

# Automatische Analyse von Minirhizotronbildern

Gregor Erz

Dipl.-Inform. Gregor Erz  
AG Mustererkennung & Bioinformatik  
Institut für Informatik  
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

Dienstanschrift:

Institut für Informatik  
Von-Seckendorff-Platz 1  
06099 Halle (Saale)

Dissertation,  
der Mathematisch-Naturwissenschaftlich-Technischen Fakultät  
der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg  
vorgelegt am 2. Mai 2006,  
verteidigt am 13. Juli 2006.

Gutachter:

1. Prof. Dr.-Ing. Stefan Posch,  
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
2. Prof. Dr.-Ing. Joachim Denzler,  
Friedrich-Schiller-Universität Jena

# Automatische Analyse von Minirhizotronbildern

## Dissertation

zur Erlangung des akademischen Grades

**Doktor der Naturwissenschaften (Dr. rer. nat.)**

der Mathematisch-Naturwissenschaftlich-Technischen Fakultät  
(mathematisch-naturwissenschaftlicher Bereich)  
der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

vorgelegt von

**Gregor Erz**

geb. am 21. Juli 1976 in Halle (Saale)

Halle (Saale), April 2006



Für Paula



## Danksagung

Es ist ein besonders angenehmes Gefühl, an dieser Stelle „Danke“ sagen zu dürfen. Die Möglichkeit, in diese Situation zu gelangen, verdanke ich vor allem meinem Betreuer Prof. Dr. Stefan Posch. Lieber Stefan, vielen Dank für über vier Jahre Forschungsfreiheit und Orientierungshilfen, Herausforderungen und Hilfestellungen, für fachliche Diskussionen und interessante Unterhaltungen, für Toleranz und Einbindung und dafür, bei Fragen immer zur Verfügung zu stehen. Es war eine tolle Zeit, an die ich mich auch später noch gerne zurückerinnern werde. Nicht zuletzt, weil Du es verstanden hast, eine Arbeitsgruppe aufzubauen, in der eine sehr angenehme familiäre Atmosphäre herrschte. Danke!

Eine solche Atmosphäre ist natürlich nicht ohne die tollen Menschen aufzubauen, die zu dieser Arbeitsgruppe gehör(t)en. Besonders wichtig für mich waren und sind Denis und David, die es auf besondere Weise verstehen, in fachlichen und weltlichen Fragen Unterschiede und Gemeinsamkeiten in einen interessanten und fruchtbaren Austausch einzubringen und so eine Situation wohlwollender und optimistischer Konkurrenz zu schaffen, die das Lernen auf so ausgesprochen angenehme Weise fördert. Ich bin sehr froh darüber, Euch im engsten Freundeskreis zu wissen und danke Euch für die vielen Anregungen, die auch meine Arbeit beeinflusst haben. Genau wie Bernd und Oliver habt Ihr durch Eure Freundschaft und Korrekturlesen das Entstehen der vorliegenden Schrift direkt und indirekt entscheidend unterstützt.

Ein herzlicher Dank geht auch an Prof. Dr. Joachim Denzler, der sich freundlicher- und unbekannterweise bereit erklärte, das Zweitgutachten anzufertigen, obwohl er dafür nur wenig Zeit hatte und die Lehrverpflichtung drückte. Vielen lieben Dank!

Bedanken möchte mich aber auch bei allen Kollegen des Instituts, die so wirkungsvoll zu dem dort herrschenden angenehmen Klima beigetragen und mich teilweise auch schon durch mein Studium begleitet haben. Renate, Holger und alle anderen: Danke für Eure Unterstützung und das schöne Gefühl, zur „Familie“ zu gehören.

Den allerwichtigsten Menschen in meinem Leben zu danken, ist mir an dieser Stelle besonders wichtig: Meine Eltern und meine Frau haben in der vergangenen Zeit immer so angenehme Rahmenbedingungen geschaffen und mich in meiner Entscheidung unterstützt, dass es mir leicht fiel, meine Energie auf die Anfertigung der vorliegenden Arbeit zu konzentrieren. Ohne eure Hilfe und Unterstützung wäre dies nie möglich gewesen!

Dankbarkeit dafür, von so vielen lieben Menschen unterstützt zu werden und das Glück in unserem Sonnenschein Paula zu erleben, ist nicht immer leicht dem Richtigen mitzuteilen. Für die Unterstützung auch bei diesem Versuch und der Hilfe beim Verstehen und Beantworten theologischer Fragen möchte ich noch einem besonderen Menschen danken: Lieber Klaus, vielen Dank für Deine Zeit, Antworten und all die Dinge, die mir den Kopf frei gemacht haben, letztlich auch für diese Dissertation. Deine Fokussierung auf schlichte Kernfragen, wie Paulas Taufspruch, jenseits von menschengemachten Problemchen und Eitelkeiten, soll mir auch weiterhin Wegweiser sein:

*Ich bin die Auferstehung und das Leben. Wer an mich glaubt, wird ewig leben.*



# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Einleitung</b>	<b>1</b>
1.1	Motivation . . . . .	1
1.2	Zielsetzung . . . . .	2
1.3	Übersicht . . . . .	3
<b>2</b>	<b>Wurzelbeobachtung mit Minirhizotronen</b>	<b>5</b>
2.1	Die Minirhizotrontechnik . . . . .	6
2.2	Bilderfassung . . . . .	6
2.2.1	Endoskop . . . . .	7
2.2.2	Wurzelscanner . . . . .	9
2.2.3	Positionierung . . . . .	10
2.3	Auswertung . . . . .	11
<b>3</b>	<b>Aktueller Stand der Forschung</b>	<b>13</b>
3.1	Wurzeldetektion . . . . .	13
3.2	Straßendetektion in Satellitenbildern . . . . .	15
3.3	Detektion von Blutgefäßen . . . . .	19
3.4	Zusammenfassung . . . . .	22
<b>4</b>	<b>Keimdetektion</b>	<b>25</b>
4.1	Vorverarbeitung . . . . .	26
4.2	Konturbasierte Keimdetektion . . . . .	28
4.3	Regionenbasierte Keimdetektion . . . . .	29
4.3.1	Detektion der Keimregionen . . . . .	31
4.3.2	Generierung der Keime . . . . .	38
4.3.3	Zusammenfassung . . . . .	42
4.4	Weiterentwicklung . . . . .	43
<b>5</b>	<b>Keimexpansion - Wurzeldetektion</b>	<b>45</b>
5.1	Vorverarbeitung . . . . .	46
5.1.1	Kantendetektion . . . . .	46
5.1.2	Kantenverstärkung durch Signifikanzkarten . . . . .	46
5.2	Der Wurzel- $A^*$ von [Jan95] . . . . .	49
5.2.1	Der $A^*$ -Algorithmus . . . . .	50
5.2.2	Der Suchgraph . . . . .	52

5.2.3	Die Kostenfunktion . . . . .	53
5.2.4	Pruning: einstufige Suchraumbeschränkung . . . . .	54
5.2.5	Terminierung der $A^*$ -Suche . . . . .	55
5.2.6	Probleme des Wurzel- $A^*$ . . . . .	56
5.3	Der Hierarchische Wurzel- $A^*$ . . . . .	57
5.3.1	Idee . . . . .	57
5.3.2	Ebene 1: Pixelebene . . . . .	58
5.3.3	Ebene 2: Konturebene . . . . .	65
5.3.4	Pruning: Zweistufige Suchraumbeschränkung . . . . .	74
5.3.5	Einbringung von Vorwissen . . . . .	77
5.3.6	Ergebnisrepräsentation . . . . .	78
5.3.7	Zusammenfassung . . . . .	79
5.4	Vergleich beider Keimexpansionen . . . . .	80
5.4.1	Suchraum . . . . .	80
5.4.2	Kostenfunktion und Wurzelmodell . . . . .	81
5.5	Zusammenfassung . . . . .	82
<b>6</b>	<b>Parameter und Ergebnisse</b>	<b>85</b>
6.1	Qualitätsmaße . . . . .	86
6.2	Berechnung der Wurzelparameter . . . . .	89
6.2.1	Größe des Wurzelsystems . . . . .	89
6.2.2	Weitere Wurzelparameter . . . . .	92
6.3	Verfahrensparameter . . . . .	93
6.3.1	Parameter der regionenbasierten Keimdetektion . . . . .	93
6.3.2	Parameter der hierarchischen Keimexpansion . . . . .	94
6.4	Ergebnisse . . . . .	98
6.4.1	Keimdetektion . . . . .	99
6.4.2	Keimdetektion und -expansion nach [Jan95] . . . . .	101
6.4.3	Keimdetektion nach [EP03] und Keimexpansion nach [Jan95] . . . . .	102
6.4.4	Keimdetektion nach [EP03] und hierarchische Keimexpansion . . . . .	103
6.4.5	Zusammenfassung der Ergebnisse . . . . .	104
6.4.6	Vergleich der Ansätze am Beispiel . . . . .	108
6.4.7	Laufzeiten . . . . .	111
6.4.8	Verwendung von Vorwissen . . . . .	112
6.4.9	Verwendung von Signifikanzkarten . . . . .	115
6.4.10	Verbesserungspotentiale . . . . .	116
6.4.11	Zusammenfassung . . . . .	118
<b>7</b>	<b>Zusammenfassung und Ausblick</b>	<b>119</b>
	<b>Abbildungsverzeichnis</b>	<b>125</b>
	<b>Tabellenverzeichnis</b>	<b>127</b>

<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>129</b>
<b>Erklärung</b>	<b>135</b>
<b>Lebenslauf</b>	<b>137</b>



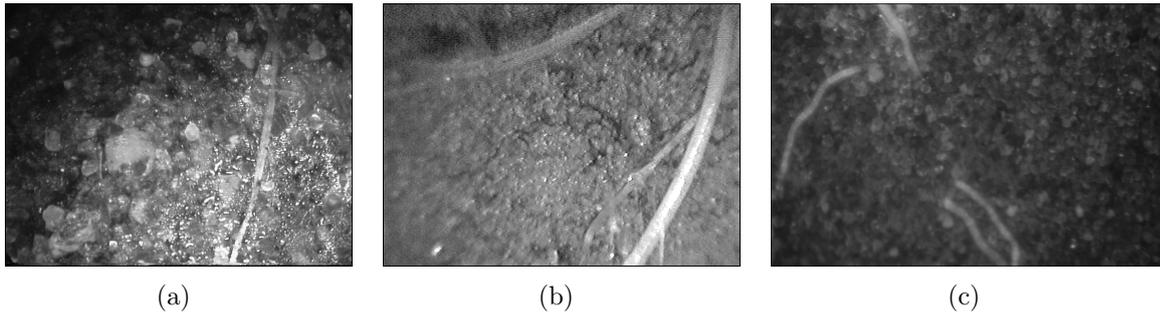
# 1 Einleitung

## 1.1 Motivation

Pflanzen stellen eine der wichtigsten Grundlagen für höheres Leben auf der Erde dar. Durch ihre Fähigkeit zur Photosynthese bilden sie das Fundament der Nahrungspyramide und während des Aufbaus von Biomasse gleichzeitig Sauerstoff. Die Untersuchung und das Verständnis der pflanzlichen Ökologie ist von großer Bedeutung. Wissen über pflanzliche Reaktionen auf Stressbedingungen, ihre bevorzugten Standorte, günstige klimatische Gegebenheiten und Kenntnisse ihrer Physiologie sind für verschiedene Anwendungsgebiete von hohem Wert. So profitiert beispielsweise die industrielle Agrarwirtschaft von entsprechendem Wissen, welches eine Ertragssteigerung bei gleichzeitiger Reduktion des Einsatzes von Dünge- und Pflanzenschutzmitteln erlaubt. Auch beim wichtiger werdenden ökologisch verträglichen Anbau von Obst und Gemüse ist die Kenntnis relevanter Wachstumsfaktoren von großem Vorteil, da eine geeignete Berücksichtigung die Wirtschaftlichkeit des Anbaus signifikant erhöhen kann. Die Untersuchung der Pflanzenökologie nimmt aus diesen Gründen einen wichtigen Platz in der Biologie ein. Besondere Bedeutung kommt hierbei der Untersuchung des Wurzelsystems zu, welches der Verankerung der Pflanze im Boden, Speicherzwecken und ihrer Versorgung mit Wasser und Nährstoffen dient. Sein Zustand ist damit wesentlich für den Gesamtzustand der Pflanze verantwortlich.

Es ist daher verständlich, dass der Erforschung von pflanzlichen Wurzelsystemen besonderes Interesse gilt. Leider gestaltet sich diese Erforschung recht kompliziert, da unterirdische Pflanzenteile nur schwer beobachtbar sind. In [WEK96] werden Wurzeln bezeichnenderweise als „versteckte Hälfte“ (*hidden half*) einer Pflanze bezeichnet. Die Methoden der Wurzelforschung sind dementsprechend sehr arbeits- und zeitaufwändig. Viele von ihnen erlauben zudem keine Verfolgung des Wurzelwachstums einer Pflanze, da diese durch das Ausgraben ihres Wurzelsystems zerstört wird.

Eine der wenigen zerstörungsfreien Methoden zur Beobachtung von Wurzelsystemen ist die Minirhizotrontechnik. Bei ihr werden in der Umgebung der untersuchten Pflanze transparente Röhren in das Erdreich eingebracht, wodurch die Beobachtung von Wurzeln an der Schnittstelle Röhre-Erdreich möglich wird. Um statistisch fundierte Aussagen zu gewinnen, muss jedoch eine große Anzahl an Bildern aufgenommen werden. Die exakte Auswertung des so akquirierten Bildmaterials durch den menschlichen Benutzer ist sehr eintönig, ermüdend und fehleranfällig. Aus diesem Grund werden häufig nur einfache Charakteristika ermittelt, wie etwa die Wurzelanzahl oder eine Abschätzung der Gesamtwurzellänge. Mit Hilfe eines rechnergestützten Verfahrens können dagegen deutlich aussagekräftigere Informationen gewonnen werden. So gestatten beispielsweise



**Abbildung 1.1: Minirhizotronbilder.** *Drei Beispiele aus der verwendeten Bildmenge.*

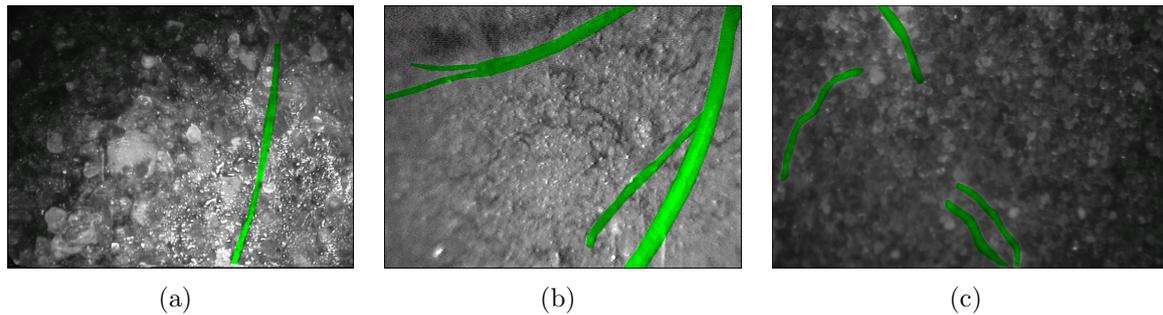
Breiten-Längen-Histogramme, exakte Längen und Flächen und die Verlaufsrichtungen der Wurzeln deutlich wertvollere Aussagen.

Ein automatisches Verfahren muss jedoch mit Unzulänglichkeiten in den untersuchten Bildern umgehen. Dazu gehören etwa niedriger Kontrast, ungleichmäßige Beleuchtung und inhomogener Hintergrund (vgl. Abbildung 1.1). Gleichzeitig soll es auch auf Standardrechnern eine zeitnahe Auswertung ermöglichen, also für die Bearbeitung eines Bildes im Mittel nur wenige Minuten benötigen. Die bereits bekannten Verfahren zur Wurzeldetektion in Minirhizotronbildern weisen jedoch häufig Probleme bei der Behandlung solcher Bilder auf oder benötigen zu viel Rechenzeit.

In der vorliegenden Arbeit wird daher ein neues Verfahren vorgestellt, welches schnell und robust Wurzelregionen in Minirhizotronbildern des vorgestellten Typs detektieren kann. Seine Entwicklung wurde von der folgenden Zielsetzung geleitet.

## 1.2 Zielsetzung

Das wichtigste Ziel der vorliegenden Arbeit ist die Entwicklung eines Verfahrens, welches selbstständig Wurzelprojektionen in Minirhizotronbildern erkennt. Drei typische Beispiele für solche Bilder sind in Abbildung 1.1 dargestellt und die in ihnen gesuchten Wurzelregionen in Abbildung 1.2 grün maskiert. Aufgrund von Problemen, wie inhomogenem Hintergrund, niedrigem Kontrast oder ungleichmäßiger Beleuchtung, muss sich das entwickelte Verfahren einer breiten Informationsbasis bedienen, um diese Wurzelregionen stabil detektieren zu können. In einem ersten Schritt ist daher zu eruieren, welche Art und Form von Information geeignet sind, das Detektionsproblem auf dieser Art von Bildern zu lösen. Im nächsten Schritt ist eine konkrete und effiziente Möglichkeit zur Einbringung dieses Wissens zu finden. Hierzu ist ein Wurzelmodell zu entwickeln, das relevante Informationen verknüpft und die erwarteten Ausprägungen der verwendeten Merkmale beschreibt. Im Rahmen der Realisierung sind effiziente Algorithmen zu entwerfen, welche diese benötigten Informationen zur Verfügung stellen, etwa durch die Berechnung expliziter Kantendarstellungen. Mit der Entwicklung eines Ansatzes, welcher die gesuchten Wurzelregionen dann effizient bestimmt, ist die wichtigste Aufgabe dieser Arbeit abgeschlossen. Die Ergebnisse sind im Anschluss durch ein geeignetes Qualitätsmaß zu bewerten und eine



**Abbildung 1.2: Wurzelregionen.** *Alle gesuchten Wurzelregionen wurden grün maskiert.*

Möglichkeit zu einer biologisch orientierten Ergebnisrepräsentation zu ermitteln. Alle Ziele dieser Arbeit sind erreicht, wenn mögliche Randbedingungen, wie etwa Parameter, für das entwickelte Verfahren bestimmt und die zugehörigen Detektionsergebnisse berechnet und diskutiert wurden.

Diese Reihenfolge der Ziele spiegelt sich in der Gliederung der vorliegenden Arbeit wider.

## 1.3 Übersicht

Nachdem in diesem Kapitel die Motivation erläutert und die zu erreichenden Ziele definiert wurden, wird im folgenden Kapitel 2 auf bekannte Möglichkeiten zur Wurzelbeobachtung eingegangen. Besonderer Augenmerk liegt dabei auf der Minirhizotronentechnik und der hierfür zur Verfügung stehenden Technologie zur Bildaufnahme. Nachdem so ein Eindruck von der Art des zu bearbeitenden Bildmaterials gewonnen wurde, wird in Kapitel 3 auf den momentanen Stand der Technik zur Detektion von Wurzeln und ähnlichen Strukturen eingegangen. Aus den dort vorgestellten Verfahren werden diejenigen Ansätze und Formen zur Informationsrepräsentation ausgewählt, welche für die Wurzeldetektion am erfolgversprechendsten erscheinen. Aus ihnen wird ein neuer Ansatz zur Wurzeldetektion abgeleitet, welcher sich in zwei Hauptphasen gliedert. Das Vorgehen während dieser Phasen, sowie jeweils eine mögliche Alternative, wird in den sich anschließenden Kapiteln 4 und 5 erläutert. In Kapitel 6 werden dann Gütekriterien zur Einschätzung der Detektionsqualität definiert und Möglichkeiten zur Berechnung biologischer Wurzelcharakteristika aufgezeigt. Im gleichen Kapitel werden auch geeignete Parameter für den entwickelten Ansatz bestimmt und die damit erzielten Ergebnisse mit zwei alternativen Verfahren verglichen und diskutiert. Das neue Verfahren wird in Kapitel 7 abschließend noch einmal kurz zusammengefasst.



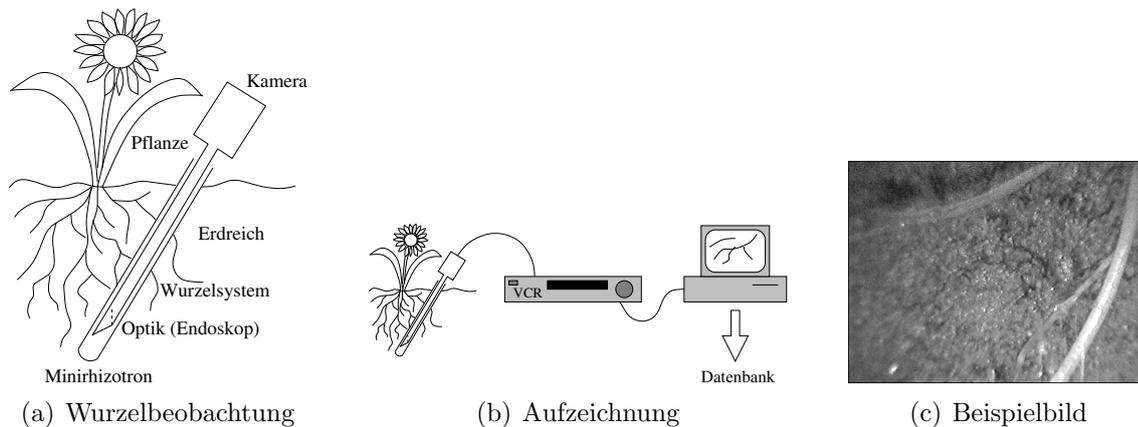
## 2 Wurzelbeobachtung mit Minirhizotronen

Das Wurzelsystem einer Pflanze dient der Erfüllung verschiedener Aufgaben. Mit seiner Hilfe wird sowohl die Verankerung im Boden, als auch die Aufnahme von Wasser und Nährstoffen realisiert. Es ist daher ein ausgesprochen wichtiger Teil der Pflanze und wird auch als „versteckte Hälfte“ bezeichnet ([WEK96]). Mit Möglichkeiten zu seiner Beobachtung kann wesentlich zum Verständnis der Pflanzenökologie beigetragen werden.

Da sich der Großteil der Wurzeln jedoch unterirdisch ausbreitet, gestaltet sich diese Beobachtung zumeist zeitaufwändig und schwierig. Einige der verwendeten Methoden erlauben zwar umfangreiche Aussagen über die Eigenschaften des untersuchten Wurzelsystems, erfordern jedoch einen hohen Arbeitsaufwand und sind häufig mit der Zerstörung des Beobachtungsobjektes verbunden. So erlauben beispielsweise Ausgrabungsmethoden, bei denen das Wurzelsystem dem umgebenden Erdreich entnommen und durch Auswaschen gereinigt wird, nur die einmalige Vermessung des Wurzelsystems zu einem bestimmten Lebenszeitpunkt der Pflanze. Die Entnahme der Pflanze kann sowohl komplett in einem Stück als auch in Teilen erfolgen, beispielsweise in Form eines Bodenblocks (Monolithmethode) oder als Bohrkern (Erdbohrer-methode). In [SBE<sup>+</sup>00] wird ausführlich auf diese Methoden eingegangen. Im Gegensatz zu diesen Vorgehensweisen wird bei der Profilwandmethode der Boden um die Wurzel in dünnen ebenen Schichten abgetragen. Dieses Verfahren wird im Englischen als *pinboard method* bezeichnet und ebenfalls in [SBE<sup>+</sup>00] beschrieben. Es ist nur teildestruktiv und erlaubt im Gegensatz zu vorgenannten Methoden neben Aussagen über Größe und Masse des Wurzelsystems auch die Erfassung von dessen Aufbau und Lage.

Eine destruktionsfreie Abwandlung der Profilwandmethode stellen die sogenannten Rhizotrone dar. Es handelt sich hierbei um unterirdische Kammern, welche die Beobachtung des angrenzenden Erdreichs durch Glasscheiben erlauben. Auf diese Weise wird die offene Boden-Luft-Schnittstelle der Profilwandmethode durch eine transparente Begrenzung ersetzt und damit eine kontinuierliche Beobachtung ermöglicht. Die in einem Rhizotron mögliche Verdunkelung dieser Schnittstelle bewirkt zudem eine geringere Beeinflussung des Wurzelwachstums durch einfallendes Licht. Allerdings führt die umfangreiche und scharfe Begrenzung der natürlichen Umgebung zu unerwünschten Anpassungen der Wurzeln im Beobachtungsbereich.

Die Reduktion der Größe der Beobachtungsfläche und die damit verbundene signifikante Minderung dieses Problems führte zur Entwicklung der sogenannten Minirhizotrontechnik. Sie gehört heute zu den häufig eingesetzten destruktionsfreien Methoden.



**Abbildung 2.1: Minirhizotrontechnik.** In (a) ist die Bildaufnahme in Minirhizotronen mit Hilfe eines Endoskops dargestellt. In (b) wird die bisher häufigste Vorgehensweise der Aufzeichnung durch einen Videorecorder und spätere Digitalisierung und in (c) ein so entstandenes Beispielbild vorgestellt.

### 2.1 Die Minirhizotrontechnik

Die Minirhizotrontechnik stellt ein häufig verwendetes Werkzeug zur kontinuierlichen und zerstörungsfreien Beobachtung von Wurzelsystemen lebender Pflanzen dar. Das typische Vorgehen besteht in der Einbringung transparenter Röhren geringen Durchmessers (meist ca. 3 - 5 cm) in das die Pflanze umgebende Erdreich, wie es schematisch in Abbildung 2.1 zu sehen ist. Auf diese Weise kann das angrenzende Wurzelsystem durch die Röhrenwand hindurch beobachtet werden. Die Position der Röhren, also ihre Entfernung zur Pflanze und ihre Lage (vertikal, axial diagonal oder radial diagonal), wird dabei der Applikation entsprechend gewählt. Zur Einbringung der Röhren ist häufig das Bohren eines entsprechenden Loches von Nöten, sie können jedoch auch, beispielsweise in Lysimetern, vor dem Auffüllen des Erdreiches positioniert werden. Untersuchungen bezüglich der Röhreneigenschaften (siehe [Ito85], vgl. [SBE<sup>+</sup>00], Seite 238) ergaben Vorteile bei der Wahl eines möglichst geringen Röhrendurchmessers, da sich so die Beeinflussung des Wurzelwachstums minimieren und die Wurzelverteilung genauer schätzen lässt. Allerdings wird der minimal verwendbare Röhrendurchmesser durch den Durchmesser der verwendeten Beobachtungstechnik beschränkt. Als Röhrenmaterial wird von [WEB<sup>+</sup>03] Glas empfohlen.

### 2.2 Bilderfassung

Nur anhand der beobachtbaren Wurzeln, also jener, die sich direkt an der Röhrenwand befinden, können Rückschlüsse auf das Gesamtwurzelsystem gezogen werden. Die Beobachtung der Wurzeln erfolgt dabei aufgrund der Platzverhältnisse indirekt, also durch eine vermittelnde Abbildung, die meist mit Hilfe eines Endoskops realisiert wird (vgl.

Abschnitt 2.2.1). Alternativ kann auch ein sogenannter Wurzelscanner verwendet werden, der in Abschnitt 2.2.2 beschrieben wird. Durch die Beobachtung kann beispielsweise der Durchwurzelungszustand bestimmt, der Gesundheitszustand der Wurzeln eingeschätzt und ihr Wachstumsverlauf beobachtet werden. Das Minirhizotron wird direkt nach der Beobachtung durch einen Verschluss verdunkelt, um die mögliche Beeinflussung des Wurzelwachstums durch Licht zu minimieren (vgl. [SBE<sup>+</sup>00], Seite 244).

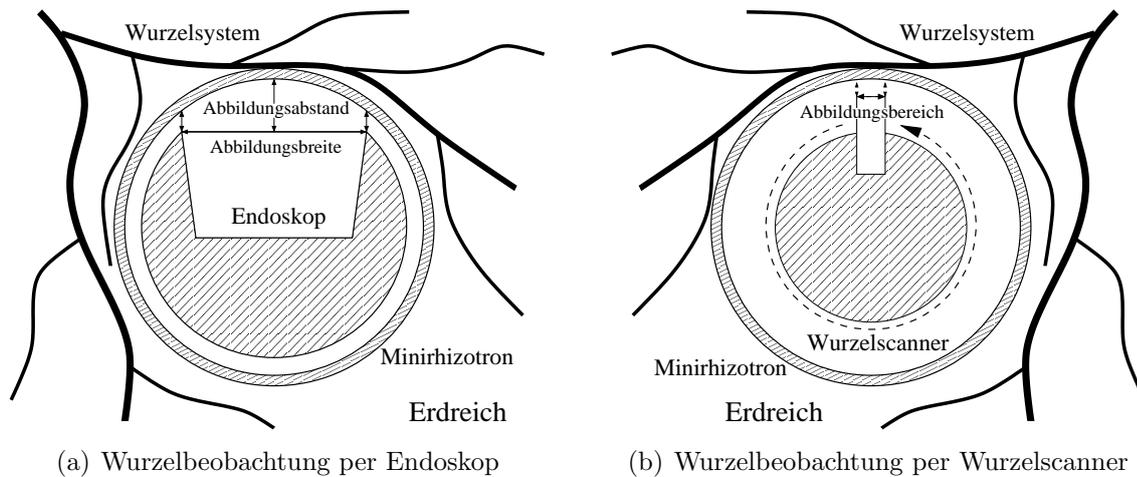
Da Minirhizotronbilder den Bildern aus Rhizotronen prinzipiell ähnlich sind, weisen auch sie einige Eigenschaften auf, die bei einer späteren automatischen Auswertung berücksichtigt werden müssen. Zu diesen gehören der inhomogene Hintergrund und das Vorhandensein wurzelähnlicher Strukturen, die nicht erfasst werden sollen. Kleine Steine, die das Licht der Aufnahmeapparatur stark reflektieren oder Wurzelbereiche teilweise überdecken, erschweren die automatische Detektion genauso, wie tote Wurzeln und Nematoden, die wurzelartige Merkmale aufweisen, jedoch nicht zum gesuchten Wurzelsystem gehören. Zu diesen systembedingten Eigenschaften können sich zusätzlich Probleme gesellen, die durch die Aufnahmetechnik bedingt werden, wie beispielsweise inhomogene Beleuchtung und Abbildungsfehler. Aus diesem Grund werden die beiden in dieser Arbeit verwendeten Aufnahmeverfahren nun auch dahingehend etwas näher erläutert.

### 2.2.1 Endoskop

Ein Endoskop erlaubt die vergrößerte Abbildung eines Ausschnittes der Röhrenwand außerhalb der Röhre. Die Position dieses Ausschnittes kann durch entsprechende Rotation und Translation des Endoskops verändert und dadurch die gesamte Röhrenwand untersucht werden. Da Endoskope ursprünglich für medizinische Zwecke entwickelt wurden, zeichnen sie sich insbesondere durch einen geringen Durchmesser und eine hohe optische Güte aus. Diese Eigenschaften machen ihre besondere Eignung für die Minirhizotronentechnik aus.

Bei der Bildaufnahme erfolgt die Beleuchtung der Röhrenwand normalerweise durch einen Lichtleiter, der an eine externe Kaltlichtquelle angeschlossen wird. Die in diesem Fall erfolgende Konzentration der Beleuchtung auf einen Punkt im Bild erfordert eine radiometrische Beleuchtungskorrektur, die sich zwar mit Hilfe einer Kalibrierungsaufnahme realisieren lässt, den Dynamikverlust an den Bildrändern normalerweise jedoch nicht ausgleichen kann. Aus diesem Grund empfiehlt es sich, die Beleuchtung so homogen wie möglich zu gestalten, auch wenn dies vergleichsweise aufwändig ist. Ein weiteres Problem, insbesondere bei Röhren mit geringem Durchmesser, wird durch den veränderlichen Abstand der gekrümmten Röhrenwand zur planaren Bildfläche des Endoskops verursacht und in Abbildung 2.2(a) verdeutlicht. Der daraus resultierende Verlust der Bildschärfe im Randbereich erschwert die Lokalisierung der vorhandenen Wurzelkonturen.

Auch bei der Aufzeichnung der Endoskopbilder kann ihre Qualität merklich beeinflusst werden. Im Folgenden werden daher zwei unterschiedliche Möglichkeiten kurz vorgestellt und entsprechend diskutiert.



**Abbildung 2.2: Bildaufnahme im Minirhizotron.** Im Schnitt von oben ist in (a) der variierende Abstand der Rohrwand zur Abbildungsfläche des Endoskops dargestellt und in (b) der vergleichsweise konstante Abstand des Wurzelscanners, der aus der schmalen Aufnahmeffläche resultiert.

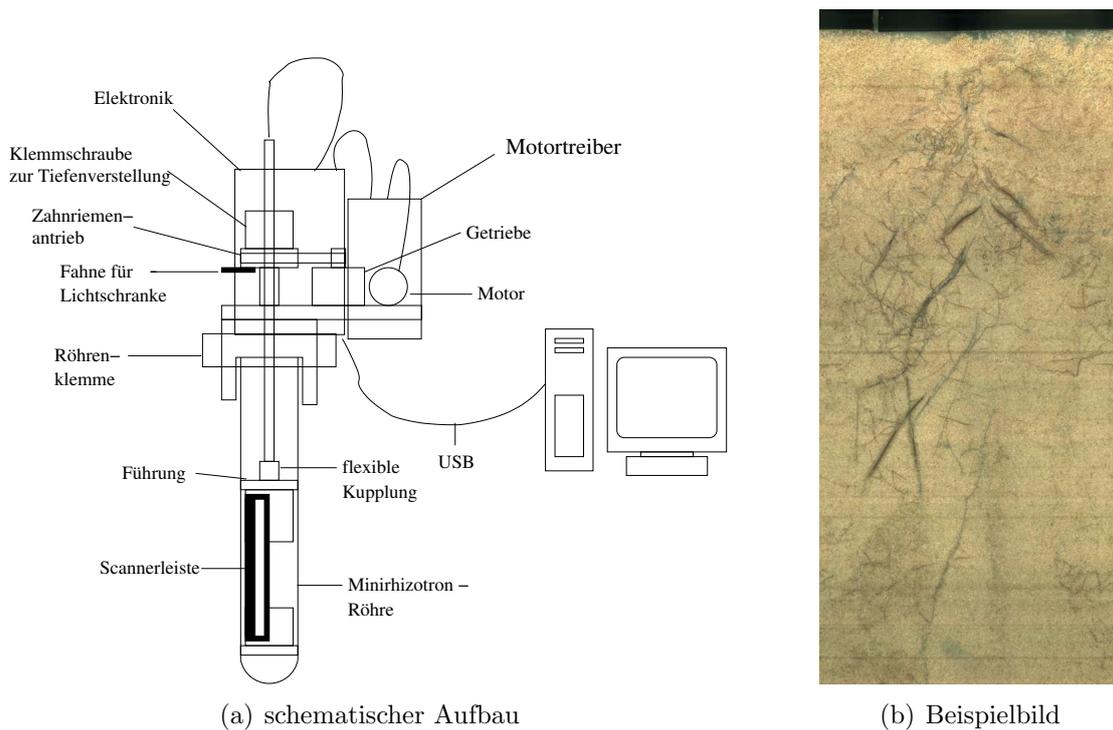
### VHS-Kamera

In vielen Fällen wird eine VHS-Videokamera in Kombination mit dem Beobachtungsendoskop verwendet, um die Aufzeichnung des kompletten Beobachtungsvorgangs auf einem gewöhnlichen Videorecorder zu erlauben. Parallel dazu kann ein Monitor zur Überwachung der Aufnahme und zeitnahen Beobachtung des Wurzelsystems benutzt werden. Der Vorteil dieser Methode lag bisher in der Möglichkeit, die Bildaufnahme unter Verwendung rein analoger Technik durchzuführen, so dass bei der Wahl der Kamera, des Monitors und des Videorecorders auf erprobte und preiswerte Standardkomponenten zurückgegriffen werden konnte.

Je nach Auslegung des Gesamtsystems sind die Bilder, die dann nachträglich durch Digitalisierung mit einer Grabber-Karte gewonnen wurden, allerdings recht rauschanfällig. Dies ist vor allem dem gewählten Übertragungsweg und der mit zunehmender Verwendung nachlassenden Qualität von Videobändern anzulasten. Eine möglichst frühzeitige und hochqualitative Digitalisierung, verbunden mit einer verlustfreien Speicherung ist daher nach Möglichkeit vorzuziehen. Aufgrund der inzwischen erreichten Qualität von Digitalkameras wird nachfolgend auch von dieser Möglichkeit Gebrauch gemacht.

### Digitalkamera

Bei der Verwendung einer digitalen Spiegelreflexkamera kann jegliche verlustanfällige analoge Speicherung vermieden werden. Auf diese Weise lässt sich der Hauptnachteil des analogen Systems, die hohe Rauschanfälligkeit, weitgehend vermeiden. Zudem kann mit einfachen Mitteln die erreichbare Bildauflösung merklich gesteigert werden. Bei der Verwendung einer heute üblichen 5-Megapixel Kamera bekommt die hohe optische



**Abbildung 2.3: Wurzelscanner nach [AEBP06].** Wie (a) veranschaulicht, kann mit dem Wurzelscanner ein etwa 20 cm langes Stück der Röhre komplett erfasst werden. Das so aufgenommene Beispielbild in (b) weist eine homogene Beleuchtung, konstante Schärfe und eine 360° Übersicht auf.

Qualität des Endoskops eine ähnlich leistungsfähige Möglichkeit zur Aufzeichnung und Speicherung der Bilder zur Seite gestellt. Im Vergleich zu einer VHS-Kamera lässt sich so die effektive Auflösung ungefähr verdreifachen. Damit können Strukturen im Bereich von 500 nm aufgelöst und auch sehr feine Wurzelhaare beobachtet werden. Dies ist von besonderer Bedeutung, da der Großteil eines Wurzelsystems häufig aus Feinwurzeln besteht (vgl. [PMD05]).

Für den Fall, dass die maximal erreichbare Auflösung nicht das primäre Ziel darstellt, bietet sich allerdings eine alternative Methode zur Bildaufzeichnung an, die hier als Wurzelscanner bezeichnet wird.

### 2.2.2 Wurzelscanner

Das Funktionsprinzip des Wurzelscanners besteht darin, mit einer rotierenden Zeilenkamera die Röhrenwand so abzutasten, wie in Abbildung 2.3(a) und 2.2(b) dargestellt ist. Eine mögliche Umsetzung dieser Idee besteht in der Verwendung einer CCD-Scannerzeile, die beispielsweise einem Flachbettscanner entnommen werden kann. Diese Lösung stellt die logische Weiterführung des Ansatzes aus [PBLH98] dar und wurde in [AEBP03] vorgestellt. Ihre technische Realisierung wird in [AEBP06] detailliert beschrieben.

Die erreichbare Auflösung ist dabei lediglich von der verwendeten Zeilenkamera abhängig und kann bei Einsatz einer CCD-Zeile momentan bis zu 2400 dpi betragen. Damit übersteigt sie zwar nicht das Auflösungsvermögen der Kombination aus Endoskop und Digitalkamera, wohl aber das jener aus Endoskop und VHS-Kamera.

Die Attraktivität des Wurzelscanners machen vor allem drei Vorteile aus. Durch die Kombination von Zeilenkamera und Beleuchtung in einem Bauteil, wie etwa bei der LiDE CCD-Scannerleiste, kann der Wurzelscanner eine sehr homogene Beleuchtung der Szene garantieren. Weiterhin vermeidet der praktisch konstante Abstand zur Röhrenwand das Auftreten tiefenunscharfer Bereiche im Bild. Und schließlich gestattet die Aufnahme eines kompletten Höhenabschnittes der Röhre auf einfache Weise die Orientierung und macht gleichzeitig die Erstellung eines Gesamtbildes durch die Kombination von Teilbildern faktisch überflüssig. Nur wenn Aufnahmetiefen gewünscht werden, welche die Länge der verwendeten CCD-Zeile (etwa 20 cm) überschreiten, müssen mehrere Scans zusammengefügt werden. Entsprechende Algorithmen zum Registrieren und Überblenden der Aufnahmen werden beispielsweise in [Dav98] und [LZPW04] beschrieben, wobei schon die Verwendung des einfachsten, rein translationalen Modells genügt.

Sowohl Endoskop als auch Wurzelscanner müssen jedoch auch in das Minirhizotron eingebracht und zur Bildaufnahme positioniert werden. Eine Möglichkeit für diese Positionierung wird nun beschrieben.

### 2.2.3 Positionierung

Der Hauptvorteil der Minirhizotronentechnik ist ihre Destruktionsfreiheit. Dies ist besonders wichtig bei der kontinuierlichen Beobachtung des Wurzelsystems, welche das Wiederauffinden eines bereits aufgenommenen Bildausschnittes voraussetzt. Die Aufnahmeapparatur muss also exakt und reproduzierbar positioniert werden können. Dieses Problem wurde bisher durch das Einbringen einer Schablone in die Röhre gelöst, die Teilbildausschnitte festlegte und die Zuordnung des beobachteten Röhrenteils vereinfachte. Diese Methode schließt jedoch aufgrund der fehlenden Bildüberlappung das einfache Zusammenfügen von Teilbildern zu einem Gesamtbild aus. Da die Wahl der Ausschnitte außerdem willkürlich erfolgte, bestand zusätzlich die Gefahr, gerade die interessanten Bereiche des Wurzelsystems zu verdecken.

Um eine freie Ausschnittwahl bei gleichzeitiger Positionsreproduzierbarkeit zu erreichen, wurde daher in Kooperation mit Herrn H. Anlauf von der Universität Bielefeld eine mechanisch exakt steuerbare Aufhängung für das Endoskop und den Wurzelscanner entwickelt. Dieser Endoskoproboter erlaubt aufgrund der verwendeten Schrittmotoren und Getriebe Positioniergenauigkeiten von wenigen Mikrometern. Durch seine programmierbare Steuerung lassen sich so unter Zuhilfenahme eines Referenzpunktes, beispielsweise Röhrenboden und Winkelmarkierung, aufgenommene Bildausschnitte sehr genau wieder anfahren. Es können somit auch leicht Bildfolgen aufgezeichnet werden, die sich für ein späteres Zusammenfügen zu einem Gesamtbild eignen, etwa durch die in [SS97], [Cap04] oder [IAB<sup>+</sup>96] beschriebenen Verfahren (*mosaicing*).

Für die zur Verfügung stehenden Methoden (Endoskoproboter und Wurzelscanner) reduziert sich das Problem der Repositionierung auf das Alignieren mit einem Bezugspunkt. Dies gilt, da die relative Positionierung entweder exakt genug ist (Endoskoproboter) oder aufgrund der beinahe vollständigen Erfassung der Röhrenwand überflüssig wurde (Wurzelscanner). Zur Wahl eines festen Bezugspunktes in Zylinderkoordinaten genügt aufgrund des konstanten Röhrenradius' die Angabe einer Höhe und eines Winkels. Für die Wahl der Höhe wurde der Röhrenboden als Bezugspunkt gewählt, da seine Detektion robust und mechanisch einfach gelöst werden kann. Die Winkelangabe kann im Falle des Wurzelscanners im Allgemeinen entfallen, da hier normalerweise eine 360°-Aufnahme durchgeführt wird. Der für den Endoskoproboter vorzugebende Startwinkel wird am einfachsten direkt auf der Röhrenwand durch eine vertikale Markierung festgelegt. Auf diese Weise kann die Ausrichtung entweder vom Benutzer gesteuert oder automatisch per Software realisiert werden.

Nach der erfolgreichen Aufnahme und Speicherung der Minirhizotronbilder gilt das primäre Interesse ihrer Auswertung.

## 2.3 Auswertung

Für die Beschreibung von Minirhizotronbildern sind mehrere biologische Parameter von Interesse. Zu ihnen gehören beispielsweise Wurzelanzahl, -länge und -durchmesser, die Gesamtwurzelfläche, die Anzahl an Wurzelhaaren und die Unterscheidung zwischen lebendem und totem Wurzelgewebe. Da die manuelle Auswertung sehr zeitraubend und, je nach Parameter, häufig fehleranfällig ist, wird meist nur die Wurzelanzahl erfasst und die Gesamtwurzellänge geschätzt (siehe [SBE<sup>+</sup>00], Seite 202).

Mit der automatischen Bestimmung derjenigen Bildbereiche, die Wurzelprojektionen darstellen, können dagegen die meisten Parameter sehr genau bestimmt werden. Insbesondere Wurzellänge, -durchmesser, -gesamtfläche und -anzahl lassen sich auf Basis morphologischer Operatoren einfach berechnen. Lediglich die Unterscheidung zwischen lebenden und toten Wurzeln gestaltet sich mitunter schwierig, so dass eventuell eine manuelle Nachbearbeitung erfolgen muss. In allen Fällen können jedoch automatische Analysewerkzeuge eine wertvolle Hilfestellung für die Auswertung liefern. Aus diesem Grund ist die Verfügbarkeit solcher Verfahren sehr wünschenswert und einige bereits bekannte Ansätze werden im nächsten Kapitel auf ihre entsprechende Eignung untersucht.



## 3 Aktueller Stand der Forschung

Trotz der Bedeutung der automatischen Wurzeldetektion in Minirhizotronbildern für ökologische und biologische Untersuchungen an Pflanzen sind bisher nur vergleichsweise wenig Ansätze hierfür bekannt. Sehr ähnlich gelagerte Probleme stellen jedoch auch die automatische Detektion von Straßen in Luft- und Satellitenbildern und das Erkennen von Blutgefäßen in der medizinisch-diagnostischen Bildgebung dar. Aus diesem Grund wird nach der Vorstellung bekannter Arbeiten zur Wurzeldetektion auch auf einige Ansätze aus diesen beiden Gebieten eingegangen.

### 3.1 Wurzeldetektion

Die Detektion von Wurzeln in Minirhizotronbildern ist recht aufwändig. Aus diesem Grund beziehen sich die ersten veröffentlichten Arbeiten häufig noch auf spezielle Bildverarbeitungshardware, da entsprechend leistungsfähige Rechentechnik erst in jüngerer Zeit kostengünstig verfügbar wurde. Viele Ansätze bedienen sich aus diesem Grund auch der Schwellwertbildung, da dieses Vorgehen vergleichsweise wenig Rechenzeit benötigt.

So beschreiben etwa die Autoren von [SFD<sup>+</sup>87] ein Verfahren, welches für ein „Vicom model 1850“<sup>1</sup> System entwickelt wurde. Ihr Ansatz digitalisiert 256 Folgebilder eines Videobandes mit Aufnahmen der Röhrenwand und berechnet aus deren Mittel das Ausgangsbild. Dieses wird mit einem einfachen Mittelwert-Tiefpass geglättet, welcher den neuen Grauwert eines Pixels als das Mittel der Grauwerte in seiner 8er-Nachbarschaft bestimmt. Anschließend werden die Wurzelränder mit Hilfe einer „3 × 3 Pixel Maske“ berechnet. Im folgenden Schritt werden die Grauwerte der Pixel gemittelt, die als Wurzelkantenpixel erkannt wurden. Der dabei erhaltene mittlere Grauwert wird als globaler Schwellwert verwendet und das Bild mit seiner Hilfe durch Binarisierung segmentiert. Hierbei nehmen die Autoren an, dass die gesuchten Wurzelregionen eine konstant höhere Helligkeit als der Hintergrund aufweisen und so von ihm getrennt werden können. Anschließend wird versucht, fehlerhaft als Wurzeln erfasste Hintergrundbereiche durch eine Überprüfung einfacher Kriterien zu eliminieren. Zu diesem Zweck wird eine maximale Segmentgröße, eine minimale Segmentlänge und ein minimales Länge-Breite-Verhältnis eingeführt. Auf diese Weise können Regionen eliminiert werden, welche zu groß, zu kurz oder zu wenig länglich sind, wie beispielsweise Regenwürmer, Sandkörner oder Hintergrundstrukturen. Dieses Verfahren kann auch für die Segmentierung von Aufnahmen ausgewaschener Wurzelsysteme verwendet werden, wie in [MSP92] beschrieben wird.

---

<sup>1</sup>Ein Multibussystem mit einem, für die damalige Zeit, sehr leistungsfähigen Motorola 68010 Prozessor

Ein Ansatz, welcher von den physiologischen Eigenschaften einer Wurzel ausgeht, wird in [HJSS92] beschrieben. Die Autoren stellen fest, dass Wurzeln hauptsächlich geradlinig und mit symmetrischen Rändern verlaufen und eine dünne, längliche Gestalt haben. Aus diesen Gründen modellieren sie Wurzeln als uniforme Zylinder, deren Grauwerte heller sind als der Hintergrund. Gleichzeitig nehmen sie an, dass die Helligkeiten von Wurzeln und Hintergrund unterschiedlichen Gauss-Verteilungen folgen. Beide Verteilungen werden anhand des Grauwertistogramms des Bildes geschätzt und zur Bestimmung eines globalen Schwellwertes verwendet. Mit diesem Schwellwert wird das Bild binarisiert und so die initiale Segmentierung ermittelt. In einem zweiten Schritt werden dann Kanteninformationen mit Hilfe des Canny-Kantendetektors extrahiert und dessen Ausgabe nachfolgend in eine Repräsentation der Wurzelkanten überführt. Dies geschieht im Rahmen einer Kantenverfolgung, bei welcher die modellierte Wurzelform bereits rudimentär berücksichtigt wird und beispielsweise kleine Lücken gefüllt werden können. Die erhaltenen Kanten werden geometrisch durch einen Polygonzug approximiert und mit einem Qualitätsmaß versehen, welches die Übereinstimmung mit dem Modell des Wurzelrandes beschreibt. Die Autoren geben die Bestimmung dieses Maßes leider nicht an, erwähnen aber, hierfür unter anderem den Gradientenbetrag und den mittleren Kontrast zu verwenden. Die nachfolgenden Schritte, die über eine zunehmend abstraktere Beschreibung zu den gesuchten Wurzelregionen führen, werden dann nur noch bezüglich ihrer Einbettung in das verwendete Gesamtsystem erwähnt. Dieses soll die Idee eines „blackboards“ umsetzen, auf dem alle bereits bekannten Informationen bezüglich Wurzelregionen gesammelt werden und so weiterfolgenden Abstraktionsschritten zur Verfügung stehen. Hierbei werden Wissensquellen (*knowledge sources*) verwendet, welche einfache Probleme in einem sehr speziellen Problemkreis lösen und vom jeweils aktuellen Verarbeitungsschritt befragt werden können. Diese Sichtweise modelliert sehr elegant die sequentielle Verarbeitung des Ausgangsbildes unter Berücksichtigung der Bedingungen, die vom Wurzelmodell vorgegeben werden. Da die späteren Verarbeitungsschritte und die Generierung der eigentlichen Detektionsergebnisse in [HJSS92] nicht beschrieben werden, kann die Leistungsfähigkeit der dort vorgestellten Methode nur schwer eingeschätzt werden. Es scheint [HJSS92] bei dem von ihnen verwendeten Bildmaterial jedoch zu gelingen, alle erzeugten Wissensrepräsentationen so zu kombinieren, dass kleinere Lücken zwischen zusammenhängenden Wurzelteilen überbrückt und falsch detektierte Regionen zumindest teilweise eliminiert werden können.

Einen weiteren Ansatz mit globalem Schwellwert verfolgen [AEH96]. Die Autoren arbeiten auf Bildern mit 128 Graustufen, welche in einem Rhizotron aufgenommen wurden. In einem Vorverarbeitungsschritt wird zuerst hochfrequentes Rauschen entfernt, indem ein  $5 \times 5$  Median Filter zweimal auf das Bild angewendet wird. Anschließend wird die finale Segmentierung durch Binarisierung des Bildes mit einem festen Schwellwert von 105 ermittelt. Dieser Schwellwert wurde empirisch ermittelt und recht hoch gewählt, da andernfalls große Teile des Hintergrundes falsch klassifiziert werden. Zur Berechnung der Wurzellängen wird das erhaltene Bild anschließend mit der Bildverarbeitungssoftware KHOROS 1.0.5 skelettiert und die Anzahl der erhaltenen Skelettpixel als Gesamtlänge

verwendet. In der Diskussion ihres Ansatzes weisen [AEH96] allerdings auch auf die nur bedingte Eignung ihres Verfahrens hin, da der inhomogene Hintergrund eines Minirhizotronbildes die Verwendung eines hohen Schwellwertes erfordert und so keine Klassifikation des kompletten Wurzelsystems zulässt. Die Autoren vermuten, dass die Verwendung eines angepassten Filters, welcher die längliche Ausdehnung einer Wurzel berücksichtigt, bessere Ergebnisse erbringen kann.

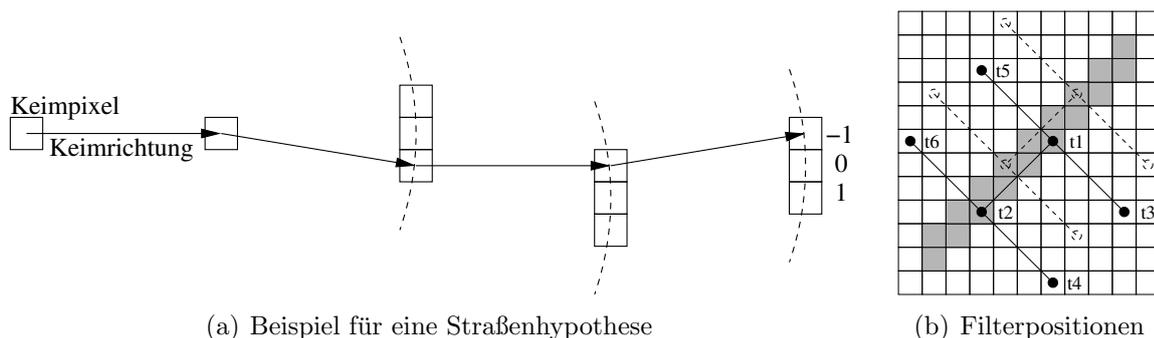
Die Beobachtung, dass sich Wurzeln vom Hintergrund teilweise besser trennen lassen, wenn man nur das Blauband des Farbbildes betrachtet, wird in [VGBM99] genutzt. Der dort vorgestellte Ansatz basiert entsprechend auf der Verwendung des Blaukanals des ursprünglichen Farbbildes. Seine Helligkeitswerte werden durch eine exponentielle Transformation aufgespreizt und eine ungleichförmige Beleuchtung des Beobachtungsbereiches mittels einer lokalen Glättungsoperation über  $50 \times 50$  Pixeln reduziert. Nachfolgend wird ein Medianfilter der Größe  $7 \times 7$  angewendet, um helle Bodenpartikel und Wassertropfen zu beseitigen. Die eigentliche Segmentierung des 8-Bit Bildes wird durch Binarisierung mit einem Schwellwert von 127 gewonnen. Die Längen der erhaltenen Vordergrundregionen werden durch eine Erosions-Skelettierung vermessen und diejenigen Regionen eliminiert, deren Längen einen Mindestbetrag unterschreiten.

Eine Übersicht über weitere bekannte Methoden zur Wurzeldetektion findet sich in [SBE<sup>+</sup>00]. Dort wird auch der Algorithmus von [Jan95] vorgestellt, der einen zweiphasigen konturbasierten Ansatz umsetzt. Das Verfahren erkennt zuerst leicht zu detektierende Teile von Wurzelregionen und erweitert diese nachfolgend. Hierfür werden im untersuchten Bild zuerst die Konturen mit hinreichender Signifikanz berechnet. Dies geschieht durch Schätzung der Gradientenbeträge und eine Non-Maximum-Suppression mit abschließendem Linking-Schritt. Aus der Menge der erhaltenen Kanten werden in der ersten Phase der Detektion diejenigen Paare bestimmt, die bestimmte Kriterien erfüllen. Hierzu gehört etwa der parallele Verlauf der kombinierten Kantenstücke. Akzeptierte Kombinationen fungieren dann als Keime für eine nachfolgende Expansion in der zweiten Phase. Diese bedient sich eines speziellen Graphs, der so definiert ist, dass ein kostenoptimaler Pfad zwischen einem Keim und dem zugehörigen Wurzelende genau das gesuchte Wurzelkonturpaar beschreibt. Die Bestimmung eines solchen Pfades erfolgt mit einem angepassten A\*-Algorithmus. Da dieses Verfahren den Ausgangspunkt für diese Arbeit darstellt, werden seinen beiden Phasen noch einmal detailliert in den Kapiteln 4 und 5 vorgestellt.

Weitere interessante Ansätze wurden zur Detektion von Straßen in Luft- oder Satellitenbildern entwickelt.

## 3.2 Straßendetektion in Satellitenbildern

Es besteht heute ein großer Bedarf an genauem digitalem Kartenmaterial, beispielsweise für Navigationslösungen in Kraftfahrzeugen. Zu seiner Erstellung bietet sich die Auswertung von Luftaufnahmen und Satellitenbildern an. Das entsprechende, bereits zur Verfügung stehende Bildmaterial hat dabei inzwischen einen Umfang erreicht, der laut [GJ96] eine rein manuelle Auswertung praktisch unmöglich macht und von dem ein großer



**Abbildung 3.1: Zur Straßendetektion nach [GJ96].** Die Bögen der in (a) dargestellten Straßenhypothese werden durch die Folge  $(1,0,-1)$  repräsentiert. In (b) sind zwei lokale Filterpositionen auf einer Straßenprojektion dargestellt.

Teil noch nicht einmal gesichtet wurde ([Gib03]). Zur Erstellung und Anpassung genauer Straßenkarten sind daher entsprechende automatische Algorithmen von hohem Wert. In [FZAW99] wurden verschiedene Lösungsansätze für dieses Problem untersucht und klassifiziert. Einige von ihnen werden nun beispielhaft vorgestellt, wobei in halb- und vollautomatische Systeme unterschieden wird.

