

Diplomarbeit in Wirtschaftsmathematik

Automatische bildanalytische Zellrekonstruktion für PMI-Hartschäume

von

Gaby Schwarz

Betreuer TU Kaiserslautern: Prof. Dr. Jürgen Franke
Betreuer Fraunhofer ITWM: Dr. Katja Schladitz

Fachbereich Mathematik
Kaiserslautern, April 2012

Erklärung zur Selbstständigkeit

Hiermit erkläre ich, dass ich die vorliegende Diplomarbeit selbstständig verfasst und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel benutzt habe.

Kaiserslautern, den 19.04.2012

Danksagung

An dieser Stelle möchte ich mich herzlich bei Herrn Prof. Dr. Jürgen Franke für die Ermöglichung und Betreuung dieser Diplomarbeit bedanken.

Mein besonderer Dank gilt meiner Betreuerin am Fraunhofer ITWM, Frau Dr. Katja Schladitz, die dieses Thema vorschlug und durch ihre Unterstützung, ihre Anregungen und ihre Verbesserungsvorschläge zum Entstehen dieser Arbeit beitrug. Außerdem danke ich den Mitarbeitern der Abteilung Bildverarbeitung für die angenehme Arbeitsatmosphäre sowie ihre fachliche Unterstützung.

Den Korrekturlesern dieser Arbeit, meinen Freunden Sonja, Steffi, Edith und Jonathan, danke ich für ihre investierte Zeit und ihre kritischen Kommentare.

Abschließend bedanke ich mich besonders bei meiner Familie für die Unterstützung während meines gesamten Studiums und meinen Freunden für die schöne Studienzeit.

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
2	Theoretische Grundlagen	5
2.1	Innere Volumina	6
2.2	Dichten der inneren Volumina	7
2.3	Zufällige Mosaik	11
3	Zellrekonstruktion	15
3.1	Stand der Technik	15
3.1.1	Binarisierung	17
3.1.2	Zellrekonstruktion	22
3.1.3	Automatische Methode zur Zellrekonstruktion	25
3.2	Überprüfung der Zellrekonstruktion	25
3.3	Schaummodell	26
4	Entwicklung der automatischen Zellrekonstruktion	29
4.1	PMI-Hartschaumproben	29
4.2	Automatisierung	31
4.2.1	Binarisierung	31
4.2.2	Zellrekonstruktion	36
4.3	Automatische Zellrekonstruktion der Schaumproben	41
5	Diskussion der automatischen Zellrekonstruktion	43
5.1	Evaluierung	43
5.1.1	Binarisierung	43
5.1.2	Zellrekonstruktion	46
5.1.3	Binarisierung und Zellrekonstruktion	50
5.1.4	Vergleich abweichender Parameterwerte	55
5.2	Ergebnisse für Modellanpassung	57
5.3	Anwendung auf andere Schäume	60
6	Zusammenfassung und Ausblick	63
	Literaturverzeichnis	67

1 Einleitung

Die Abteilung *Bildverarbeitung* des Fraunhofer-Instituts für Techno- und Wirtschaftsmathematik (ITWM) in Kaiserslautern befasst sich in Zusammenarbeit mit Partnern aus Industrie und Forschung unter anderem mit der Analyse und Modellierung räumlicher Mikrostrukturen. Als Mikrostruktur wird die Feinstruktur eines Materials bezeichnet, also beispielsweise die Größe der Zellen eines zellulären Materials.

Die Mikrostruktur moderner Werkstoffe beeinflusst deren makroskopische Materialeigenschaften, wie z.B. die mechanische Festigkeit oder die Wärmeleitfähigkeit. Durch Kenntnis dieses Einflusses kann ein Werkstoff für spezielle Einsatzgebiete optimiert werden. Dazu besteht die Möglichkeit, verschiedene Prototypen des Werkstoffs mit unterschiedlichen Mikrostrukturen herzustellen und Tests zu den Materialeigenschaften durchzuführen. So können Aussagen über den Einfluss der Mikrostruktur auf die Makrostruktur getroffen werden. Aber sowohl die Produktion als auch die Testverfahren sind unter Umständen sehr langwierig und kostenintensiv.

In [RL10] wird vorgeschlagen die makroskopischen Materialeigenschaften alternativ in Realisierungen von Mikrostrukturmodellen aus der stochastischen Geometrie zu bestimmen. Zunächst werden die geometrischen Eigenschaften, also die Mikrostruktur, eines vorliegenden Werkstoffs bestimmt. Dabei werden Volumenbilder benutzt, die beispielsweise mithilfe eines Computertomographen aufgenommen und rekonstruiert werden (im Weiteren bezeichnet als CT-Aufnahme). Das am Fraunhofer ITWM entwickelte Softwaresystem MAVI, Modular Algorithms for Volume Images [FI05], bietet Funktionen zur Analyse, Modellierung und Visualisierung der Volumenbilder von Werkstoffen. Aufbauend auf den geometrischen Eigenschaften wird ein Modell an den Werkstoff angepasst. In den Realisierungen dieses Modells können zum einen direkt die makroskopischen Materialeigenschaften untersucht werden. Zum anderen können durch Variation der Modellparameter neue virtuelle Materialien mit veränderter Mikrostruktur erzeugt sowie deren makroskopische Materialeigenschaften untersucht werden. So lassen sich durch systematische Untersuchungen von Änderungen der makroskopischen Materialeigenschaften Rückschlüsse auf die gesuchten Mikrostrukturgrößen ableiten, die dann zur Produktion des gewünschten Werkstoffs genutzt werden können.

Abbildung 1.1(c) zeigt beispielsweise ein Modell für einen Hartschaum.

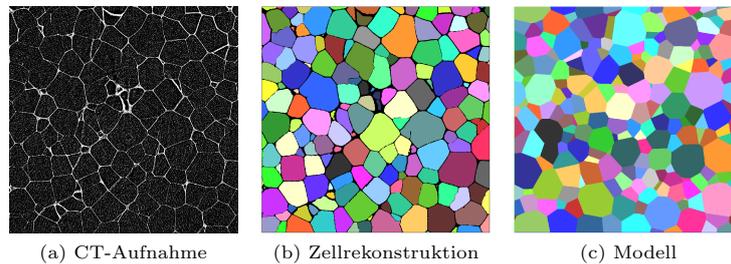


Abbildung 1.1: 2D-Schnitte der Volumenbilder der Modellierungsschritte des Schaums ROHACELL® RIST RC71 (siehe Abschnitt 4.1), Größe 800×800 Pixel

Motivation

Eine Klasse moderner Werkstoffe sind Polymethacrylimid-Hartschäume (PMI-Hartschäume). Darunter versteht man vollständig geschlossenzellige Schäume, die sich durch besondere Festigkeit und Stabilität des Materials bei gleichzeitig sehr geringem Gewicht auszeichnen. Deshalb sind sie als Bauteile, z.B. bei Hochleistungsanwendungen in der Luftfahrt oder in Windkraftanlagen, gut einsetzbar. Ein PMI-Hartschaum ist ein zweiphasiges Material, welches aus einer festen und einer gasförmigen Phase besteht und eine zelluläre Struktur aufweist. Eine Analyse dieser zellulären Mikrostruktur ist nützlich, um die Schäume effizient ihrem speziellen Aufgabengebiet anzupassen.

Im Projekt MAFoam - Modular Algorithms for closed Foam Mechanics - des Fraunhofer ITWM in Zusammenarbeit mit dem Fraunhofer-Institut für Werkstoffmechanik (IWM) wird eine Methode zur Analyse und Simulation dieser geschlossenzelligen PMI-Hartschäume entwickelt. Ziel des Projekts ist die Modellierung der Zellstruktur der Hartschäume auf Basis von CT-Aufnahmen und die Simulation ihres Verformungs- und Versagensverhaltens, d.h. wie sich die Schäume unter Belastungen bis hin zum totalen Defekt verhalten.

Für das Projekt MAFoam werden beispielsweise ROHACELL®-Schäume der Evonik Industries AG untersucht.

Ziel

In dieser Diplomarbeit wird im Zusammenhang mit dem Projekt MAFoam die bildanalytische Zellrekonstruktion für PMI-Hartschäume automatisiert. Die Zellrekonstruktion eines Schaums dient zur Bestimmung der Mikrostrukturgrößen, also geometrischer Eigenschaften des Schaums und der Schaumzellen, wie z.B. der Mittelwert und die Varianz des Zellvolumens oder der Zelloberfläche. Sie ist notwendig, da die CT-Aufnahmen Ungenauigkeiten durch Rauscheffekte aufweisen. Aufbauend auf den CT-Aufnahmen der Schäume erfolgt die Automatisierung

mit der Bildverarbeitungssoftware MAVI. Mithilfe der geometrischen Eigenschaften wird ein Modell für den Schaum entwickelt.

Die Zellrekonstruktion besteht aus zwei Teilen: Zunächst wird aus der CT-Aufnahme ein Binärbild erzeugt, in dem das Wandsystem als Vordergrund und der Porenraum als Hintergrund angesehen wird. Dann werden die Schaumzellen im Porenraum rekonstruiert und man erhält ein Volumenbild, das die Zellen und das Wandsystem des untersuchten Schaums enthält. Abbildung 1.2 zeigt den Ablauf der Zellrekonstruktion.

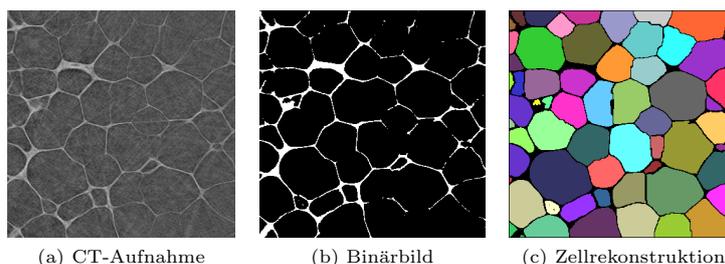


Abbildung 1.2: Zellrekonstruktion des Schaums ROHACELL® WIND RC100 (siehe Abschnitt 4.1), Größe 360×360 Pixel

Der Prozess der Zellrekonstruktion mit MAVI erfolgt momentan manuell. In mehreren Schritten müssen verschiedene Parameter ausprobiert und gewählt werden. Dies ist sowohl bei der Binarisierung als auch bei der Rekonstruktion der Zellen notwendig. MAVI bietet bereits Plug-Ins, die einige Teilschritte zusammenfassen. Der Nutzer entscheidet sich unter Umständen subjektiv für eine Zellrekonstruktion als Ergebnis. Das Verfahren kann zudem sehr langwierig und vor allem für ungeübte Nutzer schwierig und fehleranfällig sein.

Beim automatischen Ablauf der Zellrekonstruktion, der hier entwickelt wird, werden alle benötigten Parameterwerte für die Zellrekonstruktion automatisch auf Grundlage der Schaumprobe berechnet. Gegebenenfalls kann der Nutzer weiterhin am Ende der Zellrekonstruktion selbst Anpassungen vornehmen, um die Zellrekonstruktion zu optimieren.

Die Realisierungen der mithilfe der Zellrekonstruktion angepassten Modelle der Schäume werden im weiteren Verlauf des Projekts MAFoAM zur Simulation genutzt.

Aufbau

Die Arbeit gliedert sich wie folgt: In Kapitel 2 werden zunächst einige theoretische Grundlagen zur Bestimmung der geometrischen Eigenschaften eines Schaums vorgestellt und diskutiert. Außerdem beschreiben wir das mathematische Modell des Schaums. Kapitel 3 beschäftigt sich mit der Zellrekonstruktion. Zunächst stellen wir die verschiedenen Schritte zur Zellrekonstruktion vor und betrachten die zu lösende Problemstellung. Im Anschluss erläutern wir die Anpassung des Modells

mithilfe der Zellrekonstruktion genauer. In Kapitel 4 stellen wir die vorliegenden Schaumproben vor und entwickeln die automatische Zellrekonstruktion. Die Diskussion der automatischen Zellrekonstruktion erfolgt in Kapitel 5. Zunächst evaluieren wir die automatische Zellrekonstruktion durch den Vergleich mit den optimalen Zellrekonstruktionen. Dann betrachten wir die geometrischen Eigenschaften der Zellrekonstruktionen für die Modellanpassung. Abschließend wenden wir die automatische Zellrekonstruktion auf andere Arten von Schäumen an. Eine Zusammenfassung der Arbeit und ein Ausblick finden sich in Kapitel 6.

2 Theoretische Grundlagen

In diesem Kapitel führen wir zunächst einige allgemeine Notationen ein. Dann werden Grundlagen der Bildverarbeitung erläutert, die wir für die Zellrekonstruktion aufbauend auf der CT-Aufnahme des Schaums und die Bestimmung der geometrischen Eigenschaften des Schaums benötigen. Als Basis und Vertiefung dienen hierzu [OS09] und [Red11]. Im Anschluss wird gezeigt, wie das mathematische Modell, ein auf Punktprozessen aufbauendes zufälliges Mosaik, für die Schäume nach [SKM95] aussieht.

Wir definieren \mathcal{C} als Klasse aller kompakten Mengen, \mathcal{F} als Klasse aller abgeschlossenen Mengen und \mathcal{K} als Klasse aller kompakten und konvexen Mengen in \mathbb{R}^n . Mit $\mathcal{R} = \{X \subset \mathbb{R}^n : X = \bigcup_{i=1}^m K_i, K_1, \dots, K_m \in \mathcal{K}, m \in \mathbb{N}\}$ bezeichnen wir den *konvexen Ring* und mit $\mathcal{S} = \{X \subset \mathbb{R}^n : X \cap K \in \mathcal{R} \text{ für alle } K \in \mathcal{K}\}$ den *erweiterten konvexen Ring*.

B_r ist die Kugel mit Radius r um den Ursprung. κ_n ist definiert als der Rauminhalt und ω_n als der Oberflächeninhalt der Einheitskugel in \mathbb{R}^n . S^{n-1} bezeichnet die Einheitskugel in \mathbb{R}^n und ν_n das n -dimensionale Lebesguemaß. Die Menge $SO(\mathbb{R}^n)$ aller orthogonalen Matrizen \mathbf{A} von Grad n mit reellen Einträgen und Determinante $\det \mathbf{A} = 1$ bildet die *Rotationsgruppe* von \mathbb{R}^n .

Für zwei Mengen $X, Y \subset \mathbb{R}^n$ ist ihre *Minkowski-Summe* bzw. *Minkowski-Differenz* definiert durch

$$X \oplus Y := \{x + y : x \in X, y \in Y\} \text{ bzw. } X \ominus Y := (X^C \oplus Y)^C.$$

Es ist zu beachten, dass die Minkowski-Differenz nicht die inverse Operation zur Minkowski-Summe ist, im Allgemeinen gilt

$$X \neq (X \oplus Y) \ominus Y.$$

\check{X} ist die Reflektion von $X \subset \mathbb{R}^n$ am Ursprung, $\check{X} = \{-x : x \in X\}$.

Für $X, Y \subset \mathbb{R}^n$ ist die *Dilatation* $(X \oplus \check{Y})$ und die *Erosion* $(X \ominus \check{Y})$ von X mit *strukturierendem Element* Y definiert durch

$$(X \oplus \check{Y}) := \{x - y : x \in X, y \in Y\} \quad \text{und} \quad (X \ominus \check{Y}) := \{x \in \mathbb{R}^n : Y + x \subset X\}.$$

Für symmetrische strukturierende Elemente Y , d.h. $Y = \check{Y}$, ist die Dilatation äquivalent zur Minkowski-Summe und die Erosion äquivalent zur Minkowski-Differenz.

Die *Hausdorff-Distanz* zweier Mengen $X, Y \in \mathcal{C}$ ist definiert als:

$$\text{dist}(X, Y) := \min\{r \geq 0 : X \subset Y \oplus B_r, Y \subset X \oplus B_r\}.$$

2.1 Innere Volumina

Eine Aufgabe der Bildanalyse ist die Bestimmung der geometrischen Eigenschaften, z.B. Volumen oder Oberfläche, der Objekte im Volumenbild eines Werkstoffs. In unserem Fall sind diese Objekte die Schaumzellen und man benötigt hierfür die Zellrekonstruktion des Schaums.

Die sogenannten *inneren Volumina* sind die wichtigsten Charakteristika um die geometrischen Eigenschaften zu bestimmen. In MAVI sind die inneren Volumina als *ObjectFeatures* enthalten.

Die inneren Volumina werden mithilfe der Steiner-Formel beschrieben. Zunächst definieren wir $V_n(K)$ als den n -dimensionalen Rauminhalt einer konvexen und kompakten Menge $K \in \mathcal{K}$. Betrachten wir nun die parallelen Mengen von K im Abstand $r > 0$ definiert durch die Minkowski-Summe $K \oplus B_r$. Sie gehören auch zu \mathcal{K} und die Steiner-Formel gilt:

$$V_n(K \oplus B_r) = \sum_{k=0}^n r^{n-k} \kappa_{n-k} V_k(K), \quad r \geq 0, \quad K \in \mathcal{K}.$$

Diese Gleichung impliziert, dass das Volumen der Minkowski Summe $K \oplus B_r$ ein Polynom vom Grad n mit Parameter r ist, wenn K ein nichtleeres Inneres besitzt. Die Koeffizienten $\kappa_{n-k} V_k(K)$ dieser Reihenentwicklung sind die charakteristischen Konstanten von K . Die *inneren Volumina* von K sind definiert durch $V_k(K)$, $k = 0, \dots, n$.

Als Funktionen in \mathcal{K} betrachtet, erfüllen die $V_k(K)$, $k = 0, \dots, n$, drei wichtige und nützliche Eigenschaften:

- V_k ist *stationär* und *isotrop*, also invariant unter starren Bewegungen, wie z.B. Rotation und Translation:

$$V_k(\mathbf{A}K + x) = V_k(K)$$

für alle konvexen und kompakten Mengen $K \in \mathcal{K}$, alle Translationen $x \in \mathbb{R}^n$ und alle Rotationen $\mathbf{A} \in SO(\mathbb{R}^n)$.

- V_k ist *additiv*:

$$V_k(K_1 \cup K_2) + V_k(K_1 \cap K_2) = V_k(K_1) + V_k(K_2), \quad \text{für alle } K_1, K_2 \in \mathcal{K}.$$

- V_k ist *stetig*:

Für eine Folge $\{K_i\} \in \mathcal{K}$ mit Hausdorff-Distanz $\text{dist}(K_i, K) \rightarrow 0$ für $i \rightarrow \infty$ gilt:

$$\lim_{i \rightarrow \infty} V_k(K_i) \rightarrow V_k(K).$$

Die inneren Volumina sind u.a. folgendermaßen geometrisch interpretierbar:

- V_n ist das Volumen V ,
- $2V_{n-1}$ entspricht der Oberfläche S ,
- $\frac{2\pi}{n-1}V_{n-2}$ gibt das Integral der mittleren Krümmung M an,
- $\frac{2\kappa_{n-1}}{\omega_n}V_1$ ist die mittlere Breite \bar{b} des konvexen Körpers und
- V_0 entspricht der Eulerzahl χ .

M ist das Oberflächenintegral der mittleren Krümmung einer konvexen und kompakten Menge über ihre Randfläche. Für die genaue Definition verweisen wir auf [OS09].

Die mittlere Breite \bar{b} einer konvexen und kompakten Menge wird folgendermaßen bestimmt: Es wird der kleinste Abstand zwischen zwei parallelen $(n-1)$ -dimensionalen Hyperebenen gesucht, sodass die Menge vollständig zwischen ihnen enthalten ist. Dieser Abstand wird für verschiedene Richtungen des Normalenvektors der Hyperebenen bestimmt und \bar{b} ist definiert als der Mittelwert dieser Werte, siehe [OS09].

Für unsere Zwecke werden die folgenden 13 Raumrichtungen, definiert durch den Einheitswürfel in \mathbb{R}^3 , genutzt:

$$\{(1, 0, 0), (0, 1, 0), (0, 0, 1), (0.707, 0.707, 0), (-0.707, 0.707, 0), (0.707, 0, 0.707), (-0.707, 0, 0.707), (0, 0.707, 0.707), (0, -0.707, 0.707), (-0.577, 0.577, 0.577), (0.577, 0.577, 0.577), (0.577, -0.577, 0.577), (-0.577, -0.577, 0.577)\}.$$

Im Dreidimensionalen liefern die inneren Volumina, aufbauend auf den isoperimetrischen Ungleichungen, siehe [Sch93], die sogenannten *Formfaktoren* eines Objekts.

Definition 2.1. Sei $X \subset \mathbb{R}^3$ eine kompakte Menge mit nichtleerem Inneren. Die Formfaktoren f_1, f_2 und f_3 sind definiert durch

$$f_1(X) = \frac{6\sqrt{\pi}V(X)}{\sqrt{S(X)^3}}, \quad f_2(X) = \frac{48\pi^2V(X)}{M(X)^3} \quad \text{und} \quad f_3(X) = \frac{4\pi S(X)}{M(X)^2}.$$

$f_1(X)$ wird auch die Sphärizität des Objektes X genannt.

Die Formfaktoren sind normalisiert, sodass $f_1(X) = f_2(X) = f_3(X) = 1$ für eine Kugel X gilt. Eine Abweichung der Formfaktoren vom Wert 1 beschreibt damit die Abweichung von der Kugelform. Des Weiteren gilt $0 \leq f_1(X) \leq 1$, und für konvexe X zusätzlich $0 \leq f_2(X)$ und $f_3(X) \leq 1$.

2.2 Dichten der inneren Volumina

Eine weitere Möglichkeit, um geometrische Eigenschaften des abgebildeten Materials zu bestimmen, liefern die *Dichten der inneren Volumina*. Man kann sie

bereits ohne eine Zerlegung in die einzelnen Objekte, hier die Schaumzellen, bestimmen. Das heißt, es wird nur das Binärbild benötigt und nicht die Zellrekonstruktion.

In MAVI sind die Dichten der inneren Volumina als *FieldFeatures* beinhaltet.

Sei $(\Omega, \mathcal{A}, \mathbb{P})$, $\Omega \subset \mathbb{R}^n$, ein Wahrscheinlichkeitsraum. Für $A \subset \mathbb{R}^n$ definieren wir $\mathcal{F}_A = \{F \in \mathcal{F} : F \cap A \neq \emptyset\}$. Dann kann \mathcal{F} mit der σ -Algebra \mathfrak{F} , erzeugt von $\{\mathcal{F}_C : C \in \mathcal{C}\}$, ausgestattet werden.

Definition 2.2. Eine zufällige abgeschlossene Menge (ZAM) ist eine Zufallsvariable Ξ in $(\Omega, \mathcal{A}, \mathbb{P})$ mit Werten in $(\mathcal{F}, \mathfrak{F})$, also eine Borel-messbare Abbildung von Ω nach \mathcal{F} . Das Bildmaß \mathbb{P}_Ξ von \mathbb{P} unter Ξ heißt Verteilung von Ξ , d.h. $\mathbb{P}_\Xi(A) = \mathbb{P}(\Xi \in A)$ für $A \in \mathcal{F}$.

Betrachten wir zwei ZAM, Ξ und Ψ . Sie werden *stochastisch äquivalent* genannt, wenn sie die gleiche Verteilung haben. Ξ und Ψ sind *stochastisch unabhängig* wenn gilt

$$\mathbb{P}(\Xi \in A, \Psi \in B) = \mathbb{P}(\Xi \in A) \cdot \mathbb{P}(\Psi \in B) \quad \text{für } A, B \in \mathcal{F}.$$

Eine ZAM Ξ heißt *makroskopisch homogen*, oder *stationär*, wenn Ξ invariant gegenüber Translationen ist, d.h. Ξ und $\Xi_y = \Xi + y$ haben die gleiche Verteilung für alle $y \in \mathbb{R}^n$. Ξ heißt *isotrop*, wenn Ξ invariant gegenüber Rotationen ist, d.h. Ξ und $\Xi_{\mathbf{A}} = \mathbf{A}\Xi$ haben die gleiche Verteilung für alle $\mathbf{A} \in SO(\mathbb{R}^n)$.

Betrachten wir nun eine makroskopisch homogene ZAM Ξ auf \mathbb{R}^n , deren Realisierungen fast sicher zum erweiterten konvexen Ring \mathcal{S} gehören. Außerdem nehmen wir an, dass Ξ die Integrabilitätsbedingung $\mathbb{E}[2^{\#(\Xi \cap K)}] < \infty$ für alle $K \in \mathcal{K}$ erfüllt. Hier bezeichnet $\#(X)$ die kleinste Zahl m , sodass X als $X = K_1 \cup \dots \cup K_m$ mit $K_1, \dots, K_m \in \mathcal{K}$ dargestellt werden kann. Weiterhin nehmen wir an, dass Ξ im Beobachtungsfenster $W \subset \mathbb{R}^n$, d.h. in einer konvexen und kompakten Menge mit nichtleerem Inneren, beobachtet wird.

Die *Volumendichte* von Ξ ist der Erwartungswert des Volumenanteils von Ξ in W . Für $V_n(W) > 0$ gilt also

$$V_{V,n}(\Xi) = \frac{\mathbb{E}[V_n(\Xi \cap W)]}{V_n(W)}.$$

Diese Definition kann erweitert werden zu den Dichten der inneren Volumina, bei denen W weiterhin als kompakt und konvex angenommen wird. Da die Realisierungen von Ξ fast sicher zum erweiterten konvexen Ring \mathcal{S} gehören und ihre Schnittmengen mit aW , $a > 0$, polykonvexe Mengen sind, existieren die inneren Volumina $V_k(\Xi \cap aW)$, $k = 0, \dots, n$.

