 3-Scheiben-Beispiel siehe Listing 5) korrekt induziert worden.

IGOR2 wurde außerdem mit anderen IP-Systemen verglichen – u.a. mit seinem analytischen Vorgänger IGOR1 [KS06] und den funktionalen E&T-Systemen ADATE [Ols95] und MAGICHASKELLER [Kat07]. Tabelle 1 zeigt die Ergebnisse. Details und Ergebnisse für weitere Systeme (aus der induktiven logischen Programmierung) sind in [HKS09] beschrieben.

Listing 6: Rekursive Lösung für die *Türme von Hanoi*, induziert aus 3 Beispielen in 0.08 Sekunden

```
Hanoi(1, a, b, c, s) → move(1, a, c, s)
Hanoi(n+1, a, b, c, s) → Hanoi(n, b, a, c, move(n+1, a, c, Hanoi(n, a, c, b, s)))
```

Tabelle 1: IGOR2 im Vergleich mit anderen funktionalen IP-Systemen

	A _{DATE}	I _{GOR1}	I _{GOR2}	M _{AGICHASHKELLER}
<i>Lasts</i>	365.62	0.051	5.695	19.43
<i>Last</i>	1.0	0.005	0.007	0.01
<i>Member</i>	2.11	—	0.152	1.07
<i>Odd/Even</i>	—	—	0.019	—
<i>ISort</i>	83.41	—	0.105	0.01
<i>ShiftR</i>	20.14	0.041	0.127	157.32
<i>Oddslist</i>	466.86	0.015 [⊥]	⊖	×

— out of scope × stack overflow ⊖ time out (10 Minuten) ⊥ falsches Ergebnis

4 Schluss

IP ist ein anspruchsvolles Forschungsgebiet mit sich abzeichnenden interessanten Anwendungen. IGOR2 ist ein IP-System, das wesentliche Restriktionen des analytischen Ansatzes aufhebt, dabei aber nicht auf ineffizientes Erzeugen-und-Testen zurückfällt. Experimente zeigen vielversprechende Resultate. Die gezeigten, von IGOR2 erfolgreich behandelten Probleme liegen außerhalb des Rahmens vorheriger analytischer Systeme und können von E&T-Systemen nicht mit der gleichen Effizienz synthetisiert werden. Bestimmte Programm-Formen können von IGOR2 jedoch nicht konstruiert werden. Z.B. kann Multiplikation zweier mittels 0 und *Succ* repräsentierter natürlicher Zahlen nur gefunden werden, wenn Addition bereits gegeben ist. Außerdem ist IGOR2 noch nicht effizient genug, wenn die E/A-Beispiele nicht genügend Struktur aufweisen.

Ein Nachteil analytischer Techniken inkl. IGOR2 ist, dass die E/A-Beispiele bis zu einer gewissen Komplexität vollständig sein müssen. Würde z.B. in Listing 1 eines der ersten drei Beispiele weggelassen, würde IGOR2 die *reverse* Funktion nicht mehr korrekt synthetisieren. E&T-Verfahren sind hier robuster. Ein Lösungsansatz wäre, \exists -quantifizierte Variablen in Beispielausgaben zu erlauben. Um jedoch generell robuster bzgl. fehlender und unpräziser Information zu werden, sollte ein probabilistischer Ansatz verfolgt werden.

Eine sinnvolle Erweiterung, die bereits begonnen wurde [HK10], ist das Einbeziehen von Funktionen höherer Ordnung wie z.B. *map*, *filter*, *reduce*. Solche Funktionen kapseln nützliche, terminierende Rekursionsmuster, so dass Funktionsdefinitionen kompakter werden und einfacher gefunden werden können. Außerdem ermöglicht dies eine bessere Analysierbarkeit der Klasse synthetisierbarer Funktionen.

Literatur

- [BN99] Franz Baader und Tobias Nipkow. *Term Rewriting and All That*. Cambridge University Press, 1999.
- [CDE⁺03] Manuel Clavel, Francisco Durán, Steven Eker, Patrick Lincoln, Narciso Martí-Oliet, José Meseguer und Carolyn Talcott. The Maude 2.0 System. In *Rewriting Techniques and Applications (RTA'03)*, Jgg. 2706 of *LNCS*, Seiten 76–87. Springer, 2003.

- [Gul11] Sumit Gulwani. Automating String Processing in Spreadsheets using Input-Output Examples. In *38th SIGACT-SIGPLAN Symposium on Principles of Programming Languages*. ACM, 2011.
- [HK10] Martin Hofmann und Emanuel Kitzelmann. I/O Guided Detection of List Catamorphisms: Towards Problem Specific Use of Program Templates in IP. In *ACM SIGPLAN 2010 Workshop on Partial Evaluation and Program Manipulation (PEPM 2010), Proceedings*, Seiten 93–100. ACM Press, 2010.
- [HKS09] Martin Hofmann, Emanuel Kitzelmann und Ute Schmid. A Unifying Framework for Analysis and Evaluation of Inductive Programming Systems. In *Artificial General Intelligence (AGI'09)*, Seiten 55–60. Atlantis Press, 2009.
- [Kat07] Susumu Katayama. Systematic Search for Lambda Expressions. In *6th Symposium on Trends in Functional Programming, selected Papers*, Seiten 111–126. Intellect, 2007.
- [Kit10] Emanuel Kitzelmann. *A Combined Analytical and Search-Based Approach to the Inductive Synthesis of Functional Programs*. Dissertation, Fakultät Wirtschaftsinformatik und Angewandte Informatik, Otto-Friedrich Universität Bamberg, 2010.
- [KS06] Emanuel Kitzelmann und Ute Schmid. Inductive Synthesis of Functional Programs: An Explanation Based Generalization Approach. *Journal of Machine Learning Research*, 7:429–454, 2006.
- [Mit80] Tom M. Mitchell. The Need for Biases in Learning Generalizations. Bericht, Rutgers University, New Brunswick, NJ, 1980.
- [NAI⁺03] D. Nau, T.-C. Au, O. Ilghami, U. Kuter, W. Murdock, D. Wu, und F.Yaman. SHOP2: An HTN Planning System. *Journal of Artificial Intelligence Research*, 20:379–404, 2003.
- [NLK06] Negin Nejati, Pat Langley und Tolga Konik. Learning Hierarchical Task Networks by Observation. In *23rd International Conference on Machine Learning*, Seiten 665–672. ACM, 2006.
- [Ols95] J. R. Olsson. Inductive Functional Programming using Incremental Program Transformation. *Artificial Intelligence*, 74(1):55–83, 1995.
- [Plo70] Gordon D. Plotkin. A Note on Inductive Generalization. *Machine Intelligence*, 5:153–163, 1970.
- [SK11] Ute Schmid und Emanuel Kitzelmann. Inductive Rule Learning on the Knowledge Level. *Cognitive Systems Research*, 12(3-4):237–248, 2011.
- [Sum77] Phillip D. Summers. A Methodology for LISP Program Construction from Examples. *Journal of the ACM*, 24(1):161–175, 1977.



Dr. Emanuel Kitzelmann hat Informatik an der Universität Passau und der Technischen Universität Berlin studiert. Er war anschließend wissenschaftlicher Mitarbeiter bei Prof. Dr. Ute Schmid an der Universität Bamberg, wo er 2010 promovierte. Momentan ist er als Post-Doktorand am *International Computer Science Institute (ICSI)* in Berkeley, USA, tätig, gefördert vom Deutschen Akademischen Austauschdienst (DAAD). Dort forscht er hauptsächlich im Bereich des automatischen Lernens von hierarchischen Task-Netzwerken mittels induktiver Programmsynthese. Außerdem entwickelt er einen Algorithmus zur automatischen Synthese von XSLT-Stylesheets aus Beispiel-XML-Dokumenten.

Effiziente Rekonstruktion und alternative Spulentopologien für Magnetic-Particle-Imaging

Tobias Knopp

Institut für Medizintechnik
Universität zu Lübeck
knopp@imt.uni-luebeck.de

Abstract: Das bildgebende Verfahren Magnetic-Particle-Imaging (MPI) ermöglicht es, die örtliche Verteilung super-paramagnetischer Eisenoxid-Nanopartikel mit hoher räumlicher und zeitlicher Auflösung zu bestimmen. Die Doktorarbeit „Effiziente Rekonstruktion und alternative Spulentopologien für Magnetic-Particle-Imaging“ von Tobias Knopp unterteilt sich in zwei Gebiete. Zum einen werden effiziente Rekonstruktionsalgorithmen entwickelt und ein neues Verfahren für die Bestimmung der MPI-Systemmatrix vorgeschlagen. Zum anderen werden zwei neuartige Spulentopologien eingeführt. Während die eine Spulentopologie einen offener Patientenzugang ermöglicht, wird bei der anderen eine vollkommen neue Form der Bildkodierung genutzt, welche die Sensitivität von MPI deutlich steigern kann.

1 Einleitung

Magnetic-Particle-Imaging (MPI) ist ein neues bildgebendes Verfahren, das es ermöglicht, die örtliche Verteilung super-paramagnetischer Eisenoxid-Nanopartikel mit hoher räumlicher und zeitlicher Auflösung zu bestimmen. Zudem verspricht MPI eine hohe Sensitivität. Das Verfahren wurde von B. Gleich und J. Weizenecker in den Philips Forschungslaboratorien Hamburg erfunden und 2005 zum ersten mal veröffentlicht [GW05]. Seitdem die generelle Machbarkeit von MPI durch einen experimentellen Aufbau gezeigt werden konnte, ist das Verfahren stetig weiterentwickelt worden. Im Jahr 2009 wurden die ersten *in-vivo*-Aufnahmen durchgeführt, in denen ein schlagendes Mäuseherz in Echtzeit abgebildet werden konnte [WGR⁺09].

In seiner Doktorarbeit „Effiziente Rekonstruktion und alternative Spulentopologien für Magnetic-Particle-Imaging“ behandelt Tobias Knopp verschiedene Themen im Umfeld der MPI-Bildgebung. Neben der Entwicklung effizienter Rekonstruktionsalgorithmen [KBS⁺09, KRS⁺10] ist ein Schwerpunkt der Arbeit die Bestimmung der Systemmatrix auf Grundlage eines Modells der Signalkette [KSB⁺10, KBS⁺10]. Weiterhin werden zwei neuartige Spulentopologien vorgeschlagen. Während die eine Spulentopologie einen offener Patientenzugang ermöglicht [SKB⁺09], wird bei der anderen eine vollkommen neue Form der Bildkodierung genutzt, welche die Sensitivität von MPI deutlich steigern kann [KSBB10, KEB⁺10].

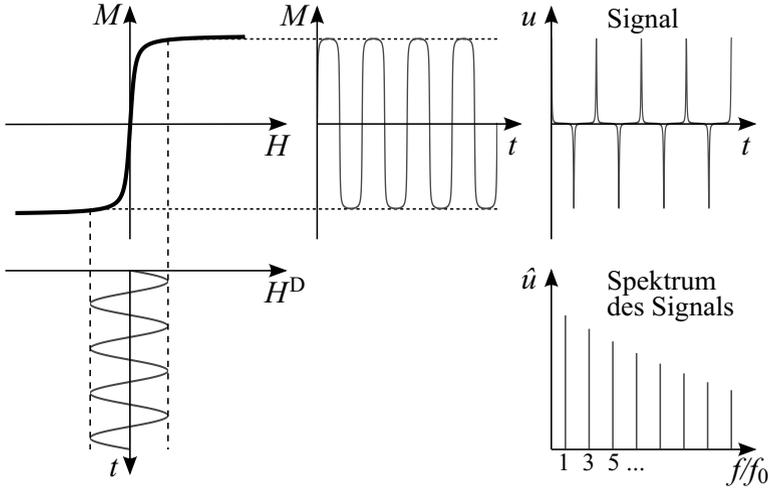


Abbildung 1: Grundprinzip der Signalkodierung von MPI. Die super-paramagnetischen Nanopartikel werden in ein Anregungsfeld $H^D(t)$ gebracht. Aufgrund der Nichtlinearität des Magnetisierungsverlaufs $M(H)$ enthält die resultierende zeitliche Magnetisierung $M(t)$ und die induzierte Spannung $u(t)$ nicht nur die Anregungsfrequenz, sondern zusätzlich Oberwellen, die für die Bildgebung genutzt werden.

Nach einer Einführung in das Grundprinzip von MPI, werden in diesem Beitrag die vier wichtigsten Originalbeiträge der Doktorarbeit zusammengefasst.

2 Grundprinzip von MPI

Zur Bildgebung nutzt MPI den nichtlinearen Magnetisierungsverlauf super-paramagnetischer Eisenoxid-Nanopartikel. Die Partikel bestehen aus einem Eisenoxid-Kern und einer Hülle, die das Agglomerieren der Partikel verhindert. Trotz des ferromagnetischen Kerns, verhalten sich die Partikel aufgrund ihrer Größe im Nanometerbereich super-paramagnetisch. Jedes Partikel besteht demnach aus einer einzigen magnetischen Domäne und verhält sich wie ein Atom eines paramagnetischen Materials. Der Zusatz „super“ besagt, dass die Partikel ein hohes magnetisches Moment besitzen, das wesentlich größer als das atomare magnetische Moment ist.

Zur Bildgebung werden die magnetischen Nanopartikel mit einem sinusförmigen magnetischen Wechselfeld $H^D(t) = A^D \sin(2\pi f_0 t)$ angeregt (siehe Abbildung 1). Dabei bezeichnet t die Zeit, f_0 die Anregungsfrequenz und A^D die Amplitude des Magnetfeldes. Die Partikel antworten auf das Anregungsfeld mit einer zeitlichen Änderung ihrer Magnetisierung $M(t)$. Um diese Magnetisierungsänderung messen zu können, wird bei MPI eine Empfangsspule verwendet, in der die zeitliche Ableitung der Magnetisierung als Spannungssignal induziert wird. Wegen der Nichtlinearität des Magnetisierungsverlaufs der

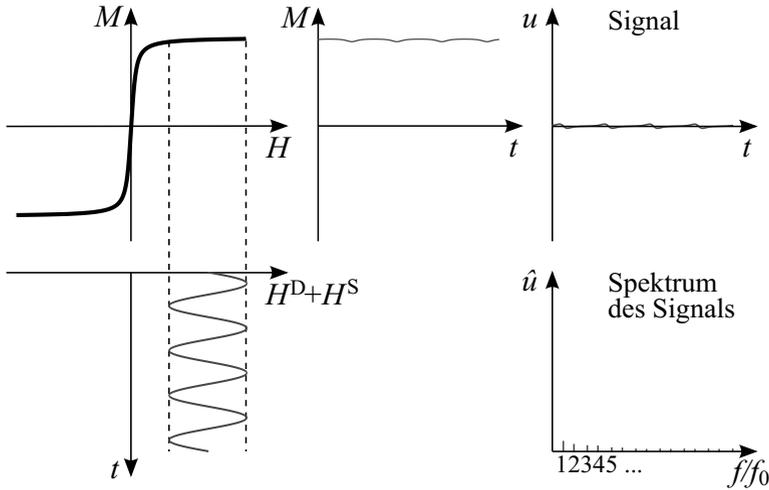


Abbildung 2: Wird das Anregungsfeld $H^D(t)$ mit einem statischen Selektionsfeld H^S überlagert, verbleiben die Partikel in Sättigung. Da die resultierende Magnetisierung fast konstant ist, wird kein messbares Signal in der Empfangsspule induziert.

Partikel enthält das Spektrum der induzierten Spannung nicht nur die Anregungsfrequenz f_0 , sondern auch harmonische Frequenzen $f_k = k f_0$, $k \in \mathbb{N}$ (sogenannte Oberwellen).

Bei einem homogenen Anregungsfeld ist der Magnetisierungsverlauf aller Partikel im Raum gleich, so dass die örtliche Verteilung der Partikelkonzentration nicht bestimmt werden kann. Um eine Ortskodierung zu erreichen, wird bei MPI ein statisches magnetisches Selektionsfeld $H^S(x) = Gx$ verwendet, das linear mit der Gradientenstärke G im Raum ansteigt. An einem bestimmten Punkt ist das Selektionsfeld gleich null, weswegen diese Stelle als feldfreier Punkt (FFP) bezeichnet wird. Da die Magnetisierung der Nanopartikel schon bei geringen Feldstärken in Sättigung gelangt, antworten nur Nanopartikel in direkter Nachbarschaft des FFPs auf das Anregungsfeld. An allen anderen Punkten im Raum verbleiben die Partikel in Sättigung, wie in Abbildung 2 dargestellt ist. Folglich kann das Messsignal genau den Partikeln in direkter Nähe des FFPs zugeordnet werden.

Um den gesamten Messbereich zu erfassen, wird der FFP durch den Raum bewegt. Interessanterweise werden dazu keine weiteren Felder benötigt. Betrachtet man das Gesamtmagnetfeld

$$H(x, t) = H^D(t) + H^S(x) = A^D \sin(2\pi f_0 t) + Gx, \quad (1)$$

sieht man, dass der FFP entlang einer Linie im Intervall $[-A^D/G, A^D/G]$ oszilliert. Bei einer Sprungfunktion als Magnetisierungsverlauf antworten zum Zeitpunkt t nur Partikel an der Stelle $x = -\frac{A^D}{G} \sin(2\pi f_0 t)$. Somit besteht in diesem Fall ein direkter Zusammenhang zwischen dem Messsignal und der örtlichen Verteilung der Partikel.

In der Realität ist der Magnetisierungsverlauf der Partikel keine Sprungfunktion. Stattdessen hat der Magnetisierungsverlauf einen steilen Anstieg um den Nullpunkt herum und

geht bei einer gewissen Feldstärke in Sättigung. Dies hat zur Folge, dass nicht nur Partikel am FFP ein Signal in der Empfangsspule induzieren, sondern genau genommen alle Partikel in einem bestimmten Bereich um den FFP. Das Signal besteht daher aus einer Faltung der Partikelverteilung mit einem Kern, der von der Steilheit des Magnetisierungsverlaufs und dem Gradienten des Selektionsfeldes abhängt. Folglich ist auch die erreichbare Auflösung von MPI beschränkt und hängt von den zuvor genannten Parametern ab.

Allgemein kann der Zusammenhang zwischen der Partikelverteilung und den Messdaten durch eine lineare Integralgleichung beschrieben werden. Nach der Diskretisierung entsteht ein lineares Gleichungssystem

$$Sc = \hat{u}, \quad (2)$$

das zur Rekonstruktion der Partikelverteilung zu lösen ist.

3 Effiziente Rekonstruktion

Zur Lösung des linearen Gleichungssystems (2) wird in der Doktorarbeit von Tobias Knopp ein gewichteter, regularisierter Kleinste-Quadrate-Ansatz verwendet. Statt, wie bislang bei MPI üblich, eine Singulärwertzerlegung (SVD) zur Bestimmung der Kleinste-Quadrate-Lösung zu nutzen, wird in der Arbeit erstmals die Verwendung iterativer Algorithmen, wie dem CGNR-Verfahren und dem Kaczmarz-Verfahren, vorgeschlagen. Es wird gezeigt, dass beide iterative Verfahren durch eine spezielle Zeilengewichtung in nur wenigen Iterationen konvergieren und eine Lösung liefern, die einer Rekonstruktion mittels Singulärwertzerlegung gleichwertig ist. Folglich kann die Rekonstruktionszeit durch iterative Verfahren signifikant reduziert werden, so dass Echtzeit-Bildgebung ermöglicht wird. In Abbildung 3 ist der NRMS-Fehler (englisch: Normalized Root Mean Square Error) des CGNR-Verfahrens und des Kaczmarz-Verfahrens gegenüber der SVD-Lösung in Abhängigkeit von der Iterationsanzahl dargestellt.

Des Weiteren hat die Gewichtung einen positiven Einfluss auf die Qualität der Kleinste-Quadrate-Lösung und führt zu einer Auflösungsverbesserung (siehe Abbildung 4).

4 Modellbasierte Rekonstruktion

Um ein Bild rekonstruieren zu können, muss die Systemmatrix, die sowohl die Partikeldynamik als auch alle Messparameter enthält, bekannt sein. Bislang wird bei MPI hierzu eine zeitintensive Kalibrierungsmessung verwendet, bei der eine kleine Punktprobe durch das Messvolumen bewegt und die Partikelantwort an jedem Ortspunkt gemessen wird [GW05, WGR⁺09]. Obwohl sich dieses messbasierte Verfahren schon bewährt hat und zu guten Rekonstruktionsergebnissen führt, hat es einige Nachteile. Zum einen dauert die Kalibrierungsmessung sehr lange, so dass für eine feine Voxelauflösung Monate nötig sind. Zum anderen enthält die gemessene Systemmatrix Rauschen, das durch den elektrischen Widerstand der Empfangskette verursacht wird. Dies kann zu einer Verschlechterung der

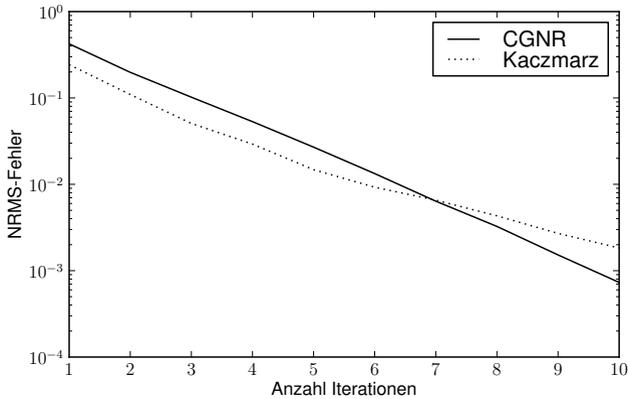


Abbildung 3: NRMS-Fehler der iterativen Lösungen im Vergleich zur SVD-Lösung in Abhängigkeit von der Iterationsanzahl.

Bildqualität führen. Des Weiteren hat der Ansatz einen sehr hohen Speicherbedarf, da jeder einzelne Eintrag der Systemmatrix explizit abgespeichert werden muss. Aufgrund dieser Nachteile wird in der Doktorarbeit von Tobias Knopp erstmals die Verwendung einer modellbasierten Systemmatrix vorgeschlagen. In 1D- und 2D-Experimenten wird gezeigt, dass die modellierte Systemmatrix im Vergleich zur gemessenen nahezu vergleichbare Ergebnisse liefert (siehe Abbildung 5). Dabei benötigt die Bestimmung der modellierten Systemmatrix gegenüber der gemessenen nur einen Bruchteil der Zeit. Bei den betrachteten 2D-MPI-Daten dauerte die Messung der Systemmatrix 45 Minuten, während die Berechnung auf Grundlage des Modells nur 15 Sekunden benötigte.

5 Single-Sided-Spulenordnung

Neben Fragestellungen im Umfeld der Rekonstruktion von MPI-Daten beschäftigt sich die Arbeit mit neuen Spulentopologien. Der in der Entwicklungschronologie erste entwickelte MPI-Scanner besteht aus mehreren Spulenpaaren, die symmetrisch um ein zylindrisches



Abbildung 4: Rekonstruktionsergebnisse gemessener 2D-MPI-Daten mit und ohne Normierungsgewichte. Zum Vergleich ist eine schematische Zeichnung des verwendeten Phantoms dargestellt.

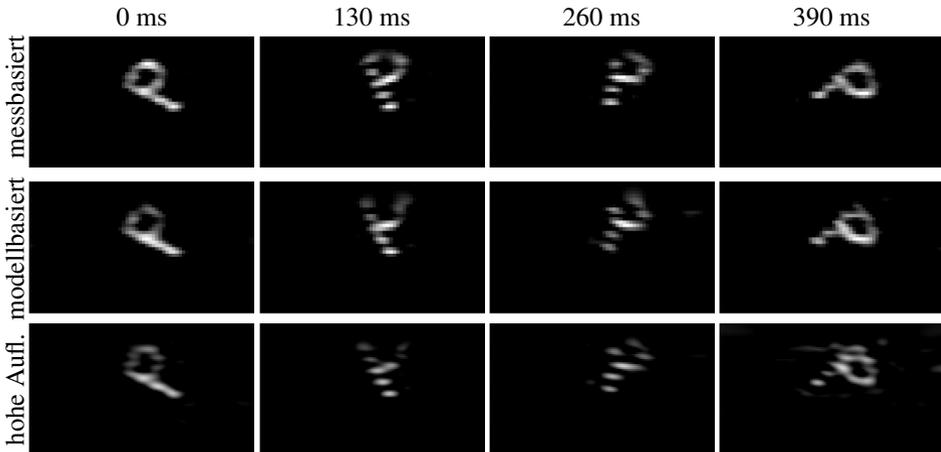


Abbildung 5: 2D-Rekonstruktionsergebnisse einer dynamischen Bildsequenz an vier verschiedenen Zeitpunkten. Zur Rekonstruktion wurden zwei modellierte Systemmatrizen mit unterschiedlichen Auflösungen und eine gemessene Systemmatrix verwendet.

Messfeld angeordnet sind. Alle bislang realisierten MPI-Scanner verwenden diese Anordnung, bei der die maximale Objektgröße durch die Größe der Bohrung beschränkt wird. Der in [WGR⁺09] vorgestellte MPI-Scanner hat einen Bohrungsdurchmesser von 32 mm und erlaubt damit das Messen von Kleintieren wie zum Beispiel Mäusen. In der Doktorarbeit von Tobias Knopp wird eine neuartige Spulenanordnung vorgestellt, bei der alle felderzeugenden Elemente von nur einer Seite an das Messobjekt herangeführt werden (siehe Abbildung 6). Diese als „Single-Sided“ bezeichnete Anordnung ermöglicht es, Objekte beliebiger Größe zu messen. Die Messfeldgröße bleibt aber auch bei Single-Sided-MPI beschränkt. Im Rahmen der Arbeit sind Beiträge zur Realisierung des ersten Prototyps eines Single-Sided-MPI-Scanners entstanden, mit dem die Machbarkeit des neuen Konzeptes gezeigt werden konnte. In Abbildung 7 sind Rekonstruktionsergebnisse zweier 1D-Phantome dargestellt, die in einer dynamischen Sequenz von der Scanner-Front weg bewegt wurden.

6 Bildgebung mit einer feldfreien Linie

In der ursprünglich in [GW05] vorgestellten Idee wird ein FFP für die MPI-Bildgebung verwendet. Die FFP-Bildgebung hat jedoch das Problem, dass die Sensitivität von der Schärfe des FFPs abhängt. Die Anzahl der zum Signal beitragenden Partikel hängt dabei von der dritten Potenz der Gradientenstärke des FFP-Feldes ab. Je höher die Gradientenstärke, desto höher ist das potenzielle Auflösungsvermögen, aber desto niedriger ist die Sensitivität. Eine hohe Auflösung kann jedoch nur bei einer hohen Signalqualität erreicht werden, weswegen auch eine hohe Sensitivität notwendig ist.

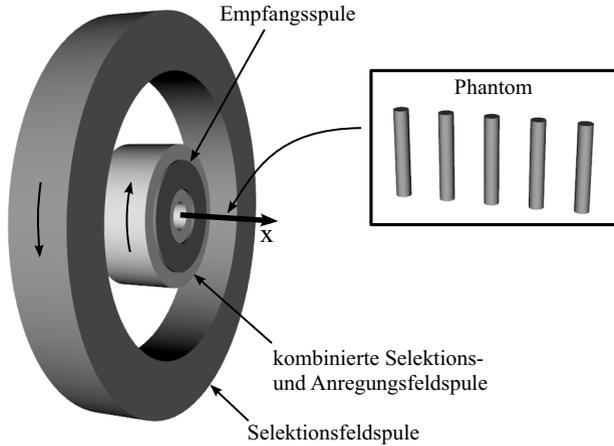


Abbildung 6: Spulenaufbau des realisierten Single-Sided-MPI-Scanners. Die Richtungen der Ströme in den Spulen sind durch Pfeile angedeutet. Der resultierende 1D-Messbereich liegt direkt vor den Spulen auf deren Hauptachse. Neben den Spulen ist eines der verwendeten Phantome dargestellt.

Ein vielversprechendes Konzept zur Steigerung der Sensitivität ist die Verwendung einer feldfreien Linie (FFL) anstatt eines FFPs (siehe Abbildung 8). In der bislang einzigen Arbeit über die FFL-Bildgebung konnte in einer Simulationsstudie eine deutliche

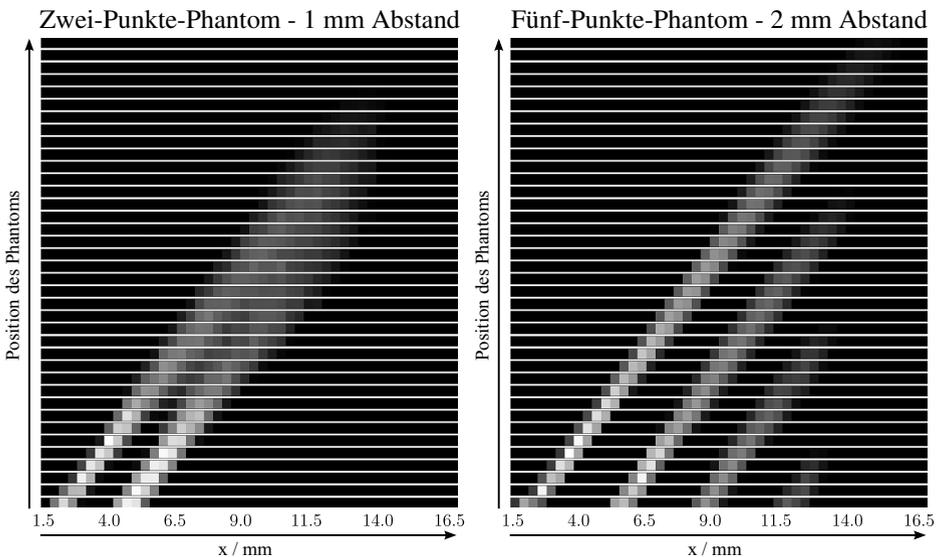


Abbildung 7: Rekonstruierte 1D-Bilder zweier Punkt-Phantome. Jedes Phantom wurde in $\frac{1}{3}$ mm-Schritten von der Scanner-Front wegbewegt. Die Auflösung und Sensitivität nehmen mit Abstand zum Scanner ab, so dass nur vier Punkte des Fünf-Punkte-Phantoms erkennbar sind.

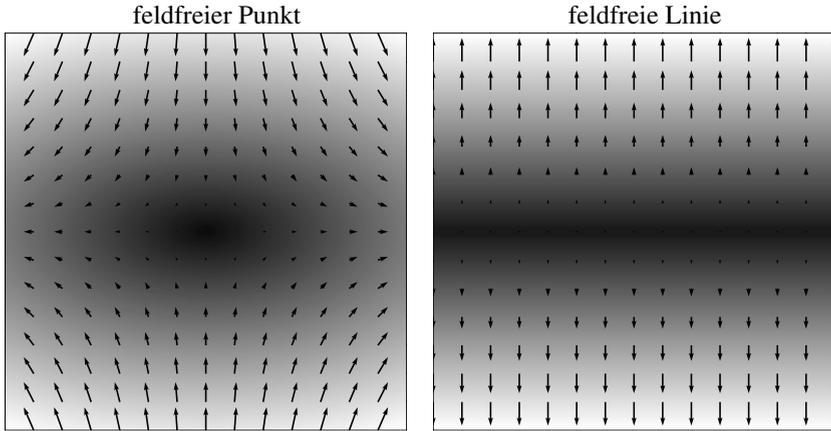


Abbildung 8: Vergleich eines FFP-Feldes mit einem FFL-Feld, wobei schwarz die Feldstärke null und weiß hohe Feldstärken kodiert.

Steigerung der Sensitivität gezeigt werden [WGB08]. Allerdings waren die Erfinder der FFL-Bildgebung skeptisch, ob das FFL-Konzept überhaupt umsetzbar sei. Dies lag daran, dass die von ihnen vorgestellte Spulentopologie, bestehend aus 32 auf einem Kreis angeordneten kleinen Spulen, etwa tausendmal mehr Leistung benötigt, als ein klassischer FFP-Scanner vergleichbarer Größe und Gradientenstärke. Weder das Erzeugen der benötigten Ströme, noch das Abführen der entstehenden Wärmeverluste, sind mit vertretbarem Aufwand realisierbar.

In der Doktorarbeit von Tobias Knopp wird erstmals mathematisch bewiesen, dass die vorgeschlagene Spulenordnung tatsächlich eine FFL erzeugt. Weiterhin wird die bisherige FFL-Spulenordnung verallgemeinert, so dass gezeigt werden kann, dass eine rotierende FFL schon mit nur drei Spulenpaaren erzeugt werden kann. In Abbildung 9 ist die vorgeschlagene Spulengeometrie für vier Spulenpaare dargestellt.

Durch die Verringerung der Spulenzahl wird die Verlustleistung deutlich reduziert. Auch die Qualität des erzeugten Magnetfeldes wird besser. Der in der Arbeit vorgestellte FFL-Scanner benötigt nur geringfügig mehr Leistung als ein vergleichbarer FFP-Scanner. Dies ist ein entscheidender Schritt in Richtung der Realisierung des FFL-Konzeptes, der die zukünftige Entwicklung von MPI nachhaltig beeinflussen könnte.

7 Ausblick

In der Doktorarbeit von Tobias Knopp wurden verschiedene Gebiete der MPI-Bildgebung erforscht. Im Folgenden wird ein Ausblick für zwei der zentralen Themen gegeben.

Bei der modellbasierten Rekonstruktion konnten vielversprechende Ergebnisse gezeigt werden. Die Ergebnisse bei der 2D-Bildgebung waren mit der modellbasierten Rekon-

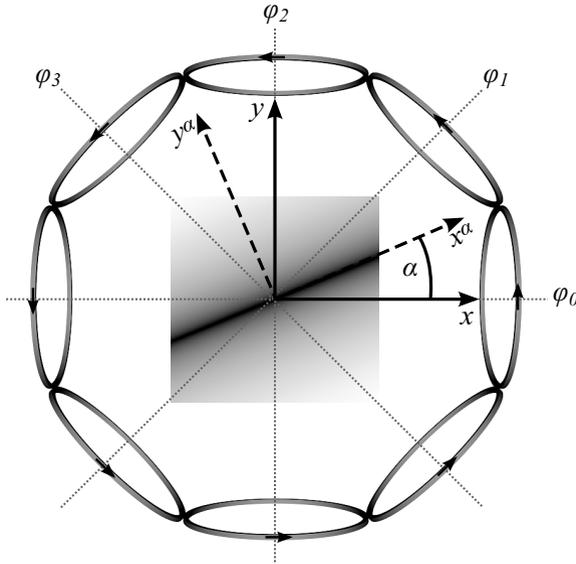


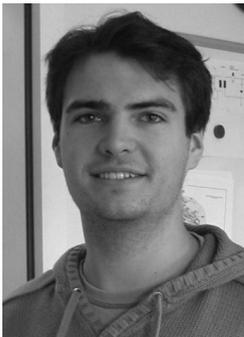
Abbildung 9: Spulenanordnung zum Erzeugen einer sich drehenden FFL mit vier Maxwell-Spulenpaaren. Die Richtungen der Ströme sind durch Pfeile angedeutet. Weiterhin ist das erzeugte FFL-Feld sowie das gedrehte Koordinatensystem dargestellt.

struktion aber teilweise noch schlechter als mit der messbasierten Rekonstruktion. Die Verbesserung des Modells ist daher eine wichtige zukünftige Aufgabe. Großes Potential liegt dabei in dem Partikelmodell. Durch Verfeinerung des Modells, indem beispielsweise eine Partikelanisotropie berücksichtigt wird, könnte die Diskrepanz zwischen der gemessenen und der modellierten Systemmatrix verringert werden.

Im Bereich der Bildgebung mit einer feldfreien Linie konnten in der Arbeit die Grundlagen dafür geschaffen werden, dass eine FFL-Bildgebung überhaupt mit vertretbarem Aufwand möglich wird. Dies ist aber erst der Beginn eines ganz neuen Forschungsfeldes innerhalb der MPI-Bildgebung. Zunächst stellt sich die Frage, ob die Spulenanordnung noch weiter optimiert werden kann, um die Leistung weiter zu senken. Aus theoretischer Sicht ist es interessant zu erörtern, wie viele Spulen benötigt werden, um eine FFL nicht nur in einer Ebene, sondern völlig frei im 3D-Raum bewegen zu können. Weiterhin stellt sich die Frage, ob eine effiziente Rekonstruktion implementiert werden kann, die ausnutzt, dass die Daten im Radonraum aufgenommen werden. Der wichtigste Schritt für die FFL-Spulanordnung ist aber sicherlich die erste Realisierung eines FFL-Scanners und damit die Validierung der in der Doktorarbeit von Tobias Knopp entwickelten theoretischen Grundlagen.

Literatur

- [GW05] B. Gleich und J. Weizenecker. Tomographic imaging using the nonlinear response of magnetic particles. *Nature*, 435(7046):1214–1217, June 2005.
- [KBS⁺09] T. Knopp, S. Biederer, T. Sattel, J. Weizenecker, B. Gleich, J. Borgert und T. M. Buzug. Trajectory Analysis for Magnetic Particle Imaging. *Phys. Med. Biol.*, 54(2):385–397, Jan. 2009.
- [KBS⁺10] T. Knopp, S. Biederer, T. F. Sattel, J. Rahmer, J. Weizenecker, B. Gleich, J. Borgert und T. M. Buzug. 2D Model-based reconstruction for magnetic particle imaging. *Med. Phys.*, 37(2):485–491, 2010.
- [KEB⁺10] T. Knopp, M. Erbe, S. Biederer, T. F. Sattel und T. M. Buzug. Efficient Generation of a Magnetic Field-Free Line. *Med. Phys.*, 37(7):3538–3540, 2010.
- [KRS⁺10] T. Knopp, J. Rahmer, T. F. Sattel, S. Biederer, J. Weizenecker, B. Gleich, J. Borgert und T. M. Buzug. Weighted iterative reconstruction for magnetic particle imaging. *Phys. Med. Biol.*, 55(8):1577–1589, 2010.
- [KSB⁺10] T. Knopp, T. F. Sattel, S. Biederer, J. Rahmer, J. Weizenecker, B. Gleich, J. Borgert und T. M. Buzug. Model-based reconstruction for magnetic particle imaging. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 29(1):12–18, 2010.
- [KSBB10] T. Knopp, T. F. Sattel, S. Biederer und T. M. Buzug. Field-Free line formation in a magnetic field. *J. Phys. A: Math. Theor.*, 43(1):9pp, 2010.
- [SKB⁺09] T. F. Sattel, T. Knopp, S. Biederer, B. Gleich, J. Weizenecker, J. Borgert und T. M. Buzug. Single-Sided Device for Magnetic Particle Imaging. *J. Phys. D: Appl. Phys.*, 42(1):1–5, 2009.
- [WGB08] J. Weizenecker, B. Gleich und J. Borgert. Magnetic particle imaging using a field free line. *J. Phys. D: Appl. Phys.*, 41(10):3pp, 2008.
- [WGR⁺09] J. Weizenecker, B. Gleich, J. Rahmer, H. Dahnke und J. Borgert. Three-dimensional real-time in vivo magnetic particle imaging. *Phys. Med. Biol.*, 54(5):L1–L10, 2009.



Tobias Knopp wurde 1982 in Lübeck geboren. In den Jahren 2002–2007 studierte er an der Universität zu Lübeck Informatik mit dem Nebenfach Medieninformatik. Er schloss das Studium 2007 als Diplom-Informatiker ab. Seine Diplomarbeit schrieb Tobias Knopp bei Philips Forschung über die simultane Schätzung und Korrektur von Relaxationseffekten in der Magnetresonanz-bildgebung. In den Jahren 2007–2010 promovierte Tobias Knopp mit dem Prädikat „summa cum laude“ bei Prof. Thorsten M. Buzug am Institut für Medizintechnik der Universität zu Lübeck über das bildgebende Verfahren Magnetic-Particle-Imaging. Seit 2010 ist Tobias Knopp Projektleiter für das BMBF-geförderte MAPIT-Projekt am Institut für Medizintechnik der Universität zu Lübeck.

Akzeptanz von Ambient Intelligence in Krankenhäusern: Ein Ländervergleich zwischen Deutschland und Australien am Beispiel der Medikationsunterstützung

Tyge-F. Kummer

Humboldt-Universität zu Berlin
Wirtschaftswissenschaftliche Fakultät, Institut für Wirtschaftsinformatik
Spandauer Straße 1, 10178 Berlin
tyge.kummer@hu-berlin.de

Abstract: Das Konzept Ambient Intelligence bietet weitreichende Nutzungspotentiale zur Unterstützung von Prozessen. Dennoch ist die Verbreitung in Krankenhäusern vergleichsweise gering. Eine mögliche Ursache hierfür liegt in den Risiken, die sich für den Nutzer aus der umfassenden Erhebung, Speicherung und Analyse von personenbezogenen Daten ergeben. Vor diesem Hintergrund wird ein ambientes Medikationsunterstützungssystem betrachtet, das Fehlmedikationen verhindert und die Effizienz der Medikationsprozesse steigert. Anhand eines Ländervergleichs werden die Akzeptanz sowie die damit verbundenen Wirkungszusammenhänge analysiert und Implikationen zur Reduzierung von Akzeptanzproblemen bei der Entwicklung und Einführung entsprechender Systeme abgeleitet. Dafür wird ein speziell auf die Merkmale von Ambient Intelligence zugeschnittenes Akzeptanzmodell entwickelt, welches verschiedene Ängste sowie den Einfluss der organisationalen und der nationalen Kultur berücksichtigt. Das Modell wird anschließend anhand eines fiktiven Systems unter Verwendung empirischer Daten von Pflegekräften in Krankenhäusern aus Deutschland und Australien (n = 489) mittels Partial Least Squares (PLS) analysiert. Es wird deutlich, dass die analysierten Ängste in beiden Ländern zu erheblichen Akzeptanzproblemen führen, die die Nutzung entsprechender Systeme gefährden. In Bezug auf die Wirkungszusammenhänge zur Bildung der Akzeptanz werden länderübergreifende Gemeinsamkeiten deutlich, die auf ein globales Phänomen hinweisen. Auf Basis der Ergebnisse werden Handlungsempfehlungen abgeleitet, die im Rahmen des Risikomanagements die Systementwicklung und -einführung unterstützen.

1 Einführung

In den vergangenen Jahrzehnten wurde die technologische Entwicklung durch verschiedene Einflüsse wie die fortschreitende Miniaturisierung, leistungsfähigere Kommunikations- und Sensortechnologien sowie neue Ausgabemedien und Materialien geprägt. Kombiniert ermöglichen diese Entwicklungen Konzepte wie Ambient Intelligence sowie Pervasive und Ubiquitous Computing [BK10]. Im Gegensatz zu den anderen Konzepten ist Ambient Intelligence stark visionär geprägt und setzt den Menschen bzw. dessen Unterstützung in den Mittelpunkt. Ambiente Systeme sind in der

Lage, Daten zu erfassen und analytisch auszuwerten. Zudem lässt sich das System individuellen Bedürfnissen anpassen und reagiert selbstständig in Abhängigkeit vom jeweiligen Kontext [BK10]. Hieraus ergeben sich vielfältige Einsatzmöglichkeiten die sowohl Effizienz als auch Effektivität von Prozessen steigern können.

In der diesem Beitrag zugrundeliegenden Dissertation wird der bisher kaum beachtete medizinische Anwendungsbereich von Ambient Intelligence thematisiert. Konkret wird die Unterstützung von Medikationsfehlern in Krankenhäusern untersucht. Medikationsfehler stellen mit einer Rate von 5% ein häufiges Ereignis in Krankenhäusern dar, in dessen Folge allein in Deutschland mehrere Tausend Menschen schwerwiegende Schäden erleiden [Mü03]. Zusätzlich gewinnt dieses Problem durch den Kostendruck im Krankenhausumfeld an Bedeutung, da die erheblichen Personaleinsparungen im Pflegebereich ein Risiko für die Sicherheit der Patienten bedeuten. Dementsprechend ist es erforderlich neue Ansätze zu entwickeln, um die Patienten vor dieser Gefahr zu schützen [Mü03]. In der Dissertation wird daher ein ambientes Medikationsunterstützungssystem betrachtet, welches in der Lage ist, die Anzahl an Behandlungsfehlern zu reduzieren und die Effizienz der Prozesse zu steigern.

Zu beachten ist hierbei, dass Ambient Intelligence sowie die damit verwandten Konzepte aufgrund ihrer Komplexität, aber auch der Intensität, mit der sie in unser Leben eindringen und dieses beeinflussen, zahlreiche Probleme aufwerfen [BK10]. Daher steht die Frage im Vordergrund, ob ambiante Medikationsunterstützungssysteme seitens der Nutzer akzeptiert werden und welche Faktoren diese Akzeptanz beeinflussen. Im Unterschied zu den in der Akzeptanzforschung dominierenden Ansätzen, die von allgemeingültigen Akzeptanzmodellen für Informations- und Kommunikationssysteme ausgehen, wird hierbei ein speziell auf das System und dessen Wahrnehmung seitens der Nutzer zugeschnittenes Akzeptanzmodell entwickelt. Dafür werden geeignete Einflussfaktoren aus der Akzeptanz- und Kulturforschung ausgewählt, aus denen ein Gesamtmodell entwickelt wird. Weiterhin identifizieren zahlreiche Beiträge Einstellungsunterschiede zwischen Ländern in Bezug auf ambiante Technologien wie Radio Frequency Identification (RFID) [Le09]. Aus diesem Grund erfolgt ein empirischer Ländervergleich, in dem Deutschland und Australien gegenübergestellt werden. Australien wurde hierbei gewählt, da beide Länder ein vergleichbares Gesundheitswesen aufweisen,¹ aber kulturell sehr verschieden sind [Ho04]. Dadurch wird untersucht, ob die Akzeptanz ambienter Unterstützungssysteme nationale Besonderheiten aufweist oder global den gleichen Einflüssen unterliegt. Weiterhin werden Konstrukte der Organisationskultur in die Untersuchung mit aufgenommen, um dadurch ein tiefgreifendes Verständnis für die Wirkungszusammenhänge der Akzeptanz in diesem Anwendungsbereich zu entwickeln. Darauf aufbauend werden Handlungsempfehlungen abgeleitet, um die nachhaltige Einführung derartiger Systeme zu fördern.

Im Folgenden wird zunächst ein Überblick über den wissenschaftlichen Rahmen gegeben (Abschnitt 2). Darauf aufbauend wird die Methodologie der Datenerhebung und der Datenanalyse (Abschnitt 3) vorgestellt. In Abschnitt 4 werden die Ergebnisse der Dissertation zusammengefasst.

¹ So verfügen beide Länder über eine allgemeine gesetzliche Krankenversicherung und die Kostenerstattung erfolgt mittels des Diagnosis Related Groups-Verfahrens.

2 Theoretische Vorüberlegungen

Im Mittelpunkt der Dissertation stehen die Entwicklung und Analyse eines speziell zugeschnittenen Akzeptanzmodells. Ziel ist es im Folgenden den wissenschaftlichen Rahmen zur Entwicklung dieses Modells aufzuzeigen. Dafür wird zunächst näher auf die Medikationsunterstützung als Anwendungsbereich eingegangen. Anschließend werden Grundlagen der relevanten Akzeptanz- und Kulturforschung erläutert.

2.1 Medikationsunterstützung

Das thematisierte ambiante Medikationsunterstützungssystem kann als ein Instrument des Risikomanagements aufgefasst werden. Das Risikomanagement im Krankenhausumfeld umfasst sämtliche Maßnahmen, die darauf abzielen, Risiken für Patienten, Besucher, das Personal sowie die technische Ausstattung zu identifizieren, zu bewerten und zu reduzieren [KS03]. Durch Sensoren an Medikament und Patient trägt das System dazu bei, Fehler bei der Vergabe aufzudecken [AO00]. Dadurch wird eine hohe Transparenz erreicht, die wesentlich präzisere Schätzungen der Fehlerhäufigkeit und der damit verbundenen Folgen ermöglicht. Durch einen entsprechenden Alarm kann der Fehler zudem direkt verhindert werden, wodurch die Sicherheit des Patienten während der Behandlung erhöht wird. Das System wird dabei anhand eines Szenarios von Pflegekräften als potentiellen Nutzern in Deutschland und Australien evaluiert.

2.2 Akzeptanz von ambienten Systemen

Trotz verschiedener Anwendungsbeispiele für ambiante Technologien im Krankenhausumfeld bleibt die Frage nach deren Akzeptanz sowie der damit verbundenen Probleme unbeantwortet. Einzig die Akzeptanz mobiler Technologien wurde bisher betrachtet [Ra07]. Generell erfolgt die Analyse der Akzeptanz von Technologien im Gesundheitswesen häufig unter Rückgriff auf das Technology Acceptance Model (TAM) bzw. dessen Erweiterung TAM2 [VD00] oder der angepassten Innovation Diffusion Theory (IDT) [MB91]. Gemein ist diesen Modellen, dass exogene Variablen in einen kausalen Zusammenhang zur Nutzungsintention oder Technologieadoption gestellt werden. Im Rahmen einer umfassenden Analyse bestehender Akzeptanzmodelle werden in der Dissertation für das Untersuchungsziel relevante Einflussfaktoren herausgearbeitet. Dabei wird explizit berücksichtigt, dass sich das zu evaluierende System in der präadoptiven Phase befindet und über ein Szenario beschrieben wird.

Da ambiante Systeme oftmals mit erheblichen Veränderungen einhergehen und die Privatsphäre gefährden können, wurden zudem Ängste in Bezug auf die Akzeptanz berücksichtigt. In der Literatur werden Ängste zumeist als ein Konstrukt betrachtet [GK04]. Eine differenzierte Betrachtung der Wirkung von Ängsten fehlt jedoch. Daher werden in der Dissertation drei selbstentwickelte Ängste betrachtet. Hierbei handelt es sich um *ethisch-rechtliche Ängste* sowie *Arbeits- und Überwachungsängste* [KBG09].

2.3 Kultur als Einflussfaktor der Akzeptanz

Bei Kultur handelt es sich um komplexe und schwer greifbare Phänomene, die sowohl Orientierungsmuster als auch die damit verbundenen Vermittlungsmechanismen und Ausdrucksformen umfassen. Dabei kann generell zwischen dem Einfluss der organisationalen und der nationalen Kultur unterschieden werden [GS05]. Der Wirkungszusammenhang zwischen Kultur und dem Adoptionsprozess sowie der Nutzung von Technologien wird bereits seit den 1970er Jahren untersucht und stellt somit grundsätzlich keine neuartige Fragestellung dar [GS05]. Eine Besonderheit der vorliegenden Studie besteht darin, dass sowohl Einflüsse der nationalen als auch der organisationalen Kultur berücksichtigt werden. Um die Wirkungsweisen und die Unterschiede dieser Kulturformen zu verstehen, wird auf die Theorie der sozialen Identität (Social Identity Theory – SIT) von Tajfel und Turner [TT79] zurückgegriffen. Dieser Theorie folgend, verfügt ein Mensch nicht nur über eine starre Persönlichkeit, sondern über zahlreiche Persönlichkeitsfacetten, die mit den verschiedenen Gruppenzugehörigkeiten wie bspw. Nationalität, Berufsgruppe oder Organisation des Individuums korrespondieren. Durch Veränderungen des sozialen Kontexts ist das Individuum gezwungen, auf Basis dieser unterschiedlichen Facetten zu denken, zu fühlen und zu handeln. Neben der sozialen Identität existiert parallel die persönliche Identität, die den eigenständigen und einzigartigen Charakter des Individuums umfasst. Einstellung und Verhalten eines Individuums in einer konkreten Situation ergeben sich folglich aus dessen eigenständigem Charakter sowie den bestehenden Gruppenzugehörigkeiten [TT79]. Die Wirkungsprozesse im Zusammenhang mit den Kulturschichten werden von Karahanna et al. [KES05] in dem virtuellen Zwiebelmodell dargestellt (Abbildung 1). Die Schichten sind dabei dynamisch, das heißt sie können sich verschieben und treten lediglich in Abhängigkeit von der konkreten Situation in Erscheinung. So muss nicht zwangswise die organisationale Kultur der nationalen Kultur unterstellt sein, da die nationale Identität unter Umständen in einer spezifischen Situation nicht Teil der sozialen Identität ist [GS05; KES05].

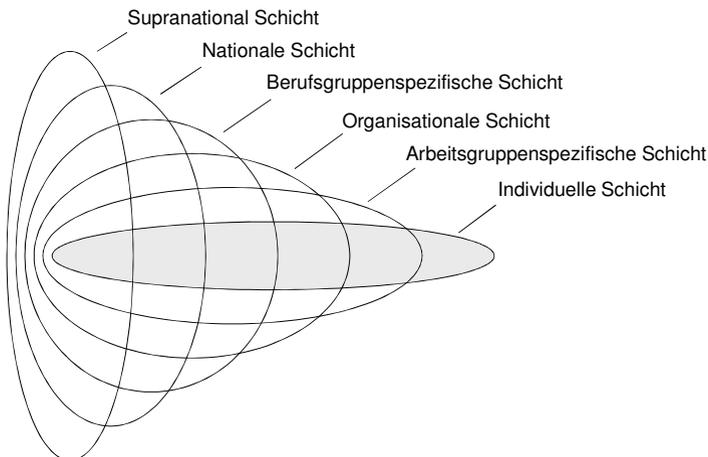


Abbildung 1: Das virtuelle Zwiebelmodell (in Anlehnung an [KES05])

3 Methodologie

Im Rahmen einer umfassenden Recherche der für den Untersuchungsgegenstand relevanten Akzeptanz- und Kulturforschung wurden insgesamt 22 Konstrukte ausgewählt, bei denen von einem direkten oder indirekten Einfluss auf die Akzeptanz ausgegangen werden kann. Die Beziehungen zwischen den Konstrukten wurden in Hypothesen (H1-H59) überführt. Aus diesem Geflecht von Wirkungsbeziehungen leitet sich das zu untersuchende Akzeptanzmodell ab. Die aus der Akzeptanzforschung übernommenen Konstrukte sowie die selbstentwickelten Ängste bilden hierbei das innere Modell, während die organisationalen und nationalen Erweiterungen Teil des äußeren Modells sind. Tabelle 1 enthält eine Übersicht der Konstrukte sowie deren Zuordnung innerhalb des Modells.

Konstrukt	Definition
Selbstentwickelte und aus der Akzeptanzforschung übernommene Konstrukte (inneres Modell)	
Arbeitsängste	Negative Auswirkungen auf das Arbeitsverhältnis.
Ethisch-rechtliche Ängste	Negative Auswirkungen auf ethische und rechtliche Aspekte.
Freiwilligkeit	Nutzung des Systems in Folge einer freien Willensentscheidung.
Image	Möglichkeit zur Verbesserung des Ansehens durch Nutzung des Systems.
Innovationsbereitschaft	Adoptionsgeschwindigkeit von Innovationen im Vergleich zu anderen.
Jobrelevanz	Ausmaß der sinnvollen Anwendbarkeit bei der Arbeit.
Nachvollziehbarkeit	Fähigkeit das System zu verstehen und anderen zu erklären.
Nutzungsintention	Bereitschaft eine bestimmte Technologie zu verwenden.
Qualitative Überbelastung	Überbelastung durch einen Mangel an internen Ressourcen (z.B. Fähigkeiten).
Quantitative Überbelastung	Überbelastung durch einen Mangel an externen Ressourcen (z.B. Zeit).
Subjektive Norm	Erwartetes Verhalten des sozialen Umfelds.
Überwachungsängste	Negative Auswirkungen durch die erhöhte Transparenz.
Wahrgenommene Nützlichkeit	Ausmaß, in dem das System als nutzenstiftend beurteilt wird.
Konstrukte der organisationalen Kultur (äußeres Modell)	
Anpassungsfähigkeit	Fähigkeit sich auf neue Gegebenheiten einzustellen.
Autonomie	Ausmaß der Selbstbestimmung bei der Arbeit.
Gleichbehandlung	Gleichbehandlung verschiedener Mitarbeitergruppen im Unternehmen.
Teamfähigkeit	Ausmaß, in dem die Mitarbeiter effizient zusammenarbeiten.
Transparenz	Kenntnisse der langfristigen Ziele des Unternehmens.
Konstrukte der nationalen Kultur (äußeres Modell)	
Humanorientierung	Förderung von fürsorglichem und freundlichem Verhalten gegenüber anderen.
Kollektivismus	Ausmaß der Verbundenheit mit dem Unternehmen.
Machtdistanz	Erwartete Machtverteilung im Unternehmen.
Unsicherheitsvermeidung	Verminderung der Folgen von unvorhersehbaren Ereignissen.

Tabelle 1: Die Übersicht der ausgewählten Konstrukte

Basierend auf den ausgewählten Konstrukten (Tabelle 1) wurde ein Fragebogen in deutscher und englischer Sprache entwickelt. Inhalt und Verständnis sowie die Übersetzungsqualität sämtlicher Frageitems wurden im Rahmen zweier Pretests, an denen sich ausschließlich medizinisches Personal beteiligte, sichergestellt (n=238).² Die Datenerhebung der Hauptuntersuchung erfolgte als Mixed-Mode-Erhebung in Anlehnung an [Di07]. Bei diesem Ansatz werden verschiedene Erhebungsinstrumente kombiniert, da davon auszugehen ist, dass ein Teil der Mitglieder der Grundgesamtheit durch ein einziges Instrument nicht erreicht werden kann. Folglich wurde eine papierbasierte Datenerhebung in zwei australischen (n=78) und drei deutschen Krankenhäusern (n=77) mit einer in Bezug auf Inhalt, Aufbau und Design identischen landesweiten Onlineerhebung verbunden. Die Datenerhebung in Australien erfolgte im Rahmen eines vom Deutschen Akademischen Austauschdienst (DAAD) geförderten Aufenthalts an der University of Southern Queensland (USQ). Die onlinebasierte Datenerhebung wurde in Deutschland und Australien durch mehrere Berufsorganisationen unterstützt. Zusätzlich versendeten Fachzeitschriften in beiden Ländern den Link zum Fragebogen an ihre Leser. Um Verzerrungen vorzubeugen wurde das Verhältnis der durch die beiden Erhebungsformen gewonnenen Fragebögen angepasst. Bei der endgültig verwendeten Datenbasis handelt es sich um 243 Datensätze aus Deutschland und 246 Datensätze aus Australien.

Die Datenanalyse erfolgte zunächst deskriptiv. Im Mittelpunkt der Dissertation steht schließlich eine Kausalanalyse, die mit Partial Least Squares (PLS) durchgeführt wurde. PLS eignet sich insbesondere im Bereich der Prognose und Theoriebildung für Stichproben $n < 250$ [RHH09]. Die Ergebnisbetrachtung erfolgt getrennt nach Mess- und Strukturmodell. Das Messmodell bildet die Beziehungen zwischen den manifesten Indikatoren zur Erfassung der latenten Variablen ab. Die vorliegenden Messmodelle sind ausschließlich reflektiv geprägt. Deren Güte ergibt sich aus der Konvergenz- und der Diskriminanzvalidität. Dabei setzt sich die Konvergenzvalidität aus der Indikator- und Konstruktreliabilität sowie der durchschnittlich erfassten Varianz (DEV) zusammen [FL81]. Die einzelnen Gütekriterien sind in beiden Ländern erfüllt.³ Das Strukturmodell bildet die zu testenden Hypothesen H1 bis H59 in Form von Pfaden ab. Jede Hypothese wird mittels des Pfadkoeffizienten getestet. Zusätzlich wird die Effektstärke zur Bewertung der Stärke des jeweiligen Einflusses (gering, moderate oder substanziell) bestimmt [Co88]. Um eine ausreichend große Stichprobe sicherzustellen, wurden die von Chin [Ch98] vorgeschlagene Heuristik sowie die Teststärke nach Cohen [Co88] herangezogen. Dabei wurde deutlich, dass die Stichprobengröße für beide Länder ausreichend ist. Nach der Schätzung der Pfadkoeffizienten im Strukturmodell wurde das Bootstrapping-Verfahren eingesetzt, um die korrespondierenden t-Werte zu ermitteln. Dieses Vorgehen ist insbesondere aufgrund der nicht vorhandenen Normalverteilungsannahme in PLS-Analysen erforderlich, um die Signifikanz der Pfadkoeffizienten zu bestimmen [RHH09]. Zur Veranschaulichung wird das Strukturmodell der deutschen Pflegekräfte in Abbildung 2 dargestellt. Die signifikanten Pfadkoeffizienten sind hervorgehoben.

² Eine ausführliche Beschreibung der Pretests erfolgt in [KBG09].

³ Auf eine ausführliche Betrachtung sämtlicher Gütekriterien wird an dieser Stelle aus Platzgründen verzichtet.

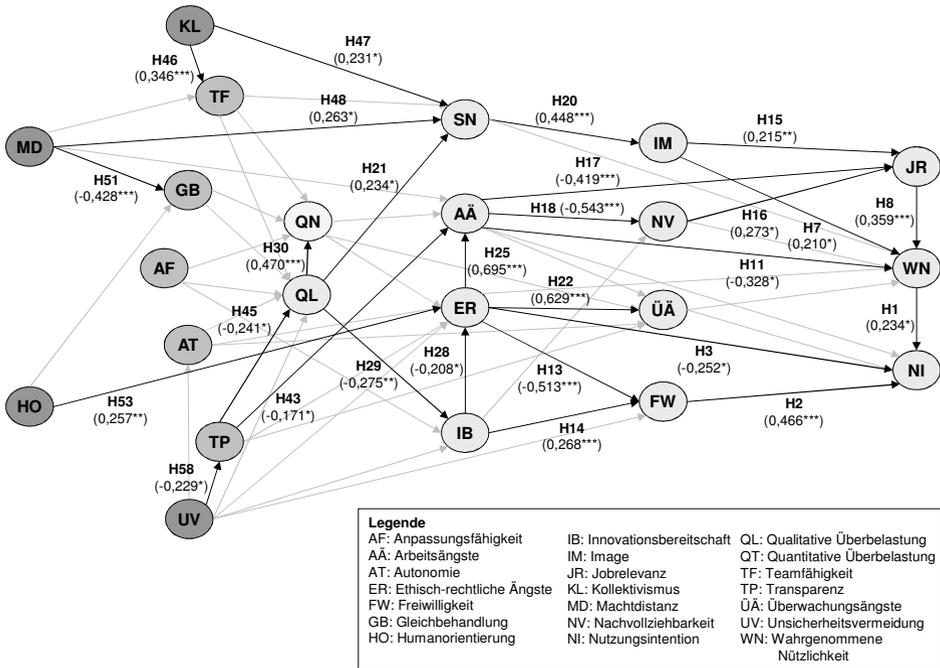


Abbildung 2: Strukturmodell in Deutschland
 (p-Werte: * = 0,05, ** = 0,01, *** = 0,001)

4 Zusammenfassung der Ergebnisse

Die deskriptiven Ergebnisse weisen darauf hin, dass die Mehrheit der potentiellen Nutzer bereit wäre, das System zu verwenden. Allerdings wurden auch erhebliche Akzeptanzprobleme deutlich: So gab sowohl in Deutschland als auch in Australien ungefähr jeder vierte Befragte an, das System nicht freiwillig nutzen zu wollen. Bei einer Implementierung des Systems ist daher mit Widerständen zu rechnen, die den Erfolg der Systemeinführung gefährden können. Weiterhin wurde deutlich, dass die Befragten in beiden Ländern den Nutzen des Systems primär in der Verbesserung der Patienten-sicherheit und weniger in einer Effizienzsteigerung der Arbeitsabläufe sehen. Die empirisch gewonnenen Ergebnisse belegen, dass das Modell in beiden Ländern in der Lage ist, die Akzeptanz in Form der Nutzungsabsicht in einem hohen Maße zu erklären. Es wird deutlich, dass es bei ambienten Technologien sinnvoll ist, speziell angepasste Akzeptanzmodelle zu nutzen. Die Gründe hierfür liegen vornehmlich in den Merkmalen ambienter Systeme. Die bedeutsamen Veränderungen, die durch die Einführung des Systems hervorgerufen werden, sowie die Schwierigkeit, das System und die damit verbundenen individuellen Konsequenzen abzuschätzen, beeinflussen dabei in einem hohen Maße die Akzeptanz. Hinsichtlich der relevanten Einflussfaktoren kann festgestellt werden, dass sämtliche aus der Akzeptanzforschung übernommenen

Einflussfaktoren in beiden Ländern einen direkten oder indirekten Einfluss auf die Akzeptanz ausüben. Hierzu gehören die *Freiwilligkeit*, die *wahrgenommene Nützlichkeit*, die *Jobrelevanz*, die *Nachvollziehbarkeit*, das *Image* und die *subjektive Norm*. Von diesen Einflussfaktoren kommt der *Freiwilligkeit* die höchste Bedeutung zur Erklärung der *Nutzungsintention* zu. In Bezug auf die Erweiterungen des Modells besteht ein zentrales Ergebnis der Untersuchung darin, dass die besondere Bedeutung von Ängsten für ambiente Medikationssysteme empirisch belegt werden konnte. Die selbstentwickelten Konstrukte der *ethisch-rechtlichen Ängste* sowie der *Arbeitsängste* nehmen eine zentrale Stellung in dem Modell ein, da von diesen ein erheblicher negativer Einfluss auf die Akzeptanz ausgeht. Die Reduzierung dieser Ängste kann für den Erfolg bei der Umsetzung des Systems entscheidend sein. Aus diesem Grund sollten diese Konstrukte als Ansatzpunkte zur Beeinflussung der Akzeptanz in beiden Ländern herangezogen werden. Dagegen weisen die *Überwachungsängste* keine Relevanz für das untersuchte Modell auf. Im Hinblick auf die Überwachungsfunktionen scheinen folglich die positiven Aspekte im Zusammenhang mit der Überwachung, die unter anderem die Verringerung von Medikationsfehlern ermöglichen, die negativen Aspekte zu kompensieren. Ein wesentliches Ergebnis der Dissertation besteht in den festgestellten Gemeinsamkeiten zwischen den Wirkungszusammenhängen des inneren Akzeptanzmodells in Deutschland und Australien. Diese Ergebnisse überraschen, da Australien als Vergleichsland aufgrund erheblicher kultureller Unterschiede ausgewählt wurde. Die Prozesse der Akzeptanzbildung deuten folglich auf ein globales Phänomen hin, das nicht an einen konkreten kulturellen Raum gebunden ist.

Im Unterschied zu den Ergebnissen der Pfadkoeffizienten des inneren Akzeptanzmodells werden in Bezug auf die kulturellen Einflüsse stärker ausgeprägte Differenzen deutlich. Diese deuten darauf hin, dass in beiden Ländern unterschiedliche Kulturdimensionen im Vordergrund stehen. So wirkt die *Humanorientierung* in Deutschland auf die *ethisch-rechtlichen Ängste* ein, wohingegen in Australien die *Autonomie* die *ethisch-rechtlichen Ängste* beeinflusst. Die Ergebnisse veranschaulichen, dass Kultur auf vielfältige Weise in die Wirkungszusammenhänge der Akzeptanzbildung eingreift. Dennoch ist der Einfluss der Kultur auf die Akzeptanz insgesamt als schwach zu bewerten. Zudem ist die Bedeutung der Organisationskultur geringer als die der nationalen Kultur. So weist in Deutschland lediglich die *Transparenz* einen Einfluss auf die Konstrukte im Zusammenhang mit der Akzeptanz auf, während in Australien die *Autonomie* als einziges Konstrukt der organisationalen Kultur für die Akzeptanz relevant ist. Auf Ebene der nationalen Kultur besteht demgegenüber in Deutschland beim *Kollektivismus*, der *Machtdistanz*, der *Humanorientierung* und der *Unsicherheitsvermeidung* ein signifikanter Einfluss. In Australien konnte dies bei der *Machtdistanz* und der *Unsicherheitsvermeidung* nachgewiesen werden.

Neben der Gewinnung eines umfassenden Verständnisses der Akzeptanz des ambienten Medikationssystems gelang es, relevante Einflussgrößen der Akzeptanz von eher unbedeutenden zu trennen. Um die Verständlichkeit der Ergebnisse zu erhöhen, werden die identifizierten Einflüsse zu Wirkungsketten verdichtet. Dadurch konnte eine Basis zur Sensibilisierung und zur Beeinflussung von Akzeptanz in diesem Bereich geschaffen werden. Auf diesen Ergebnissen aufbauend werden Handlungsempfehlungen zur Unterstützung von Implementierungsvorhaben abgeleitet, um Projektverantwortliche

sowie das beteiligte Krankenhausmanagement bei der Umsetzung entsprechender Vorhaben zu unterstützen. Anhand des Spiralmodells nach Boehm [Bo86] wird innerhalb der Dissertation verdeutlicht, wie die Ergebnisse im Rahmen der Risikoanalyse in der Planungsphase vor jeder prototypischen Umsetzung anhand der Indikatoren genutzt werden können, um Akzeptanzprobleme zu identifizieren und zu quantifizieren. Die gewonnenen Ergebnisse können als Entscheidungsgrundlage für Maßnahmen zur gezielten Erhöhung der Akzeptanz herangezogen werden, deren Wirksamkeit bei jedem Zyklus des Spiralmodells evaluiert wird. In diesem Zusammenhang muss beachtet werden, dass kulturelle Einflüsse vermutlich nur in sehr geringem Maße kurzfristig verändert werden können, weshalb eine Beeinflussung für ein Implementierungsvorhaben kaum realistisch erscheint. Allerdings kann durch die identifizierten Kulturdimensionen in dem jeweiligen Land abgeschätzt werden, ob eher begünstigende oder erschwerende Bedingungen für die Implementierung vorliegen. Im Unterschied dazu eignen sich die Konstrukte des inneren Akzeptanzmodells zur gezielten Beeinflussung der Akzeptanz. Insbesondere die *ethisch-rechtlichen Ängste* sowie die *Arbeitsängste* stellen geeignete Größen für eine gezielte Einflussnahme dar. Aus diesem Grund werden die Möglichkeiten zur Reduzierung dieser Ängste ausführlich diskutiert. Insgesamt scheint es jedoch, als könnte eine offene Kommunikation hinsichtlich der Wahrung ethischer Werte bei der Nutzung des Systems sowie die Schärfung des Problembewusstseins im Hinblick auf Medikationsfehler die Einführung eines Medikationsunterstützungssystems positiv beeinflussen. Weiterhin stellen die Thematisierung von arbeitsbezogenen Konsequenzen für den Nutzer sowie die frühe Einbindung der Arbeitnehmervertreter geeignete Maßnahmen zur Unterstützung von entsprechenden Implementierungsvorhaben dar. Die Ergebnisse der Studie bilden eine vielseitig verwendbare Grundlage, die anhand von Prototypen sowie in Form von Fallstudien weiterverfolgt werden kann. Darüber hinaus bieten sich Vergleichsstudien an, um die prototypische Umsetzung identischer Medikationsunterstützungssysteme anhand der entwickelten Handlungsempfehlungen in verschiedenen Kulturkreisen zu untersuchen. Dieses Forschungsfeld ist von entscheidender Bedeutung, damit die Akzeptanzforschung nicht einem Selbstzweck dient, sondern dabei hilft, die anvisierte Unterstützungsfunktion in der Praxis zu realisieren.

Literaturverzeichnis

- [AO00] Aufseeser-Weiss, M.R., Ondeck, D.A.: Medication Use Risk Management: Hospital Meets Home Care. *Home Health Care Management & Practice*, 12(2), 2000; S. 5-10.
- [BK10] Bick, M.; Kummer, T.-F.: Ambient Intelligence. *Wirtschaftsinformatik* 52(5), 2010; S. 311-314.
- [Bo86] Boehm, B.: A Spiral Model of Software Development and Enhancement. *ACM SIGSOFT Software Engineering Notes*, 11(4), 1986; S. 22-41.
- [Ch98] Chin, W.W.: The Partial Least Squares Approach to Structural Equation Modeling. In (Marcoulides, G.A. Hrsg.): *Modern Methods for Business Research*, Lawrence Erlbaum Associates, Mahwah, 1998; S. 295-336.
- [Co88] Cohen, J.: *Statistical Power Analysis for the Behavioral Sciences*. 2. Aufl., Lawrence Erlbaum, Hillsdale, 1988.
- [Di07] Dillman, D.A.: *Mail and Internet Surveys: The Tailored Design Method*. 2. Aufl., Wiley, New York, 2007.

- [FL81] Fornell, C.; Larcker, D.F.: Evaluating Structural Equation Models with Unobservable Variables and Measurement Errors. *Journal of Marketing Research*, 19(1), 1981; S. 39-50.
- [GS05] Gallivan, M.; Srite, M.: Information Technology and Culture: Identifying Fragmentary and Holistic Perspectives of Culture. *Information and Organization*, 15(4), 2005; S. 295-338.
- [GK04] Gupta, S.; Karahanna, E.: Technology Adoption in Complex Systems. Proc. of the Southern Association for Information Systems. Savannah, Georgia, 2004, S. 162-169.
- [Ho04] House, R.J. et al. (Hrsg.): *Leadership, Culture, and Organizations: The GLOBE Study of 62 Societies*, Sage, Thousand Oaks, 2004.
- [KES05] Karahanna, E.; Evaristo, J.R.; Srite, M.: Levels of Culture and Individual Behavior: An Integrative Perspective. *Journal of Global Information Management*, 13(2), 2005; S. 1-20.
- [KS03] Kavalier, F.; Spiegel, A.D.: Risk Management Dynamics. In (Kavalier, F.; Spiegel, A.D. Hrsg.): *Risk Management in Health Care Institutions: A Strategic Approach*. 2. Aufl., Jones und Bartlett, Sudbury, Massachusetts u. a., 2003; S. 3-27.
- [KBG09] Kummer, T.-F., Bick, M., Gururajan, R.: Acceptance Problems of Ambient Intelligence and Mobile Technologies in Hospitals in India and Germany. Proc. of the 17th European Conference on Information Systems (ECIS), 2009.
- [Le09] Leimeister, S. et al.: A Cross-National Comparison of Perceived Strategic Importance of RFID for CIOs in Germany and Italy. *International Journal of Information Management*, 29(1), 2009; S. 37-47.
- [MB91] Moore, G. C.; Benbasat, I.: Development of an Instrument to Measure the Perceptions of Adopting an Information Technology Innovation. *Information Systems Research*, 2(3), 1991; S. 192-222.
- [Mü03] Müller, T.: Kunstfehler in der Arzneimitteltherapie – Epidemiologie, Fallbeispiele und Prävention. *Arzneimitteltherapie*, 21(2), 2003; S. 48-54.
- [Ra07] Raitoharju, R.: Information Technology Acceptance in the Finnish Social and Healthcare Sector: Exploring the Effects of Cultural Factors, Esa Print, Tampere, 2007.
- [RHH09] Reinartz, W., Haenlein, M., Henseler, J.: An Empirical Comparison of the Efficacy of Covariance-Based and Variance-Based SEM. *International Journal of Research in Marketing*, 26(4), 2009; S. 332-344.
- [TT79] Tajfel, H.; Turner, J.: An Integrative Theory of Intergroup Conflict. In (Austin, W.G.; Worchel, S. Hrsg.): *The Social Psychology of Intergroup Relations*, Brooks/Cole, Monterey, 1979; S. 33-47.
- [VD00] Venkatesh, V., Davis, F. D.: A Theoretical Extension of the Technology Acceptance Model: Four Longitudinal Field Studies. *Management Science*, 46(2), 2000, S. 186-204.



Tyge-F. Kummer, geboren 1980, studierte Betriebswirtschaftslehre an der Freien Universität Berlin. Nach abgeschlossenem Diplom war er für die ESMT European School of Management and Technology tätig und wechselte 2006 an ESCP Europe Wirtschaftshochschule Berlin, wo er am Lehrstuhl für Wirtschaftsinformatik als Wissenschaftlicher Mitarbeiter angestellt war. Für sein Dissertationsprojekt, welches er mit Auszeichnung abschloss, erwarb er 2008 ein DAAD-Stipendium, in dessen Rahmen er an der University of Southern Queensland (Australien) forschte. Seit Oktober 2010 ist er als Habilitand am Institut für Wirtschaftsinformatik der Humboldt-Universität zu Berlin angestellt. Seine Forschungsinteressen umfassen unter anderem das Nutzungsverhalten und die Akzeptanz von Informations- und Kommunikationstechnik, Ambient Intelligence, interkulturelle Vergleichsforschung und Prozessmanagement.

Dynamische Auswahl von Netzen zur optimierten Nutzung von mobilem Internet

Sven Lahde
Institut für Betriebssysteme und Rechnerverbund
Technische Universität Braunschweig
lahde@ibr.cs.tu-bs.de*

Abstract: Die mobile Nutzung des Internets hat in den letzten Jahren einen enormen Bedeutungszuwachs erfahren. Dennoch wird das Potential des vorhandenen Kommunikations-Ökosystems bisher nur unzureichend ausgenutzt. Die Geräte verwenden häufig nur einen Übertragungsweg, auch wenn mehrere zur Verfügung stehen. Zudem bleiben spezifische Anwendungs- und Nutzeranforderungen unberücksichtigt, da die Auswahl der Netze in der Regel manuell oder auf Basis einfacher Regeln erfolgt. In dieser Arbeit wird ein System für die dynamische Auswahl von Netzen in heterogenen Kommunikationsumgebungen vorgestellt. Es bildet die Grundlage für benutzerzentrierte Dienste, die die Auswahl des Zugangsweges zum Internet transparent gegenüber den Benutzern und Anwendungen realisieren. Dies soll dazu beitragen die verfügbaren Kommunikationsmöglichkeiten in heterogenen Netzen besser auszunutzen und gleichzeitig die Dienstgüte für den Benutzer zu erhöhen.

1 Motivation

Das mobile Internet hat sich in den vergangenen Jahren zu einem der bedeutendsten Innovationstreiber im Bereich der Mobilkommunikation entwickelt. Die Firma Cisco erwartet von 2009 bis 2014 ein durchschnittliches Wachstum des mobile IP Datenverkehr von 108 % pro Jahr [Cis10]. Heutzutage steht eine große Vielfalt von Kommunikationsnetzen und -technologien zur Verfügung, die für einen Zugang zum Internet genutzt werden können. Dieses heterogene Kommunikations-Ökosystem umfasst neben den zellularen Mobilfunknetzen wie LTE, UMTS und GSM, auch WLAN Hotspots oder WiMAX Netze mit denen sich ein Benutzer verbinden kann. Außerdem lassen sich zukünftig eventuell auch neuartige Vernetzungskonzepte, wie die Fahrzeug-zu-Fahrzeug Kommunikation oder unterbrechungstolerante Netze (Delay and Disruption Tolerant Networks – DTN) für den Internetzugang nutzen. Insgesamt ergibt sich so ein enormes Potential für die Nutzung von Internet-Diensten in mobilen Umgebungen. Dennoch bleibt ein großer Teil dieses Potentials bisher noch ungenutzt. In der Regel kommuniziert ein Nutzer nur über eines der verfügbaren Netze, während die Kapazität der anderen Netze für ihn ungenutzt bleibt. Hinzu kommt, dass er oftmals noch selbst entscheiden muss, welches Netz er zur aktuellen Zeit

*Sven Lahde dankt der Deutsche Telekom Stiftung für die großzügige Unterstützung dieses Forschungsvorhabens.

und am momentanen Standort verwendet. So nutzt er entweder einen WLAN Zugangspunkt in der Nähe oder wählt sich über UMTS in das Netz seines Mobilfunkbetreibers ein. Unterbrechungen der Verbindung zum Internet muss er ebenfalls selbst handhaben. Allerdings möchte der Benutzer in erster Linie lediglich seine Anwendungen nutzen, unabhängig davon wie diese auf das Internet zugreifen. Jede dieser Anwendungen hat individuelle Anforderungen an die erforderliche Kommunikationsverbindung. Die Frage nach dem jeweils günstigsten oder besten Übertragungsweg ist durch den Benutzer daher oftmals gar nicht zu beantworten. Dies gilt insbesondere dann, wenn er im Zug oder Auto sitzt und seinen Standort laufend wechselt.

Genau an dieser Problemstellung setzt die vorliegende Arbeit an. Das Ziel ist die Erarbeitung eines benutzerzentrierten Ansatzes für die dynamische Auswahl von Netzen, welcher es dem mobilen Gerät erlaubt selbständig den besten Übertragungsweg für die Daten einer bestimmten Anwendung zu wählen [Lah11]. Dieser Ansatz basiert auf dem von Gustafsson und Jonsson proklamierten Prinzip des *Always Best Connected (ABC)* [GJ03]. Verwandte Arbeiten lassen entweder die spezifischen Eigenschaften von Anwendungen oder die Einflüsse konkurrierender Anwendungen auf einem mobilen Gerät unberücksichtigt. In dieser Arbeit wird ein neuartiges, hybrides Konzept vorgestellt, welches beide Aspekte verbindet und Entscheidungen sowohl auf Basis der individuellen Anwendungsvorgaben, wie auch übergeordneter Optimierungsziele trifft. Letztere können beispielsweise monetäre Kosten oder Aspekte des Energieverbrauchs sein. Gleichzeitig strebt der vorgeschlagene Mechanismus an, einen möglichst großen Nutzen für den Benutzer aus den verfügbaren Kommunikationskapazitäten zu ziehen.

1.1 Die muXer Architektur

Um die genannten Ziele zu erreichen, bedarf es einer flexiblen Architektur, die verschiedenste Kommunikationstechnologien integriert und eine transparente Verwaltung der Kommunikationsverbindungen einzelner Anwendungen unterstützt. Das dabei eingesetzte Entscheidungsverfahren muss vielfältigste Entscheidungskriterien einzubeziehen, darunter die Anforderungen des Benutzers und der Anwendungen, die aktuellen Eigenschaften der Kommunikationspfade, aber möglicherweise auch Kontextinformationen, wie beispielsweise die Positionen von Zugangspunkten.

Basierend auf diesen Anforderungen ist die *muXer* Architektur entstanden, deren Aufbau in Abbildung 1 dargestellt ist. Die rechte Seite der Abbildung illustriert den Anwendungsdatenpfad. Separiert davon sind die eigentlichen Komponenten der *muXer* Architektur abgebildet. Die Integration der *muXer* Mechanismen erfolgt in der Transportschicht bzw. in einer optionalen Bündelschicht. Letztere kann als ISO/OSI Sitzungsschicht fungieren und erlaubt so die Unterstützung von Mechanismen für unterbrechungstolerante Anwendungen. Auf der Anwendungsschicht verfügt *muXer* über drei zentrale Schnittstellen für die Übergabe von Benutzervorgaben, Anwendungsanforderungen und Kontextinformationen wie zum Beispiel die Position des mobilen Gerätes oder die Abdeckungskarte eines Netzbetreibers. Diese Informationen werden genutzt, um den passenden Übertragungsweg für die Daten einer Anwendung auszuwählen. Die *muXer* Architektur selbst besteht aus fünf

zentralen Modulen. Der *Link Monitor* überwacht die potentiellen Kommunikationspfade und ermittelt deren Eigenschaften insbesondere in Bezug auf die Eigenschaften Verfügbarkeit, Leistungsfähigkeit und Sicherheit. Die spezifischen Parameter der verschiedenen Technologien werden dazu auf generische Parameter abgebildet, um eine Vergleichbarkeit zwischen unterschiedlichen Technologien zu ermöglichen und eine technologieunabhängige Schnittstelle für den Entscheidungsprozess bereitzustellen. Außerdem bietet der *Link Monitor* Schnittstellen für andere Komponenten, um Änderungen von Konfigurationen der Netzwerkschnittstellen zu veranlassen. Er enthält darüber hinaus eine Komponente, welche Vorhersagen zur Verfügbarkeit oder zu den Eigenschaften von Kommunikationspfaden in der Zukunft ermöglicht. Hierfür werden vorhandene *Kontextinformationen* genutzt. Der Kern der *muXer* Architektur ist die *Decision Engine*. Hier ist der eigentliche Entscheidungsprozess implementiert. Die Ergebnisse dieses Entscheidungsprozesses fließen in das *Path Management* Modul, welches die Entscheidungen umgesetzt und die Kommunikationspfade der einzelnen Anwendungen verwaltet. Abschließend dient das *Decision Evaluation* Modul der Nachbewertung von getroffenen Entscheidungen, um Optimierungen im Entscheidungsprozess zu implementieren. Die Realisierung dieses letzten Aspekts war allerdings außerhalb des Fokus dieser Arbeit, der im Kern auf den Mechanismen zur Verwaltung der Kommunikationspfade und im Besonderen auf dem Entscheidungsprozess lag. Im Folgenden werden die einzelnen Ergebnisse näher beleuchtet.

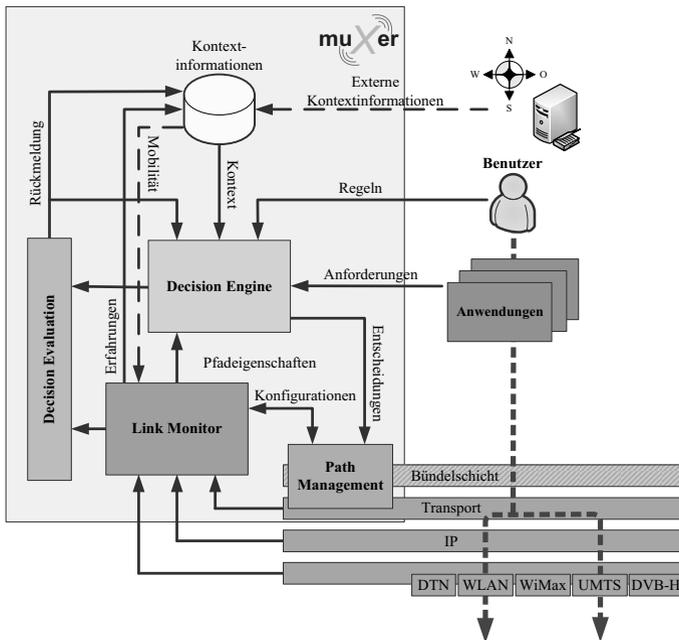


Abbildung 1: Die *muXer* Architektur

2 Verwaltung von Kommunikationspfaden

Eine zentrale Rolle für die Umsetzung der Entscheidungen über die Nutzung von Netzen spielt die Verwaltung von Kommunikationspfaden, deren Funktionalitäten im *Path Management* Modul der *muXer* Architektur gebündelt sind. Dabei müssen insbesondere die folgenden drei Anforderungen erfüllt werden: die nahtlose Verbindungsübergabe zwischen verschiedenen Netzen, die parallele Datenübertragung über mehrere Pfade und die Behandlung von Unterbrechungen oder sehr hohen Verzögerungen. Das Konzept in *muXer* wurde so gestaltet, dass eine Integration der erforderlichen Funktionalitäten auf verschiedenen Schichten des ISO/OSI Modells möglich ist. Abbildung 2 beschreibt den internen Aufbau des *muXer Path Management* Moduls. Es besteht im Wesentlichen aus dem *Network Broker*, der als zentrale Komponente die Registrierungen von Anwendungen entgegennimmt und in der *Registry* ablegt, sowie die von der *Decision Engine* übergebenen Entscheidungen durchsetzt. Für letzteres steuert der *Network Broker* die entsprechenden Mechanismen im Netzwerkprotokoll-Stack an, bzw. übergibt an den *Link Monitor* Anweisungen zur Konfiguration von Netzwerkschnittstellen. Eine detaillierte Analyse verschiedener Ansätze für das Management der Kommunikationspfade hat ergeben, dass eine Integration der erforderlichen Mechanismen in die ISO/OSI Transportschicht die gestellten Anforderungen am besten erfüllt. Auf diese Weise können die Datenströme einzelner Anwendungen individuell verwaltet werden, ohne dass große Änderungen an Internet Protokollen oder zusätzliche Dienste in der Infrastruktur erforderlich werden. Weiterhin ist es kann eine sehr hohe Transparenz der Mechanismen gegenüber den Anwendungen erzielt werden.

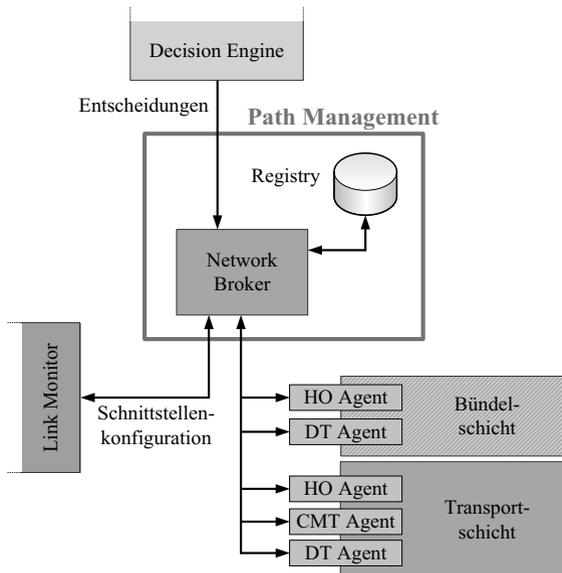


Abbildung 2: Das *Path Management* Modul

Als Basis für die Implementierung wurde das Stream Control Transmission Protocol (SCTP) [RS07] gewählt. SCTP unterstützt die Verwendung mehrerer IP Adressen auf Seiten des Senders und des Empfängers. Damit bietet es beste Voraussetzung für eine Umsetzung der benötigten Funktionen. Gleichzeitig werden auch andere Transportprotokolle wie beispielsweise TCP und UDP mit Hilfe eines „Legacy-Wrappers“ unterstützt. Für die Realisierung der Bündelung von Übertragungswegen war es nötig Änderungen am SCTP Protokoll vorzunehmen, denn obwohl SCTP mehrere IP Adressen pro Kommunikationsbeziehung zulässt, so wird immer nur einer der möglichen Pfade für die Kommunikation benutzt. Die besondere Herausforderung bei der Bündelung heterogener Pfade ist die Minimierung des sogenannten Reorderings am Empfänger. Damit ist der Effekt gemeint, der auftritt, wenn am Empfänger die Pakete eines Datenstrom in der richtigen Reihenfolge an die Anwendung ausgeliefert werden müssen, welche auf Pfaden mit unterschiedlichen Eigenschaften übertragen werden. Dabei führt das Zwischenspeichern der Daten am Empfänger, um eine durchgehende Sequenz von Datenpaketen an die Anwendung auszuliefern, zu deutlichen Leistungseinbußen. Eine Analyse verwandter Arbeiten hat gezeigt, dass dort dieses Problem bisher nur unzureichend berücksichtigt ist. Aus diesem Grund wurde *mu-Xer CMT (XCMT)* entwickelt, welches verschiedene Optimierungen für die Aufteilung der Daten auf die Pfade, die Übertragung der Daten auf den jeweiligen Pfaden und die Überwachung der Pfadeigenschaften enthält. Diese Optimierungen sind speziell darauf ausgerichtet auch bei heterogenen Pfadeigenschaften einen guten Durchsatz bei der Datenübertragung über das Bündel von Pfaden zu erreichen. Die Aufteilung der Daten auf die Pfade erfolgt bei *XCMT* im Wesentlichen anhand von vier Parametern: der Datenmenge die dem Pfad bereits zugeteilt wurde, der aktuellen Bandbreite und Verzögerung des Kommunikationspfades und des gemessenen Reorderings am Empfänger. Die Umsetzung von *XCMT* erfolgte auf Basis der Linux Kernel Implementierung des SCTP Protokolls.

Die Mechanismen für Verbindungsübergaben und für die Pfadbündelung wurden in verschiedensten Konfigurationen evaluiert. Hierzu wurde eine Testumgebung mit mehreren unabhängigen Pfaden zwischen Sender und Empfänger verwendet, in der sich mit Hilfe eines Netzwerkemulators die Kommunikationseigenschaften der einzelnen Pfade beliebig manipulieren ließen. Im Folgenden soll beispielhaft ein Ergebnis für die Effizienz der Pfadbündelung vorgestellt werden. Für die übrigen Ergebnisse wird auf die vollständige Fassung der Arbeit verwiesen [Lah11]. Ein Aspekt der Evaluation war die Effizienz der Pfadbündelung in heterogenen Kommunikationsszenarien. Hierzu wurden das Verhalten von *XCMT* in unterschiedlichen Pfadkonfigurationen untersucht. Tabelle 1 fasst eine Auswahl der verwendeten Pfadeigenschaften zusammen. In Abbildung 3 ist der erzielte Durchsatz für *XCMT* in drei Szenarien dargestellt. Die Ergebnisse sind normiert auf das erreichbare Maximum, welches sich aus der Summe der möglichen Durchsätze von Einzelpfadübertragungen ergibt. Die Ergebnisse für *XCMT* werden in der Abbildung mit denen des besten Einzelpfades und denen eines CWND-basierten Verfahrens aus der Literatur verglichen. Letzteres basiert auf der Annahme, dass das sogenannte Staufenster (CWND), was in Transportprotokollen wie SCTP oder TCP verwendet wird um die zum Empfänger übertragene Datenmenge zu steuern, ein Maß für das Bandbreite-Verzögerungs-Produkt und damit für die Kapazität der Übertragungswege ist. Der CWND-Scheduler arbeitet in der Form, dass er die Liste der gebündelten Pfade durchgeht und nach einem Pfad sucht, dessen Staufenster die Übertragung von Daten zulässt. Dann überträgt er über diesen Pfad

Parameter	UMTS	HSDPA	WLAN ₂	WLAN ₁
Bandbreite [Mbit/s]	0.260	0.825	1	5.5
Verzögerung [ms]	125	50	3.75	1.25

Tabelle 1: Pfadeigenschaften in den Evaluationssszenarien

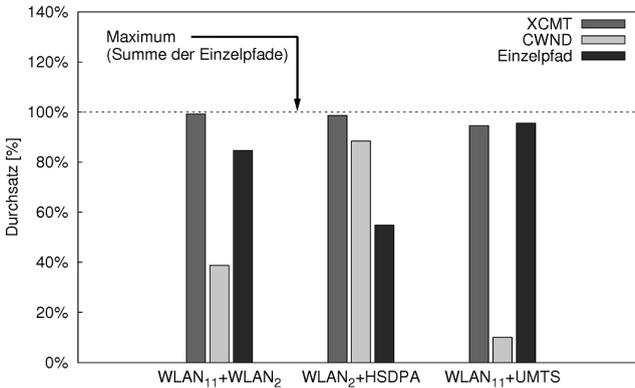


Abbildung 3: Normierter Durchsatz für Mehrwegeübertragungen

die maximal mögliche Menge an Daten und springt anschließend zum nächsten Pfad in der Liste bis das Ende der Liste erreicht ist und der Ablauf wieder von vorne startet. Die Ergebnisse in Abbildung 3 machen deutlich, dass in den ersten beiden Szenarien die Verwendung von XCMT einen signifikanten Mehrwert gegenüber einer Einzelpfadübertragung bietet. Auch zeigt XCMT deutlich bessere Ergebnisse als der CWND-Scheduler, dessen Leistungsfähigkeit insbesondere in Szenarien mit großen Bandbreitenunterschieden deutlich durch den schlechteren Pfad dominiert wird. Allerdings zeigen sich im dritten Szenario auch die Grenzen der Mechanismen zur Pfadbündelung. Bei sehr großen Unterschieden sowohl in der Bandbreite als auch in den Verzögerungseigenschaften wird der Aufwand für das Reordering so groß, dass durch die Bündelung kein Vorteil mehr entsteht. Dennoch erreicht XCMT auch in solchen Szenarien zumindest annähernd die Leistung einer Einzelpfadübertragung und bricht nicht so stark ein wie der CWND-Scheduler.

3 Entscheidungsprozess

Die Erarbeitung des Entscheidungsprozesses für die dynamische Auswahl von Netzen ist das Kernelement dieser Arbeit. Der entwickelte Ansatz basiert auf einem abstimmungs-basierten Verfahren, welches ein hohes Maß an Dynamik, Flexibilität und Reaktionsfreudigkeit besitzt. Dabei bewerten unabhängige Entscheidungsmodul die Eignung eines Über-

tragungsweges in Bezug auf eine bestimmte Zielvorgabe. Die Zielvorgaben entsprechen beispielsweise den Anwendungsanforderungen bezüglich Bandbreite, Verzögerung oder auch Verfügbarkeit eines Kommunikationspfades. Für jede Zielvorgabe wird im entsprechenden Entscheidungsmodul eine Votierung des betrachteten Netzes bestimmt. Diese Votierungen liegen in einem festen Intervall dessen Grenzen beschreiben, ob eine Zielvorgabe erfüllt wurde oder nicht. Sie werden anschließend von einem sogenannten *Arbiter* kombiniert, gewichtet und zu einer Gesamtbeurteilung für die Bewertungsgröße verarbeitet.

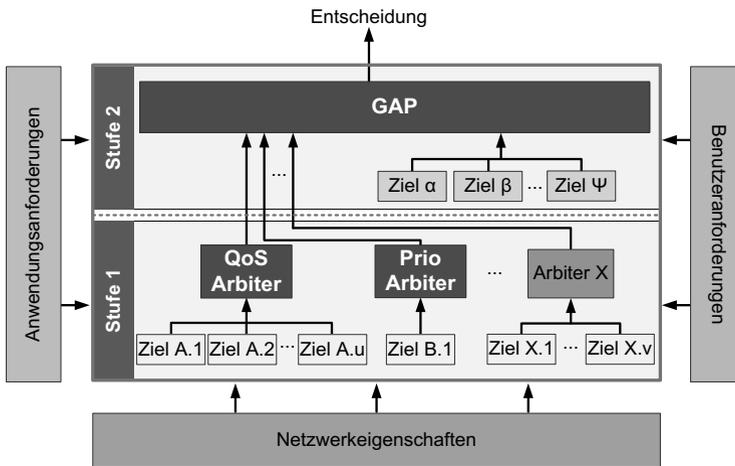


Abbildung 4: Das *muXer* Entscheidungsverfahren

Dieses abstimmungs-basierte Verfahren bildet die Grundlage für den Entscheidungsprozess innerhalb der *muXer Decision Engine*. Wie in Abbildung 4 dargestellt, erfolgt die Entscheidungsfindung in zwei Stufen. Die erste Stufe beinhaltet die anwendungsspezifische Bewertung von Stellgrößen wie den Dienstgüteeigenschaften der Übertragungswege oder der Priorität einer Anwendung. Weitere Stellgrößen können beispielsweise auch Interessen der Netzbetreiber sein. Die Ergebnisse der ersten Stufe fließen in die nachfolgende anwendungsübergreifende Optimierung ein. Hier erfolgt die eigentliche Zuteilung der Ressourcen durch den *muXer Global Arbitration Process (GAP)*. GAP ist ein Scheduling-Algorithmus, der im ersten Schritt eine Priorisierung der Anwendungen vornimmt. Danach erfolgt eine Vorauswahl der für die Anwendung in Frage kommenden Netze, indem die Optionen, die unter einem Schwellwert bewertet sind, aussortiert werden. Anschließend werden die verbleibenden Kommunikationspfade einer Nachbewertung auf Basis globaler Kriterien, wie beispielsweise der Gesamtkosten und des Energieverbrauchs, unterzogen. Zum Schluss erfolgt die Entscheidung über die Nutzung von Kommunikationsressourcen mit drei möglichen Optionen: (1) die Anwendung nutzt einen dedizierten Kommunikationspfad, (2) die Anwendung nutzt mehrere Pfade parallel oder (3) die Anwendungsanforderung wird zurückgestellt und erhält keine Kommunikationsressourcen.

Die Leistungsfähigkeit von *GAP* wurde im Rahmen von Simulationen detailliert analysiert

und mit folgenden existierenden und idealisierten Referenzverfahren verglichen: Der *Vote-aware Random* weist einer Anwendung zufällig einen oder mehrere Übertragungswege zu. Allerdings blieben alle Netze unberücksichtigt, die im Kontext der jeweiligen Anwendung unterhalb eines definierten Schwellwerts bewertet wurden und somit ungeeignet sind. Der *True Random Scheduler* führt ebenfalls eine zufällige Zuteilung von Kommunikationsressourcen durch. Jedoch wählt er aus der gesamten Menge der Netze und lässt keine unberücksichtigt. Der *Vote Scheduler* weist einer Anwendung immer das bestbewertete Netz zu, sofern dieses noch freie Kapazitäten hat. Er gilt als Referenz für verwandte Verfahren die rein anwendungsorientiert arbeiten. Im Gegensatz zum *Vote Scheduler* ist *Maximum Bandwidth* ein Vertreter der anderen Gruppe von Ansätzen, die in verwandten Arbeiten zu finden ist. Hier wird unabhängig von den individuellen Anforderungen der laufenden Anwendungen immer der Kommunikationspfad mit der größten Bandbreite gewählt, sofern dieser in der Lage ist die Anwendung noch zu bedienen. Der letzte Scheduler (*One Bundle*) beschreibt ein idealisiertes Konzept, welches davon ausgeht man könne alle verfügbaren Übertragungswege als einen gemeinsamen Übertragungskanal betrachten. In der Praxis ist dies typischerweise nicht ohne Leistungsverluste möglich. Dennoch soll dieser Ansatz als Referenz für die höchstmögliche Effizienz dienen.