In [GJ96] wird ein halbautomatischer Ansatz ohne Verwendung externen Wissens auf Grauwertbildern des SPOT Satelliten mit einer Auflösung von 10 m pro Pixel beschrieben. Dabei wird von einem kurzem Stück der gesuchten Straßenstruktur ausgegangen, die vom Anwender vorgegebenen und als „Keim“ bezeichnet wird. Aus diesem Stück wird rekursiv eine Straßenhypothese mit einem ternären Entscheidungsbaum so aufgebaut, wie in Abbildung 3.1(a) veranschaulicht ist. Die Schätzung der Wahrscheinlichkeit, dass eine Straßenhypothese tatsächlich eine Straße überdeckt, erfolgt durch den Einsatz lokaler Filter. Die Antwort dieser Filter, die in Abbildung 3.1(b) dargestellt sind, wird unter linearen Grauwerttransformationen konstant gewählt. Ihre Berechnung erfolgt unter Betrachtung einer Menge zusammengehöriger Pixelpositionen, die als „Cliques“ bezeichnet werden. Zwei solcher Cliques sind in Abbildung 3.1(b) dargestellt. Unter Verwendung der Notation  $I(t)$  für den Grauwert des Bildes an der Stelle  $t$  ist der Beitrag einer solchen Clique Eins, falls

$$|I(t_1) - I(t_2)| < \min(|I(t_1) - I(t_3)|, |I(t_1) - I(t_5)|, |I(t_2) - I(t_4)|, |I(t_2) - I(t_6)|)$$

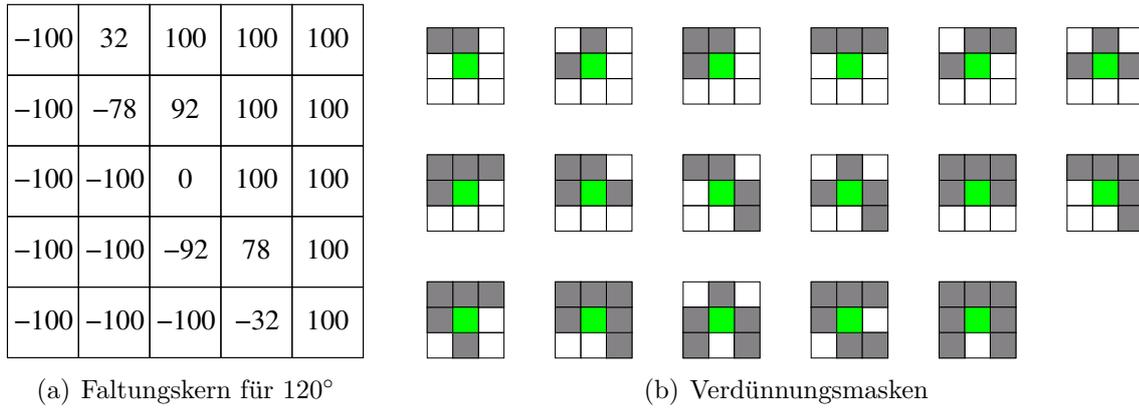
gilt und ansonsten Null. Die Antwort des Filters ergibt sich aus der Summe der Beiträge von insgesamt  $J$  Cliques und liegt zwischen Null und  $J$ . Je größer die Antwort ist, desto homogener ist der überprüfte Bildbereich entlang der Cliques-Hauptachse zwischen  $t_1$  und  $t_2$  im Vergleich zur Umgebung. Auf diese Weise wird die Eigenschaft von Straßen modelliert, im Bild lokal homogen zu erscheinen und sich durch Helligkeitsunterschiede vom Hintergrund abzuheben. Die Wahrscheinlichkeitsverteilung über die  $J + 1$  möglichen Filterantworten ist für Hintergrund und Straße unterschiedlich. Dies wird genutzt, um die nächste Teilhypothese festzulegen, deren Plausibilität durch die zugehörige Filterantwort

überprüft wird. Auf diese Weise entsteht ein Suchbaum, der die Straßenprojektion überdeckt. Wird dabei ein Teilstück entdeckt, das mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit zu einer Straße gehört, so wird es als neuer Keim gewählt und anschließend nur dieser weiterexpandiert. Auf diese Weise wird der Suchbaum beschränkt.

Eine vollautomatische Abwandlung des Algorithmus' von [GJ96] wird in [Dut00] beschrieben. Ebenfalls auf Grauwertbildern des SPOT Satelliten aufsetzend, wird hier zusätzlich eine automatische Detektion von initialen Straßenkeimen durchgeführt. Dazu werden farblich homogene Cluster von maximal vier Pixeln bestimmt, die streng horizontal oder vertikal ausgerichtet sind und sich ausreichend von der Umgebung abheben. Jeweils zehn solcher benachbarten Cluster mit sehr ähnlichem Grauwert werden dann heuristisch mit Hilfe einer Baumstruktur zu einem Straßenteilstück zusammengefügt, das als Keim fungiert. Die Verfolgung der Straße im Bild wird dann wieder mittels lokaler Filter realisiert, die denen in [GJ96] sehr ähnlich sind. Ihre gemittelte Antwort entlang einer Strecke wird als Wahrscheinlichkeit genutzt, dass es sich bei dieser Strecke um ein Straßenteilstück handelt. Solche Teilstücke entstehen rekursiv bei der Verlängerung des Keims, wobei jeweils elf gleichlange, in der Richtung leicht variierende Strecken betrachtet werden. Damit eine solche Teilhypothese in den Suchbaum aufgenommen wird, müssen zwei Drittel aller Pixel dieses Teilstücks Grauwerte aufweisen, die um weniger als  $T_1$  vom Mittelwert des letzten Stückes abweichen. Zusätzlich muss die Antwort des Filters einen fixen Schwellwert  $T_2$  überschreiten. Auf diese Weise wird aus dem Keim durch rekursive Expansion ein Doppelbaum aufgebaut, der sich in beide Richtungen über das ganze Bild erstreckt. Aus ihm wird der Pfad mit der höchsten Wahrscheinlichkeit bestimmt. Liegt diese Wahrscheinlichkeit über einem dritten Schwellwert  $T_3$ , so wird der gefundene Pfad als Straße zurückgegeben.

Ein konturbasierter Ansatz für hochauflösende Bilder, welcher die Kernidee der konturbasierten Keimdetektion von [JBP<sup>+</sup>95] verwendet, findet sich in [TA00]. Die Autoren detektieren die benötigten Kanten mit Hilfe des Nevatia-Babu-Verfahrens (siehe auch [SH92]), bei dem das Bild mit sechs verschiedenen Kernen für die Richtungen  $0^\circ$ ,  $30^\circ$ ,  $60^\circ$ ,  $90^\circ$ ,  $120^\circ$  und  $150^\circ$  gefaltet wird. In Abbildung 3.2(a) ist der Kern für  $120^\circ$  dargestellt. Aus den resultierenden Kantenkandidaten werden die gesuchten Kanten durch Non-Maximum-Suppression, Schwellwertbildung und die Bedingung ähnlicher Gradientenrichtung in der Nachbarschaft ausgewählt. Die entstandenen Kanten werden in einem nachfolgenden Schritt verdünnt, wofür die Autoren eine Hit-And-Miss Transformation mit den in Abbildung 3.2(b) dargestellten 17 Masken verwenden. Da die so verdünnten Kanten nicht in jeden Fall zusammenhängend sind, werden zusammengehörende Teilstücke in einem nachfolgenden Linking-Schritt verknüpft. Dazu wird in einer Suchzone entlang der approximierten Richtung des zu verknüpfenden Kantenpunktes nach Kandidaten gesucht, zu denen eine Verbindung erfolgen soll. Aus diesen Kandidaten wird der Verknüpfungspartner mit Hilfe prioritisierter Bedingungen ausgewählt. Je nach kürzestem Abstand  $d_{vk}$  zur direkten Verlängerung der gesuchten Kante müssen dabei bis zu drei Bedingungen (falls  $d_{vk} < \{4, 7, 10\}$  Pixel) in dieser Reihenfolge erfüllt sein:

- Der Kandidat weist den kürzesten Abstand zum betrachteten Kantenpunkt auf.



**Abbildung 3.2: Zur Kantenbestimmung nach [TA00].** Die Kantenrichtung wird mit sechs verschiedenen Faltungskernen approximativ bestimmt (Nevatia-Babu); in (a) ist beispielhaft der Kern für 120° angegeben. Nachfolgend wird durch eine Hit-And-Miss-Transformation mit (b) 17 Masken verdünnt. Das grün dargestellte Kantenelement kann entfernt werden, falls alle dunkelgrauen Pixel ebenfalls Kantenelemente sind.

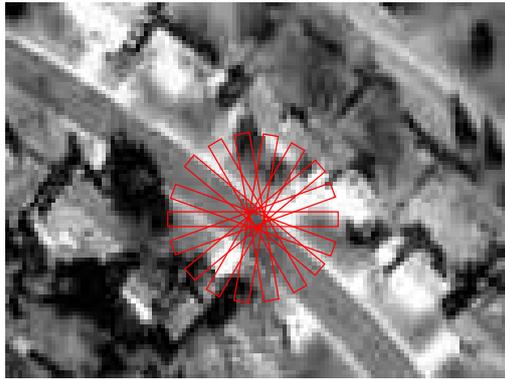
- Der Kandidat hat zudem die gleiche Richtung wie der betrachtete Kantenpunkt.
- Der Kandidat ist außerdem weiter als 20 Pixel vom Kantenpunkt entfernt.

Die dann vorhandenen Kantenbeschreibungen werden von [TA00] nachfolgend zur Paarung paralleler Teilstücke verwendet. Die gefundenen Kombinationen stellen im Ergebnis die detektierten Straßenteile dar.

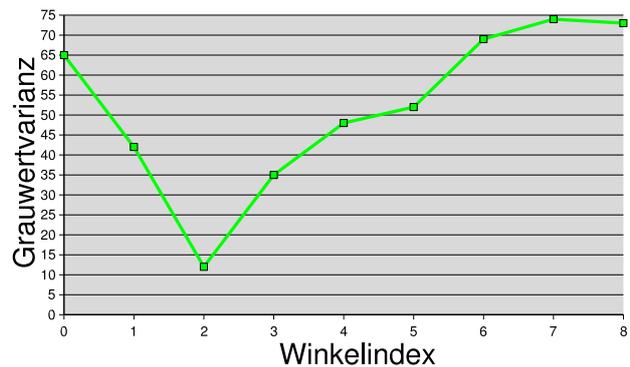
Der Autor des in [Gib03] vorgestellten Verfahrens befasst sich mit unterschiedlich aufgelösten Bildern mit mehreren Spektralbändern. Es handelt sich hierbei um fünfbandige Bilder des IKONOS-Satelliten, deren Dimension durch die *tasseled cap transformation* (siehe auch [Hor03]) reduziert wird. Diese Transformation bildet, ähnlich wie die Hauptachsentransformation, die vorhandenen Datenpunkte in einen Unterraum ab und versucht dabei, möglichst relevante Informationen zu erhalten. Aus diesem Unterraum wird die zweite Komponente für die Straßendetektion verwendet. Sie wird als Vegetationsindex (*greenness*) bezeichnet und eignet sich besonders zur Unterscheidung von Vegetation und Bauwerken. Ihre Berechnung erfolgt unter Verwendung des Nahinfrarot-, Rot-, Grün- und Blaubandes wie folgt:

$$TCT_{vegetationsindex} = 0.819 x_{nir} - 0.325 x_{rot} - 0.356 x_{grün} - 0.311 x_{blau}$$

Zusätzlich werden Kanteninformationen verwendet, die mit dem zuvor beschriebenen Verfahren von [TA00] bestimmt wurden. Als dritte wichtige Informationsquelle gelangt ein Texturmaß zum Einsatz, das wie folgt berechnet wird. Für jeden Pixel  $p$  des panchromatischen Bandes wird  $T(\alpha, w, p)$  als Grauwertvarianz eines rechteckigen Bildbereiches mit Breite  $w$  definiert, dessen Hauptachse mit der Horizontalen den Winkel  $\alpha$  einschließt. Dieses Maß  $T(\alpha, w, p)$  wird für eine Menge  $\alpha_0, \dots, \alpha_n$  berechnet. In Abbildung 3.3(a) ist dies exemplarisch für einen Pixel und  $n = 8$  dargestellt. Wird für ein  $\alpha_j$  der komplette



(a) Bildbereichswahl nach [Gib03]



(b) zugehöriges Histogramm

**Abbildung 3.3: Bestimmung eines Texturmerkmals.** *Im Bildausschnitt in (a) werden die Grauwertvarianzen in rotierten rechteckigen Bildbereichen für den Pixel in der Mitte untersucht. In (b) ist das zugehörige Histogramm bezüglich des Winkelindex dargestellt.*

Bereich von der grauwerthomogenen Projektion einer Straße überdeckt, ist die zugehörige Grauwertvarianz gering. Dies erzeugt ein lokales Minimum in dem Histogramm, das für den entsprechenden Pixel, wie in Abbildung 3.3(b), die Grauwertvarianz über alle möglichen  $\alpha_i$  darstellt. Die Anzahl und Positionen solcher lokalen Minima werden daher ebenfalls bei der Straßendetektion verwendet, um beispielsweise die Straßenrichtung und das Auftreten von Kreuzungen zu bestimmen.

Die drei Merkmale Vegetationsindex, Kanten und Textur werden genutzt, um zuerst kleine Straßenteilstücke zu identifizieren, die dann in einem weiteren Schritt in einen topologischen Zusammenhang gebracht werden. Dazu wird vorrangig das Ergebnis der Texturanalyse verwendet. Die Straßenkandidaten werden entlang ihrer dominanten Richtung, die durch das Minimum im Histogramm festgelegt wird, verlängert und Kreuzungen durch das Vorhandensein mehrerer lokaler Minima identifiziert. Die so entstandenen Straßenhypothesen werden nachträglich noch einmal anhand ihres Vegetationsindex, ihrer Länge, ihrer Breite und ihrer Kompaktheit auf Plausibilität überprüft.

Einige mit den bisherigen Problemen vergleichbare Situationen treten auch bei der Bearbeitung von medizinischem Bildmaterial auf. Dies liefert einige sehr wichtige Anwendungen der digitalen Bildverarbeitung.

### 3.3 Detektion von Blutgefäßen

Bei der Visualisierung von Blutgefäßsystemen mit Hilfe von Angiogrammen ist beispielsweise die Erkennung der Blutgefäße ein wichtiger Schritt für die nachfolgende Diagnose. Eine automatische Segmentierung solcher Bilder weist dabei Ähnlichkeiten mit der Wurzeldetektion in Minirhizotronbildern auf. Aus diesem Grund wird nun auf einige Ansätze eingegangen, die auch in [KQ04] vorgestellt werden. In [APEB96], [BAS<sup>+</sup>01] und [AJWB03] wird ein Verfahren zur Erkennung eines dreidimensionalen Aderbaumes be-

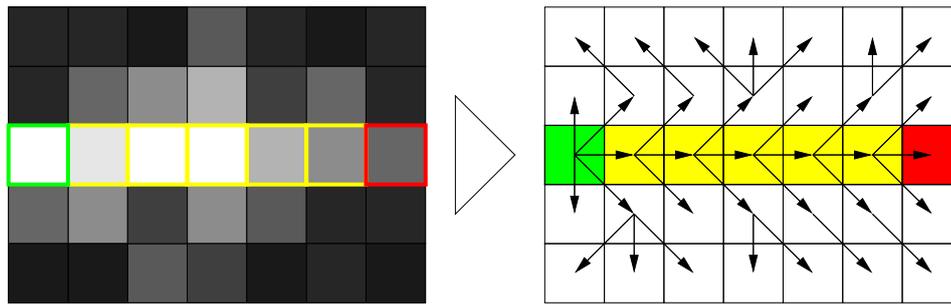
schrieben. Das verwendete Bildmaterial kann dabei durch gestapelte Röntgenaufnahmen oder Magnetresonanztomographie entstanden sein. In ihren Veröffentlichungen schlagen die Autoren vor, die Grauwerte des Bildes als Höheninformationen zu interpretieren. Die gesuchten Regionen, etwa intrazerebrale Gefäße, sind heller als der Hintergrund und von röhrenartiger Gestalt. Wie in [BAS<sup>+</sup>01] bemerkt wird, können die Mittelachsen der gesuchten Regionen daher durch Anwendung eines Tiefpassfilters gefunden werden. Stellen mit lokal maximalem Grauwert liegen auf „Bergkämmen“ (*ridges*) welche auf den Mittelachsen der zugehörigen Regionen lokalisiert sind. In [AJWB03] wird anschaulich auf die notwendigen Bedingungen bezüglich der Richtungsableitungen der Grauwerte eingegangen, die von allen Punkten auf diesen Bergkämmen erfüllt werden müssen und zu ihrer Bestimmung verwendet werden. Der Verlauf der Mittelachsen wird anschließend durch die Verfolgung eines vorgegebenen Startpunktes detektiert, der in [BAS<sup>+</sup>01] als Keimpunkt (*seed point*) bezeichnet wird. Die Autoren verwenden manuell vorgegebene Keimpunkte, von denen nach eigener Angabe zwischen fünf bis sechs, 15-60 oder mehrere hundert benötigt werden, je nach Komplexität des gesuchten Gefäßbaumes. In ihnen wird eine Schätzung der aktuellen Tangentenrichtung vorgenommen und das Gefäß in diese Richtung verfolgt. Dabei wird die Position der verfolgten Mittelachse und ihre Richtung fortlaufend anhand der gerichteten Ableitungen der Grauwerte korrigiert und auf diese Weise das Gefäß detektiert. An Verzweigungspunkten ist die Verwendung eines neuen Keimpunktes nötig, um den abzweigenden Ast verfolgen zu können.

In [CPFT98] versuchen die Autoren, Blutgefäße der Retina automatisch zu detektieren und anhand spezieller Maßzahlen krankhafte Veränderungen festzustellen. Der vorgestellte Ansatz zur automatischen Erkennung dieser Blutgefäße stützt sich ebenfalls auf Grauwertinformationen. Da sich die Gefäßwände hell gegen die blutdurchströmte Mitte und den Hintergrund absetzen, verwenden die Autoren zuerst einen Gauss-Tiefpass, um so glatte Bergkämme (vgl. [BAS<sup>+</sup>01]) zu erzeugen. Anschließend werden die Grauwertgradienten berechnet und mit ihnen die Mittelachsen der Blutgefäße bestimmt. Die Autoren verwenden hierzu drei Bedingungen, die von den Pixeln dieser Mittelachsen erfüllt werden müssen:

1. konsistente Gradientenrichtung in einer lokalen Umgebung,
2. lokal maximaler Grauwert entlang der Gradientenrichtung und
3. maximaler Kontrast entlang der Gradientenrichtung.

Im Anschluss daran werden rauschinduzierte Einzelpixel entfernt und durch einen Closing-Schritt (siehe [SHB99]) Gefäßfragmente zusammengefasst. Der letzte Schritt besteht in einer Verdünnung des entstandenen Binärbildes, wodurch die finalen Mittelachsen entstehen.

In [YCS00] wird ein Ansatz zur Grauwert-Skelettierung vorgestellt, der das Bild anhand seiner Grauwerte in eine Baumrepräsentation überführt. Hierfür wird ein Algorithmus verwendet, der als *ordered region growing* bezeichnet wird. Beginnend bei einem manuell vorgegebenen Startpixel als einzigem Element der Randmenge, wird jeweils der hellste



**Abbildung 3.4: Ordered Region Growing.** Der Algorithmus nach [YCS00] besucht alle Pixel der Helligkeit nach. Hier wird vom grünen Startpixel ausgegangen, der vom Nutzer vorgegeben wurde. Wählt der Nutzer anschließend den roten Pixel als gewünschten Zielpixel, so kann der gelbe verknüpfende Pfad sehr schnell ermittelt werden.

Pixel dieser Randmenge ausgewählt und expandiert. Dies geschieht durch Betrachtung seiner Nachbarn, die der aktuellen Randmenge hinzugefügt werden, falls sie noch nicht Element dieser sein sollten. Im Zweidimensionalen wird hierfür beispielsweise die 8er-Nachbarschaft verwendet. Durch die Vorgängerrelation, die zu jedem Pixel denjenigen Pixel liefert, von welchem er erreicht wurde, entsteht so eine Repräsentation des Bildes in Baumform, die in Abbildung 3.4 für ein Beispiel angegeben ist. Nachdem manuell ein Startpunkt definiert und der repräsentierende Graph berechnet wurde, kann sehr schnell ein Pfad bestimmt werden, der den Startpunkt und einen manuell definierten Endpunkt verbindet. Wählt der Nutzer nun Start- und Endpunkt direkt auf einem Blutgefäß, kann so dessen Skelett bestimmt werden. Für jeden Startpunkt wird zuerst die komplette Graphenrepräsentation berechnet, um durch Festlegung der zu erreichenden Endpunkte den bezeichnenden Pfad angeben zu können.

Ein recht einfacher Ansatz wird in [Don98] vorgestellt. Der Autor verwendet für die Detektion größerer Blutgefäße in Angiographiebildern den Top-Hat-Operator in einer Form, die in [Bov00] als *valley detector* bezeichnet wird. Als strukturierendes Element wird in [Don98] eine Kreisscheibe mit Radius  $r$  verwendet und das Ergebnisbild, die Differenz aus dem Ergebnis eines Closing-Schritts und dem Ausgangsbild, mit einem Schwellwert  $h$  binarisiert. Im Anschluss daran werden Regionen mit einer zu kleinen Fläche entfernt. Auf diese Weise wird die Detektion von Regionen vermieden, die aufgrund des verrauschten Hintergrundes auftreten oder von zu kleinen Blutgefäßen herrühren.

In [AMM] wird eine Methode zur Extraktion sogenannter *thin nets* vorgestellt, die den Verlauf länglicher Strukturen, etwa Straßen oder Blutgefäße, im Bild wiedergeben. Diese *thin nets* bestehen aus den Bergkämmen oder Kammlinien eines Bildes, wenn dessen Grauwerte als Höhenbeschreibung interpretiert werden. Kammlinien (*crest lines*) verfügen laut [AMM] über lokal maximale Grauwerte entlang der Orthogonalen zu ihrer Verlaufsrichtung. Die Autoren bestimmen diese Kammlinien und damit die *thin nets*, indem sie partielle Richtungsableitungen des Bildes betrachten. Diese Ableitungen werden mit Hilfe des Gauss-Filters und seiner Ableitungen durch Faltung mit dem Bild

berechnet. Im Anschluss daran werden diejenigen Punkte bestimmt, in denen das Produkt aus maximaler prinzipieller Krümmung und Krümmungsrichtung einen Nulldurchgang aufweist, also ein Vorzeichenwechsel stattfindet. Aus diesen Punkten werden die *thin nets* gebildet. Da sich dieses Verfahren nur für Strukturen konstanter Breite eignet, erweitern die Autoren es in [AMMV99]. Das Prinzip des dort vorgestellten Ansatzes besteht darin, das ursprüngliche Verfahren auf unterschiedlichen Auflösungsstufen anzuwenden. Dazu werden die Gauss-Filter mit unterschiedlichen Parametern  $\sigma_i$  verwendet und aus der Kombination ihrer Antworten die *thin nets* bestimmt. Hierfür werden alle Extrema der maximalen Krümmungen aller Auflösungsstufen untersucht. Aus dieser Menge werden, durch Berücksichtigung der Nulldurchgänge der ersten Ableitung, irrelevante Punkte entfernt. Von den so verbleibenden Punkten wird, bei mehrfacher Beschreibung des gleichen Kantenpunktes, derjenige mit der mittleren Auflösung ausgewählt und aus diesen Punkten die *thin nets* aufgebaut.

Einige der beschriebenen Verfahren ähneln sich in wichtigen Ansatzpunkten. Im Folgenden werden die vorgestellten Ansätze daher noch einmal allgemein zusammengefasst und eine neue Strategie zur Detektion von Wurzeln in Minirhizotronbildern entwickelt.

## 3.4 Zusammenfassung

Ein häufiger Ansatz zur Wurzeldetektion besteht in der Verwendung eines globalen Schwellwertes. Mit diesem Vorgehen lassen sich recht gute Ergebnisse erzielen, wenn die gesuchten Wurzelregionen relativ konstante Grauwerte aufweisen und sich gut vom Hintergrund abheben.

Die Bestimmung von Blutgefäßen in der diagnostischen Bildgebung erfolgt dagegen häufig mit lokalen Filtern und unter Einbeziehung der erwarteten Topographie, ein Ansatz, der auch bei der Detektion von Straßen in Satellitenbildern erfolgreich verwendet wird. In beiden Fällen werden die gesuchten Strukturen als farblich homogene Kurvenstücke konstanter Breite modelliert. Diese Breite ist häufig bekannt und wird, falls nötig, durch Unterabtastung des Bildes eingestellt (vgl. [AMMV99]).

In dem Bildmaterial, das in dieser Arbeit verwendet wird, weisen die gesuchten Wurzelregionen jedoch weder eine bekannte Breite auf, noch verfügen sie über eine konstante Helligkeit. So enthalten die untersuchten Bilder häufig Wurzeln, die im Mittel dunkler sind als derjenige Hintergrundbereich, der eine hellere Wurzel des gleichen Bildes umgibt. Zusätzlich existieren Wurzelregionen, die sich in ihrer Helligkeit nur sehr schwach vom Hintergrund abheben oder eine hohe Grauwertvarianz aufweisen. Die vorgestellten schwellwertbasierten Ansätze zur Wurzeldetektion, wie etwa [SFD<sup>+</sup>87], [CJFG91] und [VGBM99], stoßen daher ebenso schnell an ihre Grenzen, wie die filterbasierten Verfahren von [GJ96] und [Dut00] zur Straßendetektion. Auch bereits bekannte Methoden zur Blutgefäßdetektion, wie beispielsweise die Mittelachsenverfolgungen von [CPFT98], [BAS<sup>+</sup>01] oder [AJWB03], sind sehr stark von einer Modellierung der gesuchten Strukturen abhängig, die sich nicht ohne weiteres auf die hier gesuchten Wurzeln übertragen lässt. Insgesamt scheint damit keines dieser Verfahren in Originalform für die Bearbeitung

der vorliegenden Minirhizotronbilder gut geeignet zu sein. Aus diesem Grund wird ein neuer Ansatz entwickelt. Er soll die Vorteile der einzelnen Verfahren kombinieren und eine flexible Modellierung der gesuchten Wurzelregionen gestatten.

Das größte Problem bei globalen schwellwertbasierten Verfahren ist die Anwendung in Bildern mit variierenden Wurzelgrauwerten, niedrigem Kontrast oder inhomogenem Hintergrund. Diese drei Eigenschaften führen dazu, dass häufig nur Teile des Wurzelsystems erkannt werden können. Wird jedoch für die Detektion jeder Einzelwurzel die Verwendung eines separaten Schwellwertes zugelassen, so kann zumindest ein Teilbereich der Wurzel detektiert werden. In Kombination mit einem zweiphasigen Ansatz kann auf diese Weise die Detektion der Keime erfolgen, die den Ausgangspunkt für die weitere Detektion darstellen. Die Idee ist daher, das Bild mit unterschiedlichen Schwellwerten zu binarisieren und jede entstehende Region zu untersuchen. Erkennt man mit Hilfe von bestimmten Merkmalen, dass sich hierbei um eine Teilwurzel handelt, so wird diese als Keim verwendet. Diese Idee wird in [EP03] beschrieben und in dieser Arbeit weiterentwickelt.

Die Wahl eines zweiphasigen Ansatzes, wie in [Jan95], [BAS<sup>+</sup>01] und [AJWB03], bietet gleichzeitig die Möglichkeit zur einfachen Kombination zweier grundlegend verschiedener Detektionsverfahren. So können die Vorteile unterschiedlicher Ansätze kombiniert und Unsicherheiten bei der Detektion reduziert werden. Da in dieser Arbeit nun bereits in der ersten Phase regionen- und formbasierte Merkmale berücksichtigt werden, bietet sich in der zweiten Phase die primäre Verwendung von Konturinformationen an. Hierfür scheint eine graphorientierte Repräsentation des Bildes, wie etwa in [Jan95] oder [YCS00], besonders geeignet zu sein. Aufgrund der teilweise stark ausgeprägten Strukturierung der Wurzeloberfläche verspricht die Verfolgung der begrenzenden Randkonturen wie in [Jan95] hierbei den größeren Erfolg. Dieser Expansionsansatz stellt keinerlei Anforderungen an die Grauwerte im Inneren der detektierten Region, solange eine hinreichende Abhebung vom Hintergrund vorhanden ist. Diese Eigenschaft ist häufig selbst in kontrastarmen Bildern so gut gegeben, dass sich dieser Ansatz potentiell für sehr unterschiedliche Bildtypen eignet.

Die Forderungen an einen gültigen Pfad, also die Modellierung der Wurzelform, werden in [Jan95] allerdings noch vergleichsweise schwach gewählt. So werden zwar hohe Gradientenbeiträge und Symmetrie gefordert, die Beschränkung der zulässigen Krümmung erfolgt jedoch nur innerhalb der direkten Pixelnachbarschaft. Dies ist nur ungenügend, da so beispielsweise eine komplette Richtungsänderung der Kontur auf einer Fläche von  $4 \times 4$  Pixeln zulässig ist. Die Variante des  $A^*$ -Algorithmus, der von [Jan95] zur Bestimmung des gesuchten Pfades gewählt wurde, leidet zudem häufig unter Effizienzproblemen, die aus dem fehlenden Wissen über den gesuchten Zielknoten herrühren.

In dieser Arbeit wird daher ein hierarchischer Suchalgorithmus verwendet. Dieser vereinfacht zum einen die Modellierung der gesuchten Wurzel durch Trennung in eine lokale und globale Sichtweise stark. Zum anderen gestattet die Verwendung einer Hierarchie die Nutzung temporärer Zielknoten, die es erlauben, den Suchgraph besser einzuschränken und damit die Suche zu beschleunigen. Das Problem der Bestimmung des Wurzelendes verlagert sich so auf die Ebene mit der globaleren Sicht und kann dort, etwa mit Hilfe

von Texturmerkmalen (siehe [Gib03]), entschieden werden.

Das gesamte Verfahren dieser Arbeit zur Wurzeldetektion stellt sich damit als zweiphasiger Ansatz dar. Die Detektion der Keime in der ersten Phase erfolgt regionenbasiert, während ihre Expansion im Rahmen der zweiten Phase konturorientiert mit Hilfe einer hierarchischen Graphsuche realisiert wird. Auf die konkrete Realisierung beider Teile wird in den folgenden Kapiteln detailliert eingegangen.

## 4 Keimdetektion

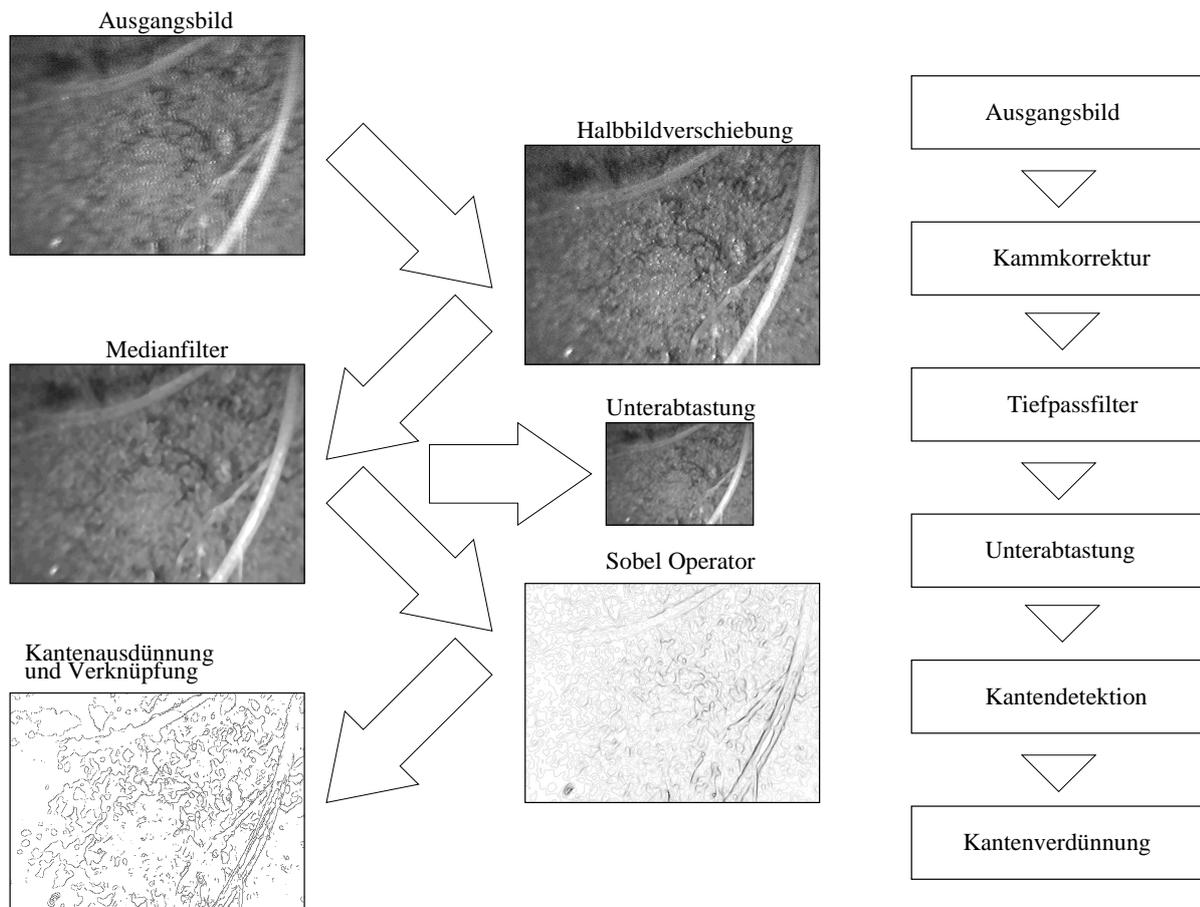
Als Keimdetektion wird die erste der beiden Hauptphasen des Detektionsalgorithmus' dieser Arbeit bezeichnet. Ihr Ziel ist die Festlegung von Teilbereichen einer Wurzelprojektion, die als Startpunkte für die sich anschließende Expansion zur Überdeckung der gesamten Wurzel dienen können. Hintergrund dieser Herangehensweise ist die Beobachtung, dass sich häufig nur Teilstücke der im Bild vorhandenen Wurzeln einfach und mit hoher Sicherheit als Wurzelbereiche identifizieren lassen. Entsprechende Teilstücke werden daher als Ausgangspunkte für die nachfolgende Detektion der Restwurzel verwendet und stellen die Grundlage für die gesamte Wurzeldetektion dar. Aus diesem Grund sollen:

1. für jede Wurzelprojektion mindestens eine Teilregion und gleichzeitig
2. möglichst wenige falsche Teilregionen detektiert werden.

Die gefundenen Regionen werden als Keime bezeichnet und durch zwei parallel verlaufende Konturen beschrieben, die links und rechts auf den Rändern der gesuchten Wurzel lokalisiert sind. In Abbildung 4.2 ist ein solches Konturpaar dargestellt. Die beiden Konturen des Paares lassen sich durch zwei Listen von Pixeln beschreiben, wobei jeder Pixel in der 8er-Nachbarschaft seines direkten Vorgängers in der Liste liegt. Eine solche Pixelkette wird vorzugsweise auf den Stellen im Bild positioniert werden, die einen hohen Gradientenbetrag aufweisen. Sie stellt damit meist auch eine Kontur im umgangssprachlichen Sinn dar.

Aufgrund des zweistufigen Ansatzes ist die Detektion eines kleinen Wurzelstückes als Keim völlig ausreichend. Typische Probleme der Wurzeldetektion in Minirhizotronbildern werden erst im Rahmen der Keimexpansion behandelt, welche in Kapitel 5 beschrieben wird. Dies betrifft vor allem Wurzelregionen mit sich ändernden Grauwerten, Unterbrechungen der Wurzelkontur und die möglicherweise inhomogene Beleuchtung des Bildes. Primäres Ziel der Keimdetektion ist dagegen die sichere Erkennung von Wurzelteilstücken und damit die Ermöglichung einer solchen nachträglichen Behandlung.

Prinzipiell besteht auch die Möglichkeit, die von der Keimexpansion benötigten Keime manuell vom Anwender vorgeben zu lassen, also ein halbautomatisches Verfahren zu verwenden. Vollautomatische Verfahren detektieren die benötigten Keime dagegen selbständig und benötigen keinerlei Nutzerinteraktion. In dieser Arbeit werden zwei entsprechende Möglichkeiten zur automatischen Keimdetektion in diesem Kapitel vorgestellt. Es handelt sich dabei zum einen um das ursprüngliche konturbasierte Verfahren, das in [JBP<sup>+</sup>95] beschrieben wurde und zum anderen um eine in dieser Arbeit entwickelte regionenbasierte Version, die auf dem in [EP03] vorgestellten Ansatz beruht.



**Abbildung 4.1: Vorverarbeitung.** Die Minirhizotronbilder werden hier durch Anwendung von Kammkorrektur, Tiefpass, Unterabtastung (optional), Kantendetektion und -verdünnung vorverarbeitet.

Beide Verfahren erfordern eine Vorverarbeitung des Bildes, auf die zuerst eingegangen wird. Im Anschluss daran wird die konturbasierte Keimdetektion vorgestellt und nachfolgend das neuentwickelte regionenbasierte Verfahren detailliert beschrieben.

## 4.1 Vorverarbeitung

Im Rahmen der Vorverarbeitung erfolgt die Aufbereitung der Rohbilder und die Bereitstellung später benötigter Bildinformationen. Alle durchgeführten Schritte sind in Abbildung 4.1 schematisch dargestellt und haben im Wesentlichen eine „Verbesserung“ der Bildqualität zum Ziel bzw. ermöglichen die Darstellung impliziter Informationen. Zu Ersterem gehören die Unterdrückung des sogenannten Kammeffektes und die Verminderung des Rauschanteils im Bild. Benötigte Konturinformationen werden dagegen durch die Kantendetektion und -verkettung zugänglich gemacht.

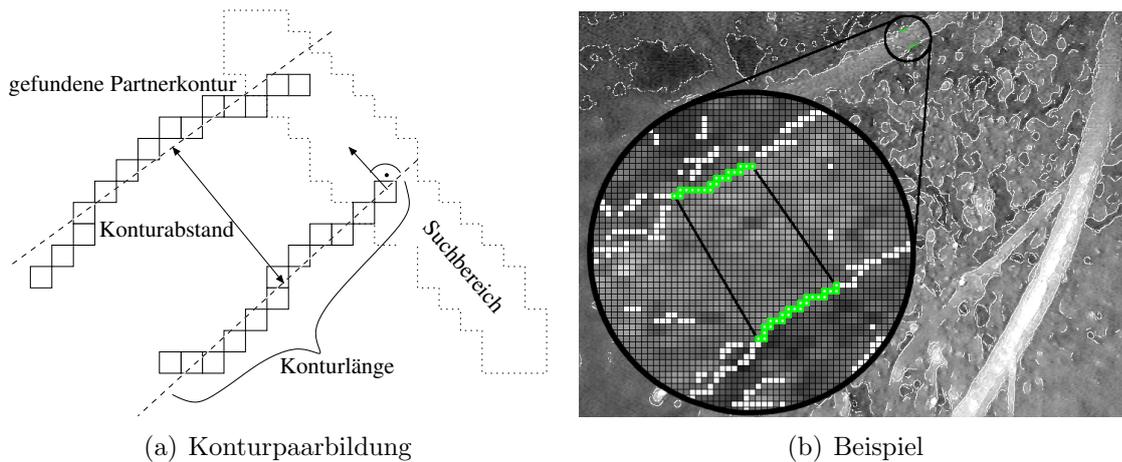
Der Kammeffekt wird durch die nachträgliche Digitalisierung eines Minirhizotronbildes verursacht, das auf VHS-Kassette gespeichert wurde. Er entsteht durch die Zusammensetzung des PAL-Videobildes aus zwei Halbbildern, welche die jeweils geraden bzw. ungeraden Zeilen des Gesamtbildes enthalten. Werden diese Halbbilder leicht versetzt zusammengefügt, so ergeben sich „Ausfranzungen“, die vor allem an den Wurzelrändern die automatische Detektion erschweren. Da es sich bei diesem Effekt häufig um einen konstanten systematischen Fehler handelt, ist eine einfache Korrektur durch Ermittlung des horizontalen Versatzes und nachträgliches Verschieben der (un)geraden Zeilen möglich. Der Kammeffekt tritt nicht bei Bildern auf, die mit dem Wurzelscanner oder der Digitalkamera aufgezeichnet wurden.

Ein weiteres Problem stellt der Rauschanteil der Bilder dar, der bei den Bildern der VHS-Kamera teilweise recht hoch ist. Die Anwendung eines geeigneten Tiefpassfilters ermöglicht die Reduktion resultierender Störstellen und erlaubt gleichzeitig die Unterabtastung des Bildes, die später benötigt wird. Für diese Aufgabe wurde aufgrund der guten Erhaltung vorhandener Kanten bei gleichzeitiger Glättungswirkung ein  $11 \times 11$  Medianfilter ausgewählt. Durch ihn werden nur die Kanten hinreichend großer Objekte wie Wurzelregionen erhalten, während kleinere Strukturen, wie beispielsweise Sandkörner, entfernt werden. Auf den in dieser Arbeit untersuchten Bildern wurden so gute Ergebnisse erzielt.

Neben der Verbesserung der Bildqualität ist es notwendig, sowohl der kontur- als auch der regionenbasierten Keimdetektion Informationen über die im Bild vorhandenen Gradienten zugänglich zu machen. Dies geschieht durch die Anwendung eines Kantendetektors. Aus der Vielzahl verfügbarer Möglichkeiten, wie etwa Roberts Cross, Sobel, Canny und Hueckel (vgl. [Yen03], Kapitel 2), wurde der Sobel-Operator gewählt. Die Lokalisierung der von ihm detektierten Kanten ist gut und seine Realisierung wenig aufwändig. Durch die bereits enthaltene Glättung ist das Ergebnis zudem robuster als etwa das des Roberts-Operators. Gleichzeitig vereinfacht die Verwendung des Sobel-Operators den direkten Vergleich der Ergebnisse mit der Arbeit von [Jan95]. Die Verwendung von komplexen parametrisierten Kantendetektoren zur Vermeidung von rauschinduzierten Kanten ist dagegen nicht notwendig, da durch die vorhergehende Tiefpassfilterung störende Rauschanteile bereits hinreichend gut unterdrückt werden.

Der nur für die konturbasierte Keimdetektion benötigte Schritt der Kantenausdünnung (*non maximum suppression*) und -verknüpfung (*linking*) verläuft analog zum Vorgehen des Canny-Operators. Bei der regionenbasierten Keimdetektion und der späteren Keimexpansion werden jedoch die Gradientenbeträge der unverdünnten Kanten verwendet. Daher wird dieser Schritt separat nach der Anwendung des Sobel-Operators ausgeführt und von der Benutzung des Canny-Operators abgesehen.

Nach Abschluss der Vorverarbeitung kann die Detektion der Wurzelkeime erfolgen. Von den hierzu existierenden Möglichkeiten werden zwei prinzipiell unterschiedliche Ansätze in den nächsten beiden Abschnitten vorgestellt. Es handelt sich hierbei zum einen um ein bereits bekanntes konturbasiertes Verfahren und zum anderen um einen regionenbasierten Ansatz, der im Rahmen dieser Arbeit entwickelt wurde.

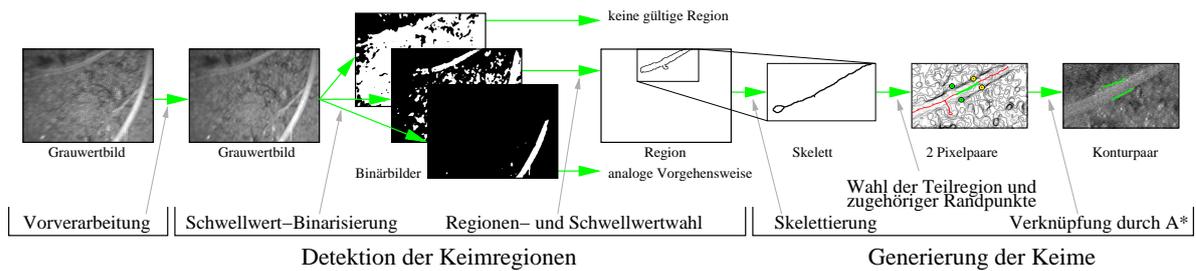


**Abbildung 4.2: Bestimmung von Keimen mit Hilfe von Gradienteninformationen.** Zwei Pixelketten (Konturen) begrenzen eine Teilwurzel und repräsentieren den Keim. Dies ist in (a) schematisch mit Suchbereich für den letzten Pixel der rechten Kontur und in (b) am konkreten Beispiel für einen Keim dargestellt. In (b) wurden alle während der Vorverarbeitung bestimmten Konturketten weiß eingezeichnet und in der Vergrößerung die Pixel der beiden gefundenen Keimkonturen gekennzeichnet.

## 4.2 Konturbasierte Keimdetektion

Die Ränder von Wurzelprojektionen werden häufig durch starke Grauwertänderungen charakterisiert, die in hohen Gradientenmagnituden resultieren. Das in [JBP<sup>+</sup>95] vorgestellte, konturbasierte Verfahren macht sich dieses Wissen zunutze und bestimmt die gesuchten Keime ausschließlich unter Verwendung von Gradienteninformation.

Dazu wird auf das verdünnte und verkettete Gradientenbild zurückgegriffen, das im Rahmen der Vorverarbeitung erzeugt wurde. Die verwendete Modellvorstellung geht dabei von der, zumindest teilweisen, Begrenzung der Wurzelregion durch zwei quasiparallel verlaufende Konturen mit hoher Gradientenmagnitude aus. Aus diesem Grund werden die gesuchten Keime durch Konturstückpaarung ermittelt. In einem ersten Schritt werden dazu diejenigen Konturstücke ausgewählt, deren mittlere Gradientenmagnitude, der Kontrast, eine untere Schwelle überschreitet. So werden die hohen Gradientenbeträge der Wurzelränder modelliert. Anschließend werden alle Konturen mit einer zu geringen Länge verworfen, um die Detektion zu kurzer Bereiche zu verhindern, welche wurzeluntypisch sind. Für jedes verbleibende Konturstück wird nachfolgend ein passender Partner gesucht. Dies geschieht, indem für jeden Bildpunkt der Kontur ein schmaler Bereich des Bildes nach einem Partnerpunkt durchsucht wird. Dieser Suchbereich verläuft orthogonal zur approximierten Richtung der untersuchten Kontur und enthält den gesuchten Punkt der Partnerkontur, falls eine solche, wie in Abbildung 4.2, präsent ist. Wenn aus der Menge der so gefundenen Partnerpunkte eine valide Kontur gebildet werden kann, wird für den Abstand beider Konturen noch eine bestimmte Mindestgröße gefordert. Durch diese Einschränkungen werden nur Konturpaare akzeptiert, die einen wurzeltypischen



**Abbildung 4.3: Verlauf der regionenbasierten Keimdetektion.** Nach der Vorverarbeitung werden Keimregionen durch Binarisierung mit unterschiedlichen Schwellwerten bestimmt. Durch Skelettierung werden diejenigen Teilregionen ermittelt, die Wurzelprojektionen überdecken und mit Hilfe des adaptierten Wurzel-A\* die Keime generiert.

quasiparallelen Verlauf aufweisen. Sind alle Bedingungen erfüllt, so wird das entsprechende Konturpaar als finaler Keim akzeptiert.

Aufgrund des häufig sehr inhomogenen Hintergrundes von Minirhizotronbildern werden mit der konturbasierten Keimdetektion auch vermehrt Keime detektiert, die nicht auf einer Wurzel liegen. Ursache hierfür ist das Vorhandensein vergleichsweise vieler paralleler Strukturen, die beispielsweise auch durch Sandkörner entstehen können. Aus diesem Grund gestaltet sich die Feinabstimmung der verwendeten Parameter für Kontrast, Konturlänge und Mindestabstand häufig schwierig.

Da die konturorientierte Keimdetektion lediglich lokale Informationen verwendet, bietet sich die Einbringung globalerer Informationen zu Behebung dieser Schwierigkeiten an. Der im Folgenden beschriebene Ansatz verwendet deshalb als Informationsquelle Regionen, die durch Binarisierung des Bildes mit Schwellwerten entstehen. Er stellt eine Weiterentwicklung des Verfahrens dar, das bereits in [Erz01] und [EP03] detailliert beschrieben wurde.

## 4.3 Regionenbasierte Keimdetektion

Versucht man das komplette Wurzelsystem durch Binarisierung mit nur einem Schwellwert zu erkennen, wird das Bild häufig übersegmentiert oder nur ein Teil der Wurzeln detektiert. Die Ursache dafür ist der in Minirhizotronbildern häufig inhomogene Hintergrund, der ein nicht bimodales Histogramm zur Folge hat. Dadurch ist die Wahl eines geeigneten Einzelschwellwertes meist nicht offensichtlich und häufig nicht möglich. Der Grauwert einer Wurzel kann zudem entlang ihrer Längsachse variieren, so dass auch die Verwendung eines eingrenzenden Doppelschwellwertes meist keine hinreichend guten Ergebnisse liefert. Die Bestimmung von Wurzelteilstücken, also Keimen, ist mit Hilfe einer Schwellwertbildung jedoch möglich.

Ausgehend von dem regionenbasierten Ansatz zur Keimdetektion aus [EP03] wurde in dieser Arbeit ein Verfahren entwickelt, dessen Ablauf in Abbildung 4.3 dargestellt ist. Es

unterteilt sich in zwei Hauptteile:

1. Detektion der Keimregionen durch
  - a) Binarisierung mit verschiedenen Schwellwerten
  - b) Auswahl geeigneter Regionen
2. Generierung der Keime durch
  - a) Mittelachsentransformation
  - b) Wahl einer geeigneten Teilregion und ihrer Randpunkte
  - c) Verknüpfung dieser durch den Wurzel- $A^*$

Im ersten Schritt des Verfahrens werden Teilregionen des Bildes durch Binarisierung mit unterschiedlichen Schwellwerten erzeugt. Eine Region ist dabei eine Menge von Pixeln gleicher Markierung (Vorder- oder Hintergrund), die in transitiver 4er-Nachbarschaft liegen. Alle entstehenden Regionen werden durch ein Kriterium bewertet, das die Erscheinungsform einer Wurzelprojektion im Bild modelliert. Auf diese Weise können solche Teilregionen selektiert werden, die sehr wahrscheinlich einen Teil einer Wurzelprojektion überdecken. Im Allgemeinen wird dabei für jede Region ein unterschiedlicher Schwellwert benötigt und nur ein Teil jeder Wurzelprojektion detektiert.

Da die Untersuchung der Teilregionen recht aufwändig sein kann, erlaubt die regionenbasierte Keimdetektion die Verwendung von unterabtasteten Bildern. Auf diese Weise können signifikante Laufzeiteinsparungen erzielt werden. Hierzu erfolgt die Repräsentation einer Region anhand eines in ihr liegenden Pixels und des sie erzeugenden Schwellwertes. Wird die Bildgröße skaliert, etwa durch Unterabtastung, so verändert sich nur die absolute Position des repräsentierenden Pixels. Diese Veränderung ist bekannt und die neue Position kann leicht berechnet werden, wie in [Erz01] detailliert ausgeführt wird. Durch Schwellwertbildung im Ausgangsbild kann dann die entsprechende Teilregion wieder ermittelt werden. Aufgrund dieser optionalen Unterabtastung muss das Bewertungskriterium für die Teilregionen unabhängig von der Bildauflösung ausgelegt werden. Nach diesem Teil der Keimdetektion wird auf dem Bild in Originalgröße weitergearbeitet.

Im zweiten Schritt werden aus den gefundenen Keimregionen die eigentlichen Keime für die nachfolgende Expansion generiert. Dies geschieht mit Hilfe einer Skelettierung der Region und durch Auswahl desjenigen Teilstückes, welches die Wurzelprojektion am besten überdeckt. Aus diesen Teilstücken werden die finalen Keime generiert. Hierzu wird ein Verfahren verwendet, das zusätzlich Konturinformationen berücksichtigt und die Konturpaare bestimmt, die den entsprechenden Teil der Wurzelprojektionen begrenzen. Nach der Erzeugung dieser Keimbeschreibungen ist die Aufgabe der Keimdetektion erfüllt, da die Erkennung der verbleibenden Wurzelteile von der zweiten Phase der Wurzeldetektion, der Keimexpansion, geleistet wird.

Im folgenden Abschnitt wird nun zunächst auf den ersten Hauptteil der regionenbasierten Keimdetektion eingegangen.

### 4.3.1 Detektion der Keimregionen

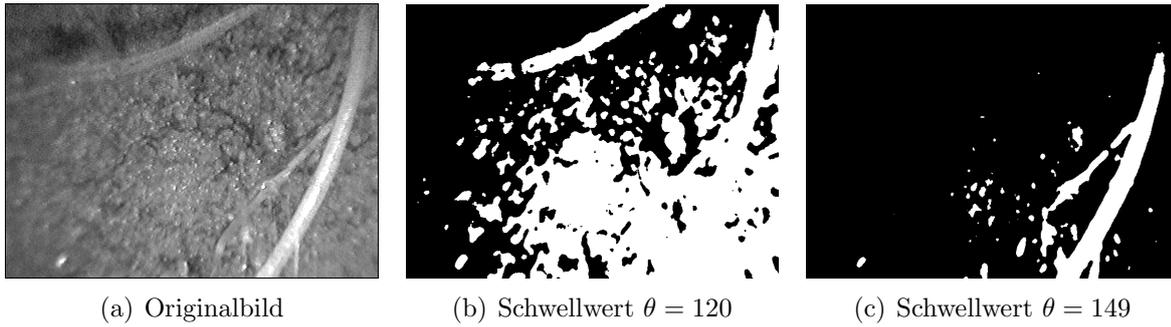
Im ersten Schritt der Keimdetektion werden Regionen ausfindig gemacht, die sehr wahrscheinlich aus einer Wurzelprojektion resultieren. Dazu wird das Bild, wie in Abbildung 4.4 auf der nächsten Seite und Abbildung 4.8 auf Seite 37 beispielhaft dargestellt ist, mit einer Menge von Schwellwerten binarisiert und die dabei entstehenden Regionen durch ein Wurzelregionenkriterium untersucht. Erfüllt eine Region dieses Kriterium, so überdeckt sie mit hoher Wahrscheinlichkeit eine Wurzelprojektion. Da die Form der Region und damit die Form der Überdeckung vom verwendeten Schwellwert abhängt, wird für jede Regionen derjenige Schwellwert bestimmt, welcher die beste Überdeckung zur Folge hat. Mit Hilfe des dafür genutzten Optimierungskriteriums (siehe Abschnitt 4.3.1) ist es zudem möglich, von zwei Regionen, die sich überlappen, die geeignetere zu bestimmen und nur diese weiterzubetrachten.

Für die Detektion der Keimregionen ist vor allem das Wurzelregionenkriterium von entscheidender Bedeutung. Es besteht aus mehreren Teilen, wobei zuerst die Regionenform untersucht wird.

#### Wurzelregionenkriterium: Formkriterium

Die Projektion einer Wurzel im Minirhizotronbild erscheint als längliches Gebilde. Daher können Regionen, deren „Länglichkeit“ zu gering ist, von der weiteren Betrachtung ausgenommen werden. Die Länglichkeit wird hier durch das Verhältnis  $L_R = \frac{B}{L}$  der Regionbreite  $B$  zu ihrer Länge  $L$  charakterisiert. Da die Breite einer Region kleiner ist als ihre Länge, liegen die Werte für  $L_R$  im Intervall  $[0, 1]$  und eine hohe Länglichkeit wird durch kleine  $L_R$  ausgedrückt. Die Auswahl von Keimregionen wird nun von einem Schwellwert  $\theta_{L_R}$  geleitet, mit dem die Länglichkeit  $L_R$  eines jeden Regionenkandidaten verglichen wird. Da die Schwelle  $\theta_{L_R}$  mit der Pflanzenart und der Größe der gesuchten Region variiert, können sehr unterschiedliche Werte erfolgreich benutzt werden, um zwischen Wurzeln und anderen Objekten zu unterscheiden. So verwenden beispielsweise [DSDF98] für die Detektion von Maiswurzeln  $\theta_{L_R} = \frac{1}{15}$ . Im Rahmen der hier durchgeführten regionenbasierten Keimdetektion genügt es jedoch auch, nur Teile einer Wurzel zu detektieren. Daher wird für alle 100 Bilder der verwendeten Stichprobe ein vergleichsweise konservativer Wert von  $\theta_{L_R} = \frac{1}{3}$  gewählt.

Um die Detektion von Regionen auszuschließen, die aufgrund ihrer geringen Größe keine Teilwurzeln sein können, werden außerdem nur Regionen mit einer Mindestbreite  $B_{min}$ , einer minimalen Fläche  $A_{min}$  und einer Mindestlänge  $L_{min}$  berücksichtigt. Diese Werte stellen Vielfache der Pixelseitenlänge dar und ändern sich daher, etwa bei Unterabtastung, mit der Auflösung des Bildes. Aus diesem Grund werden die eigentlich verwendeten Schwellwertparameter in Relation zu einer Größe gewählt, welche direkt mit der bekannten Bildgröße verknüpft ist. In dieser Arbeit wird hierfür die Länge der Bilddiagonalen  $D_{Bild}$  verwendet. Dadurch wird die Verwendung auflösungsunabhängiger Schwellwerte möglich und das Formkriterium ergibt sich, indem für die Regionbreite  $B$ , die Regionlänge  $L$ ,



**Abbildung 4.4: Ergebnis der Binarisierung mit verschiedenen Schwellwerten.** Aus dem Originalbild (a) werden durch Binarisierung mit unterschiedlichen Schwellwerten  $\theta$  die weißen Regionen erzeugt. Jedem der beiden Ergebnisbilder kann die Beschreibung für eine gesuchte Wurzelteilregion entnommen werden. Neben irrelevanten Regionen enthält (b) eine Beschreibung der oberen und (c) eine der rechten Wurzel.

die Regionenfläche  $A$  und die Länglichkeit  $L_R$

$$\begin{aligned}
 B &\geq \theta_{B_{min}} \cdot D_{Bild} \\
 L &\geq \theta_{L_{min}} \cdot D_{Bild} \\
 A &\geq \theta_{A_{min}} \cdot (D_{Bild})^2 \\
 L_R &\leq \theta_{L_R}
 \end{aligned}$$

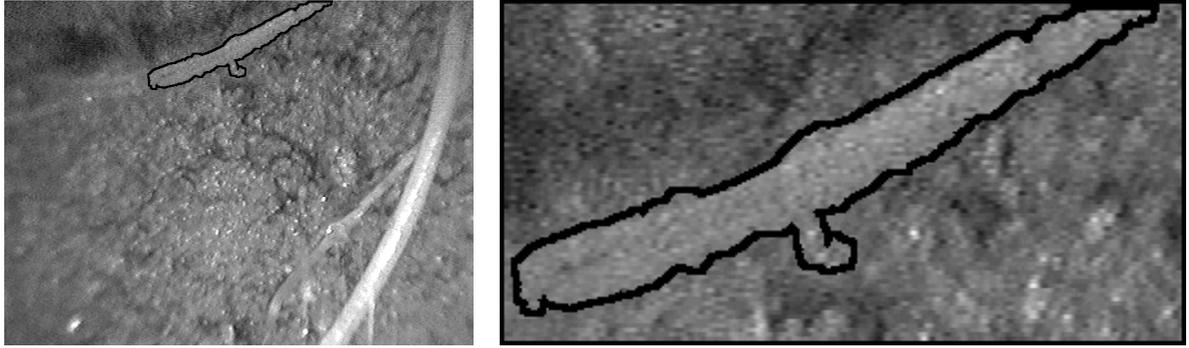
gefordert wird.

In vielen Bildern existieren allerdings auch Regionen, welche dieses Formkriterium erfüllen, ohne jedoch Wurzeln darzustellen. Sie können durch die Berücksichtigung weiterer Kriterien erkannt werden.