Wir definieren die *Dichten der inneren Volumina* $V_{V,k}$, $k = 0, \dots, n-1$, von Ξ durch folgenden Grenzwert:

$$V_{V,k}(\Xi) = \lim_{a \rightarrow \infty} \frac{\mathbb{E}[V_k(\Xi \cap aW)]}{V_n(aW)}, \quad k = 0, \dots, n-1.$$

Im dreidimensionalen Fall liefert die Formel folgende Größen:

- die *Volumendichte* $V_V = V_{V,3}$,
- die *Oberflächendichte* $S_V = 2V_{V,2}$,
- die *Dichte des Integrals der mittleren Krümmung* $M_V = \pi V_{V,1}$, und
- die *Dichte der Eulerzahl* $\chi_V = V_{V,0}$, die zusammenhängt mit der *Dichte des Integrals der totalen Krümmung* $K_V = 4\pi\chi_V$. (siehe dazu [OS09])

Mithilfe der Dichten der inneren Volumina können weitere Charakteristika der ZAM bestimmt werden. Diese werden wir nutzen, indem wir das Wandsystem bzw. den Porenraum des Schaums als ZAM in \mathbb{R}^3 betrachten.

Eine Charakteristik ist z.B. die *mittlere Sehnenlänge* \bar{l} in \mathbb{R}^n , die aus den Mittelwerten der Sehnenlängenverteilungen $\bar{l}(\theta), \theta \in S^{n-1}$, berechnet wird. Um diese Verteilungen zu erhalten, wird die ZAM jeweils mit Geraden in die Richtung $\theta \in S^{n-1}$ geschnitten. Die Schnitte mit der ZAM bilden dann die Sehnen. Details finden sich in [OS09].

Sei \mathcal{H}^{n-1} das $(n-1)$ -dimensionale Hausdorff-Maß das z.B. in [Sch93] definiert wird.

Definition 2.3. Die mittlere Sehnenlänge \bar{l} der ZAM Ξ in \mathbb{R}^n ist definiert als der Mittelwert der Sehnenlängen $\bar{l}(\theta)$ über alle Richtungen $\theta \in S^{n-1}$:

$$\bar{l} = \int_{S^{n-1}} \bar{l}(\theta) d\mathcal{H}^{n-1}(\theta).$$

Betrachten wir ein diskretisiertes Beispiel: Der Porenraum des Binärbilds einer Schaumprobe sei die ZAM. Als Richtungen dienen die 13 Raumrichtungen aus Abschnitt 2.1. Abbildung 2.1 zeigt den Ausschnitt eines 2D-Schnitts durch das Binärbild der Schaumprobe mit den Sehnen in die Raumrichtung $(0.707, 0.707, 0)$ (blau).

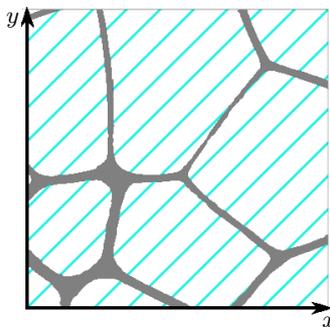


Abbildung 2.1: Sehnen des Porenraums in Richtung $(0.707, 0.707, 0)$

Diese Sehnen liefern die Sehnenlängenverteilung für die gewählte Raumrichtung und einen Mittelwert der Sehnenlänge für diese Richtung. Für die übrigen 12 Raumrichtungen wird die Sehnenlängenverteilung und der zugehörige Mittelwert genauso bestimmt. Die mittlere Sehnenlänge \bar{l} entspricht dann dem arithmetischen Mittelwert über die Mittelwerte aus den 13 Sehnenlängenverteilungen.

Die mittlere Sehnenlänge \bar{l} in \mathbb{R}^3 kann auch direkt aus den Dichten der inneren Volumina bestimmt werden.

Definition 2.4. Die mittlere Sehnenlänge \bar{l} einer ZAM Ξ in \mathbb{R}^3 ist gegeben durch

$$\bar{l} = \frac{4V_V}{S_V}.$$

In Kapitel 4.2.2 betrachten wir die mittlere Sehnenlänge \bar{l} der Porenräume von Schäumen in \mathbb{R}^3 im Zusammenhang mit der mittleren Breite \bar{b} der rekonstruierten Zellen. Die mittlere Breite \bar{b} wird aus den inneren Volumina berechnet, wie im vorangegangenen Abschnitt beschrieben. Für vollständig geschlossenzellige Schäume gilt: $\bar{l} < \bar{b}$.

Veranschaulicht folgt diese Ungleichung daraus, dass bei der Berechnung der mittleren Sehnenlänge alle Sehnen der 13 Richtungen durch die Zellen betrachtet werden. Bei der Berechnung der mittleren Breite hingegen wird jeweils nur der größte Abstand in jeder Richtung pro Zelle benutzt.

Für eine Kugel in \mathbb{R}^3 mit Durchmesser d gilt beispielsweise:

$$\bar{l} = \frac{2}{3} d < d = \bar{b}$$

Für Beispiele bei Mosaiken wird auf [OM00] verwiesen.

Der Zusammenhang gilt allerdings nicht mehr, wenn Zellwände im Wandsystem fehlen, da die mittlere Sehnenlänge dann größer wird und aus Erfahrung häufig sogar größer als die mittlere Breite ist. Damit beschäftigen wir uns genauer in Abschnitt 4.2.2.

Eine weitere Charakteristik für eine ZAM ist der *Structure-Model-Index (SMI)*, siehe dazu [ORS09]. Er beschreibt die Struktur der ZAM ähnlich wie die Formfaktoren die Struktur der kompakten Mengen. In \mathbb{R}^3 kann der SMI wie folgt direkt aus den Dichten der inneren Volumina berechnet werden.

Definition 2.5. Für eine makroskopisch homogene ZAM Ξ in \mathbb{R}^3 ist der SMI gegeben durch

$$f_{\text{SMI}} = 12 \frac{V_V M_V}{S_V^2}.$$

Der SMI kann für Schäume, wenn das Wandsystem als ZAM betrachtet wird, als Maß der Abgeschlossenheit des Wandsystems interpretiert werden.

2.3 Zufällige Mosaike

Wir wenden uns nun der mathematischen Modellierung der Schäume zu. Dafür benötigen wir zwei spezielle Klassen zufälliger abgeschlossener Mengen: Punktprozesse und Mosaike. Zunächst machen wir uns mit Punktprozessen vertraut, mit deren Hilfe wir dann die zufälligen Mosaike einführen. Mosaike teilen den Raum in Mengen, für unsere Zwecke in Polyeder, und geben uns damit ein mathematisches Modell für die Schaumzellen. Wir folgen dabei dem Ansatz von [SKM95].

Sei φ eine Folge von Punkten in \mathbb{R}^n und N die Familie aller lokal endlichen $\varphi \subset \mathbb{R}^n$, also $N = \{\varphi : |(\varphi \cap X)| < \infty, \forall X \subset \mathbb{R}^n, X \text{ beschränkt}\}$. Ferner definieren wir die σ -Algebra \mathcal{N} als kleinste σ -Algebra über N , sodass alle Abbildungen $\varphi \mapsto \varphi(B)$ für jede beschränkte Borelmenge B messbar sind.

Definition 2.6. Ein Punktprozess Φ auf \mathbb{R}^n ist eine Zufallsvariable mit Werten in (N, \mathcal{N}) , also eine messbare Abbildung vom Wahrscheinlichkeitsraum $(\Omega, \mathcal{A}, \mathbb{P})$ nach (N, \mathcal{N}) . Die Verteilung P von Φ ist gegeben durch

$$P(Y) = \mathbb{P}(\Phi \in Y) = \mathbb{P}(\{\omega \in \Omega : \Phi(\omega) \in Y\}) \text{ für alle } Y \in \mathcal{N}.$$

Das Maß Λ auf N mit

$$\Lambda(B) = \mathbb{E}(\Phi(B)) = \int_N \varphi(B) P(d\varphi), \quad B \in \mathcal{B}^n$$

heißt Intensitätsmaß von Φ und $\Lambda(B)$ ist die mittlere Anzahl der Punkte von Φ in B .

Ein Punktprozess Φ heißt *stationär*, wenn Φ und $\Phi_y = \Phi + y$ die gleiche Verteilung haben für alle $y \in \mathbb{R}^n$.

Für einen stationären Punktprozess Φ in \mathbb{R}^n mit Intensitätsmaß $\Lambda > 0$ gilt $\Lambda = \lambda \nu_n$, mit $\lambda > 0$ und ν_n bezeichnet das n -dimensionale Lebesguemaß. λ heißt *Intensität* von Φ und gibt die mittlere Anzahl der Punkte von Φ pro Einheitsvolumen an.

Ein Punktprozess kann markiert werden, indem man jedem Punkt des Prozesses eine Charakteristik, z.B. eine Nummer oder eine Größe, zuweist.

Definition 2.7. Sei \mathbb{M} ein separabler Raum mit vollständiger Metrik und \mathcal{M} die Borel- σ -Algebra auf \mathbb{M} . Ein markierter Punktprozess Ψ auf \mathbb{R}^n ist eine zufällige Folge

$$\Psi = \{[x_k; m_k]\}, \quad k = 1, 2, \dots$$

Die Punkte x_k bilden einen Punktprozess in \mathbb{R}^n und die $m_k \in \mathbb{M}$ sind die Marken für das jeweilige x_k . Das Intensitätsmaß Λ des markierten Punktprozesses ist

definiert durch

$$\Lambda(B \times M) = \mathbb{E}(\Psi(B \times M)), \quad B \in \mathcal{B}^n, \quad M \in \mathcal{M}.$$

Die Stationarität eines markierten Punktprozesses wird analog zu den nicht-markierten Punktprozessen definiert. Für einen stationären markierten Punktprozess ist λ_M mit $\Lambda(B \times M) = \lambda_M \nu_n(B)$ die *Intensität* von Ψ .

Bei der Nutzung von Punktprozessen wird uns der *typische Punkt* des Prozesses interessieren. Dies ist ein Punkt, der die gleiche Verteilung besitzt wie ein zufällig ausgewählter Punkt des Prozesses. Dazu nutzen wir die *Palmsche Verteilung*.

Definition 2.8. Sei Φ ein stationärer Punktprozess mit Verteilung P und endlicher Intensität $\lambda > 0$. Die Palmsche Verteilung zu P auf (N, \mathcal{N}) ist gegeben durch

$$P_o(A) = \int_N \sum_{x \in \varphi \cap B} \frac{\mathbb{1}_A(\varphi - x) P(d\varphi)}{\lambda \nu_n(B)}, \quad A \in \mathcal{N}, B \in \mathcal{B}^n, \nu_n(B) > 0.$$

Der Wert $P_o(A)$ wird geschätzt durch den Anteil der Punkte $x \in \varphi \cap B$, sodass Φ vom Punkt x aus betrachtet die Eigenschaft A erfüllt. Also kann die Palmsche Verteilung als Verteilung von Φ an einem *typischen Punkt* von Φ interpretiert werden.

Aufbauend auf den Punktprozessen können wir nun die *zufälligen Mosaik*e einführen.

Mit \mathring{C} bezeichnen wir den Abschluss der Menge $C \subset \mathbb{R}^n$.

Definition 2.9. Ein Mosaik θ von \mathbb{R}^n ist eine Menge beschränkter, konvexer, n -dimensionaler Teilmengen in \mathbb{R}^n mit folgenden Eigenschaften:

1. Wenn $C_1, C_2 \in \theta$ und $C_1 \neq C_2$, dann gilt $\mathring{C}_1 \cap \mathring{C}_2 = \emptyset$.
2. $\bigcup_{C \in \theta} C = \mathbb{R}^n$
3. Für jede beschränkte Borel-Menge $B \subset \mathbb{R}^n$ gilt: $|\{C \in \theta : C \cap B \neq \emptyset\}| < \infty$.

Die Teilmengen $C \in \theta$ werden *Zellen* genannt. Das Mosaik θ besteht also aus paarweise disjunkten Zellen (1), ist raumfüllend (2), d.h. die Vereinigung aller Zellen füllt den ganzen Raum \mathbb{R}^n aus, und ist lokal endlich (3).

Im Weiteren betrachten wir Mosaik, deren Zellen Polyeder sind. Die *Knoten* des Mosaiks sind die Eckpunkte der einzelnen Polyeder. Die *Kantenmenge* E_θ ist die Vereinigung aller Kanten der Polyeder in θ . Eine *Kante* des Mosaiks ist eine Strecke, die in E_θ liegt, deren Endpunkte Knoten von θ sind, und die keine weiteren Knoten von θ enthält.

Sei \mathbb{T} die Klasse aller Mosaik von \mathbb{R}^n und \mathcal{T} die σ -Algebra von \mathbb{T} , die von den Mengen der Form $\{\theta \in \mathbb{T} : E_\theta \cap K \neq \emptyset, K \in \mathcal{C}\}$ erzeugt wird.

Definition 2.10. Ein zufälliges Mosaik ist eine Zufallsvariable Θ mit Werten in $(\mathbb{T}, \mathcal{T})$.

Die Verteilung P eines zufälligen Mosaiks Θ ist das induzierte Wahrscheinlichkeitsmaß auf $(\mathbb{T}, \mathcal{T})$. Das zufällige Mosaik Θ mit Verteilung P ist *stationär*, wenn Θ und $\Theta_x = \Theta + x$ die gleiche Verteilung haben für alle $x \in \mathbb{R}^n$. Es heißt *isotrop*, wenn Θ und $\Theta_{\mathbf{A}} = \mathbf{A}\Theta$ die gleiche Verteilung haben für alle $\mathbf{A} \in SO(\mathbb{R}^n)$.

Betrachten wir nun ein zufälliges Mosaik Θ in \mathbb{R}^3 mit Kantenmenge E_Θ und Verteilung P . Θ liefert uns vier Punktprozesse:

- die Knotenmenge $\alpha_0(\Theta)$,
- die Menge der Kantenmittelpunkte $\alpha_1(\Theta)$,
- die Menge der Seitenmittelpunkte $\alpha_2(\Theta)$ und
- die Menge der Zellmittelpunkte $\alpha_3(\Theta)$.

Wir nehmen an, dass Θ stationär ist, also sind auch E_Θ und $\alpha_k(\Theta)$, $k = 0, \dots, 3$, stationär. Die Intensitäten der Punktprozesse $\alpha_k(\Theta)$ seien λ_k für $k = 0, \dots, 3$ und die Intensität von E_Θ sei L_V mit der Annahme $0 < \lambda_0, \lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, L_V < \infty$. Ferner sei $0 < S_V < \infty$ die Intensität des ebenso stationären Oberflächenprozesses, der die Vereinigung aller Seiten darstellt.

Die Punktprozesse $\alpha_k(\Theta)$, $k = 0, \dots, 3$, werden markiert, um Charakteristika des Mosaiks zu erhalten.

- **Marken für die Knoten:** Für $x \in \alpha_0(\Theta)$ seien $n_{0i}(x)$, $i = 1, 2, 3$, die Anzahl der Kanten, Seiten bzw. Zellen, die an den Knoten x angrenzen.
- **Marken für die Kantenmittelpunkte:** Sei $x \in \alpha_1(\Theta)$, dann sind $n_{1i}(x)$, $i = 0, 2, 3$, jeweils die Anzahl der Knoten, Seiten und Zellen, die an die Kante mit Mittelpunkt x angrenzen. Weiterhin sei $l_1(x)$ die Länge der Kante x .
- **Marken für die Seitenmittelpunkte:** Für $x \in \alpha_2(\Theta)$ definieren $n_{2i}(x)$, $i = 0, 1, 3$, die Anzahl der Knoten, Kanten und Zellen, die zu dieser Seite benachbart sind. Außerdem sei $l_2(x)$ der Durchmesser der zugehörigen Seite und $A_2(x)$ ihre Fläche.
- **Marken für die Zellmittelpunkte:** Für $x \in \alpha_3(\Theta)$ sind $n_{3i}(x)$, $i = 0, 1, 2$, die Anzahl der Knoten, Kanten bzw. Seiten auf der Randfläche ∂C der Zelle C , die x als Zellmittelpunkt besitzt. Des Weiteren markieren wir mit $l_3(x)$ die Länge aller zur Zelle zugehörigen Kanten, mit $S_3(x)$ die Fläche aller zur Zelle zugehörigen Seiten, mit $V_3(x)$ das Volumen der zugehörigen Zelle und mit $b_3(x)$ die mittlere Breite der zugehörigen Zelle.

Die markierten Prozesse n_{03} und n_{13} können genutzt werden, um stationäre, zufällige Maße zu erzeugen. Ihre Intensitäten bezeichnen wir mit T_V bzw. Z_V und

nehmen an, dass diese positiv und endlich sind.

Jede der Marken liefert eine Markenverteilung mit zugehörigem Mittelwert. Diese Mittelwerte charakterisieren das Mosaik. Das heißt, \bar{l}_1 ist zum Beispiel die mittlere Länge einer *typischen Kante*, \bar{A}_2 die mittlere Größe der Fläche einer *typischen Seite* und \bar{n}_{30} die mittlere Anzahl von Knoten auf der Randfläche der *typischen Zelle*. *Typisch* bedeutet hier die zufällige Auswahl einer Kante bzw. Zelle unabhängig von Länge bzw. Größe. Diese besitzt die gleiche Verteilung wie eine zufällig ausgewählte Kante bzw. Zelle des Mosaiks.

Mecke [SKM95] hat mithilfe der Palmschen Verteilung gezeigt, dass alle Mittelwerte der Markenverteilungen durch die Intensitäten λ_0, λ_3 und $\lambda = \lambda_1 + \lambda_2$ sowie L_V, S_V, T_V und Z_V berechnet werden können. Also sind nur diese Parameter notwendig, um Aussagen über die *typische Zelle*, die *typische Kante* oder den *typischen Knoten* zu machen.

Für die zugehörigen Gleichungen zur Berechnung der Mittelwerte verweisen wir auf [SKM95]; ein Beweis der Gleichungen findet sich in [SW08].

Für die Erstellung des Modells der geschlossenzelligen Schäume nutzen wir nach [VSR12] *Laguerre-Mosaik*, die aus einem System von nicht-überlappenden Kugeln generiert werden (Kugelpackung).

Definition 2.11. Sei $s(x, r)$ eine Kugel in \mathbb{R}^n mit Mittelpunkt $x \in \mathbb{R}^n$ und Radius $r > 0$ und S eine lokal endliche Menge von Kugeln. Die Laguerre-Zelle einer Kugel $s(x, r) \in S$ ist definiert als

$$C_L(s(x, r), S) = \{y \in \mathbb{R}^n : \|y - x\|^2 - r^2 \leq \|y - x'\|^2 - r'^2, \text{ für alle } s(x', r') \in S\},$$

wobei $\|\cdot\|$ die Euklidische Norm in \mathbb{R}^n bezeichnet. Das Laguerre-Mosaik $L(S)$ von S ist die Menge der nichtleeren Laguerre-Zellen von S .

Das Laguerre-Mosaik $L(S)$ bildet ein raumfüllendes System von konvexen Polytopen. Die Menge S kann als Realisierung eines markierten Punktprozesses betrachtet werden. Das sogenannte *Voronoi-Mosaik* ist ein Spezialfall des Laguerre-Mosaiks, der auftritt, wenn alle Radien der Kugeln in S gleich sind. Für weitere Information wird auf [LZ08] verwiesen.

Das Laguerre-Mosaik wird als Modell für die Schäume genutzt. Angepasst wird das Modell mithilfe der Mittelwerte und Varianzen der geometrischen Eigenschaften der Schaumprobe, die aus der Zellrekonstruktion bestimmt werden. Dies wird näher in Abschnitt 3.3 beschrieben.

3 Zellrekonstruktion

Die Zellrekonstruktion einer Schaumprobe dient der Bestimmung ihrer Mikrostrukturgrößen, also der geometrischen Eigenschaften der Schaumzellen. Das Volumenbild der Schaumprobe wird zunächst in Wandsystem und Porenraum aufgeteilt und man erhält das Binärbild. Dann wird der Porenraum in Zellen eingeteilt und die Zellrekonstruktion ist abgeschlossen. Aufbauend auf der Zellrekonstruktion und deren Mikrostrukturgrößen wird das Mosaik als Modell der Schaumprobe angepasst und steht für weitere Untersuchungen zur Verfügung.

Bei geschlossenzelligen Schäumen kann man die Mittelwerte der Mikrostrukturgrößen normalerweise bereits aus dem Binärbild bestimmen und die Zellrekonstruktion ist dafür nicht notwendig. Allerdings gilt dies nicht für unsere Klasse von geschlossenzelligen Schäumen, da bei der CT-Aufnahme nicht alle Zellwände mit ausreichender Auflösung abgebildet werden können. Die Ursache dafür ist der große Unterschied zwischen Wanddicke und Zellgröße, sodass die Wände im Volumenbild leicht verschwinden. Zudem erschweren Rauscheffekte bei der Aufnahme mit dem CT die Erstellung des Binärbilds. Daher ist die Zellrekonstruktion hier notwendig, um die Mikrostrukturgrößen zu bestimmen.

Ein weiterer Grund für die Durchführung der Zellrekonstruktion ist die Berechnung der Varianzen der Mikrostrukturgrößen, die für die Anpassung des Mosaiks benötigt werden. Die Varianzen können im Binärbild nicht bestimmt werden.

In diesem Kapitel betrachten wir zunächst einige Methoden, die bei der Zellrekonstruktion in MAVI angewendet werden. Dann wenden wir uns der Überprüfung der Zellrekonstruktion zu. Außerdem wird die Verwendung der Zellrekonstruktion zur Erstellung des Modells erläutert.

Bei den Abbildungen in diesem und den folgenden Kapiteln handelt es sich immer um 2D-Schnitte der x - y -Ebene des dreidimensionalen Volumenbilds der Schaumproben. Für die Beschreibung der dargestellten Schaumproben verweisen wir auf Abschnitt 4.1.

3.1 Stand der Technik

Der Ausgangspunkt für die Zellrekonstruktion einer Schaumprobe ist ein Grauwertbild. In unserem Fall ist dies die CT-Aufnahme.

Die Zellrekonstruktion erfolgt in zwei Schritten.

Im ersten Schritt wird das Grauwertbild vorverarbeitet, um im Anschluss die Zellrekonstruktion durchzuführen. Die Vorverarbeitung besteht aus der Binarisierung des Grauwertbilds. Jedem Pixel im Bild wird der Wert 0 (Hintergrund) oder 1 (Vordergrund) zugeschrieben. Das Wandsystem des Schaums bildet dann den Vordergrund und der Porenraum den Hintergrund des Binärbilds. Da die CT-Aufnahme meist verrauscht ist, gibt es in MAVI verschiedene Filter, morphologische Transformationen etc., um ein geeignetes Binärbild zu erhalten.

Im zweiten Schritt findet dann die eigentliche Zellrekonstruktion statt. Das Binärbild wird als Ausgangspunkt genutzt, um den Porenraum in die einzelnen Objekte, die Schaumzellen, einzuteilen. Die Zellen werden nummeriert und die Berechnung ihrer geometrischen Eigenschaften ist möglich. Die wichtigsten Methoden zur Zellrekonstruktion sind die Euklidische Distanztransformation, die Wasserscheiden-Transformation und die h-Minima-Transformation.

Bei der Zellrekonstruktion treten häufig folgende Fehler auf: Durch Ungenauigkeiten bei der Binarisierung sowie bei der eigentlichen Zellrekonstruktion kann es zu Unter- bzw. Übersegmentierungen kommen. Bei der Untersegmentierung werden zwei oder mehr Zellen im Schaum als ein Objekt in der Zellrekonstruktion dargestellt. Ein Grund hierfür ist, dass die Objekte nicht alle durch eine Wand getrennt werden, z.B. aufgrund der oben genannten Probleme bei der Auflösung in der CT-Aufnahme. In MAVI gibt es Möglichkeiten die fehlenden Wände zu erzeugen, um die Untersegmentierung zu verhindern. Unter einer Übersegmentierung versteht man die Zerteilung einer Zelle des Schaums in mehrere Objekte bei der Zellrekonstruktion. Sie entsteht durch Fehler bei der Methode der Zellrekonstruktion oder Fehler im Binärbild. Auch hier gibt es Möglichkeiten in MAVI, um Übersegmentierungen zu vermeiden.

Nach der Durchführung der beiden Rekonstruktionsschritte erhält man als Resultat die Zellrekonstruktion des Schaums, die das Wandsystem und die einzelnen Zellen enthält. Abbildung 3.1 zeigt ein Beispiel der Schritte.

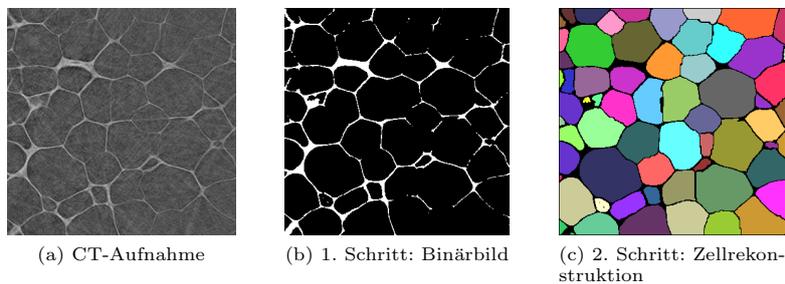


Abbildung 3.1: Ablauf der Zellrekonstruktion der Schaumprobe WIND RC100 (2), Größe: 360×360 Pixel

3.1.1 Binarisierung

Um ein Binärbild aus dem Grauwertbild zu erstellen, muss das Grauwertbild vor der eigentlichen Binarisierung oft einer Vorverarbeitung unterzogen werden. Anschließend ist meist eine Nachbearbeitung der Binarisierung notwendig. Die Vor- und Nachbearbeitung ist häufig notwendig, da die Grauwertbilder Rauschen enthalten, das durch die Binarisierung nicht ganz beseitigt werden kann. Im Folgenden werden einige Methoden vorgestellt, die auch in MAVI implementiert sind. Als Basis und Vertiefung dient [OS09].