Hier kann nur ein kleiner Teil der gewonnenen Ergebnisse vorgestellt werden. Die Ausgangssituation ist immer ein Szenario mit 15 Anwendungen und 5 Netzen. Die dargestellten Ergebnisse basieren auf Mittelwerten für 100.000 Simulationen mit zufällig generierten Konfigurationen in Bezug auf die Anwendungsanforderungen und die Netzeigenschaften. In der vollständigen Arbeit sind weitere Untersuchungen beschrieben [Lah11]. Abbildung 5 zeigt die Ergebnisse zur Ausnutzung der Kommunikationsressourcen. Dargestellt ist in kumulativer Form der Anteil der Simulationen, bei denen eine bestimmte Auslastung der jeweils zur Verfügung stehenden Kommunikationsressourcen erzielt wurde. Der *One Bundle Scheduler* dient hier als idealisierte Referenz für die maximale Effizienz. Man kann sehen, dass *GAP* sehr nah an dieses Maximum heranreicht, während die übrigen Verfahren eine deutlich schlechtere Leistung zeigen. Als zweiter Parameter soll an dieser

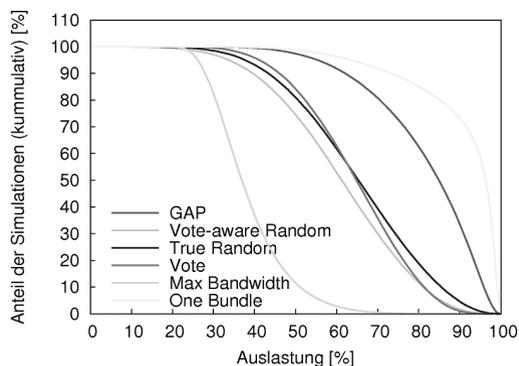


Abbildung 5: Nutzung der Kommunikationsressourcen

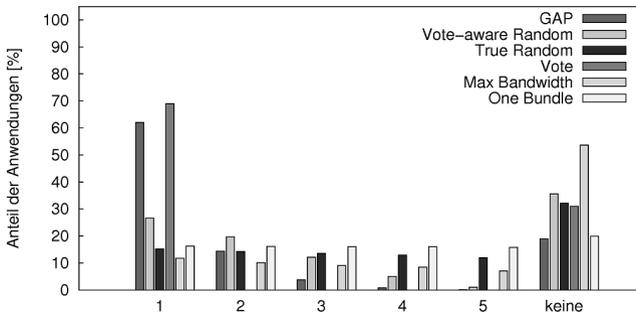


Abbildung 6: Erfüllung von Anwendungspräferenzen

Stelle noch der Grad der Erfüllung von Anwendungsanforderungen betrachtet werden. In Abbildung 6 wird dargestellt, wie viele Anwendungen im Durchschnitt das von ihnen am höchsten präferierte Netz zugeteilt bekommen haben (1) beziehungsweise jenes das am zweit- (2) oder drittbesten (3) bewertet wurde. Hier ist der *Vote Scheduler* die Referenz, da dieser Anwendungen immer nur das bestbewertete Netz zuweist. Auch hier reicht *GAP* sehr nah an den Referenzwert heran. Dadurch, dass aber zusätzlich Anwendungen auch ursprünglich etwas schlechter bewertete Netze zugewiesen bekommen, ist es in Summe möglich eine größere Anzahl von Anwendungen zu bedienen.

Zusammenfassend lässt sich feststellen, dass *GAP* in Bezug auf unterschiedlichste Evaluationsmetriken und auch im Vergleich mit anderen Verfahren stets eine sehr gute Leistungsfähigkeit aufweist. Das vorgeschlagene Entscheidungsverfahren bietet klare Vorteile gegenüber existierenden Ansätzen durch den hybriden Ansatz aus anwendungsorientierter Bewertung und übergreifender Optimierung, die zusätzliche Möglichkeit der Pfadbündelung und der proaktiven Verzögerung von Anwendungsanfragen, aber auch durch die hohe Modularität und Skalierbarkeit des Verfahrens, bei dem die einzelnen Entscheidungsmodulare unabhängig voneinander und asynchron arbeiten können.

4 Zusammenfassung und Ausblick

Heutzutage wird das vorhandene Potential von mobilem Internet nur unzureichend genutzt. Existierende Ansätze für eine effizientere Nutzung der Kommunikationsressourcen lassen entweder die spezifischen Anforderungen einer Anwendung oder die Wechselwirkungen von konkurrierenden Applikationen unberücksichtigt. Ferner fehlt ihnen häufig die erforderliche Flexibilität beliebige Entscheidungskriterien in den Prozess der Auswahl von Netzen zu integrieren, um die vorhandenen Ressourcen optimal ausnutzen zu können. Mit *muXer* konnte ein Ansatz geschaffen werden, der sich durch eine hohe Flexibilität und Modularität auszeichnet und beliebige Anwendungen, Kommunikationstechnologien und Entscheidungskriterien unterstützt. Hierzu wurde eine modulare Architektur geschaffen, welche die Basis für die benötigten Funktionalitäten zur dynamischen Auswahl von Net-

zen bereitstellt. Im Weiteren wurde ein Ansatz für die anwendungsspezifische Verwaltung von Verbindungen auf Basis des Stream Control Transmission Protocols (SCTP) entwickelt, der nahtlose Verbindungsübergaben zwischen heterogenen Netzen ermöglicht. Mit *XCMT* wurde zudem ein SCTP-basiertes Verfahren zur Bündelung heterogener Kommunikationspfaden erarbeitet, so dass Pfade parallel für eine Datenübertragung verwendet werden können. Den Kern dieser Arbeit bildet das hybride Entscheidungsverfahren, welches sowohl die Anforderungen der Anwendung, als auch übergeordnete Optimierungsziele berücksichtigt. In diesem Kontext wurden die Einflussparameter auf einen solchen Entscheidungsprozess diskutiert und analysiert. Entstanden ist daraus ein höchst modulares und flexibles Entscheidungsverfahren. Die Evaluation dieses Verfahrens und insbesondere der Zuteilung von Kommunikationsressourcen an Anwendungen auf einem mobilen Gerät wurden auf Basis unterschiedlichster Szenarien durchgeführt. Es konnte gezeigt werden, dass der vorgeschlagene Mechanismus sehr gute Ergebnisse erzielt. Um die Möglichkeiten von *muXer* weiter zu optimieren bleibt, wie üblich, Raum für zusätzliche wissenschaftliche Fragestellungen. Hierzu zählt unter anderem die Integration von Inhaltsadaptionen in den Entscheidungsprozess bei begrenzten Kommunikationsressourcen. So ließe sich beispielsweise die Datenrate eines Videodatenstroms dynamisch an die vorhandenen Kommunikationscharakteristika anpassen. Auch Mechanismen zur nachgelagerten Bewertung von Entscheidungen oder alternative Kommunikationsszenarien können weiter betrachtet werden. Zusätzlich ist noch eine detaillierte Untersuchung der Mechanismen unter realen Einsatzbedingungen erforderlich, um das System zu parametrisieren und die vom Nutzer erfahrene Dienstgüte in unterschiedlichsten Szenarien zu bewerten.

Literatur

- [Cis10] Cisco. Cisco Visual Networking Index , 2010.
- [GJ03] Eva Gustafsson und Annika Jonsson. Always Best Connected. *IEEE Wireless Communications*, 10(1):49 – 55, Februar 2003.
- [Lah11] Sven Lahde. *Dynamic Network Selection for Optimized Use of Mobile Internet*. Logos Verlag Berlin, 2011.
- [RS07] Ed. R. Stewart. Stream Control Transmission Protocol. Internet Engineering Task Force Request for Comments 4960, September 2007.



Sven Lahde hat an der TU Braunschweig Informationssystemtechnik studiert und im Dezember 2010 sein Diplom erhalten. Im Januar 2005 begann er als wissenschaftlicher Mitarbeiter und Doktorand am Institut für Betriebssysteme und Rechnerverbund an der TU Braunschweig in der Forschungsgruppe von Prof. Dr.-Ing. Lars Wolf. Seine Forschungsinteressen liegen auf Kommunikationsarchitekturen und -protokollen im Kontext von heterogenen Kommunikationsumgebungen, Unterbrechungstoleranten Netzen und Fahrzeugkommunikation. Im Dezember 2010 hat er seine Dissertation zum Thema „Dynamic Network Selection for Optimized Use of Mobile Internet“ abgeschlossen.

Untersuchung des Einflusses von Situationen und Erwartungen auf das Nutzerverhalten

- empirische Analysen der Mensch-Roboter Interaktion

Manja Lohse

Research Institute for Cognition and Robotics (CoR-Lab), Universität Bielefeld
mlohse@techfak.uni-bielefeld.de

Abstract: Welcher Roboter reinigt Ihren Fußboden? Diese und ähnliche Fragen könnten zukünftig häufig gestellt werden, denn immer mehr Roboter halten Einzug in unseren Alltag. In Zukunft sollen sie auch in der Lage sein, komplexere Aufgaben als Staubsaugen zu erledigen. Daher muss bei der Entwicklung besonderer Wert auf die Akzeptanz durch die Nutzer gelegt werden. Um die Systeme diesem Ziel etwas näher zu bringen, führt die Dissertation einen Ansatz ein, die Interaktionssituation und die Erwartungen der Nutzer zu beschreiben und zu ergründen. Des Weiteren legt sie methodische Grundlagen zur Untersuchung der Mensch-Roboter Interaktion und zeigt, dass die Ergebnisse nicht nur wichtige Einsichten für die Mensch-Maschine Interaktion sondern auch für die Sozialwissenschaften bieten.

1 Einführung

Stellen Sie sich vor, Sie haben einen Roboter gekauft, der Ihnen im Haushalt assistieren soll. Heute wurde dieser Roboter geliefert und ist bereit zum Einsatz. Allerdings haben Sie selbst noch nie mit solch einem Roboter interagiert und sind sich nicht sicher, wie er zu bedienen ist. Sie wissen aber, dass der Roboter erst etwas über seine neue Umgebung, Räume und relevante Objekte lernen muss, bevor er seine Aufgabe erfüllen kann. Wie würden Sie versuchen dem Roboter diese Dinge beizubringen? Würden Sie beispielsweise mit ihm sprechen wie mit einem Erwachsenen? Und welche Verhalten würden Sie vom Roboter erwarten?

Situationen wie diese, in denen Roboter im direkten Umfeld von Menschen agieren, um ihr Leben zu vereinfachen und zu bereichern, gibt es immer häufiger. Bei den meisten der bisher verkauften Systeme handelt es sich um Staubsauger, Rasenmäher und eine große Bandbreite an Unterhaltungsrobotern. Diese erfüllen meist hoch spezialisierte Aufgaben. Für die Zukunft strebt man allerdings wesentlich komplexere Szenarios an, wie zum Beispiel das oben beschriebene. Aufgrund der steigenden Komplexität werden die Roboter in zunehmendem Maße von einer einfachen Bedienbarkeit und einem hohen Grad an Integration von System und Nutzer abhängen. Beides kann nur erreicht werden, wenn die Entwickler wissen, wie die Nutzer mit den Robotern interagieren, welche Erwartungen sie haben und wie diese sich im Laufe der Interaktion verändern. Die Dissertation beschäftigt sich mit diesen Fragen. Sie verfolgt das Ziel, für die Entwickler der Systeme tiefgründige Beschreibungen des Nutzerverhaltens und der Nutzererwartungen zu generieren.

Der Betrachtung liegt dabei die folgende Definition von Mensch-Roboter Interaktion (MRI) zugrunde. MRI meint hier die Interaktion zwischen einem Nutzer und einem Roboter in einer direkten Form. Dementsprechend befinden sich beide Akteure physisch am selben Ort und die Interaktion findet in Echtzeit statt. Weiter wird angenommen, dass der Roboter sozial ist, da er zur Interaktion Kanäle benutzt, die dem Nutzer aus der Mensch-Mensch Interaktion (MMI) vertraut sind, wie zum Beispiel Sprache. Das Ziel der MRI-Forschung ist dabei, das System so gut wie möglich an den Nutzer anzupassen. Dieses Ziel ist von Natur aus interdisziplinär was sich auch im wissenschaftlichen Beitrag der Arbeit widerspiegelt.

1.1 Wissenschaftlicher Beitrag der Arbeit

Bisher gibt es sehr wenige Arbeiten, die sich mit dem Einfluss von Situation und Erwartung auf die MRI beschäftigen, obwohl beide Faktoren in der MMI als grundlegende Einflussgrößen betrachtet werden. Einzelne Wissenschaftler haben den Einfluss der Erwartungen analysiert, welche die Nutzer bereits vor der Interaktion haben (z.B. [Kha98]; [RMS08]). Allerdings waren diese Ansätze nicht in der Lage, Nutzerverhalten in der Interaktion vorherzusagen und sie machten keine Aussage darüber, wie die Roboter gestaltet werden müssten, um die Interaktion zu verbessern. Daher ist ein Modell notwendig, welches die dynamischen Veränderungen der Nutzererwartungen in der Interaktionssituation beschreibt und dazu dient, das Nutzerverhalten besser vorherzusagen. Das erste Ziel der Dissertation ist es ein solches Modell zu entwickeln (s. Abschnitt 3).

Diesem Modell muss eine systematische Beschreibung der Interaktionssituation zugrunde liegen, welche eine tiefgehende Analyse der Nutzerverhalten einschließt. Eine solche verhaltensfokussierte Beschreibung der Situation ist daher das zweite Ziel der Arbeit (s. Abschnitt 2).

Ein tiefgehendes Verständnis des Nutzerverhaltens setzt eine sowohl qualitative als auch quantitative Analyse seiner multimodalen Zusammenhänge voraus. Für diese Analyse gibt es im Bereich der MRI bisher wenige systematische Methoden. Das dritte Ziel der Dissertation ist die Entwicklung solcher Methoden, welche es ermöglichen, technische und soziale Aspekte der Interaktion in einer integrierten Art und Weise zu analysieren. Dabei sollen die Methoden generalisierbar, anwendbar auf viele Szenarien und Systeme, effizient und einfach zu benutzen sein (s. Abschnitt 5).

Die Modelle und Methoden zielen darauf, nicht nur das Feld der MRI sondern auch die Erwartungsforschung im Bereich der MMI zu bereichern. Das vierte Ziel der Dissertation ist zu zeigen, dass die MRI der MMI Forschung wertvolle Ergebnisse zur Verfügung stellen kann. Roboter bieten in diesem Zusammenhang den entscheidenden Vorteil, dass ihr Verhalten sehr genau kontrolliert und reproduziert werden kann.

1.2 Szenario und Roboter

Die beschriebenen Ziele werden am Beispiel des „home tour“ Szenarios untersucht. Dieses Szenario legt den Fokus auf die multimodale MRI, welche dem Roboter ermöglichen soll, Wissen über eine häusliche Umgebung, relevante Gegenstände und Positionen im Raum zu erlernen. In anderen Worten, der Roboter wird vom Nutzer durch eine Wohnung geführt und lernt dabei Räume und Objekte kennen. Dies ist notwendig, da man das Wissen über neue Umgebungen nur schwer im Roboter vorprogrammieren kann. Sobald der Roboter die notwendigen Informationen gelernt hat steht er dem Nutzer als eine Art „Butler“ zur Verfügung, der verschiedene Aufgaben erfüllen kann, wie zum Beispiel den Tisch decken, Objekte bringen, oder Räume reinigen. In der Implementation, die der Arbeit zugrunde liegt, war die Hauptaufgabe des Roboters das Erlernen von Informationen. Aufgrund der Hardware ist das System derzeit noch nicht in der Lage, tatsächlich Hausarbeit zu verrichten. Nichtsdestotrotz dient das Szenario dazu, den Nutzern zu erklären, warum der Roboter überhaupt Wissen über seine Umwelt erlangen muss.

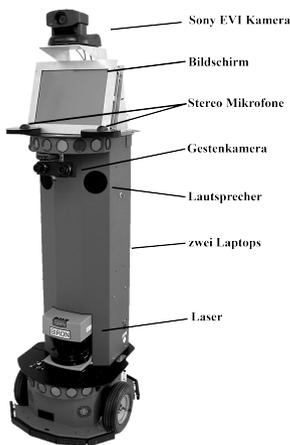


Abbildung 1: BIRON

Der Roboter, welcher im Rahmen der Dissertation eingesetzt wurde, heißt BIRON (Bielefeld Robot Companion) (s. Abbildung 1). Er basiert auf einer ActiveMedia Pioneer PeopleBot Plattform. BIRON ist mit Kameras ausgestattet, die es ihm erlauben seine Umwelt und darin befindliche menschliche Gesichter und Gesten zu sehen. Außerdem verfügt er über einen Bildschirm, auf dem er mit Hilfe eines animierten Charakters interne Zustände anzeigen kann. Unter dem Bildschirm befinden sich AKG Mikrofone. Diese dienen zur Lokalisierung der Nutzer. Für die Spracherkennung wurden im Rahmen der Dissertation tragbare Headsets verwendet. Die Sprachausgabe erfolgt über zwei Lautsprecher. Ein SICK Laserentfernungsmesser, misst in einer Höhe von 30 cm räumliche Distanzen. Weitere technische Informationen über BIRON können [HS08] entnommen werden.

2 Ansatz zur Situationsbeschreibung

Die Dissertation schlägt die Beschreibung der Situation auf verschiedenen Spezifikationsebenen vor. Jede dieser Ebenen kann mit Hilfe verschiedener Faktoren nach Argyle, Furnham, Graham [AFG81] charakterisiert werden. Die zu unterscheidenden Spezifikationsebenen sind:

0. Charakteristika von Situationen im Allgemeinen (geringster Grad der Spezifität)

1. typische Charakteristika von MRI Situationen
2. Szenario-spezifische Charakteristika
3. Aufgaben-spezifische Charakteristika
4. Charakteristika einer spezifischen Situation (höchster Grad der Spezifität)

Charakteristika von Situationen im Allgemeinen sind ein vorgegebener Zeitrahmen (Anfang und Ende), ein dynamischer Charakter und dass sie in der Welt um uns herum physisch existieren. Typische Charakteristika von MRI Situationen beziehen sich hauptsächlich auf die Akteure, Mensch und Roboter. Beide teilen sich denselben physischen Raum und agieren autonom. Allerdings, wie in Wrede et al. [WKR⁺10] beschrieben, ist die MRI asymmetrisch, da die Modalitäten, mentalen und motorischen Fähigkeiten und Situationswahrnehmungen von Mensch und Roboter sich grundlegend unterscheiden. Die nächste Spezifikationsebene beschreibt die Interaktionsszenarios. In der MRI bestimmen die Szenarios welche Rollen Nutzer und Roboter einnehmen. In der home tour zum Beispiel ist der Roboter der Lerner und der Nutzer der Lehrer. Auf diesen Rollen basieren auch Regeln für die Interaktion und erwartete Fähigkeiten. Außerdem determinieren die Szenarios die räumlichen Umgebungen und notwendigerweise vorhandene Objekte. Auf der Ebene der Aufgaben-spezifischen Charakteristika werden zudem die Ziele und Zielstrukturen klarer. Auf dieser Ebene können konkrete Verhaltenselemente und -sequenzen beschrieben werden. Auch typische Schwierigkeiten können benannt werden, die in der Arbeit mit der Methode der Systemic Interaction Analysis (SI_A, s. Abschnitt 4) untersucht wurden. Auf der Ebene der spezifischen Situation beschreiben alle Faktoren eine bestimmte Interaktion mit einem bestimmten Anfang und Ende. Die Beschreibung umfasst konkrete Handlungen, spezifische Verhalten, die aus dem Repertoire in einer bestimmten Reihenfolge ausgewählt werden, spezifische Ziele, Umgebungen und Schwierigkeiten. Im Folgenden soll die Situationsbeschreibung als Grundlage des Modells aber auch zur Entwicklung der Methoden dienen.

3 Modell des Einflusses von Situation und Erwartung

Basierend auf theoretischen Vorüberlegungen wurde ein Modell des Einflusses von Situation und Erwartung auf die MRI entwickelt, welches im Folgenden vorgestellt werden soll (s. Abbildung 2). Das Modell analysiert die physische Situation und die Verhalten von Nutzer und Roboter (weiße Kästen, weil man diese beobachten kann). Ziel ist es, abzuleiten wie die Nutzer die Situation wahrnehmen, welche Erwartungen sie haben, und ob diese erfüllt wurden oder nicht (graue Kästen, weil man diese nicht beobachten kann, sondern ableiten muss).

Das Modell basiert auf der Annahme, dass eine physische soziale Situation existiert ([Gof61]; [Mag81]; [RRG03]). Die Situation ist sozial, weil zwei Akteure, Nutzer und Roboter, anwesend sind und sich gegenseitig beeinflussen [Gof61]. Die physische soziale Situation beschreibt was wirklich existiert, so wie Agenten, Objekte, Zeit und Raum ([Mag81]; [RRG03]). Sie ist begrenzt durch die Umwelt und die Fähigkeiten der Agen-

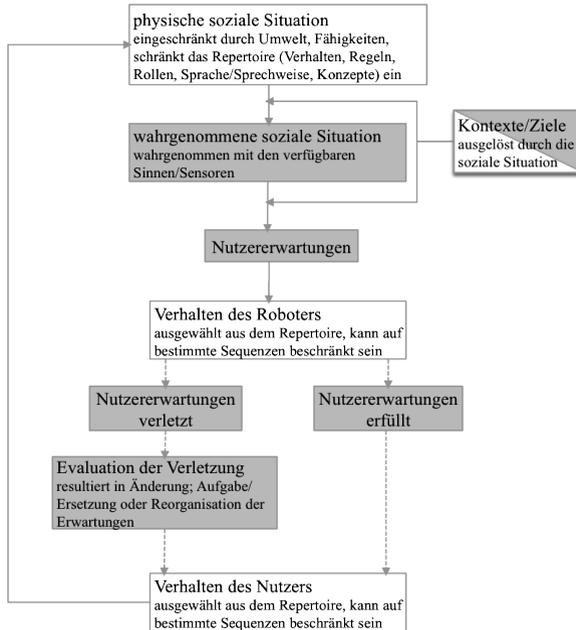


Abbildung 2: Modell des Einflusses von Situation und Erwartungen

ten [AFG81] und grenzt die Verhalten, Regeln, Rollen, Sprache und Konzepte ein, die man benutzt um die Verhalten des anderen Interaktionspartners zu verstehen und das eigene Verhalten zu planen [AFG81].

Die physische Situation wird vom Nutzer wahrgenommen und dann als wahrgenommene soziale Situation bezeichnet [Cra81]. Die Wahrnehmung ist dabei sehr stark von den Kontexten beeinflusst, die der Nutzer berücksichtigt [Sch99]. Kontext beschreibt hier dynamische Quellen von Wissen, die man sich in vorherigen Situationen angeeignet hat. Basierend auf der Perception der Situation und der Kontexte, entwickeln Nutzer Erwartungen. Diese Erwartungen werden hier als dynamisch betrachtet, da sie sich im Laufe der Interaktion verändern ([Hec77]; [RRG03]; [Sch99]; [Smi05]).

Wenn der Roboter ein Verhalten aus seinem Repertoire ausführt, werden die Erwartungen der Nutzer entweder erfüllt oder nicht. Wenn sie nicht erfüllt werden, wird der Nutzer in der Regel versuchen, eine Begründung dafür zu finden. Dies kann in einer Änderung, Aufgabe, Ersetzung, oder einer Reorganisation der Erwartung resultieren [Sch99]. Basierend auf der aktuellen Erwartung wählt der Nutzer Verhalten aus seinem Repertoire aus, welche einer bestimmten Reihenfolge folgen können.

Abbildung 2 zeigt, dass der Prozess zyklisch ist und wieder von vorn startet. Die physische Situation ist nun verändert, da das Verhalten der Akteure ein Teil von ihr wird. Das Modell bildet die theoretische Grundlage der folgenden Untersuchungen, welche mit den im nächsten Abschnitt beschriebenen Methoden durchgeführt wurden.

4 Methoden und neue methodische Ansätze

Im Folgenden sollen Methoden vorgestellt werden, die dazu dienen, die beobachtbaren Faktoren des Modells zu erfassen und die nicht beobachtbaren abzuleiten. Abbildung 3 gibt einen Überblick über alle Methoden, die in der Arbeit angewendet wurden. In der Abbildung ist beschrieben, welchem Ziel die Methoden dienen, auf welchen Daten sie basieren, und wie sie durchgeführt werden. Im Rahmen der hier vorliegenden Zusammenfassung sollen lediglich die beiden neuen methodischen Ansätzen etwas näher beschrieben werden. Dabei handelt es sich bei SALEM (Statistical AnaLysis of Elan files in Matlab) um einen quantitativen und bei SInA (Systemic Interaction Analysis) um einen eher qualitativen Ansatz.

Die Analyse der Modalitäten und deren Zusammenspiel erfordert aufgrund der hohen Komplexität einen effizienten Ansatz. Zur Repräsentation der Daten (Videos, Logfiles und manuelle Annotationen) wurde die open-source Annotationssoftware ELAN benutzt. Allerdings dient ELAN der Annotation und nicht der Analyse der Daten. Darum wurde im Rahmen der Arbeit die SALEM Toolbox entwickelt, die es ermöglicht, ELAN Dateien zu parsen und statistische Analysen in Matlab durchzuführen. Die Toolbox ermöglicht es, Annotationen verschiedener Modalitäten, struktureller Merkmale, oder anderer Annotationskategorien zu vergleichen. Zum Beispiel kann ermittelt werden, welche Gesten die Benutzer während eines bestimmten Äußerungstyps benutzen. Die Funktionalitäten von SALEM sind in [HLD10] beschrieben.

Während SALEM quantitative Zusammenhänge der Interaktion erfasst, fokussiert SInA auf die qualitative Komplexität der verschiedenen Tasks und auf Probleme, die dabei auftreten können. In anderen Worten, SInA ermöglicht den Vergleich von Situationen auf dem Interaktionslevel, welches das Zusammenspiel zwischen Nutzer und System beschreibt. Außerdem schließt die Methode aber auch das Systemlevel ein, das sich auf die Komponenten des Roboters und deren Zusammenspiel bezieht. Das Ziel von SInA ist es, Taskstrukturen zu identifizieren, also folgende Fragen zu beantworten: was tut der Roboter?, was passiert innerhalb des Systems? und was tut der Nutzer?. Zusammenhänge zwischen dem Verhalten der Nutzer und des Roboters können beschrieben werden. Außerdem können mit Hilfe von SInA Abweichungen von der prototypischen Taskstruktur und deren Ursachen (z.B. unpassende Erwartungen der Nutzer, unangemessenes Systemdesign) identifiziert werden. Der typische Ablauf einer SInA Analyse und deren theoretische Fundierung sind in [LHP⁺09] beschrieben.

5 Nutzerstudien

Im Rahmen der Arbeit wurden drei Nutzerstudien mit BIRON durchgeführt, welche im Folgenden beschrieben werden sollen. Die zwei *Studien zum Objektivlernen* fokussieren darauf, dass der Nutzer dem Roboter Objekte beibringt. D.h., die Studienteilnehmer stehen vor dem Roboter und zeigen ihm alltägliche Objekte (z.B. Flasche, Buch, Schokoriegel). Die erste Studie hinterfragte, wie die Nutzer ihr diskursives Verhalten verändern, wenn sie mit einem Roboter interagieren [LRWS08]. Genauer wurde untersucht, welche verbalen

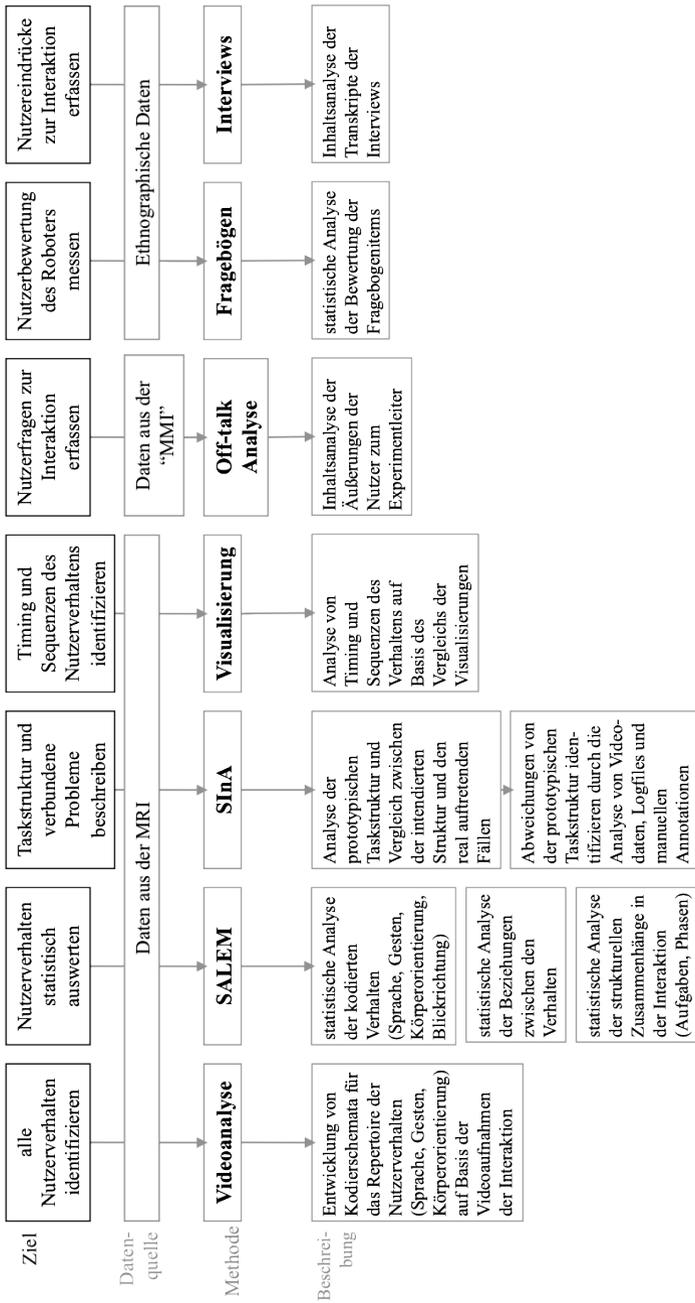


Abbildung 3: Methoden

und nonverbalen Verhalten die Nutzer anwendeten, um die Aufgabe zu erfüllen. In dieser ersten Studie hatte BIRON sehr begrenzte kommunikative Fähigkeiten. Er konnte „hallo“ sagen und verfügte über ein kleines Repertoire an Feedbackäußerungen (z.B. „Das ist interessant. Ich mag es sehr“, „Wie bitte?“, „Entschuldigung, ich weiß es nicht.“). Der Roboter konnte aber zum Beispiel keine Objekte beim Namen nennen. Dieser Mangel an Fähigkeiten führte zu zahlreichen Missverständnissen in der Interaktion. Die Hypothese war, dass die Teilnehmer der Studie ihr diskursives Verhalten (Sprache und Gesten) ändern, um die Missverständnisse zu beheben.

Die zweite Objektlernstudie war identisch in Bezug auf die Aufgabe [LHL⁺09]. Allerdings war diesmal der Roboter ferngesteuert (Wizard of Oz Setup), was die Teilnehmer aber nicht wussten. Ein Skript bestimmte, welche Reaktion der Roboter an einem bestimmten Punkt der Interaktion auf ein gezeigtes Objekt äußerte. Jeder Teilnehmer absolvierte zwei Durchgänge: einen positiven, in dem der Roboter viele Objekte sofort erkannte, und einen negativen, in dem der Roboter oft die Objekte nicht lernte. Mit Hilfe dieser zweiten Studie konnte analysiert werden, wie sich das Verhalten der Nutzer als Reaktion auf die Interaktionssituation verändert. Außerdem zeigte der Roboter aufgrund der Wizard of Oz Methodik wesentlich mehr Fähigkeiten.

Die *home tour Studie* umfasste nicht nur das Lernen von Objekten, sondern auch das Herumführen des Roboters und das Lernen von Räumen. Sie wurde mit dem Ziel durchgeführt, einen Datenkorpus in einer realistischen Umgebung aufzunehmen. Die Studie bestand aus zwei Iterationen mit insgesamt 24 Teilnehmern. Weitere Informationen zu dieser Studie sind in [LHP⁺09] beschrieben.

6 Zusammenfassung der Ergebnisse und Konklusion

Im Rahmen dieser Zusammenfassung ist es leider nicht möglich, die Ergebnisse im Detail darzustellen. Daher sollen die der Arbeit zugrunde liegenden Ziele (s. Abschnitt 1.1) noch einmal aufgegriffen werden und es soll kurz erläutert werden, inwiefern diese erreicht wurden. Das erste Ziel war die Entwicklung eines Modells, das die dynamische Veränderung von Erwartungen in der Interaktionssituation erfasst und die Vorhersage des Nutzerverhaltens unterstützt. Dieses Modell wurde in Abschnitt 3 kurz vorgestellt. Zahlreiche im Rahmen der Arbeit durchgeführte Analysen haben gezeigt, dass im Sinne des Modells der Roboter tatsächlich viele Erwartungen der Nutzer erfüllt, viele andere aber auch nicht. Dies führte zu bestimmten Verhalten der Teilnehmer in den Studien. Da in vielen Interaktionssituationen ein Großteil der Teilnehmer identische Verhalten zeigte, konnte geschlossen werden, dass diese tatsächlich von der Situation verursacht wurden. So wurde gezeigt, dass das Modell dazu dient, das Verhalten der Nutzer in bestimmten Situationen vorherzusagen. Daher erfüllen die vorgenommenen Untersuchungen tatsächlich den Zweck, die Entwickler von Robotersystemen beim Design der Interaktion zu unterstützen. Dieses erste Ziel wurde begleitet vom zweiten Ziel, der Entwicklung eines Ansatzes zur detaillierten Beschreibung der Interaktionssituationen. Ein entsprechender Ansatz wurde in Abschnitt 2 vorgestellt. Er beruht auf der Übertragung von Merkmalen der MMI auf die

MRI und auf der Unterscheidung verschiedener Spezifikationsebenen. Bei der Analyse der Daten wurde dieser Ansatz genutzt, um verschiedene Interaktionssituationen auf der Ebene von Szenario, Aufgabe, und spezifischer Situation zu beschreiben. Außerdem wurden MRI Situationen mit MMI Situationen verglichen. Es konnten multimodale, situationspezifische Verhaltensrepertoires (Sprache, Gestik, Körperorientierung, Blickrichtung) erstellt und typische Verhaltensmuster beschrieben werden. Außerdem wurde gezeigt, dass der Ansatz erlaubt zu ermitteln, wie sich das Nutzerverhalten im Rahmen der Interaktionssituation verändert. Für die weitere Entwicklung von Robotern kann der Ansatz daher zur Verbesserung der Situationswahrnehmung des Roboters beitragen, d.h. das System kann auf Basis vergangener Situationen besser vorhersagen, welches Verhalten der Nutzer als nächstes zeigen wird.

Das dritte Ziel der Dissertation war die Entwicklung qualitativer und quantitativer Methoden, die zur systematischen Erforschung der MRI beitragen. Eine Übersicht der verwendeten Methoden wurde in Abschnitt 4 vorgestellt. Außerdem wurden SALEM und SInA als neue Methoden eingeführt. Im Rahmen der Arbeit wurde gezeigt, dass diese Methoden dem Anspruch der Generalisierbarkeit und Effizienz entsprechen.

Das vierte und letzte Ziel der Arbeit war es zu zeigen, dass die MRI die Erwartungsforschung vorantreiben und einen wertvollen Beitrag leisten kann. Die Dissertation enthält zahlreiche Beispiele die belegen, dass der Nutzer in der MRI spezifische Erwartungen hat. An vielen Stellen konnte gezeigt werden, dass diese Erwartungen auf Erfahrungen in der MMI beruhen. Oft wurden diese Erwartungen durch den Roboter nicht erfüllt, da er über sehr eingeschränkte Fähigkeiten und Wissen verfügt. In diesem Sinne war die Interaktion asymmetrisch. Die Verkleinerung dieser Asymmetrie ist direkt mit dem ersten Ziel der Dissertation, der Verbesserung der Vorhersage des Nutzerverhaltens und des Wissens über die Situation, verbunden. Nichtsdestotrotz, kann die Asymmetrie der MRI auch ganz bewusst genutzt werden, um die Entwicklung von Erwartungen in asymmetrischen Interaktionssituationen im Allgemeinen zu untersuchen. In diesem Zusammenhang bietet der Roboter den großen Vorteil, dass er gleiche Verhalten immer wieder reproduzieren kann. Zusammenfassend konnte gezeigt werden, dass die MRI zur Erwartungsforschung beitragen kann und selbst von ihr profitiert.

Literatur

- [AFG81] M. Argyle, A. Furnham und J.A. Graham. *Social Situations*. Cambridge University Press: Cambridge, 1981.
- [Cra81] Kenneth H. Craik. *Towards a Psychology of Situations*, Kapitel Environmental Assessment and Situational Analysis, Seiten 37–48. Lawrence Erlbaum Associates: Hillsdale, NJ, 1981.
- [Gof61] E. Goffman. *Encounters*. Indianapolis: Bobbs-Merrill, 1961.
- [Hec77] H. Heckhausen. Achievement motivation and its constructs: A cognitive model. *Motivation and Emotion*, 1 (4):283–329, 1977.
- [HLD10] M. Hanheide, M. Lohse und A. Dierker. SALEM - Statistical Analysis of Elan files in Matlab. *Proceedings of Workshop on Multimodal Corpora: Advances in Capturing*,

Coding and Analyzing Multimodality, 7th International Conference for Language Resources and Evaluation (LREC 2010), 2010.

- [HS08] M. Hanheide und G. Sagerer. Active Memory-based Interaction Strategies for Learning-enabling Behaviors. *Proc. International Symposium on Robot and Human Interactive Communication (RO-MAN)*, 2008.
- [Kha98] Z. Khan. Attitudes towards intelligent service robots Nr. TRITA-NA P9821, IP-Lab-154. Bericht, IPLab, Royal Institute of Technology (KTH), Sweden, 1998.
- [LHL⁺09] C. Lang, M. Hanheide, M. Lohse, H. Wersing und G. Sagerer. Feedback Interpretation based on Facial Expressions in Human-Robot Interaction. *Proceedings of 18th IEEE International Symposium on Robot and Human Interactive Communication (RO-MAN2009)*, 2009.
- [LHP⁺09] M. Lohse, M. Hanheide, K. Pitsch, K. J. Rohlfing und G. Sagerer. Improving HRI design applying Systemic Interaction Analysis (SiNA). *Interaction Studies*, 10:3:299–324, 2009.
- [LRWS08] M. Lohse, K. J. Rohlfing, B. Wrede und G. Sagerer. Try Something Else! When Users Change Their Discursive Behavior in Human-Robot Interaction. *Proceedings of 2008 IEEE International Conference on Robotics and Automation, Pasadena, CA, USA*, 2008.
- [Mag81] D. Magnusson. *Towards a Psychology of Situations*, Kapitel Problems in Environmental Analysis - An Introduction, Seiten 3–7. Lawrence Erlbaum Associates: Hillsdale, NJ, 1981.
- [RMS08] C. Ray, F. Mondada und R. Siegwart. What do people expect from robots? *2008 IEEE/RSJ International Conference on Intelligent Robots and Systems, Nice, France*, Seiten 3816–3821, 2008.
- [RRG03] K. J. Rohlfing, M. Rehm und K. U. Goecke. Situatedness: The interplay between context(s) and situation. *Journal of Cognition and Culture*, 3(2):132–157, 2003.
- [Sch99] R. C. Schank. *Dynamic Memory Revisited*. Cambridge University Press, 1999.
- [Smi05] L. B. Smith. Cognition as a dynamic system: Principles from embodiment. *Developmental Review*, 25:278–298, 2005.
- [WKR⁺10] B. Wrede, S. Kopp, K. J. Rohlfing, M. Lohse und C. Muhl. Appropriate feedback in asymmetric interactions. *Journal of Pragmatics*, 9:2369–2384, 2010.

Manja Lohse ist wissenschaftliche Mitarbeiterin am Research Institute for Cognition and Robotics (CoR-Lab) in der Gruppe Hybrid Society an der Universität Bielefeld. Von 2000 bis 2006 studierte sie Angewandte Medienwissenschaft an der Universität Ilmenau. Anschließend war sie Doktorandin in der Arbeitsgruppe Angewandte Informatik der Universität Bielefeld, wo sie 2010 ihre Dissertation abschloß. Ihre Forschungsinteressen liegen im Bereich des nutzerzentrierten Systemdesigns, der Perzeption technischer Systeme durch die Nutzer, der sozialen Aspekte der Mensch-Roboter Interaktion und der Evaluationsmethoden für die Erforschung multimodaler Systeme.



ischer Systeme durch die Nutzer, der sozialen Aspekte der Mensch-Roboter Interaktion und der Evaluationsmethoden für die Erforschung multimodaler Systeme.

WCET-fähige Quellcode- und Assembler-Optimierungstechniken für Realzeitsysteme

Paul Lokuciejewski

paul.lokuciejewski@tu-dortmund.de

Abstract: Die gängige Praxis zum Design von Software für Realzeitsysteme ist zeit-
aufwändig und fehleranfällig. Bisher existiert keine Werkzeugunterstützung, die dem
Entwickler hilft, automatisch die maximale Ausführungszeit (worst-case execution time,
WCET) eines Systems während der Codegenerierung zu bestimmen und diese
gezielt für Optimierungen auszunutzen.

Diese Dissertation beschreibt Konzepte und eine Compiler-Infrastruktur für eine
WCET-fähige Codegenerierung und Optimierungstechniken zur WCET-Reduktion.
Als Resultat ermöglicht der neuartige Compiler eine explizite Optimierung des Codes
hinsichtlich der WCET, eine Automatisierung wesentlicher Schritte während des De-
signs von Realzeit-Software sowie die Reduktion von Kosten von Realzeitsystemen
durch den Einsatz von für die Spezifikation zugeschnittenen Hardware.

1 Eingebettete Systeme in der Anwendung

Computersysteme sind grundlegend für die heutige Gesellschaft. In den vorherigen Jahr-
zehnten operierten Rechner als große Mainframes, um Menschen durch die Datenverarbei-
tung im Geschäftsleben zu unterstützen. Nach dieser Ära revolutionierten sogenannte *Per-
sonal Computer* die neunziger Jahre, indem Rechenleistung einer weiten Masse der Welt-
bevölkerung zugänglich wurde. Der Trend der Miniaturisierung setzt sich bis in die heu-
tigen Tage fort. Das Resultat sind kleine und leistungsstarke Systeme, die oft in größeren
Systemen integriert sind.

Während Mainframes und Desktop-Rechner stationär sind, sind die Systeme der Zukunft
mobil - und ändern die Wahrnehmung der Computertechnologie. Sie begleiten den Benut-
zer permanent, entweder in Form von tragbaren Geräten oder als Teil von Systemen, denen
wir tagtäglich begegnen. Aufgrund ihrer Verschmelzung mit größeren Systemen werden
diese daher oft als *allgegenwärtige Systeme* [Wei99] bezeichnet - eine Bezeichnung, die
die Informationstechnologie der nächsten Generation charakterisiert.

Die technische Basis für diese Technologie bilden sogenannte *Eingebettete Systeme*. Die
Hauptmerkmale dieser Systeme sind die Integration in ein größeres Produkt und die In-
formationsverarbeitung als wesentliches Anwendungsgebiet [Mar10]. Die sich rapide ver-
bessernde Performance und der Preisabfall bei Prozessoren, die in Eingebetteten Systemen
eingesetzt werden können, macht diese Systeme attraktiv für eine Vielzahl von Applika-
tionen, wie man sie z.B. im Bereich der Telekommunikation, der Unterhaltungselektronik

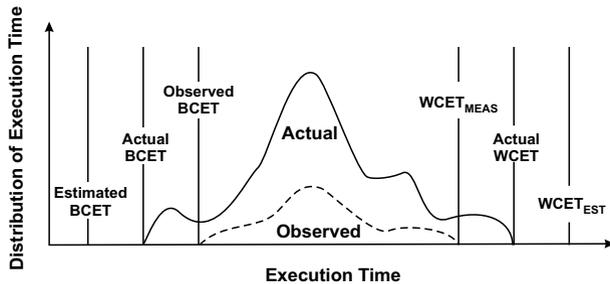


Abbildung 1: Verteilung der Ausführungszeit

sowie der Automobile und Luftfahrt vorfindet.

All diese Anwendungsbereiche stellen hohe Anforderungen an moderne Eingebettete Systeme. Neben ökonomischen Anforderungen, zum Beispiel geringe Entwicklungskosten und schnelle Markteinführung [Vah02], müssen diese Systeme unterschiedliche, nicht-funktionale Voraussetzungen erfüllen. Beispiele dafür sind die Temperatur- und Energieeffizienz oder die durchschnittliche Programmlaufzeit.

Eingebettete Systeme interagieren aber auch zunehmend mit der physikalischen Umgebung. In dieser Umgebung müssen zeitliche Anforderungen erfüllt werden. Insbesondere in sicherheitskritischen Systemen, wie dem Automobil- und Luftfahrtsektor, müssen strenge Zeitbedingungen eingehalten werden. Falls die Berechnung nicht innerhalb einer definierten Zeitspanne erfolgt, kann dies zu schweren Qualitätseinbußen (zum Beispiel wenn die Audioqualität durch Aussetzer leidet) oder sogar körperlichem Schaden des Benutzers (zum Beispiel wenn der Autoairbag zu spät auslöst) führen. Um diese strikten Zeitbedingungen einzuhalten, müssen größtmögliche Ausführungszeiten bestimmt werden, die Aussagen über die Worst-case-Performance erlauben. Zur Bestimmung dieses Wertes müssen die Worst-case-Eingabedaten und ein Systemzustand, der zur maximalen Ausführungszeit führt, angenommen werden. Sind die Zeitschranken bekannt, kann der Systemdesigner sicherstellen, dass Zeitbedingungen erfüllt werden, indem er entweder die Software optimiert oder eine angemessene Hardware einsetzt.

Aufgrund der vielfältigen Anforderungen, die an moderne Eingebettete Systeme gestellt werden, stellt ihr Design ein anspruchsvolles, multikriterielles Optimierungsproblem dar. Im Folgenden werden einige Herausforderungen an den Designprozess von Eingebetteten Systemen diskutiert und anschließend mögliche Lösungen vorgestellt, die im Rahmen dieser Dissertation erarbeitet wurden.

2 Design von Eingebetteten Realzeitsystemen

Das korrekte zeitliche Verhalten ist eine notwendige Eigenschaft von Systemen, die häufig als *Realzeitsysteme* bezeichnet werden. Nach der Definition hängt die Korrektheit eines Realzeitsystems nicht nur von dem Resultat der Berechnung ab, sondern auch von der

Zeit, in der das Ergebnis generiert wird [Sta88]. Systeme, bei denen die Nichteinhaltung von Zeitbedingungen zu einer Katastrophe führen kann, heißen *harte* Realzeitsysteme. Ein entscheidender Parameter ist hierbei die maximale Ausführungszeit (engl. *worst-case execution time (WCET)*). Abbildung 1 zeigt wichtige zeitliche Eigenschaften einer Realzeit-Applikation. Eine Applikation weist in der Regel eine bestimmte Variation in der Ausführungszeit auf, die von den Eingabedaten und unterschiedlichen Systemzuständen resultiert. Diese werden in der Abbildung auf der horizontalen Achse dargestellt, während die vertikale Achse ihre Verteilung aufzeigt. Die WCET ist die maximale Ausführungszeit, die jemals auftreten kann. Um diese Zeit zu ermitteln, ist es in der Praxis normalerweise aufgrund des sehr großen Suchraums nicht möglich, alle Eingaben und Systemzustände zu untersuchen. Daher kann eine Simulation, bei der ausschließlich die Worst-case-Eingaben, nicht aber der Prozessorzustand (wie der Zustand des Caches oder der Pipeline) beachtet werden, zu einem unzureichenden Wert führen (siehe $WCET_{MEAS}$ in Abbildung), welcher für die Verifikation von harten Realzeitsystemen unzureichend ist.

Daher ist es notwendig, formale Methoden für die Bestimmung der WCET einzusetzen. Diese analysieren das System auf eine statische Weise, um sichere Aussagen über das Zeitverhalten zu treffen. Aufgrund der Unentscheidbarkeit ist es jedoch im Allgemeinen nicht möglich, die WCET zu bestimmen, da man hierdurch das Halteproblem lösen könnte. Daher kann die WCET nur für eine bestimmte Menge von Programmen berechnet werden, die folgende Bedingungen einhalten: Das analysierte Programm muss garantiert terminieren und Informationen zur Schleifenausführungshäufigkeiten sowie der Rekursionstiefe müssen der Analyse zur Verfügung gestellt werden.

Aber auch unter der Berücksichtigung dieser Einschränkungen ist es unmöglich, die eigentliche WCET (siehe *Actual WCET*) zu bestimmen. Moderne Prozessoren sind mit komplexen Features ausgestattet, wie Pipelines oder Caches, die oft statisch nicht präzise analysiert werden können. Während der Analyse müssen Unsicherheiten konservativ approximiert werden, die zu einer Überschätzung des Resultats führt. Des Weiteren erfordert eine sichere Approximation der eigentlichen WCET eine Abstraktion der möglichen Eingabedaten und initialen Zustände des Systems. Diese zwingende Abstraktion ist eine weitere Quelle der Ungenauigkeit. Die Konsequenz ist, dass statische Verfahren eine obere Schranke der eigentlichen WCET liefern. Diese Zeitschranke wird als die geschätzte WCET (engl. *estimated WCET*, vergl. $WCET_{EST}$ in Abbildung) bezeichnet.

2.1 Vorgehen in der Industrie zur Einhaltung von Zeitbedingungen

Das Ziel des Designs von Eingebetteten Realzeitsystemen ist die Entwicklung eines effizienten System mit einer hohen Worst-case-Performance, das heißt ein System, das eine niedrige WCET aufweist. Die Optimierung der Worst-case-Performance in der Entwicklungsphase ist ausschlaggebend für den Erfolg des Produktes. Die Reduktion der WCET kann zu einem sichereren System führen, da zeitliche Deadlines, die vor der Optimierung verpasst worden wären, nun eingehalten werden können. Ein Beispiel ist das rechtzeitige Auslösen eines Airbags. Darüber hinaus kann eine verbesserte Worst-case-Performance signifikant die Produktkosten senken, da nach der Optimierung günstigere Hardware ein-

nicht zwingend von Vorteil für Realzeitsysteme sein. Daher ist der Systemdesigner mit folgenden Problemen konfrontiert:

1. **Ziel der Optimierung:** Welche Teile der Software sollten zur Verbesserung der Worst-case-Performance modifiziert werden?
2. **Quantifizierung:** Welchen Einfluss zeigt die Modifikation der Software bezüglich der Worst-case-Performance?

Da die Antworten auf diese beiden Fragen nicht bekannt sind, führt der oben genannte Prozess der Codegenerierung für Realzeitsysteme oft zu inakzeptablen Entwicklungszeiträumen. Da die Anzahl der notwendigen Wiederholungen zur Erreichung des gewünschten Ergebnisses schwer vorhersagbar ist, wird die Entwicklungszeit zu einem non-deterministischen Faktor. Diese Situation lässt sich nur schwerlich mit den kurzen *time-to-market*-Perioden in Einklang bringen.

Der in Abbildung 2 illustrierte Design kann auch zu deutlich erhöhten Produktionskosten führen, da die Entwickler gezwungen sind, überdimensionierte und teure Hardware einsetzen müssen. Das hat zwei Gründe. Erstens führt das manuelle Tuning des Codes oft zu schwach optimierten Software. Zweitens wird der Sicherheitspuffer, der zu der gemessenen WCET addiert wird, aus Sicherheitsgründen oft zu groß gewählt. Insgesamt führen diese Schritte zu einer Verschwendung von Systemressourcen.

Die bisherige Diskussion zeigt, dass der momentane *trail-and-error*-basierte Ansatz für die Industrie ungeeignet ist, um effiziente und wettbewerbsfähige Realzeitsysteme zu entwerfen. Außerdem ist die Verwendung der WCET-Messung höchst unsicher, da es keine Garantien gibt, dass die beobachtete Zeit die Zeitbedingungen nicht verletzt.

Der erste Schritt zur Verbesserung des industriellen Designflows wäre das Ersetzen der WCET-Messung durch eine statische Zeitanalyse. Dadurch werden die Zeitinformatoren präzise, da keine künstlichen Pufferwerte verwendet werden müssen. Als Konsequenz kann günstigere Hardware verwendet werden. Zusätzlich wird die WCET-Information sicher, wodurch die potentielle Gefahr eine Verletzung der Zeitbedingungen eliminiert wird. Diese Modifikation des Designflows hilft jedoch nicht, die zeitaufwändigen Iterationsschleifen zur Überprüfung des Zeitverhaltens zu vermeiden. Daher bleiben lange Entwicklungszeiten und die schlechte Worst-case-Leistung bestehen.

Es wird deutlich, dass eine automatische Codegenerierung mit dem Ziel einer Minimierung der WCET höchst erstrebenswert ist. Solch eine Codegenerierung würde nicht nur die Markteinführungszeit signifikant reduzieren sondern würde auch den Einsatz von günstigerer Hardware ermöglichen. Diese Dissertation befasst sich mit dem drastischen Mangel von Methoden und Werkzeugen für eine automatische Minimierung der WCET von Eingebetteter Software. Der vorgeschlagene WCET-fähige Compiler reduziert die Programm-WCET automatisch, wodurch die aufwändigen und fehleranfälligen Iterationsschleifen überflüssig werden. Die Idee hinter der WCET-fähigen Übersetzung wie auch die damit verbundenen Herausforderungen werden im Folgenden diskutiert.

2.2 WCET-fähige Compiler

Mit der zunehmender Komplexität der Embedded Software kann eine hohe Codequalität nur durch optimierende Compiler erreicht werden. Modernste Compiler bieten ein breites Spektrum an Optimierungen, deren Ziel es ist, die durchschnittliche Laufzeit oder den Energieverbrauch zu minimieren. Um eine WCET-fähige Codeerzeugung zu ermöglichen, benötigt der Compiler eine enge Integration eines statischen Zeitanalysators, der die WCET eines Programm abschätzt. Die Ausführung des Zeitanalysators sollte automatisch durch den Compiler erfolgen, um den Benutzer von der Notwendigkeit zu befreien, die komplexe Umgebung für den Analysator zu konfigurieren und diesen aufzurufen. Nach dem automatischen Aufruf durch den Compiler wäre es wünschenswert, die WCET-Informationen automatisch in den Compiler zu importieren. Aus diesen Informationen kann ein WCET-Zeitmodell konstruiert werden, das von Optimierung zu einer gezielten Reduktion der maximalen Laufzeit genutzt werden kann.

Die Sensibilisierung für die WCET innerhalb eines Compilers bietet einen signifikanten Vorteil gegenüber herkömmlichen Compilern. Der Einfluss von Code-Transformationen auf das Zeitverhalten eines Programms ist häufig nicht intuitiv. Das führt zu dem weit verbreiteten Problem, dass Optimierungen aktueller Compiler zu einer Verschlechterung der Performance führen können [LOW09]. Im Gegensatz dazu erlaubt die Existenz eines Zeitmodells innerhalb des Compilers die Evaluation von Code-Modifikationen zur Vermeidung von negativen Effekten.

Herausforderungen bei der WCET-Minimierung

Im Vergleich zu traditionellen Compiler-Optimierungen sind WCET-fähige Optimierungen mit neuartigen Herausforderungen verknüpft. Die weit verbreitete Regel “make the common case fast” [HP03] ist für Realzeitsysteme nicht anwendbar, da selten ausgeführte Bereiche des Codes signifikant zu der WCET eines Programms beitragen können und diese somit zu viel versprechenden Optimierungskandidaten werden.

Um die kritischen Bereiche des Codes zu identifizieren, muss der Compiler in der Lage sein, den sogenannten *Worst-Case-Ausführungspfad* (worst-case execution path (WCEP)) zu finden, also den Pfad durch das Programm, dessen Ausführungszeit der WCET des Programms entspricht. Andere Code-Abschnitte, die nicht auf dem WCEP liegen, tragen nicht zur Worst-case-Performance bei und sind daher nicht für eine Optimierung geeignet.

Für eine effektive WCET-Minimierung ist es jedoch nicht ausreichend, den WCEP einmalig zu bestimmen und alle Optimierungsschritte auf diesem ursprünglichen Pfad durchzuführen. Der Grund ist die Instabilität des WCEP, oft auch als Pfadwechsel bezeichnet. Abbildung 3 illustriert dieses Problem anhand eines Kontrollfluß-Graphen, bei dem die Knoten Basisblöcke im Code inklusive ihrer WCET darstellen, während Kanten die Kontrollfluß-Abhängigkeiten repräsentieren. Fett markierte Kanten zeigen dabei den Verlauf des WCEPs. Beginnend mit dem Kontrollfluß-Graphen in Abbildung 3(a) könnte eine Transformation die WCET des Blocks *b* um 30 Zyklen reduzieren. Als Resultat wechselt

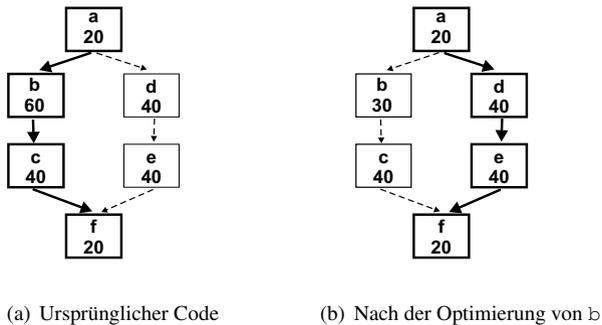


Abbildung 3: Pfadwechsel bei Code-Modifikationen

der WCET in den rechten Zweig des Graphen wie in Abbildung 3(b) gezeigt. Die gesamte WCET des Programms von 140 Zyklen hat sich jedoch nicht um 30 Zyklen sondern nur um 20 reduziert, da die Länge des neuen WCET 120 Zyklen beträgt. Das zeigt, dass Optimierungen sich der Pfadwechsel bewusst sein müssen, um weitere Optimierungsschritte auf einem veralteten WCET zu vermeiden.

Zusammenfassend kann festgehalten werden, dass sich ein WCET-fähiger Compiler folgenden Herausforderungen stellen muss:

- **Existenz eines präzisen WCET-Zeitmodells**

Während des gesamten Optimierungsprozesses muss der Compiler Zugriff auf detailliertes Wissen über das zeitliche Verhalten des Programms besitzen. Dieses Zeitmodell steuert eine systematische WCET-Minimierung.

- **Neue Optimierungs-Paradigmen**

Traditionelle Compiler-Optimierungen, die überwiegend auf die Reduktion der durchschnittlichen Laufzeit ausgerichtet sind, sind oft für eine WCET-Optimierung nicht geeignet. Daher ist ihre Anpassung bzw. ein komplettes Redesign für diese neue Problemstellung unumgänglich.

- **Bewusstsein über WCET-Wechsel**

Code-Modifizierungen erfordern ein Update der WCET-Informationen, um sicherzustellen, dass Optimierungen nicht auf veralteten Pfaden arbeiten.

- **Multikriterielle Optimierungen**

Um den vielfältigen Anforderungen, die an das Design von modernen Einbetteten Realzeitsystemen gestellt werden, gerecht zu werden, sollte ein fortgeschrittener Compiler die Infrastruktur für multikriterielle Optimierungen bereit stellen. Die dabei betrachteten Kostenfunktionen sollten dabei neben der WCET mindestens auch die durchschnittliche Programmlaufzeit und die Codegröße umfassen.

3 Beitrag dieser Dissertation

Konventionelle Methoden und momentan verfügbare Werkzeuge bieten nicht das Potential, System-Entwickler bei der WCET-fähigen Codegenerierung zu unterstützen. Um aus diesem Dilemma einen Ausweg zu schaffen, schlägt diese Dissertation ein Compiler-Framework, Analysen sowie eine breite Spanne an Optimierungen zur WCET-Minimierung vor. Im Detail liefert diese Arbeit folgende Beiträge zu dem aktuellen Stand der Wissenschaft und der Praxis auf dem Gebiet der Entwicklung von Eingebetteten Systemen:

- **WCET-fähiges Compiler-Framework**

Der in dieser Arbeit entwickelte Compiler-Framework namens WCC repräsentiert eine Verschmelzung eines fortgeschrittenen Compilers und eines Zeitanalysators. Der WCC ist der erste und momentan einzige voll funktionierende WCET-fähige Compiler. Durch die Kopplung des Compilers mit einem statischen WCET-Analysator können WCET-Informationen in den Compiler integriert werden.

- **Statische Schleifenanalyse**

Die Infrastruktur des WCC-Compilers wurde um eine statische Schleifenanalyse erweitert, die auf Techniken der Abstrakten Interpretation basiert. Die Schleifenanalyse berechnet Schleifeniterationshäufigkeiten - eine Information, die für eine automatische Zeitanalyse notwendig ist und darüber hinaus in dieser Arbeit für Schleifenoptimierungen genutzt wird. Auf diese Weise wird der Benutzer von einer fehleranfälligen und aufwändigen Konfiguration des Zeitanalyse befreit, was den WCC zu einem voll-automatischen Entwicklungswerkzeug macht.

- **Entwicklung neuartiger Quellcode- sowie Assembler-Optimierungen**

Die Optimierungen, die in dieser Arbeit entwickelt wurden und sowohl auf einer ANSI-C- sowie einer Assembler-ähnlichen Code-Zwischendarstellung durchgeführt werden, umfassen unter anderem folgende WCET-fähige Optimierungen: Procedure Cloning, Superblock-Optimierungen, Loop Unrolling, Loop Unswitching und Function Inlining, Procedure Positioning und Trace Scheduling. All diese Optimierungen nutzen zusätzlich die WCET-Daten, um eine effektive WCET-Reduktion zu ermöglichen. Ergebnisse auf realistischen Benchmarks zeigen, dass durchschnittliche WCET-Reduktion um bis zu 57,5 Prozent erreicht werden konnten.

- **Maschinelles Lernen-basierende Compiler-Heuristiken zur WCET-Reduktion**

Die Entwicklung von Heuristiken für Compiler-Optimierungen ist eine mühselige Aufgabe, die sowohl eine große Expertise als auch ein extensives *trial-and-error*-Tuning erfordert. In jüngster Zeit wurde durch maschinelles Lernen gezeigt, dass diese Technik für eine automatische Generierung von Compiler-Heuristiken geeignet ist. Der Vorteil dieser Heuristiken ist, dass sie leicht an eine neue Umgebung angepasst werden können und darüber hinaus handgeschriebene Optimierungen übertreffen können. In dieser Arbeit wurde das Verfahren des *überwachten Lernens* zum ersten Mal für eine WCET-Minimierung eingesetzt. Dazu wurde ein Werkzeug des maschinellen Lernens in den WCC integriert und für die Entwicklung der WCET-fähigen Optimierungen Function Inlining und Loop-Invariant Code Mo-

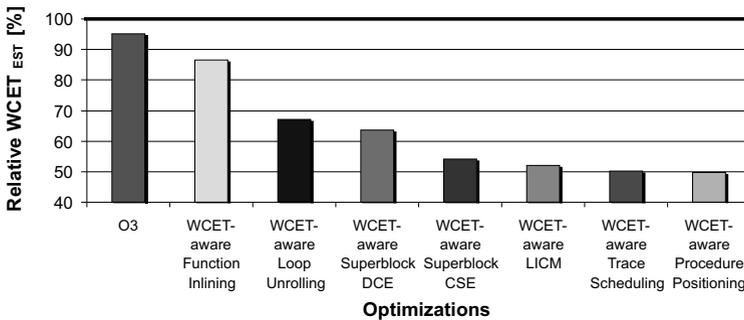


Abbildung 4: Relative WCET nach Anwendung von WCET-fähigen Optimierungen

tion eingesetzt. Anhand einer Evaluation an Benchmarks wurde eine durchschnittliche WCET-Reduktion von 9,1 Prozent erreicht.

- **Multikriterielle Compiler-Optimierungen**

Die Qualität des Codes hängt signifikant von der Wahl der Compiler-Optimierungen ab. Moderne Compiler bieten ein breites Portfolio an Optimierungen, welche komplexe Interaktionen untereinander aufzeigen und damit im Gesamtergebnis den Einfluss auf die Kostenfunktionen des Compilers unvorhersehbar werden lassen. Die vorliegende Arbeit ist die erste, die sich explizit die multikriterielle Natur von eingebetteten Realzeitsystemen im Compilerbau adressiert. Durch die Verwendung von evolutionären Algorithmen wurde der WCC-Compiler eingesetzt, um Optimierungssequenzen mit konkurrierenden Zielen ausfindig zu machen. Die ermittelten Lösungen repräsentieren Pareto-Fronapproximationen und zeigen, welche Kompromisse bzw. trade-offs zwischen den Kostenfunktionen WCET, durchschnittliche Programmlaufzeit und Codegröße erreicht werden können. Tests an Benchmark haben gezeigt, dass durchschnittliche WCET-Reduktionen von bis zu 28,0 Prozent gegenüber der höchsten Standard-Optimierungsstufe erzielt werden können.

4 Beispielhafte WCET-Reduktion

Zum Abschluss soll anhand eines Beispiels die Performance der in dieser Arbeit entwickelten Techniken demonstriert werden. Hierzu wurden einige der WCET-fähigen Optimierungen für den Benchmark *fir2dim*, dessen Ziel eine Simulation eines Filters ist, schrittweise angewendet. Die 100-Prozent-Marke in Abbildung 4 entspricht der geschätzten WCET des Programms vor den Optimierungen, während der linke Balken die relative WCET nach Anwendung aller in Compiler integrierten (nicht WCET-fähigen) Optimierungen (zusammengefasst in der Optimierungsstufe *O3*) zeigt. Die nachfolgenden Balken stellen die relative WCET dar, wenn nacheinander die entwickelten Optimierungen angewendet werden.

Wie in der Abbildung zu sehen ist, können traditionelle Optimierungen die WCET des Benchmarks um 4.8 Prozent reduzieren. Durch die Anwendung der neuartigen WCET-fähigen Optimierungen kann die WCET schrittweise gesenkt werden und erreicht nach der Anwendung der letzten Optimierung eine relative WCET von 49.7 Prozent. Damit konnte die WCET dieses Programms halbiert werden, was die Effektivität dieser Optimierungen beweist. Damit unterstreicht dieses Beispiel den Kern der Arbeit: Für eine hohe WCET-Reduktion sind traditionelle Compiler-Optimierungen nicht ausreichend. Es bedarf neuartiger Optimierungen, die explizit die WCET als Kostenfunktion betrachten. Mit dieser Dissertation wird eine erste umfassende Arbeit zu diesem Thema vorgelegt.

Literatur

- [HP03] John L. Hennessy und David A. Patterson. *Computer Architecture: A Quantitative Approach*. Morgan Kaufmann Publishers, San Francisco, USA, 2003.
- [LOW09] Hugh Leather, Michael O’Boyle und Bruce Worton. Raced Profiles: Efficient Selection of Competing Compiler Optimizations. In *Proceedings of the ACM SIGPLAN/SIGBED Conference on Languages, Compilers, and Tools for Embedded Systems (LCTES)*, Seiten 50–59, Dublin, Ireland, June 2009.
- [Mar10] Peter Marwedel. *Embedded System Design*. Springer, 2nd edition. Auflage, 2010.
- [Sta88] John A. Stankovic. Misconceptions About Real-Time Computing: A Serious Problem for Next-Generation Systems. *Computer*, 21(10):10–19, 1988.
- [Vah02] Frank Vahid. *Embedded System Design: A Unified Hardware/Software Introduction*. John Wiley & Sons, Inc., New York, USA, 2002.
- [Vah08] Frank Vahid. Timing is Everything – Embedded Systems Demand Teaching of Structured Time-Oriented Programming. In *Proceedings of the Workshop on Embedded Systems Education (WESE)*, Seiten 1–9, Atlanta, USA, October 2008.
- [Wei99] Mark D. Weiser. The Computer for the 21st Century. *ACM SIGMOBILE Mobile Computing and Communications Review*, 3(3):3–11, 1999.



Paul Lokuciejewski studierte Angewandte Informatik an der Universität Dortmund sowie der California State University Bakersfield, USA, und erhielt sein Diplom in 2005. Anschließend arbeitete er unter der Leitung von Prof. Peter Marwedel als Mitglied der Embedded Systems Group in Dortmund. In 2010 schloss Paul Lokuciejewski seine Promotion in der Informatik mit Auszeichnung an der Technischen Universität Dortmund ab. Sein Forschungsschwerpunkt sind Compiler-Optimierungstechniken für Realzeitsysteme. Als einer der leitenden Forscher des WCC-Compiler-Teams in Dortmund hat Dr. Lokuciejewski den ersten WCET-fähigen Compiler WCC sowie eine Vielzahl neuartiger WCET-fähiger Optimierungen für die Quellcode- als auch für die Assembler-Ebene des Programmcodes entwickelt.

Multithreading als Programmier- und Ausführungsmodell für rekonfigurierbare Hardware

Enno Lübbbers

Institut für Informatik, Universität Paderborn / EADS Innovation Works, München
enno.luebbbers@{upb.de / eads.net}

Abstract: Zunehmende Integrationsdichte und die Verbindung von programmierbarer Logik mit leistungsfähigen Mikroprozessoren haben dazu geführt, dass moderne Field-Programmable Gate Arrays (FPGAs) zunehmend aus ihren klassischen Rollen als Verbindungslogik, Emulations- und Prototypisierungsplattform ausbrechen und zur Umsetzung vollständiger rekonfigurierbarer “Systems-on-Chip” genutzt werden. Konventionelle Entwurfsmethoden eignen sich jedoch nur unzureichend zur Programmierung dieser hybriden rekonfigurierbaren Computer. Insbesondere überlappen sich die Programmiermodelle für Software (SW) und digitale Hardware (HW) nicht ausreichend, was das Potential für die Wiederverwendung von Modulen und die flexible Nutzung des HW/SW-Entwurfsraumes stark schmälert. Darüber hinaus findet die vielversprechende Möglichkeit zur partiellen Rekonfiguration, wie sie moderne FPGAs bieten, bisher keine Entsprechung in einem verbreiteten Entwurfsverfahren. Die vorliegende Arbeit stellt ein neuartiges und grundlegendes Konzept der Programmierung von Hardwaremodulen als Threads für programmierbare Hardware vor. Neben der Übertragung des Multithreading-Programmiermodells, welches bereits verbreitet und erfolgreich in Softwareumgebungen eingesetzt wird, auf rekonfigurierbare Hardware zeigt sie ein Laufzeitsystem namens ReconOS, das auf bestehenden eingebetteten Betriebssystemen basiert und die Erstellung von portablen und flexiblen HW/SW-Anwendungen für partiell rekonfigurierbare CPU/FPGA-Systeme ermöglicht.

1 Einleitung

Die Wahl der richtigen Architektur für ein eingebettetes System ist und war immer ein Balanceakt zwischen konkurrierenden Zielen und Beschränkungen. Heutige Entwickler sehen sich einem breiten Spektrum an verfügbaren Rechenelementen gegenüber – von flexiblen Mikroprozessoren über digitale Signalprozessoren (DSPs), Prozessoren mit anwendungsspezifischem Instruktionssatz (ASIPs) und FPGAs bis zu hochspezialisierten anwendungsspezifischen integrierten Schaltungen (ASICs). Jede dieser Klassen an Rechenelementen verfügt über einen eigenen Satz an Programmiermodellen und Entwurfswerkzeugen, die sich an den Spezifika der jeweiligen Zieltechnologie orientieren. Durch die Berücksichtigung von Entwurfsaspekten entwickelt sich die Wahl einer dem Problem angemessenen Ausführungsumgebung von einem einfachen Trade-Off zwischen Kosten und Rechenleistung zu einem deutlich komplexeren Problem.

Moderne eingebettete Systeme benötigen zunehmend ein hohes Maß an Rechenleistung, beispielsweise für Aufgaben aus der Signalverarbeitung, Kompression, oder Kryptographie. Gleichzeitig sind solchen Systeme enge Grenzen in punkto Kosten, Energieverbrauch

und auch Entwicklungsaufwand gesteckt. Getrieben durch die steigenden Kosten moderner Prozesstechnologien und die hohe Leistungsaufnahme aktueller Prozessorfamilien ist der Bedarf an sogenannten *off-the-shelf*-Komponenten (oder auch Plattformen) mit geringem oder zumindest skalierbarem Energieverbrauch stetig gestiegen. Dadurch hat sich das Spektrum der anwendbaren Rechnerarchitekturen auf eingebettete Prozessoren, DSPs und FPGAs verengt, was dazu führt, dass vermehrt Prozessoren, DSP-Elemente und andere spezialisierte Komponenten in *Plattform-FPGAs* integriert werden und nun vollständig integrierte *rekonfigurierbare Systems-on-Chip* (rSoCs) bilden.

Leider hat die Entwicklung von Entwurfsmethoden und Werkzeugen für programmierbare Logik nicht mit der rasanten Entwicklung dieser Bausteine Schritt gehalten. Traditionelle Entwurfsmuster, welche spezialisierte Hardwaremodule durchgängig als passive Koprozessoren betrachten, eignen sich nur bedingt zur Programmierung rekonfigurierbarer Rechner. Insbesondere überlappen sich die Programmiermodelle für Software (ausgeführt auf eingebetteten Betriebssystemen) und digitaler Hardware (synthetisiert auf einen FPGA) nicht ausreichend, was die Nutzung des Entwurfsraums und die Wiederverwendung von Komponenten erheblich einschränkt. Auch findet das vielversprechende Konzept der *dynamischen partiellen Rekonfiguration* (DPR), also der Fähigkeit eines Bausteins, statt der gesamten Fläche nur einen Teil seiner Logik zur Laufzeit neu zu programmieren, bisher keine Entsprechung in einem ganzheitlichen Programmiermodell. Entgegen der statischen Konfiguration von rekonfigurierbarer Hardware, welche durchgängig verstanden ist und produktiv eingesetzt wird, ist die DPR noch immer ein sehr aktives Forschungsfeld. Insbesondere existiert noch kein einheitlicher Entwurfsfluss, um sowohl die Laufzeitumgebung als auch die zur Konfiguration nötigen partiellen Bitströme aus einer gemeinsamen Applikationsbeschreibung zu generieren.

Das Thema meiner Dissertation [Lüb10] ist ein einheitliches Programmier- und Ausführungsmodell, **ReconOS**, für hybride Hardware / Software-Systeme. Meine Arbeit beschreibt eine grundlegend neuartige Methode zum Entwurf von Applikationen auf modernen Plattform-FPGAs, die zum ersten Mal sowohl sequentiell ausgeführte Software als auch parallel arbeitende Hardware mit einem gemeinsamen Programmiermodell einschließt. Das Programmier- und Ausführungsmodell basiert auf dem im Bereich der Softwareentwicklung weit verbreiteten expliziten Multithreading in Kombination mit einem robusten Betriebssystemkernel. Mein Ansatz hebt Hardwaremodule erstmalig aus ihrer Rolle als passive Koprozessoren heraus und setzt sie als *Hardware-Threads* auf eine Ebene mit Software-Threads – mit Zugriff auf dieselben Betriebssystemressourcen. Dieser vereinheitlichte Entwurfsprozess erlaubt ein erhöhtes Maß an Portabilität und Wiederverwendbarkeit von Software- und Hardwarekomponenten und vereinfacht die Ausnutzung des gesamten Entwurfsraums eines hybriden Hardware-/Software-Systems; das Programmiermodell erhöht die Entwurfsproduktivität für Plattform-FPGAs auf eine Stufe, die zuvor nur rein softwarebasierten Systemen vorbehalten war. Gleichzeitig verwendet das Laufzeitsystem die Möglichkeiten zur partiellen Rekonfiguration, um die durch das Programmiermodell explizit gemachte Parallelität auf Threadebene weiter auszunutzen.

2 Hintergrund

Betriebssysteme für rekonfigurierbare Rechner bieten Forschungsansätze aus mehreren unterschiedlichen Perspektiven. Brebner [Bre96] betrachtete als einer der ersten Hardware-Multitasking als Bestandteil der Betriebssystemschicht, während andere Autoren bald weitere Dienste zur geometrischen Modifikation, Scheduling, Partitionierung, Allokation und Routing von Hardware-Tasks vorschlugen.

Die weitere Forschung konzentrierte sich auf einzelne, eigenständige Funktionen zukünftiger Hardware-Betriebssysteme. Insbesondere die Themen Platzierung und Scheduling von Hardware-Tasks wurde unter einer Vielzahl von Task- und Ressourcenmodellen betrachtet [TFS00]. Viele effiziente Schedulingverfahren, insbesondere solche für Echtzeitsysteme, setzen die unmittelbare Unterbrechbarkeit von Tasks voraus, was für Hardware aufgrund ihrer spezialisierten Ausführungsumgebung eine schwierige Herausforderung darstellt [KP05].

Viele der frühen Arbeiten waren entweder theoretisch oder wurden an Simulationen oder synthetischen Problemen evaluiert, da sich bis dato keine Betriebssystemimplementierungen oder akzeptierte Benchmarks durchsetzen konnten. Es entstanden eine Reihe von Prototypen, welche jedoch stets durch die verfügbaren Technologien und Werkzeuge beschränkt waren. Im Besonderen betrachteten die genannte Arbeiten Hardware-Tasks durchgängig als passive Koprozessoren denn als *unabhängige Ausführungseinheiten*. Einen ersten Schritt in diese Richtung zeigten Steiger, Walder und Platzner [SWP04] mit einem Prototypen, der Hardware-Tasks einen höheren Grad an Autonomie einräumt und ihnen Zugriff auf Betriebssystemobjekte wie FIFOs, Speicher, und I/O-Treiber ermöglicht. Viele neuere Arbeiten versuchen zunehmend, rekonfigurierbare Hardware mit Linux zu verbinden [KMK07, BWHC06, SB06].

Die bisherigen Ansätze koppeln Schaltungen in rekonfigurierbaren Bausteinen mit bestehenden Betriebssystemen, um die Kommunikation zwischen Hardware und Software zu erleichtern. Während dadurch der Erstellung von Hardware / Software-Systemen zu einem gewissen Grad vereinfacht wird, wird der Entwurfsraum für einen einzelnen Hardware-Tasks jedoch eingeschränkt, da nur ein einzelner spezifischer Dienst zur Kommunikation zur Verfügung steht. Im Gegensatz dazu vertritt die vorliegende Arbeit die Ansicht, dass nur durch die gemeinsame Unterstützung von Hardware und Software in einem einheitlichen Programmiermodell durch gleichartig verfügbare Betriebssystemdienste das volle Potenzial hybrider Hardware / Software-Systeme ausgeschöpft werden kann, ohne die Portierbarkeit einer Applikation zwischen unterschiedlichen Zielplattformen zu gefährden.

3 Multithreading als Hardwareprogrammiermodell

Ein weitverbreitetes Modell zur Verbindung von Hardwarebeschleunigern, die in rekonfigurierbarer Hardware realisiert sind, und softwarebasierten Systemen ist das des *Slave-Koprozessors*. Dabei ist die spezialisierte Logik des Hardwarebeschleunigers – oft zusammen mit den übrigen Peripheriekomponenten des Systems – an einen zentralen Bus angeschlossen. Die Kommunikation zwischen CPU und Beschleuniger findet hier oft über spezifische Schnittstellen, wie etwa dedizierte Register, statt. Dieses Kommunikationsmodell

für rekonfigurierbare SoCs wird auch von den gängigen kommerziellen Entwurfswerkzeugen (Xilinx EDK, Altera SoPCBuilder) unterstützt.

Durch die Verwendung dieser Schnittstellen sind Slave-Koprozessoren jedoch an eine spezifische Verbindungsstruktur und ihr Kommunikationsprotokoll gebunden; zusätzlich erfordert die proprietäre Schnittstelle des Hardwarebeschleunigers vom Entwickler der jeweiligen Softwareapplikation technologiespezifische Spezialkenntnisse und verursacht zusätzlichen Aufwand für Entwurf und Test der Verbindungslogik (beispielsweise für Speicherzugriffe oder Interruptbehandlung). Insgesamt behindern proprietäre Schnittstellen die Wiederverwendbarkeit, Portierbarkeit, Skalierbarkeit und, in Konsequenz, die Entwurfsproduktivität insgesamt.

Als Alternative zum repetitiven Entwurf und der Verwendung spezialisierter Schnittstellen für Hardwarebeschleuniger verfolgt mein Ansatz die Erweiterung des Multithreading-Programmiermodells, wie es in der Softwareentwicklung breite Anwendung findet, auf rekonfigurierbare Hardware. Betriebssysteme für eingebettete Systeme wie zum Beispiel VxWorks, RTXC, oder eCos bieten dem Entwickler einen scharf definierten Satz von Objekten und verwandten Diensten, verpackt in standardisierte Programmierschnittstellen (APIs) wie POSIX [IT04]. Unter diesen Objekten finden wir typischerweise *Threads* und *Prozesse* als ausführbare Einheiten, *Semaphore* und verwandte Dienste zur Synchronisation, und *Mailboxen* oder *Message Queues* zur Kommunikation. Diese vom Betriebssystem bereitgestellten Objekte definieren die Interaktion von applikationsspezifischen Ausführungsobjekten untereinander und mit dem Kernel und bilden somit ein Programmiermodell. Zwar ist dieses Modell nicht direkt mit einem formalen Berechnungsmodell vergleichbar, jedoch bietet es dem Entwickler eine gängige Methode um seine Anwendung zu strukturieren.

Durch die Verwendung dieses Programmiermodells für den Hardwareentwurf und die damit einhergehende Modellierung von Hardwarebeschleunigern als autonome Threads gewinnt eine so beschriebene Hardware / Software (HW/SW) Applikation ein hohes Maß an Unabhängigkeit von der verwendeten Zielplattform – die Unterstützung von unterschiedlichen FPGA-Familien, Prozessorarchitekturen oder Betriebssystemen ist implizit gewährleistet, solange eine Implementierung des Multithreading-Programmiermodells für Hardware (in Form der in Abschnitt 4 beschriebenen Laufzeitumgebung) und Software (in Form einer standardisierten API wie POSIX) gegeben ist. Gleichzeitig ermöglicht die Partitionierung einer Applikation in Threads und die explizite Kommunikation und Synchronisation über Betriebssystemobjekte die effiziente Nutzung von Plattform-FPGAs als parallele Ausführungsgebung.

3.1 Entwurf von Hardware-Threads

Die Ausführung von Software-Threads folgt einer strikt sequentiellen Semantik. Um einen Betriebssystemdienst zu nutzen, muss ein Software-Thread lediglich die korrespondierende Funktion innerhalb einer vom Betriebssystem bereitgestellten Bibliothek aufrufen. Hardware-Threads dagegen sind inhärent parallel – sie folgen typischerweise nicht einem einzelnen Kontrollfluss und haben somit keine Möglichkeit, strukturiert Betriebssystemfunktionen aufzurufen. Insbesondere bieten typische Hardwarebeschreibungssprachen wie VHDL keine Mechanismen für *blockierende Funktionsaufrufe*, wie sie für die Nutzung

von Synchronisationsobjekten notwendig sind.

Um dem Nutzer ein möglichst einheitliches Programmiermodell zur Verfügung zu stellen, verfolgt ReconOS den folgenden Ansatz: ein einzelner, speziell konstruierter Zustandsautomat initiiert und verwaltet alle Betriebssysteminteraktionen des Hardware-Threads. Zu diesem Zweck steht eine Bibliothek mit Betriebssystemfunktionen für VHDL bereit. Diese Bibliothek enthält die Implementierung der Logik für Systemaufrufe verpackt in VHDL-Prozeduren, beispielsweise `reconos_sem_wait()`. Zusammen mit dem *operating system interface* (OSIF), einem separaten synchronisierenden Logikmodul, das die Verbindung zwischen Hardware-Thread und Betriebssystem herstellt, machen diese Prozeduren die Semantik von blockierenden Funktionsaufrufen in VHDL nutzbar. Wie in Abbildung 1(b) angedeutet besteht ein Hardware-Thread also aus mindestens zwei Prozessen: einem synchronisierenden Zustandsautomaten (FSM) und der eigentlichen Thread-Logik (user logic). Die Zustandsübergänge in der FSM werden dabei jeweils vom OSIF kontrolliert; erst, wenn ein zuvor ausgelöster Betriebssystemaufruf beendet ist, wird ein Übergang in den nächsten Zustand zugelassen. Daraus ergibt sich, dass die Kommunikation des Threads mit dem Betriebssystem vollständig sequentiell abläuft, während die Ausführung der eigentlichen Threadfunktionalität in der user logic hochgradig parallel erfolgen kann. Es ist Aufgabe des Programmierers, einen Hardware-Thread in (mehrere) user logic Module und eine einzelne FSM aufzuteilen. Abgesehen von der erhöhten Komplexität eines Hardwareentwurfsprozesses unterscheidet sich dieser Vorgang nicht wesentlich von der Programmierung eines Software-Threads.

4 ReconOS Laufzeitumgebung

Um ein Höchstmaß an Flexibilität zu gewährleisten, setzt das ReconOS-Laufzeitsystem auf bestehenden Betriebssystemkernels wie eCos oder Linux auf und stellt deren Implementierungen der benötigten Betriebssystemdienste für Hardware-Threads zur Verfügung. Abbildung 1(a) zeigt ein typisches ReconOS-System. Software-Threads und der Betriebssystemkernel werden auf einem zentralen Mikroprozessor (CPU) ausgeführt, während Hardware-Threads für die Logikressourcen des FPGAs synthetisiert werden.

Das Betriebssystem-Interface (OSIF, Abb. 1(b)) bildet eine einheitliche Schnittstelle zwischen Hardware-Threads und Kernel. Es übernimmt dabei drei primäre Aufgaben:

Überwachung und Kontrolle von Hardware Threads. Wie in Abschnitt 3.1 beschrieben kontrolliert ein einzelner Zustandsautomat (FSM) des Hardware-Threads seine Interaktion mit dem Betriebssystem. Ein Threadentwickler kann innerhalb dieses Zustandsautomaten Funktionen wie `semaphore_post()` oder `thread_exit()` verwenden. Diese Funktionen kommunizieren mit dem OSIF über Signale, welches die entsprechenden Funktionen auslöst und gleichzeitig die weitere Ausführung der FSM des Threads blockiert. Zusätzlich überwacht das OSIF den Status des Hardware-Threads und spielt eine wesentliche Rolle bei seiner Initialisierung, Unterbrechung und Rekonfiguration.

Weiterleitung von Betriebssystemaufrufen. Während einige Betriebssystemfunktionen (wie beispielsweise Speicherzugriffe) direkt vom OSIF übernommen werden können, ist ein Großteil der verfügbaren Dienste im Kernel auf der CPU implementiert. Ent-

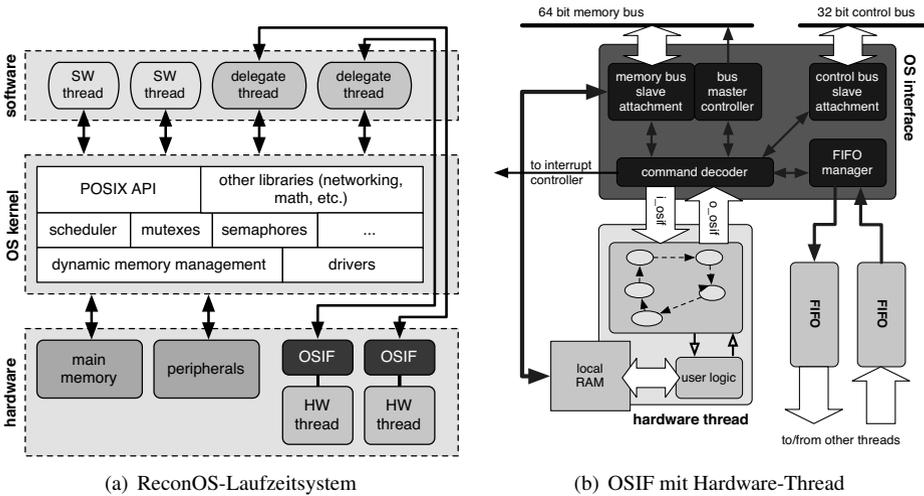


Abbildung 1: ReconOS Architektur und Betriebssystem-Interface.

sprechende Aufrufe müssen daher vom OSIF weitergeleitet werden. Beim Aufruf einer solchen Funktion wird zunächst ein Interrupt ausgelöst, der an einen sogenannten *delegate thread* (s. unten) auf der CPU weitergeleitet wird. Dieser Software-Thread fragt dann die Parameter des entsprechenden Aufrufs vom OSIF ab und führt den Betriebssystemaufruf anstelle des Hardware-Threads direkt im Betriebssystem aus. Eventuelle Rückgabewerte der Funktion werden anschließend an den Hardware-Thread zurückgegeben, bevor dieser seine Ausführung fortsetzt.

Routing von Datenkommunikation. Da die Weiterleitung von Betriebssystemaufrufen über Interrupts einen messbaren Overhead verursacht, werden Kommunikationsanfragen, die einen hohen Datendurchsatz verlangen, direkt in Hardware ohne Umweg über die CPU verarbeitet. Dazu gehören sowohl Speicherzugriffe als auch sog. Hardware-FIFOs, welche zur direkten Kommunikation zwischen Hardware-Threads eingesetzt werden und sich transparent ins Programmiermodell integrieren. Für Speicherzugriffe in komplexeren Betriebssystemen wie Linux, welche eine virtuelle Speicherverwaltung einsetzen, bietet das OSIF einen Hardware-Thread-lokalen translation-lookaside-buffer (TLB), der unter Betriebssystemkontrolle steht und selbständig Adressumsetzungen anhand der im Systemspeicher abgelegten Seitentabellen vornehmen kann.

Neben der Bereitstellung von Betriebssystemfunktionen für Hardware-Threads erweitert das ReconOS-Laufzeitsystem auch die Software-API um Funktionen zur Erstellung und Terminierung von Hardware-Threads. Dabei können sowohl statisch konfigurierte Threads als Teil der festen FPGA-Logik als auch als partielle Bitströme bereitstehende dynamisch konfigurierbare Threads verwaltet werden (s. Abschnitt 5). Diese `rthread.create()`-Aufrufe beinhalten zusätzlich Mechanismen zur Zuordnung und Verwaltung von dynamisch erzeugten Betriebssystemobjekten wie Mutexes oder Message-Queues zu ihren Hardware-Threads.

Delegate Threads Jedem Hardware-Thread auf dem FPGA steht ein Software-Thread, der sogenannte *delegate thread*, zur Seite, um für ihn Betriebssystemanfragen an den Kernel weiterzuleiten (s. Abbildung 1(a)). Dadurch, dass der delegate ein regulärer Software-Thread unter Kontrolle des Betriebssystem-Schedulers ist, bietet diese Vorgehensweise ein Höchstmaß an Flexibilität und Portierbarkeit – so erscheint ein Hardware-Thread gegenüber allen anderen Threads und dem Betriebssystemkernel als normaler Software-Thread. Dies erlaubt neben der Verwendung verschiedener Hostbetriebssysteme und assoziierter Software-Module eine stark vereinfachte Entwurfsraumexploration in Bezug auf die Hardware / Softwarepartitionierung des Gesamtsystems; ist die Applikation erst einmal in mehrere (Software-)Threads aufgeteilt, kann ein einzelner Thread einfach zwischen CPU und FPGA wechseln, ohne dass Änderungen am übrigen System nötig wären.

Hostbetriebssysteme Die transparente Integration von Hardware-Threads über delegates in das Threadmanagement des Betriebssystems ermöglicht eine Portierung des gesamten Laufzeitsystems (und damit auch des Programmiermodells) auf verschiedene Hostbetriebssysteme, um unterschiedlichen Anforderungen an die Applikation und ggf. verwendete existierende Softwarebibliotheken erfüllen zu können. Im Rahmen dieser Arbeit wurde ReconOS sowohl auf das kompakte Echtzeitbetriebssystem eCos als auch auf das weit verbreitete und vielseitige Betriebssystem Linux portiert.

Während eCos allen laufenden Software-Threads uneingeschränkten und direkten Zugriff auf die Hardware ermöglicht, unterscheidet Linux zwischen User- und Kernel-Mode mit jeweils unterschiedlichen Ausführungsprivilegien. Da die delegate threads von ReconOS als reguläre Software-Threads modelliert sind und somit nur User-Mode-Rechte genießen, unterscheiden sich die Integrationskonzepte für ReconOS/eCos und ReconOS/Linux. Der grundlegende Prozess, wie oben beschrieben, ist dabei gleich; für die Interruptverwaltung und den Hardwarezugriff des delegates unter Linux ist jedoch ein Umweg über einen Kerneltreiber nötig. Dieser übernimmt gleichzeitig die Verwaltung der Hardware-Thread-TLBs für eine transparente Umsetzung zwischen virtuellen und physikalischen Adressen.

5 Hardware Multitasking

Durch die explizite Partitionierung einer Applikation in separate, über explizite und standardisierte Schnittstellen kommunizierende Threads und die Fähigkeit moderner FPGAs zur partiellen Rekonfiguration ergibt sich die interessante Möglichkeit, Hardware-Threads zur Laufzeit auszutauschen, um so die rekonfigurierbare Fläche des FPGAs effizient zu nutzen. Das Umschalten zwischen zwei Threads kann dabei *präemptiv*, d.h. zu jedem beliebigen Zeitpunkt, *nicht-präemptiv*, d.h. nur nach Beendigung eines Threads, oder *kooperativ*, also unter Kontrolle der beteiligten Threads, erfolgen. Im Gegensatz zu Mikroprozessoren, welche den aktuellen Zustand eines Threads durch Speichern ihrer Registerinhalte jederzeit sichern können, gestaltet sich die Unterbrechung von Hardware-Threads komplizierter, da nicht explizit bekannt ist, in welchen auf dem FPGA verteilten Speicherelementen sich der aktuelle Zustand des Threads befindet. Auslesetechniken wie Bitstream-Readback [KP05] oder Scan-Chains erfordern einen hohen Aufwand in Fläche oder Unterbrechungszeit. Wird jedoch die Kontrolle des Zeitpunkts der Unterbrechung dem jeweiligen Thread überlassen, kann die Größe des zu sichernden Zustands minimiert

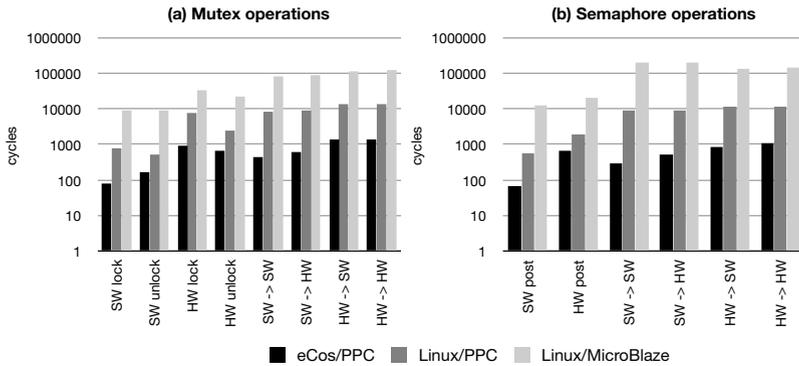


Abbildung 2: Betriebssystemoverheads am Beispiel von Synchronisationsoperationen auf Mutex- und Semaphore-Objekten. Angaben in Buszyklen (10 ns).

und die tatsächliche Unterbrechung beispielsweise auf Momente gelegt werden, in denen der Thread selbst auf externe Ressourcen wartet und leicht rekonfiguriert werden kann. Blockierende Betriebssystemaufrufe stellen dafür ideale Kandidaten dar. Zusammen mit diesen Aufrufen kann ein ReconOS-Hardware-Thread dem OSIF (und dadurch dem Betriebssystem) signalisieren, dass eine Unterbrechung möglich ist, und so ein kooperatives Multitasking von Hardware-Threads mit reduziertem Aufwand ermöglichen.

6 Experimentelle Ergebnisse

Die vorgestellten Konzepte wurden in Prototypen auf verschiedenen FPGA-Familien (Virtex-II, Virtex-4), Prozessorarchitekturen (PowerPC, MicroBlaze) und Hostbetriebssystemen (eCos, Linux) implementiert und evaluiert. Abbildung 2 zeigt (repräsentativ für Thread-initiierte Betriebssystem-Funktionen) Messungen der Ausführungszeiten von Synchronisationsoperationen. Die dabei auftretenden höheren Ausführungszeiten von Betriebssystemaufrufen mit Hardwarebeteiligung fallen insofern kaum ins Gewicht, als dass typischerweise kontroll- und synchronisationslastige Teile einer Anwendung ohnehin in Software ausgeführt werden, während die rekonfigurierbaren Ressourcen einer CPU/FPGA-Plattform zur Ausnutzung der Datenparallelität genutzt werden und mit vergleichsweise weniger Synchronisationsaufrufen auskommen.

Die Anwendbarkeit des Multithreading-Ansatzes für Hardware wurde durch mehrere Fallstudien demonstriert, darunter Anwendungen zur Bildverarbeitung [LP09], Kryptographie, adaptiven Hardwarebeschleunigung von Netzwerkprotokollen [KPL⁺10] und statistischer Objektverfolgung [HLP09]. Zur Veranschaulichung zeigt Abbildung 3(a) eine Anwendung zum Sortieren von Zahlenfolgen mit mehreren Threads, von denen einige (*sort*) in Software und/oder Hardware ausgeführt werden können. Wie die Ergebnisse in Abb. 3(b) zeigen, erlaubt die Integration von Hardware-Threads eine erhebliche Beschleunigung der Anwendung auch bei niedriger Rechenleistung der CPU; dies wiederum belegt, dass bei entsprechender Nutzung der Synchronisationsmechanismen zwischen Hard- und Software-Threads die Overheads der Betriebssystemaufrufe nicht signifikant ausfallen.

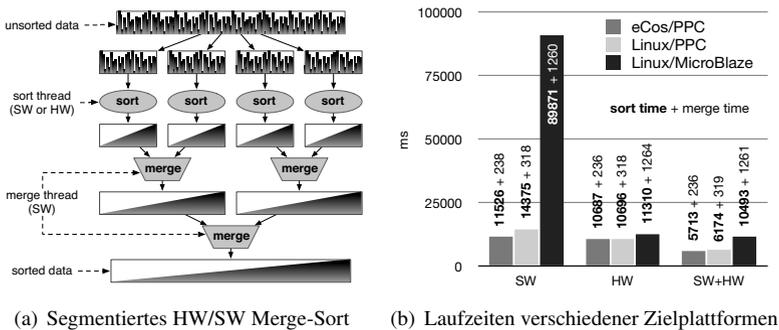


Abbildung 3: Fallstudie zur HW/SW Partitionierung.

7 Zusammenfassung und Ausblick

Die vorgestellte Methode zur Programmierung von CPU/FPGA-Architekturen durch Integration von Hardwarebeschleunigern als autonome Hardware-Threads in ein bestehendes Softwarebetriebssystem eröffnet neue Möglichkeiten für den portablen Systementwurf und die flexible Entwurfsraumexploration hybrider HW/SW-Systeme. Durch die konsequente Verwendung eines einheitlichen Programmiermodells für Hard- und Software wird die Entwurfsproduktivität für rekonfigurierbare SoCs auf ein der Softwareentwicklung vergleichbares Maß angehoben. Zugleich ermöglicht der neuartige Hardware-Multithreading-Ansatz erstmals die transparente Nutzung der dynamischen Laufzeitkonfiguration von FPGAs in einem etablierten Programmiermodell und vereinfacht so den Entwurf von adaptiven Hardware / Software-Systemen durch einen durchgängigen Entwurfsfluss.

Das ReconOS-Programmier- und Laufzeitsystem erlaubt die Bearbeitung von wissenschaftlichen Fragestellungen – wie dem Scheduling von Tasks auf hybriden Systemen, der Hardware / Software Entwurfsraumexploration oder der transparenten Migration von Laufzeitkomponenten von der Applikation durch verschiedene Schichten des Betriebssystems bis hin zur Hardware – auf einem praktisch relevanten Abstraktionsgrad. ReconOS ist frei verfügbar [rec] und wird bereits zur Erstellung von Prototypen und Applikationen hybrider Systeme, beispielsweise im Bereich adaptiver Netzwerke und eingebetteter Videoüberwachungssysteme, eingesetzt.

Literatur

- [Bre96] Gordon J. Brebner. A Virtual Hardware Operating System for the Xilinx XC6200. In *6th International Workshop on Field-Programmable Logic and Applications (FPL)*, Seiten 327–336, London, UK, 1996. Springer-Verlag.
- [BWHC06] Neil W. Bergmann, John A. Williams, Jie Han und Yi Chen. A Process Model for Hardware Modules in Reconfigurable System-on-Chip. In *19th International Conference on Architecture of Computing Systems, Dynamically Reconfigurable Systems Workshop*, Jgg. 81, Seiten 205–214, Mar 2006.
- [HLP09] Markus Happe, Enno Lübbers und Marco Platzner. An Adaptive Sequential Monte

- Carlo Framework with Runtime HW/SW Repartitioning. In *IEEE International Conference on Field Programmable Technology (FPT'09)*. IEEE, Dec 2009.
- [IT04] IEEE und The Open Group. The Open Group Base Specifications Issue 6, IEEE Std. 1003.1, 2004 Edition, 2004.
- [KMK07] Krzysztof Kosciuszkiewicz, Fearghal Morgan und Krzysztof Kepa. Run-Time Management of Reconfigurable Hardware Tasks Using Embedded Linux. In *IEEE International Conference on Field-Programmable Technology (FPT)*, Seiten 209–215. IEEE, 2007.
- [KP05] Heiko Kalte und Mario Porrmann. Context Saving and Restoring for Multitasking in Reconfigurable Systems. In *IEEE International Conference on Field Programmable Logic and Applications (FPL)*, Seiten 223–228. IEEE, 2005.
- [KPL⁺10] Ariane Keller, Bernhard Plattner, Enno Lübbers, Christian Plessl und Marco Platzner. Reconfigurable Nodes for Future Networks. In *Proceedings of the Third International Workshop on the Network of the Future (FutureNet III)*. IEEE, 2010.
- [LP09] Enno Lübbers und Marco Platzner. ReconOS: Multithreaded Programming for Reconfigurable Computers. *ACM Transactions on Embedded Computing Systems (TECS)*, 9(1), October 2009.
- [Lüb10] Enno Lübbers. *Multithreaded Programming and Execution Models for Reconfigurable Hardware*. Dissertation, University of Paderborn, March 2010.
- [rec] <http://www.reconos.de>.
- [SB06] Hayden Kwok-Hay So und Robert W. Brodersen. Improving Usability of FPGA-based Reconfigurable Computers through Operating System Support. In *16th IEEE International Conference on Field Programmable Logic and Applications (FPL)*, Seiten 349–354. IEEE, 2006.
- [SWP04] Christoph Steiger, Herbert Walder und Marco Platzner. Operating Systems for Reconfigurable Embedded Platforms: Online Scheduling of Real-time Tasks. *IEEE Transactions on Computers*, 53(11):1392–1407, Nov 2004.
- [TFS00] J. Teich, S. Fekete und J. Schepers. Optimization of Dynamic Hardware Reconfigurations. *The Journal of Supercomputing*, 19(1):57–75, May 2000.



