

Institut für Visualisierung und Interaktive Systeme

Universität Stuttgart
Universitätsstraße 38
D-70569 Stuttgart

Bachelorarbeit

Visuelle Analyse von Blickverhalten mittels Slit-Scans

Maurice Koch

Studiengang: Informatik

Prüfer/in: Prof. Dr. Daniel Weiskopf

Betreuer/in: Dipl.-Inf. Kuno Kurzhals

Beginn am: 3. Mai 2017

Beendet am: 3. November 2017

CR-Nummer: H.5.2, I.5.3

Kurzfassung

Bei der Slit-Scan-Technik werden einzelne Streifen eines visuellen Stimulus ausgeschnitten und entlang einer Zeitachse aneinander gefügt. Das Resultat ist eine kompakte und leicht interpretierbare Darstellung des Blickverhaltens eines Menschen. Gegenstand dieser Arbeit ist die Erweiterung der Slit-Scan-Technik, um die Möglichkeit Ähnlichkeiten zwischen den Probanden berechnen zu können und diese anhand der Slit-Scans zu interpretieren. In diesem Zusammenhang werden Ähnlichkeitsmaße basierend auf Scanpath-, Trajektorie, und Bildähnlichkeiten betrachtet. Im Rahmen einer Evaluation soll mit dem entwickelten Prototypen untersucht werden, inwiefern sich die Ergebnisse der Ähnlichkeitsmaße mit denen der visuellen Interpretation vertragen.

Abstract

In the slit scan technique, individual strips of a visual stimulus are cut out and joined together along a timeline. The result is a compact and easily interpretable representation of the gaze behavior of a person. The objective of this thesis is the extension of the slit-scan technique, to be able to calculate the similarities between subjects and interpret those in the context of slit-scans. In this respect, similarity measures based on scanpath-, trajectory and image similarity are considered. Within the context of an evaluation, the developed prototype will investigate to what extent the results of the similarity measures are compatible with those of the visual interpretation.

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
2	Grundlagen	5
2.1	Grundbegriffe des Eye-Trackings	5
2.2	Areas-Of-Interests	6
2.3	Visualisierungstechniken von Eye-Tracking	6
2.4	Vergleichsverfahren	7
2.5	Informationsvisualisierung	13
2.6	Hierarchisches Clustering	14
3	Verwandte Arbeiten	19
3.1	Arbeiten mit AOI-basierten Visualisierungstechniken	19
3.2	Arbeiten mit punkt-basierten Visualisierungstechniken	22
4	Aufgabenstellung und Konzept	25
4.1	Die Aufgabenstellung	25
4.2	Die Slit-Scan Visualisierung	26
4.3	Daten und Repräsentationen	30
4.4	Die Auswahl von Ähnlichkeitsmaßen	31
4.5	Visualisierungen und Analysekonzepte	34
4.6	Gesamtkonzept	36
5	Implementierung	39
5.1	Gesamtübersicht der grafischen Bedienelemente	39
5.2	Einbindung der Daten	41
5.3	Die Slit-Scan Ansicht	43
5.4	Hierarchische Clusteranalyse	46
5.5	Historie der erzeugten Clusterergebnisse	47
5.6	Weitere Funktionen	51
6	Demonstration und Evaluation	53
6.1	Vorbereitungen zur Vergleichsanalyse	53
6.2	Evaluation innerhalb der Kategorien	55
6.3	Evaluation zwischen Kategorien	59
6.4	Diskussion und Interpretation der Ergebnisse	72

7 Zusammenfassung und Ausblick	75
Literaturverzeichnis	79

Abbildungsverzeichnis

1.1	Ausschnitt aus dem Experiment von Alfred L. Yarbus (1967).	1
2.1	Punkt-basierte und AOI-basierte Visualisierungstechniken.	7
2.2	Beispiel für Scanpath-Repräsentationen.	8
2.3	Beispiel für die Erzeugung eines Histogramms aus einem Graustufenbild.	9
2.4	Taxonomie von Distanzmaßen auf Histogrammen.	10
2.5	Taxonomie von Trajektorie-Maßen.	12
2.6	Der Visual Analytics Prozess.	14
2.7	Beispiel für die Erzeugung eines hierarchischen Clusterings.	15
2.8	Beispiel einer Heatmap.	16
2.9	Beispiel der cophentischen Korrelation.	17
3.1	Screenshot der erweiterten PSP-Visualisierung.	20
3.2	Screenshot von ISeeCube.	21
3.3	Screenshot von Gaze-Stripes.	23
4.1	Visuelle Komponenten der Slitscan-Visualisierungstechnik.	26
4.2	Schematische Darstellung einer Field-Of-View-Box.	28
4.3	Schematische Darstellung der Bee-Swarm-Visualisierung.	29
4.4	Schematische Darstellung der Multi-Dendrogramm Analyse.	35
4.5	Schematische Darstellung der (Multi)-Heatmap.	36
4.6	Illustration des Gesamtkonzepts.	37
5.1	Gesamtübersicht der grafischen Bedienelemente.	40
5.2	Liste der importierten Probanden.	41
5.3	Hinzufügen von Distanzmaßen im Prototypen.	43
5.4	Verfügbare Modi im Prototypen.	44
5.5	Umsetzung der Bee-Swarm Visualisierung.	45
5.6	Darstellung des hierarchischen Clusterings im Prototypen.	46
5.7	Die Liste der HACs repräsentiert das Konzept der Historie.	47
5.8	Umsetzung der Multi-Dendrogramm Analyse.	48
5.9	Umsetzung der Multi-Heatmap Visualsierung.	50
6.1	Die zwei wesentlichen Schritte der Evaluation.	54
6.2	Gemittelte Korrelationswerte für Scanpath-Maße. Links die HAC-Korrelationen. Rechts die HAC-Korrelationen. TB steht für Temporal-Binning.	56

6.3	Gemittelte Korrelationswerte für Trajektorie-Maße	56
6.4	Gemittelte Korrelationswerte für Histogramm-Maße.	57
6.5	Gemittelte Korrelationswerte für Bildsequenz-Maße.	58
6.6	Veranschaulichung zur Herangehensweise an die Evaluation.	59
6.7	Szenario 1 - Referenzgruppierung.	61
6.8	Szenario 1 - Dendrogramme.	62
6.9	Szenario 1 - Korrelationen.	63
6.10	Szenario 2 - Referenzgruppierung.	64
6.11	Szenario 2 - Dendrogramme.	65
6.12	Szenario 2 - Korrelationen.	66
6.13	Szenario 3 - Referenzgruppierung.	67
6.14	Szenario 3 - Dendrogramme.	68
6.15	Szenario 3 - Korrelationen.	69
6.16	Szenario 4 - Referenzgruppierung.	69
6.17	Szenario 4 - Dendrogramme.	71
6.18	Szenario 4 - Korrelationen.	72

Tabellenverzeichnis

4.1 Auflistung aller in dieser Arbeit verwendeten Distanzmaße.	31
--	----

1 Einleitung

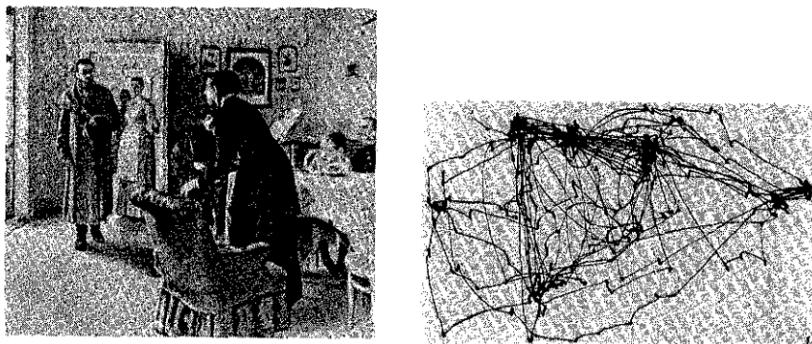


Abbildung 1.1: Ausschnitt aus dem Experiment von Alfred L. Yarbus (1967). Die Aufgabe des Versuchs ist das einfache (freie) Betrachten eines Bildes, welches links zu sehen ist. Das Blickverhalten eines Probanden ist dabei rechts zu sehen. Abbildung aus [Yar67].

In seinem berühmten Experiment [Yar67] fand der Psychologe Alfred L. Yarbus ¹ heraus, dass das Blickverhalten von Menschen insbesondere von der gestellten Aufgabe abhängt. In diesem Experiment verwendete er eine Apparatur, die es ihm ermöglichte, dass Blickverhalten von Menschen relativ genau aufzuzeichnen. In Abbildung 1.1 ist eine Beispielaufnahme eines Probanden zu sehen, welche mittels dieser Apparatur aufgenommen wurde. Seitdem hat sich das Eye-Tracking zunehmend als die Methode zur Erfassung des Blickverhaltens etabliert. Neben den technischen Errungenschaften, welche für die steigende Präzision der Eye-Tracking-Systeme verantwortlich waren, wurden über die Jahre viele Analysemethoden des Blickverhaltens entwickelt. Neben der klassischen statistischen Analyse sind hier Visualisierungstechniken zu nennen, welche die explorative und qualitative Analyse des Blickverhaltens ermöglichen [BKR+17]. Einige dieser Visualisierungstechniken haben jedoch bedeutende Nachteile. So besteht bei vielen die Notwendigkeit, sogenannte *Areas-Of-Interest* ² im Vorfeld zu definieren. Dies erweist sich in der Regel jedoch als eine aufwändige und mühselige Aufgabe. Andere Visualisierungstechniken vernachlässigen hingegen die zeitliche Dimension der Blickdaten oder können den visuellen Stimulus (hier handelt es sich um Videos oder einfache Bilder) nur unzureichend in die Visualisierung integrieren. Es gibt jedoch auch Ansätze, die mit der

¹https://en.wikipedia.org/wiki/Alfred_L._Yarbus (Zuletzt überprüft am 29.10.2017)

²Unterteilungen des visuellen Stimulus in Bereiche von Interesse.