Für die Binarisierung wird die Annahme genutzt, dass der herauszufilternde Teil des Bilds, also das Wandsystem, heller ist, d.h. einen höheren Grauwert besitzt, als der Hintergrund. In unserem Fall trifft diese Annahme zu, da wir CT-Aufnahmen betrachten und diese dadurch gekennzeichnet sind, dass dichtere Materialien im Bild heller erscheinen. Also erscheint das Wandsystem auf den Aufnahmen des Schaums heller als der Porenraum.

Im Folgenden bezeichnen wir mit $f(x) \geq 0$ den Grauwert des Pixels x in der CT-Aufnahme und mit $g(x)$ den Wert des Pixels x im Binärbild, wobei gilt $g(x) \in \{0, 1\}$.

Die einfachste Methode zur Binarisierung ist die Festlegung eines *globalen Schwellwerts* im Grauwertbild. Der Schwellwert t wird aus der Spanne der Grauwerte des Bilds gewählt und das Binärbild erstellt durch $g(x) = \mathbf{1}(f(x) \geq t)$ für alle Pixel x . Der globale Schwellwert wird in MAVI meist durch den Nutzer selbst festgelegt, z.B. mit Hilfe des Grauerthistogramms, oder mithilfe einer Auswahlmethode.

Eine dieser Methoden entwickelte Otsu [Ots79]. Seine Methode basiert auf der Annahme, dass die Grauwertverteilung eine bimodale Verteilung. Also eine Verteilung, deren Dichte genau zwei Maxima hat. Die Grauwerte werden in zwei Klassen eingeteilt, also Vordergrund und Hintergrund. Der *Otsu-Schwellwert* t_0 wird als der Parameterwert gewählt, der die Varianz zwischen den beiden Klassen maximiert, und damit die Varianz innerhalb der Klassen minimiert.

Definition 3.1. Seien (p_l) die relativen Häufigkeiten der Grauwerte l im Bild. Dann ist der Otsu-Schwellwert definiert als

$$t_0 = \arg \max_{t \in \mathbb{N}} \left\{ \sum_{l < t} p_l (m_b(t) - m)^2 + \sum_{l \geq t} p_l (m_f(t) - m)^2 \right\},$$

mit

$$\begin{aligned} m &= \sum_l p_l l, & m_f(t) &= \frac{1}{n_f(t)} \sum_{l \geq t} p_l l, & n_f(t) &= \sum_{l \geq t} p_l, \\ m_b(t) &= \frac{1}{n_b(t)} \sum_{l < t} p_l l, & n_b(t) &= \sum_{l < t} p_l. \end{aligned}$$

Für Bilder, deren Grauwertverteilung stark schwankt, d.h. in hohem Maße abhängig vom Bildausschnitt ist, gibt es die Möglichkeit einen lokalen Schwellwert zu wählen. Dazu wird ein Schwellwert $t(x)$ für jedes Pixel x festgelegt und die Binarisierung definiert durch $g(x) = \mathbb{1}(f(x) \geq t(x))$. Auch hier gibt es einige Methoden, um die lokalen Schwellwerte zu wählen, siehe [OS09]. Der lokale Schwellwert für ein Pixel x wird dabei oft in Abhängigkeit von den benachbarten Pixeln und deren Grauwerten gewählt.

Eine weitere Möglichkeit zur Binarisierung bietet der *Hysteresenschwellwert* oder *doppelte Schwellwert* von Canny [Can86]. Dabei werden zwei Schwellwerte $t_1 > t_2$ gewählt, um die Binarisierung durchzuführen. Zuerst werden für den Parameter t_1 die Pixel im Vordergrund bestimmt, also $g(x) = 1$ für alle Pixel x mit $f(x) \geq t_1$. Dann werden in einem weiteren Schritt alle Pixel x , die innerhalb einer festzulegenden Nachbarschaft von Vordergrundpixeln sind, erneut betrachtet. Gilt für ihren Grauwert $f(x) \geq t_2$, werden auch sie als Vordergrundpixel festgelegt. Also ist $g(x) = 1$ für alle zu Vordergrundpixeln benachbarten Pixel x , wenn $f(x) \geq t_2$ gilt. Diese Methode eignet sich gut um zusammenhängende Komponenten mit variierendem Grauwert im Binärbild zu erkennen, da auch Abschnitte mit geringerem Grauwert als Vordergrund erhalten werden und im Gegenzug isolierte helle Pixel, die z.B. durch Rauschen entstanden sind, unterdrückt werden.

Abbildung 3.2 zeigt Beispiele für die Anwendung des Otsu-Schwellwerts 3.2 (b) und der Hysteresenschwellwerte 3.2 (c). Beide Binarisierungen liefern ein Binärbild, bei dem eine zusätzliche Bearbeitung notwendig ist, da im Porenraum Rauschpixel enthalten sind und das Wandsystem Hohlräume aufweist. Diese beiden Gegebenheiten würden sonst die Zellrekonstruktion verfälschen. Es zeigt sich hier, dass die Binarisierung allein nicht ausreicht, um ein geeignetes Binärbild zu erhalten. Beide Methoden erzeugen einen guten Ausgangspunkt zur weiteren Bearbeitung.

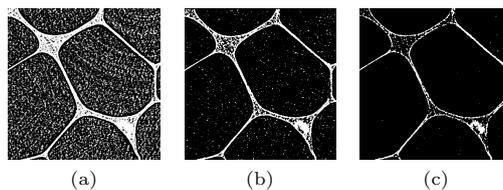


Abbildung 3.2: Binarisierung der Schaumprobe WIND RC100 (1), Größe: 360×360 Pixel; (a) CT-Aufnahme, (b) Anwendung des Otsu-Schwellwerts, (c) Anwendung von Hysteresenschwellwerten

Um bei der CT-Aufnahme entstandenes Rauschen zu beseitigen, ist es meist sinnvoll das Bild bereits vor der Binarisierung zu bearbeiten. Dazu werden Filter angewendet. Zur Definition der Filter nutzt man die Annahme, dass ein Bild als Diskretisierung einer messbaren Funktion $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{C}$ für $n = 3$ interpretiert werden kann. Wir beschränken uns hier auf zwei Klassen von Filtern, die *linearen*

Glättungsfilter und die *Rangordnungsfilter*.

Definition 3.2. Sei $g : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ eine messbare Funktion. Ein linearer Glättungsfilter φ mit Filterkern g ist definiert durch die Faltung $\varphi(f) = f * g$ mit

$$(f * g)(x) = \int_{\mathbb{R}^n} f(y) \overline{g(x-y)} dy,$$

wobei $\overline{g(x)}$ die komplexe Konjugation von $g(x)$ ist.

Ein oft verwendeter linearer Glättungsfilter ist der *Mittelwertfilter*. Für eine kompakte Menge Y mit nichtleerem Inneren ist der Kern des zugehörigen Mittelwertfilters definiert als

$$g_Y(x) = \frac{1}{V(Y)} \mathbf{1}(x \in Y), \quad x \in \mathbb{R}^n. \quad (3.1)$$

Die Größe der Menge Y beeinflusst den Filter und wird als *Filtermaske* bezeichnet. Die *Filterantwort* des Mittelwertfilters, also der Grauwert des Pixels nach dem Filtern, ist gegeben durch

$$(f * g_Y)(x) = \frac{1}{V(Y)} \int_Y f(x-y) dy, \quad x \in \mathbb{R}^n.$$

Rangordnungsfilter arbeiten auf folgende Weise: Die Grauwerte der Pixel in der Umgebung eines Pixels x werden benutzt, um eine Rangordnung der Grauwerte aufzustellen. Der Grauwert des Pixels x wird dann durch einen Wert aus der Rangordnung ersetzt.

Betrachten wir dazu folgende Definition.

Definition 3.3. Sei $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ eine lokal integrierbare Funktion und $Y \subset \mathbb{R}^n$ eine kompakte Menge mit nichtleerem Inneren. Definiere

$$F_Y(t) = \frac{1}{V(Y)} \int_Y \mathbf{1}(f(x) \leq t) dx, \quad t \in \mathbb{R}.$$

$F_Y(t)$ hat die Eigenschaften einer Verteilungsfunktion. Der Wert $F_Y(t)$ kann als Volumenanteil von $\{x \in Y : f(x) \leq t\}$ interpretiert werden.

Definition 3.4. Für $0 \leq \alpha \leq 1$ ist $t_{Y,\alpha}$ definiert durch Erfüllen der Ungleichung

$$\lim_{t \searrow 0} F_Y(t_{Y,\alpha} - t) \leq \alpha \leq F_Y(t_{Y,\alpha}).$$

Die Größe $t_{Y,\alpha}$ kann als Schwellwert interpretiert werden. In Anlehnung an die mathematische Statistik wird $t_{Y,\alpha}$ auch das *Quantil von F der Ordnung α* genannt.

Dies motiviert den sogenannten *Quantilfilter* mit Filtermaske Y und Ordnung α zu definieren. Die Filterantwort des Quantilfilters für die Funktion f ist die Funktion $t_{Y,\alpha} : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ definiert durch das Erfüllen folgender Ungleichung

$$\lim_{t \searrow 0} F_{Y+x}(t_{Y,\alpha}(x) - t) \leq \alpha \leq F_{Y+x}(t_{Y,\alpha}(x)), \quad x \in \mathbb{R}^n. \quad (3.2)$$

Das Quantil hängt hier zusätzlich von der Position des Pixels x ab, da die Menge Y um x verschoben wird.

Der Schwellwert $t_{Y,\frac{1}{2}}$ wird auch *Median* genannt und $t_{Y,\frac{1}{2}}(x), x \in \mathbb{R}^n$, ist die Filterantwort des *Medianfilters*. Für $\alpha = 0$ und $\alpha = 1$ erhält man den *Minimum-* bzw. *Maximumfilter*.

Abbildung 3.3 zeigt Beispiele für die Anwendung des Mittelwertfilters und des Medianfilters mit unterschiedlichen Filtermasken. In diesem Beispiel liefern die Größeren Filtermasken (3.3 (c) und (e)) ein besseres Ergebnis. Ein Vergleich von Mittelwertfilter und Medianfilter, angewendet auf die vorliegenden Schaumproben, findet sich in Kapitel 4.2.1.

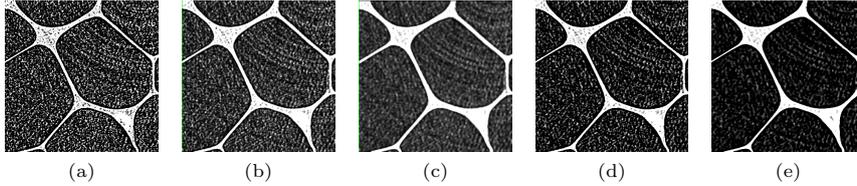


Abbildung 3.3: Anwendung von Filtern auf die CT-Aufnahme der Schaumprobe WIND RC100 (1), Größe: 360×360 Pixel;
 (a) CT-Aufnahme, Mittelwertfilter mit Filtermaskengröße 3 (b) bzw. 5 (c), Medianfilter mit Filtermaskengröße 3 (d) bzw. 5 (e)

Nach der Binarisierung können wie bereits erwähnt weitere Rauscheffekte aus dem Binärbild entfernt werden. Sie entstehen zum Teil durch die Aufnahme und zum Teil durch die Binarisierung selbst. Rauscheffekte sind zum Beispiel kleine Objekte, die fälschlicherweise als Vordergrund angesehen werden. Ein anderes Beispiel sind im Binärbild erscheinende Hohlräume in den Zellwänden, die eigentlich nicht vorhanden sind, sondern zum Vordergrund gehören. Es gibt eine weite Spanne von Methoden, um das Bild zu entrauschen.

Betrachten wir zunächst die morphologischen Transformationen *Öffnung* und *Schließung*.

Definition 3.5. Für $X, Y \subset \mathbb{R}^n$ ist die morphologische Öffnung $X \circ Y$ und die morphologische Schließung $X \bullet Y$ von X mit strukturierendem Element Y definiert als

$$X \circ Y = (X \ominus \check{Y}) \oplus Y \quad \text{und} \quad X \bullet Y = (X \oplus \check{Y}) \ominus Y.$$

Mit der morphologischen Öffnung können im Vordergrund kleine Störobjekte, sogenannte *Artefakte*, entfernt werden. Artefakte sind Fehler im Binärbild, bei denen vereinzelte Pixel oder Gruppen von Pixeln fälschlicherweise dem Wandsystem zugeordnet wurden. Sie entstehen zum Beispiel durch Rauschen bei der CT-Aufnahme. Mit der morphologischen Schließung werden Zwischenräume geschlossen. Diese Zwischenräume können sowohl Hohlräume in den Zellwänden als auch Löcher, d.h. Unterbrechungen, im Wandsystem sein.

Bei der Wahl des strukturierenden Elements Y muss bei beiden Transformationen darauf geachtet werden, dass die Menge nicht zu groß gewählt wird. Das Wandsystem kann sonst verfälscht werden und es können sogar kleine Zellen in der nachfolgenden Zellrekonstruktion verloren gehen. Meist wird daher eine kleine Kugel oder ein kleiner Quader verwendet.

Eine weitere Möglichkeit, um kleine Störobjekte im Vordergrund zu entfernen, basiert auf einer Labeling-Methode: Zunächst wird der Vordergrund gelabelt, d.h. jeder zusammenhängenden Region von Pixeln wird ein Label, also eine eigene Nummer, zugewiesen. Dann wird das Label mit größtem Volumenanteil als neuer Vordergrund ausgewählt. So werden Objekte, die nicht mit diesem Label verbunden sind, entfernt. Da wir in dieser Diplomarbeit mit geschlossenzelligen Schäumen arbeiten, wird das Wandsystem den größten Volumenanteil haben und weitgehend zusammenhängend sein. Somit können wir diese Technik zur Entrauschung verwenden.

Für eine genauere Erläuterung und den Algorithmus siehe [OS09].

Abbildung 3.4 zeigt Beispiele für die Durchführung der betrachteten Entrauschungsmethoden. Sie wurden auf das mit dem Otsu-Schwellwert binarisierte Bild aus Abb. 3.2 (b) angewendet. Ein Filter wurde hier nicht angewendet.

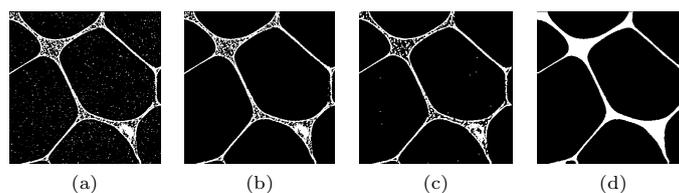


Abbildung 3.4: Anwendung von Entrauschungsmethoden bei der Schaumprobe WIND RC100 (1), Größe: 360×360 Pixel; (a) Binarisierung mit dem Otsu-Schwellwert, (b) Ergebnis der Labeling-Methode, (c) morphologische Öffnung mit einem Würfel der Kantenlänge 3, (d) morphologische Schließung mit einer approximierten Kugel vom Durchmesser 11, angewendet auf (b)

Durch die Labeling-Methode sind in 3.4 (b) alle Artefakte im Porenraum entfernt worden. Bei der morphologischen Öffnung 3.4 (c) sind noch vereinzelte weiße Pixel im Porenraum zu erkennen, die fälschlicherweise dem Vordergrund zugeordnet sind. Bei diesem Beispiel liefert die Labeling-Methode eine bessere

Möglichkeit, um die Artefakte zu entfernen.

Die morphologische Schließung 3.4 (d) füllt alle Hohlräume im Wandsystem aus und erweist sich für diesen Zweck als geeignete Methode.

3.1.2 Zellrekonstruktion

Die eigentliche Zellrekonstruktion dient zur Segmentierung des Porenraums in die einzelnen Objekte bzw. Zellen. Sie wird meist mithilfe der Euklidischen Distanztransformation und einer Wasserscheiden-Transformation ausgeführt. Diese Methoden erläutern wir nun und folgen dabei erneut [OS09].

In MAVI sind zwei Plug-Ins vorhanden, die die jeweils benötigten Schritte für die im Folgenden beschriebenen Methoden der vorgefluteten Wasserscheide und der h -Minima-Transformation bereits zusammenfassen und durchführen. Im Folgenden werden die einzelnen Schritte separat erläutert.

Die Zellrekonstruktion beginnt mit der *Euklidischen Distanztransformation (EDT)* des Binärbilds. Dabei wird jedem Pixel im Hintergrund, in unserem Fall dem Porenraum, sein minimaler Abstand zum Vordergrund, dem Wandsystem, als Grauwert zugeschrieben.

Definition 3.6. Sei $X \subset \mathbb{R}^n$. Die Euklidische Distanztransformation EDT_{X^C} der komplementären Menge X^C ist definiert durch

$$\begin{aligned} EDT_{X^C} : \mathbb{R}^n &\rightarrow [0, \infty), \\ x &\mapsto \text{dist}(x, X). \end{aligned}$$

In unserem Fall bildet das Wandsystem des Binärbilds die Menge X .

Nach der EDT wird ein linearer *Spread* durchgeführt: Die Grauwerte der Pixel aus der EDT, die im Intervall $[0, \max_{EDT}] \subset \mathbb{R}$ liegen, werden auf das Intervall $[0, \max_{Spread}] \subset \mathbb{N}$ linear transformiert. \max_{EDT} beschreibt den maximalen Grauwert im EDT-Bild und \max_{Spread} den im Spread-Bild. Der maximale Grauwert im Spread-Bild ist durch die Art des Spreads vorgegeben. Zum Beispiel ist $\max_{Spread} = 255$ bei einem 8-Bit Spread. Diese Umwandlung ist notwendig um die folgenden Schritte unabhängig vom Datensatz, also der Schaumprobe, für eine gleichbleibende Grauwertspanne auszuführen.

Das durch den Spread entstandene Bild wird invertiert. So erhalten wir lokale Minima, die sich nahe an Zellzentren befinden. Sie werden genutzt, um die Zellen zu rekonstruieren.

Nun wird die *Wasserscheiden-Transformation* angewendet, um die Objekte, also in unserem Fall die Schaumzellen, zu segmentieren. Bei der Wasserscheiden-

Transformation wird jedem lokalen Minimum im Grauwertbild eine zusammenhängende Region zugeordnet. Im Zweidimensionalen kann dies veranschaulicht werden als das Fluten einer topographischen Oberfläche, wobei die Höhe durch den Grauwert des zugehörigen Pixels bestimmt wird. Die lokalen Minima dienen als Wasserquellen, aus denen das Wasser uniform mit wachsendem Grauwert steigt. Pixel, an denen sich Wasser zweier unterschiedlicher Quellen trifft, sind Wasserscheidenpixel und definieren die Wasserscheiden. Es entsteht das Wasserscheidenbild.

Das Wasserscheidenbild wird schließlich mit dem invertierten Binärbild maskiert. Dazu wird das Wandsystem aus dem Binärbild über das Wasserscheidenbild gelegt, um die Zellwände zu den segmentierten Zellen hinzuzufügen. Man erhält so die rekonstruierten Zellen, die jeweils mit einem Label versehen sind, sowie das Wandsystem des Schaums, welches um die Wasserscheiden ergänzt ist.

Abbildung 3.5 zeigt die Schritte der Wasserscheiden-Transformation für ein Beispiel.

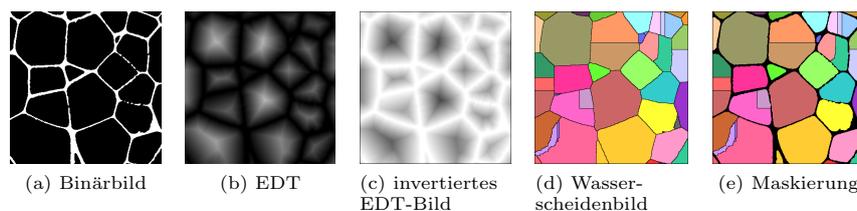


Abbildung 3.5: Schritte der Wasserscheiden-Transformationen bei der Schaumprobe WIND-F RC100 (1), Größe: 360×360 Pixel

In Abb. 3.5 (d) und (e) ist im Vergleich zum Binärbild 3.5 (a) erkennbar, dass bei der Rekonstruktion der Zellen Übersegmentierungen entstanden sind. Mehrere Zellen des Schaums wurden durch die Rekonstruktion in einzelne kleinere Zellen zerteilt. Dies ist eine direkte Folge aus der Wasserscheiden-Transformation.

Da bei der Wasserscheiden-Transformation jedem lokalen Minimum eine Region zugeordnet wird, besteht die Gefahr der Übersegmentierung. Eine Zelle des Schaums besitzt meist aufgrund ihrer Form mehrere lokale Minima im EDT-Bild. Somit wird die Zelle durch die Methodik der Wasserscheiden-Transformation bei der Zellrekonstruktion in mehrere Regionen zerteilt. Um dies zu vermeiden, gibt es weitere Methoden, die vor der Wasserscheiden-Transformation durchgeführt werden können. Die beiden wichtigsten sind die *vorgeflutete Wasserscheide* und die *h-Minima-Transformation*.

Die *vorgeflutete Wasserscheide* ist eine einfache Abwandlung der Wasserscheiden-Transformation. Eine Volumenschwelle t wird festgelegt und die Regionen, deren Volumina unterhalb dieser Schwelle liegen, werden beim Fluten mit ei-

ner Nachbarregion zusammengefasst. Da übersegmentierte Zellen oft ein geringes Volumen haben, kann man durch diese Methode verhindern, dass sie bei der Zellrekonstruktion überhaupt entstehen.

Die *h-Minima-Transformation* filtert überflüssige lokale Minima heraus. Dazu wird jedem lokalen Minimum im invertierten EDT-Bild eine Dynamik zugewiesen. Dies ist folgendermaßen vorstellbar: Betrachtet man das invertierte Grauwertbild nach dem Spread erneut als topographische Oberfläche, kann die Dynamik interpretiert werden als die minimale Höhe in der Grauwertskala, die man überschreiten muss, um ein lokales Minimum mit geringerem Grauwert zu erreichen. Diejenigen lokalen Minima, deren Dynamiken geringer sind als der Wert des gewählten Parameters h , werden nicht mehr als Minima betrachtet. Sie dienen bei der nachfolgenden Wasserscheiden-Transformation nicht mehr als Wasserquelle. Somit werden die lokalen Minima herausgefiltert, die bei einem weiteren lokalen Minimum mit vergleichbarem Grauwert liegen. Die Übersegmentierungen, die dadurch entstehen würden, dass mehrere lokale Minima innerhalb einer Zelle vorhanden sind, werden so verhindert. Nach der *h-Minima-Transformation* wird die Wasserscheiden-Transformation und die Maskierung angewendet, um die rekonstruierten Zellen sowie das Wandsystem zu erhalten.

Ein Vergleich von Wasserscheiden-Transformation, vorgefluteter Wasserscheide und *h-Minima-Transformation* ist in Abbildung 3.6 für ein Beispiel dargestellt.

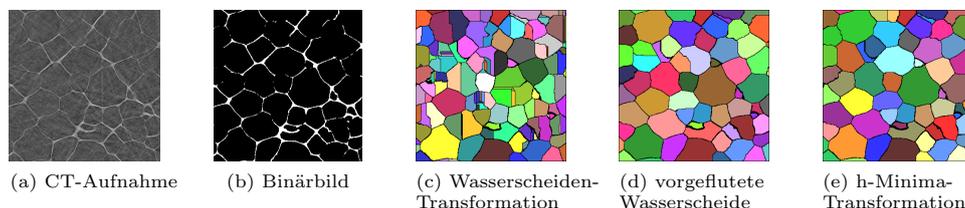


Abbildung 3.6: Vergleich von Wasserscheiden-Transformation, vorgefluteter Wasserscheide und *h-Minima-Transformation* bei WIND RC100 (2), Größe: 360×360 Pixel

Es fällt auf, dass bei der Wasserscheiden-Transformation 3.6 (c) häufig mehrere Zellen, die nach 3.6 (a) eigentlich eine einzige Zelle bilden, rekonstruiert wurden. Wie oben beschrieben ist dies die Folge davon, dass jedes lokale Minimum als Wasserquelle dient und meist in einer Zelle mehrere lokale Minima vorhanden sind. Bei Anwendung der vorgefluteten Wasserscheide 3.6 (d) und bei Anwendung der *h-Minima-Transformation* 3.6 (e) wurden durch eine Volumenschranke bzw. die Entfernung einiger lokaler Minima die Zellen richtig rekonstruiert. Im Vergleich mit der CT-Aufnahme 3.6 (a) wird deutlich, dass 3.6 (d) und 3.6 (e) gute Zellrekonstruktionen darstellen. Die beiden Methoden liefern nicht exakt dasselbe Ergebnis und es ist zu beachten, dass in beiden Zellrekonstruktionen noch verschiedene kleine Fehler enthalten sind. Man kann also in diesem Fall

nicht sagen, dass eine der beiden Methoden besser oder schlechter als die andere ist.

Im Folgenden bezeichnen wir mit „ h -Minima-Transformation“ die Abfolge der Schritte EDT, Spread, Invertierung, h -Minima-Transformation, Wasserscheiden-Transformation und Maskierung.

„Vorgeflutete Wasserscheide“ bedeutet im Weiteren die Abfolge der Schritte EDT, Spread, Invertierung, vorgeflutete Wasserscheide und Maskierung.