Enno Lübbers wurde am 19.05.1980 in Hannover geboren. Er studierte Informations-Systemtechnik (Computer and Communication Systems Engineering) mit den Vertiefungsrichtungen eingebettete Systeme, VLSI und Chip Design, Kommunikationssysteme und Robotik an der Technischen Universität Braunschweig. Im Anschluss an sein Diplom wechselte er als wissenschaftlicher Mitarbeiter an die Universität Paderborn, wo er in der Arbeitsgruppe Technische Informatik von Prof. Marco Platzner seine Promotion zum vorliegenden Thema abschloss. Während seiner Promotionszeit verbrachte er Forschungsaufenthalte am Information and Telecommunication Technology Center der University of Kansas und an der University of Arkansas. Zur Zeit arbeitet Enno Lübbers als

Forscher für eingebettete Software und Rekonfigurierbare Avionik bei EADS Innovation Works in München.

Lösen polynomieller Gleichungssysteme über Semiringen

Michael Luttenberger

Institut für Informatik (I7)
Technische Universität München
lутtenbe@in.tum.de

Abstract: Diese Dissertation betrachtet Gleichungssysteme der Form

$$X_1 = f_1(X_1, \dots, X_n), \dots, X_n = f_n(X_1, \dots, X_n)$$

(kurz: $X = f(X)$), wobei deren „rechte Seiten“ f_i durch multivariate Polynome über sogenannten ω -stetigen Semiringen gegeben sind, und diskutierte Verfahren zur Approximation bzw. Bestimmung deren kleinster Lösung μf . Diese Gleichungssysteme treten in verschiedensten Bereichen der Informatik auf. Die bekanntesten Beispiele stellen die Datenflussanalyse (prozeduraler) Programme (in diesem Fall ist das Analyseergebnis durch μf gegeben) und die Theorie der formalen Sprachen (hier entspricht $X = f(X)$ einer kontextfreien Grammatik mit μf z.B. die repräsentierte Sprache oder deren Parikh-Bild) dar.

Zentrales Ergebnis der Dissertation ist eine Verallgemeinerung des Newtonschen Näherungsverfahrens: Es wird gezeigt, dass sich dieses Verfahren allgemein zur Approximation bzw. Bestimmung der kleinsten Lösung eines multivariaten polynomiellen Gleichungssystems über beliebigen ω -stetigen Semiringen verwenden lässt. Das diesen Resultaten zugrundeliegende Beweisverfahren wird weiterhin verwendet, um für spezielle Unterklassen von ω -stetigen Semiringen effizientere Verfahren nicht nur zur Approximation, sondern auch zur Bestimmung von μf herzuleiten. Anwendung finden diese Resultate u.a. in der Bestimmung des Parikh-Bilds kontextfreier Sprachen, der Analyse paralleler rekursiver Programme, stochastischer Prozesse, der Analyse der Performanz von Netzwerkalgorithmen.

1 Einführung

Gleichungssysteme $X_1 = f_1(X_1, \dots, X_n), \dots, X_n = f_n(X_1, \dots, X_n)$ ergeben sich in natürlicher Weise als Beschreibungen zusammengesetzter Systeme: Die Gleichung $X_i = f_i(X_1, \dots, X_n)$ beschreibt, wie sich das Verhalten der i -ten Komponente aus dem Verhalten aller Systemkomponenten ergibt. Die Lösungen eines solchen Gleichungssystems geben Auskunft über die Eigenschaften des zusammengesetzten Systems. Insbesondere polynomielle Gleichungssysteme sind eine natürliche Darstellungsform des Datenflusses prozeduraler Programme (*abstrakte Datenflussgleichungen*), siehe z.B. die Arbeiten von Cousot und Cousot [CC76] und Sharir und Pnueli [SP81]: Die abstrakten Datenflussgleichungen ordnen jedem Kontrollpunkt des Programms eine Variable X_i und ein multivariates Polynom f_i zu, wobei das Polynom den Datenfluss beginnend (bzw. endend) in

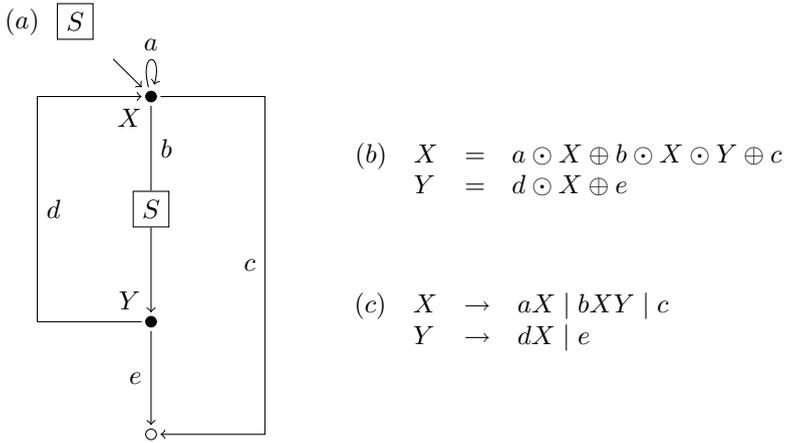


Abbildung 1: (a) stellt den Kontrollflussgraphen einer rekursiven Prozedur S dar. Die einzelnen Anweisungen bzw. Kontrollpunkte werden durch a, b, c, d, e bzw. X, Y bezeichnet, wobei der Kontrollpunkt X dem Beginn der Prozedur entspricht. (Zur Vereinfachung wurde das Prozedurende selbst nicht als Kontrollpunkt aufgefasst.) Die durch die Box unterbrochene Kante von X nach Y stellt einen rekursiven Selbstaufwurf der Prozedur dar. In (b) ist das abstrakte Gleichungssystem abgebildet, welches die terminierenden Programmabläufe beschreibt; so besagt die Gleichung $X = a \odot X \oplus b \odot X \odot Y \oplus c$, dass ein terminierender Programmablauf, welcher im Kontrollpunkt Y beginnt, entweder (i) zunächst die Operation a ausführt, um dann durch einen in X beginnenden Ablauf fortgesetzt zu werden, oder (ii) sich aus der Konkatenation der Aktion b gefolgt von einem terminierenden (rekursiven) Ablauf der Prozedur S und vervollständigt durch einen terminierenden, in Y beginnenden Ablauf ergibt, oder (iii) sofort nach Ausführung der Anweisung c terminiert. (In Abhängigkeit der betrachteten Analyse können die Gleichungen auch so gewählt werden, dass die Abläufe beschreiben, welche in einem gegebenen Programmpunkt terminieren.) (c) zeigt die Interpretation der abstrakten Datenflussgleichungen über dem Sprachsemiring $\langle 2^{\Sigma^*}, \cup, \cdot, \emptyset, \{\varepsilon\} \rangle$ als kontextfreie Grammatik.

X_i beschreibt (siehe Abbildung 1). Die prinzipielle Idee ist, dass die Koeffizientenbezeichner der Polynome den Effekt der entsprechenden atomaren Programmanweisungen repräsentieren, aus denen sich die Abläufe des Programms zusammensetzen; die Multiplikation dient der Beschreibung des Effekts zweier aufeinanderfolgender partieller Programmabläufe; die Addition fasst den Effekt mehrere Programmabläufe, die an einem gegebenen Kontrollpunkt beginnen (oder enden), zusammen. In Abhängigkeit von der zu bestimmenden Information werden die abstrakten Gleichungen über einer geeigneten algebraischen Struktur interpretiert. Die gesuchte Information ergibt sich in den meisten Anwendungen aus der kleinsten Lösung $\mu.f$ des Gleichungssystems. Siehe Abbildung 2. Im Allgemeinen muss hierbei die Multiplikation weder kommutativ sein, noch muss sie das Distributivitätsgesetz erfüllen [NNH99]. Im Rahmen dieser Dissertation werden speziell ω -stetigen Semiringen [Kui97] betrachtet, welche stets das Distributivitätsgesetz erfüllen, weswegen im Folgenden stets die Distributivität angenommen wird. Dann entspricht die kleinste Lösung $\mu.f$ dem Effekt aller terminierenden Programmabläufe.

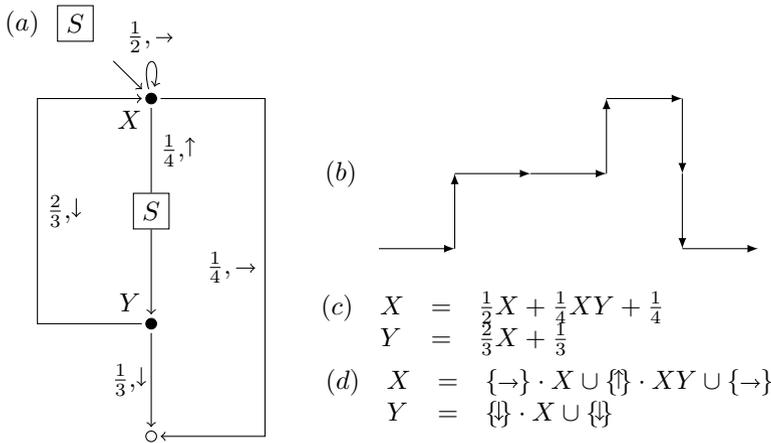


Abbildung 2: (a) zeigt den Kontrollflussgraphen aus Abbildung 1 instantiiert für ein Steuerprogramms eines Plotters, welches zufällig „Skylines“ zeichnet (siehe (b)). Beispielhaft betrachte man die Frage, ob das rekursive Programm nur endliche Linienzüge generiert, d.h. ob das Programm stets mit Wahrscheinlichkeit 1 terminiert. Die entsprechende Antwort ergibt sich hierbei aus der Lösung des unter (c) abgebildeten Gleichungssystems. In diesem Beispiel lässt sich das Gleichungssystem auf eine univariate Gleichung durch Einsetzen reduzieren, was sofort auf die Lösungen $X = 1, Y = 1$ und $X = \frac{3}{2}, Y = \frac{4}{3}$ führt. Die kleinste Lösung liefert daher die gewünschte Antwort, dass das Programm stets sicher terminiert. Als ein weiteres, einfaches Beispiel zeigt (d) eine mögliche Instanziierung der abstrakten Datenflussgleichungen für die Frage, ob das Programm „inkorrekte Skylines“ erzeugt, in welchen ein Punkt mehrmals besucht wird. Zur Beantwortung dieser Frage kann der Sprachsemiring betrachtet werden, welcher von den Steuerbefehlen $\{\rightarrow, \downarrow, \uparrow\}$ zuzüglich einem Fehlerwert \downarrow erzeugt wird modulo der Äquivalenzrelation, welche jede inkorrekte Steuersequenz mit \downarrow identifiziert und jede korrekte auf den ersten und letzten Befehl der Sequenz reduziert: so ist die unter (b) dargestellte Steuersequenz mit \rightarrow identifiziert. Die kleinste Lösung ist hier $X = \{\rightarrow, \uparrow\downarrow, \uparrow\rightarrow, \rightarrow\downarrow, \downarrow\}$ und $Y = \{\downarrow, \downarrow, \downarrow\}$.

Beispiele ω -stetiger Semiringe sind der *reelle Semiring* $\langle [0, \infty], +, \cdot, 0, 1 \rangle$ über den nicht-negativen reellen Zahlen $[0, \infty]$ erweitert um ein maximales Element ∞ mit der kanonischen Addition und Multiplikation (mit $0 \cdot \infty = 0$) oder der *Sprachsemiring* $\langle 2^{\Sigma^*}, \cup, \cdot, \emptyset, \{\varepsilon\} \rangle$ erzeugt von einem endlichen Alphabet Σ mit der Menge aller Sprachen über Σ als Träger und der Vereinigung bzw. Konkatenation von Sprachen als Addition bzw. Multiplikation. Das Standardverfahren zur Approximation bzw. Bestimmung der kleinsten Lösung μf ist die Fixpunktiteration, welche ausgehend von einer geeigneten Unterapproximation x diese iterativ $f(x), f^2(x), \dots$ zu verbessern versucht. Eine kanonische Wahl für den Startwert x ist dabei der Wert, welcher einer leeren Menge von Programmabläufen entspricht, im Fall von ω -stetigen Semiringen ist dies das additiv Neutrale 0. Für diese Wahl entsprechen die Iteranten $f^k(x)$ (unter Annahme der Distributivität) stets dem Gesamteffekt einer *endlichen* Teilmenge der terminierenden Programmabläufe und können daher im Allgemeinen nie den Effekt aller terminierenden Programmabläufe darstellen. In der Praxis werden deshalb häufig algebraische Strukturen verwendet, welche

die Bedingung erfüllen, dass jede monoton anwachsende Sequenz schließlich stationär wird (*ascending chain property*). Ist diese ascending chain property erfüllt, so ist auch garantiert, dass die kleinste Lösung durch die Fixpunktiteration schließlich erreicht wird. Viele interessante algebraische Strukturen erfüllen die ascending chain property jedoch nicht. Als Beispiel betrachte man den Fall, dass die möglichen terminierenden Abläufe (aber nicht deren Häufigkeit) zu bestimmen sind. In diesem Fall wird das Gleichungssystem über Sprachemiring $\langle 2^{\Sigma^*}, \cup, \cdot, \emptyset, \{\varepsilon\} \rangle$ interpretiert, der von den Koeffizientenbezeichnern Σ des Gleichungssystems erzeugt wird. Mit anderen Worten, das Gleichungssystem wird als kontextfreie Grammatik interpretiert, dessen kleinste Lösung gerade durch die repräsentierte kontextfreie Sprache gegeben ist. Die Iteranten $f^k(\emptyset)$ entsprechen dann endlichen Teilsprachen, womit im Allgemeinen die kleinste Lösung erst im Grenzwert erreicht wird.

Diese Dissertation beschäftigt sich mit der Frage nach besseren Approximation- und Lösungsverfahren für polynomielle Gleichungssysteme über ω -stetigen Semiringen: Es werden Verfahren vorgestellt, die sich dadurch auszeichnen, dass die einzelnen Approximanten nicht auf endliche Teilmengen der terminierenden Programmabläufe beschränkt sind. Zentrale Idee ist die Reduktion des Problems der Bestimmung der Nullstelle einer nichtlinearen Funktion auf das Lösen einer Sequenz linearer Approximationen, wie sie in der Analysis bereits von Newton in seinem klassischen Näherungsverfahren verwendet wurde. Insbesondere wird gezeigt, dass sich das Newton-Verfahren selbst in natürlicher Weise zu einem Approximationsverfahren für polynomielle Gleichungssysteme über ω -stetigen Semiringen verallgemeinern lässt. Diese Verallgemeinerung des Newton-Verfahrens subsumiert die klassische Fixpunktiteration, d.h. die i -te Approximation des verallgemeinerten Newton-Verfahrens beinhaltet alle Information, die die i -te Iteration der Fixpunktiteration enthält. Speziell für den Fall kommutativer Multiplikation und idempotenter Addition ($a \oplus a = a$) wird weiterhin gezeigt, dass das verallgemeinerte Newton-Verfahren, im Gegensatz zu der gewöhnlichen Fixpunktiteration, die gesuchte Lösung nicht nur approximiert, sondern auch nach einer endlichen Anzahl von Iterationen erreicht. Schließlich ergeben sich aus diesen Konvergenzresultaten interessante Querbeziehungen zu anderen Themen aus dem Bereich der formalen Sprachen, wie z.B. Sprachen von endlichem Index [GS68, Ynt67] oder dem Satz von Parikh [Par66].

Auf diesen Resultaten aufbauend werden in der Dissertation weitere Klassen von Semiringen beschrieben, welche es erlauben, die kleinste Lösung eines polynomiellen Gleichungssystems mittels maximal einer einzigen Linearisierung zu bestimmen. Anwendungen dieser Resultate sind z.B. die Bestimmung des Durchsatzes einer kontextfreien Grammatik [CCFR07], welcher zur Analyse der Performanz von Netzwerkalgorithmen genutzt werden, und die Datenflussanalyse über unbeschränkten Semiringen [KSSK09]. Weitere Verwendung finden die diesen Resultaten zu Grunde liegenden Techniken und Ideen in der Lösung von Min-Max-Gleichungssysteme über bestimmten total geordneten kommutativen idempotenten Semiringen mit Hilfe von iterativer Verbesserung nichtdeterministischer Strategien, welche Ergebnisse aus [VJ00, BSV04, Sch07, GS08] vereinheitlicht und verallgemeinert.

Im Folgenden soll das zentrale Ergebnis der Dissertation, die Verallgemeinerung des Newton-Verfahrens, detaillierter vorgestellt werden.

2 Das Newton-Verfahren über ω -stetigen Semiringen

2.1 Notation und Grundlagen

Ein ω -stetiger Semiring (kurz: ω -Semiring im Folgenden) $\langle S, +, \cdot, 0, 1 \rangle$ setzt sich aus zwei Monoiden $\langle S, +, 0 \rangle$, $\langle S, \cdot, 1 \rangle$ zusammen, wobei Kommutativität nur für die Addition gefordert wird. Der ω -Semiring wird als kommutativ bezeichnet, falls auch die Multiplikation kommutativ ist; er wird als *idempotent* bezeichnet, falls $1 + 1 = 1$ gilt. Die Null ist absorbiert ($0 \cdot a = a \cdot 0 = 0$); die Multiplikation distribuiert sowohl von rechts als auch von links über die Addition. Durch die Relation $a \sqsubseteq b : \Leftrightarrow \exists d \in S : a + d = b$ ist eine partielle (*natürliche*) Ordnung auf S gegeben. Bezüglich dieser Ordnung existiert für jede aufsteigende Sequenz $a_1 \sqsubseteq a_2 \sqsubseteq \dots$ in S das Supremum $\sup_{i \in \mathbb{N}} a_i$. Hierdurch ist die Addition auch für abzählbare Sequenzen $(b_i)_{i \in \mathbb{N}}$ in S durch $\sum_{i \in \mathbb{N}} b_i := \sup_{i \in \mathbb{N}} \{b_1 + \dots + b_i\}$ erklärt. Wie sich formal zeigen lässt, siehe z.B. [Kui97], verhält sich diese ω -Addition wie von absolut konvergenten Reihen bekannt. Insbesondere ist das Ergebnis von der Summationsreihenfolge unabhängig. Beispiele: Bei dem reellen Semiring $\langle [0, \infty], +, \cdot, 0, 1 \rangle$ handelt es sich um einen kommutativen ω -Semiring; bei dem Sprachsemiring $\langle 2^{\Sigma^*}, \cup, \cdot, \emptyset, \{\varepsilon\} \rangle$ um einen idempotenten ω -Semiring. Betrachtet man den Sprachsemiring modulo kommutativer Konkatenation, indem man z.B. jedes Wort $w \in \Sigma^*$ auf seinen *Parikh-Vektor* $\Pi(w)$ abbildet, welcher die Vorkommen eines Zeichens $a \in \Sigma$ in w zählt, so erhält man einen kommutativen und idempotenten ω -Semiring mit $\langle 2^{\mathbb{N}^\Sigma}, \cup, +, \emptyset, \{\underline{0}\} \rangle$ als einer möglichen Darstellung, wobei $\underline{0}$ den Nullvektor bezeichnet und die Addition von Mengen elementweise definiert ist.

Ein Polynom über einem ω -Semiring in den Variablen \mathcal{X} ist eine endliche Summe von endlichen Produkten $a_0 X_1 a_1 \dots X_k a_k$ aus Semiringelementen a_j und Variablen $X_j \in \mathcal{X}$. Ist die Multiplikation kommutativ, so vereinfacht sich diese Definition zu der gebräuchlichen. Jedes Polynom definiert in kanonischer Weise eine Funktion von $S^{\mathcal{X}}$ nach S . Ein polynomielles System f definiert für jede Variable $X \in \mathcal{X}$ ein Polynom f_X , und somit eine Funktion über $S^{\mathcal{X}}$. Addition und natürliche Ordnung werden komponentenweise von S auf $S^{\mathcal{X}}$ ausgedehnt.

2.2 Approximation der kleinsten Lösung

Ein polynomielles System f bestimmt das Gleichungssystem $\{X = f_X \mid X \in \mathcal{X}\}$, im Weiteren durch $\mathcal{X} = f(\mathcal{X})$ abgekürzt. Es kann gezeigt werden [Kui97], dass ein jedes solches System eine wohldefinierte kleinste Lösung μf besitzt, welche durch den Grenzwert der monoton anwachsenden Folge $f(\underline{0}) \sqsubseteq f^1(\underline{0}) \sqsubseteq f^2(\underline{0}) \sqsubseteq \dots$ gegeben ist.¹ Dieses Resultat erlaubt somit stets die kleinste Lösung zu approximieren. Im Allgemeinen ist die Approximationsgeschwindigkeit jedoch nicht sehr hoch. Dies lässt sich bereits an einem sehr einfachen Beispiel quantifizieren. Die Gleichung $X = f(X) := \frac{1}{2}X^2 + \frac{1}{2}$ hat genau eine (doppelte) Lösung mit $X = 1$ über \mathbb{R} bzw. dem reellen Semiring. Betrachtet

¹ $\underline{0}$ bezeichne hierbei die Funktion/Vektor, welche jeder Variablen $X \in \mathcal{X}$ die Null zuordnet.

Sei $g : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ eine differenzierbare Funktion, wobei mit $g'|_x$ die Ableitung von g ausgewertet an $x \in \mathbb{R}$ bezeichnet sei. Die Linearisierung von g in x ist dann durch

$$l_{g;x}(X) := g(x) + g'|_x(X - x).$$

gegeben. Ist x nahe genug an einer Nullstelle z von g gelegen, so lässt sich z durch die Nullstelle

$$\mathcal{N}_g(x) := x - g'|_x^{-1}g(x).$$

von $l_{g;x}(X)$ approximieren (unter der Annahme, dass $g'|_x \neq 0$). Durch Iteration des Newton-Operators \mathcal{N}_g ausgehend von einem geeigneten Startwert x ergibt sich die zugehörige Newton-Sequenz.

Abbildung 3: Newton-Verfahren

man die Approximanten $f^k(0)$, so lässt sich zeigen [EY09], dass man 2^{k-3} viele Iterationen benötigt, damit der Approximationsfehler $|1 - f^k(0)|$ durch 2^{-k} beschränkt ist. Auch über einem Sprachsemiring lässt sich die Konvergenzgeschwindigkeit quantifizieren: So lässt sich für die verwandte Gleichung $X = aX + b$ über dem von $\Sigma = \{a, b\}$ erzeugten Sprachsemiring zeigen, dass der Approximant $f^k(\emptyset)$ gerade aus den Wörtern besteht, welche einen Ableitungsbaum der Höhe maximal $k + 1$ bezüglich der Grammatik $X \rightarrow aXX \mid b$ besitzen. Das heißt, dass jeder Approximant stets nur eine endliche Teilsprache darstellt.

Um die Konvergenz zu beschleunigen, wird in der Dissertation daher die dem Newton-Verfahren (siehe Abbildung 3) zu Grunde liegende Idee der Linearisierung des polynomiellen Systems auf ihre Anwendbarkeit über den reellen bzw. komplexen Zahlen hinaus untersucht. Bekanntlich konvergiert das Newton-Verfahren im besten Fall quadratisch, d.h. der Approximationsfehler ε_k im k -ten Schritt erfüllt $\varepsilon_{k+1} \leq C \cdot \varepsilon_k^2$ für eine von der Funktion abhängige Konstante C . Speziell für den reellen Semiring lässt sich weiterhin zeigen [EKL10a], dass die Konvergenz auch stets (bis auf endlich viele Ausnahmen) mindestens linear ist, d.h., $\varepsilon_{k+1} \leq C\varepsilon_k$ gilt mit $C < 1$. Speziell für die Gleichung $X = f(X) = \frac{1}{2}X^2 + \frac{1}{2}$ mit zugehöriger Funktion $g(X) = f(X) - X$ ergibt für die Approximationsfehler der Newton-Iteranten $\varepsilon_{k+1} = \frac{1}{2}\varepsilon_k$, d.h. nach bereits k Iterationen ist der Fehler durch 2^{-k} beschränkt.

2.3 Newton-Verfahren

Um das Newton-Verfahren auf allgemeinen Semiringen zu definieren, muss zunächst eine entsprechende Linearisierung definiert werden. Hierbei zeigt sich, dass die übliche algebraische Definition der Ableitung eines Polynoms verwendet werden kann, es muss nur der Fall der nicht kommutativen Multiplikation entsprechend beachtet werden. So ergibt sich der nicht konstante Term der Linearisierung des Polynoms $b \cup XaX$ über dem Sprachsemiring erzeugt von $\{a, b\}$ an der Stelle $X = b$ zu $baX \cup Xab$. Für eine formale Definition

sei auf die Dissertation [Lut10] oder auf [EKL10b] verwiesen. Mit Hilfe der Definition der Linearisierung lässt sich das Newton-Verfahren auf Semiringen wie folgt übertragen:

Definition 1. Es sei $\mathcal{X} = f(\mathcal{X})$ ein polynomielles Gleichungssystem. Der i -te *Newton-Approximant* $\nu^{(i)}$ ist induktiv definiert durch

$$\nu^{(0)} = \underline{0} \quad \text{und} \quad \nu^{(i+1)} = \nu^{(i)} + \Delta^{(i)},$$

wobei $\Delta^{(i)}$ die kleinste Lösung der Linearisierung

$$f'|_{\nu^{(i)}}(\mathcal{X}) + \delta^{(i)} = \mathcal{X}$$

ist. Für $\delta^{(i)}$ kann hierbei ein beliebiges Element aus $S^{\mathcal{X}}$ verwendet werden, welches die Gleichung $f(\nu^{(i)}) = \nu^{(i)} + \mathcal{X}$ erfüllt.

Eine *Newton-Sequenz* ist jede Sequenz $(\nu^{(i)})_{i \in \mathbb{N}}$ von Newton-Approximanten.

Abbildung 4 zeigt ein Beispiel. Die Existenz der „Newton-Updates“ $\Delta^{(i)}$ ist hierbei stets garantiert, da es sich bei der Linearisierung $f'|_{\nu^{(i)}}(\mathcal{X}) + \delta^{(i)}$ selbst um ein lineares Gleichungssystem handelt. Die entsprechende Lösung wird üblicherweise mittels des Kleene-Sterns als $\Delta^{(i)} = f'|_{\nu^{(i)}}^*(\delta^{(i)})$ ausgedrückt, welcher auf jedem ω -Semiring durch $a^* := \sum_{i \in \mathbb{N}} a^i$ definiert ist und sich entsprechend auf lineare Abbildungen über $S^{\mathcal{X}}$ erweitern lässt. Die Existenz der „Differenz“ $\delta^{(i)}$ folgt wiederum aus der Monotonie der Newton-Sequenz bezüglich der natürlichen Ordnung. Für idempotente ω -Semiringe kann stets $\delta^{(i)} = f(\nu^{(i)})$ gewählt werden. Folgendes Theorem fasst die wichtigsten Eigenschaften der verallgemeinerten Newton-Sequenz zusammen:

Theorem 2. Die *Newton-Sequenz* ist eindeutig in $S^{\mathcal{X}}$, d.h., unabhängig von der Wahl der $\delta^{(i)}$. Insbesondere konvergiert die *Newton-Sequenz* monoton von unten gegen die kleinste Lösung des Gleichungssystems $\mathcal{X} = f(\mathcal{X})$, wobei stets gilt:

$$f^i(\underline{0}) \sqsubseteq \nu^{(i)} \sqsubseteq f(\nu^{(i)}) \sqsubseteq \nu^{(i+1)} \sqsubseteq \mu f.$$

Für idempotente ω -Semiringe gilt insbesondere $\nu^{(i+1)} = f'|_{\nu^{(i)}}^*(\underline{0})$.

Um als praktisches Approximationsverfahren verwendet werden zu können, muss über dem jeweiligen Semiring eine effiziente Berechnung bzw. Darstellung des Newton-Updates $\Delta^{(i)} = f'|_{\nu^{(i)}}^*(\delta^{(i)})$ möglich sein. Für ein Gleichungssystem über einem Sprachsemiring, d.h. einer kontextfreien Grammatik, lässt sich z.B. der $i + 1$ -te Newton-Approximant im Allgemeinen nur als lineare Grammatik über dem Alphabet und dem i -ten Newton-Iteranten darstellen.²

2.4 Kommutative idempotente ω -Semiringe

Für kommutative Semiringe S lässt sich die Berechnung des Updates $\Delta^{(i)}$ auf die Berechnung des Kleene-Sterns einer quadratischen Matrix über S zurückführen und damit

²Interessant wird diese Darstellung allerdings im Zusammenhang mit stochastischen kontextfreien Grammatiken, da dies eine Approximation durch strukturell einfacher stochastische Grammatiken gestattet [EKL07]. Die Darstellung aus Abbildung 4 muss hierfür allerdings leicht angepasst werden.

Für die abstrakten Datenflussgleichungen aus Abbildung 1

$$\begin{aligned} X &= a \odot X \oplus b \odot X \odot Y \oplus c \\ Y &= d \odot X \oplus e \end{aligned}$$

lautet die Definition eines Newton-Approximanten in Vektorschreibweise

$$\begin{pmatrix} X \\ Y \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a \odot X \oplus b \odot \nu_X^{(i)} \odot Y \oplus b \odot X \odot \nu_Y^{(i)} \\ d \odot X \end{pmatrix} \oplus \begin{pmatrix} \delta_X^{(i)} \\ \delta_Y^{(i)} \end{pmatrix}.$$

mit $\nu^{(0)} = (c, e)$. Interpretiert über dem von den Koeffizientenbezeichnern erzeugten Sprachsemiring entsprechen diese Gleichungssysteme folgenden Grammatiken. Das ursprüngliche Gleichungssystem entspricht der Grammatik G mit

$$X \rightarrow aX \mid bXY \mid c \text{ und } Y \rightarrow dX \mid e,$$

während der i .te Newton-Approximat durch folgende Grammatik $G^{(i)}$ gegeben ist:

$$\begin{array}{ll} X^{(1)} \rightarrow aX^{(1)} \mid c & X^{(i)} \rightarrow aX^{(i)} \mid bX^{(i-1)}Y^{(i)} \mid bX^{(i)}Y^{(i-1)} \mid c \\ Y^{(1)} \rightarrow bX^{(1)} \mid e & Y^{(i)} \rightarrow bX^{(i)} \mid e \end{array}$$

An dieser Darstellung lässt sich folgende Charakterisierung der Newton-Approximanten für kontext-freie Grammatiken ablesen: Ein Wort w lässt sich beginnend bei $X^{(i)}$ in $G^{(i)}$ ableiten (kurz: $X^{(i)} \Rightarrow_{G^{(i)}}^* w$) genau dann, wenn eine $i+1$ -beschränkte Ableitung $X \Rightarrow_G \sigma_1 \Rightarrow_G \dots \Rightarrow_G w$ von w bezüglich G existiert, d.h. jede Satzform σ enthält höchstens $i+1$ Variablen (Nichtterminale) (siehe z.B. [GS68]). Nach Theorem 3 erzeugen $G^{(2)}$ und G insbesondere dieselbe Sprache modulo Kommutativität, womit sich aus $G^{(i)}$ folgende reguläre Ausdrücke für das Parikh-Bild von G ergeben:

$$\rho_X = (a + b^2 a^* c + bb^* e)^* c \text{ und } \rho_Y = b(a + b^2 a^* c + bb^* e)^* c + e.$$

Abbildung 4: Verallgemeinertes Newton-Verfahren für kontext-freie Sprachen

auf die Berechnung des Kleene-Sterns über S selbst, siehe z.B. [DK09]. Ist der Semiring zudem idempotent, so folgt mit der vereinfachten Darstellung der Newton-Sequenz, dass sich jeder Newton-Iterant als regulärer Ausdruck über S schreiben lässt. Insbesondere kann folgendes Konvergenzresultat gezeigt werden.

Theorem 3. *Sei $\mathcal{X} = f(\mathcal{X})$ ein polynomielles Gleichungssystem über einem kommutativen idempotenten ω -Semiring. Dann gilt $\nu^{(n)} = \mu f$ für $n = |\mathcal{X}|$.*

Als direkter Korollar folgt der Satz von Parikh, dass zu jeder kontextfreien Sprache eine unter kommutativer Konkatenation äquivalente reguläre Sprache existiert [Par66]. Weiterhin lässt sich zeigen, dass die Newton-Sequenz in diesem Fall mit der von Hopkins und Kozen in [HK99] definierten Sequenz korrespondiert, womit die dort angegebene exponentielle obere Schranke für die Berechnung von μf entsprechend verbessert wird.

Schließlich lässt sich zeigen, dass für kontextfreie Grammatiken der k -te Newton-Approximant mit der Sprache der Wörter übereinstimmt, für welche eine $k+1$ -beschränkte Ableitung existiert. Dies wird in Abbildung 4 skizziert. Für eine formale Definition von beschränkten Ableitungen sei auf [FH97, GS68, Ynt67] verwiesen. Dieser Zusammenhang erlaubt eine direkte Konstruktion eines Parikh-äquivalenten endlichen Automaten für jede kontextfreie Grammatik [EGKL10]. Weitere Anwendungen dieser Charakterisierung der Newton-Approximanten finden sich im Bereich der parallelen Prozesse [BEKL10] und der Analyse paralleler rekursiver Programme [GMM10].

Literatur

- [BEKL10] Tomáš Brázdil, Javier Esparza, Stefan Kiefer und Michael Luttenberger. Space-Efficient Scheduling of Stochastically Generated Tasks. In *ICALP (2)*, Seiten 539–550, 2010.
- [BSV04] H. Björklund, S. Sandberg und S. Vorobyov. A combinatorial strongly subexponential strategy improvement algorithm for mean payoff games. In *MFCSS'04*, LNCS 3153, Seiten 673–685. Springer, 2004.
- [CC76] P. Cousot und R. Cousot. Static Determination of Dynamic Properties of Programs. In *Second Int. Symp. on Programming*, Seiten 106–130, 1976.
- [CCFR07] D. Caucal, J. Czyzowicz, W. Fraczak und W. Rytter. Efficient Computation of Throughput Values of Context-Free Languages. In *CIAA'07*, LNCS 4783, Seiten 203–213. Springer, 2007.
- [DK09] M. Droste und W. Kuich. *Handbook of Weighted Automata*, Jgg. 1, Kapitel 1: Semirings and formal power series, Seiten 3 – 27. Springer, 2009.
- [EGKL10] Javier Esparza, Pierre Ganty, Stefan Kiefer und Michael Luttenberger. Parikh's Theorem: A simple and direct construction. *Information Processing Letters (IPL) (to appear)*, 2010.
- [EKL07] J. Esparza, S. Kiefer und M. Luttenberger. An Extension of Newton's Method to ω -Continuous Semirings. In *Proceedings of DLT*, LNCS 4588, Seiten 157–168. Springer, 2007.
- [EKL10a] Javier Esparza, Stefan Kiefer und Michael Luttenberger. Computing the Least Fixed Point of Positive Polynomial Systems. *SIAM J. Comput.*, 39(6):2282–2335, 2010.
- [EKL10b] Javier Esparza, Stefan Kiefer und Michael Luttenberger. Newtonian program analysis. *J. ACM*, 57(6):33, 2010.
- [EY09] Kousha Etesami und Mihalis Yannakakis. Recursive Markov chains, stochastic grammars, and monotone systems of nonlinear equations. *J. ACM*, 56(1), 2009.
- [FH97] H. Fernau und M. Holzer. Conditional Context-Free Languages of Finite Index. In *New Trends in Formal Languages*, Seiten 10–26, 1997.
- [GMM10] Pierre Ganty, Rupak Majumdar und Benjamin Monmege. Bounded Underapproximations. In *CAV*, Seiten 600–614, 2010.
- [GS68] S. Ginsburg und E. Spanier. Derivation-Bounded Languages. *Journal of Computer and System Sciences*, 2:228–250, 1968.

- [GS08] T. Gawlitza und H. Seidl. Precise Interval Analysis vs. Parity Games. In *FM*, Seiten 342–357, 2008.
- [HK99] M. W. Hopkins und D. Kozen. Parikh’s Theorem in Commutative Kleene Algebra. In *Logic in Computer Science*, Seiten 394–401, 1999.
- [KSSK09] Morten Kühnrich, Stefan Schwoon, Jirí Srba und Stefan Kiefer. Interprocedural Dataflow Analysis over Weight Domains with Infinite Descending Chains. In *FOSSACS*, Seiten 440–455, 2009.
- [Kui97] W. Kuich. *Handbook of Formal Languages*, Jgg. 1, Kapitel 9: Semirings and Formal Power Series: Their Relevance to Formal Languages and Automata, Seiten 609 – 677. Springer, 1997.
- [Lut10] Michael Luttenberger. *Solving Systems of Polynomial Equations: A Generalization of Newton’s Method*. Dissertation, Technische Universität München, 2010.
- [NNH99] F. Nielson, H.R. Nielson und C. Hankin. *Principles of Program Analysis*. Springer, 1999.
- [Par66] R. J. Parikh. On Context-Free Languages. *J. ACM*, 13(4):570–581, 1966.
- [Sch07] S. Schewe. An Optimal Strategy Improvement Algorithm for Solving Parity Games. Technical Report 28, Universität Saarbrücken, 2007.
- [SP81] M. Sharir und A. Pnueli. *Program Flow Analysis: Theory and Applications*, Kapitel 7: Two Approaches to Interprocedural Data Flow Analysis, Seiten 189–233. Prentice-Hall, 1981.
- [VJ00] J. Vöge und M. Jurdziński. A Discrete Strategy Improvement Algorithm for Solving Parity Games (Extended Abstract). In *CAV’00*, Jgg. 1855 of *LNCIS*, 2000.
- [Ynt67] M.K. Yntema. Inclusion relations among families of context-free languages. *Information and Control*, 10:572–597, 1967.



Michael Luttenberger hat an der Universität Stuttgart Informatik (1998–2004) und Mathematik (2004–2006) studiert. Von 2004 bis 2010 promovierte er bei Professor Javier Esparza, zunächst an der Universität Stuttgart, dann an der Technischen Universität München. Sein Interessensgebiet umfasst die Theorie der formalen Sprachen, Automaten- und Spieltheorie, insbesondere deren algebraische Grundlagen.

Graphenbasierte Methoden zur multilingualen Wissensintegration

Gerard de Melo

Universität des Saarlandes / Max-Planck-Institut für Informatik
demelo@mpi-inf.mpg.de

Abstract: Da ein großer Teil unseres Wissens in textueller Form vorliegt, sind Informationssysteme in zunehmendem Maße auf Wissen über Wörter und den von ihnen repräsentierten Entitäten angewiesen. Gegenstand dieser Arbeit sind neue Methoden zur automatischen Erstellung großer multilingualer Wissensbanken, welche semantische Beziehungen zwischen Wörtern bzw. Namen und Konzepten bzw. Entitäten formal erfassen.

In drei Hauptbeiträgen werden jeweils graphtheoretische bzw. statistische Verfahren zur Verknüpfung von Indizien aus mehreren Wissensquellen vorgestellt. Bei der lexikalischen Integration werden statistische Modelle zur Disambiguierung gebildet. Die Entitäten-Integration fasst semantische Einheiten unter Auflösung von Konflikten zwischen Äquivalenz- und Verschiedenheitsinformationen zusammen. Diese werden schließlich bei der taxonomischen Integration durch eine umfassende taxonomische Hierarchie ergänzt.

Zusammen können diese Methoden zur Induzierung einer großen multilingualen Wissensbank eingesetzt werden, welche über 5 Millionen Entitäten und über 16 Millionen Wörter und Namen in mehr als 200 Sprachen semantisch beschreibt.

1 Einleitung

Ein signifikanter Teil des menschlichen Wissens liegt in textueller Form vor, und auch die Informationssuche erfolgt primär durch Suchbegriffe. Aufgrunddessen sind Informationssysteme in zunehmendem Maße darauf angewiesen, Wörter und andere Begriffe semantisch interpretieren zu können, oftmals unter Zuhilfenahme von Hintergrundwissen. Die manuell erstellte WordNet-Wissensbank [Fel98] wurde beispielsweise viele tausend Male zitiert und ist Gegenstand ganzer Workshops und Konferenzreihen [BFV10].

Die Dissertation “Graph-based Methods for Large-Scale Multilingual Knowledge Integration¹” [dM10] untersucht, inwiefern derartige Wissensbasen automatisch anhand existierender Wissensquellen, etwa aus dem Web, erstellt werden können. Dabei gibt es zwei wesentliche Motivationen:

1. WordNet umfasst nur die englische Sprache. Mit der zunehmenden Verbreitung moderner Kommunikationstechnologie haben z.B. die EU und China seit längerem jeweils mehr Internetnutzer als die USA. Seit den 1990er Jahren wurden in großen

¹Online: <http://www.mpi-inf.mpg.de/~gdemelo/papers/demelo-dissertation.pdf>

EU-Projekten [Vos98, TCS04, VAC⁺08] Millionbeträge aufgewandt, um auch in anderen Sprachen WordNet-Versionen zu erstellen. Viele Jahre später sind derartige Ressourcen jedoch weiterhin nur für eine handvoll Sprachen frei verfügbar.

2. Oftmals wird zusätzlich zum Kernwortschatz einer Sprache auch semantisches Wissen über fachspezifische Konzepte oder gar über individuelle Entitäten wie Personen, Städte usw. benötigt. Auch für derartige Entitäten sollten semantische Beziehungen und multilinguale Wörter/Namen repräsentiert sein, wie in Abb. 1 skizziert.

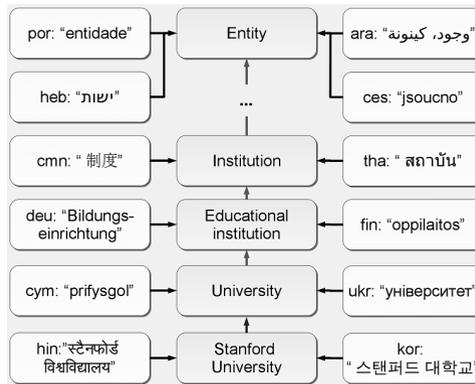


Abbildung 1: Ausschnitt aus der gewünschten multilingualen Wissensbank, mit taxonomischen Beziehungen von konkreteren zu abstrakteren semantischen Einheiten (Klassen, Oberklassen)

Ziel. Dementsprechend ist das übergreifende Ziel dieser Forschung die automatische Erstellung einer großen Wissensbank, in der möglichst alle Wörter/Namen aller menschlichen Sprachen miteinander verknüpft werden. Bedeutungen mehrdeutiger Wörter wie “Flügel” sollen explizit unterschieden, Synonyme wie “Apfelsine” und “Orange” hingegen auf gemeinsame *semantische Entitäten* abgebildet werden. Bedeutungen sollen zudem mittels diverser semantischer Relationen verknüpft sein, so dass etwa “college” und “university” als Unterarten von Bildungseinrichtungen erkennbar werden. Aus Abb. 1 wird deutlich, dass derartige semantisch strukturierte Netzwerke konzeptuell gesehen Multigraphen entsprechen, deren Kanten typisierte und gewichtete Beziehungen zwischen Entitäten wiedergeben. Bei den Entitäten kann zwischen Wörtern bzw. Namen einerseits und semantischen Entitäten andererseits unterschieden werden. Sind alle Sprachen in einem gemeinsamen Graphen vertreten, so ergeben sich neue multilinguale Anwendungsmöglichkeiten. Im Gegensatz zu Übersetzungswörterbüchern sind z.B. koreanische Wörter, die das Gegenteil des französischen “grand” ausdrücken, oder spanische Wörter für spezifische Unterarten von Gebäuden abrufbar.

Überblick. Das Ziel wird aus drei komplementären Blickwinkeln betrachtet, welche zu drei separaten Problemstellungen führen. In jedem dieser Fälle wird auf graphtheoretische und statistische Verfahren gesetzt, um Indizien aus mehreren Wissensquellen zu

verknüpfen. Abschnitt 2 setzt sich mit der *lexikalischen Integration* zum Ziel, Wörter verschiedenster Sprachen mit den von ihnen repräsentierten semantischen Entitäten zu verbinden. Abschnitt 3 zielt mit der *Entitäten-Integration* auf eine Erweiterung des Repertoires möglicher semantischer Entitäten, indem mehrere Datenquellen vereinigt werden, so dass äquivalente Einheiten verbunden und als verschieden bekannte Einheiten klar voneinander abgegrenzt werden. Abschnitt 4 fügt schließlich mit der *taxonomischen Integration* eine zusätzliche Organisationsform hinzu, bei der, wie in Abb. 1 dargestellt, mittels taxonomischer Relationen individuelle Instanzen mit Klassen und Klassen mit allgemeineren Oberklassen verbunden werden.

Es zeigt sich, dass diese Methoden gemeinsam zur Induzierung einer großen multilingualen Wissensbank eingesetzt werden können, welche über 5 Millionen Entitäten und über 16 Millionen Wörter und Namen in mehr als 200 verschiedenen Sprachen semantisch charakterisiert, und somit weit über den Rahmen früherer Ressourcen hinausgeht.

2 Lexikalische Integration

Ein sinnvoller Ansatz zur Erstellung einer multilinguale Wissensbank besteht darin, existierende monolinguale Datenquellen multilingual zu erweitern. Zu diesem Zweck müssen Wörter verschiedenster Sprachen mit den von ihnen repräsentierten semantischen Entitäten in der monolingualen Ressource verbunden werden. Die primäre Herausforderung ist die Beurteilung, welche der möglichen Kandidaten tatsächlich adäquat sind.

2.1 Ansatz

Initialer Eingabe-Graph. Der initiale Graph besteht mindestens aus:

1. einer existierenden semantischen Ressource wie z.B. WordNet mit monolingualen Kanten zwischen Wörtern und Bedeutungen, sowie
2. Kanten von diesen Wörtern zu Synonymen bzw. Übersetzungen.

Kandidaten. Potenzielle Kandidaten werden anhand von Übersetzungen und Synonymen ermittelt. Aus bestimmten Pfaden der Länge 2 von Wörtern über Übersetzungen bzw. Synonymen hin zu semantischen Entitäten ergeben sich neue Kandidatenkanten. In Abb. 2 beispielsweise stellt jede Bedeutung des englischen Wortes “*course*” einen möglichen Kandidaten für das italienische Wort “*piatto*” dar.

Bewertungsmodell. An dieser Stelle ist nun das schwierige Disambiguations-Problem zu lösen, um zu entscheiden, welche der möglichen Kandidaten tatsächlich adäquat sind. Ein wesentlicher Beitrag der Arbeit ist die Entwicklung statistischer Formeln, die den Zusammenhang zwischen Wort und potenziellen Bedeutungen anhand von kontextuellen

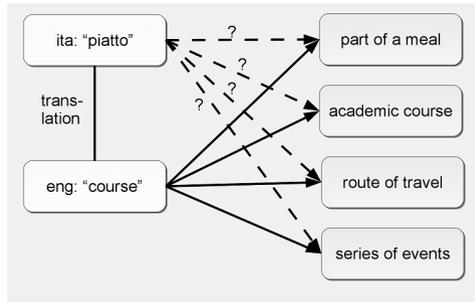


Abbildung 2: Zur Disambiguierung zu beurteilende Kandidatenkanten

Eigenschaften im Graphen quantifizieren. Exemplarisch können hier Funktionen der Art

$$\sum_{n_1 \in \Gamma_o(n_0, A_{i-1})} \phi_1(n_0, n_1) \frac{\text{sim}_{n_0, \phi_2}^*(n_1, n_2)}{\text{sim}_{n_0, \phi_2}^*(n_1, n_2) + \text{dissim}_{n_0, \phi_2}^+(n_1, n_2)}$$

genannt werden, welche im Wesentlichen gewichtete Ähnlichkeiten gewichteten Unähnlichkeiten gegenüberstellen, wobei

$$\begin{aligned} \text{sim}_{n_0, \phi_2}^*(n_1, n_2) &= \max_{n'_2 \in \Gamma_o(n_1, A_{i-1})} \gamma(n_0, n_1, n'_2) \phi_2(n_1, n'_2) \text{sim}(n_2, n'_2) \\ \text{dissim}_{n_0, \phi_2}^+(n_1, n_2) &= \sum_{n'_2 \in \Gamma_o(n_1, A_{i-1})} \gamma(n_0, n_1, n'_2) \phi_2(n_1, n'_2) (1 - \text{sim}(n_2, n'_2)). \end{aligned}$$

Die Notation $\Gamma_o(n_0, A_{i-1})$ steht für die Nachfolger eines Knotens n_0 in der gerichteten Kantenmenge A_{i-1} des Eingabegraphen. Zum Tragen kommen ebenfalls diverse Gewichtungsfunktionen (ϕ_1, ϕ_2, γ) und Ähnlichkeitsmaße zwischen Bedeutungen (sim).

Die berechneten Werte führen anschließend zu einem Merkmalsvektor $\mathbf{x}_i(n_0, n_2) \in \mathbb{R}^m$. Die Bewertung eines Vektors anhand der einzelnen Werte erfolgt durch Support Vector Machines mit RBF-Kernel $K(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \exp(-\frac{1}{m}(\|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|_2)^2)$, deren Ausgabewerte $f(\mathbf{x}_i(n_0, n_2))$ wiederum mit Hilfe einer Sigmoid-Funktion $\frac{1}{1 + \exp(a_i f(\mathbf{x}_i(n_0, n_2)) + b_i)}$ in Wahrscheinlichkeiten verwandelt werden.

Iterative Reevaluation. Diese Wahrscheinlichkeiten charakterisieren nun, inwiefern die Indizien dafür sprechen, dass eine Kandidatenkante adäquat ist. Dementsprechend können den Kandidatenkanten iterativ neue Wahrscheinlichkeiten als Kantengewichte zugeordnet werden, jeweils mit den vorherigen Kantengewichten als Ausgangsbasis. Dies führt zu einer Reihe von Graphen G_0, \dots, G_l . Aus dem vielversprechendsten Graphen wird schließlich durch Entfernung von Kanten mit geringem Gewicht der Ausgabegraph erzeugt.

2.2 Ergebnis

In der Praxis ermöglicht dieser Ansatz die Erweiterung einer monolingualen lexikalischen Ressource wie das vielfach verwendete WordNet [Fel98] zu einer wesentlich größeren multilingualen Ressource, welche über 1,5 Millionen Links von Wörtern auf ihre Bedeutungen in über 200 Sprachen beschreibt, und damit deutlich alle vorangehenden WordNet-Versionen übertrifft. Je nach Sprache variierten die ermittelten Genauigkeiten (precision) zwischen $85.9\% \pm 3.8\%$ im Deutschen und $90.5\% \pm 3.3\%$ im Mandarin-Chinesischen. Mit anderen Ressourcen als Ausgangsbasis wurden vergleichbare Ergebnisse erzielt.

3 Entitäten-Integration

Die im vorangehenden Abschnitt beschriebene lexikalische Integration erweitert ein existierendes Repertoire von möglichen Wortbedeutungen mit multilingualen Anhängen. In manchen Fällen möchte man jedoch nicht von einem einzigen Repertoire ausgehen, sondern mehrere Repertoires vereinigen, um ein möglichst großes Spektrum an semantischen Entitäten abzudecken. Wichtig ist dies ist vor allem im Hinblick auf regionale sprachspezifische Entitäten. So unterscheidet das Vokabular des Chinesischen explizit zwischen Wörtern für *ältere* und *jüngere* Schwestern. In vielen Sprachen gibt es spezifische Arten von Bildungsanstalten, z.B. "*grandes écoles*" im Französischen. Darüber hinaus gibt es fachspezifische Wörter wie aus der Biochemie, die in einer allgemeinen Ressource wie WordNet nicht abgedeckt werden.

Dieses Problem ist umso relevanter, wenn man die Ebene der abstrakten Konzepte bzw. Entitäten verlässt und sich mit individuellen Entitäten befasst. In vielen Anwendungen ist es wichtig, auch über konkrete Ortschaften, Bücher oder Persönlichkeiten Informationen zur Verfügung zu haben. Auf dieser Ebene sind die Unterschiede zwischen verschiedenen Sprachen und Domänen noch viel gravierender.

Ziel. In diesem Abschnitt wird nun ein weiterer Aspekt der multilingualen Wissensintegration präsentiert. Grundfrage ist: Wie können verschiedene, sich teilweise überlappende Repertoires von Konzepten bzw. Entitäten zu einem einzigen Repertoire zusammengefügt werden? Dabei sollen in der Ausgabe äquivalente Entitäten zu Äquivalenzklassen zusammengefasst werden, und nicht-äquivalente Entitäten klar unterschieden werden. Schwierig wird dies aufgrund der Tatsache, dass Informationen über Äquivalenzen und Verschiedenheiten im Widerspruch zueinander stehen können.

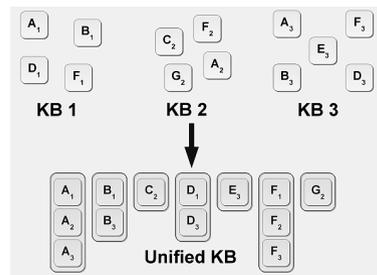


Abbildung 3: Entitäten-Integration

3.1 Ansatz

Da Äquivalenz symmetrisch ist, ist unser Ausgangspunkt ein einfacher ungerichteter Graph $G = (V, E)$ mit Kantengewichten $w(e)$, welche die Stärke der Äquivalenzinformationen widerspiegeln. Solche Kanten und Kantengewichte können, wie in Abschnitt 4, mit Methoden des maschinellen Lernens bestimmt werden. Zusätzlich gehen wir davon aus, dass wir gewisse Anhaltspunkte für konkrete Verschiedenheiten haben.

Definition 1 (Verschiedenheitshypothesen) Bei gegebener Knotenmenge V ist eine Verschiedenheitshypothese eine geordnete Menge $D_i = (D_{i,1}, \dots, D_{i,l_i})$ von paarweise disjunkten Untermengen $D_{i,j} \subset V$, welche ausdrücken, dass zwei beliebige Knoten $u \in D_{i,j}$, $v \in D_{i,k}$ aus unterschiedlichen Untermengen ($j \neq k$) mit einem Gewicht $w(D_i) \in \mathbb{R}$ für nicht-äquivalent gehalten werden.

Diese Definition ist sehr allgemein gehalten, um viel Flexibilität zu bieten. Für die Enzyklopädie Wikipedia können beispielsweise derartige Hypothesen dann mit einigen wenigen formalen Kriterien in großen Mengen automatisch generiert werden.

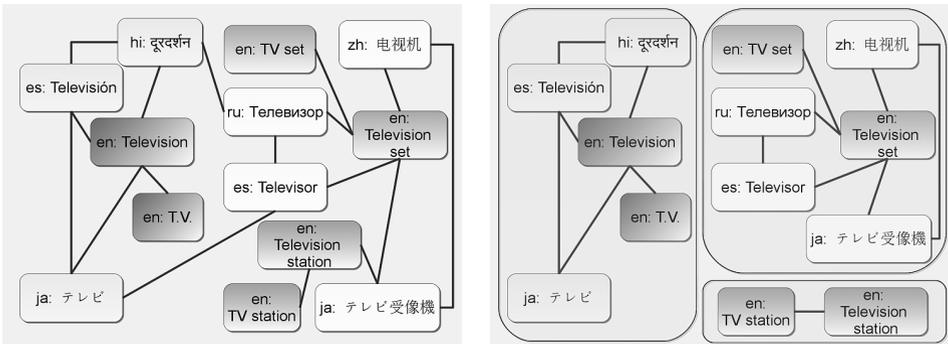


Abbildung 4: Inkonsistenter (links) und konsistenter Graph (rechts)

Betrachtet man nun den Graphen mit seinen Äquivalenz ausdrückenden Kanten unter Berücksichtigung der Transitivität von Äquivalenz, sowie eine Menge von Verschiedenheitshypothesen, so ist es offensichtlich, dass es sich widersprechende Informationen geben kann. In Abb. 4 werden z.B. die englischen Entitäten `Television` und `T.V.` für nicht-äquivalent zu `Television set` und `TV set` gehalten. Im ursprünglichen Graphen wird aber gleichzeitig durch die Kanten (und ihrer Transitivität) eine implizite Äquivalenz zwischen allen Entitäten suggeriert.

Zur Beseitigung derartiger Widersprüche ist es naheliegend von zwei Operationen Gebrauch zu machen:

- Kantenentfernung:** Ignorieren von Äquivalenzinformationen durch Entfernung einer Kante $e \in E$
- Abschwächung von Verschiedenheitshypothesen:** Entfernen eines Knotens v aus einer Verschiedenheitshypothese D_i

Von Lösungen derartiger WDGS-Probleme (Weighted Distinctness-Based Graph Separation) verlangen wir, dass es im modifizierten Graphen $(V, E \setminus C)$ keine inkonsistenten Pfade mehr gibt, wie in Abb. 4 rechts dargestellt.

Definition 2 (WDGS-Lösung) *In einem Graphen $G = (V, E)$ mit n Verschiedenheitshypothesen D_1, \dots, D_n ist ein Tupel (C, U_1, \dots, U_n) genau dann eine konsistente WDGS-Lösung, wenn für alle $i, j, k \neq j$ und beliebige Knoten $u \in D_{i,j} \setminus U_i, v \in D_{i,k} \setminus U_i$ sich ergibt, dass $P(u, v, E \setminus C) = \emptyset$.*

Definition 3 (WDGS-Kosten) *Gegeben seien Kantengewichte $w : E \rightarrow \mathbb{R}$ und Gewichte für Verschiedenheitshypothesen $w(D_i)$ ($i = 1 \dots n$). Die Gesamtkosten einer WDGS-Lösung $S = (C, U_1, \dots, U_n)$ sind definiert als: $c(S) = [\sum_{e \in C} w(e)] + [\sum_{i=1}^n |U_i| w(D_i)]$.*

Durch geeignete Reduktionen ergibt sich relativ schnell folgendes Theorem, so dass ein Approximationsalgorithmus entwickelt wird.

Theorem 4 *Das Bestimmen einer WDGS-Lösung mit minimalen Kosten ist NP-hart und APX-hart. Das Bestimmen von approximativen WDGS-Lösungen ist innerhalb eines Faktors von 1,3306 NP-hart und unter Annahme der Unique Games Conjecture auch innerhalb beliebiger konstanter Faktoren $\alpha > 0$ NP-hart.*

Approximationsalgorithmus. Zunächst wird ein lineares Programm formuliert, dessen Zielfunktion dem WDGS-Ziel entspricht, jedoch unter Relaxation der Constraints. Dieses lineare Programm liefert eine vorläufige nicht-integrale Zwischenlösung. Nun wird ein erweiterter Graph G' konstruiert, in dem die Verschiedenheitshypothesen ebenfalls als Knoten repräsentiert sind. Die Zwischenlösung wird zur Definition einer Distanzmetrik auf G' benutzt. Nun können sogenannte Regionenexpansionsverfahren zum Einsatz kommen [LR99, GUY96]. Es wird wiederholt ein relevantes D_i ausgewählt. Einzelne Knoten im Graphen werden in Abhängigkeit von der Distanzmetrik u.U. gewissen Knoten in $D_{i,j}$ von D_i zugeordnet. Geschieht dies auf geschickte Weise, so bestimmen diese Zuordnungen letztendlich, welche Kanten entfernt und welche Verschiedenheitshypothesen abgeschwächt werden.

Theorem 5 *Der Algorithmus liefert gültige WDGS-Lösungen und bietet darüber hinaus eine Approximationsgarantie mit Faktor $4 \ln(nq + 1)$.*

3.2 Ergebnis

Konkret wurde der Algorithmus auf die 270 verschiedenen sprachspezifischen Versionen von Wikipedia angewandt. Auf dem Datensatz zeigte sich, dass der Algorithmus eine Lösung findet, deren Kosten nicht mehr als 4,2% über dem Optimum liegen kann. Auch auf anderen Datensätzen, für die Hypothesen zur Verschiedenheit von Entitäten formuliert werden können, kam der Algorithmus zum Einsatz.

4 Taxonomische Integration

Während bei der Entitäten-Integration äquivalente Entitäten zusammengefasst werden, ist das Ziel der taxonomischen Integration eine zusätzliche Verbindung nicht-äquivalenter Entitäten in einer semantisch organisierten Wissensbank. Sucht ein Benutzer nach Bildungseinrichtungen in Europa, so ist es wichtig zu wissen, dass eine deutsche Technische Hochschule oder eine portugiesische “*ensino politécnico*” relevant sein können, auch wenn diese Konzepte nicht unmittelbar äquivalent sind, sondern spezifische Subtypen von Bildungseinrichtungen darstellen.

Zu diesem Zweck wird ein Algorithmus entwickelt, mit dem sich aus mehreren Quellen eine kohärente, taxonomisch organisierte Wissensbank bilden lässt. Die Herausforderung hierbei ist die Verknüpfung unvollständiger und unzuverlässiger taxonomischer Einzelbeziehungen zu einer umfassenden kohärenten Hierarchie, in der alle durch die Wissensbank beschriebenen Entitäten zueinander in Verbindung gesetzt werden. Erreicht wird dies durch einen auf Markov-Ketten basierenden Algorithmus.

4.1 Ansatz

Im Folgenden wird davon ausgegangen, dass als Eingabe nicht nur Äquivalenzkanten, sondern auch taxonomische Links zwischen einzelnen semantischen Entitäten vorliegen. Diese zu erstellen ist im Allgemeinen nicht ganz trivial. Erfreulicherweise ist unser Algorithmus relativ robust gegenüber unzuverlässigen Eingabekanten, so dass Heuristiken zur Anwendung kommen können. Für unsere MENTA-Wissensbank, welche auf ca. 270 Wikipedia-Versionen sowie WordNet zurückgreift, haben wir Heuristiken für folgende Kanten entwickelt:

- **Äquivalenzkanten:** zwischen Wikipedia-Artikel verschiedener Sprachen, Kategorien, Umleitungsseiten, sogenannten Infoboxen, und auch WordNet-Konzepten, teilweise unter Einsatz von Methoden des maschinellen Lernens zur Disambiguierung
- **Unterklassen-Links:** von Kategorien auf gewisse Eltern-Kategorien sowie auf WordNet-Konzepte, teilweise mit Methoden des maschinellen Lernens
- **Instanz-Links:** von Artikel auf gewisse Kategorien und Infoboxen

In Abb. 5 wird der unzuverlässige Inputgraph der gewünschten kohärenteren und sauberen Ausgabe gegenübergestellt. Kernidee ist eine Verbindung der Techniken aus Abschnitt 3 mit einem Markov-Ketten-basierten Ranking. Die Markov-Kette erhält dabei einen Zustand für jede Zusammenhangskomponente bezüglich der Äquivalenzrelation. Die Übergangsmatrix wird definiert als

$$Q_{i,j} = \begin{cases} \frac{w_{i,j}}{c + \sum_{k \in \Gamma_o(i)} w_{i,k}} & j \neq 0 \\ \frac{c + w_{i,j}}{c + \sum_{k \in \Gamma_o(i)} w_{i,k}} & j = 0 \end{cases}$$

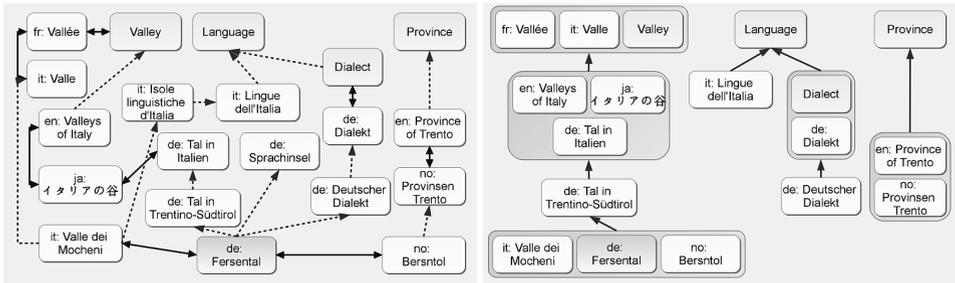


Abbildung 5: Unzuverlässige initiale Kanten (links) und bereinigte/zusammengefassten Ausgabe (rechts), in vereinfachter Form dargestellt

wobei die $w_{i,j}$ sich aus den Summen der Gewichte gewisser taxonomischer Einzelkanten zwischen Zusammenhangskomponenten ergeben, und die zusätzlichen $Q_{i,0}$ die Übergänge zur aktuell untersuchten Entität widerspiegeln. Man kann nun zeigen, dass die Übergangsmatrix stochastisch ist, die Markov-Kette eine eindeutige stationäre Verteilung $\pi = \pi Q$ besitzt, und π einige aus taxonomischer Sicht wünschenswerte Eigenschaften besitzt.

Somit wird für jede Entität eine Markov-Kette erzeugt, um potenzielle Andockpunkte in der Taxonomie zu bewerten. Die stationäre Verteilung der Markov-Kette bestimmt dann im Wesentlichen, wo eine Entität innerhalb der Taxonomie angehängt wird.

4.2 Ergebnis

Dies ist von besonderer Relevanz, weil damit Entitäten aus diversen Wikipedia-Fassungen nicht nur sauberen Klassen innerhalb von Wikipedia zugeordnet werden können, sondern auch abstrakteren Konzepten in WordNet, selbst wenn die entsprechende Sprache in keiner Weise in WordNet vertreten ist. Eine empirische Analyse ergibt, dass die taxonomischen Links nach Anwendung des Algorithmus erheblich zuverlässiger sind als vorher, und dass die generierte Taxonomie in hohem Maße kohärent ist. Daneben wurde gezeigt, dass auch zusätzliche Quellen wie Ontologien und Linked Data-Datensätze integrierbar sind.

5 Fazit

Die vorgestellten Algorithmen stellen einen wichtigen Beitrag zu dem angesichts der zunehmenden Verfügbarkeit heterogener Datensätze im Web immer wichtiger werdenden Gebiet der Wissensintegration dar. So entsteht zum Beispiel mit dem rapide expandierenden Web of Data (*linkeddata.org*) ein wachsender Bedarf an Integrationsalgorithmen zur Verbindung äquivalenter Entitäten und zur Generierung übergreifender Taxonomien.

Besonders relevant sind die Algorithmen für das vorher relativ wenig erforschte Gebiet der automatischen Synthese multilingualer Wissensbasen. Zusammen führen die Metho-

den aus den Abschnitten 2 bis 4 unter anderem zu UWN/MENTA, einer automatisch aus WordNet und Wikipedia generierten semantisch organisierten Wissensbank, in der über 5 Millionen Bedeutungen mittels über 16 Millionen Wörter und Namen in über 200 Sprachen beschrieben werden. Die Datenbank ist somit die größte multilinguale Wissensbank ihrer Art. In Experimenten haben wir u.a. ihren Nutzen für die Textklassifikation und Entitätensuche gezeigt. Darüber hinaus sind derartige Ressourcen für eine Vielzahl von Anwendungen wie z.B. die Expansion von Suchanfragen mit Synonymen bei Suchmaschinen, Schema-Matching für Datenbanken, Dienste für mobile Geräte, oder auch visuelle Objekterkennung zum Einsatz gekommen. Die UWN/MENTA-Datenbank, online verfügbar unter www.mpi-inf.mpg.de/yago-naga/uwn/, ebnet daher den Weg für eine Vielzahl von neuen monolingualen und multilingualen wissensbasierten Anwendungen.

Literatur

- [BFV10] Pushpak Bhattacharyya, Christiane Fellbaum und Piek Vossen, Hrsg. *Proceedings of the 5th Global WordNet Conference (GWC 2010)*. Narosa Publishing, India, 2010.
- [dM10] Gerard de Melo. *Graph-based Methods for Large-Scale Multilingual Knowledge Integration*. Dissertation, Saarland University, Saarbrücken, Germany, 2010.
- [Fel98] Christiane Fellbaum, Hrsg. *WordNet: An Electronic Lexical Database (Language, Speech, and Communication)*. MIT Press, 1998.
- [GVY96] Naveen Garg, Vijay V. Vazirani und Mihalis Yannakakis. Approximate max-flow min-(multi)cut theorems and their applications. *SIAM J Computing*, 25:698–707, 1996.
- [LR99] Tom Leighton und Satish Rao. Multicommodity max-flow min-cut theorems and their use in designing approximation algorithms. *Journal of the ACM*, 46(6):787–832, 1999.
- [TCS04] Dan Tufiş, Dan Cristea und Sofia Stamou. BalkaNet: Aims, Methods, Results and Perspectives. *Romanian J. Information Science and Technology*, 7(1–2):9–34, 4 2004.
- [VAC⁺08] Piek Vossen, Eneko Agirre, Nicoletta Calzolari, Christiane Fellbaum, Shu kai Hsieh, Chu-Ren Huang und andere. KYOTO: A System for Mining, Structuring and Distributing Knowledge across Languages and Cultures. In *Proc. LREC 2008*, 2008.
- [Vos98] Piek Vossen. *EuroWordNet: A Multilingual Database with Lexical Semantic Networks*. Springer, 1998.



Gerard de Melo wurde 1979 in Frankfurt am Main geboren. Er studierte Informatik und Philosophie mit Unterstützung der Studienstiftung des deutschen Volkes an der Johann Wolfgang Goethe-Universität mit einjährigem Aufenthalt an der Université de Montréal. Anschließend begann er 2007 am Max-Planck-Institut für Informatik seine Promotion in der von Prof. Gerhard Weikum geleiteten Datenbanken- und Informationssystem-Gruppe. Zwei seiner 15 Publikationen haben Best Paper Awards gewonnen (ICGL 2008, CIKM 2010). 2010 schloss er seine Promotion an der Universität des Saarlandes mit Auszeichnung ab.

Unterstützung expliziter Articulation Work – Interaktive Externalisierung und Abstimmung mentaler Modelle

Stefan Oppl

Institut für Wirtschaftsinformatik - Communications Engineering
Johannes Kepler Universität Linz
Altenbergerstraße 69, 4040 Linz, Österreich
stefan.oppl@jku.at

Abstract: In der heutigen Arbeitswelt ist Interaktion zwischen den Akteuren ein inhärenter Bestandteil jedes Arbeitsvorgangs. Diese Interaktion muss zwischen den beteiligten Personen abgestimmt werden, um die Zielerreichung zu gewährleisten („Articulation Work“) bezeichnet. Ein wesentlicher Teil eines Abstimmungsvorgangs ist die Offenlegung der unterschiedlichen Sichten auf den betroffenen Arbeitsvorgang durch alle Beteiligten und die Entwicklung eines gemeinsamen Verständnisses, auf dem aufbauend neue Formen der Interaktion gefunden werden können. In der vorliegenden Arbeit wurde ein Werkzeug entwickelt, um diesen Abstimmungsvorgang methodisch und technologisch zu unterstützen. Basiert auf Strukturlegetechniken und Concept Mapping wurde eine Methode entwickelt, deren Durchführung durch ein „Tabletop Interface“ unterstützt wird. Der Abstimmungsvorgang wird dabei durch die kooperative Manipulation be-greifbarer Modellierungselemente sowie rechner-basierter Unterstützungsfunktionen ermöglicht. Im Rahmen mehrerer empirischer Studien konnte die effektive Unterstützung durch das Systems im Sinne der Aufgabenstellung auf mehreren Ebenen nachgewiesen werden.

1 Einführung

„No one person embodies the requisite knowledge to comprehend complex organizational problems, or the requisite variety to clarify equivocal issues“ [TVH97]

An dieser Aussage begründen Tyre und von Hippel [TVH97] die unbedingte Notwendigkeit zur Kooperation bei der Durchführung von Arbeit in Organisationen. Arbeit in Organisation ist ein inhärent kooperatives System zur Erreichung eines Ziels [HH62], in dem das Ziel nur durch das Zusammenwirken der Beiträge aller beteiligten Individuen erreicht werden kann [Str85]. Diese Individuen haben unterschiedliche Kenntnisse, Fähigkeiten und Interessen, die zusammengeführt und aufeinander abgestimmt werden müssen um Kooperation zu ermöglichen [SB92].

Eine Beschäftigung mit den Möglichkeiten zur Unterstützung kooperativer Arbeit und der Verbesserung derselben ist deshalb ein vielfach adressiertes Thema der Forschung vor allem in der Soziologie (etwa [Str93]) oder den Organisationswissenschaften (etwa [FM03]) und führte auch zur Bildung neuer Forschungsfelder wie der *Computer-supported Coope-*

rative Work (CSCW). Die Einbindung von Informationstechnologie zur Unterstützung kooperativer Arbeit eröffnet neue Möglichkeiten der Zusammenarbeit und beseitigte viele Hindernisse – vor allem jene im Zusammenhang, die im Zusammenhang mit Kommunikation und der Verfügbarkeit von Information stehen [Gru88]. Bei der Entwicklung von Systemen, die kooperative Arbeit unterstützen, müssen nach Grudin [Gru88] zwei Aspekte beachtet werden: das Verständnis der zu unterstützenden Phänomene und Abläufe in der Arbeitsrealität der betroffenen Personen¹ sowie das Verständnis der Arbeitsweise der betroffenen Individuen selbst².

Ein Ansatz, der im Rahmen von CSCW zur Erklärung kooperativer Arbeit und zur Ableitung von Unterstützungsmaßnahmen herangezogen wurde [SB92], ist das Konzept der „Articulation Work“ [Str85]. „Articulation Work“ erklärt die Prozesse der Abstimmung von Zusammenarbeit und bildet die Grundlage für eine Vielzahl von Ansätzen zur Unterstützung derselben. In der Literatur sind jedoch keine Arbeiten zu identifizieren, die den Zusammenhang zwischen der Verwendung von „Articulation Work“ als Grundlage der Entwicklung von Unterstützungsmaßnahmen und der Berücksichtigung beider von [Gru88] formulierten Forderungen untersuchen bzw. bestätigen. Dies ist jedoch notwendig, um die Unterstützung kooperativer Arbeit in ihrer Gesamtheit – also unter Berücksichtigung sowohl der kooperativen Arbeitsprozesse sowie der Beiträge der beteiligten Individuen – sicherstellen zu können [Gru88].

Das Konzept „Articulation Work“ wird zur Beschreibung der unterschiedlichen Qualitäten von Tätigkeiten im Rahmen kooperativer Arbeit verwendet [Str85]. Es werden damit all jene Tätigkeiten erfasst, die der Planung und gegenseitigen Abstimmung kooperativer Arbeit sowie der Auflösung etwaig auftretender Unklarheiten oder Hindernisse bei der Zielerreichung dienen. Komplementär dazu wird jener Anteil an Arbeit, der der unmittelbaren Zielerreichung bzw. der Wertschöpfung dient, als „Production Work“ bezeichnet [Fuj87]. Im Sinne von Strauss dient die „Articulation Work“ also dazu, die „Production Work“ zu ermöglichen und aufrecht zu erhalten oder deren Durchführbarkeit wieder herzustellen. Entsprechend der Grundannahme, dass jeder Arbeitsablauf ein inhärent kooperativer Vorgang ist [Str85], ermöglicht bzw. erhält „Articulation Work“ also eine funktionierende Kommunikation und Zusammenarbeit in Arbeitsabläufen. Zentral ist dabei vor allem die gegenseitigen Offenlegung der Annahmen aller beteiligten Personen, die den individuellen Arbeitsbeiträgen zugrunde liegen³.

„Articulation Work“ ist nach Strauss integraler Bestandteil jedes kooperativen Arbeitsablaufs. Jene sozialen, unbewusst ausgeführten Tätigkeiten, die der Abstimmung der individuellen Arbeitsbeiträge dienen, bezeichnet [Str88] als *implizite* „Articulation Work“. Mit steigender Komplexität der „Production Work“ steigt auch der Aufwand der dazu notwendigen „Articulation Work“ an [Str88]. Die Komplexität steigt hier mit der Anzahl der

¹ „We need to have a better understanding of how groups and organizations function and evolve than is reflected in most of the systems that have been developed. [...] [One approach is to] start out with a problem situation defined by workers, and work beside them a long time in order to develop a new system that is 'owned' by the workers...“ [Gru88] (S.90)

² „If we are going to support groups that include any diversity at all, we will have to learn much more about how different kinds of people work.“ [Gru88] (S. 91)

³ „Reconciling incommensurate assumptions and procedures in the absence of enforceable standards is the essence of articulation.“ [GS86] (S. 266)

benötigten Arbeitsschritte, den dazu benötigten Kompetenzen und der Anzahl der involvierten Personen. Je komplexer („problematic“) eine Interaktion ist, desto notwendiger wird nach [Str88] eine explizite Beschäftigung mit dem Vorgang der Artikulation. Werden Tätigkeiten in diesem Rahmen bewusst durchgeführt, so spricht man von *expliziter* „Articulation Work“ [Str88].

Wie bereits oben erwähnt, beschreibt Strauss in seinen Arbeiten zwar das Phänomen „Articulation Work“ und dessen Wirkung (also im Wesentlichen *was* „Articulation Work“ ist), verzichtet aber auf eine detaillierte Betrachtung der Abläufe und Tätigkeiten bei der Durchführung derselben (also *wie* „Articulation Work“ funktioniert). Insbesondere ignoriert er bewusst⁴ den individuellen Aspekt von „Articulation Work“, also jene die kognitiven Phänomene, die durch „Articulation Work“ beeinflusst werden bzw. die die Auslöser für deren Durchführung sind. Strauss bezeichnet diese kognitiven Vorgänge in späteren Arbeiten (etwa [Str93]) als wichtig für das Verständnis der Abläufe bei der Durchführung von „Articulation Work“, ohne jedoch näher auf diese einzugehen. Durch die Fokussierung auf die soziale Dimension von Arbeit im Allgemeinen und „Articulation Work“ im Besonderen berücksichtigen die vorgeschlagenen Unterstützungsansätze ebenfalls vorrangig auf die Unterstützung sozialen (Kommunikations-)Prozesse. Als Konsequenz sind die meisten Ansätze vor allem zur Unterstützung impliziter „Articulation Work“ geeignet und berücksichtigen die Möglichkeit des Auftretens „problematischer Interaktionen“ nicht explizit.

Die Unterstützung expliziter „Articulation Work“ ist also ein bislang nur selten explizit adressiertes Themenfeld. Durch die historische Entwicklung des Forschungsgebiets bedingt, wurde die Rolle der beteiligten Individuen dabei nur am Rande berücksichtigt (was wiederum zur Fokussierung auf Maßnahmen zu führt, die auf die Unterstützung von sozialen Abstimmungsprozessen im Arbeitsablauf – also impliziter „Articulation Work“ – abzielen). In der vorliegenden Arbeit wurden deshalb die Möglichkeiten zur Unterstützung expliziter „Articulation Work“ durch die Berücksichtigung der Rolle der beteiligten Individuen erfasst und daraus ein konkretes Unterstützungsinstrument entwickelt. Um die tatsächliche Unterstützung von „Articulation Work“ nachzuweisen, wurde dessen Effektivität im Kontext der „Production Work“ geprüft.

2 Articulation Work und mentale Modelle

Im Kontext der Abstimmung von Arbeitsabläufen kommt den „thought processes“ [Str93] der Individuen große Bedeutung zu, da sie den sichtbaren individuellen Handlungen zugrunde liegen bzw. diese beeinflussen. „Articulation Work“ wirkt sich also auf die „thought processes“ der beteiligten Individuen aus. Strauss behandelt ausschließlich die dynamischen Aspekte der Interaktion zwischen Individuen, nicht aber die Ausgangspunkte und Ergebnisse der zugrunde liegenden „thought processes“. Die Repräsentationen, auf denen „thought processes“ beruhen und operieren, sind jedoch für die Unterstützung von „Arti-

⁴ „[...] many social scientist pay almost no attention to interior activity: ignoring it, taking it for granted, but leaving it unexamined, or giving it the kind of abstract but not very detailed analysis [...]“ [Str93] (S.131)

„Articulation Work“ von Interesse [HHKL02]. Die kognitions-wissenschaftlichen Ansätze zu mentalen Modellen (vgl.[See91]) sind ein Erklärungsansatz, die diese Lücke füllen können [HHKL02].

„Mentale Modelle“ sind ein Erklärungskonzept für jene mentalen Strukturen und Vorgänge, mit Hilfe derer Individuen ihre Wahrnehmungen der realen Welt erklären und Handlungsalternativen ableiten. Durch Lernprozesse können „Mentale Modelle“ verfeinert oder grundlegend verändert werden. Ein wesentlicher Unterstützungsfaktor für die Reflexion und Verfeinerung mentaler Modelle ist deren Externalisierung. Diese ist außerdem die Voraussetzung für die Kommunikation und Abstimmung verschiedener mentaler Modelle.

Die Externalisierung von „mental Modellen“ ist ein Prozess, in dem eine Transformation des Kodierungssystems stattfindet. Jede Modellbildung führt neben der „Abbildung“ auch zur „Verkürzung“ [Sta73], d.h. dass das Modell nicht die gesamte Information des Originals enthält, sondern nur jene Aspekte, die vom Ersteller als relevant wahrgenommen werden. Herausfordernd ist im Kontext von „Articulation Work“ das Abbildungsmerkmal, also die notwendige Übersetzungsleistung bei der Externalisierung eines mentalen Modells.

In Situationen, in denen mentale Modelle auch anderen Individuen vermittelt werden sollen, steht neben der „Repräsentation“ der Modellinformation vor allem deren „Kommunikation“ im Vordergrund [Han06]. Die „Kommunizierbarkeit“ eines mentalen Modells hat Auswirkungen auf die wählbaren Kodierungssysteme zur Externalisierung. Das gewählte Kodierungssystem muss allen beteiligten Individuen verständlich sein, während dieses Kriterium bei der individuellen Verständnisbildung irrelevant ist [Han06]. Im Rahmen von „Articulation Work“ steht im Allgemeinen die „Kommunikation“ bei der Externalisierung im Vordergrund, wobei diese ohne eine adäquate „Repräsentation“ nicht möglich ist. Ziel muss es also sein, Kodierungssysteme zur Verfügung zu stellen, die allen beteiligten Individuen verständlich sind, und eine möglichst unmittelbare Abbildbarkeit der mentalen Modelle auf die externalisierte Repräsentation ermöglicht.

Während die Externalisierung auch rein verbal erfolgen kann, ist die Verwendung einer expliziten, graphischen Repräsentation vorteilhaft [Ife06]. Diese wirkt vor allem in Situationen, in denen mentale Modelle offengelegt und kommuniziert werden sollen, als Ankerpunkt und Dokumentation, anhand derer eine Abstimmung der individuellen Sichten erfolgen kann. Methoden, deren Eignung zur Externalisierung mentaler Modelle empirisch belegt ist, sind unter anderem Strukturlegetechniken und Concept Mapping [Ife06]. Im Kontext des Einsatzes zur Abstimmung mentaler Modelle sind besonders Strukturlegetechniken als relevant zu betrachten. Deren methodische Hinterlegung durch die Dialog-Konsens-Methodik zielt explizit auf die Bildung eines gemeinsamen Verständnisses ab und eignet sich deshalb für die Unterstützung expliziter „Articulation Work“. In Einzelaspekten, etwa der semantischen Offenheit der Modellierungselemente, bringt aber auch der Ansatz der Concept Maps Konzepte ein, die im Kontext der Durchführung expliziter „Articulation Work“ relevant sind [Jør04]. In dieser Arbeit wird deshalb versucht, eine Variante von Strukturlegetechniken zu entwickeln, die die für „Articulation Work“ relevanten Aspekte von Concept Mapping berücksichtigt und so die Abstimmung mentaler Modelle aus beliebigen Arbeitskontexten ermöglicht.

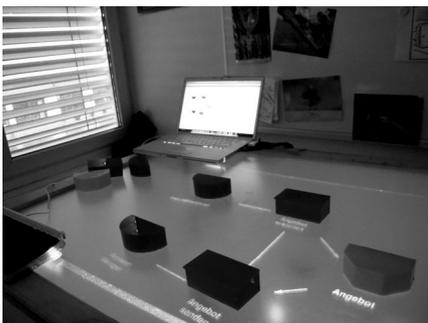
3 Werkzeugunterstützung

Die in dieser Arbeit vorgeschlagene Methodik bedingt eine Unterstützung durch ein Werkzeug, das die Abbildung der dazu notwendigen diagrammatischen Modelle unterstützt. Die Methodik impliziert, dass die Modellierung selbst im physischen Raum durchgeführt wird (Strukturlegetechniken), diese aber dennoch durch rechnerbasierte Funktionen unterstützt und ergänzt wird (Concept Mapping). Die Zusammenführung der physischen und digitalen Repräsentation und Interaktionsmechanismen wird durch ein „Tangible Tabletop Interface“ realisiert.

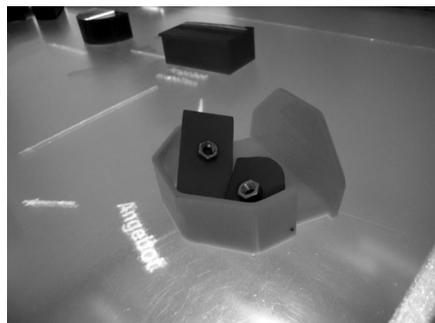
Dieses Werkzeug ermöglicht es BenutzerInnen, kooperativ auf einer Tischoberfläche mit physischen Elementen (Bausteinen) diagrammatische Modelle (also vernetzte Strukturen wie Concept Maps, Prozessmodelle oder Graphen im allgemeinen Sinn) zu erstellen. Die Bausteine werden dazu auf der Tischoberfläche platziert und mittels unterschiedlicher Interaktionen mit dem System benannt und untereinander in Beziehung gesetzt. Die Darstellung der Benennungen und Beziehungen erfolgt dabei durch Projektion auf die Tischoberfläche, um eine einfache Veränderbarkeit des Modells gewährleisten zu können (siehe Abbildung 1(a)). Um die Anpassbarkeit der Modelle an die individuellen Sichtweisen der TeilnehmerInnen gewährleisten zu können, sind die Modellelemente semantisch nicht vorbelegt, sondern werden während der Modellbildung durch die TeilnehmerInnen spezifiziert. Diese Metainformation wird erfasst und der digitalen Modellrepräsentation hinzugefügt.

Das Werkzeug wurde hardwareseitig als Tisch mit semi-transparenter Oberfläche ausgeführt. Die Modellierungsoberfläche ist 80 x 100 cm groß und erlaubt die gleichzeitige Verwendung von etwa 15 bis 20 Modellierungselementen. Die Modellierungselemente wurden initial im Prototypen in drei unterschiedlichen Formen und Farben in Acrylglas ausgeführt. Dies ermöglicht die Repräsentation der durch die BenutzerInnen festgelegten Modellsemantik. Die Anzahl und Art der eingesetzten Elemente ist weder konzeptuell noch implementierungseitig eingeschränkt und kann beliebig erweitert werden.

Die aktuell eingesetzten Elemente sind außerdem als Container ausgeführt, können also



(a) Gesamtansicht



(b) Blöcke, Verbinder und Container

Abbildung 1: Überblick über das Tangible Tabletop Interface

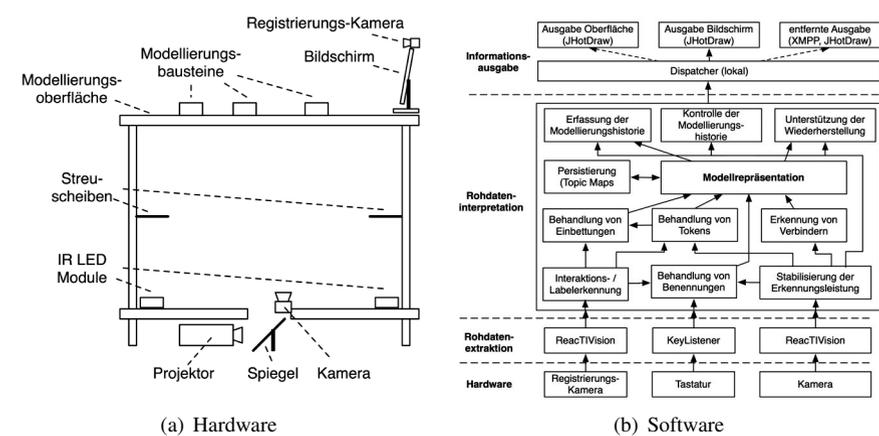


Abbildung 2: Technischer Systemaufbau

geöffnet werden. Diese Funktion ermöglicht die Einbettung von zusätzlicher Information (etwa digitalen Dokumenten, Bilder oder Links) in das Modell durch Hineinlegen kleiner informationstragender Elemente (siehe Abbildung 1(b)). Die Einbettung von Teilmodellen ermöglicht die Bildung der umfangreicheren, hierarchischen Modellen.

Unter der Tischoberfläche ist ein Videoprojektor angebracht, der durch Rückprojektion die Verbindungen im Modell, die Benennung der Modellelemente sowie zusätzliche Information zur Modellierungsunterstützung auf die Oberfläche projiziert (siehe Abbildung 2(a)). Zusätzlich ist eine zweite Ausgabeoberfläche in Form eines Bildschirms (oder alternativ einer Leinwand mit Projektor) vorhanden, auf der der aktuelle Modellzustand synchron mitgeführt wird und auf dem nicht kohärent auf der Tischoberfläche darstellbare Information dargestellt wird („nicht kohärent“ bedeutet hier, dass projizierte Information durch etwaige aus einem anderen Nutzungskontext vorhandene physische Modellbausteine verdeckt werden kann). Sämtliche Interaktion mit dem System wird über die Tischoberfläche durchgeführt, lediglich die Benennung der Modellelemente erfolgt alternativ über eine Tastatur, da primäre Benennungsmechanismus, der auf der Verwendung von Haftnotizen unter Einsatz von Bilderkennung basiert, von einer Mehrheit der BenutzerInnen als unzureichend bedienbar betrachtet wurde. Die sekundäre (Registrierungs-)kamera wird zum Abrufen von an Elemente gebundene Zusatzinformation sowie zur Festlegung der Baustein-Semantik eingesetzt.

Das System setzt zur Identifikation der Bausteine und Werkzeuge auf der Oberfläche das System ReacTIVision [KB07] ein. Dieses ermöglicht eine Identifikation und Lokalisierung der Interaktionselemente basierend auf visuellen Markern. Eine Anforderung an das Werkzeug war dessen Einsetzbarkeit in Umgebungen mit unterschiedlichen Beleuchtungsbedingungen. Während das ReacTIVision-Framework selbst bereits Mechanismen zur Kompensation von wechselnden Umgebungslicht integriert, wurden in der in Java entwickelten Systemsoftware weitere stabilisierende Maßnahmen, insbesondere zu Reduktion des Einflusses von Reflexionen und direkter Sonneneinstrahlung, getroffen.

Die erhobenen Positions-Parameter werden von der Systemsoftware im Sinne der Interaktion zur Modellbildung interpretiert (siehe Abbildung 2(b)). Die identifizierten Interaktionen manipulieren die interne Modell-Repräsentation, welche den Ausgabekanälen zur Anzeige oder Persistierung zur Verfügung gestellt. Die graphische Visualisierung der Modelle sowohl auf der Tischoberfläche als auch am Bildschirm wurde unter Einsatz des JHotDraw-Frameworks [GE96] umgesetzt. Zusätzlich besteht die Möglichkeit, mittels einem im aktuellen Entwicklungsstand auf XMPP [SA⁺04] basierendem Verteilungsprotokoll den Modellierungsvorgang von einem entfernten Standort aus mit zu verfolgen und (in einer aktuell in Entwicklung befindlichen Erweiterung) auch zu beeinflussen.

Die Gesamtheit der abgebildeten Modelle inklusive der Festlegung der Bedeutung der Modellelemente wird als semantisches Netzwerk in Form einer Topic Map [ISO08] digital repräsentiert. Dies gewährleistet die Nachvollziehbarkeit und Weiterverwendbarkeit der Modelle auch über einzelne Anwendungen des Werkzeugs hinweg. Zur Unterstützung des Modellierungs- und Abstimmungsprozesses wurden Funktionen entwickelt, die die einfache und konsequenzlose Veränderbarkeit des Modells gewährleisten sollen. Dazu zählen unter anderem die automatisierte Verfolgung des Modellierungsprozesses durch das System, die Erfassung stabiler Modellzustände und die Möglichkeit, durch die Entstehungshistorie des Modells zu navigieren sowie vergangene Modellzustände wieder herzustellen. In letzterem Fall führt das System die BenutzerInnen durch visuelle Anweisungen auf der Tischoberfläche durch den Rekonstruktionsprozess. Dies kann genutzt werden, um Modellvarianten zu erproben und automations-gestützt zu einem stabilen, von allen Beteiligten akzeptierten Zustand zurückzukehren.

Das Werkzeug wurde in mehreren Revisionen technisch stabilisiert und ermöglicht in seinem derzeitigen Zustand die Durchführung und Persistierung beliebig umfangreicher Modellbildungen mit beliebiger zeitlicher Ausdehnung.

4 Werkzeugeinsatz und Untersuchung der effektiven Unterstützung von Articulation Work

Um die effektive Unterstützung von „Articulation Work“ durch das entwickelte Werkzeug zu prüfen, wurden mehrere Studien in unterschiedlichen Einsatzszenarien durchgeführt. Insgesamt nahmen an diesen Studien 171 TeilnehmerInnen in 78 Anwendungen des Werkzeugs mit einer durchschnittlichen Nutzungsdauer von etwa 25 Minuten teil.

Die Untersuchung der effektiven Unterstützung von expliziter „Articulation Work“ bedingt die Konkretisierung des Effektivitäts-Begriff. Grundsätzlich wird „Articulation Work“ immer im Zusammenhang mit einem konkreten Arbeitsprozess (der „Production Work“) bzw. mit einer in diesem aufgetretenen problematischen Situation durchgeführt. Die Wirkung von „Articulation Work“ zeigt sich an damit unmittelbar an der „Production Work“ und an den in diesem beteiligten Individuen. „Articulation Work“ ist dann effektiv, wenn die beteiligten Personen die Situation nicht mehr als problematisch wahrnehmen und die „Production Work“ (wieder) ohne Hindernisse durchgeführt werden kann (Untersuchungsschwerpunkt – US – 1). Eine Voraussetzung zur Durchführung effektiver expliziter „Articulation

Work“ ist aus methodischer Sicht die Durchführung der kooperativen Modellbildung, die zur Abstimmung der individuellen mentalen Modelle über die „Production Work“ verwendet wird (US 2). Hinsichtlich der kooperativen Modellbildung ist als Voraussetzung der effektiven Unterstützung expliziter „Articulation Work“ die Fähigkeit des Instruments zu sehen, die zur Durchführung der Modellbildung notwendigen Schritte für die beteiligten Individuen verständlich und benutzbar zu unterstützen (US 3).

Um die drei genannten Untersuchungsschwerpunkte abzudecken, wurden 5 Studien durchgeführt. Die effektive Unterstützung von „Articulation Work“ (US 1) wurde unmittelbar vorrangig in zwei Studien geprüft, in denen das System zur kooperativen Abstimmung des Verständnisses von Arbeitsprozessen und deren Einbettung in den organisationalen Kontext eingesetzt wurde. Eine dieser Studien wurde im Rahmen eines wissenschaftlichen Seminars zur Abstimmung der Vorgehensweise zu gemeinsamen Erstellung einer Publikation durchgeführt, die zweite Studie fand im Rahmen eines Einsatzes des Systems bei Organisationsentwicklungsworkshops der IT-Abteilung eines großen österreichischen Unternehmens statt. Zwei weitere Studien fokussierten auf die Untersuchung der Einsetzbarkeit des Systems zur kooperativen Modellbildung (US 2). Beide Studien wurden im Rahmen der universitären Lehre im Bereich der Geschäftsprozessmodellierung durchgeführt. Das Werkzeug wurde eingesetzt, um die wahrgenommenen Unterschiede und Gemeinsamkeiten dreier Prozessmodellierungssprachen kooperativ in Form einer Concept Map abzubilden. Während die erste Studie die grundsätzliche Eignung des Werkzeugs prüfte, wurde in der zweiten Studie eine vergleichende Untersuchung hinsichtlich der unterschiedlichen Auswirkungen des vorliegenden Werkzeugs und einem bildschirm-basierten Werkzeug durchgeführt. Die Untersuchung der Verständlichkeit und Benutzbarkeit (US 3) wurde im Sinne eines evolutionären Design-Prozesses in allen Studien mitgeführt, wobei die erste der fünf durchgeführten Studien ausschließlich auf die Prüfung dieses Aspektes ausgelegt war. Diese Studie wurde mit NutzerInnen aus unterschiedlichen beruflichen Hintergründen und mit unterschiedlichem Vorwissen hinsichtlich des Vorgehens bei Modellbildungen durchgeführt und hatte das Ziel, den Umgang mit dem Werkzeug explorativ zu erkunden. Methodisch wurden in allen fünf Blöcken neben der Erhebung von quantitativen Parametern des Modellierungsprozesses und des Modellierungsergebnisses auch eine auf Videoaufzeichnungen beruhende Interaktionsanalyse [JH95] sowie qualitative Interviews der TeilnehmerInnen durchgeführt.

Hinsichtlich der Verständlichkeit und Benutzbarkeit des Werkzeugs wurden wie erwähnt bereits während der Implementierung begleitend Untersuchungen durchgeführt. Die Ergebnisse dieser Untersuchungen flossen in die Überarbeitung des Werkzeugs und dessen unterstützte Interaktionsabläufe ein. Nach Abschluss der Implementierung der grundlegenden Funktionalität wurde mit der Prüfung der Wirkung des Werkzeugs im Sinne der Aufgabenstellung begonnen. Diese wurde wie oben beschrieben einerseits auf Ebene der „Articulation Work“ selbst durchgeführt, andererseits wurde auch die Voraussetzung dafür, also die Unterstützung der Repräsentation und Kommunikation mentaler Modelle, geprüft.

Hinsichtlich der Repräsentation und Kommunikation mentaler Modelle wurde geprüft, ob beliebiger Modelle abgebildet werden können und ob diese Abbildung ohne wahrgenommene Einschränkungen der BenutzerInnen möglich ist. Als zweiter Aspekt wurde überprüft, ob die Modelle bzw. Modellbildung der Kommunikation und Interaktion zwi-

schen den Benutzern zuträglich sind, ob also jene Aktivitäten, die im Rahmen von „Articulation Work“ durchgeführt werden müssen, ermöglicht und unterstützt werden. Während die Abbildbarkeit beliebiger Modelle vor allem durch die beschränkte Größe der Modellierungsfläche und die Einschränkung auf drei unterschiedliche Modellierungselementtypen in der derzeitigen Implementierung nicht gegeben ist, werden Kommunikation und Interaktion am Werkzeug bei der Modellbildung unterstützt. Die Interaktion bei kooperativer Modellbildung am Modellierungstisch signifikant höher als bei der Verwendung herkömmlicher bildschirmbasierter Werkzeuge gleicher oder höherer Flexibilität.

Bei der Überprüfung der Wirkung des Werkzeugs auf die durchgeführte „Articulation Work“ wurde wie oben beschrieben auf zwei Aspekte eingegangen, an denen die Effektivität der Durchführung zu erkennen ist. Zum einen wurden die unmittelbaren Auswirkungen, d.h. die Bildung eines gemeinsamen Verständnisses, und zum anderen die Auswirkungen auf den behandelten Arbeitsablauf, also die „Production Work“, untersucht. Die unmittelbare Wirkung des Werkzeugs auf die Bildung eines gemeinsamen Verständnisses über den betrachteten Arbeitsaspekt konnte in der Untersuchung bestätigt werden. Zur Generalisierbarkeit der Bestätigung sind aber aufgrund der kleinen Stichprobe in lediglich einem Anwendungsfall weitere Untersuchungen notwendig. Eine Wirkung der anhand des Werkzeugs durchgeführten „Articulation Work“ auf die eigentlichen Arbeitsprozesse konnte hingegen in der Untersuchung nur in Einzelfällen beobachtet werden und kann nicht im Allgemeinen bestätigt werden. Auch hier gilt, dass weitere Untersuchungen zur Verbreiterung der Datengrundlage notwendig sein werden.