1 Einleitung

Motivation entwickelt wurden, viele dieser Probleme zu adressieren. Als Beispiel sei hier die Slitscan-Visualisierungstechnik von Kurzhals et al. [KW16] genannt. Bei dieser Technik werden einzelne Streifen eines visuellen Stimulus ausgeschnitten und entlang einer Zeitachse aneinander gefügt. Das Resultat ist eine kompakte und leicht interpretierbare Darstellung des Blickverhaltens eines Menschen.

Dennoch stellen Visualisierungstechniken, wie die Slitscan-Visualisierung, nicht die einzige Möglichkeit dar, das Blickverhalten zu analysieren. Ein weiterer Ansatz sind algorithmische Vergleichsmethoden, mit denen das Blickverhalten von Menschen auf Ähnlichkeiten untersucht werden kann. Eines der ersten Ähnlichkeitsmaße in diesem Zusammenhang wurde von Brandt und Stark im Jahre 1997 auf Grundlage der Levenshtein-Distanz vorgestellt [BS97]. Seitdem hat sich das Feld der sogenannten Scanpath-Vergleichsmaße rasant weiterentwickelt.

Oft ist man jedoch daran interessiert, die beiden genannten Analysekonzepte in einem gemeinsamen Kontext zu verwenden. In diesem Zusammenhang stellt sich die Frage, ob die Ergebnisse der beiden Analysekonzepte in Einklang zueinander stehen, oder sogar widersprüchlich sind. Stimmen die Ergebnisse der visuellen Analyse mit den Resultaten eines Ähnlichkeitsmaßes überein, so kann von einer guten Eignung dieser Methode im Kontext der verwendeten Visualisierung gesprochen werden.

Eine wichtige Aufgabe dieser Arbeit ist es, diese Frage im Rahmen der Slit-Scan-Visualisierung zu beantworten. Neben den klassischen Scanpath-Maßen werden jedoch außerdem Ähnlichkeitsmaße basierend auf Trajektorie- sowie Bildähnlichkeiten betrachtet. So soll es möglich sein die Ähnlichkeiten zwischen den Probanden berechnen zu können und diese anhand der Slit-Scans zu interpretieren. Hierfür wird in dieser Arbeit ein Prototyp entwickelt, welcher diesen Anforderungen gerecht wird.

Gliederung

Die Arbeit ist in folgender Weise gegliedert:

Kapitel 2 – Grundlagen: Das Grundlagenkapitel beinhaltet die inhaltlichen Voraussetzungen dieser Arbeit. Dabei werden grundsätzliche Begriffe des Eye-Trackings geklärt sowie Richtlinien für das Gebiet der Informationsvisualisierung vorgestellt. Ein weiterer wichtiger Bestandteil der Grundlagen sind verschiedene Taxonomien zur Einordnung der Ähnlichkeitsmaße. Das Kapitel schließt mit den Grundlagen der hierarchischen Clusteranalyse ab. Ein Analyseverfahren, welches breite Verwendung in dieser Arbeit findet.

Kapitel 3 – Verwandte Arbeiten: In diesem Kapitel werden Arbeiten vorgestellt, deren Zielsetzung eng verwandt mit der Zielsetzung dieser Arbeit ist. Die betrachteten Arbeiten betreffen dabei Ansätze, basierend auf punkt-basierten Visualisierungen, wie auch AOI-basierten Visualisierungen.

Kapitel 4 – Aufgabenstellung und Konzept: Dieses Kapitel befasst sich mit der Aufgabenstellung dieser Arbeit sowie dem Lösungskonzept. Es wird dabei auf die Auswahl der Ähnlichkeitsmaße eingegangen, wie auch Erweiterungen der Slitscan-Visualisierungstechnik präsentiert. Außerdem wird die konzeptionelle Darstellung der interaktiven Visualisierung auf Grundlage der Visual-Analytics erörtert.

Kapitel 5 – Implementierung: Die Umsetzung des Konzept, findet sich im Kapitel der Implementierung wieder. Dabei werden die einzelnen Bedienelemente des entwickelten Prototypen vorgestellt.

Kapitel 6 – Demonstration und Evaluation: Mithilfe des verwendeten Prototypen werden die implementierten Ähnlichkeitsmaße evaluiert. Dabei wird ihre Eignung in Bezug auf die visuelle Interpretation (im Kontext der Slitscan-Visualisierungstechnik) untersucht.

Kapitel 7 – Zusammenfassung und Ausblick Das letzte Kapitel schließt mit einer Zusammenfassung über die erbrachten Leistungen dieser Arbeit ab. Der Ausblick umfasst Ansätze zur Verbesserung der Evaluation, sowie Ideen zur Weiterentwicklung von erdachten Konzepten.

2 Grundlagen

In diesem Kapitel werden die Grundlagen vorgestellt, welche für die Konzepte dieser Arbeit relevant sind. Darunter die Grundlagen des Eye-Trackings sowie eine allgemeine Betrachtung existierender Visualisierungstechniken. Ein weiterer wichtiger Bestandteil ist die Vorstellung der verschiedenen Kategorien von Vergleichsmaßen, die in dieser Arbeit Verwendung finden. Ein weiterer Bestandteil stellen die Grundlagen der Informationsvisualisierung dar. Die dort besprochenen Prinzipien finden Verwendung in der Erstellung des in dieser Arbeit entwickelten Prototypen. Das Ende dieses Kapitels schließt mit dem Konzept der hierarchischen Clusteranalyse ab.

2.1 Grundbegriffe des Eye-Trackings

Eye-Tracking-Systeme werden heutzutage vielfältig dazu verwendet, das Blickverhalten von Menschen aufzuzeichnen. Dieses Blickverhalten ist in der Regel durch Ereignisse charakterisiert [Hol15], die in diesem Kapitel erläutert werden.

2.1.1 Ereignisse bei Augenbewegungen

Im Folgenden werden einige Ereignisse genannt und erläutert, die bei Augenbewegungen auftreten können. In der Regel sind Eye-Tracker in der Lage nur einige von diesen Ereignissen aufzuzeichnen [Hol15].

Fixation Ist eine Ansammlung von Blickpunkten innerhalb eines bestimmten Zeitraums und einer bestimmten Fläche. Dieser Zeitraum beträgt meist zwischen 200 und 300 Millisekunden.

Sakkade Stellt eine schnelle Augenbewegung (in der Regel 30-80 Millisekunden) von einer Fixation, zu einer anderen Fixation dar. Es gibt sichere Hinweise darauf, dass ein Mensch während der Ausführung einer Sakkade größtenteils blind ist.

Außerdem gibt es die Ereignisse : *Smooth Pursuit*, *Glissade*, *Mikrosakkade*, *Tremor* sowie den *Drift*. Eine genau Beschreibung aller Ereignisse ist in [Hol15] zu finden.

2.1.2 Scanpath

Eine Sequenz von abwechselnden Fixationen und ihren dazugehörigen Sakkaden nennt man Scanpath, oder Fixationssequenz. Ein Scanpath kann Aufschluss über das (Blick) Suchverhalten einer Person geben. [BKR+17]. Scanpaths stellen auch die Grundlage für den Vergleich von Blickverhalten zwischen Probanden dar. In diesem Kapitel werden später Vergleichsverfahren auf Scanpaths vorgestellt.

2.2 Areas-Of-Interests

Sogenannte Areas-Of-Interests (kurz AOIs) erlauben eine detaillierte Analyse der Augenbewegung eines Probanden. AOIs definieren die Bereiche des Stimulus, die für den Forscher von Interesse sind und von denen er Informationen erhalten will. [Hol15] Hierbei muss zwischen statischen Stimuli und dynamischen Stimuli unterschieden werden. Für dynamische Stimuli (wie Videos) müssen auch die AOIs entsprechend dynamisch definiert werden. [BKR+17] AOIs müssen in der Regel manuell aus dem vorliegenden Stimulus erzeugt werden, wobei es mittlerweile auch Ansätze zur automatischen Bestimmung von AOIs gibt [PS00].

2.3 Visualisierungstechniken von Eye-Tracking

Um das Blickverhalten zu untersuchen gibt es neben der Verwendung von statistischen Methoden, die Möglichkeit Visualisierungen zu verwenden. Während statistische Methoden eine quantitative Analyse von Blickverhalten ermöglichen, kann eine geeignete Visualisierung helfen, die Daten in einer explorativen und qualitativen Art und Weise zu untersuchen. [BKR+17]. Mittlerweile existieren viele unterschiedliche Ansätze zur Visualisierung von Augendaten. Um einen Überblick über die aktuellen Visualisierungstechniken zu geben, orientiert sich diese Arbeit an der Taxonomie von Visualisierungstechniken (2017) nach Blascheck et al. [BKR+17] Entsprechend dieser Taxonomie können Visualisierungstechniken in folgende Kategorien unterteilt werden:

Punkt-basierte Methoden Räumlich -und temporale Informationen der aufgezeichnete Datenpunkte werden zur Visualisierung verwendet. Eine weit verbreitete punkt-basierte Methode ist die sogenannte *Heatmap* (siehe Abbildung 2.1). Sie wird verwendet, um über die Verteilung der Blickdaten Aufschluss zu geben. Die zeitliche Dimension der Blickdaten wird dabei vernachlässigt. Eine weitere punkt-basierte Visualisierungstechnik, ist die Slit-Scan Technik. Sie stellt die Grundlage für diese Arbeit dar.