3.1.3 Automatische Methode zur Zellrekonstruktion

Die beiden vorangegangenen Abschnitte zeigen, dass es viele Möglichkeiten gibt, die Zellrekonstruktion durchzuführen. Die Methoden müssen ausgesucht und viele Parameter festgelegt werden. Bisher hat der Nutzer jede CT-Aufnahme separat behandelt und die Parameter jeweils manuell durch Ausprobieren ausgewählt. Die Zellrekonstruktion eines Schaums kann somit langwierig sein und unterschiedliche Nutzer kommen zu verschiedenen Ergebnissen. Bei vielen zu rekonstruierenden Schaumproben und besonders für ungeübte Nutzer ist der Zeitaufwand sehr hoch.

Um den Prozess der Zellrekonstruktion zu verkürzen, schlagen wir einen automatischen Ablauf vor. Bei der Binarisierung soll der Schwellwert abhängig von der Grauwertverteilung in der CT-Aufnahme gewählt und bestimmte Entrauschungsmethoden angewendet werden. Für die eigentliche Zellrekonstruktion soll ein geeignetes Verfahren bestimmt und die benötigten Parameterwerte abhängig von der Schaumprobe gewählt werden. Die Details zur automatischen Methode der Zellrekonstruktion finden sich in Kapitel 4.2.

3.2 Überprüfung der Zellrekonstruktion

Um eine gute Zellrekonstruktion ohne Fehlsegmentierungen zu erhalten, werden verschiedene Parameterwerte in den einzelnen Schritten getestet. Dann wird das beste Ergebnis ausgesucht, indem man die Bilder der Zellrekonstruktionen untereinander und mit der CT-Aufnahme, dem Ausgangspunkt der Zellrekonstruktion, visuell vergleicht.

Aufgrund beschränkter Möglichkeiten bei der Zellrekonstruktion enthält auch das beste Zellrekonstruktionsergebnis meist unter- oder übersegmentierte Zellen. Die Gründe sind u.a. das Rauschen in der CT-Aufnahme, das nicht vollständig beseitigt werden kann, oder Einschränkungen bei der Parameterwahl wie z.B. Ganzzahligkeit. Außerdem spielt auch die Form der zu rekonstruierenden Zellen eine Rolle. Diese weicht bei den hier gegebenen Schäumen von der Kugelform ab, meist sind die Zellen langgezogen. Somit befinden sich im Inneren der Zelle

mehrere lokale Minima bei der EDT und es können Übersegmentierungen der Zellen entstehen.

Die fehlsegmentierten Zellen werden dann manuell ausgesucht und nachbearbeitet.

Bei einer Übersegmentierung kann man die Labels der beiden betroffenen Zellen unter einem neuen Label vereinen. Die zwischen den Zellen liegende Wasserscheide wird entfernt und alle Pixel der beiden Zellen werden dem neuen Label zugewiesen.

Die Untersegmentierung einer Zelle wird behoben, indem man eine neue, passende Wasserscheide definiert. Die Pixel der ursprünglichen Zellen werden, in Abhängigkeit von der Lage zur Wasserscheide, einem von zwei neuen Labels zugewiesen. So entstehen zwei neue Zellen.

Es ist wichtig die Fehlsegmentierungen zu beheben, da diese sonst die geometrischen Eigenschaften in der Abbildung des Schaums verfälschen können. Dies greifen wir in Kapitel 5.2 genauer auf.

3.3 Schaummodell

Aus der Zellrekonstruktion werden die geometrischen Eigenschaften der Zellen der Schaumprobe bestimmt. Diese werden dann dazu benutzt, um das zufällige Laguerre-Mosaik als Modell anzupassen.

Bei der Berechnung der geometrischen Eigenschaften nehmen wir eine Randkorrektur vor. Zellen, die sich am Rand des Beobachtungsfensters befinden, sind abgeschnitten. Ihre geometrischen Eigenschaften, wie zum Beispiel das Volumen, können somit nicht korrekt abgebildet werden. Es ist allerdings nicht ausreichend, nur die Zellen, die vom Rand des Beobachtungsfensters geschnitten werden, bei der Betrachtung zu entfernen. Dies würde zu einer Verzerrung der geometrischen Eigenschaften führen, da große Zellen mit einer höheren Wahrscheinlichkeit davon betroffen sind, vom Rand geschnitten zu werden, als kleine Zellen.

Daher führen wir zur Korrektur das sogenannte *Minussampling* durch. Dabei wird das Beobachtungsfenster soweit verkleinert, bis alle Zellen, deren Zellmittelpunkte im Inneren des verkleinerten Fensters liegen, komplett im Beobachtungsfenster enthalten sind. Diese Zellen bilden das *Minussample* und wir betrachten dann nur noch ihre geometrischen Eigenschaften. Da die Bildausschnitte der betrachteten Schaumproben groß genug sind, sodass eine ausreichende Anzahl an kleinen und großen Zellen im Minussample enthalten sind, wird so der Verzerrung vorgebeugt.

Abbildung 3.7 zeigt ein Beispiel der Anwendung des Minussamplings. Das verkleinerte Fenster im Minussample ist in rot dargestellt.

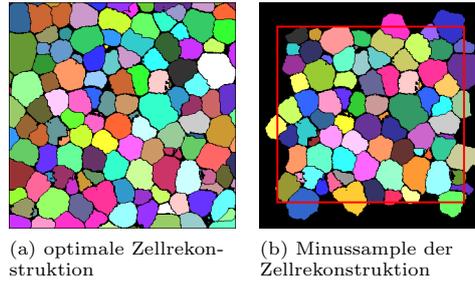


Abbildung 3.7: Minussampling der optimalen Zellrekonstruktion von WIND-F RC50, Größe: 360×360 Pixel

Das Laguerre-Mosaik (Def. 2.11) für eine Schaumprobe wird so angepasst, dass die Distanzen zwischen den Mittelwerten der geometrischen Eigenschaften im Mosaik und den zugehörigen Mittelwerten der Zellrekonstruktion minimiert werden. Außerdem werden auch die Abstände der Varianzen der Geometriewerte minimiert. Wir verweisen hierfür auf [VSR12]. Dort wird weiterhin die Abhängigkeit der Mittelwerte im Mosaik von den Parametern, mit denen das Mosaik erzeugt wird, aufgezeigt. Ziel ist es für das Projekt MAFoAM auch die Anpassung des Modells zu automatisieren.

Nach [Lau08] werden die Mittelwerte und Varianzen von Zellvolumen, Zelloberfläche, Zellbreite und Anzahl an Seiten pro Zelle als geometrische Eigenschaften bei der Minimierung der Distanz genutzt.

Die Anpassung des Laguerre-Mosaiks ist zudem davon abhängig, durch welche Wahrscheinlichkeitsverteilung die Verteilung des Zellvolumens angenähert werden kann. Die Wahrscheinlichkeitsverteilung des Zellvolumens spielt bei der Kugelpackung für das Mosaik eine wichtige Rolle, siehe dazu [VSR12].

Das Zellvolumen wird nach [FWZL04] für feste Schäume üblicherweise als gamma- oder logarithmisch-normalverteilte Zufallsgröße angenommen. Die Gammaverteilung ist abhängig von den Parametern $p > 0$ und $b > 0$ und ihre Dichte ist folgendermaßen definiert:

$$f(x) = \frac{b^p}{\Gamma(p)} x^{p-1} e^{-bx}, \quad x \geq 0.$$

Der Mittelwert der Gammaverteilung ist $\frac{p}{b}$ und die Varianz $\frac{p}{b^2}$. Die Dichte der logarithmischen-Normalverteilung (Log-Normalverteilung) ist gegeben durch

$$f(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma x} \exp\left(-\frac{(\log(x) - \mu)^2}{2\sigma^2}\right), \quad x > 0,$$

mit dem Mittelwert $\mu \in \mathbb{R}$ und der Standardabweichung $\sigma \geq 0$.

Die Parameterwerte der Verteilungen können aus den Zellvolumina der Schaumprobe über die Maximum-Likelihood-Methode bestimmt werden. Mithilfe eines

statistischen Tests, z.B. des Kolmogorov-Smirnov-Tests, wird dann entschieden, welche Verteilung die Daten besser repräsentiert.

Die Realisierungen des auf diese Weise mithilfe der Zellrekonstruktion angepassten Laguerre-Mosaiks stehen für weitere Untersuchungen zur Verfügung, z.B. die Untersuchung der makroskopischen Materialeigenschaften der Schaumprobe.

4 Entwicklung der automatischen Zellrekonstruktion

In diesem Kapitel werden zunächst die Schaumproben, die rekonstruiert werden, vorgestellt. Dann entwickeln wir die automatische Zellrekonstruktion. Am Ende des Kapitels erhalten wir die automatischen Zellrekonstruktionen der vorgestellten Schaumproben.

4.1 PMI-Hartschaumproben

Im Rahmen des Projekts MAFoam werden am Fraunhofer ITWM in Kaiserslautern und am Fraunhofer IWM in Halle die zu Beginn vorgestellten Polymethacrylimid-Hartschäume mit dem CT aufgenommen, um deren Mikrostrukturen zu charakterisieren. Tabelle 4.1 zeigt die ROHACELL[®]-Schäume der Evonik Industries AG, die aufgenommen und rekonstruiert wurden.

Schaumprobe	Größe des bearbeiteten Ausschnitts		
	Auflösung in μm	in Pixeln in mm^3	
RIST RC51	7,00	360×360×360	2,52×2,52×2,52
RIST RC71	2,73	1200×1440×1400	3,28×3,93×3,81
RIST RC110	7,00	360×360×360	2,52×2,52×2,52
WIND-F RC50 (1)	10,00	360×360×360	3,60×3,60×3,60
WIND-F RC100 (1)	2,72	1200×1100×1300	3,26×2,99×2,54
WIND-F RC100 (2)	10,00	360×360×360	3,60×3,60×3,60
WIND RC100 (1)	2,71	1300×1100×1000	3,52×2,98×2,71
WIND RC100 (2)	10,00	360×360×360	3,60×3,60×3,60

Tabelle 4.1: vorliegende Schaumproben

Die Bezeichnungen RIST und WIND stehen für zwei verschiedene Arten von PMI-Hartschäumen. Die Nummer stellt die Dichte des Schaums in $\frac{\text{kg}}{\text{m}^3}$ dar. Der Zusatz „-F“ sagt aus, dass der Schaum eine feinere Zellstruktur besitzt. Von den Schäumen WIND-F RC100 und WIND RC100 wurden jeweils zwei unabhängige CT-Aufnahmen gemacht.

Für jeden Schaum wurde die Zellrekonstruktion manuell durchgeführt und die optimale Zellrekonstruktion bestimmt. Optimal heißt hier allerdings nicht, dass die Zellrekonstruktion fehlerfrei ist, sondern dass die beste Zellrekonstruktion abhängig von der CT-Aufnahme erstellt wurde.

Für die Binarisierung wurden ein Schwellwert bzw. die Hysteresenschwellwerte manuell festgelegt. Außerdem wurden zur Entrauschung verschiedene Filter, morphologische Schließungen mit unterschiedlichen strukturierenden Elementen sowie das Labeling des Vordergrunds angewendet. Die Zellrekonstruktion erfolgte mit der vorgefluteten Wasserscheide oder der h -Minima-Transformation.

Abbildung 4.1 zeigt die Ergebnisse und zum Vergleich die zugehörigen CT-Aufnahmen. Es ist zu beachten, dass die CT-Aufnahmen mit unterschiedlicher Auflösung erstellt wurden, siehe Tabelle 4.1.

Die weiteren Abbildungen der Schaumproben in diesem Kapitel zeigen den gleichen Bildausschnitts wie in Abb. 4.1, wenn nichts anderes spezifiziert ist.

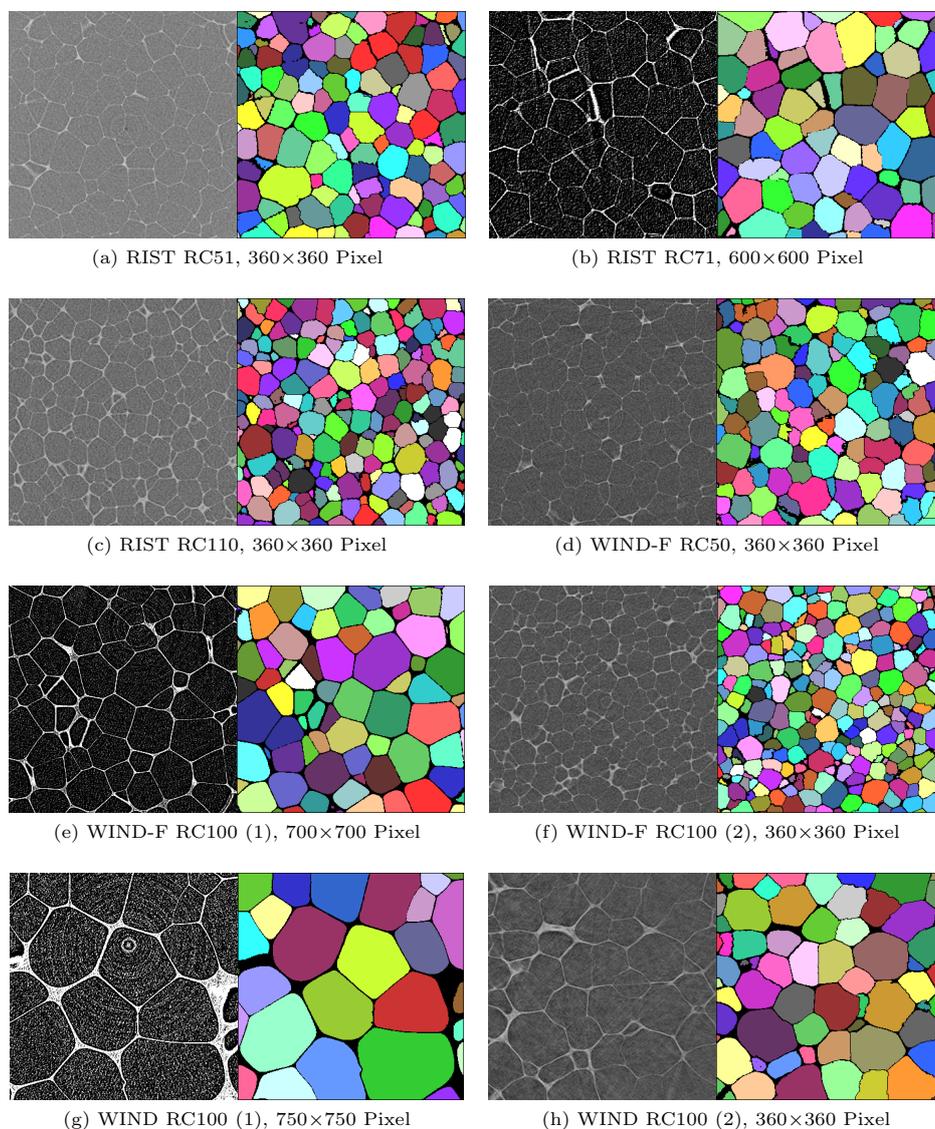


Abbildung 4.1: CT-Aufnahmen und zugehörige optimale Zellrekonstruktionen der Schaumproben und Größe des abgebildeten Bildausschnitts

In Abbildung 4.1 erkennt man bei den CT-Aufnahmen das beschriebene Rauschen. Die Zellwände sind zum Teil schwach erkennbar und im Porenraum sind Artefakte zu erkennen. Ein besonders deutliches Artefakt ist bei der Schaumprobe WIND RC100 (1) zu sehen (Abb. 4.1 (g)). Dieses sogenannte Ringartefakt ist bei der CT-Aufnahme entstanden. Insgesamt ist beim Großteil der CT-Aufnahmen der Kontrast zwischen Porenraum und Wandsystem nicht sehr hoch. Die CT-Aufnahmen lassen vermuten, dass bei der Binarisierung die vollständige Geschlossenheit der Schaumproben nicht abgebildet werden kann. Somit ist die Zellrekonstruktion notwendig, um die geometrischen Eigenschaften der Mikrostruktur der Schaumproben zu bestimmen.

Die optimalen Zellrekonstruktionen der Schaumproben in Abb. 4.1 zeigen das Wandsystem und die rekonstruierten Zellen in verschiedenen Farben zur besseren Unterscheidung. Wie bereits erwähnt, ist anzumerken, dass in der optimalen Zellrekonstruktion auch über- und untersegmentierte Zellen auftreten. Zum einen können die Parameterwerte in den verschiedenen Schritten nicht genau genug angepasst werden. Zum anderen ist das bei der CT-Aufnahme entstandene Rauschen nicht immer vollständig entfernbar. Des Weiteren erschwert die Form der Zellen ihre Rekonstruktion, vergleiche dazu 3.2. Diese Fehler müssen bei der Nachbearbeitung und Überprüfung der Zellrekonstruktion beseitigt werden.

Für diese Aufnahmen von Schaumproben soll nun die automatische Zellrekonstruktion entwickelt werden, um eine optimale Rekonstruktion der Zellen ohne weiteren Aufwand zu erhalten. Die automatische Zellrekonstruktion kann dann für weitere Schaumproben direkt angewendet werden.

4.2 Automatisierung

Die automatische Zellrekonstruktion wird in zwei Schritte gegliedert, die Binarisierung und die eigentliche Zellrekonstruktion. Beide Schritte können auch unabhängig voneinander ausgeführt werden.

Wir werden zuerst die automatische Binarisierung betrachten und im Anschluss die Automatisierung der eigentlichen Zellrekonstruktion.

4.2.1 Binarisierung

Betrachten wir nun die CT-Aufnahmen der Schaumproben in Abb. 4.1.

Wie bereits erwähnt ist viel Rauschen in den CT-Aufnahmen enthalten. Es ist daher sinnvoll zunächst einen Filter auf das Grauwertbild anzuwenden, um die Kontraste zwischen Zellwänden und Porensystem zu verstärken. In Kapitel 3.1.1 haben wir den Mittelwertfilter (Gleichung (3.1)) und den Medianfilter, ein Spezialfall des Quantilfilters (Gleichung (3.2)), kennengelernt. Bei den optimalen Binarisierungen der acht Schaumproben wurden auch diese beiden Filter mit zum Teil verschiedenen Filtermasken angewendet.

Der Mittelwertfilter sowie der Medianfilter der Filtermaskengröße 3 haben für die vorgestellten Schaumproben durchgehend die besten Filterergebnisse geliefert. Der Medianfilter hat gegenüber dem Mittelwertfilter den Vorteil, dass er robuster gegenüber Ausreißern in der Grauwertverteilung ist. Beim Mittelwertfilter besteht die Gefahr, dass die Zellwände durch Anwendung des Filters „verwischt“ werden, wie das folgende Beispiel in Abbildung 4.2 zeigt. Zudem wird auch die zuvor erwähnte Qualität der beiden Filter gezeigt.

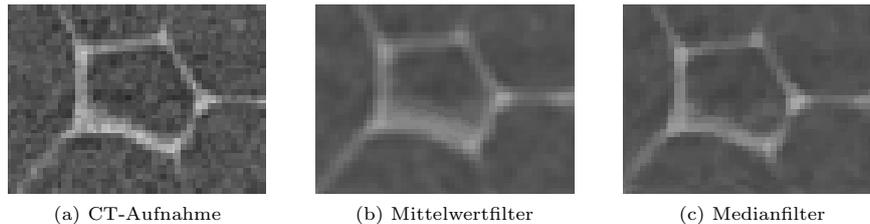


Abbildung 4.2: Vergleich von Mittelwertfilter und Medianfilter der Filtermaskengröße 3 an der Schaumprobe WIND-F RC50, Größe: 90×65 Pixel

Die Filter glätten die CT-Aufnahme, sodass der Porenraum in der Grauwertverteilung homogener ist und es weniger Ausreißer, also extrem helle Pixel, im Porenraum gibt. Die Zellwände treten deutlicher hervor. Beim Mittelwertfilter sieht man den Effekt der Verwischung an einer Zellwand, an der der Medianfilter ein besseres Ergebnis liefert. Bei der Binarisierung könnte die Verwischung der Zellwand dazu führen, dass die Zellwand zu dick dargestellt wird und die Rekonstruktion des Wandsystems des Schaums verfälscht. Beim Medianfilter ist dieser Effekt geringer.

Aus diesen Gründen verwenden wir den Medianfilter mit Filtermaskengröße 3 in der automatischen Binarisierung. Der Kontrast zwischen Wandsystem und Porenraum erhöht sich, während eine zu große Verwischung des ganzen Bilds vermieden wird.

Im nächsten Schritt erfolgt die Binarisierung des geglätteten Bilds. Dafür testen wir verschiedene Parameterwerte und vergleichen sie mit den bei der optimalen Binarisierung ausgewählten Parameterwerten. Der Otsu-Schwelwert (Definition 3.1) erweist sich bei allen Schaumproben gleichbleibend als gut geeigneter Parameterwert für die Binarisierung. Er gibt für die automatische Binarisierung einen von der Grauwertverteilung des Bilds abhängigen Wert. Abbildung 4.3 zeigt die Anwendung des Otsu-Schwelwerts auf die PMI-Hartschaumproben nach dem Filtern mit dem Medianfilter.

Die binarisierten Bilder der Schäume werden nachbearbeitet, da nach Anwendung des Otsu-Schwelwerts (Abb. 4.3) immer noch Rauscheffekte vorliegen. Zum einen sind im Porenraum vereinzelte Pixel zu erkennen, die fälschlicherweise dem

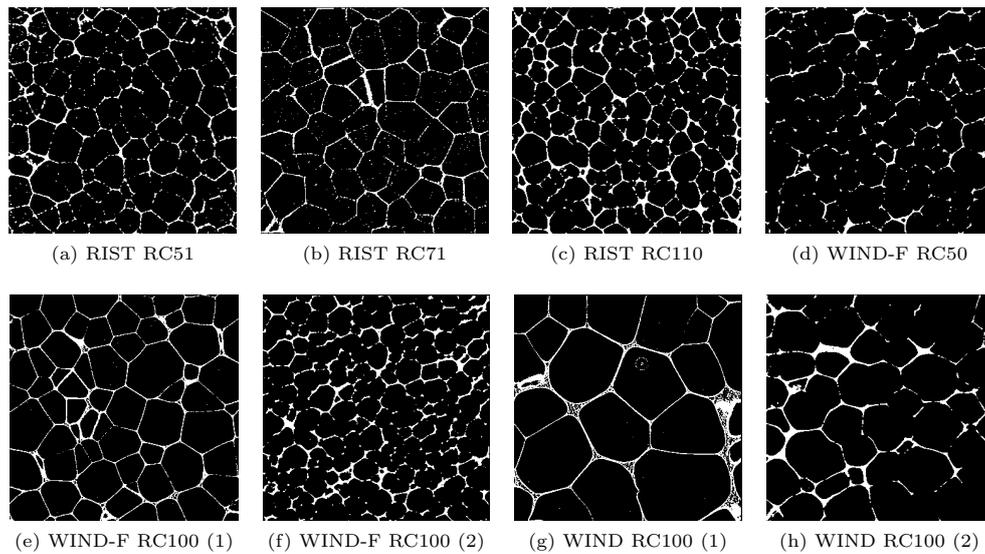


Abbildung 4.3: Binarisierung mit dem Otsu-Schwellwert nach Anwendung des Medianfilters auf die CT-Aufnahmen der Schaumproben

Wandsystem zugeordnet wurden, beispielsweise bei RIST RC71 (Abb. 4.3 (b)). Zum anderen sind zum Teil deutliche Hohlräume in den Zellwänden erkennbar, siehe WIND RC100 (1) (Abb. 4.3 (g)). Hier haben Rauscheffekte bei der CT-Aufnahme dazu geführt, dass das Wandsystem Hohlräume aufweist. Man erkennt visuell in der CT-Aufnahme (Abb. 4.1 (g)), dass das Wandsystem dieser Schaumprobe vollständig geschlossen ist.

Wir benutzen zunächst die Labeling-Methode aus Abschnitt 3.1.1 zur Entrauschung. Der Vordergrund wird gelabelt und das Label mit größtem Volumenanteil ausgewählt, um kleine Objekte, die nicht zum Wandsystem gehören, zu entfernen. Da das Wandsystem bis auf Randeffekte zusammenhängend ist, gehen dabei wenige Informationen über das Wandsystem verloren. Im Gegenzug verschwinden die Artefakte im Porenraum, die nicht mit dem Wandsystem verbunden sind, wie in Abbildung 4.4 veranschaulicht.

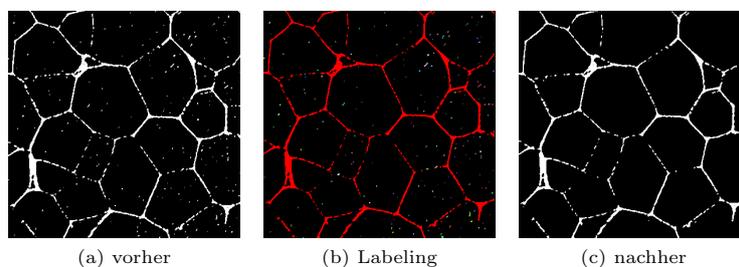


Abbildung 4.4: Effekt der Labeling-Methode auf ein binarisiertes Bild der Schaumprobe RIST RC71, Größe: 400×400 Pixel

In Abb. 4.4 (a) sind die Artefakte als einzelne weiße Pixel im Porenraum zu erkennen, in Abb. 4.4 (c) sind sie dann dem Porenraum zugeordnet. Abb. 4.4 (b) zeigt das gelabelte Bild. Dies begründet die Nutzung dieser Entrauschungsmethode in der Methode zur automatischen Binarisierung.

Als nächstes werden die Hohlräume in den Zellwänden geschlossen. Dies erfolgt mit einer morphologischen Schließung (Definition 3.5). Bei der Wahl des strukturierenden Elements ist zusätzlich darauf zu achten, dass bei der Schließung die Dicke des Wandsystems nicht zu sehr erhöht wird. Für die automatische Methode wird deshalb ein Würfel der Kantenlänge 3 als strukturierendes Element gewählt. Abbildung 4.5 zeigt die Ergebnisse der morphologischen Schließungen.