Literatur

- [FM03] J. Firestone und M. McElroy. *Key Issues in the new Knowledge Management*. Butterworth-Heinemann, 2003.
- [Fuj87] J.H. Fujimura. Constructing 'Do-Able' Problems in Cancer Research: Articulating Alignment. *Social Studies of Science*, 17(2):257–293, 1987.
- [GE96] E. Gamma und T. Eggenschwiler. The JHotDraw-Framework. online <http://www.jhotdraw.org/>, 1996.
- [Gru88] J. Grudin. Why CSCW applications fail: problems in the design and evaluation of organizational interfaces. In *Proceedings of the 1988 ACM conference on Computer-supported cooperative work*, Seiten 85–93. ACM, 1988.
- [GS86] E.M. Gerson und S.L. Star. Analyzing due process in the workplace. *ACM Transactions on Information Systems (TOIS)*, 4(3):257–270, 1986.
- [Han06] U. Hanke. *Externale Modellbildung als Hilfe bei der Informationsverarbeitung und beim Lernen*. Dissertation, University of Freiburg, 2006.
- [HH62] P. Helmlinger und S. Hoos. Cooperative enterprise and organization theory. *American Journal of Agricultural Economics*, 44(2):275, 1962.
- [HHKL02] T. Herrmann, M. Hoffmann, G. Kunau und K.U. Loser. Modelling Cooperative Work: Chances and Risks of Structuring. In *Cooperative Systems Design, A Challenge of the Mobility Age. Proceedings of COOP 2002*, Seiten 53–70. IOS press, 2002.

- [Ife06] D. Ifenthaler. *Diagnose lernabhängiger Veränderung mentaler Modelle - Entwicklung der SMD-Technologie als methodologisches Verfahren zur relationalen, strukturellen und semantischen Analyse individueller Modellkonstruktionen*. Dissertation, University of Freiburg, 2006.
- [ISO08] ISO JTC1/SC34/WG3. Information Technology - Topic Maps - Part 2: Data Model. International Standard 13250-2, ISO/IEC, 2008.
- [JH95] B. Jordan und A. Henderson. Interaction Analysis: Foundations and Practice. *The Journal of the Learning Sciences*, 4(1):39–103, 1995.
- [Jør04] H.D. Jørgensen. *Interactive Process Models*. Dissertation, Department of Computer and Information Sciences, Norwegian University of Science and Technology Trondheim, 2004.
- [KB07] Martin Kaltenbrunner und Ross Bencina. reactIVision: a computer-vision framework for table-based tangible interaction. In *TEI '07: Proceedings of the 1st international conference on Tangible and embedded interaction*, Seiten 69–74, New York, NY, USA, 2007. ACM Press.
- [SA⁺04] P. Saint-Andre et al. Extensible messaging and presence protocol (XMPP): Core. RFC 3920, W3C, 2004.
- [SB92] K. Schmidt und L. Bannon. Taking CSCW seriously: Supporting Articulation Work. *Computer Supported Cooperative Work (CSCW)*, 1(1):7–40, 1992.
- [See91] Norbert M. Seel. *Weltwissen und mentale Modelle*. Hogrefe, Göttingen u.a., 1991.
- [Sta73] H. Stachowiak. *Allgemeine Modelltheorie*. Springer Wien, 1973.
- [Str85] Anselm Strauss. Work and the Division of Labor. *The Sociological Quarterly*, 26(1):1–19, 1985.
- [Str88] Anselm Strauss. The Articulation of Project Work: An Organizational Process. *The Sociological Quarterly*, 29(2):163–178, 1988.
- [Str93] Anselm Strauss. *Continual Permutations of Action*. Aldine de Gruyter, New York, 1993.
- [TVH97] M.J. Tyre und E. Von Hippel. The situated nature of adaptive learning in organizations. *Organization Science*, 8(1):71–83, 1997.



Stefan Oppl ist Universitätsassistent am Institut für Wirtschaftsinformatik – Communications Engineering an der Johannes Kepler Universität Linz in Österreich. Seine Forschungsinteressen umfassen die Unterstützung von Kommunikation in sozio-technischen Systemen sowie die Untersuchung von kooperativem Lernen in organisationalen Umgebungen. Ein weiterer Schwerpunkt seiner Arbeit ist die Entwicklung und Evaluation von direkt manipulierbaren Formen der Mensch-Maschine-Interaktion. Er studierte Informatik und angewandtes Wissensmanagement an der Johannes Kepler Universität Linz und schloss sein Doktoratsstudium der Informatik 2010 an der TU Wien ab. Aktuell widmet

er sich der Integration von digitalen und physischen Arbeits- und Lernumgebungen zur Unterstützung von organisationalen Lernprozessen.

Graphtransformationssysteme in Constraint Handling Rules: Verbesserte Methoden zur Programmanalyse

Frank Raiser

Universität Ulm
frank.raiser@uni-ulm.de

Abstract: Constraint Handling Rules (CHR) und Graphtransformationssysteme (GTS) sind regelbasierte Formalismen. In dieser Arbeit wird eine kompakte äquivalenzbasierte Semantik für CHR vorgestellt. Darauf aufbauend werden bestehende Programmanalysemethoden für CHR verbessert. Abschließend wird ein Vergleich von CHR und GTS durchgeführt, indem GTS in CHR eingebettet werden und CHR Programmanalysen auf Graphtransformationssysteme angewandt werden.

1 Einführung

In den letzten Jahren haben wir eine Renaissance der regel- und logikbasierten Ansätze beobachten können. Regelbasierte Programmierung gibt es bereits seit Jahrzehnten, wobei die Termersetzung (vgl. [BN98, Ohl02] für einen Überblick) ihr bekanntester Vertreter ist. Neben ihrer Bedeutung für die funktionale Programmierung, hat die regelbasierte Programmierung jedoch wenig Aufmerksamkeit außerhalb der Forschung erfahren.

Constraint Handling Rules (CHR) ist eine universelle Programmiersprache, die formal mittels eines Zustandsübergangssystems definiert ist und sowohl regel- als auch logikbasiert ist. Sie wurde ursprünglich von Frühwirth in den frühen 90igern konzipiert und wurde in den letzten beiden Jahrzehnten kontinuierlich weiterentwickelt [Frü98, Frü09, SVWSDK10]. CHR zeigt dieselben Tendenzen wie viele regel- oder logikbasierte Ansätze, indem hunderte wissenschaftliche Publikationen darüber existieren, aber wir gerade erst den Beginn der Anwendung durch Industriebenutzer beobachten.

Aus dem großen Fundus an Formalismen für regel- und logikbasierte Programmierung beschränkt sich diese Arbeit vorrangig auf CHR, da es beide Paradigmen kombiniert. Es ist regelbasiert und bietet eine Semantik erster Ordnung [Frü09], sowie eine linearlogische Semantik [BF05].

Darüberhinaus wurde CHR als eine *lingua-franca* der regelbasierten Formalismen vorgeschlagen, d.h. “ein zentraler Formalismus, der Forschungsergebnisse aus verschiedenen angrenzenden Gebieten sammelt und an diese weiterreicht” (übersetzt aus [Sne08]). Es existiert bereits ein großer Fundus an Arbeiten über den Vergleich von CHR mit anderen regelbasierten Ansätzen (vgl. [Frü09, SVWSDK10]), was zu wertvollen Ergebnissen in den verglichenen Gebieten führte.

Im Rahmen dieser Arbeit soll dieses lingua-franca Argument weiter verfolgt werden. Dazu wird CHR mit algebraischen Graphtransformationssystemen (GTS) [EK04] verglichen. Diese bilden die Grundlagen für Graphersetzungssysteme und finden etwa Anwendung im Bereich des Model Driven Development. Neben der korrekten und vollständigen Einbettung von GTS in CHR, werden zudem Programmanalysemethoden beider Formalismen verglichen.

Ein Hauptaugenmerk dieser Arbeit liegt ferner darin, das lingua-franca Argument zu stärken, indem die operationelle Semantik von CHR vereinfacht wird. Dies macht Vergleiche zu anderen Formalismen auf formaler Ebene übersichtlicher, verständlicher und reduziert die Komplexität und Länge benötigter Beweise.

Um die Vorteile dieser vereinfachten Semantik ersichtlich zu machen führen wir diese zu Beginn in Kapitel 2 ein und wenden sie anschließend im restlichen Teil der Arbeit an. Kapitel 3 greift eine invariantenbasierte Programmanalysemethode von [DSS07] auf, welche auf der Basis unserer vereinfachten Semantik verallgemeinert wird. Abschließend werden diese Ergebnisse in Kapitel 4 zusammengeführt, um Graphtransformationssysteme in CHR einzubetten und die verbesserten Programmanalysemethoden darauf anzuwenden.

2 Äquivalenzbasierte Operationelle Semantik für Constraint Handling Rules

Die Grundlage für unsere vereinfachte operationelle Semantik bildet die Äquivalenz von CHR-Zuständen, welche unter CHR-Anwendern intuitiv sehr gut verstanden ist. Versuche, sie formal zu charakterisieren, haben jedoch zu widersprüchlichen Definitionen geführt. In [RBF09] wird eine fundierte axiomatische Definition eingeführt, die allen Anforderungen an eine Äquivalenzrelation für CHR-Zustände genügt und für die zudem ein notwendiges und hinreichendes Kriterium gezeigt wird.

Ein CHR Zustand $\langle \mathbb{G}; \mathbb{B}; \mathbb{V} \rangle$ besteht dabei aus einer Multimenge \mathbb{G} von CHR Constraints, einer Konjunktion von Prädikaten \mathbb{B} und einer Menge \mathbb{V} von globalen Variablen. Variablen in \mathbb{G} und \mathbb{B} , die nicht in \mathbb{V} auftauchen, heißen entsprechend lokale Variablen. Die Zustandsäquivalenz lässt sich intuitiv leicht verstehen: So sind etwa die Zustände $\langle c(X); X = 1; \emptyset \rangle$ und $\langle c(Y); Y = 1; \emptyset \rangle$ äquivalent, nicht jedoch die Zustände $\langle c(X); X = 1; \emptyset \rangle$ und $\langle c(Y); Y = 2; \emptyset \rangle$.

2.1 Äquivalenzbasierte Operationelle Semantik ω_e

Basierend auf der formalen Definition der Äquivalenz von CHR-Zuständen lässt sich die operationelle Semantik von CHR aus einer neuen Sichtweise darstellen: Anstatt Zustände zu normalisieren und bei Bedarf deren Äquivalenz zu untersuchen, wird das Zustandsübergangssystem direkt über den Äquivalenzklassen der Zustände definiert.

Dies bringt mehrere Vorteile mit sich: Erstens vereinfacht sich die formale Definition des

$$\frac{r @ H_1 \setminus H_2 \Leftrightarrow G \mid B_c \uplus B_b}{[\langle H_1 \uplus H_2 \uplus \mathbb{G}; G \wedge \mathbb{B}; \mathbb{V} \rangle] \succrightarrow_e^r [\langle H_1 \uplus B_c \uplus \mathbb{G}; G \wedge B_b \wedge \mathbb{B}; \mathbb{V} \rangle]}$$

Abbildung 1: Zustandsübergangssystem ω_e mit Äquivalenzklassen

Zustandsübergangssystemen, wie weiter unten zu sehen ist. Zweitens wird die Behandlung von Regelwächtern vereinfacht. Diese dienen dazu, dass Regeln nur ausgeführt werden dürfen, wenn der Wächter erfüllt ist. Ein Zustand, welcher den Wächter jedoch erfüllt, ist äquivalent zu einem Zustand, in dem dieser Wächter in der Konjunktion \mathbb{B} enthalten ist. Außerdem bieten die Zustandsäquivalenzklassen den Vorteil, dass im Rahmen formaler Analysen stets ein geeigneter Repräsentant der Klasse ausgewählt werden kann. Im Rahmen dieser Arbeit hat sich gezeigt, dass dadurch eine enorme Reduzierung der Komplexität und Länge von Beweisen möglich ist.

Die resultierende operationelle Semantik lässt sich dann wie folgt definieren. Dabei ist zu beachten, dass lediglich eine Inferenzregel benötigt wird, im Gegensatz zu existierenden Definitionen, welche bis zu einem Dutzend Inferenzregeln beinhalten.

Definition 2.1 (Operationelle Semantik ω_e) Für ein CHR Programm \mathcal{P} ist das Zustandsübergangssystem $(\Sigma_e / \equiv_e, \succrightarrow_e)$ in Abbildung 1 gegeben. Die Übergänge basieren auf einer Variante einer Regel r in \mathcal{P} , so dass deren lokale Variablen disjunkt von den Variablen im Repräsentanten des initialen Zustands sind.

Diese Definition eignet sich zudem didaktisch zur Vermittlung der operationellen Semantik von CHR, da anhand der Inferenzregel die grundlegende Funktionsweise anschaulich demonstriert werden kann. So sieht man in der Prämisse der Inferenzregel von Abbildung 1 den Aufbau einer CHR Regel: $r @ H_1 \setminus H_2 \Leftrightarrow G \mid B_c \uplus B_b$

Eine solche Regel besteht aus einem Regelnamen r , einem Kopf H_1 und H_2 , einem Wächter G sowie einem Rumpf, der aus CHR Constraints B_c und Prädikaten B_b besteht. Man sieht ferner an Hand der Conclusio, dass die Anwendung einer solchen Regel auf einen CHR Zustand möglich ist, falls der gesamte Kopf, bestehend aus H_1 und H_2 , sowie der Wächter G in diesem enthalten sind.

Die Auswirkung einer Regel auf den jeweiligen Zustand lässt sich durch den Vergleich der beiden Zustände vor bzw. nach dem Übergang bestimmen: Der Teil H_1 des Kopfes bleibt erhalten, während der zweite Teil H_2 entfernt wird. Dafür wird der Rumpf der Regel in die entsprechenden Komponenten des Zustands eingefügt.

Das Verständnis dieser intuitiven Funktionsweise von CHR-Regeln wurde bisher durch komplizierte Zustandsübergangssysteme erschwert. Mit unserer vereinfachten Semantik wird diese klar herausgestellt. Ferner können damit auch Berechnungen wesentlicher effizienter erfasst werden, wie das folgende Beispiel zeigt.

Beispiel 2.2 (Größter gemeinsamer Teiler) Die folgenden beiden Regeln dienen der Berechnung des größten gemeinsamen Teilers auf Basis des Euklidischen Algorithmus. Die

Äquivalenzklassen von CHR Zuständen damit ein kommutatives Monoid $(\Sigma/\equiv_e, \diamond)$, was wiederum eine partielle Ordnung \triangleleft auf Äquivalenzklassen von CHR Zuständen impliziert. Diese partielle Ordnung spielt eine wichtige Rolle für die Programmanalysemethoden im folgenden Kapitel.

3 Verbesserte Programmanalysemethoden

Bettet man im Rahmen des lingua-franca Arguments einen Formalismus in CHR ein und versucht anschließend CHR Programmanalysemethoden auf das Ergebnis anzuwenden, so tritt ein inhärentes Problem zu Tage: die Einbettung verwendet üblicherweise nur eine Untermenge von CHR und die für diese Einbettung relevanten Zustände bilden ebenfalls nur eine Teilmenge aller möglichen CHR Zustände. Im Falle unserer Einbettung von Graphtransformationssystemen gibt es etwa bestimmte CHR Zustände, die der Kodierung eines Graphen entsprechen, während alle anderen Zustände als irrelevant angesehen werden.

Eine mögliche Lösung, wie Programmanalysemethoden sich dieses Problems annehmen können stellt [DSS07] am Beispiel der Konfluenzanalyse vor. Dabei wird eine bestehende Methode um eine Invariante erweitert, welche die relevanten Zustände charakterisiert.

Derartige Analysen bauen meist darauf auf, dass aus den Regeln des Programms zu testende Zustände abgeleitet werden. Im Normalfall sind Aussagen über diese Zustände aufgrund der darin verwendeten globalen Variablen allgemein genug, um daraus Aussagen für alle möglichen Zustände zu implizieren. Dabei ist die Überlegung bzgl. der Addition von Zuständen, die dem obigen Merge Operator zugrunde liegt, implizit enthalten. Ausgehend von den Ergebnissen der Untersuchung eines Zustands werden diese Ergebnisse auf alle "größeren" Zustände übertragen.

Bei Einbeziehung einer Invariante kann jedoch der Fall auftreten, dass die zu testenden Zustände selbige nicht erfüllen. Dann sind daraus gewonnene Ergebnisse irrelevant und vor allem auch nicht übertragbar auf weitere Zustände. Zu diesem Zweck lassen sich *minimale Elemente* (welche ebenfalls CHR Zustände sind) bezüglich der Ordnung \triangleleft definieren (vgl. [Rai10, Kap. III]), so dass die betrachteten Zustände, erweitert um einen derartigen Zustand, die Invariante erfüllen. Aus dem kombinierten Zustand lassen sich dann wieder sinnvolle Aussagen ableiten und auf alle, bzgl. der Ordnung \triangleleft , größeren Zustände übertragen.

Dieser Sachverhalt ist in Abbildung 2 dargestellt, wobei $[\sigma]$ ein aus den Regeln des Programms abgeleiteter zu untersuchender Zustand ist. Die Zustände $[\sigma \diamond \sigma_i]$ ($i = 1, \dots, k$) werden dann aus den minimalen Elementen gewonnen. Dies sind die Zustände, welche von einer Programmanalysemethode letztlich untersucht werden müssen. Dahingegen lassen sich die daraus gewonnenen Ergebnisse auf alle größeren Zustände, die in der obersten Zeile von Abbildung 2 angedeutet sind, übertragen.

Diese erweiterten Methoden sind echt mächtiger als ihre klassischen Varianten. Im Falle eines Zustandes, welcher die Invariante erfüllt, besteht die Menge der minimalen Elemente stets aus dem leeren Zustand, welcher das neutrale Element des kommutativen Monoids darstellt. Für eine Invariante, welche für alle Zustände erfüllt ist, erhält man somit stets das

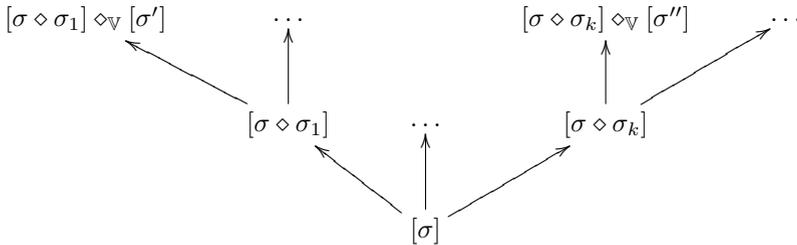


Abbildung 2: Invariantenbasierte Analyse mit minimalen Elementen $\sigma_1, \dots, \sigma_k$

klassische Verfahren: die Erweiterungen der zu untersuchenden Zustände um minimale Elemente sind dann gerade die Zustände selbst.

In der Arbeit wird diese Parameterisierung von Programmanalysemethoden mit Invarianten exemplarisch für die Konfluenz- und Programmäquivalenzanalysen aus der CHR Literatur demonstriert.

4 Graphtransformationssysteme in Constraint Handling Rules

Dieses abschließende Kapitel befasst sich mit der Einbettung von Graphtransformationssystemen in Constraint Handling Rules sowie der Durchführung von Programmanalysemethoden auf einem eingebetteten GTS.

4.1 Kodierung

Eine Kodierung eines GTS in CHR ist verhältnismäßig leicht anzugeben. Man muss jedoch zeigen, dass mittels dieser Kodierung auch ein sinnvolles Verhalten erzielt wird. Dieser Nachweis von Korrektheit und Vollständigkeit der Einbettung wurde in [Rai07] erstmalig erbracht. Der Vergleich mit einer Beweisführung auf Basis der oben vorgestellten äquivalenzbasierten operationellen Semantik von CHR [Rai10] hat deutlich deren Vorteile in Bezug auf geringere Komplexität und mehr Kompaktheit belegt.

Eine genauere Betrachtung der in [Rai10] vorgestellten Einbettung zeigt zudem, dass eine Simulation der Ausführung eines GTS in CHR auch für unvollständige Graphen möglich ist. Mit Hilfe globaler Variablen lassen sich Knoten eines Graphen auswählen, die im Rahmen der Transformation erhalten bleiben müssen. Dies erlaubt es, die Auswirkungen eines Graphtransformationssystems auf eine Menge von Graphen zu untersuchen. Diese Menge ist dabei durch den gegebenen Eingabegraph charakterisiert, wobei die durch globale Variablen designierten Knoten den Anschluss beliebiger Untergraphen erlauben.

4.2 Programmanalyse

Die im vorherigen Kapitel besprochenen Programmanalysemethoden können nun auf eingebettete Graphtransformationssysteme angewandt werden. Zu diesem Zweck wurde eine Invariante definiert, welche für Zustände erfüllt ist, die eine gültige Kodierung eines Graphen enthalten. Die Berücksichtigung dieser Invariante und damit der erweiterten Analysemethoden ist nötig, da die bestehenden Programmanalysemethoden nicht direkt anwendbar sind. So würden meist Zustände betrachtet, die bei Eingabe eines korrekt kodierten Graphs nie erreicht werden können. Unter Zuhilfenahme dieser Invariante wird zudem gezeigt, dass die Äquivalenz von CHR Zuständen, die Graphen kodieren, die Isomorphie dieser Graphen impliziert.

Eine besondere Programmanalyse im Vergleich von GTS und CHR ist die Konfluenzanalyse. Für terminierende Systeme ist diese im Fall der Graphtransformationssysteme unentscheidbar, im Fall von terminierenden CHR Programmen jedoch entscheidbar. Da aufgrund der korrekten und vollständigen Einbettung von Graphtransformationssystemen in CHR die Terminierung eines solchen Systems erhalten bleibt, stellt sich daher die Frage, wie das Ergebnis einer CHR-basierten Konfluenzanalyse eines eingebetteten GTS-Programms zu interpretieren ist.

Hier wurde im Rahmen der Arbeit festgestellt, dass die entscheidbare Konfluenzanalyse in CHR als hinreichendes, jedoch nicht notwendiges, Kriterium für die Konfluenz des eingebetteten Graphtransformationssystems dient. Es wird gezeigt, dass eine erfolgreiche Konfluenzanalyse mit einem hinreichenden Kriterium für die Konfluenz von GTS korrespondiert. Sollte die Konfluenzanalyse ein negatives Resultat ergeben, so lässt sich daraus keine Aussage über die Konfluenz des untersuchten Graphtransformationssystem ableiten. In diesem Fall existieren sowohl konfluente, als auch nicht-konfluente Systeme.

Im Gegensatz zur allgemeinen invariantenbasierten Programmanalyse lässt sich diese Art der Konfluenzanalyse problemlos automatisieren. Dies ergab eine genauere Untersuchung der involvierten minimalen Elemente: im Fall von Zuständen, welche nicht der Kodierung eines Graphs entsprechen, ist es durch Hinzufügen von minimalen Elementen nicht möglich, die Invariante zu erfüllen. Daher reduziert sich das im vorigen Kapitel vorgestellte allgemeine Verfahren zu einer Art Projektion auf relevante, d.h. Graphen kodierende, Zustände.

Zuletzt wurde mit der Programmäquivalenzanalyse eine aus dem CHR-Bereich stammende Analysemethode zur Anwendung auf Graphtransformationssysteme übertragen. Obwohl Programmäquivalenz im Allgemeinen unentscheidbar ist, hat sich diese Methode im CHR-Bereich bewährt, um damit bei automatisch generierten Programmen redundante Regeln zu erkennen und zu entfernen. In der Arbeit wurde erfolgreich gezeigt, dass dies auch im Kontext der in CHR eingebetteten Graphtransformationssysteme möglich ist.

5 Zusammenfassung und Ausblick

Die vorgestellte Arbeit befasst sich in ihrem Kern mit der Idee von CHR als lingua franca für regel- und logikbasierte Formalismen. In diesem Bezug wurde die Formulierung der operationellen Semantik von CHR entscheidend verbessert. Die zu diesem Zweck eingeführte Semantik ω_e basiert auf einer axiomatischen Definition der Zustandsäquivalenz in CHR, für die zudem ein Entscheidungskriterium gegeben wird. Dadurch ist eine neue Sichtweise auf die operationelle Semantik von CHR, basierend auf dem Ersetzen von Äquivalenzklassen von Zuständen, möglich.

Weiterhin haben wir einen Merge Operator für die Kombination von zwei CHR Zuständen, bzw. Zustandsäquivalenzklassen, eingeführt. Wir haben wichtige Eigenschaften dieses Operators identifiziert, insbesondere, dass er zusammen mit den Zustandsäquivalenzklassen ein kommutatives Monoid bildet. Dies wird genutzt, um eine partielle Ordnung über CHR Zuständen zu definieren, welche wiederum im Kontext der Programmanalysen Anwendung findet.

Zusammenfassend bietet unsere äquivalenzbasierte operationelle Semantik mehrere Vorteile gegenüber existierenden Formulierungen: deklarative Zustände, ein Zustandsübergangssystem, bei dem jede Transition direkt mit einer Regelanwendung korrespondiert und eine solide Zustandsäquivalenzdefinition. Zudem ist diese Formulierung geeignet zur Beschreibung von informell dargestellten Berechnungen. Diese können in der äquivalenzbasierten operationellen Semantik auf intuitiver Ebene verfasst, und dabei gleichzeitig formal korrekt aufgeschrieben werden.

Im dritten Kapitel untersuchen wir die Verwendung von Invarianten in der Analyse von CHR Programmen. Insbesondere diskutieren wir die Anwendung unserer partiellen Ordnung von CHR Zuständen für die Definition von minimalen Elementen. Nachdem wir die Auswirkungen der Einbeziehung einer Invariante auf die Programmanalysemethoden untersucht haben, können wir so die Ergebnisse zur invariantenbasierten Konfluenz von [DSS07] in unserem äquivalenzbasierten Kontext reproduzieren.

Ferner identifizieren wir mögliche Verbesserungen für die Programmäquivalenzergebnisse aus [AF99], insbesondere die Unterstützung von Programmschnittstellen. Außerdem erweitern wir ihre Ergebnisse, was zu einem notwendigen und hinreichenden Kriterium für die invariantenbasierte Programmäquivalenz führt.

Diese Arbeit macht die Programmanalysemethoden auf eine strikt größere Menge von CHR Programmen anwendbar. Die Einbeziehung einer Invariante stellt dabei sicher, dass implizite Annahmen explizit gemacht werden. Formulierungen dieser Methoden, die in der CHR Literatur existieren, haben üblicherweise Schwierigkeiten mit Programmen, die gängige Strukturen, wie Zahlen, (verkettete) Listen oder Graphen verwenden, da dabei inkonsistente Zustände getestet werden. Im Gegensatz dazu stellen unsere Methoden sicher, dass die getesteten Zustände konsistente Datenstrukturen enthalten, was ein negatives Ergebnis eines solchen Tests aussagekräftiger macht.

Zuletzt findet unsere äquivalenzbasierte operationelle Semantik Anwendung in der Einbettung von Graphtransformationssystemen in Constraint Handling Rules. Dabei zeigt sich, dass dadurch elegantere Formulierungen und kompaktere Beweise ermöglicht werden. Wir

beweisen die Korrektheit und Vollständigkeit der Einbettung und untersuchen deren Eigenschaften. Dazu identifizieren wir eine Invariante für gültige Graphen und untersuchen die Korrespondenz zwischen Graphisomorphismus und Zustandsäquivalenz. Außerdem zeigen wir, wie die CHR Kodierung auf unvollständige Graphen angewandt werden kann, was in einem gewöhnlichen GTS nicht möglich wäre.

Die Arbeit gipfelt schließlich in der Untersuchung von Konfluenz und Programmäquivalenz eingebetteter Graphtransformationssysteme, was alle vorherigen Ergebnisse involviert: die Kodierung von GTS in CHR, unsere Ergebnisse zur invariantenbasierten Programmanalyse und die äquivalenzbasierte operationelle Semantik als formale Grundlage. Wir zeigen, dass die invariantenbasierte Konfluenzanalyse auf einem eingebetteten terminierenden GTS ein hinreichendes Kriterium für dessen Konfluenz ist und geben ein erstes Programmäquivalenzergebnis für Graphtransformationssysteme an, welches wir zum Entfernen redundanter Regeln anwenden.

Diese Arbeit bestätigt daher die Eignung von CHR als lingua-franca. Unsere äquivalenzbasierte operationelle Semantik erweist sich in diesem Forschungsbereich als vorteilhaft und unsere Ergebnisse demonstrieren erfolgreich die Möglichkeit Forschungsergebnisse aus den verglichenen Bereichen zu übertragen.

In den einzelnen Teilbereichen gibt es dennoch noch Forschungspotenzial: der Merge Operator stellt lediglich den Beginn einer allgemeineren algebraischen Betrachtungsweise von CHR dar. Seine Assoziativität ist zudem vorteilhaft, um die Parallelisierung von CHR auf algebraische Art zu beschreiben.

Am meisten Potenzial befindet sich jedoch noch im Zusammenspiel von Graphtransformationssystemen und Constraint Handling Rules. So führt eine Erweiterung unserer Ergebnisse auf attributierte GTS zu Einsatzmöglichkeiten im Bereich des Model-Driven Development. Mittels eines einzelnen CHR Programms könnten dann Transformationen und Constraints der Object Constraint Language [OCL10] modelliert und ausgeführt, sowie mit einer linearlogischen Semantik versehen werden.

Literatur

- [AF99] Slim Abdennadher and Thom Frühwirth. Operational Equivalence of CHR Programs and Constraints. In J. Jaffar, editor, *CP '99*, volume 1713 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 43–57. Springer-Verlag, October 1999.
- [BF05] Hariolf Betz and Thom Frühwirth. A Linear-Logic Semantics for Constraint Handling Rules. In P. van Beek, editor, *CP '05*, volume 3709 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 137–151. Springer-Verlag, October 2005.
- [BN98] Franz Baader and Tobias Nipkow. *Term Rewriting and All That*. Cambridge University Press, 1998.
- [DN07] V. Dahl and I. Niemelä, editors. *ICLP '07: Proc. 23rd Intl. Conf. Logic Programming*, volume 4670 of *Lecture Notes in Computer Science*. Springer-Verlag, September 2007.

- [DSS07] Gregory J. Duck, Peter J. Stuckey, and Martin Sulzmann. Observable Confluence for Constraint Handling Rules. In Dahl and Niemelä [DN07], pages 224–239.
- [EK04] Hartmut Ehrig and Barbara König. Deriving Bisimulation Congruences in the DPO Approach to Graph Rewriting. In I. Walukiewicz, editor, *FOSSACS '04*, volume 2987 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 151–166. Springer-Verlag, March/April 2004.
- [Frü98] Thom Frühwirth. Theory and Practice of Constraint Handling Rules. *Journal of Logic Programming, Special Issue on Constraint Logic Programming*, 37(1–3):95–138, 1998.
- [Frü09] Thom Frühwirth. *Constraint Handling Rules*. Cambridge University Press, 2009.
- [OCL10] Object Management Group. *Object Constraint Language, Specification Version 2.2*, February 2010.
- [Ohl02] Enno Ohlebusch. *Advanced Topics in Term Rewriting*. Springer-Verlag, 2002.
- [Rai07] Frank Raiser. Graph Transformation Systems in CHR. In Dahl and Niemelä [DN07], pages 240–254.
- [Rai10] Frank Raiser. *Graph Transformation Systems in Constraint Handling Rules: Improved Methods for Program Analysis*. PhD thesis, Ulm University, November 2010.
- [RBF09] Frank Raiser, Hariolf Betz, and Thom Frühwirth. Equivalence of CHR States Revisited. In F. Raiser and J. Sneyers, editors, *CHR '09*, pages 34–48. K.U.Leuven, Department of Computer Science, Technical report CW 555, July 2009.
- [Sne08] Jon Sneyers. *Optimizing Compilation and Computational Complexity of Constraint Handling Rules*. PhD thesis, K.U.Leuven, Leuven, Belgium, November 2008.
- [SSD05] Jon Sneyers, Tom Schrijvers, and Bart Demoen. The Computational Power and Complexity of Constraint Handling Rules. In T. Schrijvers and T. Frühwirth, editors, *CHR '05*, pages 3–17. K.U.Leuven, Department of Computer Science, Technical report CW 421, October 2005.
- [SVWSDK10] Jon Sneyers, Peter Van Weert, Tom Schrijvers, and Leslie De Koninck. As Time Goes By: Constraint Handling Rules – A Survey of CHR Research between 1998 and 2007. *Theory and Practice of Logic Programming*, 10(1):1–47, 2010.



Frank Raiser wurde am 23. September 1980 in Füssen geboren und hat dort sein Abitur gemacht. Von 2001 bis 2006 hat er an der Universität Ulm Informatik studiert und anschließend dort mit Auszeichnung promoviert. Neben seiner Forschungstätigkeit hat er sich zudem an der Organisation wissenschaftlicher Tagungen beteiligt und seine Ergebnisse auf der CHR Summer School 2010 präsentiert. Er bringt sich stets für Verbesserungen der Lehre ein und hat 2010 das Baden-Württemberg Zertifikat für Hochschuldidaktik verliehen bekommen. Er ist Autor von über 20 wissenschaftlichen Veröffentlichungen und Mitherausgeber des Buches "Constraint Handling Rules: Compilation, Execution, and Analysis". Derzeit arbeitet er als Software-Entwicklungs-

Ingenieur für die Firma Konzept Informationssysteme GmbH.

Kulturell-Adaptive Benutzeroberflächen

Katharina Reinecke
Harvard School of Engineering and Applied Sciences
reinecke@seas.harvard.edu

Abstract: Unsere Kultur beeinflusst, wie wir Informationen am besten aufnehmen und verarbeiten, was wir intuitiv verstehen und als ästhetisch empfinden. Dies gilt auch für Benutzeroberflächen, deren Aussehen, Vertrauenswürdigkeit und Benutzerfreundlichkeit wir je nach Kultur anders wahrnehmen. In dieser Dissertation wurde eine Methode erarbeitet, die eine automatische Anpassung von Benutzeroberflächen an die kulturellen Vorlieben ihrer Benutzer ermöglicht. Ein Prototyp eines solchen kulturell-adaptiven Systems wurde in Experimenten in Ruanda, der Schweiz und Thailand, sowie mit einer Vielzahl von multikulturellen Teilnehmern evaluiert. Die Ergebnisse zeigen, dass das System die Vorlieben der Teilnehmer mehrheitlich widerspiegelt und sich die objektiv gemessene Effizienz der Benutzer deutlich verbesserte. In einer zunehmend globalisierten Welt, in der Menschen verschiedenster Kulturen Software und Webseiten anderer Länder verwenden, ebnet kulturell-adaptive Benutzeroberflächen den Weg zu einer intuitiveren und angenehmeren Arbeit mit Computern.

1 Motivation

Unsere Kultur bestimmt wie wir denken, wie wir Informationen aufnehmen und verarbeiten [GWBP06], was wir als schön oder gar als vertrauenswürdig empfinden [IN96]. Dies gilt auch für unsere Präferenzen bezüglich Benutzeroberflächen: Schaut man sich zum Beispiel asiatische Webseiten an, sind diese für gewöhnlich schrill und farbig, häufig mit Animationen, die die Aufmerksamkeit des Benutzers suchen. Die meist hohe Informationsdichte wird von vielen Benutzern westlicher Kulturen, die normalerweise stark strukturierte Webseiten präferieren, als Informationsüberladung empfunden [MG01]. Experimente mit Asiaten haben jedoch gezeigt, dass diese sehr gut mit einer hohen Informationsdichte umgehen können—und besser als Leute westlicher Kulturen [Nis03].

Derartige Unterschiede zwischen unseren Vorlieben für bestimmte Designs wurden in der Vergangenheit auch auf Länderebene untersucht [BB98, Cal05]. Benutzeroberflächen, die spezifisch für ein Land konzipiert wurden, wurden beispielsweise von Benutzern dieses Landes als schöner empfunden [CTH02] und verbesserten die Effizienz ihrer Arbeit [Bad00, FG03].

In dem zunehmend globalen Marktplatz Internet sind viele internationale Firmen auf diese Tatsache aufmerksam geworden, meist durch eher schmerzliche Misserfolge bei dem Versuch, ausländische Märkte zu erobern. Eines der prominenteren Beispiele hier ist Google, die erfolglos versuchten, mit dem in vielen westlichen Ländern umjubelten minimalistischen Design ihrer Suchmaschine (das zuvor in vielen Ländern vorher existierende Suchmaschinen zu verdrängen geholfen hatte) den südkoreanischen Markt zu erobern [The09].

Der lokale Rivale Naver.com trumps in Südkorea mit einer offenbar ansprechenderen, grellbunten Benutzeroberfläche auf und ist damit seit Jahren unangefochtener Marktführer [SH07].

Angesichts dieser Erfahrungen ist es wünschenswert, automatisch verschiedene Versionen der gleichen Webseite zu generieren um den diversen Vorlieben eines internationalen Publikums gerecht zu werden. Obwohl der Bedarf für Webseiten, die sich individuell an die Kultur ihrer Benutzer anpassen können, sehr wohl besteht, gibt es bisher jedoch keine Methode, die dies kostengünstig und effizient ermöglicht. In meiner Dissertation habe ich versucht, diese Forschungslücke mit Hilfe von kulturell-adaptiven Benutzeroberflächen zu schliessen. Die Idee dahinter ist, dass Benutzeroberflächen sich automatisch aus verschiedenen Komponenten zusammenstellen, um sich an die jeweiligen kulturellen Bedürfnisse des Benutzers anzupassen. Die **Hypothese meiner Dissertation** war folglich, dass kulturelle Adaptivität die Effizienz und Zufriedenheit der Benutzer einer Internetseite im Vergleich zu einer nicht-personalisierten Version derselben Seite steigert.

Im Laufe der Dissertation habe ich zunächst in Zusammenarbeit mit Kulturanthropologen ein umfassendes Kulturmodell erstellt, das die Schnittmenge der in der Literatur beschriebenen Einflüsse auf die Kultur eines Menschen und deren Auswirkung auf die Verwendung von Benutzeroberflächen abbildet. Darauf aufbauend wurde ein theoretischer Ansatz zu kulturell-adaptiven Benutzeroberflächen evaluiert und die Ergebnisse in die Entwicklung verschiedener unterstützender Artefakte eingeflochten. Die hieraus resultierende kulturell-adaptive Webapplikation ist in der Lage, die Einflüsse verschiedener Länderkulturen zu gewichten und daraus eine personalisierte Benutzeroberfläche zu generieren. Weiterhin erlaubt das System eine manuelle Anpassung der verschiedenen Aspekte der Benutzeroberfläche durch den Benutzer. In Kombination mit den Informationen über die Länderkulturen des Benutzers verwendet das System die manuellen Anpassungen dazu, seine „Vorstellungen“ von den kulturellen Präferenzen einzelner Benutzergruppen zu überarbeiten und neue Regeln zu lernen.

Die kulturell-adaptive Webapplikation wurde anschliessend mit 30 multikulturellen Teilnehmern, sowie mit 75 weiteren Teilnehmern in der Schweiz, in Ruanda und Thailand auf seine Fähigkeit, Benutzerpräferenzen vorhersagen zu können, evaluiert. Die Ergebnisse zeigten, dass das System schon mit dem initialen Regelwerk (d.h. vor jeglichem Lernen) die Mehrheit der Vorlieben unserer Teilnehmer widerspiegelt. In einem weiteren Experiment mit 41 multikulturellen Teilnehmern konnten wir zudem zeigen, dass diese mit ihrer personalisierten Version (im Vergleich zu der US-Version) effizienter und mit grösserer Zufriedenheit arbeiten konnten.

Im Folgenden werden zunächst relevante Arbeiten in diesem Forschungsfeld vorgestellt. Daran anschliessend beschreibe ich in Abschnitt 3, wie wir aufbauend auf frühere Forschungsergebnisse eine neue Methode zur kulturellen Adaptivität entwickelt haben und erläutere die einzelnen Artefakte, die ich zur Umsetzung der Methode implementiert habe. Abschnitt 4 widmet sich den Evaluationen, die ich mit der kulturell-adaptiven Testapplikation durchgeführt habe, bevor ich in Abschnitt 5 einen kurzen Ausblick präsentiere.

2 Relevante Forschung

Obgleich sowohl die Industrie als auch die Forschung lange erkannt haben, dass die Anpassung von Webseiten an die Kultur der Benutzer ausschlaggebend für den Markterfolg ist, sind heutige Bemühungen in diese Richtung weiterhin auf die Lokalisierung von Software reduziert. Lokalisierte Benutzeroberflächen haben allerdings mehrere Nachteile: (1) Sie passen meist nur die naheliegendsten Elemente an ein Land an, so wie zum Beispiel die Sprache und das Format von Datum und Uhrzeit [BWS98]. Bis heute bezieht Lokalisierung nicht das gesamte Design mit ein, so dass die Informationsdichte, Farbigkeit und Arbeitsabläufe in den meisten Fällen für alle Benutzer gleich bleiben [KKR02]. (2) Eine umfassendere Anpassung wird meist vernachlässigt, weil der Prozess durch die benötigten Benutzerstudien vor Ort enorm zeit- und kostenintensiv ist [Yeo96]. (3) Selbst wenn internationale Firmen diesen Aufwand nicht scheuen, ist die Lokalisierung normalerweise auf die Produktion einer Benutzeroberfläche pro Land (oder sogar Kontinent) beschränkt und setzt den facettenreichen Begriff "Kultur" daher nur in stark vereinfachter Form um. In vielen Fällen muss der Benutzer beim ersten Aufruf einer Webseite beispielsweise sein Herkunftsland auswählen oder aber die Seite bezieht seine Herkunft über die IP-Adresse. In beiden Fällen werden Benutzer mit Migrationshintergrund oder anderen Einflüssen auf ihre Kultur vernachlässigt.

Für die meisten Einwohner eines Landes spiegelt die Landeskultur dennoch ihre Vorlieben für ein bestimmtes Design von Benutzeroberflächen wider, so dass stereotypische Annahmen darüber getroffen werden können [Bau03]. Viele Forscher haben daher versucht, Designregeln abzuleiten, in dem sie die Webseiten verschiedener Länder analysiert und verglichen haben [Yeo96, BB98, GZY00, ZMML03, BKW06]. Werden diese Designregeln nun in die Entwicklung neuer Webseiten eingebracht, kann dies durchaus zu einem adäquateren Aussehen der Seite führen. Dies ist jedoch nur von Vorteil für Benutzer, die nicht von einer anderen Kultur beeinflusst wurden (wie z.B. durch Auslandsaufenthalte oder einen Migrationshintergrund) und deren Kultur und die damit zusammenhängenden Präferenzen in der Vergangenheit überhaupt erforscht wurde. Ein Grossteil unseres Wissens über Designvorlieben beschränkt sich jedoch auch heute noch auf die amerikanische Kultur; seltener wurden westeuropäische, und asiatische Kulturen betrachtet. Über viele andere Länder, ihre Kulturen und Präferenzen haben wir bis heute keine oder nur unzureichende Kenntnisse. Neben der hohen Kosten für eine Anpassung von Benutzeroberflächen an diverse Länder, stellt dies also ein zweites Problem dar: Uns fehlt das Wissen darüber, was der Rest der Welt schön, vertrauenswürdig und intuitiv empfindet.

Forschende haben schon früh die Notwendigkeit erkannt, Computer mit einer Art von kulturellen Intelligenz auszurüsten (siehe z.B. [OB97] im Bereich der kulturell-adaptiven Agenten). Andere haben argumentiert, dass Kultur starke Auswirkungen auf die Benutzung von Lernsystemen hat und dass die Instruktionen für Lernende kulturell angepasst werden müssen [KWH03]. Eine Veränderung der einzelnen Elemente einer Benutzeroberfläche wurde nur selten vorgesehen, so zum Beispiel in [Hei05], in dessen Arbeit die erforderlichen Adaptationen für spezifische Länder angedacht wurden. Diese Dissertation leistet einen neuen Beitrag zu kulturell-adaptiven Systemen, in dem sie eine komplette Neuordnung der Elemente einer Benutzeroberfläche vorsieht und dies unabhängig von vordefinierten Zielländern an jegliche Kombination multikultureller Einflüsse ermöglicht.

Vergleichbare Ansätze wurden in der Vergangenheit vermutlich durch die Sorge gehemmt, dass intelligente Systeme den Benutzer in seinem Arbeitsfluss stören könnten [Shn02]. Adaptive Systeme in anderen Forschungsdisziplinen haben jedoch in den letzten Jahren gezeigt, dass sie bei angemessener Umsetzung der Adaptationen die Effizienz der Benutzer steigern können [GW85, SS94, GWW08]. Die Vermutung liegt nahe, dass der gleiche Effekt bei der Benutzung von kulturell-adaptiven Systemen eintritt—eine Annahme, die im Rahmen dieser Dissertation evaluiert wurde.

3 Artefakte zur Unterstützung kultureller Adaptivität

Die Entwicklung einer Methode zur kulturellen Adaptivität setzt voraus, dass der Begriff „Kultur“ in eine greifbare Definition transformiert wird, seine Einfluss nehmenden Faktoren vom Benutzer erfasst werden und das daraus entstehende Benutzermodell auf bestimmte Adaptationen der Benutzeroberfläche abgebildet wird. Wir haben daher in Zusammenarbeit mit Anthropologen zunächst eine *Kulturontologie* erstellt [RRB07, RSB10], welche kulturelle Einflüsse, wie zum Beispiel die Nationalität der Eltern, Religion oder den Bildungshintergrund, beschreibt. Für den Computer dient diese Kulturontologie als eine Wissensbasis über jeden Benutzer.

Die Einzelinformationen in dieser Wissensbasis wurden mit Hilfe der Literatur mit einem Regelwerk verknüpft, den *Adaptationsregeln*, die bestimmte Anpassungen der Benutzeroberfläche vorgeben. Um zu vermeiden, dass anfänglich zu viele Informationen von Benutzern erhoben werden müssen, wurde die Entscheidung getroffen, die initiale Anpassung lediglich auf der Basis der Länderinformation durchzuführen und weitere Kulturinformationen auf freiwilliger Basis später zu erheben. Je nachdem, ob der Benutzer in einem oder mehreren Ländern gelebt hat, berechnet ein *Algorithmus* den gewichteten Einfluss des jeweiligen Landes auf dessen „Gesamtkultur“. Die Übersetzung der Länder auf bestimmte kulturelle Vorlieben erfolgt dabei mit Hilfe von Hofstedes Kulturdimensionen [Hof01], um die Wissenslücken im Bereich der Designpräferenzen verschiedener Länder zu füllen. Da Designguidelines ansonsten nur für bestimmte Länder erforscht worden sind, nutzen wir Hofstedes Dimensionen als Hilfe zur Verallgemeinerung um kulturelle Adaptivität für sämtliche Länderkulturen dieser Erde zu ermöglichen. Im Bezug auf Benutzeroberflächen wurde die Relevanz der Dimensionen für bestimmte Design- und Arbeitsablaufaspekte (beispielsweise einer Webseite) in der Vergangenheit vielfach aufgezeigt (siehe Zusammenfassung in [RB11]) und damit eine umfassende Wissensgrundlage geschaffen, die hier als Basis für die initial verwendeten Adaptationsregeln genutzt wurde. Die Vorhersagepräzision dieser Kulturberechnung auf Basis von Hofstedes Dimensionen zur Erstellung eines individuellen Vorliebenprofils haben wir vor der weiteren Umsetzung evaluiert [RB08].

Die Methode zur kulturellen Adaptivität wurde im Anschluss mit Hilfe einer *Webapplikation* namens MOCCA getestet. MOCCA dient dazu, sogenannte ToDo-Listen (Aufgabenlisten) zu erstellen. Das System stellt daher selbst keine Informationen zur Verfügung—eine Entscheidung, die getroffen wurde, um unsere Evaluationen vor dem möglichen Einfluss „kulturbelasteten“ Inhalts zu schützen.

MOCCA ist an eine *Adaptationsontologie* gebunden, die sämtliche Komponenten der Benutzeroberfläche und deren verschiedene Versionen definiert. Abbildung 2 zeigt einige

Beispiele MOCCAs Benutzeroberfläche. Die Adaptationsontologie bestimmt auch das Ausmass und die Platzierung, die die Komponenten einnehmen können (oder müssen) und definiert Prioritäten, um die automatische Zusammenstellung der Webapplikation aus den verschiedenen Komponenten zu ermöglichen. Mit Hilfe der Adaptationsontologie ist MOCCA in der Lage, mehr als 115000 Kombinationsmöglichkeiten seiner Benutzeroberfläche zu generieren und bietet damit eine hohe Flexibilität um sich an eine Vielzahl verschiedener Kulturen anzupassen.

Um ein passendes Layout zu erzeugen, stützt sich das System zugunsten einer schnellen Einschätzung des Benutzers („Der erste Eindruck zählt“ [LFDB06]) auf die oben genannten initialen Adaptationsregeln. Darüber hinaus kann MOCCA jedoch auch neue Regeln lernen oder existierende verfeinern. Dies geschieht mit Hilfe von Personalisierungstechniken, wie dem kollaborativem Filtern und dem Beobachten der Benutzerinteraktion, um davon Benutzerbedürfnisse und neue Regeln abzuleiten.

4 Evaluationen

Um den Nutzen der Methode zur kulturellen Adaptivität für den Benutzer zu evaluieren, haben wir zwei abschliessende Evaluationen mit unserer Testapplikation MOCCA durchgeführt. Im Folgenden werden die Ziele und Ergebnisse dieser Experimente kurz zusammengefasst.

4.1 Evaluation der Vorhersagepräzision

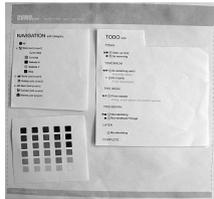
Für die erste Studie (siehe auch [RB09, RB10]) wurden 30 multikulturelle Teilnehmer rekrutiert, sowie 75 Teilnehmer aus der Schweiz, Ruanda und Thailand, welche vor Ort angeworben wurden und jeweils nur in dem einen Land gelebt haben. Ziel war es, die Vorhersagegüte unserer Adaptationsregeln zu testen, in dem MOCCAs personalisierte Benutzeroberflächen mit der eigens vom Teilnehmer zusammengestellten Benutzeroberfläche verglichen wurde.

Um eine Beeinflussung der Teilnehmer durch Farben zu vermeiden, wurde mit Papierprototypen gearbeitet. MOCCAs Benutzeroberfläche wurde dabei durch papierbasierte Komponenten ersetzt und die Teilnehmer wählten für acht verschiedene Aspekte der Benutzeroberfläche (z.B. Informationsdichte, Struktur, oder Hilfe) zwischen jeweils drei Möglichkeiten. Die daraus resultierenden Papierbenutzeroberflächen wurden mit MOCCAs automatisch generierten verglichen, welche zuvor auf Basis der Informationen über vorherige Wohnsitze des Teilnehmers in verschiedenen Ländern erzeugt wurde (siehe Bild 1).

Das Ergebnis der Evaluation bestätigt unsere Hypothese, dass MOCCA die selbstgewählten Benutzeroberflächen der Teilnehmer besser vorhersagen kann als zufällig zusammengestellte Oberflächen (Vorhersagegüte von durchschnittlich 61 % versus 33 %, die durch einen Zufallsgenerator hätten erreicht werden können). Die Ergebnisse zeigten auch, dass die Mehrheit unserer Teilnehmer des gleichen Landes die gleichen Vorlieben haben. Wir können daher davon ausgehen, dass sich die Vorhersagepräzision mit Hilfe von MOCCAs Lernfähigkeit weiterhin steigert.

Mit diesen Ergebnissen zeigt der Ansatz zur kulturellen Adaptivität bereits einen bedeuten-

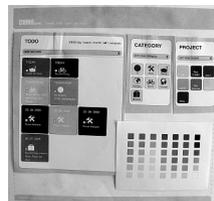
den Vorteil gegenüber der Bereitstellung von nur einer Benutzeroberfläche für alle: Wenn die Benutzeroberfläche so aussieht, wie sie sich jemand selbst zusammenstellen würde, wird der erste Eindruck dieser Person eher positiv ausfallen. Im nächsten Experiment untersuchten wir, ob sich diese Zufriedenheit auch während der Benutzung von MOCCA messen lässt und ob kulturelle Adaptivität einen Einfluss auf die Benutzbarkeit hat.



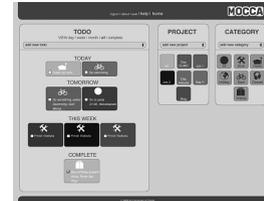
(a) Die Papierbenutzeroberfläche von Teilnehmer 3.



(b) MOCCAs automatisch generierte Oberfläche für Teilnehmer 3.



(c) Die Benutzeroberfläche von Teilnehmer 27.



(d) Die automatisch generierte Oberfläche für Teilnehmer 27.

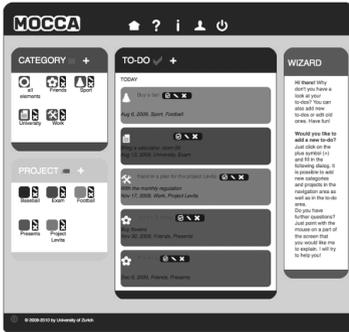
Abbildung 1: Die selbstgebaute Benutzeroberflächen im Vergleich zu MOCCAs automatisch generierten.

4.2 Evaluation des Nutzens für Effizienz und Zufriedenheit

Ziel der zweiten Evaluation war es, die Auswirkungen kultureller Adaptivität auf die Zufriedenheit und Effizienz des Benutzers nach einer kurzen Zeit des Arbeitens mit dem System zu testen. Das Experiment war daher auf den Vergleich von MOCCAs jeweiliger personalisierter Version und der US-Version ausgerichtet (Abb. 3). Obwohl keine der Benutzerschnittstellen unseres kulturell-adaptiven Systems eine Nullversion darstellt, wurde die US-Version als Benchmark gewählt, da auch die Mehrheit der Webseiten im Internet von US-Firmen zur Verfügung gestellt werden.

Um eine Vielfalt verschiedener Kulturen zu testen wurden 41 Teilnehmer angeworben, die zuvor in mindestens zwei verschiedenen Ländern gelebt haben mussten. Mit herkömmlichen Lokalisierungsmethoden würden alle diese Teilnehmer eine Schweizer Benutzeroberfläche zugewiesen bekommen, die der USA-Version bis auf wenige Aspekte gleicht.

Alle Teilnehmer erfüllten jeweils drei Aufgaben mit beiden Varianten von MOCCA, wobei alternierend die personalisierte oder die US-Version als Erstes bearbeitet wurde. MOCCAs Fähigkeit, sich an verschiedene Sprachen und Leserichtungen anzupassen, wurde während



(a) MOCCAs farbenfrohe Oberfläche für einen mexikanischen Teilnehmer, der zuvor in Bulgarien und nun in der Schweiz lebt.



(b) Die Version für eine indischen Teilnehmer, dessen Aufenthalte in Frankreich und den USA die Komplexität der rein indischen Version reduziert.



(c) Eine Oberfläche, die für einen Teilnehmer generiert wurde, der in Polen, Deutschland und Irland gelebt hat.



(d) MOCCAs Oberfläche für einen Teilnehmer mit russischen, rumänischen und schweizer Einflüssen.

Abbildung 2: Beispiele verschiedener Benutzeroberflächen, wie sie von MOCCA für Teilnehmer des zweiten Experiments generiert wurden.

der Testprozedur ausgeschaltet, um zu vermeiden, dass die Teilnehmer die personalisierte Version identifizieren konnten. Nach der Bearbeitung der Aufgaben folgte jeweils ein Fragebogen pro Version, der die subjektiven Einschätzungen der Teilnehmer bezüglich Ästhetik und Benutzbarkeit erfasste. Sämtliche Interaktion mit der Benutzeroberfläche wurde zudem während des Bearbeitens aufgezeichnet und diente später dem Vergleich von verschiedenen Leistungsmetriken, wie der benötigten Zeit pro Aufgabe, der Fehlerrate und der Anzahl benötigter Mausklicks.

Die Ergebnisse zeigten, dass die Teilnehmer mit ihren personalisierten Versionen des Systems (siehe Abb. 2 für einige Beispiele) im Vergleich zu der US-Version 22 % schneller waren, mit 22 % weniger Mausklicks zu ihrem Ziel gelangten und 69 % weniger Fehler machten. Neben den objektiv gemessenen Leistungseffizienzmetriken steigerte sich auch die subjektive Zufriedenheit der Teilnehmer und bestätigte damit, dass sie die kulturell



Abbildung 3: MOCCAs US-Version, welche im zweiten Experiment als Nullversion diente.

an sie angepasste Version der Webapplikation als leichter benutzbar und ansprechender empfanden.

5 Ausblick und Schlussfolgerung

In einer zunehmend globalisierten Welt, in der Menschen verschiedenster Kulturen Software und Webseiten anderer Länder verwenden, müssen sich Computer an die unterschiedlichen Präferenzen und Bedürfnisse ihrer Benutzer anpassen können. Mit dem Ansatz zur kulturellen Adaptivität wurde ein Weg aufgezeigt, wie Benutzeroberflächen durch eine vollständige Neuordnung ihrer Elemente automatisch an die kulturellen Designvorlieben des Anwenders angepasst werden können. Unabhängig von vordefinierten Zielländern ermöglicht die Methode eine Anpassung verschiedenster Elemente, von Farbgebung, Hilfestellung oder der Informationsdichte, bis hin zu dem Verhältnis von Text zu Bildern, an die kulturellen Präferenzen des jeweiligen Benutzers. Dies funktioniert auch für Menschen, die in ihrem Leben durch verschiedene Länderkulturen beeinflusst wurden. Damit sind kulturell-adaptive Benutzeroberflächen der erste Schritt, um internationalen Anwendern die Nutzung von Informationstechnologie und Firmen den Zugang zu ausländischen Märkten zu erleichtern.

Evaluationen bestätigten, dass die Methode nicht nur in der Lage ist, die Wunschoberfläche der Benutzer weitestgehend anzunähern, sondern dass die Benutzer mit ihren automatisch personalisierten Versionen auch effizienter, fehlerfreier und zufriedener arbeiten können.

Da für die Umsetzung der kulturellen Adaptivität mehrere unabhängige Artefakte entwickelt worden sind, wie z.B. die Kulturontologie, der Algorithmus zur Berechnung der Kultur, sowie die Adaptationsregeln), kann die Methode mit verhältnismässig geringem Aufwand für jegliche Art von Benutzeroberflächen verwendet werden. In Zukunft ist zudem eine automatische Generierung alternativer kulturangepasster Designs für schon bestehende Softwareoberflächen wünschenswert. Ich hoffe, dass die bisherigen Resultate das Potential kulturell-adaptiver Benutzeroberflächen unterstreichen und in Zukunft weitere Forschung in diese Richtung anregen, um Menschen weltweit attraktivere und benutzerfreundlichere Software und Webseiten bieten zu können.

Literatur

- [Bad00] A. Badre. The Effects of Cross Cultural Interface Design Orientation on World Wide Web User Performance, 2000. G.V.U. Technical Report.
- [Bau03] V.-J. Baumgartner. A Practical Set of Cultural Dimensions for Global User-Interface Analysis and Design. Diplomarbeit, Fachhochschule Joanneum, Austria, 2003.
- [BB98] W. Barber und A. Badre. Culturability: The Merging of Culture and Usability. In *Conference on Human Factors & the Web*, 1998.
- [BKW06] I. Burgmann, P. Kitchen und R. Williams. Does Culture Matter on the Web? *Marketing Intelligence & Planning*, 24(1):62–73, 2006.
- [BWS98] P. Bourges-Waldegg und A. Scrivener. Meaning: the Central Issue in Cross-Cultural HCI Design. *Interacting With Computers*, 9(3):287–309, 1998.
- [Cal05] E. Callahan. Cultural Similarities and Differences in the Design of University Websites. *Journal of Computer-Mediated Communication*, 11(1), 2005.
- [CTH02] B. Corbitt, T. Thanasankit und J. Haynes. A Model for Culturally-Informed Web Interfaces. In *Internet Management Issues: A Global Perspective*, Seiten 1–26. IGI Global, 2002.
- [FG03] G. Ford und H. Gelderblom. The Effects of Culture on Performance Achieved Through the Use of Human Computer Interaction. In *Conference on Enablement Through Technology*, 2003.
- [GW85] S. Greenberg und I. Witten. Adaptive Personalized Interfaces - A Question of Viability. *Behaviour and Information Technology*, 4:31–45, 1985.
- [GWBP06] A. Gutchess, R. Welsh, A. Boduroğlu und D. Park. Cultural differences in neural function associated with object processing. *Cognitive, Affective, & Behavioral Neuroscience*, 6(2):102–109, 2006.
- [GWW08] K. Gajos, J. Wobbrock und D. Weld. Improving the Performance of Motor-Impaired Users with Automatically-Generated, Ability-Based Interfaces. In *International Conference on Human Factors in Computing Systems (CHI)*, 2008.
- [GZY00] E. Gould, N. Zakaria und S. Yusof. Applying Culture to Website Design: A Comparison of Malaysian and US Websites. In *Joint IEEE International and 18th Annual Conference on Computer Documentation*, Seiten 161–171, 2000.
- [Hei05] R. Heimgärtner. Towards Cross-Cultural Adaptive Human-Machine-Interaction in Automotive Navigation Systems. In *Designing for Global Markets 7, Bridging Cultural Differences, Seventh International Workshop on Internationalisation of Products and Systems*, Seiten 97–111, 2005.
- [Hof01] G. Hofstede. *Culture's Consequences: Comparing Values, Behaviours and Organisations across nations*. Sage Publications, 2001. 2nd edition.
- [IN96] M. Ito und K. Nakakoji. *Impact of Culture on User Interface Design*, Seiten 105–126. Wiley, 1996.
- [KKR02] G. Kersten, M. Kersten und W. Rakowski. Software and Culture: Beyond the Internationalization of the Interface. *Journal of Global Information Management*, 10, 2002.
- [KWH03] E. Kamantz und C. Womser-Hacker. Defining Culture-Bound User Characteristics as a Starting-Point for the Design of Adaptive Learning Systems. *Journal of Universal Computer Science*, 9(7), 2003.
- [LFDB06] G. Lindgaard, G. Fernandes, C. Dudek und J. Brown. Attention web designers: You have 50 milliseconds to make a good first impression! *Behaviour & Information Technology*, 25(2):115–126, 2006.

- [MG01] A. Marcus und E. W. Gould. Cultural Dimensions and Global Web Design: What? So What? Now What? In *Conference on Human Factors and the Web*, 2001.
- [Nis03] R. Nisbett. *The Geography of Thought*. New York: Free Press, 2003.
- [OB97] P. O’Neill-Brown. Setting the Stage for the Culturally Adaptive Agent. In *AAAI Fall Symposium on Socially Intelligent Agents*, 1997.
- [RB08] K. Reinecke und A. Bernstein. Predicting User Interface Preferences of Culturally Ambiguous Users. In *International Conference on Human Factors in Computing Systems (CHI)*. ACM Digital Library, 2008.
- [RB09] K. Reinecke und A. Bernstein. Tell Me Where You’ve Lived, and I’ll Tell You What You Like: Adapting Interfaces to Cultural Preferences. In *International Conference on User Modeling, Adaptation, and Personalization (UMAP)*, 2009.
- [RB10] K. Reinecke und A. Bernstein. Knowing What a User Likes - a Design Science Approach to Interfaces that Automatically Adapt to Culture, 2010. Working Paper.
- [RB11] K. Reinecke und A. Bernstein. Improving Performance, Perceived Usability, and Aesthetics with Culturally Adaptive User Interfaces. *ACM Transactions on Computer-Human Interaction*, 2011. to appear.
- [RRB07] K. Reinecke, G. Reif und A. Bernstein. Cultural User Modeling With CUMO: An Approach to Overcome the Personalization Bootstrapping Problem. In *Workshop on Cultural Heritage on the Semantic Web, International Semantic Web Conference*, 2007.
- [RSB10] K. Reinecke, S. Schenkel und A. Bernstein. Modeling a User’s Culture. In *Handbook of Research on Culturally-Aware Information Technology: Perspectives and Models*. IGI global, 2010.
- [SH07] C. Sang-Hun. South Koreans Connect Through Search Engine. *The New York Times*, July, 2007.
- [Shn02] B. Shneiderman. Promoting Universal Usability with Multi-Layer Interface Design. In *ACM Conference on Universal Usability*, 2002.
- [SS94] A. Sears und B. Shneiderman. Split Menus: Effectively Using Selection Frequency to Organize Menus. *ACM Transactions on Computer-Human Interaction*, 1(1), 1994.
- [The09] The Economist. Seeking Success. *The Economist*, 2(26), 2009.
- [Yeo96] A. Yeo. World-Wide CHI: Cultural User Interfaces, A Silver Lining in Cultural Diversity. *SIGCHI Bulletin*, 28(3):7, 1996.
- [ZMML03] W. Zhao, B. Massey, J. Murphy und F. Lui. Cultural Dimensions of Web Site Design and Content. *Prometheus*, 21:75–84, 2003.



Katharina Reinecke begann sich für kulturelle Unterschiede in der Benutzung von Computern und des Internets während ihres Studiums der Computervisualistik an der Universität Koblenz zu interessieren. Ihre Diplomarbeit schrieb sie daraufhin in Ruanda, wo sie eine Lernumgebung für Agrarberater entwickelte. In ihrer Dissertation am Institut für Informatik der Universität Zürich beschäftigte sie sich schliesslich vertieft mit dem Thema, wie Benutzeroberflächen aussehen müssen, um für Menschen verschiedener Kulturen benutzbar zu sein, und wie dies mit Hilfe kulturell-adaptiver Systeme automatisch umgesetzt werden kann. Ihre Arbeit wurde 2008 mit dem Swiss Computer Science Challenge Award ausgezeichnet und gewann 2009 den Best Paper Award auf der

“International Conference on User Modeling, Adaptation, and Personalization”. Seit Oktober 2010 forscht sie als Postdoktorandin an der Harvard Universität in Cambridge, USA.

Augmenting Designers' Memory

-

Case-Based Reasoning in der Architektur

Katharina Richter

Fakultät Architektur
Bauhaus-Universität Weimar
katharina.richter@uni-weimar.de

Abstract: Die Arbeit beschäftigt sich mit der Anwendung des Case-Based Reasoning Paradigmas (CBR) in Entwurfsunterstützenden Systemen in der Architektur. Sie ist angesiedelt an der Nahtstelle zwischen Architektur und Informatik und berührt Forschungsfelder der Künstlichen Intelligenz, der Kognitionswissenschaften, der Entwurfsforschung sowie der Architekturinformatik. Ausgehend von der Feststellung, dass vielversprechende Systeme und Konzepte existieren bildet, auf der Suche nach Gründen für deren limitierten Erfolg, ein Abgleich zwischen dem kognitiven Modell und der daraus abgeleiteten Methode, den theoretischen Betrachtungen zu architektonischem Entwerfen und der Ausbildung sowie der Anwendung der Methode in CBR Systemen in der Architektur den Kern der Arbeit.

1 Einführung

Die Problemlösungstheorie CBR basiert auf der Annahme, dass der Mensch aufbauend auf seinen eigenen Erfahrungen neue Situationen versteht und Probleme löst. Dabei bildet er Analogien zwischen ähnlichen, in der Vergangenheit erlebten Situationen oder bereits gelösten Problemen, um daraus Schlüsse für die Gegenwart zu ziehen [Kol93]. Im Zentrum des Paradigmas stehen demzufolge das Lernen und das Schöpfen aus Erfahrungen. Eines der wesentlichen Argumente für den Einsatz von CBR in Computersystemen im Allgemeinen besteht darin, die Wiederholung von Fehlern aus der Vergangenheit vermeiden und auf den Erfolgen aufbauen zu können. Ausgehend von den Prämissen, dass das architektonische Entwerfen ein auf Erfahrungen beruhender Prozess sei (siehe beispielsweise [Bör97], [Hey00]), dass Entwurfsprobleme besonderen Gesetzmäßigkeiten unterliegen [Kol93] und dass Architekten beim Lösen neuer Entwurfsaufgaben intensiv von vorherigen Lösungen in Form exemplarischer Architekturobjekte Gebrauch machen (siehe [DK92]; [OO94], [Bör97], [Ach00], [Hey00], [Tah06] u.a.), entstanden seit Beginn der 1990er Jahre zahlreiche Lösungen zur Unterstützung dieses Vorgehens.

2 Problemstellung

Zieht man nach 15 Jahren CBR Forschung in der Architektur Bilanz, so gelangt man sehr schnell zu der Feststellung, dass zahlreiche nachvollziehbare und scheinbar vielversprechende Anwendungen in Form wissenschaftlicher Konzepte und Prototypen existieren. Diese haben jedoch weder auf die architektonische Praxis noch auf die Ausbildung von Architekten den erhofften Einfluss. Die Situation stellt sich wie folgt dar: Es existiert kein kommerziell verfügbares CBR System, welches Entwerfen in der Architektur in der Praxis unterstützt. Akademische Aktivitäten um CBD, Case-Based Design als der Oberbegriff für CBR basierte Systeme die im weitesten Sinne das Entwerfen unterstützen, fanden insbesondere in der Anfangszeit gehäuft statt. Entstandene Konzepte und Systeme haben allerdings ihre akademische Heimat nie verlassen. In der Wissenschaftswelt sehr erfolgreiche Systeme waren FABEL (1992-1996), ein Projekt unter der Schirmherrschaft der GMD / Fraunhofer Gesellschaft sowie SEED (1992-2001), ein an der Carnegie Mellon University entwickeltes modulares Computersystem zur Unterstützung früher Entwurfsphasen. Das Entwurfsunterstützende System DYNAMO ist gegenwärtig wohl das bedeutendste CBD Projekt in Lehre und Forschung. Es ist festzustellen, dass auf wissenschaftlicher Seite keine umfassenden Arbeiten existieren, die ausgehend vom Für und Wider von CBD einen verlässlichen Entscheid zum Einsatz von CBR in der Architektur fällen.

Zunächst ist festzustellen, dass es tatsächlich schwerfällt, sich der Plausibilität des Modells und dessen grundlegenden Ideen zu entziehen. Ebenso lassen sich die Argumente für eine Anwendung des CBR Paradigmas in der Architektur nicht leicht von der Hand weisen: Architekten lernen aus Erfahrungen und machen während des Entwurfsprozesses von exemplarischen Architekturprojekten Gebrauch. Es stand also infrage, warum sich Systeme, die auf diesen Feststellungen aufbauen, nicht durchsetzen?

Der Wunsch, Ursachen für den begrenzten Erfolg der Anwendung des CBR Paradigmas in der Architektur zu finden, stellte den Ausgangspunkt dieser Arbeit dar. Bereits die erste Annäherung an diese Frage ließ erkennen, dass das Verständnis von CBR in der Architektur, gewählte Prämissen und die Auslegung von sowohl Modell als auch Methode enormen Variationen unterworfen sind. Daraus leitete sich folgende Hypothese ab:

Es existiert kein einheitliches Verständnis der Thematik CBR in der Architektur.

Aus dieser Hypothese leitete sich wiederum die Notwendigkeit ab, sich sowohl eingehender mit den vorherrschenden Auslegungen zu Modell, Methode und deren Anwendung in der Architektur als auch mit den der Anwendung zu Grunde liegenden Prämissen, die sich aus Betrachtungen zu Besonderheiten des architektonischen Entwerfens und der Ausbildung ergeben, zu beschäftigen.

Es lassen sich zwei Extreme der Anwendung des CBR Paradigmas in der Architektur unterscheiden: Es existieren Systeme, die architektonische (Teil)Aufgaben vollkommen selbständig lösen. Die Rede ist hier von Entwurfsgenerierenden Systemen. Zum anderen gibt es Systeme, die den Architekten in seinem Tun lediglich unterstützen: Entwurfsunterstützende Systeme. In die Auseinandersetzung mit CBR in der Architektur flossen Betrachtungen zu beiden Ansätzen ein. Der Fokus der Arbeit lag jedoch auf Entwurfsunterstützenden Systemen.

3 Zielstellung

Ziel der Arbeit war es Widersprüche in der Theorie und in deren Auslegung aufzudecken, aus denen sich u.a. Gründe für den mangelnden Erfolg von CBR in der Architektur ableiten lassen. Aus diesem Anlass wurde ein Abgleich durchgeführt zwischen dem kognitiven Modell und der daraus abgeleiteten Methode, den theoretischen Betrachtungen zu architektonischem Entwerfen und der Ausbildung sowie der Anwendung der Methode in CBR Systemen in der Architektur. Die Hypothese, auf der diese Herangehensweise beruht, lautete:

Gründe für den mangelnden Erfolg sind unter anderem in einer missverständlichen Auslegung des Modells und in einer eingeschränkten Betrachtung der architektonischen Praxis und Ausbildung zu suchen. Auf der Grundlage dieses Abgleichs wurde die Thematik einem kritischen Diskurs unterzogen. Als Antwort auf die durch den angestellten Abgleich aufgedeckten Problemfelder wurden theoretische Lösungsansätze zusammengetragen. Der so entstandene Katalog aus Problemen und Lösungsansätzen versteht sich als Anregung für weitere Auseinandersetzungen mit dem Thema CBR in der Architektur. Darauf aufbauend wurden Handlungsempfehlungen gegeben, die sich aus den Erkenntnissen der Arbeit ableiten.

Die Motivation für die vorliegende Arbeit leitet sich aus der besonderen Rolle des Architekten in unserer Gesellschaft ab: Sie vollbringen eine kulturelle, politische, wirtschaftliche und gesellschaftliche Aufgabe und tragen dabei eine hohe soziale und moralische Verantwortung. Ein Aspekt bei der Ausrichtung des Themas war in diesem Hinblick von besonderer Bedeutung. Im Kern des Modells steht das Lernen aus Erfahrungen. Das Lernen aus Erfahrungen impliziert das Lernen auch aus Fehlern. Sehr früh stellte sich so die Frage:

Hält die Theorie und deren Anwendung in der Architektur tatsächlich das Potential bereit, aus den Entwurfsfehlern Anderer zu lernen anstatt dieselben Fehler stets wiederholen zu müssen?

4 Überblick über die Arbeit

Die Arbeit gliedert sich in sieben Kapitel. Eine Parabel des Entwerfens als Prolog zur Arbeit soll dem Leser helfen, sich auf das Thema der Arbeit einzustimmen. Kapitel 1 führt in das Thema ein und macht mit der Zielstellung der Arbeit vertraut. Es wird die eigene Motivation für die Arbeit aus der besonderen Rolle und Verantwortung des Architekten in der Gesellschaft heraus abgeleitet. Im Abschnitt Eigene Vorarbeiten wird das interdisziplinäre Lehr- und Forschungsprojekt Innovative Wohnungsbauaspekte - Onlinedatenbank, als ein weiterer Motivator der Arbeit vorgestellt. Die folgenden Kapitel 2 bis 5 bilden eine Einheit und die Grundlage für den Abgleich zwischen Modell, Methode und deren Anwendung in der Architektur. Kapitel 2 beschäftigt sich mit CBR als Modell menschlichen Denkens, Verstehens und Problemlösens. Es wird eine sowohl begriffliche als auch inhaltliche Basis für die nachfolgenden Kapitel hergestellt. Neben den Ursprüngen und Grundlagen des

Modells, einer Einordnung als besondere Form des Analogieschlusses und der Schilderung der zwei Arten des CBR, wird auf die besondere Rolle, die Lernen und Schöpfen aus Erfahrungen in diesem Modell spielt, eingegangen. In Kapitel 3 wird in die Methode, die sich aus dem kognitiven Modell ableitet, aus Sicht der Entwickler eingeführt. CBR, als ein Teilgebiet der Künstlichen Intelligenz (kurz KI), wird als eine Methode zur Konzeption und Implementierung Wissensbasierter Computersysteme und als Form Maschinellen Lernens besprochen. Es erfolgt eine Abgrenzung zu Expertensystemen in der KI. Überleitend zu Kapitel 4 schließt das Kapitel mit einer Sammlung von Prämissen und Argumenten für die Anwendung des CBR in der Architektur. Beschäftigt sich Kapitel 2 mit dem Modell des Menschen, der aus Erfahrung lernt und schöpft, im Allgemeinen, so widmet sich Kapitel 4 dem Architekten im Speziellen. Dazu werden Theorien und Erkenntnisse aus der Entwurforschung, der Künstlichen Intelligenz und der Kognitionswissenschaften zu Prozess, Problem, Entwurfsstrategien sowie Entwurfswissen reflektiert. Das Kapitel folgt dabei der Argumentationsführung von CBD Forschern bezogen auf deren Prämissen, die aus ihrer Sicht für eine Anwendung des CBR in der Architektur sprechen. Einen Schwerpunkt nimmt die Auseinandersetzung mit Referenzobjekten in der Architektur ein. In Kapitel 5 wird die Anwendung des CBR in der Architektur anhand der Analyse ausgewählter Konzepte und Systeme diskutiert. Grundlage für diese Betrachtungen liefert die Analyse von 20 CBD Systemen und Konzepten in der Architektur, deren Ergebnisse in Anhang A1 wiedergegeben sind. Kapitel 6 bildet das Kernstück der Arbeit. In ihm fließen die Erkenntnisse aus den vorangegangenen Kapiteln zusammen und erfahren einen Abgleich, der, basierend auf identifizierten Problemfeldern, die Grundlage für die Diskussion darstellt. Mit Kapitel 7 schließt die Arbeit. Ausgehend von drei herausgearbeiteten Auffassungen von CBR in der Architektur werden, deren jeweiliges Potential und kritische Punkte berücksichtigend, Handlungsempfehlungen für die konzeptionelle Umsetzung darauf abgestimmter Systeme gegeben.

5 Erkenntnisse

Durch den Abgleich der in den Kapiteln 2-5 angestellten Betrachtungen wurde es möglich, die Anwendung des CBR Paradigmas in der Architektur einer kritischen Diskussion zu unterziehen. Als die wichtigsten Ergebnisse dieser Betrachtungen sind festzuhalten:

1) Aus den Besonderheiten der Architektenschaft sowie der architektonischen Praxis leiten sich unmittelbar Probleme für eine erfolgreiche Anwendung der Methode CBR auf das architektonische Entwerfen und die Ausbildung ab. Allgemeine Betrachtungen dazu machten deutlich, dass sich beispielsweise aus der in der Architektenschaft verbreiteten Angst vor Entwurfsfixierung und der Überbewertung von Originalität, aus der latenten Zurückhaltung von Architekten gegenüber dem Lernen aus Fehlern (Anderer), aber auch aus der mangelnden Integration von CBD Systemen in die digitale Arbeitsumgebung entwerfender Architekten, aus unkalkulierbaren Marktregulationsmechanismen und aus der ungeklärten Urheberrechtsfrage schwerwiegende Probleme ableiten lassen. Deren Lösung fällt jedoch nur zu einem sehr begrenzten Teil in den Verantwortlichkeits- bzw. Einflussbereich von CBD Entwicklern.

2) Die Mehrheit der betrachteten Systeme und Konzepte folgt in ihrer Umsetzung einer stark vereinfachten Auslegung von Modell und Methode des CBR. Diese Vereinfachung besteht in der Schwerpunktsetzung auf die Bedeutung von Lösungen vergangener Problemlösungsepisoden für die Lösung aktueller Probleme, teilweise basierend auf der, ebenfalls als vereinfacht zu bezeichnenden Annahme, dass ähnliche Probleme ähnliche Lösungen besitzen.

3) Im Mittelpunkt der Mehrheit der betrachteten Systeme und Konzepte steht die Lösung eines Entwurfsproblems (genauer, einer Vielzahl von Entwurfsproblemen), also das entworfene bzw. gebaute Architekturobjekt. Die Beschäftigung mit der Rolle, die Lösungen von (Entwurfs-) Problemen in der grundlegenden Theorie und in deren Auslegung durch CBD-Entwickler beigemessen wird und welche sie in der architektonischen Praxis tatsächlich innehaben, offenbart eine deutliche Diskrepanz.

4) Es musste die entscheidende Feststellung getroffen werden, dass Erfahrungswissen nicht abgebildet wird. Dies ergibt sich aus der vereinfachten Interpretation des Fallbegriffes und der damit in Zusammenhang stehenden Tatsache, dass mehrheitlich lediglich Lösungen in den Systemen und Konzepten vorgehalten werden. Um Erfahrungswissen für interpretierende und problemlösende Aufgaben in CBR-basierten Computersystemen vorzuhalten, sieht die Theorie eine dreiteilige Struktur einer Fallbeschreibung, bestehend aus den Komponenten Problem, Lösung und Ergebnis, vor. Das Fehlen entscheidender Fallkomponenten offenbart die Tatsache, dass Erfahrungswissen in den Systemen nicht explizit abgebildet wird. Aus dieser Tatsache wiederum ergibt sich:

5) Lernen und Schöpfen aus den Erfahrungen Anderer ist nicht möglich. Dieses Erkenntnis besitzt entscheidenden Einfluss auf die Sinnfälligkeit der diese Arbeit motivierenden Visionen: U.a. war die Arbeit, abgeleitet von der sozialen und gesellschaftlichen Bedeutung der Architektur, motiviert von der Vision, durch den Einsatz eines CBR-basierten Computersystems aus den Fehlern Anderer lernen zu können. Dies muss im Hinblick auf bisher entwickelte Systeme und Konzepte aus den genannten Gründen als nicht möglich eingeschätzt werden. Um aus den Erfahrungen Anderer zu lernen und, damit einhergehend, die Fehler anderer zu vermeiden, ist es unabdingbar, dieses Erfahrungswissen in den CBD-Systemen bereitzustellen!

6) Jene Systeme und Konzepte, auf die bisher Gesagtes zutrifft, sind als entkoppelt von der dem CBR-Paradigma zu Grunde liegenden Idee (Lernen aus Erfahrungen, bzw. Wiederverwendung von Erfahrungswissen) zu betrachten. Es handelt sich also nicht um CBR-Systeme im eigentlichen Sinn. Dieser Aspekt leitet zu folgender Feststellung über:

7) Es existiert kein einheitliches Verständnis der Thematik CBR in der Architektur. Diese Tatsache impliziert, dass das unreflektierte Verwenden des Ausdrucks 'CBR in der Architektur' als kritisch einzuschätzen ist, da das mehrdeutige Verständnis des Ausdruckes Missverständnisse vorprogrammiert. Unterschiedliche Auffassungen von Modell und Methode führen in ihrer Konsequenz zu unterschiedlichen Ausprägungen der einzelnen Anwendungen. Mit der Arbeit gelang es, drei deutlich abgrenzbare Auffassungen herauszukristallisieren:

8) Es liessen sich, u.a. abgeleitet von den unterschiedlichen Rollen, die CBD-Entwickler architektonischen Lösungen in ihren Systemen beimessen, drei mit dem Themenkreis

der Arbeit in Zusammenhang stehende Auffassungen ausmachen, die die Grundlage der jeweiligen Anwendung bilden. Danach erlauben diese:

- den Zugriff auf Lösungen im Sinne von Referenzobjekten Referenzobjekt-datenbanken,
- die Wiederverwendung von Lösungen basierend auf einer vereinfachten Auslegung von Modell und Methode und
- die Wiederverwendung von Erfahrungswissen, Modell und Methode stringent folgend.

8a) Zahlreiche der betrachteten Systeme und Konzepte folgen der erstgenannten Auffassung von CBR in der Architektur und erlauben den Zugriff auf Lösungen im Sinne von Referenzobjekten. Diese Systeme sind allerdings gesondert zu betrachten, da es sich hierbei nicht um CBR Systeme im eigentlichen Sinne handelt. Sie können als Referenzobjekt-datenbanken bezeichnet werden.

8b) Einige der betrachteten Systeme erlauben die Wiederverwendung von Lösungen und folgen somit der zweiten Auffassung von CBR in der Architektur. Systeme, die dem Architekten gestatten, auf Architekturobjekte aus der Vergangenheit, im Sinne der Wiederverwendung architektonischer Lösungen, zuzugreifen, besitzen Relevanz, jedoch eher für die Unterstützung fortgeschrittener Entwurfsphasen. Dies ergibt sich aus der Auseinandersetzung mit der Rolle exemplarischer Architekturobjekte aus der Vergangenheit. Diese Auseinandersetzung offenbart die Bedeutung von Referenzobjekten für den architektonischen Entwurf und die Ausbildung als Quelle konkreter Informationen. Indirekt Bestätigung findet diese letzte Feststellung in den theoretischen Betrachtungen zum Entwerfen (der das nicht im Stande sein, zu formulieren, worin das Entwurfsproblem besteht, ohne gleichzeitig Lösungen voranzutreiben umschreibt) bzw. der besonderen Natur von Entwurfsproblemen. Der Architekt ist, folgt man diesen Theorien, erst mit fortschreitendem Entwurfsprozess in der Lage, konkrete Problemstellungen zu formulieren und dafür Lösungen zu suchen. Dies ist Voraussetzung für eine erfolgreiche Anwendung von dieser Auffassung vertretenden Systemen. Problematisch für diesen Ansatz stellen sich dar: die diskutierten Besonderheiten der Architektenschaft (Originalitätsanspruch) sowie die Klärung von Fragen der Wissensakquisition und hier insbesondere der Fallauswahl im Zusammenhang mit der Befriedigung des Qualitätsanspruches an vorzuhaltende Lösungen. Auch diese Systeme sind gesondert zu betrachten, da es sich hierbei ebenfalls nicht um CBR Systeme im eigentlichen Sinne handelt, und sie lediglich auf einer vereinfachten Auslegung von Modell und Methode beruhen.

8c) Einige wenige der betrachteten Systeme unterstützen tatsächlich die Wiederverwendung von Erfahrungswissen in der Architektur, in dem sie dieses in ihren Wissensbasen bereithalten. Systeme, die es dem Architekten erlauben, aus den Erfahrungen anderer zu lernen und zu schöpfen, besitzen, im Abgleich mit den Betrachtungen zur Rolle von Erfahrungswissen in der Architektur, große Relevanz. Problematisch für diesen Ansatz stellen sich dar: die diskutierten Besonderheiten der Architektenschaft und der architektonischen Praxis (Erfahrungswissen wird nicht festgehalten bzw. zugänglich gemacht, es existiert praktisch kein Erfahrungsmanagement, Architekten verspüren Zurückhaltung gegenüber

dem Lernen aus Erfahrungen Anderer). Diese Aspekte besitzen Auswirkungen auf Fragen der Wissensakquisition sowie der Akzeptanz dieser Systeme.

9) Von den jeweiligen Auffassungen und den davon abgeleiteten Intentionen, die mit der Entwicklung einzelner Systeme verfolgt werden, als abhängig müssen Festlegungen zu deren Einsatzzeitpunkt im Entwurfsprozess, zur Adressierung unterschiedlicher Suchstrategien sowie die Beantwortung von Fragen, die im Zusammenhang mit der Wissensakquisition stehen, betrachtet werden.

9a) Die Implementierung erfolgreicher Such- und Retrievalmechanismen in CBD Systemen in der Architektur stellt einen kritischen Aspekt dar. Aus Widersprüchen, die sich aus einzelnen, der Methode zu Grunde liegenden Prämissen im Abgleich mit Theorien zur Natur von Entwurfsprozess und Entwurfsproblem ergeben, können Gründe für diese, auf weiten Konsens stoßende Tatsache abgeleitet werden: Folgt man der Betrachtung des Entwerfens als lösungsorientierten Prozess und berücksichtigt die Konzepte der Situationsabhängigkeit und der Unterbestimmtheit, so ergibt sich daraus (in der Theorie) eine Diskrepanz mit der dem CBR Paradigma zu Grunde liegenden Prämisse des bewussten problemorientierten Suchens. Die Berücksichtigung dieser Erkenntnis muss zu einer deutlicheren Positionierung bei der Wahl geeigneter Suchstrategien und der Entwicklung von Mechanismen zur Unterstützung einer erfolgversprechenden Suche, in Abhängigkeit von Intention und Einsatzzeitpunkt des CBR Systems im Entwurfsprozess, führen.

9b) Für die Anwendung des CBR Paradigmas in der Architektur gilt: Es existieren Probleme, die jenen in traditionellen Expertensystemen als Wissensakquisitionsproblem bezeichneten ähnlich sind. Die Auseinandersetzung mit Besonderheiten der Architektenschaft und der architektonischen Praxis im Abgleich mit von den Entwicklern adressierten Strategien offenbarte Gründe für die Existenz dieser Probleme. Das Argument für die Anwendung des CBR Paradigmas in der Architektur nicht mit dem Wissensakquisitionsproblem behaftet zu sein, das sich auf der Klassifizierung der Architektur als Weak-Theory-Domain gründet, muss aus diesem Grund als obsolet bezeichnet werden. In der Theorie wird davon ausgegangen, dass eine erfolgversprechende Anwendung von CBR nur dann gegeben ist, wenn Fälle während der täglichen Ausübung der Arbeitsaufgaben 'anfallen'. Dies ist in der Architektur nicht der Fall. Alle betrachteten Systeme und Konzepte sind auf Informationen aus zweiter Hand angewiesen. Aus diesen Gründen ist die Beantwortung von mit 'Lernen in der Maschine' und hier insbesondere mit der Akkumulation neuer Fälle in Zusammenhang stehenden Fragestellungen für die erfolgreiche Anwendung des CBR Paradigmas in der Architektur als kritisch aber essentiell einzuschätzen.

9c) Es musste festgestellt werden, dass Mechanismen, welche die Akkumulation neuer Fälle unterstützen, nur zögerlich adressiert werden. Die technische Unterstützung der Wissensakquisition muss als nicht zufriedenstellen gelöst betrachtet werden. In anderen Bereichen erfolgreich angewandte Technologien wie Fuzzy Logic, Neuronale Netze oder Genetische Algorithmen finden in Systemen in der Architektur bisher keine Anwendung. Wachsende Bedeutung besitzen lediglich Data Mining Technologien für die Unterstützung von Lernprozessen im weitesten Sinn.

9d) Es existieren Schwierigkeiten bei der Klärung der Frage danach, welche Fälle als Teil der Datenbasis aufgenommen bzw. wie bei der Auswahl dieser vorzugehen ist. Dieser

Aspekt leitet sich daraus ab, dass in den betrachteten Systemen mehrheitlich der Erfahrungsbegriff einseitig auf das entworfene / gebaute Architekturobjekt reduziert wird im Zusammenhang damit, dass diese Systeme auf Informationen aus zweiter Hand angewiesen sind. Entwickler von CBD Systemen machen in den seltensten Fällen konkrete Aussagen darüber, wie bei der Auswahl der Fälle vorzugehen ist. Dennoch existiert der Wunsch der Entwickler danach, lediglich hervorragende architektonische Projekte in die Datenbasen aufzunehmen. Bisher im Zusammenhang mit CBR in der Architektur gänzlich unbeantwortet blieben in diesem Zusammenhang jedoch Fragen nach den anzuwendenden Qualitätskriterien und anzulegenden Bewertungsmaßstäben bei der Evaluation der Qualität der einzupflegenden Fälle. Weiterführende Betrachtungen zu diesem Aspekt machten außerdem deutlich:

9e) Die Befriedigung des vorherrschenden Qualitätsanspruches an einzupflegende Fälle muss als abhängig von den Intentionen, die die Entwickler mit der Bereitstellung eines Entwurfsunterstützenden Computersystems verfolgen, betrachtet werden.

6 Handlungsempfehlung

Die die Arbeit abschließenden Handlungsempfehlungen adressieren Themenstellungen für auf der vorliegenden Arbeit aufbauende Forschungsarbeiten. Es ließen sich zwei Themenschwerpunkte, an denen wissenschaftlicher Handlungsbedarf besteht, ausmachen: die Optimierung von Suchstrategien sowie die Adressierung kritischer Aspekte der Wissensakquisition in CBD Systemen in der Architektur.

Eine am Beginn stehende allgemeine Empfehlung lautet, Erkenntnisse aus dem Gebiet des Erfahrungsmanagements für den Bereich der Architektur zu erschließen, sowie deren Gültigkeit und Übertragbarkeit auf diesen prüfen. Diese Empfehlung leitet sich aus der schwerwiegenden Erkenntnis ab, dass die bisherige CBR Forschung in der Architektur einer eingeschränkten Fokussierung auf die Berücksichtigung bzw. Weiterentwicklung ausschließlich technologischer Aspekte unterliegt. Die Faktoren Mensch und Organisation finden bei der Konzeption von CBD Systemen in der Architektur bisher kaum Berücksichtigung.

Es wird weiterhin die Empfehlung gegeben, eine Systematik zur Formalisierung von Erfahrungswissen in der Architektur zu entwickeln. Dabei ist zu untersuchen, in wie fern es gelingen kann, eine Entsprechung für die in der CBR Theorie verankerten Dreiteiligkeit eines Falles in der Architektur zu finden und formal zu beschreiben. Ein dabei zu klärender Aspekt besteht in der Festlegung der Granularität des vorzuhaltenden Erfahrungswissens.

Für die Adressierung des Wissensakquisitionsproblems werden zwei Strategien und Szenarien zu deren technischen Umsetzung besprochen:

Strategie 1: Einsatz von CBD Systemen in Architekturbüros, Festhalten des Firmenwissens in einem 'Corporate Memory'

Strategie 2: Aufbau eines internetbasierten 'Collaborative Memory', an dem eine Mitwirkung und das Teilen von Erfahrung auf einer freiwilligen Basis stattfinden

Mit Wissensakquisition in Zusammenhang stehen außerdem die Empfehlungen, Quellen von Erfahrungswissen in der Architektur zu erschließen bzw. Wege zur Integration bewertender Komponenten in den Fallbeschreibungen aufzudecken. Erstere leitet sich von der Feststellung ab, dass in der Architektur tatsächlich erste zögerliche Ansätze zu verzeichnen sind, Erfahrungswissen festzuhalten. Dies geschieht jedoch nicht formalisiert und somit universell wieder verwertbar. Sie beruht außerdem auf der Prämisse, dass versteckt festgehaltenes Erfahrungswissen in der Architektur existiert. Die zweite Empfehlung beruht auf der Tatsache, dass bis dato nicht berücksichtigt wurde und somit ungeklärt ist, wie es gelingen kann, die Güte einer architektonischen Lösung für die Integration als Fallbestandteil festzustellen. Es werden ausgehend von den zwei Szenarien zur Wissensakquisition Lösungsansätze für dieses Problem aufgezeigt.

Für die Verbesserung von Zugänglichkeit und der Verfügbarmachung von Fallinhalten werden, abgeleitet aus den Erkenntnissen der Arbeit, drei Empfehlungen gegeben: Es sind Mechanismen zur Unterstützung des zufälligen Findens und der vagen Anfrage zu entwickeln; skizzenbasierte Abfragemechanismen sind zu adressieren und Mechanismen zur Unterstützung der automatisch ausgelösten, problemorientierten bzw. der nutzerinitiierten, problemorientierten Suche (skizzenbasiert, als auch stichwortbasiert) zu entwickeln. Die abschließende Empfehlung, eine gewisse Variabilität des gewählten Ansatzes in den Systemen zu gewährleisten, leitete sich aus der Erkenntnis ab, dass drei gleichberechtigte Auffassungen zu CBR in der Architektur existieren und dies, so ergaben die Untersuchungen ebenfalls, berechtigter Weise.

7 Schlußbetrachtung

Als wesentlicher Faktor für den mangelnden Erfolg von CBR Systemen kann resümierend die Nichtbeachtung theoretischer und soziologischer Rahmenbedingungen gewertet werden. Aus dieser Tatsache ergeben sich Probleme, die mit der Verfügbarkeit bzw. dem Zugänglichmachen von in Wissensbasen abgelegtem Wissen bzw. der Wissensakquisition in Zusammenhang stehen. Die Adressierung insbesondere des letzten Aspektes ist als kritisch aber essentiell für ein Gelingen oder Scheitern des Vorhabens, CBR erfolgreich auf den Bereich der Architektur zu übertragen, einzuschätzen. Die Arbeit kann als Grundlage und Hilfestellung von all jenen herangezogen werden, die sich mit dem Gedanken tragen, ein CBR System für Architekten konzipieren zu wollen. Die Arbeit erschien 2010 im Logos Verlag Berlin GmbH.

Literatur

- [Ach00] Henry H. Achten. Design Case Retrieval by Generic Representations. In J. S. Gero und F. Sudweeks, Hrsg., *Artificial Intelligence in Design '00*, Seiten 373–392. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht (The Netherlands), 2000.
- [Bör97] Katy Börner. *Konzeptbildende Analogie: Integration von Conceptual Clustering und analogem Schließen zur effizienten Unterstützung von Entwurfsaufgaben: (motiviert durch und*

illustriert an Aufgaben aus der Bauarchitektur). Doktorarbeit, Fachbereich Informatik, Universität Kaiserslautern, Sankt Augustin, 1997.

- [DK92] Eric A. Domeshek und Janet L. Kolodner. A Case-Based Design Aid for Architecture. In J. S. Gero und F. Sudweeks, Hrsg., *Artificial Intelligence in Design 92*, Seiten 497–516. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht (The Netherlands), 1992.
- [Hey00] Ann Heylighen. *In case of architectural design - Critique and praise of Case-Based Design in architecture*. Ph.d. thesis, Faculteit Toegepaste Wetenschappen, Department ASRO, K.U. Leuven, Leuven (Belgium), 2000.
- [Kol93] Janet L. Kolodner. *Case-Based Reasoning*. Morgan Kaufman Publishers, 1993.
- [OO94] Robert M. Oxman und Rivka E. Oxman. Case-Based Design: Cognitive Models for Case Libraries. In G. Carrara und Y. E. Kalay, Hrsg., *Knowledge-based computer-aided architectural design*, Seiten 45–68. Elsevier, Amsterdam (The Netherlands), 1994.
- [Tah06] Dina Taha. *A Case Based Approach to Computer Aided Architectural Design. MONEO: An Architectural Assistant System*. Ph.d. thesis, Graduate School, Faculty of Engineering, Alexandria University, Alexandria (Egypt), 2006.



Katharina Richter absolvierte ihr Studium der Architektur / Stadt- und Regionalplanung an der Bauhaus-Universität Weimar. Seit Juli 2000 ist sie als wissenschaftliche Mitarbeiterin an der Professur Informatik in der Architektur bei Prof. Dr.-Ing. Dirk Donath, unter dessen Mentorenschaft die vorliegende Arbeit entstand, in Lehre und Forschung tätig. Sie war von 2006-2007 Mitglied des Fakultätsrates der Fakultät Architektur der Bauhaus-Universität Weimar.

Ihre Forschungsschwerpunkte liegen auf der Auseinandersetzung mit Potential und Problematik der computergestützten Weitergabe von Erfahrungswissen in der Architektur.

Von 2000 bis 2006 war sie Verantwortliche für die teilprojektübergreifende Verifikation der Forschungsergebnisse am Sonderforschungsbereich 524 Werkstoffe und Konstruktionen für die Revitalisierung von Bauwerken an der Bauhaus-Universität Weimar.

Sie veröffentlichte wissenschaftliche Ergebnisse sowohl auf internationalen Konferenzen als auch in rezensierten Fachzeitschriften.

Im Rahmen ihrer Lehrtätigkeit an der Bauhaus-Universität Weimar betreute sie ebenfalls internationale Lehrprojekte im In- und Ausland. Im Herbstsemester 2004 war sie als Gastprofessorin am Washington Alexandria Architecture Consortium Virginia Polytechnic and State University, Alexandria (VA), USA, tätig.

Effizientes Änderungsmanagement von XML-Dokumenten

Sebastian Rönnau

sebastian.roennau@unibw.de

Abstract: XML-Dokumente bilden die Grundlage zahlreicher Informationsarchitekturen. Insbesondere in parallelen Bearbeitungsprozessen kommt der Fähigkeit, Änderungen zwischen Versionen erkennen und zusammenführen zu können, eine tragende Rolle zu. Bisherige Ansätze hierzu benötigen in der Regel einen entsprechende Applikation zum Bearbeiten der Dokumente. Im Bereich der Softwareentwicklung ist es hingegen üblich, verschiedene Versionen mit *Diff* und *Patch* zu vergleichen bzw. zusammenzuführen. Entsprechende XML-basierte Tools existieren zwar, sind aber nicht in der Lage, parallel bearbeitete Versionen zusammenzuführen (*Merge*).

In dieser Arbeit stelle ich ein umfassendes Merge-fähiges Framework zum Vergleichen und Zusammenführen von XML-Dokumenten vor. Es basiert auf einem kontextorientierten Delta-Modell, auf dem effiziente Diff- und Patch-/Merge-Algorithmen aufbauen. Sowohl die Effizienz als auch die Qualität sind empirisch belegt.

1 Einleitung

XML hat sich als universelle Meta-Sprache im Bereich der Dokumentenbeschreibung etabliert. XML-basierte Formate wie ODF, OfficeOpenXML, XHTML, SVG u.v.m. dienen als de-facto Standard der Darstellung zahlreicher verschiedener Dokumentenarten.

Insbesondere im professionellen Umfeld werden Dokumente gemeinsam erstellt und bearbeitet. Hürden technischer und organisatorischer Natur verhindern oft den Einsatz kollaborativer Editoren. Daher ist es gängige Praxis, Dokumente per E-Mail o.ä. auszutauschen. Das Zusammenfügen verschiedener Dokumentenversionen wird in diesem Kontext in der Regel manuell durchgeführt, was sowohl zeitintensiv als auch fehleranfällig ist.

Während sich im Bereich des Document Engineering die Tool-Unterstützung zum Vergleichen von Dokumentenversionen noch in den Kinderschuhen befindet, stellt das automatisierte Vergleichen und Zusammenführen von Dateiversionen eine zentrale Säule des Software Engineering dar. Als bekannteste Tools seien *Diff* und *Patch* genannt. *Diff* vergleicht zwei Dokumentenversionen und speichert die Änderungen in einem *Delta*. *Patch* wendet wiederum dieses Delta auf die zu ändernde Datei an, um die Änderungen auch dort umzusetzen. Wird ein Delta auf eine bereits anderweitig geänderte Version angewendet, spricht man von einem *Merge*. Hier wird eine neue Dokumentenversion erstellt, die die Änderungen sowohl aus der vorliegenden Version als auch aus dem Delta enthält.