AOI-basierte Methoden Anders als bei punkt-basierten Methoden verlangen AOI-basierte Methoden vordefinierte Areas-Of-Interests. Ein Vertreter von AOI-basierten Methoden ist beispielsweise rechts in Abbildung 2.1 zu finden. Diese Visualisierung nennt sich

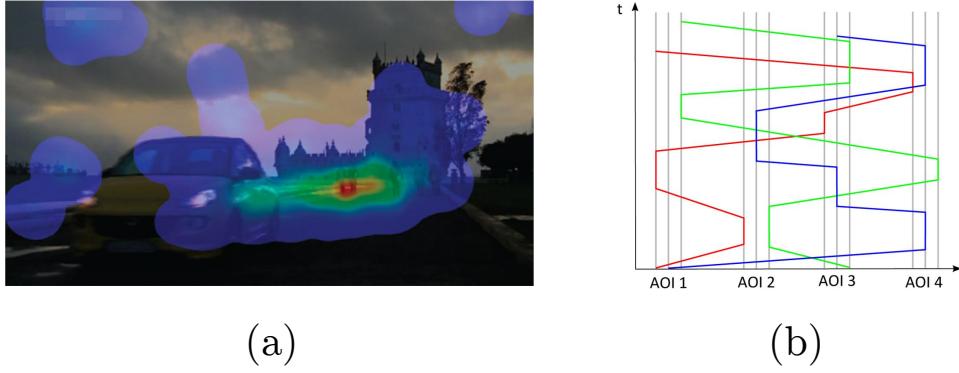


Abbildung 2.1: (a) Eine Heatmap als Beispiel für eine punkt-basierte Visualisierung. Rote Bereiche deuten auf eine hohe visuelle Aufmerksamkeit hin, während blaue Bereiche nur geringe visuelle Aufmerksamkeit bedeuten. (b) Die sogenannte Parallel-Scanpath-Visualisierung stellt den zeitlichen Verlauf der betrachteten AOIs als vertikale Linie dar. Dies ist ein Beispiel für einen AOI-basierten Ansatz. Abbildungen aus [BKR+17].

Parallel-Scanpath-Visualisierung. Sie stellt den zeitlichen Verlauf der betrachteten AOIs eines Probanden dar.

Außerdem existieren noch Visualisierungstechniken, die sich sowohl in punkt-basierte Methoden als auch in AOI-basierte Methoden einordnen lassen [BKR+17].

2.4 Vergleichsverfahren

Ein Ansatz zur Vergleichsanalyse von Blickverhalten ist die Verwendung von Ähnlichkeitsmaßen auf Scanpaths [AAKB15]. In dieser Arbeit werden neben diesen, Ähnlichkeitsmaße auf Trajektorien sowie Ähnlichkeitsmaße basierend auf Bildähnlichkeiten betrachtet, da sich diese im Rahmen der gegebenen Daten, ebenfalls anbieten. Dieses Kapitel stellt die verschiedenen Kategorien von Ähnlichkeitsmaßen vor, klärt deren zugrundeliegende Repräsentation und präsentiert Taxonomien zur Einordnung der verschiedenen Verfahren.

2.4.1 Ähnlichkeitsmaße auf Scanpaths

In Kapitel 2.1.2 wurde bereits der Begriff des Scanpaths eingeführt. Auf Basis dieser Repräsentation von Augendaten, wurden im Laufe der Zeit viele Vergleichsmethoden entwickelt, mit dem Ziel, objektiv Unterschiede bzw. Ähnlichkeiten zwischen Probanden ausmachen zu können. Grund dafür ist neben der zunehmenden Beliebtheit des Eye-Trackings, die Tatsache, dass je nach Einsatzzweck unterschiedliche Anforderungen an ein Vergleichsmaß gestellt werden [EYH15]. Um einen Überblick über die verschiedenen Arten von Vergleichsmethoden zu geben,

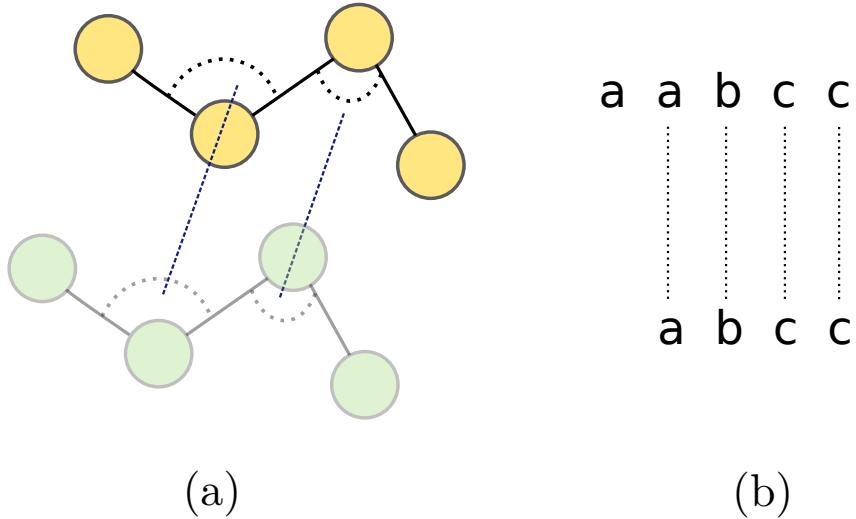


Abbildung 2.2: (a) Der Vektor-basierte Ansatz erlaubt das Vergleichen von Scanpaths auf Basis von geometrischen Größen wie Winkeln zwischen zwei Sakkaden. Somit ist ein Match beispielsweise auch zwischen zeitversetzten Scanpaths möglich. (b) Eine String-Repräsentation erlaubt ebenso eine Ausrichtung zweier Strings trotz zeitlicher Versetzung.

orientiert sich diese Arbeit an der Taxonomie nach Kübler et al. [KEK15]. Demnach können Vergleichsmaße auf Scanpaths in folgende Kategorien unterteilt werden:

Heatmaps auf Fixationen Mittels statistischer Methoden, wie Korrelation, oder der Kullback-Leibler-Divergenz lassen sich zwei Heatmaps miteinander vergleichen [LB13].

String-basierte Repräsentationen Scanpaths werden als AOI-Strings¹ repräsentiert. Damit reduziert sich das Vergleichen zweier Scanpaths auf das Problem des String-Alignments.

Vektor-basierte Repräsentationen Fixationen als auch die Sakkaden eines Scanpaths werden mathematisch als Vektoren dargestellt. Vektor-basierte Methoden erlauben meist die Berechnung von Ähnlichkeiten auf Grundlage von verschiedenen Größen, wie : Vektor-Differenz, Sakkaden-Längendifferenz oder euklidischer Distanz zwischen Fixationen.

Probabilistische Methoden Stochastisches Modelle von Scanpaths werden generiert und als Grundlage zum Vergleich von diesen verwendet. Wesentlich ist hierbei die Möglichkeit, einfach aus den vorhandenen Daten die nötigen Parameter für diese Modelle zu extrahieren [CHC17].

Andere Methoden Es gibt Verfahren, die nicht in die genannten Kategorien fallen. Zu erwähnen ist hier zum Beispiel das Verfahren *iComp*, welches automatisch Areas-Of-Interests mittels automatisierten Clusterings ermittelt.

¹dt. : Zeichenkette.

[KEK15] Die Abbildung 2.2 zeigt wie ein Matching von zwei exemplarischen Scanpaths in verschiedenen, bereits vorgestellten Repräsentationen, aussehen kann. Dies kann beispielsweise über die Winkel zwischen den Sakkaden stattfinden, oder über die Ausrichtung zweier Strings.

2.4.2 Ähnlichkeitsmaße basierend auf Bildähnlichkeiten

Wie bereits genannt, werden neben den Ähnlichkeitsmaßen auf Scanpaths, auch Ähnlichkeitsmaße basierend auf Trajektorien sowie Bildähnlichkeiten in dieser Arbeit betrachtet. In diesem Abschnitt wird erläutert, wie auf Grundlage von Histogrammen und Bildsequenzen, Bilddaten miteinander verglichen werden können.

Ähnlichkeitsmaße auf Histogrammen

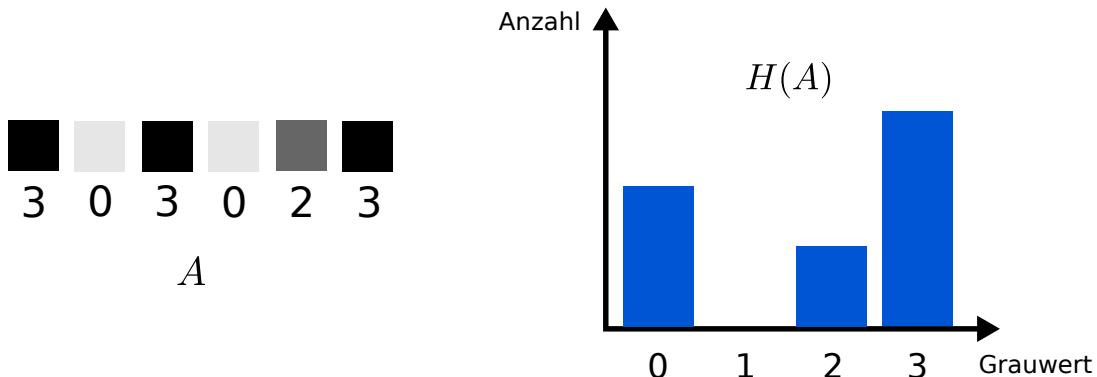


Abbildung 2.3: Links ein eindimensionales Bild $A = \{a_1, a_2, a_3, a_4, a_5, a_6\}$ mit sechs Elementen. Die Menge der Grauwerte ist bestimmt durch $X = \{0, 1, 2, 3\}$. Rechts das dazugehörige Histogramm $H(A) = [2, 0, 1, 3]$.