### Wurzelregionenkriterium: Randkriterium und Farbe/Grauwert

Die Eigenschaften des Regionenrandes sowie Grauwert- oder Farbeigenschaften der untersuchten Region können die Unterscheidung zwischen Wurzel- und Hintergrundbereichen erleichtern. Bei den in dieser Arbeit verwendeten Bildern, etwa dem in Abbildung 4.5(b) gezeigten, zeichnen sich viele Wurzelregionen durch eine vergleichsweise hohe Grauerthomogenität und eher glatte, parallel verlaufende Konturen aus. Diese Konturenbeschaffenheit, die bereits bei der konturbasierten Keimdetektion in Abschnitt 4.2 verwendet wurden, und die Grauerthomogenität werden nun in das Wurzelregionenkriterium eingebracht.

Eine hohe Grauerthomogenität ist gegeben, wenn die Standardabweichung der Grauwerte der betrachteten Region klein ist. Aus diesem Grund wird gefordert, dass sie eine obere Schwelle  $\sigma_{GW_{max}}$  nicht überschreitet. Als nächstes wird überprüft, ob der Regionenrand hinreichend glatt ist und lokal parallel verlaufende Konturen enthält. Die Ermittlung des Randes ist vergleichsweise einfach und wurde hier mit *inner boundary tracing* realisiert (vgl. [BB82], [PH95], [SHB99], [Bov00] und [SS01]). Dieses Verfahren



(a) markierte Keimregion im Originalbild

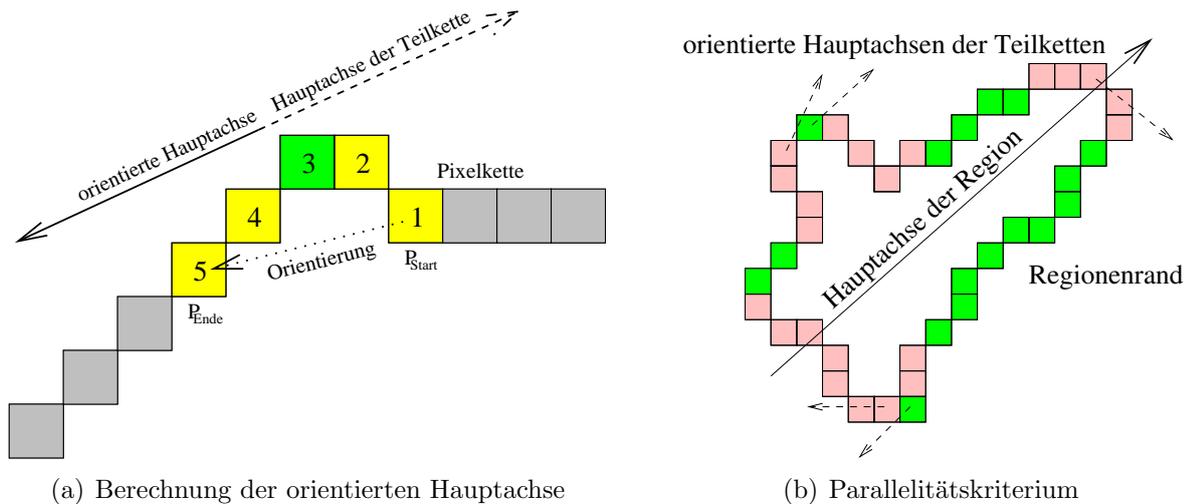
(b) vergrößerte Region (Ausschnitt)

**Abbildung 4.5: Beispielkeimregion.** Die in (a) umrandete und in (b) vergrößert dargestellte Region entstand durch Schwellwertbildung (siehe Abbildung 4.4(b)) und erfüllt das Wurzelregionenkriterium

wird sehr ausführlich in [SHB99] beschrieben und liefert eine zyklische, gegen den Uhrzeigersinn orientierte Liste der Randpixel. Die Glattheit des so erhaltenen Randes lässt sich beispielsweise durch seine Krümmungsenergie beschreiben, die durch die zweite Ableitung seiner parametrischen Beschreibung charakterisiert werden kann (siehe etwa [Mek00]). Ihre Berechnung ist allerdings vergleichsweise aufwändig. Da im Verlaufe der Regionendetektion eine Vielzahl an Regionen überprüft werden muss, wird deshalb ein einfacheres Kriterium verwendet, mit dem zugleich die lokale Parallelität bewertet werden kann: Ausgehend von der Hauptachse der zu untersuchenden Region wird der Regionenrand stückweise auf Parallelität zu dieser Achse untersucht. Dazu wird eine Teilkette betrachtet, die durch zwei Pixel  $P_{Start}$  und  $P_{Ende}$  dieses Randes begrenzt wird. Die zugehörige Kette enthält alle Randpixel, die  $P_{Start}$  und  $P_{Ende}$  transitiv durch 8er-Nachbarschaft verbinden. Ihre Länge  $L$  wird konstant gewählt, in Abbildung 4.6 ist beispielsweise  $L = 5$ . Die Richtung der orientierten Hauptachse der untersuchten Kette wird mit  $\vec{D}_{Kette}$  bezeichnet und die der Regionenhauptachse mit  $\vec{D}_{Region}$ . Überschreitet nun der Betrag des Skalarproduktes  $\vec{D}_{Kette} \cdot \vec{D}_{Region}$  einen Schwellwert  $\theta_{par}$ , so wird der mittlere Pixel  $P_{Start + \frac{L}{2}}$  der Kette vorläufig markiert. In seiner Umgebung verläuft die Kontur hinreichend parallel zur Hauptrichtung der Region. Wenn auf diese Weise eine Mindestanzahl  $N_{MCL}$  an jeweils direkt benachbarten Pixeln vorläufig markiert wurde, so werden alle diese Pixel dauerhaft markiert. Die Anzahl der so dauerhaft markierten Pixel  $|P_{markiert}|$  in Relation zur Gesamtzahl der Pixel  $|P_{Rand}|$  des Regionenrandes wird dann als Maß  $Q_R$  mit

$$Q_R = \frac{|P_{markiert}|}{|P_{Rand}|}$$

für die Güte des Regionenrandes verwendet. Dieses Maß kombiniert die Forderung nach möglichst parallel verlaufenden Rändern mit der Bedingung der geringen Randkrümmung, da Stellen starker Krümmung gleichzeitig mit nur geringer lokaler Parallelität einhergehen. Durch Vergleich mit einer oberen Schwelle  $\theta_{Q_R}$  können somit weitere Regionen von einer



**Abbildung 4.6: Glattheit und lokale Parallelität.** (a) Die Hauptachsenrichtung wird mit dem Vorzeichen des Skalarproduktes aus Orientierung und Hauptachse multipliziert. Auf diese Weise können Ketten, die sich rechts von der Region befinden, von denen unterschieden werden, welche links lokalisiert sind. (b) Die orientierten Hauptachsen von Teilketten sind beispielhaft für fünf Pixel mit gestrichelten Pfeilen eingezeichnet. Es sind die (fünf) Pixel grün markiert, deren umgebende Kette hinreichend parallel zur Hauptachse verläuft.

unnötigen Verarbeitung ausgeschlossen werden. Betrachtet man die Randgüte  $Q_R$  einer Region und ihre Grauwertstandardabweichung  $\sigma_{GW}$ , können die Parameter  $\theta_{Q_R}$  und  $\sigma_{GW_{max}}$  durch Summation in ein einzelnes Kriterium der Form

$$\frac{Q_R}{\theta_{Q_R}} - \frac{\sigma_{GW}}{\sigma_{GW_{max}}} \geq 0$$

kombiniert werden. Dieses Kriterium kann auch bei Verletzung einer der beiden Bedingungen erfüllt werden. Im verwendeten Bildmaterial hat sich dieses Vorgehen bewährt, da einige Wurzelregionen existieren, die eine der beiden Bedingungen nicht erfüllen, die andere aber sehr gut.

Wenn zusätzlich Wissen bezüglich der Farbverhältnisse zwischen Wurzel und Hintergrund vorhanden ist, kann dieses auf einfache Art zur Erkennung ungeeigneter Regionen verwendet werden. Wurzelregionen, die im Bild heller als der Hintergrund erscheinen, werden durch die Schwellwertbinarisierung mit der Vordergrundfarbe (weiß) markiert. Wurde eine Region im gleichen Bild mit der Hintergrundfarbe (schwarz) gekennzeichnet, kann sie demnach keine Wurzel sein und verworfen werden. In den Fällen, in denen die Wurzeln dunkler sind als der Hintergrund, ist dies entsprechend umzukehren. Zusammengefasst bildet die Menge aller bisher beschriebenen Forderungen das Wurzelregionenkriterium, mit dem Wurzelregionen von reinen Hintergrundbereichen unterschieden werden sollen.

Das Gesamtkriterium wird mit sehr großer Wahrscheinlichkeit nur von Wurzelregionen erfüllt, weil meist nur diese

1. hinreichend länglich,
2. nicht zu klein und
3. homogen bezüglich ihres Grauwertes sind und durch
4. einen glatten Rand charakterisiert werden,
5. der lokal parallel zur Hauptachse der Region verläuft.
6. Optional: nicht als Hintergrund binarisiert werden.

Gleichzeitig gibt es nur wenige Ausnahmen, wo Regionen, die Teil einer Wurzel sind, die aufgeführten Bedingungen nicht erfüllen. Daher können die eingangs aufgeführten Anforderungen an die Keimdetektion sehr gut eingehalten werden.

Im Verlaufe der Keimdetektion können zwei Regionen mit unterschiedlichen Schwellwerten gefunden werden, welche das gleiche Wurzelstück überdecken und sich somit überlappen. In solchen Fällen ist es ausreichend, nur die „bessere“ von beiden weiterzubearbeiten. Für die Entscheidung, welche der beiden dies ist, wird das folgende Optimierungskriterium verwendet.

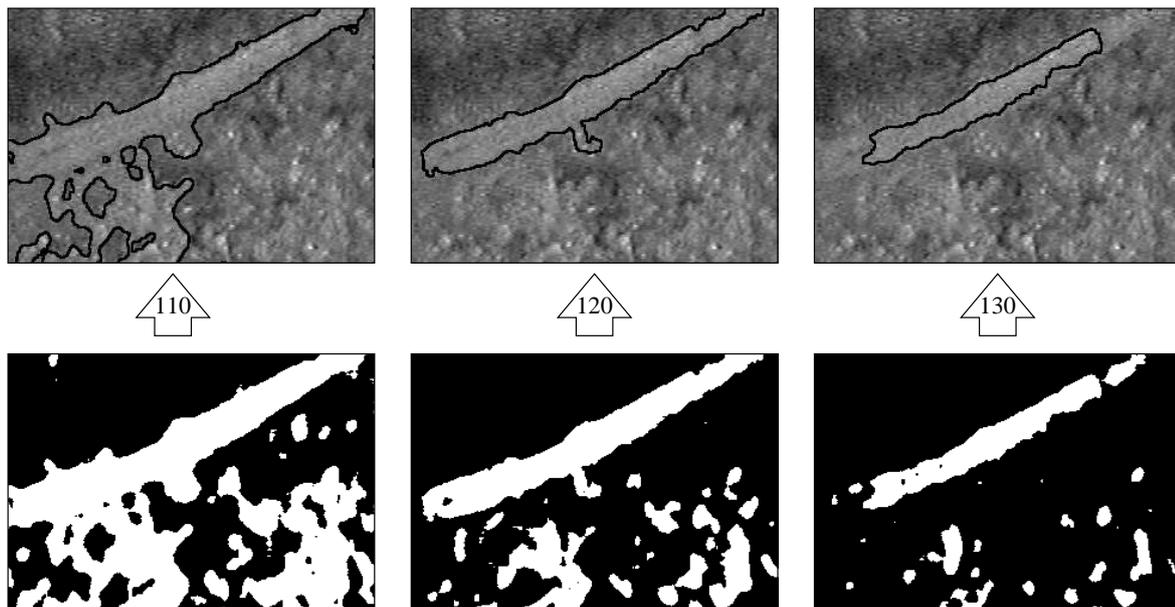
### **Optimierungskriterium**

Tatsächlich werden recht häufig mehrere sich überlappende Regionen detektiert. Dies geschieht, da viele Regionen eine gewisse „Stabilität“ bezüglich variierender Schwellwerte aufweisen. Stabile Regionen zeichnen sich dadurch aus, dass ihre Formen und Größen sich nur geringfügig bei leichter Variation des Schwellwertes ändern. Ursache hierfür sind die in diesen Fällen am Regionenrand auftretenden hohen Gradientenbeträge, die starke Grauwertänderungen indizieren. In Minirhizotronbildern ist dieses Verhalten besonders für Wurzelregionen typisch.

Werden also zwei überlappende Regionen detektiert, die durch unterschiedliche Schwellwerte entstanden sind, so soll nur die „bessere“ von beiden weiterbetrachtet werden. Die Formulierung dieser Güte kann dabei auf unterschiedliche Weisen erfolgen. So kann beispielsweise das Wurzelregionenkriterium so umformuliert werden, dass es eine skalare Antwort liefert anstatt einer binären. Es hat sich im Verlaufe dieser Arbeit allerdings gezeigt, dass von zwei überlappenden Regionen, die das Wurzelregionenkriterium erfüllen, zumeist diejenige besser geeignet ist, die das kleinere Breite-Längen-Verhältnis aufweist. Dies liegt darin begründet, dass mit steigendem<sup>1</sup> Schwellwert das Verhältnis  $\frac{B}{L}$  nur bis zu einem gewissen Punkt abnimmt. Dieser Punkt ist erreicht, wenn der Rand der Region größtenteils mit dem projizierten Wurzelrand übereinstimmt. Eine weitere Erhöhung des Schwellwertes führt dann nicht mehr zu einer signifikanten Änderung der Breite der

---

<sup>1</sup>Die Wurzel sei heller als der Hintergrund, andernfalls gilt diese Aussage für sinkende Schwellwerte.



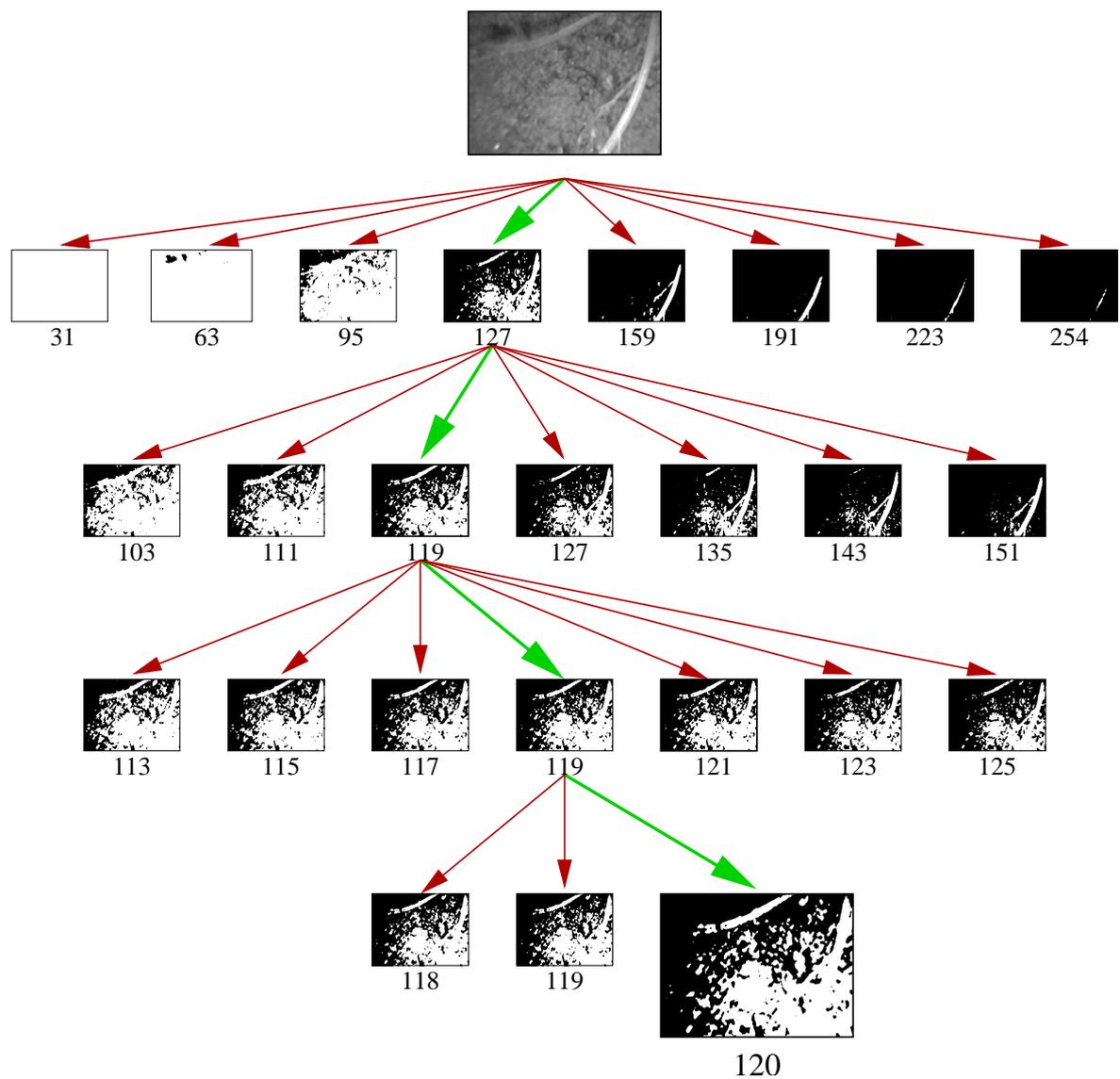
**Abbildung 4.7: Zur Optimierung des Keimregionenschwellwertes.** Der Ausschnitt des Beispielbildes (siehe Abbildung 4.5) wurde mit den drei Schwellwerten 110, 120 und 130 binarisiert. Der optimale Schwellwert ist 120. Kleinere Schwellwerte vergrößern die Region unnötig, größere verkleinern sie. Der jeweilige Regionenrand wurde oben im Ausschnitt des Ausgangsbildes schwarz eingezeichnet.

Region, sondern normalerweise zu einer Reduktion ihrer Länge. Wird der Schwellwert im Verlauf der Suche weiter erhöht, zerfällt die Region daher letztlich in Teilregionen mit einem schlechteren Breite-Länge-Verhältnis. Aus diesem Grund wird als leicht berechenbares Optimierungskriterium  $\frac{B}{L} \rightarrow \min$  gewählt. Diese Wahl hat fast immer die Selektion desjenigen Schwellwertes zur Folge, bei dem die Region die maximale Wurzelüberdeckung erreicht und gleichzeitig ihre Hintergrundüberdeckung minimiert wird. Dies ist in Abbildung 4.7 beispielhaft dargestellt.

Es ist nun zum einen möglich, für gegebene Regionen zu entscheiden, ob sie Wurzelprojektionen überdecken und zum anderen, ihre Qualität zu vergleichen. Damit kann nun auf die Bestimmung der regionenerzeugenden Schwellwerte eingegangen werden.

### Schwellwertbestimmung

Um jede Region zu detektieren, welche das Wurzelregionenkriterium erfüllt, könnten alle möglichen Schwellwerte überprüft werden. Schon bei 8-Bit Grauwertbildern existieren jedoch 256 verschiedene Möglichkeiten und damit eine sehr große Menge zu untersuchender Regionen. Da Wurzelregionen allerdings, wie bereits bemerkt, stabil gegen kleinere Schwellwertänderungen sind, brauchen normalerweise nicht alle möglichen Schwellwerte getestet werden. Stattdessen wird mit einer groben Schwellwertdiskretisierung begonnen und diese nachfolgend für jede Region, welche das Wurzelregionenkriterium erfüllt, rekursiv



**Abbildung 4.8: Dynamische Schwellwertbildung für eine Region.** *Beginnend mit einer groben Schwellwertdiskretisierung wird durch Verfeinerung der optimale Schwellwert für die Region bestimmt, welche die obere Wurzel im Bild überdeckt. Die dickeren, grünen Pfeile kennzeichnen den gewählten Weg durch den Baum. Der jeweils erzeugende Schwellwert ist unter dem jeweiligen Bild angegeben.*

verfeinert, indem nur der Bereich um den optimalen Schwellwert weiter untersucht wird (siehe Abbildung 4.8). Dieses Vorgehen wurde bereits in [EP03] vorgestellt und dort als *dynamic thresholding* bezeichnet.

Die so durchgeführte Schwellwertoptimierung liefert für jede gültige Keimregion deren optimalen Schwellwert und vermeidet gleichzeitig die Generierung redundanter Keimre-

gionen. Damit wird die Suche nach den benötigten Keimregionen deutlich beschleunigt. Algorithmisch lässt sich dieses Vorgehen wie folgt beschreiben:

1. Binarisiere das Ausgangsbild mit  $N_B$  Schwellwerten  $S_i$ , die den Grauertraum gleichförmig aufteilen:  $S_i = i \cdot \frac{2^B}{N_B} - 1$ ,  $i = 1, \dots, N_B$   
(Beispiel für 256 Graustufen:  $N_B = 8$  und  $S_i \in \{31, 63, 95, 127, 159, 191, 223, 255\}$ )
2. Betrachte alle Regionen, die das Wurzelregionenkriterium erfüllen
3. Überlappen sich zwei Regionen, verwirf die mit dem größeren  $\frac{B}{L}$
4. Wiederhole die folgenden beiden Schritte, bis sich benachbarte Schwellwerte nur noch um Eins unterscheiden:
  - a) Teile den Bereich des nächstniedrigeren und nächsthöheren Schwellwertes einer Region erneut in  $N_B$  Diskretisierungen
  - b) Binarisiere mit diesen Schwellwerten und betrachte nur die optimale Region weiter
5. Verwende den Schwellwert, der die beste Region liefert

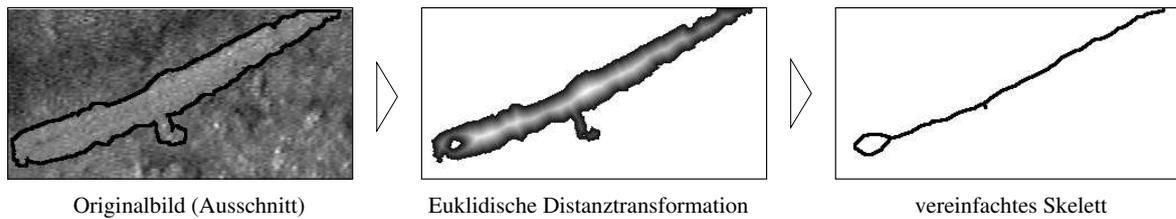
Sollten diese Schritte auf einem unterabgetasteten Bild erfolgt sein, so werden nun die originalen Regionen durch Skalierung und Schwellwertbildung berechnet. Danach ist gegebenenfalls eine Menge unterschiedlicher Regionen bekannt, die jeweils mit hoher Wahrscheinlichkeit einen Teil einer Wurzelprojektion recht genau überdecken.

Der erste Hauptteil der Keimdetektion ist damit abgeschlossen und es können nun die gesuchten Keime aus den ermittelten Regionen generiert werden. Dies geschieht im zweiten Hauptteil, der im Folgenden beschrieben wird.

### 4.3.2 Generierung der Keime

Eine Keimregion wird nicht in jedem Fall komplett durch eine Wurzelprojektion erzeugt, sondern überdeckt möglicherweise auch Teile des Hintergrundes. Dies gilt besonders häufig in Bildern mit lokal niedrigem Kontrast. In Abbildung 4.7 tritt dieser Fall für den Schwellwert  $\theta = 120$  auf. Die dabei entstandene Region weist am unteren Rand eine Ausbuchtung auf, die aufgrund der geringen lokalen Grauwertunterschiede zwischen Wurzel und Hintergrund entsteht. Im folgenden Schritt wird daher derjenige Teil der Region bestimmt, der tatsächlich auf einer Wurzelprojektion liegt. Aus dieser Teilregion wird dann der finale Keim erzeugt.

Die Grundidee dabei ist, die wichtigsten Achsen des Skelettes der Region zu bestimmen und aus ihnen Rückschlüsse auf die Überdeckung der Wurzelprojektion zu ziehen. Zu diesem Zweck wird auf ein Skelettierungsverfahren zurückgegriffen, das eine Distanztransformation verwendet. Es wird als Mittelachsentransformation (*medial axis transform*) bezeichnet und beispielsweise in [SS01] näher erläutert. Dieses Verfahren weist gegenüber der Skelettierung durch rekursive Verdünnung (*hit-and-miss transform*), die

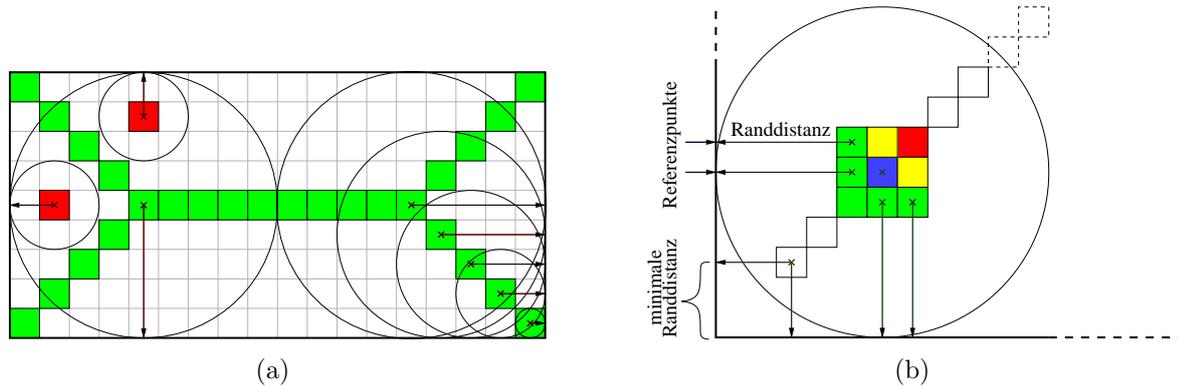


**Abbildung 4.9: Distanztransformation und Skelettierung.** *Ausgehend von der umrandeten Region im Originalbild (links), werden die Euklidische Distanztransformation (größere Distanzen sind heller und der Hintergrund weiß markiert) und das daraus resultierende vereinfachte Skelett (rechts) dargestellt.*

etwa in [SHB99] beschrieben wird, zwei Vorteile auf. Zum einen ist die Mittelachsentransformation kein rekursives Verfahren und damit häufig schneller als Hit-And-Miss Implementierungen. Zum anderen können die durch sie erhaltenen Distanzen auch zur Bestimmung quasiparalleler Konturstücke und damit zur Selektion der gesuchten Teilregion verwendet werden.

Ausgangspunkt für die Mittelachsentransformation ist die Distanztransformation der untersuchten Region, welche den kürzesten euklidischen Abstand eines jeden Regionpunktes zum Regionenrand berechnet. Dies ist in Abbildung 4.9 für ein Beispiel dargestellt. In der Literatur sind schnelle Algorithmen, in denen das Bild mehrfach abgetastet wird (vgl. etwa [Hes98], [SW04] und [Bai04]), zur Lösung dieses Problems bekannt. Ist nach der Transformation für jeden Punkt der Region der euklidische Abstand zu seinem nächsten Randpixel gegeben, kann die Region skelettiert werden. Dies erfolgt hier in Anlehnung an das in [AdB93] vorgestellte Verfahren, dem die Idee der maximalen Kreisscheiben (*centre of maximal disc*) zugrundeliegt. Es betrachtet jeden Pixel der Region als Zentrum einer maximal großen Kreisscheibe, die komplett innerhalb der Region liegt. Wird eine solche Kreisscheibe nicht komplett durch eine andere überdeckt, so gehört ihr Mittelpunkt zum Skelett der Region (siehe [Mal98], eine alternative Beschreibung findet sich in [SS01]). In Abbildung 4.10(a) wird dies beispielhaft für eine rechteckige Region und einige Pixel verdeutlicht.

Die Bestimmung dieser Kreiszentren ist im Diskreten allerdings nicht trivial, da sie, beispielsweise bei Regionen gerader Breite, auch auf gebrochenen Pixelkoordinaten liegen können. Es wurden daher für diese Arbeit entsprechend relaxierte Kriterien zur Bestimmung der Skelettpixel formuliert. Dafür wird zum einen die Randdistanz betrachtet, welche die kürzeste Entfernung eines Regionpunktes zum Regionenrand darstellt. In Abbildung 4.10(a) bestimmt sie den Radius der eingezeichneten Kreise. Zum anderen wird auch die Lage der Referenzpunkte der direkten Nachbarn berücksichtigt. Ein Referenzpunkt ist genau der Bildpunkt außerhalb der Region, der den kürzesten Abstand zum betrachteten Regionpunkt hat und damit die Randdistanz bestimmt. Anhand der Richtungen zu den Referenzpunkten seiner Nachbarn kann für einen Regionpunkt entschieden werden, ob er auf einem „Bergkamm“ liegt und aus diesem Grund Element



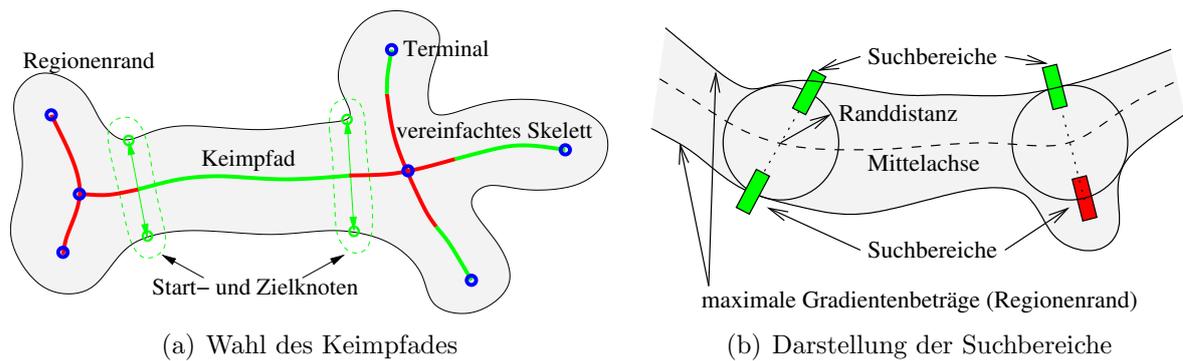
**Abbildung 4.10: Skelettierung durch Distanztransformation.** (a) Zum Skelett der Region gehören alle grünen Pixel, da sie Mittelpunkte von Kreisscheiben sind, die nicht durch eine andere Kreisscheibe komplett überdeckt werden. Der zugehörige Radius gibt den Abstand zum Regionenrand an. (b) Da der blaue Pixel über keine lokal maximale Randdistanz verfügt, wird überprüft, ob zwei seiner Nachbarn kleinere Randdistanzen aufweisen und deren Referenzpunkte in unterschiedlichen Richtungen liegen. Dies ist für die gelben Pixel der Fall. Zusätzlich weist der blaue Pixel die geforderte Minimalranddistanz auf, daher gehört auch er zum Skelett.

des Regionenskelettes ist. Zum Skelett einer Region gehören nur diejenigen Bildpunkte, welche:

1. keine 8er-Nachbarn mit größerer Randdistanz aufweisen oder
2. über zwei Nachbarn mit geringerer Randdistanz verfügen, deren Referenzpunkte in deutlich unterschiedliche Richtungen liegen und
3. eine minimale Randdistanz aufweisen.

Aufgrund der letzten Bedingung entstehen Skelette, die keine Regionenrekonstruktion erlauben und im eigentlichen Sinn nicht „korrekt“ sind. Für das gerade verfolgte Ziel, die Generierung von Keimen aus den wichtigsten Mittelachsen, spielt dies jedoch keine Rolle, da die Elemente der signifikanten Mittelachsen die aufgeführten Bedingungen erfüllen. Das so entstandene Skelett wird durch einen Hit-And-Miss Schritt verdünnt, so dass die resultierenden Mittelachsen der Region nur noch einen Pixel breit sind. Durch die in jedem Fall nachfolgende Vereinfachung des Skelettes wird auf weitere Schritte verzichtet (vgl. [AdB93]).

In [PC99] beschäftigen sich die Autoren mit der Repräsentation von Regionen durch ihr Skelett und verwenden dabei das Verfahren von [AdB93] zur Skelettierung. Die Kernidee der vorgestellten Vorgehensweise ist es, das Skelett einer Region hierarchisch zu verwalten und es damit zu ermöglichen, irrelevante Regioneneigenschaften auszublenden. Ähnlich wird nun auch in dieser Arbeit vorgegangen, um denjenigen Teil der Keimregion zu bestimmen, der höchstwahrscheinlich eine Wurzelprojektion überdeckt. Dazu werden aus dem Skelett solange die feinsten Äste entfernt, bis eine stark vereinfachte Repräsentation

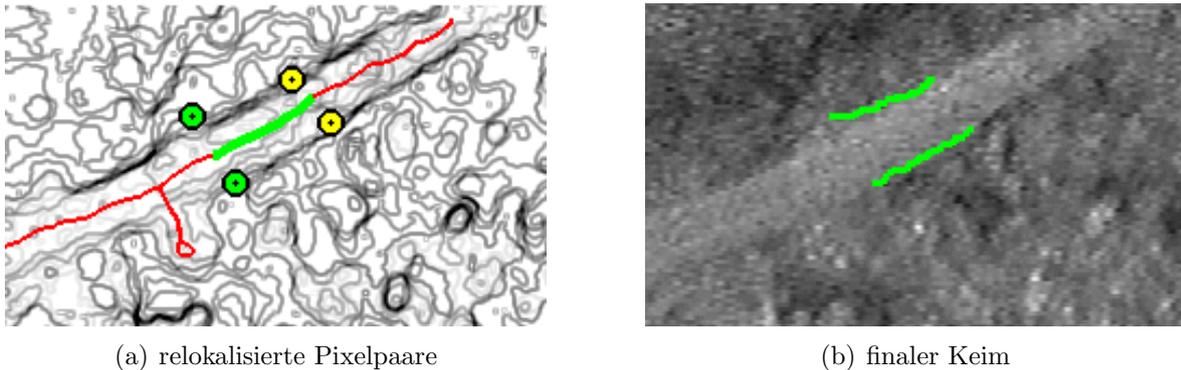


**Abbildung 4.11: Teilpfadwahl und Relokalisierung der Pixelpaare.** (a) *Der Keimpfad ist der längste der grünen Teilpfade des vereinfachten Skelettes mit genügend geringer Varianz der Randdistanz. Pfadbegrenzende Terminale sind blau markiert.* (b) *Die Pixel des Start- und Zielknotens werden innerhalb der rechteckigen Suchbereiche auf dem höchsten Gradientenbetrag lokalisiert. Im rot markierten Bereich bleibt die Initialposition des Pixels erhalten.*

der Region entstanden ist. Dies wird erreicht, indem iterativ alle Äste mit zu geringer mittlerer Randdistanz entfernt werden. Ebenso werden diejenigen Pixel verworfen, die mehr als zwei Nachbarn im Skelett aufweisen und nur über eine geringe Randdistanz verfügen. Auf diese Weise werden irrelevante Zyklen und Äste entfernt, die nur bei der exakten Rekonstruktion des Randes dienlich wären, den Verlauf der Regionemittelachse aber nicht merklich beeinflussen. Das Ergebnis dieser Vereinfachung wird im rechten Teil von Abbildung 4.9 an einem Beispiel dargestellt.

Auf diesem vereinfachten Skelett werden nun Pfade zwischen zwei unterschiedlichen Terminalen bestimmt. Solche Terminale sind zum einen Startpixel, die nur einen weiteren Skelettpixel in der 8er-Nachbarschaft aufweisen und zum anderen Kreuzungspixel, in denen sich zwei oder mehr Skelettäste treffen und die dadurch über mindestens drei weitere Skelettpixel in ihrer 8er-Nachbarschaft verfügen. Aus den so bestimmten Pfaden wird derjenige Teilpfad selektiert, der über die längste Strecke Randdistanzen mit nur geringer zulässiger Varianz  $\theta_{RB}$  aufweist. Dieser Teilpfad wird als Keimpfad bezeichnet. Er repräsentiert diejenige Teilregion, welche die größte Länge bei fast parallelem Konturverlauf aufweist. Diese Region wird normalerweise komplett durch einen Teil einer Wurzelprojektion generiert und eignet sich aus diesem Grund sehr gut zur Erzeugung des gesuchten Keims.

Um der sich anschließenden Keimexpansion gute Bedingungen zu bieten, wird im letzten Schritt der Keimdetektion der Rand der gefundenen Teilregion noch einmal neu bestimmt. Dies geschieht unter Verwendung des gleichen adaptierten Wurzel- $A^*$ , der auch im Rahmen der Keimexpansion auf der Pixelebene zum Einsatz kommt und in Abschnitt 5.3.2 beschrieben wird. Dieser Algorithmus verbindet zwei gegebene Pixelpaare durch ein parallel verlaufendes Konturpaar, das möglichst glatt über diejenigen Stellen im Bild verläuft, die hohe Gradientenbeträge aufweisen. Damit bestimmt der adaptierte Wurzel- $A^*$  die Wurzelkonturen der gefundenen Teilregion unter Einbringung



**Abbildung 4.12: Relokalisierung der Pixelpaare (Beispiel).** In (a) wurde das vereinfachte Skelett der untersuchten Region rot in das Gradientenbild eingetragen. Der Keimpfad ist grün markiert und die relokalisierten Pixelpaare grün und gelb eingezeichnet. In (b) ist der finale Keim, das Ergebnis der Verknüpfung durch den adaptierten Wurzel- $A^*$ , grün dargestellt.

von Konturinformationen und Verwendung des Wurzelmodells der Keimexpansion. Sein Ausgangspunkt sind zwei Pixelpaare, der Startknoten und der Endknoten, die den Anfang und das Ende des gesuchten Konturpaares bezeichnen. Ihre Position wird deshalb auch genau am Anfang und Ende des Keimpfades gewählt. Die Verbindungsachse der Pixel dieser Knoten wird orthogonal zum zugehörigen Teil des Keimpfades ausgerichtet und die Entfernung der Pixel zum Keimpfad entsprechend der dort vermerkten Randdistanz gewählt. Damit liegen die Knotenpixel bereits recht genau auf dem erwarteten Rand. Diese Initialpositionen werden innerhalb eines kleinen Bereiches mit der Länge  $S_{AD}$  noch verschoben, wenn sich dadurch die Positionierung auf einem höheren Gradientenbetrag im Kantenbild erreichen lässt. Eine schematische Darstellung dieser Idee findet sich in Abbildung 4.12. Anschließend werden der so generierte Start- und Zielknoten durch den adaptierten Wurzel- $A^*$  der Pixelebene verbunden. Die beiden Konturen, die auf diese Weise berechnet werden, stellen dann den finalen Keim dar, falls ihre Länge die euklidische Distanz zwischen Start- und Zielknoten um höchstens den Faktor  $\theta_{FL}$  überschreitet. Auf diese Weise wird noch einmal überprüft, ob der ermittelte Keim tatsächlich dem verwendeten Wurzelmodell entspricht. Sind die gefundenen Konturen zu lang, so kann es sich nicht um die glatte Begrenzung eines Wurzelstückes handeln und das ermittelte Konturpaar wird verworfen. Andernfalls handelt es sich bei dem gefundenen Konturpaar um den finalen Keim, welcher der Keimexpansion zur Verlängerung übergeben wird.

Im nun folgenden Abschnitt wird der komplette Ablauf der regionenbasierten Keimdetektion noch einmal zusammengefasst.

### 4.3.3 Zusammenfassung

Ausgehend vom Originalbild wurde in diesem Kapitel die regionenbasierte Bestimmung von Keimen beschrieben, die als Startpunkte für die zweite Phase der Wurzeldetektion

verwendet werden. Das vorgeschlagene Vorgehen lässt sich stichpunktartig wie folgt beschreiben:

1. Vorverarbeitung des Bildes durch
  - Kammkorrektur
  - Tiefpassfilterung
  - (Unterabtastung)
  - Kantendetektion
  - Kantenverdünnung und -verknüpfung
2. Regionensegmentierung durch Binarisierung mit variierenden Schwellwerten
3. Wahl geeigneter Regionen (mit Wurzelregionenkriterium)
4. Bestimmung des optimalen erzeugenden Schwellwertes ( $\frac{B}{L} \rightarrow \min$ )
5. Bestimmung der geeigneten Teilregionen (durch Mittelachsentransformation)
6. Repositionierung der ermittelten Start- und Endknoten
7. Berechnung und Überprüfung des Finalkeims durch Verbindung dieser Knoten (mit adaptierten Wurzel- $A^*$ )

Mit diesem Vorgehen können auf dem verwendeten Bildmaterial gute Ergebnisse bei der Keimdetektion erzielt werden (siehe Kapitel 6).

Zum Abschluss werden noch einige Möglichkeiten zur Weiterentwicklung der regionenbasierten Keimdetektion kurz vorgestellt.

## 4.4 Weiterentwicklung

Die konturbasierte Keimdetektion stellt strenge Qualitätsanforderungen an die Kantendetektion und -verkettung. Besonders in Bildern mit variierendem Kontrast ist eine optimale Konturkettenbestimmung jedoch sehr schwierig. Werden beispielsweise zu viele Konturketten bestimmt, so akzeptiert die konturbasierte Keimdetektion häufig auch ungültige Kettenpaare als Keime. Im umgekehrten Fall werden dagegen zusammengehörende Ketten eventuell nicht als solche erkannt und eigentlich korrekte Keime nicht detektiert. Da aber pro Wurzel immer mindestens ein Keim gefunden werden soll, erzeugt die konturbasierte Keimdetektion entsprechend häufig auch falsche Keime (siehe [EP03]). Dieses Problem lässt sich mit der regionenbasierten Keimdetektion gut lösen.

In ihrer aktuellen Form setzt diese voraus, dass eine Wurzelprojektion unter Schwellwertbildung eine Region liefert, die das Wurzelregionenkriterium erfüllt. Bei stark verzweigten und/oder überlappenden Wurzeln ist dies möglicherweise nicht der Fall. Ist solches Bildmaterial zu bearbeiten, scheint daher die Verwendung der Skelettierung bereits in der

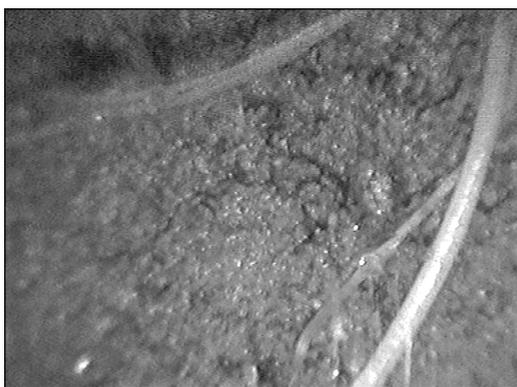
Phase der Keimregionendetektion sinnvoll. In diesem Fall wird jede untersuchte Region skelettiert und alle gültigen Teilpfade mit konstanter Breite zur Generierung von Keimen genutzt. Auf diese Weise werden, ähnlich zur konturbasierten Keimdetektion, möglicherweise auch mehrere Keime pro Keimregion anhand paralleler Konturen identifiziert. Gleichzeitig ist es weiterhin möglich, Regioneneigenschaften wie Farbe, Form oder Textur auf einfache Weise zu berücksichtigen.

Nachdem die Wurzelkeime erfolgreich detektiert wurden, können sie durch die Keimexpansion verlängert werden. Mögliche Herangehensweisen hierfür werden im nächsten Kapitel vorgestellt.

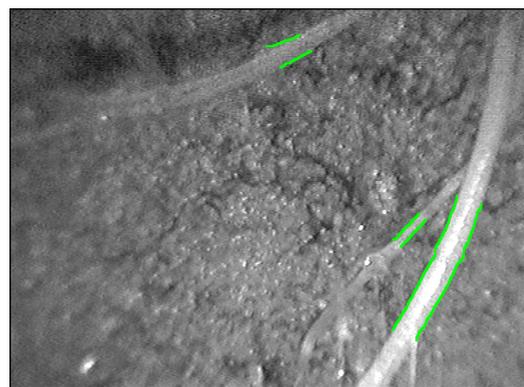
## 5 Keimexpansion - Wurzeldetektion

Die Keimexpansion stellt die letzte Phase des zweistufigen Ansatzes zur Wurzeldetektion in Minirhizotronbildern dar. Sie erweitert die gegebenen Keime so, dass die zugehörigen Wurzelprojektionen im Bild komplett überdeckt werden. Durch die strikte Trennung der Keimexpansion von der Keimdetektion ist die Herkunft der verwendeten Keime dabei unerheblich. Einzig ihre Repräsentation, zwei Konturen auf den gegenüberliegenden Rändern einer Wurzelprojektion mit einer Mindestlänge von zwei Pixeln, ist vorgegeben. Die Keime können prinzipiell im Rahmen eines halbautomatischen Verfahrens manuell vorgegeben werden oder vollautomatisch detektiert werden, etwa mit der regionenbasierten Keimdetektion aus Kapitel 4. In Abbildung 5.1(b) sind drei Beispielkeime dargestellt, die mit genau diesem Verfahren detektiert wurden.

Die Idee der Keimexpansion besteht darin, die Konturen eines gegebenen Keims an seinen beiden Enden zu verlängern und dieses Verlängern, das als Expansion bezeichnet wird, als Suchproblem zu behandeln. Die Steuerung der Suche erfolgt dabei durch ein Wurzelmodell, das die Erwartungen an die Ausprägung von Geometrie- und Kontureigenschaften einer Wurzelprojektion beschreibt. Dieses Wurzelmodell lässt sich durch den verwendeten Suchalgorithmus und seine Kostenfunktion charakterisieren. Auf diese beiden Teile wird detailliert eingegangen, nachdem zuvor die notwendigen Vorverarbeitungsschritte im folgenden Abschnitt beschrieben wurden.



(a) Originalbild



(b) gültige Keime (grün markiert)

**Abbildung 5.1: Ausgangspunkt.** In das in (a) dargestellte Beispielbild wurden diejenigen Keime in (b) grün eingezeichnet, die mit dem Algorithmus aus Abschnitt 4.3 detektiert wurden.

## 5.1 Vorverarbeitung

Im Rahmen der Keimdetektion wurden bereits Kammkorrektur, Tiefpassfilterung und Kantendetektion durchgeführt. Auf das Ergebnis dieser Vorverarbeitungsschritte wird auch während der Keimexpansion zurückgegriffen. Im Unterschied zum Verfahren von [Jan95] werden hier jedoch optional Kanteninformationen in veränderter Form eingebracht. Durch diese Adaption, die im Folgenden beschrieben wird, können die Ergebnisse auf Bildern mit niedrigem Kontrast teilweise verbessert werden.

### 5.1.1 Kantendetektion

Auf die Verwendung der ausgedünnten und verketteten Kanten wie in [Jan95] wird in dieser Arbeit bewusst verzichtet, um dem Suchalgorithmus mehr Freiheiten bezüglich der gewählten Wurzelgeometrie zu gewähren. Deshalb wurden im Rahmen der Vorverarbeitung für die Keimdetektion die Schritte der Kantendetektion und Verkettung getrennt und auf die Verwendung eines kombinierten Operators verzichtet. Stattdessen werden direkt diejenigen Gradientenbeträge verwendet, die vom Sobel-Operator berechnet wurden.

Um jedoch die Überbrückung von Lücken in der Wurzelkontur zu erleichtern, wird in dieser Arbeit optional ein Verfahren zur Verstärkung von wahrgenommenen Kanten verwendet. Dieses Verfahren verwendet Signifikanzkarten, die im Englischen als *saliency maps* bezeichnet werden.

### 5.1.2 Kantenverstärkung durch Signifikanzkarten

Es lässt sich häufig beobachten, dass Wurzelkonturen in Minirhizotronbildern nicht überall durch hohe Gradientenbeträge charakterisiert werden. Ursache hierfür kann eine ungleichmäßige Ausleuchtung der Szene und eine damit verbundene Reduktion des Bildkontrastes sein. Aber auch eine zu geringe Tiefenschärfe und daraus resultierende Verwaschungen verringern die Beträge der Gradienten am Wurzelrand. Selbst mit dem in [AEBP06] beschriebenen Wurzelscanner können unscharf erscheinende Wurzelränder nicht ausgeschlossen werden, etwa an Stellen mit vielen Wurzelhaaren oder in Bildern mit grundsätzlich geringem Unterschied in Wurzel- und Hintergrundfarbe.

Zur Unterstützung des verwendeten konturorientierten Expansionsalgorithmus' kann es daher von Vorteil sein, die gewünschten Konturen zu verstärken und teilweise überhaupt erst darzustellen. Zwei entsprechende Ansätze zur Darstellung und Verstärkung wahrgenommener Kanten werden in [GM93] und [WJ97] beschrieben. Beide Verfahren verfolgen das Ziel, im Ergebnisbild vorhandene Kanten zu verstärken und vom Menschen wahrgenommene Konturen darzustellen. Die dadurch erfolgende Behandlung von Okklusionen qualifiziert beide Verfahren auch für die Bearbeitung von Minirhizotronbildern.

In dieser Arbeit wird auf den Algorithmus von [GM93] zurückgegriffen. Er beschreibt die Stärke der Ausprägung eines (neuen) Kantenelementes, also die Sicherheit seiner Existenz, durch ein Signifikanzmaß (*saliency*). Dieses Maß wird durch einen Stimmprozess erzeugt, bei dem alle initial verfügbaren Kantenelemente abstimmen, welche Richtung das

betrachtete und eventuell neue Kantenelement haben soll. Das Gewicht der Stimme eines abstimmenden Kantenelementes ist dabei direkt proportional zu seinem Gradientenbetrag und zudem abhängig von der Entfernung und der Richtung zu der Stelle, an der es abstimmt. Wenn die Richtungen aller in einem Punkt akkumulierten Stimmen gut übereinstimmen, so führt dies zu einer hohen Signifikanz, Unsicherheit bezüglich der Richtung der dortigen Kante zu einer niedrigen. Die sogenannte Signifikanzkarte (*saliency map*) stellt dann eine bildhafte Repräsentation dar, in der jedem Bildpunkt die Signifikanz seines Kantenelementes zugeordnet wird.

Interessant für die Beschreibung des Algorithmus' zur Kantenverstärkung ist insbesondere die Berechnung der vektorrepräsentierten Stimmrichtungen und die Ermittlung der jeweiligen Signifikanz.

### Stimmrichtung

In einem ersten Schritt wird für jeden Pixel mit echt positivem Gradientenbetrag ein sogenanntes Stimmfeld berechnet. Dieses Stimmfeld wird in [GM93] als *extension field* bezeichnet und beschreibt, an welchen Stellen im Bild sein verursachendes Kantenelement wie stark für welche Richtung stimmt. Es wird unter der Vorstellung eines sich anschmiegenden Kreises berechnet, der die erwartete Richtung der fortgesetzten Kante vorgibt. Aufgrund der Richtung des stimmenden Kantenelementes und der Positionen der Stimmstellen ist es eindeutig festgelegt, wie Abbildung 5.2(a) veranschaulicht.

Die längennormierte Stimmrichtung  $\vec{e}$  der abgegebenen Stimme  $\vec{v}$  lässt sich aus der längennormierten Richtung des Kantenelementes  $\vec{o}$  und dem Vektor zur Stimmstelle  $\vec{d}$  durch

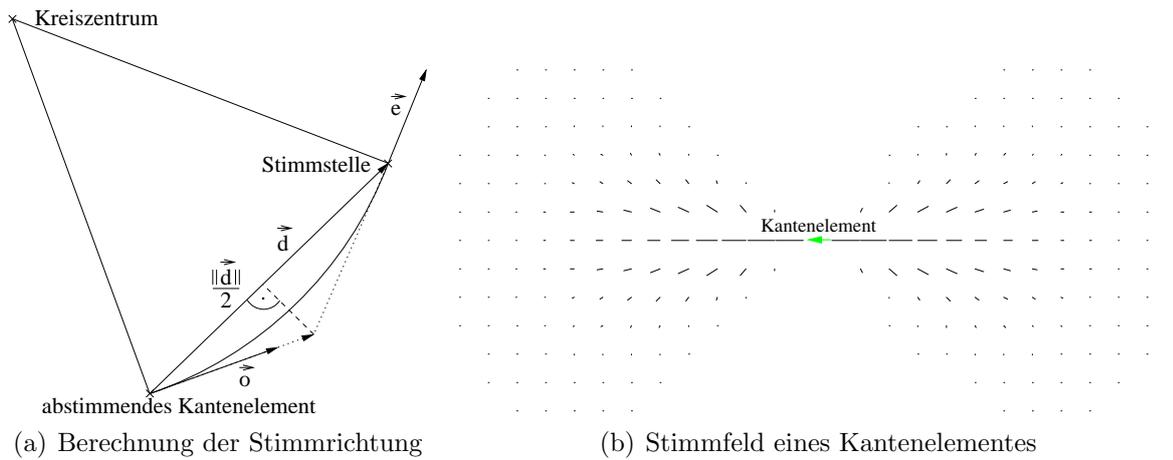
$$\vec{e} = \frac{\vec{d} - \frac{\|\vec{d}\|^2}{2\vec{o} \cdot \vec{d}} \cdot \vec{o}}{\|\vec{d} - \frac{\|\vec{d}\|^2}{2\vec{o} \cdot \vec{d}} \cdot \vec{o}\|} \quad (5.1)$$

berechnen. Mit Hilfe von Abbildung 5.2(a) erkennt man, dass hierfür  $\vec{o}$  so skaliert wird, dass seine Projektion auf  $\vec{d}$  genau halb so lang ist wie  $\vec{d}$  selbst. Aus einer einfachen Vektoraddition ergibt sich die gesuchte Stimmrichtung  $\vec{e}$ , welche anschließend für die Berechnung von  $\vec{v}$  mit einem Term  $\mu_{exp}$  skaliert wird. Dieser wird

$$\mu_{exp} = e^{-A \cdot \|\vec{d}\| - B \cdot \arctan\left(\frac{\|\vec{E} \cdot (0,1)^T\|}{\|\vec{E} \cdot (1,0)^T\|}\right)^2} \quad (5.2)$$

gewählt, um große Entfernungen und Richtungsabweichungen zu bestrafen. Der Vektor  $\vec{E}$  ist dabei der Vektor, der durch Rotation von  $\vec{e}$  um denjenigen Winkel entsteht, um den  $\vec{o}$  rotiert werden müsste, um parallel zu  $(1,0)^T$  zu liegen. Mit dem verwendeten Parameter  $A$  kann dabei die effektive Ausdehnung des Stimmfeldes und mit  $B$  die Striktheit der Richtungsvorgabe beeinflusst werden. Unter Verwendung der Gleichungen (5.1) und (5.2) kann die Stimme  $\vec{v}$  des Kantenelements  $\vec{o}$  an der zu ihm relativen Position  $\vec{d}$  damit als

$$\vec{v}(\vec{o}, \vec{d}) = \mu_{exp} \cdot \vec{e} \quad (5.3)$$



**Abbildung 5.2: Berechnung von Stimmstärke und -richtung.** (a) Die Richtung der abgegebenen Stimme  $\vec{e}$  wird anhand der Richtung des stimmenden Kantenelementes  $\vec{o}$  und des Differenzvektors  $\vec{d}$  zur Stimmstelle berechnet. Dies geschieht unter der Modellvorstellung eines sich anschmiegenden Kreises. In (b) sind die Richtungen und Stärken der abgegebenen Stimmen eines Kantenelementes durch Richtung und Länge der gezeichneten Geradensegmente dargestellt. Die Signifikanz einer Stimme nimmt gemäß [GM93] mit zunehmender Richtungsabweichung und Entfernung zum stimmenden Kantenelement ab.

berechnet werden. Ein Beispiel für ein so entstehendes Stimmfeld mit mehreren dargestellten Stimmen findet sich in Abbildung 5.2(b).

### Berechnung der Signifikanz

Der Grad der Übereinstimmung aller Stimmen, die für eine Stimmstelle abgegeben werden, wird als Signifikanz bezeichnet. In [GM93] werden unterschiedliche Arten zur Berechnung dieser Signifikanz vorgeschlagen und hier die verbesserte Signifikanz (*enhanced saliency*) verwendet. Ihre Berechnung erfolgt unter Berücksichtigung der  $V$  Stimmen  $\vec{v}_i$ , die an der betrachteten Stelle akkumuliert wurden. Da eine Übereinstimmung zwischen allen relevanten Stimmen ermittelt werden soll, bietet sich die Verwendung der Eigenwerte der zugehörigen unskalierten Korrelationsmatrix  $\mathbb{K}$  an, die durch

$$\mathbb{K} = \sum_{i=1}^V \vec{v}_i \cdot \vec{v}_i^T$$

berechnet wird. Stellen mit guter Übereinstimmung bezüglich der Stimmrichtung werden damit durch einen hohen ersten Eigenwert  $\lambda_{max}$  und einen niedrigen zweiten Eigenwert  $\lambda_{min}$  gekennzeichnet. Beide Eigenwerte haben zudem hohe Beträge, wenn viele wichtige Stimmen, also Stimmen mit großer Länge, akkumuliert wurden. Die verbesserte Signifikanz  $S_{enhanced}$  wird daher als

$$S_{enhanced} := \lambda_{max} - \lambda_{min} \geq 0$$

definiert.

Auf diese Weise können auch Punkte mit eigentlich niedrigen Gradientenbeträgen eine hohe Signifikanz erhalten, wenn sie auf der vom Menschen wahrgenommenen Fortsetzung einer existenten Kante liegen. Die zusätzliche Betrachtung der entstehenden Signifikanzkarte kann damit die spätere konturorientierte Expansion in Bildern mit niedrigem Kontrast und auftretenden Überdeckungen erleichtern. Die Berechnung der Signifikanzkarte ist jedoch aufgrund des benötigten großen Stimmbereiches sehr zeitaufwändig. Aus diesem Grund wird das Bild nach der Anwendung des Tiefpassfilters und vor der Berechnung der Signifikanzen mit einer niedrigeren Auflösung neu abgetastet. Als guter Kompromiss zwischen Laufzeit und Genauigkeit hat sich eine Reduktion der Auflösung auf ein Viertel der Bildpunkte herausgestellt. Die berechnete Signifikanzkarte wird nachfolgend durch bilineare Interpolation wieder der Auflösung des originalen Eingabebildes angepasst und mit dem Ergebnisbild des Kantendetektors durch gleichgewichtete Addition zusammengefasst. Die Vorteile beider Repräsentationen, nämlich die exakte Lokalisierung im Falle hoher Gradientenbeträge und das unscharfe Wissen im Fall einer Kantenfortsetzung, können auf diese Weise kombiniert werden. Alle nachfolgenden konturbasierten Teile dieser Arbeit verwenden daher gegebenenfalls das so adaptierte Gradientenbild.

Damit ist die für die Keimexpansion spezifische Vorverarbeitung abgeschlossen. In den nächsten Abschnitten wird nun auf die eigentliche zweite Phase der Wurzeldetektion eingegangen, indem zwei unterschiedliche Verfahren zur Keimexpansion vorgestellt werden.