Ein Merge ist nicht trivial, wie Abbildung 1 zeigt. Zwei Personen ändern unterschiedliche Zellen einer Tabelle. Wenn nun die Änderungen anhand ihrer absoluten Adressierung dargestellt werden („Ändere Zelle 1,3 in 10:15“), wird beim Merge von Version A_2 mit $\delta_{A \rightarrow A_1}$

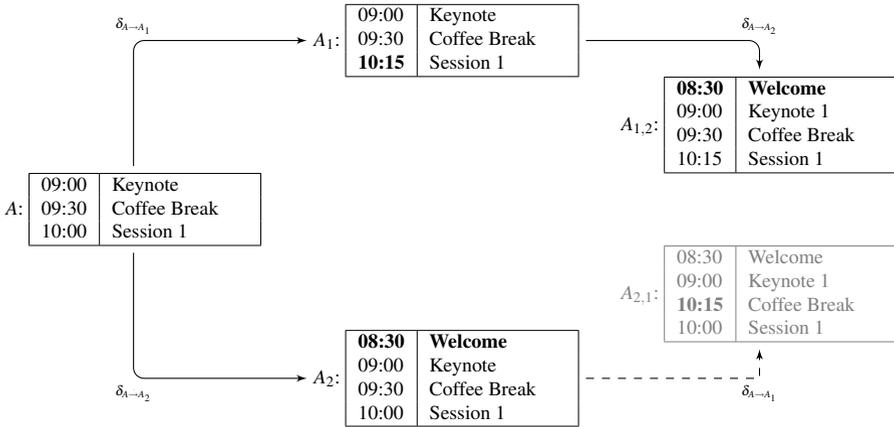


Abbildung 1: Beim Merge führt eine absolute Adressierung leicht zu unerwünschten Ergebnissen.

die falsche Zelle geändert. Um dies zu verhindern, muss die Änderungsoperation im Delta mit weiteren Daten versehen werden, um ein zuverlässiges Merge zu ermöglichen.

1.1 Forschungsstand

Das Vergleichen von XML-Dokumentenversionen stellt einen zustandsbasierten Ansatz dar und ist eine Anwendung des Tree-to-Tree Editing Problems [Sel77]. Eine optimale Lösung ist mit quadratischer Zeitkomplexität zu berechnen. Verschiedene Lösungsansätze erreichen nahezu optimale Lösungen bei höherer Effizienz. Ein Ansatz für den zustandsbasierten Merge von XML-Dokumenten wurde kürzlich vorgestellt [TM10]. Da hier die Änderungen anhand von Schlüsseln identifiziert werden, lässt sich dieser Ansatz nur in Umgebungen verwenden, die die Schlüssel unverändert übernehmen.

Kollaborative Editoren basieren in der Regel auf dem Ansatz der operationellen Transformation. Hier wird jede Änderung umgehend an alle Beteiligten weitergegeben [SE98]. Dieser Ansatz erreicht allerdings Komplexitätsgrenzen, wenn die Verbindung über einen längeren Zeitraum unterbrochen ist. Des weiteren ist die permanente Nachvollziehbarkeit aller Aktivitäten im professionellen Umfeld häufig unerwünscht.

Um das Problem der Änderungsadressierung zu umgehen, können die Änderungen direkt im Dokument als Annotation eingepflegt werden [ARPMMG07]. Dieser Ansatz wird auch von der Änderungsverfolgung in Office verfolgt. Die Annotation führt allerdings schnell zu sehr umfangreichen Dokumenten. Außerdem bedingt das Zusammenführen verschiedener Evolutionsstränge eines Dokuments wiederum einen zustandsbasierten Lösungsansatz.

1.2 Gliederung

Das vorgestellte Framework zum Diff, Patch und Merge von XML-Dokumentversionen basiert auf einer Analyse der Eigenschaften und Änderungsmuster von XML-Dokumenten (Abschnitt 2). Den Kern bildet ein Delta-Modell, das Änderungen mit Hilfe des syntaktischen Kontexts der einzelnen Operationen identifiziert (Abschnitt 3). Darauf aufbauend entwickle ich einen Diff- (Abschnitt 4) und einen Merge-fähigen Patch-Algorithmus (Abschnitt 5), deren Effizienz und Zuverlässigkeit in Abschnitt 6 evaluiert werden.

2 Dokumentenanalyse

Voraussetzung für das Design des Delta-Modells als auch des Diff-Algorithmus sind Erkenntnisse über das Wesen und die Evolution von XML-Dokumenten.

2.1 Eigenschaften von XML-Bäumen

Um möglichst allgemein gültige Erkenntnisse zu gewinnen, habe ich Tabellen, Texte und Web-Seiten jeglicher Größe aus öffentlichen Quellen untersucht. Die Ordnung der Knoten ist hier bei allen Dokumenten wesentlich. Eine Veränderung der Reihenfolge der Knoten führt zu unterschiedlichen Dokumenten. Diese Feststellung ist wichtig, da XML bisweilen auch als reines Datenspeicherungsformat verwendet wird, in dem die nebeneinander liegenden Knoten als Menge interpretiert werden.

Generell lässt sich sagen, dass XML-Dokumente breit und flach sind. Kein Office-Dokument umfasst mehr als 15 Ebenen, was in Anbetracht von zum Teil mehr als 100.000 Knoten eine sehr flache Hierarchie ist. Auch Web-Seiten sind breit und flach, wenn auch nicht in gleichem Ausmaß. Des weiteren weist jede Knotenebene eine erhebliche Anzahl identischer Knoten auf. Dies betrifft vor allem die inneren Knoten des Baumes, die vorwiegend der Strukturierung und dem Layout dienen. Selbst auf Ebene der Blätter sind im Schnitt noch über 40% der Knoten identisch.

2.2 Evolution von XML-Dokumenten

Bei der Frage der Evolution von XML-Dokumenten stütze ich mich auf Untersuchungen zum Änderungsaufkommen von Web-Seiten [FMNW03]. Hier wurde erkannt, dass Änderungen in Dokumenten vorwiegend räumlich zusammenhängend auftreten. Des weiteren ist die Anzahl der Änderungen im Vergleich zum Gesamtumfang des Dokumentes in der Regel eher klein.

Neben der Anzahl der Änderungen ist auch ihre Ausprägung interessant. Bereits einfache Änderungen im Applikationskontext eines Dokumentes können zu weitreichenden

Änderungen der XML-Repräsentation führen; selbst kleine Änderungen haben oft das Einfügen bzw. Löschen kompletter Teilbäume bzw. Wälder zur Folge.

3 Ein kontext-orientiertes Delta-Modell

Grundlage der zustandsbasierten Änderungsverfolgung von Dokumenten ist die Darstellung der Änderungen in einem Delta. Hierzu stelle ich ein Delta-Modell vor, dessen zentraler Bestandteil die Einbeziehung des syntaktischen Kontextes einer Operation darstellt.

3.1 Eigenschaften

Ein Delta besteht aus einer Menge von Operationen, die Änderungen an einem Dokument definieren. Hierbei lassen sich folgende Operationsarten unterscheiden: Einfügung, Löschung, Änderung und Verschiebung. Für jede Operation wird der Ort der Änderung und ihr Umfang festgehalten.

Das Delta-Modell definiert Einfügungen, Löschungen und Verschiebungen auf Teilbäume bzw. Wälder; Änderungen adressieren einzelne Knoten im Baum. Für jede Operation wird sowohl der vorherige als auch der neue Zustand des zu ändernden Objekts gespeichert. Dadurch wird die Invertierbarkeit jeder Operation gewährleistet, die das Wiederherstellen vorheriger Versionen gewährleistet. Sequentielle Deltas können zur kompakteren Darstellung größerer Änderungsumfänge zusammengeführt werden.

3.2 Darstellung des syntaktischen Kontextes

Die Definition des syntaktischen Kontextes orientiert sich an der Darstellung von Deltas im Bereich der zeilenbasierten Textdateien. Hier werden die vorhergehenden und nachfolgenden Zeilen einer Änderung gespeichert, wie Abbildung 2(a) zeigt. Diese Darstellung ist noch heute üblich und wird sowohl von klassischen Versionskontrollsystemen wie CVS und Subversion, aber auch von modernen verteilten Systeme wie Git, Arch und Bazaar auf Grund ihrer Zuverlässigkeit und Einfachheit genutzt.

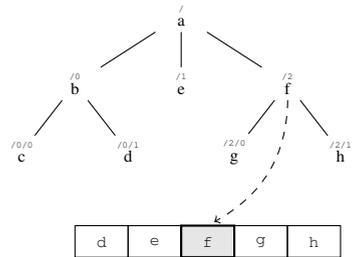
Die Darstellung des syntaktischen Kontextes im Bereich von XML-Dokumenten ist hingegen nicht trivial. Die Baumstruktur bietet sowohl Eltern-Kind-, als auch Geschwisterbeziehungen als mögliche Ordnung. Im Hinblick auf die sehr flache Baumstruktur ist die Eltern-Kind-Beziehung nicht zielführend. Auch die Verwendung von Geschwisterknoten ist unzweckmäßig, da viele Blätter über keine Geschwister verfügen. Daher betrachte ich die Knoten in Pre-Order-Traversierung, um so eine Quasi-Linearität zu gewährleisten.

Für jede Operation im Delta wird ein *Context Fingerprint* erstellt. Dieser enthält den den Knoten vor und nach der Operation in Pre-Order-Traversierung. Bei Löschoptionen sind die zu löschende Knoten nicht Teil des Context Fingerprints. Abbildung 2(b) skizziert

```

@@ -3,6 +3,7 @@
finem di dederint, Leuconoe, nec Babylonios
temptaris numeros. Ut melius quicquid erit
pati!
Seu pluris hiemes seu tribuit Iuppiter
ultimam,
+
quae nunc oppositis debilitat pumicibus mare
Tyrrenum, sapias, vina liques et spatio
breui
spem longam reseces. Dum loquimur, fugerit
invida
    
```

(a) Kontext zum Einfügen einer Leerzeile



(b) Context Fingerprint von f

Abbildung 2: Bei Textdateien wird der syntaktische Kontext durch die vorhergehenden und nachfolgenden Zeilen dargestellt, beim Context Fingerprint durch die umliegenden Knoten in Pre-Order.

einen Context Fingerprint. Hierbei enthält der mittlere Wert den zu ändernden Knotens oder Teilbaums¹; dies ermöglicht dem Patch-Algorithmus, Merge-Konflikte zu erkennen.

4 Diff-Algorithmus

Dem Diff-Algorithmus liegt die aus der Dokumentenanalyse entwickelte Annahme zu Grunde, dass die Blätter des Baumes den Inhalt des Dokumentes enthalten, während die Knoten dem Markup und der Struktur dienen. Weiterhin ist der Algorithmus auf einen geringen Umfang der Änderungen im Vergleich zum Gesamtdokument hin optimiert.

4.1 Idee des Algorithmus

Vereinfacht dargestellt, durchläuft der Diff-Algorithmus drei Phasen:

1. Berechnen der größten gemeinsamen Sequenz an Blättern. Diese Phase stützt sich auf das wohlerforschte Feld der Berechnung der Longest Common Subsequence (LCS) ab. Durch den Vergleich der Blätter konzentriert sich der Algorithmus bereits zu Beginn auf die Änderungen am Inhalt der Dokuments.
2. Vergleichen der Ahnen der gemeinsamen Blätter. Dieser Schritt dient dem Aufspüren von Knoten- bzw. Attributänderungen.
3. Untersuchen der nicht-gemeinsamen Blätter und deren Ahnen. Erst in diesem Schritt werden die Änderungen an der XML-Struktur des Dokuments untersucht.

¹Tatsächlich werden jeweils die Hash-Werte der Knoten bzw. Teilbäume gespeichert.

Sowohl der zweite als auch der dritte Schritt sind mit Hilfe der dynamischen Programmierung umgesetzt. Diese verhindert, dass bereits besuchte Elternknoten mehrfach untersucht werden. Hierdurch wird die Laufzeit des Algorithmus erheblich reduziert.

4.2 Komplexitätsbetrachtung

Die Komplexität des Diff-Algorithmus hängt vom gewählten LCS-Algorithmus im ersten Schritt ab. Ich verwende den etablierten Algorithmus von Myers [Mye86], der mit einer Zeitkomplexität von $O(ND)$ insbesondere für Dokumente mit relativ wenig Änderungen geeignet ist². Auf dieser Grundlage lässt sich die Komplexität des Diff-Algorithmus mit $O(\text{leaves}(A) \times D + \text{ancestors}(A) + D)$ abschätzen³. Augenscheinlich sind die Anzahl der Blätter und die Anzahl der Änderungen die maßgeblichen Faktoren.

Neben der Zeitkomplexität ist die Speicherkomplexität nicht außer Acht zu lassen. Zahlreiche LCS-Algorithmen weisen eine quadratische Komplexität auf, da sie eine Matrix zur Berechnung der LCS verwenden. Im Hinblick auf die Größe mancher XML-Dokumente ist dies ungeeignet. Mit $O(A)$ erreicht mein Diff-Algorithmus eine lineare Komplexität.

5 Merge von Dokumentenversionen

Patch und Merge von Dokumenten unterscheiden sich lediglich dadurch, dass bei einem Merge die Operationen nicht auf die Dokumentversion angewendet werden, für das das Delta berechnet wurde.

5.1 Arten des Merge

Wird eine Operation in der im Delta beschriebenen Form an entsprechender Stelle angewendet, liegt ein Patch vor. Sollte das zu patchende Dokument hingegen in der Zwischenzeit verändert worden sein, können folgende Merge-Fälle eintreten:

1. Die Position der Operation hat sich verschoben, wie im einleitenden Beispiel skizziert. Hier wird die richtige Position anhand des Context Fingerprints identifiziert.
2. Ein Knoten in der Umgebung der Operation hat sich geändert, weshalb der Context Fingerprint nur in Teilen der gefundenen Umgebung entspricht. Hier ist zu definieren, ob, und wenn ja, in wie weit eine teilweise Entsprechung akzeptabel ist.
3. Die durch die Operation angesprochenen Knoten haben sich geändert. Dies stellt einen Konflikt dar, der sich nicht automatisch lösen lässt.

² N steht hierbei für die Größe der Sequenz und D für die Anzahl der Änderungen.

³ A stellt hier die Anzahl der Knoten dar, während D für die Anzahl der Änderungen steht.

Tool	Zeitkomplexitätsklasse
XCC Diff	$O(\text{leaves}(A) \times D + \text{ancestors}(A) + D)$
diffxml	$O(\text{leaves}(A) \times D + D^2)$
faxma	$O(A)/O(A^2)$ (Durchschnitt / ungünstigstenfalls)
jXyDiff	$O(A \times \log A)$
Microsoft XML Diff	$O(A_1 \times A_2 \times \min(\text{depth}(A_1), \text{leaves}(A_1)) \times \min(\text{depth}(A_2), \text{leaves}(A_2)))$

Tabelle 1: Übersicht der verglichenen XML-Diff-Tools.

Generell können die einzelnen Fälle auch kombiniert auftreten. Insbesondere die Kombination der letzten beiden Fälle lässt ein (sinnvolles) automatisches Merge nicht zu.

5.2 Idee des Algorithmus

Die Anwendung einer Operation beginnt mit der Erstellung einer Suchumgebung um die im Delta gespeicherten Position. Für jeden möglichen Knoten in der Suchumgebung auf der selben Baumebene wird der Context Fingerprint angelegt und mit dem gefundenen Muster verglichen. Die Suchumgebung verhindert, dass im Falle einer nicht anwendbaren Operation das gesamte Dokument durchsucht wird.

Ist der Context Fingerprint an keiner Position vollständig anwendbar, wird überprüft, welche Einzelteile des Context Fingerprints passen. Eine Gewichtungsfunktion bewertet das Ergebnis. Ein *Threshold Value* legt fest, bis zu welcher Bewertung eine Operation angewendet werden soll. Abschließend wird die Operation mit Hilfe ihres gespeicherten Inhalts auf einen Konflikt hin überprüft.

5.3 Komplexitätsbetrachtung

Die Laufzeit des Merge-Algorithmus lässt sich mit $O(A \times D)$ abschätzen. Die Speicherkomplexität ist hingegen linear mit $O(A)$.

6 Evaluation

Die Nutzbarkeit eines Diff- und Merge-Algorithmus hängt neben der theoretisch nachgewiesenen Komplexität wesentlich von der Effizienz der verfügbaren Implementierung ab. Weiterhin muss das Merge sinnvolle Ergebnisse garantieren.

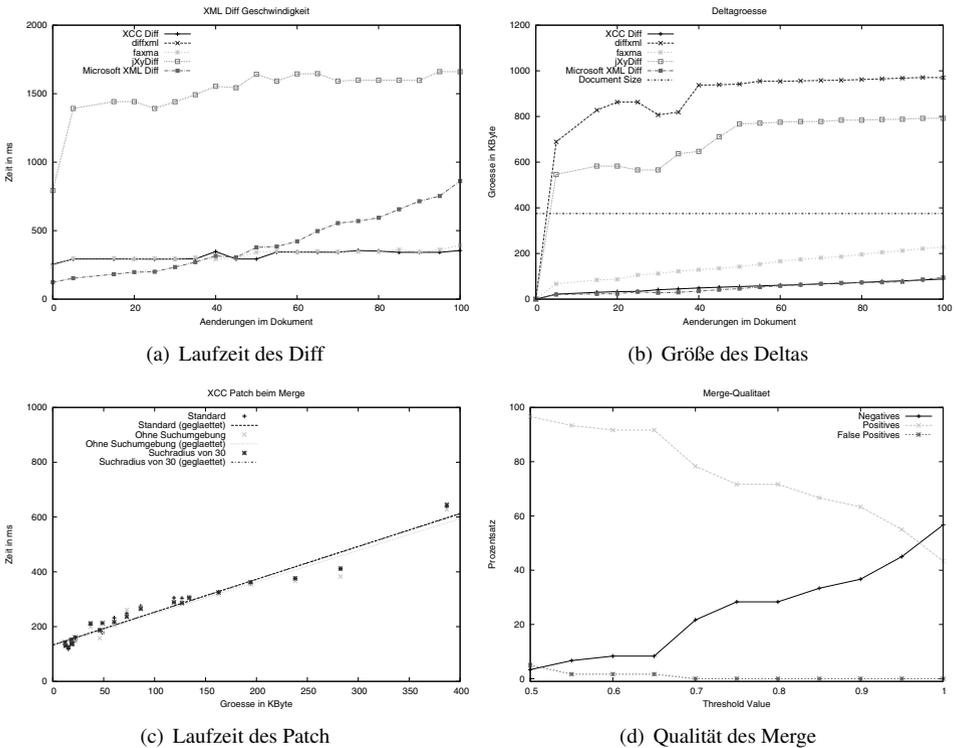


Abbildung 3: Sowohl Zeit- und Speichereffizienz als auch Merge-Zuverlässigkeit sind sehr gut.

6.1 Effizienz des Diff

Die Effizienz der Implementierung wird im Vergleich zu besten bekannten XML-Diff-Implementierungen untersucht. Als Testszenario dient eine ODF-Tabelle mit 5-100 Änderungen, die jeweils mit dem Ursprungsdokument verglichen wird.

Während manche der Vergleichskandidaten speziell für XML entwickelt wurden (XyDiff [CAM02]; faxma [LKT06]), basieren die anderen auf allgemeinen Baumvergleichsalgorithmen (diffxml [CRGMW96]; Microsoft XML Diff, basierend auf [ZS89]). Die verglichenen Tools sind in Tabelle 1 aufgeführt. Der Komplexitätsklasse nach zu urteilen, sollten Microsoft XML Diff, faxma und jXyDiff von der Anzahl der Änderungen unbeeinflusst bleiben. Dennoch zeigt das Ergebnis der Untersuchung in Abbildung 3(a), dass lediglich faxma und XCC Diff eine nahezu konstante Laufzeit aufweisen⁴.

Deltas sollten in der Regel deutlich kleiner als das Ursprungsdokument sein. Abbildung 3(b) stellt die Größe der im Diff-Test generierten Deltas dar. Da die Deltas größer als das eigentliche Dokument werden, erweisen sich diffxml und jXyDiff als wenig zweckmäßig.

⁴Die Laufzeit von diffxml ist auf der Grafik nicht aufgeführt, da sie stetig über 35 Sekunden betragen hat.

6.2 Merge-Effizienz und -Qualität

Die Effizienz des Merge untersuche ich anhand der Fragestellung, wie sich die Laufzeit für die gleiche Anzahl Operationen bei unterschiedliche Dokumentengröße entwickelt. Des weiteren untersuche ich den Einfluss der Umgebungssuche nach der besten Lösung sowie der Konflikterkennung. Da mir bislang ist kein vergleichbarer Merge-fähiger Patch-Algorithmus für XML-Dokumente bekannt ist, kann die Evaluation vom XCC Patch nicht vergleichend erfolgen. Abbildung 3(c) zeigt, dass die Laufzeit linear mit der Dokumentgröße skaliert, was der Komplexitätsabschätzung entspricht. Der Einfluss der Konflikterkennung sowie die Größe der Suchumgebung beeinflussen die Laufzeit nur marginal.

Um die Qualität des Merge zu messen, wurden über 1.000 Operationen auf ein Dokument angewandt. Hierbei wurde vorher festgelegt, ob, und wenn ja, an welcher Stelle eine Operation durchzuführen ist. Im Anschluss wurde das Ergebnis des Algorithmus mit dem erwarteten Ergebnis verglichen. Abbildung 3(d) zeigt das Ergebnis in Abhängigkeit zum Threshold Value (siehe Abschnitt 5.2). Ist der Threshold Value zu hoch, werden akzeptable Operationen abgelehnt (*False Negatives*); ist er zu niedrig, werden womöglich Operationen irrtümlich angewandt (*False Positives*). Letzteres gilt es auf jeden Fall zu verhindern. Ab einem Threshold Value über 0,7 treten in der Evaluation keine False Positives mehr auf; ein noch höherer Threshold Value führt hingegen zu einem starken Anstieg der False Negatives. Daher ist 0,7 als Standardwert gesetzt.

7 Zusammenfassung und Ausblick

Diese Arbeit stellt die erste ganzheitliche Betrachtung der verschiedenen Aspekte der zustandsbasierten Änderungsverfolgung in XML-Dokumenten dar. Die Grundlage legt hierbei die Analyse ihrer Eigenschaften und Änderungsmuster. Ein daraus abgeleitetes Delta-Modell ermöglicht es, Änderungen präzise zu adressieren und mit Hilfe ihres syntaktischen Kontextes zu identifizieren. Darauf aufbauend ermöglichen ein Diff- und ein Merge-fähiger Patch-Algorithmus das Vergleichen und Zusammenführen von Dokumentenversionen. Beide Algorithmen arbeiten äußerst effizient, wie auch das Delta eine äußerst kompakte und zuverlässige Darstellungsform bietet. Im Rahmen einer Evaluation wurden sowohl die Effizienz als auch die Qualität des Ergebnisses nachgewiesen.

Das vorgestellte Framework ist vielseitig einsetzbar und bereits in Anwendungen integriert worden. Hier sei stellvertretend ein grafischer XML-Editor und ein auto-versionierendes Dateisystem genannt. Die weitere Forschung konzentriert sich zum einen auf die Frage der inkrementellen Validierung der Merge-Ergebnisse. Zum anderen untersuche ich weitere Anwendungsmöglichkeiten meines Frameworks zur Sicherstellung der strukturierten Dokumentenbearbeitung, um im Bereich des Document Engineering ähnlich hohe Qualitätsstandards wie im Software Engineering erreichen zu können.

Literatur

- [ARPMMG07] Luis J. Arévalo Rosado, Antonio Polo Márquez und Jorge Martínez Gil. Managing Branch Versioning in Versioned/Temporal XML Documents. In *Proc. of the 5th int. Symp. on XML Database: Database and XML Technologies*, Seiten 107–121, Berlin, Heidelberg, 2007. Springer-Verlag.
- [CAM02] Grégory Cobéna, Serge Abiteboul und Amélie Marian. Detecting Changes in XML Documents. In *ICDE'02: Proc. of the 18th Int. Conf. on Data Engineering*, Seiten 41–52. IEEE Computer Society, 2002.
- [CRGMW96] Sudarshan S. Chawathe, Anand Rajaraman, Hector Garcia-Molina und Jennifer Widom. Change detection in hierarchically structured information. In *SIGMOD '96: Proc. of the 1996 ACM SIGMOD Int. Conf. on the Management of Data*, Seiten 493–504, New York, NY, USA, 1996. ACM.
- [FMNW03] Dennis Fetterly, Mark Manasse, Marc Najork und Janet Wiener. A large-scale study of the evolution of web pages. In *WWW'03: Proc. of the 12th Int. Conf. on the World Wide Web*, Seiten 669–678, New York, NY, USA, 2003. ACM.
- [LKT06] Tancred Lindholm, Jaakko Kangasharju und Sasu Tarkoma. Fast and simple XML tree differencing by sequence alignment. In *DocEng'06: Proc. of the 6th ACM Symp. on Document Engineering*, Seiten 75–84, New York, NY, USA, 2006. ACM.
- [Mye86] Eugene W. Myers. An $O(ND)$ difference algorithm and its variations. *Algorithmica*, 1:251–266, 1986.
- [SE98] Chengzheng Sun und Clarence Ellis. Operational transformation in real-time group editors: issues, algorithms, and achievements. In *CSCW'98: Proc. of the 1998 ACM Conf. on Computer Supported Cooperative Work*, Seiten 59–68, New York, NY, USA, 1998. ACM.
- [Sel77] Stanley M. Selkow. The Tree-to-Tree Editing Problem. *Information Processing Letters*, 6(6):184–186, 1977.
- [TM10] Cheng Thao und Ethan V. Munson. Using versioned tree data structure, change detection and node identity for three-way XML merging. In *Proc. of the 10th ACM symp. on Document engineering, DocEng '10*, Seiten 77–86, New York, NY, USA, 2010. ACM.
- [ZS89] K. Zhang und D. Shasha. Simple fast algorithms for the editing distance between trees and related problems. *SIAM Journal on Computing*, 18(6):1245–1262, 1989.

Sebastian Rönna



Sebastian Rönna wurde 1981 in Kiel geboren. Nach seinem Abitur trat er in die Luftwaffe ein und wurde zum Offizier ausgebildet. Er studierte Informatik an der Universität der Bundeswehr München von 2001 bis 2004. Anschließend wechselte er in das SAP-Projekt der Bundeswehr nach Bonn. Von 2007 bis 2010 war er als Wissenschaftlicher Mitarbeiter am Institut für Softwaretechnologie der Universität der Bundeswehr München tätig. Seit 2010 leitet er die Mobile

Systembetriebszentrale des Führungsunterstützungsregimentes 38 in Storkow. Sebastian Rönna wird die Bundeswehr in 2012 verlassen.

Schätzung und Korrektur von Bewegung für die interventionelle Bildrekonstruktion von Herzgefäßen

Christopher Rohkohl

Lehrstuhl für Mustererkennung (LME)
Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg
christopher.rohkohl@informatik.uni-erlangen.de

Abstract: In den Industrienationen sind Herz-Kreislauf-Erkrankungen die häufigsten Todesursachen und somit von hoher gesellschaftlicher Bedeutung. Eine vorrangige Rolle nimmt dabei der Myokardinfarkt (Herzinfarkt) ein. Die steigende Komplexität kardiologischer minimalinvasiver Eingriffe auf Grund von Risikominimierung und Kostenreduzierung verlangt eine Weiterentwicklung nichtinvasiver Bildgebungsmethoden. Im Rahmen dieser Forschungsarbeit wurden technische Methoden entwickelt um die Herzgefäße direkt während einer Operation im Herzkatheterlabor dreidimensional darzustellen. In enger Zusammenarbeit mit Kardiologen unterschiedlicher Fachrichtungen und Kliniken wurde ein Prototyp entwickelt, der den Anforderungen des klinischen Alltags im Hinblick auf Berechnungszeit, Automatisierung und Bildqualität genügt. Es konnte gezeigt werden, dass der Einsatz des Prototyps die Kontrastmittel- und Strahlenbelastung, sowie die Behandlungszeit für den Patienten und den Arzt reduzieren kann.

1 Einführung

1.1 Klinischer Hintergrund und gesellschaftliche Bedeutung

In den Industrienationen sind Herz-Kreislauf-Erkrankungen, hierbei vor allem koronare Herzerkrankungen, die häufigsten Todesursachen. Bei diesen Erkrankungen kommt es zu einer Mangeldurchblutung des Herzens infolge verengter Herzkranzgefäße. Eine vorrangige Rolle nimmt dabei der Myokardinfarkt (Herzinfarkt) ein. Seit Beginn der 1980er Jahre haben Herzinfarktmorbidität und -mortalität – insbesondere bei Patienten mittleren Lebensalters – abgenommen. Dieser Rückgang erklärt sich hauptsächlich aus der verbesserten Behandlung der Herzinfarktpatienten. Die steigende Komplexität kardiologischer Eingriffe verlangt eine Weiterentwicklung nichtinvasiver Bildgebungsmethoden. Dreidimensionale tomographische Bildinformationen geben zusätzlich zur Anatomie auch Aufschluss über den Gesundheitszustand eines Patienten. In der interventionellen Kardiologie wird die 3D-Bildgebung derzeit meist prä- oder postprozedural mit Hilfe von speziellen CT- oder MRT-Systemen durchgeführt. Die 3D-Bildgebung von Herzstrukturen, wie beispielsweise der koronaren Herzgefäße, während eines Eingriffs im Herzkatheterlabor ist zur Zeit nicht möglich. Im Prinzip ist jedoch die 3D-Bildgebung mit Hilfe moderner

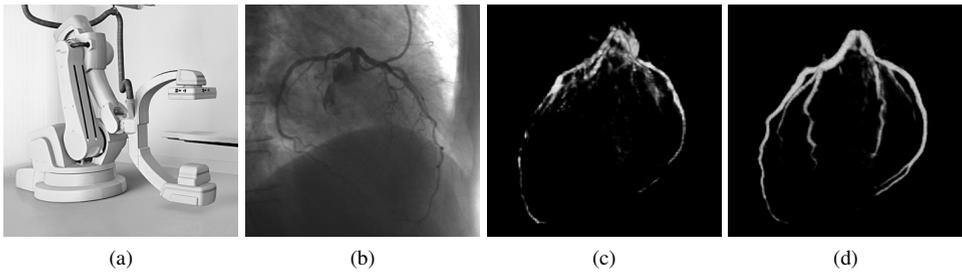


Abbildung 1: (a) Beispiel für ein modernes C-Bogensystem mit 3D Aufnahmemodus (Siemens AG, Healthcare Sector, Forchheim, Deutschland). (b) Projektionsbild einer mit Kontrastmittel gefüllten linken Koronararterie das mit einem C-Bogengerät aufgenommen wurde und als Eingabe für die 3D Rekonstruktionsalgorithmen dient. (c) Klassische Rekonstruktion unter der Annahme eines unbewegten Objekts. Durch die Herzbewegung können die Gefäßstrukturen nicht mehr oder nur erschwert erkannt werden. (d) Durch die Anwendung eines in dieser Arbeit entwickelten Algorithmus [RLB⁺10] können die Artefakte reduziert und eine hohe Bildqualität erreicht werden.

C-Bogensysteme, welche für die 2D-Röntgenbildgebung während einer Intervention genutzt werden, möglich. Durch die Rotation des C-Bogens (Abb. 1a) können mehrere hundert Projektionsbilder auf einer Teilkreisbahn aufgenommen werden (Abb. 1b). Mit Hilfe von Rekonstruktionsalgorithmen kann aus den Projektionsbildern ein 3D-Bild berechnet werden, dessen Niedrigkontrastauflösung sogar jener klassischer CT-Bilder nahekann. Die mathematischen Berechnungsvorschriften gehen allerdings von statischen Objekten, d.h. ortsfesten Strukturen, aus. Infolge der langen Aufnahmezeit von mehreren Sekunden sind bei der Herzbildgebung die zu untersuchenden Strukturen nicht mehr ortsfest. Daraus ergeben sich erhebliche Bildartefakte. Eine Herzbewegung von mehreren Zentimetern führt dazu, dass die Herzgefäße, deren Durchmesser wenige Millimeter beträgt, verwischt werden bzw. gänzlich verschwinden (Abb. 1c). Für die klinische Befundung sind solche Bilderergebnisse unbrauchbar. Eine verbesserte Bildgebung könnte für komplexe interventionelle Eingriffe wie z.B. das Ersetzen von Herzklappen, die Behandlung von Herzflimmern, die Implantation von Herzschrittmachern oder die Bestimmung der Blutversorgung, äußerst vorteilhaft sein [RRL⁺09]. Die Aufgabe dieser Doktorarbeit war es, Algorithmen zu entwickeln, die es ermöglichen trotz vorhandener Bewegung ein 3D-Bild zu berechnen, das den klinischen Ansprüchen hinsichtlich Bildqualität und Berechnungsgeschwindigkeit genügt.

1.2 Klinische Anforderungen und technische Herausforderungen

Die Entwicklung technischer Methoden zur Lösung klinischer Fragestellungen bedarf einer engen Zusammenarbeit mit den Ärzten, die die neuen Verfahren verwenden sollen. Im Rahmen dieser Forschungsarbeit wurde mit Kardiologen verschiedener Arbeitsgebiete

kooperiert. Aus den Diskussionen und den Erfahrungen, die in dieser Arbeit gesammelt wurden, ergaben sich drei grundlegende klinische Anforderungen.

Behandlung von irregulären und nicht-periodischen Bewegungen Patienten, die sich einer interventionellen Behandlung unterziehen müssen, haben in der Regel ein schweres Herzleiden und befinden sich im fortgeschrittenen Alter. Diese Umstände führen dazu, dass oft ungünstige Aufnahmebedingungen gegeben sind. In der Regel sollte die Datenaufnahme für die C-Bogen-CT bei angehaltenem Atem durchgeführt werden, und der Patient sollte einen ruhigen und regelmäßigen Herzschlag haben. Das Befolgen von Atemkommandos ist oft durch eine geringe Pumpleistung des Herzens oder durch eine eingeschränkte Kommunikation auf Grund von Sedierung und/oder von Hörschädigungen erschwert. Desweiteren führen elektrophysiologische Schädigungen des Herzens zu einem ungleichmäßigen Herzschlag. Rekonstruktionsalgorithmen sollten in der Lage sein, eine zuverlässige Bildqualität trotz dieser nichtidealen Aufnahmebedingungen, wie z.B. aperiodischer Herz- und Atembewegung, zu erzielen.

Begrenzte Benutzerinteraktion Während eines Eingriffs befindet sich der Arzt in einem sterilen Umfeld und die Elemente der Bedienkonsole des C-Bogens sind mit Tüchern bedeckt. Dadurch ist die Bedienung des C-Bogensystems durch den Arzt erheblich erschwert. Die Rekonstruktionsalgorithmen sollten demzufolge möglichst ohne oder mit eingeschränkter Benutzerinteraktion auskommen.

Schnelle Berechnungszeit Die Umstellungen des C-Bogengerätes vom 2D-Modus in den 3D-Aufnahmemodus und umgekehrt, sind durch den geringen Platz im Herzkatheterlabor mit einigem Aufwand verbunden und können eine Minute oder etwas mehr dauern. Daher sollte ein Rekonstruktionsalgorithmus ein Bildergebnis in etwa einer Minute berechnet haben. Für Studien mit einem ersten klinischen Prototypen ist jedoch auch eine Rekonstruktionszeit von 5 bis 10 Minuten akzeptabel. Längere Berechnungszeiten machen jedoch klinische Tests schwierig, da der zeitliche Abstand zur Intervention dann zu groß ist.

1.3 Stand der Technik

Die Rekonstruktion von Herzstrukturen mit Hilfe der C-Bogen CT ist ein aktuelles Forschungsthema an dem bereits mehrere Forschungsgruppen arbeiten bzw. gearbeitet haben. Im Folgenden werden die wichtigsten Vorarbeiten und deren Beschränkungen auf dem Forschungsgebiet vorgestellt.

EKG-Gating Das meistgenutzte Verfahren zur Vermeidung von Bewegungsartefakten besteht darin, mittels simultan aufgenommener EKG-Signale aus den aufgenommenen Projektionsbildern jene auszuwählen, welche einem nahezu identischen Bewegungszu-

stand zugeordnet werden können. Diese Teilmenge an Projektionsbildern einer ausgewählten Referenzherzphase wird hinsichtlich des Bewegungszustandes als konsistent betrachtet und das Auswahlverfahren wird als EKG-Gating bezeichnet. Anhand der EKG-Signale werden Gewichtungsfaktoren (Gating-Gewichte) berechnet, welche hohe Werte für Projektionsbilder der ausgewählten Referenzherzphase und welche verschwindende Werte für Projektionsbilder anderer Herzphasen annehmen. Unter der Annahme einer strikt periodischen Bewegung kann man durch EKG-Gating einen Bewegungszustand des Herzens quasi einfrieren. Die Rekonstruktion wird mittels konventioneller Rekonstruktionsalgorithmen für statische Objekte durchgeführt. In der Literatur zur Herzgefäßrekonstruktion wurde dieser Ansatz vielfach vorgeschlagen.

Der Vorteil von EKG-Gating-Verfahren ist ihre einfache Implementierung und kurze Rechenzeit. Die Berücksichtigung von nur einer Teilmenge von aufgenommenen Projektionsbildern ist aus mehreren Gründen ungünstig. Es wird Information verworfen und somit wird der Patient unnötigerweise Röntgenstrahlung ausgesetzt. Die phasenabhängige Datenauswahl führt zu einer dünn besetzten Winkelabtastung der Aufnahmetrajektorie. Die Unterabtastung führt dazu, dass keine Weichteilkontraste mehr im rekonstruierten Bild aufgelöst werden können. Zudem weist das Bild ein geringes Signal-Rausch-Verhältnis auf. Der gewichtigste klinische Nachteil ist die fehlende Behandlung nichtperiodischer Bewegungen. Alle nichtperiodischen Bewegungsanteile, wie beispielsweise die Atembewegung oder irreguläre Herzschlagkomponenten, bleiben unberücksichtigt und führen zu erheblichen Bildqualitätsverlusten (Abb. 2).

Bewegungsschätzung und bewegungskompensierte Bildrekonstruktion Ein verbesserte Rekonstruktion bewegter Herzstrukturen gelingt mit bewegungskompensierenden Rekonstruktionsverfahren. Diese Verfahren berücksichtigen während der Aufnahmezeit die Herzbewegung mittels eines Bewegungsmodells. Mit diesem Ansatz können Algorithmen formuliert werden, welche eine deutlich verbesserte Bildqualität ergeben. Die erreichbare Bildqualität hängt dann maßgeblich von Art und Güte der Schätzung der unbekannteren Objektbewegung ab. Diese Bewegungsschätzung ist Aufgabe eines separaten Forschungsgebietes.

Die Bewegung wird parametrisch beschrieben, so dass die Bewegung der betrachteten Strukturen erfasst werden kann. Diese Erfassung, welche als Bewegungsmodell bezeichnet wird, erfolgt durch eine Funktion $M : \mathbb{N} \times \mathbb{R}^3 \times \mathbb{R}^K \mapsto \mathbb{R}^3$. Sie transformiert ein Voxel der bewegten Struktur aus dem virtuellen, d.h. gedachten Ruheort \mathbf{x} an den realen, d.h. beobachteten Ort \mathbf{x}' . Es ist $\mathbf{x}' = M(i, \mathbf{x}, \mathbf{s})$. Hierbei kennzeichnet i das 2D-Röntgenbild aus der i -ten Blickrichtung (i -tes Projektionsbild) und der K -dimensionale Vektor \mathbf{s} beinhaltet die Bewegungsparameter. Sie stellen das Bewegungsmodell dar. In der Literatur wurde eine Vielzahl von Bewegungsmodellen diskutiert. Zumeist wurde Vorwissen aus einer oder aus mehreren phasenkorrelierten EKG-Gating-Rekonstruktionen verwendet. Die Bewegungsmodellparameter wurden durch eine 3D-3D-Registrierung der Phasenbilder oder durch eine 2D-3D-Registrierung der gemessenen Projektionsbilder mit einem rekonstruierten 3D-Bild bestimmt. In diesen Verfahren hängt die Güte der Bewegungsschätzung von der Bildqualität der EKG-Gating-Rekonstruktion ab. Die Insensitivität der Gating-Rekonstruktion auf nichtperiodische Herzbewegungen erweist sich hierbei als nachteilig.

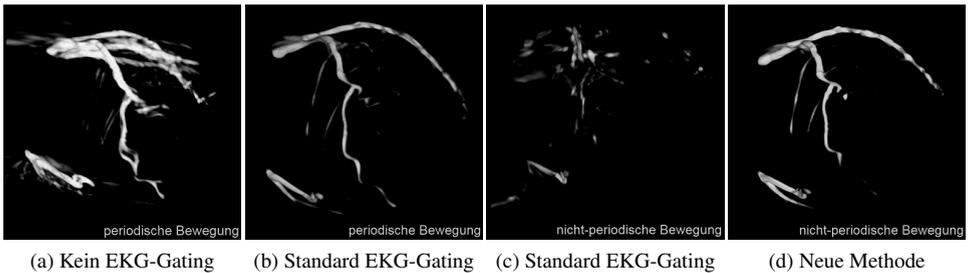


Abbildung 2: Beispiel für den Einfluss von nicht-periodischer Bewegung auf eine Rekonstruktion mit EKG-Gating. Ein simulierter Datensatz der CAVAREV-Plattform [RLKH10] wurde mit periodischer Bewegung ohne (a) und mit EKG-Gating (b) rekonstruiert. Durch das EKG-Gating kann der Bewegungszustand eingefroren und ein gutes Bildergebnis erzielt werden. Für den selben Datensatz bei nicht-periodischer Bewegung (c) schlägt diese Strategie fehl. Im Vergleich dazu kann der in dieser Arbeit entwickelte Algorithmus für nicht-periodisches EKG-Gating (d) ein Ergebnis vergleichbar mit der Qualität bei periodischer Bewegung erzielen.

2 Beiträge zum Fortschritt der Forschung

Die in der Literatur diskutierten Algorithmen zur Rekonstruktion bewegter Herzstrukturen erfüllen nicht die in Abschnitt 1.2 dargelegten Anforderungen. Die Aufgabe dieser Arbeit bestand darin, Rekonstruktionsmethoden zu entwickeln, welche den Anforderungen im klinischen Umfeld genügen. In diesem Abschnitt wird ein Überblick über die wichtigsten Ergebnisse dieser Dissertation gegeben.

2.1 EKG-Gating bei nicht-periodischen Bewegungsmustern

In Abschnitt 1.3 wurde ausführlich die Methode des EKG-Gatings diskutiert. Sie bildet auf unterschiedliche Weise die Grundlage aller existierenden Algorithmen zur Bewegungsschätzung und Bewegungskompensation. So auch in dieser Dissertation. Im Rahmen der vorliegenden Arbeit wurde unter anderem ein Hauptkritikpunkt des EKG-Gating aufgegriffen und ein Lösungsvorschlag dazu erarbeitet.

Eine Aufgabe dieser Arbeit bestand darin, ein algorithmisches Verfahren zu entwickeln, das es erlaubt, EKG-Gating selbst bei nicht-periodischen Bewegungsmustern zu verwenden. Zudem sollte dieser Algorithmus robust, zuverlässig und schnell, d.h. klinisch einsetzbar, sein. Abbildung 2 zeigt in einem Beispiel aus einer Phantomstudie den desaströsen Einfluss aperiodischer Bewegungen. In der Regel wird in jeder Art von Herzbewegung ein gewisser Grad von Periodizität vorhanden sein. Durch EKG-Gating bleiben jedoch nicht-periodische Anteile, wie z.B. Atembewegung, erhalten. Folglich ist in dieser Arbeit vorgeschlagen worden, diese übrigen Bewegungsanteile zu schätzen und die Bildrekon-

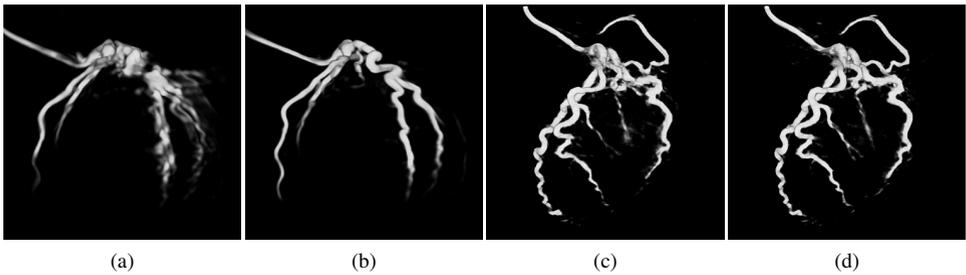


Abbildung 3: Beispiele für die 3D Rekonstruktion aus allen Projektionsdaten mit Bewegungsschätzung und Kompensation (vgl. Abschnitt 2.2) für verschiedene Methoden der Referenzbilderstellung f_r . Im linken Datensatz ist ein starker Anteil von nicht-periodischer Bewegung vorhanden, der zu einer starken Verwischung der Gefäße im Fall eines Referenzbildes unter Zuhilfenahme von Standard EKG-Gating führt (a). Bei einem anderen Datensatz (c) ist dieser Effekt nicht bemerkbar da er offenbar keine signifikanten nicht-periodischen Bewegungsanteile enthält. Durch die Verwendung des nicht-periodischen EKG-Gatings kann die Bildqualität in beiden Fällen (b) und (d) zum Teil erheblich verbessert werden.

struktions bewegungskompensiert durchzuführen. In der Literatur wurde bereits gezeigt, dass nicht-periodische Bewegungsanteile (z.B. die Atmung) durch einfache Bewegungsmodelle, beispielsweise durch die Klasse der affinen Bewegungen, beschrieben werden können.

Anhand des EKG-Signals werden gleichmäßig verteilte zeitliche Kontrollpunkte gesetzt. Jedem Zeitpunkt werden zwölf Parameter zugeordnet, welche eine globale affine Transformation des zu betrachtenden Volumenbildes erlauben. Diese Parameter beschreiben bekanntermaßen Rotation, Skalierung, Translation und Scherung. Mit diesen affinen Transformationsparametern kann also der Bewegungszustand des Volumenbildes zu einem Zeitpunkt errechnet werden. Die Bewegung zu einem beliebigen Zeitpunkt wird dann über eine kubische B-Spline-Interpolation zwischen den affinen Parametern zu gegebenen Zeitpunkten berechnet. Die Gesamtzahl K der Parameter ist 12 mal die Anzahl der Zeitpunkte.

Für die optimale Parameterwahl erwies es sich als entscheidend, die Bildqualität des Rekonstruktionsergebnisses zu bewerten. Eine solche Bildbewertung erfolgt in iterativen Algorithmen, welche jedoch die Nachteile langer Rechenzeiten und erhöhter Komplexität haben. Um diese gravierenden Nachteile zu vermeiden, wird in dieser Dissertation vorgeschlagen, die Bildrekonstruktion mit schnellen analytischen Algorithmen durchzuführen und die anschließende Bildbewertung aus iterativen Algorithmen zu übernehmen. Zur Bestimmung der Bildqualität wird das rekonstruierte Volumenbild aus sämtlichen Aufnahmepositionen reprojiziert. Die somit erhaltenen künstlichen Projektionsbilder werden mit den gemessenen Projektionsbildern verglichen. Beste Übereinstimmung der beiden Projektionsbildserien wird bei der optimalen Parameterwahl erhalten.

Zur Berechnung der Rekonstruktion f und der Reprojektion r werden bewegungskom-

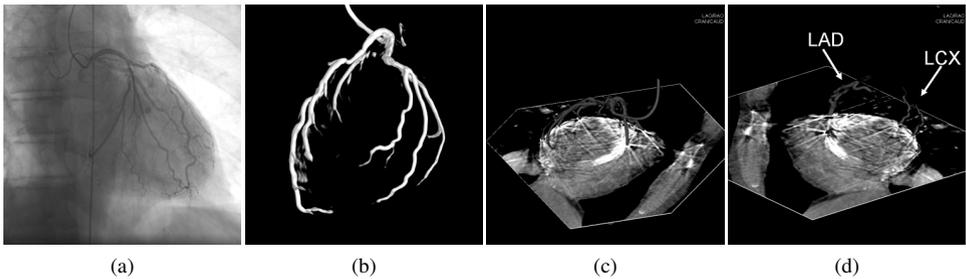


Abbildung 4: Beispiele für die Darstellung von Weichteilkontrasten mit den entwickelten Algorithmen am Beispiel der Myokardperfusion. Aus den gemessenen Projektionsdaten (a) wird ein bewegungskompensiertes 3D Bild aus allen Projektionsdaten berechnet. Das 3D Bild kann als Volume Rendering (b) oder als Schichtbild dargestellt werden. Durch eine geeignete Visualisierung des 3D Volume Rendering und eines Schichtbildes kann ein Zusammenhang von Gewebeversorgung und Gefäßabschnitt hergestellt werden (c), (d).

penalisierte Komponenten verwendet. Die Lösung des Optimierungsproblems ist durch die hohe Anzahl der Parameter relativ komplex. Im Rahmen der Arbeit konnte gezeigt werden, dass es mit Hilfe eines stochastischen Koordinatenabstiegs möglich ist, nicht-periodische Herzbewegungen zu schätzen. In Abhängigkeit vom Grad der Nichtperiodizität kann die Berechnungszeit zwischen 1 bis 10 Minuten variieren. Ein Beispielresultat aus einer Phantomstudie ist in Abb. 2 gezeigt. Die Ergebnisse aus diesem Abschnitt wurden auf internationalen Fachkonferenzen vorgestellt, z.B. [RLBH10].

2.2 Bewegungsschätzung und Rekonstruktion bei nicht-periodischen Bewegungen

Ein bestehender Nachteil des EKG-Gatings ist die Tatsache, dass wegen der herzphasenbezogenen Auswahl von Projektionsbildern, Projektionsbilder ausgelassen werden. Dies bedeutet eine geringe Winkelabtastrung längs der Aufnahmetrajektorie. In den rekonstruierten Bildern zeigt sich dies als unzureichende Weichteilauflösung. Eine verbesserte Weichteilauflösung wird erzielt, wenn sämtliche aufgenommenen Projektionsbilder zur Bildrekonstruktion verwendet werden. Mit Hilfe von Algorithmen zur Bewegungsschätzung und von bewegungskompensierender Rekonstruktion, sollte eine hohe Bildqualität erzielt werden können. Existierende Algorithmen nehmen jedoch Periodizität an und haben sehr lange Berechnungszeiten.

Die Hauptaufgabe dieser Dissertation bestand darin, einen neuen Algorithmus zu entwickeln, der sämtliche Projektionsdaten verwendet, keine Periodizität annimmt und kurze Rechenzeiten hat. Die EKG-Gating-Rekonstruktion ermöglicht es, die wesentlichen morphologischen Strukturen zu berechnen. Nach Segmentierung der hochkontrastigen Objekte in einem solchermaßen berechneten Volumenbild erhält man ein dünn besetztes Volumen. Es dient als Referenzbild und sei mit f_r bezeichnet. Das Referenzbild wird nun genutzt,

um eine neuartige Zielfunktion zu definieren. Sie soll dazu dienen, ein Bewegungsmodell zu berechnen, so dass die Intensität der Strukturen des Referenzbildes durch die bewegungskompensierte Rekonstruktion maximiert wird. Dieses Vorgehen erklärt sich wie folgt: durch die Bewegung werden Strukturen verwischt und ihr Intensitätswert nimmt ab. Wird die Bewegung richtig geschätzt, sollte der Intensitätswert ansteigen. Formal lässt sich dieser Sachverhalt als Optimierungsproblem mit einem Korrelationsmaß als Zielfunktion formulieren.

$$\hat{s} = \arg \max_{s \in \mathbb{R}^K} \sum_{x \in \mathcal{V}} f_r(x) \cdot f(x, s), \quad (1)$$

Hierbei ist f das rekonstruierte Volumen aus einer bewegungskompensierten Rekonstruktion. Das Volumen hängt natürlich von den Bewegungsparametern s ab. Die vorgeschlagene Formulierung des Optimierungsproblems hat mehrere Vorteile. Zunächst lässt sich erkennen, dass die relevante Menge der Bildvoxel des Volumens \mathcal{V} , die einen Beitrag zur Zielfunktion leisten, auf Werte $f_r(x) > 0$ beschränkt ist. Das Referenzbild ist dünnbesetzt. Im Falle von Koronararterien beträgt die Anzahl der nichtverschwindenden Werte weniger als 1% der Voxelanzahl. Des Weiteren kann eine analytische Ableitung $\frac{\partial f(x, s)}{\partial s}$ des rekonstruierten Volumens f nach den Bewegungsmodellparametern berechnet werden. Es kann zudem gezeigt werden, dass es sich bei Gl. (1) um ein konvexes Optimierungsproblem handelt, für das zuverlässige und schnelle Optimierungsverfahren existieren. Das der Optimierung zugrundegelegte Bewegungsmodell ist ein raumzeitliches Modell, in dem sich die Ortsverschiebungen zu jedem Zeitpunkt aus einem 4D-Tensorprodukt quadratischer B-Splines errechnen. Im Rahmen der Arbeit konnte gezeigt werden, dass ein Bewegungsfeld mit $K \approx 20\,000$ Parametern ausreicht, um eine nicht-periodische Herzbewegung zu erfassen und ein Volumenbild mit hoher Bildqualität zu rekonstruieren. Der Algorithmus wurde für die Ausführung auf der Grafikkarte vollständig in CUDA implementiert. Er benötigt je nach Bewegungsstärke eine Rechenzeit von 4 bis 10 Minuten. Zwei repräsentative klinische Beispiele zeigen die hohe Bildqualität, die mit dem entwickelten Verfahren erzielt werden kann (Abb. 3). Die Entwicklung, Auswertung und Implementierung des Verfahrens wurden in Zeitschriftenartikeln, z.B. [RLB⁺10] und auf internationalen Fachkonferenzen, z.B. [RLPH09] vorgestellt.

2.3 Offene Plattformen und Benchmarks: CAVAREV und RabbitCT

Es ist ein Anliegen unserer Arbeitsgruppe, Forschungsarbeiten und -resultate in nachvollziehbarer Form zu veröffentlichen. Demzufolge war es im Rahmen dieser Doktorarbeit selbstverständlich, veröffentlichte Datensätze und bekannte Auswerteverfahren zu verwenden. Im jungen Forschungsgebiet der C-Bogen-CT waren zu Beginn der Arbeit solche Quellen nicht verfügbar. Sie wurden im Rahmen dieser Dissertation entwickelt und bereitgestellt. RabbitCT [RKHH09] ist die erste öffentliche und frei verfügbare Online-Plattform (www.rabbitct.com) zur objektiven Auswertung der Berechnungsgeschwindigkeit von C-Bogen-CT-Rekonstruktionsalgorithmen. Die CAVAREV Plattform (www.cavarev.com) [RLKH10] wurde mit dem Ziel entwickelt, eine realistische Bewertung der Rekonstruktionsqualität von Herzstrukturen in der C-Bogen-CT zu gewinnen.



(a) Koronars. Angiographie (b) Koronarsinus 3D Bild (c) 2D / 3D Überlagerung

Abbildung 5: Beispiel für die Integration des klinischen Prototypen in den Arbeitsablauf einer Herzschrittmacherimplantation. Zuerst wird ein Projektionsdatensatz aufgenommen (a). Er wird genutzt um ein bewegungskompensiertes 3D Bild (b) zu berechnen. Während des operativen Eingriffs wird das 3D Bild mit den 2D Bilddaten überlagert (c).

3 Klinischer Prototyp und Fallbeispiele

Die entwickelten Verfahren wurden in Zusammenarbeit mit der Innovationsabteilung des Geschäftsgebietes AX der Siemens AG, Healthcare Sector, Forchheim, in einem klinischen Prototyp vereint. Die bisher gezeigten Beispiele haben sich auf die Darstellung der Koronararterien konzentriert. Dies ist bei weitem nicht das einzige Einsatzgebiet. Zum Abschluss dieser Arbeit, werden zwei weitere klinische Anwendungen aufgezeigt.

Darstellung von Myokardperfusion und Anatomie Die funktionelle Analyse von Myokardgewebe ist ein wesentlicher Bestandteil der Diagnostik von Patienten mit koronarer Herzerkrankung. In neuesten Studien wurde gezeigt, dass auch C-Bogen-CT-Bilder für die Analyse herangezogen werden können. Durch Kontrastmittelgabe während des Rotationslaufs zeigen hypoperfundierte Myokardbereiche im 3-D Bild eine verringerte Signalanreicherung. Wie wir zeigen konnten, ermöglichen die entwickelten Methoden die gleichzeitige Darstellung der Myokardperfusion und der Morphologie des Gefäßbaumes (Beispiel in Abb. 4). Das Verfahren erlaubt die direkte Zuordnung der unterversorgten Gebiete des Herzgewebes zu den betreffenden zuführenden Herzgefäßen.

Navigation während einer Schrittmacherimplantation Elektrophysiologische Störungen können die Pumpleistung des Herzens stark einschränken. Ein Beispiel ist die nicht-synchrone Kontraktion der Herzventrikel. Durch die Implantation eines speziellen Herzschrittmachersystems können diese Probleme reduziert werden. Der Zugang einer der Elektroden geschieht im venösen Koronarbaumsystem (Koronarsinus). Das Auffinden einer geeigneten Zielvene ist oft schwierig und zeitaufwändig. Zur Navigation des Eingriffs wird häufig Kontrastmittel gespritzt, um die Gefäßanatomie darzustellen. In mehreren Studien, z.B. [GNR⁺11] konnten wir zeigen, dass mit Hilfe des entwickelten Prototyps auch das venöse Gefäßsystem dargestellt werden kann (Beispiel in Abb. 5). Durch die Analyse der Gefäßanatomie kann Kontrastmittel gespart und können bessere C-Bogen-Positionen für die Arbeit am Patienten gewählt werden.

Literatur

- [GNR⁺11] Klaus-Jürgen Gutleben, Georg Nölker, Guido Ritscher, Harald Rittger, Christopher Rohkohl, Günter Lauritsch, Johannes Brachmann und Anil Martin Sinha. Three-dimensional coronary sinus reconstruction-guided left ventricular lead implantation based on intraprocedural rotational angiography: a novel imaging modality in cardiac resynchronization device implantation. *Europace*, 13(5):675–682, 2011.
- [RKHH09] Christopher Rohkohl, Benjamin Keck, Hannes Hofmann und Joachim Hornegger. RabbitCT - an open platform for benchmarking 3D cone-beam reconstruction algorithms. *Medical Physics*, 36(9):3940–3944, 2009.
- [RLB⁺10] Christopher Rohkohl, Günter Lauritsch, Lisa Biller, Marcus Prümmer, Jan Boese und Joachim Hornegger. Interventional 4D motion estimation and reconstruction of cardiac vasculature without motion periodicity assumption. *Medical Image Analysis*, 14(5):687–694, 2010.
- [RLBH10] Christopher Rohkohl, Günter Lauritsch, Lisa Biller und Joachim Hornegger. ECG-Gated Interventional Cardiac Reconstruction for Non-Periodic Motion. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2010*, Jgg. 6361 of *Lecture Notes in Computer Science*, Seiten 151–158, Beijing, China, September 2010. Springer.
- [RLKH10] Christopher Rohkohl, Günter Lauritsch, Andreas Keil und Joachim Hornegger. CAVAREV - an open platform for evaluating 3D and 4D cardiac vasculature reconstruction. *Physics in Medicine and Biology*, 55(10):2905–2915, 2010.
- [RLPH09] Christopher Rohkohl, Günter Lauritsch, Marcus Prümmer und Joachim Hornegger. Interventional 4-D Motion Estimation and Reconstruction of Cardiac Vasculature without Motion Periodicity Assumption. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2009*, Jgg. 5761 of *Lecture Notes in Computer Science*, Seiten 132–139, London, UK, September 2009. Springer.
- [RRL⁺09] Johannes Rieber, Christopher Rohkohl, Günter Lauritsch, Harald Rittger und Oliver Meissner. Application of C-arm computed tomography in cardiology (Kardiale Anwendung der C-Arm-Computertomographie). *Der Radiologe*, 49(9):862–867, September 2009.



Christopher Rohkohl hat sein Grundstudium der Informatik an der Universität Magdeburg (2006) abgeschlossen. Das Hauptstudium zum Diplom-Informatiker mit den Schwerpunkten Mustererkennung und medizinischer Bildverarbeitung schloss er (2008) an der Universität Erlangen-Nürnberg ab. Anschließend bekam er ein Stipendium für eine Doktorandenstelle bei Prof. Dr.-Ing. Joachim Hornegger am Lehrstuhl für Mustererkennung der Universität Erlangen-Nürnberg. Dort bearbeitete er in den folgenden zwei Jahren ein Forschungsprojekt zur bewegungskompensierten 3D-

Rekonstruktion von Herzgefäßen in Zusammenarbeit mit der Siemens AG, Healthcare Sector, das mit der Promotion zum Doktor-Ingenieur (2010) abgeschlossen wurde. Momentan ist er als freier Mitarbeiter für den Lehrstuhl für Mustererkennung und die Siemens AG, Healthcare Sector, tätig.

Unraveling the Structure and Assessing the Quality of Protein Interaction Networks with Power Graph Analysis

Loïc Alain Royer

Biotec, TU Dresden
royerloic@gmail.com

Abstrakt: In der Molekularbiologie hat eine Ära der systematischen und automatisierten Experimente eingesetzt. Molekularbiologen hoffen, durch das Studium dieser Netzwerke die komplexen molekularen Maschinen des Lebens besser verstehen zu können. Meine Dissertation adressiert drei offene Probleme bezüglich der Analyse und Qualitätsbewertung solcher Netzwerke.

Als Erstes stellen wir die Powergraph-Analyse vor – ein neuartiger Ansatz zur Repräsentation und Visualisierung biologischer Netzwerke. Darüber hinaus bewerten wir die Performance des Powergraph -Algorithmus auf Benchmarkdaten, testen die Robustheit des Algorithmus auf Rauschen und bestimmen empirisch die Zeitkomplexität von $O(e^{1.71})$ – sub-quadratisch in der Anzahl der Kanten e .

Zweitens adressieren wir das schwierige und kontrovers diskutierte Problem der Datenqualität in Proteininteraktions-Netzwerken. Wir schlagen Netzwerk-Kompressibilität als ein neues Maß für Richtigkeit und Vollständigkeit von genom-weiten Proteininteraktions-Netzwerken vor.

Drittens wenden wir die Powergraph-Analyse auf Netzwerke an, die von Text-Mining- und Geneexpressions-Mikro-Array-Daten abgeleitet sind.

1 Motivation

Über die letzten Jahre hinweg verlagerte sich der Schwerpunkt in der Molekularbiologie immer mehr weg von kleinen Experimenten für spezifische Gene und Proteine hinzu Screeningverfahren für ganze Genome und Proteom. Die Hoffnung besteht dabei darin, dass es möglich sein wird die komplexen Zusammenhänge auf molekularer Ebene durch solche systematischen Experimente zu verstehen. Von sich selbst zusammenfügenden, modularen Molekülkomplexen, welche strukturelle und katalytische Prozesse anstoßen bis hin zu den Signalübertragungswegen für Informationen in der Zelle, besteht die Herausforderung darin, die Eigenschaften und Funktionen ausgehend vom Ganzen bis hin zu dessen kleinere Bestandteilen zu verstehen. Wie formen interagierende Proteine neue Molekülkomplexe? Wie werden die externen und internen Reize aufgenommen, verarbeitet, und wie wirken sie auf die Zelle? Die Repräsentation von Systemen als Netzwerke von interagierenden Einheiten ist der Inbegriff des Übergänge vom Reduktionismus zum Holismus, und ein zentraler Bestandteil der Systembiologie [Gat10]. Auf dem Weg zum

besseren Verständnis der zelluläre Maschinerie ist ein erster wichtiger Schritt die Struktur komplexer Protein-Protein Interaktionsnetzwerke zu entschlüsseln, um deren Qualität bewerten zu können. In dieser Arbeit werden drei offene Probleme in der Analyse und Bewertung derartiger Netzwerke und deren Anwendung auf regulatorische Signalwege behandelt. Als Erstes steht das Finden von Module in komplexen Netzwerken im Vordergrund. Als Zweites wird die Fragestellung der Qualität und Vollständigkeit von Proteininteraktionsnetzwerken angegangen. Als Drittes galt es wichtige Schlüsselregulatoren als Reaktion auf externe Reize zu finden, die Anwendung in der Stammzellenforschung, Krankheits- und Materialverträglichkeitsprüfung haben können.

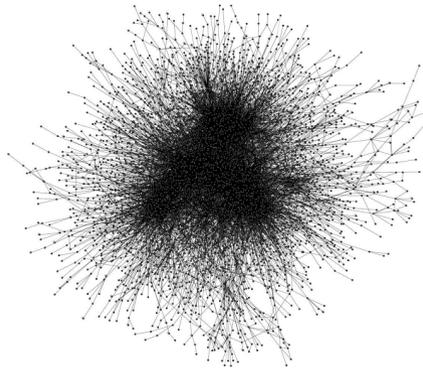
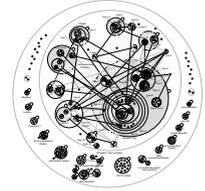


Fig. 1 **Wie interpretiert man komplexe Netzwerke?** Humanes Proteininteraktionsnetzwerk basierend auf Experimentaldaten von [RVH⁺05] und [SWL⁺05].

2 Entwirrung von Proteinnetzwerken mittels Powergraph-Analyse

Motivation: Netzwerke spielen in der Biologie eine wesentliche Rolle und werden häufig eingesetzt, um experimentelle Ergebnisse zu präsentieren. Jedoch bleibt die Analyse und Darstellung von Netzwerken ein offenes Problem. Aktuelle Fortschritte in der experimentellen und computergestützten Biologie führen zum Entstehen von immer größeren und komplexeren Netzwerken. So werden zum Beispiel Interaktionsnetzwerke im großen und im kleinen Maßstab, regulatorische Netzwerke, genetische Netzwerke, Protein-Liganden Interaktionsnetzwerke sowie Homologie-Netzwerke regelmässig analysiert und veröffentlicht. In der Regel erfolgt die Analyse von Netzwerken per Visualisierung, doch liefert diese oftmals nur unübersichtliche “Haarknäuel” (Fig. 1). Andererseits können durch verschiedene Clusteringmethoden die durch die zahlreichen Knoten und Kanten entstandenen Probleme mit Hilfe von Grobrasterung der Netzwerke umgangen und somit Details abstrahiert werden. Ein grundlegendes Problem besteht hierbei darin, ein Gleichgewicht zwischen der Abstraktion und der Detailfülle zu finden.

Offene Fragen *Wie lassen sich biologisch relevante Module in Proteinnetzwerken identifizieren. Wie überführt man speziell die subtilen Verbindungsmuster innerhalb und zwischen Proteinmodulen ohne Informationsverlust?*



Powergraph-Analyse Powergraph-Analyse ist ein neuartiger Ansatz zur Netzwerkanalyse, in dem in einzigartiger Art und Weise Ideen der Visualisierung, des Datenclustering, der Netzwerkmotivanalyse sowie der Informationskomprimierung verbunden werden. Es wird an verschiedenen Beispielen gezeigt, wie Powergraph-Analyse die zugrundeliegende Biologie in Proteininteraktions-, regulatorischen sowie Homologie-Netzwerken verdeutlicht [RRAS08].

Die Abbildung 1 zeigt, dass die Darstellung eines Netzwerkes von Proteininteraktionen als Graph zu einem Haarnäuel führt, weil herkömmliche Darstellungen von Graphen jede Kante anzeigen. Dadurch können nur begrenzte Erkenntnisse über die zugrunde liegende Architektur und Organisation des Netzwerkes gesammelt werden. Welche wiederkehrenden Motive und Muster können helfen Proteininteraktionsnetzwerke und andere komplexe biologische Netzwerke zu verstehen? Wie werden die zugrunde liegenden biologischen Prozesse in einem Netzwerk abgebildet? Abbildung 2 enthält drei charakteristische und aus der wissenschaftlichen Literatur bekannte Motive: die Clique, die Biclique und den Stern. Diese Motive sind die Grundlage für die Transformation eines Graphen in einen Powergraph. Powergraphen gruppieren Knoten und deren Kanten in Cluster unter Verwendung von Cliques, Bicliques und Sternen.

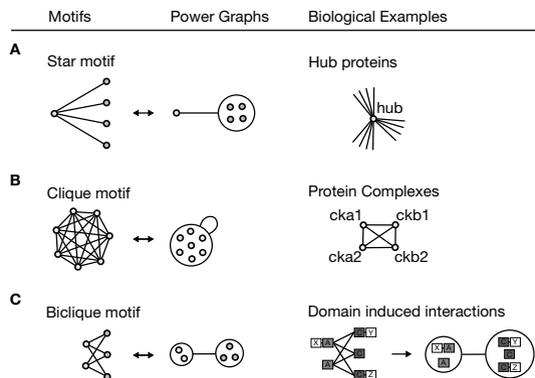


Fig. 2 Die drei grundlegenden Motive in Proteininteraktionsnetzwerken: Stern, Biclique und Clique. Powerknoten repräsentieren eine Menge von Knoten und Powerkanten verknüpfen Powerknoten. Eine Powerkante zwischen zwei Powerknoten bedeutet, dass alle Knoten aus den beiden Mengen miteinander über Kanten miteinander verknüpft sind. (A) Sternmotive entstehen häufig durch Hubproteine oder wenn durch Affinitäts-Purifikation gemessene Proteinkomplexe unter Verwendung des Spoke-Modells interpretiert werden [LLO⁺06]. (B) Der Kern von Molekülkomplexen und Proteininteraktionen ist oft als Clique organisiert [BZC⁺03]. (C) Bicliques entstehen auf Grund von Domain-Domain- oder Domain-Motiv-Interaktionen, zum Beispiel im Fall von Proteininteraktionen [MBHG06].

Beitrag zum Graphen-Clustering. Auf der einen Seite sucht traditionelles Clustering nach dicht verbundenen Regionen in einem Netzwerk, um diese vereinfacht als Gruppen darzustellen. Auf der anderen Seite stellen Netzwerkvisualisierungen alle Verbindungen in einem Netzwerk dar, wodurch allerdings keine Netzwerkstruktur zu sehen ist. Powergraph-Analyse ermöglicht beides. Powergraphen liefern eine Darstellung, die die vollständige Verbindungsinformation enthält und gleichzeitig die Struktur des Netzwerks als Gruppen von Knoten (Powerknoten) und Kanten (Powerkanten) zeigt. Ferner sind nur vier andere Clustering-Algorithmen – Modular Decomposition, Bi-Clustering, MULIC, and Link Clustering – dazu in der Lage, Knotencluster anhand ähnlicher Nachbarschaft zu identifizieren. Und nur zwei dieser Algorithmen können auch Kantencluster erkennen und darstellen – Bi-Clustering and Link Clustering.

Eine Betrachtung der Rechenzeit zeigt, dass der Power-Graph-Algorithmus eine konkurrenzfähige Komplexität von $O(e^{1.71})$ in der Anzahl e der Kanten im Netzwerk hat. Damit ist der Algorithmus skalierbarer als Link Clustering und MULIC, welche eine Komplexität von $O(n^2)$ besitzen, wo bei n die Anzahl der Knoten im Netzwerk angibt, oder sogar $O(e^3)$, wenn man die Anzahl e der Kanten als Grundlage nimmt [AAW06, ABL10]. Diese geringere Komplexität kann den für den Algorithmus optimierten *spärlich* besetzten Datenstrukturen zugerechnet werden.

Beitrag zur Netzwerkvisualisierung. Die Powergraph-Analyse ist auch der erste Clustering-Algorithmus, der die graphenähnliche Visualisierung von sowohl Knoten-, als auch Kantenclustern erlaubt. Während die Darstellung von Graphen als Adjazenzmatrix ebenfalls die Erkennung von Knoten- und Kantengruppen erlaubt, stellen nur Powergraphen dies in der Form von Graphen dar. Bei der Visualisierung kann die Powergraphen den verheerenden “Haarknäuel”-Effekt drastisch verringern. Dies wird durch die verlustfreie Transformation von Knoten- und Kantengruppen in Powerknoten und Powerkanten ermöglicht.

Verfügbarkeit. Der Power-Graph-Algorithmus ist öffentlich verfügbar. Der Algorithmus und eine speziell maßgeschneiderte Visualisierungsumgebung wurden von Matthias Reimann implementiert und stehen als Plugin für Cytoscape zur Verfügung [SMO⁺03].

Zusammenfassung der Schlüsselbeiträge:

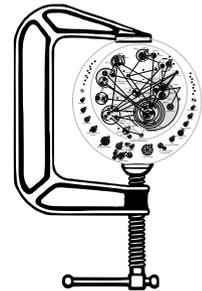
- Graphen-Clustering-Algorithmus, der in der Lage ist, sowohl dicht verbundene, als auch nachbarschaftsähnliche Regionen zu identifizieren.
- Gruppen von Knoten, aber auch Gruppen von Kanten werden identifiziert.
- Die vollständige Verbindungsinformation bleibt erhalten.
- Cliques und Bi-Cliques – welche in biologischen Netzwerken häufig und wichtig sind – werden explizit dargestellt.
- Powergraphen sind eine verlustfreie, intuitive und graphenähnliche Darstellung, die das Kantenwirrwarr um bis zu 95% reduzieren kann.
- Schneller Algorithmus mit Komplexität $O(e^{1.71})$ für Netzwerke mit e Kanten.

3 Komprimierbarkeit als ein neues systemisches Maß für die Vollständigkeit und Qualität von Proteininteraktionsnetzwerken

Motivation In den letzten zehn Jahren haben sich zwei experimentelle Methoden – Affinitätschromatographie kombiniert mit Massenspektrometrie (AP/MS) und das Hefe-Zwei-Hybrid-System (englisch: Yeast Two-Hybrid System, Y2H) – als Methoden zur Kartierung von Proteininteraktionen eines ganzen Genoms etabliert. Andere Methoden zur Rekonstruktion von Proteininteraktionsnetzwerken reichen von computergestützten und strukturbasierten Methoden bis zu manueller Analyse und automatischen Text Mining großer Literatur Korpora. Es sind beachtliche Probleme hinsichtlich der Beurteilung der Qualität dieser Netzwerke aufgetreten. Die Art und Weise wie diese beurteilt wird ist widersprüchlich. Der Vergleich der ersten zwei Y2H Netzwerke (welche ein gesamtes Genom umfassten) von [UGC⁺00] und [ICO⁺01] zeigte, dass weniger als 20% der Interaktionen übereinstimmten. Dieser Wert liegt nur leicht über der Übereinstimmung, welche von zwei zufälligen Netzwerken erwartet werden kann. Das zeigt, welche ernsthaften Probleme die Beurteilung der Qualität solcher Daten birgt. Trotz vieler Bestrebungen ist der Raum der Proteininteraktionen für die meisten Spezies nur teilweise erkundet und verlässliche Goldstandards können nur schwer definiert werden [YBY⁺08]. Demzufolge ist das Problem der Beurteilung der Qualität und Vollständigkeit der Daten in Proteininteraktionsnetzwerken weitgehend ungelöst.

Offene Fragen *Wie kann man die Qualität von Proteininteraktionsnetzwerken computergestützt bewerten?*

Netzwerkkomprimierbarkeit als ein neues Qualitätsmaß. Wir führen im Folgenden die Netzwerkkomprimierbarkeit als ein neues Maß für die Beurteilung der Qualität von Proteininteraktionsnetzwerken ein. Dabei setzen wir eine vierstufige Validierung ein: *i*) Wir beurteilen den Einfluss von falsch positiven und falsch negativen Interaktionen auf die Komprimierbarkeit, *ii*) zeigen, dass Goldstandard Netzwerke hoch komprimierbar sind, *iii*) dass die für Proteininteraktionsnetzwerke experimentell ermittelten Schwellwerte konsistent mit hoher Netzwerkkomprimierbarkeit sind, und *iv*) dass eine Korrelation mit Koexpression, Kolo-kalisation und funktionellen Gemeinsamkeiten existiert. Darüber hinaus zeigen wir, dass die Proteininteraktionsnetzwerke bester Qualität eine Komprimierbarkeit aufweisen, die der von Netzwerken gut untersuchter komplexer Systeme ähnelt. Die höchste Kompression wird bei den Proteininteraktionsnetzwerken erreicht, die mit den momentan besten Verfahren (Y2H und AP/MS) erzeugt wurden. Insgesamt begründen diese Ergebnisse die Korrelation von Komprimierbarkeit und der Qualität von Netzwerken. Im Moment ist dies die umfassendste Untersuchung von Netzwerkqualität und Komprimierbarkeit. Diese deckt 21 Interaktome (13 Y2H, 7 AP/MS, 1 PCA) sowie Literatur-, strukturbasierte und konsolidierte Datensätze ab. Es ist hervorzuheben, dass dieses Qualitätsmaß für Proteininteraktionsnetzwerke das erste ist, welches ausschließlich auf Netzwerkdaten basiert, also keinerlei biologische Zusatzinformationen benötigt.



Relative Komprimierbarkeit der genomweiten Interaktome. Verglichen mit allen untersuchten Netzwerken zeigen Y2H-Netzwerke eine signifikant kleinere Komprimierbarkeit. In dieser Arbeit wurden für *alle* 21 genomweiten Interaktome (13 Y2H, 7 AP/MS, 1 PCA), 5 komplette Datenbanken (BioGRID, IntAct, DIP, MINT, HPRD), 2 literaturbasierte Netzwerke und 1 strukturbasiertes Interaktom die relative Komprimierbarkeit bestimmt. AP/MS Daten wurden mit Hilfe des 'Spoke'-Modells interpretiert, womit Clustering-Effekte vermieden wurden. Um einen Bias in der Auswahl der Daten zu verhindern, wurde ein restriktives Kriterium entwickelt, welches die Unterscheidung zwischen *large-scale* und *small-scale* genomweiten Screens ermöglicht (siehe Methoden). Abb. 3 zeigt die relative vs. absolute Komprimierbarkeit für alle oben genannten Netzwerke. Dabei reichen die absoluten Werte von 30-70 Prozent und die relativen von 1-48 Prozent. Insgesamt beobachtet man, dass Y2H-Netzwerke im Schnitt eine 6 fach geringere Komprimierbarkeit aufweisen als alle anderen Netzwerke. AP/MS-Netzwerke haben im Durchschnitt eine relative Komprimierbarkeit von 21%, wohingegen Y2H-Netzwerke im Durchschnitt nur 7% relative Komprimierbarkeit aufweisen. Entsprechende T-Tests zeigen klar, dass Y2H sich signifikant von PCA, SIN und literaturbasierten Netzwerken ($p = 0.002$) sowie von AP/MS ($p = 0.01$) unterscheidet.

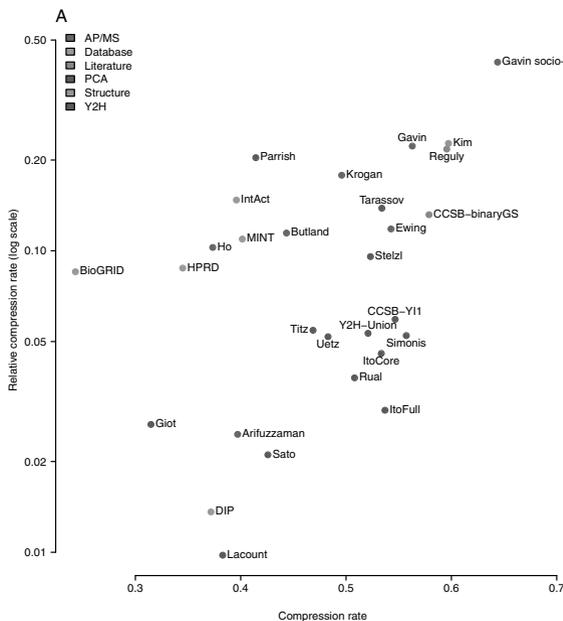


Fig. 3 Absolute und relative Komprimierbarkeit. Absolute vs. relative Komprimierbarkeit einiger large-scale Netzwerke: Y2H, AP/MS, PCA und literaturbasierter Netzwerke. Y2H-Netzwerke haben eine geringere Komprimierbarkeit als AP/MS, literaturbasierte, strukturbasierte oder PCA Netzwerke. *Anmerkung:* Alle AP/MS Daten wurden mithilfe des 'Spoke'-Modells ausgewertet. Für die Gavin-Daten wurde zusätzlich das aus Sozio-Affinitätswerten gewonnene Netzwerk verwendet.

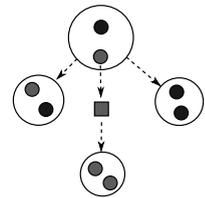
Zusammenfassung:

- Umfangreiche 4-Punkt-Validierung der NetzwerkKomprimierbarkeit als Messwert für die Qualität eines Proteininteraktionsnetzwerkes.
- Erstes Qualitätsmerkmal basierend allein auf Informationen des Netzwerkes selbst.
- Umfangreiche Untersuchung der Qualität genomweiter Proteininteraktionsnetzwerke und ihrer Komprimierbarkeit an 21 genomweiten Interaktomen.

4 Anwendung von Powergraphen zur Identifikation regulativer Module und Pfade

Motivation Die Genexpression wird durch ein komplexes, regulatives Netzwerk aus Transkriptionsfaktoren, mikro-RNAs und Protein-vermittelten Feedback-Mechanismen kontrolliert. Durch die Einführung von Micro-Array-Screens ist es möglich, die Expressionswerte aller Gene in einer Zelle zu messen. Dies erlaubt Untersuchungen von genregulierenden Mechanismen, wie sie bei Krankheiten, Zellspezialisierungen und Signalübermittlungen auftreten. Eine Vielzahl von Theorien, Methoden und Werkzeugen zur Analyse von Genexpressionsdaten existiert, aber nur wenige werten Regel- und Protein-Protein-Interaktionsnetzwerke zum Auffinden von Schlüsselregulatoren und Pfadwegen aus. Noch weniger nutzen graphische Darstellungen von Netzwerken, um zu bestimmen, welche Teile eines Regelnetzwerkes relevant und für Änderungen von Genexpressionen verantwortlich sind. Mit Hilfe von Netzwerkdarstellungen, die eine visuelle Analyse begünstigen, ist eine direkte Analyse von Genexpressionsänderungen im Kontext ihres Netzwerkes möglich.

Offenes Problem *Wie können Schlüsselregulatoren und Pfade durch neuartige Darstellungen von Regel- und Protein-Protein-Interaktionsnetzwerken identifiziert werden? Ganz speziell, können wir Schlüsselregulatoren und Pfade finden für i) die neuroektodermale Konversion mesenchymatischer Stammzellen, ii) die seltene mitochondriale Zytopathie (MELAS) und iii) die verbesserte Biokompatibilität von Tantalum im Vergleich zu Titanium?*



Powergraph-Analyse von Genexpressionsdaten Wir demonstrieren die Anwendung der Powergraph-Analyse anhand von drei Genexpressionsdatensätzen, die von der Arbeitsgruppe von Alexander Storch für neurodegenerative Krankheiten und von der Arbeitsgruppe von Maik Stiehler an der orthopädischen Klinik der TU Dresden bereitgestellt wurden. In allen drei Fällen wurden Schlüsselregulatoren und Pfade identifiziert und ihre Relevanz von unseren oben genannten Kollaboratoren bestätigt. Bemerkenswerterweise wurde unsere Vorhersage über die Rolle von HIF-1alpha bei der neuroektodermalen Konversion von mesenchymatischen Stammzellen experimentell mittels Immunoblot bestätigt.

Zusammenfassung. Erhöhte Mengen von reaktiven Sauerstoffspezies auf Titan führen zu längerer transitorischer Reaktionen auf oxidative Belastung und einer länger anhaltenden Aktivierung des anti-oxidativen Mechanismus von mesenchymalen Stammzellen.

Dies verzögert wiederum die Proliferation, Differenzierung und Anlagerung von Zellen auf Titanoberflächen im Vergleich zu Tantaloberflächen.

Wichtige Beiträge:

- Die neuroektodermale Umwandlung von mesenchymalen Stammzellen wird durch zwei Master-Regulatorgene gesteuert: HIF-1alpha und miR-124a. Der Einfluss von HIF-1alpha wurde bereits experimentell durch Immunblots bestätigt.
- Feststellung eines versteckten Zusammenhangs zwischen zwei selten auftretenden Krankheiten: MELAS und dem Sjögren-Syndrom.
- Ermittlung zweier Master-Transkriptionsfaktoren in MELAS: IRF-8 und NF-Y.
- Der wahrscheinliche Grund hinter der verbesserten Biokompatibilität von Tantal im Vergleich zu Titan ist oxidative Belastung.

5 Ausblick

Fortschritte auf dem Gebiet der Molekularbiologie haben den Fokus der Forschung auf diesem Gebiet weg von rein deskriptiven Modellen hin zum Reverse Engineering von Zellen gerichtet. Kürzlich konnten [GGL⁺10] zeigen, dass eine Bakterienzelle durch ein chemisch zusammengesetztes Genom kontrolliert erzeugt werden kann. Dieser Meilenstein, zusammen mit der Tatsache dass Genomesequenzierung in die industrielle Phase eingetreten ist und die Dekodierung des Epigenoms auf den Weg gebracht wurde [BCC⁺07, JES⁺10], zeigt dass die nächste große Herausforderung die Entschlüsselung des Interaktoms ist. Wird es möglich sein, hier denselben Grad der Auflösung zu erreichen? Um dies zu bewerkstelligen müssen viele Herausforderungen in Angriff genommen werden. Zum einen bedarf es einer Steigerung der Qualität und Abdeckung, was durch die Entwicklung verbesserter Experimente erreicht werden kann [TML⁺08, XRHK⁺09]. Zum anderen muss die Analyse des Interaktoms erweitert werden, um die zeitliche Dimension, posttranslationale Zustände von Proteinen, und darüber hinaus DNA-Protein- und Lipid-Proteininteraktionen zu erfassen [AGS⁺05, DWC09]. An diesem Punkt angelangt, werden ausdrucksstärkere Modelle aus der Systembiologie benötigt, die in der Lage sind, enzymatische Reaktionen, Proteinbindungen und Transportkinetik zu beschreiben, um bisherigen Netzwerkabstraktionen ersetzen und damit die wahre Natur des Interaktoms offenlegen.

Literatur

- [AAW06] Bill Andreopoulos, Aijun An und Xiaogang Wang. Bi-Level Clustering of Mixed Categorical and Numerical Biomedical Data. *International Journal of Data Mining and Bioinformatics*, 1:19–56, 2006.
- [ABL10] Yong-Yeol Ahn, James P Bagrow und Sune Lehmann. Link communities reveal multiscale complexity in networks. *Nature*, 466:761–764, Jun 2010.
- [AGS⁺05] Oscar Aparicio, Joseph V Geisberg, Edward Sekinger, Annie Yang, Zarnik Moqtaderi und Kevin Struhl. Chromatin immunoprecipitation for determining the association of proteins with specific genomic sequences in vivo. *Curr Protoc Mol Biol*, Chapter 21:Unit 21.3, Feb 2005.

- [BCC⁺07] Artem Barski, Suresh Cuddapah, Kairong Cui, Tae-Young Roh, Dustin E Schones, Zhibin Wang, Gang Wei, Iouri Chepelev and Keji Zhao. High-resolution profiling of histone methylations in the human genome. *Cell*, 129(4):823–837, May 2007.
- [BZC⁺03] Dongbo Bu, Yi Zhao, Lun Cai, Hong Xue, Xiaopeng Zhu, Hongchao Lu, Jingfen Zhang, Shiwei Sun, Lunjiang Ling, Nan Zhang, Guojie Li and Runsheng Chen. Topological structure analysis of the protein-protein interaction network in budding yeast. *Nucleic Acids Res*, 31(9):2443–2450, May 2003.
- [DWC09] Elhadji M Dioum, Eric M Wauson und Melanie H Cobb. MAP-ping unconventional protein-DNA interactions. *Cell*, 139(3):462–463, Oct 2009.
- [Gat10] Derek Gatherer. So what do we really mean when we say that systems biology is holistic? *BMC Syst Biol*, 4:22, 2010.
- [GGL⁺10] Daniel G Gibson, John I Glass, Carole Lartigue, Vladimir N Noskov, Ray-Yuan Chuang, Mikkel A Algire, Gwynedd A Benders, Michael G Montague, Li Ma, Monzia M Moodie, Chuck Merryman, Sanjay Vashee, Radha Krishnakumar, Nancy Assad-Garcia, Cynthia Andrews-Pfannkoch, Evgeniya A Denisova, Lei Young, Zhi-Qing Qi, Thomas H Segall-Shapiro, Christopher H Calvey, Prashanth P Parmar, Clyde A Hutchison, Hamilton O Smith and J. Craig Venter. Creation of a bacterial cell controlled by a chemically synthesized genome. *Science*, 329(5987):52–56, Jul 2010.
- [ICO⁺01] T. Ito, T. Chiba, R. Ozawa, M. Yoshida, M. Hattori and Y. Sakaki. A comprehensive two-hybrid analysis to explore the yeast protein interactome. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 98(8):4569–4574, Apr 2001.
- [JES⁺10] Hong Ji, Lauren I R Ehrlich, Jun Seit, Peter Murakami, Akiko Doi, Paul Lindau, Hwajin Lee, Martin J Aryee, Rafael A Irizarry, Kitai Kim, Derrick J Rossi, Matthew A Inlay, Thomas Serwold, Holger Karsunky, Lena Ho, George Q Daley, Irving L Weissman und Andrew P Feinberg. Comprehensive methylome map of lineage commitment from haematopoietic progenitors. *Nature*, 13:12, Aug 2010.
- [LLO⁺06] Dong Li, Jianqi Li, Shuguang Ouyang, Jian Wang, Songfeng Wu, Ping Wan, Yunping Zhu, Xiaojie Xu und Fuchu He. Protein interaction networks of *Saccharomyces cerevisiae*, *Caenorhabditis elegans* and *Drosophila melanogaster*: large-scale organization and robustness. *Proteomics*, 6(2):456–461, Jan 2006.
- [MBHG06] Julie L Morrison, Rainer Breitling, Desmond J Higham und David R Gilbert. A lock-and-key model for protein-protein interactions. *Bioinformatics*, 22:2012, Jun 2006.
- [RRAS08] Loïc Royer, Matthias Reimann, Bill Andreopoulos und Michael Schroeder. Unraveling protein networks with power graph analysis. *PLoS Comput Biol*, 4(7):e1000108, 2008.
- [RVH⁺05] Jean-François Rual, Kavitha Venkatesan, Tong Hao, Tomoko Hirozane-Kishikawa, Amélie Dricot, Ning Li, Gabriel F Berriz, Francis D Gibbons, Matija Dreze, Nono Ayivi-Guedehoussou, Niels Klitgord, Christophe Simon, Mike Boxem, Stuart Milstein, Jennifer Rosenberg, Debra S Goldberg, Lan V Zhang, Sharyl L Wong, Giovanni Franklin, Siming Li, Joanna S Albala, Janghoo Lim, Carlene Fraughton, Estelle Llamasas, Sebiha Cevik, Camille Bex, Philippe Lamesch, Robert S Sikorski, Jean Vandenhaute, Huda Y Zoghbi, Alex Smolyar, Stephanie Bosak, Reynaldo Sequerra, Lynn Doucette-Stamm, Michael E Cusick, David E Hill, Frederick P Roth und Marc Vidal. Towards a proteome-scale map of the human protein-protein interaction network. *Nature*, 437(7062):1173–1178, Oct 2005.
- [SMO⁺03] Paul Shannon, Andrew Markiel, Owen Ozier, Nitin S Baliga, Jonathan T Wang, Daniel Ramage, Nada Amin, Benno Schwikowski und Trey Ideker. Cytoscape: a software environment for integrated models of biomolecular interaction networks. *Genome Res*, 13(11):2498–2504, Nov 2003.
- [SWL⁺05] Ulrich Stelzl, Uwe Worm, Maciej Lalowski, Christian Haenig, Felix H Brembeck, Heike Goehler, Martin Stroedicke, Martina Zenkner, Anke Schoenherr, Susanne Koeppen, Jan Timm, Sascha Mintzlaff, Claudia Abraham, Nicole Bock, Silvia Kietzmann, Astrid Goedde, Engin Toksöz, Anja Droege, Sylvia Krobitsch, Bernhard Korn, Walter Birchmeier, Hans Lehrach und Erich E Wanker. A human protein-protein interaction network: a resource for annotating the proteome. *Cell*, 122(6):957–968, Sep 2005.

- [TML⁺08] Kirill Tarassov, Vincent Messier, Christian R Landry, Stevo Radinovic, Mercedes M Serna Molina, Igor Shames, Yelena Malitskaya, Jackie Vogel, Howard Bussey und Stephen W Michnick. An in vivo map of the yeast protein interactome. *Science*, 320(5882):1465–1470, Jun 2008.
- [UGC⁺00] P. Uetz, L. Giot, G. Cagney, T. A. Mansfield, R. S. Judson, J. R. Knight, D. Lockshon, V. Narayan, M. Srinivasan, P. Pochart, A. Qureshi-Emili, Y. Li, B. Godwin, D. Conover, T. Kalbfleisch, G. Vijayadamar, M. Yang, M. Johnston, S. Fields und J. M. Rothberg. A comprehensive analysis of protein-protein interactions in *Saccharomyces cerevisiae*. *Nature*, 403(6770):623–627, Feb 2000.
- [XRHK⁺09] Xiaofeng Xin, Jean-François Rual, Tomoko Hirozane-Kishikawa, David E Hill, Marc Vidal, Charles Boone und Nicolas Thierry-Mieg. Shifted Transversal Design smart-pooling for high coverage interactome mapping. *Genome Res*, 19(7):1262–1269, Jul 2009.
- [YBY⁺08] Haiyuan Yu, Pascal Braun, Muhammed A Yildirim, Irma Lemmens, Kavitha Venkatesan, Julie Sahalie, Tomoko Hirozane-Kishikawa, Fana Gebreab, Na Li, Nicolas Simonis, Tong Hao, Jean-François Rual, Amélie Dricot, Alexei Vazquez, Ryan R Murray, Christophe Simon, Leah Tardivo, Stanley Tam, Nenad Svrzikapa, Changyu Fan, Anne-Sophie de Smet Smet, Adriana Motyl, Michael E Hudson, Juyong Park, Xiaofeng Xin, Michael E Cusick, Troy Moore, Charlie Boone, Michael Snyder, Frederick P Roth, Albert-László Barabási, Jan Tavernier, David E Hill und Marc Vidal. High-quality binary protein interaction map of the yeast interactome network. *Science*, 322(5898):104–10, 2008.



Loïc Alain Royer studierte Mathematik und Physik am Jason de Sailly (Paris) und Informatik an der internationalen Schule für Informationsprozessierung in Paris. Dort spezialisierte er sich in künstlicher Intelligenz und Robotik und erhielt den Abschluss als Ingenieur sowie ein Masterabschluss in Computerbasierter Logik in einem Austauschprogramm mit der TU Dresden. Loïc Royer vertiefte seine Studien in Bioinformatik und schloss mit einem Doktorgrad der TU Dresden in der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. Michael Schroeder ab. Danach führte ihn sein breites Interesse an das Max Plank Institut für Zellbiologie und Genetik und an das Max Planck Institut für die Physik Komplexe Systeme. Er arbeitet dort mit der Biophysik Gruppe von Stephan Grill an der Entwicklung eines vollautomatischen *dual-trap optical tweezer* zur Beobachtung von Experimenten mit einzelnen

RNA-Polymerase-Molekülen. Herr Royer plant für seine zukünftigen Forschungen seine Kenntnisse und Erfahrungen in der Bioinformatik im Grenzbereich molekulare Biologie und Biophysik anzuwenden.

Automated Enactment Tracking for Dynamic Workflows

Thomas Sauer
rjm business solutions GmbH
68623 Lampertheim
t.sauer@rjm.de

Abstract: Mit Workflow-Systemen können Arbeitsabläufe innerhalb einer Organisation effektiv unterstützt und gesteuert werden. Die beteiligten Personen müssen jedoch meist die ausgeführten Tätigkeiten an ein rechnergestütztes System explizit rückmelden, was in vielen Fällen zu erheblichen Akzeptanz-Problemen führt. Die Vorteile eines Workflow-Systems gehen damit verloren oder verkehren sich gar ins Gegenteil. In der vorgestellten Arbeit wird daher der Ansatz der *automatisierten Ausführungsverfolgung* entwickelt. Durch Auswertung der Daten, die während der täglichen Arbeit anfallen, werden die bearbeiteten Aufgaben auf Basis eines idealisierten Prozessmodells automatisch festgestellt. Der Ansatz ist mit einem Multi-Agenten-System praxistauglich umgesetzt und hat sich in einem eGovernment-Projekt erfolgreich bewiesen.

1 Einleitung

Ein Geschäftsprozess ist ein strukturierter Arbeitsablauf innerhalb einer Organisation. Anhand von Automation einzelner Aufgaben oder deren Zusammenspiel kann die Ausführung eines Geschäftsprozesses mit einem *Workflow-Management-System* effektiv unterstützt werden [vdAvH02]. So ist es unter anderem durch die rechnergestützte Weitergabe von Dokumenten möglich, Wartezeiten zu vermeiden, die Qualität von Produkten und Dienstleistungen sicherzustellen oder Mitarbeitern in der Abarbeitung einzelner Aufgaben zu assistieren [zM04]. Um seine Vorteile erbringen zu können, muss das eingesetzte Workflow-Management-System stets darüber Kenntnis haben, welche Aufgaben derzeit ausgeführt werden bzw. bereits abgeschlossen wurden.

Meist wird den Prozessteilnehmern abverlangt, diese Status-Informationen selbst zu erheben, z.B. indem Einträge auf einer elektronischen Aufgabenliste passend abgehakt werden. In vielen Fällen wird jedoch das explizite Erfassen von Rückmeldungen über die durchgeführten Tätigkeiten als ineffizient und störend empfunden, so dass Workflow-Management-Systeme oft nicht optimal genutzt oder sogar gezielt umgangen werden [BBS95]. Damit können Geschäftsprozesse nicht mehr unterstützt werden, und die täglichen Abläufe werden eher behindert als unterstützt.

In der Dissertation *Automated Enactment Tracking for Dynamic Workflows* [Sau10] wird daher der Ansatz zur automatisierten Ausführungsverfolgung von Geschäftsprozessen entwickelt. Durch Auswertung der Daten, die jeder Prozessteilnehmer während seiner täglichen Arbeit erzeugt, werden die bearbeiteten Aufgaben anhand eines idealisierten Prozessmodells automatisch ermittelt. Damit können manuelle Rückmeldungen entfallen, so

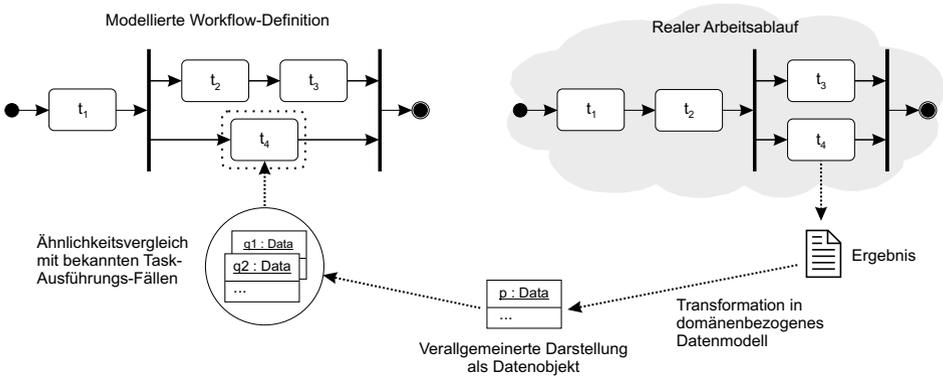


Abbildung 1: Ansatz zur automatisierten Workflow-Ausführungsverfolgung.

dass Workflow-Management-Systeme effektiv eingesetzt werden können und sich die beabsichtigten organisatorischen Vorteile ergeben. Der Ansatz unterstützt insbesondere Vorgänge, die regelmäßig an neue Gegebenheiten wie geänderte Kundenanforderungen angepasst werden müssen. Diese *dynamische Workflows* ermöglichen einen leichten Wechsel von Zuständigkeiten und Prioritäten, der in vielen Domänen unerlässlich ist [BFM⁺06].

Das verwendete Prinzip wird in Abbildung 1 illustriert. Zunächst werden die bei der Abarbeitung einer Aufgabe erzielten Ergebnisse ermittelt. Je nach verwendeten Werkzeugen liegen diese z.B. als Textdokumente oder Datenbankeinträge vor. Die Ergebnisse werden anschließend in eine verallgemeinerte Form überführt, die einen Ähnlichkeitsvergleich mit Angaben erlaubt, die aus vorherigen Bearbeitungen der Aufgabe bereits bekannt sind. Unter der Prämisse, dass eine Aufgabe, die unter ähnlichen Bedingungen erneut abgearbeitet wird, wieder zu ähnlichen Ergebnissen führt, wird bei ausreichender Ähnlichkeit eine neue Bearbeitung abgeleitet. Mit Hilfe eines im Rahmen der vorgestellten Arbeit entwickelten Modells der Workflow-Definition und -Ausführung kann damit schrittweise die Abarbeitung ganzer Geschäftsprozesse ermittelt werden.