Das Histogramm Ein Histogramm stellt die Möglichkeit dar, beispielsweise die Verteilung der Grauwerte in einem Bild zu modellieren. Wir betrachten im Folgenden eindimensionale Graustufenbilder von der Form $A = \{a_1, a_2, \dots, a_n\}$, wobei n die Anzahl der Pixel ist. Ein Element $a_i \in X$ ist das i -te Element des Bildes A , wobei $X = \{x_0, x_1, \dots, x_{b-1}\}$ die Menge von b Graustufenwerten ist. Ein Histogramm $H(A)$ ist ein geordneter b -dimensionaler Vektor, bestehend aus der Anzahl der Vorkommen eines jeden Grauwerts (Klasse) x_i im Bild A . Wird $H_i(A)$ als die Anzahl der Vorkommen des Grauwerts x_i angenommen, so ist $H(A) = [H_0(A), H_1(a), \dots, H_{b-1}(a)]$ die vollständige Spezifikation des Histogramms von A [CS02]. Die Abbildung 2.3 zeigt ein Beispielbild mit sechs Elementen und dem dazugehörigen Histogramm.

Histogramm-Vergleich Um zu entscheiden, ob zwei gegebene Histogramme ähnlich zueinander sind, muss zunächst der Distanzbegriff auf Histogrammen geklärt werden. Dabei kann zwischen zwei unterschiedlichen Herangehensweisen unterschieden werden [VLS+15] (siehe Abbildung 2.4). Beim wahrscheinlichkeits-basierten Ansatz wird ein Histogramm als Wahrscheinlichkeitsverteilung aufgefasst. Diese kann einfach erzeugt werden, indem jede Klasse durch die Anzahl der Elemente n geteilt wird. Eine Wahrscheinlichkeitsverteilung für ein Histogramm $H(A)$ ist somit gegeben durch $P = H(A)/n$ [Cha07]. Diese gibt somit an wie wahrscheinlich es ist, dass ein Intensitätswert x_i sich in der Sequenz A befindet. In Anlehnung an Abbildung 2.3 wäre somit beispielsweise $P = (2/6, 0, 1/6, 3/6)$. Im Gegensatz zum wahrscheinlichkeits-basierten Ansatz, stellt der vektor-basierte Ansatz ein Histogramm als Vektor einer festen Größe dar. Die Dimensionen entsprechen dabei den Klassen und die Einträge des Vektors repräsentieren die dazugehörigen Häufigkeiten. Bei dem vektor-basierten Ansatz gilt es zudem zwischen *bin-by-bin* und *cross-bin* Distanzmaßen zu unterscheiden.

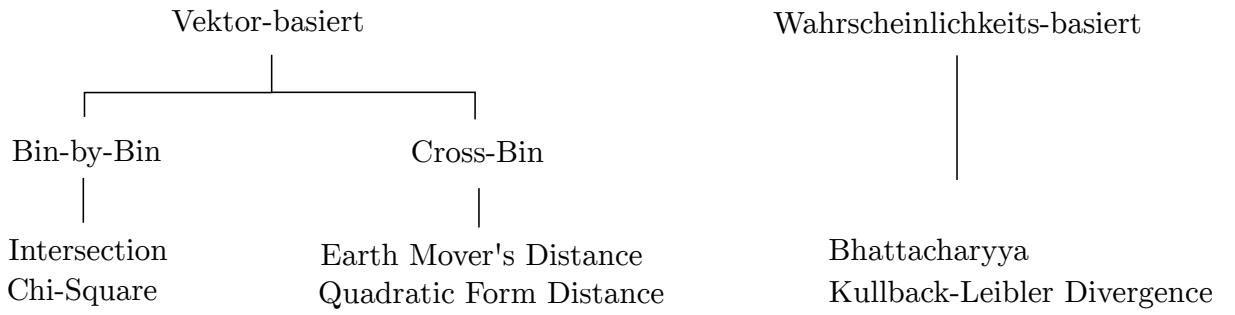


Abbildung 2.4: Taxonomie von einigen bekannten Distanzmaßen auf Histogrammen nach [VLS+15].

1. Die sogenannten *bin-by-bin*-Distanzmaße. Hier können nur dieselben Klassen miteinander verglichen werden. Die Distanz auf zwei Histogrammen ist dann definiert über die Kombination aller paarweisen Klassen-Vergleiche. Vergleiche zwischen unterschiedlichen Klassen sind nicht möglich.
2. Die sogenannten *cross-bin*-Distanzmaße. Hier können verschiedene Klassen miteinander verglichen werden. Beispielsweise ist es möglich mittels einer Ähnlichkeitsmatrix die Ähnlichkeit zwischen verschiedenen Klassen in das Distanzmaß einzubauen.

Ähnlichkeitsmaße auf Bildsequenzen

Es wurde bereits eine Möglichkeit eingeführt, wie zwei gegebene Sequenzen $X = \{x_1, \dots, x_n\}$ und $Y = \{y_1, \dots, y_n\}$ auf Grundlage von Histogrammen miteinander verglichen werden können. Handelt es sich dabei um zwei-dimensionale Bilder, so kann daraus einfach eine Sequenz gebildet werden, indem die Pixel des Bildes nacheinander aufgezählt werden. Im Falle von Ähnlichkeitsmaßen auf Bildsequenzen betrachten wir jedoch nicht die Verteilung

der Grauwerte, sondern die Sequenzen der Intensitätswerte an sich. Die Aufgabe besteht nun darin auf Grundlage zweier Sequenzen ein Maß zu finden, welches angibt, wie abhängig (oder unabhängig) diese zueinander sind [Gos12].

Ein wichtige Anwendung des Bildvergleichs findet sich im *Template Matching*² und im *Content-based image retrieval*³. Ein bekanntes Maß in diesem Zusammenhang ist die sogenannte *Cross-Correlation*. Betrachtet wird dabei ein zwei-dimensionales Bild f . Diese gibt die Distanz zwischen dem um (u, v) verschobenen Musterbild t und dem Bild f an. Mathematisch ist dies definiert als:

$$d_{f,t}^2(u, v) = \sum_{x,y} [f(x, y) - t(x - u, y - v)]^2$$

[Lew94] und lässt sich schnell im Frequenzraum mittels der *Schnellen-Fourier-Transformation* lösen. Neben der Cross-Correlation existieren viele weitere Maße, wie zum Beispiel:

- Pearson correlation coefficient
- Tanimoto measure
- L_1 norm, square L_2 norm
- Intensity ratio variance

Für eine vollständige Auflistung und Beschreibung von weiteren Maßen wird auf Goshtasby et al. [Gos12] verwiesen.

2.4.3 Ähnlichkeitsmaße auf Trajektorien

Mittels GPS ist es möglich sich im Raum bewegende Objekte (wie Autos die ihre Position über die Zeit ändern) digital aufzuzeichnen. Eine Trajektorie eines sich bewegenden Objekts ist eine Sequenz von Punkten in Zeit und Raum. Sie kann als (kontinuierliche) Historie der Bewegung eines Objekts aufgefasst werden. Aufgezeichnete Daten (wie zum Beispiel mittels GPS, oder Eye-Trackern) sind aber meist zeit-diskret von der Form $T = [(v_1, t_1), \dots (v_n, t_n)]$ wobei v_i die Position des Objekts zum Zeitpunkt t_i ist. Die Distanzmaße auf Trajektorien können in zwei Kategorien untergliedert werden [MSME15]:

- *räumliche Ähnlichkeit*, die lediglich die geometrische Form der Trajektorie miteinbezieht, jedoch die temporale Dimension vernachlässt.
- *zeitlich-räumliche Ähnlichkeit*, die sowohl die geometrische Form als auch die zeitliche Dimension der Trajektorie miteinbeziehen.

²Ist eine Technik, um kleine Bildbereiche zu finden, die zu einem Musterbild passen.

³Das Problem des Auffinden von Bildern in großen Datenbanken.

2 Grundlagen

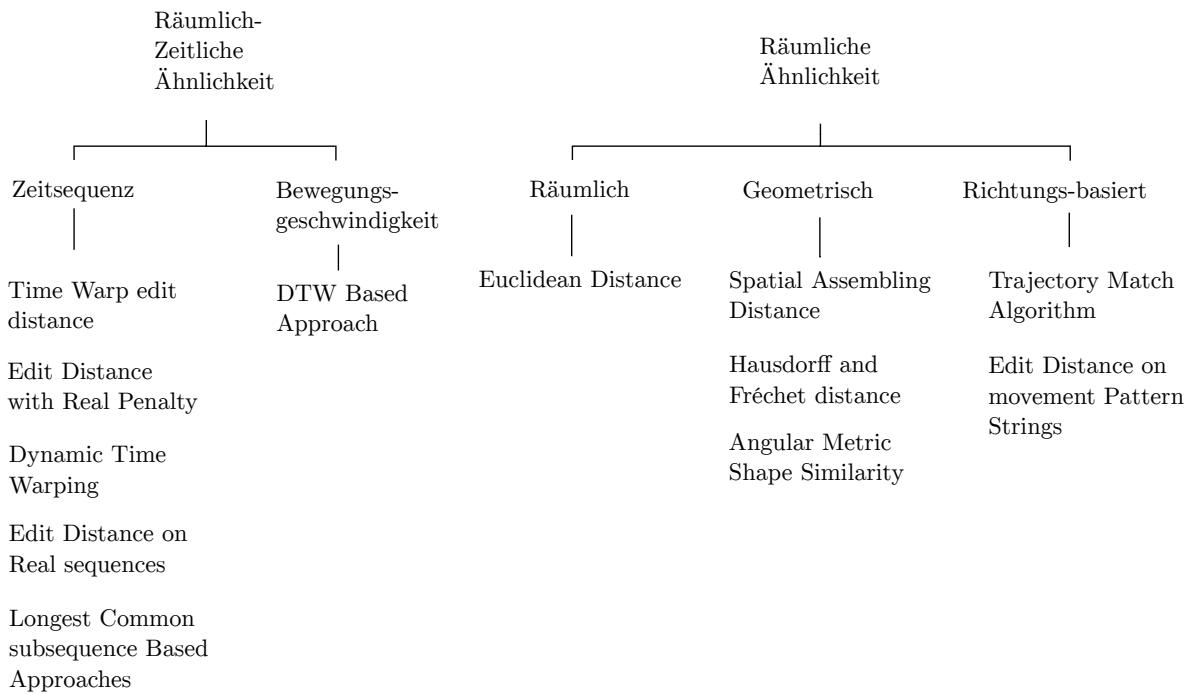


Abbildung 2.5: Klassifizierung von Ähnlichkeitsmaßen auf Trajektorien nach Magdy et al. [MSME15]