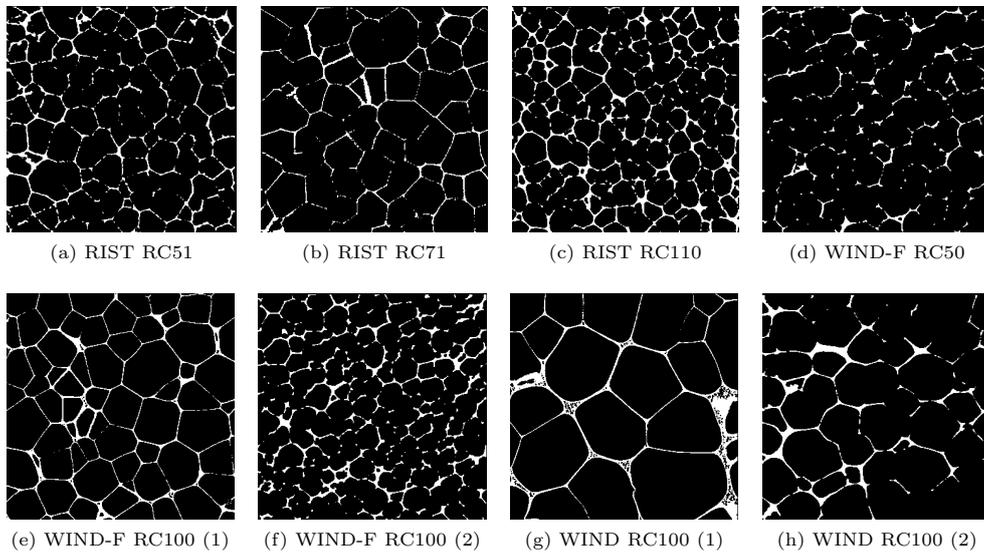


Abbildung 4.5: Anwendung der Schließung mit einem Würfel der Kantenlänge 3 als strukturierendes Element auf die Binarisierungen der Schaumproben aus Abb. 4.3

Es fällt bereits in Abbildung 4.3 auf, dass die Größe der Hohlräume im Wandsystem zwischen einigen Schaumproben variiert, vergleiche z.B. Abb. 4.3 (a) und Abb. 4.3 (g). Weiterhin sieht man in Abb. 4.5, dass in 4.5 (e) und 4.5 (g) noch immer Hohlräume im Wandsystem vorhanden sind.

Wir betrachten den Structure-Model-Index (Definition 2.5) des Wandsystems, der hier ein Maß für dessen Abgeschlossenheit darstellt. Die Hohlräume des Wandsystems erzeugen negative Krümmungseffekte, die mit negativem Vorzeichen in die Dichte des Integrals der mittleren Krümmung M_V einfließen. Daraus resultierend ist festzustellen, dass der SMI für die Bilder, die noch Hohlräume im Wandsystem aufweisen, negativ ist, für die anderen hingegen positiv. Also zeigt der SMI an, bei welchen Bildern eine weitere morphologische Schließung des Wandsystems notwendig ist.

Eine zusätzliche Schließung mit einer approximierten Kugel, Durchmesser 11,

als strukturierendes Element wird nun für alle Bilder mit negativem SMI ausgeführt. Bei diesen Schaumproben wird das Wandsystem durch die Schließung zudem kaum verdickt. Nach dieser zweiten Schließung sind auch bei den verbleibenden binarisierten Bildern die Hohlräume in den Zellwänden gefüllt. Abbildung 4.6 zeigt die Ergebnisse der zweiten morphologischen Schließung in den beiden notwendigen Fällen.

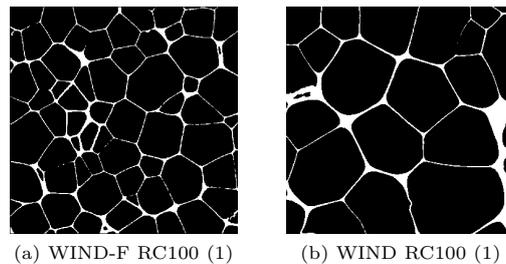


Abbildung 4.6: Anwendung der 2. Schließung mit einer approximierten Kugel vom Durchmesser 11 als strukturierendes Element auf die zugehörigen Schaumproben aus Abb. 4.5

Damit schließen wir die automatische Binarisierung ab und erhalten so die automatisch erzeugten Binärbilder.

Es ist anzumerken, dass für die Schaumprobe RIST RC71 das automatisch erzeugte Binärbild eindeutige Fehler aufweist. Dies kann in der Anpassung der automatischen Methode hier nicht berücksichtigt werden, da sich die Binärbilder der übrigen Datensätze sonst sehr verschlechtern würden. Die Gründe für die Fehler und ihre Behebung werden in Abschnitt 5.1.1 untersucht und erläutert.

Zusammengefasst sieht die resultierende Methode zur automatischen Binarisierung folgendermaßen aus:

<i>Input:</i>	CT-Aufnahme
<i>Schritt 1:</i>	Anwendung des Medianfilters mit Filtermaskengröße 3
<i>Schritt 2:</i>	Binarisierung mit dem Otsu-Schwellwert
<i>Schritt 3:</i>	Labeln des Vordergrundes und Auswählen des Labels mit größtem Volumenanteil
<i>Schritt 4:</i>	Morphologische Transformation: Schließung mit einem Würfel der Kantenlänge 3 als strukturierendes Element
<i>Schritt 5:</i>	Überprüfung des Structure-Model-Index: wenn $SMI < 0$, dann zweite Schließung mit einer approximierten Kugel mit Durchmesser 11
<i>Output:</i>	Binärbild

Einen beispielhaften Ablauf der Schritte zeigt Abbildung 4.7. Der SMI der Schaumprobe ist positiv, in Schritt 5 wird keine weitere Schließung angewendet.

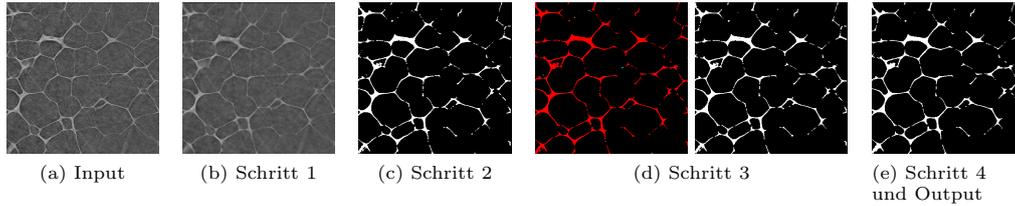


Abbildung 4.7: Automatische Binarisierung der Schaumprobe WIND RC100 (2), Größe: 360×360 Pixel

Betrachten wir die Schritte der automatischen Binarisierung zum Abschluss noch einmal genauer. Es findet eine Glättung (1), die Binarisierung (2) und weitere Entrauschungsmethoden (3 – 5) der CT-Aufnahme statt. Je besser dabei die Aufnahme des CT ist, also z.B. hohe Kontraste zwischen Wandsystem und Porenraum und wenig Artefakte, desto weniger wird in den Schritten zusätzlich angepasst. Treten bei der CT-Aufnahme hohe Rauscheffekte auf, so wird bei der automatischen Binarisierung in höherem Maße geglättet und entrauscht. Die automatische Binarisierung passt sich also dem gegebenen Input an, indem die Schritte 1 und 3 – 5 stärkere oder schwächere Auswirkungen auf das Binärbild haben. Die eigentliche Binarisierung (Schritt 2) ist abhängig von der Grauwertverteilung der CT-Aufnahme und passt sich somit ebenfalls individuell an.

Also ist die automatische Binarisierung durch die spezifische Behandlung jeder Schaumprobe gegenüber geringen Schwankungen im Binärbild unanfällig.

4.2.2 Zellrekonstruktion

Im Folgenden wird die Automatisierung der eigentlichen Zellrekonstruktion aufbauend auf dem binarisierten Bild der Schaumprobe erläutert.

Es ist anzumerken, dass bei der Entwicklung der Methode das optimale Binärbild der Schaumprobe zugrunde gelegt wird, also insbesondere nicht das automatisch erzeugte Binärbild, das in der gesamtheitlichen Methode verwendet wird. Das optimale Binärbild ist das abhängig von der CT-Aufnahme bestmögliche Binärbild.

Als Verfahren zur Zellrekonstruktion wählen wir die h -Minima-Transformation (siehe Abschnitt 3.1.2). Wir nutzen einen Zusammenhang zwischen dem binarisierten Bild und den zu rekonstruierenden Zellen für die Wahl des Parameters h . Der Parameter h der h -Minima-Transformation sollte in Abhängigkeit von der mittleren Breite \bar{b} (vergleiche Abschnitt 2.1) der Zellen gewählt werden, siehe dazu [SRSG08]. Dieser Wert ist allerdings noch unbekannt. \bar{b} ist aber mit der mittleren Sehnenlänge \bar{l} (Definition 2.4) des Porenraum des Binärbilds korreliert, wie bereits in Abschnitt 2.2 erwähnt. Der Wert von \bar{l} kann über die Dichten der inneren Volumina bzw. in MAVI über die FieldFeatures bestimmt werden.

Wir werden also den Parameter h abhängig von der mittleren Sehnenlänge \bar{l} schätzen und dabei eine Anpassung für die hier betrachteten geschlossenzelligen Schäume vornehmen.

Im Folgenden bezeichnen wir mit Ξ das Wandsystem und mit Ξ^C den Porenraum des Binärbilds.

Zunächst wird die mittlere Sehnenlänge \bar{l} von Ξ^C aus den FieldFeatures bestimmt.

Der Wert der mittleren Sehnenlänge überschätzt allerdings den Wert der mittleren Breite \bar{b} der Zellen, aus dem wir den Parameter h schätzen wollen. Der Grund dafür ist, dass im Binärbild das Wandsystem meist nicht komplett geschlossen ist, siehe z.B. Abbildung 4.8. Somit spiegelt sich bei der Berechnung der mittleren Sehnenlänge \bar{l} ein größerer Wert als die mittlere Breite \bar{b} wider. Der Wert muss also verkleinert werden, um h zu schätzen.

Ein weiterer Grund, warum \bar{l} lediglich als obere Schranke dienen kann, liegt in der Interpretation des Parameters h der h -Minima-Transformation. Dieser gibt nicht die mittlere Breite der rekonstruierten Zellen an, sondern einen Wert, der die mittlere Breite beeinflusst. Je größer h gewählt wird, desto größer wird auch \bar{b} , da mehr lokale Minima aus dem Distanzbild entfernt werden und so weniger Zellen durch die Wasserscheiden-Transformation rekonstruiert werden. Diese Zellen sind somit größer, genau wie die mittlere Breite \bar{b} der Zellen. Bei der h -Minima-Transformation sollen die überflüssigen lokalen Minima entfernt werden, sodass in jeder Zelle nur noch ein lokales Minimum existiert, aus dem die Zelle dann durch die Wasserscheiden-Transformation rekonstruiert wird. Die durch h zu vergleichenden Minima liegen also in einer Zelle und ihr Abstand ist viel kleiner als die mittlere Sehnenlänge \bar{l} oder die mittlere Breite \bar{b} . Deswegen wird die mittlere Sehnenlänge \bar{l} zur Schätzung des Parameters h weiter verkleinert.

Zusätzlich müssen bei der Schätzung von h noch weitere Schritte in der h -Minima-Transformation beachtet werden. Die Glättung mit dem Parameter h wird nach der Euklidischen Distanztransformation (Def. 3.6) des binarisierten Bilds und einem Spread des EDT-Bilds angewendet. Das heißt, das Intervall der Grauwertverteilung wird durch den Spread verändert. Diese Anpassung muss somit auch der Wert der mittleren Sehnenlänge aus dem Binärbild vollziehen, um den Parameter h für die h -Minima-Transformation nach dem Spread schätzen zu können.

Betrachten wir nun unsere Schaumproben und schätzen den Parameter h für unsere Klasse von Schäumen.

Für die Schaumproben RIST RC110, WIND-F RC50, WIND RC100 (1) und WIND RC100 (2) wurde die optimale Zellrekonstruktion mithilfe einer h -Minima-Transformation erreicht. Diese vier Schäume dienen als Ausgangsbasis, um die

automatische Zellrekonstruktion zu entwickeln. Abbildung 4.8 zeigt die optimalen Binarisierungen dieser Schaumproben.

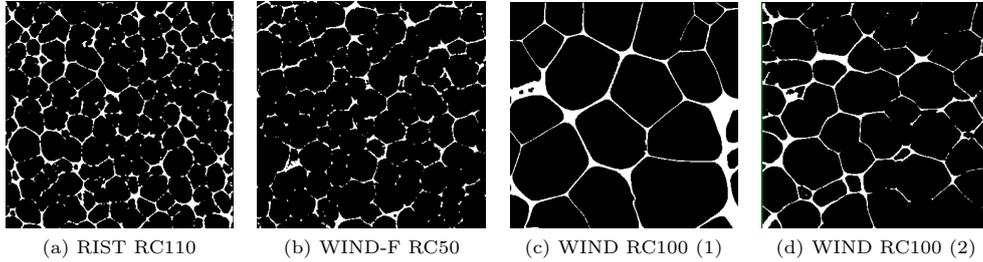


Abbildung 4.8: Optimale Binarisierungen für die Entwicklung der automatischen Zellrekonstruktion

Für jeden der vier Schäume bestimmen wir die mittlere Sehnenlänge \bar{l} von Ξ^C aus den FieldFeatures des Binärbilds wie z.B. in Abb. 4.9 (a). Außerdem wird der größte Wert \max_{EDT} im Grauwertbild der EDT des Binärbilds (beispielsweise in Abb. 4.9 (b)) benötigt. Der maximale Spread-Wert \max_{Spread} ist bereits festgelegt durch die gewünschte Anzahl der Bits im Spread-Bild, üblicherweise werden 8 Bit gewählt und es folgt $\max_{\text{Spread}} = 255$.

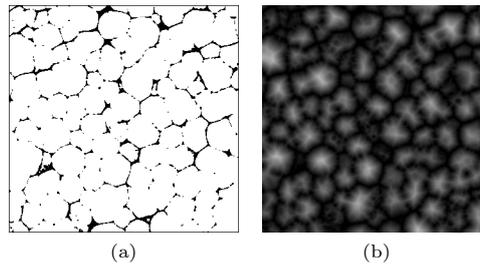


Abbildung 4.9: (a) invertiertes optimales Binärbild mit Ξ^C im Vordergrund und (b) EDT des optimalen Binärbilds (Abb. 4.8(b)) der Schaumprobe WIND-F RC50, Größe: 360×360 Pixel

Die an die Änderung im Spread angepasste mittlere Sehnenlänge \tilde{l} berechnen wir folgendermaßen aus der mittleren Sehnenlänge \bar{l} :

$$\tilde{l} = \bar{l} \cdot \frac{\max_{\text{Spread}}}{\max_{\text{EDT}}}.$$

Anhand der vier hier betrachteten Schaumproben zeigt sich, dass der optimale Parameterwert der h -Minima-Transformation ungefähr 1,6% der an den Spread angepassten mittleren Sehnenlänge \tilde{l} entspricht. Für den zu schätzenden Parameter \hat{h} gilt also:

$$\hat{h} = 0,016 \cdot \tilde{l}.$$

Wir verwenden diesen Parameterwert für das in MAVI enthaltene Plug-In zur h -Minima-Transformation. Dieses Plug-In führt die benötigten Schritte automatisch aus, d.h. die EDT des Binärbilds, den Spread, die eigentliche h -Minima-

Transformation, die Wasserscheiden-Transformation und die Maskierung des Wasserscheidenbilds mit dem invertierten Binärbild.

Abbildung 4.10 zeigt die Ergebnisse der automatischen Zellrekonstruktion für alle vorgestellten Schaumproben. Die Unterschiede dieser Zellrekonstruktionen zur den optimalen Zellrekonstruktionen werden in Abschnitt 5.1.2 genauer untersucht.

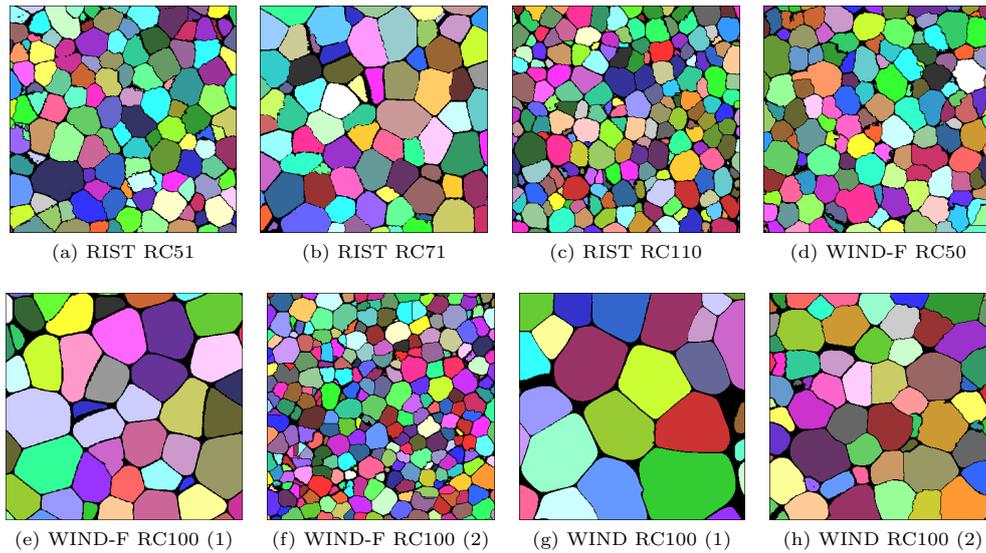


Abbildung 4.10: Automatische Zellrekonstruktionen, aufbauend auf der optimalen Binarisierung der CT-Aufnahmen der Schaumproben

Die automatische Zellrekonstruktion erfolgt zusammengefasst in nachstehender Weise. Abbildung 4.11 zeigt beispielhaft die zu den verschiedenen Schritten gehörenden Bilder einer Schaumprobe.

<i>Input:</i>	Binärbild
<i>Schritt 1:</i>	Bestimmen der mittleren Sehnenlänge \bar{l} von Ξ^C aus den FieldFeatures
<i>Schritt 2:</i>	EDT und Bestimmung des größten Werts im EDT-Bild \max_{EDT} Festlegung des maximalen Spread-Wertes: $\max_{\text{Spread}} = 255$
<i>Schritt 3:</i>	Berechnung des Parameters \hat{h}
$\hat{h} = 0,016 \cdot \bar{l} \cdot \frac{\max_{\text{Spread}}}{\max_{\text{EDT}}}$	
<i>Schritt 4:</i>	Plug-In zur h -Minima-Transformation mit \hat{h} als Parameterwert
<i>Output:</i>	Zellrekonstruktion

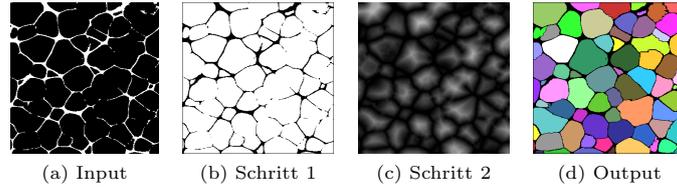


Abbildung 4.11: Automatische Zellrekonstruktion der Schaumprobe WIND RC100 (2) mit dem optimalen Binärbild als Input, Größe: 360×360 Pixel

Betrachten wir die automatische Zellrekonstruktion nun noch einmal genauer. In den Schritten 1 – 3 wird der Parameter h für die h -Minima-Transformation berechnet. Da in den meisten Fällen ein linearer 8-Bit Spread dabei angewendet wird, ist $\max_{\text{Spread}} = 255$.

Für den Wert von \hat{h} folgt:

$$\hat{h} = 0,016 \cdot \bar{l} \cdot \frac{\max_{\text{Spread}}}{\max_{\text{EDT}}} = 4,08 \cdot \frac{\bar{l}}{\max_{\text{EDT}}}$$

Somit ist \hat{h} ungefähr viermal so groß wie das Verhältnis zwischen mittlerer Sehnenlänge \bar{l} und maximalem Wert im EDT-Bild \max_{EDT} . Die vierfache Größe hat sich für unsere Klasse von Schäumen als geeignete Richtlinie erwiesen.

\bar{l} und \max_{EDT} sind korreliert. Wenn \bar{l} größer wird, dann steigt bei geschlossenzelligen Schäumen auch \max_{EDT} . Wenn nämlich die mittlere Sehnenlänge größer ist, bedeutet dies, dass die Zellwände weiter auseinander liegen. Somit werden auch im EDT-Bild größere Werte angenommen. Umgekehrt gilt dies genauso.

Ist $\bar{l} > \max_{\text{EDT}}$, liegt dies daran, dass im Wandsystem Stücke fehlen. Dadurch vergrößert sich die mittlere Sehnenlänge, da längere Sehnen in der Verteilung enthalten sind. Der maximale Wert der EDT wird kaum beeinflusst, da bei der EDT der minimale Abstand zum Wandsystem gesucht wird und das Fehlen eines Wandstückes diesen nur geringfügig vergrößert.

Wenn gilt $\bar{l} < \max_{\text{EDT}}$, so ist dies dadurch erklärbar, dass in der Schaumprobe eine bzw. wenige Zellen enthalten sind, die ein deutlich größeres Volumen aufweisen als die übrigen Zellen. So ist der maximale EDT-Wert vergleichsweise groß, die mittlere Sehnenlänge wird allerdings kaum beeinflusst, da bei ihrer Berechnung das arithmetische Mittel betrachtet wird. Außerdem können auch Artefakte des Wandsystems dazu führen, dass die mittlere Sehnenlänge abnimmt während der maximale EDT-Wert nicht betroffen ist.

Bei unserer Klasse von Schäumen und den CT-Aufnahmen tritt der erste Fall, $\bar{l} > \max_{\text{EDT}}$, häufig auf, da das Wandsystem nicht vollständig aus der CT-Aufnahme rekonstruiert werden kann. Des Weiteren können sich die Effekte aber auch ausgleichen, wenn also z.B. Wandstücke fehlen und Artefakte vorhanden sind, und so das Verhältnis der beiden kaum beeinflusst wird. Somit wird auch hier die spezifische Betrachtung jeder Schaumprobe beachtet und Änderungen im Binärbild wirken sich auf die Wahl des Parameters h aus.

Eine Einschränkung der h -Minima-Transformation ist, dass der Wert des Parameters h ganzzahlig sein muss. In Abschnitt 5.1.4 werden wir dies genauer untersuchen.

4.3 Automatische Zellrekonstruktion der Schaumproben

Wir wenden nun die automatische Zellrekonstruktion vollständig auf alle in 4.1 vorgestellten Schaumproben an. Abbildung 4.12 zeigt die Ergebnisse und zum Vergleich die CT-Aufnahmen der Schaumproben.

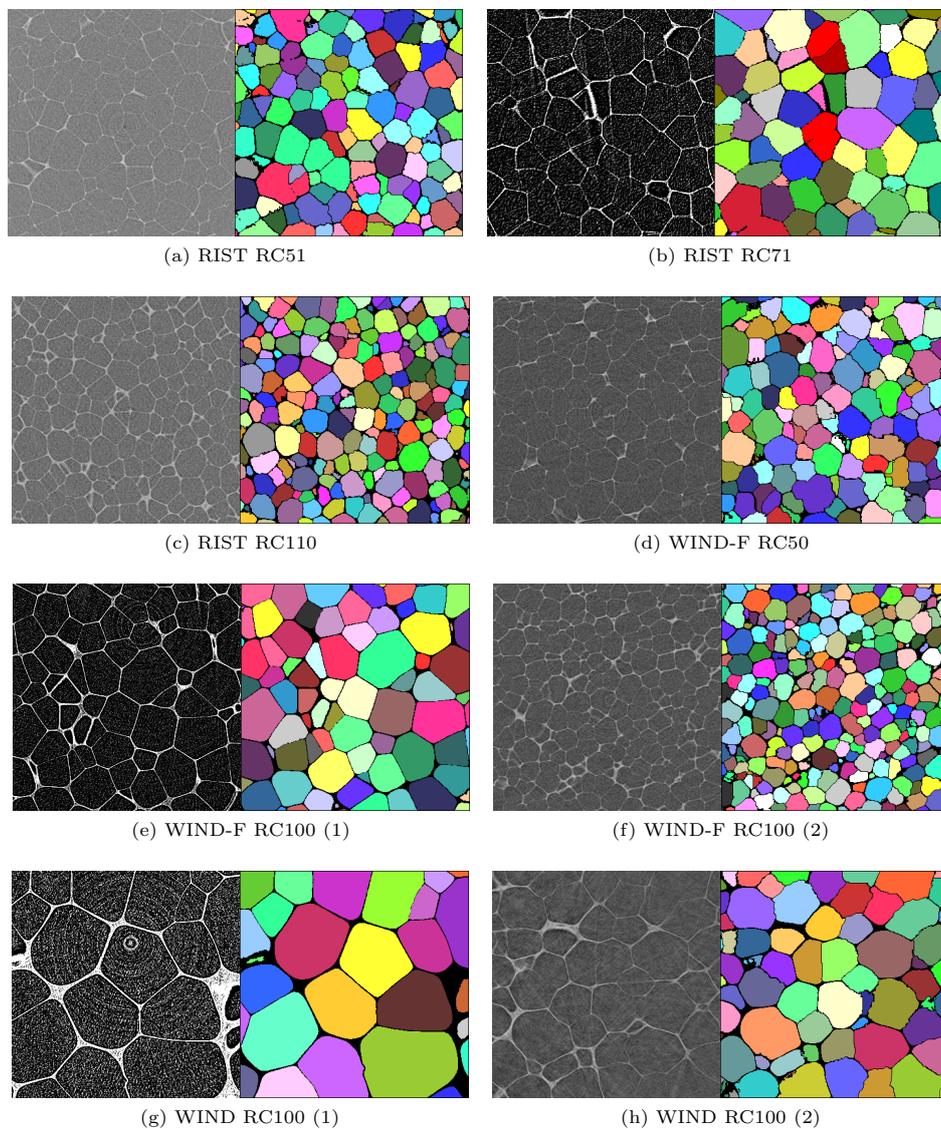


Abbildung 4.12: CT-Aufnahmen und zugehörige automatische Zellrekonstruktionen der Schaumproben

Abbildung 4.12 zeigt beispielhaft, dass die automatische Zellrekonstruktion die Zellen der Schaumproben zum Großteil richtig rekonstruiert. Allerdings sind in den Zellrekonstruktionen auch Fehlsegmentierungen zu erkennen, beispielsweise bei der Schaumprobe RIST RC71 (rot eingefärbte Zellen in 4.12 (b)). In Abschnitt 5.1.3 werden wir die automatische Zellrekonstruktion genauer evaluieren.