Um den Ansatz in der Praxis einzusetzen, wurde das *Progress Information Environment* (PIE) entwickelt. PIE ist als Multi-Agenten-System [Wei00] ausgeführt, um eine möglichst robuste Auswertung von Arbeitsergebnissen zu realisieren. Durch das Zusammenspiel intelligenter, in sich abgeschlossener Software-Agenten können fehlende oder unzureichende Informationen kompensiert werden. Darüber hinaus erlaubt der Systementwurf den flexiblen Umgang mit dynamischen Workflows. PIE wurde erfolgreich im Kontext eines eGovernment-Projekts evaluiert. Das System stellte dabei unter Beweis, dass eine präzise, automatisierte Ablaufverfolgung unter Praxisbedingungen möglich ist und so konkrete Geschäftsprozesse effektiv unterstützt werden können.

Im Abschnitt 2 wird nachstehend zunächst das Modell der Workflow-Definition und -Ausführung beschrieben, das die Basis für die automatische Ausführungsverfolgung bildet. Das PIE-System wird in Abschnitt 3 vorgestellt, und die durchgeführte Evaluation wird in Abschnitt 4 beschrieben. In Abschnitt 5 werden verwandte Arbeiten diskutiert. Eine kurze Zusammenfassung folgt in Abschnitt 6.

2 Definition und Ausführung von Workflows

Zur Beschreibung von Geschäftsprozessen stehen einer Organisation eine Vielzahl von Modellierungssprachen zur Verfügung. Insbesondere graphische Sprachen wie Ereignis-gesteuerte Prozessketten (EPK, [KNS92]) oder die Business Process Modeling Notation (BPMN, [Omg06]) sind weit verbreitet. Um zu gewährleisten, dass das Konzept der automatisierten Ausführungsverfolgung unabhängig von der bevorzugten Sprache und der eingesetzten Werkzeuge angewandt werden kann, wurde im Rahmen der hier vorgestellten Arbeit das Modell der abstrakten Workflow-Definition und -Ausführung entwickelt. Konkrete Prozessbeschreibungen können damit in generalisierende *Workflow-Definitionen* eingefasst werden, über die sich die Ergebnisse realer Arbeitsabläufe allgemein beschreiben lassen [SM07]. Eine Workflow-Definition repräsentiert einen Geschäftsprozess als eine Menge von in sich geschlossenen Aufgaben, den *Tasks*, sowie deren mögliche Reihenfolge in Form einer Kontrollflussrelation. Jeder Task stellt eine Aktivität dar, die entweder maschinell ausgeführt werden kann oder von einem menschlichen Prozessteilnehmer übernommen wird. Eine typische Aktivität ist das Zusammenstellen eines Berichtsdokuments, aber auch die Auswahl zwischen zwei verschiedenen Alternativen. Spezialisierte *Trigger-Tasks* können sogar weitere Prozesse anstoßen, ähnlich wie das Aufrufen einer Unterroutine in einer Programmiersprache.

Der Arbeitsablauf innerhalb einer Organisation wird als *Workflow-Ausführung* beschrieben. Dabei werden Tasks wie durch eine Workflow-Definition vorgegeben schrittweise abgearbeitet. Die von den Tasks erzielten Ergebnisse werden als *Datenobjekte* angesehen, wobei das Modell keine Vorgaben hinsichtlich deren Repräsentation macht. In der Anwendung des Modells können Arbeitsergebnisse so in einer für die Anwendungsdomäne passenden Formalisierung betrachtet werden, z.B. als textuelle Beschreibungen, Graph-Strukturen oder Attribut-Werte-Paare. Ist ein Task abgeschlossen, stehen die erzeugten Datenobjekte für die nachfolgenden Tasks bereit, um wiederum weitere Ergebnisse zu erzeugen, usw. Die genaue Abfolge der Task-Ausführungen entlang einer Workflow-Definition bildet eine *Workflow-Instanz*.

Abbildung 2 zeigt ein Beispiel aus der Domäne des geographischen Informations-Managements. Um Karten für eine Ortsbegehung im Stadtgebiet Darmstadt zu erzeugen, wird durch den Trigger-Task „Karten liefern für Darmstadt“ das Ausführen einer passenden

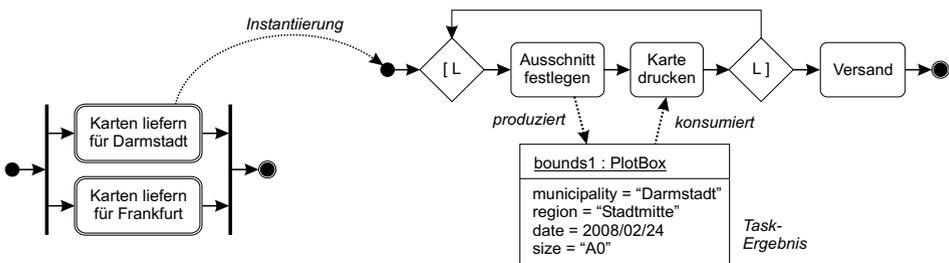


Abbildung 2: Beispiel für eine Workflow-Ausführung.

Workflow-Definition instanziiert. Die dazugehörigen Tasks „Ausschnitt festlegen“ und „Karte drucken“ sind innerhalb eines Schleifen-Konstrukts platziert, gefolgt von Task „Versand“ als letzten Schritt. Damit wird beschrieben, dass zur Bereitstellung von Karten zunächst alle relevanten Bereiche eines größeren Gebiets ausgewählt und gedruckt werden sollen, um anschließend die Ausdrücke gesammelt auf dem Postweg zu verschicken. Als Erstes wird der Task „Ausschnitt festlegen“ aufgeführt. Der dabei identifizierte Bereich wird als Datenobjekt repräsentiert, das auf Basis eines domänenbezogenen Datenmodells den Kartenausschnitt detailliert beschreibt. Das Datenobjekt wird anschließend von dem nachfolgenden Task „Karte drucken“ bei dessen Ausführung verwendet, um entsprechend des Ausschnitts eine Karte zu drucken.

Der aktuelle Fortgang einer Workflow-Abarbeitung wird über einzelne Task-Zustände beschrieben, die sich aus den vorliegenden Daten ergeben. Solange keine Datenobjekte als Task-Ergebnisse vorliegen, wird ein Task als „inaktiv“ angesehen. Sobald ein Task ein Zwischenergebnis produziert hat, aber der Kontrollfluss noch nicht an einen Nachfolger-Task weitergereicht wurde, gilt der Task als „aktiv“. Liegen die Endergebnisse vor, und die Kontrolle wurde an Nachfolger-Tasks übergeben, wird der Task als „abgeschlossen“ angesehen. Da es möglich ist, dass eine Workflow-Definition Schleifen enthält, kann ein Task die einzelnen Zustände mehrfach durchlaufen. Zur eindeutigen Beschreibung einer Bearbeitungssituation wird daher neben den aktuell vorliegenden Datenobjekten und den Task-Zuständen für jeden Task auch eine Wiederholungszahl angegeben.

3 Das Progress Information Environment

Das Konzept der automatischen Ablaufverfolgung wird mit dem *Progress Information Environment* (PIE) umgesetzt [SMW08]. Um praxistauglich zu sein, muss das System flexibel mit dynamischen Workflows umgehen können, die z.B. aufgrund von geänderten Kundenwünschen kurzfristig angepasst werden. Darüber hinaus muss PIE in der Lage sein, eventuell fehlende oder ungenaue Daten zu kompensieren. So liegen eventuell für Aufgaben, die aktuell in Bearbeitung sind, zunächst nur Zwischenergebnisse vor, die später vervollständigt werden. Aufgrund dieser Anforderungen ist PIE als Multi-Agenten-System (MAS, [Wei00]) ausgeführt. Abbildung 3 zeigt den grundsätzlichen Systemaufbau. Es werden insgesamt vier verschiedene Arten von Software-Agenten eingesetzt, die in entsprechenden Schichten gegliedert sind. Eine fünfte, unterste Schicht wird durch die Informationssysteme gebildet, wie sie von den Mitarbeitern der jeweiligen Organisation im Arbeitsalltag eingesetzt werden. Derartige Informationssysteme umfassen z.B. Datenbanken oder Systeme zur Dokumentverwaltung. Auf der darüber liegenden Schicht ermitteln *Sensor-Agenten* die mit den Informationssystemen erstellten oder veränderten Daten und transformieren diese in formalisierte Datenobjekte. Auf der nächsten Schicht werden *Task-Agenten* aus, ob die erkannten Datenobjekte auf die Ausführung einzelner Tasks hinweisen. Darüber prüfen *Instanz-Agenten*, zu welchen Workflow-Instanzen diese Ausführung zugeordnet werden kann. Schließlich erzeugen *Workflow-Agenten* eine konsistente Sicht auf den aktuell vorliegenden Abarbeitungszustand hinsichtlich der vorliegenden Workflow-Definitionen.

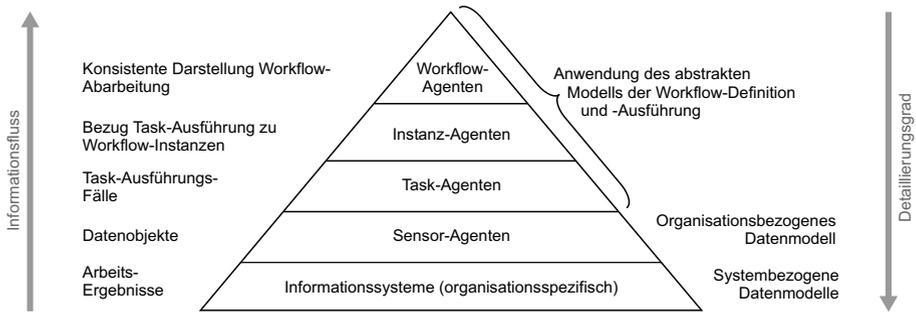


Abbildung 3: Die PIE-Systemarchitektur.

3.1 Sensor-Agenten

Sensor-Agenten bilden die Daten eines spezifischen Informationssystems auf Konzepte ab, die auf höheren PIE-Schichten von Task-, Instanz- und Workflow-Agenten verstanden werden können. Wenn ein Mitarbeiter z.B. die in Abbildung 2 gezeigte Aufgabe „Ausschnitt festlegen“ ausführt, wird der ermittelte Kartenausschnitt in einer Datenbank abgespeichert. Ein entsprechender Sensor-Agent transformiert die dazugehörigen Datensätze in ein Datenobjekt von Typ „PlotBox“, um die Arbeitsergebnisse in verallgemeinerter Form auszudrücken. Die für PIE interessanten Systeme umfassen alle rechnergestützten Dienste, Verzeichnisse und Ablagen, die im Arbeitsalltag verwendet werden. Eine redundante Abdeckung einzelner Systeme ist möglich und erwünscht.

3.2 Task-Agenten

Für jeden der in den Workflow-Definitionen einer Organisation aufgeführten Tasks ist im PIE-System ein eigenständiger Task-Agent vorgesehen. Task-Agenten nutzen das Prinzip des *Fallbasierten Schließens* (Case-Based Reasoning, [BAM⁺09]), um die von Sensor-Agenten ermittelten Datenobjekten auszuwerten. Fallbasiertes Schließen ist ein etabliertes Problemlösungsverfahren, das zur Lösung eines neuen, aktuell vorliegenden Problems die bekannte Lösung eines ähnlichen, bereits früher gelösten Problems heranzieht. Um das Problem zu lösen, eine Task-Ausführung ausschließlich anhand der vorliegenden Datenobjekte festzustellen, werden diese daher mit Datenobjekten verglichen, die in schon bekannten Bearbeitungssituationen enthalten sind. Jede dieser Situationen repräsentiert einen *Task-Ausführungs-Fall*, der eine Menge von Datenobjekten mit einem konkreten Task-Zustand und einer konkreten Wiederholungszahl korreliert. Die Gesamtheit aller bekannten Task-Ausführungs-Fälle bildet die *Fallbasis* eines Task-Agenten und stellt die Erfahrung dar, die hinsichtlich der Ausführung eines Tasks bereits gesammelt wurde.

Wird ein Task unter ähnlichen Bedingungen wie zuvor ausgeführt, werden erneut ähnliche Ergebnisse erwartet. Sind die Datenobjekte, die ein Task-Agent von Sensor-Agenten

erhalten hat, ähnlich zu denen, die in einem Fall aus der Fallbasis enthalten sind, nimmt der Task-Agent entsprechend an, dass ein Task wie vom Fall beschrieben erneut ausgeführt wurde. Wurde z.B. das "PlotBox"-Datenobjekt wie in Abbildung 2 gezeigt zuvor im Zusammenhang mit dem Ausführungszustand „abgeschlossen“ des Tasks „Ausschnitt festlegen“ beobachtet, und ein ähnliches Datenobjekt wird gemeldet, zieht der zuständige Task-Agent den Schluss, dass der Task erneut ausgeführt wurde und wieder den Zustand „abgeschlossen“ erreicht hat. Zur Beschreibung der neuen Situation wird aus dem bekannten, in der Fallbasis aufgeführten Task-Ausführungs-Fall und den von den Sensor-Agenten gemeldeten Datenobjekten eine neue Kombination von Datenobjekten, Task-Zustand und Wiederholungszahl gebildet. Ein Task-Agent gibt diesen neuen Task-Ausführungs-Fall anschließend an die Agenten auf den höheren PIE-Schichten weiter, welche die Angaben auf Plausibilität überprüfen und gegebenenfalls korrigieren. Sofern der neue Fall tatsächlich zur Beschreibung einer Workflow-Ausführung beiträgt, wird dieser schließlich in die Fallbasis des Task-Agenten aufgenommen.

3.3 Instanz-Agenten

Eine Workflow-Definition kann mehrfach gleichzeitig ausgeführt werden, z.B. indem Kollegen parallel zueinander verschiedene Kundenanfragen bearbeiten. Der jeweilige Ausführungspfad wird als Workflow-Instanz beschrieben. Das PIE-System nutzt für jede Workflow-Definition einen Instanzen-Agenten, um festzustellen, welche der Ausführungspfade durch eine von Task-Agenten festgestellte Task-Ausführung potentiell fortgesetzt werden. Dazu wird eine *Distanz* zwischen jedem Task-Ausführungs-Fall, der von einem Task-Agenten übermittelt wurde, und jeder der aktuell bekannten Workflow-Instanzen berechnet. Je kürzer die Distanz, desto eher kann eine Instanz einem Fall zugerechnet werden. Die Distanz-Berechnung erfolgt mittels verschiedener *Distanz-Maße*.

Anzahl benötigter Schritte. Ein erstes Distanzmaß ermittelt die Anzahl von Zustands-Transitionen, die benötigt wird, um ausgehend von der zuletzt für eine Workflow-Instanz bekannten Ausführungssituation zu der im Fall beschriebenen Task-Ausführung zu gelangen. Wenn z.B. im Rahmen einer Workflow-Ausführung entsprechend der in Abbildung 2 gezeigten Workflow-Definition zuletzt der Task „Ausschnitt festlegen“ als „aktiv“ beschrieben wurde, und ein Task-Agent hat festgestellt, dass der Task „Karte drucken“ nun Zustand „abgeschlossen“ im Rahmen einer zweiten Schleifeniteration erreicht hat, ermittelt das erste Distanzmaß die Zahl der Zustands-Transitionen, die benötigt werden um (1) den Task „Ausschnitt festlegen“ abzuschließen, (2) Task „Karte drucken“ zum ersten Mal auszuführen, (3) Task „Ausschnitt festlegen“ zu wiederholen und um schließlich (4) Task „Karte drucken“ zum zweiten Mal auszuführen.

Bezugnahme auf Instanziierungs-Kriterien. Üblicherweise werden die Kriterien, die zum Bilden einer Workflow-Instanz geführt haben, durch einen Trigger-Task festgelegt. In Abbildung 2 gibt z.B. der Trigger-Task „Karten liefern für Darmstadt“ vor, dass die Workflow-Ausführung mit Bezug auf das Stadtgebiet Darmstadt geschehen soll. Entsprechend werden Datenobjekte, die dieses Gebiet referenzieren, durch ein Distanzmaß mit der entsprechenden Instanz in Verbindung gebracht. Die Distanz wird als umso geringer

festgelegt, je mehr sich die Datenobjekte im Task-Ausführungs-Fall und die Instanziierungskriterien ähneln.

Betrachtung des Workflow-Kontexts. Ein weiteres Distanzmaß vergleicht die Datenobjekte eines Task-Ausführungs-Falls mit denen, die bereits im Zusammenhang mit der Workflow-Instanz stehen. Wenn ein Task-Ausführungs-Fall Datenobjekte umfasst, die den bereits erarbeiteten Workflow-Ergebnissen gleichen, wird angenommen, dass sich die im Fall ausgedrückte Task-Ausführung auf ähnliche Aspekte wie die bisherige Workflow-Ausführung bezieht. Eine hohe Ähnlichkeit wird als geringe Distanz umgesetzt.

Durch Kombination der einzelnen Maße wird eine Gesamt-Distanz ermittelt. Der Instanz-Agent nimmt für all diejenigen Paare von Task-Ausführungs-Fällen und Workflow-Instanzen einen Bezug zueinander an, deren Gesamt-Distanz minimal ist. Diese Paare minimaler Distanz werden zur weiteren Prüfung an die nächste PIE-Systemschicht übermittelt. Wenn die Gesamt-Distanz ein zuvor festgelegtes Maximum überschreitet, beschreibt der betreffende Task-Ausführungs-Fall eventuell den Beginn einer neuen Workflow-Ausführung. Der Instanz-Agent schlägt dann eine neue, von bisherigen Workflow-Ausführungen unabhängige Workflow-Instanz vor. Zusammen mit dem Task-Ausführungs-Fall wird dieser Vorschlag ebenfalls zur nächsten PIE-Schicht gemeldet.

3.4 Workflow-Agenten

Auf der obersten PIE-Schicht überprüfen Workflow-Agenten, ob die von anderen Systemteilen erhobenen Angaben als gültige Workflow-Ausführung interpretiert werden können. Jeder Workflow-Agent ist für eine bestimmte Workflow-Definition zuständig, und begutachtet alle Paare von Task-Ausführungs-Fällen und Workflow-Instanzen, die von Instanz-Agenten bereitgestellt wurden. Für jeden der Fälle werden die Workflow-Ausführungsschritte ermittelt, um durch Fortsetzung der dazugehörigen Instanz die im Fall beschriebene Situation zu erreichen. Dabei werden auch eventuell fehlende Schritte ergänzt. Wenn z.B. in einer Instanz der in Abbildung 2 dargestellten Workflow-Definition zuletzt der Task „Ausschnitt festlegen“ ausgeführt wurde und der Task-Ausführungs-Fall die Abarbeitung von Task „Versand“ beschreibt, simuliert der Workflow-Agent einen Ausführungsschritt für den dazwischen liegenden Task „Karte drucken“. Damit ist sichergestellt, dass die erkannte Workflow-Abarbeitung zu den Workflow-Definitionen konform bleibt. Die Workflow-Ausführung mit der geringsten Anzahl an notwendigen Simulations-Schritten wird schließlich zur Anzeige des aktuellen Ausführungszustands genutzt.

4 Evaluation

Das PIE-System wurde mit dem am Lehrstuhl für Wirtschaftsinformatik II der Universität Trier entwickelten Framework *Collaborative Agent-based Knowledge Engine* (CAKE, [BFM⁺06]) prototypisch implementiert. PIE wurde im Rahmen des eGovernment-Projekts *DenkXweb* erfolgreich evaluiert, das bei der rjm business solutions GmbH im

Auftrag einer hessischen Landesbehörde durchgeführt wird. Das Langzeit-Projekt hat zum Ziel, alle Kulturdenkmäler in Hessen in einem Online-Geoinformationssystem verbindlich nachzuweisen. Damit dies gelingt, müssen zehntausende Gebäude, Straßenzüge und Ortslagen exakt auf Basis von amtlichen Liegenschaftskarten ausgezeichnet werden. Zur effizienten Projektbearbeitung werden eine Reihe von bewährten Verfahren eingesetzt, die als Workflow-Definitionen modelliert wurden. Die Instanziierung der Workflow-Definitionen erfolgt dynamisch entsprechend der Kundenanforderungen.

Das PIE-System wurde in praxisnahen Fallstudien konkret erprobt. Zur Abdeckung der bei ihm verwendeten Software-Infrastruktur wurden 8 verschiedene Sensor-Agenten erstellt, und entsprechend der Workflow-Definitionen wurden 35 Task-Agenten sowie 12 Instanz- und Workflow-Agenten konfiguriert. In einer Fallstudie im Umfang von über 140 Workflow-Ausführungsschritten wurden 75% aller Situationen korrekt erkannt, d.h. die Workflow-Ausführungsverfolgung ist mit einem hohen Maß an Präzision erfolgt. Bezogen auf die Task-Ausführungs-Fälle, die in den Fallbasen der Task-Agenten vorlagen, wurde sogar nahezu das Optimum erreicht (95%). Das heißt, fast alle Workflow-Ausführungsschritte, die einer bereits früher durchgeführten Task-Ausführung ähneln, wurden korrekt erkannt. In einer weiteren Fallstudie stellte das PIE-System unter Beweis, dass auch nach Änderungen in Workflow-Definitionen eine präzise Erkennung der Bearbeitungssituation möglich ist.

5 Verwandte Arbeiten

Die Beobachtung und Analyse von Arbeitsabläufen wird in zahlreichen Forschungsgebieten und für viele Anwendungsdomänen diskutiert. So wird z.B. im Bereich des Software-Engineering die automatische Auswertung von Bearbeitungsergebnissen als *Software Project Telemetry* betrachtet [JKP⁺05]. Anhand der Anwendung von Software-Metriken wird der Stand von Entwicklungs-Prozessen bewertet, so dass Fehlentwicklungen frühzeitig erkannt und behoben werden können. Ähnlich dem PIE-Systementwurf wird der Einsatz von Software-Sensoren vorgeschlagen, um die Verwendung von Entwicklungswerkzeugen zu beobachten und für eine weitere Auswertung zusammenzutragen. Eine nähere Identifikation der ausgeführten Arbeitsschritte in einer Prozessbeschreibung erfolgt jedoch nicht.

In [Sch06] wird ein System zur Einschätzung der aktuellen Arbeitssituation von Mitarbeitern in einem Unternehmen vorgestellt, um diesen in der Abarbeitung von Aufgaben durch eine pro-aktive Informationsbereitstellung zu assistieren. Es wird beobachtet, wie die am Arbeitsplatz eingesetzten Software verwendet wird. Aus erkannten Einzelaktivitäten wie dem Öffnen von Dokumenten oder dem Abrufen von E-Mails wird anschließend ein Arbeitskontext abgeleitet und die dazu passende Information ermittelt. Die Mitarbeiter werden damit individuell für einzelne Tätigkeiten unterstützt. Das Ermitteln eines organisationsweiten Bearbeitungsstands der laufenden Geschäftsprozesse, wie es bei der mit PIE umgesetzten automatisierten Ausführungsverfolgung geschieht, ist nicht vorgesehen.

Das in [CB07] erläuterte Konzept verfolgt die Ausführung von Prozessen durch die Auswertung großer Datenströme, wie sie von Systemüberwachungs- und Firewall-Systemen

erzeugt werden. Basierend auf einem automatentheoretischen Prozessmodell wird automatisch ermittelt, ob neue eintreffende Daten einen Zustandsübergang erlauben und so die weitere Ausführung eines Prozesses erklären. Das Konzept sieht jedoch im Gegensatz zur automatisierten Ausführungsverfolgung von Geschäftsprozessen keine Unterstützung dynamischer Arbeitsabläufe vor.

Die automatisierte Ausführungsverfolgung ermöglicht eine weitreichende Überprüfung und Optimierung von Geschäftsprozessen, z.B. durch die Anwendung von *Workflow Mining* [vdAWM04]. Durch eingehende Analyse der tatsächlichen Abfolge der Aufgabenbearbeitung wie mit dem PIE-System ermittelbar werden dabei Workflow-Definitionen aus der täglichen Praxis abgeleitet. Es kann so sichergestellt werden, dass Prozessbeschreibungen und Ausführungsrealität weiterhin übereinstimmen.

6 Zusammenfassung

In der Dissertation *Automated Enactment Tracking for Dynamic Workflows* [Sau10] wird der neuartige Ansatz der automatisierten Ausführungsverfolgung von Geschäftsprozessen vorgestellt. Basierend auf einem Modell der abstrakten Workflow-Definition und -Ausführung wertet der Ansatz die Ergebnisse aus, die bei der alltäglichen Bearbeitung von Aufgaben anfallen. Die aktuelle Bearbeitungssituation von Geschäftsprozessen kann so ohne explizite Statusmeldungen der Mitarbeiter ermittelt werden. Die sonst oft beobachteten Akzeptanz-Probleme werden vermieden, so dass Workflow-Management-Systeme effektiv eingesetzt werden können.

Die automatisierte Ausführungsverfolgung wird mit dem Progress Information Environment (PIE) praxistauglich umgesetzt. PIE ist als Multi-Agenten-System ausgeführt, so dass robust auf fehlende oder unzureichende Information reagiert wird. Der Systementwurf ermöglicht zudem den flexiblen Umgang mit dynamischen Arbeitsabläufen, die regelmäßig an neue Anforderungen angepasst werden müssen. PIE wurde im Rahmen eines komplexen eGovernment-Projekts erfolgreich evaluiert.

Literatur

- [BAM⁺09] Ralph Bergmann, Klaus-Dieter Althoff, Mirjam Minor, Meike Reichle und Kerstin Bach. Case-Based Reasoning: Introduction and Recent Developments. *Künstliche Intelligenz*, 23(1):5–11, 2009.
- [BBS95] John Bowers, Graham Button und Wes Sharrock. Workflow from Within and Without: Technology and Cooperative Work on the Print Industry Shopfloor. In *Proceedings of the 4th European Conference on Computer-Supported Cooperative Work (ECSCW'95)*, Seiten 51–66. Kluwer, 1995.
- [BFM⁺06] Ralph Bergmann, Andrea Freßmann, Kerstin Maximini, Rainer Maximini und Thomas Sauer. Case-Based Support for Collaborative Business. In *Proceedings of the 8th European Conference on Case-Based Reasoning (ECCBR'06)*, Jgg. 4106 of LNCS, Seiten 519–533. Springer, 2006.

- [CB07] George Cybenko und Vincent H. Berk. Process Query Systems. *Computer*, 40(1):62–70, 2007.
- [JKP⁺05] Philip M. Johnson, Hongbing Kou, Michael Paulding, Qin Zhang, Aaron Kagawa und Takuya Yamashita. Improving Software Development Management through Software Project Telemetry. *IEEE Software*, 22(4):76–85, 2005.
- [KNS92] G. Keller, M. Nüttgens und A.W. Scheer. Semantische Prozessmodellierung auf der Grundlage Ereignisgesteuerter Prozessketten (EPK). *Veröffentlichungen des Instituts für Wirtschaftsinformatik*, Heft 89, 1992.
- [Omg06] Business Process Modeling Notation (BPMN) Specification. Bericht, Object Management Group, 2006. Document Number dtc/06-02-01.
- [Sau10] Thomas Sauer. *Automated Enactment Tracking for Dynamic Workflows*. Dissertation, Universität Trier, 2010.
- [Sch06] Sven Schwarz. A Context Model for Personal Knowledge Management. In *Modeling and Retrieval of Context (MRC 2005) Revised Selected Papers*, Jgg. 3946 of LNCS, Seiten 18–33, 2006.
- [SM07] Thomas Sauer und Kerstin Maximini. Supporting Workflow Management by Automated Enactment Tracking. In *Proceedings of the 4th Conference on Professional Knowledge Management*, Seiten 109–118, 2007.
- [SMW08] Thomas Sauer, Mirjam Minor und Sascha Werno. An Agent-oriented System for Workflow Enactment Tracking. In *Proceedings of the 17th Workshops on Enabling Technologies: Infrastructures for collaborative enterprises (WETICE'08)*, Seiten 235–240. IEEE Computer Society, 2008.
- [vdAvH02] Wil M. P. van der Aalst und Kees van Hee. *Workflow Management: Models, Methods and Systems*. MIT Press, 2002.
- [vdAWM04] Wil M. P. van der Aalst, A.J.M.M. Weijters und Laura Maruster. Workflow Mining: Discovering Process Models from Event Logs. *Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 16(9):1128–1142, 2004.
- [Wei00] Gerhard Weiss, Hrsg. *Multiagent Systems: A Modern Approach to Distributed Artificial Intelligence*. MIT Press, 2000.
- [zM04] Michael zur Muehlen. Organizational Management in Workflow Applications - Issues and Perspectives. *Information Technology and Management*, 5(3):271–291, 2004.



Thomas Sauer wurde am 18. April 1977 in Bad Dürkheim geboren. Von 1997 bis 2002 studierte er Informatik mit Nebenfach Mathematik an der Universität Kaiserslautern. Nach seinem Abschluss als Diplom-Informatiker trat er 2003 in die rjm business solutions GmbH als Mitglied der Geschäftsführung und als Mitgesellschafter ein. Er verantwortet seitdem die Bereiche Software-Entwicklung und IT-Dienstleistungen. Im Rahmen einer in 2004 begonnenen Forschungskooperation mit dem Lehrstuhl für Wirtschaftsinformatik II an der Universität Trier promovierte er in 2010 parallel zu seiner beruflichen Tätigkeit zum Dr. rer. nat. Seine Forschungsinteressen umfassen neben allen

Aspekten des Geschäftsprozessmanagements insbesondere die Unterstützung von Unternehmen durch agile Workflows.

TRIXX BMI - Virtuelles Screening mit Indextechnologie

Jochen Schlosser

jochen.schlosser@gmail.com

Abstract: Im Folgenden wird ein Verfahren namens TRIXX BMI vorgestellt, welches den sequentiellen Ansatz traditioneller Tools im Bereich des virtuellen Screenings umgeht. Das neue Verfahren basiert auf einem innovativen Deskriptor, welcher physikochemische Eigenschaften von Proteinen und Wirkstoffen kodiert. Der Deskriptor wird in einem Vorverarbeitungsschritt für alle Liganden unter Berücksichtigung ihrer Flexibilität berechnet und indiziert gespeichert. Mit Hilfe komplementärer, auf dem aktiven Zentrum beruhenden Anfragedeskriptoren ist es möglich, Ligandplatzierungen innerhalb des Proteins zu identifizieren. Sowohl chemische als auch räumliche Komplementarität werden bereits auf der abstrakten Deskriptorebene behandelt. Moleküle ohne Deskriptorplatzierung werden von weiteren Berechnungen ausgeschlossen. Dieser nicht-sequentielle Zugriff auf die Molekülbibliothek beschleunigt das virtuelle Screening – bei vergleichbarer Qualität der Ergebnisse – um eine Größenordnung. Zudem können pharmakophore Eigenschaften, die ein bevorzugtes Interaktionsmuster des Proteins darstellen, als Bestandteil der Deskriptoranfrage verwendet werden. Dadurch wird das Verfahren um eine weitere Größenordnung beschleunigt.

1 Einleitung

Die Entwicklung eines neuen Wirkstoffs im Rahmen der Suche nach neuen Medikamenten ist ein hochkomplexer Vorgang. Im Schnitt vergehen ca. 10 Jahre bis ein neuer Wirkstoff alle Entwicklungsstufen durchlaufen hat, um dann als neues Medikament auf den Markt zu gelangen. Die Beschleunigung dieses nicht nur zeit-, sondern auch kapitalintensiven Prozesses, unter Beibehaltung oder Verbesserung der aktuell geltenden Anforderungen, ist daher von immenser Bedeutung. Virtuelle Methoden, welche das Verständnis der biochemischen Abläufe verbessern, automatisierte Filterentscheidungen oder Nebenwirkungsvorhersagen treffen, können daher die Entwicklungsgeschwindigkeit und Qualität eines neuen Medikaments entscheidend verbessern.

Der moderne Wirkstoffentwurf ist ein mehrphasiger Prozess (siehe Abbildung 1). In diesem werden virtuelle Verfahren zu verschiedenen Zeitpunkten angewendet. Die ersten beiden Schritte *Zielidentifikation* und *Zielvalidierung* sind heutzutage weiterhin durch experimentelle Analysen geprägt.

In der nächsten Stufe – *Leitstrukturidentifikation* – wird strukturbasiertes virtuelles Screening (VS) basierend auf hochaufgelösten kristallographischen Daten des Zielproteins durchgeführt. Mittels VS werden mögliche Wirkstoffkandidaten algorithmisch bezüglich ihrer chemischen und sterischen Passgenauigkeit überprüft. Die entsprechenden Bindungsaffinitäten und damit die potentielle Wirksamkeit dieser Liganden werden durch eine Heu-

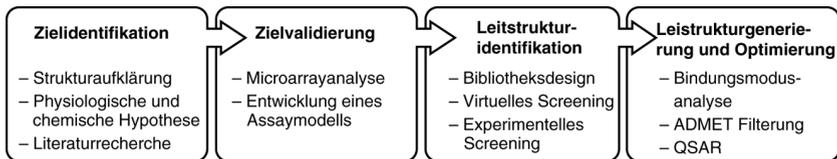


Abbildung 1: Verschiedene Phasen des Wirkstoffentwurfs.

ristik berechnet. Zur Berechnung der Lage und der Affinität können verschiedene methodische Ansätze verfolgt werden [MEL⁺08, WAC⁺06]. State-of-the-Art Ansätze basieren sowohl auf randomisierten, als auch deterministischen Platzierungsalgorithmen. Die Bewertungsfunktionen werden in empirische, wissens- oder kraftfeldbasierte Ansätze unterteilt. Nach Abschluss des VS werden biochemische Hochdurchsatzexperimente durchgeführt, um aus der virtuellen Kandidatenmenge die tatsächlich bioaktiven Leitstrukturen herauszufiltern.

In der letzten Phase – *Leitstrukturgenerierung und Optimierung* – werden die vielversprechendsten Kandidaten der vorherigen Stufe unter Berücksichtigung verschiedener Faktoren (z.B. Stoffwechselverhalten, Toxizität) optimiert. Weitere virtuelle Verfahren können unterstützend eingesetzt werden.

2 Problembeschreibung

Strukturbasiertes VS bewertet große chemische Bibliotheken mit dem Ziel bioaktive Liganden für ein Zielprotein automatisch zu identifizieren und somit die Kandidatenmenge für anschließende experimentelle Studien signifikant zu verringern. Dies reduziert nicht nur die Kosten einer Forschungskampagne, sondern verbreitert auch das Wissen über den Ablauf von biochemischen Prozessen.

Im Kontext von strukturbasierten VS müssen zwei Basisprobleme gelöst werden.

- *Bindungsmodusvorhersage*: Für einen gegebenen Liganden werden die möglichen Andockpositionen am Zielprotein berechnet. Eine biochemisch sinnvolle Positionierung sollte im Sinne des Schlüssel-Schloss-Prinzips kompatibel sein und gleichzeitig energetisch günstige Wechselwirkungen mit dem Protein eingehen; Der Ligand muss die aktive Bindetasche des Proteins möglichst ausfüllen und die essentiellen Interaktionen herstellen.
- *Schätzung der experimentellen Bindungsaffinität*: VS wird meist automatisiert für mehrere Millionen von Liganden und ein Zielprotein durchgeführt. Die resultierenden Platzierungsvorschläge müssen in eine energetisch sinnvolle Reihenfolge gebracht werden, um die Kandidatenmenge automatisiert zu filtern. Automatisierte Bewertungsmechanismen sind daher unerlässlich. Die in diesem Kontext wichtige Bewertung energetischer Differenzen ist aufwendig und bereits ein Forschungs-

schwerpunkt für sich. Das hier vorgestellte Verfahren ist bezüglich verschiedener Bewertungsmechanismen parametrisierbar, beinhaltet jedoch keine wissenschaftlich relevanten Weiterentwicklungen in diesem Bereich.

Beide oben skizzierten Probleme sind bereits unter der Annahme von starren Proteinen und Liganden nicht trivial lösbar. Aufgrund der kontinuierlichen Eigenschaft des dreidimensionalen Lösungsraumes müssen bei der Platzierungssuche vereinfachende Annahmen getroffen werden, um vielversprechende Lösungen ausreichend schnell zu identifizieren. Zudem sind Protein und Ligand in natura flexible Objekte, deren Konformation (dreidimensionale Ausprägung/Form) nicht starr gegeben ist, sondern sich kontinuierlich ändert. Eine geeignete diskrete Repräsentation der physikochemischen Eigenschaften, der Flexibilität und der möglichen Wechselwirkungen eines Moleküls ist somit notwendig.

3 Methode

TRIXX BMI [SR09] verfolgt einen hierarchischen Screeningansatz, der auf einem einmaligem Vorberechnungsschritt beruht (siehe Abbildung 2) und sich signifikant von anderen Verfahren durch die Verwendung von indizierten physikochemischen Deskriptoren unterscheidet. Der Prozess des VS kann daher in zwei disjunkte Phasen aufgeteilt werden.

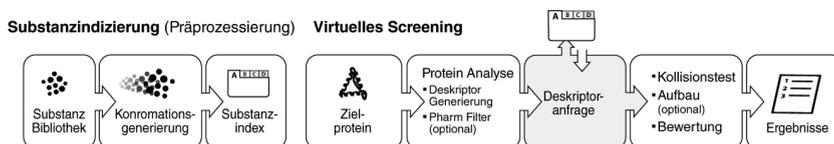


Abbildung 2: Der TRIXX BMI Workflow mit Vorverarbeitung und Screeningphase.

- *Indizierung der Substanzbibliothek:* In diesem Schritt wird die Flexibilität jeder Substanz durch die Berechnung einer geeigneten Menge an Konformationen diskretisiert. Im Anschluss werden pro Molekül und Konformation hochdimensionale Deskriptoren berechnet. Die Menge aller Deskriptoren bildet den so genannten Substanzindex, welcher Basis aller nachfolgenden VS-Experimente ist.
- *Virtuelles Screening:* In dieser Phase wird das strukturbasierte VS durchgeführt. Basierend auf dem aktuellen Zielprotein werden zu den Substanzdeskriptoren komplementäre Proteindeskriptoren berechnet. Mittels dieser Proteindeskriptoren werden aus dem Substanzindex passende Substanzdeskriptoren extrahiert. Jedes passende Deskriptorpaar impliziert eine Molekültransformation und damit einen Platzierungsvorschlag. Diese Vorschläge werden im Anschluss detaillierter analysiert, optimiert und mit einer Scoringfunktion bewertet.

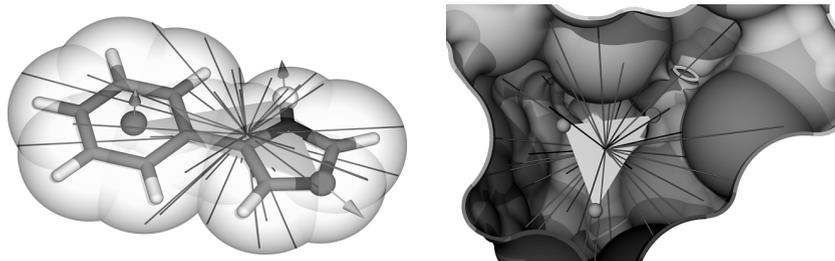


Abbildung 3: Dreidimensionales Bild von TRIXX BMI Substanz- und Proteindeskriptor.

3.1 TRIXX BMI Deskriptor

Das zentrale Konzept, welches diese beiden Phasen verbindet, ist der TRIXX BMI Deskriptor (siehe Abbildung 3). Diese innovative Beschreibung von molekularen Eigenschaften ermöglicht den Vergleich von Substanzen bezüglich ihrer chemischen und sterischen Komplementarität auf der abstrakten Deskriptorebene. SQL-Anfragen werden basierend auf Proteindeskriptoren formuliert und durch ein Bitmapindexsystem ausgewertet. Nur diejenigen Substanzen, für die ein entsprechender Deskriptor auf Proteinseite vorliegt, werden platziert und bewertet. Durch diesen indexbasierten Filterschritt durchbricht TRIXX BMI das Paradigma des sequentiellen VS.

Ein Deskriptor repräsentiert den Typ der beteiligten Interaktionen, die paarweisen euklidischen Abstände zwischen diesen, die individuellen Interaktionsrichtungen und zusätzlich noch eine Beschreibung der räumlichen Ausdehnung des Liganden. Die Berechnung dieser einzelnen Attribute wird so durchgeführt, dass Interaktionstyp und Form für Substanz- und Proteindeskriptoren komplementär berechnet werden, um später einen passenden Treffer zu finden. Basierend auf einer Graphbeschreibung von Molekülen – Atome als Knoten, Bindungen als Kanten zwischen diesen – werden Triplets von chemischen Interaktionspunkten als Deskriptorbasis verwendet. Bei Liganden besteht ein solches Triplet aus sogenannten CIACs [SR07] (c_1, c_2, c_3), welche potentielle wechselwirkende Atome beschreiben. Proteindeskriptoren basieren hingegen auf SIACs [SR04] (s_1, s_2, s_3), welche eine Diskretisierung von Wechselwirkungsgeometrien darstellen.

Die innovative Formbeschreibung des Deskriptors besteht aus einem 80 dimensionalen Vektor (b_1, \dots, b_{80}), der Ausdehnung bzw. Ausbreitung in verschiedene Richtungen, ausgehend vom Zentrum des Deskriptors, speichert. Die Berechnung dieser Richtungen b_i wird wie folgt durchgeführt. Basierend auf einer kanonischen Ordnung des Deskriptortriplets wird ein verfeinerter Ikosaeder innerhalb des jeweiligen Triplets ausgerichtet. Anhand dieser Alignierung ist eine eindeutige Ausrichtung der 80 durch den Ikosaeder gegebenen Richtungsvektoren möglich. Für Substanzdeskriptoren kodiert jedes b_i die Ausbreitung des Liganden in eine bestimmte Richtung, für Proteindeskriptoren beschreiben die jeweiligen b_i die Größe der Kavität der aktiven Bindetasche. Diese Beschreibung der dreidimensionalen Form ermöglicht einen sinnvollen Vergleich zwischen der räumlichen Ausbreitung eines Liganden und der räumlichen Umgebung eines Proteindeskriptors.

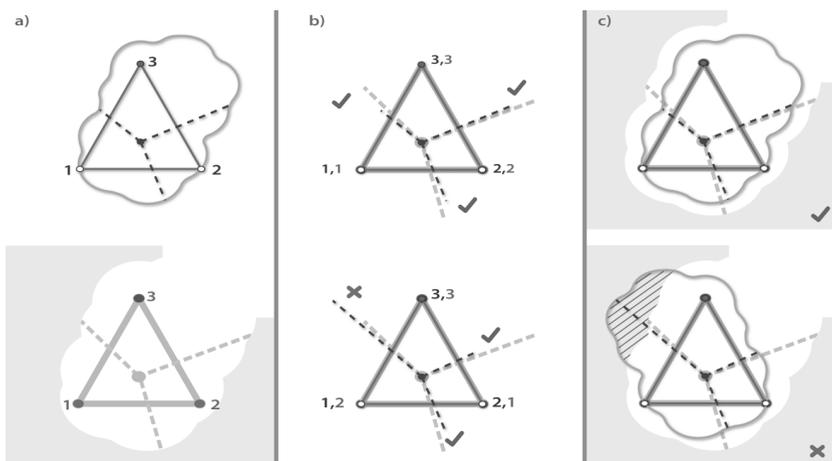


Abbildung 4: (a) Zweidimensionales Beispiel des Deskriptors. (b) Kollisionsdetektion der beiden Überlagerungen auf Deskriptorebene und (c) zur Veranschaulichung die jeweiligen Transformation des Liganden in die Bindetasche.

3.2 Vorverarbeitung

Im Rahmen der Vorverarbeitung ist es vonnöten, die den Liganden innewohnende Flexibilität abzubilden. Dies geschieht durch die Berechnung so genannter Konformationsensembles. Die Berechnung mit dem TriXX Conformer Generator (TCG) [GKSR09] verwendet eine energiegeleitete alternierende Besten-/Tiefensuche durch den Raum der möglichen Konformationen. Zusätzliche obere und untere Schranken, die eine gewisse Anzahl an Konformationen fordern bzw. die maximale Größe des zu durchsuchenden Suchraums einschränken, verbessern die Qualität der Ergebnisse und reduzieren die Laufzeit. Jeder Parameter hängt von der Flexibilität des zu prozessierenden Liganden – der Anzahl azyklisch rotierbarer Bindungen kombiniert mit der Anzahl und Größe der Ringsysteme – ab. Für jedes dieser Ensembles werden im Anschluss TRIXX BMI Deskriptoren generiert und für jedes Attribut komprimierte Bitmapindizes [Kes05] berechnet.

3.3 Virtuelles Screening

Während des VS werden für jeden Proteindeskriptor Anfragen generiert. Passende Protein- und Substanzdeskriptoren müssen bezüglich aller Attribute kompatibel sein: Gleicher Interaktionstyp, delta-kompatible Interaktionsabstände und Interaktionsrichtungen, sowie eine auf Deskriptorebene nicht kollidierende räumliche Ausdehnung. Die Gesamtanfrage besteht aus 93 Dimensionen und profitiert durch die vollständige Auswertung auf komprimierten Bitmapindizes. Diese sind für hochdimensionale Anfragen geeignet und bieten

zudem verschiedene Kodierungsschemata zur Unterstützung von Gleichheits- bzw. Intervallanfragen.

Abbildung 4 illustriert beispielhaft in 2D wie eine valide Platzierung auf Basis des Deskriptors identifiziert wird und wie der Filtermechanismus Kollisionen detektiert. Alle validen Deskriptorpaare werden mittels einer temporären Datenbank zwischengespeichert und in einem späteren Schritt postprozessiert. Innerhalb dieses Schrittes werden die entsprechenden Liganden geladen, mit dem verwendeten chemischen Modell initialisiert und entsprechend der Interaktionspaare $((s_1, c_1), (s_2, c_2), (s_3, c_3))$ überlagert. Erst im Anschluss werden aufwändige Kollisionserkennungs-, dann Optimierungs- und zum Abschluss Bewertungsroutinen durchgeführt. Dieser hierarchische Ablauf garantiert, dass nur solche Lösungen komplex analysiert werden, die die vorherigen größeren Filterschritte passieren konnten.

TRIXX BMI unterscheidet sich von allen anderen derzeit bekannten Ansätzen durch die abstrahierte Kollisionserkennung und durch die Tatsache, dass die gesamte Anfrage indexunterstützt durchgeführt wird.

4 Ergebnisse

TRIXX BMI ist ein mehrstufiger Prozess, daher ist die Evaluierung ebenfalls in mehrere Teile getrennt. Zuerst wird das Ergebnis der Konformationsanalyse untersucht. Im Anschluss werden die Resultate des VS analysiert: In Redockingstudien wird die Qualität der Ligandplatzierung und somit die Validität des vorhergesagten Komplexes bewertet. Durch Anreicherungsstudien wird evaluiert, wie der neue Ansatz bekannte aktive gegenüber inaktiven Verbindungen behandelt. Zum Abschluss werden die Performancekennzahlen präsentiert.

4.1 Konformationsanalyse

Im Rahmen dieser Analyse wird versucht mittels TCG die dreidimensionale Struktur von bekannten bioaktiven Verbindungen aus co-krystallisierten Protein-Ligandkomplexen vorherzusagen. Als Qualitätskriterium wird die minimale RMSD des Konformationsensembles zu dem jeweiligen co-krystallisierten Liganden im Komplex verwendet. Im Allgemeinen gilt eine RMSD unter $2,0 \text{ \AA}$ für nachfolgende VS-Experimente als geeignet, eine RMSD unter $1,5 \text{ \AA}$ als ausreichend für weitere strukturelle Analysen. Um die Resultate des TCG qualitativ bewerten zu können, werden im Folgenden auch die Daten der beiden marktbeherrschenden Tools präsentiert. Abbildung 5 zeigt die Ergebnisse der drei verschiedenen Tools für einen allgemein zugänglichen Testdatensatz. Für TCG werden drei verschiedene Parametrisierungen präsentiert. Für das VS relevant ist das Qualitätslevel 1 (QL1), welches darauf abzielt eine möglichst gute Qualität der Ergebnisse zu erzielen, gleichzeitig aber die Anzahl der Konformationen gering zu halten. Es ist ersichtlich, dass TCG in der Lage ist Konformationsensembles in vergleichbarer Qualität zum State-of-the-

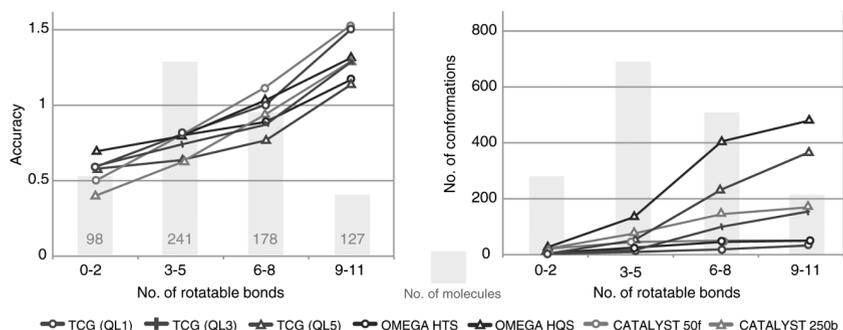


Abbildung 5: Ergebnisse der Konformationsanalyse mittels TCG.

Art zu produzieren. Insbesondere zeigt sich die Fähigkeit in QL1 dieses Ergebnis mit einer sehr geringen Anzahl an Konformationen zu erzeugen.

4.2 Redocking

Im Allgemeinen gilt für Redockingexperimente, dass eine Reproduktion der bioaktiven Struktur eines Protein-Ligandkomplexes als gelungen gilt, wenn eine Platzierung mit einer RMSD von unter 2,0 Å gefunden wird. Tabelle 1 zeigt, dass TRIXX BMI im Vergleich zu den Konkurrenzprodukten vergleichbare Ergebnisse erzielt. Bei Platzierungen unter 3,0 Å, die mittels Postprozessierungstools als optimierbar gelten, ist sogar ein Verbesserung der Qualität erkennbar. Generell gilt, dass der Einfluss der verwendeten Bewertungsfunktion auf die Ergebnisse nicht zu unterschätzen ist, da innerhalb der Rangfolge der durch TRIXX BMI generierten Posen auf hinteren Rängen noch relevante Ergebnisse gefunden werden. Zudem ist erkennbar, dass das Tool FLEXX bezüglich exakter Platzierungen unter 1,0 Å Vorteile hat, welche aber im Rahmen einer Postprozessierung ausgeglichen werden können, falls dies vom Nutzer gewünscht ist: In einem Test wurde die Anzahl von Posen unter 1,0 Å unter den 20 besten Rängen von 27 auf über 50 erhöht.

Tool	Ränge	RMSD [Å] ≤			
		1.0	1.5	2.0	3.0
GOLD	avg(20)	n.a.	n.a.	64[75]	n.a.
FLEXX	top(20)	38[45]	53[62]	61[72]	65[76]
TRIXX BMI	top(20)	25[29]	47[55]	61[72]	71[84]
TRIXX BMI	top(200)	27[32]	53[62]	68[80]	78[92]

Tabelle 1: Anzahl ([%]) an Platzierungen (innerhalb der besten n Ränge) aus 85 Protein-Ligandkomplexen aus einem öffentlichen Datensatz. TRIXX BMI Ergebnisse basieren auf TCG Konformationsensembles in QL1.

4.3 Anreicherung

In Anreicherungsexperimenten wird untersucht, ob ein Tool bekannte bioaktive Verbindungen aus einer Menge an zufälligen, nicht-aktiven Verbindungen bevorzugt selektiert und damit einem rein zufälligen Mechanismus überlegen ist. Unter Verwendung eines frei verfügbaren Datensatzes und den Ergebnissen einer externen Evaluierungsstudie wird TRIXX BMI im Folgenden mit den führenden Werkzeugen auf dem Markt verglichen. Es zeigt sich, dass der neu entwickelte Ansatz in der Lage ist qualitativ gleichwertige Ergebnisse zu liefern. Über 40 verschiedene Zielproteine hinweg liefert TRIXX BMI im Mittel das drittbeste Ergebnis. Bemerkenswert ist hierbei die Tatsache, dass es bei allen der untersuchten Proteinfamilien ein gutes Ergebnis erzielt. In Abbildung 6 wird beispielhaft gezeigt, dass diese Ergebnisse auf chemisch validen Platzierungen basieren.

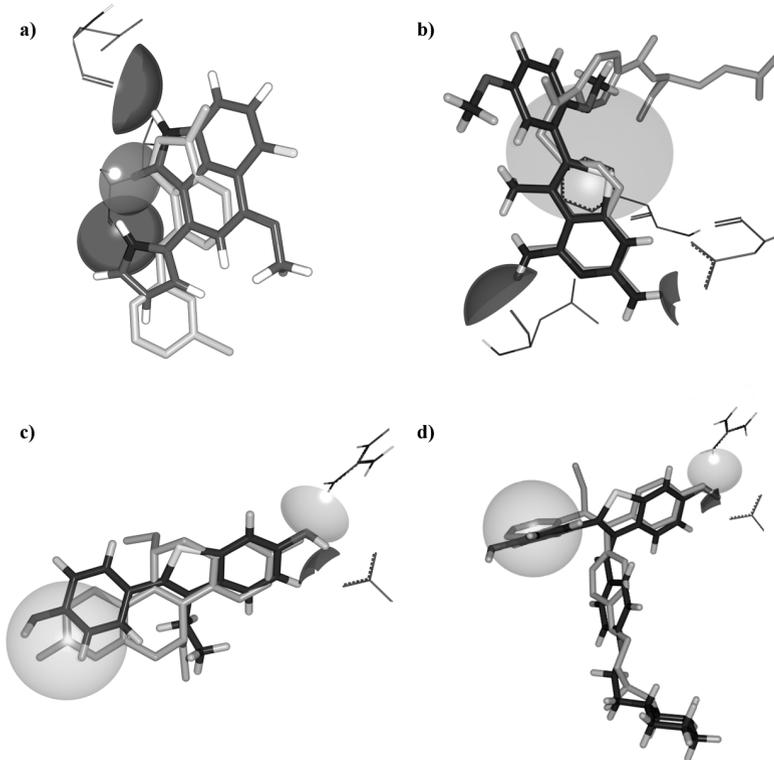


Abbildung 6: Bestbewertete aktive Verbindung von TRIXX BMI für vier ausgesuchte Zielproteine mit und ohne pharmakophore Suchbedingungen (Rang mit | ohne Bedingung): (a) CDK2 (119), (b) DHFR (112), (c) Östrogen Agonist (4141) und (d) Östrogen Antagonist (5113). Donoren sind in grau, Akzeptoren in rot und räumliche Bedingungen als gelbliche Sphäre abgebildet. Die bioaktive Struktur des Komplexes ist in Orange zu sehen.

4.4 Laufzeit und Skalierbarkeit

Tabelle 2 zeigt die Laufzeiten von TRIXX BMI verglichen zu FLEXX, welches eines der schnellsten derzeit verwendeten Tools ist. Es werden sowohl Experimente auf Basis der bereits in der Anreicherung verwendeten Daten (DUD Index), als auch auf zufälligen Molekülen (Z_2 Index) präsentiert. Bereits im Basismodus ist der neue Ansatz im Mittel um den Faktor 32,5 schneller als FLEXX. Anhand der bereits in den Anreicherungsexperimenten verwendeten Zielproteine wird gezeigt, dass die zusätzliche Verwendung von Filterkriterien, wie sie in der späteren Anwendung üblich ist, eine Beschleunigung um eine weitere Größenordnung nach sich zieht.

Target	Runtime [s] on			
	DUD Index		Z_2 Index	
	TRIXX BMI	FLEXX	TRIXX BMI	FLEXX
CDK2	0,48 (0,05)	6,4 (5,5)	0,25 (0,02)	5,4 (3,5)
DHFR	3,16 (0,13)	9,2 (14,4)	0,37 (0,04)	9,1 (3,2)
Östrogen Agonist	0,20 (0,06)	6,2 (6,2)	0,13 (0,04)	3,1 (3,3)
Östrogen Antagonist	1,84 (0,10)	16,6 (21,7)	0,32 (0,03)	6,8 (6,3)
Astex Diverse Set	n.a. (n.a.)	n.a. (n.a.)	0,24 (n.a.)	7,8 (n.a.)

Tabelle 2: Durchschnittliche Laufzeiten von TRIXX BMI und FLEXX ohne (und mit) pharmakophoren Filterbedingungen.

Da TRIXX BMI Substanzindizes im Zuge einer Shared-Nothing-Architektur auf parallelen Rechnerarchitekturen verteilt werden können, ist ein Einsatz in solchen Umgebungen möglich, ohne großen Kommunikationsoverhead zu erzeugen. Um dies zu zeigen, wurden 1,7 Millionen zufällige Substanzen aus der ZINC Datenbank [IS05] auf 48 Clusterknoten mit 2,4 GHz Dual Xeon CPUs und 4 GB RAM verteilt. In diesem Setup ist es möglich, die oben gezeigten Laufzeiten in parallelem Betrieb zu erhalten und die gezeigten Experimente unter Verwendung von pharmakophoren Filtern in weniger als 30 Minuten – verglichen zu 17 Stunden im günstigsten Falle für FLEXX – durchzuführen.

5 Zusammenfassung und Ausblick

Basierend auf einem innovativen molekularen Deskriptor ermöglicht TRIXX BMI indexunterstütztes strukturbasiertes VS. Die Ergebnisse zeigen, dass dieser neue Ansatz bekannte Protein-Ligandkomplexe reproduzieren kann und bioaktive Verbindungen signifikant anreichert. Die Qualität der Ergebnisse liegt auf dem Niveau der derzeit besten verfügbaren Ansätze. Im Vergleich zu herkömmlichen Verfahren wird das VS um bis zu zwei Größenordnungen beschleunigt. Zudem skaliert das System in parallelen Rechnerumgebungen: Experimente, die sonst mehrere Tage benötigen, können somit in wenigen Stunden durchgeführt werden.

Auf Basis von TRIXX BMI können komplexere Probleme im Bereich VS angegangen

werden. Hier ist insbesondere die Integration von Flexibilität auf Seiten des Zielproteins zu nennen, welche mit aktuellen Lösungen sehr lange Laufzeiten nach sich zieht.

Technische Verbesserung von TRIXX BMI sind im Bereich von GP-GPU Algorithmen vorstellbar. Insbesondere im Bereich der Kollisionserkennung und im Rahmen der Bewertungsfunktionen kann das Verfahren noch zusätzlich beschleunigt werden.

Literatur

- [GKSR09] A. Griewel, O. Kayser, J. Schlosser und M. Rarey. Conformational Sampling for Large-Scale Virtual Screening: Accuracy versus Ensemble Size. *Journal of Chemical Information and Modeling*, 49:2303, 2009.
- [IS05] J.J. Irwin und B.K. Shoichet. ZINC—a free database of commercially available compounds for virtual screening. *Journal of Chemical Information and Modeling*, 45(1):177–182, 2005.
- [Kes05] W. Kesheng. FastBit: an efficient indexing technology for accelerating data-intensive science. *Journal of Physics: Conference Series*, 16:556, 2005.
- [MEL⁺08] N. Moitessier, P. Englebienne, D. Lee, J. Lawandi und C.R. Corbeil. Towards the development of universal, fast and highly accurate docking/scoring methods: a long way to go. *British Journal of Pharmacology*, 153 Suppl 1:S7–26, 2008.
- [SR04] I. Schellhammer und M. Rarey. FlexX-Scan: fast, structure-based virtual screening. *Proteins*, 57(3):504–517, 2004.
- [SR07] I. Schellhammer und M. Rarey. TriXX: structure-based molecule indexing for large-scale virtual screening in sublinear time. *Journal of Computer-Aided Molecular Design*, 21(5):223–238, 2007.
- [SR09] J. Schlosser und M. Rarey. Beyond the Virtual Screening Paradigm: Structure-Based Searching for New Lead Compounds. *Journal of Chemical Information and Modeling*, 49(4):800–809, 2009.
- [WAC⁺06] G.L. Warren, C.W. Andrews, A.-M. Capelli, B. Clarke, J. LaLonde, M.H. Lambert, M. Lindvall, N. Nevins, S.F. Semus, S. Senger, G. Tedesco, I.D. Wall, J.M. Woolven, C.E. Peishoff und M.S. Head. A critical assessment of docking programs and scoring functions. *Journal of Medicinal Chemistry*, 49(20):5912–5931, 2006.



Jochen Schlosser, geboren 1978 in Eschweiler, studierte von 1999 bis 2005 Informatik an der RWTH Aachen. Nach Abschluss seiner Diplomarbeit mit dem Thema "Strombasierte Verarbeitung von Intervall-Joins" arbeitete er als wissenschaftlicher Mitarbeiter von 2005 bis 2009 am Zentrum für Bioinformatik in Hamburg und schloss seine Promotion mit Auszeichnung ab. Derzeit ist er als Entwicklungsleiter bei der Empulse GmbH in Köln mit Schwerpunkt auf Datenbankentwicklung beschäftigt.

Eine Methode zur Muster- und Komponentenbasierten Software-Entwicklung im Bereich IT-Sicherheit

Holger Schmidt
holger.schmidt@uni-duisburg-essen.de

Abstract: Wir präsentieren eine *Methode* zur systematischen Entwicklung *sicherer* Software mit Hilfe von *Mustern* und *Komponenten*, welche insbesondere die Phasen der Anforderungsanalyse, der Spezifikation und des Architekturentwurfs einbezieht. Dabei stellen wir Muster zur Analyse und Dokumentation von *Sicherheitsanforderungen* sowie für deren Realisierung durch geeignete Sicherheitsmechanismen vor. Die Sicherheitsanforderungen sowie die Lösungsansätze modellieren wir mit Hilfe einer formalen Spezifikationsprache, um zu zeigen, dass die Lösungsansätze geeignet sind die Sicherheitsanforderungen in der zuvor analysierten Einsatzumgebung zu erfüllen. Ausgehend von der so spezifizierten Software und mit Hilfe weiterer Muster für *Sicherheitskomponenten* und *-architekturen* beschreiben wir, wie man ein sicheres Softwareprodukt konstruieren kann.

1 Einführung

Das Gebiet des *Software Engineering* beschäftigt sich mit allen Phasen der Softwareentwicklung und dabei insbesondere mit der *Qualität* von Software. In der heutigen Zeit ist die *IT-Sicherheit* im Sinne von Vertraulichkeit, Integrität und Verfügbarkeit als Qualitätsanforderung von besonderer Bedeutung. Gründe dafür sind z.B. dass Gesetze und Normen oft Sicherheitsmaßnahmen vorschreiben und viele Softwareprodukte mit dem unsicheren Internet verbunden sind.

Während bereits viele Techniken, Algorithmen und Protokolle wie Verschlüsselungsmechanismen und Hashing zum Schutz von Softwaresystemen existieren, wurde bis dato verhältnismäßig wenig Forschung im Bereich des *sicheren Software Engineering*, d.h. der systematischen Entwicklung sicherer Software, betrieben. Die Ergebnisse der bisherigen Bemühungen sind eher inselartige Ansätze, die sich insbesondere auf die Feinentwurfs- und Implementierungsphasen konzentrieren, wie z.B. *UMLsec* [Jür05].

Schon seit längerer Zeit ist man im Software Engineering zu der Einsicht gelangt, dass ein besonders hoher Arbeitsaufwand in den frühen Phasen der Softwareentwicklung, d.h. der Anforderungsanalyse, der Systemspezifikation und dem Architekturentwurf, nicht nur zu einer Kostenreduktion in den späten Phasen, wie z.B. dem Testen, sondern auch zu einer verbesserten Qualität der Softwareprodukte führt. Dies ist auch ein viel versprechender Ansatz in Bezug auf IT-Sicherheit. Daher sollten *Sicherheitsanforderungen* bereits zu Beginn des Entwicklungsprozesses und über alle weiteren Phasen hinweg berücksichtigt werden.

Wir präsentieren eine *ingenieurmäßige Methode* zur Entwicklung sicherer Software, welche die Disziplinen Software Engineering und IT-Sicherheit integriert und einen starken Fokus auf die frühen Phasen der Softwareentwicklung legt. Dabei sind jeder Phase verschiedene Arten von *Mustern* zugeordnet. Wir bezeichnen die Methode als *Security Engineering*

Process using Patterns oder kurz *SEPP*. Die *Anforderungsanalysephase* nutzt Muster für die Strukturierung, Charakterisierung und Analyse von typischen Sicherheitsproblemen, z.B. die Erhaltung der Vertraulichkeit und Integrität von Daten während der Übertragung über ein unsicheres Netzwerk. SEPP sieht die Verwendung eines weiteren Mustertyps zur Auswahl geeigneter generischer Sicherheitsmechanismen vor, z.B. Passwort-basierte symmetrische Verschlüsselung. Diese Muster sind in einem *Mustersystem* organisiert, mit dem eine systematische Identifizierung abhängiger Sicherheitsprobleme und deren Lösung mit Hilfe von Sicherheitsmechanismen möglich ist. In der *Spezifikationsphase* von SEPP verfolgen wir einen musterbasierten Ansatz zur formalen Spezifikation von Sicherheitsanforderungen als *Informationsflusseigenschaften*. Wir zeigen, wie wir basierend auf einer Verfeinerungsrelation verifizieren können, dass ein in der Analysephase ausgewählter Sicherheitsmechanismus geeignet ist, die zugehörige Sicherheitsanforderung in einer gegebenen Einsatzumgebung zu erfüllen. In der *Architekturentwurfsphase* verwendet SEPP *Muster für Sicherheitskomponenten und -architekturen* zur Realisierung der zuvor erstellten Spezifikation. Dabei konstruieren wir zunächst eine plattformunabhängige globale *Softwarearchitektur*, welche wir anschließend mit Hilfe maßgeschneiderter und off-the-shelf Komponenten zu einer plattformabhängigen Softwarearchitektur weiterentwickeln.

Der Beitrag ist folgendermaßen strukturiert: In Abschnitt 2 präsentieren wir SEPP anhand eines Beispiels. Wir besprechen in Abschnitt 3 den Stand der Forschung in den für diesen Beitrag relevanten Gebieten. Abschließend geben wir in Abschnitt 4 eine kurze Zusammenfassung und einen Ausblick.

2 Entwicklung Sicherer Software mit Mustern und Komponenten

In jedem der folgenden drei Unterabschnitte präsentieren wir jeweils die für die verschiedenen Phasen von SEPP entwickelten neuartigen Konzepte und Musterarten. Dabei gehen wir auf die SEPP zugrunde liegende Methodik ein und beschreiben wie man die verschiedenen Entwicklungsartefakte konstruieren kann. Weiterhin zeigen wir in jedem Unterabschnitt die jeweilige Phase von SEPP beispielhaft anhand der Entwicklung eines *sicheren Texteditors*.

Erhebung, Analyse und Dokumentation von Sicherheitsanforderungen Muster sind ein Mittel, um Softwareentwicklungswissen zu konservieren und wiederzuverwenden. Dabei kann dieses Wissen aus verschiedenen Phasen des Software Engineering stammen. Es stehen Muster für viele Entwicklungsaktivitäten zur Verfügung, wie z.B. *Problem Frames* [Jac01] zur Analyse und Klassifizierung von Softwareentwicklungsproblemen und *Entwurfsmuster* [GHJV95] für den Feinentwurf. Muster unterstützen dabei, Software systematisch zu konstruieren.

Es gibt bereits Muster zur Entwicklung sicherer Software, allerdings nur für die Feinentwurfsphase (siehe auch Abschnitt 3). Basierend auf Jacksons Problem Frames haben wir daher spezielle Muster zur Analyse und Dokumentation von häufig auftretenden Sicherheitsproblemen entwickelt [HHS06]. Wir nennen diesen Mustertyp *Security Problem Frames* oder kurz *SPFs*. Dabei betrachten SPFs *Sicherheitsprobleme*, ohne die Verwendung bestimmter *Sicherheitsmaßnahmen* zur Lösung dieser Probleme vorwegzunehmen. Zum Beispiel kann man über die vertrauliche Übermittlung von Daten über eine unsichere Net-

zwerkverbindung sprechen, ohne auf die Verwendung eines möglichen Lösungsmechanismus wie z.B. Verschlüsselung einzugehen. Diese Vorgehensweise ist im Bereich der Sicherheit besonders wichtig, da es zur erfolgreichen Beseitigung von Sicherheitsproblemen notwendig ist, die zukünftige *Einsatzumgebung* der zu entwickelnden Software detailliert zu analysieren bevor man adäquate Lösungsmechanismen auswählen kann. Insgesamt führt die Trennung von Problemen und Lösungen gemäß des “separation of concerns” Prinzips zu einem verbesserten Verständnis der Probleme und einer einfacheren Wiederverwendbarkeit von Problembeschreibungen.

Jeder SPF ist gemäß einer einheitlichen Vorlage dokumentiert. Diese umfasst einen *Namen* zur Beschreibung des adressierten Problems, eine grafische Darstellung in Form eines *Frame-Diagramms*, eine *informelle Beschreibung* des SPFs sowie der jeweils betrachteten Sicherheitsanforderung in natürlicher Sprache und einer als *Effekt* bezeichneten formalen Beschreibung dieser Sicherheitsanforderung. Abbildung 1 zeigt das Frame-Diagramm einer Instanz des *SPF Confidential Data Storage* für den sicheren Texteditor.

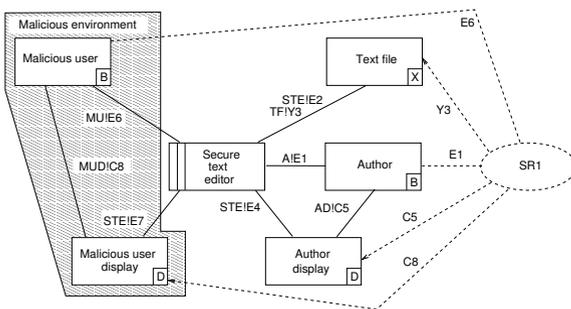


Figure 1: Instanzierter *SPF Confidential Data Storage* “Sicherer Texteditor”

Zur Instantiierung von SPFs ist es zunächst notwendig die Umgebung, in der die verschiedenen Entwicklungsprobleme lokalisiert sind, ausführlich zu analysieren und in Form eines *Kontextdiagramms* [Jac01] zu dokumentieren. Dieses Diagramm zerlegt man mit Hilfe von Problem Frames und SPFs so, dass gemäß des “divide and conquer” Prinzips beherrschbare Unterprobleme entstehen. Dabei passt man die funktionalen Probleme in Problem Frames und die

Sicherheitsprobleme in SPFs ein. Die in Abbildung 1 gezeigte SPF-Instanz stellt ein derartiges Unterproblem dar. Das Diagramm in Abbildung 1 (ebenso wie das zugrunde liegende Kontextdiagramm) beschreibt die Umgebung durch als Boxen dargestellte *Domänen* (z.B. Author). Die Box mit zwei vertikalen Strichen (Secure text editor) repräsentiert dabei die zu entwickelnde Software. Gemäß Jackson wird sie Maschine genannt, und sie gehört nicht zur Umgebung. Die Maschine ist mit der Umgebung über als durchgezogene Linien dargestellte *Schnittstellen* verbunden. Schnittstellen beinhalten *gemeinsame Phänomene*, z.B. Operationen, Ereignisse und Kommandos. Beispielsweise enthält die Schnittstelle AIE1 zwischen Author und Secure text editor die Kommandos zum Öffnen und Speichern einer Textdatei. Die Sicherheitsanforderung ist durch SR1 in dem gestrichelten Oval repräsentiert. Gemäß Jackson [Jac01] beschreiben Anforderungen wie sich die Umgebung verhält, nachdem die Maschine in Betrieb genommen wurde. Aus diesem Grund bezieht sich die Sicherheitsanforderung auf die Umgebung, was durch die gestrichelten Linien, den *Anforderungsreferenzen*, dargestellt ist. Mit Pfeilen ausgestattete Anforderungsreferenzen sind *einschränkende* Anforderungsreferenzen. Das bedeutet, dass die eingeschränkten Domänen, z.B. Text file, von der Maschine so beeinflusst werden müssen, dass die Sicherheitsanforderung, hier SR1, erfüllt ist. Die informelle Beschrei-

bung von SR1 ist in unserem Beispiel wie folgt:

Schütze die Vertraulichkeit der Textdateien abgesehen von Ihrer Größe und verhindere, dass die Textdateien der feindlichen Umgebung bekannt werden.

Sowohl bei der Entwicklung des Kontextdiagramms als auch bei der SPF Instantiierung (d.h. der Problemzerlegung) und den nachfolgenden Schritten sammelt man *Domänenwissen* in Form von *Fakten* und *Annahmen*. Fakten sind dabei Aussagen über die Umgebung die immer wahr sind (z.B. Naturgesetze), Annahmen hingegen können wahr oder falsch sein. Letztere müssen als wahr angenommen werden, damit Sicherheitsanforderungen überhaupt erfüllt werden können. Im Falle des Einsatzes eines Passwort-basierten Mechanismus ist es z.B. notwendig anzunehmen, dass ein Autor Passwörter nicht an andere weitergibt. Zusammenfassend ist es also insbesondere von der Einsatzumgebung abhängig, ob eine Maschine Sicherheitsanforderungen erfüllen kann oder nicht.

Für die erste Phase von SEPP, d.h. der Anforderungsanalyse, haben wir einen weiteren Mustertyp entwickelt, nämlich die *Concretized Security Problem Frames* oder kurz *CSPFs* [HHS06]. Jedem SPF steht dabei eine Menge von CSPFs gegenüber, welche erste Lösungsansätze für die jeweilige durch einen SPF dargestellte Klasse von Sicherheitsproblemen repräsentieren. Mit Hilfe von CSPFs ist es beispielsweise möglich, über die Verwendung von Verschlüsselung zum Schutz vertraulicher Daten während der Übertragung über ein unsicheres Netzwerk zu sprechen. CSPFs sind analog zu SPFs beschrieben. Statt des Effektes, welcher bei jedem CSPF dem des zugeordneten SPFs gleicht, ist jeder CSPF mit einer formalen Beschreibung von *notwendigen Bedingungen* versehen, die an die Einsatzumgebung des jeweiligen Sicherheitsmechanismus gestellt werden. Wir wählen für das in Abbildung 1 dargestellte Sicherheitsproblem den *CSPF Confidential Data Storage Using Password-Based Symmetric Encryption* für den sicheren Texteditor aus. Aus Platzgründen zeigen wir das instantiierte Frame-Diagramm nicht, sondern beschreiben nur Unterschiede zu dem Diagramm in Abbildung 1. Die Domäne Encrypted text file ersetzt Text file, und es ist zusätzlich möglich, über eine neue Domäne Operating system auf die Domäne Encrypted text file zuzugreifen. Weiterhin beinhalten die Schnittstellen nun Phänomene, die die Verwendung eines Passwort-basierten symmetrischen Verschlüsselungsmechanismus reflektieren. Beispielsweise enthält die Schnittstelle A!E1 zwischen Author und Secure text editor das für die Verschlüsselung notwendige Passwort.

Effekte und notwendige Bedingungen sind prädikatenlogische Formeln. Zur Typisierung der Variablen der Formeln dient ein spezielles Metamodell für SPFs und CSPFs [HHS08b]. Bezogen auf unser Beispiel ist es bei Einsatz eines Passwort-basierten symmetrischen Verschlüsselungsmechanismus notwendig, dass das Passwort (Phänomen PasswordA in Schnittstelle A!E1) des Autors (Domäne Author) unter Erhaltung der Vertraulichkeit und Integrität bzgl. potentieller Angreifer (Domänen in MaliciousEnvironment) zur Maschine übertragen wird. Dies drücken wir durch folgende notwendige Bedingung aus:

$$\forall \text{pwd} : \text{PasswordA}; a : \text{Author}; me : \text{MaliciousEnvironment} \bullet \\ \text{conf}_p(\text{pwd}, a, me) \wedge \text{int}_p(\text{pwd}, a, me)$$

Dabei sind die Typen der Variablen Klassen in der Metamodell-Instanz der CSPF-Instanz. Die Prädikate $\text{conf}_p(\dots)$ und $\text{int}_p(\dots)$ sind *Basisprädikate* für Vertraulichkeit und Integrität, die die zuvor informell beschriebenen notwendigen Bedingungen formal als Sicherheitseigenschaften ausdrücken.

Bei der Anwendung von SEPP startet nach der Instantiierung der CSPFs ein rekursiver Miniprozess zur systematischen Identifizierung abhängiger Sicherheitsanforderungen, basierend auf *Risiko- und Bedrohungsanalysen* [Sch10b] und einem *Mustersystem* [HHS07, HHS08a]. Für jede instantiierte notwendige Bedingung jedes instantiierten CSPFs entscheiden wir, ob die notwendige Bedingung eine Annahme, ein Fakt oder eine neue abhängige Sicherheitsanforderung darstellt. Um diese Entscheidung treffen zu können, führen wir für jede notwendige Bedingung eine Bedrohungsanalyse durch und anschließend für jede identifizierte Bedrohung eine Risikoanalyse. Stellt sich dabei für eine Bedrohung heraus, dass das Risiko, dass diese Bedrohung zu einem erfolgreichen Angriff führen kann, untolerierbar hoch ist, dann müssen wir Gegenmaßnahmen ergreifen. Das bedeutet, wir behandeln die zugehörige notwendige Bedingung als neue abhängige Sicherheitsanforderung oder wir verwenden Hilfssicherheitsmechanismen. Als Beispiel betrachten wir die zuvor besprochene notwendige Bedingung. Verschiedene Bedrohungen sind hier denkbar, z.B. dass ein Passwort durch Ausprobieren (*brute force*) herausgefunden wird. Dabei schätzen wir das Risiko für einen erfolgreichen brute force Angriff als untolerierbar hoch ein, da die Textdateien öffentlich zugreifbar sind (was Domänenwissen darstellt). Wir entscheiden uns dazu, das Risiko auf ein tolerierbares Niveau zu senken, indem wir einen Hilfsmechanismus einführen, der die Passwortheingabe nach einer bestimmten Anzahl fehlgeschlagener Versuche blockiert.

Wenn sich bei der Analyse von notwendigen Bedingungen neue abhängige Sicherheitsanforderungen ergeben, dann hilft bei der weiteren Analyse ein Mustersystem, um systematisch Lösungsansätze auszuwählen. Das Mustersystem dokumentiert in Form einer Tabelle verschiedene Abhängigkeiten zwischen SPFs und CSPFs. Dabei ist insbesondere dokumentiert, welche SPFs man instantiiieren kann, falls eine notwendige Bedingung einer CSPF-Instanz als eine neue Sicherheitsanforderung angesehen wird. Weiterhin ist in unserem Mustersystem dokumentiert, welche Sicherheitsprobleme häufig zusammen auftreten. Beispielsweise finden wir bei der Analyse des in Abbildung 1 dargestellten Sicherheitsproblems und der zugehörigen CSPF-Instanz heraus, dass die Integrität der Textdateien eine weitere relevante Sicherheitsanforderung darstellt. Aus diesem Grund instantiiieren wir einen weiteren SPF und wir entscheiden uns dazu, diese Sicherheitsanforderung mit Hilfe eines non-keyed-hashing-Verfahrens zu realisieren. Dementsprechend instantiiieren wir den zugehörigen CSPF. An dieser Stelle kommt es dann zu einer weiteren Iteration des zuvor beschriebenen Miniprozesses.

Insgesamt endet der Miniprozess und damit die Anforderungsanalysephase von SEPP, wenn alle notwendigen Bedingungen aller CSPF-Instanzen analysiert wurden und wenn alle notwendigen Bedingungen entweder als bereits gelöst angenommen oder als abhängige Sicherheitsanforderungen in die Analyse einbezogen wurden.

Spezifikation Sicherer Software Ausgehend von den in der ersten Phase von SEPP erhobenen und analysierten Sicherheitsanforderungen und Lösungsmechanismen, dient die zweite Phase dazu eine *Spezifikation* für die zu konstruierende Software aufzustellen. Dies ist *semi-formal* mit UML¹-*Sequenzdiagrammen* und *formal* mit der Prozessalgebra CSP (*Communicating Sequential Processes*) [Hoa86] möglich. Beide Ansätze basieren auf der Verwendung von Mustern für die Spezifikation. Wir gehen an dieser Stelle nur auf die in [Sch09] publizierte formale Spezifikation ein. Dabei ist zum Einen das Ziel nachzuweisen,

¹UML 2.3 Superstructure: <http://www.omg.org/spec/UML/2.3/Superstructure/PDF/>

dass die Ergebnisse der Anforderungsanalysephase korrekt sind, d.h. dass die gewählten Lösungsansätze tatsächlich korrekte Lösungen für die Security-Probleme sind. Zum Anderen beschreibt die Spezifikation das Verhalten der Maschine an ihrer Schnittstelle zur Einsatzumgebung und bildet damit die Grundlage zur Realisierung der Software.

Zu jedem SPF gibt es ein *SPF Model Template*, welches eine formale Interpretation des Frame-Diagramms des SPF als CSP-Spezifikation darstellt. Ebenso gibt es für jeden CSPF ein entsprechendes *CSPF Model Template*. Auf der Ebene der Muster haben wir mit Hilfe des Model Checkers *FDR2*² gezeigt, dass ein CSPF Model Template eine funktionale Verfeinerung des zugehörigen SPF Model Template ist.

Zu Beginn der Spezifikationsphase instantiiieren wir für jeden zuvor instantiierten SPF und CSPF die entsprechenden Model Templates. Anschließend spezifizieren wir die Sicherheitsanforderungen als *Informationsflusseigenschaften* basierend auf den nun vorliegenden formalen Modellen und einem speziellen Framework [San08]. Dabei betrachten wir insbesondere *Vertraulichkeitsanforderungen*, da diese im Allgemeinen unter Verfeinerung nicht erhalten bleiben [SHPO2]. Letzlich zeigen wir anhand der CSP-Modelle der SPFs und CSPFs eine *vertraulichkeitserhaltende Verfeinerung*.

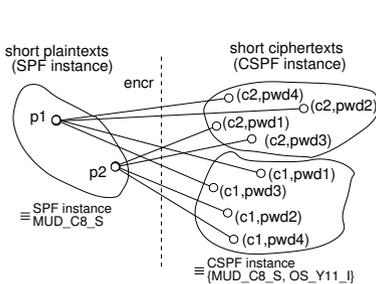


Figure 2: Konkretisierung und Ununterscheidbarkeit "Sicherer Texteditor"

Wie in Abbildung 2 illustriert, stellt die Verschlüsselungsfunktion *encr* unseres sicheren Texteditors diese Verfeinerungsrelation dar. Auf der linken Seite sind *kurze* Klartexte, die man im abstrakten Fall, d.h. auf Ebene der SPF-Instanz, nicht unterscheiden kann. Die auf diese Weise formalisierte Sicherheitsanforderung wird durch die Verschlüsselungsfunktion auch im konkretisierten Fall, d.h. auf Ebene der CSPF-Instanz, gewährleistet. Dies ist daran zu erkennen, dass jeder Klartext durch *encr* auf ein Paar bestehend aus einem Schlüssel und einen Schlüsseltext, z.B. (c1,pwd1), abgebildet wird. Obwohl man im konkreten Fall

durch Beobachtung der Schlüsseltexte c1 und c2 sowie deren Länge mehr unterscheiden kann als im abstrakten, sind so keine weiteren Rückschlüsse über die Klartexte möglich.

Entwicklung Sicherer Softwarearchitekturen Auch in der dritten Phase von SEPP kommen Muster zum Einsatz. Es gibt z.B. *Sicherheitskomponentenmuster* zur symmetrischen Ver- und Entschlüsselung und zur Authentifikation mit Passwörtern. Weiterhin gibt es *Komponentenmuster*, die man nicht primär zur Realisierung von Sicherheitsanforderungen einsetzt, wie z.B. solche für Benutzungsschnittstellen. Basierend auf den genannten Mustertypen haben wir für jeden CSPF *Architekturmuster* entwickelt, die eine mögliche Struktur der Maschinendomäne eines CSPF darstellen. Wir beschreiben für jedes Komponenten- und Architekturmuster dessen *Struktur* und *Verhalten* mit Hilfe von *UML-Kompositionsstruktur-, Schnittstellenklassen- und Sequenzdiagrammen*. Sowohl die entwickelten Komponenten- als auch Architekturmuster und auch deren Instanzen sind dabei plattformunabhängig, d.h. sie sind unabhängig von z.B. Programmiersprachen und Komponentenmodellen.

Anhand der CSPF-Instanzen und ihrer Spezifikationen instantiiieren wir die zugehörigen

²Model Checker FDR2: <http://www.fsel.com/>

Architekturmuster. Beispielsweise instantiiieren wir für die Instanz des *CSPF Confidential Data Storage Using Password-Based Symmetric Encryption* ein Architekturmuster, das ein Komponentenmuster *PasswordReader* zum Einlesen und Umwandeln von Passwörtern in kryptografische Schlüssel und ein Sicherheitskomponentenmuster *SymmetricEncryptorDecryptor* zur symmetrischen Ver- und Entschlüsselung beinhaltet. Auch für das zweite Sicherheitsproblem bzgl. der Integrität der Textdateien instantiiieren wir ein adäquates Architekturmuster.

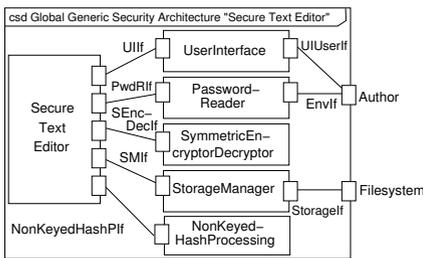


Figure 3: Globale Generische Sicherheitsarchitektur "Sicherer Texteditor"

Danach erfolgt die Komposition der verschiedenen Unterarchitekturen, um eine globale Architektur zu konstruieren, die dann im letzten Schritt von SEPP zu einer plattformabhängigen Architektur weiterentwickelt werden kann. Abbildung 3 illustriert die globale, plattformunabhängige Architektur des sicheren Texteditors, welche die zuvor erwähnten Sicherheitskomponentenmuster enthält. Das Ergebnis ist ein Softwareprodukt, das die zuvor ausführlich analysierten Sicherheitsanforderungen erfüllt und aus maßgeschneiderten und off-the-shelf Komponenten besteht.

3 Stand der Forschung

In diesem Abschnitt stellen wir Arbeiten vor, die mit dem in diesem Beitrag vorgestellten Ansatz vergleichbar sind. Eine ausführlichere Besprechung dieser und weiterer Ansätze ist in [Sch10a] zu finden.

Erhebung und Analyse von Sicherheitsanforderungen Zur Erhebung von Sicherheitsanforderungen sollte zunächst eine Bedrohungsanalyse durchgeführt werden. Lin et al. [LNIJ04] verwenden dazu die Ideen, die Jacksons Problem Frames [Jac01] zugrunde liegen, und definieren sogenannte *Anti-Requirements* und zugehörige *Abuse Frames*. Einen Ansatz speziell zur Erhebung von Vertraulichkeitsanforderungen stellt MSRA (Multilateral Security Requirements Analysis) von Gürses et al. [GJO⁺05] dar. Dabei wird die Mehrseitigkeit von Vertraulichkeitsanforderungen berücksichtigt, d.h. die Identifikation und Auflösung von Konflikten zwischen verschiedenen Vertraulichkeitsanforderungen. Sowohl Abuse Frames als auch MSRA lassen sich einsetzen, um Sicherheits- bzw. Vertraulichkeitsanforderungen zu erheben, die man anschließend mit SEPP analysieren und realisieren kann. SREF (Security Requirements Engineering Framework) von Haley et al. [HLMN08] ist ein Framework, das Sicherheitsanforderungen im Kontext von funktionalen Anforderungen betrachtet und dabei herauszufinden hilft, ob ein Softwaresystem in der Lage ist die gewünschten Sicherheitsanforderungen zu erfüllen. Diese Arbeit überlappt sich teilweise mit SEPP, allerdings ist SREF nicht musterbasiert und stellt keine Methodik dar. Darüber hinaus gibt es weitere Ansätze zur Analyse von Sicherheitsanforderungen, z.B. KAOS (Keep All Objectives Satisfied) von van Lamsweerde [van04]. Eine umfassende Besprechung aktueller Ansätze zur Analyse von Sicherheitsanforderungen basierend auf einem speziell zum Vergleich der Ansätze entwickelten Framework ist

in [FGH⁺10] zu finden.

Formale Spezifikation sicherer Software Li et al. [LHR06] leiten systematisch und mit Hilfe eines Formalismus Spezifikationen aus Anforderungen ab. Im Gegensatz zu dem mit SEPP verfolgten Ansatz betrachten die Autoren keine Sicherheitsanforderungen, und sie formalisieren die Einsatzumgebung nur unzureichend. Van Lamsweerde [van04] beschäftigt sich mit der Formalisierung von Sicherheitsanforderungen, wobei eine Temporallogik verwendet wird. Seine Arbeit betrachtet im Gegensatz zu SEPP nicht die Verfeinerung von Anforderungen zu Spezifikationen, bei der die als Informationsflusseigenschaften formalisierten Sicherheitsanforderungen erhalten bleiben.

Sichere Softwarearchitekturen Bass et al. [BCK98] führen Architekturmuster, sogenannte *Architectural Styles*, ein, die jedoch nicht auf Sicherheit spezialisiert sind. Gleiches gilt für Rapanotti et al. [RHJN04], die *AFrames* vorstellen, welche verbreitete Architekturmuster wie *Pipe-and-Filter* für Problem Frames darstellen. Obwohl der Ansatz von Choppy et al. [CHH06] ebenfalls nicht auf die Realisierung von Sicherheitsanforderungen zielt, ist dieser Ansatz am ehesten mit dem von SEPP vergleichbar, denn die Autoren präsentieren Muster in Form von Schichtenarchitekturen zur Strukturierung von Maschinentomänen von Problem Frames.

Muster für Sicherheit Den überwiegenden Teil der auf Sicherheit spezialisierten Muster machen Muster für die Feinentwurfsphase aus, d.h. diese Muster sind dazu geeignet, um nach der Anwendung von SEPP eingesetzt zu werden. Ein umfassender Überblick über Feinentwurfsmuster für IT-Sicherheit ist in [HYSJ07] zu finden.

4 Zusammenfassung und Ausblick

Wir haben mit SEPP eine Methode zur Entwicklung sicherer Softwareprodukte vorgestellt, die verschiedene Arten von Mustern verwendet und dabei die Phasen der Anforderungsanalyse, der Spezifikation und des Architekturentwurfs abdeckt. Eine Validierung von SEPP anhand des sicheren Texteditors und einer umfangreicheren Fallstudie, in der ein Internet-basierter Passwort-Manager entwickelt wurde (siehe [Sch10a]), hat gezeigt, dass SEPP geeignet ist, um Sicherheitsanforderungen detailliert und umfassend zu analysieren, initial unbekannte Sicherheitsanforderungen zu identifizieren, anhand der Einsatzumgebung adäquate Sicherheitsmechanismen auszuwählen, eine formale Spezifikation zu erstellen mit der man zeigen kann, dass die selektierten Sicherheitsmechanismen die Sicherheitsanforderungen in der gegebenen Einsatzumgebung erfüllen und diese Spezifikation in einen plattformabhängigen Architekturentwurf zu überführen.

SEPP ist auf vielfältige Weise erweiterbar. Beispielhaft sei hier erwähnt, dass neue Muster zur Analyse, Spezifikation und Realisierung entwickelt werden können, z.B. für Verfügbarkeits- und Datenschutzprobleme (*Privacy*). Außerdem wurde bereits der Übergang zum Feinentwurf in Form von UMLsec Modellen genauer erforscht [HHJS11].

References

- [BCK98] Len Bass, Paul. Clements und Rick Kazman. *Software Architecture in Practice*. Addison-Wesley, 1. Auflage, 1998.

- [CHH06] Christine Choppy, Denis Hatebur und Maritta Heisel. Component Composition Through Architectural Patterns for Problem Frames. In *Proceedings of the Asia Pacific Software Engineering Conference (APSEC)*, Seiten 27–34, Washington, DC, USA, 2006. IEEE Computer Society.
- [FGH⁺10] Benjamin Fabian, Seda Gürses, Maritta Heisel, Thomas Santen und Holger Schmidt. A Comparison of Security Requirements Engineering Methods. *Requirements Engineering – Special Issue on Security Requirements Engineering*, 15(1):7–40, 2010.
- [GHJV95] Erich Gamma, Richard Helm, Ralph E. Johnson und John Vlissides. *Design Patterns - Elements of Reusable Object-Oriented Software*. Addison Wesley, 1995.
- [GJO⁺05] Seda Gürses, Jens H. Jahnke, Christina Obry, Adeniyi Onabajo, Thomas Santen und Morgan Price. Eliciting Confidentiality Requirements in Practice. In *Proceedings of the Conference of the Centre for Advanced Studies on Collaborative Research (CASCON)*, Seiten 101–116. IBM Press, 2005.
- [HHJS11] Denis Hatebur, Maritta Heisel, Jan Jürjens und Holger Schmidt. Systematic Development of UMLsec Design Models Based On Security Requirements. In *Proceedings of the European Joint Conferences on Theory and Practice of Software (ETAPS) - Fundamental Approaches to Software Engineering (FASE)*, LNCS 6603. Seiten 232–246. Springer, 2011.
- [HHS06] Denis Hatebur, Maritta Heisel und Holger Schmidt. Security Engineering using Problem Frames. In G. Müller, Hrsg., *Proceedings of the International Conference on Emerging Trends in Information and Communication Security (ETRICS)*, LNCS 3995, Seiten 238–253. Springer, 2006.
- [HHS07] Denis Hatebur, Maritta Heisel und Holger Schmidt. A Pattern System for Security Requirements Engineering. In *Proceedings of the International Conference on Availability, Reliability and Security (AREs)*, Seiten 356–365. IEEE Computer Society, 2007.
- [HHS08a] Denis Hatebur, Maritta Heisel und Holger Schmidt. Analysis and Component-based Realization of Security Requirements. In *Proceedings of the International Conference on Availability, Reliability and Security (AREs)*, Seiten 195–203. IEEE Computer Society, 2008.
- [HHS08b] Denis Hatebur, Maritta Heisel und Holger Schmidt. A Formal Metamodel for Problem Frames. In *Proceedings of the International Conference on Model Driven Engineering Languages and Systems (MODELS)*, LNCS 5301, Seiten 68–82. Springer, 2008.
- [HLMN08] Charles B. Haley, C. Robin Laney, D. Jonathan Moffett und Bashar Nuseibeh. Security Requirements Engineering: A Framework for Representation and Analysis. *IEEE Transactions on Software Engineering*, 34(1):133–153, 2008.
- [Hoa86] Charles Antony Richard Hoare. *Communicating Sequential Processes*. Prentice Hall PTR, 1986. <http://www.usinccsp.com>.
- [HYSJ07] Thomas Heyman, Koen Yskout, Riccardo Scandariato und Wouter Joosen. An Analysis of the Security Patterns Landscape. In *Proceedings of the International Workshop on Software Engineering for Secure Systems (SESS)*, Seiten 3–10. IEEE Computer Society, 2007.
- [Jac01] Michael Jackson. *Problem Frames. Analyzing and Structuring Software Development Problems*. Addison-Wesley, 2001.
- [Jür05] Jan Jürjens. *Secure Systems Development with UML*. Springer, 2005.
- [LHR06] Zhi. Li, Jon G. Hall und Lucia Rapanotti. From Requirements to Specifications: A Formal Approach. In *Proceedings of the International Workshop on Advances and Applications of Problem Frames (IWAAPF)*, Seiten 65–70. ACM Press, 2006.

- [LNIJ04] Luncheng Lin, Bashar Nuseibeh, Darrel Ince und Michael Jackson. Using Abuse Frames to Bound the Scope of Security Problems. In *Proceedings of the International Requirements Engineering Conference (RE)*, Seiten 354–355, Los Alamitos, CA, USA, 2004. IEEE Computer Society.
- [RHJN04] Lucia. Rapanotti, Jon G. Hall, Michael Jackson und Bashar Nuseibeh. Architecture-Driven Problem Decomposition. In *Proceedings of the International Requirements Engineering Conference (RE)*, Seiten 80–89, Washington, DC, USA, 2004. IEEE Computer Society.
- [San08] Thomas Santen. Preservation of Probabilistic Information Flow under Refinement. *Information and Computation*, 206(2-4):213–249, April 2008.
- [Sch09] Holger Schmidt. Pattern-based Confidentiality-Preserving Refinement. In *Proceedings of the International Symposium on Engineering Secure Software and Systems (ESSoS)*, LNCS 5429, Seiten 43–59. Springer, 2009.
- [Sch10a] Holger Schmidt. *A Pattern- and Component-Based Method to Develop Secure Software*. Deutscher Wissenschafts-Verlag (DWV) Baden-Baden, April 2010.
- [Sch10b] Holger Schmidt. Threat- and Risk-Analysis During Early Security Requirements Engineering. In *Proceedings of the International Conference on Availability, Reliability and Security (ARES)*, Seiten 188–195. IEEE Computer Society, 2010.
- [SHP02] Thomas Santen, Maritta Heisel und Andreas Pfitzmann. Confidentiality-Preserving Refinement is Compositional – Sometimes. In *Proceedings of the European Symposium on Research in Computer Security (ESORICS)*, LNCS 2502, Seiten 194–211. Springer, 2002.
- [van04] Axel van Lamsweerde. Elaborating Security Requirements by Construction of Intentional Anti-Models. In *Proceedings of the International Conference on Software Engineering (ICSE)*, Seiten 148–157. IEEE Computer Society, 2004.



Dr.-Ing. Holger Schmidt studierte von Oktober 1999 bis Mai 2004 Mathematik mit Nebenfach Informatik (Diplom) an der Westfälischen Wilhelms-Universität Münster und schloss das Studium mit der Note “seht gut” ab. Danach begann er dort an der Fakultät für Informatik im Juli 2004 mit der Promotion als wissenschaftlicher Mitarbeiter in der Arbeitsgruppe “Software Engineering” von Prof. Dr. Maritta Heisel. Im September 2004 wechselte er zusammen mit diesem Lehrstuhl zur Fakultät für Ingenieurwissenschaften an der Universität Duisburg-Essen, wo er im Februar 2010 zum Doktor der Ingenieurwissenschaften (Dr.-

Ing.) mit der Note “summa cum laude” promoviert wurde. Seine Dissertation trägt den Titel “A Pattern- and Component-Based Method to Develop Secure Software”. Nach einer einjährigen Postdoc-Tätigkeit in der Arbeitsgruppe “Software Engineering für kritische Systeme” von Prof. Dr. Jan Jürjens an der Fakultät für Informatik der Technischen Universität Dortmund, arbeitet er seit April 2011 wieder an der Universität Duisburg-Essen als Postdoc im EU-Projekt NESSoS (Network of Excellence on Engineering Secure Future Internet Software Services and Systems). Neben seiner Tätigkeit als wissenschaftlicher Mitarbeiter ist er seit September 2007 als Berater in den Bereichen IT-Sicherheit, Common Criteria und Entwicklung von Smartcard-Anwendungen, Automotive, Groupware- und Datenbanksystemen tätig.

Effiziente Fehlertoleranz für Web-Basierte Systeme

Marco Serafini

Yahoo! Research
Barcelona, Spain
serafini@yahoo-inc.com

Abstract: Web-Basierte Systeme, die aus einer großen Anzahl von kostengünstigen und unzuverlässigen Rechnern bestehen, werden zunehmend für Dienste benutzt, deren Verfügbarkeit für wirtschaftliche oder persönliche Zwecke kritisch ist. Wir widmen uns in dieser Arbeit der Entwicklung von neuen, effizienten Replikationsalgorithmen für Web-Basierte Systeme, die zwei wichtige Klassen von Fehlern tolerieren. Die erste Klasse fasst Worstcase-Fehler um, die, wie Beispiele aus der nahen Vergangenheit zeigen, bereits den Ausfall wichtiger Online-Dienste verursacht haben. Wir stellen neue Algorithmen vor, die solche Fehler mit niedrigen Replikationskosten und hoher Effizienz tolerieren. Die zweite Klasse besteht aus Netzwerkpartitionen. Viele Web-Basierte Systeme bieten gemäß dem bekannten CAP-Prinzip nur schwache Konsistenz an um Verfügbarkeit in Gegenwart von diesen Fehlern zu gewährleisten. Das erschwert die Entwicklung zuverlässiger Anwendungen. Wir definieren und implementieren ein neues Konsistenzmodell, genannt *Eventual Linearizability*, welches es ermöglicht Verfügbarkeit zu garantieren ohne die Konsistenz unnötig zu schwächen.

1 Einleitung

Web-basierte Online-Dienste verarbeiten in zunehmendem Maße sensible, personenbezogene oder wirtschaftlich relevante Daten. Die steigende Tendenz, solche Daten in der *Cloud* zu speichern und zu verwalten, erhöht den Bedarf an verlässlichen Realisierungen für eine steigende Anzahl Web-basierter Anwendungen, wie etwa E-Mail, Kalender, Fotoalben oder Online-Banking. Dieser Trend erklärt die zunehmende Verwendung fehlertoleranter Replikationsalgorithmen bei der Implementierung Web-basierter Anwendungen. Die zum Einsatz kommenden Implementierungen reichen von klassischer, stark konsistenter Replikation in Systemen wie Chubby [Bur06] und ZooKeeper [HKJR10] hin zu hochverfügbarer, schwach konsistenter Replikation in Amazons Dynamo [DHJ⁺07] oder Yahoo!s PNUTS [CRS⁺08].