Die Abbildung 2.5 zeigt eine Zuordnung verschiedener Trajektoriemaße in die zuvor genannte Klassifikation. Innerhalb dieser Klassen gibt es eine weitere Untergliederung der Maße, die im Folgenden erklärt werden soll [MSME15]:

Bewegungsgeschwindigkeits-basiert Zeitliche und räumliche Dimension werden voneinander getrennt und als eigenständige Kurven betrachtet. Somit können beide Größen unabhängig voneinander analysiert werden.

Zeitreihen-basiert Eine Trajektorie wird als Zeitreihe betrachtet. Die Normalisierung dieser erlaubt Invarianz gegenüber zeitlicher Versetzung und Skalierung. Die Verfahren basieren auf der optimalen Ausrichtung der Trajektorien, weshalb die Zeitreihen zeitversetzt und von unterschiedlicher Länge sein können.

Geometrisch (Form) - basiert Ermitteln die Ähnlichkeit zwischen zwei Trajektorien auf Grundlage ihrer Form und nicht der Position ihrer Punkte.

Richtungs-basiert Aus den Trajektorien werden Richtungsprofile erstellt, welche als Grundlage zum Vergleich dienen. Diese Verfahren sind i.A robust gegenüber Rauschen.

2.5 Informationsvisualisierung

Nach der Definition von de Oliveira et.al [OL03] erstellt die Informationsvisualisierung grafische Modelle und visuelle Darstellungen, die eine Benutzerinteraktion zum Erfassen von Informationen erlauben, die sich in den darunterliegenden Daten befinden. Um den Anspruch dieser Definition gerecht zu werden, gibt es mittlerweile einige Richtlinien zur Erstellung von Informationsvisualisierungen.

2.5.1 Das Visual Information Seeking Mantra

Eine Richtlinie zur Erstellung von Informationvisualisierungen ist das sogenannte *Visual Information Seeking Mantra* : „Overview first, zoom/filter, details on demand“ von Ben Shneiderman [Shn96]. Shneiderman begründet weshalb ein systematisches Vorgehen bei der Erstellung von Visualisierungen notwendig ist. Er motiviert dies mit dem folgenden Zitat:

Everything points to the conclusion that the phrase 'the language of art' is more than a loose metaphor, that even to describe the visible world in images we need a developed system of schemata.

aus E. H. Gombrich Art and Illusion, 1959 (p. 76) [Gom00]. Seine Richtlinie lässt sich in Form von folgenden sieben Aufgaben beschreiben:

Overview Erhalte einen gesamten Überblick über die verfügbaren Daten, zum Beispiel mittels Zooming, oder Field-Of-View Boxes.

Filter Benutzer können uninteressante Inhalte herausfiltern, um den Fokus auf interessante Elemente zu erhalten.

Details-on-demand Stelle nach Bedarf detaillierte Informationen von interessanten Elementen dar.

Relate Stelle Beziehungen zwischen den dargestellten Elementen dar.

History Lege ein Historie von Benutzeraktionen an, um diese nach Bedarf rückgängig zu machen, oder neu auszuführen.

Extract Ermögliche eine Extraktion von ausgewählten Elementen, um diese in anderen Zusammenhängen wiederverwenden zu können. [Shn96]

2.5.2 Visual Analytics

Oft ist man daran interessiert eine große Anzahl von Daten zu visualisieren. In diesem Fall ist es schwer eine Übersicht der Daten zu erhalten, ohne wesentliche Muster in diesen zu verlieren. Das Visual Analytics versucht dieses Problem zu umgehen, indem die automatisierte und visuelle Analyse geeignet zusammengeführt werden. Das Seeking-Mantra von Sheiderman kann damit zu : „Analyse first, show the important, zoom/filter, analyse further, details on demand“ erweitert werden [KKEM10; KMSZ06]. Der Visual Analytics Prozess wird Gegenstand, der in dieser Arbeit vorgestellten interaktiven Visualisierung sein.

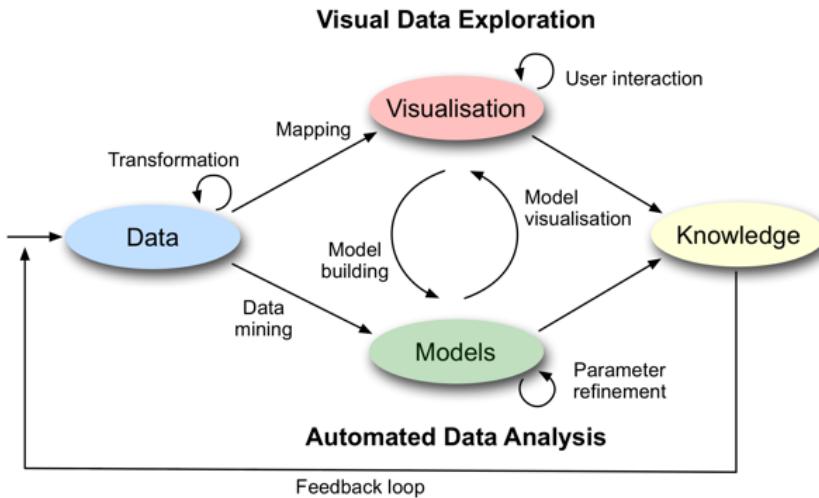


Abbildung 2.6: Der Visual Analytics Prozess - Wesentliches Merkmal des Visual Analytics Prozess ist der Wechsel zwischen automatisierter und visueller Analyse. Abbildung aus [KKEM10].

In Anlehnung an Abbildung 2.6 kann der Ansatz des Visual Analytics als iterativer Analyse-Prozess angesehen werden. Der erste Schritt ist das Vorbereiten und Transformieren der Daten (Data), damit diese zur Analyse verwendet werden können. Nach der Transformation kann der Benutzer entweder eine visuelle oder automatisierte Analyse durchführen. Im Falle der automatisierten Analyse werden Data-Mining-Techniken auf den Daten verwendet, um ein Modell (Models) der originalen Daten zu erstellen. Danach kann der Benutzer das Modell zur Evaluation benutzen, oder es verfeinern (Parameter Refinement). Visualisierungen (Visualisation) erlauben einerseits die Evaluation des generierten Modells und andererseits die Anpassung der Parameter und Methoden zur automatisierten Datenanalyse [KKEM10].

2.6 Hierarchisches Clustering

Die Cluster-Analyse beschäftigt sich mit der Frage, wie eine Menge von Objekten geeignet in Cluster (Gruppen) zerlegt werden können. Dabei sollen die Objekte innerhalb eines Clus-

ters zueinander in engerer Beziehung stehen, als zu Elementen eines anderen Clusters. Das hierarchische Clustering produziert Cluster, die eine hierarchische Repräsentation erzeugen. Konzeptionell bieten sich zwei mögliche Herangehensweisen zur Erzeugung eines hierarchischen Clusterings an.

Agglomerative Alle Elemente sind zunächst als einelementige Cluster definiert. Zwei Cluster aus einer Ebene werden zusammengeführt, um ein Cluster in der nächst höheren Ebene zu bilden. Dies geschieht rekursiv. (Bottom-Up)

Divisive Alle Elemente sind zunächst in einem großen Cluster zusammengefasst. In jedem Schritt wird ein Cluster aus der Ebene zerteilt, sodass zwei neue Cluster in der darunter liegenden Ebene erzeugt werden. Dies geschieht rekursiv. (Top-Down)

Um ein Clustering entsprechend der obigen Herangehensweisen zu erhalten, muss ein Ähnlichkeitsmaß (bzw. Distanzmaß) auf den betrachteten Objekten vorgeben werden. Danach werden die paarweisen Distanzen zwischen den Elementen berechnet. In dieser Arbeit wird das agglomerative Clustering verwendet, um ein Modell aus den berechneten Ähnlichkeiten zu produzieren. Es wird deshalb auf diese Herangehensweise im Folgenden näher eingegangen.