## 5.2 Der Wurzel- $A^*$ von [Jan95]

Die grundlegende Idee der Keimexpansion besteht darin, das Wurzelkonturpaar als kostengünstigsten Pfad zwischen zwei speziellen Knoten eines entsprechenden Suchgraphen zu bestimmen. Die Suche beginnt dabei im sogenannten Startknoten und endet im Zielknoten. Als Startknoten dient ein zuvor detektierter Keim, während der Zielknoten das Wurzelende im Bild repräsentiert. Aufgrund der Wahl von Suchgraph und Kostenfunktion legt ein optimaler Pfad, der diese beiden Knoten verbindet, ein Konturpaar fest, das genau die gesuchte Wurzelprojektion einschließt.

Einfache Algorithmen, wie beispielsweise Breiten- oder Tiefensuche, erkennen den optimalen Pfad vor Abschluss der kompletten Suche nicht als solchen und müssen daher den kompletten Graphen durchsuchen. Aufgrund der Größe des zu betrachtenden Suchraumes und der damit verbundenen hohen Laufzeit sind sie für die Wurzeldetektion praktisch nicht einsetzbar. Wird dagegen, etwa bei einer Best-First-Suche, immer der Pfad mit der aktuell besten Bewertung untersucht, so ist beim Erreichen des Zielknotens der optimale Pfad bekannt und die Suche kann sofort terminiert werden. Mit Wissen über den Verlauf des verbleibenden Pfades vom aktuell betrachteten Knoten zum Zielknoten kann die Suche dann so weit beschleunigt werden, dass ein effizientes Bestimmen des gesuchten Pfades möglich wird. Der sogenannte  $A^*$ -Algorithmus (kurz  $A^*$ ), der etwa in [NB87] beschrieben wird, ist ein heuristisches Suchverfahren, das genau dies leistet. Bereits in [JBP<sup>+</sup>95] wird daher eine Abwandlung des  $A^*$  zur Keimexpansion beschrieben und erfolgreich verwendet.

In den folgenden Abschnitten wird zuerst der dort eingesetzte genaue Suchalgorithmus sowie der verwendete Suchgraph beschrieben. Im Anschluss an die Diskussion der dabei auftretenden Probleme in Abschnitt 5.2.6 wird dann die im Rahmen dieser Arbeit durchgeführte Weiterentwicklung vorgestellt.

### 5.2.1 Der $A^*$ -Algorithmus

Der  $A^*$ -Algorithmus geht bei der Bestimmung eines optimalen Pfades zwischen Start- und Zielknoten von einer Kostenfunktion der Form

$$f(n) = g(n) + h(n)$$

aus. Diese setzt sich aus den Kosten  $g(n)$  für den optimalen Teilpfad vom Startknoten zum aktuell betrachteten Knoten  $n$  und den Kosten  $h(n)$  für den Teilpfad von  $n$  zum Zielknoten zusammen. Die Pfadkosten werden dabei als Summe der Kantenkosten der enthaltenen Kanten berechnet und sind niemals negativ. Da die Restkosten  $h(n)$  normalerweise unbekannt sind, werden sie durch einen Term  $h'(n)$  abgeschätzt, womit sich die Abschätzung der Gesamtkosten  $f'(h)$  zu

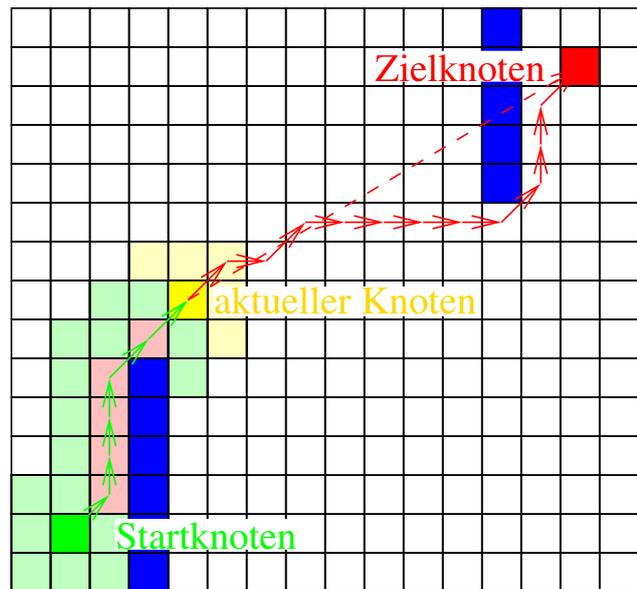
$$f'(n) = g(n) + h'(n)$$

ergibt. Der  $A^*$ -Algorithmus bringt sein Wissen über den kompletten Pfadverlauf nun genau durch die Restkostenschätzung  $h'(n)$  ein, welche die Kosten des verbleibenden Pfades zum Zielknoten approximiert. Die Gesamtkostenfunktion  $f'(n)$  schätzt damit die Kosten eines optimalen Pfades vom Start- zum Zielknoten über den Knoten  $n$  ab.

Beginnend beim Startknoten wählt der  $A^*$  immer denjenigen Knoten als  $n$  zur Untersuchung aus, der zur Bearbeitung in der sogenannten Offen-Liste vorgemerkt wurde und momentan die niedrigsten Gesamtkosten aufweist. Jeder Nachfolger von  $n$  wird, falls seine Untersuchung nicht bereits abgeschlossen wurde, dahingehend überprüft, ob gerade ein neuer oder besserer Pfad zu ihm entdeckt wurde. Ist dies der Fall, so wird der entsprechende Nachfolger zur späteren Bearbeitung in der Offen-Liste vorgemerkt oder, falls er schon Element dieser Liste ist, der Pfad zu ihm aktualisiert. Im Anschluss daran wird der Knoten  $n$  als fertig bearbeitet markiert, indem er in die sogenannte Geschlossen-Liste eingefügt und aus der Offen-Liste entfernt wird. Im Gegensatz zur Best-First-Suche können so durch die Restkostenschätzung auch unterschiedlich lange Pfade gleichberechtigt untersucht werden. Dies gilt, da der steigende Betrag von  $g(n)$  durch einen sinkenden Betrag von  $h'(n)$  entlang guter Pfade ausgeglichen werden kann. Auf diese Weise wird ein zu starkes Abweichen vom optimalen Pfad während der Suche vermieden und dieser in der Regel sehr schnell gefunden.

Die Restkostenschätzung  $h'(n)$  des  $A^*$  muss allerdings optimistisch sein, also immer kleiner oder gleich den realen Kosten gewählt werden. Nur so kann garantiert werden, dass stets der optimale Teilpfad zum Knoten  $n$  bei seiner Untersuchung bekannt ist und der optimale Gesamtpfad gefunden wird (siehe [NB87]). Wählt man die Restkostenschätzung identisch Null, so entspricht der Algorithmus der Best-First-Suche, die zwar den optimalen

Geschlossen:= $\emptyset$ ;
Offen:={Startknoten};
solange Offen $\neq\emptyset$
n:=entferne besten Knoten aus Offen;
wenn n=Zielknoten
Optimaler Pfad gefunden!
sonst
für alle Nachfolger I von n
schätze Kosten für I;
wenn $I \in \text{Offen}$ und neues I besser
Vorgänger von I in Offen:=n;
wenn $I \notin \text{Offen}$
Offen:=Offen $\cup\{I\}$ ;
Geschlossen:=Geschlossen $\cup\{n\}$ ;
Es existiert kein Pfad!

(a)  $A^*$ -Algorithmus in Pseudocode

(b) Beispiel in 2D

**Abbildung 5.3: Schnelle Suche in Graphen.** (a)  $A^*$ -Algorithmus als Pseudocode und (b) am einfachen Beispiel in 2D: Zum aktuell betrachteten gelben Knoten ist der optimale grüne (Pfeil-)Pfad vom grünen Startknoten aus bekannt. Der optimale rote Weg zum roten Zielknoten ist unbekannt und wird durch den rot gestrichelten euklidischen Abstand geschätzt. Blaue „Wasser“-Felder sind nicht begehbar. Die Offen-Liste enthält die hellgrünen Knoten, die Geschlossen-Liste die hellroten. Die hellgelben Knoten werden gerade untersucht.

Pfad findet, meistens aber deutlich mehr Knoten betrachtet. Aus Laufzeitgründen ist es daher wünschenswert, mit möglichst geringem Rechenaufwand die Restkosten so genau wie möglich abzuschätzen.

Der prinzipielle Ablauf des  $A^*$ -Algorithmus ist in Abbildung 5.3(a) noch einmal als Pseudocode dargestellt. Abbildung 5.3(b) veranschaulicht seine Arbeitsweise für den Fall eines planaren zweidimensionalen Graphen, in dem Kanten zwischen zwei Knoten (Bildpunkten) existieren, wenn sich diese in 8er-Nachbarschaft zueinander befinden. Die Kosten eines Pfades werden durch die euklidische Länge des zurückgelegten Weges bestimmt, also durch die Summe der entsprechend gewichteten Diagonal- und Orthogonalschritte. Durch diese Wahl findet der  $A^*$  als optimalen Pfad den kürzesten Weg, der keine blauen „Wasser“-Felder beinhaltet, deren Betreten verboten ist. Dieses Verbot kann beispielsweise durch unendlich hohe Kosten an den entsprechenden Kanten realisiert werden. In Abbildung 5.3(b) befindet sich der  $A^*$  gerade in dem Zustand, in dem der gelbe Knoten betrachtet wird. In diesem Moment enthält die Offen-Liste alle hellgrün dargestellten Knoten und die Geschlossen-Liste alle hellroten. Die Knoten, die als nächstes in die Offen-Liste eingefügt werden, sind hellgelb markiert. Der kürzeste Weg vom grünen Startknoten zum betrachteten Knoten wurde bereits ermittelt und ist mit grünen Pfeilen dargestellt. Der Verlauf des kürzesten Restpfades zum roten Zielknoten ist momentan jedoch nicht

bekannt, da der relevante Teil des Graphen noch nicht untersucht und damit das zweite Wasserhindernis noch nicht entdeckt wurde. Aus diesem Grund werden die Restkosten optimistisch als euklidische Distanz zum Zielknoten abgeschätzt. Diese Entfernung ist in der Abbildung rot gestrichelt eingezeichnet.

Verwendet man den  $A^*$ -Algorithmus nun zur Detektion von Wurzelprojektionen, so wird zur vollständigen Beschreibung des Verfahrens noch die Form des Suchgraphen und die verwendete Kostenfunktion benötigt. Diese beiden Teile werden in den folgenden Abschnitten beschrieben.

### 5.2.2 Der Suchgraph

Die linke und rechte Randbegrenzung einer Wurzelprojektion stellen eine gute Beschreibung der zugehörigen Bildregion dar. Aus diesem Grund erfolgt die Repräsentation eines Detektionsergebnisses durch die Beschreibung eben dieser Konturen in Form einer Liste von Pixelpaaren. Die Pixel eines solchen Paares repräsentieren dabei gegenüberliegende Positionen auf dem Rand der Wurzelprojektion, wodurch ihre Verbindung die Wurzelmittelachse orthogonal schneidet. Aufgrund dieser Lage wird der eine Pixel als der linken Kontur und der andere als der rechten Kontur zugehörig bezeichnet. Diese Zuordnung kann bei jeder Wurzel willkürlich erfolgen, solange sie für alle Pixel der zugehörigen Konturen konsistent verwendet wird.

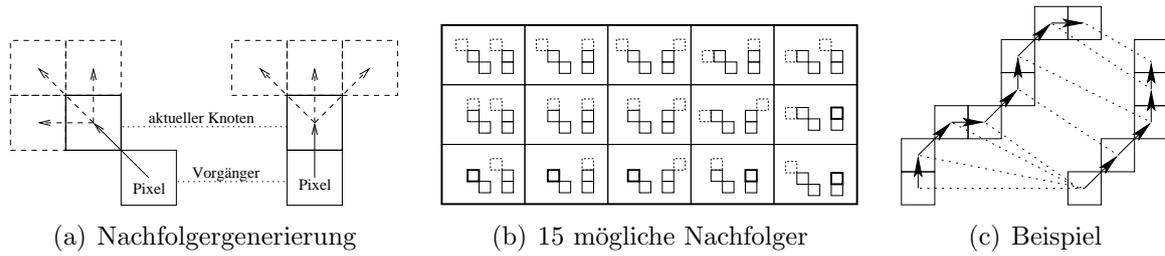
Im Folgenden wird nun ein solches Pixelpaar als Knoten eines Suchgraphen betrachtet. Zwischen zwei solchen Knoten kann eine Kante mit endlichen Kosten existieren, falls die korrespondierenden Pixel in 8er-Nachbarschaft liegen oder identisch sind. Einem Pfad in diesem Graphen entsprechen im Bild daher eine linke und eine rechte Kette von transitiv 8er-benachbarten Pixeln. Mit ihnen können die Randbegrenzungen einer Wurzelprojektion beschrieben werden, wie in Abbildung 5.4(c) dargestellt ist.

Aufgrund der Größe des Suchgraphen<sup>1</sup> erfolgt seine Darstellung implizit. Dazu wird eine Vorschrift zur Berechnung aller möglichen Nachfolger eines gegebenen Knotens spezifiziert. Im Verlauf der Suche können die benötigten Knoten so dynamisch erzeugt und damit der Speicheraufwand deutlich reduziert werden. Vorteilhaft ist dieses Vorgehen vor allem auch, weil nur ein sehr kleiner Teil des Suchgraphs überhaupt betrachtet werden muss.

Die Berechnung der Nachfolger eines Knotens, also die Knotenexpansion, wird so durchgeführt, dass gleichzeitig alle geforderten Eigenschaften des Wurzelkonturpaares modelliert werden. Dies geschieht, indem die Lage des Vorgängerpaares des Knotens berücksichtigt wird. Als gültige Nachfolger kommen dann nur Knoten in Frage, die ungefähr in der Richtung des bisherigen Konturverlaufes liegen. Diese Forderung wird erfüllt, indem für jeden Pixel der Nachfolgeknoten eine maximale Richtungsänderung um  $45^\circ$  von der Richtung des zugehörigen Vorgängerpixels zugelassen wird. Abbildung 5.4(a) zeigt dies am Beispiel. Auf diese Weise entstehen zu jedem Knoten neun potentielle Nachfolgeknoten. Da einer der beiden Pixel des Knotens außerdem identisch zu seinem

---

<sup>1</sup>bei einer Bildgröße von  $756 \times 576$  Pixeln würden über 706 GB allein für die Speicherung aller möglichen Knoten benötigt



**Abbildung 5.4: Implizite Darstellung des Suchgraphen.** In (a) sind die maximal erlaubten Abweichungen ( $45^\circ$  von der ursprünglichen Richtung auf beiden Seiten) sowie das „Stehenbleiben“ in einem Pixel veranschaulicht. Es ergeben sich 15 zulässige Nachfolger, die in (b) für ein Beispiel dargestellt sind. Die Nachfolger sind gestrichelt und „stehengebliebene“ Pixel verdickt eingezeichnet. Zwei zusammengehörende Konturen, also eine Kette von Pixelpaaren und damit ein Pfad im Suchgraph, werden beispielhaft in (c) vorgestellt.

direkten Pixelvorgänger gewählt werden kann, existieren sechs weitere mögliche Nachfolger. Damit gibt es insgesamt fünfzehn mögliche Nachfolger pro Knoten, die in Abbildung 5.4(b) für einen Beispielknoten dargestellt sind. Dieses Expansionschema verhindert bereits zu einem gewissen Grad unzulässig starke Krümmungs- und Durchmesseränderung der detektierten Wurzel.

### 5.2.3 Die Kostenfunktion

Die Kostenfunktion wird üblicherweise so gewählt, dass bei einer schlechten Übereinstimmung des Pfades mit dem Modell hohe Kosten entstehen und gut übereinstimmende Pfade durch eine niedrige Summe der Kantenkosten charakterisiert werden.

Die ursprüngliche Kostenfunktion, die in [Jan95] detailliert beschrieben wird, verwendet zur Bestimmung der Kantenkosten  $q(n, m)$  einer Kante vom Knoten  $n$  zum Knoten  $m$  einen Gradiententerm  $grad(m)$  und einen Parallelitätsterm  $parallel(m)$ . Diese werden summiert, die Kantenkosten also durch

$$q(n, m) = grad(m) + parallel(n, m)$$

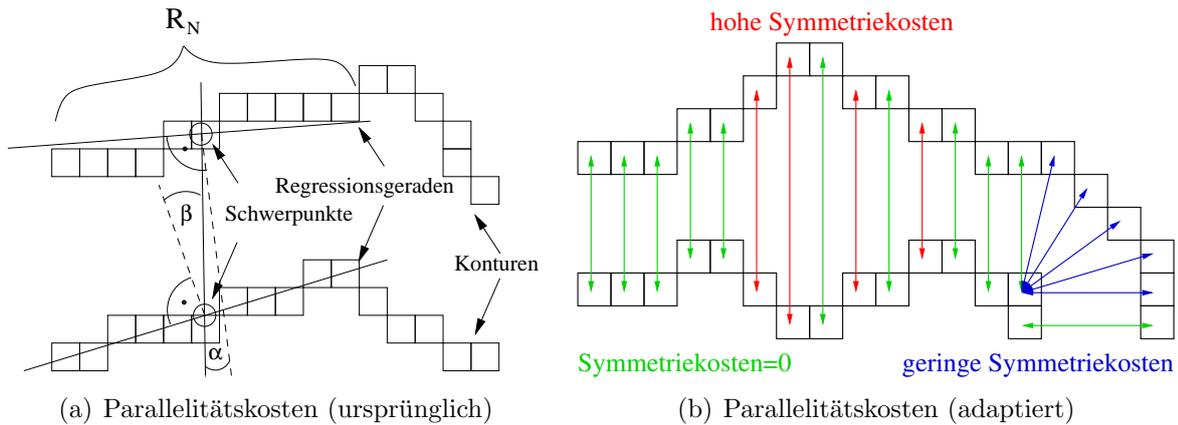
berechnet. Der erste Term  $grad(m)$  wird

$$grad(m) = \left( \frac{S_{max} - S_{mag}(\vec{m}_l)}{S_{max} - S_{min}} \right) + \left( \frac{S_{max} - S_{mag}(\vec{m}_r)}{S_{max} - S_{min}} \right)$$

gewählt und belohnt die Lokalisierung der Konturpunkte auf hohen Gradientenbeträgen. In der Formel wird mit  $S_{min}$  und  $S_{max}$  der minimal und maximal auftretende Gradientenbetrag bezeichnet, die Position des linken Pixels von Knoten  $m$  mit  $m_l$  und die des rechten mit  $m_r$ . Die zugehörigen Gradientenbeträge erhalten die Bezeichnungen  $S_{mag}(\vec{m}_l)$  und  $S_{mag}(\vec{m}_r)$ .

Der zweite Term  $parallel(m)$  bestraft durch die Wahl von

$$parallel(m) = \frac{|\alpha| + |\beta|}{2\Theta}$$



**Abbildung 5.5: Kostenfunktion.** (a) Die Parallelitätskosten in der ursprünglichen Kostenfunktion werden durch die Summe der Beträge von  $\alpha$  und  $\beta$  bestimmt. (b) Die adaptierte Kostenfunktion verwendet als Parallelitätsterm die relative Änderung des Pixelabstandes. Rote Pfeile zeigen in der Skizze hohe, blaue geringe und grüne verschwindende Kosten an.

einen nicht-parallelen Verlauf beider Konturen. Dies geschieht durch die Betrachtung der beiden Regressionsgeraden, die durch die Pixel der  $R_N$  Vorgänger des Knotens  $m$  bestimmt werden und in Abbildung 5.5(a) dargestellt sind. Die Summe der Beträge der Winkel  $\alpha$  und  $\beta$ , die diese Geraden gegen die Verbindungsgerade ihrer Schwerpunkte haben, wird als Maß für den Grad der Parallelität genutzt. Dieses wird mit dem Maximalwinkel  $\Theta$  normiert, der für gültige Wurzelkonturen noch zugelassen ist.

Da im Rahmen der Expansion mit dem ursprünglichen Wurzel- $A^*$  nach [Jan95] kein Wissen über den Zielknoten, also das Wurzelende, zur Verfügung steht, gestaltet sich das Abschätzen der Restkosten sehr schwierig. Die Parallelitätskosten liefern häufig nur einen sehr geringen oder gar keinen Beitrag und sind damit von einer Schätzung praktisch ausgeschlossen. Die Gradientenkosten nehmen im Verlauf der Kontur zwar fast nie ab, für eine Schätzung des resultierenden Beitrages zu den Restkosten ist allerdings Wissen über die Lage des Zielknotens vonnöten. Da dieses Wissen nicht vorhanden ist, bleibt zur Erfüllung des Optimalitätskriteriums nur, die Restkosten als konstant Null abzuschätzen. Damit ist das Auffinden einer optimalen Lösung zwar garantiert, der Algorithmus' wird jedoch häufig zu viele Knoten zur späteren Betrachtung in der Offen-Liste vorhalten. Diesem Verhalten muss aus Laufzeit- und Speicherplatzgründen mit einer Größenbeschränkung der Offen-Liste begegnet werden. Das Beschneiden der Offen-Liste wird im Englischen als *pruning* bezeichnet und im folgenden Abschnitt näher beschrieben.

### 5.2.4 Pruning: einstufige Suchraumbeschränkung

Beim  $A^*$ -Algorithmus resultieren Laufzeit- und Speicherplatzvorteil vor allem aus einer guten Restkostenschätzung, die hier jedoch nicht zur Verfügung steht. Dadurch steigt

die Anzahl der Elemente in der Offen-Liste sehr schnell an. Um dem entgegenzuwirken und Speicherplatz und Rechenzeit zu sparen, werden davon diejenigen Elemente nicht weiter betrachtet, die am wenigsten erfolgversprechend erscheinen. Das Entfernen dieser Elemente aus der Offen-Liste wird als Pruning bezeichnet.

In [Jan95] werden immer genau diejenigen Knoten entfernt, die den geringsten Abstand zum Startknoten aufweisen. Das übliche Verfahren, Knoten mit zu hohen Kosten zu verwerfen, ist hier nicht erfolgreich, da die Kosten eines Pfades mit zunehmender Länge steigen. Ursache hierfür ist die fehlende Restkostenschätzung, welche die höheren Kosten längerer Pfade nicht ausgleichen kann. Übersteigt also die Größe der Offen-Liste einen festgelegten Schwellwert  $S_{O_{max}}$ , so werden solange die Knoten mit dem geringsten Abstand zum Startknoten verworfen, bis diese Schwelle wieder unterschritten wird. Auf diese Weise wird der Suchraum mittels lokalem Wissen auf die Pfade eingeschränkt, die momentan am erfolgversprechendsten erscheinen, weil sie bei vergleichbaren Kosten am längsten sind. Die Garantie, dass in jedem Fall ein kostenoptimaler Pfad gefunden wird, kann durch dieses Vorgehen allerdings nicht mehr gegeben werden. Dies ist dann unproblematisch, wenn ein solcher Pfad wegen immer hinreichend niedriger Kosten niemals aus der Offen-Liste entfernt wird. Die Gefahr eines solchen Entfernens steigt jedoch mit sinkender Maximalgröße der Offen-Liste, so dass dieser Parameter nicht beliebig klein gewählt werden kann.

### 5.2.5 Terminierung der $A^*$ -Suche

Der Zielknoten des  $A^*$ -Algorithmus' repräsentiert das gesuchte Wurzelende, welches jedoch zu Beginn der Expansion unbekannt ist. Daher muss bei der Betrachtung eines neuen Knotens entschieden werden können, ob es sich bei ihm um den gesuchten Zielknoten handelt. Dieser kann verschiedene Formen annehmen.

Am einfachsten kann eine Wurzelspitze erkannt werden. In diesem Fall sind die beiden Pixel des letzten Knotens identisch, weil die Wurzelkonturen in einem Punkt konvergiert sind.

Falls das untersuchte Bild nur einen Ausschnitt der Röhrenwand darstellt, so befindet sich das eigentliche Wurzelende häufig außerhalb des Bildbereiches. Auch dies ist leicht zu detektieren, da in diesem Fall mindestens eine Wurzelkontur einfach am Bildrand endet.

Deutlich komplizierter gestaltet sich die Erkennung des Wurzelendes, wenn sich die Wurzel von der Glasröhre entfernt oder in Bildbereiche mit zu geringem Kontrast hineinläuft. In beiden Situationen kann weder anhand des Verlaufes, noch der Position der bisher detektierten Konturen auf das Wurzelende geschlossen werden. Aus diesem Grund wird die Expansion dann abgebrochen, wenn die Gradienten- oder Parallelitätskosten des zuletzt erzeugten Teilpfades einen bestimmten Schwellwert übersteigen. Dem liegt die Annahme zugrunde, dass die zugehörigen Konturen in diesem Fall keine Wurzelregion mehr begrenzen, sondern einen Teil des Hintergrundes überdecken. Dieser zeichnet sich meist durch niedrige Gradientenbeträge aus und motiviert nur selten einen parallelen Verlauf der Konturen, wodurch entsprechend höhere Pfadkosten verursacht werden.

Einen zusätzlichen Grund, die Suche abubrechen und redundante Untersuchungen zu vermeiden, stellt die Überlappung mit einem anderen Konturpaar dar. Daher wird die Expansion auch dann beendet, wenn im Verlauf der Suche ein bereits bekanntes Konturpaar erneut entdeckt wird. Eine weitere Verlängerung des untersuchten Konturpaares würde in diesem Fall lediglich die entdeckte Wurzelbeschreibung ein weiteres Mal bestimmen und damit unnötig Rechenzeit kosten. Ein Konturpaar gilt laut [Jan95] als „entdeckt“, wenn die Position eines der Pixel des aktuell betrachteten Knotens mit der eines Pixels des entdeckten Konturpaares identisch ist. Als Argument für diese relaxierte Wahl wird von [Jan95] die geringe Wahrscheinlichkeit angeführt, mit der zwei Knoten unterschiedlicher Konturpaare selbst bei Überlappung letzterer identisch sind. Wenn es sich bei dem entdeckten Konturpaar um einen bisher noch nicht untersuchten Keim handelt, so wird dieser nachträglich damit nur noch in eine Richtung expandiert, da eine der beiden Verlängerungen sofort in dem zuvor bestimmten Konturpaar terminiert. Dieses Abbruchkriterium verhindert damit die mehrfache, unnütze Detektion der gleichen Wurzelregion, etwa wenn mehrere Keime auf der gleichen Wurzel detektiert wurden. Das Resultat der Suche wird auf diese Weise nur unwesentlich beeinflusst, gleichzeitig aber weniger Rechenzeit benötigt.

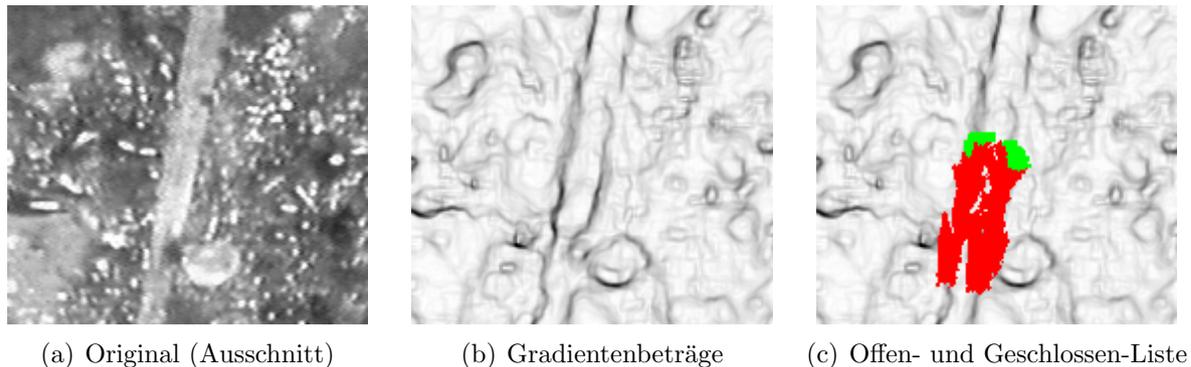
Bei der Verwendung des eben vorgestellten Algorithmus, der im Folgenden als ursprünglicher Wurzel- $A^*$  bezeichnet wird, traten während dieser Arbeit einige prinzipielle Probleme auf. Auf sie wird im folgenden Abschnitt eingegangen.

### 5.2.6 Probleme des Wurzel- $A^*$

Ein Problem des bisher beschriebenen Ansatzes ist beispielsweise die Wahl des Schwellwertes für den Expansionsabbruch, falls der Kontrast des Bildes variiert. Dies gilt insbesondere, da Wurzeln im Bild häufig unterschiedlich hell erscheinen und damit jeweils angepasste Schwellwerte verwendet werden müssten.

Ein weiteres Problem verursacht die notwendige Beschränkung der Offen-Liste. Durch die zwingende Wahl, die Knoten mit dem kürzesten Abstand zum Startknoten zuerst zu entfernen, konzentriert der  $A^*$  seine Aufmerksamkeit auf das unmittelbare Ende des Pfades und entscheidet damit aufgrund sehr lokalen Wissens. Daher werden bereits Änderungen in nur leicht zurückliegenden Pfadteilen unmöglich und die Suche ähnelt der eines Greedy-Verfahrens recht stark. Dieses Problem resultiert prinzipiell aus dem fehlenden Wissen über den Zielknoten und der deshalb nicht durchgeführten Restkostenschätzung. In Abbildung 5.6 wird dies an einem Beispiel verdeutlicht.

Ebenso problematisch ist die unzureichende Beschränkung der maximal zulässigen Konturkrümmung. Insbesondere bei Unterbrechungen einer Wurzelkontur im Bild führt dies zu schlechteren Ergebnissen, weil lokal hohe Gradientenbeträge eine ungünstige Konturform ausgleichen können und sich damit die detektierte Kontur vom Wurzelrand entfernen kann. Um dieses Problem durch eine Veränderung der Kostenfunktion zu beheben, müssten deutlich mehr Vorgängerknoten betrachtet werden, wodurch Form und Berechnung der Kostenfunktion signifikant aufwändiger würden.



**Abbildung 5.6: Pruningeffekt.** Die Knoten der Offen-Liste, deren Pixel in (c) grün dargestellt sind, markieren den aktuellen Suchbereich. Knoten in der Geschlossen-Liste (rote Pixel) ohne Nachbarn in der Offen-Liste können keine neuen Pfade generieren. Damit können Lücken in Wurzelkonturen häufig nicht überbrückt werden, wenn sie größer sind als die Ausdehnung der grünen Fläche.

Mit Hilfe eines erweiterten Expansionsansatzes können jedoch Probleme, die ihre Ursache in der schwierigen Modellierbarkeit der Wurzelform und dem Fehlen des Wissens über den Zielknoten haben, sehr gut behoben werden. Aus diesem Grund wurde im Rahmen dieser Arbeit das in [EP05] beschriebene hierarchische Expansionsverfahren entwickelt, das im nächsten Abschnitt vorgestellt wird.

## 5.3 Der Hierarchische Wurzel- $A^*$

Der hierarchische Wurzel- $A^*$  stellt eine Erweiterung und gleichzeitig eine Verallgemeinerung des ursprünglichen Wurzel- $A^*$  dar. Er fügt ihm eine zusätzliche hierarchische Ebene hinzu, auf welcher der grobe Verlauf des Wurzelkonturpaares bestimmt wird. Durch diese Trennung zwischen lokalen und globalen Wurzeleigenschaften können die Forderungen des Wurzelmodells genauer formuliert und einfacher realisiert werden. Der Suchraum ist damit effizienter einschränkbar und die Suche wird robuster.

In diesem Unterkapitel wird zuerst die allgemeine Idee des Verfahrens vorgestellt. Anschließend werden die beiden Ebenen der Hierarchie beschrieben und insbesondere auf deren Expansionsschemata und Kostenfunktionen eingegangen.

### 5.3.1 Idee

Die Idee der hierarchischen Suche besteht darin, den  $A^*$ -Algorithmus auf zwei Ebenen mit unterschiedlichem Detailgrad zu verwenden. Die obere Ebene, hier Konturebene genannt, bestimmt dabei den globalen Verlauf des Konturpaares. Die untere Ebene, die als Pixelebene bezeichnet wird, ist für den lokalen Verlauf verantwortlich. Diese Aufteilung wird durch Abbildung 5.9(a) auf Seite 66 etwas deutlicher. Die Knoten der Konturebene werden dort als Kreispaare, die der Pixelebene als Paare von Quadraten dargestellt.

Die Konturebene ermittelt bei der Knotenexpansion für jeden von ihr betrachteten Konturknoten alle möglichen Nachfolger. Diese weisen einen deutlich größeren Abstand auf als die Knoten der Pixelebene, die als Pixelknoten bezeichnet werden. Die Kosten der Kanten zwischen benachbarten Konturknoten werden mit Hilfe der Pixelebene berechnet, die zwischen jeweils zwei Konturknoten ein optimales Konturpaar bestimmt. Auf diese Weise entspricht eine Kante auf der Konturebene genau einem Pfad auf der Pixelebene und damit einem Konturpaar im Bild. Die Pixelebene ist somit nur noch für die Bestimmung optimaler Teilpfade verantwortlich und die Wahl des groben Konturverlaufs verlagert sich auf die globaler orientierte Konturebene. Diese kann durch die Wahl der zu verbindenden Knoten sehr einfach den Verlauf der gefundenen Konturpaare bestimmen und damit beispielsweise deren zulässige Krümmung beschränken. Dieses Vorgehen erlaubt eine geeignetere Beschränkung des Suchraums und damit eine Steigerung der Robustheit des Verfahrens.

Gleichzeitig kann die Pixelebene eine Restkostenschätzung durchführen, da ihr jetzt ein Zielknoten zur Verfügung steht. Somit kann auch auf dieser Ebene der Suchraum besser eingegrenzt werden. Neben verbesserten Detektionsresultaten aufgrund des genaueren Wurzelmodells sind auf diese Weise zusätzlich Laufzeiteinsparungen im Vergleich zum ursprünglichen Wurzel- $A^*$  erreichbar (siehe Kapitel 6).

### 5.3.2 Ebene 1: Pixelebene

Die Pixelebene verknüpft zwei vorgegebene Knoten durch die Bestimmung eines optimalen verbindenden Konturpaares. Hierfür wird der bereits vorgestellte Suchgraph verwendet und zur Berechnung des optimalen Pfades wieder auf den  $A^*$ -Algorithmus zurückgegriffen. Das von ihm gelieferte Ergebnis, das ein solches Teilkonturpaar repräsentiert, wird von der übergeordneten Konturebene zur Bestimmung des globalen Wurzelverlaufes genutzt. Da von der Konturebene sowohl Start- als auch Zielknoten vorgegeben werden, ist es auf der Pixelebene nun möglich, eine Restkostenschätzung durchzuführen. Die genaue Realisierung der Suche wird in den folgenden Unterabschnitten beschrieben.

#### Suchalgorithmus

Wie bereits erwähnt und durch die Bezeichnung „hierarchischer Wurzel- $A^*$ “ angedeutet, gelangt auf der Pixelebene der  $A^*$ -Algorithmus zum Einsatz. Sein Suchgraph und die Knotenexpansion werden dabei genau wie in Abschnitt 5.2 gewählt. Anstelle der ursprünglichen Kostenfunktion wird nun jedoch eine adaptierte Kostenfunktion verwendet, die effektivere Beschränkungen bezüglich der lokalen Konturenkrümmung erlaubt und zusätzlich die Restkostenschätzung erleichtert. In Kombination mit der übergeordneten Konturebene kann so das Wurzelmodell mächtiger formuliert und einfacher angepasst werden. Aufgrund der Adaptionen und der Ähnlichkeiten zum ursprünglichen Wurzel- $A^*$  wird der Suchalgorithmus der Pixelebene im Folgenden als adaptierter Wurzel- $A^*$  bezeichnet.

Die Eigenschaften der verwendeten neuen Kostenfunktion werden im folgenden Abschnitt beschrieben.

### Die adaptierte Kostenfunktion

Die ursprünglich in [Jan95] vorgestellte Kostenfunktion modelliert die Eigenschaften einer Wurzelprojektion nur bezüglich Parallelität und Konturlokalisierung. Es lassen sich jedoch noch weitere typische Eigenschaften einer Wurzel beobachten, welche die Verwendung einer anderen Kostenfunktion motivieren. Durch sie wird es möglich, Rechenzeit einzusparen und gleichzeitig die geforderte Form des Wurzelkonturpaares genauer zu spezifizieren. Die Kostenfunktion, die daher in dieser Arbeit verwendet wird, lässt sich aus den folgenden Modellvorstellungen herleiten.

**Wurzelmodell** Betrachtet man die zu analysierenden Minirhizotronbilder, etwa das in Abbildung 5.1(a) auf Seite 45, so lassen sich häufig die folgenden Konturmerkmale von Wurzelprojektionen beobachten:

1. Der Durchmesser ändert sich nur wenig, die Konturen verlaufen also quasi parallel.
2. Am Rand der Wurzel treten starke Änderungen des Grauwertes, also hohe Gradientenbeträge auf.
3. Die projizierten Regionen haben eine längliche Form und werden durch „glatte“ Konturen begrenzt.

Die Kosten  $q(n, m)$  einer Kante zwischen dem Knoten  $n$  und dem Knoten  $m$  werden aufgrund dieser Beobachtungen als

$$q(n, m) = \alpha \cdot \text{parallel}(n, m) + \beta \cdot \text{grad}(n, m) + \gamma \cdot \text{dist}(n, m) \quad (5.4)$$

gewählt. Jedem gewichteten Summanden dieser Funktion obliegt hierbei die Umsetzung einer der oben aufgeführten Beschränkungen. So sollen Konturpaare mit geringer Parallelität, niedrigen Gradienten und geringer Glattheit schlecht bewertet werden, indem ihre repräsentierenden Pfade hohe Kosten zugewiesen bekommen. Verlaufen die Konturenpaare dagegen mit konstantem Abstand, über hohe Gradienten und sehr glatt, so werden den zugehörigen Pfaden nur geringe Kosten zugeordnet.

In den nun folgenden Abschnitten wird für jeden Term eine entsprechende Möglichkeit zur Berechnung vorgestellt.

**Parallelität** Der Parallelitätsterm bevorzugt Konturpaare, deren Abstand zueinander sich nur geringfügig ändert. Dazu wird die Abstandsänderung zwischen den beiden Pixeln eines Knotens entlang des Pfades betrachtet. Die durchgeführten Experimente belegen, dass es hierbei ausreichend ist, nur die Änderung zum direkten Knotenvorgänger

zu betrachten. Dies ist von Vorteil, da somit der Parallelitätsterm  $parallel(n, m)$  der Kostenfunktion durch

$$parallel(n, m) = (\lambda_l + \lambda_r) \cdot \left| \frac{|\vec{m}_l - \vec{m}_r| - |\vec{n}_l - \vec{n}_r|}{|\vec{n}_l - \vec{n}_r|} \right| \quad (5.5)$$

$$\lambda_i := \max\{1, |\vec{m}_i - \vec{n}_i|\}$$

sehr leicht berechnet werden kann. Die Auswirkungen dieser Wahl werden in Abbildung 5.5(b) auf Seite 54 am Beispiel veranschaulicht. Mit  $\vec{m}_l$  und  $\vec{m}_r$  werden die Positionen des linken und rechten Pixels von  $m$  und mit  $\vec{n}_l$  und  $\vec{n}_r$  entsprechend die Positionen des linken und rechten Pixels von  $n$  bezeichnet. Die Skalierung mit  $(\lambda_l + \lambda_r)$  erfolgt, da andernfalls diagonale Schritte bevorzugt würden. Dies wird am Beispiel zweier Konturpaare gleicher euklidischer Länge  $L$  deutlich, von denen eines horizontal und eines diagonal verläuft. Wenn bei beiden in jedem Schritt die gleichen Parallelitätskosten  $K_P$  anfallen, so wären die Gesamtkosten der Parallelität für das horizontal verlaufende Konturpaar größer als die Kosten für das diagonal verlaufende Paar. In diesem Fall würde  $L \cdot K_P > \frac{L}{\sqrt{2}} \cdot K_P$  gelten, da bei horizontalem Verlauf insgesamt  $L$  Pixelschritte pro Kontur benötigt werden, bei diagonalem jedoch nur  $\frac{L}{\sqrt{2}}$ . Dies kann durch die normierende Skalierung der Kosten mit  $(\lambda_l + \lambda_r)$  korrigiert werden, wodurch dann  $(1 + 1) \cdot L \cdot K_P = \frac{(\sqrt{2} + \sqrt{2}) \cdot L}{\sqrt{2}} \cdot K_P$  gilt. Die Parallelitätskosten werden auf diese Weise quasi rotationsinvariant gewählt.

**Gradient** Durch die Schätzung der Gradientenbeträge (siehe Abschnitt 4.1) wird jedem Pixel im Bild ein Maß für die Stärke der Grauwertänderung an dieser Stelle zugeordnet. Da die Ränder der Wurzelregion normalerweise auf Stellen mit sehr starken Änderungen dieser Art liegen, erzeugt der Term  $grad(n, m)$  hohe Kosten für Pfade, die auf niedrigen Gradientenbeträgen verlaufen. Er wird ähnlich wie in [Jan95] als

$$grad(n, m) = \lambda_l \cdot \left( \frac{S_{max} - S_{mag}(\vec{m}_l)}{S_{max} - S_{min}} \right)^{P_{grad}} + \lambda_r \cdot \left( \frac{S_{max} - S_{mag}(\vec{m}_r)}{S_{max} - S_{min}} \right)^{P_{grad}} \quad (5.6)$$

definiert, wobei wieder

$$\lambda_i := \max\{1, |\vec{m}_i - \vec{n}_i|\}$$

gilt. Mit  $S_{max}$  und  $S_{min}$  werden dabei die maximal und minimal im Bild auftretenden Gradientenbeträge bezeichnet. Der am linken bzw. rechten Pixel des Knotens auftretende Gradientenbetrag wird mit  $S_{mag}(\vec{m}_l)$  bzw. mit  $S_{mag}(\vec{m}_r)$  bezeichnet. Auf diese Weise entsteht für jeden der beiden Pixel des betrachteten Knotens ein Kostenbeitrag, der zwischen Eins und Null liegt. Er ist gleich Null, wenn der Pixel auf einem maximal auftretenden Gradientenbetrag liegt und gleich Eins, wenn der Gradientenbetrag des Pixels dem niedrigsten auftretenden Gradientenbetrag des Bildes entspricht.

Beide Terme werden mit  $P_{grad}$  potenziert, um im Falle geringer Gradientenbeträge mehr Gewicht auf die anderen Teile der Kostenfunktion zu legen und so in Bildteilen mit geringem Kontrast trotzdem die gewünschte Wurzelform zu erhalten. Dieses Ziel konnte

mit einem empirisch ermittelten Wert von  $P_{grad} = 3$  gut erreicht werden. Analog zum Parallelitätsterm werden die Kosten zusätzlich mit  $\lambda_l$  und  $\lambda_r$  skaliert, um achsenparallele und diagonale Schritte gleich zu behandeln.

**Distanz** Der Distanzterm der Kostenfunktion bestraft lange Konturen und bevorzugt damit von zwei Konturpaaren, die etwa gleich lange Regionen einschließen, das der Region mit den glatteren Rändern. Gleichzeitig wird durch ihn eine unnötige Krümmung der Konturen vermieden. Er betrachtet die paarweisen Distanzen zwischen den Pixeln des Knotens  $m$  und seines Nachfolgers  $n$ . Wenn  $\vec{m}_l$  und  $\vec{m}_r$  die Positionen des linken und rechten Pixel des Knotens  $m$  sind und  $\vec{n}_l$  und  $\vec{n}_r$  die analogen Positionen für  $n$ , so kann der Distanzterm durch

$$dist(n, m) = |\vec{m}_l - \vec{n}_l| + |\vec{m}_r - \vec{n}_r| \quad (5.7)$$

berechnet werden. Diese Wahl ermöglicht eine einfache Restkostenschätzung, da die verbleibenden Pfadkosten zumindest immer als Summe der euklidischen Distanzen der Knotenpixel zu den Pixeln des Zielknotens abgeschätzt werden können.

Im folgenden Abschnitt wird noch etwas genauer auf die Möglichkeiten zur Abschätzung der Restkosten eingegangen.

### Restkostenschätzung

Durch das nun vorhandene Wissen über die Position des zu erreichenden Zielknotens  $z$  kann jetzt, im Gegensatz zum ursprünglichen Wurzel- $A^*$ , auch eine Abschätzung der Restkosten erfolgen. Ihre prinzipielle Form lässt sich durch

$$h'(n) = \alpha \cdot parallel_z(n) + \beta \cdot grad_z(n) + \gamma \cdot dist(n, z) \quad (5.8)$$

beschreiben. Diese Abschätzung sollte nach [NB87] optimistisch sein, also die wahren Restkosten nicht übersteigen. Unter Berücksichtigung dieser Bedingung werden nun die möglichen Beiträge für Parallelität, Gradienten und Distanz diskutiert.

**Parallelitätsbeitrag** Die Abschätzung der verbleibenden Parallelitätskosten gestaltet sich sehr schwierig, da sie häufig nur einen geringen absoluten Beitrag ausmachen. Insbesondere in Fällen, in denen sich die Breite des Konturpaares im betrachteten Knoten nicht von der im Zielknoten unterscheidet, können die Parallelitätskosten des Restpfades leicht komplett verschwinden. Eine sinnvolle optimistische Restkostenschätzung kann den minimalen Parallelitätsbeitrag daher mit

$$parallel_z(n) = 0$$

ansetzen.

**Gradientenbeitrag** Auch bezüglich der auftretenden Gradientenbeträge auf dem verbleibenden Pfad steht nur wenig Wissen zur Verfügung. Hier lässt sich jedoch eine Eigenschaft der Keimdetektion nutzen, welche die Keime normalerweise dort auf der Wurzel platziert, wo diese die maximalen Gradientenbeträge und damit die geringsten Gradientenkosten aufweisen. Es wird daher davon ausgegangen, dass die Gradientenkosten im Verlauf der Suche nicht abnehmen. Aus diesem Grund wird der bis dato bekannte maximal aufgetretene Gradientenbetrag zur Abschätzung der verbleibenden Kosten verwendet. Die ihm zugeordneten minimalen Kosten  $grad_{min}^n$  werden für den kürzest möglichen Pfad gemäß der Länge  $dist(n, z)$  vom Knoten  $n$  zum Zielknoten  $z$  angenommen. Der Restkostenbeitrag des Gradiententerms wird damit als

$$grad_z(n) = grad_{min}^n \cdot dist(n, z)$$

durch Multiplikation der beobachteten Minimalkosten mit der Distanz zum Zielknoten berechnet.

**Distanzbeitrag** Die Länge des kürzest möglichen Restpfades  $dist(n, z)$  (siehe Formel (5.7)) stellt gleichzeitig die Abschätzung der Restdistanz dar. Sie wird durch die Summe des Abstandes zwischen den korrespondierenden Pixeln des aktuellen Knotens und denen des Zielknotens bestimmt. In Abbildung 5.3(b) entspricht dies genau der rot gestrichelten Entfernung, dort allerdings nur für einen statt zwei Pfade dargestellt. Diese Abschätzung ist sehr gut geeignet, da sie in Spezialfällen die exakten Kosten liefert und aufgrund der Dreiecksungleichung gleichzeitig immer optimistisch ist.

**Gesamtbeitrag** Die Schätzung des gesamten Beitrages ist damit durch

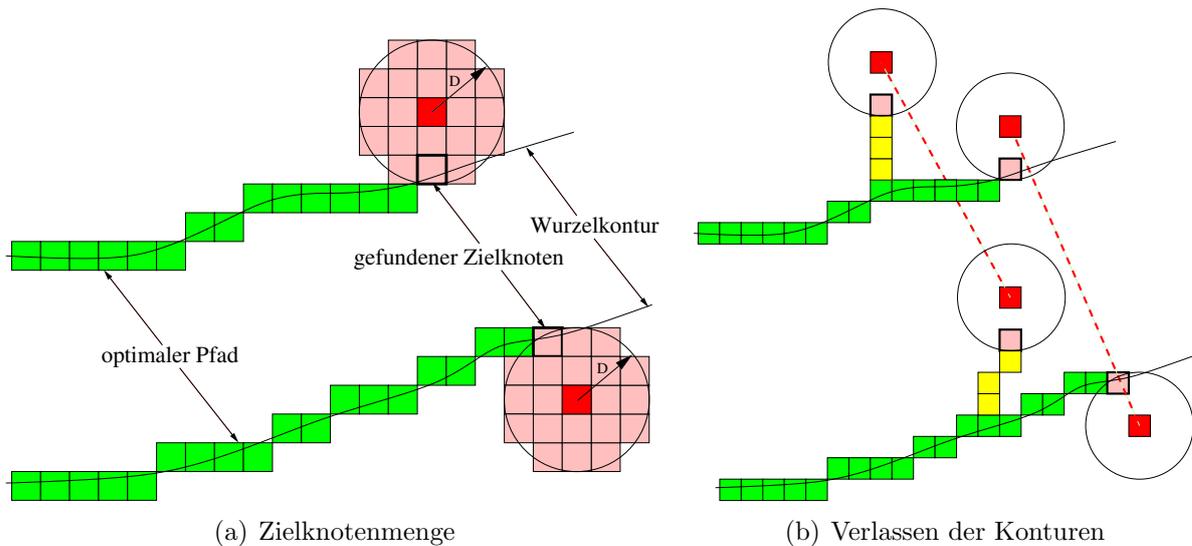
$$h'(n) = \alpha \cdot 0 + \beta \cdot grad_{min}^n \cdot dist(n, z) + \gamma \cdot dist(n, z) \quad (5.9)$$

gegeben. Diese Restkostenschätzung hat sich in den durchgeführten Experimenten gut bewährt, obwohl aufgrund des Gradiententerms nicht garantiert werden kann, dass sie immer optimistisch ist. So ist es durchaus möglich, dass aufgrund geringer werdender Gradientenkosten die Kosten des Restpfades niedriger ausfallen als die vorgeschlagene Abschätzung. Im verwendeten Bildmaterial entsprechen die gefundenen Pfade jedoch auch ohne Garantie der optimistischen Schätzung sehr gut der intuitiven Erwartung.

Ob das Ende des gesuchten Pfades erreicht wurde, wird anhand von Kriterien entschieden, auf die im folgenden Abschnitt eingegangen wird.

## Terminierung

Wenn ein Pfad auf der Pixelebene endet, kann dies unterschiedliche Ursachen haben. Neben dem Normalfall, dem Erreichen eines vorgegebenen Zielknotens, existieren auch Ausnahmen, wie beispielsweise das Auffinden einer Wurzelspitze, in denen die Suche beendet werden muss. In diesem Abschnitt werden daher alle Möglichkeiten beschrieben, die zum Abbruch der Suche führen können.



**Abbildung 5.7: Zielknotenmenge.** Die Menge der Zielknoten wird durch den Repräsentanten (dunkelrote Pixel) und den Zielradius  $D$  bestimmt. (a) Jede Kombination aus hellroten Pixeln stellt einen gültigen Zielknoten im Suchgraph dar. Die beiden Pixel des gefundenen Zielknotens sind dick umrandet und liegen auf den Wurzelkonturen. Dies gilt nicht für den Repräsentanten. (b) Wird die Zielknotenmenge zu weit abseits der Wurzelkonturen gewählt, enthält die gefundene Kontur einen kostengünstigen Teil, der hier gelb markiert wurde.

Die Suche terminiert normalerweise genau dann, wenn ein vorgegebener Zielknoten erreicht wird. Bei Angabe nur eines Zielknotens ist allerdings zu beachten, dass das gefundene Konturpaar unter Umständen die Wurzelkonturen verlassen muss, um diesen Zielknoten zu erreichen. In Abbildung 5.7(a) würde es beispielsweise in dem Knoten enden, der aus den dunkelroten Pixeln besteht und damit die Wurzelkonturen verlassen. Die Pixel des Zielknotens müssten daher immer genau auf beiden Wurzelrändern platziert werden, um ein gültiges Konturpaar finden zu können. Das dafür benötigte Wissen steht zu diesem Zeitpunkt der Suche aber noch nicht zur Verfügung. Aus diesem Grund ist es günstiger, die Bedingungen zum Erreichen des Zieles zu relaxieren und eine größere Menge von Zielknoten anzugeben.

Diese Menge wird durch ein Pixelpaar, den Repräsentanten, und einen Maximalabstand  $D$  beschrieben, der als Zielradius bezeichnet wird. Elemente der Menge und damit gültige Zielknoten sind dann alle Knoten, deren Pixel einen geringeren Abstand als  $D$  zum jeweils korrespondierenden Pixel des Repräsentanten haben. Die Suche terminiert also, wenn die beiden gefundenen Konturen die jeweiligen Zielkreise schneiden, wofür sie in diesem Fall die Wurzelränder nicht verlassen müssen. Auf diese Weise ist es für die Detektion des gesuchten Konturpaares ausreichend, die Pixel des Repräsentanten in geringerer Entfernung als  $D$  zu den Wurzelkonturen zu platzieren. Das Wissen über die Position des tatsächlich erreichten Zielknotens wird dann auch der Konturebene zur Verfügung gestellt. Der Vorteil ist, dass die Konturebene auf diese Weise die ungefähre Position des

Ziele wählen kann, ohne genaueres Wissen über den lokalen Verlauf der Wurzelkonturen haben zu müssen. Um die Wurzelränder zu bestimmen, ist es damit völlig ausreichend, das Suchziel in hinreichender Nähe dieser Konturen zu platzieren.

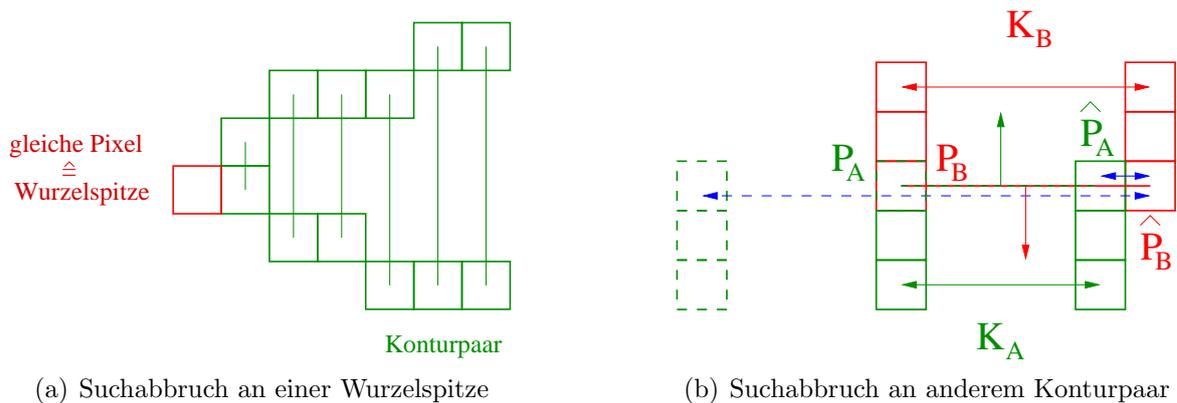
Durch die Angabe einer Menge von Zielknoten wird die Berechnung der Restkosten scheinbar komplizierter, da unbekannt ist, welcher Zielknoten erreicht werden wird. Der einzige davon betroffene Term ist jedoch  $dist(n, z)$  und dieser kann durch eine einfache Modifikation entsprechend angepasst werden. Als Entfernung zum Zielknoten wird dazu die Entfernung zum Repräsentanten abzüglich des Zielradius'  $D$  bestimmt. Die Restdistanz hat damit die folgende konkrete Form

$$dist_D(n, z) = \max(0, |\vec{n}_l - \vec{z}_l| - D) + \max(0, |\vec{n}_r - \vec{z}_r| - D)$$

und verwendet immer den nächstgelegenen Zielknoten auf dem Weg zum Repräsentanten.

Manchmal wird das vorgegebene Ziel jedoch nicht erreicht, weil die verfolgten Wurzelkonturen bereits vorher enden. Die in Abschnitt 5.2.5 aufgeführten Abbruchkriterien des ursprünglichen Wurzel- $A^*$  werden daher auch auf der Pixelebene des hierarchischen Wurzel- $A^*$  verwendet, um das Erreichen eines Wurzelendes zu detektieren. Auf diese Weise wird die Suche auch dann abgebrochen, wenn eine Wurzelspitze gefunden (siehe Abbildung 5.8(a)), der Bildrand erreicht oder eine obere Schwelle für die Konturkosten überschritten wird. Zusätzlich kann die Suche allerdings auch terminiert werden, wenn ein anderes Konturpaar  $K_B$  gefunden wird. Dies ist genau dann der Fall, wenn ein Pixel  $P_A$  des aktuell betrachteten Konturpaares  $K_A$  auf einem Pixel  $P_B$  von  $K_B$  platziert wird. In diesem Fall wird überprüft, ob beide Konturen die gleiche Wurzelprojektion überdecken, indem bis zu drei Tests durchgeführt werden:

1. Zuerst werden die Expansionsrichtungen beider Konturpaare an der betreffenden Stelle verglichen. Wenn sich diese, unter Vernachlässigung des Vorzeichens, zu stark unterscheiden, beschreiben  $K_A$  und  $K_B$  wahrscheinlich sich kreuzende Wurzeln und ein vorzeitiger Abbruch der Suche ist an dieser Stelle nicht angezeigt.
2. Andernfalls werden die Konturabstände beider Konturpaare verglichen und bei zu großem Unterschied von der Überlagerung zweier unterschiedlich dicker Wurzeln mit der gleichen lokalen Richtung ausgegangen. Die Suche wird normal fortgesetzt.
3. Stimmen dagegen Konturabstände und lokale Expansionsrichtungen nahezu überein, wird als letztes überprüft, ob beide Konturpaare eine gemeinsame Region überdecken. Dafür werden diejenigen Pixel der beiden Knoten betrachtet, deren Positionen nicht identisch sind. Wenn der Knoten  $K_A$ , wie in Abbildung 5.8(b), die Pixel  $P_A$  und  $\hat{P}_A$  enthält und der Knoten  $K_B$  die Pixel  $P_B$  und  $\hat{P}_B$ , so müssten  $\hat{P}_A$  und  $\hat{P}_B$  betrachtet werden. Ist der Abstand dieser beiden Pixel größer als der Abstand der Konturen des breiteren Konturpaares, in Abbildung 5.8(b) wäre dies  $K_B$ , so wurden zwei unterschiedliche Wurzeln gefunden, die direkt nebeneinander entlangwachsen. Dieser Fall gilt in der Abbildung für die grün gestrichelte Kontur (blau gestrichelter Abstand). Andernfalls überdeckt die Kontur  $K_B$  (blauer Abstand) tatsächlich



**Abbildung 5.8: Terminierung auf Pixelebene.** (a) Anhand gleicher Knotenpixel wird eine Wurzelspitze detektiert. (b) Aufgrund der identischen Positionen der Pixel  $P_A$  und  $P_B$  wurde bei der Expansion des grünen Konturpaares  $K_A$  das rote Konturpaar  $K_B$  gefunden. Es sind drei Bedingungen erfüllt: 1. Die Abstände der Konturen beider Paare (gemessen zwischen  $P_A$  und  $\hat{P}_A$  und  $P_B$  und  $\hat{P}_B$ ) sind ähnlich genug. 2. Ihre Expansionsrichtungen sind hinreichend parallel. 3. Der blaue Abstand der nicht identischen Pixel  $\hat{P}_A$  und  $\hat{P}_B$  ist ausreichend klein. Damit kann die Suche an dieser Stelle abgebrochen werden. Würde das expandierte Konturpaar  $K_A$  stattdessen die grün gestrichelte Kontur enthalten, wäre die letzte Bedingung nicht erfüllt (blau gestrichelter Abstand) und die Expansion würde fortgesetzt.

bereits eine Region, welche die Expansion von  $K_A$  nun finden würde. Damit kann die Suche an dieser Stelle abgebrochen und so eine mehrfache Detektion des gleichen Wurzelstückes vermieden werden.