Wir stellen neuartige Algorithmen für fehlertolerante Replikation vor, mit dem Ziel, die Effizienz, Verfügbarkeit und Wirtschaftlichkeit dieser Mechanismen zu erhöhen. Wenngleich die vorgestellten Algorithmen allgemein anwendbar sind, erfüllen sie zwei Eigenschaften, die wesentlich durch den Einsatz in Web-basierten Systemen motiviert sind. Die erste Eigenschaft ist das Tolerieren von Worstcase-Fehlern, in der Literatur auch als *Byzantine* [LSP82] bezeichnet, um eine zuverlässige Verarbeitung sensibler Daten zu gewährleisten. Die zweite Eigenschaft ist die Bereitstellung einer geeigneten Semantik

schwacher Konsistenz für Systeme, für die höchstmögliche Verfügbarkeit im Gegenwart von Netzwerkpartitionen zusammen mit geringstmöglicher Zusatzaufwand hinsichtlich Performanz und Replikation sichergestellt werden soll, Abschwächungen der Konsistenz aber weitgehend zu vermeiden sind.

Dieses Dokument ist gegliedert wie folgt. In Sektion 2 diskutieren wir effiziente Algorithmen, um *Byzantine*-Fehler zu tolerieren. Zunächst stellen wir in Sektion 2.1 Scrooge vor und zeigen damit, dass zusätzliche Replikationskosten zur Erzielung einer niedrigeren Latenz und eines höheren Durchsatzes an Operationen ausschließlich von der Anzahl der zu tolerierenden *Byzantine*-Fehlern abhängt. Dieses Ergebnis ist interessant für Web-basierte Systeme, in denen Ausfälle häufig, *Byzantine*-Fehler dagegen selten sind. In Sektion 2.2 führen wir ein neues *Fail-Heterogeneous* Architekturmodell, das auch vertrauenswürdige Komponenten erlaubt. Wir beschreiben einen Algorithmus, genannt HeterTrust, der die These frühere Arbeiten widerlegt, und zeigt dass die Annahme ein synchrones Netzwerk nicht nötig ist, um die Effizienzvorteile vertrauenswürdiger Komponenten ausnutzen zu können. In Sektion 3 definieren wir eine neue Eigenschaft, genannt *Eventual Linearizability*, die die Abschwächung von starke Konsistenz (*Linearizability*) für endliche Zeitfenster erlaubt. Wir stellen einen Algorithmus vor, genannt Aurora, der diese Abschwächung nur dann zulässt, wenn es notwendig ist Verfügbarkeit zu garantieren. Wir zeigen, dass bei der Kombination von *Eventual Linearizability* und *Linearizability* ein inhärenter Aufwand existiert, da ein stärker Fehlerdetektor gebraucht benötigt wird als für Replikationsalgorithmen die nur *Linearizability* implementieren.

2 Toleranz von *Byzantine*-Fehlern

Das Tolerieren von *Byzantine*-Fehlern (englisch: *Byzantine Fault Tolerance*, BFT) ist derzeit Gegenstand intensiver Forschung. Dabei besteht das Hauptforschungsziel darin, den von BFT implizierten Zusatzaufwand (bzgl. Performanz und erforderlicher Replikation) soweit zu reduzieren, das er mit dem herkömmlicher Fehlertoleranzmechanismen vergleichbar ist. BFT wird zumeist durch die Replikation von Zustandsautomaten erzielt, indem für den Nutzer die Illusion eines einzelnen, zuverlässigen Servers durch die (transparente) Koordination mehrerer unzuverlässiger Server erzeugt wird [Sch90]. Die Anwendbarkeit dieses Ansatzes auf Web-basierte Systeme ist als das endgültige Ziel dieser Forschungsrichtung zu sehen [CKL⁺09]. Zweck ist es die so implementierten, kritischen Anwendungen vor folgenschwerem Fehlverhalten (wie etwa in [Das]) zu schützen. Wir stellen neue Algorithmen vor, die den Performanz- und Replikationsaufwand von BFT reduzieren.

2.1 Schnelle BFT mit niedrigen Replikationskosten

Zunächst stellen wir Algorithmen vor, die keine Annahmen bezüglich vertrauenswürdiger Komponenten benötigen [SBD⁺10]. Nach der Veröffentlichung des richtungsweisenden

PBFT-Algorithmus [CL99] wurde eine Reihe *schneller* BFT-Algorithmen, wie zum Beispiel [MA06, DGV04, KAD⁺07] entwickelt. Die wichtigsten Protokolle sind in der Tabelle 1 aufgelistet. Ein Protokoll wird in Tabelle 1 als *schnell* bezeichnet, wenn es die minimale Latenzzeit, in der das *Consensus*-Problem gelöst [MA06, DGV04] werden kann, erreicht.

	Replikationskosten (Min. $2f + b + 1$ [Lam03])	<i>Schnell</i> ohne unerreichbare Replikas	<i>Schnell</i> mit f unerreichbaren Replikas
PBFT [CL99]	$3f + 1$	NO	NO
Zyzyva [KAD ⁺ 07]	$3f + 1$	YES	NO
Zyzyva5 [KAD ⁺ 07]	$5f + 1$	YES	YES
DGV [DGV04]	$3f + 2b - 1$	YES	YES
Scrooge [SBD ⁺ 10]	$2f + 2b$	YES	YES

Tabelle 1: Vergleich von *primary-based* BFT-Replikationsprotokollen, die f Fehler, inklusiv $b \leq f$ *Byzantine*-Fehler, tolerieren. Wenn nur f angegeben ist, dann ist $b = f$. DGV hat Replikationskosten von $2f + 2b + 1$ wenn $f = 1$.

Die oben genannten Arbeiten zeigen unter der Annahme fehlerbehafteter Replikas einen inhärenten Konflikt zwischen optimaler Redundanz und minimaler Latenzzeit. In Web-basierten Systemen, in denen *Byzantine*-Fehler nur selten, Ausfälle von Replikas hingegen häufig auftreten, stellt sich dieser unvermeidbare Konflikt als problematisch heraus.

Wir stellen den Scrooge-Algorithmus vor, der den Replikationsaufwand schneller BFT-Replikation in Gegenwart nicht mehr reagierender Replikas reduziert. Dazu wird unmittelbar nach dem Ausfallen von Replikas eine Rekonfigurationsprozedur durchgeführt, die nur von kurzer Dauer und in der Praxis vernachlässigbar ist, da dadurch die replizierte Anwendung nicht unverfügbar sondern nur kurzzeitig und wenig langsamer wird. Um die Replikationskosten weiter zu reduzieren, nutzt Scrooge eine Eigenschaft der üblichen *Message Authentication Codes* aus, die von vergleichbaren Algorithmen nur zur Authentifizierung von Nachrichten benutzt werden. Scrooge benötigt dazu keine zusätzlichen kryptographischen Operationen als andere Algorithmen.

Ein wichtiger, konzeptueller Beitrag von Scrooge ist, dass der zusätzliche Replikationsaufwand zum Erreichen einer höheren Geschwindigkeit ausschließlich von der Anzahl der zu tolerierenden, fehlerbehafteten Replikas (b) abhängt und nicht von der Anzahl der zu tolerierenden Ausfälle ($f - b$). In Konsequenz erzielt Scrooge optimale Robustheit im Fall eines einzelnen *Byzantine*-Fehlers und einer beliebigen Anzahl von Ausfällen. Ein solches Szenario ist charakteristisch für Web-basierte Systeme, in denen *Byzantine*-Fehler äußerst selten auftreten.

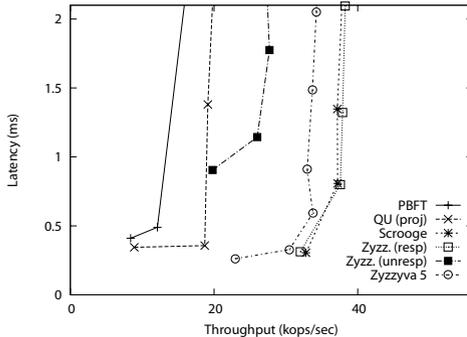
Wir haben Scrooge implementiert und mit PBFT und Zyzyva verglichen. In Durchläufen mit einer unerreichbaren Replika haben wir die folgende Ergebnisse gefunden (siehe Abbildung 1).

- Der maximale Durchsatz an Operationen von Scrooge ist mehr als 1,3-fach über dem von Zyzyva. Scrooge gewährt somit niedrigere Latenzzeit bei hoher Belastung (siehe Abbildung 1(a));
- Scrooge reduziert die Latenzzeit bei niedriger Belastung um 20 bis 80 Prozent im

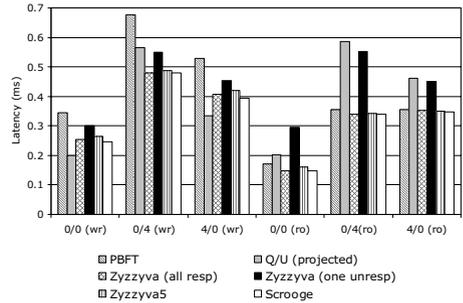
Vergleich zu Zyzyva (siehe Abbildung 1(b));

- Scrooge hat eine vergleichbare Leistung wie Zyzyva5, das aber $f+1$ mehr Replikas als Scrooge benötigt;

In fehlerfrei Durchläufen zeigen Scrooge und Zyzyva die selben Leistungen.



(a) Durchsatz an Operationen und Latenzzeit



(b) Latenzzeit einzelner *write-read* und *read-only* Operationen (*wr* bzw. *ro*). PBFT, Zyzyva und Scrooge bieten Optimierungen für *read-only* Operationen, die den Zustand nicht modifizieren, an.

Abbildung 1: Experimentelle Evaluierung von Scrooge im Vergleich mit anderen BFT Algorithmen. Die wichtigsten leistungsrelevanten Eigenschaften von PBFT und Zyzyva sind in der Tabelle 1 zusammengefasst. Für Zyzyva zeigen die Abbildungen zwei verschiedene Experimente: ohne und mit unerreichbaren Replikas (*resp* bzw. *unresp*). Als Referenz zeigen wir auch die Ergebnisse von QU, ein *Quorum-based* Replikationsalgorithmus [AEMGG⁺05].

2.2 Integration von vertrauenswürdigen Komponenten

Im folgenden diskutieren wir nun die potenziellen Vorteile in der Verwendung vertrauenswürdiger Komponenten, die nur ausfallen können. Wir zeigen, dass diese zu einer signifikanten Reduktion der Latenz und der durch die Redundanz verursachten Kosten in anwendungstypischen, asynchronen Systemen führen können [SS07]. Dies widerlegt die These früherer Arbeiten [CNV04, Ver06], dass eine Kostenreduktion durch vertrauenswürdige Komponenten zwingend die Verfügbarkeit synchroner Kommunikationskanäle erfordert. Diese zusätzliche Forderung nach Synchronität beschränkt bestehende Lösungen deutlich in möglichen Einsatzgebieten wie beispielsweise in Web-basierten Systemen. In dreistufig organisierten Web-basierten Systemen, kann man sich die Eigenschaft zunutze machen, dass Server in der ersten Ebene des Systems (die Webserver) sehr oft standardisiert, stabiler und weniger fehleranfällig sind als beispielsweise Application-Servers, die in der Regel ad-hoc Anwendungen ausführen.

Wir schlagen ein neues *Fail-Heterogeneous* Architekturmodell für verteilte Systeme vor, das zwei Klassen von Knoten erlaubt: vollständige *Execution Servers*, die *Byzantine*-Fehler haben können, und einfachere, vertrauenswürdige *Dedicated Coordinators*, die nur ausfallen können. *Dedicated Coordinators* sollen generell und einfach sein, um die Wahrscheinlichkeit von Fehlern bei der Entwicklung zu minimieren. Wir führen ein neues BFT Protokoll ein, genannt HeterTrust, um die Vorteile zu zeigen, die unser Architekturmodell für die Toleranz von *Byzantine*-Fehlern ermöglicht.

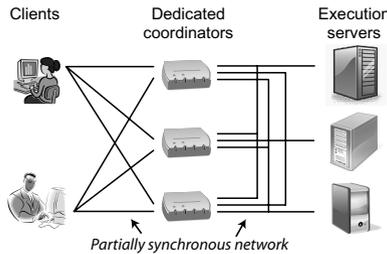


Abbildung 2: Das *Fail-Heterogeneous* Architekturmodell - ein Beispiel.

Das HeterTrust Protokoll, benötigt nur eine, zur Anzahl der zu tolerierenden Fehler lineare, Anzahl von Replikas um die Vertraulichkeit von Daten sicherzustellen und besitzt konstante Komplexität. Dies stellt eine deutliche Verbesserung gegenüber bestehenden Ansätzen dar (siehe Tabelle 2), die zwar keine vertrauenswürdigen Komponenten voraussetzen, aber quadratische Redundanzkosten und lineare Latenzzeit mit sich bringen [YMV⁺03]. Weiterhin, im Gegensatz zu anderen aus Vertraulichkeit basierenden BFT-Ansätzen, verwendet HeterTrust symmetrische Kryptografie anstelle von Public-Key-Verfahren.

Protokoll	SM	FM	n	Latenzzeit	Geheimhaltung	Kryptographie
Paxos [Lam98, Lam01]	PS	C	$2g + 1$	$4/5$	-	-
BFT [CL99]	PS	B	$3f + 1$	4	nein	MAC
FaB [MA06]	PS	B	$5f + 1$	3	nein	MAC
Correia <i>et.al</i> [CNV04]	W	W	$2m + 1$	5	nein	MAC
Marchetti <i>et.al</i> [MBTPV06]	PS	C	$3g + 2$	$4/5$	-	-
Yin <i>et.al</i> [YMV ⁺ 03]	PS	B	$f^2 + 6f + 2$	$2f + 7$	ja	TS
HeterTrust [SS07]	PS	H	$2f + 2g + 2$	4	ja	MAC

n = untere Schranke für die Anzahl von Replikas
 $g/f/m$ = obere Schranke für die Anzahl von *Crash* / *Byzantine* / *mixed* Fehlern
SM = Systemmodell (*Partially Synchronous* / *Wormhole*)
FM = Fehlermodell (*Crash* / *Byzantine* / *Wormhole* / *Heterogeneous*)
MAC = *Message Authentication Codes*; **TS** = *Threshold Signatures*

Tabelle 2: Vergleich zwischen HeterTrust und andere BFT Protokollen

Unsere Arbeit umfasst, u.a., die folgenden Beiträge:

- Wir definieren und führen das *Fail-Heterogeneous* Architekturmodell ein, benutzen Replikation als Fallstudie, und stellen den HeterTrust-Algorithmus vor;
- Wenn jede Replika Zugriff auf eine vertrauenswürdige Komponente hat, dann zeigen wir, dass die minimale Anzahl von Replikas um f *Byzantine*-Fehler zu tolerie-

ren, von $3f + 1$ auf $2f + 1$ reduziert werden kann, ohne dass die Annahme eines synchronen Netzwerks erforderlich ist;

- Wir zeigen, dass es mit HeterTrust möglich ist, die Vertraulichkeit der Daten ohne die Verwendung asymmetrischer Kryptographie zu garantieren, wenn $2g + 1$ vertrauliche Komponenten zu Verfügung stehen und g davon ausfallen können;
- Wir führen Techniken für ein um *Denial of Service* Angriffe zu tolerieren.

Das HeterTrust-Protokoll verwendet Ideen in den Bereichen Spekulation [KAD⁺07] und der Toleranz von *Denial of Service* Angriffen [ACKL08, CWA⁺09], deren Eigenschaften in weiteren Arbeiten untersucht und in unmittelbarer Folge von [SS07] publiziert wurden. Gleichzeitig zu der Bearbeitung der vorliegenden Arbeit wurde die Verwendung vertrauenswürdiger Komponenten in asynchronen Systemen unabhängig in [CMSK07] untersucht.

3 Toleranz von Netzwerkpartitionen

Viele Web-Basierte Systeme sind als sogenannte konkurrente Systeme entwickelt, wobei eine Menge von sequentiellen Prozessen über *Shared Objects* miteinander kommuniziert. Fehlertoleranz wird dadurch erreicht, dass jeder Prozess eine lokale Kopie des *Shared Object* speichert. Die Prozesse müssen ihre Operationen auf den lokalen Kopien koordinieren, um die gewünschte Konsistenz zu erreichen. Je stärker diese Konsistenz ist, umso einfacher gelingt es, Anwendungen mit Hilfe der *Shared Objects* zu entwickeln.

Eine starke Konsistenzeigenschaft ist Linearisierbarkeit (*Linearizability*), die den Prozessen die Illusion bietet, über ein einzelnes, zentralisiertes *Shared Object* zu kommunizieren [HW90]. *Linearizability* kann jedoch nur unter denselben Voraussetzungen implementiert werden, unter denen auch das *Consensus*-Problem lösbar ist. In asynchronen Systemen, wo Prozesse mittels Versenden von Nachrichten kommunizieren, kann *Consensus* nur gelöst werden, wenn ein Fehlerdetektor der Klasse $\diamond\mathcal{S}$ oder der äquivalenten *Leader Oracle* Klasse Ω und eine Mehrheit korrekter Prozesse verfügbar sind [CT96, CHT96].

Für einige Web-basierte Anwendungen können starke Konsistenzeigenschaften wie *Linearizability* nicht erreicht werden, da Verfügbarkeit der Anwendung auch in Abwesenheit der o.g. beiden Voraussetzungen gewährleistet werden soll. Diese Unmöglichkeit, *linearizable Shared Objects*, wie zum Beispiel Datenbanken, in Fall von Partitionierung oder Asynchronität zu implementieren, ist auch als CAP-Prinzip (*Consistency, Availability, Partition-tolerance: take two*) bekannt [GL02]. Allerdings geben, bis auf wenige Ausnahmen, alle bekannten Systeme Linearisierbarkeit auch in Zeitintervallen auf, in denen weder Partitionierung noch Asynchronität vorliegen. Da solch eine Schwächung der Konsistenzeigenschaft für einige Anwendungen problematisch ist, konzentrieren sich neuere Forschungsergebnisse auf stärkere Konsistenzeigenschaften, die sich mit Hochverfügbarkeit kombinieren lassen (z.B. [CRS⁺08]).

Wir stellen *Eventual Linearizability* als neue Konsistenzeigenschaft vor, die eine Verlet-

zung von Linearisierbarkeit für eine endliche Zeitspanne erlaubt [SDM⁺10]. *Eventual Linearizability* ist die stärkste bekannte Konsistenzeigenschaft, die nur mit $\diamond S$ implementiert werden kann, unabhängig von der Anzahl korrekter Prozesse. Wir zeigen dass *Eventual Consistency*, eine weitverbreitete Konsistenzeigenschaft, schwächer als *Eventual Linearizability* ist, weil *Linearizability* beliebig oft Verletzen kann.

Einen weiteren Beitrag bildet Aurora, ein Algorithmus, der Linearisierbarkeit in Phasen in denen ein einzelner Leader im System vorhanden ist, sicherstellt. Die von Aurora bereitgestellten Eigenschaften verringern sich graduell mit sich verschlechternden Rahmenbedingungen. Aurora verwendet einen einzelnen, a priori nicht näher bestimmten Fehlerdetektor, von dessen Stärke jedoch die Eigenschaften von Aurora abhängen, z.B. erfordert *Eventual Linearizability* einen $\diamond S$ Fehlerdetektor. Nur in Phasen von totaler Asynchronität, in denen das rechtzeitige Empfangen von Nachrichten und die Existenz eines einzelnen Leaders nicht gewährleistet und deswegen *Consensus* nicht gelöst werden kann, reduzieren sich die von Aurora garantierten Eigenschaften auf *Eventual Consistency* [FGL⁺96, Vog09] und *Causal Consistency* [Lam78]. Für diese Eigenschaften erfordert Aurora lediglich einen Fehlerdetektor \mathcal{C} der die *Strongly Complete*-Eigenschaft erfüllt, welche jedoch von jedem bekannten Fehlerdetektor implementiert wird.

Wir untersuchen zusätzlich, ob die Realisierung sogenannter *Strong Operations*, die *Linearizability* erfordern, und *Weak Operations*, für die *Eventual Linearizability* ausreicht, kombiniert werden kann. Aurora verwendet einen $\diamond P$ Fehlerdetektor damit *Strong Operations* immer terminieren können. Dieser Fehlerdetektor ist stärker als $\diamond S$, was ausreichend ist, um *linearizable Shared Objects* zu implementieren, wobei alle Operationen *Strong Operations* sind. Diese Beobachtung legt nahe, dass eine inhärente Einschränkung bei der Kombination von *Eventual Linearizability* und *Linearizability* bestehen könnte. Wir haben formal bewiesen, dass eine solche Einschränkung existiert, und $\diamond S$ nicht ausreicht um die Terminierung von *Strong Operations* zu garantieren, wenn sie konkurrent zu *Weak Operations* sind.

4 Conclusions

Wir haben Replikationsalgorithmen vorgestellt, die zwei wichtige Klassen von Fehlern tolerieren: *Byzantine*-Fehler und Netzwerkpartitionen. Die Toleranz von Fehlern dieser beiden Klassen wird zunehmend wichtiger für Web-basierte Systeme, und das hat unsere Forschungsrichtung motiviert. Unsere Beiträge behandeln Theorie und Praxis von zuverlässigen verteilten Systeme, eine Kombination, die immer mehr in diesem heißen Forschungsgebiet benötigt wird. In der Tat, unsere aktuellen Projekte bei Yahoo! Research handeln sich genau um die Entwicklung von innovativen fehlertoleranten Algorithmen, wie z.B. Zab [JRS11], die schon täglich *in production* eingesetzt werden.

Literatur

- [ACKL08] Yair Amir, Brian Coan, Jonathan Kirsch und John Lane. Byzantine replication under attack. In *DSN '08: Proceedings of the 38th IEEE/IFIP International Conference on Dependable Systems and Networks*, Seiten 105–114, 2008.
- [AEMGG⁺05] Michael Abd-El-Malek, Gregory R. Ganger, Garth R. Goodson, Michael K. Reiter und Jay J. Wylie. Fault-scalable Byzantine fault-tolerant services. *SIGOPS Operating Systems Review*, 39(5):59–74, 2005.
- [Bur06] Mike Burrows. The Chubby lock service for loosely-coupled distributed systems. In *OSDI '06: Proceedings of the 7th symposium on Operating systems design and implementation*, Seiten 335–350, 2006.
- [CHT96] Tushar Deepak Chandra, Vassos Hadzilacos und Sam Toueg. The weakest failure detector for solving consensus. *Journal of the ACM*, 43(4):685–722, 1996.
- [CKL⁺09] Allen Clement, Manos Kapritsos, Sangmin Lee, Yang Wang, Lorenzo Alvisi, Mike Dahlin und Taylor Riche. Upright cluster services. In *SOSP '09: Proceedings of the ACM SIGOPS 22nd symposium on Operating systems principles*, Seiten 277–290, 2009.
- [CL99] Miguel Castro und Barbara Liskov. Practical Byzantine Fault Tolerance. In *OSDI '09: Proceedings of the third symposium on Operating Systems Design and Implementation*, Seiten 173–186, 1999.
- [CMSK07] Byung-Gon Chun, Petros Maniatis, Scott Shenker und John Kubiawicz. Attested append-only memory: making adversaries stick to their word. *SIGOPS Operating Systems Review*, 41(6):189–204, 2007.
- [CNV04] Miguel Correia, Nuno Ferreira Neves und Paulo Verissimo. How to Tolerate Half Less One Byzantine Nodes in Practical Distributed Systems. In *SRDS '04: Proceedings of the 23rd IEEE International Symposium on Reliable Distributed Systems*, Seiten 174–183, 2004.
- [CRS⁺08] Brian F. Cooper, Raghuram Ramakrishnan, Utkarsh Srivastava, Adam Silberstein, Philip Bohannon, Hans-Arno Jacobsen, Nick Puz, Daniel Weaver und Ramana Yerneni. PNUTS: Yahoo!'s hosted data serving platform. In *VLDB '08: Very Large Data Bases Conference*, 2008.
- [CT96] Tushar Deepak Chandra und Sam Toueg. Unreliable Failure Detectors for Reliable Distributed Systems. *Journal of the ACM*, 43(2):225–267, March 1996.
- [CWA⁺09] Allen Clement, Edmund Wong, Lorenzo Alvisi, Mike Dahlin und Mirco Marchetti. Making Byzantine fault tolerant systems tolerate Byzantine faults. In *NSDI '09: Proceedings of the 6th USENIX symposium on Networked systems design and implementation*, Seiten 153–168, 2009.
- [Das] Amazon Web Services Service Health Dashboard. Amazon S3 Availability Event: July 20, 2008. <http://status.aws.amazon.com/s3-20080720.html>.
- [DGV04] Partha Dutta, Rachid Guerraoui und Marko Vukolić. Best-Case Complexity of Asynchronous Byzantine Consensus. Bericht LPD-REPORT-2008-08, EPFL, 2004.

- [DHJ⁺07] Giuseppe DeCandia, Deniz Hastorun, Madan Jampani, Gunavardhan Kakulapati, Avinash Lakshman, Alex Pilchin, Swaminathan Sivasubramanian, Peter Vossell und Werner Vogels. Dynamo: Amazon's Highly Available Key-Value Store. In *SOSP '07: ACM Symposium on Operating Systems Principles*, Seiten 205–220, 2007.
- [FGL⁺96] Alan Fekete, David Gupta, Victor Luchangco, Nancy Lynch und Alex Shvartsman. Eventually-serializable data services. In *PODC '96: Proceedings of the fifteenth annual ACM symposium on Principles of distributed computing*, Seiten 300–309, 1996.
- [GL02] Seth Gilbert und Nancy Lynch. Brewer's conjecture and the feasibility of consistent, available, partition-tolerant web services. *SIGACT News*, 33(2):51–59, 2002.
- [HKJR10] Patrick Hunt, Mahadev Konar, Flavio P. Junqueira und Ben Reed. ZooKeeper: Wait-free coordination for Internet-scale systems. In *ATC '10: Proceedings of USENIX Annual Technical Conference*, 2010.
- [HW90] Maurice P. Herlihy und Jeannette M. Wing. Linearizability: a correctness condition for concurrent objects. *ACM Transactions on Programming Languages and Systems*, 12(3):463–492, 1990.
- [JRS11] Flavio Junqueira, Benjamin Reed und Marco Serafini. Zab: High-performance broadcast for primary-backup systems. In *DSN '11: Proceedings of the IEEE International Conference on Dependable Systems and Networks*, 2011.
- [KAD⁺07] Ramakrishna Kotla, Lorenzo Alvisi, Mike Dahlin, Allen Clement und Edmund Wong. Zyzzyva: Speculative Byzantine Fault Tolerance. In *SOSP '07: ACM Symposium on Operating Systems Principles*, Seiten 45–58, 2007.
- [Lam78] Leslie Lamport. Time, clocks, and the ordering of events in a distributed system. *Communications of ACM*, 21(7):558–565, 1978.
- [Lam98] Leslie Lamport. The part-time parliament. *ACM Transactions on Computing Systems*, 16(2):133–169, 1998.
- [Lam01] Leslie Lamport. Paxos Made Simple. *ACM SIGACT News*, 32(4):18–25, December 2001.
- [Lam03] Leslie Lamport. Lower Bounds for Asynchronous Consensus. In *FuDiCo '03: Proceedings of the Future Directions in Distributed Computing Workshop*, Seiten 22–23, October 2003.
- [LSP82] Leslie Lamport, Robert Shostak und Marshall Pease. The Byzantine Generals Problem. *ACM Transactions on Programming Languages and Systems*, 4(3):382–401, 1982.
- [MA06] Jean-Philippe Martin und Lorenzo Alvisi. Fast Byzantine Consensus. *IEEE Transactions on Dependable and Secure Computing*, 3(3):202–215, July 2006.
- [MBTPV06] Carlo Marchetti, Roberto Baldoni, Sara Tucci-Piergiovanni und Antonino Virgillito. Fully Distributed Three-Tier Active Software Replication. *IEEE Transactions on Parallel and Distributed Systems*, 17(7):633–645, 2006.
- [SBD⁺10] Marco Serafini, Peter Bokor, Dan Dobre, Matthias Majuntke und Neeraj Suri. Scrooge: Reducing the Costs of Fast Byzantine Replication in Presence of Unresponsive Replicas. In *DSN '10: Proceedings of the 40th Annual IEEE/IFIP International Conference on Dependable Systems and Networks*, 2010.

- [Sch90] Fred B. Schneider. Implementing Fault-Tolerant Services Using the State Machine Approach: A Tutorial. *ACM Computing Surveys*, 22(4):299–319, 1990.
- [SDM⁺10] Marco Serafini, Dan Dobre, Matthias Majuntke, Péter Bokor und Neeraj Suri. Eventually linearizable shared objects. In *PODC '10: Proceeding of the 29th ACM SIGACT-SIGOPS symposium on Principles of distributed computing*, Seiten 95–104, 2010.
- [SS07] Marco Serafini und Neeraj Suri. The Fail-Heterogeneous Architectural Model. In *SRDS '07: Proceedings of the 26th IEEE International Symposium on Reliable Distributed Systems*, Seiten 103–113, 2007.
- [Ver06] Paulo Verissimo. Travelling through Wormholes: a New Look at Distributed Systems Models. *ACM SIGACT News*, 37(1):66–81, 2006.
- [Vog09] Werner Vogels. Eventually consistent. *Communications of ACM*, 52(1):40–44, 2009.
- [YMV⁺03] Jian Yin, Jean-Philippe Martin, Arun Venkataramani, Lorenzo Alvisi und Mike Dahlin. Separating agreement from execution for byzantine fault tolerant services. In *SOSP '03: Proceedings of the nineteenth ACM symposium on Operating systems principles*, Seiten 253–267, 2003.



Marco Serafini besitzt einen Laurea Abschluss mit Auszeichnung von der Universität von Florenz, Italien, und einen Dokortitel mit Auszeichnung von der Technische Universität Darmstadt, Deutschland. Er arbeitet jetzt bei Yahoo! Research. Sein Forschungsinteresse umfasst zuverlässige, verteilte Systeme und große Datenverarbeitungssysteme. Seine Arbeiten wurden, u.a., in der Zeitschrift IEEE TDSC und in den Konferenzbänden von ACM PODC und IEEE DSN veröffentlicht. Er arbeitete an vier EU-Projekten mit und erhielt ein GK-Stipendium von der Deutschen Forschungsgemeinschaft. In Kollaboration mit Hitachi Research ist er Erfinder eines Patentes über Membership-Protokolle

für synchrone verteilte Systeme. Er ist oder war Gutachter für Zeitschriften wie IEEE TOC, IEEE Computer, ACM Computing Surveys, Distributed Computing Journal, und für Konferenzen wie IEEE DSN und ACM PODC. Er ist oder war Mitglied der Program-Committees für EDCC 2012, SOSFEM 2011, EWDC 2011, und WRAITS 2011.

Algorithmenbibliotheken für Mehrkern-Prozessoren

Johannes Singler
Institut für Theoretische Informatik
Karlsruher Institut für Technologie (KIT)
singler@kit.edu

Abstract: Allgegenwärtige Mehrkern-Prozessoren erfordern parallelisierte Programme, um die bereitgestellte Rechenleistung voll auszunutzen. In dieser Dissertation [Sin10] werden Bibliotheken parallelisierter Algorithmen implementiert, mit denen der Anwender auf einfache Weise, gekapselt und implizit, eine Anwendung parallelisieren kann. Betrachtet werden grundlegende Algorithmen für Hauptspeicher und Externspeicher sowie geometrische Algorithmen. Experimente, entweder mit den Algorithmen für sich oder in einer Anwendung, zeigen signifikante Beschleunigung. Als Generalisierung auf verteilten Speicher werden Sortieralgorithmen für Rechnerbündel entworfen, deren reale Leistung neue Weltrekorde aufgestellt haben.

1 Motivation und Ansatz

Die Geschwindigkeit sequentieller Prozessoren stieg früher von Jahr zu Jahr kontinuierlich an. Die Leistung von Softwareapplikationen erhöhte sich damit automatisch, und das praktisch ohne Aufwand von Seiten der Anwendungsentwickler. Diese Entwicklung kam 2005 zum Ende, bedingt vor allem durch die immer höhere Verlustleistung auf Grund der ansteigenden Taktraten. Das immer noch steigende Transistor-Budget eines Chips wird seitdem stattdessen in mehrere Prozessorkerne investiert.

Daher *müssen* Software-Entwickler inzwischen die Leistung der Mehrkern-Prozessoren durch parallele Ausführung des Programms ausnutzen, um eine Stagnation der Rechenleistung zu vermeiden. Dies ist eine große Herausforderung und hat zu einem Paradigmenwechsel in der Informatik geführt. Eine manuelle Parallelisierung ist aufwändig, und automatische Parallelisierung durch den Übersetzer meist nicht weitgehend genug.

In dieser Arbeit untersuchen wir den Ansatz, das Parallelisieren von Anwendungen durch parallelisierte Algorithmenbibliotheken zu erleichtern. Diese bieten die gleiche Funktionalität wie ihre sequentiellen Versionen, ihre Routinen laufen jedoch beschleunigt, da sie die mehreren Rechenkerne nutzen. Die Verwendung von Routinen solcher Bibliotheken ermöglicht dem Software-Entwickler auf einfache Weise impliziten Parallelismus, gekapselt durch die gleichbleibende Schnittstelle. Wir entwerfen bzw. wählen Algorithmen für die verschiedenen Probleme und implementieren sie.

Da das Ziel eine höhere Ausführungsgeschwindigkeit ist, gehen wir von einer Plattform aus, die das auch im sequentiellen Umfeld bereits anstrebt. Wir haben uns daher auf etablierte Bibliotheken für die Programmiersprache C++ konzentriert. Diese weit verbreit-



Abbildung 1: Schema des Algorithmus für `find`.

tete Sprache unterstützt gleich mehrere Programmierparadigmen, z. B. objekt-orientierte und generische Programmierung. Weiterhin folgt sie dem „Zero-Overhead“-Prinzip, d. h. Spracheigenschaften bringen nur Zusatzkosten, wenn sie wirklich verwendet werden, und dann auch nur im notwendigen Ausmaß. Letztlich ergibt sich daraus der Anspruch, dass man mit Hilfe eines gut optimierenden Übersetzers immer die Leistung (einer einzelnen) Recheneinheit ausreizen kann, und keinen Nachteil nur auf Grund der Sprache hat.

Bei numerischen Problemen ist das Bereitstellen leistungsfähiger Implementierungen in Form von Bibliotheken schon länger Tradition. Da numerische Operationen oft explizite Hardware-Unterstützung genießen, sind hier architekturenspezifische Lösungen wichtiger und einträglicher. Damit einher ging schon früh der Ansatz zur Parallelisierung.

Im folgenden liegt der Fokus jedoch auf kombinatorischen Algorithmen, und zwar für parallele Systeme mit gemeinsamem Speicher (vulgo Mehrkern-Rechner). Insgesamt betrachten wir Basisalgorithmen für Haupt- und Externspeicher, sowie (kombinatorische) geometrische Algorithmen. Dazu kommt der Ansatz zur Verallgemeinerung auf verteilten Speicher an Hand der Anwendung Sortieren größter Datenmengen, wo zusätzlich ebenfalls Mehrkern-Parallelismus genutzt wird.

2 Basis-Algorithmen im Hauptspeicher

Als erstes und grundlegendstes Fallbeispiel betrachten wir die Standard Template Library (STL), eine Bibliothek für die grundlegendsten Algorithmen, welche als Teil von C++ standardisiert ist. Ihr einfachster Algorithmus wendet eine benutzerdefinierte Operation auf jedes Element einer Sequenz an. Weitere dort bereitgestellte Routinen sind z. B. suchen, mischen, sortieren, zufällig permutieren und Präfixsummen berechnen, sowie partitionieren mittels eines Pivot-Elements. Die meisten STL-Algorithmen arbeiten auf einer oder mehreren Sequenzen, wobei der Datentyp eines einzelnen Elements generisch ist. Die Implementierungen sind typischerweise effizient, wenn wahlfreier Zugriff auf diese Elemente schnell ist. In der Praxis funktionieren Sie also nur gut für im Hauptspeicher liegende Daten.

Eine verwandte Arbeit ist STAPL [AJR⁺01], eine Bibliothek, die STL-ähnliche Container und Algorithmen für verteilten Speicher bietet. Die Intel Threading Building Blocks sind vor allem ein Rahmenwerk für Task-Parallelismus. Sie bieten nur wenige echte Algorithmen, dafür umso mehr thread-sichere Datenstrukturen. Letzteres steht jedoch nicht im Fokus dieser Arbeit.

Im Rahmen dieser Dissertation haben wie die Routinen, für die es sinnvoll war, daten-

parallel reimplementiert. Manche Operationen benötigen jedoch zu wenig Zeit (z. B. nur logarithmisch in der Eingabegröße), als dass sich eine Parallelisierung auf Grund des zu erwartenden Parallelismus-Overheads rechnen würde.

Selbst einfache Algorithmen zeigen in der parallelen Variante Kniffligkeiten, z. B. `find`, das erste Vorkommen eines bestimmten Elements in einer Sequenz zu ermitteln. Der sequentielle Algorithmus terminiert sofort, sobald das passende Element an Position m gefunden wird. Eine naive Parallelisierung, die die Sequenz in gleich langen Stücken pro Thread durchsucht, würde hier im schlimmsten Fall zu keiner Beschleunigung, sondern sogar zu einer Verlangsamung (bei Synchronisation erst nach kompletter Abarbeitung jedes Stücks) führen. Im letztlich implementierten Algorithmus arbeiten die Threads blockweise von Anfang weg (siehe Abbildung 1), wobei sie die Position des nächsten Blocks mittels atomarer Additionen auf einen Zähler synchronisieren. Da ein Block aber immer komplett durchsucht wird, ergibt sich ein Onlineproblem für die Blockgröße. Fordern wir konstante parallele Effizienz, so ergibt sich eine Proportionalität zu m . Der Algorithmus hält folglich die Blockgröße proportional zur aktuellen Startposition, der besten aktuell bekannten unteren Schranke für m .

Im Allgemeinen bevorzugen wir Algorithmen, die möglichst wenig Kommunikation bzw. Synchronisation benötigen, da dies auch auf Systemen mit gemeinsamem Speicher meist zu besserer Leistung führt. So basiert ein Sortieralgorithmus auf parallelem lokalem Sortieren mit folgendem Mehrwege-Mischen.

Algorithmen zur Manipulation von speziellen Datenstrukturen werden ebenfalls thematisiert. Für das Einfügen großer Datenmengen in eine sortierte Sequenz bzw. deren Konstruktion aus einer Eingabesequenz betrachten wir parallele Algorithmen für Rot-Schwarz-Bäume.

Unsere parallelisierte Version der STL heißt *Multi-Core Standard Template Library* (MCSTL) [PSS07, SSP07]. Wie evaluieren die Leistung ihrer Algorithmen-Implementierungen ausführlich auf verschiedenen Mehrkern-Rechnern. Beispielhaft seien hier drei Resultate auf einer Maschine mit zwei Vierkern-Prozessoren vorgestellt. Sortieren von 32-Bit-Ganzzahlen (Abbildung 2) skaliert sehr gut, die Beschleunigung liegt über 6, und deutliche Geschwindigkeitsvorteile ergeben sich bereits für wenige tausend Elemente in der Eingabe. Zufälliges permutieren (`random_shuffle`, Abbildung 4) erreicht sogar superlineare Beschleunigung. Dies erklärt sich damit, dass der parallele Algorithmus hierarchisch arbeitet und damit cache-effizienter ist. Für Eingaben ab einer gewissen Größe ist er dadurch schon mit nur einem Thread zweimal so schnell wie die Originalimplementierung der STL, die außerhalb des Caches stark an Leistung verliert. Die absolute Beschleunigung bleibt also trotzdem unter der Anzahl Threads. Die Bandbreite des Systems, die wir unabhängig mit dem etablierten Stream Benchmark messen, limitiert `find` (siehe Abbildung 3). Der naive Algorithmus ist wie erwartet schlecht, wachsende Blockgrößen bringen tatsächlich einen Vorteil.

Die softwaretechnischen Aspekte der Integration der parallelisierten Routinen in eine existierende Bibliothek sind ebenfalls wichtig. Ziel ist zunächst eine möglichst einfache Verwendbarkeit. Der Nutzer hat die Möglichkeit, die parallele Varianten global einzuschalten. Damit kann sich durch reines Neukompilieren für STL verwendende Programme eine Be-

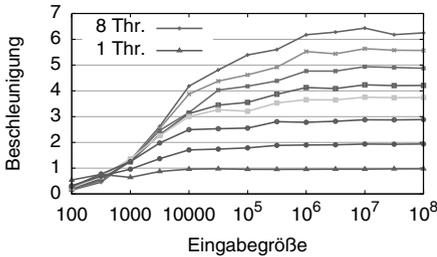
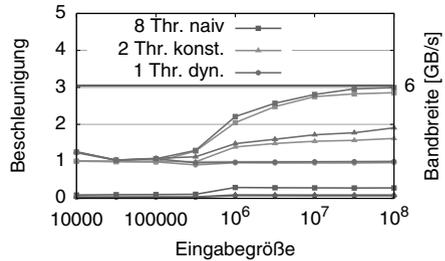
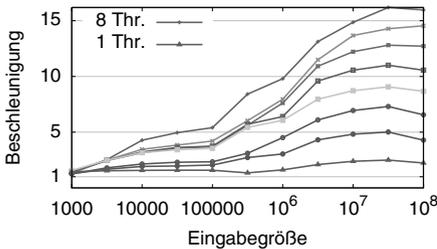
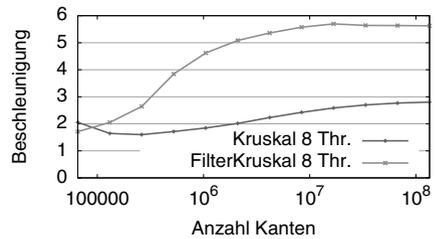
Abbildung 2: Beschleunigung von `sort`.Abbildung 3: Beschleunigung von `find`. mit eingzeichneter Bandbreiten-Schranke.Abbildung 4: Beschleunigung von `random_shuffle`.

Abbildung 5: Beschleunigung der Berechnung des minimalen Spannbaums.

schleunigung ergeben. Eine selektive Aktivierung der parallelen Variante pro Aufruf ist aber ebenso möglich.

Der Benutzer kann/muss die Algorithmen mit ausführbarem Code parametrisieren, der zum Teil sogar in überladenen Operatoren und Konstruktoren versteckt ist. Hier können Seiteneffekte die semantische Kompatibilität mit der Bibliotheksschnittstelle gefährden. Ein weiteres generelles Problem bei paralleler Ausführung sind Ausnahmen, die potentiell vom Benutzer-Code ausgelöst werden.

Inzwischen ist die MCSTL in die Standardbibliothek des GNU C++-Übersetzers eingegangen und bildet dort den so genannten *libstdc++ parallel mode*. Dies vereinfacht die Verwendung weiter, zwei Kommandozeilen-Optionen aktivieren die parallelisierten Implementierungen des ansonsten unveränderten Programms:

```
#include <algorithm>
std::vector<int> a(10000000);
int main()
{ std::sort(a.begin(), a.end()); }
```

```
g++-4.5 -D_GLIBCXX_PARALLEL -fopenmp sort.cpp
```

```

1: function FilterKruskal( $E, T$  : Sequence of Edge,  $P$  : UnionFind)
2: if  $m \leq$  kruskalThreshold( $n, |E|, |T|$ ) then
3:   Kruskal( $E, T, P$ )
4: else
5:   pick a pivot  $p \in P$ 
6:    $E_{\leq} := \langle e \in E : e \leq p \rangle$ ;  $E_{>} := \langle e \in E : e > p \rangle$ 
7:   FilterKruskal( $E_{\leq}, T, P$ )
8:    $E_{>} :=$  filter( $E_{>}, P$ )
9:   FilterKruskal( $E_{<}, T, P$ )
10: end if
    
```

Abbildung 6: Der Filter-Kruskal-Algorithmus.

2.1 Anwendungen

Eine Variante des Kruskal-Algorithmus [OSS09] (siehe Abbildung 6) berechnet den minimalen Spannbaum. Die Kanten werden aber nicht wie üblich zu Beginn komplett nach Gewicht sortiert, sondern nur nach Bedarf partitioniert, und Kanten, die sicher nicht mehr benötigt werden, früh ausgefiltert. Das Partitionieren (`partition`, Zeile 6), das filtern (`remove_copy_if`, Zeile 8) und das Sortieren im Basisfall (Zeile 2) lassen sich mit Hilfe der MCSTL einfach parallelisieren. Sie wird dadurch so viel schneller (siehe Abbildung 5), dass sie andere Algorithmen, die schlecht parallelisierbar sind, hinter sich lässt.

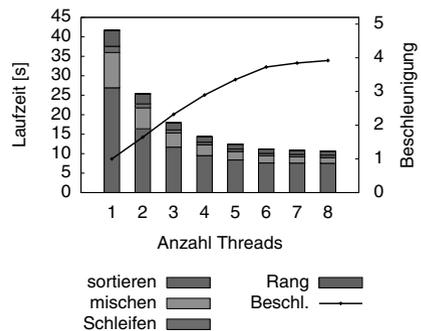


Abbildung 7: Beschleunigung der Suffix-Array-Konstruktion.

Suffix Arrays sind eine Indexdatenstruktur für Volltextsuche. Der DC3-Algorithmus zu deren Konstruktion läuft in Linearzeit und lässt sich gut parallelisieren, aus der MCSTL werden sortieren, Präfixsummen und mischen verwendet. Dadurch wird eine existierende Implementierung des DC3-Algorithmus um den Faktor 5 beschleunigt. Abbildung 7 zeigt weiterhin auf, dass alle Schritte des Algorithmus beschleunigt werden.

3 Geometrische Algorithmen im Hauptspeicher

Im Gebiet Algorithmische Geometrie wählen wir als Ansatzpunkt die dort wichtigste Algorithmenbibliothek CGAL (Computational Geometry Algorithms Library). Aus der Fülle

der dort implementierten Algorithmen wählen wir drei aus, die sich durch hohen Rechenaufwand bzw. häufige Verwendung auszeichnen [BMPS10].

Der Schnitt achsenparalleler (Hyper-)Quader wird oft als Heuristik in der Kollisionserkennung verwendet. Nur falls sich die einhüllenden achsenparallelen Quader zweier Objekte schneiden, muss detailliert untersucht werden, ob sich die exakten Objekte tatsächlich schneiden. Als Teile-und-Herrsche-Algorithmus ist eine Parallelisierung mittels des OpenMP-Task-Konstrukts sowie des MCSTL-Partitionierers relativ einfach möglich. Die Tücke lauert jedoch im Detail: Zwei parallelen rekursiven Aufrufen müssen zwei Teilsequenzen übergeben werden, die sich erstens überlappen und zweitens von den rekursiven Aufrufen permutiert werden. Kopiert man nur den überlappenden Teil, ergibt sich aber das Problem, dass die Teilsequenzen mit der Tiefe der Rekursion immer zerstückelter werden, was wahlfreien Zugriff immer langsamer macht. Letztlich lässt sich jedoch beweisen, dass zwei Teilstücke immer ausreichen, wenn man je nach Pivotposition geschickt dupliziert.

Für die 3D-Delaunay-Triangulierung nutzt der sequentielle CGAL-Algorithmus randomisierte inkrementelle Konstruktion. Die Eingabepunkte werden als Vorverarbeitung entlang der raumfüllenden Hilbert-Kurve sortiert. Diese wichtige Subroutine wurde im Übrigen auch parallelisiert. Da dieser Algorithmus einen sehr hohen Rechenaufwand hat, ist hier konkurrierender Zugriff der Threads auf die Datenstruktur praktikabel, feingranular geschützt durch eine sorgfältig unter mehreren Alternativen ausgewählte Locking-Strategie. Hinzu kommt eine ausgefeilte Speicherverwaltung. Algorithmen, die wenig Kommunikation garantieren, sind sehr kompliziert und lassen hohe konstante Faktoren befürchten. Wie in Abbildung 8 gezeigt, lassen sich fast perfekte Beschleunigungen erzielen, auch für reale Modelle. Damit sind wir schneller als konkurrierende Ansätze [KKv05], bei denen zudem die numerische Robustheit unklar ist, welche CGAL gewährleistet.

4 Basis-Algorithmen im Externspeicher

Bei Datenmengen größer als der Hauptspeicher greift man auf Externspeicher zurück, d. h. üblicherweise Festplatten. Auf diesen externen Daten arbeiten RAM-Algorithmen typischerweise nicht mehr effizient, da wahlfreier Zugriff einzelner Elemente auf Grund der hohen Latenzzeiten sehr teuer ist. Das etablierte Externspeicher-Modell mit paralle-

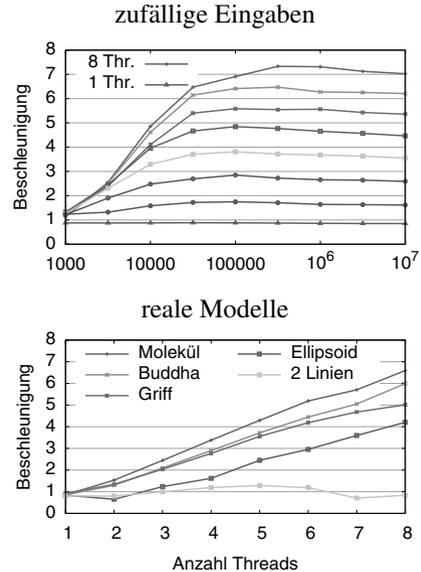


Abbildung 8: Beschleunigung der 3D-Delaunay-Triangulierung.

len Festplatten [VS94] zählt daher blockweise Zugriffe, die in der Praxis jeweils in der Größenordnung von Megabytes liegen.

Die Standard Template Library for XXL Data Sets (STXXL) [DKS08] implementiert Algorithmen und Datenstrukturen, die in diesem Modell effizient arbeiten, d. h. möglichst wenige Blockzugriffe tätigen. Dies funktioniert in der Praxis so gut, dass beim Einsatz mehrerer Festplatten jetzt überraschenderweise der Prozessor den Engpass bildet.

Wir setzen MCSTL-Routinen ein, um die interne Rechenarbeit zu beschleunigen. Sortieren beispielsweise, als Basisoperation gerade für Externspeicheralgorithmen noch wichtiger, wird durch diese Maßnahme bis an die Ein-/Ausgabe-Grenze beschleunigt (siehe Abbildung 9).

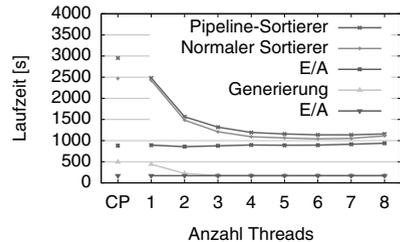


Abbildung 9: Laufzeit-Entwicklung für externes Sortieren von 100 GiB an Daten.

Dieser Datenparallelismus ist aber nicht der einzige Ansatzpunkt. Um temporäres Schreiben/Lesen bei der Weitergabe zwischen algorithmischen Komponenten zu vermeiden, unterstützt die STXXL Pipelining zwischen den Komponenten. Der sich aus diesen Verbindungen ergebende Datenflussgraph bietet Potential für weitere Parallelisierung. Durch Einfügen asynchroner Pufferkomponenten können Teilpfade unabhängig voneinander und damit parallel ausgeführt werden, es ergibt sich zusätzlich Task-Parallelismus. Während die sequentielle Ausführung des Datenflussgraphen (Abbildung 12) 11 124 s benötigt, sind es mit 3 Threads daten-parallel 6 098 s, mit Task-Parallelismus 4 629 s, und mit beiden zusammen nur noch 3 057 s. Dabei stellen die Zahnräder die asynchronen Pufferkomponenten dar. Möglichkeit für Task-Parallelismus besteht auf den Teilströmen 4–7 und 10–13.

Beide Ansätze kombinieren also ihr Beschleunigungspotential [BDS09]. Konkretes Anwendungsbeispiel ist hier wiederum die Konstruktion eines Suffix Array, dieses Mal für noch größere Eingaben.

5 Verteiltes Externes Sortieren

Bei extrem großen Datenmengen reichen auch die Festplatten eines einzelnen Rechners nicht mehr aus, es werden daher viele Rechner mittels eines Netzwerks verknüpft. Wir entwerfen Algorithmen zum Sortieren sehr großer Datenmengen auf solchen Rechnerbündeln mit verteiltem Speicher, und mehreren Festplatten pro Rechenknoten [RSS10]. Dies dient einerseits als Startpunkt für eine Verallgemeinerung der bisherigen Arbeit auf Systeme mit verteiltem Speicher, andererseits als ein weiteres Anwendungsbeispiel von MCSTL und STXXL, die in hierarchischer Weise auf den einzelnen Knoten parallel arbeiten.

Ein eher theoretischer Algorithmus verteilt die Daten randomisiert über alle Rechenknoten, und kommt dann für einen großen Eingabegrößenbereich mit 4 Platten-Transfers pro Block Elemente (zweimal lesen, zweimal schreiben) aus, was optimal ist. Allerdings

1. *globale* Teilsequenzen (Größe M) sortieren $1 \times \text{Komm.} + 2 \times \text{E/A}$
 - Auswahl (*blockweise randomisiert*)
 - internes Sortieren *selbständig*
2. *exakte* Verteilung über Knoten bestimmen $o(\text{sort}(N))$
 - mittels Selektion über mehrere Sequenzen
3. Daten *umverteilen* $0..1 (\epsilon) \times (1 \times \text{Komm.} + 2 \times \text{E/A})$
 - wahrscheinlich nur wenig Daten am falschen Ort ϵN
4. Teilsequenzen *lokal mehrwege-mischen* $2 \times \text{E/A}$

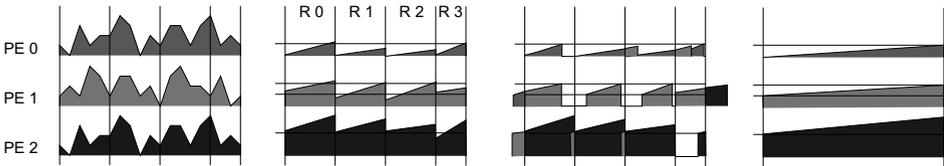


Abbildung 10: Schritte und Gesamtschema des CANONICALMERGESORT-Algorithmus.

müssen die Daten auch vier- bis fünfmal kommuniziert werden, was bei einem relativ zu den Platten langsamen Netzwerk zu teuer käme.

Der in Abbildung 10 beschriebene praktischere Algorithmus verteilt das Resultat kanonisch: Die kleinsten Elemente liegen auf dem ersten Knoten, die größten auf dem letzten. Im besten Fall benötigt er nur noch 4 Platten-Transfers und eine Kommunikation. Diese Werte können ansteigen, wenn sich die Teilsequenzen aus Schritt 1 sehr unähnlich sind, und deshalb in Schritt 3 substantiell viele Daten umverteilt werden müssen. Diese Datenmenge ist erwartet jedoch klein, wie wir ausrechnen können.

Bisherige Algorithmen (z. B. [ADADC⁺97]) benötigen deutlich mehr Platten-Transfers, oder haben keine Laufzeitgarantien, und können z. B. für eine schlechte Eingabe zu einem sequentiellen Algorithmus degenerieren.

Die Implementierung der praktischeren Variante wird wiederum ausführlich experimentell evaluiert und analysiert. Die schwache Skalierung für zufällige Eingabedaten ist sehr gut (Abbildung 11). Jedoch gibt es einen schlechten Fall, der im dritten Schritt eine Übertragung fast aller Daten nötig macht, und damit die Laufzeit um ca 50% erhöht. Indem jedoch die Teilsequenzen im ersten Schritt blockweise randomisiert ausgewählt werden, erreicht der Algorithmus wieder fast die volle Leistung.

Zum Vergleich mit Konkurrenz-Implementierungen haben wir Ergebnisse beim renommierten internationalen Sort Benchmark eingereicht, und erzielten 2009 zwei Leistungsweltrekorde. Für 100 Terabyte erreichte Konkurrent Yahoo eine um 2% bessere Zeit, benötigte aber die 17fache Anzahl Knoten und Festplatten. Für 1 Terabyte konnten wir

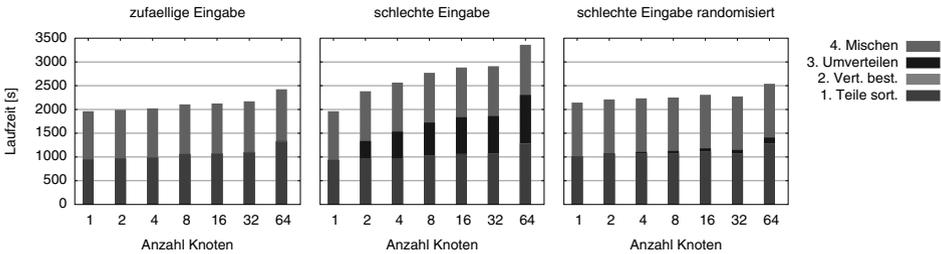


Abbildung 11: Schwache Skalierung von CANONICALMERGESORT, 100 GiB pro Knoten.

Yahoo um Faktor 2 schlagen, trotz deutlich geringerem Hardware-Einsatz.

Weitere Arbeiten [BMSS10] auf speziell ausgesuchter Hardware zeigen, dass sich mit Hilfe dieses Algorithmus auch sehr energiesparend sortieren lässt.

6 Fazit

Wir haben in dieser Arbeit demonstriert, dass sich Anwendungen mittels parallelisierter Algorithmenbibliotheken auf Mehrkern-Rechnern deutlich beschleunigen lassen. Alle erwähnten Bibliotheken hatten in ihren sequentiellen Versionen bereits eine große Verbreitung gefunden, die Anwendung ist sehr einfach. Auch dass die vorgestellten Bibliotheken sich teilweise bereits gegenseitig verwenden, zeigt deren Signifikanz. Mit Fallstudien demonstrieren wir die Verwendbarkeit der MCSTL-Routinen als Unterprogramme in komplexeren algorithmischen Anwendungen.

Insgesamt wurde der gesamte Weg vom theoretischen Algorithmus zur Implementierung, von der Benutzerfreundlichkeit zu softwaretechnischen Aspekten, betrachtet. Dies ist konsistent mit dem im *Algorithm Engineering* betrachteten Zyklus aus Theorie, Implementierung, Experiment und Rückkopplung, bei dem ja auch Bibliotheken eine wichtig Rolle spielen.

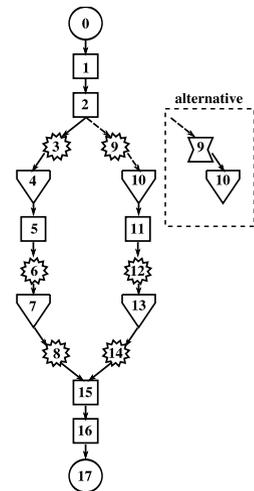


Abbildung 12: Datenflussgraph.

Literatur

[ADADC⁺97] Andrea C. Arpaci-Dusseau, Remzi H. Arpaci-Dusseau, David E. Culler, Joseph M. Hellerstein, and David P. Patterson. High-Performance Sorting on Networks of Workstations. In *ACM SIGMOD Conference*, pages 243–254, 1997.

[AJR⁺01] P. An, A. Jula, S. Rus, S. Saunders, T. Smith, G. Tanase, N. Thomas, N. M. Amato,

- and L. Rauchwerger. STAPL: An Adaptive, Generic Parallel C++ Library. In *LCPC*, pages 193–208, 2001.
- [BDS09] Andreas Beckmann, Roman Dementiev, and Johannes Singler. Building A Parallel Pipelined External Memory Algorithm Library. In *23rd IEEE International Parallel & Distributed Processing Symposium (IPDPS)*, 2009.
- [BMPS10] Vicente H. F. Batista, David L. Millman, Sylvain Pion, and Johannes Singler. Parallel Geometric Algorithms for Multi-Core Computers. *Computational Geometry – Theory and Applications*, 2010. <http://dx.doi.org/10.1016/j.comgeo.2010.04.008>.
- [BMSS10] Andreas Beckmann, Ulrich Meyer, Peter Sanders, and Johannes Singler. Energy-Efficient Sorting using Solid State Disks. In *International Green Computing Conference*, 2010.
- [DKS08] Roman Dementiev, Lutz Kettner, and Peter Sanders. STXXL: standard template library for XXL data sets. *Software: Practice and Experience*, 38(6):589–637, 2008.
- [KKv05] Josef Kohout, Ivana Kolingerová, and Jiří Žára. Parallel Delaunay triangulation in E^2 and E^3 for computers with shared memory. *Parallel Computing*, 31(5):491–522, 2005.
- [OSS09] Vitaly Osipov, Peter Sanders, and Johannes Singler. The Filter-Kruskal Minimum Spanning Tree Algorithm. In *Workshop on Algorithm Engineering & Experiments (ALENEX)*, pages 52–61, 2009.
- [PSS07] Felix Putze, Peter Sanders, and Johannes Singler. The Multi-Core Standard Template Library (poster and extended abstract). In *12th ACM SIGPLAN Symposium on Principles and Practice of Parallel Programming (PPoPP)*, pages 144–145, 2007.
- [RSS10] Mirko Rahn, Peter Sanders, and Johannes Singler. Scalable Distributed-Memory External Sorting. In *26th IEEE International Conference on Data Engineering (IC-DE)*, pages 685–688, 2010.
- [Sin10] Johannes Singler. *Algorithm Libraries for Multi-Core Processors*. PhD thesis, Department of Informatics, Karlsruhe Institute of Technology, 2010.
- [SSP07] Johannes Singler, Peter Sanders, and Felix Putze. The Multi-Core Standard Template Library. In *Euro-Par 2007: Parallel Processing*, volume 4641 of *LNCS*, pages 682–694. Springer-Verlag, 2007.
- [VS94] J. S. Vitter and E. A. M. Shriver. Algorithms for parallel memory, I/II. *Algorithmica*, 12(2/3):110–169, 1994.



Johannes Singler wurde 1980 in Offenburg geboren. Nach dem Abitur 1999 in Oberkirch leistete er zunächst seinen Zivildienst an der Schule für Körperbehinderte in Offenburg ab. Im September 1999 wurde er beim 17. Bundeswettbewerb Informatik zum Bundessieger ausgezeichnet. Seitdem ist er Mitglied der GI. Ab 2000 studierte er mit einem Stipendium der Studienstiftung des Deutschen Volkes Informatik an der Universität Karlsruhe und der Carleton University, Ottawa, Kanada, und schloss 2005 als Diplom-Informatiker ab. Seit 2006 arbeitete er als wissenschaftlicher Mitarbeiter am Lehrstuhl Prof. Sanders am jetzigen Karlsruher Institut für Technologie (KIT). Die Promotion „summa cum laude“ zu vorliegendem Thema erfolgte im Juli 2010.

Zur Erkennung verformbarer Objekte anhand ihrer Teile

Martin Stommel

Arbeitsgruppe Künstliche Intelligenz, Universität Bremen
Am Fallturm 1, 28359 Bremen
mstommel@tzi.de

Abstract: Aufgrund der Vielzahl möglicher visueller Erscheinungen lassen sich verformbare Objekte mit den Mitteln der digitalen Bildverarbeitung nur schwer zuverlässig erkennen. Zur Lösung dieses Problems wird in dieser Arbeit ein kompositioneller Ansatz untersucht, bei dem ein Objekt als Hierarchie von Teilen und Unterteilen in geometrischen Beziehungen beschrieben wird. Für jedes Teil läßt sich die Behandlung der Ausprägung und der Position lokaler Merkmale gezielt parametrisieren, was eine hohe Flexibilität ergibt. Die Parametrisierung des Modells beruht auf Beobachtungen der Statistik von Merkmalsverbänden, ihren geometrischen Eigenschaften und Abhängigkeiten von der Hierarchieebene. Die Methode ist ferner durch die Modellierung mehrerer Objektansichten und die gleichzeitige Lokalisation und Klassifikation gekennzeichnet. Die Leistungsfähigkeit des Verfahrens wird am Beispiel einer Cartoon-Datenbank gezeigt. Dazu werden unterschiedliche Modellkonfigurationen vorgestellt, die bei einer Korrekturklassifikationsrate von mindestens 78 Prozent entweder einen positiven Vorhersagewert von 97 Prozent oder eine Sensitivität von 93 Prozent erreichen.

1 Erkennung verformbarer Objekte

Viele technische Anwendungen [Naw01] basieren auf der automatischen Auswertung von Bildern durch einen Rechner, da Kameras schnell sind, die meisten Oberflächen erkennen und berührunglos sowohl nahe als auch ferne Objekte aufnehmen. Die Qualität eines Bildverarbeitungssystems hängt stark davon ab, in welchem Umfang man Einfluß auf verschiedene Umwelteinflüsse und den technischen Aufbau am Einsatzort nehmen kann. Die Erscheinung eines Objekts hängt beispielsweise von der Beleuchtung, der Objekt-oberfläche soweit vorhanden und der Lage des Objekts ab. Eine besondere Schwierigkeit stellen verformbare Objekte dar, da diese besonders stark in ihrer Erscheinung variieren. Oft müssen für diese Einflüsse enge Einsatzgrenzen definiert werden, um eine bestimmte Zuverlässigkeit des Gesamtsystems gewährleisten zu können. Einen weiteren Einfluß stellt die Kamera selbst dar, die geometrische Verzerrungen, Rauschen, Zeilenverschiebungen, Helligkeitsänderungen oder Kompressionsartefakte bewirken kann. Solche Einflüsse sind allerdings in der Regel sehr viel schwächer als die Variabilität der Objekte an sich.

Die Erkennung verformbarer Objekte wird in dieser Arbeit genauer untersucht. Den Schwerpunkt bildet die Analyse der für das Training wichtigen Einflußgrößen, insbesondere die Geometrie. Der vorgestellte Ansatz leistet dabei sowohl eine Lokalisation der Ob-

jekte im Bild als auch deren Klassifikation. Die Wirksamkeit der entwickelten Methoden wird am Beispiel einer Cartoon-Datenbank gezeigt.

2 Grundsätzlicher Aufbau eines Bildverarbeitungssystems

Die Objekterkennung im Rechner geschieht üblicherweise durch eine Vorverarbeitung, eine Merkmalsextraktion und eine anschließende Klassifikation [Ros69]. Die Vorverarbeitung dient dazu, die Bildqualität soweit zu erhöhen (z.B. durch Rauschfilterung), daß im nächsten Schritt robuste Merkmale berechnet werden können. Merkmale repräsentieren typische Eigenschaften von Objekten. Die Klassifikation ordnet das Bildmaterial anhand der Merkmale bestimmten Klassen von Objekten zu. Die typischen Merkmale einer Klasse sind das *Modell*.

Durch einen Experten speziell auf ein Anwendungsgebiet zugeschnittene Merkmale erreichen oft hohe Erkennungsraten. Eine stärkere Übertragbarkeit auch auf andere Anwendungsgebiete erhofft man sich jedoch von der Kombination eher allgemeingültiger Merkmale und dem Einsatz heuristischer Lernverfahren, die sehr gute Modelle aus einer repräsentativen Trainingsstichprobe ableiten können. Die Güte des Modells wird durch die Klassifikation einer separaten Teststichprobe geschätzt. Die Ergebnisse lassen sich als Vertauschungs- oder Wahrheitstabelle, oder kompakter durch die *Korrektklassifikationsrate* (engl. accuracy), den *positiven Vorhersagewert* (engl. precision) und die *Sensitivität* (engl. recall) darstellen. Letztere geben an, welcher Anteil der Stichprobe korrekt klassifiziert wurde, welcher Anteil der Zuordnungen zu einer bestimmten Klasse korrekt ist, und welcher Anteil einer bestimmten Klasse korrekt erkannt wurde.

Aufgrund gewisser Probleme, die tatsächliche dreidimensionale Struktur von Objekten aus einer Trainingsstichprobe zuverlässig rekonstruieren zu können [NMN96, Low99, Sel01, BBM96, BB97, PLRS04], werden derzeit meistens erscheinungsbasierte Modelle eingesetzt. Diese speichern Objektansichten unter verschiedenen Perspektiven und Beleuchtungsarten. Der folgende Abschnitt gibt einen Überblick.

3 Stand der Forschung

Die aktuellen Verfahren unterscheiden sich bezüglich ihres hierarchischen Aufbaus, der Lernbarkeit lokaler Merkmale und der Berücksichtigung von Geometrieinformationen.

Im Falle des erscheinungsbasierten Ansatzes von Murase und Nayar [NMN96] enthält das Modell nur eine Hierarchieebene. Globale Objektansichten ohne eine weitere Zerlegung in einfachere Teile werden mittels Hauptkomponentenanalyse zwischen prototypischen Ansichten interpoliert. Pose und Beleuchtungssituation sind im Modell enthalten. Zur Behandlung verformbarer Objekte und texturierter Hintergründe wurden teilebasierte Ansätze mit einer [WWP00, FPZ06, CH06, VJ04] oder mehreren [Sel01, OB06, SWP05] Hierarchieebenen entworfen.

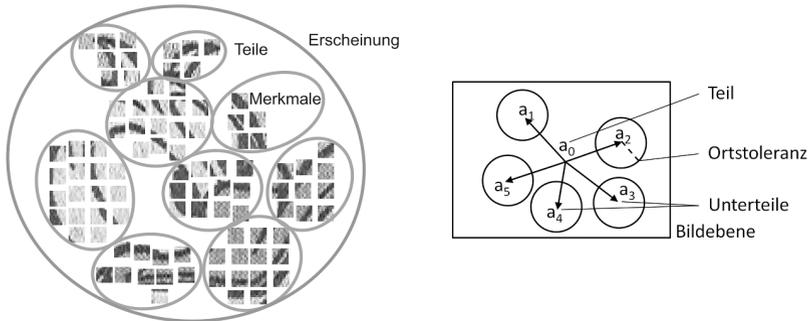


Abbildung 1: Links: Zerlegung eines Bildes in eine Hierarchie von Teilen. Rechts: Zerlegung des Teils a_0 in eine geometrische Anordnung der Teile $a_1 \dots a_5$ mit einer gewissen Ortstoleranz.

Bei Ansätzen mit einer Ebene steht meistens die automatische Erlernbarkeit der Objektteile [WWP00, VJ04] oder deren geometrischer Abhängigkeiten [FPZ06, CH06] im Vordergrund. Um Teile zu erlernen, werden diese meistens durch hochdimensionale Merkmalsvektoren modelliert (etwa [Low99, BETvG06, KS04]), was den Einsatz von Clusterungsverfahren und weiteren Techniken des Machine Learnings erlaubt [MLS05, SS07, LS03, FPZ07]. Die Modellierung geometrischer Abhängigkeiten zwischen den Teilen ist eng mit den Cliquesproblem verbunden [CH06], was bei vollvernetzten Teilen die Modellgröße beschränkt [FPZ06]. Crandall und Huttenlocher stellen in diesem Zusammenhang Vorteile einer sternförmigen Vernetzung gegenüber einem einfachen Bag-of-Features-Modell fest, jedoch nicht für stärkere Vernetzungen.

Die Behandlung mehrerer Hierarchieebenen wird auf unterschiedliche Weise begründet. Serre et al. [SWP05] nehmen das menschliche Gehirn mit seiner hohen Leistungsfähigkeit zum Vorbild. Ommer und Buhmann [OB06] stellen Kompositionalität als allgemeingültiges und stabiles Prinzip dar mit Begründungen u.a. aus der Gestaltpsychologie. Selinger [Sel01] optimiert die Stufen der Hierarchie jeweils auf qualitativ leicht unterschiedliche Aspekte der Objekterkennung. Die häufigsten Methoden, um mit teilebasierten Modellen Objekte zu erkennen, sind Mehrheitsentscheide [Sel01, MLS05] und Entscheidungsbäume [BBM96, BB97, VJ04, SK06].

4 Modellierung von Objekten als Teilehierarchie

Zur Modellierung verformbarer Objekte wird in dieser Arbeit ein kompositioneller Ansatz gewählt, bei dem ein Objekt oder Teil rekursiv durch eine Menge von Unterteilen in lockeren geometrischen Beziehungen beschrieben wird (illustriert in Abb. 1, links). Zu jedem Teil wird eine ideale Position relativ zum übergeordneten Teil gespeichert. Ein Teil wird detektiert, wenn gemessen an einem Schwellwert ϑ eine ausreichende Anzahl von Unterteilen innerhalb einer maximalen Ortstoleranz ς um die jeweilige Idealposition gefunden wurde (s. Abb. 1, rechts). Durch die Wahl der Parameter ϑ und ς kann für jedes

Teil ein individueller Kompromiß zwischen geometrisch strikter Teilekonstellation und losem Bag-of-Features getroffen werden. Die Rekursion endet an Basismerkmalen, die nicht weiter unterteilt werden. Als Basismerkmale werden hier orientierte Kanten, Ecken und Skelettlinien gewählt, deren Allgemeingültigkeit sich bereits in früheren Tests auf realem Videomaterial zeigte [SK06].

Zur Objekterkennung wird in einem Bottom-up-Prozeß für jedes Teil des Modells ein Voting-Verfahren mit Verwandtschaft zur verallgemeinerten Hough-Transformation durchgeführt. Dieses leistet eine gleichzeitige Detektion und Klassifikation. Durch die Reduktion des Verfahrens auf einfache Bitoperationen wird ein sehr hoher Durchsatz erzielt. Für die Details sei auf die Originalarbeit verwiesen [Sto10].

5 Visuelle Alphabete auf mehreren Abstraktionsebenen

Um die für das Training ausschlaggebenden Größen zu ermitteln, wird das Bildmaterial auf verschiedenen Abstraktionsebenen analysiert. Gegenüber der Anwendung allgemeingültiger Optimierungsverfahren steht hier die Ableitung von Regeln im Vordergrund, die den Trainingsprozeß stärker erklären. Insbesondere soll geklärt werden, wodurch sich Teile genau definieren, welcher Zusammenhang zwischen Merkmalsausprägung und Geometrie der Teilekonstellation besteht und wie mehrere Ansichten modelliert werden. Die folgenden Abschnitte fassen die wesentlichen Ergebnisse geordnet nach der Hierarchieebene des Modells zusammen.

5.1 Extraktion lokaler Merkmale

Die niedrigste Hierarchieebene wird durch Kanten, Ecken und Flächen als Basismerkmale gebildet. Die Koordinaten der Merkmale werden operatorbasiert detektiert. Für jede Koordinate wird ein Deskriptor berechnet, welcher den Wert des Merkmals enthält. Für Kanten wird die Orientierung, für Ecken das Auftreten selbst gespeichert. Flächen werden durch die Punkte auf den Skelettlinien repräsentiert, welche durch die Orientierung der Skelettlinie, die Pixelintensität und den Abstand zur nächsten begrenzenden Kante parametrisiert sind.

Um jedem Merkmal Teile auf der nächsthöheren Ebene zuordnen zu können, werden die Deskriptoren diskretisiert und abgezählt. Dabei ist abzuwägen, daß durch zu grobe Intervalle Information verloren geht. Andererseits erhöhen feine Intervalle den Speicheraufwand, da für jede Merkmalsausprägung Hypothesen zu abstrakteren Teilen aufgestellt werden. Theoretische Betrachtungen sagen für den rauschbehafteten Fall eine Abnahme des Informationsgehalts sowohl bei einer zu groben als auch bei einer zu feinen Diskretisierung vorher. Praktische Messungen, die sowohl das Rauschen der Bildwerte als auch die Zeichnerische Variation berücksichtigen, zeigen einen grundsätzlich ähnlichen Verlauf, jedoch liegt die maximale Erkennungsgüte bei einer gröberen Diskretisierung von nur 8 bis 10 Stufen bei Orientierungswerten. Die Ursache liegt in statistischen Abhängigkeiten

räumlich benachbarter Merkmale, die Fehldetektionen des jeweils anderen Merkmals kompensieren können. Dabei werden auch starke Abhängigkeiten von der Ortstoleranz ζ und der Schwelle ϑ gefunden, welche den Einfluß der Quantisierungseinheit überwiegen. Die hohe Abhängigkeit von der Ortstoleranz spricht gegen ein Bag-of-Features-Modell auf dieser niedrigen Ebene.

5.2 Kritische Variablen für die Teile-Modellierung

Die zweite Hierarchieebene soll Gruppen von Merkmalen zu Teilen zusammenfassen. Eine Reihe von Experimenten wird durchgeführt, um die statistischen und geometrischen Eigenschaften von Objektdarstellungen bei kompositioneller Modellierung zu klären.

Zunächst wird ein gieriger Algorithmus entworfen, der die Klassifikationsgüte durch schrittweise Hinzunahme von neuen Merkmalen optimiert. Dabei zeigt sich, daß diese Methode keinen gültigen Pfad durch den Konfigurationsraum hin zu einem guten Modell findet, da die Wertelandschaft viele suboptimale Nebenmaxima aufweist. Es wird daher nach weiteren Abhängigkeiten in den Parametern gesucht, die den Trainingsprozeß leiten können. Eine experimentelle Untersuchung der Parameter ζ und ϑ zeigt eine starke gegenseitige Abhängigkeit sowie kompaktere und besser lokalisierte Trefferbereiche für hohe Schwellen. Ein Vergleich der detektierten Bildpositionen kleiner Beispielobjekte zeigt eine hohe Übereinstimmung von 44% bis 65% für eine rein auf Geometrie ausgelegte Modellkonfiguration im Vergleich zu einer gemischt auf Geometrie und Merkmalsausprägung ausgelegte Konfiguration. Da dies erneut einen hohen Einfluß der Geometrie anzeigt, werden in einem weiteren Versuch die Verbundwahrscheinlichkeiten aller geometrischen Konstellationen von Paaren von Merkmalen berechnet. Die resultierenden Histogramme zeigen oft räumliche Cluster, die möglicherweise wichtige Positionen für zu modellierende Teile darstellen. Aufgrund der oft spärlichen Statistik erscheint eine entsprechende automatische Optimierung aber nicht angemessen. Bei sehr häufigen Merkmalskombinationen dominiert der Abstand der Merkmale klar jede feinere räumliche Aufteilung. Messungen der Positionsabweichungen bei der Suche nach bestimmten Merkmalskonstellationen identifizieren den räumlichen Abstand als entscheidenden (und praktisch linearen) Einfluß auf die Stabilität bei der Detektion von Merkmalsverbänden.

Auf Basis dieser statistischen Eigenschaften können Gruppen von Merkmalen durch räumliche Clusterung zusammengestellt werden. Sollen so erzeugte Teile zu größeren Objekten zusammengesetzt werden, müssen jedoch weitere Abhängigkeiten zwischen der Teilegröße, der Objektgröße und der Stichprobenabdeckung beachtet werden.

5.3 Erzeugung eines visuellen Alphabets von Teilen

In Anlehnung an Erkenntnisse zur Funktionsweise des Sehzentrums im Gehirn [Tan96] wird ein *visuelles Alphabet* von Teilen erzeugt, welches unter den im vorigen Abschnitt genannten Randbedingungen parametrisiert wird. Die Idee ist, mehrere Teile des Alphabets



Abbildung 2: Beispiele aus dem Teilealphabet, hier mit einem Durchmesser von etwa 20 Pixeln. Die linken zwei Muster sind Beispiele des gleichen Clusters. Quadrate stehen für Kantenmerkmale, Dreiecke für Skelettlinien.

zu komplexeren Objektansichten zu kombinieren. Kandidaten für die Teile des Alphabets ergeben sich aus einer hierarchischen Clusterung der Basiserkmale nach ihren Bildpositionen. Die Merkmale eines Clusters werden wie in Abb. 1 (rechts) dargestellt als Unterteile eines abstrakteren Teils zusammengefaßt. Aus rechentechnischen Gründen müssen die sich aus der verwendeten Stichprobe ergebenden etwa 3 Millionen Kandidaten auf eine rechentechnisch behandelbare, dabei aber auch visuell ausreichend vielfältige Untermenge verdichtet werden. Hierzu wird erneut ein hierarchisches Clusterungsverfahren eingesetzt. Der Vergleich von Teilekandidaten über ihre gegenseitige Darstellbarkeit und Klassifizierbarkeit stellt sich als visuell plausibles und mathematisch stabiles Ähnlichkeitsmaß heraus. Für die Einstellung der Teileparameter werden lineare Regeln gefunden. Verschiedene Arten visueller Ähnlichkeit lassen sich an der hierarchischen Clusterstruktur ablesen. Zur Festlegung einer bestimmten Clusterung wird die Homogenität der Cluster automatisch analysiert. Das visuelle Alphabet wird aus den Clusterprototypen erstellt. Das resultierende Alphabet enthält 5000 Teile mit einer Größe von 10 bis 60 Pixeln und Ortstoleranzen zwischen 2 und 10 Pixeln. Abbildung 2 zeigt einige Beispiele.

5.4 Modellierung mehrerer Ansichten eines Objekts

Da bei verformbaren Objekten die visuelle Erscheinung stark variiert, ist es zweckmäßig, die verschiedenen in einer Stichprobe auftretenden Darstellungen in möglichst homogene Gruppen zu unterteilen und diese getrennt zu modellieren. So entsteht ein neues visuelles Alphabet, dessen Elemente jeweils Gruppen von Beispielsansichten repräsentieren. Die Gruppen werden durch eine dritte hierarchische Clusterung ermittelt, welche ein Dendrogramm der Stichprobenelemente erzeugt. Um Distanzen zwischen den Elementen zu berechnen, werden diese durch binäre Vektoren dargestellt, welche für jeden Eintrag des Alphabets angeben, ob das entsprechende Teil in dem Bild detektiert wird. Für eine Stichprobe von 800 Trainingsbildern ergibt sich ein Dendrogramm der Tiefe 15. Um eine Gruppe von Stichprobenelementen als Ansicht zu modellieren, werden alle Teile kombiniert, die sich bei allen Elementen an den gleichen Positionen detektieren lassen. Eine Unterabtastung im Rahmen der Ortstoleranz ζ begrenzt die Modellgröße auf ein praktikables Maß.

Experimente auf einzelnen Ansichtsmodellen zeigen starke Abhängigkeiten der optimalen Parameter von den strukturellen Eigenschaften des Dendrogramms, insbesondere starke

Korrelationen von 70 bis 92 Prozent zwischen den Parametern ζ , ϑ und der Höhe bzw. Tiefe eines Knotens im Baum. Auch für die Güte der Erkennung und die Modellgröße existiert so ein Zusammenhang. Für den rechentechnisch behandelbaren Parameterbereich läßt sich ein lineares Modell für die Ortstoleranz finden, das eine Minimierung falsch positiver Treffer über die Wahl der Schwelle ϑ zuläßt. Es ergeben sich Ortstoleranzen zwischen 15 und 75 Pixeln.

5.5 Training auf der Kategorieebene

Auf der höchsten Ebene des Modells werden jeweils mehrere Ansichtsmodelle unter einen Knoten zusammengefaßt, um die gesamte Stichprobe abzudecken. Auftretende Redundanzen werden zur Rauschfilterung und zur Anpassung des Gesamtsystems an ein mögliches Anwendungsziel genutzt. Da die Ansichtsmodelle bereits vollständige Objekte darstellen, werden die Knoten auf dieser Ebene als Bag-of-Features eingestellt. Außerdem kann den Knoten auf dieser Ebene schon eine Klasse zugeordnet werden, sodaß der Bottom-up-Erkennungsprozeß hier endet.

Redundanzen werden ermittelt, indem für jedes Element der Trainingsstichprobe die erkennenden Ansichtsmodelle ermittelt und kombiniert werden. Das Modell wird auf einen hohen positiven Vorhersagewert optimiert, indem die Schwelle ϑ des neuen Knotens höher als das auftretende Rauschen bei der Detektion eingestellt wird. Eine sensitivere Konfiguration ergibt sich dagegen, wenn die Schwelle auf eine hohe Korrektklassifikationsrate über alle Trainingselemente optimiert wird.

6 Test auf der Cartoon-Stichprobe

Die Leistungsfähigkeit der entwickelten Methoden wird am Beispiel einer Cartoon-Datenbank gezeigt. Die starken Verformungen der Cartoonfiguren unterscheiden die gewählte Stichprobe von vielen anderen Datenbanken, die hauptsächlich auf die Erkennung starrer Objekte ausgerichtet sind, darunter z.B. Haushaltsgegenstände und Spielzeug [SANM96], Autos [SK06] und Legosteine [CAC04], oder eher ungeordnete Bildersammlungen aus Suchmaschinenabfragen [GHP07].

Abbildung 3 zeigt Beispiele aus der Cartoon-Datenbank. Die 1600 Positivbeispiele zeigen Bilder des Kopfes der Disney-Figur *Donald*, welche aus der Buchvorlage [Dis] gescannt wurden. Die 1600 Negativbeispiele sind zufällige, quadratische Bildausschnitte ohne Überlappung mit Donald-Köpfen. Die Größe der Negativbeispiele spiegelt die Verteilung der Größe der Donald-Köpfe wieder.

Die auffälligsten Merkmale der Cartoon-Stichprobe sind die starken geometrischen Verformungen des dargestellten Objekts sowie die Vielfalt an Objektposen und Perspektiven. Die Verformungen resultieren aus Objektbewegungen, Änderungen der Mimik oder Kontakt mit anderen Objekten. Aufgrund satirischer Überzeichnung sind die Verformungen viel stärker als in der Natur. Der einzige Eingriff in die durch die Buchvorlage gegebene

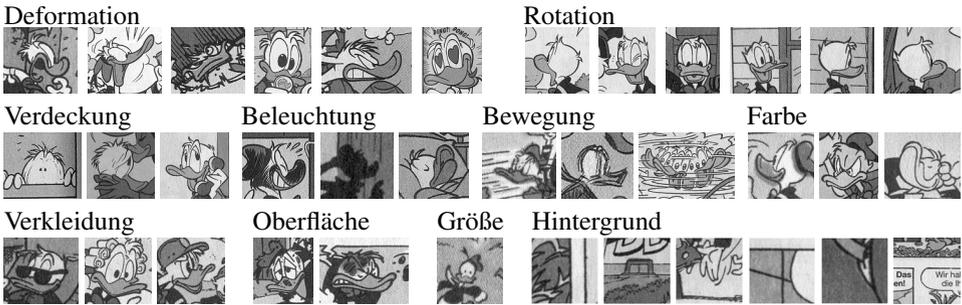


Abbildung 3: Beispiele aus der Cartoon-Stichprobe [Dis]

Szenerie besteht in der Auswahl von Donald-Köpfen, deren Gesicht zu einem Großteil sichtbar ist. Bildstörungen durch das Aufnahmegerät sind gegenüber der Variationen in der Vorlage vernachlässigbar.

Wie bei Aufnahmen natürlicher Objekte treten Verdeckungen, Beleuchtungseffekte, Bewegungsunschärfen und seltener Spiegelungen auf, welche z.B. durch Schraffuren, schwarze Flächen oder quer durch das Objekt verlaufende Striche angedeutet werden. Die Objektoberflächen sind vereinfacht einfarbig und meistens matt dargestellt. Erschwernisse für die Bildverarbeitung ergeben sich dagegen aus der Zeichen- und Reproduktionstechnik. Die Farbe einer Fläche muß über einen gewissen Bereich des Halbtoneasters gemittelt werden. Die Farbfüllungen der Flächen stimmen nicht immer mit den schwarzen Strichen überein. Die Farbe wird auch gelegentlich variiert, um emotionale Nebenbedeutungen zu illustrieren.

Für die Experimente wird die Stichprobe randomisiert und in gleich große Trainings- und Testmengen unterteilt. Die erste in Abschnitt 5.5 beschriebene Modellkonfiguration erreicht im Test einen positiven Vorhersagewert von 97% bei einer Korrektklassifikationsrate von 78%. Die Erkennung ist daher sehr zuverlässig aber auch recht selektiv. Die zweite Konfiguration erreicht eine Sensitivität von 89% bei einer Korrektklassifikationsrate von 77%. Das Modell ist daher ähnlich leistungsfähig wie das erste aber weniger konservativ.

7 Fazit

In dieser Arbeit wird ein System zur visuellen Erkennung verformbarer Objekte vorgestellt, das neuartig ist bezüglich des Trainings von visuellen Alphabeten auf mehreren Abstraktionsebenen. Ein besonderes Kennzeichen ist, daß für alle Teile des Modells eine individuelle Gewichtung von räumlicher Teile-Anordnung und Merkmalscharakteristik einstellbar ist. Dadurch konnte u.a. die Frage nach der Bedeutung der Geometrie [CH06, FPZ06] bezüglich ihrer Abhängigkeit von der Abstraktionsstufe präzisiert und beantwortet werden. Für eine Klasse von stark in der Erscheinung variierenden Objekten konnte so eine hohe Erkennungsrate erzielt werden.

Literatur

- [BB97] M. Burge und W. Burger. Learning Visual Ideals. *Proc. of the 9th ICIAP, Florence, Italy*, Seiten 316–323, 1997.
- [BBM96] M. Burge, W. Burger und W. Mayr. Recognition and learning with polymorphic structural components. *Proc. of the 13th ICPR, Vienna, Austria*, 1:19–28, 1996.
- [BETvG06] H. Bay, A. Ess, T. Tuytelaars und L. van Gool. SURF: Speeded Up Robust Features. *Computer Vision and Image Understanding (CVIU)*, 110(3):346–359, 2006.
- [CAC04] L. Cole, D. Austin und L. Cole2. Visual Object Recognition using Template Matching. *Australasian Conference on Robotics and Automation ACRA*, 2004.
- [CH06] D. Crandall und D. Huttenlocher. Weakly Supervised Learning of Part-Based Spatial Models for Visual Object Recognition. In *Proc. of European Conf. on Computer Vision (ECCV)*, Seiten 16–29, 2006.
- [Dis] W. Disney. *Lustiges Taschenbuch*, Jgg. 204, 320, 323, 327, 328, 336, 357, 367, Spezial 13, Enten Edition 7, 20, Sonderband 12. Egmont Ehapa, Berlin.
- [FPZ06] R. Fergus, P. Perona und A. Zisserman. A Sparse Object Category Model for Efficient Learning and Complete Recognition. In J. Ponce, M. Hebert, C. Schmid und A. Zisserman, Hrsg., *Toward Category-Level Object Recognition*, Jgg. 4170 of LNCS, Seiten 443–461. Springer, 2006.
- [FPZ07] R. Fergus, P. Perona und A. Zisserman. Weakly Supervised Scale-Invariant Learning of Models for Visual Recognition. In *International Journal of Computer Vision*, Jgg. 71, Seiten 273–303, Marz 2007.
- [GHP07] G. Griffin, A. Holub und P. Perona. Caltech-256 Object Category Dataset. Bericht 7694, California Institute of Technology, 2007.
- [KS04] Y. Ke und R. Sukthankar. PCA-SIFT: A More Distinctive Representation for Local Image Descriptors. *Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 2:506–513, 2004.
- [Low99] D. G. Lowe. Object recognition from local scale-invariant features. In *Proceedings of International Conference on Computer Vision (ICCV)*, Seiten 1150–1157, 1999.
- [LS03] B. Leibe und B. Schiele. Analyzing Contour and Appearance Based Methods for Object Categorization. In *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, June 2003.
- [MLS05] K. Mikolajczyk, B. Leibe, und B. Schiele. Local Features for Object Class Recognition. In *International Conference on Computer Vision (ICCV'05)*, October 2005.
- [Naw01] R. Nawrath. Industrielle Bildverarbeitung in Schleswig-Holstein. Bericht, Technologiestiftung Schleswig-Holstein (TSH), 2001.
- [NMN96] S. Nayar, H. Murase und S. Nene. *Parametric appearance representation*. In *Early Visual Learning*. Oxford University Press, February 1996.
- [OB06] B. Ommer und J. M. Buhmann. Learning Compositional Categorization Models. In *ECCV'06*. LNCS 3953, Springer, 2006.

- [PLRS04] J. Ponce, S. Lazebnik, F. Rothganger und C. Schmid. Toward True 3D Object Recognition. *Congrès de Reconnaissance des Formes et Intelligence Artificielle, Toulouse, France, 2004.*
- [Ros69] A. Rosenfeld. Picture Processing by Computer. *ACM Computing Surveys (CSUR)*, 1(3):147–176, 1969.
- [SANM96] S. K. Nayar S. A. Nene und H. Murase. Columbia Object Image Library (COIL-100). Bericht CUCS-006-96, Columbia University, NY, February 1996.
- [Sel01] A. Selinger. *Analysis and Applications of Feature-Based Object Recognition*. Dissertation, University of Rochester, Computer Science Department, Rochester, New York, USA, July 2001.
- [SK06] M. Stommel und K.-D. Kuhnert. A Learning Algorithm for the Appearance-Based Recognition of Complex Objects. In *The 2006 World Congress in Computer Science, Computer Engineering, and Applied Computing (WORLDCOMP 2006)*, In Proc. The 2006 International Conference on Machine Learning; Models, Technologies & Application (MLMTA'06), Las Vegas, Nevada, USA, June 26-29 2006.
- [SS07] M. Stark und B. Schiele. How Good are Local Features for Classes of Geometric Objects. *IEEE 11th International Conference on Computer Vision ICCV*, Seiten 1–8, 2007.
- [Sto10] M. Stommel. *Zur Erkennung verformbarer Objekte anhand ihrer Teile*. 2010. Dissertation, Fachbereich Elektrotechnik und Informatik, Universität Siegen, <http://dokumentix.ub.uni-siegen.de/opus/volltexte/2010/470/index.html>.
- [SWP05] T. Serre, L. Wolf und T. Poggio. A new biologically motivated framework for robust object recognition. *IEEE Conf. on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 2005.
- [Tan96] K. Tanaka. Inferotemporal cortex and object vision. *Annual Reviews of Neuroscience*, 19:109–139, 1996.
- [VJ04] P. Viola und M. J. Jones. Robust Real-Time Face Detection. *International Journal of Computer Vision*, 57(2):137–154, 2004.
- [WWP00] M. Weber, M. Welling und P. Perona. Unsupervised Learning of Models for Recognition. In *European Conference on Computer Vision (ECCV)*, Seiten 18–32, 2000.



Martin Stommel erforscht seit 2008 als wissenschaftlicher Mitarbeiter in der Arbeitsgruppe Künstliche Intelligenz der Universität Bremen die automatische Erkennung von Personen und Objekten in Videos. Er arbeitete von 2002 bis 2008 als wissenschaftlicher Mitarbeiter in der Fachgruppe Echtzeit Lernsysteme der Universität Siegen, wo er über das vorliegende Thema promovierte. Im Rahmen von Forschungs-, Lehr- und Industriearbeiten arbeitete er ferner auf den Gebieten der Stereobildverarbeitung, Dokumentaufbereitung und visuellen Robotersteuerung. Nach dem Studium der Technischen Informatik an der Universität Siegen von 1997 bis 2002 untersuchte er 2002 am Institut

für Automatische Regelung der Technischen Hochschule Schlesien in Gliwice, Polen, statistische Ansätze zur Rauschfilterung von Bildern und zur Detektion von Personen an der Farbe.

Dienstplatzierung in Ad-hoc-Netzen

Georg Wittenburg

Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique (INRIA)
Laboratoire d'Informatique de L'École Polytechnique
Route de Saclay, 91128 Palaiseau (CEDEX), France
georg.wittenburg@inria.fr

Abstract: Weit verbreiteten Diensten wie dem World Wide Web (WWW) oder E-Mail liegt die Client/Server-Architektur zugrunde. Diese ist jedoch nur eingeschränkt auf drahtlose Ad-hoc-Netze übertragbar. In der aktuellen Forschung werden daher Alternativen untersucht, die die Dienstleistung intelligent auf einer Mehrzahl von am Ad-hoc-Netz teilnehmenden Geräten verteilen. Das in dieser Arbeit vorgestellte System SP_i ermöglicht erstmalig den experimentellen Vergleich von unterschiedlichen Ansätzen zur verteilten Dienstleistung. Die experimentelle Untersuchung von SP_i und dem ebenfalls vorgestellten Graph Cost/Multiple Instances Dienstplatzierungsalgorithmus zeigt, dass die verteilte Dienstleistung als neuartige Architektur die Skalierbarkeit von Diensten in Ad-hoc-Netzen entscheidend verbessert.

1 Einleitung

Die Erbringung von Diensten wie dem Domain Name System (DNS), dem World Wide Web (WWW) oder E-Mail in drahtlosen Ad-hoc-Netzen stellt eine Herausforderung dar, weil die zugrunde liegende Client/Server-Architektur eine hohe Netzlast auf dem Funkkanal am dienst anbietenden Gerät bedingt. Dieser Umstand stellt eine grundsätzliche Skalierbarkeitsgrenze bei der Dienstleistung in Ad-hoc-Netzen dar [LBC⁺01]. In aktuellen Forschungsansätzen wird daher der Ansatz verfolgt, die Dienstleistung auf mehrere am Netz teilnehmende Knoten zu verteilen und so den für einen Dienst erforderlichen Datenverkehr gleichmäßig im Netz zu verteilen [HCB02, LSO⁺07, Her10]. Die zentrale Komponente zur Dienstleistung, der Server, wird dabei in eine variable Anzahl von Dienstinstanzen aufgeteilt, die frei auf den teilnehmenden Knoten des Ad-hoc-Netzes platziert werden können. Dieser Prozess wird von einer neuen Komponente, dem *Dienstplatzierungssystem*, gesteuert.

In der bisherigen Forschung wurde das Dienstplatzierungsproblem in Ad-hoc-Netzen zumeist entweder im Zuge der Entwicklung von Middleware-Architekturen oder als ein Anwendungsfall der Facility Location Theory [MF90] betrachtet. Beide Ansätze beschäftigen sich jedoch zumeist jeweils nur einen Teilbereich des Problems [WS08]: Middleware-basierte Ansätze konzentrierend sich auf die netztechnischen Aspekte der Dienstplatzierung und überlassen die Auswahl der Dienstinstanzen einfachen Heuristiken. Ansätze aus der Facility Location Theory bieten qualitativ hochwertige Lösungen des Platzierungspro-

blems an, vernachlässigen dabei aber in der Regel die zusätzliche Netzlast, die durch das Dienstplatzierungssystem selbst erzeugt wird. Darüber hinaus gibt es bisher mangels entsprechender Werkzeuge weder aussagekräftige Messungen bezüglich der positiven Auswirkungen von Dienstplatzierungssystemen allgemein noch qualitative oder quantitative Vergleiche der Ansätze untereinander.

Unser Ansatz in diesem Forschungsfeld ist das **SPi** Dienstplatzierungssystem¹ [WS10, Wit10], ein neuartiger Ansatz zur Dienstplatzierung in Ad-hoc-Netzen. Der wissenschaftliche Beitrag dieser Arbeit stellt sich hierbei wie folgt dar:

- Mit einer leichtgewichtigen **Programmierabstraktion für verteilte Systeme** schaffen wir die Grundlage dafür, Softwarekomponenten und Protokolle auf einer Vielzahl von Evaluationsumgebungen zu betrachten, darunter Geräte mit gängigen Betriebssystemen wie Microsoft Windows und Linux, der Netzsimulator `ns-2` und eingebettete System-on-a-Chip-Plattformen wie sie in drahtlosen Sensornetzen zum Einsatz kommen.
- Darauf aufbauend entwickeln wir das **SPi Dienstplatzierungssystem** selbst, das grundlegende Protokolle zur Dienstplatzierung erstmalig effizient implementiert und über eine API zur Entwicklung von Dienstplatzierungsalgorithmen zugänglich macht. Durch diese Trennung von netztechnischen und algorithmischen Aspekten des Dienstplatzierungsproblems wird es in der Forschung nun möglich, Algorithmen leichtgewichtig zu implementieren und sinnvoll miteinander zu vergleichen.
- Wir entwickeln außerdem die **Graph Cost/Single Instance (GCSI) und Graph Cost/Multiple Instances (GCMI) Dienstplatzierungsalgorithmen**. Diese Algorithmen gehen in zweierlei Hinsicht über den aktuellen Stand der Forschung hinaus: Zum Einen betrachten sie explizit die Kommunikation zwischen den Dienstinstanzen, die erforderlich ist, um den globalen Zustand des Dienstes über seine Instanzen hinweg synchron zu halten. Außerdem berücksichtigen die beiden Algorithmen bei der Berechnung des optimalen Zeitpunktes zur Anpassung der Dienstinstanzen die zu erwartende Netzlast der Maßnahmen, die für diese Anpassung erforderlich sind.
- In einer umfassenden **experimentellen Untersuchung von Dienstplatzierungsalgorithmen** vergleichen wir acht Platzierungsalgorithmen miteinander – neben GCSI und GCMI sechs weitere Ansätze aus der aktuellen Forschung – und betrachten, inwiefern diese Ansätze in der Lage sind, die Skalierbarkeit der Dienstleistung in Ad-hoc-Netzen grundsätzlich zu verbessern. Somit enthält diese Arbeit die ersten belastbaren Messergebnisse bezüglich der Vorteile der verteilten Dienstleistung in Ad-hoc-Netzen.

Nach einer kurzen Einführung in das Dienstplatzierungsproblem in Ad-hoc-Netzen in Abschnitt 2 stellen wir anschließend in Abschnitt 3 das **SPi** Dienstplatzierungssystem mit seinen Hauptkomponenten und dem **GCMI** Dienstplatzierungsalgorithmus vor. Danach geben wir in Abschnitt 4 einen Überblick über das Vorgehen und die Resultate unserer experimentellen Evaluation, um dann in Abschnitt 5 mit einer zusammenfassenden Betrachtung unserer Ergebnisse zu enden.