2.6.1 Agglomerative Clustering

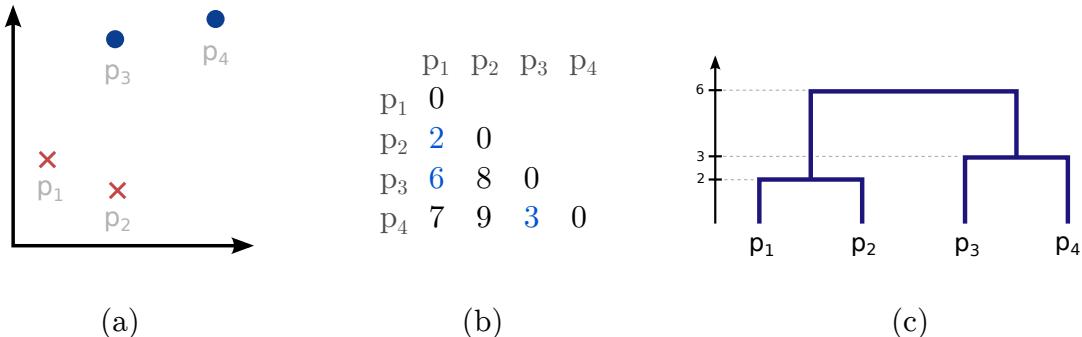


Abbildung 2.7: (a) Beispieldatensatz mit vier Elementen. Die beiden Gruppen lassen sich visuell leicht erkennen. (b) Die Distanzmatrix zwischen den vier Elementen gibt die paarweisen Distanzen zwischen den ihnen an. (c) Visuelle Darstellung eines hierarchischen Clusterings mittels eines Dendrogramms auf Grundlage der Distanzmatrix. Die markierten Einträge in der Distanzmatrix geben die Distanzen zwischen den erzeugten Gruppierungen an. Als Clusteringmethode wurde Single-Linkage verwendet.

Das agglomerative Clustering erfordert die Definition der Distanz zwischen zwei Clustern G und H . Dabei bieten sich folgende Möglichkeiten zur Definition dieser Distanz an [HTF17]:

Single-Linkage Die Distanz der beiden nächsten Nachbarn zwischen G und H definiert die Distanz.

Complete-Linkage Die Distanz der beiden am weitesten entfernten Nachbarn zwischen G und H definiert die Distanz.

Average-Linkage Der Durchschnitt aller paarweisen Distanzen zwischen den Elementen aus G und H definiert die Distanz.

Die Abbildung 2.7 zeigt das Resultat des hierarchischen Clusterings mit der Single-Linkage-Methode.

2.6.2 Visualisierungstechniken

Im Folgenden werden zwei Möglichkeiten vorgestellt, wie die Ergebnisse eines hierarchischen Clusterings visuell dargestellt werden können. Beide der folgenden Visualisierungen werden (wenn auch in veränderter Form) sich in den entwickelten Prototypen wiederfinden.

Dendrogramm

Dendrogramme ermöglichen die grafische Darstellung eines hierarchischen Clusterings mittels eines binären Baums. Die Höhe eines Knoten ist dabei proportional zu der Distanz zwischen zwischen den Kindknoten. Die Blätter des Baums repräsentieren die einzelnen Elemente [HTF17]. Die Abbildung 2.7 zeigt ein Beispiel für ein Dendrogramm.

Heatmap-Visualisierung

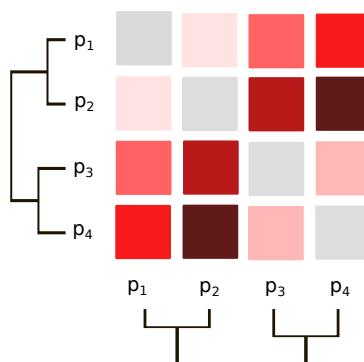


Abbildung 2.8: Heatmap-Visualisierung für das Beispiel-Clustering aus Abbildung 2.7. Ein heller Rotton repräsentiert kleinere Werte, während ein dunklerer Rotton größere Werte darstellt.

Eine weitere Möglichkeit zur Visualisierung eines hierarchischen Clusterings [ESBB98] ist in Abbildung 2.8 zu sehen. Die Idee ist, die Einträge in einer tabellarischen Form darzustellen und diese entsprechend dem repräsentierten Distanzwert einzufärben. Jedes Quadrat repräsentiert somit die Distanz zwischen jeweils zwei Elementen. Die Bezeichner der Elemente sind dabei horizontal sowie vertikal angebracht, sodass eine eindeutige Zuordnung der Quadrate, zu ein Paar von Elementen möglich ist. Diese Einfärbung kann auch als *Heatmap* bezeichnet werden, da Bereiche höherer Distanz einen dunkleren Rotton aufweisen, als kleinere Distanzwerte. Da die Distanzmatrix symmetrisch ist, sind die Einträge der dargestellten ebenfalls symmetrisch. Auf den Diagonalen sind die Einträge alle null (daher kein Rotanteil). Außerdem ist zu sehen, dass eine Dendrogramm-Darstellung in die Heatmap-Visualisierung integriert ist. Aus Symmetrie-Gründen ist das Dendrogramm sowohl horizontal als auch vertikal dargestellt. Beide repräsentieren jedoch dasselbe hierarchische Clustering.

2.6.3 Vergleichsanalyse von hierarchischen Clusterings

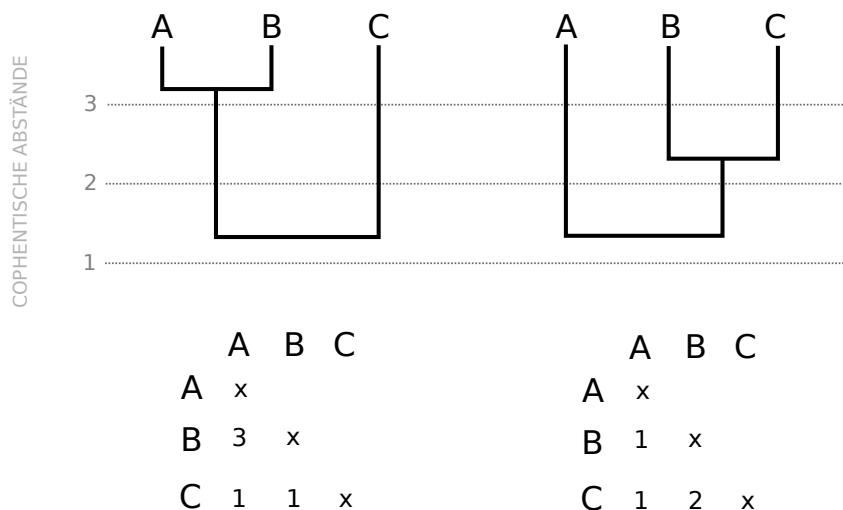


Abbildung 2.9: Beispiel wie aus zwei gegebenen Dendrogrammen die cophentischen Werte ermittelt werden. Die cophentischen Werte geben dabei die Ähnlichkeit zwischen den (Teil-) Clusterings an. Abbildung angelehnt an Sokal et al. [SR62].

Eine Fragestellung, die sich in dem Konzept dieser Arbeit wiederfinden wird, betrifft den Vergleich von zwei Clustering-Ergebnissen. Diese sind beispielsweise unter Verwendung verschiedener Distanzmaße erzeugt worden. Konkret geht es um die Frage, wie zwei hierarchische Clusterings miteinander verglichen werden können. Hierfür gibt es unterschiedliche Ansätze, wie der Rand-Index oder Verfahren, welche auf dem Gamma-Koeffizienten von Goodman-Kruskal basieren [SDD13]. Eine andere Möglichkeit basiert auf den Vergleich von Dendrogrammen, welche sich aus den hierarchischen Clusterings ergeben. Die Grundlage für diesen Vergleich stellt die sogenannte *cophentische Korrelation* [SR62] dar. Hierfür werden für jedes Dendrogramm zunächst die cophentischen Werte berechnet. Ein Beispiel ist in Abbildung 2.9

zu sehen. Auf der horizontalen Achse sind dabei die Bezeichner der betrachteten Elemente aufgetragen. Die zwei Dendrogramme stellen zwei unterschiedliche hierarchische Clusterings dar. Auf der vertikalen Achse ist der cophentische Wertebereich aufgetragen. Die cophentischen Werte, welche in den Tabellen unterhalb zu sehen sind, ergeben sich hierbei immer paarweise. Für die Bezeichner B und C ist beispielsweise im ersten Dendrogramm der cophentische Wert eins in die Tabelle einzutragen. Der Grund dafür ist, dass sie auf dieser Ebene im Clustering zusammengeführt wurden. Beim rechten Dendrogramm findet diese Zusammenführung schon beim Wert zwei statt. Entsprechend ist der cophentische Wert zwei in die Tabelle einzutragen. Wurden alle cophentischen Werte ermittelt, so kann der eigentliche Vergleich stattfinden. Dies geschieht, indem beide Tabellen als Sequenzen geschrieben werden. Bezogen auf das Beispiel in Abbildung 2.9 wären dies $X = [3, 1, 1]$ (für das linke Dendrogramm) sowie $Y = [1, 1, 2]$ (für das rechte Dendrogramm). Der cophentische Korrelationskoeffizient berechnet sich, indem der Korrelationskoeffizient nach Pearson : $\rho_{X,Y} = \frac{\text{cov}(X,Y)}{\sigma_x \sigma_y}$ [Hen11] zwischen beiden Sequenzen X, Y bestimmt wird. Um diesen als (normierten) Ähnlichkeitswert verwenden zu können, wird dieser auf den Bereich von $[0, 1]$ abgebildet.