Die Verwendung dieser drei zusätzlichen Bedingungen macht das resultierende Abbruchkriterium spezifischer als das des ursprünglichen Wurzel-A\* (vgl. Abschnitt 5.2.5). Es vermeidet somit unerwünschte Suchabbrüche, etwa wenn sich zwei Wurzeln kreuzen.

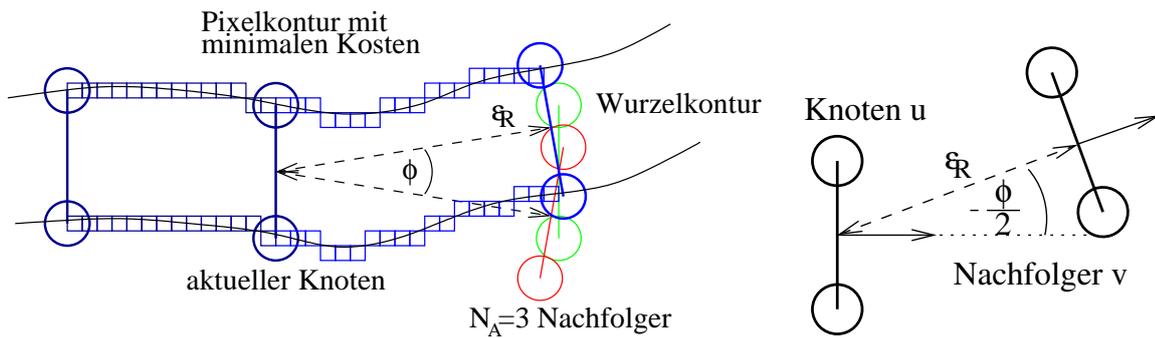
Der Ort und die genaue Ursache des Abbruchs werden an die übergeordnete Ebene der Hierarchie weitergegeben, welche diese Informationen zur Detektion des globalen Wurzelendes verwendet und in den nächsten Abschnitten beschrieben wird.

### 5.3.3 Ebene 2: Konturebene

Die Konturebene stellt die obere, weniger detailliert agierende Ebene des hierarchischen Wurzel-A\* dar. Sie ist für die Wahl des groben Konturpaarverlaufes verantwortlich und verwendet dafür sowohl einen anderen Suchgraphen, als auch eine andere Kostenfunktion. Beide Komponenten werden in diesem Abschnitt beschrieben, nachdem die prinzipielle Idee des Ansatzes vorgestellt wurde.

#### Idee

Die Kernaufgabe der Konturebene ist es, den Wurzelverlauf globaler zu betrachten und durch diesen besseren „Überblick“ lokale Fehlentscheidungen zu vermeiden. Um dies zu



(a) Drei Nachfolger und das von der Pixelebene gefundene optimale Konturpaar zum geeignetsten von ihnen (blau). (b) Die Position des ersten Nachfolgers, hier für  $N_A = 3$ .

**Abbildung 5.9: Expansion auf der Konturebene.** Die Nachfolger eines Knotens werden unter Berücksichtigung der bisherigen Expansionsrichtung, der Entfernung  $\varepsilon_R$  und dem Winkel  $\phi$  berechnet. Die Positionen sind hier beispielhaft für  $N_A = 3$  Nachfolger dargestellt.

erreichen, werden verschiedene Hypothesen über den groben Verlauf der Wurzelränder getestet und diejenige mit Hilfe eines angepassten  $A^*$ -Algorithmus<sup>7</sup> bestimmt, die mit dem Wurzelmodell am besten übereinstimmt.

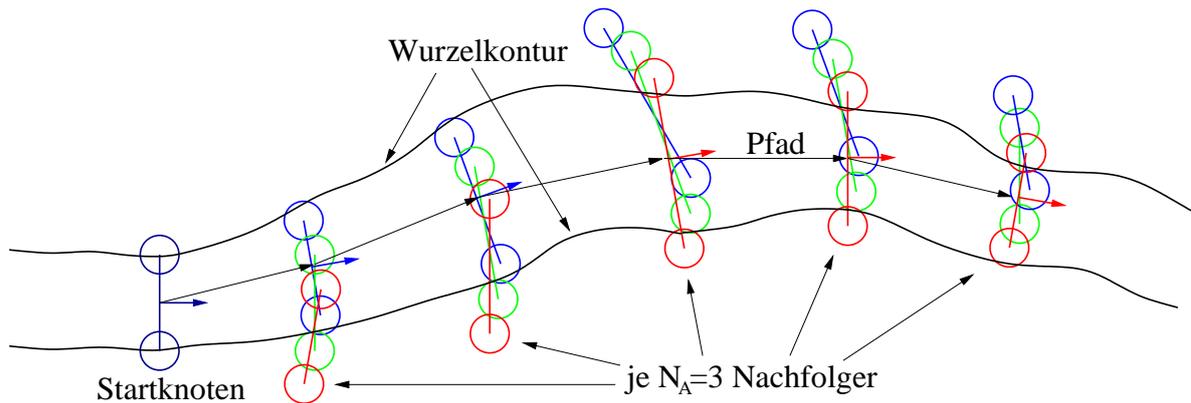
Die zu testenden Hypothesen werden dabei wieder durch Pfade in einem Suchgraphen repräsentiert, der ebenfalls implizit definiert wird. Der auffälligste Unterschied zum Suchgraphen der Pixelebene ist dabei der Abstand der Konturknoten zueinander, der deutlich größer gewählt wird als derjenige der Pixelknoten. Dieser Abstand wird durch den Parameter  $\varepsilon_R$  bestimmt, wie Abbildung 5.9(b) beispielhaft dargestellt. Für das bearbeitete Bildmaterial wurde der Abstand  $\varepsilon_R$  beispielsweise gleich 100 Pixel gewählt (siehe Kapitel 6).

Die nun nicht mehr triviale Verbindung zweier Konturknoten durch ein Konturpaar wird von der Pixelebene geliefert. Die von ihr ermittelten Pfadkosten werden gleichzeitig zur Berechnung der Kosten der zugehörigen Konturkante verwendet. Auf diese Weise können das lokal agierende Wurzelmodell der Pixelebene und das globaler orientierte Modell der Konturebene zu einer umfassenderen Wurzelbeschreibung kombiniert werden. Die Verwendung dieser Hierarchie erlaubt dabei die Konzentration auf einzelne Teile des Modells und die Trennung beider Sichtweisen. Durch dieses Vorgehen kann die Genauigkeit des Gesamtwurzelmodells erhöht werden, ohne die Modellierung wesentlich zu verkomplizieren.

Im folgenden Abschnitt liegt das Augenmerk auf der Form des Kontursuchgraphen und damit der Umsetzung des globalen Teils des Gesamtwurzelmodells.

### Suchgraph und Knotenexpansion

Die Knoten des verwendeten Kontursuchgraphen werden durch ein Paar von Pixeln und einen Richtungsvektor repräsentiert, der die lokale Richtung des Konturpaares in diesem Knoten angibt. In Abbildung 5.10 ist dies in Anlehnung an Abbildung 5.7 beispielhaft



**Abbildung 5.10: Implizite Darstellung des Konturgraphen.** Konturknoten werden als verbundenes Kreispaar dargestellt, das die Menge der Zielknoten als Kombinationen der in den Kreisen liegenden Pixel beschreibt. Für jeden Knoten werden  $N_A = 3$  Nachfolger generiert. Von dem dadurch entstehenden Baum ist hier nur ein Pfad dargestellt. Ein gültiges Konturpaar muss durch einen Pfad dieses Baumes beschreibbar sein.

für diejenigen Knoten dargestellt, die auf den Wurzelkonturen liegen. Die Menge der Zielknoten für die Pixelebene wird durch den Konturknoten bestimmt, der die Funktion des Repräsentanten übernimmt und der Zielradius  $D$  für alle Konturknoten konstant gewählt.

Zwei benachbarte Knoten werden durch eine Kante verbunden, welche das von der Pixelebene berechnete und in Abbildung 5.9(a) dargestellte, optimale verknüpfende Konturpaar repräsentiert. Dieses Paar ist durch den deterministischen Suchalgorithmus der Pixelebene eindeutig bestimmt. Es genügen für die Kantenrepräsentation also die beiden Knoten der Konturebene, die den Startknoten und den Repräsentanten der Zielknotenmenge darstellen. Da sowohl für die Konturknoten als auch für die Startknoten und Repräsentanten im Prinzip Pixelpaare verwendet werden und sich nur die Darstellung der Expansionsrichtung unterscheidet, ist eine Überführung zwischen den verschiedenen Formen sehr einfach. So nutzt die Pixelebene pro Knoten zwei Zeiger auf die jeweiligen Vorgängerpixel, während die Konturebene einen normierten Vektor verwendet, der in Expansionsrichtung zeigt. Beide Formen können damit einfach ineinander transformiert werden.

Der komplette Kontursuchgraph ist, wie auch der Pixelsuchgraph, sehr groß. Daher wird auch für seine Darstellung auf eine implizite Repräsentation zurückgegriffen. Bei der hier vorgestellten Realisierung des hierarchischen Wurzel- $A^*$  wird dabei das folgende Expansionschema verwendet: Ausgehend vom aktuell betrachteten Knoten wird eine Anzahl von  $N_A$  möglichen Nachfolgern derart generiert, dass alle Konturpaare von der Pixelebene erzeugt werden können, die dem globalen Wurzelmodell entsprechende Fortsetzungen darstellen. Ausgenommen sind damit etwa die Knoten, die Ursache für eine zu hohe Krümmung des Konturpaares wären oder eine zu starke Änderung der Konturbreite zulassen würden.

Die  $N_A$  gültigen Nachfolger eines Knotens werden erzeugt, indem der Knoten schrittweise rotiert und translatiert wird. Auf diese Weise entstehen Nachfolger, deren Expansionsrichtungen sich von der Richtung des expandierten Knotens um bis zu einen Winkel von  $\frac{\phi}{2}$  unterscheiden und eine Entfernung von  $\varepsilon_R$  zu ihrem Vorgänger aufweisen. Damit spannen die Expansionsrichtungen dieser Nachfolger einen Winkel der Größe  $\phi$  auf, der im Folgenden als Richtungsdivergenz bezeichnet wird. Die Entfernung  $\varepsilon_R$  zwischen einem expandierten Knoten und seinen Nachfolgern wird Konturknotenabstand genannt und die Position eines Knotens  $u$  mit  $pos(u)$  und seine Expansionsrichtung mit  $\vec{r}$  bezeichnet. Die Lage seiner  $N_A$  Nachfolger  $v_i$  berechnet sich dann als

$$pos(v_i) = pos(u) + \varepsilon_R \cdot rot \left( \vec{r}, \left( i \cdot \frac{\phi}{N_A - 1} - \frac{\phi}{2} \right) \right) \quad (5.10)$$

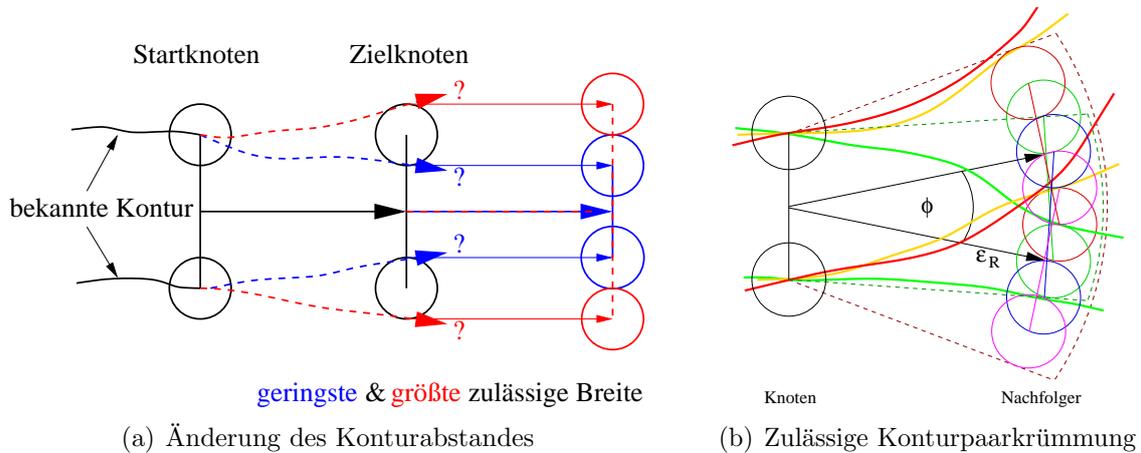
mit  $i \in \{0, \dots, N_A - 1\}$ . Dieses Expansionsschema wird in Abbildung 5.9 am Beispiel von drei Nachfolgern pro Knoten demonstriert. Nachdem die Pixelebene das verbindende Konturpaar für jeden Nachfolger bestimmt hat, werden deren Positionen mit denen der tatsächlich gefundenen Zielknoten aligniert. Auf diese Weise wird der Verlauf des bestimmten Konturpaares den Wurzelrändern während der Suche immer wieder angepasst.

Das gewählte Expansionsschema modelliert also die Annahme, dass sich das Wurzelkonturpaar ungefähr in die bisher bekannte Richtung fortsetzen lässt. Gleichzeitig wird gefordert, dass sich diese Richtung infolge der Wurzelkrümmung nicht zu stark ändert und die Breite des Konturpaares relativ konstant bleibt. Die maximale, global zulässige Krümmung einer Wurzel ist dabei durch den Konturknotenabstand  $\varepsilon_R$  und die Richtungsdivergenz  $\phi$  beschränkt. Unnötige lokale Krümmungen der Konturen werden durch das Expansionsschema der Pixelebene begrenzt und den Distanzterm in der Kostenfunktion der Pixelebene bestraft. Die Änderung des Konturabstandes wird durch den verwendeten Zielradius  $D$  limitiert. Durch die Definition der Zielknotenmenge, die eine Entfernung der Zielpixel um höchstens  $D$  von der Lage der Repräsentantenpixel zulässt (siehe Abschnitt 5.3.2), kann sie höchstens  $2D$  betragen, wie in Abbildung 5.11(a) dargestellt ist.

Für die Expansion auf Konturebene sind insgesamt vier Parameter verantwortlich: die Nachfolgeranzahl  $N_A$ , der Konturknotenabstand  $\varepsilon_R$ , die Richtungsdivergenz  $\phi$  und der Zielradius  $D$ . An diese Parameter sind einige Bedingungen geknüpft, wenn alle gültigen Wurzelkonturpaare gefunden werden sollen. So bestimmen etwa Richtungsdivergenz und Konturknotenabstand die maximal zulässige Krümmung eines zulässigen Konturpaares. Wurden diese beiden Parameter gewählt, so gilt eine Beschränkung für den Zielradius  $D$  und die Nachfolgeranzahl  $N_A$ . Um zu vermeiden, dass eigentlich gültige Konturpaare (siehe Abbildung 5.11(b)) nicht detektiert werden, muss mindestens die Ungleichung

$$D \cdot N_A \geq \phi \cdot \varepsilon_R \quad (5.11)$$

erfüllt sein. Andernfalls überdecken die Zielknotenmengen der Nachfolgeknoten nicht den ganzen mit  $\varepsilon_R$  und  $\phi$  aufgespannten Kreisbogen doppelt und eigentlich zulässige Konturen können eventuell nicht detektiert werden.



**Abbildung 5.11: Konturpaareigenschaften auf Konturebene.** (a) Die Änderung des Konturabstandes ist durch den Parameter  $D$  auf maximal  $2D$  beschränkt. (b) Die zulässige Krümmung des Konturpaares wird primär durch die Wahl von  $\varepsilon_R$  und  $\phi$  begrenzt. Das rote Konturpaar etwa ist zu stark gekrümmt. Die grüne Kontur verringert ihren Konturabstand maximal und muss sich daher im inneren Einzugsbereich befinden. Die gelbe Kontur verändert ihren Konturabstand nicht und wird daher auch im äußeren Bereich gefunden.

Wie man Abbildung 5.11(b) entnehmen kann, können jedoch nur die Konturpaare die maximale Krümmung aufweisen, deren Konturenabstand sich nicht verringert. Andernfalls beeinflusst auch der Zielradius  $D$  die zulässige Krümmung des gefundenen Konturpaares. Bei maximaler Verringerung des Konturabstandes können beispielsweise nur noch diejenigen Konturpaare gefunden werden, die sich in Abbildung 5.11(b) innerhalb des schmalen, gestrichelt gezeichneten, Bereiches befinden. Dies gilt beispielsweise für das grün gezeichnete Konturpaar, dessen rechte Kontur die maximal zulässige Krümmung bei gleichzeitig maximal erlaubter Verringerung des Konturabstandes aufweist. Verringert sich der Abstand der Konturen dagegen nicht, so können alle zulässigen Konturpaare gefunden werden, die sich im breiteren, gestrichelten gezeichneten Bereich dieser Abbildung befinden. Ein Beispiel hierfür stellt das gelb gezeichnete Konturpaar dar, dessen linke Kontur die maximal zulässige Krümmung aufweist.

Bei der Wahl der Parameter empfiehlt es sich daher, zuerst die Detailliertheit der Konturebene durch Wahl des Konturknotenabstandes  $\varepsilon_R$  festzulegen. Anschließend kann die maximal zulässige Konturpaarkrümmung durch eine geeignete Richtungsdivergenz  $\phi$  bestimmt werden. Der Zielradius  $D$  wird so gewählt, dass alle zulässigen Änderungen des Konturabstandes eines Konturpaares gefunden werden können. Hierbei ist eine eventuell mögliche Krümmung des Konturpaares zu berücksichtigen. Schließlich beeinflusst die Nachfolgeranzahl hauptsächlich die Granularität, mit der unterschiedliche Richtungen der Wurzelfortsetzung überprüft werden sollen. Ein sinnvoller minimaler Wert ergibt sich aus Bedingung (5.11). Die Größe des untersuchten Graphen reduziert sich mit größerem Konturknotenabstand  $\varepsilon_R$ , kleinerer Richtungsdivergenz  $\phi$ , kleinerem Zielradius  $D$  und geringerer Nachfolgeranzahl  $N_A$ . Die Konturpaarberechnung auf Pixelebene kann dagegen

mit kleinerem  $\varepsilon_R$  und größerem  $D$  schneller durchgeführt werden. In Kapitel 6 wird auf die verwendeten Werte für diese Parameter genauer eingegangen.

Nach der Form des Suchgraphen und seiner Repräsentation wird nun die verwendete Kostenfunktion beschrieben.

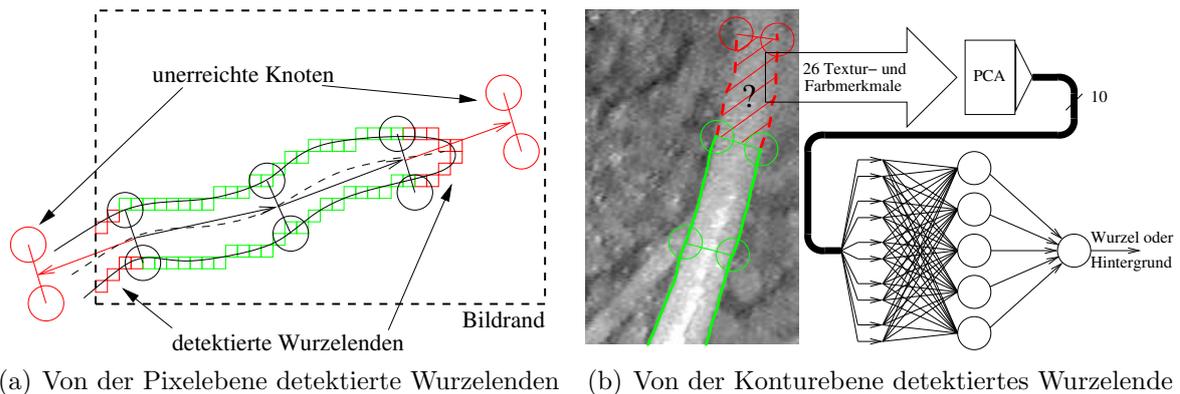
### **Kostenfunktion und Restkostenschätzung**

Wie bereits erwähnt, repräsentiert eine Kante im Konturgraphen einen Pfad im Pixelgraphen. Dieser Pfad wird vom Suchalgorithmus der Pixelebene als optimale Verbindung zwischen den beiden Knoten der Konturkante ermittelt. Für die Qualität der untersuchten Konturkante sind daher die Kosten des gefundenen Pixelpfades von entscheidender Bedeutung. Eine „gute“ Konturkante, also die Beschreibung eines Wurzelstücks, wird aufgrund der gewählten Kostenfunktion geringere Kosten aufweisen, als ein Konturpaar, das über den Hintergrund verläuft und damit eine „schlechte“ Konturkante darstellt. Als Kosten für einen Konturpfad werden daher die Kosten der Verbindungen der Konturknoten des Pfades durch die Pixelebene summiert und mit dem Kehrwert der summierten Abstände der Konturknoten skaliert. Auf diese Weise ist das Qualitätsmaß längeninvariant und die Güte zweier Pfade unterschiedlicher Länge direkt vergleichbar.

Diese Wahl ist möglich, da aufgrund der geringen Größe des Konturgraphen die Implementierung so gewählt werden konnte, dass zu jedem betrachteten Konturknoten nur ein Pfad existiert. Auf diese Weise werden zwar möglicherweise mehrere gleiche Knoten in der Offen-Liste gehalten, jedoch keine Aktualisierungen an den jeweiligen Vorgängern vorgenommen, die zu veränderten Kosten führen könnten. Damit bleiben die Pfadkosten zu einem Knoten konstant bis seine Untersuchung abgeschlossen wurde. Nachträgliche Änderungen der Kosten des zu ihm führenden Pfades können erst bei seiner Expansion auftreten. Diese Änderungen sind für den Ergebnispfad der  $A^*$ -Suche aber nicht relevant, da sich dann nur die Kosten des Pfades ändern, der zu dem Knoten führende Pfad aber konstant bleibt. Damit treten keine rückwirkenden Kostenänderungen auf, welche die Bewertung der noch zu untersuchenden Knoten in der Offen-Liste beeinflussen könnten.

Das intuitivere Vorgehen, jeder Konturkante direkt die Pfadkosten der Pixelebene zuzuordnen, weist folgenden Nachteil auf: Im Verlauf der Suche auf der Konturebene werden die untersuchten Pfade, also die verketteten Konturen der Pixelebene, immer länger. Aus diesem Grund nehmen die Kosten eines Pfades monoton zu, wodurch kurze und schlechte Pfade geringere Kosten aufweisen können als bessere längere Pfade. Dieses Problem bestand bereits beim ursprünglichen Wurzel- $A^*$ , wo es durch Verwerfen der kürzesten Pfade behandelt wurde. Seine Ursache ist die fehlende Restkostenschätzung, welche die zunehmenden Kosten längerer Pfade nicht durch abnehmende Restkosten ausgleicht. Da das zu erreichende Ziel der Gesamtsuche in Form des Wurzelendes jedoch nicht bekannt ist, können die Restkosten normalerweise auch nicht abgeschätzt werden. Die Einführung der beschriebenen Hierarchie hat das Problem lediglich von der Pixelebene auf die Konturebene verlagert, auf der es nun durch Kostennormierung behandelt wird.

Wie das gesuchte Wurzelende erkannt wird, um die Suche rechtzeitig abbrechen zu können, wird im nächsten Abschnitt beschrieben.



**Abbildung 5.12: Terminierung auf Konturebene.** (a) *Detektiert die Pixelebene ein Wurzelende bevor das Zielgebiet erreicht wurde, bricht auch die Suche auf Konturebene ab. Dies ist hier aufgrund des Erreichens des linken Bildrandes der Fall. Die nach rechts verlaufende Expansion terminiert, weil eine Wurzelspitze gefunden wurde.* (b) *Die Konturebene kann für Teilregionen testen, ob es sich um Wurzelregionen handelt. Dies wird mit Hilfe von 26 Textur- und Farbmerkmalen realisiert, die durch eine Hauptachsentransformation (PCA) auf zehn Merkmale reduziert werden. Diese werden von einem MLP zur Unterscheidung genutzt.*

### Terminierung

Die Suche auf der Konturebene soll terminieren, wenn das Wurzelende gefunden wurde. Das prinzipielle Problem des ursprünglichen Wurzel-A\* bleibt dabei auch beim hierarchischen Wurzel-A\* bestehen: Die Position dieses Endes ist zu Beginn der Suche unbekannt. Aus diesem Grund muss auch beim hierarchischen Wurzel-A\* während der Suche für jeden neuen Konturknoten entschieden werden, ob das Wurzelende entdeckt wurde.

**Terminierung durch die Pixelebene** Auf der Pixelebene wird bereits überprüft, ob ein gegebenes Zielgebiet nicht erreicht wird, weil ein Wurzelende im Verlauf der Suche detektiert wurde (siehe Abschnitt 5.2.5). Das dabei gewonnene Wissen wird nun von der Konturebene direkt verwendet und die Suche dann terminiert, wenn ein Knoten untersucht werden soll, zu dem kein gültiges Konturpaar gefunden wurde. In diesem Fall wird das von der Pixelebene bestimmte Teilkonturpaar an den bisher ermittelten Gesamtpfad angehängt und auf diese Weise das komplette Wurzelkonturpaar erzeugt. Dieses Paar stellt, wie in Abbildung 5.12(a) beispielhaft dargestellt ist, das finale Ergebnis des Detektionsalgorithmus' dar.

**Terminierung durch die Konturebene** Zusätzlich können auf Konturebene auch die Regionen untersucht werden, die durch ein Konturpaar zwischen zwei Knoten begrenzt werden. Bestimmte Eigenschaften dieser Regionen können so ebenfalls verwendet werden, um zu entscheiden, ob eine Region vorrangig eine Wurzelprojektion oder den Hintergrund überdeckt. Hierfür scheint besonders die Verwendung von Texturmerkmalen und Farbinformationen geeignet zu sein.

**Texturmerkmale** Zur einfachen Beschreibung von Texturmerkmalen wird häufig die Grauwertübergangsmatrix (*gray level co-occurrence matrix*) verwendet, die beispielsweise in [SH92] beschrieben und hier mit  $G_{\vec{r}}$  bezeichnet wird. Die Definition dieser Matrix erfolgt in Abhängigkeit von einer ungerichteten Punktnachbarschaft  $\vec{r}$ , die auch Relation genannt wird. Ein Eintrag  $G_{\vec{r}}(i, j)$  der Grauwertübergangsmatrix beschreibt die relative Häufigkeit des Auftretens eines Pixelpaares mit den Grauwerten  $i$  und  $j$ , wenn sich die Positionen der Pixel genau um  $\pm\vec{r}$  unterscheiden. Bezeichnet man die Position eines Pixels  $p$  mit  $\vec{p}$ , seine Intensität mit  $I(\vec{p})$  und die Anzahl erfasster Pixelpaare mit  $N$ , so sind durch

$$G_{\vec{r}}(i, j) := \frac{1}{2N} \cdot |\{(\vec{p}, \vec{p} \pm \vec{r}) : I(\vec{p}) = i, I(\vec{p} \pm \vec{r}) = j\}| \quad (5.12)$$

die Elemente der symmetrischen Grauwertübergangsmatrix definiert. Auf ihr lassen sich eine Reihe von skalaren Merkmalen definieren, welche die gesuchten Texturmerkmale beschreiben können. Die Merkmale

$$\text{Autokorrelation}(G_{\vec{r}}) = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N i \cdot j \cdot G_{\vec{r}}(i, j) \quad (5.13)$$

$$\text{Energie}(G_{\vec{r}}) = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N G_{\vec{r}}^2(i, j) \quad (5.14)$$

$$\text{Entropie}(G_{\vec{r}}) = - \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N G_{\vec{r}}(i, j) \cdot \log(G_{\vec{r}}(i, j)) \quad (5.15)$$

$$\text{Kontrast}(G_{\vec{r}}) = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N (i - j)^2 \cdot G_{\vec{r}}(i, j) \quad (5.16)$$

$$\text{Homogenität}(G_{\vec{r}}) = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N \frac{G_{\vec{r}}(i, j)}{1 + |i - j|} \quad (5.17)$$

werden dabei auch in dieser Arbeit verwendet. Sie alle hängen von der verwendeten Relation  $\vec{r}$  ab, für die eine gute Wahl leider nicht offensichtlich ist. Daher werden in Anlehnung an die 8er-Nachbarschaft die vier verschiedenen Relationen

$$\begin{aligned} \vec{r}_1 &= (d, 0)^T && (\text{entspricht } 0^\circ) \\ \vec{r}_3 &= (d, d)^T && (\text{entspricht } 45^\circ) \\ \vec{r}_2 &= (0, d)^T && (\text{entspricht } 90^\circ) \\ \vec{r}_4 &= (-d, d)^T && (\text{entspricht } 135^\circ) \end{aligned}$$

verwendet. Mit dem Parameter  $d$  kann dann die Auflösung der dominanten Texturmerkmale berücksichtigt werden. Für sehr detaillierte Texturen würden sich beispielsweise die Verwendung der 8er-Nachbarschaft empfehlen, in diesem Fall wäre also  $d = 1$  zu wählen.

Für die verwendeten fünf Merkmalskalarergebnisse mit den vier Relationen ergeben sich somit in jedem Fall insgesamt  $5 \times 4 = 20$  Merkmale zur Beschreibung der Regionentextur, die

zur Unterscheidung von Vorder- und Hintergrund verwendet werden können. Sie werden ergänzt durch Informationen über die Wurzelfarbe.

**Farbmerkmale** Normalerweise ist das Originalbild in Farbe verfügbar, auch wenn diese Information in [Jan95] und [Erz01] bisher noch nicht verwendet wurde. Unter der Annahme, dass sich Wurzel und Hintergrund farblich unterscheiden, wird diese zusätzliche Informationsquelle nun benutzt, um ein Wurzelende auf Konturebene zu detektieren. Dazu wird die betrachtete Region bezüglich der Mittelwerte und Varianzen ihrer drei Farbkanäle Rot, Grün und Blau untersucht. Alle  $N$  ihr zugehörigen Pixel seien eindeutig nummeriert und mit  $\vec{p}_j$  bezeichnet, wobei  $j \in \{1, \dots, N\}$  ist. Weiterhin werden die Farbmittelwerte der Region mit  $M_i$ , ihre Farbvarianzen mit  $V_i$  und die Farbintensitäten eines Pixels  $\vec{p}_j$  mit  $I_i(\vec{p}_j)$  bezeichnet, mit  $i \in \{Rot, Grün, Blau\}$ . Dann können die sechs Merkmale

$$M_i = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N I_i(\vec{p}_j) \quad (5.18)$$

$$V_i = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N (M_i - I_i(\vec{p}_j))^2 \quad (5.19)$$

berechnet und zur Beschreibung von Farbeigenschaften einer Region verwendet werden.

Insgesamt stehen damit  $20 + 6 = 26$  Merkmale zur Unterscheidung zwischen Wurzel und Hintergrund zur Verfügung. Mit Hilfe der Hauptachsentransformation (*principal component analysis*, kurz *PCA*) werden diese auf einen Vektor der Dimensionalität zehn reduziert. Dieser Vektor wird als Eingabe für ein künstliches neuronales Netz verwendet (siehe [Zel94]). Es handelt sich dabei um ein MLP (Multilayer Perzeptron) mit fünf Neuronen in der verdeckten Schicht und einem Ausgabeneuron. Dieses MLP wird anhand von Bildteilen trainiert, zu denen manuelle Markierungen von Vorder- und Hintergrund verfügbar sind. Seine gewünschte Ausgabe ist das Verhältnis zwischen überdeckter Wurzelfläche und Gesamtfläche des betrachteten Teilbildes. Dafür verwendet das MLP als Aktivierungs- und Ausgabefunktion eine sigmoidale Funktion. Anhand der Aktivierung seines Ausgabeneurons kann dann mittels eines Schwellwertes  $\theta_{MLP}$  entschieden werden, ob die untersuchte Region mehrheitlich eine Wurzelprojektion oder den Hintergrund überdeckt. Ist letzteres der Fall, wird die Suche auf der Konturebene terminiert, das Konturpaar bis zum vorletzten Konturknoten als Wurzelbegrenzung bestimmt und als Ergebnis zurückgegeben.

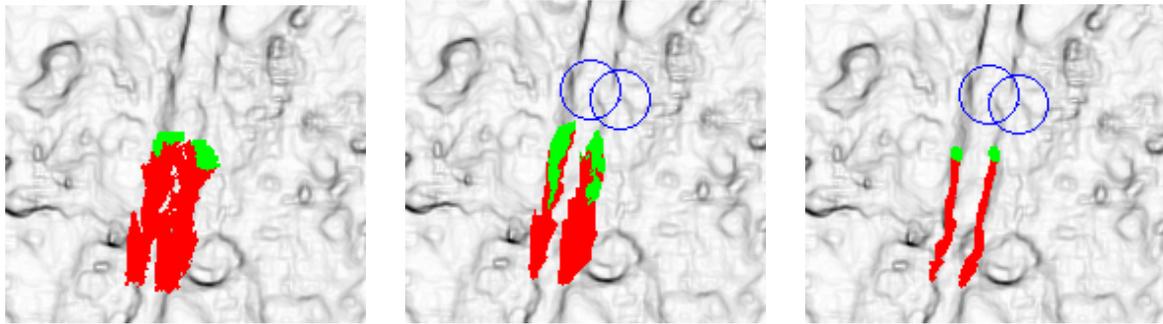
**Schwierigkeiten** Die auf Pixelebene übernommenen Terminierungskriterien des ursprünglichen Wurzel-A\* zeigen beim hierarchischen Wurzel-A\* eine unveränderte Leistungsfähigkeit. Bei hinreichendem Kontrast im Bild und deutlich erkennbarer Wurzelkontur ist es ausreichend, diese Kriterien zu berücksichtigen. In Bildern, in den sich die Wurzeln jedoch vor allem durch Farb- oder Texturmerkmale vom Hintergrund abheben,

können dagegen die zuletzt vorgestellten Unterscheidungsmerkmale eine wichtige Entscheidungshilfe leisten. Leider erwies sich das Training eines MLPs, das für alle vorliegenden Bilder gute Ergebnisse liefert, als sehr kompliziert. An dieser Stelle scheint sich das bereits in [SBE<sup>+</sup>00] erwähnte Problem bei der Wurzelklassifikation mit künstlichen neuronalen Netzen wieder bemerkbar zu machen. Möglich ist auch, dass die gewählten Merkmale nicht leistungsfähig genug sind oder die Struktur des MLPs nicht optimal gewählt wurde. Selbst für den menschlichen Beobachter ist das Erkennen bestimmter Wurzelenden in einigen Bildern jedoch sehr schwierig und stellenweise fast unmöglich. Die Reduktion auf einen Bildausschnitt, den eine untersuchte Region ja darstellt, verkompliziert das Problem weiter. Beim Entwurf eines guten Terminierungskriteriums besteht in diesen Fällen also noch Handlungsbedarf.

### 5.3.4 Pruning: Zweistufige Suchraumbeschränkung

Analog zu dem in Abschnitt 5.2 vorgestellten ursprünglichen Wurzel- $A^*$  wird auch beim hierarchischen Wurzel- $A^*$  die Größe der Offen-Liste auf der Pixelebene beschränkt. Dies ist notwendig, da aufgrund der Länge der gesuchten Pfade und der konservativen Restkostenschätzung die Offen-Liste ansonsten zuviel Speicherplatz beanspruchen würde. Durch die Restkostenschätzung verteilen sich die Knoten der Offen-Liste nun allerdings über einen größeren Teil des untersuchten Pfades, so dass bei gleicher Ergebnisqualität die Größe dieser Liste deutlich kleiner als beim ursprünglichen Wurzel- $A^*$  gewählt werden kann. Das prinzipielle Problem, dass Optimalpfade beim Pruning verloren gehen können, bleibt bestehen. Allerdings sinkt die Wahrscheinlichkeit dafür, beim Verwerfen scheinbar ungeeigneter Pfade einen guten Pfad zu entfernen, da die in der Offen-Liste enthaltenen Knoten nun Teile sehr unterschiedlicher Pfade sind. Damit kann der  $A^*$ -Algorithmus auf der Pixelebene des hierarchischen Wurzel- $A^*$  den untersuchten Pfadverlauf auch an weiter zurückliegenden Stellen ändern, wie Abbildung 5.13 im Vergleich zum ursprünglichen Wurzel- $A^*$  darstellt. Dafür wurden zu einem Zeitpunkt der Suche sowohl die Knoten der Offen-Liste als auch die Knoten der Geschlossen-Liste in den entsprechenden Ausschnitt des Gradientenbilds eingetragen. Alle Pixel der Offen-Knoten wurden grün markiert und alle Pixel der Geschlossen-Knoten rot. Die zulässige Größe der Offen-Liste  $S_{O_{max}}$  betrug in allen Fällen 2000 Knoten. Man erkennt recht gut, dass die Menge der Knoten in der Offen-Liste beim ursprünglichen Wurzel- $A^*$  nur einen vergleichsweise geringen Teil (ca. 20%) des bisher untersuchten Pfades abdeckt. Beim hierarchischen Wurzel- $A^*$  überdeckt sie dagegen etwa die Hälfte des bereits betrachteten Weges. Aus diesem Grund kann der hierarchische Wurzel- $A^*$  auch flexibler auf Problemstellen im Bild reagieren als der ursprüngliche Wurzel- $A^*$ , dessen lokale Offen-Liste nur geringe Korrekturen des Pfadverlaufes erlaubt. Bei größeren Lücken in der Wurzelkontur erweist sich diese verminderte Fähigkeit des ursprünglichen Wurzel- $A^*$  häufig als nachteilig.

Anstelle der teuersten Knoten können beim hierarchischen Wurzel- $A^*$  auch diejenigen Knoten aus der Offen-Liste entfernt werden, welche die höchste Restkostenschätzung bezüglich des Distanztermes aufweisen. Dies entspricht dem Verwerfen der Knoten mit dem

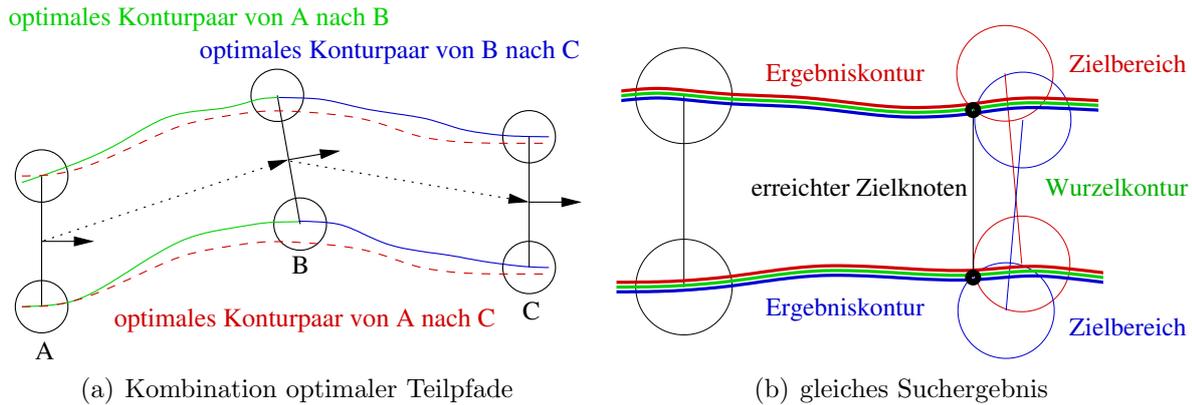


(a) Offen und Geschlossen des ursprünglichen Wurzel-A\* (b) Offen und Geschlossen des hierarchischen Wurzel-A\* (Pruning: Kosten) (c) Offen und Geschlossen des hierarchischen Wurzel-A\* (Pruning: Restdistanz)

**Abbildung 5.13: Pruningeffekt.** Analog zu Abbildung 5.6 werden die Pixel der Knoten in der Offen-Liste grün und die Knoten der Geschlossen-Liste rot dargestellt. Im Gegensatz zum ursprünglichen Wurzel-A\* in (a) erlaubt der hierarchische Wurzel-A\* bei gleicher zulässiger Offen-Größe  $S_{O_{max}}$  Pfadkorrekturen, die weiter zurückreichen. Dies ist in (b) an dem längeren Pfad erkennbar, der durch grüne Pixel überdeckt wird. Wählt man als Pruningkriterium hingegen die Distanz zum Zielbereich, der durch blaue Kreise markiert ist, so sind beim hierarchischen Wurzel-A\* auf gleicher Pfadlänge weniger Expansionen nötig. Aus diesem Grund sind die roten Flächen in (c) deutlich kleiner.

größten Abstand zum Zielgebiet und ähnelt damit der Pruningstrategie des ursprünglichen Wurzel-A\*, welche die Knoten mit den kürzesten Pfaden verwirft. Allerdings ist sie deutlich selektiver, da sie die Kontur auf jeden Fall in die richtige Richtung zwingt. Das hierfür notwendige Wissen, das durch die Vorgabe des Zielgebietes durch die Konturebene vorhanden ist, steht dem ursprünglichen Wurzel-A\* nachteiligerweise nicht zur Verfügung. Deshalb kann dieser auch falsche Entscheidungen bezüglich der gewählten Richtung treffen. Eine entsprechende Fehlentscheidung beim hierarchischen Wurzel-A\* kann dagegen durch die Betrachtung auf der Konturebene vermieden werden. Aus diesem Grund liefert auch das Verwerfen von Knoten mit hoher Restdistanz gute Gesamtergebnisse. Aufgrund der gleichzeitig geringeren Anzahl notwendiger Knotenbetrachtungen wird dieses Vorgehen hier als Pruningstrategie verwendet.

Die Anzahl der Knoten, die auf der Konturebene untersucht werden, ist im Vergleich zur Pixelebene sehr gering. Aus diesem Grund kann auf eine Größenbeschränkung der Offen-Liste auf der oberen Hierarchieebene verzichtet und damit die Gefahr des Verlustes eines optimalen Pfades verringert werden. Die obere Ebene der eingeführten Hierarchie begrenzt den Suchraum allerdings auch ohne diese Beschränkung: Bei der Expansion eines Knotens werden die optimalen Teilpfade zu allen seinen Nachfolgern von der Pixelebene berechnet. Dies geschieht, ohne den späteren Verlauf des Konturpaares zu berücksichtigen. Aus diesem Grund stellen die gewählten Teilkonturen zu den Nachfolgern des Knotens möglicherweise nur lokale Optima dar. Die finalen Konturpaare werden beim hierarchischen Wurzel-A\* aus diesen Teilpfaden zusammengesetzt, wie Abbildung 5.14(a) beispielhaft zeigt. Im Verlaufe der Suche auf Konturebene werden die Teilpfade nicht mehr verändert und



**Abbildung 5.14: Effekte der Konturebene.** Wie in (a) dargestellt, werden längere Pfade aus Kombinationen optimaler Teilpfade gebildet (hier grün und blau dargestellt). Da der Endknoten des grünen Teilpfades den Startknoten des blauen Teilpfades festlegt, kann der rot gestrichelte Pfad geringere Gesamtkosten aufweisen. (b) Ist die Überlappung der Zielbereiche hoch, kann das gleiche Konturpaar mehrmals gefunden werden. Die ausgewählte Kante im Konturgraph ist dann für das Gesamtergebnis jedoch unbedeutend.

der Suchraum auf diese Weise merklich eingeschränkt. Aus dem folgenden Grund stellt dies jedoch keinen Nachteil dar: Durch die verwendete Kostenfunktion sind ausgeprägte Wurzelränder ein starker Attraktor für das gefundene Konturpaar. Die kostengünstigsten Konturpaare, die von der Pixelebene bestimmt wurden, befinden sich daher recht genau auf den Wurzelrändern und lokal optimale Pfade entsprechen dem zugehörigen Teil des global optimalen Pfades sehr gut. Dass der so eingeschränkte Suchraum die eigentlich gesuchten Pfade immer noch enthält, wird auch bei der Betrachtung der resultierenden Ergebnisse in Kapitel 6 deutlich.

Wählt man bei der Expansion auf Konturebene den Zielradius  $D$  im Vergleich zu dem Abstand benachbarter Nachfolgerknoten groß, so ist es möglich, dass zwei unterschiedliche Kanten im Konturgraphen ein nahezu gleiches Konturpaar beschreiben. Dieser Fall tritt etwa bei kleiner Richtungsdivergenz und großer Nachfolgeranzahl auf und ist in Abbildung 5.14(b) dargestellt. Sein Auftreten ist jedoch für das Ergebnis der Wurzeldetektion irrelevant, da die jeweiligen Zielknoten an den erreichten Knoten angepasst werden und die Suche von dort fortgesetzt wird. So unterscheiden sich in diesem Fall zwar die Repräsentationen des gefundenen Wurzelkonturpaares im Konturgraphen, die ausschlaggebende Lage beider Teilkonturen im Bild jedoch praktisch nicht. Auf diese Weise kann mit unterschiedlichen Pfaden im Konturgraphen das gleiche Detektionsergebnis assoziiert sein.

Wie Kapitel 6 entnommen werden kann, hat das zweistufige Pruning des hierarchischen Wurzel- $A^*$  bei geeigneter Parameterwahl das Potential, die Ausführungszeit der Wurzeldetektion merklich zu reduzieren. Eine weitere Laufzeitreduktion kann durch das Einbringen von Vorwissen über den Verlauf der Wurzelkontur auf Konturebene erzielt werden. Dazu wird der Suchraum durch ein angepasstes Expansionsschema auf Konturebene

so eingeschränkt, wie im nächsten Abschnitt beschrieben wird.

### 5.3.5 Einbringung von Vorwissen

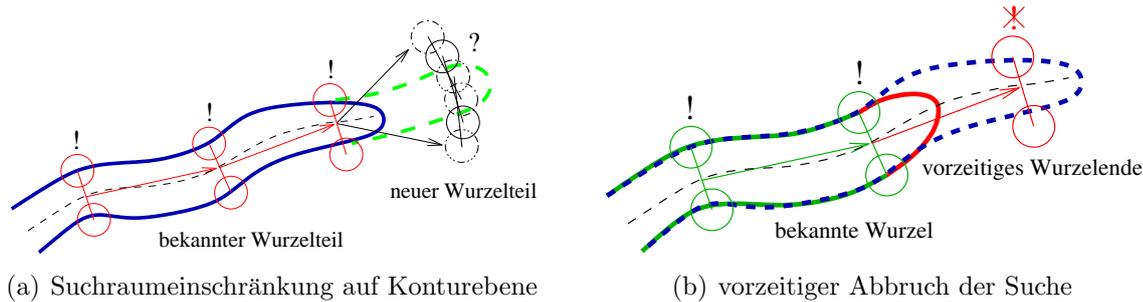
Die Auswertung eines konstanten Ausschnittes des Minirhizotrons über einen längeren Zeitraum hinweg ist für biologische Untersuchungen von besonderem Interesse, da so Veränderungen des Wurzelsystems direkt beobachtet werden können. Die Analyse der Bilder einer solchen Zeitreihe erfolgt üblicherweise in chronologischer Reihenfolge, weshalb häufig eine Vorerwartung des Klassifikationsergebnisses in nachfolgenden Bildern zur Verfügung steht. Diese Erwartung kann auf Konturebene wie folgt eingebracht werden, um Stabilität, Qualität und Geschwindigkeit der Detektion zu erhöhen.

#### Voraussetzung und vorhandene Information

Änderungen in aufeinander folgenden Bildern hängen quantitativ von der zwischenzeitlich vergangenen Zeit ab. Da sich diese jedoch mit der biologischen Anwendung ändern kann, wird hier auf zeitabhängige Vorhersagen verzichtet. Damit stehen Extrapolationen, welche die Wurzelgröße und -position im nachfolgenden Bild anhand einer geschätzten Wachstumsrate bestimmen, nicht zur Verfügung.

Vorwissen besteht im beschriebenen Fall ausschließlich aus Informationen über die Regionen, welche zuletzt als Wurzel klassifiziert wurden. Die möglicherweise auftretenden Änderungen können demzufolge Breiten-, Länge- und Lageänderungen einer bereits detektierten Wurzel sein. Ebenso ist das Absterben alter und das Auftreten neuer Wurzeln möglich. Um diese Fälle korrekt zu behandeln, wird die Keimdetektion als erste Phase der Wurzeldetektion unverändert ausgeführt. Im Bild neu auftretende Wurzeln können so von der unveränderten Keimdetektion erkannt und nachfolgend wie bereits beschrieben expandiert werden. Nicht mehr existente Wurzeln werden gleichzeitig ignoriert, da auf diesen kein Keim mehr gefunden wird und das vorhandene Vorwissen über die Lage bereits detektierter Wurzeln erst im Anschluss bei der Keimexpansion Verwendung findet.

Die Idee besteht hierbei darin, die Expansion auf der Konturebene entlang der Mittelachsen von Wurzeln auszuführen, die im Vorgängerbild vorhanden waren. Damit die Lage dieser Mittelachsen übernommen werden kann, ist es von Vorteil, wenn der beobachtete Bildausschnitt des Minirhizotrons hinreichend genau wählbar ist. Dann ist es möglich, alle Bilder einer Zeitreihe an der gleichen Stelle aufzunehmen. Die wachstumsbedingten Lageänderungen einer Wurzel innerhalb einer solchen Bildfolge sind in diesem Fall unkritisch und die globale Position jeder Wurzel im Bild bleibt erhalten. Die im Rahmen dieser Arbeit in Kooperation entwickelte apparative Ausstattung (siehe [AEBP03]) ermöglicht eine solch genaue Wahl des Bildausschnittes, weshalb auf eine andernfalls nötige Bildregistrierung verzichtet werden kann. Das vorhandene Vorwissen, also die Lage und der Verlauf der Mittelachsen bereits detektierter Wurzeln, kann damit direkt in das nachfolgende Bild übertragen werden. Ein schematisches Beispiel ist in Abbildung 5.15(a) dargestellt, in der die Mittelachse der vorher entdeckten Wurzelregion gestrichelt eingezeichnet ist.



**Abbildung 5.15: Einbringung von Vorwissen.** (a) Eine bereits detektierte Wurzel wird zur Einschränkung des Suchraums auf der Konturebene verwendet. Dazu wird jeweils nur ein Knoten (mit '!' markiert) als Nachfolger untersucht und dieser mit dem alten Wurzelverlauf aligniert. Im Bereich des neuen, grün gestrichelten Wurzelteils wird normal weitergesucht, da kein Vorwissen vorhanden ist. (b) Durch Beibehaltung aller Abbruchbedingungen wird auch das vorzeitige rote Wurzelende der früher längeren blau gestrichelten Wurzel erkannt.

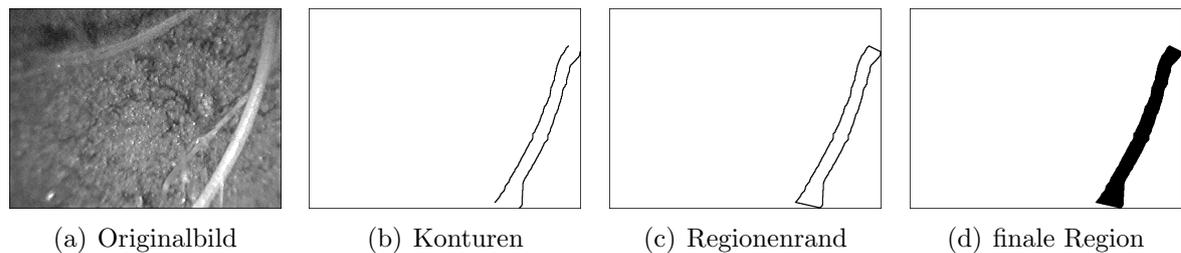
### Einbringung des Vorwissens

Mit diesem Vorwissen kann der Suchraum nun sehr effektiv durch Anpassung des Expansionschemas der Konturebene eingeschränkt werden. Dazu wird zuerst überprüft, ob eine gültige Mittelachse zum aktuell betrachteten Wurzelstück bekannt ist. Ist dies der Fall, so wird auf der Konturebene des hierarchischen Wurzel- $A^*$  nur jeweils ein einzelner Nachfolgerknoten generiert und genau auf dieser Mittelachse positioniert. Der Abstand seiner beiden Repräsentantapixel wird wieder durch den vorhergehenden Knoten oder den Keim bestimmt. Auf diese Weise wird einer möglichen Breitenänderung der Wurzel im Vergleich zum Vorgängerbild Rechnung getragen. Wenn keine gültige Mittelachse zum untersuchten Wurzelstück bekannt ist, beispielsweise im Bereich einer weitergewachsenen Wurzel, wird der aktuelle Knoten normal so weiterexpandiert, wie in Abschnitt 5.3.3 beschrieben wurde. Auf diese Weise werden neu gewachsene Wurzelstücken durch Ausführung der normalen Expansion erkannt. Das Ende einer Wurzel wird in jedem Fall durch die in Abschnitt 5.3.3 beschriebenen Abbruchkriterien detektiert und damit auch das Erkennen einer Wurzelverkürzung möglich, beispielsweise wenn die Wurzel von Schädlingen befallen wurde.

Auf diese Weise kann vorhandenes Vorwissen sehr effektiv genutzt werden, um den Suchraum weiter einzuschränken und damit Rechenzeit zu sparen. Gleichzeitig bleibt durch die Verwendung der vollständigen Keimdetektion und aller Abbruchkriterien die Flexibilität des hierarchischen Wurzel- $A^*$  erhalten. Aus dem Ergebnis der Expansion wird anschließend die gewünschte Ausgabeform wie folgt erzeugt.

### 5.3.6 Ergebnisrepräsentation

Da eine pixelgenaue Klassifikation als Ergebnis der Wurzeldetektion gesucht ist, bietet sich eine Repräsentation als Binärbild an. Aus diesem Grund werden die beiden expandierten Konturen eines jeden Keims als Wurzelpixel in ein Bild eingetragen, in dem zuvor alle Bildpunkte als Hintergrund markiert wurden. Anschließend werden die beiden



**Abbildung 5.16: Erzeugung der pixelbasierten Klassifikation am Beispiel.** Hier wird nur für die rechte Wurzel im (a) Originalbild durch (b) Einzeichnen der detektierten Konturen, (c) Verbinden der Pixel der Endknoten und (d) Füllen des entstehenden Bereiches diejenige Region markiert, die diese Wurzelprojektion überdecken soll. Dies ist das pixelbasierte Klassifikationsergebnis der Wurzel detektion: schwarze Pixel gehören hier zu einer Wurzel, weiße zum Hintergrund.

Verbindungsgeraden der äußeren korrespondierenden Pixel der Konturen ebenfalls als Wurzel gekennzeichnet und so der vollständige Rand der erkannten Region beschrieben. Dieser und alle von ihm eingeschlossene Bildpunkte, die ebenfalls entsprechend markiert werden, gehören zur detektierten Wurzelprojektion. Dieses Vorgehen lässt sich mit Hilfe von Algorithmen zum Linienzeichnen und Füllen, welche beispielsweise in [FvDFH96] beschrieben werden, sehr einfach realisieren und ist für ein Beispiel in Abbildung 5.16 dargestellt. Nach Erzeugung dieses Ergebnisbildes ist die Wurzel detektion abgeschlossen. Der komplette hierarchische Wurzel-A\* wird im folgenden Abschnitt noch einmal kurz ganzheitlich zusammengefasst.

### 5.3.7 Zusammenfassung

Mit dem hierarchischen Wurzel-A\* wurde eine Suchstrategie entwickelt, welche die Modellierung von Wurzeleigenschaften auf zwei unterschiedlichen Detailstufen erlaubt. Die Wahl des lokalen und pixelgenauen Konturpaarverlaufs wird dabei mittels einer Adaption des ursprünglichen Wurzel-A\* auf der sogenannten Pixelebene realisiert. Der globale Verlauf des Konturpaares wird dagegen durch die darüber liegende Abstraktionsebene bestimmt, die als Konturebene bezeichnet wird. Von ihr wird der Pixelebene immer ein Start- und ein Zielknoten zur Verbindung vorgegeben und damit eine effizientere Restkostenschätzung bei der detaillierten Suche ermöglicht. Aufgrund der Trennung in lokale und globale Sicht kann gleichzeitig der Suchraum effektiver eingeschränkt und die Rechenzeit des Algorithmus', bei ähnlicher Pfadlänge, im Vergleich zum ursprünglichen Wurzel-A\* verkürzt werden. Die Suchraumbeschränkung wird zum einen durch das verfeinerte Wurzelmodell erreicht, das eine genauere Beschreibung von Wurzelkonturen zulässt. Zum anderen wird der Suchraum aber auch durch die Verwendung der Hierarchie eingegrenzt, die den Gesamtpfad des Detektionsergebnisses aus optimalen Teilpfaden zusammensetzt. Im Fall der Wurzel detektion in Minirhizotronbildern entspricht diese Kombination sehr gut dem gesuchten Pfad.

Das in dieser Arbeit vorgeschlagene Vorgehen zur Wurzel detektion lässt sich damit wie

folgt grob zusammenfassen:

- Bei der Expansion auf Konturebene werden globale Vorgaben des Wurzelmodells umgesetzt und eventuelles Vorwissen berücksichtigt.
- Die detaillierte Wahl des Konturenverlaufes erfolgt, den lokalen Vorgaben des Wurzelmodells entsprechend, durch die Pixelebene.
- Die Rückmeldungen der Pixelebene in Form der berechneten Kosten werden von der Konturebene bei der weiteren Pfadwahl berücksichtigt.
- Die Suche terminiert bei Erfüllung eines Abbruchkriteriums der Kontur- oder Pixelebene.

Durch die Einführung der vorgestellten Hierarchie verändern sich die Eigenschaften der Wurzeldetektion im Vergleich zum ursprünglichen Wurzel- $A^*$  recht deutlich. Dies gilt besonders für die Form der Suche, den untersuchten Suchraum und das Wurzelmodell. Der hierarchische Wurzel- $A^*$  kann jedoch prinzipiell als Verallgemeinerung des ursprünglichen Wurzel- $A^*$  aufgefasst werden, wie der folgende Vergleich beider Algorithmen zeigt.

### 5.4 Vergleich beider Keimexpansionen

Ein Vergleich der Performanz beider Algorithmen bezüglich Laufzeit und Ergebnisqualität findet sich in Kapitel 6. An dieser Stelle sollen daher nicht die Vorteile des hierarchischen Wurzel- $A^*$  dargestellt werden, sondern vor allem auf prinzipielle Unterschiede und Gemeinsamkeiten beider Algorithmen eingegangen werden. Dazu wird noch einmal kurz der jeweils verwendete Suchraum, die genutzte Kostenfunktion und das realisierte Wurzelmodell vorgestellt.