5 Diskussion der automatischen Zellrekonstruktion

5.1 Evaluierung

Wir stellen nun die Ergebnisse der automatischen Zellrekonstruktion aus Abschnitt 4.3 schrittweise den optimalen Zellrekonstruktionen aus Abschnitt 4.1 gegenüber.

5.1.1 Binarisierung

Wir vergleichen für alle acht Schaumproben das Binärbild aus der automatischen Methode mit dem optimalen Binärbild. Es ist zu untersuchen, ob die Automatisierung ein sich nahe am optimalen Binärbild befindendes Ergebnis liefert.

Dafür betrachten wir den Volumenanteil des Wandsystems am Gesamtvolumen im optimalen und im automatischen Fall in Tabelle 5.1. Der Volumenanteil entspricht der Volumendichte aus den FieldFeatures des Wandsystems, die in MAVI berechnet werden.

Schaumprobe	optimal	automatisch	relativer Fehler
RIST RC51	7,97%	8,29%	0,32%
RIST RC71	8,48%	5,91%	2,57%
RIST RC110	9,57%	10,88%	1,31%
WIND-F RC50	6,90%	5,36%	1,54%
WIND-F RC100 (1)	9,63%	8,13%	1,50%
WIND-F RC100 (2)	9,83%	9,56%	0,27%
WIND RC100 (1)	8,17%	8,12%	0,05%
WIND RC100 (2)	8,04%	7,63%	0,41%

Tabelle 5.1: Volumenanteil des Wandsystems im optimalen und im automatisch erzeugten Binärbild

Der Unterschied des Volumenanteils des Wandsystems am Binärbild ist fast immer kleiner als 1,60%, also sehr gering. Bei der Schaumprobe RIST RC71 ist der Unterschied mit 2,57% deutlich größer. Wie bei der Anpassung der Methode schon erwähnt, weicht das automatisch erzeugte Binärbild dieser Schaumprobe deutlich vom optimalen Binärbild ab, da im automatisch erzeugten Binärbild eindeutige Fehler enthalten sind. Die Schaumprobe RIST RC71 betrachten wir später genauer.

Tabelle 5.1 zeigt, dass es keine unerwartet großen Abweichungen des Volumenanteils des Wandsystems am Binärbild gibt. Allerdings wird die Genauigkeit der Binarisierung damit nicht gut genug bewertet, es könnte z.B. ein vergleichbar großer, aber komplett falscher Teil in der Automatisierung als Wandsystem dargestellt worden sein.

Um dies zu untersuchen, betrachten wir das Differenzbild der Binärbilder für jede Schaumprobe. Im Differenzbild werden alle Pixel dargestellt, die sich in den beiden Binärbildern unterscheiden. Abbildung 5.1 zeigt zum Vergleich das optimale Binärbild, das automatisch erzeugte Binärbild und das Differenzbild der beiden Bilder für eine beispielhafte Schaumprobe. Die übrigen Schaumproben verhalten sich vergleichbar.

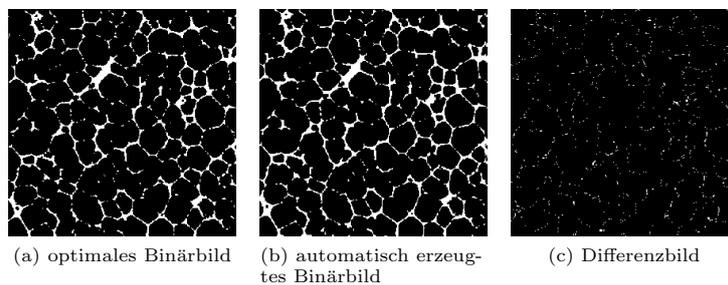


Abbildung 5.1: Vergleich der Binärbilder für die Schaumprobe RIST RC110, Größe: 360×360 Pixel

Durch den Vergleich der 3D-Volumenbilder der Binärbilder und dem entsprechenden Differenzbild für eine Schaumprobe bestätigt sich, dass kein komplett falsches Wandsystem bei der automatischen Methode erzeugt wird. Abbildung 5.1 zeigt dafür beispielhafte 2D-Schnitte aus den Volumenbildern einer Schaumprobe. Die Unterschiede kommen hier meist dadurch zustande, dass die Zellwände im automatisch erzeugten Binärbild etwas dicker bzw. dünner abgebildet werden als im optimalen Binärbild. Dies hat auf die Rekonstruktion der Zellen allerdings kaum Einfluss, solange die Zellwand vorhanden ist. Die geometrischen Eigenschaften der rekonstruierten Zellen und des Schaums ändern sich dadurch aber geringfügig. In Kapitel 5.2 werden wir dies genauer aufgreifen.

Weitere Unterschiede können durch Artefakte in den Binärbildern entstehen. Es erweist sich als schwierig, die Artefakte im Differenzbild zu erkennen. Zum einen ist es möglich, dass auch im optimalen Binärbild Artefakte enthalten sind. Zum anderen ist durch die CT-Aufnahme des Schaums wie bereits beschrieben das Wandsystem nicht komplett abgeschlossen. Dadurch wird auf dem Binärbild nicht immer deutlich, ob ein Teil des identifizierten Wandsystems ein Artefakt ist oder wirklich zum Wandsystem gehört. Dies ist meist nur durch den visuellen Vergleich mit der CT-Aufnahme möglich, dort erkennt man die Zellwände deutlicher. Allerdings kann man dies nicht in die automatische Methode einbinden.

Insgesamt veranschaulicht Abbildung 5.1, dass die Unterschiede zwischen op-

timalem und automatisch erzeugtem Binärbild gering sind. Wir erhalten somit Binärbilder der Schaumproben, die den optimalen Binärbildern sehr nahe kommen und damit für die Zellrekonstruktion eine gute Grundlage bieten.

Betrachten wir nun das automatisch erzeugte Binärbild der Schaumprobe RIST RC71 näher. Im Volumenbild des Binärbilds fällt auf, dass noch kleine Hohlräume im Wandsystem vorhanden sind. Einen beispielhaften 2D-Schnitt des automatisch erzeugten Binärbilds zeigt Abbildung 5.2 (a).

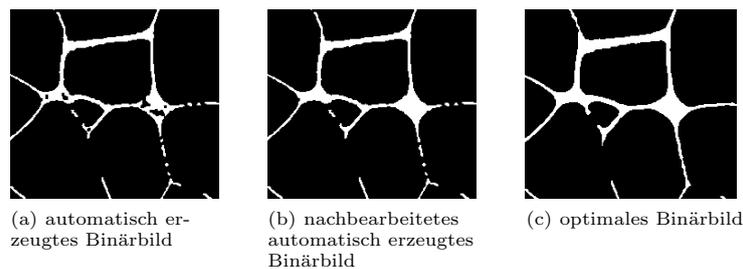


Abbildung 5.2: Hohlräume im Wandsystem der Schaumprobe RIST RC71, Größe: 230×200 Pixel

Diese Hohlräume erklären die hohe Abnahme des Volumenanteils um 2,57% gegenüber dem optimalen Binärbild (Abb. 5.2 (c)), da die Hohlräume in diesem geschlossen sind.

Betrachten wir nun, warum die automatische Binarisierung diese Hohlräume nicht erkannt hat. Der Structure-Model-Index (SMI, Def. 2.5) in Schritt 5 der automatischen Binarisierung ist größer als 0, obwohl das Wandsystem Hohlräume enthält. Das heißt, die Schließung mit der approximierten Kugel wird nicht durchgeführt, obwohl sie bei dieser Schaumprobe notwendig ist. Der Test mit dem SMI versagt hier also. Die negativen Krümmungseffekte durch die Hohlräume im Wandsystem werden hier durch positive Krümmungseffekte abgefangen. Die positiven Krümmungseffekte entstehen dadurch, dass das Wandsystem sehr porös ist und so positive Krümmungen erzeugt werden. In Abb. 5.2 (a) ist die Porosität des Wandsystems beispielsweise im unteren rechten Teil zu erkennen.

Wendet man die automatische Zellrekonstruktion bei RIST RC71 auf dieses automatisch erzeugte Binärbild an, werden bei der Zellrekonstruktion Fehler entstehen, nämlich kleine Zellen im Wandsystem. Dies werden wir in Abschnitt 5.1.3 bei der Auswertung der gesamten automatischen Zellrekonstruktion beobachten und beurteilen. Es ist dann aber möglich die Fehler in der Zellrekonstruktion nachträglich abzufangen.

Um das Binärbild zu verbessern, führen wir eine morphologische Schließung mit einer approximierten Kugel des Durchmessers 11 als strukturierendes Element durch. Der Volumenanteil im so nachbearbeiteten automatisch erzeugten Binärbild beträgt dann 6,68% und liegt näher am Wert des optimalen Binärbilds

(8, 48%). In Abbildung 5.2 (b) ist zu erkennen, dass die Hohlräume nun geschlossen sind. Das Wandsystem wird durch die weitere morphologische Schließung kaum verdickt. Somit erhalten wir mithilfe einer Nachbearbeitung auch für diese Schaumprobe ein Binärbild, das nahe am optimalen Binärbild liegt.

Insgesamt zeigt sich also, dass die automatische Binarisierung in fast allen Fällen ein gutes Binärbild erzeugt, das vom optimalen Binärbild kaum abweicht. Kleine Abweichungen sind zugunsten der Automatisierung in Kauf zu nehmen. Diese Abweichungen werden wir in Abschnitt 5.2 näher untersuchen und damit die Automatisierung zusätzlich bewerten.

5.1.2 Zellrekonstruktion

Um die alleinige Auswirkung der eigentlichen automatischen Zellrekonstruktion besser bewerten zu können, betrachten wir ihre Anwendung auf die optimalen Binärbilder der Schaumproben, also die Ergebnisse aus Abschnitt 4.2.2. Diese vergleichen wir mit den optimalen Zellrekonstruktionen.

Wir betrachten zunächst die Anzahl der rekonstruierten Zellen in den optimalen und automatischen Zellrekonstruktionen der Schaumproben in Tabelle 5.2. Dabei beschränken wir uns auf die Zellen im Minussample des Bilds, da die Randzellen bei der Modellierung des Schaums keine Rolle spielen, vergleiche Abschnitt 3.3. Den relativen Unterschied der Schaumproben messen wir anhand der Anzahl der rekonstruierten Zellen in der optimalen Zellrekonstruktion.

Schaumprobe	optimal	automatisch	relativer Unterschied
RIST RC51	387	381	-1,55%
RIST RC71	2.172	2.182	+0,46%
RIST RC110	1.011	1.067	+5,54%
WIND-F RC50	521	521	0%
WIND-F RC100 (1)	995	999	+0,40%
WIND-F RC100 (2)	1.811	1.913	+5,63%
WIND RC100 (1)	53	53	0%
WIND RC100 (2)	126	126	0%

Tabelle 5.2: Anzahl rekonstruierter Zellen im Minussample und relativer Unterschied

Relativ gesehen sind die Veränderungen in der Tabelle sehr gering, die Differenz liegt zwischen 0% und 6% der Zellen in der optimalen Zellrekonstruktion. Die automatischen Zellrekonstruktionen der Schaumproben WIND-F RC50, WIND RC100 (1) und WIND RC100 (2) stimmen mit der optimalen Zellrekonstruktion genau überein, da derselbe Parameter in der h -Minima-Transformation verwendet wurde. Diese Schaumproben wurden u.a. zur Anpassung der Methode verwendet. Daher liefert die automatische Methode genau die optimale Zellrekonstruktion und ein Vergleich ist nicht weiter notwendig.

Beim relativen Unterschied in Tabelle 5.2 ist zu beachten, dass es auch Unterschiede durch das Bilden des Minussample geben kann. Das Minussample wird für die automatische und die optimale Zellrekonstruktion einzeln gebildet. Dadurch kann die Zellanzahl der beiden unterschiedlich sein, wenn in einem Minussample eine Zelle enthalten ist, die im anderen Minussample entfernt wurde. Diese Differenz ist dann nicht durch eine fehlsegmentierte Zelle entstanden.

Die Zellen, die im Minussample der optimalen Zellrekonstruktion liegen, aber nicht im Minussample der automatischen Zellrekonstruktion bzw. umgekehrt, betrachten wir nicht weiter. Tabelle 5.3 zeigt die Anzahl der rekonstruierten Zellen, die aus diesem „gemeinsamen“ Minussample resultieren.

Schaumprobe	optimal	automatisch	relativer Unterschied
RIST RC51	384	381	-0,78%
RIST RC71	2.170	2.181	+0,51%
RIST RC110	1.011	1.036	+2,47%
WIND-F RC100 (1)	995	999	+0,40%
WIND-F RC100 (2)	1.799	1.882	+4,61%

Tabelle 5.3: Anzahl rekonstruierter Zellen im gemeinsamen Minussample und relativer Unterschied

Im Vergleich zu Tabelle 5.2 ist der relative Unterschied für fast alle Schaumproben gesunken bzw. gleich geblieben. Allerdings gibt Tabelle 5.3 keine Auskünfte darüber, wodurch die Differenz zustande kommt und welche Ausmaße die Änderungen in der Zellrekonstruktion haben, d.h. ob z.B. volumenmäßig kleine oder große Zellen betroffen sind.

Betrachten wir die Effekte durch Untersegmentierungen und Übersegmentierungen in der automatischen Zellrekonstruktion gegenüber der optimalen Zellrekonstruktion genauer. In der Differenz der Anzahl der rekonstruierten Zellen heben sie sich zum Teil auf. Somit gibt der relative Unterschied in Tabelle 5.3 nicht die wahre Anzahl an Unterschieden von Zellen der Zellrekonstruktionen wieder.

Wir vergleichen daher im Weiteren die Labels der einzelnen Zellen in den verschiedenen Zellrekonstruktionen der Schaumproben miteinander, um alle Unterschiede zu erhalten. Für den Vergleich der einzelnen Labels wird die am Fraunhofer ITWM entwickelte Software ToolIP [FI12] benutzt. Wir vergleichen jedes Pixel in der optimalen mit dem entsprechenden Pixel in der automatischen Zellrekonstruktion und betrachten die Zugehörigkeit zu den jeweiligen Labels. Dann wird überprüft, ob sich zwei Labels aus den beiden Zellrekonstruktionen entsprechen oder eines nur eine Teilmenge des anderen Label bildet. Damit ist zu erkennen, ob es in der automatischen Zellrekonstruktion Übersegmentierungen bzw. Untersegmentierungen gegenüber der optimalen Zellrekonstruktion gibt.

Tabelle 5.4 zeigt die Ergebnisse der Auswertungen für die Schaumproben.

Schaumprobe	Anzahl der untersegmentierten Zellen	Anzahl der übersegmentierten Zellen	gesamter relativer Unterschied
RIST RC51	15	12	6,98%
RIST RC71	21	34	2,53%
RIST RC110	0	25	2,47%
WIND-F RC100 (1)	1	5	0,60%
WIND-F RC100 (2)	23	111	7,45%

Tabelle 5.4: Anzahl der fehlsegmentierten Zellen und relativer Unterschied verursacht durch alle Fehlsegmentierungen

Die vierte Spalte der Tabelle 5.4 zeigt die relativen Unterschiede verursacht durch alle Fehlsegmentierungen in der automatischen Zellrekonstruktion gemessen an der Zellanzahl in der optimalen Zellrekonstruktion. Hier ist nun zu erkennen, dass der Fehler fast immer gewachsen ist, auf bis zu 7,45%, d.h. vorher haben sich die Effekte durch Über- und Untersegmentierungen zum Teil ausgeglichen.

Die Tabelle zeigt außerdem, dass sowohl Über- als auch Untersegmentierungen in den automatischen Zellrekonstruktionen gegenüber den optimalen Zellrekonstruktionen vorhanden sind. Dies bedeutet, dass es keinen methodischen Fehler in der automatischen Zellrekonstruktion gibt, der eine Über- oder Untersegmentierung auslösen würde. Bei der Schaumprobe RIST RC110 ist dies nicht der Fall, es sind nur Übersegmentierungen vorhanden. Dies resultiert daraus, dass in der optimalen Zellrekonstruktion die h -Minima-Transformation verwendet wurde, allerdings mit einem größeren Parameterwert als bei der automatischen Methode. Ein geringerer Wert des Parameters h führt dazu, dass mehr Zellen rekonstruiert werden.

Betrachten wir nun das Volumen der Zellen in der optimalen Zellrekonstruktion, die in der automatischen Zellrekonstruktion fehlsegmentiert sind. Die Zellvolumina befinden sich verteilt in der gesamten Spanne des Zellvolumens der optimalen Zellrekonstruktion der Schaumprobe. Abbildung 5.3 verdeutlicht dies. Darin sind die übersegmentierten Zellen mit rot und die untersegmentierten Zellen mit schwarz im Histogramm der Zellvolumina gekennzeichnet.

Es war zu erwarten, dass sowohl volumenmäßig große als auch kleine Zellen von den Fehlern betroffen sind. Bei den automatischen Zellrekonstruktionen treten sowohl Übersegmentierungen als auch Untersegmentierungen auf. Dabei kommt eine Übersegmentierung mit höherer Wahrscheinlichkeit bei großen Zellen vor, von der Untersegmentierung sind meist kleinere Zelle betroffen. Zur Genauigkeit der Zellrekonstruktion ist es notwendig die Anzahl der Fehlsegmentierungen zu minimieren. Bei der Anpassung des Mosaiks als Modell der Schaumprobe werden die Mittelwerte und Varianzen einiger geometrischer Eigenschaften der Zellen benötigt (siehe 3.3). Die Fehler durch Über- und Untersegmentierungen können sich bei der Berechnung der Mittelwerte ausgleichen, allerdings wirken sie sich auf die Varianzen deutlicher aus. Dies wird beispielhaft in Abschnitt 5.2 untersucht.

Es ist schwierig alle Fehlsegmentierungen in einer automatischen Methode zu

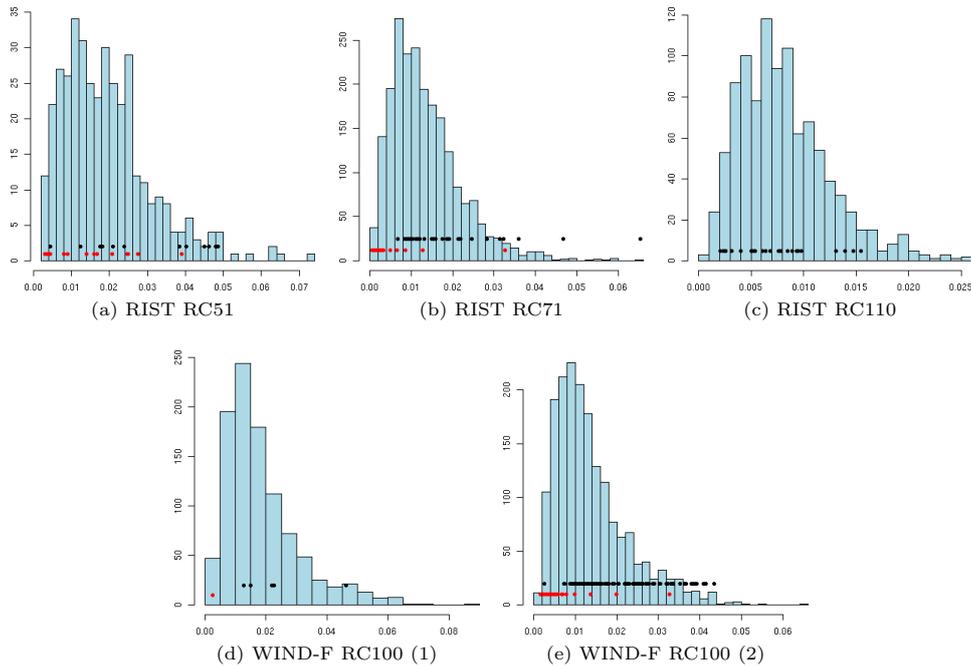


Abbildung 5.3: Histogramme der Zellvolumina (in mm^3) der optimalen Zellrekonstruktionen (blau gefüllt) mit in der automatischen Methode über- (rot) bzw. untersegmentierten (schwarz) Zellen

verhindern. Ein weiterer Schritt wäre nun diese Fehlsegmentierungen automatisch, d.h. auch ohne Kenntnis der optimalen Zellrekonstruktion, zu erkennen und sie dann durch eine Nachbearbeitung zu beheben. In Kapitel 6 wird näher darauf eingegangen.

Da die Fehleranzahl mit Werten von meist deutlich unter 7,45% gering ist, schließen wir daraus, dass die automatische Zellrekonstruktion für eine Schaumprobe eine gute Zellrekonstruktion liefert. Darauf aufbauend kann dann das Modell des Schaums angepasst werden. Abbildung 5.4 verdeutlicht, dass sich die Histogramme der Zellvolumina zwischen optimaler und automatischer Methode kaum unterscheiden.

Für die automatischen Zellrekonstruktionen der Schaumproben WIND-F RC50, WIND RC100 (1) und (2) gilt aufgrund der Wahl der Methode, dass die automatische Zellrekonstruktion ein optimales Zellrekonstruktionsergebnis liefert.

Zusammenfassend zeigt sich für die automatische Zellrekonstruktion aufbauend auf dem optimalen Binärbild folgendes: Es wird zwar nicht in allen Fällen die optimale Lösung geliefert, allerdings ist die Abweichung gering und ist im Rahmen der Automatisierung tolerierbar.

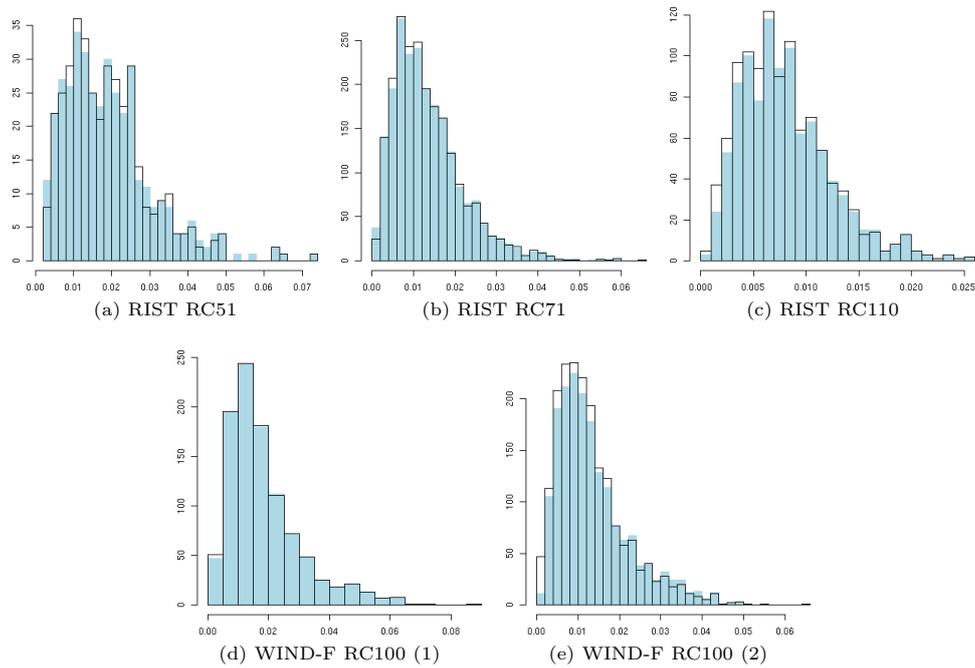


Abbildung 5.4: Histogramme zum Vergleich der Zellvolumina (in mm^3) für die optimale Zellrekonstruktion (blau gefüllt) und die automatische Zellrekonstruktion (schwarz umrandet)

5.1.3 Binarisierung und Zellrekonstruktion

In Kapitel 4.3 haben wir die automatische Zellrekonstruktion vollständig für alle gegebenen Schaumproben ausgeführt. Betrachten wir nun die Ergebnisse im Vergleich zu den optimalen Zellrekonstruktionen. Es ist zu erwarten, dass die Ergebnisse schlechter sind als im vorangegangenen Abschnitt, da sich nun die Auswirkungen der automatischen Binarisierung, die im Allgemeinen nicht ganz optimal ist, weiter auf die Rekonstruktion der Zellen auswirkt und der Fehler so größer sein kann.

Betrachten wir zunächst wieder die Anzahl der rekonstruierten Zellen der optimalen und automatischen Zellrekonstruktion in Tabelle 5.5. Diesmal bestimmen wir direkt den relativen Unterschied im gemeinsamen Minussample. Wie im vorangegangenen Teil bereinigen wir also die Zellanzahl von optimaler und automatischer Zellrekonstruktion um die Unterschiede, die durch das jeweilige Minussampling entstehen.