3 Verwandte Arbeiten

Ein entscheidender Bestandteil dieser Arbeit ist die Slitscan-Visualisierungstechnik, um die Möglichkeit des automatisierten Vergleichs von Blickverhalten zu erweitern. In diesem Zusammenhang sind vor allem zwei weitere Arbeiten zu erwähnen, die dieselbe Zielsetzung, unter Verwendung unterschiedlicher Visualisierungstechniken verfolgen. Darunter die Veröffentlichungen : *A Visual Approach for Scanpath Comparison* von Raschke et al. [RHB+14] sowie *ISeeCube : Visual Analysis of Gaze Data for Video* [KHW14]. Beide Arbeiten haben gemeinsam, dass sie eine bestehende Visualisierungstechnik (Parallel-Scanpath und Space-Time-Cube), um die Möglichkeit des Scanpath-Vergleichs und interaktiver Aktionsmöglichkeiten erweitern. Das Ziel ist es dabei, die Vorteile der visuellen Analyse (mithilfe der zugrundeliegenden Visualisierungstechnik) mit den Vorzügen der automatisierten Vergleichsanalyse (beispielsweise der Cluster-Analyse) zu kombinieren. Die Zielsetzung besteht dabei darin, ein besseres Werkzeug für die Vergleichsanalyse von Scanpaths zu erschaffen. Neben diesen beiden Arbeiten wird außerdem eine Visualisierungstechnik namens *Gaze-Stripes* von Kurzhals et al. [KHH+16b] vorgestellt. Sie ist konzeptionell sehr ähnlich zu den beiden vorher erwähnten Arbeiten. Außerdem weist sie einige Gemeinsamkeiten mit der Slitscan-Visualisierungstechnik [KW16] auf. So handelt es sich bei beiden um punkt-basierte Visualisierungstechniken.

3.1 Arbeiten mit AOI-basierten Visualisierungstechniken

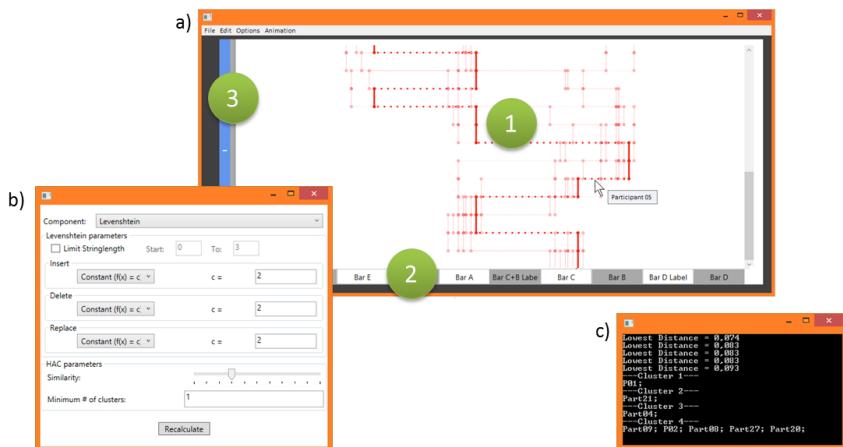
Die im folgenden Abschnitt erläuterten Arbeiten haben gemeinsam, dass sie auf sogenannten AOI-basierten Visualisierungstechniken beruhen. Es folgt zunächst eine Vorstellung der (zeitlich) früherer Ansätze, bevor auf die beiden Arbeiten *A Visual Approach for Scanpath Comparison* sowie *ISeeCube : Visual Analysis of Gaze Data for Video* näher eingegangen wird.

3.1.1 Frühe Arbeiten

Als frühe AOI-basierte Arbeiten in dem Bereich des Scanpaths-Vergleichs zählt u.a die Software *EyePatterns* von West et al. [WHRK06]. *EyePatterns* erlaubt dabei die Analyse von Scanpaths auf Basis von String-Repräsentationen. Die Autoren stellen heraus, dass die visuelle Analyse zur Bestimmung von Ähnlichkeiten zwischen Scanpaths, anfällig für Fehler ist. Zwar gebe es Werkzeuge, die eine Analyse mit Ähnlichkeitsmaßen, wie die Levenshtein-Distanz ermöglichen, jedoch sind deren Resultate für den Menschen meist nur schwer interpretierbar. Deshalb

schlagen die Autoren die Verwendung von Data-Mining Methoden zur Vergleichsanalyse von Scanpaths vor. In ihrer Software implementieren sie das hierarchische Clustering. Das Resultat dieses Clusterings wird mit einer Baumansicht visualisiert, was die Vergleichsanalyse vereinfachen soll. Ein weiteres Werkzeug welches in diesem Zusammenhang zu erwähnen ist, nennt sich *IComb : A Tool for Scanpath Visualization and Comparision* [HD06]. Im Vergleich zu *EyePatterns* erlaubt dieses Werkzeug die automatische Bestimmung von AOIs mittels des Mean-Shift-Clustering-Algorithmus von Santella und DeCarlo [SD04]. Beide Ansätze haben jedoch auch gemeinsam, dass sie die Scanpaths nur unzureichend visualisieren. Die folgenden Arbeiten können als Erweiterung dieser beiden Ansätze, um eine verbesserte Scanpath-Visualisierung, angesehen werden.

3.1.2 A visual approach for scan path comparison



Ein besonderes Merkmal der Arbeit von Raschke et al. stellt die Vereinigung von automatisierter Vergleichsanalyse mit einer Scanpath-Visualisierung dar. Dieselbe Zielsetzung wird in dieser Arbeit verfolgt, jedoch unter Verwendung einer anderen Visualisierungstechnik. Dennoch weist dieser Ansatz auch einige Nachteile auf. So neigt die Visualisierung trotz der verbesserten Skalierungsmöglichkeit, zu visueller Unübersichtlichkeit. Die in dieser Arbeit entwickelte Visualisierung ist hier von Vorteil, da sie besser über die Anzahl der Probanden sowie der Datensatzlänge skaliert. Außerdem ist anzumerken, dass der Bezug zum Stimulus gänzlich fehlt. Dieses Problem tritt in dem Lösungsansatz dieser Arbeit auch nicht auf, da Stimulus und Gaze-Daten kompakt gemeinsam dargestellt werden.

3.1.3 ISeeCube : Visual Analysis of Gaze Data For Video

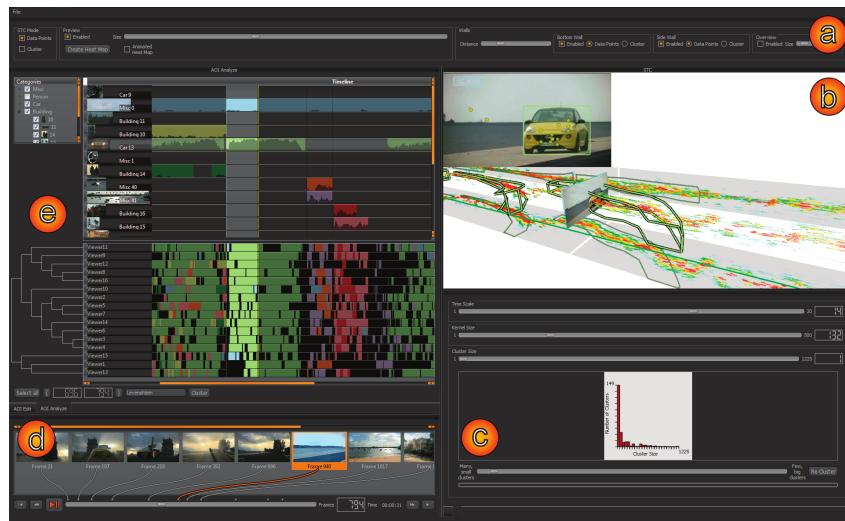


Abbildung 3.2: Die wesentlichen Komponenten von ISeeCube. a) Einstellung der STC-spezifischen Parameter b) Die eigentliche STC-Visualisierung. Die Videoansicht befindet sich oben links. c) Weitere STC-spezifische Parameter. d) Videokontrollelemente e) Die AOIs werden in der AOI-Timeline dargestellt. Unterhalb der AOI-Timeline sind die Scarf-Plots der einzelnen Probanden zu sehen. Abbildung aus [KHW14].

Die Arbeit *ISeeCube : Visual Analysis of Gaze Data For Video* [KHW14] ist konzeptionell sehr ähnlich zum vorher beschriebenen Ansatz. Ebenso wird eine bestehende Visualisierungstechnik um die Möglichkeit des Scanpath-Vergleich erweitert. In der hier betrachteten Visualisierungstechnik handelt es sich jedoch um die sogenannte Space-Time-Cube- Visualisierung (kurz : STC-Visualisierung) . Die STC-Visualisierung (siehe Abbildung 3.2) erlaubt die räumliche Verteilung der zwei-dimensionalen Gaze-Punkte über die Zeit zu betrachten. Somit stellt die STC-Visualisierung die Gaze-Punkte in einem drei-dimensionalen Raum dar (zwei Raumdimensionen + eine zeitliche Dimension). Um das Blickverhalten einzelner Probanden besser

visualisieren zu können, wird die sogenannte *Scarf-Plot*-Visualisierung verwendet. Ein Scarf-Plot gibt zu jedem Zeitpunkt an, auf welches AOI der Proband gerade seine Aufmerksamkeit gerichtet hat. Die Notwendigkeit von zwei Visualisierungstechniken macht deutlich, dass beide isoliert betrachtet, Schwächen aufweisen. Die in dieser Arbeit entwickelten Visualisierung ist hier im Vorteil. Sie erlaubt das Blickverhalten mehrerer Probanden gemeinsam darzustellen und gleichzeitig ermöglicht sie eine explorative Analyse des Blickverhaltens, um (Blick)-Bereiche von Interesse zu finden.