¹<http://cst.mi.fu-berlin.de/projects/SPi/>

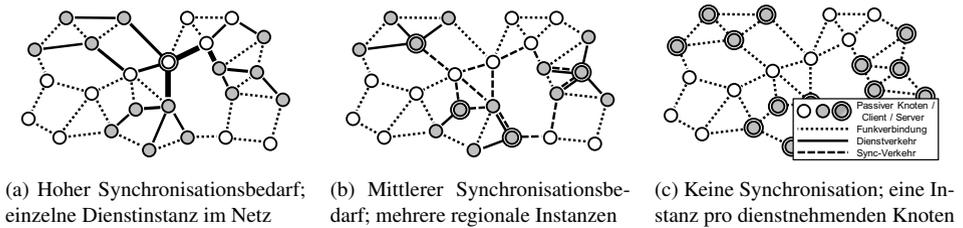


Abbildung 1: Dienstkonfigurationen für unterschiedliche Synchronisationsanforderungen

2 Dienstplatzierung in Ad-hoc-Netzen

Die Aufgabe eines Dienstplatzierungssystems für Ad-hoc-Netze besteht in der Auswahl einer optimalen Menge von dienst anbietenden Knoten angesichts der aktuellen Nachfrage nach dem Dienst und der gegenwärtigen Netztopologie. Diese Problemstellung umfasst folgende drei Kernfragen: *Wie viele* Instanzen eines Dienstes sollen im Netz zur Verfügung stehen, um gemeinsam die Anfragen der dienstnehmenden Knoten abzuarbeiten; *wo* sollen diese Dienstinstanzen platziert werden, d.h. welche Knoten sind für die verteilte Dienstbringung am besten geeignet; und *wann* soll eine Dienstkonfiguration angepasst werden. Hierbei sind die *Dienstinstanzen* eines verteilt arbeitenden Dienstes exakte Kopien der Softwarekomponente, die den Dienst erbringt — einschließlich des ausführbaren Programms und der Anwendungsdaten. Die Menge der Knoten im Ad-hoc-Netz, die jeweils eine Dienstinstanz beherbergen, wird *Dienstkonfiguration* genannt. Stellt ein Dienstplatzierungssystem eine gute Dienstkonfiguration her, so ist hierdurch eine Verbesserung der Qualität der Dienstbringung bei gleichzeitiger Verminderung der Netzlast zu erwarten.

Neben der Netztopologie und der Nachfrage nach dem Dienst ist der *Synchronisationsbedarf* zwischen Dienstinstanzen von zentraler Bedeutung für die Wahl der Dienstkonfiguration [YV01]. Der Synchronisationsbedarf bedingt sich durch die Notwendigkeit den globalen Zustand des Dienstes, z.B. in Form anwendungsspezifischer Daten, zwischen den Dienstinstanzen konsistent zu halten. Wie in Abbildung 1 veranschaulicht, ergeben sich aus unterschiedlichen, dienstspezifischen Synchronisationsanforderungen entsprechend unterschiedliche Dienstkonfigurationen: Bei einem hohen Synchronisationsbedarf (Abb. 1a), wie er beispielsweise bei einer transaktionalen Datenbank auftritt, ist es nicht lohnenswert, den Dienst aufzuteilen, weil sich durch das Volumen des Synchronisationsverkehrs zwischen den Instanzen eine insgesamt höhere Netzlast ergäbe als bei einer einzelnen Dienstinstanz. Für den entgegengesetzten Extremfall eines Dienstes ohne Synchronisationsbedarf (Abb. 1c), wie beispielsweise einer Rechtschreibprüfung, besteht die optimale Dienstkonfiguration aus einer Dienstinstanz auf jedem dienstnehmenden Knoten, da somit alle Dienstanfragen lokal bearbeitet werden können und jegliche Netzlast entfällt.

Der im Kontext dieser Arbeit interessantere Fall eines moderaten Synchronisationsbedarfs (Abb. 1b) tritt auf, wenn keine strikten Konsistenzanforderungen bezüglich der Anwendungsdaten des Dienstes bestehen und die Anzahl der lesenden Zugriffe auf die Daten

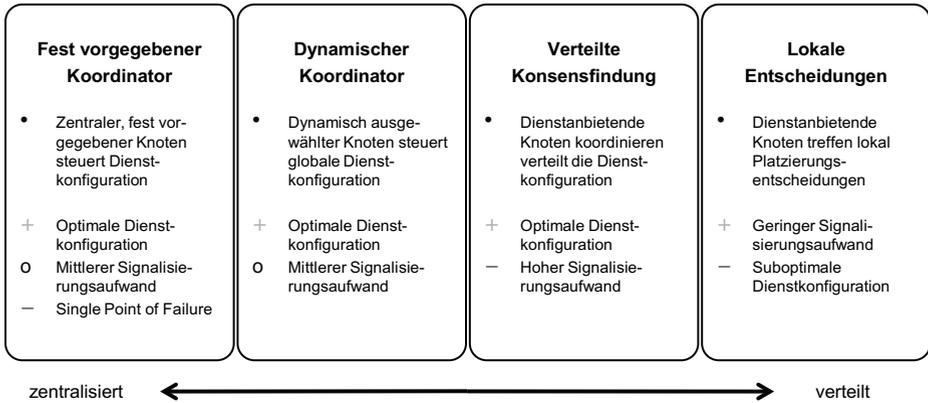


Abbildung 2: Designalternativen für Dienstplatzierungssysteme

wesentlich höher ist als die der schreibenden Zugriffe. Dieser Fall trifft auf weit verbreitete Dienste wie beispielsweise das Domain Name System (DNS) oder das World Wide Web (WWW) zu, sodass in diesem und vergleichbaren Fällen ein Dienstplatzierungssystem zur Optimierung eingesetzt werden kann. Das Ziel der Dienstplatzierung ist beispielsweise eine Dienstkonfiguration, die die durch die Diensterbringung bedingte Netzlast minimiert. Je nach Dienst und Anwendungsfall sind aber auch andere Optimierungen denkbar.

Aus theoretischer Sicht ähnelt die Optimierung der Dienstkonfiguration dem Uncapacitated Facility Location (UFL) Problem aus der Facility Location Theory [MF90]. Im Gegensatz zum Dienstplatzierungsproblem modelliert das UFL-Problem jedoch nicht den Synchronisationsverkehr zwischen Dienstinstanzen, betrachtet keine zeitlich veränderlichen Eingabedaten (z.B. Dienstanfrage und Netztopologie) und berücksichtigt nicht die durch die Ermittlung der Eingabedaten bedingte zusätzliche Netzlast. Lösungsansätze für das UFL-Problem sind folglich nicht direkt auf das Dienstplatzierungsproblem übertragbar, stellen jedoch aufgrund der ähnlichen Struktur der Problemstellung einen Ausgangspunkt für die Forschung dar. In der Tat basiert der in Abschnitt 3 vorgestellte GCM I Dienstplatzierungsalgorithmus auf solch einem Ansatz von Domínguez et al. [DMJ03].

Wie in Abbildung 2 dargestellt, sind Lösungsansätze für das Dienstplatzierungsproblem grundsätzlich in vier Klassen einzuteilen: Vollständig verteilte Ansätze verwenden regelbasierte, *lokale Entscheidungen* (z.B. [Her10]). Der wesentliche Vorteil dieser Ansätze ist der sehr geringe Bedarf an Signalisierungsverkehr; allerdings leidet mangels globaler Information über das Gesamtnetz die Qualität der erzielten Dienstkonfigurationen. Qualitativ höherwertige Konfigurationen erzielen Ansätze, die eine *verteilte Konsensfindung* implementieren (z.B. [LSO⁺07]). Diese Algorithmen sind zumeist rundenbasiert und benötigen mehrere Iterationen, um zu einer optimalen Lösung zu konvergieren. Sie verursachen daher einen nicht zu unterschätzenden Signalisierungsverkehr. Gänzlich zentralisierte Ansätze, die einen *fest vorgegebenen Koordinator* einsetzen (z.B. [HCB02]), haben keinen der Nachteile der zuvor genannten Ansätze. Da jedoch ein spezieller Knoten den Algorithmus ausführt, ergibt sich somit ein Single Point of Failure für das Dienstplatzierungssystem.

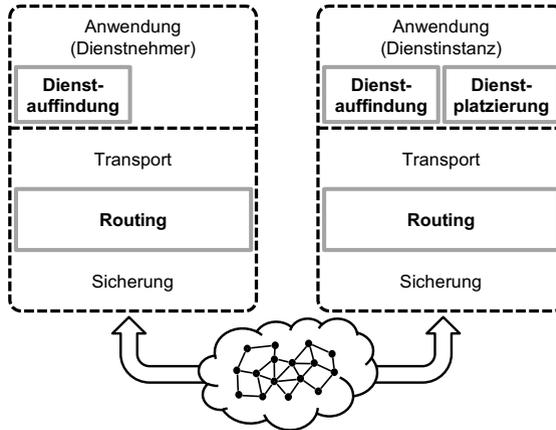


Abbildung 3: Komponenten des SPi Dienstplatzierungssystems

3 Dienstplatzierung mit SPi

Angesichts der im vorangegangenen Abschnitt besprochenen Vor- und Nachteile bisheriger Ansätze, haben wir ein Dienstplatzierungsalgorithmus entwickelt, der auf einen *dynamisch zugewiesenen Koordinatorknoten* ausgeführt wird (vgl. Abb. 2). Durch diesen neuartigen Ansatz lassen sich sowohl das Ziel einer qualitativ hochwertigen Dienstkonfiguration als auch jenes eines handhabbaren Signalisierungsverkehrs realisieren. Die bekannten Nachteile eines zentralisierten Ansatzes (insbesondere Skalierbarkeit und Ausfallsicherheit) lassen sich im Rahmen der vorgestellten Architektur vermeiden, indem in großen Netzen eine baumartige Hierarchie von Koordinatorknoten eingesetzt wird und einzelne Koordinatoren im Fehlerfall von den Dienstinstanzen neu gewählt werden.

3.1 Das SPi Dienstplatzierungssystem

Das SPi Dienstplatzierungssystem [WS10, Wit10] verfolgt einen Cross-Layering-Ansatz. Wie in Abbildung 3 dargestellt, umfasst es Komponenten für Dienstplatzierung, Dienst-auffindung und Routing von Dienstanfragen. Dies liegt in der Tatsache begründet, dass ein Dienstplatzierungssystem zwangsläufig die exakte Funktionsweise des Routings und der Dienstauffindung berücksichtigen muss, um eine effiziente Dienstkonfiguration herstellen zu können.

Die *Dienstplatzierungskomponente* erhebt statistische Daten bezüglich der Nachfrage nach dem Dienst und implementiert die notwendigen Protokolle zu deren Migration und Replikation. Die *Dienstauffindungskomponente* lokalisiert Dienstinstanzen und wählt zwischen den gefundenen Instanzen die für den dienstnehmenden Knoten am günstigsten gelegene aus. Die *Routingkomponente* übermittelt Dienstanfragen und -antworten zwischen dienstnehmenden und dienst anbietenden Knoten. Sie verwendet dabei erweiterte Routing-Pakete, um Informationen bezüglich der regionalen Netztopologie zu sammeln.

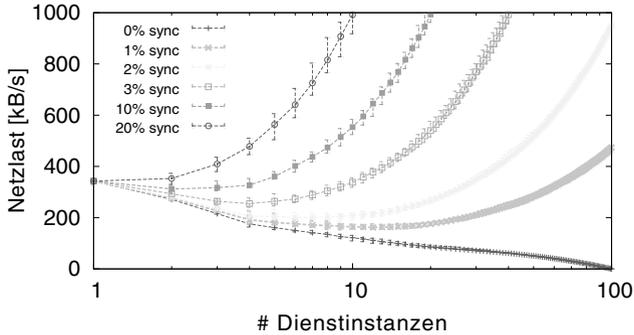


Abbildung 4: Durch die Dienstbringung bedingte Netzlast

SP_i nutzt die wechselseitigen Abhängigkeiten zwischen Dienstplatzierung, Dienstauffindung und Routing aus, um den für die Dienstplatzierung erforderlichen Signalisierungsverkehr zu minimieren. Die Funktionalität der drei Komponenten wird über eine API gekapselt, die den einfachen Zugriff auf die aggregierten Daten bezüglich Netztopologie und Dienstanfrage ermöglicht. Außerdem können über diese API die zur Anpassung der Dienstkonfiguration benötigten Aktionen angestoßen werden. Aufbauend auf dieser Grundlage sind nun diverse Dienstplatzierungsalgorithmen effizient implementierbar.

3.2 Der GCMi Dienstplatzierungsalgorithmus

Der Graph Cost/Multiple Instances (GCMi) Dienstplatzierungsalgorithmus ist einer von acht Algorithmen, die wir aufbauend auf der Funktionalität des SP_i Dienstplatzierungssystems implementiert haben. Basierend auf den von SP_i erhobenen Daten bezüglich Netztopologie und Dienstanfrage berechnet GCMi die durch die Dienstbringung bedingte Netzlast als Summe aus anfragebedingtem Verkehr und Synchronisationsverkehr. Der dienstspezifische Synchronisationsbedarf wird hierbei als Verhältnis zwischen schreibenden und lesenden Dienstanfragen modelliert.

Die Netzlast als konfigurationsspezifische Kostenfunktion ist in Abbildung 4 für ein Ad-hoc-Netz bestehend aus 100 zufällig platzierten Knoten dargestellt. Deutlich zu erkennen ist in dieser Abbildung zunächst einmal der Spezialfall für einen Dienst ohne Synchronisationsbedarf (“0% sync”): In diesem Fall ist die Netzlast am niedrigsten, wenn auf jedem der 100 Knoten eine Dienstinstanz verfügbar ist (vgl. auch Abb. 1c). Bei höherem Synchronisationsbedarf ergeben sich unterschiedliche Minima der Kostenfunktion, die jeweils der optimalen Dienstkonfiguration für das gegebene Szenario entsprechen. Erwartungsgemäß ist hierbei festzuhalten, dass bei höherem Synchronisationsbedarf die Anzahl der Dienstinstanzen in den optimalen Dienstkonfigurationen abnimmt bis schließlich der Dienst wieder von einer einzelnen Instanz erbracht wird (vgl. Abb. 4, “20% sync”).

Der Berechnung der optimalen Dienstkonfiguration in GCMi liegt die Beobachtung zugrunde, dass eine jede Dienstkonfiguration ein Clustering in dem als Graph modellierten Ad-hoc-Netz bedingt, wobei jeder dienstnehmende Knoten dem ihm nächstgelegenen

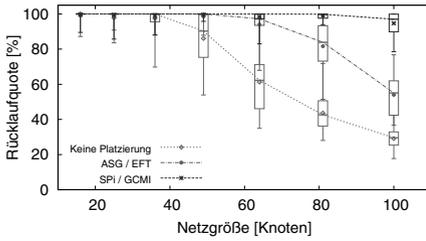
dienstanbietenden Knoten zugeordnet wird. Basierend auf diesem Ansatz ermittelt GCMI die optimale Dienstkonfiguration beginnend mit der korrekten, aber im Regelfall suboptimalen Dienstkonfiguration mit einer Instanz pro dienstnehmendem Knoten. Mit dieser Konfiguration als Ausgangspunkt wird nun iterativ jeweils das benachbarte Clusterpaar mit der geringsten gemeinsamen Dienstanfrage zu einem Cluster verschmolzen. In jedem Iterationsschritt wird die dienstbedingte Netzlast berechnet, wobei die zentralen Knoten aller Cluster als Dienstinstanzen betrachtet werden. Tritt bei dieser Berechnung das globale Minimum der dienstbedingten Netzlast auf, so ergibt sich aus den entsprechenden Dienstinstanzen die optimale Dienstkonfiguration. Diesen Prozess kann man sich intuitiv als eine Bewegung entlang einer Kostenfunktion von vielen hin zu wenigen Dienstinstanzen vorstellen (vgl. Abb. 4). Die Berechnung terminiert sobald sich aus dem iterativen Verschmelzen der benachbarten Cluster ein einzelner letzter Cluster ergeben hat, der alle dienstnehmenden Knoten des Netzes beinhaltet.

Sobald die optimale Dienstkonfiguration ermittelt wurde, stellt sich die Frage, ob die aktuelle Dienstkonfiguration in die optimale überführt werden sollte. Da die Anpassung der Dienstkonfiguration selbst eine signifikante Netzlast erzeugt, muss hierbei sichergestellt werden, dass sich diese Investition bezahlt macht. Hierzu berechnet GCMI zunächst die Liste der zur Anpassung erforderlichen Aktionen (Migration, Replikation und Auflösung von Dienstinstanzen) und dann basierend auf dieser Liste die resultierende Netzlast. Diese anpassungsbedingte Netzlast wird nun mit der Differenz zwischen den jeweiligen Netzlasten der aktuellen und der ermittelten optimalen Dienstkonfiguration verglichen. Fällt dieser Vergleich zu Gunsten der Anpassung der Dienstkonfiguration aus, so wird diese durch Übermittlung der erforderlichen Aktionen an die derzeitigen Dienstinstanzen umgesetzt. Andernfalls wird der GCMI Algorithmus zu einem späteren Zeitpunkt erneut ausgeführt.

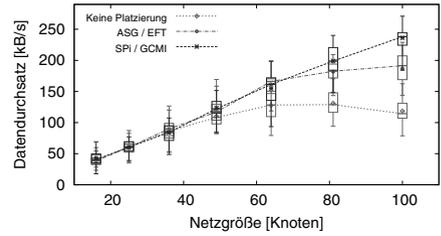
4 Experimentelle Evaluation

Wir untersuchen die Leistungsfähigkeit des *SPi* Dienstplatzierungssystems in Simulationen und Experimenten auf einem drahtlosen IEEE 802.11 Testbed. Dabei vergleichen wir die im Rahmen dieser Arbeit entwickelten Dienstplatzierungsalgorithmen mit anderen Ansätzen aus der aktuellen Forschung.

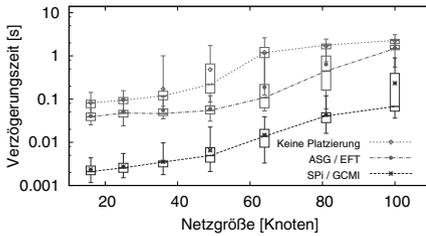
Für die Evaluation verwenden wir folgende vier Metriken: Die *Rücklaufquote* entspricht dem Anteil der erfolgreichen Dienstanfragen am Gesamtanfragevolumen. Gute Dienstplatzierungsalgorithmen verbessern diese Metrik, da sie Dienstinstanzen in der Nähe der dienstnehmenden Knoten platzieren und somit Problemen bei der drahtlosen Kommunikation über mehrere Hops vorbeugen. Der *Datendurchsatz* gibt das Gesamtvolumen des Netzverkehrs zwischen dienstnehmenden und dienst anbietenden Knoten pro Zeit an. Ebenso wie bei der Rücklaufquote ist hier eine Steigerung zu erwarten, wenn gute Dienstplatzierungsalgorithmen zum Einsatz kommen. Die *Verzögerungszeit* entspricht der Zeit die verstreicht bis ein dienstnehmender Knoten eine Antwort auf eine Dienstanfrage erhält. Analog zu den beiden zuvor genannten Metriken ist hier eine Reduktion zu erwarten, wenn bessere Dienstkonfigurationen erzielt werden. Die *Netzlast* gibt schließlich das Gesamtvolumen des Netzverkehrs pro Zeit an. Dieses umfasst dienstbedingten Verkehr, Si-



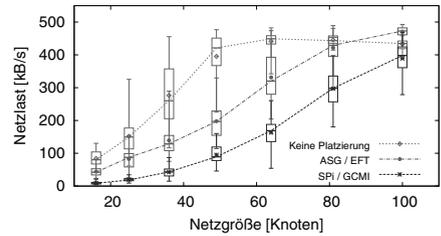
(a) Rücklaufquote vs. Netzgröße



(b) Datendurchsatz vs. Netzgröße



(c) Verzögerungszeit vs. Netzgröße



(d) Netzlast vs. Netzgröße

Abbildung 5: Dienstplatzierung für unterschiedlich große Netze

gnalisierungverkehr des Dienstplatzierungssystems und Verkehr, der bei den Anpassungen der Dienstkonfiguration anfällt. Werden Dienstplatzierungsentscheidungen intelligent getroffen, so ist auch hier mit einer Reduktion zu rechnen.

Zunächst untersuchen wir die Skalierbarkeit von Diensten bezüglich der Größe des Ad-hoc-Netzes unter Verwendung unterschiedlicher Dienstplatzierungsalgorithmen. Wir betrachten hierbei ein mit dem Netzsimulator $ns-2$ simuliertes IEEE 802.11 Netz mit einer variablen Anzahl von zufällig platzierten Knoten. In diesem Netz kommen bei konstantem Knotengrad und einer proportional zur Netzgröße wachsenden Dienstanfrage zwei unterschiedliche Dienstplatzierungsalgorithmen zum Einsatz: der in Abschnitt 3.2 vorgestellte $SPi/GCMi$ -Algorithmus und der von Herrmann [Her10] vorgeschlagene Algorithmus ASG/Event Flow Tree (ASG/EFT). Zum Vergleich betrachten wir auch das gleiche Szenario unter Verwendung einer Client/Server-Architektur ohne Dienstplatzierung.

Die Ergebnisse dieses Experiments sind in Abbildung 5 dargestellt. Jedem Datenpunkt liegen 30 Simulationsläufe zugrunde, von denen wir Mittelwerte, Minima und Maxima sowie unteres und oberes Quartil aller Messungen zeigen. Wir können feststellen, dass $SPi/GCMi$ Rücklaufquote (Abb. 5a) und Datendurchsatz (Abb. 5b) im Vergleich zu sowohl ASG/EFT als auch gegenüber der Client/Server-Architektur substantiell verbessert. Im Gegensatz zu den beiden letzteren Alternativen stößt ein mit $SPi/GCMi$ platzierter Dienst aufgrund der höheren Qualität der erzielten Dienstkonfigurationen erst wesentlich später an die Kapazitätsgrenze des Ad-hoc-Netzes. Damit einher geht insbesondere auch eine Reduktion der Verzögerungszeit (Abb. 5c) um mehr als eine Größenordnung. Bezüglich der Netzlast (Abb. 5d) ist festzuhalten, dass beide Dienstplatzierungsalgorithmen

Tabelle 1: Durchschnittswerte der Evaluation auf dem IEEE 802.11 Testbed

	Keine Platzierung	Zentrale Instanz		SPi / GCMI	
		absolut	relativ	absolut	relativ
Rücklaufquote [%]	59.21	67.20	13.49%	81.23	37.20%
Datendurchsatz [kB/s]	4.70	4.89	4.06%	6.12	30.16%
Verzögerungszeit [s]	0.1840	0.1596	-13.29%	0.0881	-52.13%
Netzlast [kB/s]	29.53	26.87	-9.02%	22.98	-22.19%

diese gegenüber der Client/Server-Architektur trotz Signalisierungs- und Anpassungsverkehr reduzieren. Auch hier erzielt SPi / GCMI durchgängig die besseren Ergebnisse.

In einem weiteren Experiment untersuchen wir die Auswirkungen verteilter Dienstbringung in einem realen Ad-hoc-Netz. Hierfür verwenden wir 36 Knoten des IEEE 802.11 DES-Testbeds am Institut für Informatik der Freien Universität Berlin [BGJS10]. Wir variieren die Dienstanfrage zwischen 0,1 und 5 Anfragen pro Sekunde pro Knoten und betrachten die Güte der Dienstbringung eines mit SPi / GCMI platzierten Dienstes. Zum Vergleich verwenden wir wiederum einen Dienst ohne Platzierung und zusätzlich einen weiteren Dienst, der mit einer einzelnen, dynamisch platzierten Instanz arbeitet.

Tabelle 1 enthält für jede Metrik die arithmetischen Mittelwerte aus jeweils zehn Messungen für fünf Nachfrageraten. Zusätzlich geben wir jeweils die relative Veränderung gegenüber dem Szenario ohne Dienstplatzierung an. Wir beobachten, dass bereits die Platzierung einer einzelnen Dienstinstanz zu einer Verbesserung der Dienstqualität bei einer gleichzeitigen Reduktion der Netzlast führt. Dieser Effekt ist jedoch wesentlich ausgeprägter, wenn mit SPi / GCMI eine verteilte Dienstbringung mit dynamisch platzierten Dienstinstanzen zum Einsatz kommt.

5 Zusammenfassung

Die experimentelle Evaluation des in dieser Arbeit vorgestellten Dienstplatzierungssystems SPi zeigt, dass dieses in Kombination mit dem Dienstplatzierungsalgorithmus GCMI in der Lage ist, in einer Vielzahl von Szenarien bessere Dienstkonfigurationen als andere Ansätze zu finden. Daraus resultiert eine Verbesserung der Güte des platzierten Dienstes, während weniger Datenverkehr im Netz für dessen Erbringung erforderlich ist. Kurz zusammengefasst können wir also festhalten, dass sich mit SPi / GCMI eine Steigerung der Dienstqualität unter gleichzeitiger Verminderung der Netzlast erzielen lässt.

Unsere Ergebnisse zeigen darüber hinaus, dass eine verteilte Dienstbringung mit aktiver Dienstplatzierung – wie sie in SPi implementiert ist – die Leistungsfähigkeit eines mit einer herkömmlichen Client/Server-Architektur erbrachten Dienstes übertrifft. Daraus schließen wir, dass unser Ansatz zur verteilten Dienstbringung die Skalierbarkeit von Diensten in Ad-hoc-Netzen grundsätzlich verbessern kann und somit eine interessante Alternative zu etablierten Architekturen darstellt.

Literatur

- [BGJS10] Bastian Blywis, Mesut Günes, Felix Juraschek und Jochen Schiller. Trends, Advances, and Challenges in Testbed-based Wireless Mesh Network Research. *Mobile Networks and Applications*, 15(3):315–329, Juni 2010.
- [DMJ03] E. Domínguez, J. Muñoz und J. Jerez. Neural Network Algorithms for the p-Median Problem. In *ESANN '03*, Bruges, Belgium, April 2003.
- [HCB02] Wendi B. Heinzelman, Anantha P. Chandrakasan und Hari Balakrishnan. An Application-Specific Protocol Architecture for Wireless Microsensor. *IEEE Transactions on Wireless Networking*, 1(4):660–670, Oktober 2002.
- [Her10] Klaus Herrmann. Self-organized Service Placement in Ambient Intelligence Environments. *ACM Transactions on Autonomous and Adaptive Systems*, 5(2):1–39, Mai 2010.
- [LBC⁺01] Jinyang Li, Charles Blake, Douglas De Couto, Hu Imm Lee und Robert Morris. Capacity of Ad Hoc Wireless Networks. In *MobiCom '01*, August 2001.
- [LSO⁺07] Nikolaos Laoutaris, Georgios Smaragdakis, Konstantinos Oikonomou, Ioannis Stavrakakis und Azer Bestavros. Distributed Placement of Service Facilities in Large-Scale Networks. In *INFOCOM '07*, Anchorage, AK, USA, Mai 2007.
- [MF90] Pitu Mirchandani und Richard Francis, Hrsg. *Discrete Location Theory*. Wiley-Interscience, Dezember 1990.
- [Wit10] Georg Wittenburg. *Service Placement in Ad Hoc Networks*. Dissertation, Fachbereich Mathematik und Informatik, Freie Universität Berlin, Oktober 2010.
- [WS08] Georg Wittenburg und Jochen Schiller. A Survey of Current Directions in Service Placement in Mobile Ad-hoc Networks. In *PerCom '08*, Hong Kong, März 2008.
- [WS10] Georg Wittenburg und Jochen Schiller. Service Placement in Ad Hoc Networks. *PIK - Praxis der Informationsverarbeitung und Kommunikation*, 33(1):21–25, Januar 2010.
- [YV01] Haifeng Yu und Amin Vahdat. The Costs and Limits of Availability for Replicated Services. In *SOSP '01*, Chateau Lake Louise, AB, Canada, Oktober 2001.



Georg Wittenburg ist der erste Absolvent des im Jahr 2003 eingeführten Bachelor/Master-Studiengangs in Informatik an der Freien Universität Berlin. Im Anschluss an sein Studium war er von 2006 bis 2010 als wissenschaftlicher Mitarbeiter bei der Arbeitsgruppe Computer Systems & Telematics am dortigen Institut für Informatik beschäftigt. Neben seiner Lehrtätigkeit mit den Schwerpunkten Betriebssysteme und Computernetze organisierte er mehrere wissenschaftliche Workshops und absolvierte Forschungsaufenthalte an der University of Waikato in Hamilton, Neuseeland, und bei Microsoft Research Cambridge. Sein Forschungsinteresse gilt der Entwicklung von effizienten Ad-hoc-

und Sensornetzen; er hält zwei Patente in diesem Feld. Derzeit arbeitet Georg Wittenburg als Post-Doktorand in der gemeinsam vom Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique (INRIA) und dem École Polytechnique betriebenen Projektgruppe High Performance Communications (HIPERCOM) in Paris.

Maschinelle Lernmethoden zur Analyse von Tiling-Array-Daten

Georg Zeller

Europäisches Laboratorium für Molekularbiologie
Meyerhofstr. 1, 69117 Heidelberg, Deutschland
georg.zeller@gmail.com

Abstract: Im Rahmen meiner Dissertation [Zel10] entwickelte ich auf Maschinellen Lerntechniken basierende, bioinformatische Methoden, um zur Beantwortung zentraler molekularbiologischer Fragestellungen beizutragen:

- In welchen Bereichen des Genoms unterscheiden sich einzelne Individuen derselben Spezies?
- Welche Bereiche des Genoms beinhalten Gene, und in welchen Zellen, Organen und Entwicklungsstadien werden diese in mRNA-Moleküle transkribiert?

Diese beiden Probleme weisen einige – vielleicht unerwartete – Gemeinsamkeiten auf: Erstens lassen sich beide als Segmentierungsprobleme formalisieren. Zweitens hat die Molekularbiologie eine sehr flexible Hochdurchsatz-Experimentiertechnik entwickelt, sogenannte Tiling-Arrays (bzw. deren Weiterentwicklung zu Resequencing-Arrays), die es ermöglicht, diese beiden (und weitere) Fragestellungen experimentell zu bearbeiten. Im wesentlichen liefert diese Technik eine Sequenz von Messwerten, die in einem regelmäßigen Raster das gesamte Genom abdecken. Das Segmentierungsproblem bei der Analyse dieser Sequenzdaten besteht nun darin, die Teilbereiche zu erkennen, welche dem gesuchten biologischen Phänomen entsprechen, nämlich einerseits variable Genomregionen (im Unterschied zu solchen, wo sich Individuen nicht unterscheiden) und andererseits Segmente, aus denen mRNA-Moleküle generiert werden.

Zur Lösung dieser Probleme entwickelte ich Segmentierungsmethoden, die auf der sogenannten Hidden Markov Support Vector Machine (HMSVM) basieren und sich durch folgende Eigenschaften auszeichnen:

- *Genauigkeit* der Vorhersagen war von entscheidender Bedeutung, da meine Resultate die Grundlage für weitergehende experimentelle Forschung bildeten. Wo vergleichbare Methoden verfügbar waren, konnte ich die stark verbesserte Genauigkeit der neu entwickelten Lernmethoden belegen.
- Ich untersuchte empirisch, dass die hohe Genauigkeit teils einem ausgefeilten Modellierungsansatz und teils einem neuen *diskriminativen Lernalgorithmus* mit großer *Robustheit gegen Rauschen* zugeschrieben werden kann. Angesichts des starken Rauschens in Tiling-Array-Daten erwies sich Robustheit als Schlüsseleigenschaft.
- Ein weiterer Schwerpunkt lag auf der *Effizienz* der Methoden. Analysen ganzer Genome erfordern schnelle Vorhersagealgorithmen, und angesichts langer Trainingssequenzen sind Lernmethoden im Vorteil, die bereits anhand weniger Trainingsbeispiele in der Lage sind, genaue Vorhersagen zu machen.
- Die Verwandtschaft zu Hidden Markov Modellen (HMMs) mit einem *breiten Anwendungsspektrum* in der Bioinformatik eröffnet für die Anwendung der HMSVM viele Möglichkeiten über die hier beschriebenen hinaus.

1 Maschinelles Lernen in den Lebenswissenschaften

Hochdurchsatzverfahren in der Molekularbiologie, wie z.B. die DNA-Sequenzierung, haben in den letzten Jahren entscheidend unsere Sicht auf uns selbst und die Funktionsweise unseres Körpers verändert [LLB⁺01]. Die automatisierte Datengenerierung im großen Stil, die heute fast alle molekularbiologischen Forschungsfelder prägt, sorgt für einen stetig wachsenden Bedarf an „intelligenten“ Analysetechniken, um aus riesigen, oft komplexen und heterogenen Datenmengen biologische Einsichten zu gewinnen. Die Entwicklung solcher bioinformatischer Methoden, die Konzepte aus den Bereichen des Maschinellen Lernens und des verwandten Data Minings entlehnen und dabei besonders dem biologischen Kontext Rechnung tragen, bildet ein faszinierendes, interdisziplinäres Forschungsgebiet.

Maschinelle Lernverfahren „lernen“ eine bestimmte Eigenschaft von Beispieldaten (d.h. sie erkennen verallgemeinerbare Gesetzmäßigkeiten), um diese dann auf neuen, unbekanntem Daten vorherzusagen. Handelt es sich um die Vorhersage einer Klassenzugehörigkeit, spricht man von Klassifikation. Wenn jedoch jedes Lernbeispiel selbst aus einer Sequenz von Messpunkten (oder allgemein aus einer Merkmalssequenz) besteht, ist man oft an einer Segmentierung dieser Sequenz in bestimmte Teilbereiche interessiert.

In der Bioinformatik sind wir häufig mit *Segmentierungsproblemen* konfrontiert. Genvorhersage beispielsweise, d.h. die Segmentierung des Genoms in Gene, in welchen sich wiederum exonische Bereiche mit intronischen Bereichen abwechseln, sowie in umgebende intergenische Bereiche, ist ein bioinformatisches Kernproblem (Abb. 1) [SZZ⁺09]. Dieses und andere Segmentierungsprobleme lassen sich darauf reduzieren, jeder Position in einer langen Sequenz ein atomares Label zuzuweisen (z.B. exonisch, intronisch oder intergenisch). Oft existieren hier Abhängigkeiten (z.B. sind Introns im Genom stets von Exons umgeben), die es nicht erlauben, einfach Klassifikationsverfahren positionsweise unabhängig anzuwenden. Derartige Labelabhängigkeiten lassen sich jedoch mithilfe eines Zustandsübergangsmodells formal beschreiben (Abb. 1).

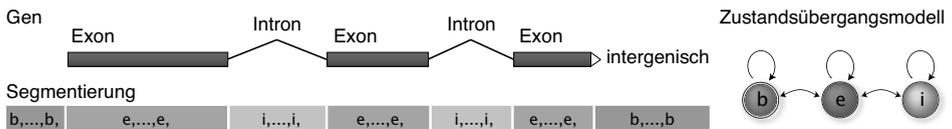


Abbildung 1: (links) Segmentierung eines Teilbereichs des Genoms in intergenische (b), exonische (e) und intronische (i) Bereiche (farbkodiert) entsprechend dem schematisch dargestellten Gen. (rechts) Labelabhängigkeiten, wie die, dass Intron-Segmente (grün, i) stets von Exon-Segmenten (rot, e) umgeben sein müssen, lassen sich mithilfe eines Zustandsübergangsmodells formalisieren.

Ein wichtiger Aspekt vieler Bioinformatikprobleme ist, dass wir an Ergebnissen für große Datensätze, meist für ein ganzes Genom, interessiert sind. Bei der Entwicklung Maschineller Lernverfahren zur Genomanalyse – für höhere Organismen in der Größe von >100 Mio. Informationseinheiten – ist daher *Skalierbarkeit* und *Parallelisierbarkeit* von großer Wichtigkeit.

2 Diskriminative Segmentierungsverfahren

Die klassische, adaptive und statistisch fundierte Segmentierungsmethode, das sogenannte Hidden Markov Modell (HMM), erfreut sich in der Bioinformatik großer Beliebtheit [DEKM98]. Das HMM ist ein probabilistisches Modell, welches typischerweise mit dem Maximum-Likelihood-Ansatz generativ trainiert wird. Ein neuerer Lernalgorithmus, Hidden Markov Support Vector Machine (HMSVM) genannt [ATH03], basiert stattdessen auf einer *diskriminativen Trainingsmethode*, die wie die SVM [Vap95, SS02] auf dem Maximum-Margin-Prinzip beruht. Die Funktionsweise der HMSVM wird hier kurz skizziert, gefolgt von einer empirischen Evaluation ihrer Eigenschaften im Vergleich zum generativen HMM.

Hidden Markov Support Vector Machines

Formal ist eine Funktion f gesucht, die das Segmentierungsproblem

$$f : X \rightarrow \mathcal{S}^*$$

löst, dadurch dass sie einer Merkmalssequenz $\mathbf{x} \in X$ die richtige Labelsequenz $\boldsymbol{\pi} \in \mathcal{S}^*$ gleicher Länge zuweist. Hierbei bildet \mathcal{S} die Menge der atomaren Labels. Indem wir eine Diskriminanzfunktion F trainieren, die Güte einer Labelsequenz geeignet zu bewerten, erhalten wir die Funktion f folgendermaßen:

$$f(\mathbf{x}) = \operatorname{argmax}_{\boldsymbol{\pi} \in \mathcal{S}^*} F(\mathbf{x}, \boldsymbol{\pi}).$$

Unter der Voraussetzung, dass F die Markoveigenschaft erfüllt, existiert ein auf Dynamischer Programmierung beruhender, effizienter Algorithmus, der unter Berücksichtigung von Labelabhängigkeiten (vgl. Abb. 1) das maximierende $\boldsymbol{\pi}$ berechnet [DEKM98].

Gemäß dem *Maximum-Margin-Prinzip* wird F anhand von n Trainingsbeispielen, für welche die korrekte Segmentierung bekannt ist $(\mathbf{x}^{(i)}, \boldsymbol{\pi}^{(i)})$, $i = 1, \dots, n$, so optimiert, dass die korrekte Segmentierung $\boldsymbol{\pi}^{(i)}$ am besten bewertet wird, und zwar mit einem *großen Margin* besser als *alle* falschen Segmentierungen $\bar{\boldsymbol{\pi}} \neq \boldsymbol{\pi}^{(i)}$

$$F(\mathbf{x}^{(i)}, \boldsymbol{\pi}^{(i)}) - F(\mathbf{x}^{(i)}, \bar{\boldsymbol{\pi}}) \gg 0 \quad \forall \bar{\boldsymbol{\pi}} \neq \boldsymbol{\pi}^{(i)} \quad \forall i.$$

Ein wesentlicher Teil meiner Arbeit bestand darin, für die Diskriminanzfunktion F eine geeignete Parametrisierung $\boldsymbol{\theta}$ zu finden. Aus stückweise linearen Funktionen ließ sich ein sehr flexibles Bewertungsmodell konstruieren, welches sich zudem effizient trainieren lässt (Details finden sich in [Zel10, ZCS⁺08]).

Das führt zum HMSVM-Trainingsproblem (hier in einer vereinfachten Variante):

$$\min_{\boldsymbol{\theta}} \Omega(\boldsymbol{\theta})$$

$$\text{s.t.} \quad F_{\boldsymbol{\theta}}(\mathbf{x}^{(i)}, \boldsymbol{\pi}^{(i)}) - F_{\boldsymbol{\theta}}(\mathbf{x}^{(i)}, \bar{\boldsymbol{\pi}}) \geq \Delta(\boldsymbol{\pi}^{(i)}, \bar{\boldsymbol{\pi}}) \quad \forall \bar{\boldsymbol{\pi}} \neq \boldsymbol{\pi}^{(i)} \quad \forall i = 1, \dots, n$$

wobei Ω ein Regularisierungsterm ist, der die Modellkomplexität beschreibt. Diese wird hier minimiert um Überanpassung zu vermeiden (Details in [Zel10, ZCS⁺08])

Da wir sowohl eine lineare Parametrisierung in F_θ als auch einen linearen (oder quadratischen) Regularisierer Ω verwendeten, erhielten wir ein lineares (bzw. quadratisches) Optimierungsproblem. In dieser Formulierung des Problems wird der Margin mit einer Loss-Funktion $\Delta(\pi^{(i)}, \bar{\pi})$ skaliert, was intuitiv bedeutet, dass Vorhersagen, die sich von der richtigen Segmentierung stark unterscheiden, auch weit weniger gut bewertet werden sollen. In meiner Arbeit untersuchte ich im Detail, dass eine sorgfältige Modellierung dieser Loss-Funktion entscheidenden Einfluss auf die Vorhersagequalität des gelernten Modells hat [Zel10].

Die Schwierigkeit bei der Lösung dieses Optimierungsproblems besteht darin, dass die Anzahl der falschen Segmentierungen $\bar{\pi}$ exponentiell mit der Sequenzlänge zunimmt, wodurch das Lösen unter Berücksichtigung aller Nebenbedingungen nicht praktikabel ist. Es existieren jedoch iterative Verfahren, die effizient die sehr viel kleinere Menge der *aktiven* Nebenbedingungen finden. In meiner Arbeit beschäftigte ich mich auch damit, diese Verfahren weiter zu beschleunigen, ohne dabei an Vorhersagequalität einzubüßen [Zel10, und Referenzen darin].

Robustheit und Genauigkeit der HMSVM im Vergleich zum HMM

Im Rahmen der unten beschriebenen Anwendung auf die Suche nach transkribierten Bereichen untersuchte ich in meiner Dissertation empirisch den Einfluss der Trainingsmethode (HMSVM vs. HMM) auf die Effizienz des Lernalgorithmus, die Genauigkeit der Testvorhersagen und die Robustheit gegen künstlich eingefügtes Rauschen (Labelfehler).

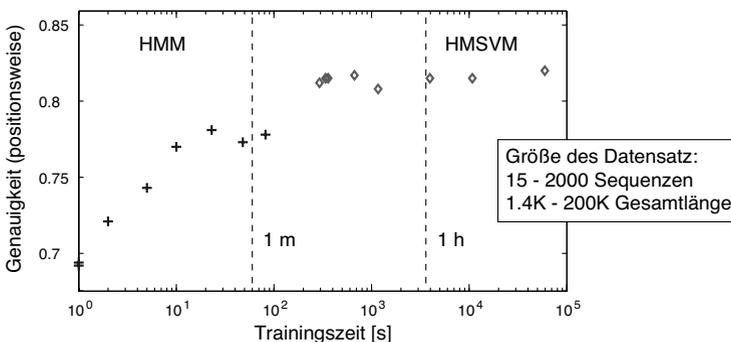


Abbildung 2: Vorhersagegenauigkeit des HMM und der HMSVM im Vergleich und in Abhängigkeit von der Trainingszeit. Beide Methoden wurden auf denselben Datensätzen trainiert bzw. ausgewertet. Die Grafik zeigt jeweils Mittelwerte aus drei verschiedenen Datensätzen gleicher Größe. (Entnommen aus [Zel10].)

Für die hier untersuchte Anwendung erreichte die HMSVM eine höhere Vorhersagegenauigkeit als das HMM und das bereits mit relativ wenigen Trainingsbeispielen (Abb. 2). Die diskriminativen Trainingsmethoden sind jedoch deutlich aufwändiger (Abb. 2), wohinge-

gen die Komplexität des Vorhersagealgorithmus bei beiden Methoden identisch ist: linear in der Sequenzlänge, was selbst für die Analyse großer Genome praktikabel ist.

Die HMSVM erwies sich nicht nur als genauer, sondern auch als robuster als das HMM. Ihre Vorhersagegenauigkeit verschlechterte sich nur um ca. 2 Prozentpunkte, selbst wenn 50% der Segmentlabel vertauscht wurden (die sich vertauschen ließen ohne ungültige Segmentierungen zu erzeugen). Eine ähnliche Minderung wurde für das HMM schon bei ca. 2% Rauschen beobachtet, bei 50% Rauschen verschlechterte sich die Genauigkeit um mehr als 10 Prozentpunkte [Zel10].

3 Anwendung der HMSVM auf biologische Probleme

Ein zentraler Teil meiner Arbeit bildet die Anwendung der HMSVM auf zwei wichtige biologische Fragestellungen: Zum einen die Suche nach Bereichen im Genom, in denen sich verschiedene Individuen einer Art durch *Genomsequenzvariationen* stark unterscheiden, im Unterschied zu genomischen Bereichen, die bei der überwiegenden Mehrheit innerhalb einer Art identisch sind. Zum anderen die *Transkript-Erkennung*, bei der es gilt, bestimmte Regionen von Genen (transkribierte Exons) von anderen genischen Segmenten (Introns) und der intergenischen Umgebung zu unterscheiden und die Struktur dieser Transkripte möglichst genau abzubilden (vgl. Abb. 1). In beiden Fällen wurden Tiling-Array-Daten analysiert, die im folgenden zunächst beschrieben werden.

Tiling-Arrays

Tiling-Arrays sind ein hochparalleles molekulares Verfahren, das es ermöglicht, an Millionen (im Falle von Resequencing-Arrays sogar Milliarden) von Messpunkten, die in einem regelmäßigen Raster das gesamte Genom repräsentieren, miniaturisierte DNA-Hybridisierungsexperimente durchzuführen. Diese DNA-Hybridisierung bezeichnet die spezifische Verbindung sequenzkomplementärer, einzelsträngiger DNA-Moleküle zu einer energetisch günstigeren Doppelhelixstruktur. Auf dem Tiling-Array sind einzelsträngige Sonden mit bekannter Sequenz (und Genomposition) aufgetragen, die an fluoreszenzmarkierte komplementäre DNA-Moleküle aus einem zu charakterisierenden, komplexen Zellextrakt binden (Abb. 3). Die Quantifizierung des Fluoreszenzsignals jeder einzelnen Sonde gibt Aufschluss über die Zusammensetzung des Zellextrakts. Besteht es aus der DNA eines Genoms, das Sequenzähnlichkeiten mit den Tiling-Sonden aufweist, wird ein stärkeres Hybridisierungssignal für identische Abschnitte der DNA erwartet als für solche, die sich in ihrer Sequenz unterscheiden. Besteht das Zellextrakt hingegen aus mRNA Transkripten, können diese nach Bindung an die Sonden ihrem genomischen Ursprung zugeordnet und quantifiziert werden – so lässt sich anschließend eine Aussage über die transkriptionelle Aktivität genomischer Bereiche machen (vgl. Abb. 3).

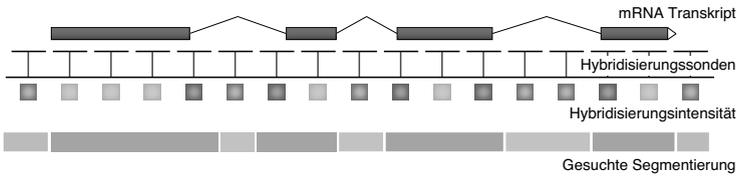


Abbildung 3: Illustration des Tiling-Arrays zur Erkennung transkribierter Bereiche. Auf einem Tiling-Array kann die transkriptionelle Aktivität des gesamten Genoms in regelmäßigen Intervallen mit Hybridisierungssonden gemessen werden. Die Intensität des Hybridisierungssignals ist proportional zur Menge komplementärer exonischer, fluoreszenzmarkierter Transkriptsequenzen (gelbgrün symbolisiert hier ein starkes Signal), und in intronischen und intergenischen Bereichen erwartet man nur ein schwaches Hintergrundsignal (grau). Transkriptkartierungsmethoden versuchen, ausgehend von den Hybridisierungssignalen, eine Segmentierung zu finden, die möglichst genau der Struktur der mRNA Transkripte entspricht. (Entnommen aus [Zel10].)

Detektion variabler Segmente im Genom

Nach Veröffentlichung der ersten menschlichen Referenzgenomsequenz [LLB⁺01] verlagerte sich das Hauptaugenmerk der Genomforschung darauf zu verstehen, inwiefern sich individuelle Genome von dieser Referenz unterscheiden, welche Mutations- und Selektionsmechanismen dem zugrunde liegen und welche Konsequenzen sich aus Sequenzvarianten für den Organismus ergeben [Con10]. Sequenzvariation (Polymorphismen) im genomweit zu charakterisieren ist die Voraussetzung, um komplexe Merkmale eines Organismus' mit ursächlichen genetischen Varianten in Verbindung bringen zu können. Diese Verbindungen gewähren uns wiederum Einsichten in die molekularen Zusammenhänge vieler Krankheiten oder in evolutionäre Anpassungsprozesse. Die häufigste Klasse von Sequenzvarianten sind Einzelnukleotidänderungen (SNPs). Darüberhinaus existieren Insertionen und Deletionen, hochvariable Regionen und strukturelle Variationen wie z.B. Inversionen.

Heute hat die Revolution der DNA-Sequenzieretechnologie [SJ08] mit drastisch erhöhtem Sequenzierdurchsatz und dramatischer Kostenreduktion die Sequenzierung individueller Genome im großen Stil möglich gemacht [Con10]. Zu Beginn meiner Doktorarbeit jedoch waren bestimmte Tiling-Arrays – sogenannte Resequencing-Arrays – noch die überlegene Technologie zur Erkennung von Polymorphismen. Diese Arrays ermöglichen im Prinzip die Detektion aller SNP-Varianten an allen nichtrepetitiven Positionen des Genoms [CST⁺07]. Die resultierenden Messwerte weisen allerdings ein hohes Maß an zufälligem und systematischem Rauschen auf (vgl. Abb. 4), und die Erkennung von Sequenzvariationen über SNPs hinaus ist ungleich schwieriger [CST⁺07].

In meiner Arbeit konnte ich zeigen, dass sich in diesen Daten dennoch polymorphe Genomregionen mit großer Genauigkeit erkennen lassen [ZCS⁺08]. Mit Hilfe eines HMSVM-basierten Algorithmus fanden wir hunderttausende hochvariable Regionen (darunter <3% Falschpositive) im Pflanzenmodellorganismus *A. thaliana* (Ackerschmalwand). Diese beinhalten teils SNPs, teils Deletionen mit einigen wenigen bis zu tausenden von Nukleotiden. Aus diesen Resultaten entstand erstmals ein umfassendes, hochaufgelöstes Bild des Musters variabler Genomsequenzen in der Pflanze [CST⁺07, ZCS⁺08].

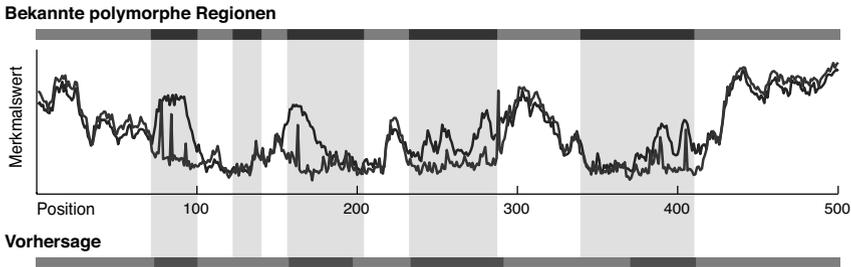


Abbildung 4: Vorhersage polymorpher genomischer Bereiche. Dargestellt ist ein Ausschnitt des Genoms mit einigen, bereits bekannten polymorphen Regionen (rote Balken oben und graue Schattierungen). Basierend auf Merkmalen, die von den Resequencing-Array-Signalen abgeleitet sind und auf Sequenzunterschiede im Individuum (grüne Linie, Mitte) relativ zur Referenzmessung (blau) hinweisen, wurde eine HMSVM-basierte Methode trainiert, die polymorphen Regionen wiederzuerkennen (hellrote Balken unten) und genomweit vorherzusagen. (Modifiziert nach [Zel10, ZCS⁺08].)

Identifikation transkribierter Bereiche

Eine zweite Anwendung der HMSVM erfolgte mit dem Ziel, die Gesamtheit der Transkripte bestimmter Zellen, Gewebe oder Entwicklungsstadien (das *Transkriptom*) möglichst genau abzubilden. Das Problem ist eng mit einem Kernproblem der Bioinformatik, der Genvorhersage [SZZ⁺09], verwandt. Im Gegensatz zur sequenzbasierten Genvorhersage verwendeten wir jedoch für die Transkriptsuche Tiling-Array Daten. Diese quantifizieren in einem regelmäßigen genomischen Raster die Menge an komplementären mRNA-Transkripten (Abb. 3) und liefern so ein Indikatorsignal für „Genaktivität“ (*Genexpression* genannt). Da Genexpression von Zell- und Organidentität sowie von Umwelteinflüssen abhängt, bildet eine genaue Transkriptomkartierung die Grundlage zur Rekonstruktion des Genregulationsnetzwerks, welches die Steuerung zellulärer Prozesse, z.B. der Zelldifferenzierung bis hin zur Organ- und Organismenentwicklung, beschreibt. Aufgrund dieser grundlegenden Bedeutung für Genetik und Entwicklungsbiologie ist ein besseres Verständnis des Transkriptoms von höchstem Interesse [GBD⁺10].

Im Rahmen meiner Arbeit entwickelte ich die HMSVM-Segmentierung zu einem Verfahren zur *Transkriptsuche und -Kartierung* mit Hilfe von Tiling-Array-Daten (mSTAD) [ZHL⁺08]. Angewandt auf Daten für die Modellorganismen *A. thaliana* und *C. elegans* (ein kleiner Fadenwurm mit großer Bedeutung für die Molekularbiologie), zeigte sich, dass mSTAD eine erheblich genauere Transkriptomkartierung ermöglicht als bisherige Verfahren [KCK⁺04, LZH⁺08, ZHW⁺09, SZW⁺11, GLVN⁺10] und dass der diskriminative HMSVM-Trainingsalgorithmus dem generativen HMM überlegen ist (Abb. 5) [Zel10].

Trotz der verbesserten Übereinstimmung zwischen mSTADs Vorhersagen und experimentell charakterisierten Transkripten identifizierten wir in genomweiten Analysen tausende neue Transkripte, die ungeachtet großer vorhergehender Annotationsprojekte zuvor unentdeckt geblieben waren. Von einer Auswahl der Vorhersagen konnten >75% experimentell bestätigt werden [LZH⁺08]. Unsere Resultate trugen damit erheblich zur Vervollständigung der Transkriptomkartierung in diesen beiden Modellorganismen bei. Unse-

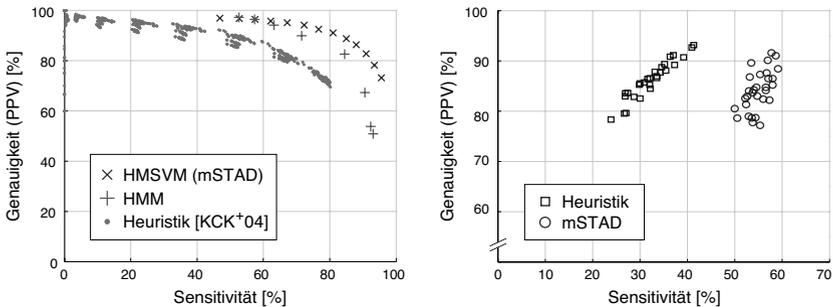


Abbildung 5: Vergleich der Vorhersagegenauigkeit verschiedener Transkriptererkennungsverfahren. Die in meiner Arbeit entwickelte HMSVM-basierte Methode, mSTAD, wird hier verglichen gegen ein HMM und eine weitverbreitete Heuristik [KCK⁺04], die eine Sliding-Window-Technik benutzt und auch für modMine eingesetzt wurde [GLVN⁺10]. Die linke Abbildung zeigt Vorhersagen für verschiedene Konfigurationsparameter (auf *A. thaliana* Daten); die rechte Vorhersagen für 25 verschiedene modENCODE-Datensätze (*C. elegans*) mit einem festen Parameterset [GLVN⁺10, SZW⁺11]. (PPV: Positive Predictive Value; entnommen aus [Zel10, SZW⁺11].)

re Analyse verschiedener Organe, Zelltypen, Entwicklungsstadien und Umwelteinflüsse [LZH⁺08, ZHW⁺09, SZW⁺11] zeichnete ein dynamisches Bild des Transkriptom (und in dieser Hinsicht gehen unsere Ergebnisse weit darüber hinaus, was man mit Genvorhersage erreichen kann). Die Mehrzahl der neu entdeckten Transkripte wies spezialisierte Expressionsmuster auf und war nur in einer kleinen Teilmenge der untersuchten Gewebe oder Bedingungen detektierbar. Das liefert einerseits eine mögliche Erklärung, warum diese in früheren Studien, die meist den Gesamtorganismus bei Standardbedingungen untersuchten, nicht gefunden wurden. Andererseits legt diese Beobachtung nahe, dass wir erst mit einer Untersuchung der Transkriptome aller Zelltypen eines Organismus ein vollständiges Bild von der Gesamtzahl seiner Gene erhalten werden [SZW⁺11].

Viele der neu entdeckten Transkripte dienen vermutlich nicht direkt der Produktion von Proteinen (wir bezeichnen sie daher als „nichtkodierend“). Die Funktionen nichtkodierender Transkripte im einzelnen aufzuklären ist seit kurzem Gegenstand intensiver biologischer Forschung; erste spektakuläre Durchbrüche lassen bereits eine Vielfalt regulatorischer Funktionen erkennen [WSS09].

4 Diskussion und Ausblick

Der Hauptbeitrag meiner Dissertation bestand darin, Methoden des Maschinellen Lernens weiterzuentwickeln um Daten aus Hochdurchsatzexperimenten aus dem Bereich der Genom- und Transkriptomforschung zu analysieren. Besonders konzentrierte ich mich dabei auf Segmentierungsmethoden, da sich viele wichtige Fragestellungen der Bioinformatik als Segmentierungsprobleme formalisieren lassen. Im folgenden werde ich kurz diskutieren, warum sich die HMSVM als ideale Technik erwiesen hat und warum ich darüberhinaus großes Potential für eine breite Anwendung sehe.

Zunächst hat der Modellierungsansatz der HMSVM große Ähnlichkeit mit dem in der Bio-

informatik weit verbreiteten HMM, was ihr ein extrem *vielfältiges Einsatzgebiet* eröffnet. Im Anschluss an meine Dissertation entwickelte ich die HMSVM-basierte Transkriptererkennung weiter, um damit auch Transkriptom-Sequenzierungsdaten, die mit neuesten DNA-Sequenzieretechniken [WGS09] generiert wurden, analysieren zu können, da diese in naher Zukunft Tiling-Arrays als Standardtechnologie ablösen werden. Weitere Anwendungsmöglichkeiten umfassen Genvorhersage, Sequenz-Alignment, Protein-Homologiesuche, Protein-Domänen-Annotation, RNA-Strukturvorhersage und viele mehr.

Das diskriminative HMSVM-Training resultiert in einer *hohen Vorhersagegenauigkeit*, die für die biologische Datenauswertung den großen Vorteil hat, dass zeit- und kostenintensive Folgeexperimente seltener durch falsche Vorhersagen fehlgeleitet werden. Für die Transkriptererkennung zeigte meine Arbeit im Vergleich zum HMM und der meistgenutzten heuristischen Methode signifikant verbesserte Genauigkeit.

Dass die HMSVM sich durch große *Robustheit gegenüber Messfehlern und Rauschen* auszeichnet, macht sie zur idealen Methode für die Analyse biologischer Datensätze.

Schließlich ist die *Integration heterogener Merkmalstypen* einfach möglich, da im Gegensatz zum HMM (und anderen probabilistischen Methoden) bei der Modellierung nur schwache Annahmen gemacht werden. In meiner Arbeit untersuchte ich beispielsweise wie sich sequenzbasierte und Tiling-Array-basierte Merkmale kombinieren lassen um das Transkriptsucheverfahren weiter zu verbessern [Zel10]. Allgemein ist diese einfache Integrationsmöglichkeit ein entscheidender Vorteil, da für Modellorganismen genomweite, experimentelle Datensätze in zuvor ungekannter Vielfalt öffentlich zugänglich sind. Diese beschreiben viele Aspekte der Genomorganisation, Transkription und ihrer Regulation [GLVN⁺10, u.a.]. Es zeichnet sich bereits ab, dass Machinelle Lernmethoden zur Integration dieser vielfältigen Daten in steigendem Maße zur Aufklärung der zugrundeliegenden komplexen biologischen Prozesse und Systeme beitragen werden [GLVN⁺10, BCG⁺10].

Danksagung

Herzlich danke ich den Betreuern meiner Arbeit, Gunnar Rättsch und Detlef Weigel, und den Mitgliedern ihrer Gruppen.

Literatur

- [ATH03] Y. Altun, I. Tsochantaridis und T. Hofmann. Hidden Markov Support Vector Machines. *Proceedings of the ICML*, Seiten 3–10, 2003.
- [BCG⁺10] Y. Barash, J. A. Calarco, W. Gao, Q. Pan, X. Wang, O. Shai, B. J. Blencowe und B. J. Frey. Deciphering the splicing code. *Nature*, 465:53–59, 2010.
- [Con10] The 1000 Genomes Project Consortium. A map of human genome variation from population-scale sequencing. *Nature*, 467:1061–73, 2010.
- [CST⁺07] R. M. Clark, G. Schweikert, C. Toomajian, S. Ossowski, G. Zeller, P. Shinn, N. Warthmann, T. T. Hu, G. Fu, D. A. Hinds, *et al.* Common sequence polymorphisms shaping genetic diversity in *Arabidopsis thaliana*. *Science*, 317:338–42, 2007.
- [DEKM98] R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh und G. Mitchison. *Biological Sequence Analysis: Probabilistic models of protein and nucleic acids*. Cambridge University Press, 7. Auflage, 1998.
- [GBD⁺10] B. R. Graveley, J. W. Brooks, A. N. Carlson, M. O. Duff, J. M. Landolin, L. Yang, C. G. Artieri, M. J. van Baren, N. Boley, B. W. Booth, *et al.* The developmental transcriptome of *Drosophila melanogaster*. *Nature*, 471:473–479, 2010.

- [GLVN⁺10] M. B. Gerstein, Z. J. Lu, E. L. Van Nostrand, C. Cheng, B. I. Arshinoff, T. Liu, K. Y. Yip, R. Robilotto, A. Rechtsteiner, K. Ikegami, *et al.* Integrative analysis of the *Caenorhabditis elegans* genome by the modENCODE project. *Science*, 330:1775–87, 2010.
- [KCK⁺04] D. Kampa, J. Cheng, P. Kapranov, M. Yamanaka, S. Brubaker, S. Cawley, J. Drenkow, A. Piccolboni, S. Bekiranov, G. Helt, *et al.* Novel RNAs identified from an in-depth analysis of the transcriptome of human chromosomes 21 and 22. *Genome Research*, 14:331–42, 2004.
- [LLB⁺01] E. S. Lander, L. M. Linton, B. Birren, C. Nusbaum, M. C. Zody, J. Baldwin, K. Devon, K. Dewar, M. Doyle, W. FitzHugh, *et al.* Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature*, 409:860–921, 2001.
- [LZH⁺08] S. Laubinger, G. Zeller, S. R. Henz, T. Sachsenberg, C. K. Widmer, Naouar N, M. Vuylsteke, B. Schölkopf, G. Rättsch und D. Weigel. At-TAX: A whole genome tiling array resource for developmental expression analysis and transcript identification in *Arabidopsis thaliana*. *Genome Biology*, 9:R112, 2008.
- [SJ08] J. Shendure und H. Ji. Next-generation DNA sequencing. *Nature Biotechnology*, 10:1135–1145, 2008.
- [SS02] B. Schölkopf und A. J. Smola. *Learning with Kernels*. MIT Press, 2002.
- [SZW⁺11] W. C. Spencer, G. Zeller, J. D. Watson, S. R. Henz, K. L. Watkins, R. D. McWhirter, S. Petersen, V. T. Sreedharan, C. Widmer, J. Jo, *et al.* A spatial and temporal map of *C. elegans* gene expression. *Genome Research*, 21:325–41, 2011.
- [SZZ⁺09] G. Schweikert, A. Zien, G. Zeller, J. Behr, C. Dieterich, C. Ong, P. Philips, F. De Bona, L. Hartmann, A. Bohlen, *et al.* mGene: Accurate SVM-based gene finding with an application to nematode genomes. *Genome Research*, 19:2133–43, 2009.
- [Vap95] V. N. Vapnik. *The nature of statistical learning theory*. Springer Verlag, 1995.
- [WGS09] Z. Wang, M. Gerstein und M. Snyder. RNA-Seq: A revolutionary tool for transcriptomics. *Nature Reviews Genetics*, 10:57–63, 2009.
- [WSS09] J. E. Wilusz, H. Sunwoo und D. L. Spector. Long noncoding RNAs: functional surprises from the RNA world. *Genes and Development*, 23:1494–1504, 2009.
- [ZCS⁺08] G. Zeller, R. M. Clark, K. Schneeberger, A. Bohlen, D. Weigel und G. Rättsch. Detecting polymorphic regions in *Arabidopsis thaliana* with resequencing microarrays. *Genome Research*, 18:918–29, 2008.
- [Zel10] G. Zeller. *Machine Learning Algorithms for the Analysis of Data from Whole-Genome Tiling Microarrays*. Dissertation, Universität Tübingen, 2010.
- [ZHL⁺08] G. Zeller, S. R. Henz, S. Laubinger, D. Weigel und G. Rättsch. Transcript normalization and segmentation of tiling array data. *Pacific Symposium on Biocomputing*, Seiten 527–38, 2008.
- [ZHW⁺09] G. Zeller, S. Henz, C. Widmer, T. Sachsenberg, G. Rättsch, D. Weigel und S. Laubinger. Stress-induced changes in the *Arabidopsis thaliana* transcriptome analyzed using whole genome tiling arrays. *The Plant Journal*, 58:1068–82, 2009.



Georg Zeller, geboren 1979, studierte Bioinformatik, Informatik und Molekularbiologie in Tübingen und Uppsala (Schweden). Nach dem Diplom in Informatik / Bioinformatik (2006) verfasste er seine Dissertation am Friedrich-Miescher-Laboratorium der Max-Planck-Gesellschaft in Dr. Gunnar Rättschs Gruppe und am Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie in Prof. Dr. Detlef Weigels Abteilung in Tübingen. Seit 2010 ist er am Europäischen Laboratorium für Molekularbiologie in Heidelberg bei Dr. Peer Bork tätig, wo er seine wissenschaftlichen Interessen im Bereich der Bioinformatik und Chemoinformatik weiter verfolgt.

GI-Edition Lecture Notes in Informatics

Dissertations

- Vol. D-1: Ausgezeichnete Informatikdissertationen 2000
- Vol. D-2: Ausgezeichnete Informatikdissertationen 2001
- Vol. D-3: Ausgezeichnete Informatikdissertationen 2002
- Vol. D-4: Ausgezeichnete Informatikdissertationen 2003
- Vol. D-5: Ausgezeichnete Informatikdissertationen 2004
- Vol. D-6: Ausgezeichnete Informatikdissertationen 2005
- Vol. D-7: Ausgezeichnete Informatikdissertationen 2006
- Vol. D-8: Ausgezeichnete Informatikdissertationen 2007
- Vol. D-9: Ausgezeichnete Informatikdissertationen 2008
- Vol. D-10: Ausgezeichnete Informatikdissertationen 2009
- Vol. D-11: Ausgezeichnete Informatikdissertationen 2010

- | | | | |
|------|---|------|--|
| P-1 | Gregor Engels, Andreas Oberweis, Albert Zündorf (Hrsg.): Modellierung 2001. | P-12 | Martin Glinz, Günther Müller-Luschnat (Hrsg.): Modellierung 2002. |
| P-2 | Mikhail Godlevsky, Heinrich C. Mayr (Hrsg.): Information Systems Technology and its Applications, ISTA'2001. | P-13 | Jan von Knop, Peter Schirmbacher and Viljan Mahni_ (Hrsg.): The Changing Universities – The Role of Technology. |
| P-3 | Ana M. Moreno, Reind P. van de Riet (Hrsg.): Applications of Natural Lan-guage to Information Systems, NLDB'2001. | P-14 | Robert Tolksdorf, Rainer Eckstein (Hrsg.): XML-Technologien für das Semantic Web – XSW 2002. |
| P-4 | H. Wörn, J. Mühling, C. Vahl, H.-P. Meinzer (Hrsg.): Rechner- und sensor-gestützte Chirurgie; Workshop des SFB 414. | P-15 | Hans-Bernd Bludau, Andreas Koop (Hrsg.): Mobile Computing in Medicine. |
| P-5 | Andy Schürr (Hg.): OMER – Object-Oriented Modeling of Embedded Real-Time Systems. | P-16 | J. Felix Hampe, Gerhard Schwabe (Hrsg.): Mobile and Collaborative Business 2002. |
| P-6 | Hans-Jürgen Appelpath, Rolf Beyer, Uwe Marquardt, Heinrich C. Mayr, Claudia Steinberger (Hrsg.): Unternehmen Hochschule, UH'2001. | P-17 | Jan von Knop, Wilhelm Haverkamp (Hrsg.): Zukunft der Netze –Die Verletzbarkeit meistern, 16. DFN Arbeitstagung. |
| P-7 | Andy Evans, Robert France, Ana Moreira, Bernhard Rumpe (Hrsg.): Practical UML-Based Rigorous Development Methods – Countering or Integrating the extremists, pUML'2001. | P-18 | Elmar J. Sinz, Markus Plaha (Hrsg.): Modellierung betrieblicher Informationssysteme – MobIS 2002. |
| P-8 | Reinhard Keil-Slawik, Johannes Magenheim (Hrsg.): Informatikunterricht und Medienbildung, INFOS'2001. | P-19 | Sigrid Schubert, Bernd Reusch, Norbert Jesse (Hrsg.): Informatik bewegt – Informatik 2002 – 32. Jahrestagung der Gesellschaft für Informatik e.V. (GI) 30.Sept.-3. Okt. 2002 in Dortmund. |
| P-9 | Jan von Knop, Wilhelm Haverkamp (Hrsg.): Innovative Anwendungen in Kommunikationsnetzen, 15. DFN Arbeitstagung. | P-20 | Sigrid Schubert, Bernd Reusch, Norbert Jesse (Hrsg.): Informatik bewegt – Informatik 2002 – 32. Jahrestagung der Gesellschaft für Informatik e.V. (GI) 30.Sept.-3. Okt. 2002 in Dortmund (Ergänzungsband). |
| P-10 | Mirjam Minor, Steffen Staab (Hrsg.): 1st German Workshop on Experience Management: Sharing Experiences about the Sharing Experience. | P-21 | Jörg Desel, Mathias Weske (Hrsg.): Promise 2002: Prozessorientierte Methoden und Werkzeuge für die Entwicklung von Informationssystemen. |
| P-11 | Michael Weber, Frank Kargl (Hrsg.): Mobile Ad-Hoc Netzwerke, WMAN 2002. | P-22 | Sigrid Schubert, Johannes Magenheim, Peter Hubwieser, Torsten Brinda (Hrsg.): Forschungsbeiträge zur "Didaktik der Informatik" – Theorie, Praxis, Evaluation. |

- P-23 Thorsten Spitta, Jens Borchers, Harry M. Sneed (Hrsg.): Software Management 2002 – Fortschritt durch Beständigkeit
- P-24 Rainer Eckstein, Robert Tolksdorf (Hrsg.): XMIDX 2003 – XML-Technologien für Middleware – Middleware für XML-Anwendungen
- P-25 Key Pousttchi, Klaus Turowski (Hrsg.): Mobile Commerce – Anwendungen und Perspektiven – 3. Workshop Mobile Commerce, Universität Augsburg, 04.02.2003
- P-26 Gerhard Weikum, Harald Schöning, Erhard Rahm (Hrsg.): BTW 2003: Datenbanksysteme für Business, Technologie und Web
- P-27 Michael Kroll, Hans-Gerd Lipinski, Kay Melzer (Hrsg.): Mobiles Computing in der Medizin
- P-28 Ulrich Reimer, Andreas Abecker, Steffen Staab, Gerd Stumme (Hrsg.): WM 2003: Professionelles Wissensmanagement – Erfahrungen und Visionen
- P-29 Antje Düsterhöft, Bernhard Thalheim (Eds.): NLDB'2003: Natural Language Processing and Information Systems
- P-30 Mikhail Godlevsky, Stephen Liddle, Heinrich C. Mayr (Eds.): Information Systems Technology and its Applications
- P-31 Arslan Brömme, Christoph Busch (Eds.): BIOSIG 2003: Biometrics and Electronic Signatures
- P-32 Peter Hubwieser (Hrsg.): Informatische Fachkonzepte im Unterricht – INFOS 2003
- P-33 Andreas Geyer-Schulz, Alfred Taudes (Hrsg.): Informationswirtschaft: Ein Sektor mit Zukunft
- P-34 Klaus Dittrich, Wolfgang König, Andreas Oberweis, Kai Rannenberg, Wolfgang Wahlster (Hrsg.): Informatik 2003 – Innovative Informatikanwendungen (Band 1)
- P-35 Klaus Dittrich, Wolfgang König, Andreas Oberweis, Kai Rannenberg, Wolfgang Wahlster (Hrsg.): Informatik 2003 – Innovative Informatikanwendungen (Band 2)
- P-36 Rüdiger Grimm, Hubert B. Keller, Kai Rannenberg (Hrsg.): Informatik 2003 – Mit Sicherheit Informatik
- P-37 Arndt Bode, Jörg Desel, Sabine Rathmayer, Martin Wessner (Hrsg.): DeLFI 2003: e-Learning Fachtagung Informatik
- P-38 E.J. Sinz, M. Plaha, P. Neckel (Hrsg.): Modellierung betrieblicher Informationssysteme – MobIS 2003
- P-39 Jens Nedon, Sandra Frings, Oliver Göbel (Hrsg.): IT-Incident Management & IT-Forensics – IMF 2003
- P-40 Michael Rebstock (Hrsg.): Modellierung betrieblicher Informationssysteme – MobIS 2004
- P-41 Uwe Brinkschulte, Jürgen Becker, Dietmar Fey, Karl-Erwin Großpietsch, Christian Hochberger, Erik Maehle, Thomas Runkler (Edts.): ARCS 2004 – Organic and Pervasive Computing
- P-42 Key Pousttchi, Klaus Turowski (Hrsg.): Mobile Economy – Transaktionen und Prozesse, Anwendungen und Dienste
- P-43 Birgitta König-Ries, Michael Klein, Philipp Obreiter (Hrsg.): Persistence, Scalability, Transactions – Database Mechanisms for Mobile Applications
- P-44 Jan von Knop, Wilhelm Haverkamp, Eike Jessen (Hrsg.): Security, E-Learning, E-Services
- P-45 Bernhard Rumpe, Wolfgang Hesse (Hrsg.): Modellierung 2004
- P-46 Ulrich Flegel, Michael Meier (Hrsg.): Detection of Intrusions of Malware & Vulnerability Assessment
- P-47 Alexander Prosser, Robert Krimmer (Hrsg.): Electronic Voting in Europe – Technology, Law, Politics and Society
- P-48 Anatoly Doroshenko, Terry Halpin, Stephen W. Liddle, Heinrich C. Mayr (Hrsg.): Information Systems Technology and its Applications
- P-49 G. Schiefer, P. Wagner, M. Morgenstern, U. Rickert (Hrsg.): Integration und Datensicherheit – Anforderungen, Konflikte und Perspektiven
- P-50 Peter Dadam, Manfred Reichert (Hrsg.): INFORMATIK 2004 – Informatik verbindet (Band 1) Beiträge der 34. Jahrestagung der Gesellschaft für Informatik e.V. (GI), 20.-24. September 2004 in Ulm
- P-51 Peter Dadam, Manfred Reichert (Hrsg.): INFORMATIK 2004 – Informatik verbindet (Band 2) Beiträge der 34. Jahrestagung der Gesellschaft für Informatik e.V. (GI), 20.-24. September 2004 in Ulm
- P-52 Gregor Engels, Silke Seehusen (Hrsg.): DELFI 2004 – Tagungsband der 2. e-Learning Fachtagung Informatik
- P-53 Robert Giegerich, Jens Stoye (Hrsg.): German Conference on Bioinformatics – GCB 2004

- P-54 Jens Borchers, Ralf Kneuper (Hrsg.): Softwaremanagement 2004 – Outsourcing und Integration
- P-55 Jan von Knop, Wilhelm Haverkamp, Eike Jessen (Hrsg.): E-Science und Grid Ad-hoc-Netze Medienintegration
- P-56 Fernand Feltz, Andreas Oberweis, Benoit Otjacques (Hrsg.): EMISA 2004 – Informationssysteme im E-Business und E-Government
- P-57 Klaus Turowski (Hrsg.): Architekturen, Komponenten, Anwendungen
- P-58 Sami Beydeda, Volker Gruhn, Johannes Mayer, Ralf Reussner, Franz Schweiggert (Hrsg.): Testing of Component-Based Systems and Software Quality
- P-59 J. Felix Hampe, Franz Lehner, Key Pousttchi, Kai Ranneberg, Klaus Turowski (Hrsg.): Mobile Business – Processes, Platforms, Payments
- P-60 Steffen Friedrich (Hrsg.): Unterrichtskonzepte für informatische Bildung
- P-61 Paul Müller, Reinhard Gotzhein, Jens B. Schmitt (Hrsg.): Kommunikation in verteilten Systemen
- P-62 Federrath, Hannes (Hrsg.): „Sicherheit 2005“ – Sicherheit – Schutz und Zuverlässigkeit
- P-63 Roland Kaschek, Heinrich C. Mayr, Stephen Liddle (Hrsg.): Information Systems – Technology and its Applications
- P-64 Peter Liggesmeyer, Klaus Pohl, Michael Goedicke (Hrsg.): Software Engineering 2005
- P-65 Gottfried Vossen, Frank Leymann, Peter Lockemann, Wolfrid Stucky (Hrsg.): Datenbanksysteme in Business, Technologie und Web
- P-66 Jörg M. Haake, Ulrike Lucke, Djamshid Tavangarian (Hrsg.): DeLFI 2005: 3. deutsche e-Learning Fachtagung Informatik
- P-67 Armin B. Cremers, Rainer Manthey, Peter Martini, Volker Steinhage (Hrsg.): INFORMATIK 2005 – Informatik LIVE (Band 1)
- P-68 Armin B. Cremers, Rainer Manthey, Peter Martini, Volker Steinhage (Hrsg.): INFORMATIK 2005 – Informatik LIVE (Band 2)
- P-69 Robert Hirschfeld, Ryszard Kowalczyk, Andreas Polze, Matthias Weske (Hrsg.): NODe 2005, GSEM 2005
- P-70 Klaus Turowski, Johannes-Maria Zaha (Hrsg.): Component-oriented Enterprise Application (COAE 2005)
- P-71 Andrew Torda, Stefan Kurz, Matthias Rarey (Hrsg.): German Conference on Bioinformatics 2005
- P-72 Klaus P. Jantke, Klaus-Peter Fähnrich, Wolfgang S. Wittig (Hrsg.): Marktplatz Internet: Von e-Learning bis e-Payment
- P-73 Jan von Knop, Wilhelm Haverkamp, Eike Jessen (Hrsg.): “Heute schon das Morgen sehen“
- P-74 Christopher Wolf, Stefan Lucks, Po-Wah Yau (Hrsg.): WEWoRC 2005 – Western European Workshop on Research in Cryptology
- P-75 Jörg Desel, Ulrich Frank (Hrsg.): Enterprise Modelling and Information Systems Architecture
- P-76 Thomas Kirste, Birgitta König-Riess, Key Pousttchi, Klaus Turowski (Hrsg.): Mobile Informationssysteme – Potentiale, Hindernisse, Einsatz
- P-77 Jana Dittmann (Hrsg.): SICHERHEIT 2006
- P-78 K.-O. Wenkel, P. Wagner, M. Morgens-tern, K. Luzi, P. Eisermann (Hrsg.): Land- und Ernährungswirtschaft im Wandel
- P-79 Bettina Biel, Matthias Book, Volker Gruhn (Hrsg.): Softwareengineering 2006
- P-80 Mareike Schoop, Christian Huemer, Michael Rebstock, Martin Bichler (Hrsg.): Service-Oriented Electronic Commerce
- P-81 Wolfgang Karl, Jürgen Becker, Karl-Erwin Großpietsch, Christian Hochberger, Erik Maehle (Hrsg.): ARCS’06
- P-82 Heinrich C. Mayr, Ruth Breu (Hrsg.): Modellierung 2006
- P-83 Daniel Huson, Oliver Kohlbacher, Andrei Lupas, Kay Nieselt and Andreas Zell (eds.): German Conference on Bioinformatics
- P-84 Dimitris Karagiannis, Heinrich C. Mayr, (Hrsg.): Information Systems Technology and its Applications
- P-85 Witold Abramowicz, Heinrich C. Mayr, (Hrsg.): Business Information Systems
- P-86 Robert Krimmer (Ed.): Electronic Voting 2006
- P-87 Max Mühlhäuser, Guido Rößling, Ralf Steinmetz (Hrsg.): DELFI 2006: 4. e-Learning Fachtagung Informatik

- P-88 Robert Hirschfeld, Andreas Polze, Ryszard Kowalczyk (Hrsg.): NODÉ 2006, GSEM 2006
- P-90 Joachim Schelp, Robert Winter, Ulrich Frank, Bodo Rieger, Klaus Turowski (Hrsg.): Integration, Informationslogistik und Architektur
- P-91 Henrik Stormer, Andreas Meier, Michael Schumacher (Eds.): European Conference on eHealth 2006
- P-92 Fernand Feltz, Benoît Otjacques, Andreas Oberweis, Nicolas Poussing (Eds.): AIM 2006
- P-93 Christian Hochberger, Rüdiger Liskowsky (Eds.): INFORMATIK 2006 – Informatik für Menschen, Band 1
- P-94 Christian Hochberger, Rüdiger Liskowsky (Eds.): INFORMATIK 2006 – Informatik für Menschen, Band 2
- P-95 Matthias Weske, Markus Nüttgens (Eds.): EMISA 2005: Methoden, Konzepte und Technologien für die Entwicklung von dienstbasierten Informationssystemen
- P-96 Saartje Brockmans, Jürgen Jung, York Sure (Eds.): Meta-Modelling and Ontologies
- P-97 Oliver Göbel, Dirk Schadt, Sandra Frings, Hardo Hase, Detlef Günther, Jens Nedon (Eds.): IT-Incident Mangament & IT-Forensics – IMF 2006
- P-98 Hans Brandt-Pook, Werner Simonsmeier und Thorsten Spitta (Hrsg.): Beratung in der Softwareentwicklung – Modelle, Methoden, Best Practices
- P-99 Andreas Schwill, Carsten Schulte, Marco Thomas (Hrsg.): Didaktik der Informatik
- P-100 Peter Forbrig, Günter Siegel, Markus Schneider (Hrsg.): HDI 2006: Hochschuldidaktik der Informatik
- P-101 Stefan Böttinger, Ludwig Theuvsen, Susanne Rank, Marlies Morgenstern (Hrsg.): Agrarinformatik im Spannungsfeld zwischen Regionalisierung und globalen Wertschöpfungsketten
- P-102 Otto Spaniol (Eds.): Mobile Services and Personalized Environments
- P-103 Alfons Kemper, Harald Schöning, Thomas Rose, Matthias Jarke, Thomas Seidl, Christoph Quix, Christoph Brochhaus (Hrsg.): Datenbanksysteme in Business, Technologie und Web (BTW 2007)
- P-104 Birgitta König-Ries, Franz Lehner, Rainer Malaka, Can Türker (Hrsg.) MMS 2007: Mobilität und mobile Informationssysteme
- P-105 Wolf-Gideon Bleek, Jörg Raasch, Heinz Züllighoven (Hrsg.) Software Engineering 2007
- P-106 Wolf-Gideon Bleek, Henning Schwentner, Heinz Züllighoven (Hrsg.) Software Engineering 2007 – Beiträge zu den Workshops
- P-107 Heinrich C. Mayr, Dimitris Karagiannis (eds.) Information Systems Technology and its Applications
- P-108 Arslan Brömme, Christoph Busch, Detlef Hühnlein (eds.) BIOSIG 2007: Biometrics and Electronic Signatures
- P-109 Rainer Koschke, Otthein Herzog, Karl-Heinz Rödiger, Marc Ronthaler (Hrsg.) INFORMATIK 2007 Informatik trifft Logistik Band 1
- P-110 Rainer Koschke, Otthein Herzog, Karl-Heinz Rödiger, Marc Ronthaler (Hrsg.) INFORMATIK 2007 Informatik trifft Logistik Band 2
- P-111 Christian Eibl, Johannes Magenheim, Sigrid Schubert, Martin Wessner (Hrsg.) DeLFI 2007: 5. e-Learning Fachtagung Informatik
- P-112 Sigrid Schubert (Hrsg.) Didaktik der Informatik in Theorie und Praxis
- P-113 Sören Auer, Christian Bizer, Claudia Müller, Anna V. Zhdanova (Eds.) The Social Semantic Web 2007 Proceedings of the 1st Conference on Social Semantic Web (CSSW)
- P-114 Sandra Frings, Oliver Göbel, Detlef Günther, Hardo G. Hase, Jens Nedon, Dirk Schadt, Arslan Brömme (Eds.) IMF2007 IT-incident management & IT-forensics Proceedings of the 3rd International Conference on IT-Incident Management & IT-Forensics
- P-115 Claudia Falter, Alexander Schliep, Joachim Selbig, Martin Vingron and Dirk Walther (Eds.) German conference on bioinformatics GCB 2007

- P-116 Witold Abramowicz, Leszek Maciszek (Eds.)
Business Process and Services Computing
1st International Working Conference on
Business Process and Services Computing
BPSC 2007
- P-117 Ryszard Kowalczyk (Ed.)
Grid service engineering and management
The 4th International Conference on Grid
Service Engineering and Management
GSEM 2007
- P-118 Andreas Hein, Wilfried Thoben, Hans-
Jürgen Appelrath, Peter Jensch (Eds.)
European Conference on ehealth 2007
- P-119 Manfred Reichert, Stefan Strecker, Klaus
Turowski (Eds.)
Enterprise Modelling and Information
Systems Architectures
Concepts and Applications
- P-120 Adam Pawlak, Kurt Sandkuhl,
Wojciech Cholewa,
Leandro Soares Indrusiak (Eds.)
Coordination of Collaborative
Engineering - State of the Art and Future
Challenges
- P-121 Korbinian Herrmann, Bernd Bruegge (Hrsg.)
Software Engineering 2008
Fachtagung des GI-Fachbereichs
Softwaretechnik
- P-122 Walid Maalej, Bernd Bruegge (Hrsg.)
Software Engineering 2008 -
Workshopband
Fachtagung des GI-Fachbereichs
Softwaretechnik
- P-123 Michael H. Breitner, Martin Breunig, Elgar
Fleisch, Ley Pousttchi, Klaus Turowski
(Hrsg.)
Mobile und Ubiquitäre
Informationssysteme – Technologien,
Prozesse, Marktfähigkeit
Proceedings zur 3. Konferenz Mobile und
Ubiquitäre Informationssysteme
(MMS 2008)
- P-124 Wolfgang E. Nagel, Rolf Hoffmann,
Andreas Koch (Eds.)
9th Workshop on Parallel Systems and
Algorithms (PASA)
Workshop of the GI/ITG Special Interest
Groups PARS and PARVA
- P-125 Rolf A.E. Müller, Hans-H. Sundermeier,
Ludwig Theuvsen, Stephanie Schütze,
Marlies Morgenstern (Hrsg.)
Unternehmens-IT:
Führungsinstrument oder
Verwaltungsbürde
Referate der 28. GIL Jahrestagung
- P-126 Rainer Gimnich, Uwe Kaiser, Jochen
Quante, Andreas Winter (Hrsg.)
10th Workshop Software Reengineering
(WSR 2008)
- P-127 Thomas Kühne, Wolfgang Reisig,
Friedrich Steimann (Hrsg.)
Modellierung 2008
- P-128 Ammar Alkassar, Jörg Siekmann (Hrsg.)
Sicherheit 2008
Sicherheit, Schutz und Zuverlässigkeit
Beiträge der 4. Jahrestagung des
Fachbereichs Sicherheit der Gesellschaft
für Informatik e.V. (GI)
2.-4. April 2008
Saarbrücken, Germany
- P-129 Wolfgang Hesse, Andreas Oberweis (Eds.)
Sigsand-Europe 2008
Proceedings of the Third AIS SIGSAND
European Symposium on Analysis,
Design, Use and Societal Impact of
Information Systems
- P-130 Paul Müller, Bernhard Neumair,
Gabi Dreo Rodosek (Hrsg.)
1. DFN-Forum Kommunikations-
technologien Beiträge der Fachtagung
- P-131 Robert Krimmer, Rüdiger Grimm (Eds.)
3rd International Conference on Electronic
Voting 2008
Co-organized by Council of Europe,
Gesellschaft für Informatik and E-Voting.
CC
- P-132 Silke Seehusen, Ulrike Lucke,
Stefan Fischer (Hrsg.)
DeLFI 2008:
Die 6. e-Learning Fachtagung Informatik
- P-133 Heinz-Gerd Hegering, Axel Lehmann,
Hans Jürgen Ohlbach, Christian
Scheideler (Hrsg.)
INFORMATIK 2008
Beherrschbare Systeme – dank Informatik
Band 1
- P-134 Heinz-Gerd Hegering, Axel Lehmann,
Hans Jürgen Ohlbach, Christian
Scheideler (Hrsg.)
INFORMATIK 2008
Beherrschbare Systeme – dank Informatik
Band 2
- P-135 Torsten Brinda, Michael Fothe,
Peter Hubwieser, Kirsten Schlüter (Hrsg.)
Didaktik der Informatik –
Aktuelle Forschungsergebnisse
- P-136 Andreas Beyer, Michael Schroeder (Eds.)
German Conference on Bioinformatics
GCB 2008

- P-137 Arslan Brömme, Christoph Busch, Detlef Hühnlein (Eds.)
BIOSIG 2008: Biometrics and Electronic Signatures
- P-138 Barbara Dinter, Robert Winter, Peter Chamoni, Norbert Gronau, Klaus Turowski (Hrsg.)
Synergien durch Integration und Informationslogistik
Proceedings zur DW2008
- P-139 Georg Herzwurm, Martin Mikusz (Hrsg.)
Industrialisierung des Software-Managements
Fachtagung des GI-Fachausschusses Management der Anwendungsentwicklung und -wartung im Fachbereich Wirtschaftsinformatik
- P-140 Oliver Göbel, Sandra Frings, Detlef Günther, Jens Nedon, Dirk Schadt (Eds.)
IMF 2008 - IT Incident Management & IT Forensics
- P-141 Peter Loos, Markus Nüttgens, Klaus Turowski, Dirk Werth (Hrsg.)
Modellierung betrieblicher Informationssysteme (MobIS 2008)
Modellierung zwischen SOA und Compliance Management
- P-142 R. Bill, P. Korduan, L. Theuvsen, M. Morgenstern (Hrsg.)
Anforderungen an die Agrarinformatik durch Globalisierung und Klimaveränderung
- P-143 Peter Liggesmeyer, Gregor Engels, Jürgen Münch, Jörg Dörr, Norman Riegel (Hrsg.)
Software Engineering 2009
Fachtagung des GI-Fachbereichs Softwaretechnik
- P-144 Johann-Christoph Freytag, Thomas Ruf, Wolfgang Lehner, Gottfried Vossen (Hrsg.)
Datenbanksysteme in Business, Technologie und Web (BTW)
- P-145 Knut Hinkelmann, Holger Wache (Eds.)
WM2009: 5th Conference on Professional Knowledge Management
- P-146 Markus Bick, Martin Breunig, Hagen Höpfner (Hrsg.)
Mobile und Ubiquitäre Informationssysteme – Entwicklung, Implementierung und Anwendung
4. Konferenz Mobile und Ubiquitäre Informationssysteme (MMS 2009)
- P-147 Witold Abramowicz, Leszek Maciaszek, Ryszard Kowalczyk, Andreas Speck (Eds.)
Business Process, Services Computing and Intelligent Service Management
BPSC 2009 · ISM 2009 · YRW-MBP 2009
- P-148 Christlan Erfurth, Gerald Eichler, Volkmar Schau (Eds.)
9th International Conference on Innovative Internet Community Systems
I²CS 2009
- P-149 Paul Müller, Bernhard Neumair, Gabi Dreo Rodosek (Hrsg.)
2. DFN-Forum
Kommunikationstechnologien
Beiträge der Fachtagung
- P-150 Jürgen Münch, Peter Liggesmeyer (Hrsg.)
Software Engineering
2009 - Workshopband
- P-151 Armin Heinzl, Peter Dadam, Stefan Kirn, Peter Lockemann (Eds.)
PRIMIUM
Process Innovation for Enterprise Software
- P-152 Jan Mendling, Stefanie Rinderle-Ma, Werner Esswein (Eds.)
Enterprise Modelling and Information Systems Architectures
Proceedings of the 3rd Int'l Workshop EMISA 2009
- P-153 Andreas Schwill, Nicolas Apostolopoulos (Hrsg.)
Lernen im Digitalen Zeitalter
DeLFI 2009 – Die 7. E-Learning Fachtagung Informatik
- P-154 Stefan Fischer, Erik Maehle, Rüdiger Reischuk (Hrsg.)
INFORMATIK 2009
Im Focus das Leben
- P-155 Arslan Brömme, Christoph Busch, Detlef Hühnlein (Eds.)
BIOSIG 2009:
Biometrics and Electronic Signatures
Proceedings of the Special Interest Group on Biometrics and Electronic Signatures
- P-156 Bernhard Koerber (Hrsg.)
Zukunft braucht Herkunft
25 Jahre »INFOS – Informatik und Schule«
- P-157 Ivo Grosse, Steffen Neumann, Stefan Posch, Falk Schreiber, Peter Stadler (Eds.)
German Conference on Bioinformatics
2009

- P-158 W. Claupein, L. Theuvsen, A. Kämpf, M. Morgenstern (Hrsg.)
Precision Agriculture Reloaded – Informationsgestützte Landwirtschaft
- P-159 Gregor Engels, Markus Luckey, Wilhelm Schäfer (Hrsg.)
Software Engineering 2010
- P-160 Gregor Engels, Markus Luckey, Alexander Pretschner, Ralf Reussner (Hrsg.)
Software Engineering 2010 – Workshopband (inkl. Doktorandensymposium)
- P-161 Gregor Engels, Dimitris Karagiannis Heinrich C. Mayr (Hrsg.)
Modellierung 2010
- P-162 Maria A. Wimmer, Uwe Brinkhoff, Siegfried Kaiser, Dagmar Lück-Schneider, Erich Schweighofer, Andreas Wiebe (Hrsg.)
Vernetzte IT für einen effektiven Staat Gemeinsame Fachtagung Verwaltungsinformatik (FTVI) und Fachtagung Rechtsinformatik (FTRI) 2010
- P-163 Markus Bick, Stefan Eulgem, Elgar Fleisch, J. Felix Hampe, Birgitta König-Ries, Franz Lehner, Key Pousttchi, Kai Rannenber (Hrsg.)
Mobile und Ubiquitäre Informationssysteme Technologien, Anwendungen und Dienste zur Unterstützung von mobiler Kollaboration
- P-164 Arslan Brömme, Christoph Busch (Eds.)
BIOSIG 2010: Biometrics and Electronic Signatures Proceedings of the Special Interest Group on Biometrics and Electronic Signatures
- P-165 Gerald Eichler, Peter Kropf, Ulrike Lechner, Phayung Meesad, Herwig Unger (Eds.)
10th International Conference on Innovative Internet Community Systems (I²CS) – Jubilee Edition 2010 –
- P-166 Paul Müller, Bernhard Neumair, Gabi Dreo Rodosek (Hrsg.)
3. DFN-Forum Kommunikationstechnologien Beiträge der Fachtagung
- P-167 Robert Krimmer, Rüdiger Grimm (Eds.)
4th International Conference on Electronic Voting 2010 co-organized by the Council of Europe, Gesellschaft für Informatik and E-Voting.CC
- P-168 Ira Diethelm, Christina Dörge, Claudia Hildebrandt, Carsten Schulte (Hrsg.)
Didaktik der Informatik Möglichkeiten empirischer Forschungsmethoden und Perspektiven der Fachdidaktik
- P-169 Michael Kerres, Nadine Ojstersek Ulrik Schroeder, Ulrich Hoppe (Hrsg.)
DeLFI 2010 - 8. Tagung der Fachgruppe E-Learning der Gesellschaft für Informatik e.V.
- P-170 Felix C. Freiling (Hrsg.)
Sicherheit 2010 Sicherheit, Schutz und Zuverlässigkeit
- P-171 Werner Esswein, Klaus Turowski, Martin Juhrisch (Hrsg.)
Modellierung betrieblicher Informationssysteme (MobIS 2010) Modellgestütztes Management
- P-172 Stefan Klink, Agnes Koschmider Marco Mevius, Andreas Oberweis (Hrsg.)
EMISA 2010 Einflussfaktoren auf die Entwicklung flexibler, integrierter Informationssysteme Beiträge des Workshops der GI-Fachgruppe EMISA (Entwicklungsmethoden für Informationssysteme und deren Anwendung)
- P-173 Dietmar Schomburg, Andreas Grote (Eds.)
German Conference on Bioinformatics 2010
- P-174 Arslan Brömme, Torsten Eymann, Detlef Hühnlein, Heiko Roßnagel, Paul Schmücker (Hrsg.)
perspeGktive 2010 Workshop „Innovative und sichere Informationstechnologie für das Gesundheitswesen von morgen“
- P-175 Klaus-Peter Fähnrich, Bogdan Franczyk (Hrsg.)
INFORMATIK 2010 Service Science – Neue Perspektiven für die Informatik Band 1
- P-176 Klaus-Peter Fähnrich, Bogdan Franczyk (Hrsg.)
INFORMATIK 2010 Service Science – Neue Perspektiven für die Informatik Band 2
- P-177 Witold Abramowicz, Rainer Alt, Klaus-Peter Fähnrich, Bogdan Franczyk, Leszek A. Maciaszek (Eds.)
INFORMATIK 2010 Business Process and Service Science – Proceedings of ISSS and BPSC

- P-178 Wolfram Pietsch, Benedikt Krams (Hrsg.)
Vom Projekt zum Produkt
Fachtagung des GI-
Fachausschusses Management der
Anwendungsentwicklung und -wartung
im Fachbereich Wirtschaftsinformatik
(WI-MAW), Aachen, 2010
- P-179 Stefan Gruner, Bernhard Rumpe (Eds.)
FM+AM 2010
Second International Workshop on
Formal Methods and Agile Methods
- P-180 Theo Härder, Wolfgang Lehner,
Bernhard Mitschang, Harald Schöning,
Holger Schwarz (Hrsg.)
Datenbanksysteme für Business,
Technologie und Web (BTW)
14. Fachtagung des GI-Fachbereichs
„Datenbanken und Informationssysteme“
(DBIS)
- P-181 Michael Clasen, Otto Schätzel,
Brigitte Theuvsen (Hrsg.)
Qualität und Effizienz durch
informationsgestützte Landwirtschaft,
Fokus: Moderne Weinwirtschaft
- P-182 Ronald Maier (Hrsg.)
6th Conference on Professional
Knowledge Management
From Knowledge to Action
- P-183 Ralf Reussner, Matthias Grund, Andreas
Oberweis, Walter Tichy (Hrsg.)
Software Engineering 2011
Fachtagung des GI-Fachbereichs
Softwaretechnik
- P-184 Ralf Reussner, Alexander Pretschner,
Stefan Jähnichen (Hrsg.)
Software Engineering 2011
Workshopband
(inkl. Doktorandensymposium)
- P-185 Hagen Höpfner, Günther Specht,
Thomas Ritz, Christian Bunse (Hrsg.)
MMS 2011: Mobile und ubiquitäre
Informationssysteme Proceedings zur
6. Konferenz Mobile und Ubiquitäre
Informationssysteme (MMS 2011)
- P-186 Gerald Eichler, Axel Küpper,
Volkmar Schau, Hacène Fouchal,
Herwig Unger (Eds.)
11th International Conference on
Innovative Internet Community Systems
(I²CS)
- P-187 Paul Müller, Bernhard Neumair,
Gabi Dreo Rodosek (Hrsg.)
4. DFN-Forum Kommunikationstechnologien,
Beiträge der Fachtagung
20. Juni bis 21. Juni 2011 Bonn
- P-188 Holger Rohland, Andrea Kienle,
Steffen Friedrich (Hrsg.)
DeLFI 2011 – Die 9. e-Learning
Fachtagung Informatik
der Gesellschaft für Informatik e.V.
5.–8. September 2011, Dresden
- P-189 Thomas, Marco (Hrsg.)
Informatik in Bildung und Beruf
INFOS 2011
14. GI-Fachtagung Informatik und Schule
- P-190 Markus Nüttgens, Oliver Thomas,
Barbara Weber (Eds.)
Enterprise Modelling and Information
Systems Architectures (EMISA 2011)
- P-191 Arslan Brömme, Christoph Busch (Eds.)
BIOSIG 2011
International Conference of the
Biometrics Special Interest Group
- P-192 Hans-Ulrich Heiß, Peter Pepper, Holger
Schlingloff, Jörg Schneider (Hrsg.)
INFORMATIK 2011
Informatik schafft Communities

The titles can be purchased at:

Köllen Druck + Verlag GmbH

Ernst-Robert-Curtius-Str. 14 · D-53117 Bonn

Fax: +49 (0)228/9898222

E-Mail: druckverlag@koellen.de