Bei der Zellrekonstruktion der Schaumprobe WIND RC100 (1) sind keine Fehler aufgetreten, d.h. die automatische Methode hat die optimale Zellrekonstruktion geliefert. Bei den anderen Schäumen sind die Fehlerraten mit bis zu 10,23% größer als im vorangegangenen Abschnitt.

Die Schaumprobe RIST RC71 stellt, wie schon in Abschnitt 5.1.1, einen Son-

Schaumprobe	optimal	automatisch	relativer Unterschied
RIST RC51	386	407	+5,44%
RIST RC71	2.172	2.950	+35,82%
RIST RC110	1.011	1.063	+5,14%
WIND-F RC50	518	465	-10,23%
WIND-F RC100 (1)	993	986	-0,70%
WIND-F RC100 (2)	1.802	1.693	-6,05%
WIND RC100 (1)	53	53	0%
WIND RC100 (2)	125	118	-5,60%

Tabelle 5.5: Anzahl rekonstruierter Zellen im gemeinsamen Minussample und relativer Unterschied

derfall dar. Wir wenden uns dieser später genauer zu.

Betrachten wir nun für die übrigen Schaumproben alle Fehler, die durch Unter- bzw. Übersegmentierungen in der automatischen Zellrekonstruktion gegenüber der optimalen Zellrekonstruktion entstanden sind. Tabelle 5.6 zeigt die Unterschiede, die wie in Abschnitt 5.1.2 bestimmt wurden.

Schaumprobe	Anzahl der Untersegmentierungen	Anzahl der Übersegmentierungen	gesamter relativer Unterschied
RIST RC51	5	27	8,29%
RIST RC110	18	71	8,80%
WIND-F RC50 (1)	59	5	12,36%
WIND-F RC100 (1)	10	3	1,31%
WIND-F RC100 (2)	153	38	10,60%
WIND RC100 (1)	0	0	0%
WIND RC100 (2)	7	0	5,60%

Tabelle 5.6: Anzahl der Fehlsegmentierungen und relativer Unterschied verursacht durch alle Fehlsegmentierungen

Der relative Unterschied, also der Anteil der fehlsegmentierten Zellen in der automatischen Zellrekonstruktion, liegt bei fast allen Schaumproben zwischen 5% und 12,5%. Die automatische Zellrekonstruktion weicht somit deutlicher von der optimalen Zellrekonstruktion ab als im vorangegangenen Abschnitt. Es wäre also hier noch wichtiger, die Fehlsegmentierungen durch eine Nachbearbeitung zu beheben.

Betrachten wir die Volumina der in der automatischen Zellrekonstruktion fehlsegmentierten Zellen. Es zeigt sich erneut, dass sich die Zellen innerhalb der gesamten Spanne der Zellvolumina der optimalen Zellrekonstruktion befinden, siehe Abbildung 5.5. Es sind also große und kleine Zellen von einer Fehlsegmentierung in der automatischen Zellrekonstruktion betroffen.

Die Histogramme der Zellvolumina von optimaler und automatischer Zellrekonstruktion unterscheiden sich, wie erwartet, hier stärker als im vorangegangenen Abschnitt, siehe Abbildung 5.6. In Abschnitt 5.2 werden wir die Auswirkung auf die Mittelwerte und Varianzen der geometrischen Eigenschaften einer näheren Betrachtung unterziehen.

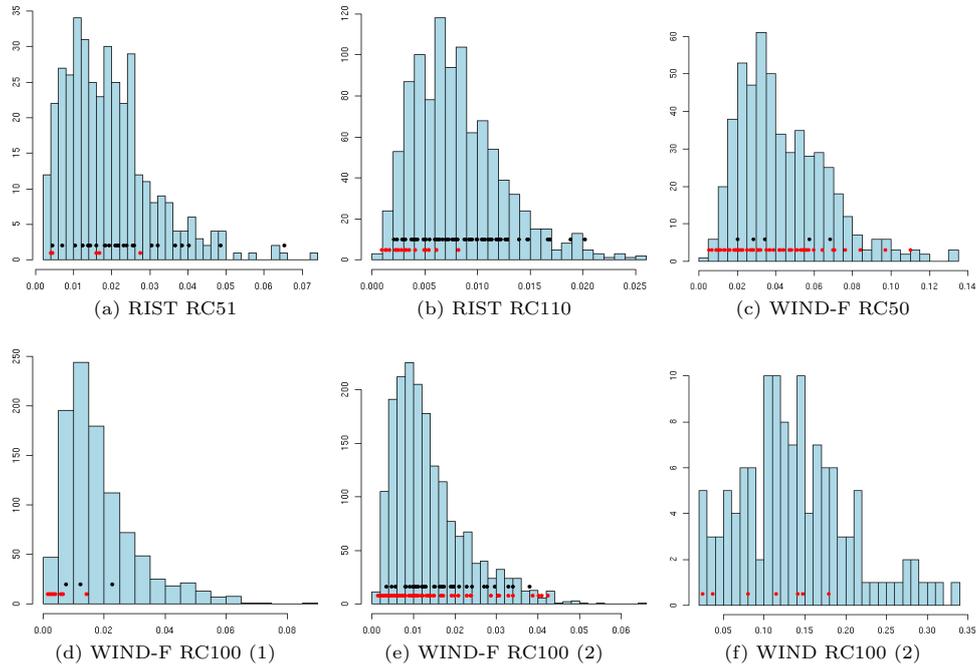


Abbildung 5.5: Histogramme der Zellvolumina (in mm^3) der optimalen Zellrekonstruktionen (blau gefüllt) mit in der automatischen Methode über- (rot) bzw. untersegmentierten (schwarz) Zellen

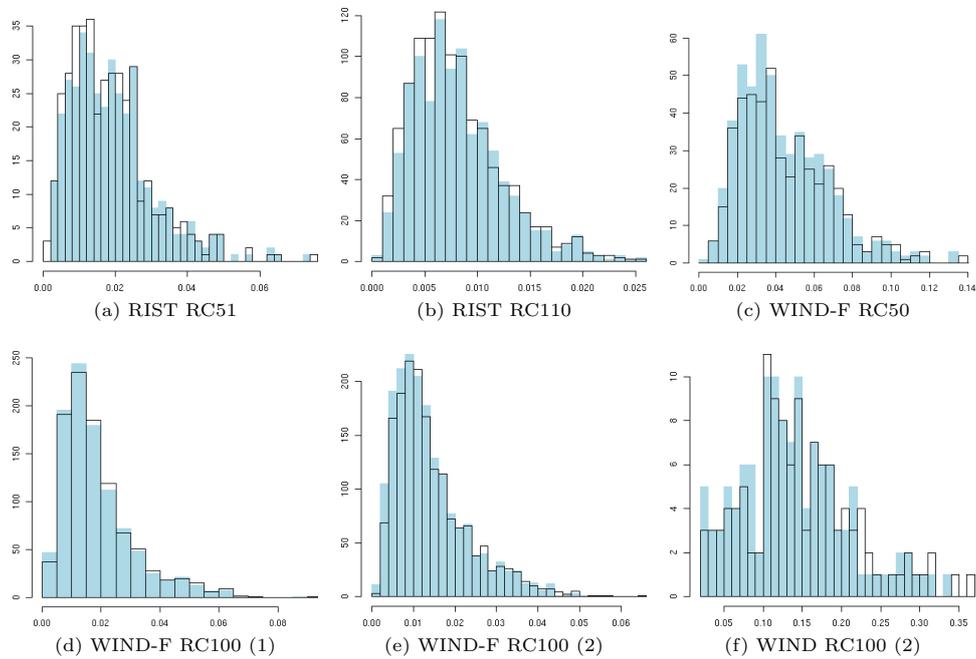


Abbildung 5.6: Histogramme zum Vergleich der Zellvolumina (in mm^3) für die optimale Zellrekonstruktion (blau gefüllt) und die automatische Zellrekonstruktion (schwarz umrandet)

Es zeigt sich hier erneut, dass die Behebung der Fehlsegmentierungen notwendig ist, um eine genaue Zellrekonstruktion zu erhalten. Allerdings ist zu beachten, dass eine genaue Zellrekonstruktion für die Anpassung des Modells nicht unbedingt notwendig ist (vergleiche Abschnitt 5.2).

Wenden wir uns nun der automatischen Zellrekonstruktion der Schaumprobe RIST RC71 zu. Laut Tabelle 5.5 wurden bei der automatischen Zellrekonstruktion 35,82% mehr Zellen rekonstruiert als bei der optimalen Zellrekonstruktion. Dazu betrachten wir das Histogramm der Zellvolumina im Vergleich mit der optimalen Zellrekonstruktion, siehe Abbildung 5.7 (a).

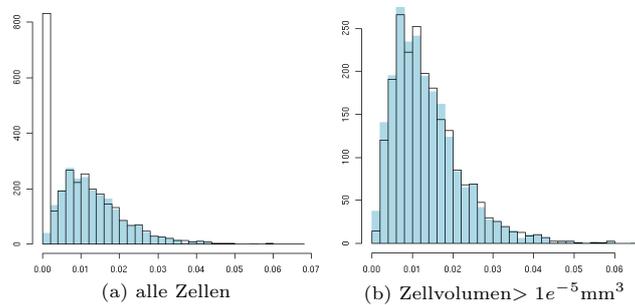


Abbildung 5.7: Histogramm der Zellvolumina (in mm^3) für die optimale Zellrekonstruktion (blau gefüllt) und die automatische Zellrekonstruktion (schwarz umrandet) von RIST RC71

Es fällt auf, dass der Unterschied in der Zellanzahl der beiden Zellrekonstruktionen darauf zurückzuführen ist, dass in der automatischen Methode für die Schaumprobe RIST RC71 über 820 Zellen mit einem Volumen kleiner als $1e^{-5} \text{ mm}^3$ mehr rekonstruiert wurden. Diese Zellen liegen innerhalb des Wandsystems und füllen dessen Hohlräume aus, vergleiche dazu Abbildung 5.2 (a). Also sind es eigentlich keine Zellen des Schaums. Die Fehlrekonstruktionen basieren auf einem Fehler in der automatischen Methode zur Binarisierung, vgl. 5.1.1, und nicht in der eigentlichen Zellrekonstruktion. Betrachtet man die verbliebenen Zellen in der automatischen Zellrekonstruktion, liegt die Differenz in der Zellanzahl nur noch bei 3,68% der Zellen in der optimalen Zellrekonstruktion und ist somit sogar kleiner als bei fast allen anderen Schaumproben. Der Plot des resultierenden Histogramms ist in Abbildung 5.7 (b) zu sehen.

Um den Fehler zu beheben, gibt es nun zwei Möglichkeiten. Zum einen kann man bei der Berechnung der geometrischen Eigenschaften der Abbildung des Schaums die Zellen, die im Wandsystem liegen, ausschließen. Sie zeichnen sich durch Zellvolumina aus, die kleiner als die Volumenschranke von $1e^{-5} \text{ mm}^3$ sind. Zum anderen kann man das Binärbild anpassen und die automatische Zellrekonstruktion mit dem angepassten Binärbild fortführen.

Im ersten Fall ist folgendes zu beachten: Die übrigen Zellen sind zwar richtig rekonstruiert und die geometrischen Eigenschaften der Zellen können unter Aus-

schluss der Zellen, die sich unterhalb der Volumenschranke befinden, zutreffend berechnet werden. Allerdings kann das Wandsystem nicht untersucht werden, da es fehlerhaft ist.

Um das Binärbild für die zweite Möglichkeit anzupassen, wurde eine morphologische Schließung mit einer approximierten Kugel des Durchmessers 11 als strukturierendes Element angewendet und so die verbliebenen Hohlräume im Wandsystem geschlossen (siehe 5.1.1). Die Zellanzahl in der angepassten automatischen Zellrekonstruktion beträgt 2.142, dies ist ein relativer Unterschied von nur noch 1,38% zur optimalen Zellrekonstruktion. Rechnet man den Effekt durch Veränderungen im Minussample heraus, beträgt der Unterschied nur noch 1,29%. Die wahren Änderungen durch Über- und Untersegmentierungen liegen bei 4,24% und sind somit gering. In Abbildung 5.8 (a) sehen wir die in der angepassten automatischen Zellrekonstruktion fehlsegmentierten Zellen in der Verteilung der Zellvolumina der optimalen Zellrekonstruktion. Wie bei den anderen Schaumproben in Abb. 5.5 sind auch hier die betroffenen Zellen in der gesamten Breite der Verteilung zu finden.

Den Vergleich der Verteilung der Zellvolumina von optimaler und angepasster automatischer Zellrekonstruktion zeigt Abbildung 5.8 (b). Die Verteilungen sind jetzt sehr ähnlich.

Die Anpassung der automatischen Zellrekonstruktion liefert also ein Ergebnis, dass nahe an der optimalen Zellrekonstruktion liegt.

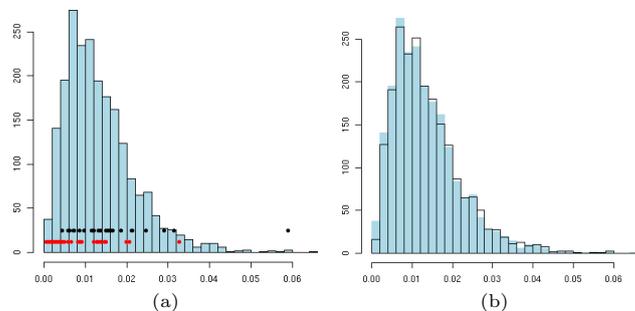


Abbildung 5.8: Histogramme der Zellvolumina (in mm^3) der optimalen Zellrekonstruktion (blau gefüllt) mit eingezeichneten über- (rot) und untersegmentierten (schwarz) Zellen in der automatischen Zellrekonstruktion in (a) und im Vergleich zur automatischen Zellrekonstruktion (schwarz umrandet) in (b)

Die automatische Zellrekonstruktion der Schaumprobe RIST RC71 liefert zwar eine falsche Zellrekonstruktion, allerdings wird dies bei den resultierenden Zellvolumina deutlich. Der Nutzer würde in diesem Fall also erkennen, dass die Zellrekonstruktion falsch ist. Die Zellrekonstruktion kann manuell ausgeführt werden, wobei die genutzten Parameterwerte in der automatischen Zellrekonstruktion dabei zur Hilfe genommen und in den notwendigen Fällen angepasst werden können.

Insgesamt gesehen liefert die automatische Zellrekonstruktion meist kein optimales Ergebnis. Dennoch wird ein Ergebnis erzielt, das zugunsten der Automatisierung vertretbar nah am optimalen liegt.

5.1.4 Vergleich abweichender Parameterwerte

Wir betrachten nun an drei Beispielen das Zellrekonstruktionsergebnis für je zwei verschiedene Parameterwerte in der h -Minima-Transformation. Wir unterstellen somit, dass in der automatischen Zellrekonstruktion ein anderer Wert berechnet wurde, z.B. durch kleine Änderungen in der Binarisierung wie Artefakte oder stärkeres Rauschen.

Tabelle 5.7 zeigt die Schaumproben und die in der h -Minima-Transformation verwendeten Parameterwerte sowie die ausgewählten Vergleichswerte. Abbildung 5.9 zeigt 2D-Schnitte der Zellrekonstruktionen. Zellen, die sich in den Rekonstruktionen unterscheiden, sind rot eingefärbt.

Schaumprobe	genauer Wert von \hat{h}	gerundeter Wert von \hat{h}	Vergleichswert für \hat{h}
RIST RC51	5,34	5	6
WIND-F RC100 (2)	7,41	7	8
WIND RC100 (2)	5,58	6	5

Tabelle 5.7: Beispiele zur Überprüfung der Stabilität der automatischen Zellrekonstruktion

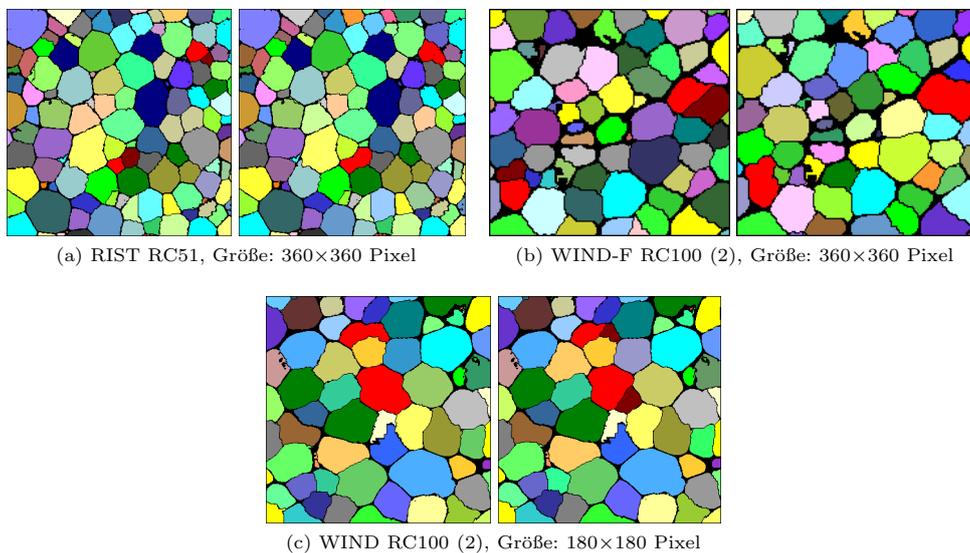


Abbildung 5.9: Zellrekonstruktionen mit gerundetem Wert (links) und Vergleichswert (rechts)

Zum einen untersuchen wir nun, wie weit die beiden Zellrekonstruktionen voneinander abweichen, und zum anderen, welche näher an der optimalen Zellrekonstruktion liegt. Dazu betrachten wir die Anzahl aller Fehlsegmentierungen in der

Zellrekonstruktion für den Vergleichswert von \hat{h} gemessen an der Zellanzahl der automatischen Zellrekonstruktion (gerundeter Wert von \hat{h}) bzw. an der Zellanzahl der optimalen Zellrekonstruktion. Wir betrachten hier direkt das gemeinsame Minussample sowie alle Unter- und Übersegmentierungen und gehen dabei genauso vor wie in Abschnitt 5.1.2.

Tabelle 5.8 zeigt, dass die andere Wahl von \hat{h} zu einer Zellrekonstruktion führt, die um höchstens 2,30% von der automatischen Zellrekonstruktion abweicht. Dies zeigt, dass die automatische Zellrekonstruktion in der Parameterwahl von \hat{h} stabil ist, d.h. die resultierende Zellrekonstruktion ändert sich nur geringfügig.

Schaumprobe	automatisch	Vergleichswert	gesamter relativer Unterschied
RIST RC51	391	382	2,30%
WIND-F RC100 (2)	1.695	1.666	1,71%
WIND RC100 (2)	118	120	1,69%

Tabelle 5.8: Vergleich der Zellanzahlen der automatischen Zellrekonstruktion und der Zellrekonstruktion für den Vergleichswert

Betrachten wir den gesamten relativen Unterschied der Zellrekonstruktion mit dem Vergleichswert (Tabelle 5.9) bzw. der automatischen Zellrekonstruktion (Tabelle 5.6) zur optimalen Zellrekonstruktion: Bei den Schaumproben RIST RC51 und WIND RC100 (2) weicht die Zellrekonstruktion des Vergleichswerts weniger stark von der optimalen Zellrekonstruktion ab. Somit wird für diese beiden Schaumproben ein schlechterer Parameterwert gewählt, als möglich gewesen wäre. Für die Schaumprobe WIND-F RC100 (2) ist das Ergebnis der automatischen Zellrekonstruktion allerdings näher an der optimalen Zellrekonstruktion als die des Vergleichswerts.

Schaumprobe	optimal	Vergleichswert	gesamter relativer Unterschied
RIST RC51	383	382	6,01%
WIND-F RC100 (2)	1.801	1.662	11,38%
WIND RC100 (2)	125	120	4,00%

Tabelle 5.9: Vergleich der Zellanzahlen der optimalen Zellrekonstruktion und der Zellrekonstruktion für den Vergleichswert

Bei der Berechnung von \hat{h} haben wir die allgemein üblichen Rundungsregeln benutzt. Es stellt sich nun die Frage, ob in diesem Fall die Rundungsregel zur Verbesserung der Parameterauswahl angepasst werden könnte. Betrachten wir die drei Beispiele und den jeweils besseren der besprochenen Parameterwerte, so ist festzustellen, dass für RIST RC51 eine Aufrundung und für WIND-F RC100 (2) und WIND RC100 (2) eine Abrundung das bessere Zellrekonstruktionsergebnis liefert. Anhand dieser Beispiele lässt sich nicht beurteilen, ob eine Änderung der Rundungsregel bessere Ergebnisse erzielen würde. Dazu wäre eine umfangreichere Untersuchung notwendig.

5.2 Ergebnisse für Modellanpassung

Nun betrachten wir die Ergebnisse der Zellrekonstruktion der PMI-Hartschaumproben, die für die Anpassung des Modells benötigt werden.

Wir vergleichen für die optimale und die automatische Zellrekonstruktion aus Kapitel 4.3 die Werte der dafür notwendigen geometrischen Eigenschaften. Nach Abschnitt 3.3 sind dies die Mittelwerte und Varianzen des Zellvolumens V , der Zelloberfläche S , der Zellbreite \bar{b} und der Anzahl an Seiten pro Zelle f aus dem Minussample der Zellrekonstruktion. Wir berechnen hier nur die Mittelwerte und Varianzen von V , S und \bar{b} , da diese direkt durch die ObjectFeatures in MAVI gegeben sind. Tabelle 5.10 zeigt die Ergebnisse beispielhaft für drei Schaumproben.

Zellrekonstruktion der Schaumprobe		V (mm ³)	S (mm ²)	\bar{b} (mm)
RIST RC51 - optimal	Mittelwert	0,0192	0,3890	0,3573
	Varianz	0,00014	0,02425	0,00494
RIST RC51 - automatisch	Mittelwert	0,0185	0,3867	0,3548
	Varianz	0,00013	0,02417	0,00490
WIND-F RC50 - optimal	Mittelwert	0,0437	0,6874	0,4712
	Varianz	0,00053	0,05561	0,00610
WIND-F RC50 - automatisch	Mittelwert	0,0450	0,7079	0,4792
	Varianz	0,00057	0,05888	0,00619
WIND-F RC100 (1) - optimal	Mittelwert	0,0185	0,3602	0,3422
	Varianz	0,00015	0,02184	0,00466
WIND-F RC100 (1) - automatisch	Mittelwert	0,0189	0,3651	0,3449
	Varianz	0,00015	0,02186	0,00457

Tabelle 5.10: Mittelwerte und Varianzen für die optimalen und die automatischen Zellrekonstruktionen der Schaumproben

Die Mittelwerte der optimalen und der automatischen Zellrekonstruktion unterscheiden sich bei allen drei Schaumproben nur geringfügig. Auch die Varianzen weichen kaum voneinander ab. Bei der Anpassung des Modells gibt es damit kaum Unterschiede zwischen optimaler und automatischer Zellrekonstruktion. Dies belegt, dass die automatische Zellrekonstruktion als Grundlage für die Anpassung des Modells geeignet ist.

Betrachten wir nun die Verteilungen der Zellvolumina der optimalen und automatischen Zellrekonstruktionen. Um das Laguerre-Mosaik anzupassen, muss nach Abschnitt 3.3 entschieden werden, ob die Verteilung der Zellvolumina näher an der Gamma- oder der Log-Normalverteilung liegt. Diese Information wird für die Kugelpackung benötigt.

Wir berechnen die Maximum-Likelihood-Schätzer der Gammaverteilung \hat{p} und

\hat{b} und die der Log-Normalverteilung $\hat{\mu}$ und $\hat{\sigma}$ für die optimalen und automatischen Zellrekonstruktionen der drei Schaumproben aus Tabelle 5.10. Danach wird jeweils ein Kolmogorov-Smirnov-Test durchgeführt, um zu entscheiden, welche Verteilung die der Zellvolumina besser annähert.

Tabelle 5.11 zeigt die Ergebniswerte für die Schätzer und die Tests. Die Abbildung 5.10 zeigt die Dichtefunktionen der Zellvolumina der Schaumproben zusammen mit den Dichten der geschätzten Verteilungen, wobei die geschätzten Parameterwerte aus Tabelle 5.11 benutzt wurden.

Zellrekonstruktion der Schaumprobe	Gammaverteilung			Log-Normalverteilung		
	\hat{p}	\hat{b}	p -Wert	$\hat{\mu}$	$\hat{\sigma}$	p -Wert
RIST RC51 - optimal	2.72	141.62	0.9345	-4.15	0.6580	0.2776
RIST RC51 - automatisch	2.66	144.08	0.8294	-4.19	0.6686	0.1235
WIND-F RC50 - optimal	3.67	84.09	0.7152	-3.27	0.5533	0.0754
WIND-F RC50 - automatisch	3.63	80.65	0.5819	-3.24	0.5530	0.2547
WIND-F RC100 (1) - optimal	2.64	143.27	0.0230	-4.19	0.6517	0.6121
WIND-F RC100 (1) - automatisch	2.74	144.86	0.0196	-4.16	0.6342	0.9706

Tabelle 5.11: Maximum-Likelihood-Schätzer und p -Werte der Kolmogorov-Smirnov-Tests

Tabelle 5.11 zeigt, dass sich die Maximum-Likelihood-Schätzer von optimaler und automatischer Zellrekonstruktion kaum unterscheiden. Die p -Werte für eine Verteilung weichen stärker voneinander ab. Die Entscheidung für eine der beiden Verteilungen ist jedoch bei allen optimalen und automatischen Zellrekonstruktionen eindeutig und für die beiden Zellrekonstruktionen einer Schaumprobe gleich. So kommt die Verteilung der Zellvolumina der Schaumproben RIST RC51 und WIND-F RC50 je einer Gammaverteilung am nächsten und die Verteilung der Zellvolumina der Schaumprobe WIND-F RC100 (1) einer Log-Normalverteilung.