#### 5.4.1 Suchraum

Da beide Verfahren die Wurzeldetektion als Suchproblem behandeln, stellt der verwendete Suchraum für beide Algorithmen die Grundlage ihres Vorgehens dar.

##### Gemeinsamkeiten

Eine der Gemeinsamkeiten beider Verfahren ist, dass der hierarchische Wurzel- $A^*$  den gleichen Suchraum verwendet wie der ursprüngliche Ansatz. Da sich die Repräsentation des Bildes durch einen Graphen und die der gesuchten Wurzel durch ein Konturpaar als sinnvoll erwiesen hat, wird diese Idee auch beim hierarchischen Wurzel- $A^*$  erfolgreich verwendet. Er beschreibt die Knoten des Graphen ebenfalls durch zwei Pixel und zwei assoziierte Expansionsrichtungen. Eine Kante mit endlichen Kosten existiert auch hier genau dann zwischen zwei solchen Knoten, wenn sich deren Pixel in paarweiser 8er-Nachbarschaft befinden und sich ihre Expansionsrichtungen um nicht mehr als  $45^\circ$

unterscheiden (siehe Abbildung 5.4(b)). Der Suchgraph wird implizit dargestellt, alle Nachbarn eines Knotens werden also, wie in Abschnitt 5.2.2 ausgeführt, direkt aus seiner Repräsentation berechnet.

### **Unterschiede**

In der Art, wie dieser Suchraum untersucht wird, unterscheiden sich beide Suchstrategien jedoch signifikant. Der hierarchische Wurzel- $A^*$  verwendet zur Bestimmung eines optimalen Pfades zwei Abstraktionsebenen mit unterschiedlichem Detailgrad. Die obere Konturebene wählt dabei den globalen und die untere Pixelebene den lokalen Pfadverlauf. Auf diese Weise kann der Suchraum auf zwei verschiedene Arten sinnvoll weiter eingeschränkt und die Suche, bei Erhalt der Ergebnisqualität und gleicher Konturlänge, deutlich beschleunigt werden (siehe Kapitel 6).

Der ursprüngliche Wurzel- $A^*$  bestimmt den Optimalpfad dagegen immer direkt auf einer einzelnen, pixelgenau auflösenden Ebene. Da momentan keine Möglichkeit bekannt ist, die Restkosten bis zum Wurzelende zu schätzen, kann die Suchraumeinschränkung daher auch nur mit lokalem Wissen erfolgen. Dieses Vorgehen ist merklich anfälliger für Fehlentscheidungen.

### **5.4.2 Kostenfunktion und Wurzelmodell**

Beide Verfahren wurden für die Anwendung auf sehr ähnlichem Bildmaterial konzipiert. Es ist daher nicht verwunderlich, dass die Annahmen über die Gestalt und Erscheinung der gesuchten Wurzelprojektionen vergleichbar sind und in ähnlichen Wurzelmodellen resultieren. Trotzdem gibt es aufgrund der unterschiedlichen Realisierungen Unterschiede, auf die nach der Vorstellung der Gemeinsamkeiten eingegangen wird.

#### **Gemeinsamkeiten**

Beiden Verfahren ist die Annahme gemein, eine Wurzelprojektion sei eine längliche Region mit parallel verlaufenden Kanten und deutlichem Kontrast zum Hintergrund. Diese Forderungen werden von beiden Verfahren auf der detaillierten Ebene auch sehr ähnlich umgesetzt. So erzeugen Konturpaare geringere Kosten, wenn ihre Pixel auf höheren Gradientenbeträgen platziert werden. Die Berechnung dieses Gradientenbeitrages wird in beiden Kostenfunktionen fast gleich bewerkstelligt.

#### **Unterschiede**

Größere Unterschiede existieren jedoch bereits bei der Umsetzung der Forderung nach parallel verlaufenden Konturen. So betrachtet die Kostenfunktion des ursprünglichen Wurzel- $A^*$  aus [Jan95] die normierte Summe der Winkel zwischen den Regressionsgeraden der letzten Konturstücke und der Geraden durch ihre Schwerpunkte. Im Gegensatz dazu verwendet die adaptierte Kostenfunktion die relative Änderung des Konturabstandes. Dieser Term lässt sich einfacher berechnen und liefert ebenfalls gute Ergebnisse.

Im Unterschied zur ursprünglichen Kostenfunktion verfügt die adaptierte Version noch über einen weiteren Term  $dist(n, m)$ . Dieser modelliert, neben der gewünschten „Glattheit“ der Wurzelkonturen, auch die Begrenzung der Wurzelkrümmung. Beim ursprünglichen Wurzel- $A^*$  erfolgt deren Beschränkung lediglich im Rahmen der Knotenexpansion und dort aufgrund der getroffenen Auswahl zulässiger Nachfolger nur schwach. So ist etwa eine zyklische Kontur mit einem Radius von zwei Pixeln bezüglich ihrer Krümmung noch zulässig, obwohl dies für Wurzelkonturen untypisch ist. Der hierarchische Wurzel- $A^*$  löst dieses Problem zum einen durch die Verwendung der zweiten, weniger detaillierten Hierarchieebene. Ihr globaler orientiertes Expansionsschema erlaubt eine bessere Einschränkung der zulässigen Konturkrümmung, indem es nur diejenigen Knoten als mögliche Nachfolger betrachtet, zu denen verknüpfende Konturpaare mit hinreichend kleiner Krümmung existieren. Zum anderen wird auch durch den Distanzkostenterm der adaptierten Kostenfunktion die Wahl solcher Konturpaare begünstigt. Dieser Term bestraft auch die Wahl lokal stark gekrümmter „welliger“ Konturen und modelliert damit im Gegensatz zur Kostenfunktion des ursprünglichen Wurzel- $A^*$  die „Glattheit“ des Wurzelrandes.

Der hierarchische Wurzel- $A^*$  unterscheidet sich allerdings nicht nur bezüglich der Kostenfunktion der Pixelebene vom ursprünglichen Wurzel- $A^*$ , er verwendet zusätzlich noch eine weitere Kostenfunktion. Diese leitet die Suche auf der Konturebene und bestimmt damit den groben Verlauf des gefundenen Konturpaares. Die Kosten einer Kante auf Konturebene werden dabei mit Hilfe derjenigen Kosten ermittelt, welche die untere Pixelebene für das repräsentierte Konturpaarstück bestimmt hat. Die Gesamtkosten eines Pfades werden dann mit dem Kehrwert der Summe seiner Konturknotendistanzen normiert. Diese grundlegende Änderung des Bewertungsprinzips erlaubt den direkten Qualitätsvergleich zwischen Pfaden unterschiedlicher Länge. Besonders wegen des nach wie vor unbekanntes Wurzelendes, das den eigentlichen Zielknoten darstellt, empfiehlt sich dieses Vorgehen. Andernfalls würde die Bewertung eines Pfades mit zunehmender überbrückter Distanz immer schlechter werden, unabhängig von seiner möglicherweise unverändert optimalen Beschreibung der Wurzelprojektion. Das gewählte Vorgehen ersetzt damit in gewisser Weise die fehlende Restkostenschätzung, indem es die steigenden Pfadkosten ausgleicht.

## 5.5 Zusammenfassung

In diesem Kapitel wurde ein neu entwickelter Ansatz zur Keimexpansion vorgestellt. Dieser sogenannte hierarchische Wurzel- $A^*$  verlängert ein Konturpaar dergestalt im Bild, dass eine komplette Wurzelprojektion überdeckt wird. Der hierfür benötigte Keim, der den Startpunkt der Suche darstellt, kann dabei vom Nutzer manuell vorgegeben oder automatisch detektiert werden. Die Vorteile des hierarchischen Wurzel- $A^*$  im Vergleich zum ursprünglichen Wurzel- $A^*$  zeigen sich insbesondere in einer möglichen Beschleunigung der Suche und der verbesserten Fähigkeit, Problemstellen im Bild zu handhaben. Beide Verbesserungen werden durch die Verwendung der hierarchischen Suchstrategie erreicht,

die zum einen eine Restkostenschätzung bei der Bestimmung von Teilpfaden und zum anderen eine wirkungsvollere Suchraumbeschränkung ermöglicht.

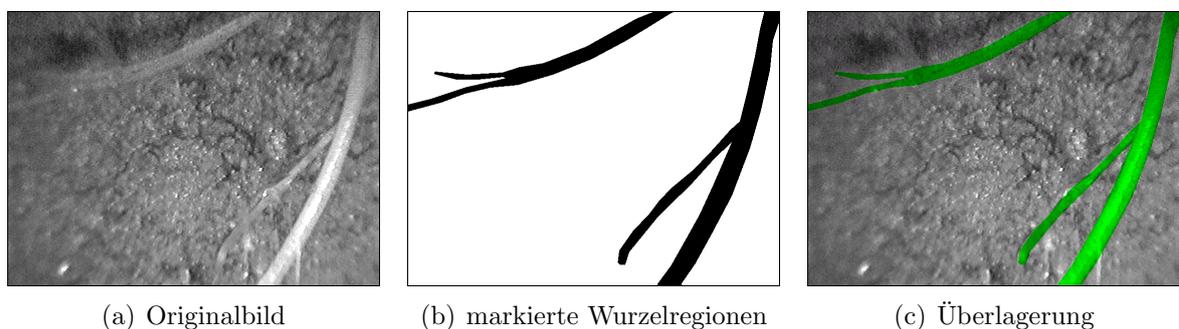
Die damit erreichten Ergebnisqualitäten des hierarchischen Wurzel- $A^*$  werden im nun folgenden Kapitel dargestellt und mit denen des ursprünglichen Wurzel- $A^*$  verglichen.



## 6 Parameter und Ergebnisse

Um die Detektionsergebnisse des hierarchischen Wurzel- $A^*$  mit denen des ursprünglichen Wurzel- $A^*$  zu vergleichen, werden drei verschiedene Testmengen von Minirhizotronbildern verwendet. Es handelt sich dabei zum einen um die Testmenge von 32 Bildern aus [Jan95], an welcher der ursprüngliche Wurzel- $A^*$  entwickelt wurde und die hier als „Menge A“ bezeichnet wird. Außerdem stand eine Menge von 41 Bildern mit Tomatenwurzeln zur Verfügung, die in der „Arava Research Station“ in der Negev Wüste in Israel aufgenommen wurden und in „Menge B“ zusammengefasst sind. Diese Bilder wurden auch in [EVA<sup>+</sup>05] verwendet. Die 27 Bilder der dritten Stichprobe „Menge C“ entstanden im Verlauf dieser Arbeit in Kooperation mit der Arbeitsgruppe Ökologie an der Universität Bielefeld. Der eine Teil von ihnen wurde mit Hilfe des Wurzelscanners aufgezeichnet, der andere mit Hilfe des Endoskoproboters. Diese beiden neuen Methoden wurden ebenfalls in dieser Kooperation im Rahmen der vorliegenden Arbeit entwickelt und in Kapitel 2.2 kurz vorgestellt.

Um mit den drei Bildermengen die Ergebnisqualitäten des hierarchischen und ursprünglichen Wurzel- $A^*$  vergleichen zu können, werden zuerst alle auftretenden Wurzelregionen manuell markiert. Dies geschieht, indem alle diejenigen Pixel eines Bildes gekennzeichnet werden, die eine Wurzelprojektion überdecken. Auf diese Weise wird ein Binärbild erzeugt, mit dem die Detektionsergebnisse der untersuchten Algorithmen verglichen werden können. Diese Markierung kann beispielsweise mit dem Markierwerkzeug der Software „Paula“ erzeugt werden, die in dieser Arbeit für diese Aufgabe entwickelt wurde. In Abbildung 6.1(b) ist ein solches Binärbild beispielhaft dargestellt. Es zeigt das gewünschte Ergebnis, welches idealerweise von einem Algorithmus berechnet werden sollte. Die tatsächlich erzielten Ergebnisse der Detektionsalgorithmen können auf unterschiedliche



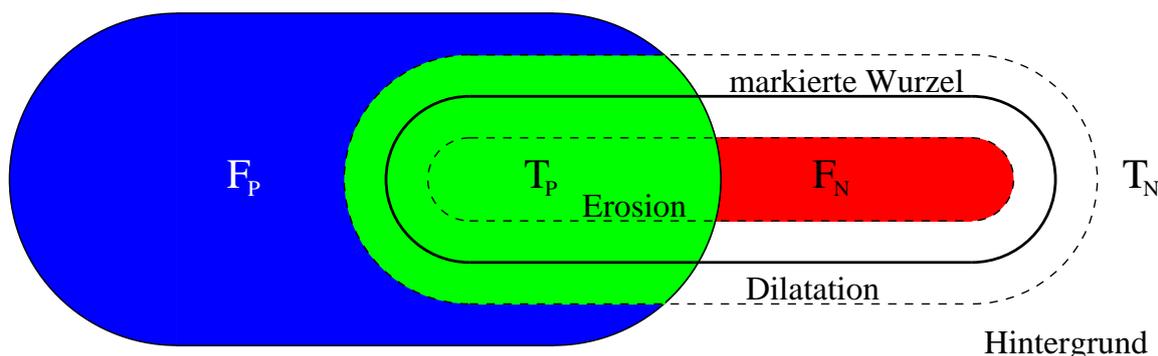
**Abbildung 6.1: Manuelle Markierung der Wurzelpixel.** *Im Originalbild (a) gehören alle Pixel zu einer Wurzel, die in (b) schwarz markiert und in (c) grün maskiert worden sind.*

Weisen mit einem solchen Labelbild verglichen werden.

## 6.1 Qualitätsmaße

Prinzipiell sind bei der vorliegenden Anwendung zwei Vorgehensweisen für die Bewertung eines Detektionsalgorithmus' geeignet. So interessiert sich der biologische Anwender vor allem für praxisrelevante Informationen, wie beispielsweise die Breitenverteilung der Wurzeln, ihre Anzahl und ihre Gesamtlänge und -fläche. Diese Parameter werden durch ein entsprechendes Verfahren bestimmt und die ermittelten Ergebnisse für die verwendete Stichprobe in Abschnitt 6.4.5 vorgestellt. Aus der Sicht der Informatik ist vor allem interessant, ob neben der korrekten Wurzellänge und -fläche auch die Lage der gefundenen Wurzeln korrekt bestimmt wurde. Diese Aussage kann durch einen bildpunktgenauen Vergleich der Detektionsergebnisse mit der manuell markierten Stichprobe gewonnen werden. Diese Information ist für die biologischen Anwendung eher zweitrangig, bei der Untersuchung der Korrektheit des angewendeten Algorithmus' jedoch von tragender Bedeutung. Für die Bewertung der Detektionsalgorithmen wird die Qualität der erzielten Ergebnisse daher zuerst auf Pixelbasis berechnet und das Detektionsergebnis damit als pixelweise Klassifikation betrachtet. Auf diese Weise kann die Leistungsfähigkeit der unterschiedlichen Verfahren sehr genau eingeschätzt werden.

Für die Bewertung von Klassifikatoren, die ein Zwei-Klassen-Problem entscheiden sollen, ist eine Reihe von Qualitätsmaßen geeignet. Besonders die Sensitivität und die Relevanz scheinen für die Einschätzung der Qualität der vorgestellten Detektionsalgorithmen geeignet zu sein, sollten jedoch immer zusammen betrachtet werden. Für eine schnellere Einschätzung der vorgestellten Verfahren werden daher zusätzlich noch die Klassifikationsrate  $R_K$  und der Korrelationskoeffizient  $C_K$  verwendet. Zur Berechnung aller vier Maße muss festgestellt werden, welche Bildpunkte korrekt und welche falsch klassifiziert wurden und welcher Klasse sie tatsächlich angehören. Die Mächtigkeiten der entstehenden vier Mengen werden in Anlehnung an die englischen Bezeichnungen mit  $T_P$  (*true positives*),  $T_N$  (*true negatives*),  $F_P$  (*false positives*) und  $F_N$  (*false negatives*) bezeichnet, wobei eine positive Antwort im vorliegenden Fall die Klassifikation als Wurzelpixel bedeutet. Je nach Bildqualität kann es für die Pixel einer Wurzelprojektion jedoch mitunter recht schwierig sein, sie einer Wurzel oder dem Hintergrund zuzuordnen. Dies trifft insbesondere auf Pixel in der Nähe des Wurzelrandes zu. Es erscheint daher sinnvoll, den absoluten Korrektheitsanspruch einer manuellen Klassifikation im Bereich der Randpixel der markierten Region zu relaxieren. Für den Fall, dass das Detektionsresultat eines Algorithmus in der Umgebung dieser Pixel nur wenig vom manuellen Labelbild abweicht, wird daher eine scheinbar fehlerhafte Klassifikation noch als korrekt gewertet. Dazu werden die markierten Regionen des Labelbildes einmal durch Dilatation vergrößert und einmal durch Erosion verkleinert. Die Anzahlen der falsch und korrekt negativen Pixel  $F_N$  und  $T_N$  werden dann mit Hilfe der verkleinerten Regionen ermittelt, die Anzahl der korrekt und falsch positiven Pixel  $T_P$  und  $F_P$  dagegen mittels der vergrößerten Regionen. Auf diese Weise wird, wie in Abbildung 6.2 gezeigt, im Randbereich der manuell markierten Wurzel zu



**Abbildung 6.2: Unsicherheit bei der manuellen Klassifikation.** Um nutzerabhängige Abweichungen bei der manuellen Klassifikation zu kompensieren, wird der markierte Wurzelbereich durch Dilatation vergrößert und durch Erosion verkleinert. Die Anzahl der wahren und falschen positiven und negativen Pixel wird dann wie in der gegebenen Skizze bestimmt. Auf diese Weise wird innerhalb des Unsicherheitsintervalls zu Gunsten der automatischen Klassifikation entschieden.

Gunsten des untersuchten Algorithmus' entschieden. In dieser Arbeit wird für die Erosion und Dilatation ein strukturierendes Element der Größe  $7 \times 7$  verwendet, so dass das Detektionsergebnis der Algorithmen um bis zu drei Pixel vom Labelbild abweichen darf. Dies entspricht recht genau der beobachteten Markierungsungenauigkeit.

### Sensitivität

Die Sensitivität ist ein Maß für die Empfindlichkeit, mit der Wurzelpixel erkannt werden. Sie berechnet sich aus dem Verhältnis von korrekt erkannten Wurzelpixeln zu insgesamt vorhandenen Wurzelpixeln und ist als

$$Sens := \frac{T_P}{T_P + F_N} \quad (6.1)$$

definiert. Eine hohe Sensitivität bedeutet damit, dass nur geringe Teile des Wurzelsystems nicht als solche erkannt wurden. Ein Klassifikator, welcher alle Pixel des Bildes als Wurzel klassifiziert, erreicht allerdings auch die maximale Sensitivität, obwohl seine Klassifikationsleistung eigentlich sehr gering ist. Aus diesem Grund wird parallel zur Sensitivität meist auch die Relevanz betrachtet.

### Relevanz

Die Relevanz kann als Verlässlichkeit des Algorithmus bezüglich der Wurzelentscheidung verstanden werden. Sie wird als

$$Rel := \frac{T_P}{T_P + F_P} \quad (6.2)$$

definiert und stellt eine Schätzung für die Wahrscheinlichkeit dar, mit der ein als Wurzel klassifizierter Pixel auch tatsächlich zu einer Wurzel gehört. Eine hohe Relevanz bedeutet

damit, dass nur geringe Teile der gelieferten Wurzelregionen eigentlich zum Hintergrund gehören. Ein guter Klassifikator weist also sowohl eine hohe Relevanz als auch eine hohe Sensitivität auf. Soll seine Qualität mit nur einem Skalar beschrieben werden, wird sehr häufig die Klassifikationsrate verwendet.

### Klassifikationsrate

Die Klassifikationsrate ist eine Schätzung für die Wahrscheinlichkeit, eine korrekte Aussage bezüglich der Zugehörigkeit eines Pixels zu Wurzel oder Hintergrund zu treffen. Sie ist als

$$R_K := \frac{T_P + T_N}{T_N + T_P + F_P + F_N} \quad (6.3)$$

definiert. Die Aussagekraft der Klassifikationsrate ist im vorliegenden Fall aber leider nur gering. Dies liegt an den deutlich unterschiedlichen a-priori Wahrscheinlichkeiten der beiden auftretenden Klassen: Nur etwa 5 % aller Pixel eines Bildes gehören beim vorliegenden Bildmaterial zu einer Wurzelprojektion. Auf diese Weise erreicht sogar der Triviale Klassifikator, der jeden Pixel dem Hintergrund zuordnet, eine Klassifikationsrate von etwa 95 %, obwohl das Hauptaugenmerk eigentlich auf der Detektion der Wurzelpixel und nicht der des Hintergrundes liegen sollte. Dieses Verhalten erschwert den direkten Vergleich der Detektionsqualität beider Algorithmen und die Klassifikationsrate wird nur der Vollständigkeit halber für die Gesamtstichprobe angegeben. Eine bessere skalare Bewertung der Detektionsqualität stellt der Korrelationskoeffizient dar.

### Korrelationskoeffizient

Der Korrelationskoeffizient  $C_K$  wird gemäß [BBC<sup>+</sup>00] durch

$$C_K = \frac{T_P \times T_N - F_P \times F_N}{\sqrt{(T_P + F_N)(T_P + F_P)(T_N + F_P)(T_N + F_N)}} \quad (6.4)$$

berechnet. Er gibt die Korrelation zwischen Klassifikationsergebnis und korrekter Klassifikation an und sollte daher möglichst Eins sein. Falls bei der Bearbeitung der Bilder der mittlere Korrelationskoeffizient negativ wird, so kann die Klassenzuordnung des Algorithmus' invertiert werden und damit ebenfalls wertvoll sein. Dieser Fall tritt hier allerdings nicht auf. Da der Korrelationskoeffizient im Vergleich zur Klassifikationsrate deutlich besser der intuitiven Gütebewertung entspricht, wird er als primäres Maß zur Einschätzung der Ergebnisqualität verwendet. Um den Vergleich mit der prozentual angegebenen Klassifikationsrate, der Sensitivität und der Relevanz zu erleichtern, wird er mit 100 skaliert und dies durch das Prozentzeichen „%“ gekennzeichnet.

Mit diesen vier Parametern kann die Qualität eines Detektionsalgorithmus' sehr gut eingeschätzt werden. Für den Biologen sind jedoch vor allem die Parameter der detektierten Wurzeln von Interesse.

## 6.2 Berechnung der Wurzelparameter

Das Ergebnis des Detektionsalgorithmus' lässt sich sehr anschaulich repräsentieren, wenn man die gefundenen Wurzelkonturen dem Originalbild überlagert. Die Berechnung der eigentlichen Wurzelparameter, wie beispielsweise Länge, Fläche und Breite, ist im Rahmen der automatischen Auswertung für die biologische Anwendung jedoch deutlich interessanter. Bei der häufig durchgeführten manuellen Auswertung von Minirhizotronbildern wurde bisher lediglich die Anzahl, die Länge oder, wie in [EVA<sup>+</sup>03] bzw. [EVA<sup>+</sup>05], die Fläche der Wurzeln bestimmt, da die Auswertung durch den Nutzer sehr zeitaufwändig und monoton ist. Mit der Verfügbarkeit einer pixelgenauen Wurzeldetektion lassen sich nun jedoch die meisten interessanten Wurzeleigenschaften sehr genau bestimmen. Dies trifft insbesondere auf die Parameter zu, welche die Größe des Wurzelsystems beschreiben.

### 6.2.1 Größe des Wurzelsystems

Die Größe eines Wurzelsystems lässt sich durch die Anzahl zugehöriger Wurzeln, ihre Länge, ihre Breite und ihre Fläche charakterisieren. Von diesem Parametern können die Anzahl der Wurzeln und ihre Gesamtfläche mit dem geringsten Aufwand ermittelt werden. Bei der Bestimmung der Wurzelbreiten und -längen wird dagegen wieder auf die Mittelachsentransformation zurückgegriffen, welche in Abschnitt 4.3.2 vorgestellt wurde. Mit Ausnahme der Wurzelanzahl werden alle Größenangaben in der Einheit Pixel berechnet, welche genau die Seitenlänge eines quadratischen Pixels darstellt. Auf diese Weise wird die Verifikation der berechneten Parameter durch Unabhängigkeit von der Bildauflösung erleichtert.

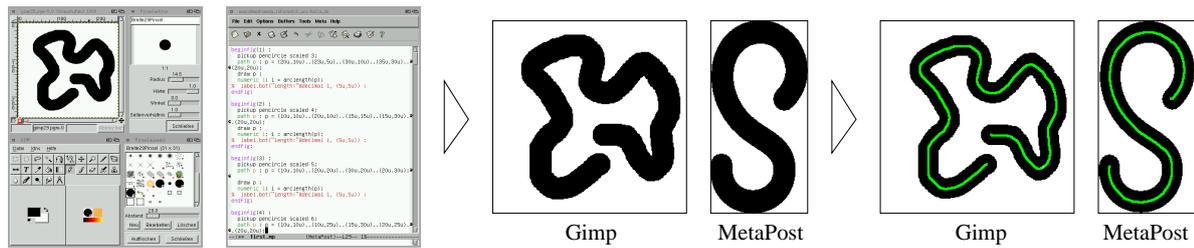
Zuerst wird nun auf die Bestimmung der einfachen Parameter Wurzelanzahl und -fläche und nachfolgend auf die Berechnung der Wurzelbreite und -länge eingegangen.

#### **Wurzelzahl**

Die Anzahl detektierter Wurzelregionen entspricht häufig der Anzahl detektierter Keime. Während der Keimexpansion ist allerdings für jeden Abbruch der Konturverlängerung an einem anderen Konturpaar diese Anzahl um eins zu dekrementieren. Auf diese Weise werden mehrere Keime pro Wurzel nur einmal gezählt und die bestimmte Anzahl entspricht genau der Menge gefundener Wurzelregionen. Wird die Wurzelanzahl nach anderen Vorschriften bestimmt, etwa unter Berücksichtigung von Nebenwurzeln, sind entsprechende, hier nicht verwendete, Adaptionen notwendig.

#### **Wurzelfläche**

Die Fläche einer detektierten Wurzel wird durch die Pixelanzahl der zugehörigen Region bestimmt. Diese Größe kann damit einfach und gleichzeitig sehr genau durch Auszählen ermittelt werden.

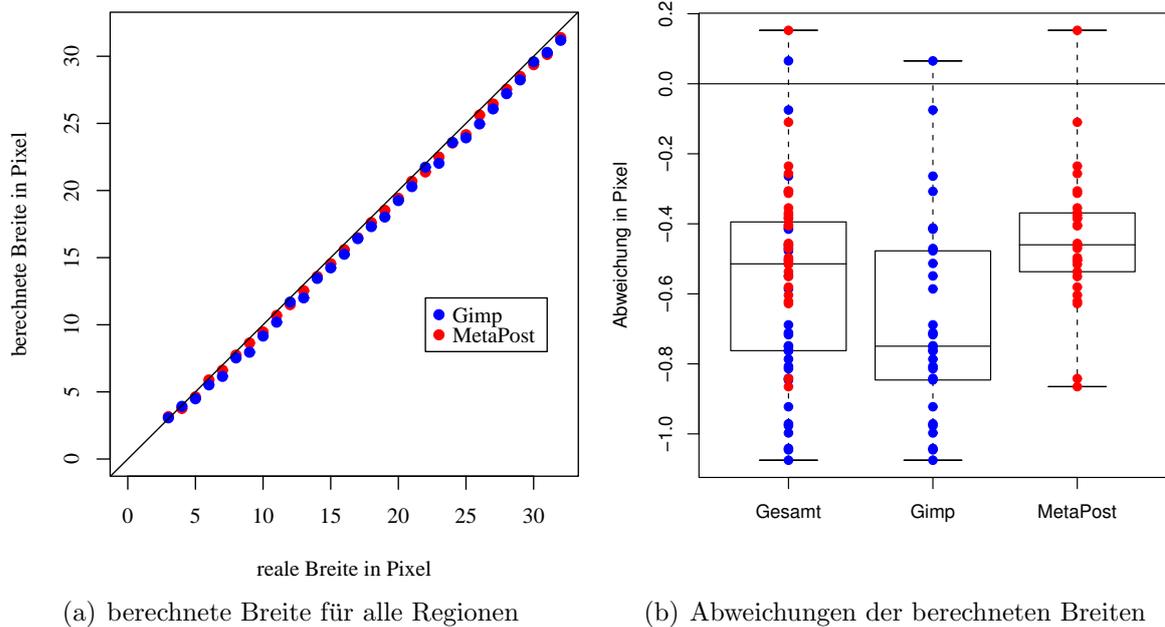


**Abbildung 6.3: Bestimmung der Regionenbreite.** *Regionen mit bekannter Breite werden freihand gezeichnet und alternativ mit MetaPost erzeugt. Anschließend wird die Mittelachse (grün) jeder Region durch eine Mittelachsentransformation bestimmt. Zur Bestimmung der durchschnittlichen Regionenbreite genügt es, die doppelten Entfernungen der Achsenpixel zum Regionenrand zu mitteln.*

### Wurzelbreite

Die Breite einer binär gegebenen (Wurzel-)Region kann mit Hilfe der Mittelachsentransformation bestimmt werden. Dazu wird der, in Abschnitt 4.3.2 vorgestellte, Algorithmus verwendet, um das vereinfachte Skelett der gegebenen Region zu bestimmen. Dieses Skelett wurde in Abbildung 6.3 grün in die beispielhafte Darstellung zweier Regionen mit bekannter, konstanter Breite eingetragen. Zu jedem Pixel dieses Skeletts ist aufgrund der Mittelachsentransformation sein kürzester Abstand zum Regionenrand bekannt. Da sich die Skelettpixel in der Mitte der Region befinden, entspricht diese Entfernung genau der halben Regionenbreite an dieser Stelle. Auf diese Weise kann der Breitenverlauf der Region entlang ihres Skelettes sehr gut beschrieben werden. Insbesondere die Berechnung der mittleren Regionenbreite gestaltet sich mit diesem Wissen sehr einfach.

Die Genauigkeit dieser Vorgehensweise wurde untersucht, indem für alle ganzzahligen Regionenbreiten zwischen drei und 32 Pixel jeweils eine Region freihand mit dem Programm „Gimp“ gezeichnet und einmal synthetisch mit „MetaPost“ (siehe [Hob92]) erzeugt wurde. Für jede dieser 60 Regionen wurde anschließend ihre mittlere Breite mit der vorgestellten Vorgehensweise bestimmt. Die dabei erzielten Ergebnisse sind in Abbildung 6.4 dargestellt. Man kann erkennen, dass die Breite einer Region in der verwendeten Bildmenge recht genau bestimmt werden kann. Die Genauigkeit der Berechnungen lässt sich in detaillierter Form den Boxplots in Abbildung 6.4(b) entnehmen, in denen die minimalen und maximalen Abweichungen für beide Bildtypen eingetragen sind. Außerdem sind das untere Quartil  $Q_1$ , der Median  $Q_2$  und das obere Quartil  $Q_3$  dargestellt. Diese drei Quartile bezeichnen diejenigen Werte, für die gilt: 25 % ( $Q_1$ ), 50 % ( $Q_2$ ) bzw. 75 % ( $Q_3$ ) aller Messwerte, hier also die Abweichungen, liegen unterhalb dieser Werte. Mit ihrer Hilfe erkennt man, dass über die Hälfte aller berechneten Breiten der „MetaPost“-Regionen um weniger als einen halben Pixel von der realen Breite abweichen. Etwas ungenauer ist die Berechnung der Breite für diejenigen Regionen, welche in „Gimp“ freihand und leicht „verwackelt“ gezeichnet wurden. Insgesamt wird die Breite für die Hälfte aller Regionen um bis zu einem halben Pixel unterschätzt, wobei Abweichungen



**Abbildung 6.4: Berechnete Regionenbreiten und Genauigkeiten.** (a) Die ermittelten Breiten der untersuchten Regionen werden gegen die realen Breiten aufgetragen. (b) Es werden die minimalen und maximalen Abweichungen und das untere und obere Quartil als Boxen dargestellt. Der Median ist als horizontale Linie in jeder Box markiert.

um ungefähr einen Pixel möglich sind. Ursache hierfür ist die Lage des Regionenskelettes und dass die lokale Breite einer Region nie überschätzt werden kann, da immer der kürzeste Abstand zum Regionenrand verwendet wird. Aus diesem Grund können sich Abweichungen bei der Berechnung der lokalen Regionenbreite nicht gegenseitig aufheben. Da einzelne Pixel des Regionenskelettes teilweise nicht optimal in der Mitte der Region platziert werden, etwa während des Ausdünnungsschrittes oder weil die Region eine geradzahlige Breite aufweist, entstehen die beobachteten Abweichungen von bis zu einem Pixel. Diese geringe systematische Unterschätzung der realen Breite kann korrigiert werden, was aufgrund der sonstigen Genauigkeit jedoch nicht notwendig erscheint. Werden die Ränder von Wurzelregionen beispielsweise manuell für die Einschätzung der Qualität der Wurzeldetektion markiert, so kann die Lage des Wurzelrandes auf etwa drei Pixel genau angegeben werden. Die erreichte Genauigkeit der Breitenbestimmung von etwa einem Pixel ist also völlig ausreichend.

Mit der so bestimmten Wurzelbreite und der bereits bekannten Wurzelfläche kann nun als letzter Größenparameter die Wurzellänge berechnet werden.

## Wurzellänge

Die Bestimmung der Wurzellänge anhand der Skelettlänge ist leider nicht trivial, wie beispielsweise in [KKY99] festgestellt wird. Wird nur die Distanz zwischen jeweils zwei

Skelettpixeln summiert, so wird die Gesamtlänge normalerweise überschätzt, da diese Berechnung nur für gerade, orthogonale oder diagonale Skelette korrekt ist. In [VGG<sup>+</sup>03] wird ein alternatives Verfahren beschrieben, welches die Wurzellänge aus der bekannten Regionenfläche und ihrem Umfang berechnet. Da dieser Ansatz jedoch von recht einschränkenden Annahmen über die Regionenform ausgeht, wird ein anderer Weg zur Berechnung der Skelettlänge gegangen. Da die Wurzelfläche  $A$  und ihre mittlere Breite  $B$  bereits bekannt sind, kann die gesuchte Länge  $L$  auch leicht als  $L = \frac{A}{B}$  berechnet werden. Unter der Annahme, dass die Fläche exakt bekannt ist, kann die Länge einer Region also ähnlich genau wie ihre Breite bestimmt werden.

### 6.2.2 Weitere Wurzelparameter

Neben den Größenparametern einer Wurzel existieren weitere Informationen, welche für die Beschreibung des Wurzelsystems von Interesse sind. Auf zwei von ihnen, die Anzahl der Wurzelspitzen und Aussagen über vorhandene Wurzelhaare, wird nun kurz eingegangen.

#### Wurzelspitzen

Die Anzahl der Wurzelspitzen ist von Interesse, da sie ein tatsächliches Wurzelende im Bild anzeigen. Eine Wurzelspitze wird von der Pixelebene des hierarchischen Wurzel- $A^*$  erkannt, wenn die beiden Pixel eines Knotens identisch sind. In diesem Fall ist das wurzelbegrenzende Konturpaar in einem Bildpunkt konvergiert und ein Wurzelende wurde gefunden. Die Anzahl der Wurzelspitzen im Bild ist damit durch die Anzahl der entsprechenden Suchabbrüche gegeben.

#### Wurzelhaare

Wurzelhaare sind sehr feine, längliche Ausstülpungen von Rhizodermiszellen. Durch die Vergrößerung der Wurzeloberfläche sind sie für die Fähigkeit der Wurzel zur Nährstoffaufnahme entscheidend und damit von besonderem Interesse. Der Durchmesser eines Wurzelhaares ist im Vergleich zur Wurzel allerdings sehr gering. Aus diesem Grund sind Wurzelhaare in Minirhizotronbildern mit geringerer Auflösung (unter 2000 dpi) meist nur vom menschlichen Betrachter auszumachen. Eine Möglichkeit zur automatisierten Beschreibung steht in diesem Fall noch nicht zur Verfügung, so dass weiterhin nur vom Benutzer qualitative Aussagen getroffen werden können. Mit gesteigerter Auflösung lassen sich Wurzelhaare jedoch auch durch das bereits vorgestellte Wurzelmodell beschreiben. In diesem Fall können, unter Verwendung entsprechend angepasster Detektions-Parameter, Wurzelhaare auch als „Wurzeln“ beschrieben und detektiert werden. Darauf wird in dieser Arbeit jedoch verzichtet und es werden nur normale Wurzeln modelliert.

Nach den eben vorgestellten wurzelbeschreibenden Parametern wird im folgenden Abschnitt auf die detektionsbeeinflussenden Verfahrensparameter eingegangen.

## 6.3 Verfahrensparameter

Da die vorgestellten Verfahren an einigen Stellen parametrisiert sind, müssen die entsprechenden Parameter eingestellt oder bestimmt werden. Für den ursprünglichen Ansatz nach [Jan95] wurden die dort veröffentlichten Werte übernommen. Auf die Wahl der Parameter für die regionenbasierte Keimdetektion und die hierarchische Expansion wird dagegen in den folgenden Abschnitten genauer eingegangen.

### 6.3.1 Parameter der regionenbasierten Keimdetektion

Alle Parameter der Keimdetektion wurden manuell bestimmt, da bereits während der Entwicklung des Algorithmus' sinnvolle Werte offensichtlich wurden. Die automatische Bestimmung eines geeigneten Parametersatzes ist jedoch ebenfalls sehr einfach möglich, wenn manuell erzeugte Labelbilder zur Verfügung stehen. In diesem Fall kann für jede untersuchte Region überprüft werden, ob sie eine Wurzelprojektion enthält. Mit diesem Wissen lassen sich dann aufgrund des verwendeten einfachen Wurzelregionenkriteriums leicht geeignete Werte für alle benötigten parametrisierten Schwellwerte bestimmen. Im Verlauf der Schwellwertbinarisierung der regionenbasierten Keimdetektion entstehen zwar normalerweise mehrere Regionen, welche die gleiche Wurzelprojektion überdecken. Es ist allerdings ausreichend, wenn nur eine von ihnen das komplette Keimkriterium erfüllt. Die entsprechenden Parameter können daher meist so gewählt werden, dass fast keine falsche Keime akzeptiert werden müssen.

Im ersten Schritt der Keimdetektion werden die 256 Graustufen der bearbeiteten Bilder mit Hilfe verschiedener Schwellwerte binarisiert. Die Anzahl  $N_T$  der Schwellwerte, die für jedes Intervall getestet werden, wurde in dieser Arbeit  $N_T = 64$  gewählt. Diese sehr feine initiale Abtastung ist aufgrund einiger Bilder mit geringem Kontrast notwendig, auf denen anderenfalls einige gültige Keimregionen nicht detektiert würden. Für den Großteil der verwendeten Bilder wäre jedoch auch eine deutlich grobere Abtastung von bis zu  $N_T = 8$  ausreichend und damit eine Laufzeiteinsparung möglich.

Die Regionen, die bei der Binarisierung des Bildes entstehen, werden mit Hilfe des Wurzelregionenkriteriums (siehe Abschnitt 4.3.1) dahingehend untersucht, ob sie Teile einer Wurzelprojektion enthalten. Dies ist der Fall, wenn die Länglichkeit einer Region die Schwelle  $\theta_{LR} = \frac{1}{3}$  unterschreitet. Die Mindestgröße der Region wird durch den Schwellwert  $\theta_{Bmin} = \frac{1}{100}$  für die relative minimale Regionbreite, den Schwellwert  $\theta_{Lmin} = \frac{1}{7}$  für die relative minimale Regionlänge und den Schwellwert  $\theta_{Amin} = \frac{1}{500}$  für die relative minimale Regionfläche garantiert. Bei der Berechnung der Randgüte wurde die Regressionslänge  $L$  der betrachteten Pixelkette  $L = 10$  gewählt. Der Schwellwert für das Skalarprodukt ihrer Richtung mit der Regionenrichtung wurde auf  $\theta_{par} = 0.92$  festgesetzt und als Mindestlänge der vorläufig markierten Pixelkette  $N_{MCL} = 9$  gefordert. Die maximale Grauwertvarianz und die minimale Randgüte wurden dann anhand derjenigen Regionen bestimmt, welche im ersten Schritt der Keimdetektion nicht zufriedenstellend unterschieden werden konnten. Auf diese Weise wurden  $\sigma_{GWmax} = 5000$  und  $\theta_{QR} = 0.36$  als geeignete Werte bestimmt.

Nach der Akzeptanz einer untersuchten Region wird der wurzelähnlichste Teil von ihr

Parameter	Zeichen	Name für Konfiguration	!	Wert
Länglichkeit	$\theta_{LR}$		<	0.33
relative Regionenbreite	$\theta_{Bmin}$		$\geq$	0.01
relative Regionenlänge	$\theta_{Lmin}$		>	0.143
relative Regionenfläche	$\theta_{Amin}$		>	0.002
Grauwertstandardabweichung	$\sigma_{GWmax}$	TS_MaxColorStdDev	$\leq$	5 000
Regressionslänge	$L$	TS_RegressionPoints	=	10
Richtungenprodukt	$\theta_{par}$	TS_SameDir	$\geq$	0.92
Pixelkettenlänge	$N_{MCL}$	TS_MinChainLen	$\geq$	9
Randgüte	$\theta_{QR}$	TS_MinBorderQuality	$\geq$	0.36
Regionenbreitenvarianz	$\theta_{RB}$		$\leq$	0.2
Verschiebungsdistanz	$S_{AD}$	TS_AlignMaxDist	$\leq$	14
Längenfaktor	$\theta_{FL}$		$\leq$	2

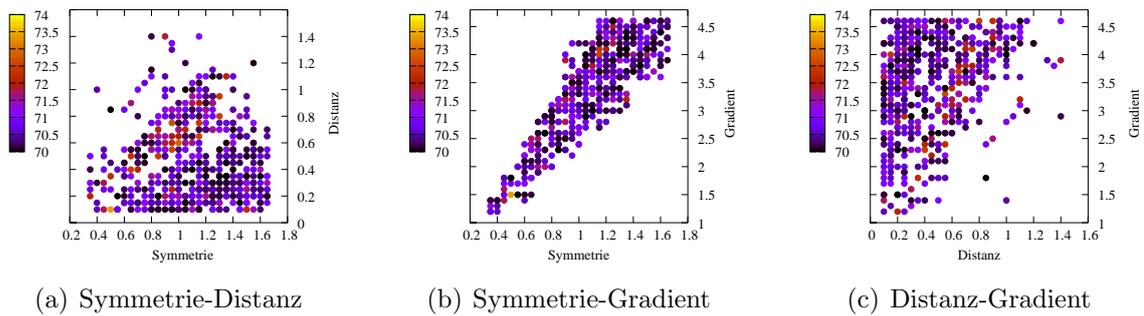
**Tabelle 6.1: Parameter der regionenbasierten Keimdetektion.** *Verwendete Werte.*

bestimmt. Dies geschieht durch Bestimmung des längsten Pfades in dem vereinfachten Skelett der Region, der entlang seines Verlaufes höchstens eine Varianz der Regionenbreite um das  $\theta_{RB}$ -fache der mittleren Regionenbreite aufweist. Dieser Pfad wird mit  $\theta_{RB} = 0.2$  ermittelt und zur Bestimmung von Start- und Zielknoten verwendet. Deren Pixel können noch um bis zu  $S_{AD} = 14$  Pixel entlang ihrer Verbindungsachse verschoben werden, wenn sich dadurch die Positionierung auf einem Bildpunkt mit höherem Gradientenbetrag erreichen lässt. Die resultierenden Knoten werden anschließend durch den adaptierten Wurzel- $A^*$  (siehe Abschnitt 5.3.2) verbunden und hierfür die gleichen Parameter verwendet wie beim Einsatz auf der Pixelebene. Ihre Wahl wird im nächsten Abschnitt ausführlicher beschrieben. Im Rahmen der Keimdetektion ist direkt nach der erfolgten Verknüpfung noch der Längenfaktor  $\theta_{FL}$  interessant, der  $\theta_{FL} = 2$  gewählt wurde. In einigen wenigen Fällen kann so die Akzeptanz allzu schlechter Konturpaare als Keime verhindert werden. Alle verwendeten Parameter und ihre gewählten Werte werden in Tabelle 6.1 zusammengefasst. Da einige von ihnen nicht fest im Quelltext verankert sind, sondern mit Hilfe einer Konfigurationsdatei festgelegt werden, ist der dort verwendete Name gegebenenfalls auch angegeben.

Ähnlich wie für alle diese Parameter existiert auch für die Parameter der Keimexpansion eine klare Semantik. Im Vergleich zur Keimdetektion ist die Wahl geeigneter Werte für einige von ihnen jedoch etwas komplizierter. Aus diesem Grund wird im folgenden Abschnitt auch auf entsprechende automatische Bestimmungsmöglichkeiten eingegangen.

### 6.3.2 Parameter der hierarchischen Keimexpansion

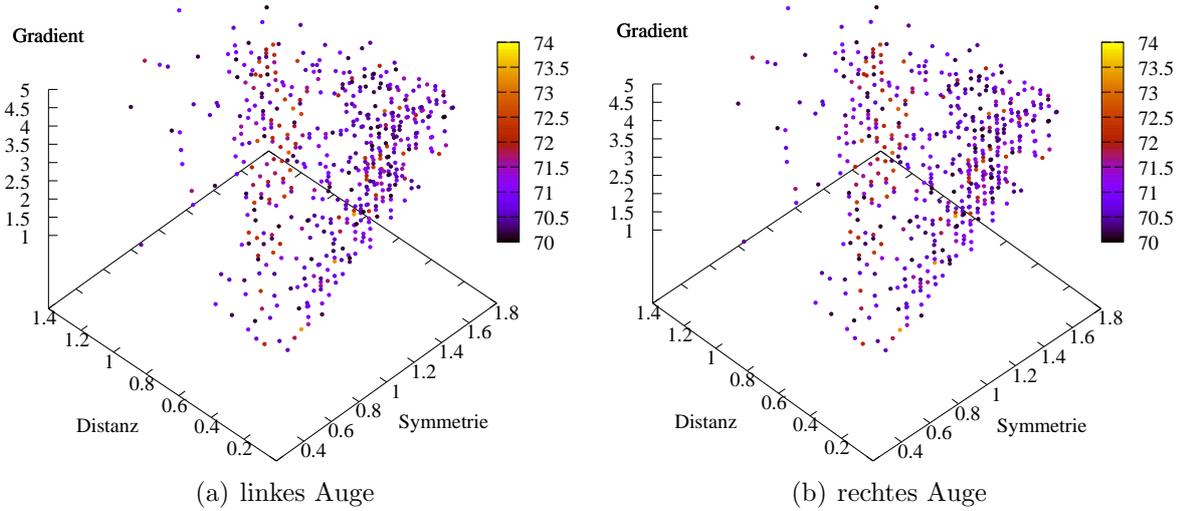
Die Qualität eines Parametersatzes für die Keimexpansion ist normalerweise nur schwer einschätzbar. Aus diesem Grund wurden geeignete Werte für diejenigen Parameter, die nicht aufgrund von Eigenschaften des Wurzelmodells bestimmt werden konnten,



**Abbildung 6.5: Suche im Parameterteilraum der Keimexpansion.** Die Kombinationen der drei Wichtungparameter  $\alpha$ ,  $\beta$  und  $\gamma$  der Kostenfunktion der Keimexpansion mit einem mittleren Korrelationskoeffizienten  $C_K \geq 70\%$  sind hier durch Projektionen auf zwei Dimensionen dargestellt. Die jeweils erreichten mittleren Korrelationskoeffizienten sind farblich kodiert (siehe auch Abbildungen 6.6 und 6.7).

anhand einer kleinen Teilstichprobe automatisch ermittelt. Dies betrifft insbesondere die Wichtungparameter der Kostenfunktion auf Pixelebene (Glg. 5.4). Da auch auf der Konturebene die Pfadkosten dieser Ebene verwendet werden, sind die entsprechenden Parameter, die Faktoren der Beiträge für die Parallelität  $\alpha$ , den Gradienten  $\beta$  und die Distanz  $\gamma$ , von zentraler Bedeutung. Die detaillierten Auswirkungen einer bestimmten Wahl für diese Parameter sind leider nicht sehr offensichtlich, so dass ein Unterraum des gesamten aufgespannten dreidimensionalen Parameterraumes nach geeigneten Werten abgesucht wurde. Hierfür wurde aus der verwendeten Bildmenge eine kleine Teilmenge von sechs Bildern selektiert, die alle in der Stichprobe auftretenden Bildtypen möglichst gut repräsentieren sollte. Anschließend wurde für jeden Parameter eine Diskretisierung von 0.2 und ein abzutastendes Intervall gewählt. Als Intervall für die Distanz wurde  $[0.2, 5]$  festgelegt, damit die Beiträge dieses Terms nicht verschwinden und sich die Suche damit immer in Richtung Zielknoten orientiert und tatsächlich terminiert. Für die Parallelität und den Gradienten wurden mit  $[0, 4.8]$  die gleiche Intervallgröße gewählt, ein Verschwinden der entsprechenden Beiträge aber zugelassen.

Der so beschränkte Unterraum wurde mit den gewählten Diskretisierungsschritten vollständig abgetastet und eine komplette Keimexpansion mit den entsprechenden Parametern durchgeführt. Dadurch wurden auch Parameterkombinationen untersucht, die bis auf lineare Skalierung identisch waren, die Implementierung der Abtastung konnte so jedoch etwas einfacher ausfallen. Jedem der Raumpunkte wurde dann der mittlere erreichte Korrelationskoeffizient der sechs Bilder als Maß der erzielten Detektionsqualität zugeordnet und anschließend der Parameterraum erneut eingeschränkt. Diese Beschränkung erfolgte durch Konzentration auf die Ergebnisse, welche einen Korrelationskoeffizienten von mindestens 70% aufwiesen und alle drei Intervalle anhand der zugehörigen Parameter entsprechend eingengt. So konnte für  $\alpha$  (Parallelität) nun das Intervall  $[0.3, 1.7]$  und für  $\gamma$  (Distanz) das Intervall  $[0.1, 1.5]$  verwendet werden. Für beide Intervalle wurde eine neue Schrittweite von 0.05 gewählt. Die bestmögliche Wichtung des Gradienten



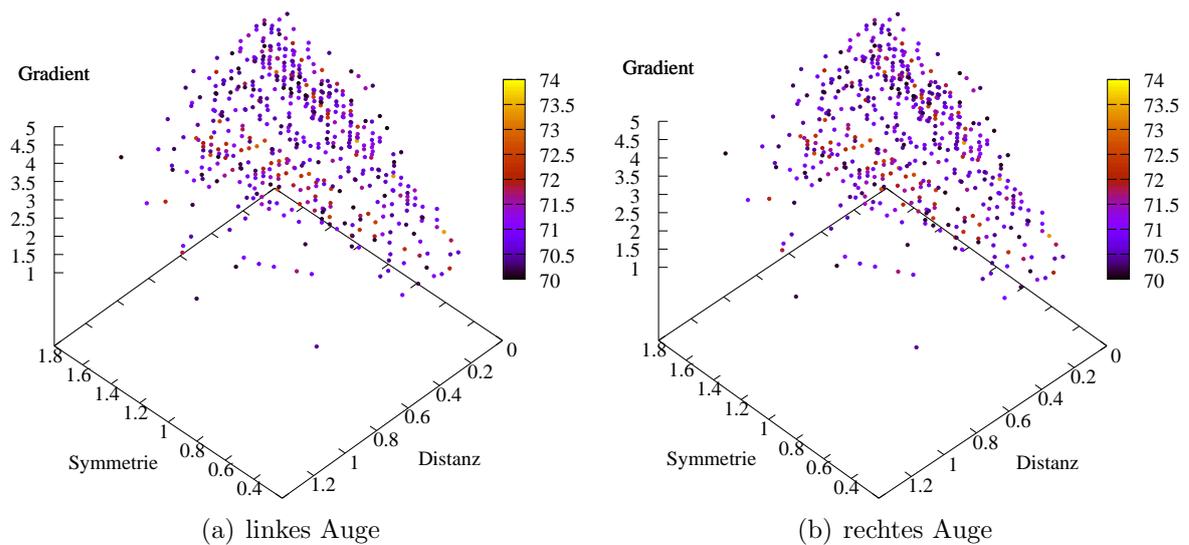
**Abbildung 6.6: 3D-Parameterraum.** Es sind nur die Parameterkombinationen mit  $C_K \geq 70\%$  dargestellt, wobei die erreichten Korrelationskoeffizienten farblich kodiert sind. Wenn (a) nur vom linken und (b) nur vom rechten Auge wahrgenommen wird, entsteht ein 3D-Eindruck.

( $\beta$ ) musste in dem merklich größeren Intervall  $[1.1, 4.7]$  gesucht werden, weshalb hierfür auch nur eine Diskretisierung von 0.1 verwendet wurde. Alle Ergebnisse, welche bei der Abtastung des so neu eingegrenzten Unterraumes gefunden wurden und mindestens einen Korrelationskoeffizienten von 70% aufwiesen, sind in Abbildung 6.5 als Projektionen in zweidimensionale Räume dargestellt. Die Abbildungen 6.6 und 6.7 stellen die gleiche Menge von Messpunkten des eigentlich vierdimensionalen Raumes als 3D-Projektionen mit unterschiedlichen Blickwinkeln dar. Zu ihrer Betrachtung kann eine entsprechende Brille verwendet werden. Alternativ entsteht der räumliche Eindruck auch beim parallelen „Hindurchsehen“ durch die Abbildungen und nachträglichem Fokussieren (vgl. [Ent94]).

Um eine gute Stabilität der gewählten Parameter zu gewährleisten, wurde für den gesuchten Parametersatz gefordert, dass sowohl seine Detektionsqualität als auch die seiner direkten Nachbarn hoch sein sollte. Aus diesem Grund wurde an jedem Raumpunkt der Mittelwert über die Korrelationskoeffizienten aller Raumpunkte mit einer Cityblock-Distanz von kleiner oder gleich Eins berechnet. Die Analyse der besten Parameterkombinationen mittels Hauptachsentransformation ergab, dass günstige Parameterkombinationen vor allem in der Umgebung der Geraden

$$\begin{pmatrix} \alpha \\ \beta \\ \gamma \end{pmatrix} = \lambda \cdot \begin{pmatrix} 0.31 \\ 0.95 \\ 0.06 \end{pmatrix} \quad (\lambda > 0)$$

liegen. Der dort gefundene beste Parametersatz war  $\alpha = 1.25$ ,  $\beta = 3.7$  und  $\gamma = 0.25$  ( $\lambda \approx 4$ ). Er wurde anschließend für die Detektion auf der gesamten Stichprobe und die Erzeugung der vorgestellten Ergebnisse verwendet.



**Abbildung 6.7: 3D-Parameterraum.** Ähnlich wie Abbildung 6.6 sind auch hier die Parameterkombinationen mit  $C_K \geq 70\%$  (mit einem anderen Blickwinkel) dargestellt. Für einen dreidimensionalen Eindruck muss das linke Auge (a) wahrnehmen und das rechte Auge (b).

Nachdem auf diese Weise eine gute Belegung der Parameter  $\alpha$ ,  $\beta$  und  $\gamma$  gefunden ist, kann der maximale Kostenbetrag  $C_{max}$ , der zuvor sehr groß gewählt wurde, genau bestimmt werden. Dieser Schwellwert beeinflusst nur die Länge des gefundenen Konturpaares, da die Suche abgebrochen wird, wenn die Expansionskosten diesen Maximalbetrag überschreiten. Weil die untersuchten Konturpaare aufgrund der vorher getroffenen Parameterwahl die gesuchten Wurzelprojektionen bereits sehr gut überdecken, kann der maximale Kostenbetrag sehr einfach und von den anderen Parameter unabhängig festgelegt werden. Hierzu wurde der entstehende eindimensionale Parameterraum der Teilstichprobe entsprechend abgetastet und der beste gefundene Wert übernommen. Dieses Vorgehen lieferte einen maximal zulässigen Kostenbeitrag von  $C_{max} = 3.05$ .

Durch die Einführung der in Kapitel 5 vorgestellten Detektionshierarchie kann das Wurzelmodell mit vier zusätzlich eingeführten Parametern nun genauer beschrieben werden. Diese Parameter sind die Nachfolgeranzahl  $N_A$ , der Konturknotenabstand  $\varepsilon_R$ , die Richtungsdivergenz  $\phi$  und der Zielradius  $D$ . Sie beeinflussen die Knotenexpansion auf der oberen Hierarchieebene und bestimmen damit den zulässigen Konturenverlauf, wie in Abschnitt 5.3.3 beschrieben wurde. Im gleichen Abschnitt wurde auch eine Möglichkeit zur Bestimmung geeigneter Werte vorgeschlagen. Unter Einhaltung der dort aufgeführten Vorgehensweise wurde zuerst der Konturknotenabstand  $\varepsilon_R = 100$  Pixel gewählt, was ungefähr einem Zehntel der Länge der Bilddiagonalen entspricht. Die gewünschte maximale Konturkrümmung kann dann durch die Richtungsdivergenz  $\phi$  bestimmt werden, die auf  $\phi = 60^\circ$  festgelegt wurde. Dieser Wert erlaubt die Erkennung aller normal gekrümmten Wurzelstrukturen, die in dem verwendeten Bildmaterial auftreten. Da die beobachteten Änderungen des Abstandes zwischen zwei Wurzelkonturen in diesem Bildmaterial eher gering sind, konnte der Zielradius mit  $D = 20$  Pixel vergleichsweise klein gewählt werden.

Parameter	Zeichen	Name für Konfiguration	(!)	Wert
Wichtung Parallelität	$\alpha$	RTS_symmFactor	=	1.25
Wichtung Gradient	$\beta$	RTS_gradFactor	=	3.70
Gradientenexponent	$P_{grad}$		=	3
Wichtung Distanz	$\gamma$	RTS_lengthFactor	=	0.25
Maximalkosten	$C_{max}$	RTS_maxCost	<	3.05
Größe der Offen-Liste	$S_{O_{max}}$	MaxAnzOffen	$\leq$	100
Nachfolgeranzahl	$N_A$	RTS_Parts	=	6
Konturknotenabstand	$\varepsilon_R$	RTS_Radius	=	100
Richtungsdivergenz	$\phi$	RTS_Angle	=	60
Zielradius	$D$	RTS_ZielRadius	=	20
Relationenlänge	$d$		=	5
MLP-Ausgabe	$\theta_{MLP}$	RTS_minMLPout	$\geq$	0.08

**Tabelle 6.2: Parameter der hierarchischen Keimexpansion.** *Verwendete Werte.*

Die Nachfolgerzahl  $N_A = 6$  wurde mit Hilfe der Bedingung (5.11) von Seite 68 festgelegt.

Alle Parameter der Keimexpansion werden noch einmal in Tabelle 6.2 einheitenlos zusammengefasst und im nächsten Abschnitt die damit erzielten Ergebnisse diskutiert.