Die Abbildung 5.10 veranschaulicht die Ergebnisse der Kolmogorov-Smirnov-Tests und lässt erkennen, welche Verteilung die Dichtefunktion der Zellvolumina besser annähert. Vergleichen wir außerdem die Abbildungen für eine Schaumprobe, also die der optimalen und die der automatischen Zellrekonstruktion, so wird auch hier deutlich, dass die Verteilungen sehr ähnlich sind.

Es zeigt sich damit, dass die in Kapitel 4.2 entwickelte automatische Zellrekonstruktion für unsere Klasse von Schäumen für die Zellrekonstruktion gut geeignet ist und das Modell korrekt angepasst werden kann. Die Fehlsegmentierungen haben kaum Effekte auf die benötigten Größen und müssen hier somit nicht unbedingt berichtigt werden.

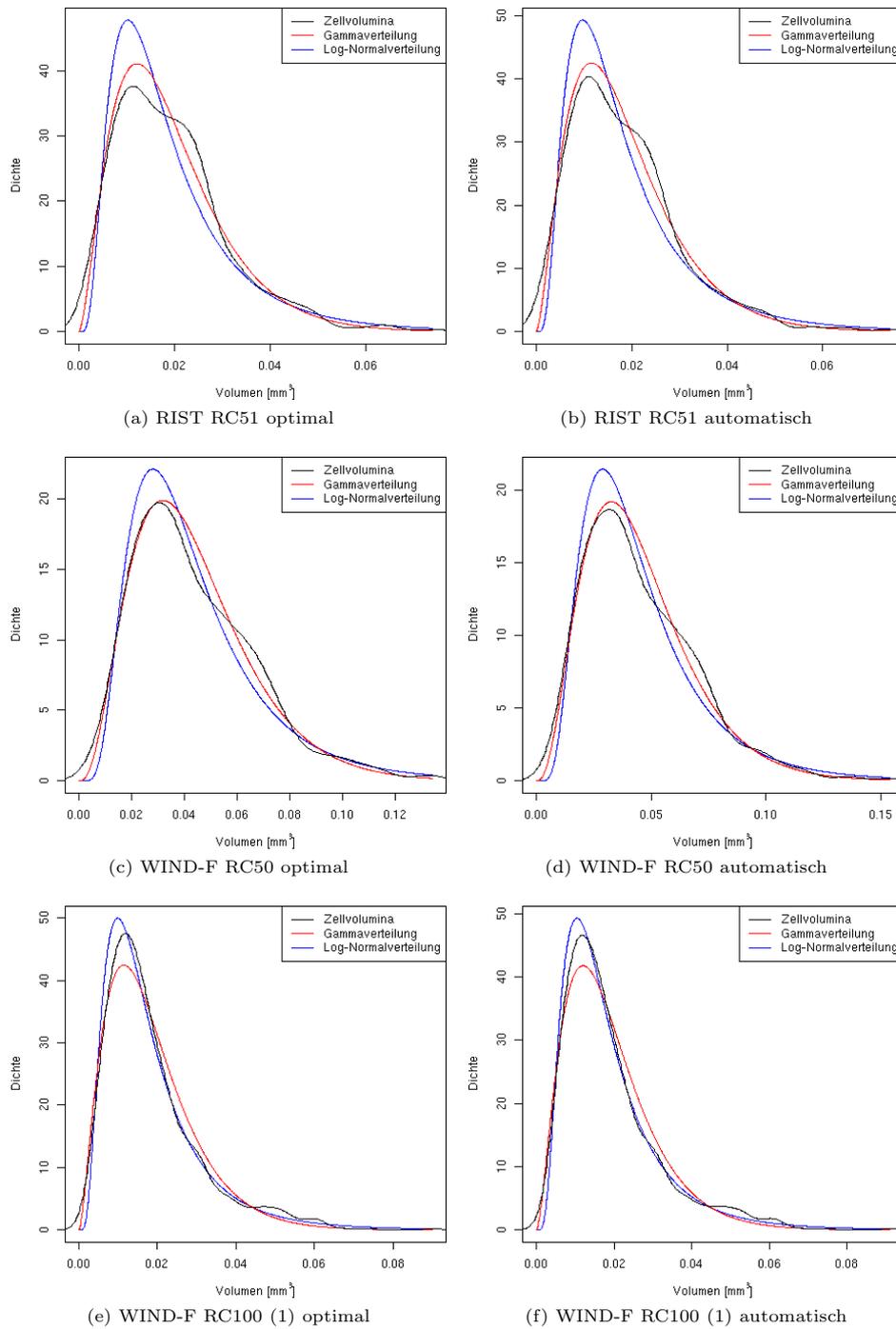


Abbildung 5.10: Dichte der Zellvolumina, der geschätzten Gammaverteilung und der geschätzten Log-Normalverteilung

5.3 Anwendung auf andere Schäume

Nun testen wir, ob die automatische Zellrekonstruktion auch auf andere Arten von Schäumen angewendet werden kann. Eventuell können in den Schritten der automatischen Zellrekonstruktion noch Anpassungen vorgenommen werden, um eine sinnvolle Anwendung auf andere Schäume zu erhalten.

Wir haben bisher geschlossenzellige Schäume betrachtet und die automatische Zellrekonstruktion für diese angepasst. Wenden wir die automatische Zellrekonstruktion auf offenzellige Schäume an, erwarten wir, dass die Methode modifiziert werden muss. Der Grund dafür besteht darin, dass wir bei der automatischen Zellrekonstruktion die mittlere Sehnenlänge des Porenraums betrachten. Die mittlere Sehnenlänge ist für offenzellige Schäume größer als für geschlossenzellige bei vergleichbaren Zellgrößen. Daher erwarten wir eine Überschätzung des Parameterwerts von h für die h -Minima-Transformation.

Wir betrachten einen offenzelligen Polyurethan-Schaum. Abbildung 5.11 (a) und (b) zeigt die CT-Aufnahme bzw. die optimale Zellrekonstruktion.

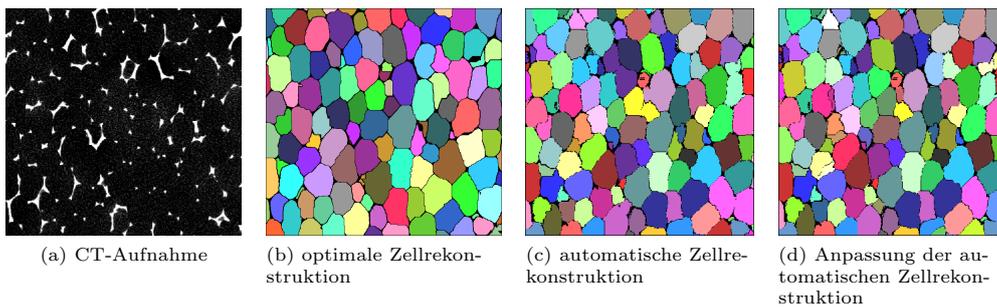


Abbildung 5.11: Polyurethan-Schaum, Auflösung: $70,88 \mu\text{m}$, Größe des abgebildeten Ausschnitts: 630×630 Pixel, Größe des gesamten bearbeiteten Ausschnitts: $630 \times 630 \times 230$ Pixel

Abbildung 5.11 (c) zeigt das Ergebnis der automatischen Zellrekonstruktion und lässt Untersegmentierungen erkennen. Die automatische Zellrekonstruktion liefert als Parameterwert für die h -Minima-Transformation $\hat{h} = 16$. Dies ist ein vergleichsweise hoher Wert und die automatische Zellrekonstruktion weist gegenüber der optimalen 21 untersegmentierte Zellen auf. Die Untersegmentierung ist in 5.11 (c) gegenüber 5.11 (b) zu erkennen. Dies entspricht $12,5\%$ der Zellen der optimalen Zellrekonstruktion. Da nur Untersegmentierungen vorhanden sind, lässt sich daraus schließen, dass der Parameterwert \hat{h} zu groß gewählt wurde. Dies unterstützt die einleitende Vermutung.

In Abbildung 5.11 (d) passen wir die automatische Zellrekonstruktion für diese offenzellige Schaumprobe an, sodass sie der optimalen Zellrekonstruktion näher kommt. Dazu verwenden wir statt der mittleren Sehnenlänge \bar{l} des Porenraums die mittlere Sehnenlänge der Zellen aus den OpenFoamFeatures. Die OpenFoamFea-

tures werden aus den FieldFeatures unter einer Modellannahme für den Schaum berechnet, siehe dazu [SRSG08]. Aus den Zellen des gewählten Modells wird dann die mittlere Sehnenlänge bestimmt. Sie gibt uns für offenzellige Schäume einen zu \bar{l} von geschlossenzelligen Schäumen vergleichbaren Wert, um den Parameter h zu schätzen. Der Rest der automatischen Zellrekonstruktion bleibt gleich. Wir erhalten $\hat{h} = 4$ und bei der Zellrekonstruktion 7 Untersegmentierungen und 5 Übersegmentierungen gegenüber der optimalen Zellrekonstruktion. Dies entspricht nur noch 7,5%.

Vergleichen wir nun die Histogramme der Zellvolumina:

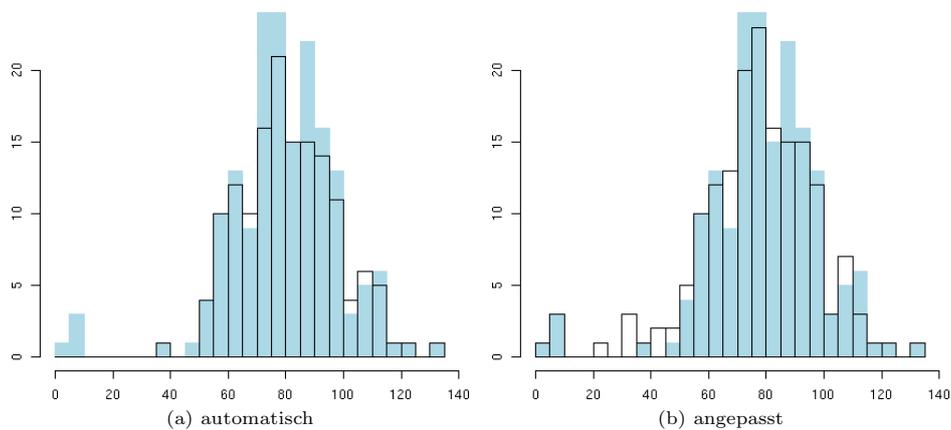


Abbildung 5.12: Histogramme der Zellvolumina (in mm^3) von der optimalen Zellrekonstruktion (blau gefüllt) und der automatischen bzw. angepassten automatischen Zellrekonstruktion (schwarz umrandet)

In Abbildung 5.12 (a) sehen wir, dass sich die Histogramme stark unterscheiden und vor allem die kleinen Zellen in der automatischen Zellrekonstruktion nicht richtig rekonstruiert wurden. Abbildung 5.12 (b) zeigt, dass die angepasste automatische Zellrekonstruktion diese kleinen Zellen richtig wiedergibt und im Gesamten näher an der optimalen Zellrekonstruktion liegt.

Mit einer erwarteten Anpassung der Berechnung des Parameters h für die h -Minima-Transformation erhalten wir also eine gute Zellrekonstruktion, die nahe an der optimalen Zellrekonstruktion liegt. Mithilfe einer Nachbearbeitung wäre es möglich auch hier die Fehlsegmentierungen zu berichtigen.

Als weiteren Schaum betrachten wir einen Siliziumcarbid-Schaum. Dieser ist ebenfalls offenzellig, jedoch weist er eine große Zahl an geschlossenen Wänden auf. Abbildung 5.13 (a) zeigt die CT-Aufnahme, 5.13 (b) die optimale und 5.13 (c) die automatische Zellrekonstruktion.

Die automatische Zellrekonstruktion liefert im Vergleich zur optimalen Zellrekonstruktion ein schlechtes Ergebnis. 20% der Zellen sind fehlsegmentiert, dabei ist etwa die eine Hälfte über- und die andere untersegmentiert. Das automatische Binärbild ist vergleichbar mit dem optimalen Binärbild. Die Fehler in

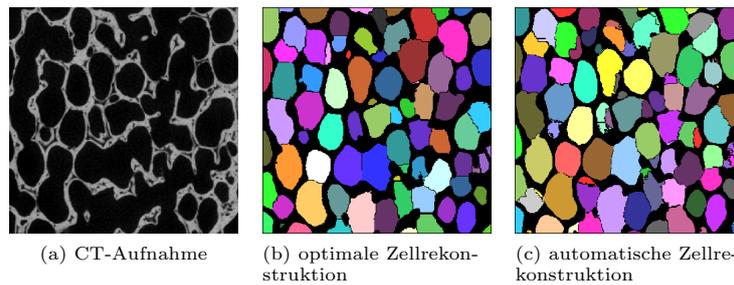


Abbildung 5.13: Siliziumcarbid-Schaum, Auflösung $70.88 \mu\text{m}$, Größe des abgebildeten Ausschnitts 500×500 Pixel, Größe des gesamt bearbeiteten Ausschnitts $660 \times 660 \times 270$ Pixel

der Zellrekonstruktion entstehen bei dieser Schaumprobe durch die h -Minima-Transformation. Diese ist nicht geeignet, um die Zellen richtig zu segmentieren. Eine Möglichkeit wäre, die adaptive h -Minima-Transformation anzuwenden. Diese ist eine Abwandlung der h -Minima-Transformation, bei der der Parameterwert h in Abhängigkeit des Grauwerts angepasst wird, siehe [OS09].

Die automatische Zellrekonstruktion ist in dieser Form für den Siliziumcarbid-Schaum nicht geeignet.

Zusammenfassend stellt sich heraus, dass die automatische Zellrekonstruktion auch für andere als die hier betrachteten PMI-Hartschäume benutzt werden kann. Für offenzellige Schäume sind wie erwartet Anpassungen notwendig.

6 Zusammenfassung und Ausblick

Ausgangspunkt dieser Arbeit sind geschlossenzellige Polymethacrylimid(PMI)-Hartschäume. Wir haben die bildanalytische Zellrekonstruktion dieser Schäume automatisiert. Aufbauend auf der CT-Aufnahme einer Schaumprobe erfolgt die Zellrekonstruktion, die oft langwierig und fehleranfällig ist, nun automatisch, also insbesondere ohne manuelle Eingriffe. Mithilfe der Mikrostrukturgrößen aus den automatisch erstellten Zellrekonstruktionen zahlreicher Schäume können dann stochastische Geometriemodelle angepasst werden, die so zur umfassenden Analyse der makroskopischen Materialeigenschaften der PMI-Hartschäume und zur Simulation dienen.

Um die Zellrekonstruktion zu automatisieren, befassen wir uns zunächst mit den theoretischen Grundlagen der Bildverarbeitung. Mit deren Hilfe können wir die CT-Aufnahmen der Schaumproben bearbeiten, die Zellrekonstruktion durchführen und die rekonstruierten Zellen geometrisch beschreiben.

Um die Ergebnisse der automatischen Zellrekonstruktion bewerten zu können, machen wir uns zusätzlich mit Punktprozessen und den darauf aufbauenden zufälligen Mosaiken vertraut. Das zufällige Laguerre-Mosaik, angepasst mithilfe geometrischer Größen aus der Zellrekonstruktion, stellt das Modell für die betrachteten Schaumproben dar.

Dann stellen wir Methoden der Zellrekonstruktion vor, die wir in der automatischen Zellrekonstruktion verwenden können. Die Zellrekonstruktion ist in zwei Teile gegliedert, die Binarisierung und die eigentliche Zellrekonstruktion. Für beide Teile stellen wir einige Methoden vor.

Bei der Binarisierung können u.a. verschiedene Filter oder morphologische Transformationen angewendet werden, um Rauschen aus der CT-Aufnahme zu entfernen. Durch die Binarisierung erhält man ein Binärbild mit dem Wandsystem der abgebildeten Schaumprobe als Vordergrund und dem Porenraum als Hintergrund.

Das Binärbild wird dann genutzt, um die eigentliche Zellrekonstruktion durchzuführen. Als wichtigste Schritte zur Rekonstruktion der Zellen erläutern wir die Euklidische Distanztransformation (EDT) und die Wasserscheiden-Transformation. Um Übersegmentierungen bei der Wasserscheiden-Transformation zu ver-

hindern, betrachten wir zusätzlich die h -Minima-Transformation und die vorgeflutete Wasserscheide. Die resultierende Zellrekonstruktion einer Schaumprobe beinhaltet die rekonstruierten Zellen und das Wandsystem, das um die Wasserscheiden ergänzt ist.

Wir verdeutlichen, dass die Automatisierung der Zellrekonstruktion sinnvoll ist, um den Zeitaufwand und die Fehleranfälligkeit für ungeübte Nutzer zu verringern. Ziel ist es, dass in der Zellrekonstruktion wenige oder keine über- und untersegmentierten Zellen enthalten sind.

Im Anschluss skizzieren wir kurz die Anpassung des Modells an die Schaumprobe. Dazu werden die geometrischen Eigenschaften genutzt, die mithilfe der Zellrekonstruktion bestimmt werden.

Nachdem wir nun die Möglichkeiten zur Zellrekonstruktion kennengelernt haben, entwickeln wir die automatische Methode aufbauend auf den CT-Aufnahmen der Schaumproben.

Als Erstes beschreiben wir die vorliegenden Schaumproben genauer. Eine optimale, manuell durchgeführte Zellrekonstruktion ist für alle Schaumproben vorhanden und wird als Richtlinie und zum Vergleich für die automatische Zellrekonstruktion genutzt.

Für das automatische Verfahren wählen wir die Schritte für die Binarisierung und die Zellrekonstruktion aus und geben eine kurze Begründung zu deren Auswahl. Wichtige Schritte der automatischen Binarisierung sind die Anwendung des Medianfilters, des Otsu-Schwellwerts und morphologischer Schließungen. Bei der Zellrekonstruktion wenden wir die h -Minima-Transformation an. Dabei ist die Wahl des Parameters h abhängig von der mittleren Sehnenlänge des Porenraums der Schaumprobe, wobei wir das Maß der Abhängigkeit speziell angepasst haben. Die Anpassung der automatischen Zellrekonstruktion ist spezifisch auf die PMI-Hartschäume abgestimmt.

Wir führen dann die automatische Zellrekonstruktion für alle Schaumproben durch, um sie anschließend bewerten zu können.

Die Ergebnisse der automatischen Zellrekonstruktion werden mit denen der optimalen Zellrekonstruktionen verglichen. Dabei betrachten wir die Binarisierung und die eigentliche Zellrekonstruktion zunächst getrennt und danach die Methode im Gesamten. Es stellt sich heraus, dass die automatische Zellrekonstruktion Ergebnisse liefert, die von der optimalen Zellrekonstruktion in geringem Maße abweichen. Diese Abweichungen sind im Zuge der Automatisierung des Verfahrens in Kauf zu nehmen. Nur bei einer Schaumprobe ist der Unterschied zwischen der automatischen und der optimalen Zellrekonstruktion hoch. Jedoch ist der Fehler sehr offensichtlich und wird sofort erkannt.

Bei dem Vergleich der Werte der geometrischen Eigenschaften, die zur Model-

lanpassung benötigt werden, zeigt sich, dass die Unterschiede zwischen automatischer und optimaler Zellrekonstruktion verschwindend gering sind. Wir folgern somit, dass die automatische Zellrekonstruktion eine geeignete Methode für unsere Schaumproben darstellt. Zudem haben die über- bzw. untersegmentierten Zellen kaum Einfluss auf die Werte der geometrischen Eigenschaften.

Zum Abschluss wenden wir die automatische Zellrekonstruktion auf andere Arten von Schäumen an. Bei den beiden betrachteten offenzelligen Schäumen liefert die automatische Zellrekonstruktion durch eine Anpassung der Methode ein gutes Ergebnis.

Zusammenfassend ist zu sagen, dass wir eine für die PMI-Hartschäume geeignete automatische Methode zur Zellrekonstruktion bestimmt haben. Der Zeitaufwand wird so verringert und die Ergebnisse sind weniger abhängig vom Nutzer. Wir erhalten gute Rekonstruktionsergebnisse, mit denen die Modelle der Schaumproben nahezu korrekt angepasst werden können.

Ausblick

Um die automatische Zellrekonstruktion weiter zu verbessern, geben wir abschließend einige Anstöße zu weiteren Untersuchungen.

Die automatische Zellrekonstruktion sollte zusätzlich für eine größere Anzahl an Daten getestet und evaluiert werden. In dieser Diplomarbeit standen lediglich acht CT-Aufnahmen zur Verfügung. Um die Korrektheit der automatischen Zellrekonstruktion zu bestätigen, müssen weitere CT-Aufnahmen von Schäumen zur Verfügung gestellt und ihre Ergebnisse analysiert werden.

Die Abweichungen der automatischen von der optimalen Zellrekonstruktion sind vor allem unter- und übersegmentierte Zellen. Ein weiterer Schritt zur Verbesserung und Optimierung der automatischen Zellrekonstruktion wäre, diese fehlsegmentierten Zellen automatisch und ohne Kenntnis der optimalen Zellrekonstruktion herauszufinden und die Fehlsegmentierungen zu beheben.

Wir schlagen dazu vor, eine Klassifikation der Zellen vorzunehmen. Fehlsegmentierte Zellen sollten an ihren ObjectFeatures erkennbar sein. Die Formfaktoren spielen dabei eine wichtige Rolle. Übersegmentierungen zeichnen sich häufig dadurch aus, dass die Sphärizität (Def. 2.1) vom Wert 1 deutlich abweicht, da bei der Zellrekonstruktion eine Schaumzelle in mehrere Zellen zerfallen ist. Durch ein geeignetes Klassifikationsverfahren, die kombinierte Betrachtung aussagekräftiger ObjectFeatures und eine ausreichende Menge an Trainingsdaten kann es möglich sein, die Übersegmentierungen bei der Zellrekonstruktion herauszufinden und anschließend zu beheben. Untersegmentierungen sind nur schwer an ihren Object-

Features zu erkennen. Hier ist eine weitere Methode zu entwickeln, die z.B. auf der Granulometrie-Verteilung (siehe [OS09]) innerhalb der Zellen beruht.

Ein letzter Vorschlag ist folgender: Bei der automatischen Zellrekonstruktion wählen wir den Parameter h für die h -Minima-Transformation abhängig vom Spread des EDT-Bilds. Wir haben einen 8-Bit Spread zur Anpassung der automatischen Zellrekonstruktion angenommen. Man könnte an dieser Stelle auch einen 16-Bit Spread betrachten und die automatische Zellrekonstruktion auf diesen auslegen. Beim 16-Bit Spread hat man einen größeren Spielraum, um den Parameter h auszuwählen. Dieser könnte dann noch genauer bestimmt werden.

Literaturverzeichnis

- [Can86] J. Canny. A computational approach to edge detection. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, pages 679–698, 1986.
- [FI05] Fraunhofer-ITWM. MAVI - Modular Algorithms for Volume Images, 2005. <http://www.itwm.fhg.de/mab/projects/MAVI>.
- [FI12] Fraunhofer-ITWM. ToolIP, 2012. <http://www.itwm.fraunhofer.de/abteilungen/bildverarbeitung/oberflaecheninspektion/masclib-toolip.html>.
- [FWZL04] Z. Fan, Y. Wu, X. Zhao, and Y. Lu. Simulation of polycrystalline structure with Voronoi diagram in Laguerre geometry based on random closed packing of spheres. *Computational Material Science*, 29:3101–308, 2004.
- [Lau08] C. Lautensack. Fitting three-dimensional Laguerre tessellations to foam structures. *Journal of Applied Statistics*, 35(9):985–995, 2008.
- [LZ08] C. Lautensack and S. Zuyev. Random Laguerre tessellations. *Advances in Applied Probability*, 40(3):630–650, 2008.
- [OM00] J. Ohser and F. Mücklich. *Statistical Analysis of Microstructures in Material Science*. John Wiley & Sons, Chichester, New York, 2000.
- [ORS09] J. Ohser, C. Redenbach, and K. Schladitz. Mesh Free Estimation of the Structure Model Index. *Image Anal Stereol* 28, pages 179–185, 2009.
- [OS09] J. Ohser and K. Schladitz. *3D images of materials and structures - processing and analysis*. Wiley-VCH, Weinheim, 2009.
- [Ots79] N. Otsu. A threshold selection method from gray level histograms. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, pages 62–66, 1979.
- [Red11] C. Redenbach. Image Analysis. Skript zur Vorlesung Image Analysis an der TU Kaiserslautern, 2011.
- [RL10] C. Redenbach and A. Liebscher. Computertomographie als Basis für virtuelles Materialdesign. *Leitfaden zur industriellen Röntgentechnik* 11, (14), 2010.
- [Sch93] R. Schneider. *Convex bodies: the Brunn-Minkowski theory*. Cambridge University Press, Cambridge, 1993.
- [SKM95] D. Stoyan, W. S. Kendall, and Joseph Mecke. *Stochastic Geometry and its Applications*. John Wiley & Sons, second edition, 1995.
- [SRSG08] K. Schladitz, C. Redenbach, T. Sych, and M. Godehardt. Microstructural characterisation of open foams using 3d images. *Berichte des Fraunhofer ITWM, Nr. 148*, 2008.
- [SW08] R. Schneider and W. Weil. *Stochastic and Integral Geometry*. Springer, Heidelberg, 2008.
- [VSR12] I. Vecchio, K. Schladitz, and C. Redenbach. Fitting Laguerre Tessellations to the Microstructure of Cellular Materials. In *International Conference on 3D Materials Science 2012*, July 2012.