## 6.4 Ergebnisse

In diesem Abschnitt werden die Detektionsergebnisse von insgesamt drei vollautomatischen Verfahren vorgestellt. Es handelt sich dabei zum einen um das im Rahmen dieser Arbeit entwickelte Verfahren, das in den folgenden Abbildungen mit „diese Arbeit“ bezeichnet wird. Dieses Verfahren verwendet die regionenbasierte Keimdetektion aus Kapitel 4 und den in Kapitel 5 vorgestellten hierarchischen Wurzel- $A^*$ . Seine Ergebnisse werden mit denen des ursprünglichen Verfahrens aus [Jan95] verglichen, das mit „[Jan95]“ bezeichnet wird. Für die beiden Phasen dieses ursprünglichen Ansatzes, die konturorientierte Keimdetektion und den ursprünglichen Wurzel- $A^*$ , stand der originale Quellcode zur Verfügung. Da in den Vorbereitungen auf diese Arbeit bereits die darin verwendete Funktionalität des kommerziellen und nicht mehr erhältlichen Bildverarbeitungssystems „KBV“ reimplementiert wurde, konnte dieser unverändert kompiliert werden. Damit war die Anwendung des Originalverfahrens auf alle 100 Bilder der verwendeten Stichprobe möglich. Um jedoch die Leistungsfähigkeit des ursprünglichen Wurzel- $A^*$  noch besser einschätzen zu können, wurde er auch in Kombination mit der regionenbasierten Keimdetektion eingesetzt. Diese Kombination stellt das dritte hier vorgestellte Verfahren dar, für das als Kurzbezeichnung „[EP03]+[Jan95]“ gewählt wurde.

Die Verwendung der Kombination aus ursprünglicher Keimdetektion und hierarchischem Wurzel- $A^*$  wird aus zwei Gründen nicht diskutiert. Zum einen sind die erzielten Detektionsqualitäten schlechter als bei Verwendung der regionenbasierten Keimdetektion,

so dass diese Kombination nur in den wenigsten Fällen sinnvoll sein dürfte. Zum anderen sind die erzielten Ergebnisqualitäten für den Vergleich der Expansionsansätze auch nur wenig aussagekräftig, da die ursprüngliche Keimdetektion eine schlechtere Ausgangsbasis liefert als die regionenbasierte Keimdetektion. Dies liegt an der vergleichsweise hohen Anzahl falsch positiver Keime, die von der konturorientierten Keimdetektion bestimmt werden. Die gesamte Leistungsfähigkeit beider Expansionsansätze kann damit nur schwer anhand der Detektionsqualitäten verglichen werden, weil die „bessere“ Expansion eines korrekten Keims im Umfeld vieler falscher Keime an Bedeutung verliert. Für den Vergleich zwischen ursprünglichem Wurzel- $A^*$  und hierarchischem Wurzel- $A^*$  ist daher die überwiegende Verwendung von korrekten Keimen am sinnvollsten, welche von der regionenbasierten Keimdetektion recht sicher gefunden werden.

Wie bereits argumentiert wurde, stellt die Klassifikationsrate für die Einschätzung der Detektionsqualität aufgrund des geringen Anteils an Wurzelpixeln ( $\approx 5\%$ ) in den verwendeten Bildern kein optimales Maß dar. Daher werden, nach der Vorstellung der Ergebnisse der Keimdetektionen, in den folgenden Abschnitten die Gesamtergebnisse aller Verfahren anhand der Korrelationskoeffizienten diskutiert. Da diese nicht direkt mit den von [Jan95] veröffentlichten Werten vergleichbar sind, werden die Klassifikationsraten für die Bildmenge dieser Arbeit im Anschluss daran zusätzlich angegeben. Auf die Laufzeiten jedes Verfahrens wird im dann folgenden Abschnitt eingegangen und anschließend der erreichbare Laufzeitvorteil bei der Verwendung von Vorwissen aufgezeigt. Nach der Vorstellung der mit Signifikanzkarten erzielten Ergebnisse, wird das Kapitel mit einer kurzen Zusammenfassung abgeschlossen.

### 6.4.1 Keimdetektion

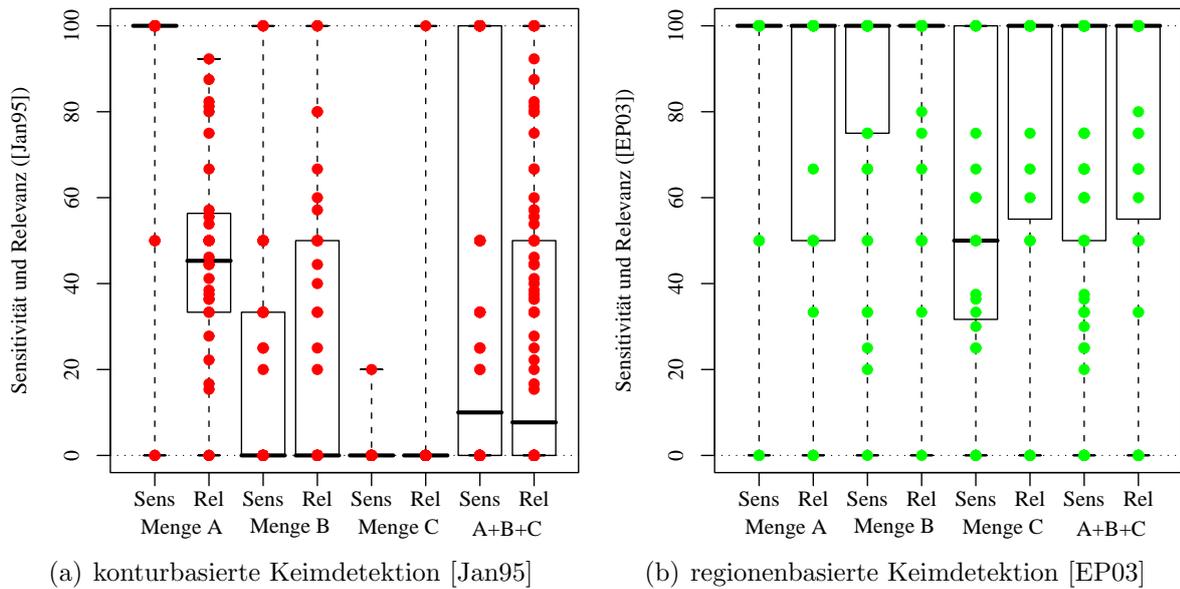
Die Maße Sensitivität und Relevanz, die bereits in Abschnitt 6.1 definiert wurden, beziehen sich im Kontext der Keimdetektion auf Keim- bzw. Wurzelregionen. Da das Erkennen nur eines Keims pro Wurzel ausreichend ist und zusätzliche Keime normalerweise keinen signifikanten Vorteil erbringen, wird für die Berechnung der Sensitivität die Anzahl von Wurzelregionen  $\tilde{T}_P$  verwendet, für die mindestens ein valider Keim gefunden wurde. Mit der Anzahl vorhandener Wurzelregionen  $N_W$  kann die Sensitivität einer Keimdetektion damit durch

$$Sens = \frac{\tilde{T}_P}{N_W}$$

berechnet werden. Wählt man als Bezeichnungen für die Anzahl korrekter Keime  $T_P$  und für die Anzahl falscher Keime  $F_P$ , so ergibt sich durch

$$Rel = \frac{T_P}{T_P + F_P}$$

die Relevanz des Ergebnisses einer Keimdetektion. In Abbildung 6.8 sind die so ermittelten Resultate der regionen- und konturbasierten Keimdetektionen in Form von Boxplots dargestellt und die erreichten Mittelwerte und Mediane in Tabelle 6.3 und 6.4 zusammengefasst. Beide Verfahren zur Keimdetektion erreichen eine mittlere Sensitivität von



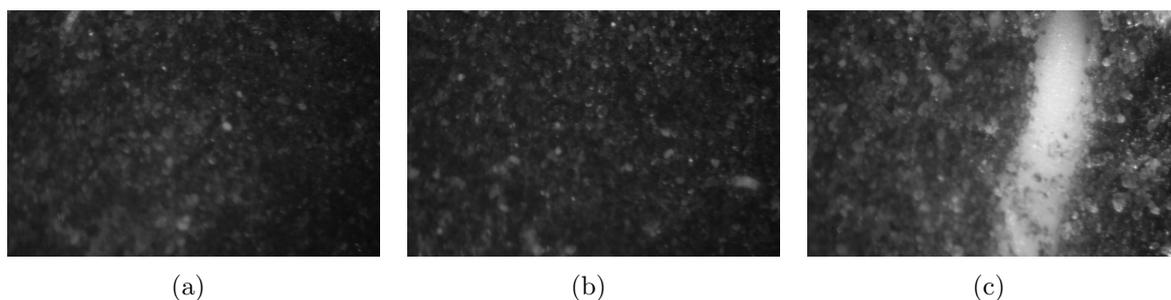
**Abbildung 6.8: Ergebnisse der Keimdetektionen.** Die in (a) dargestellten Sensitivitäten und Relevanzen der konturbasierten Keimdetektion belegen deren prinzipielle Eignung für die kontrastreichen Bilder der Menge A. (b) Die Ergebnisse der regionenbasierten Keimdetektion fallen bezüglich dieser Maße auf allen Teilmengen besser aus. (Darstellung als Boxplot)

knapp 86 % und einen Median von 100 % auf den Bildern der Menge A. Damit wird nur auf wenigen Wurzelregionen überhaupt kein Keim erkannt, was bei der regionenbasierten Keimdetektion auch für die Bilder der Menge B gilt. Das konturbasierte Verfahren detektiert dagegen in dieser Menge auf einem Großteil der vorhandenen Wurzelregionen keinen Keim und erreicht damit nur eine mittlere Sensitivität von gut 24 % und einen Median von 0 %. Dieses Ergebnis hat seine Ursache im deutlich niedrigeren Kontrast

	Menge A		Menge B		Menge C		Gesamt	
	Median	Mittel	Median	Mittel	Median	Mittel	Median	Mittel
[Jan95]	100.00 %	85.94 %	0.00 %	24.27 %	0.00 %	0.74 %	10.00 %	37.65 %
[EP03]	100.00 %	85.94 %	100.00 %	84.43 %	50.00 %	55.88 %	100.00 %	77.21 %

**Tabelle 6.3: Sensitivitäten der Keimdetektionen.** Median und arithmetisches Mittel der erreichten Sensitivitäten für die beiden vorgestellten Verfahren zur Keimdetektion.

der zugehörigen Bilder. Da die Bilder der Menge C ebenfalls nicht so kontrastreich sind wie die der Menge A, fällt das Ergebnis der konturbasierten Keimregionen auch hier nicht akzeptabel aus. Sie erreicht eine mittlere Sensitivität von nur knapp 1 % und ein Median von 0 %. Aufgrund der in dieser Menge enthaltenen, ungewöhnlich geformten Wurzelregionen (siehe Abbildung 6.9) verschlechtern sich aber auch die Ergebnisse der regionenbasierten Keimdetektion, die eine mittlere Sensitivität von knapp 56 % und einen Median von 50 % erreicht. Auf die Gesamtmenge bezogen sind damit nur die Ergebnisse



**Abbildung 6.9: Schwierigkeiten bei der Keimdetektion.** Auf einigen Bildern der Menge C werden keine Keime gefunden. So wird in (a) das links oben befindliche kurze Wurzelstück, das kurze in (b) rechts vorhandene Wurzelstück und in (c) die sehr große Wurzel nicht erkannt. Auf allen drei Bildern liegt der Korrelationskoeffizient der Gesamtdetektion damit bei 0 %.

der regionenbasierten Keimdetektion mit einer mittleren Sensitivität von gut 77 % und einem Median von 100 % akzeptabel, die der konturbasierten Keimdetektion mit einer mittleren Sensitivität von knapp 38 % und einem Median von 10 % aber nicht.

	Menge A		Menge B		Menge C		Gesamt	
	Median	Mittel	Median	Mittel	Median	Mittel	Median	Mittel
[Jan95]	45.30 %	45.48 %	0.00 %	29.02 %	0.00 %	3.70 %	7.69 %	27.45 %
[EP03]	100.00 %	76.56 %	100.00 %	87.93 %	100.00 %	75.99 %	100.00 %	81.07 %

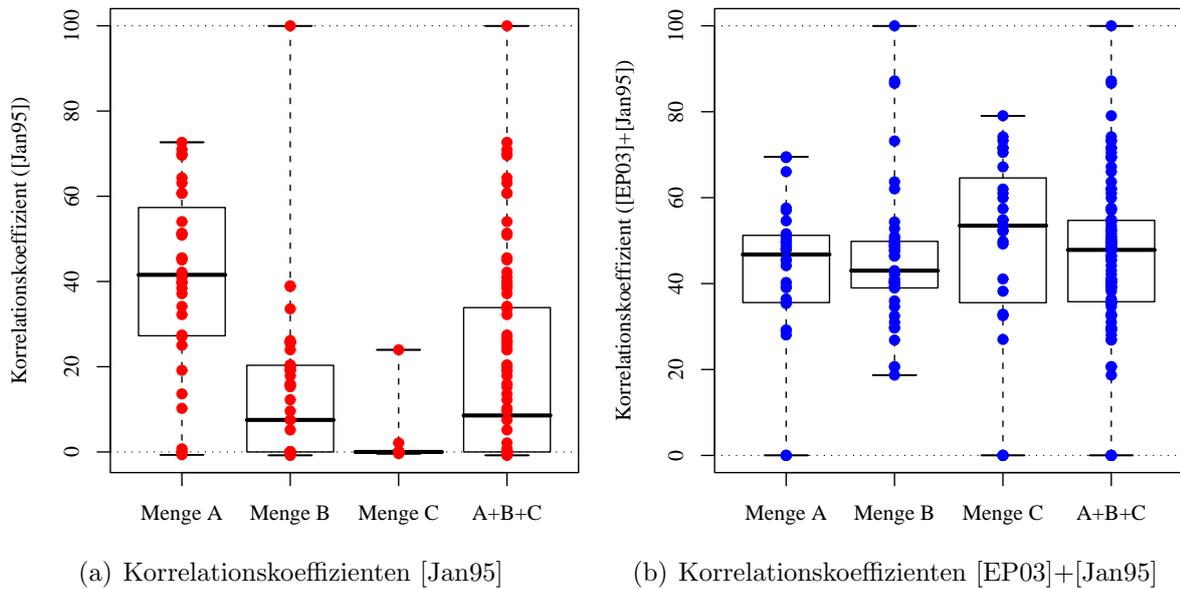
**Tabelle 6.4: Relevanzen der Keimdetektionen.** Median und arithmetisches Mittel der erreichten Relevanzen für die beiden vorgestellten Verfahren zur Keimdetektion.

Für das Ergebnis der Gesamtdetektion ist jedoch auch die Anzahl falscher Keime und damit die Relevanz einer Keimdetektion (siehe Tabelle 6.4) ausschlaggebend. Da die konturbasierte Keimdetektion häufig jedoch auch falsche Keime detektiert, erreicht sie nur geringe mittlere Relevanzen in Höhe von gut 45 % (Menge A), gut 29 % (Menge B) und knapp 4 % (Menge C). Die zugehörigen Mediane betragen gut 45 % (Menge A), 0 % (Menge B) und 0 % (Menge C). Insgesamt erreicht die konturbasierte Keimdetektion mit knapp 8 % (Mittel) und gut 27 % (Median) damit auch bei der Relevanz keine akzeptablen Resultate, während der Median der Relevanzen der regionenbasierten Keimdetektion auf allen Teilmengen 100 % beträgt. Im Mittel werden knapp 77 % (Menge A), knapp 88 % (Menge B), knapp 76 % (Menge C) und insgesamt gut 81 % erreicht.

Aufgrund dieser Ergebnisse ist zu erwarten, dass die Detektionsqualität bei Verwendung der regionenbasierten Keimdetektion merklich verbessert werden kann. Dies wird in den nächsten Abschnitten untersucht.

## 6.4.2 Keimdetektion und -expansion nach [Jan95]

Das ursprüngliche Verfahren von [Jan95] erzielt auf den dort verwendeten Bildern (Menge A) die besten Resultate: Wie Abbildung 6.10(a) entnommen werden kann, beträgt



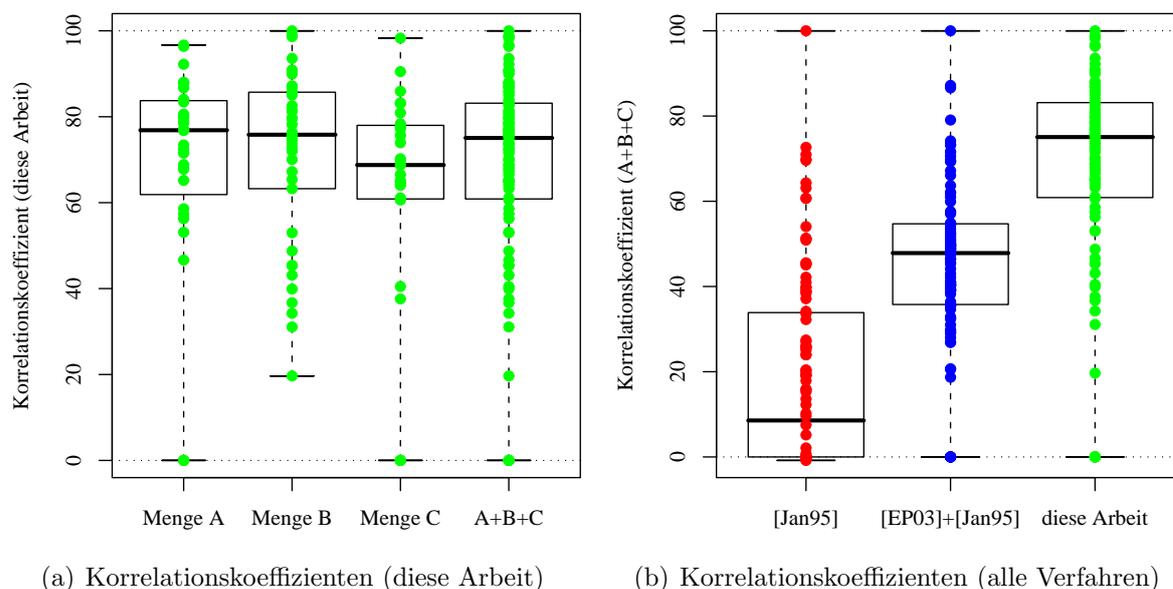
**Abbildung 6.10: Boxplots der Korrelationskoeffizienten.** In (a) sind die Detektionsqualitäten des ursprünglichen Verfahrens dargestellt. Die Ergebnisse in (b) wurden mit der verbesserten Keimdetektion von [EP03] und der ursprünglichen Keimexpansion von [Jan95] erreicht.

der Median der Korrelationskoeffizienten knapp 42 %. Aufgrund der reinen Konturorientierung der ursprünglichen Keimdetektion und -expansion ist das Verfahren für die kontrastärmeren Bilder der Mengen B und C weniger gut geeignet. So sinkt der Median der Korrelationskoeffizienten für Menge B auf knapp 8 % und für Menge C auf 0 %. Damit erreicht das ursprüngliche Verfahren mit nur knapp 9 % auf der kompletten Stichprobe kein akzeptables Gesamtergebnis mehr. Die Ursache hierfür liegt vor allem in der ursprünglichen Keimdetektion begründet, die auf kontrastarmen Bildern nur sehr wenige oder keine korrekten Keime detektiert. Da diese jedoch den Ausgangspunkt für die nachfolgende Keimverlängerung bilden, kann dieser Nachteil auch durch ein möglicherweise gutes Expansionsverfahren nicht mehr ausgeglichen werden.

Die Verwendung der regionenbasierten Keimdetektion aus Kapitel 4 stellt damit eine Möglichkeit dar, die Detektionsqualität deutlich zu verbessern und den ursprünglichen Wurzel-A\* besser einzuschätzen.

### 6.4.3 Keimdetektion nach [EP03] und Keimexpansion nach [Jan95]

Da bei der regionenbasierten Keimdetektion neben Gradienteninformationen weitere Eigenschaften zur Bestimmung von Keimen verwendet werden, kann die Anzahl falscher Keime im Vergleich zur ursprünglichen Keimdetektion deutlich reduziert werden. Gleichzeitig vergrößert sich die Menge korrekt erkannter Keime in kontrastärmeren Bildern. Wie Abbildung 6.10(b) entnommen werden kann, steigen damit die entsprechenden Ergebnisqualitäten. Besonders die Ergebnisse auf den Mengen B und C verbessern sich

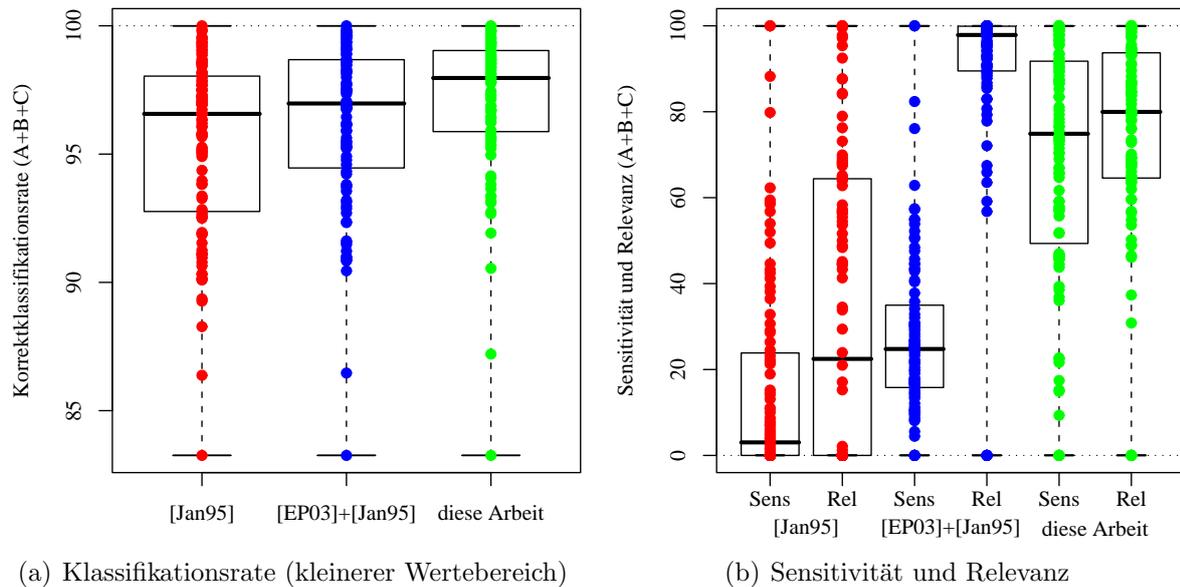


**Abbildung 6.11: Boxplots der Korrelationskoeffizienten.** (a) Die hierarchische Keimexpansion erlaubt durch das genauere Wurzelmodell eine weitere Verbesserung der Detektionsqualität. In (b) sind alle Ergebnisse noch einmal zusammengefasst dargestellt. Da die Stichprobe auch recht problematische Bilder enthält (siehe Abbildung 6.9), werden auch Korrelationskoeffizienten von 0 % erreicht.

durch die merklich größere Anzahl korrekter Keime signifikant. So erhöht sich der Median der erreichten Korrelationskoeffizienten für Menge A um gut 5 % auf knapp 47 %, für Menge B um knapp 36 % auf gut 43 % und für Menge C sogar von 0 % auf gut 53 %. Für die Gesamtmenge wird damit nun ein Ergebnis von knapp 48 % erreicht, auch wenn der ursprüngliche Wurzel-A\* die Suche häufig sehr zeitig abbricht. Die Ursache hierfür ist die restriktive Wahl der Abbruchbedingungen, die eine Überdeckung des Hintergrundes beim Verlassen der Wurzelkonturen vermeidet. Dadurch bleibt jedoch häufig auch ein Teil der untersuchten Wurzel unentdeckt. In diesen Fällen können die Ergebnisse daher durch die Verwendung des hierarchischen Wurzel-A\* verbessert werden.

#### 6.4.4 Keimdetektion nach [EP03] und hierarchische Keimexpansion

Mit der regionenbasierten Keimdetektion und der hierarchischen Keimexpansion konnten in dieser Arbeit die besten Ergebnisse bei der Wurzeldetektion erzielt werden. Dieses Verhalten resultiert, wie in Kapitel 5 beschrieben, aus der genaueren Umsetzung des Wurzelmodells durch den hierarchischen Wurzel-A\* und seiner günstigeren Beschränkung des Suchraumes. Die mit ihm erreichten Detektionsqualitäten in Form des Korrelationskoeffizienten können Abbildung 6.11(a) entnommen werden. Der Median der dort dargestellten Werte beträgt für Menge A knapp 77 %, für Menge B knapp 76 % und für Menge C knapp 69 %. Für die Gesamtmenge wird damit ein Ergebnis von gut 75 %



**Abbildung 6.12: Ergänzende Qualitätsmaße (Gesamtstichprobe).** Die in (a) mit einem eingeschränkten Wertebereich dargestellte Klassifikationsrate erlaubt nur eine unzureichende Einschätzung der Leistung der vorgestellten Algorithmen. Die Werte für Sensitivität und Relevanz in (b) sind dagegen aussagekräftiger. (Darstellung als Boxplot)

erreicht. Im Vergleich zum ursprünglichen Wurzel- $A^*$ , dem in jedem Bild die gleichen Keime zur Verfügung stehen, kann die Detektionsqualität um gut 30 % (Menge A), knapp 33 % (Menge B) und gut 15 % (Menge C) gesteigert werden. Auf der Gesamtmenge erhöht sich die Ergebnisqualität um gut 27 %. Die in Kapitel 5 beschriebenen theoretischen Verbesserungen spiegeln sich damit also auch in den erreichten Ergebnissen wider.

Die Ergebnisse aller drei Verfahren werden im nächsten Abschnitt noch einmal zusammengefasst.

#### 6.4.5 Zusammenfassung der Ergebnisse

Da die erzielten Klassifikationsraten nur wenig aussagekräftig sind, wird auf ihre tabellarische Darstellung verzichtet. Allerdings werden in Abbildung 6.12(a) alle drei Verfahren bezüglich dieses Maßes verglichen. Aufgrund der großen Ähnlichkeit der Ergebnisse wurde auf eine Darstellung über den kompletten Wertebereich von 0 % bis 100 %, wie er auch für die Korrelationskoeffizienten gewählt wurde, zugunsten eines deutlich kleineren Wertebereiches verzichtet. Auf diese Weise kann in Abbildung 6.12(a) folgendes festgestellt werden: Das Originalverfahren kann bei der Klassifikationsrate einen Median von 96,57 % und einen Mittelwert von 95,46 % erreichen, wodurch die Ergebnisse auf der hier verwendeten Stichprobe etwas besser ausfallen als in [Jan95]. Bei Verwendung der regionenbasierten Keimdetektion und der ursprünglichen Keimexpansion kann sowohl der Median als auch der Mittelwert geringfügig auf 96,97 % bzw. 96,25 % gesteigert werden. Die Verwendung

der regionenbasierten Keimdetektion und hierarchischen Keimexpansion erbringt bei der Bewertung mit der Klassifikationsrate anscheinend ebenfalls nur minimale Vorteile. Der Median der Klassifikationsrate steigt auf 97.97 % und das arithmetische Mittel auf 97.15 %. Alle Verbesserungen sind jedoch im Kontext der erreichbaren Klassifikationsrate von ca. 95 % eines Trivialklassifikators zu sehen, der jeden Bildpunkt dem Hintergrund zuordnet.

### Sensitivität, Relevanz und Korrelationskoeffizient

In diesem Abschnitt werden die drei verwendeten Qualitätsmaße in Tabellenform zusammengefasst. Sensitivität und Relevanz, die in Abbildung 6.12(b) dargestellt sind, sollten dabei immer zusammen betrachtet werden, während der Korrelationskoeffizient auch als Einzelmaß aussagekräftig ist.

Zuerst fasst Tabelle 6.5 den Median und die zugehörigen arithmetischen Mittel der erreichten Sensitivitäten aller Bilder für die Teilmengen und jedes Verfahren zusammen. Da die Sensitivität ein Maß für die Menge korrekt erkannter Wurzelpixel ist, entspre-

	Menge A		Menge B		Menge C		Gesamt	
	Median	Mittel	Median	Mittel	Median	Mittel	Median	Mittel
[Jan95]	38.73 %	39.61 %	1.52 %	6.90 %	0.00 %	0.24 %	3.03 %	15.57 %
[EP03]+[Jan95]	24.34 %	27.20 %	21.73 %	26.15 %	30.87 %	30.83 %	24.78 %	27.75 %
diese Arbeit	90.48 %	76.84 %	73.08 %	65.46 %	73.59 %	62.27 %	74.87 %	68.24 %

**Tabelle 6.5: Sensitivitäten der Gesamtverfahren.** Median und arithmetisches Mittel für die Sensitivitäten der vorgestellten Verfahren zur Wurzel detektion in Minirhizotronbildern.

chen die vergleichsweise hohen Werte des hierarchischen Wurzel-A\* den Erwartungen. Der ursprüngliche Wurzel-A\* terminiert die Suche im Vergleich dazu häufig vorzeitig und erkennt damit normalerweise zu wenig Wurzelpixel. Interessant ist hier, dass bei Verwendung der konturbasierten Keimdetektion auf Menge A bessere Ergebnisse erzielt werden als bei Einsatz der regionenbasierten Keimdetektion. Dies liegt daran, dass letztere weniger Keime pro Wurzel detektiert und damit bereits zu Beginn der Keimexpansion weniger Wurzelpixel erkannt wurden. Dieses Verhalten ändert sich auf den Teilmengen mit den kontrastärmeren Bildern, hier sinkt die Sensitivität des ursprünglichen Verfahrens aufgrund nicht detektierter Keime sehr stark ab.

	Menge A		Menge B		Menge C		Gesamt	
	Median	Mittel	Median	Mittel	Median	Mittel	Median	Mittel
[Jan95]	55.91 %	53.49 %	43.33 %	36.97 %	0.00 %	4.19 %	22.47 %	33.41 %
[EP03]+[Jan95]	97.31 %	83.74 %	98.81 %	95.47 %	94.34 %	79.13 %	97.87 %	87.31 %
diese Arbeit	73.69 %	67.89 %	86.98 %	84.77 %	68.40 %	63.45 %	79.96 %	73.61 %

**Tabelle 6.6: Relevanzen der Gesamtverfahren.** Median und arithmetisches Mittel der erreichten Relevanzen für die vorgestellten Verfahren zur Wurzel detektion in Minirhizotronbildern.

In Tabelle 6.6 sind Median und Mittelwert für die zugehörigen Relevanzen aufgeführt. Man sieht an den Ergebnissen des ursprünglichen Wurzel- $A^*$  recht deutlich den Vorteil des zeitigen Suchabbruchs, da in diesem Fall eine sehr gute Relevanz erzielt werden kann. Dies resultiert aus dem verwendeten restriktiven Abbruchkriterium, das bei guten Keimen die Fehlklassifikation von Hintergrundpixeln wirkungsvoll verhindert. Allerdings fallen die Ergebnisse bei Verwendung der konturbasierten Keimdetektion merklich schlechter aus, da sich hier entsprechend die falsch detektierten Keime negativ bemerkbar machen. Der hierarchische Wurzel- $A^*$  weist aufgrund des teilweise zu späten Suchabbruchs eine niedrigere Relevanz auf als der ursprünglichen Wurzel- $A^*$ .

In Tabelle 6.7 werden Median und Mittelwert für die Korrelationskoeffizienten dargestellt, die eine Gesamteinschätzung der vorgestellten Verfahren liefern. Diese Aufstellung

	Menge A		Menge B		Menge C		Gesamt	
	Median	Mittel	Median	Mittel	Median	Mittel	Median	Mittel
[Jan95]	41.56 %	40.71 %	7.51 %	13.08 %	0.00 %	0.95 %	8.56 %	18.65 %
[EP03]+[Jan95]	46.77 %	42.85 %	43.01 %	46.11 %	53.49 %	47.64 %	47.84 %	45.48 %
<b>diese Arbeit</b>	76.86 %	68.47 %	75.82 %	71.05 %	68.76 %	60.69 %	75.07 %	67.43 %

**Tabelle 6.7: Korrelationskoeffizienten der Verfahren.** *Median und arithmetisches Mittel der erreichten Korrelationskoeffizienten für die vorgestellten Gesamtverfahren zur Wurzeldetektion in Minirhizotronbildern.*

bescheinigt dem Verfahren aus dieser Arbeit deutlich die beste Ergebnisqualität, wobei bereits durch den Einsatz der regionenbasierten Keimdetektion eine merkliche Verbesserung der erzielten Ergebnisse auf den kontrastärmeren Bildern der Teilmengen B und C erzielt wird. Die Angabe der Mittelwerte in der Tabelle erlaubt, durch Betrachtung der Abweichung des erreichten Mittels vom zugehörigen Median, eine weitergehende Einschätzung der Verfahren. Ist das Mittel beispielsweise kleiner, dies gilt etwa für die Ergebnisse dieser Arbeit, so gibt es einige Ausnahmebilder, auf denen eine merklich geringere Detektionsqualität erreicht wird. Dies können Bilder mit sehr kleinen oder untypischen Wurzelregionen sein, auf denen durch nicht erkannte Keime schlechte Detektionsresultate erzielt werden (siehe Abbildung 6.9). Der umgekehrte Fall tritt allerdings ebenso auf, beispielsweise bei Betrachtung des Korrelationskoeffizienten von Verfahren [EP03]+[Jan95] auf Menge B. Eine typisches Beispiel für diesen Fall ist ein Bild, welches keine Wurzeln enthält und auf dem auch keine der beiden Keimdetektionen einen Keim findet. Damit wird automatisch eine optimale Ergebnisgüte erreicht und vorrangig der Mittelwert der Korrelationskoeffizienten positiv beeinflusst. Gegen solche Abweichungen ist das arithmetischen Mittel deutlich anfälliger als der Median, weshalb letzterer hier primär angegeben wird.

## Wurzelparameter

Der Vergleich der biologischen Parameter der Wurzeln in Detektionsergebnis und Labelbild bietet eine weitere Möglichkeit, um die beschriebenen Verfahren einzuschätzen.

Dazu wurde die Anzahl an Wurzeln, ihre Gesamtlänge und ihr mittlerer Durchmesser mit Hilfe des Verfahrens aus Abschnitt 6.2 berechnet. Die dabei ermittelten Werte sind in Tabelle 6.8 dargestellt. Zusätzlich wurden die akkumulierten Wurzellängen aller Wurzelstücken bestimmt, die einer bestimmten Durchmesserklasse angehören. Dieses Vorgehen ermöglicht beispielsweise die Bestimmung der Menge an Feinwurzeln einer Pflanze. Die Definitionen der verwendeten Klassen, also die jeweils minimal und maximal noch zugehörigen Wurzeldurchmesser, wurden durch den biologischen Anwender vorgegeben. Sie werden in der zweiten Zeile von Tabelle 6.9 aufgeführt, während sich im Hauptteil

Verfahren	Wurzelzahl	Gesamtlänge	Durchmesser
Manuell	2.11	968.76	32.78
<b>absolut</b>			
[Jan95]	3.26	377.38	8.88
[EP03]+[Jan95]	1.91	206.27	24.57
diese Arbeit	1.91	782.88	27.03
<b>relative Abweichung</b>			
[Jan95]	54.50%	-61.05%	-72.93%
[EP03]+[Jan95]	-9.48%	-78.71%	-25.06%
diese Arbeit	-9.48%	-19.19%	-17.54%

**Tabelle 6.8: Berechnete Wurzelparameter.** Die dargestellten mittleren Kennzahlen der detektierten Wurzeln und ihre relativen Abweichungen vom Ideal wurden auf der Gesamtstichprobe ermittelt. Gleiche Werte entstehen durch die Verwendung der gleichen Keimdetektion. (Längen in Pixel)

der Tabelle die jeweiligen Längen und ihre prozentuale Abweichung von den Werten der manuell markierten Wurzeln aus der Gesamtstichprobe finden.

Verfahren	Gesamtwurzellänge für die Durchmesserklasse (in Pixel)						
	0.0 – 18.8	18.9 – 28.3	28.4 – 37.7	37.8 – 47.2	47.3 – 94.4	94.5 – 188.9	189.0 – 2000
Manuell	264.64	219.38	222.42	162.15	90.02	0.00	10.16
<b>absolut</b>							
[Jan95]	275.67	72.29	22.49	6.45	0.48	0.00	0.00
[EP03]+[Jan95]	68.11	48.14	56.39	22.83	10.80	0.00	0.00
diese Arbeit	253.66	214.90	197.27	78.59	38.47	0.00	0.00
<b>relative Abweichung</b>							
[Jan95]	4.17%	-67.05%	-89.89%	-96.02%	-99.47%	0.00%	-100%
[EP03]+[Jan95]	-74.26%	-78.06%	-74.65%	-85.92%	-88.00%	0.00%	-100%
diese Arbeit	-4.15%	-2.04%	-11.31%	-51.53%	-57.26%	0.00%	-100%

**Tabelle 6.9: Berechnete Wurzelbreitenverteilungen.** Es sind die mittleren akkumulierten Wurzellängen pro Durchmesserklasse und die relativen Abweichungen zum Idealergebnis für die Gesamtstichprobe dargestellt. (Längen in Pixel)

Beiden Tabellen kann man entnehmen, dass die Ergebnislängen des hierarchischen Wurzel-A\* deutlich weniger vom Soll-Wert abweichen, als die des ursprünglichen Wurzel-A\*. Dies ist erneut der zu zeitigen Terminierung der ursprünglichen Keimexpansion anzulasten.

Die Wurzelanzahl und der mittlere Durchmesser werden dagegen vor allem durch die verwendete Keimdetektion beeinflusst. Die Wurzelanzahl wird dabei direkt durch die Anzahl an gefundenen Keimen bestimmt. Die Breite der verwendeten Keime beeinflusst jedoch auch den Abstand der daraus verlängerten Wurzelkonturen und damit den Durchmesser der detektierten Wurzel entscheidend. Aus diesem Grund ähneln sich die Ergebnisse der Verfahren „[EP03]+[Jan95]“ und „diese Arbeit“ sehr. Wie bereits erwähnt, erkennt die konturbasierte Keimdetektion dagegen recht häufig falsche Keime, so dass die relative Abweichung der Wurzelanzahl bei ihr über 50 % beträgt.

Um diese Ergebnisse besser nachvollziehen zu können, werden nun die Ergebnisse der drei Verfahren an je einem Beispielbild pro Teilmenge dargestellt und interpretiert.

### 6.4.6 Vergleich der Ansätze am Beispiel

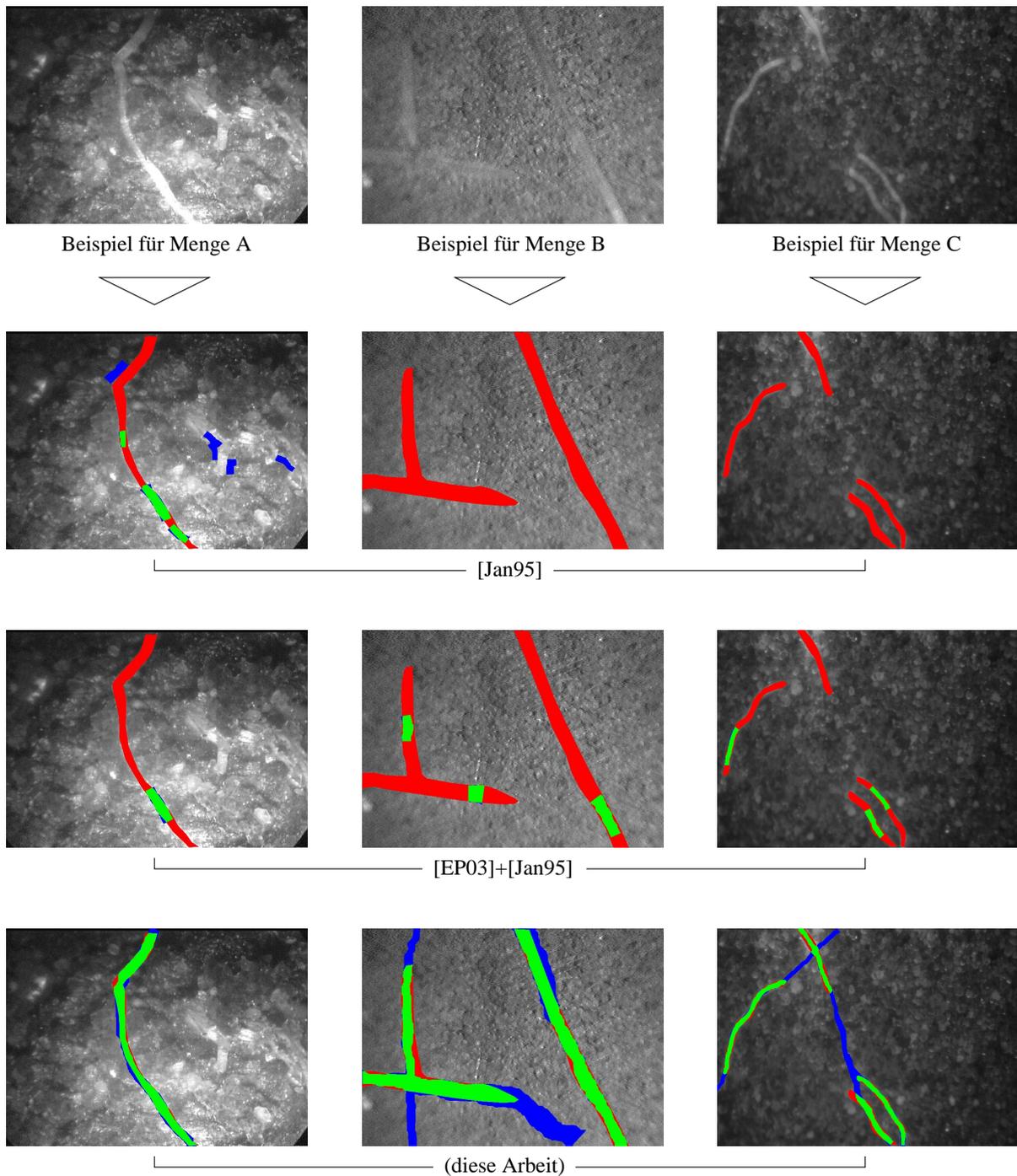
Um die Leistungsfähigkeit des hierarchischen Wurzel- $A^*$  zu verdeutlichen, wurde aus den drei Teilmengen der Bilderstichprobe jeweils ein Bild selektiert und für dieses die Ergebnisse aller drei Verfahren visualisiert. Die drei gewählten Bilder sind in der obersten Zeile von Abbildung 6.13 und die Detektionsergebnisse der vorgestellten Verfahren darunter dargestellt.

#### Beispielbild für Menge A ([Jan95])

Das Beispielbild aus Menge A ist für das darin zusammengefasste Bildmaterial sehr typisch: Ein Bereich mit sehr hohem Kontrast ist aufgrund der stark inhomogenen Beleuchtung von einer dunkleren Zone mit deutlich geringerem Kontrast umgeben. Da sich die vorhandene Wurzel in der Mitte des Bildes sehr gut vom Hintergrund abhebt, gelingt es dem ursprünglichen Verfahren, insgesamt drei korrekte Keime zu detektieren. Allerdings werden auch fünf falsche Keime erkannt, von denen der linke obere auf ein typisches Problem der konturbasierten Keimdetektion hinweist. Dieser gelingt es nicht sicher, aus drei passenden Konturstücken die korrekte Paarung zu ermitteln. Im Falle dieses Keims wurde dabei die falsche Wahl getroffen.

Weder die Keime der konturbasierten, noch die der regionenbasierten Keimdetektion werden vom ursprünglichen Wurzel- $A^*$  sehr weit expandiert. Auf diese Weise wird zwar die Menge falscher (blauer) Wurzelpixel minimiert, gleichzeitig jedoch auch die Menge fehlender (roter) Wurzelpixel sehr groß. Die Korrelationskoeffizienten sind dementsprechend mit 45.56 % ([Jan95]) und 49.56 % ([EP03]+[Jan95]) recht niedrig.

Im Gegensatz dazu verfolgt der hierarchische Wurzel- $A^*$  die komplette Wurzel bis zu ihren Begrenzungen am oberen und unteren Bildrand. Dies wird durch die Konturebene der Hierarchie möglich, welche das Erkennen der Wurzelkonturen trotz starker Änderungen der Gradientenbeträge erlaubt. Auf diese Weise wird ein Korrelationskoeffizient von 96.68 % und damit ein fast optimales Ergebnis erreicht.



**Abbildung 6.13: Beispielergebnisse.** Für jeweils ein Bild der drei Teilmengen (erste Zeile) sind hier die Ergebnisse der Verfahren von [Jan95] (zweite Zeile), der Kombination aus regionenorientierter Keimdetektion und ursprünglicher Keimexpansion (dritte Zeile) und regionenorientierter Keimdetektion und hierarchischer Keimexpansion (unterste Zeile) dargestellt. Korrekt klassifizierte Wurzelpixel ( $T_P$ ) wurden grün, zusätzliche Wurzelpixel ( $F_P$ ) blau und fehlende Wurzelpixel ( $F_N$ ) rot markiert.

### **Beispielbild für Menge B ([EP03])**

Die Beleuchtung dieses Beispielbildes fällt im Vergleich zu Menge A zwar homogener aus, der Kontrast ist jedoch häufig soweit reduziert, dass selbst dem menschlichen Betrachter das Auffinden der exakten Wurzelgrenzen schwerfällt. Dies gilt hier für alle drei Wurzeln. Durch die damit geringen Gradientenbeträge wird von der konturbasierten Keimdetektion auch kein Keim gefunden, wodurch die Wurzeln von der Detektion durch den ursprünglichen Wurzel- $A^*$  komplett ausgeschlossen sind. Dies resultiert in einem Korrelationskoeffizienten von 0 %.

Bei Verwendung der regionenbasierten Keimdetektion wird dagegen auf jeder Wurzel ein Keim erkannt. Der ursprüngliche Wurzel- $A^*$  terminiert die Suche allerdings sehr schnell. Dies lässt sich durch die geringen Gradientenbeträge im Bereich der Wurzelgrenzen erklären, durch welche der entsprechende Kostenbeitrag zu hoch ausfällt. Aufgrund des verwendeten Abbruchkriteriums terminiert die Suche damit zu zeitig und das Gesamtverfahren erreicht eine Ergebnisqualität von 62.03 %.

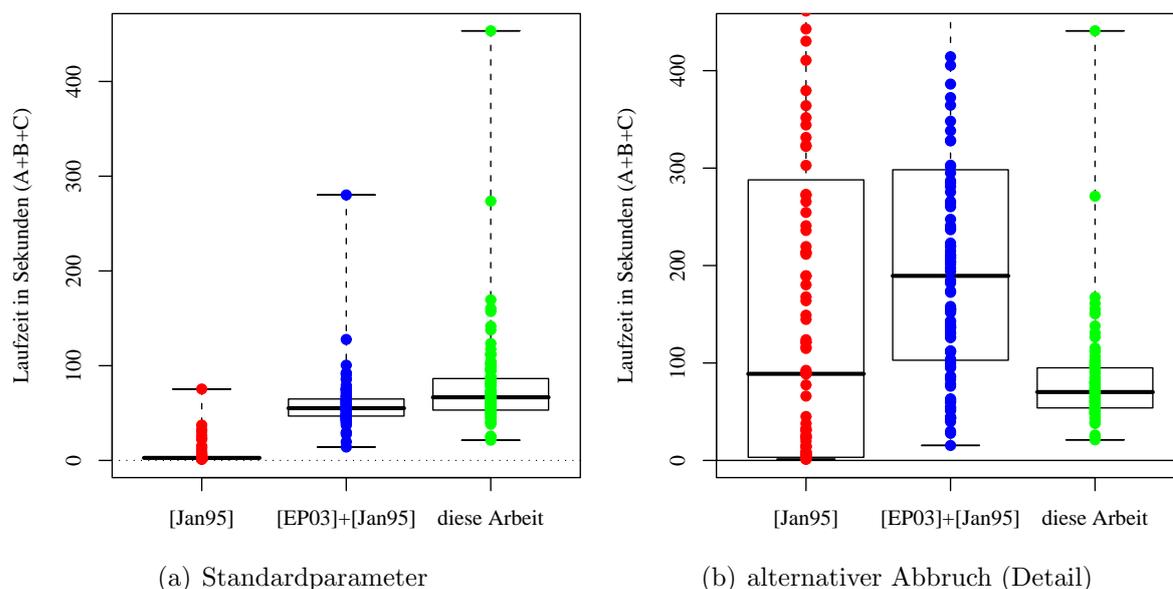
Mit Hilfe des hierarchischen Wurzel- $A^*$  werden dagegen erneut die vorhandenen Wurzeln komplett erkannt. Der Algorithmus terminiert allerdings auf den linken beiden Wurzeln zu spät, da der Wechsel von Wurzel zu Hintergrund in diesem Bild nur schwer detektierbar ist. Aus diesem Grund erreicht das Verfahren mit der Expansion durch den hierarchischen Wurzel- $A^*$  einen Korrelationskoeffizienten von 79.55 %.

### **Beispielbild für Menge C (diese Arbeit)**

Die Beleuchtung auf den Bildern der Menge C zeichnet sich, wie im hier gezeigten Bild, durch eine hohe Homogenität aus. Allerdings ist der Kontrast für die ursprüngliche Keimdetektion auch hier zu niedrig, so dass keinerlei Keime durch das ursprüngliche Verfahren erkannt werden. Aus diesem Grund wird auch die Expansionphase komplett übersprungen und ein Ergebnis von 0 % erreicht.

Die regionenbasierte Keimdetektion erkennt zumindest auf drei der vier Wurzeln einen validen Keim. Die oberste Wurzel erzeugt aufgrund der benachbarten hellen Sandkörnchen bei der Binarisierung des Bildes jedoch eine wurzeluntypische Regionenform und wird daher ignoriert. Das Ergebnis der Expansion mit dem ursprünglichen Wurzel- $A^*$  würde besser ausfallen, wenn die Suche nicht erneut zu früh abgebrochen würde. Aufgrund der so nur geringen Sensitivität wird ein Korrelationskoeffizient von nur 54.82 % erreicht.

Der hierarchische Wurzel- $A^*$  führt dagegen eine zu lange Expansion durch. Allerdings lässt sich anhand dieses Fehlers auch die prinzipielle Leistungsfähigkeit des neuen Expansionsschemas aufzeigen. So gelingt es, die große Lücke zwischen der rechten unteren und der oberen Wurzel so zu überbrücken, dass letztere sogar ohne darauf befindlichen Keim auf ihrer ganzen Länge detektiert wird. Die Expansion der ganz linken Wurzel wird korrekterweise trotz Auffinden dieses Expansionsergebnisses nicht abgebrochen, da beide Konturpaare zu verschiedenen Wurzeln gehören. Allerdings hätte die Verlängerung des linken Keims schon vor Entdeckung des zweiten Konturpaares beendet werden müssen. Trotz der somit zu weit durchgeführten Expansionen erreicht das Verfahren dieser Arbeit



**Abbildung 6.14: Laufzeiten der Gesamtverfahren.** In (a) sind die Laufzeiten der drei Verfahren dargestellt. Der ursprüngliche Wurzel-A\* terminiert sehr häufig zu zeitig, so dass entsprechend wenig Rechenzeit verbraucht wird. In (b) wird das Laufzeitverhalten bei Unterbinden des vorzeitigen Abbrechens visualisiert. (Darstellung als Boxplot)

einen Korrelationskoeffizienten von 78.35 %.

### 6.4.7 Laufzeiten

Das System, auf dem die hier vorgestellten Laufzeiten ermittelt wurden, verwendet als Betriebssystem SUSE LINUX 9.3 in der 64-Bit Version. Die Hardwarebasis besteht aus einem AMD ATHLON64 4000+ 64-Bit Prozessor mit 2.4 GHz Takt und 2 GB Hauptspeicher (DualChannel DDR400). Zur Messung der Laufzeit wurden alle vorgestellten Verfahren auf diesem System ausgeführt und dabei die Laufzeit als die Gesamtzeit (*user time*) gemessen, in welcher der entsprechende Prozess den Prozessor zugeteilt bekam.

Diese Gesamtlaufzeiten der Verfahren bei Verwendung der vorgestellten bzw. ursprünglichen Parametersätze sind graphisch in Abbildung 6.14(a) dargestellt. Eine Zusammenfassung der Werte für jede Teilmenge findet sich in Tabelle 6.10. Analog zu Tabelle 6.7 werden dabei auch hier Median und Mittelwert angegeben. Im Gegensatz zur Detektionsqualität ist für die Bewertung der Laufzeiten allerdings eher das arithmetische Mittel interessant, da immer alle Bilder bearbeitet werden müssen und somit die Gesamtrechenzeit aufgewendet werden muss.

Betrachtet man die mittleren Laufzeiten, so benötigt das ursprüngliche Verfahren nur knapp sechs Sekunden pro Bild und ist damit sehr schnell. Der Einsatz der regionenbasierten Keimdetektion verursacht eine Steigerung von etwa 54 Sekunden, die im Vergleich zur konturbasierten Keimdetektion mehr benötigt werden. In Anbetracht der dabei deutlich

	Menge A		Menge B		Menge C		Gesamt	
	Median	Mittel	Median	Mittel	Median	Mittel	Median	Mittel
[Jan95]	2.83	2.71	2.39	2.45	7.45	14.16	2.65	5.70
[Jan95]*	272.60	404.60	30.88	154.00	9.26	37.53	88.87	202.70
[EP03]+[Jan95]	59.02	58.46	53.38	55.47	53.38	66.31	55.14	59.35
[EP03]+[Jan95]*	178.00	385.80	153.10	217.20	260.30	703.70	189.40	402.50
<b>diese Arbeit</b>	72.75	80.06	61.28	67.93	61.81	91.74	66.64	78.24

**Tabelle 6.10: Laufzeiten.** Median und arithmetisches Mittel der Laufzeiten aller Verfahren in Sekunden (\* bei vergleichbaren Expansions- und Konturlängen durch verzögerten Suchabbruch).

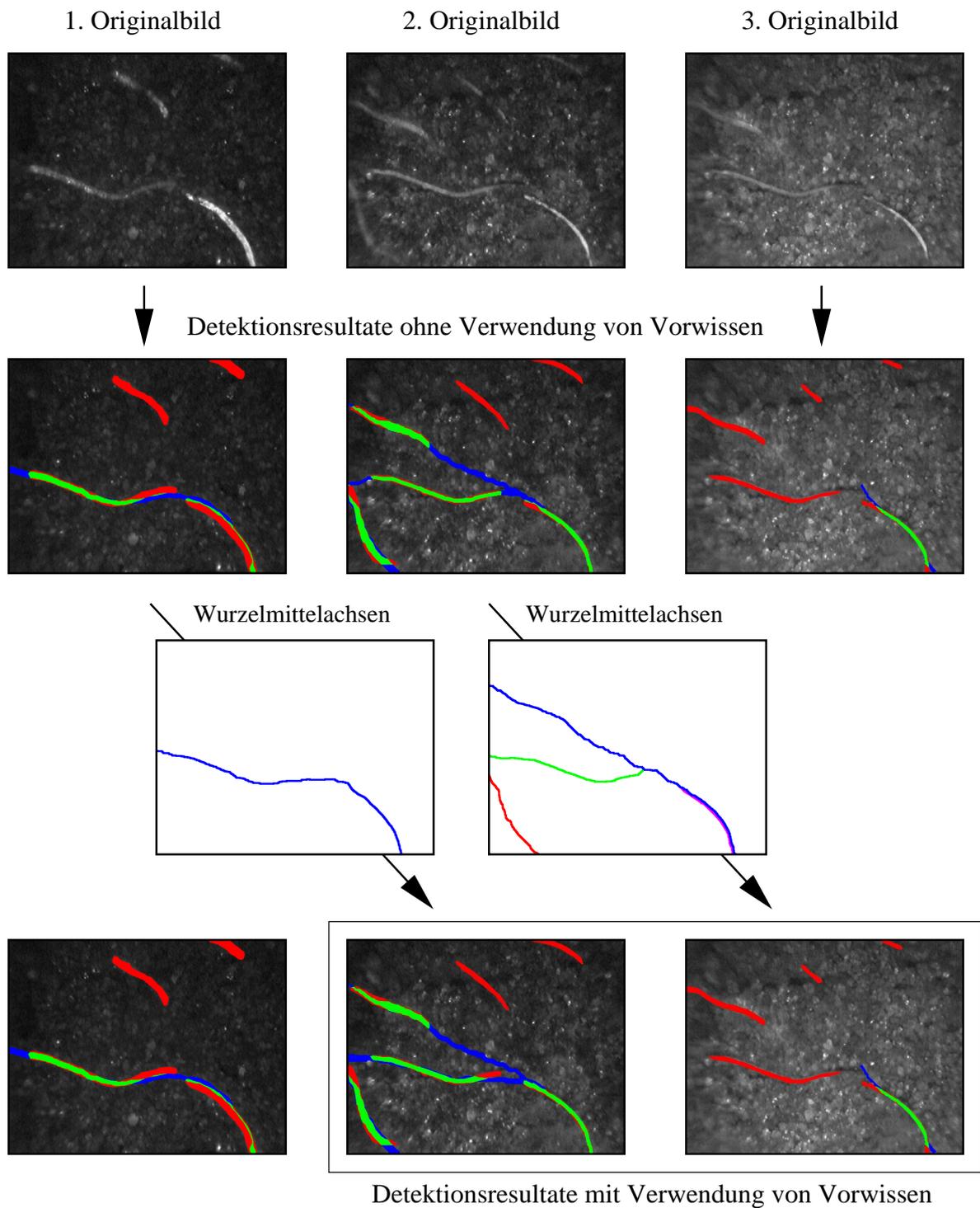
gesteigerten Detektionsqualität ist dies jedoch vertretbar, da das primäre Ziel bei der Entwicklung aller Algorithmen die Ergebnisqualität ist. Eine weitere Steigerung dieser Qualität ist durch den Einsatz des hierarchischen Wurzel- $A^*$  erreichbar, welcher allerdings auch etwa 19 Sekunden mehr Rechenzeit benötigt als das ursprüngliche Verfahren mit den Originalparametern. Da die mittlere Laufzeit von gut 78 Sekunden für das Gesamtverfahren allerdings immer noch deutlich unter 180 Sekunden liegt, ist diese Aufwendung ebenfalls unproblematisch. Die Größenordnung von etwa drei Minuten wurde durch die biologischen Anwender definiert und garantiert die Möglichkeit, die Bilder eines typischen Untersuchungstages über Nacht auf Standardhardware (siehe oben) auszuwerten. Alle drei vorgestellten Verfahren unterschreiten diese Grenze im Mittel deutlich, so dass eine Auswahl allein anhand der Detektionsqualitäten erfolgen kann.

Die ursprüngliche Keimexpansion aus [Jan95] mit den dort angegebenen Parametern terminiert häufig zu früh und liefert damit nur sehr kurze Konturen. Aus diesem Grund ist ihre Laufzeit eigentlich nur schlecht mit der des hierarchischen Wurzel- $A^*$  vergleichbar. Daher wurden zwei Parameter des ursprünglichen Verfahrens so verändert, dass die Längen der Ergebnisregionen beider Verfahren einander ungefähr entsprechen. Durch die dafür erfolgte Wahl der maximalen Gradientenkosten  $\vartheta_{grad} = 14.78$  und der maximalen Symmetriedifferenz  $\vartheta_{parallel} = 10.95$  sinken allerdings in vielen Fällen die erreichten Korrelationskoeffizienten des ursprünglichen Wurzel- $A^*$ , weil die expandierten Konturen die Wurzelregionen verlassen. Aus diesem Grund werden die entsprechenden Laufzeiten in Tabelle 6.10 und Abbildung 6.14(b) nur ergänzend angegeben. Sie können jedoch als Richtgröße dafür dienen, welche Zeit die vorliegende Implementierung des ursprünglichen Wurzel- $A^*$  bei der Detektion einer kompletten Wurzel benötigen würde.

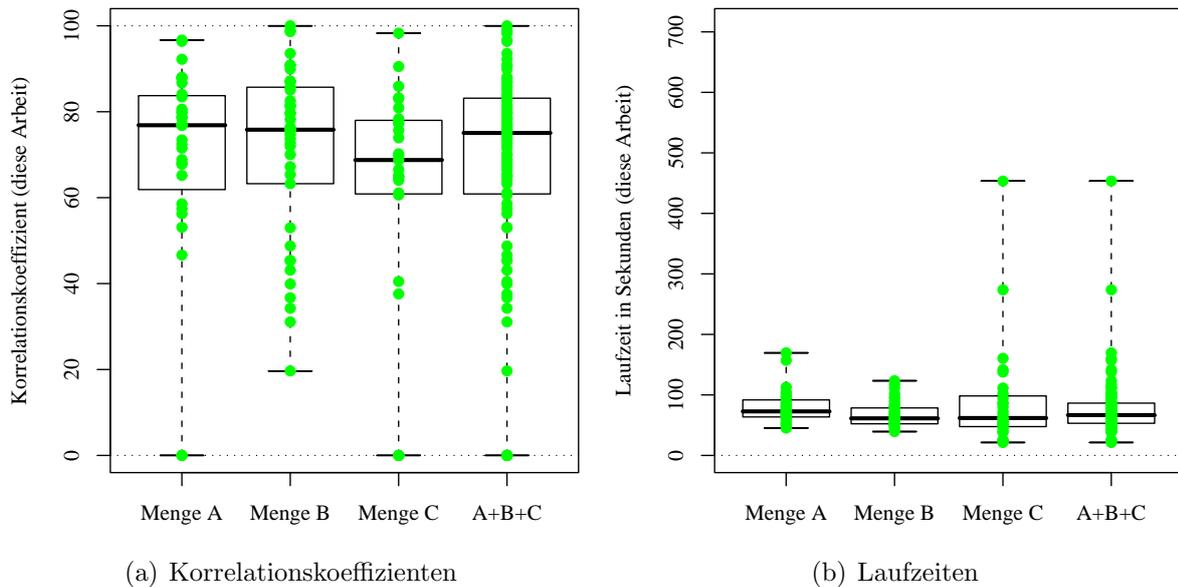
Die prinzipiell akzeptable Laufzeit des hierarchischen Wurzel- $A^*$  kann in zeitlich aufeinanderfolgenden Aufnahmen des gleichen Röhrenausschnittes sehr effektiv durch das Einbringen von Vorwissen gesenkt werden.

### 6.4.8 Verwendung von Vorwissen

Die Verwendung von Vorwissen ist immer dann möglich, wenn eine Reihe von Bildern analysiert werden soll, die zu aufeinanderfolgenden Zeitpunkten an der gleichen Stelle des Minirhizotrons aufgenommen wurden. In diesen Fällen können bereits vorliegende



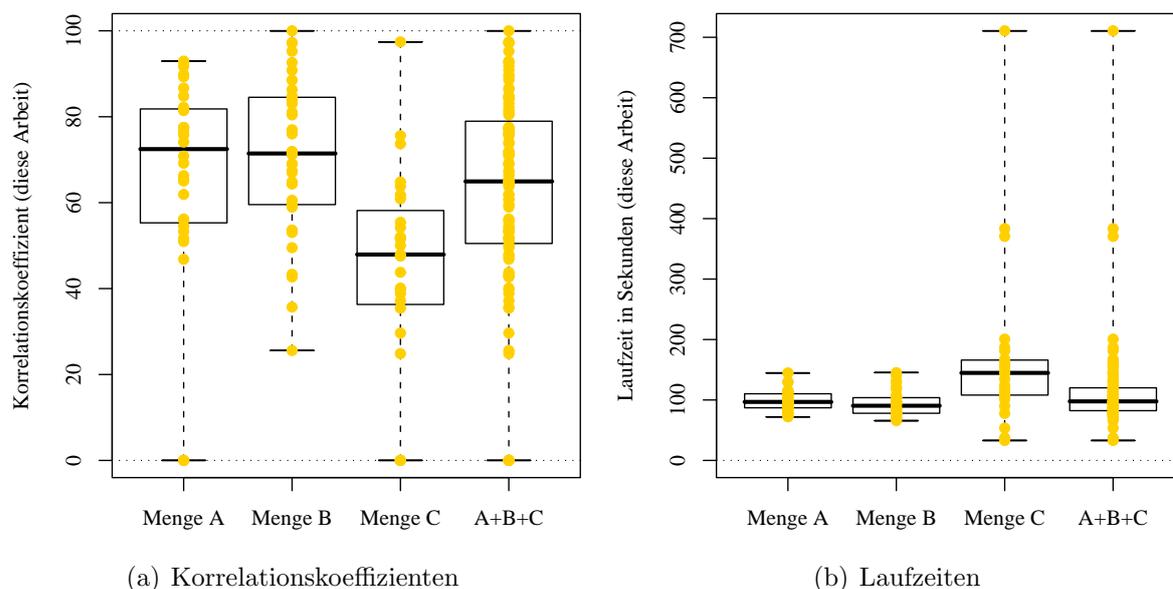
**Abbildung 6.15: Verwendung von Vorwissen.** *Durch Verfolgung der übertragenen Wurzelmittelachsen aus früher aufgenommenen und bereits ausgewerteten Bildern kann die Laufzeit merklich reduziert werden, ohne dass sich das Detektionsresultat signifikant von dem einer kompletten Neudetektion unterscheidet.*



**Abbildung 6.16: Einfache Kantenberechnung.** Zum besseren Vergleich mit Abbildung 6.17 sind in (a) noch einmal die Korrelationskoeffizienten des Verfahrens dieser Arbeit und in (b) die Gesamtlaufzeiten dargestellt. (Darstellung als Boxplot)

Detektionsergebnisse verwendet werden, um die Laufzeit des hierarchischen Wurzel- $A^*$  zu reduzieren. Dazu wird die Expansion auf Konturebene wie in Abschnitt 5.3.5 verändert. Durch diese Änderung folgt sie denjenigen Wurzelmittelachsen im aktuellen Bild, die im zuvor bearbeiteten Bild bestimmt wurden. Auf diese Weise wird der Suchraum noch weiter eingeschränkt und die Laufzeit der Expansion merklich reduziert.

In Abbildung 6.15 sind die Wurzelmittelachsen aus dem Detektionsergebnis des ersten und zweiten Originalbildes in der dritten Zeile dargestellt. Sie werden dem zweiten bzw. dritten Bild der Bildfolge vor der Expansion überlagert und stellen die Erwartungen an die vermuteten Wurzelpositionen in diesen Bildern dar. Für jede gefundene Wurzelregion eines Bildes wird eine solche Wurzelmittelachse erstellt und in das nächste zu bearbeitende Bild übertragen. Aufgrund der im ersten Bild gefundenen Wurzel entsteht damit eine Wurzelachse als Vorerwartung für das zweite Bild, die von zwei darin detektierten Keimen verwendet wird. Die linke untere und die linke obere Wurzel in diesem Bild müssen allerdings komplett ohne Vorwissen gefunden werden. Aus diesem Grund kann bei diesem Bild auch nicht so viel Rechenzeit gespart werden: Die Laufzeit sinkt um 28 % von 26.11 Sekunden bei der Expansion ohne Vorwissen auf 18.78 Sekunden bei Kenntnis einer Wurzelmittelachse. Der Korrelationskoeffizient verringert sich dabei nur wenig von 76.90 % auf 75.74 %. Bei der Detektion auf dem dritten Bild wird dagegen nur ein Keim erkannt, zu dem die Wurzelmittelachse aus dem zweiten Bild bekannt ist. Dementsprechend fällt auf diesem Bild die relative Laufzeiteinsparung mit 55 % deutlich größer aus: Statt 2.78 Sekunden benötigt die Keimexpansion nur noch 1.25 Sekunden. Gleichzeitig verändert



**Abbildung 6.17: Verwendung von Signifikanzkarten.** *Wie aus (a) ersichtlich wird, lässt sich durch den Signifikanzkarten keine direkte Verbesserung der Detektionsresultate erzielen. Allerdings steigen die in (b) dargestellten Gesamtlaufzeiten merklich (Darstellung als Boxplot).*

sich der Korrelationskoeffizient von 57,48 % zu 57,44 % praktisch nicht.

Da sich die Detektionsqualität bei einer solchen Einbringung von Vorwissen meistens nicht nennenswert ändert, stellt dieses Vorgehen eine sinnvolle Möglichkeit dar, Rechenzeit einzusparen. Ebenfalls interessant ist zudem das Potential, Wurzelmittelachsen direkt auf dem Bild vom Nutzer vorgeben zu lassen. Auf diese Weise steht ein halbautomatisches Verfahren zur Verfügung, das sehr genaue und sichere Resultate liefern kann.

Im Gegensatz zur Einbringung von Vorwissen verspricht die Verwendung von Signifikanzkarten keinen Laufzeitvorteil, sondern eine Verbesserung der Ergebnisqualität. Dieses Potential wird nun diskutiert.

### 6.4.9 Verwendung von Signifikanzkarten

Beim Einsatz von Signifikanzkarten wird erwartet, dass die Detektionsresultate des hierarchischen Wurzel- $A^*$  verbessert werden. Hierbei wird angenommen, dass durch die Verstärkung der wahrgenommenen Kanten im Bild eine bessere Lokalisierung der Konturen und eine leichtere Überbrückung von kontrastarmen Bereichen möglich ist. Wie jedoch die Beispielbilder aus Abschnitt 6.4.6 exemplarisch untermauern, ist das Expansionschema des hierarchischen Wurzel- $A^*$  bereits sehr resistent gegen niedrige Gradienten entlang der Wurzelkonturen. Daher kann das Detektionsergebnis auf diese Weise nicht merklich verbessert werden. Da in der Signifikanzkarte aber prinzipbedingt auch in der näheren Umgebung einer Kante hohe Signifikanzen auftreten, befinden sich die detektierten Wurzelkonturen nicht mehr so häufig direkt auf den Wurzelrändern. Dies führt dazu, dass

sich in mehreren Bildern die Ergebnisqualität der hierarchischen Keimexpansion sogar verschlechtert, wie der Ergebnisdarstellung in Abbildung 6.17(a) entnommen werden kann. Aus diesem Grund und wegen des zusätzlichen Rechenaufwandes (siehe Abbildung 6.17(b)) ist die Anwendung von Signifikanzkarten in Kombination mit dem hierarchischen Wurzel- $A^*$  nicht sinnvoll. Es ist jedoch vorstellbar, dass ihre Verwendung eine Verbesserung der Ergebnisse des ursprünglichen Wurzel- $A^*$  ermöglicht, indem dessen vorzeitiger Abbruch vermieden wird.

Auch die Expansion mit dem hierarchischen Wurzel- $A^*$  führt auf einigen Bildern der verwendeten Stichprobe nicht zum gewünschten Resultat. Die Ursachen dafür werden nun an drei Beispielen diskutiert.

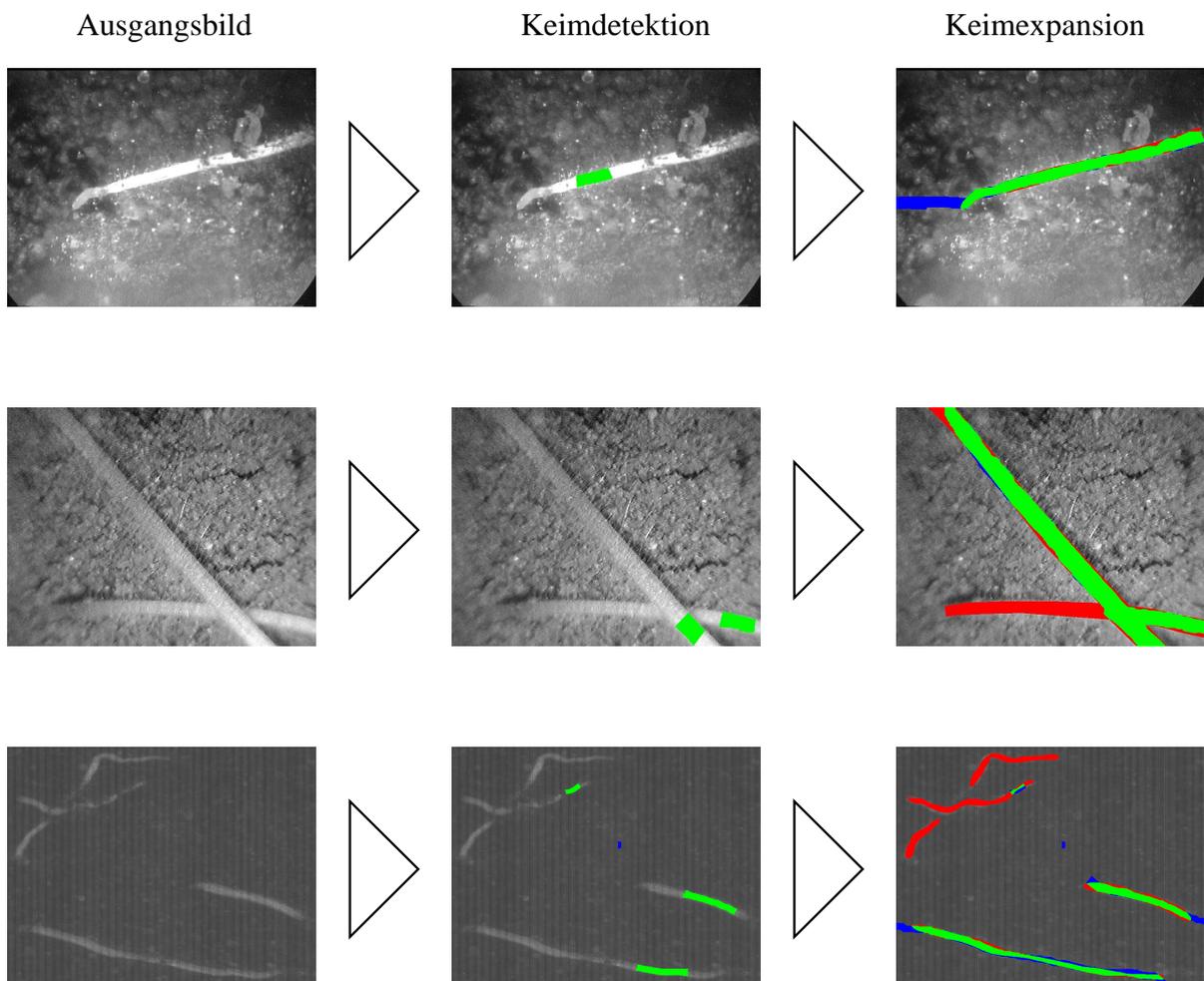
### 6.4.10 Verbesserungspotentiale

Einige Schwierigkeiten bei der Wurzeldetektion treten trotz Verwendung des hierarchischen Wurzel- $A^*$  auf. In Abbildung 6.18 sind typische Ursachen für die somit verminderte Ergebnisqualität dargestellt. In der obersten Zeile der Abbildung befindet sich ein Bild aus Menge A, in der mittleren Zeile eines aus Menge B und in der untersten Zeile ein Bild aus Menge C. Dabei ist jeweils das Ausgangsbild, das entsprechende Ergebnis der regionenbasierten Keimdetektion und das Resultat der Expansion mit dem hierarchischen Wurzel- $A^*$  dargestellt.

Ein Nachteil des Abbruchkriteriums des hierarchischen Wurzel- $A^*$ , der beispielsweise im hier vorgestellten Bild der Menge A auftritt, ist der verspätete Suchabbruch. Das linke Ende der Wurzel ist vergleichsweise gut zu erkennen, das Abbruchkriterium detektiert es jedoch nicht. Da der Rest der Wurzel fast optimal erkannt wurde, ermöglicht eine Verbesserung des Abbruchkriteriums hier eine Steigerung der Ergebnisqualität von momentan 87.98 % auf etwa 99 %.

Betrachtet man das Beispielbild für Menge B, so fällt eine weitere mögliche Fehlerquelle bei der Keimexpansion auf. Die Expansion des rechten Keims terminiert zu Recht nicht an der Kreuzungstelle der beiden Wurzeln, die gefundene Kontur schwenkt jedoch auf die diagonale Wurzel ein. Diesem Problem kann jedoch durch eine Einschränkung der zulässigen Krümmung auf der Konturebene des hierarchischen Wurzel- $A^*$  begegnet werden. Die Verlängerung des unteren Keims wird korrekterweise frühzeitig abgebrochen, da hier die zuvor verlängerten Konturen des rechten Keims gefunden werden. Trotzdem ist eine deutliche Steigerung des erzielten Korrelationskoeffizienten von 87.17 % möglich.

Dass die Wahl des Abbruchkriteriums nicht sehr einfach ist, unterstreicht das dritte Beispielbild, das aus Menge C gewählt wurde. In ihm werden drei korrekte und ein falscher Keim erkannt, wobei die Expansion des letzteren in der Mitte des Bildes auch sehr frühzeitig eingestellt wird. Die Verlängerung der beiden unteren Keime liefert genau die zugehörigen Wurzeln. Bei der Expansion des dritten Keims im oberen Teil des Bildes wird die Suche jedoch zu zeitig abgebrochen. Hier wäre eine Relaxierung des Abbruchkriteriums hilfreich, um eine Detektion der oberen Wurzel zu ermöglichen. In diesem Fall würde jedoch auch der Keim der rechten mittleren Wurzel wahrscheinlich



**Abbildung 6.18: Suboptimale Resultate.** Es sind für jede Teilmenge ein beispielhaftes Originalbild, das Ergebnis der regionenbasierten Keimdetektion und das Detektionsergebnis des hierarchischen Wurzel-A\* dargestellt. In einigen Fällen wird das Wurzelende nicht erkannt (oberste Zeile), auf eine falsche Wurzel eingeschwenkt (mittlere Zeile) oder die Expansion zu früh beendet (unterste Zeile).

zu weit verlängert werden. Eine bessere Formulierung des Abbruchkriteriums ist daher wünschenswert, um den erzielten Korrelationskoeffizienten von 83.08 % zu steigern.

Auf einigen Bildern der verwendeten Bildmenge werden auch deutlich geringere Korrelationskoeffizienten erzielt. Dies ist in den meisten Fällen einem ungeeigneten Ergebnis der Keimdetektion geschuldet, die teilweise keine Keime auf vorhandenen Wurzelregionen detektiert. Damit werden diese Wurzeln nur in Ausnahmefällen erkannt und das Ergebnis fällt entsprechend schlecht aus. Dieses Problem tritt vor allem auf Bildern mit sehr untypisch geformten, zu kleinen oder zu großen Wurzeln auf. Entsprechend niedrige Detektionsqualitäten gehen somit zwar in die Gesamtwertung ein, werden jedoch

normalerweise nicht durch Probleme der Keimexpansion verursacht.

### 6.4.11 Zusammenfassung

Der in dieser Arbeit vorgestellte Ansatz zur Wurzeldetektion in Minirhizotronbildern besteht aus einer Adaption der bereits in [EP03] vorgestellten regionenbasierten Keimdetektion und der in dieser Arbeit entwickelten hierarchischen Expansion. Durch Verwendung dieses Ansatzes konnte im Vergleich zum ursprünglichen Verfahren von [Jan95] der Median des Korrelationskoeffizienten auf der gesamten verwendeten Bilderstichprobe von knapp 9% auf gut 75% gesteigert werden. Auf dem Teil der Stichprobe, der bei der Vorstellung des ursprünglichen Ansatzes verwendet wurde, konnte diese Größe immer noch um über 35% von knapp 42% auf knapp 77% verbessert werden. Vergleicht man auf der Gesamtstichprobe nur die Auswirkungen der unterschiedlichen Keimexpansionen miteinander, so konnte mit dem hierarchischen Wurzel- $A^*$  der Median des Korrelationskoeffizienten um über 27% von knapp 48% auf gut 75% erhöht werden. Diese Steigerungen werden durch das genauere Wurzelmodell, die daraus resultierenden Verbesserungen bei der Überbrückung von kontrastarmen Bildstellen und die sicherere Erkennung bereits detektierter Wurzelbereiche erzielt. Dabei zeigte sich der hierarchische Wurzel- $A^*$  bereits als ausreichend robust bei geringen Gradientenbeträgen entlang der Wurzelränder, so dass auf den Einsatz von Signifikanzkarten verzichtet wurde. Die Laufzeit des Gesamtverfahrens ist mit einem arithmetischen Mittel von gut 78 Sekunden als akzeptabel einzustufen und kann zusätzlich durch die Einbringung von Vorwissen gesenkt werden. Damit wurde ein bereits bekanntes Verfahren verbessert und für den Einsatz auf einer breiteren Menge von Bildtypen tauglich gemacht. Sein kompletter Ablauf wird im nächsten Kapitel noch einmal kurz zusammengefasst.

## 7 Zusammenfassung und Ausblick

Die Minirhizotrontechnik hat die zerstörungsfreie und fortgesetzte Beobachtung von pflanzlichen Wurzelsystemen in bedeutendem Maße beeinflusst. Ihr Einsatz ermöglicht kosteneffiziente Untersuchungen des Wurzelwachstum einer Pflanze und liefert damit wichtige Informationen für die Bestimmung und das Verständnis ökologisch relevanter Faktoren. Die Anzahl aktueller Veröffentlichungen, wie beispielsweise [GHSG05], [MPM<sup>+</sup>05] und [AM05] zeigt, dass sie entsprechend häufig für unterschiedliche Untersuchungen eingesetzt wird, die auch im Kontext der Sensibilisierung für Umweltfragen an Bedeutung gewinnen. Aufgrund ihrer Flexibilität ist dabei sowohl die Beobachtung von Wurzelsystemen im natürlichen Ökosystem einer Pflanze als auch die Untersuchung unter Laborbedingungen möglich. Da bei der Beobachtung in einer Minirhizotronröhre jedoch immer nur ein Teil des Wurzelsystems erfasst werden kann, ist für die Gewinnung statistisch fundierter Aussagen die Verwendung mehrerer Röhren und die Aufnahme vieler Bilder notwendig. In einzelnen Versuchen können so mehrere zehntausend Bilder entstehen. Die manuelle Auswertung dieses Bildmaterials ist eintönig und häufig fehleranfällig. Aus diesem Grund ist ein automatisches Verfahren wünschenswert, das diejenigen Regionen in den Bildern bestimmt, die durch die Projektion einer Wurzel verursacht werden. Auf diese Weise können beispielsweise Rückschlüsse auf den Durchwurzelungszustand des untersuchten Erdreiches gezogen werden. Aufgrund des meist sehr inhomogenen Hintergrundes, der häufig variierenden Wurzelfärbung und -form, der beobachtbaren Wurzelstrukturierung, sowie der Varianz von Kontrast und Beleuchtungshomogenität in den zu bearbeitenden Bildern, werden jedoch erhöhte Anforderungen an entsprechende Verfahren gestellt. Die Bilder der Stichprobe dieser Arbeit, die alle in der gleichen Arbeitsgruppe entstanden, weisen beispielsweise so unterschiedliche Eigenschaften auf, dass vergleichsweise einfache Ansätze wie etwa [SFD<sup>+</sup>87], [CJFG91] und [VGBM99] nicht mehr zum gewünschten Erfolg führen.

Aus diesem Grund wurde der bereits bekannte Ansatz von [Jan95] weiterentwickelt und verbessert. Da in Minirhizotronbildern häufig nur ein kleiner Teil einer Wurzel einfach und zuverlässig erkannt werden kann, besteht das dort vorgestellte Verfahren aus zwei Phasen. In der ersten Phase werden nur diejenigen Teile einer projizierten Wurzelregion bestimmt, die mit hoher Sicherheit erkannt werden können. Diese Wurzelteile werden Keime genannt und die erste Phase deshalb als Keimdetektion bezeichnet. In der zweiten Phase werden die gefundenen Keime dann als Ausgangspunkte einer Suche verwendet, die sie so verlängert, dass die komplette zugehörige Wurzel überdeckt wird. Aufgrund dieser Expansion wird die zweite Phase als Keimexpansion bezeichnet. In beiden Teilen des ursprünglichen Verfahrens wird vor allem lokales Wissen verwendet, wodurch auf kontrastärmeren Bildern,

wie sie auch in dieser Arbeit verwendet wurden, keine überzeugenden Resultate erzielt werden.

Da ein zweistufiger Ansatz sehr leistungsfähig sein kann, verwendet das Verfahren dieser Arbeit ebenfalls zwei Phasen. Allerdings bedient es sich bereits bei der Keimdetektion globalerer Informationen. Dies geschieht, indem komplette Regionen untersucht werden, die zuvor durch Binarisierung des Bildes mit unterschiedlichen Schwellwerten erzeugt wurden. Mit Hilfe entsprechend formulierter Kriterien bezüglich Form, Größe, Farbe und Regionenrand werden davon diejenigen Regionen ausgewählt, die mit hoher Wahrscheinlichkeit einen Teil einer Wurzelprojektion beinhalten. Dazu wird für jede Region eine minimale Länglichkeit, eine Mindestgröße, eine eher homogene Färbung und eine definierte Randgüte gefordert. Von jeder Region, die diese Kriterien erfüllt, wird nachfolgend mit Hilfe einer Mittelachsentransformation derjenige Teil von ihr bestimmt, der die Wurzelprojektion überdeckt. Unter Zuhilfenahme des Suchalgorithmus' und des Wurzelmodells der Keimexpansion wird dann ein Konturpaar, das diese Teilregion begrenzt, als finaler Keim bestimmt. Dieses Vorgehen hat den Vorteil, dass neben Gradienteninformationen auch verschiedene Eigenschaften einer Region zur Entscheidungsfindung herangezogen werden können und die Erkennung von Wurzelteilen damit deutlich weniger fehleranfällig ist. Im Vergleich zur ursprünglichen, rein konturorientierten Keimdetektion konnte so der Median der Sensitivität und der Median der Relevanz von 10 % und knapp 8 % deutlich auf 100 % und 100 % bei der regionenbasierten Keimdetektion gesteigert werden. Entsprechend lässt sich eine merkbare Verbesserung der Gesamtdetektionsergebnisse bereits durch einen Austausch der ursprünglichen Keimdetektion gegen das neue Verfahren bei Verwendung der gleichen, ursprünglichen Keimexpansion erreichen. Auf der gesamten Stichprobe erhöht sich in diesem Fall der Median der Korrelationskoeffizienten von knapp 9 % auf knapp 48 % und der Median der Sensitivität und Relevanz von gut 3 % und gut 22 % merklich auf knapp 25 % und knapp 98 %.

Die zweite Phase des Verfahrens dieser Arbeit verwendet einen hierarchischen Expansionsansatz, welcher die gesuchten Wurzelkonturen in einem speziellen Suchgraphen bestimmt. Ihm liegt die Idee zugrunde, die Suche durch Aufteilung der entsprechenden Beschreibungen in eine globalere und eine detailliertere Sicht auf zwei unterschiedlichen Ebenen zu vereinfachen. Aus diesem Grund wurde der ursprünglich von [Jan95] eingeführte Wurzel- $A^*$  abgewandelt und für die detaillierte Suche auf der unteren Ebene verwendet. Die obere Ebene, welche die Richtung der Expansion steuert, verwendet zur Suche ebenfalls eine Form des  $A^*$ -Algorithmus' und erlaubt es, die grobe Form der detektierten Wurzelregion zu beeinflussen. Gleichzeitig ermöglicht sie durch Vorgeben von Zielknoten an die untere Ebene dieser eine effizientere Suche, da das Wissen über die Zielknoten eine signifikante Verkleinerung der betrachteten Offen-Liste und damit das schnellere Auffinden des gesuchten Wurzelkonturpaares erlaubt. Auf diese Weise werden pixelgenaue Lösungen und die globale Führung der Expansion gewinnbringend miteinander kombiniert. Aufgrund des Einsatzes des  $A^*$ -Algorithmus' auf beiden Ebenen wird diese Kombination als hierarchischer Wurzel- $A^*$  bezeichnet. Die Modellierung von Wurzeleigenschaften wird so erleichtert und aufgrund der verbesserten Suchraumeinschränkung eine robustere

---

Expansion der Wurzelkonturen an Stellen mit niedrigen Gradientenbeträgen oder bei Unterbrechungen der Wurzelkontur erreicht. Die erzielte Stabilität des hierarchischen Wurzel- $A^*$  erlaubte es, die Ergebnisqualität in Form des Korrelationskoeffizienten weiter zu verbessern. So konnte der Median der Korrelationskoeffizienten auf der untersuchten Bildmenge, im Gegensatz zum ursprünglichen Wurzel- $A^*$ , von knapp 48 % auf gut 75 % gesteigert werden. Der Median der Sensitivität verdreifachte sich von knapp 25 % auf knapp 75 %, während der Median der Relevanz von knapp 98 % auf knapp 80 % fiel. Der Median der Klassifikationsrate stieg auf knapp 98 %.

Neben einer Verbesserung der Detektionsresultate wird aufgrund des gewählten Expansionschemas der oberen Ebene die Einbringung von Vorwissen stark erleichtert, das bei der Auswertung von Zeitreihenbildern in chronologischer Reihenfolge verfügbar ist. Dazu wird die Mittelachse einer zuvor detektierten Wurzel in das nächste Bild übertragen und die Suche an dieser Achse ausgerichtet. Auf diese Weise sind bei der Keimexpansion Laufzeiteinsparungen von über 50 % möglich, wodurch die mittlere Dauer der Keimexpansion pro Bild auf einem 2.4 GHz AMD64 Prozessor auf unter zehn Sekunden fällt. Neben der Verwendung in vollautomatischen Verfahren kann der hierarchische Wurzel- $A^*$  jedoch auch sehr einfach in Systemen mit Nutzerinteraktion zur schnellen und robusten Wurzeldetektion eingesetzt werden. In diesem Fall werden die Wurzelmittelachsen einfach vom Benutzer vorgegeben und die zugehörigen Wurzelkonturen vom hierarchischen Wurzel- $A^*$  ermittelt.

Das Gesamtverfahren dieser Arbeit liefert als Ergebnis der Wurzeldetektion ein Binärbild, das für jeden Bildpunkt eine Zuordnung zur Wurzel- oder Hintergrundklasse enthält. Diese Darstellungsform ist aus biologischer Sicht allerdings weniger interessant. Aus diesem Grund wurde im Rahmen dieser Arbeit auch ein Verfahren entwickelt, das aus den erhaltenen Binärregionen die Länge, Breite und Fläche der zugehörigen Wurzelprojektion berechnet. Dieses Verfahren bedient sich der Mittelachsentransformation, um ein vereinfachtes Skelett der untersuchten Region zu bestimmen. Mit Hilfe dieses Skelettes können dann biologisch relevante Wurzelparameter wie mittlere Breite, Breiten-Länge-Verteilung und Gesamtlänge des erkannten Wurzelsystems ermittelt werden. Zusätzlich wird die Anzahl an Wurzeln und ihre Fläche bestimmt. Um eine den Korrelationskoeffizienten ergänzende Bewertung der Detektionsqualitäten der vorgestellten Verfahren zu erhalten, wurden all diese Parameter sowohl für die manuellen Labelbilder als auch die Ergebnisse der Detektionsalgorithmen bestimmt. Dabei wurde festgestellt, dass das Verfahren dieser Arbeit, also die Kombination aus regionenbasierter Keimdetektion und hierarchischem Wurzel- $A^*$ , auch bezüglich dieser Maße bessere Ergebnisse liefert als der ursprüngliche Ansatz. So wird im Mittel pro Bild die Wurzelanzahl nicht mehr um knapp 55 % über-, sondern um gut 9 % unterschätzt. Die Gesamtwurzellänge pro Bild wird nicht mehr um gut 61 % sondern nur noch um gut 19 % und der mittlere Durchmesser statt um knapp 73 % nur noch um knapp 18 % unterschätzt. Durch die so gestiegene Verlässlichkeit der Ergebnisse der vollautomatischen Wurzeldetektion kann ein Großteil der eintönigen Arbeit bei der Auswertung von Minirhizotronbildern eingespart werden. Mit den zusätzlich in Kooperation entwickelten Methoden zur Bildaufnahme (Endoskoproboter und Minirhi-

zotronsscanner) konnten zudem weitere Aufgaben bei Einsatz der Minirhizotrontechnik in größeren Teilen automatisiert werden. Zur Speicherung der so erfassten Bilder und zugehörigen Beschreibungen und Metainformationen wurde außerdem eine Datenbank erstellt, auf die mit Hilfe einer webbasierten Schnittstelle zugegriffen werden kann. Diese Schnittstelle wird durch einen hierfür entwickelten Generator erzeugt und kann dadurch sehr schnell veränderten Anforderungen angepasst werden. Insgesamt konnte damit in der Kooperation mit den biologischen Anwendern der Abteilung Ökologie von der Universität Bielefeld ein Gesamtsystem entwickelt werden, das weite Teile der Erfassung, Speicherung und Auswertung von, für die Minirhizotrontechnik, relevanten Daten übernimmt.

Im Kern dieser Arbeit konnte mit dem neu vorgestellten Verfahren ein wichtiger Schritt zur verbesserten Modellierung von Wurzelregionen und einer robusteren Wurzelerkennung in Minirhizotronbildern geleistet werden. Die erreichten Ergebnisse können jedoch noch weiter verbessert werden. So werden im Rahmen der Keimdetektion Kriterien benötigt, die bei geringer Laufzeit eine sichere Unterscheidung zwischen Wurzelregionen und Hintergrund ermöglichen. Hier sind Verbesserungen bei der Verwendung von Farb- und Texturinformationen möglich und es erscheint das Ermitteln eines entsprechenden laufzeitgünstigen Kriteriums lohnenswert. Auch die Verwendung eines automatisch trainierten Klassifikators, der alle verwendeten Kriterien in ein Gesamtkriterium kombiniert, könnte sich als sinnvoll erweisen. Durch ihn könnte möglicherweise die bereits geringe Anzahl falscher Keime weiter reduziert und die korrekter Keime noch weiter vergrößert werden. Da die nachfolgende Keimexpansion eine hohe Abhängigkeit vom Ergebnis der Keimdetektion aufweist, wäre eine solche Verbesserung von besonderer Tragweite.

Bei der Keimexpansion ist die Wahl des Abbruchkriteriums recht kompliziert. Dieses Kriterium entscheidet, an welcher Stelle die expandierten Konturen beginnen, den Hintergrund zu überdecken und ihre Verlängerung daher beendet werden soll. Besonders in kontrastarmen Bildern ist das Treffen dieser Entscheidung allein anhand von Expansionskosten fehleranfällig. Es gestaltet sich jedoch auch in anderen Bildern mitunter schwierig. Aus diesem Grund wurde die Verwendung von Farbeigenschaften untersucht und zusätzlich eine Menge von Texturmerkmalen eingesetzt, die mit Hilfe der Grauwertübergangsmatrix berechnet werden. Die dabei verwendeten 26 Merkmale wurden durch eine Hauptachsentransformation auf zehn Skalare reduziert, die von einem vorher trainierten MLP bewertet wurden. Die Verwendung der eindimensionalen Ausgabe dieses MLPs lieferte allerdings nicht auf allen untersuchten Bildern gute Ergebnisse. Erfolgversprechender scheint damit eher die Verwendung eines Abbruchkriteriums, das für jedes untersuchte Bild automatisch adaptiert wird, etwa mit Hilfe der bereits detektierten Keimregionen. Eine solche Adaption könnte eine sicherere Erkennung des Wurzelendes gewährleisten und damit die Anzahl falsch klassifizierter Hintergrundpixel reduzieren.

Zusammenfassend kann gesagt werden, dass es gelungen ist, das bereits bekannte Verfahren von [Jan95] zur Wurzeldetektion in Minirhizotronbildern deutlich zu verbessern. In dieser Arbeit wurde ein entsprechender Ansatz vorgestellt, der erfolgreich auf sehr unterschiedlichen Bildtypen mit guten und sehr guten Ergebnissen eingesetzt wurde. Der erzielte Median der Klassifikationsrate von knapp 98 % und der Median des Korrelations-

---

koeffizienten von gut 75 % erlauben eine starke Reduktion der sonst benötigten Zeit zur manuellen Untersuchung des entsprechenden Bildmaterials. Der vollautomatische Ablauf des vorgestellten Ansatzes, der bei der Bearbeitung eines Bildes keinerlei Interaktion mit dem Nutzer erfordert, die erzielten Ergebnisse und die akzeptable Laufzeit machen das vorgeschlagene Verfahren damit zu einem wertvollen unterstützenden Hilfsmittel bei der Auswertung von Minirhizotronbildern. Auf einigen Bildtypen liefert es fast optimale Resultate und ermöglicht damit eine komplett rechnerbasierte Auswertung von Wurzelbildern des entsprechenden Typs. Der gewählte hierarchische Ansatz verfügt zudem über das Potential, Erwartungen an den Wurzelverlauf zur Laufzeitreduzierung einzusetzen. Er kann, neben dem vollautomatischen Ablauf, auch für eine nutzergesteuerte Wurzeldetektion in Form eines halbautomatischen Systems eingesetzt werden. Aufgrund der gewählten Modellierung sind zudem nur kleinere Anpassungen nötig, um das entwickelte Verfahren zur Detektion von Blutgefäßen oder zur Erkennung von Straßen in entsprechenden Aufnahmen einzusetzen.



# Abbildungsverzeichnis

1.1	Minirhizotronbilder. . . . .	2
1.2	Wurzelregionen. . . . .	3
2.1	Minirhizotrontechnik. . . . .	6
2.2	Bildaufnahme im Minirhizotron. . . . .	8
2.3	Wurzelscanner nach [AEBP06]. . . . .	9
3.1	Zur Straßendetektion nach [GJ96]. . . . .	16
3.2	Zur Kantenbestimmung nach [TA00]. . . . .	18
3.3	Bestimmung eines Texturmerkmals. . . . .	19
3.4	Ordered Region Growing. . . . .	21
4.1	Vorverarbeitung. . . . .	26
4.2	Bestimmung von Keimen mit Hilfe von Gradienteninformationen. . . . .	28
4.3	Verlauf der regionenbasierten Keimdetektion. . . . .	29
4.4	Ergebnis der Binarisierung mit verschiedenen Schwellwerten. . . . .	32
4.5	Beispielkeimregion. . . . .	33
4.6	Glattheit und lokale Parallelität. . . . .	34
4.7	Zur Optimierung des Keimregionenschwellwertes. . . . .	36
4.8	Dynamische Schwellwertbildung für eine Region. . . . .	37
4.9	Distanztransformation und Skelettierung. . . . .	39
4.10	Skelettierung durch Distanztransformation. . . . .	40
4.11	Teilpfadwahl und Relokalisierung der Pixelpaare. . . . .	41
4.12	Relokalisierung der Pixelpaare (Beispiel). . . . .	42
5.1	Ausgangspunkt. . . . .	45
5.2	Berechnung von Stimmstärke und -richtung. . . . .	48
5.3	Schnelle Suche in Graphen. . . . .	51
5.4	Implizite Darstellung des Suchgraphen. . . . .	53
5.5	Kostenfunktion. . . . .	54
5.6	Pruningeffekt. . . . .	57
5.7	Zielknotenmenge. . . . .	63
5.8	Terminierung auf Pixelebene. . . . .	65
5.9	Expansion auf der Konturebene. . . . .	66
5.10	Implizite Darstellung des Konturgraphen. . . . .	67
5.11	Konturpaareigenschaften auf Konturebene. . . . .	69

---

5.12	Terminierung auf Konturebene. . . . .	71
5.13	Pruningeffekt. . . . .	75
5.14	Effekte der Konturebene. . . . .	76
5.15	Einbringung von Vorwissen. . . . .	78
5.16	Erzeugung der pixelbasierten Klassifikation am Beispiel. . . . .	79
6.1	Manuelle Markierung der Wurzelpixel. . . . .	85
6.2	Unsicherheit bei der manuellen Klassifikation. . . . .	87
6.3	Bestimmung der Regionenbreite. . . . .	90
6.4	Berechnete Regionenbreiten und Genauigkeiten. . . . .	91
6.5	Suche im Parameterteilraum der Keimexpansion. . . . .	95
6.6	3D-Parameterraum. . . . .	96
6.7	3D-Parameterraum. . . . .	97
6.8	Ergebnisse der Keimdetektionen. . . . .	100
6.9	Schwierigkeiten bei der Keimdetektion. . . . .	101
6.10	Boxplots der Korrelationskoeffizienten. . . . .	102
6.11	Boxplots der Korrelationskoeffizienten. . . . .	103
6.12	Ergänzende Qualitätsmaße (Gesamtstichprobe). . . . .	104
6.13	Beispielsergebnisse. . . . .	109
6.14	Laufzeiten der Gesamtverfahren. . . . .	111
6.15	Verwendung von Vorwissen. . . . .	113
6.16	Einfache Kantenberechnung. . . . .	114
6.17	Verwendung von Signifikanzkarten. . . . .	115
6.18	Suboptimale Resultate. . . . .	117

# Tabellenverzeichnis

6.1	Parameter der regionenbasierten Keimdetektion. . . . .	94
6.2	Parameter der hierarchischen Keimexpansion. . . . .	98
6.3	Sensitivitäten der Keimdetektionen. . . . .	100
6.4	Relevanzen der Keimdetektionen. . . . .	101
6.5	Sensitivitäten der Gesamtverfahren. . . . .	105
6.6	Relevanzen der Gesamtverfahren. . . . .	105
6.7	Korrelationskoeffizienten der Verfahren. . . . .	106
6.8	Berechnete Wurzelparameter. . . . .	107
6.9	Berechnete Wurzelbreitenverteilungen. . . . .	107
6.10	Laufzeiten. . . . .	112



# Literaturverzeichnis

- [AdB93] Carlo Arcelli und Gabriella Sanniti di Baja. Euclidean skeleton via centre-of-maximal-disc extraction. *Image Vision Computing*, 11(3):163–173, 1993.
- [AEBP03] Heiko Anlauf, Gregor Erz, Siegmar-Walter Breckle und Stefan Posch. The long way to an automatic minirhizotron. In *Workshop on Fine Root Turnover in Forest Ecosystems*, Uppsala, Schweden, September 2003. Poster abstract.
- [AEBP06] Heiko Anlauf, Gregor Erz, Siegmar-Walter Breckle und Stefan Posch. A new minirhizotron scanner, small, fast and low in cost. In *Plant and Soil*. Springer Science+Business Media B.V. (submitted), 2006.
- [AEH96] Olof Andrén, Helena Elmquist und Ann-Charlotte Hanson. Recording, processing and analysis of grass root images from a rhizotron. *Plant and Soil*, 185:259–264, 1996.
- [AJWB03] Stephen R. Aylward, Julien Jomier, Sue Weeks und Elizabeth Bullitt. Registration and Analysis of Vascular Images. *International Journal of Computer Vision*, (55):123–138, 2003.
- [AM05] Pål Andersson und Hooshang Majdi. Estimating Root Longevity at Sites with Long Periods of Low Root Mortality. *Plant and Soil*, 276:9–14, 2005.
- [AMM] N. Armande, O. Monga und P. Montesinos. Extraction of Thin Nets in grey-level images Application: Roads and Blood Vessels.
- [AMMV99] N. Armande, P. Montesinos, O. Monga und Guy Vaysseix. Thin Nets Extraction Using a Multi-scale Approach. *Computer Vision and Image Understanding: CVIU*, 73(2):248–257, 1999.
- [APEB96] Stephen R. Aylward, Stephen Pizer, David Eberly und Elizabeth Bullitt. Intensity Ridge and Widths for Tubular Object Segmentation and Description. *Proceedings of the MMBIA '96*, Seiten 131–138, 1996.
- [Bai04] Donald G. Bailey. An Efficient Euclidean Distance Transform. In *IWCIA*, Seiten 394–408, Auckland, New Zealand, 2004.
- [BAS<sup>+</sup>01] Elizabeth Bullit, Stephen Aylward, Keith Smith, Suresh Mukherji, Michael Jiroutek und Keith Muller. Symbolic description of intracerebral vessels segmented from magnetic resonance angiograms and evaluation by comparison with X-ray angiograms. *Medical Image Analysis*, 5:157–169, 2001.

- 
- [BB82] Dana H. Ballard und Christopher M. Brown. *Computer Vision*. Prentice Hall, Englewood Cliffs, New Jersey, 1982.
- [BBC<sup>+</sup>00] Pierre Baldi, Søren Brunak, Yves Chauvin, Claus A. F. Andersen und Henrik Nielsen. Assessing the accuracy of prediction algorithms for classification: an overview. *BioInformatics Review*, 16(5):412–424, 2000.
- [Bov00] Al Bovik, Hrsg. *Image & Video Processing*. Academic Press, San Diego, Texas, 2000.
- [Cap04] D. Capel. *Image Mosaicing and Super-resolution*. Springer, 2004.
- [CJFG91] M. Casarin, S. Jacquy, A. Fouere und P. Girardin. Digital Picture Processing Applied to the Evaluation of Plant Root Dynamics. In B.L. McMichael und H. Persson, Hrsg., *Plant root and their environment*, Jgg. 24, Seiten 570–575. 1991.
- [CPFT98] K.V. Chandrinou, M. Pulu, R.B. Fisher und P.E. Trahanias. Image Processing Techniques for the Quantification of Atherosclerotic Changes. *MEDICON 98*, 1998.
- [Dav98] James Davis. Mosaics of Scenes with Moving Objects. *CVPR*, 1:97–100, June 1998.
- [Don98] Marco Donizelli. Region-oriented segmentation of vascular structures from DSA images using mathematical morphology and binary region growing. In *Bildverarbeitung für die Medizin*, 1998.
- [DSDF98] R.H. Dowdy, A.J.M. Smucker, M.S. Dolan und J.C. Ferguson. Automated image analyses for separating plant roots from soil debris elutriated from soil cores. In *Plant and Soil*, Jgg. 200, Seiten 91–94. Kluwer Academic Publishers, 1998.
- [Dut00] Nicolae Duta. Road detection in panchromatic SPOT satellite images. In *15th International Conference on Pattern Recognition*, Jgg. 4, Seiten 308–311, Barcelona, Spain, 2000.
- [Ent94] N.E. Think Enterprises. *Das Magische Auge*. arsEdition, München, 1994.
- [EP03] Gregor Erz und Stefan Posch. A Region Based Seed Detection for Root Detection in Minirhizotron Images. In B. Michaelis und G. Krell, Hrsg., *Pattern Recognition, Proc. of 25th DAGM Symposium*, LNCS 2781, Seiten 482–489, Magdeburg, Germany, September 2003. Springer.
- [EP05] Gregor Erz und Stefan Posch. Root Detection By Hierarchical Seed Expansion. In *Proceedings of EUROCON 2005*, Seiten 963–966, Belgrade, Serbia & Montenegro, November 2005.

- 
- [Erz01] Gregor Erz. Wurzeldetektion in Minirhizotronbildern - Dynamische Schwellwertbildung und  $A^*$ -Algorithmus. Diplomarbeit, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, 2001.
- [EVA<sup>+</sup>03] Gregor Erz, Maik Veste, Heiko Anlauf, Siegm-Walter Breckle und Stefan Posch. A region and contour based technique for automatic detection of tomatoe roots in minirhizotron images. In *Workshop on Fine Root Turnover in Forest Ecosystems*, Uppsala, Schweden, September 2003. Poster abstract.
- [EVA<sup>+</sup>05] Gregor Erz, Maik Veste, Heiko Anlauf, Siegm-Walter Breckle und Stefan Posch. A region and contour based technique for automatic detection of tomato roots in minirhizotron images. *Journal of Applied Botany and Food Quality*, 79:83–88, 2005.
- [FvDFH96] James D. Foley, Andries von Dam, Steven K. Feiner und John F. Hughes. *Computer Graphics*. Addison-Wesley, Reading, USA, 1996.
- [FZAW99] A. Fortier, D. Ziou, C. Armenalds und S. Wang. Survey of Work on Road Extraction in Aerial and Satellite Images, 1999.
- [GHSG05] L. B. Guo, M. J. Halliday, S. J. M. Siakimotu und R. M. Gifford. Fine root production and litter input: Its effects on soil carbon. *Plant and Soil*, 272:1–10, 2005.
- [Gib03] Laurie Gibson. Finding road networks in IKONOS satellite imagery. In *Proceedings of ASPRS Annual Conference*, Anchorage, USA, Mai 2003.
- [GJ96] Donald Geman und Bruno Jedynek. An Active Testing Model for Tracking Roads in Satellite Images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 18(1):1 – 14, 1996.
- [GM93] G. Guy und G. Medioni. Inferring global perceptual contours from local features. In *Image Understanding Workshop*, Seiten 881–892, 1993.
- [Hes98] Wim H. Hesselink. A Euclidean distance transform in linear time, 1998.
- [HJSS92] Qian Huang, Anil K. Jain, Goerge C. Stockman und Alvin J. M. Smucker. Automatic Image Analysis of Plant Root Structures. *ICPR*, B:569–572, 1992.
- [Hob92] John D. Hobby. Introduction to MetaPost. In *Proceedings of EuroTeX '92*, 1992.
- [Hor03] James H. Horne. A Tasseled Cap Transformation for IKONOS Images. In *Proceedings of ASPRS Annual Conference*, Anchorage, USA, Mai 2003.
- [IAB<sup>+</sup>96] M. Irani, P. Anandan, J. Bergen, R. Kumar und S. Hsu. Efficient Representations of Video Sequences and their Applications. *Signal Processing: Image Communications*, 8:327–351, 1996.

- 
- [Ito85] Sumio Itoh. In situ Measurement of Rooting Density by Micro-Rhizotron. In *Plant and Soil*, Jgg. 31, Seiten 653–656, 1985.
- [Jan95] Markus Jankowski. Automatische Detektion von Wurzelsystem in Minirhizotron-Bildern. Diplomarbeit, Universität Bielefeld, 1995.
- [JBP<sup>+</sup>95] M. Jankowski, S.-W. Breckle, S. Posch, G. Sagerer und M. Veste. Automatische Detektion von Wurzelsystemen in Minirhizotron-Bildern. In G. Sagerer, S. Posch und F. Kummert, Hrsg., *dagm95*, Informatik Aktuell, Seiten 176–185. Springer, 1995.
- [KKY99] Kazuhiko Kimura, Seiji Kikuchi und Shin-ichi Yamasaki. Accurate root length measurement by image analysis. *Plant and Soil*, 216:117–127, 1999.
- [KQ04] Cemil Kirbas und Francis Quek. A review of vessel extraction techniques and algorithms. In *ACM Computing Surveys (CSUR)*, Jgg. 36, Seiten 81–121, 2004.
- [LZPW04] Anat Levin, Assaf Zomet, Shmuel Peleg und Yair Weiss. Seamless Image Stitching in the Gradient Domain. *Lecture Notes in Computer Science*, 3024:377–389, 2004.
- [Mal98] Hanspeter A. Mallot. *Sehen und die Verarbeitung visueller Informationen*. Vieweg, Braunschweig, 1998.
- [Mek00] Moheb Mekhaïel. *Videounterstützte, robuste Merkmalsextraktion für die Spracherkennung in Echtzeit*. Dissertation, Universität Karlsruhe (TH), 2000.
- [MPM<sup>+</sup>05] Hooshang Majdi, Kurt Pregitzer, Ann-Sofie Morén, Jan-Erik Nylund und Göran I. Ågren. Measuring Fine Root Turnover in Forest Ecosystems. *Plant and Soil*, 276:1–8, 2005.
- [MSP92] Hooshang Majdi, Alvin J. M. Smucker und Hans Persson. A comparison between minirhizotron and monolith sampling methods for measuring root growth of maize (*Zea mays* L.). *Plant and Soil*, 147:127–134, 1992.
- [NB87] Heinrich Niemann und Horst Bunke. *Künstliche Intelligenz in Bild- und Sprachanalyse*. B.G. Teubner, Stuttgart, 1987.
- [PBLH98] W.L. Pan, R.P. Bolton, E.J. Lundquist und L.K. Hiller. Portable rhizotron and color scanner system for monitoring root development. In *Plant and Soil*, Jgg. 200, Seiten 107–112. Springer Science+Business Media B.V., 1998.
- [PC99] Jong-Seung Park und Duk-Ho Chang. A Hierarchical Skeleton-Based Shape Description. *KSPC*, Seiten 597–600, 1999.

- 
- [PH95] Dietrich W. R. Paulus und Joachim Hornegger. *Pattern Recognition and Image Processing in C++*. Vieweg, Braunschweig, 1995.
- [PMD05] Alain Pierret, Christopher J. Moran und Claude Doussan. Conventional detection methodology is limiting our ability to understand the roles and functions of fine roots. *New Phytologist*, 160(3):967–980, 2005.
- [SBE<sup>+</sup>00] Albert L. Smit, A.G. Bengough, C. Engels, M. Van Noordwijk, S. Pellerin und S.C. Van De Geijn (Editors). *Root Methods: A Handbook*. Springer, Berlin Heidelberg, 2000.
- [SFD<sup>+</sup>87] A. J. M. Smucker, J. C. Ferguson, W. P. DeBruyn, R. K. Belford und J. T. Ritchie. Image Analysis of Video-Recorded Plant Root Systems. In H. M. Taylor, Hrsg., *Minirhizotron Observation Tubes: Methods and Applications for Measuring Rhizosphere Dynamics*, ASA Special Publication No. 50, Seiten 67–80. American Society of Agronomy, Madison, Wisconsin, USA, 1987.
- [SH92] Linda G. Shapiro und Robert M. Haralick. *Computer and Robot Vision*. Addison-Wesley, USA, 1992.
- [SHB99] Milan Sonka, Vaclav Hlavac und Roger Boyle. *Image Processing, Analysis, and Machine Vision, 2nd ed.* Brooks/Cole, Pacific Grove, CA, 1999.
- [SS97] H. Shum und R. Szeliski. Panoramic Image Mosaics. Technical Report MSR-TR-97-23, Microsoft Research, 1997.
- [SS01] Linda G. Shapiro und George C. Stockman. *Computer Vision*. Prentice Hall, Upper Saddle River, New Jersey, 2001.
- [SW04] Frank Y. Shih und Yi-Ta Wu. Fast Euclidean distance transformation in two scans using a  $3 \times 3$  neighborhood. *Computer Vision and Image Understanding*, 93(2):195–205, 2004.
- [TA00] Katherine Treash und Kevin Amaratunga. Automatic Road Detection In Grayscale Aerial Images. In *ASCE Journal of Computing in Civil Engineering*, Jgg. 14, Seiten 60–69, 2000.
- [VGBM99] T. Vamerali, A. Ganis, S. Bona und G. Mosca. An approach to minirhizotron root image analysis. *Plant and Soil*, 217:183 – 193, 1999.
- [VGG<sup>+</sup>03] T. Vamerali, M. Guarise, A. Ganis, S. Bona und G. Mosca. Analysis of root images from auger sampling with a fast procedure: a case of application to sugar beet. *Plant and Soil*, 255:387–397, 2003.
- [WEB<sup>+</sup>03] Jennifer M. Withington, Adrienne D. Elkin, Bartosz Bulaj, Jakub Olesinski, Keena N. Tracy, Tjeerd J. Bouma, Jacek Oleksyn, Laurel J. Anderson,

- 
- Jerzy Modrzyński, Peter B. Reich und David M. Eissenstat. The impact of material used for minirhizotron tubes for root research. *New Phytologist*, 160(3):533–544, 2003.
- [WEK96] Yoav Waisel, Amram Eshel und Uzi Kafkaf, Hrsg. *Plant Roots - The Hidden Half*. Marcel Dekker, New York, 1996.
- [WJ97] Lance R. Williams und David W. Jacobs. Stochastic Completion Fields: A Neural Model of Illusory Contour Shape and Saliency. *Neural Computation*, 9(4):837–858, 1997.
- [YCS00] Peter J. Yim, Peter L. Choyke und Ronald M. Summers. Gray-scale skeletonization of small vessels in magnetic resonance angiography. *IEEE Trans. on Med. Img.*, 19:568–576, 2000.
- [Yen03] Ting-Jen Yen. *A Qualitative Profile-based Approach to Edge Detection*, 2003.
- [Zel94] Andreas Zell. *Simulation Neuronaler Netze*. Addison-Wesley, Bonn, 1994.

## **Erklärung**

Hiermit erkläre ich, dass ich diese Arbeit selbständig und ohne fremde Hilfe verfasst habe. Ich habe keine anderen als die von mir angegebenen Quellen und Hilfsmittel benutzt. Die den benutzten Werken wörtlich oder inhaltlich entnommenen Stellen sind als solche kenntlich gemacht worden. Ich habe mich bisher nicht um den Doktorgrad beworben.

Halle (Saale), April 2006

Gregor Erz



---

# Lebenslauf

## Persönliche Daten

Name	Gregor Erz
geboren am	21. Juli 1976
in	Halle
Staatsangehörigkeit	deutsch
Familienstand	verheiratet

## Schulbildung

09/1983 – 08/1987	26. Polytechnische Oberschule „Gotthold Ephraim Lessing“
09/1987 – 08/1991	19. Polytechnische Oberschule „Georgi Dimitroff“
09/1991 – 04/1995	Georg-Cantor-Gymnasium in Halle, Abschluss Abitur

## Universitätsausbildung

10/1995 – 09/1997	Studium der Physik (Nebenfach Chemie) an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Abschluss mit Vordiplom
10/1996 – 08/2001	Studium der Informatik (Nebenfach Physik) an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Abschluss Diplom-Informatiker (Dipl.-Inform.)
04/1997 – 09/1997	studentische Aushilfskraft bzw.
10/1997 – 12/1999	wissenschaftliche Hilfskraft ohne Hochschulabschluss an der MLU in der Arbeitsgruppe „Angewandte Physik - Halbleiter“
04/2000 – 12/2000	wissenschaftliche Hilfskraft ohne Hochschulabschluss
03/2001 – 06/2001	an der MLU in der Arbeitsgruppe „Angewandte Physik - Sensorik“
08/2001 – 12/2005	wissenschaftlicher Mitarbeiter an der MLU in der Arbeitsgruppe „Mustererkennung & Bioinformatik“

Halle (Saale), April 2006

Gregor Erz