Um die Scanpaths in ISeeCube auf Ähnlichkeiten zu untersuchen, kann auf Grundlage des ausgewählten Zeitbereichs, ein hierarchisches Clustering vorgenommen werden. Dabei werden dem Anwender verschiedene Ähnlichkeitsmaße zur Verfügung gestellt. Das Ergebnis des Clusterings wird als Dendrogramm visualisiert. In dieser Arbeit wird ein ganz ähnlicher Ansatz verwendet. Auch hier ist die Auswahl eines bestimmten Datenbereichs möglich, um darauf eine hierarchische Clusteranalyse durchzuführen. In ISeeCube ist jedoch die Auswahl der Ähnlichkeitsmaße auf Scanpath-Maße beschränkt. In dieser Arbeit werden hingegen auch Trajektorie- und Bildmaße betrachtet. Außerdem ist zu sehen, dass die Ergebnisse des Clustering in ISeeCube nicht miteinander verglichen werden können. Es wird stets nur das Dendrogramm zum zuletzt berechneten Clustering angezeigt. In dieser Arbeit wird eine Möglichkeit vorgestellt, wie die erzeugten Clusterings in Kontext zueinander gesetzt werden können. Dies wird sich insbesondere beim Vergleich von unterschiedlichen Ähnlichkeitsmaßen als hilfreich erweisen.

3.2 Arbeiten mit punkt-basierten Visualisierungstechniken

Das Problem der AOI-basierten Ansätze, ist die Notwendigkeit diese vorher definieren zu müssen. Dies kann einen nicht zu vernachlässigbaren Aufwand darstellen. Aus diesem Grund ist es sinnvoll Arbeiten zu betrachten, welche auf punkt-basierten Visualisierungstechniken beruhen. Davon werden zwei im Folgenden vorgestellt. Eine davon ist die Slit-Scan-Visualisierungstechnik, auf welcher diese Arbeit beruht.

3.2.1 Gaze Stripes: Image-Based Visualization of Eye Tracking Data

Die *Gaze Stripes* Visualisierung [KHH+16b] ist eine horizontale Aneinanderreihung von Bilddaten, welche um die Gaze-Punkte herum angeordnet sind (siehe Abbildung 3.3). Unter Verwendung von sogenannten *Thumbnails*¹ können die verwendeten Bilddaten in geringer Größe dargestellt werden, was die Skalierbarkeit bezüglich der Datensatzlänge verbessert. Problem der

¹Minibild, oder auch Miniaturbild genannt.

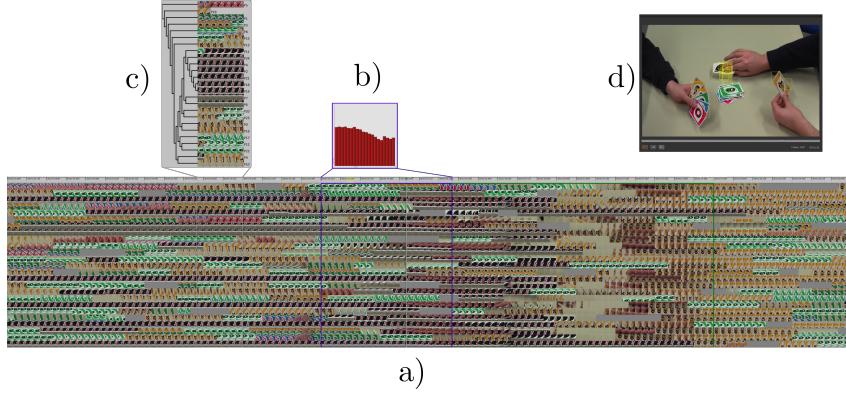


Abbildung 3.3: Die wesentlichen Komponenten der Gaze-Stripes-Visualisierung. a) Gaze-Stripes von mehreren Probanden. b) Interpretationshilfe für einen ausgewählten Zeitbereich. c) Visualisierung eines hierarchischen Clusterings mittels einer Dendrogramms. d) Videoansicht des dynamischen Stimulus. Abbildung aus [KHH+16b].

Gaze-Stripes ist jedoch die mangelnde Möglichkeit die Blickpunkte im Kontext des gesamten Stimulus zu interpretieren. Dasselbe Problem tritt auch im Zusammenhang dieser Arbeit auf. In Gaze-Stripes wird dieses gelöst, indem eine Videoansicht in die interaktive Visualisierung integriert wird. Ein ähnlicher Lösungsansatz, auf Grundlage der Bee-Swarm-Visualisierung, wird in dem Konzept dieser Arbeit vorgestellt. Außerdem ist an dem Ansatz der Gaze-Stripes-Visualisierung anzumerken, dass er die auf Grundlage von Bildähnlichkeiten (zwischen den Thumbnails der Gaze-Stripes), Scanpaths miteinander vergleicht. Damit ist die Definition von AOIs an keiner Stelle dieser Visualisierung notwendig. Ein ähnlicher Ansatz wird in dieser Arbeit verfolgt. Neben Bildähnlichkeiten werden jedoch außerdem Trajektorie-Maße betrachtet, da sie ebenso keine AOIs erfordern.

Die weiteren Vorteile der Gaze-Stripes-Visualisierung liegen in (a) Der direkten Repräsentation der Zeit: Jeder Blickpunkt wird in einer Zeitlinie nacheinander dargestellt - (b) Der direkten Repräsentation des Kontexts: Die Thumbnails erlauben den direkten Bezug zum Stimulus, über Thumbnails - sowie (c) Der direkten Repräsentation von individuellen Probanden: Für jeden Probanden wird ein eigenständiger Gaze-Stripe erzeugt. Es ist klar zu sehen, dass das Kriterium b) von der PSP-Visualisierung nicht erfüllt wird. Betrachten wir die STC-Visualisierung, so erfüllt diese nicht das Kriterium c). Um dieses Problem in ISeeCube zu lösen, mussten zusätzliche Visualisierungen eingeführt werden. Im Beispiel von Gaze-Stripes kann man jedoch sehen, dass eine Visualisierung ausreicht, um diese Probleme adäquat zu adressieren.

Ein Problem der Gaze-Stripes-Visualisierung ist, dass sie sehr lang werden können, sodass nur kleine Zeitbereiche betrachtet überblickbar sind, oder hohe Zoomraten benötigt werden. Außerdem erschweren gleich aussehende Elemente in den Gaze-Stripes die visuelle Analyse, was zusätzliche Interpretationshilfen notwendig macht.

3.2.2 Visualizing eye tracking data with Gaze-Guided Slit-Scans

Der Ansatz *Slit-Scans* aus Videos zu erzeugen wird u.a von Nunes et al. [NGCG06] beschrieben. Hierbei wird ein Ausschnitt des Videos zu jedem Zeitpunkt (aus dem aktuellen Frame) ausgeschnitten und nacheinander aneinandergereiht. Das Resultat ist eine kompakte Bild-Repräsentation eines bestimmten Teils aus einem Video. Die Slit-Scan-Visualisierungstechnik von Kurzhals et al. die Darstellung eines Slit-Scans, um ein Profil des Blickverhaltens eines Probanden zu erzeugen. In vielerlei Hinsicht ist die Slit-Scan-Visualisierung [KW16] mit der Gaze-Stripes-Visualisierung vergleichbar. So erlauben beiden Profile des Blickverhaltens von Probanden zu erstellen. Dabei werden der Stimulus gemeinsam mit den Gaze-Daten der Probanden in zusammengeführter Form dargestellt. Bei der Slit-Scans fällt dies aber weitaus kompakter aus, da hier nur einzelnen Streifen des Stimulus aneinandergereiht werden. Dies ermöglicht eine bessere Skalierung, insbesondere bei zeitlich langen dynamischen Stimuli.

Dennoch ist die Slit-Scan-Visualisierung auch mit einigen Problemen verbunden. So ist es bisher nicht möglich das Blickverhalten mehrerer Probanden gleichzeitig zu analysieren. Außerdem fehlt die Integration von Ähnlichkeitsmaßen, die eine automatisierte Vergleichsanalyse von Scanpaths erlauben. Insbesondere bei der Slit-Scan-Visualisierungstechnik erweist sich diese Problemstellung jedoch als besonders interessant, da Slit-Scans eine direkte visuelle Repräsentation eines Scanpaths ermöglichen. Damit ist ein Vergleich auf Basis der Slit-Scans mittels Ähnlichkeitsmaßen basierend auf Bildähnlichkeiten denkbar. Da die Visualisierung zudem nicht auf AOIs basiert, kann die Eignung von Trajektorie-basierten Ähnlichkeitsmaßen angenommen werden.

Das Ziel dieser Arbeit ist deshalb die Slit-Scan-Visualisierungstechnik um die genannten Punkte zu erweitern. Dies soll, wie in den behandelten verwandten Arbeiten, in Form einer interaktiven Visualisierung geschehen. Die dort verwendeten Konzepte, wie die hierarchische Clusteranalyse, werden sich deshalb ebenso im Konzept dieser Arbeit wiederfinden.

4 Aufgabenstellung und Konzept

In diesem Kapitel werden die wesentlichen Aspekte des entwickelten Konzepts vorgestellt. Die Aufgabenstellung (Abschnitt 4.1) soll dabei zunächst aufzeigen, welche Anforderungen an das Konzept gestellt werden. Danach folgt der eigentliche Konzeptteil, welcher sich in drei Abschnitte untergliedern lässt.

1. Das Grund-Konzept (Abschnitt 4.2) stellt die Slit-Scan-Visualisierungstechnik in dieser Arbeit dar. In diesem Zusammenhang werden Problemstellungen erörtert, die bei der Verwendung dieser Visualisierungstechnik auftreten können. Um die erkannten Probleme zu bewältigen, werden zusätzliche Lösungsansätze präsentiert. Dies umfassen u.a Interpretationshilfen, welche sich im später vorgestellten Prototypen wiederfinden werden.
2. Der zweite Teil des Konzeptteils umfasst die Erweiterung der Slit-Scan-Visualisierungstechnik um die Möglichkeit der Ähnlichkeitsbestimmung. Hierfür werden wesentliche Fragestellungen geklärt, zum Beispiel welche Ähnlichkeitsmaße (Abschnitt 4.4) für diese Aufgabe in Frage kommen. Außerdem wird erklärt, wie die Ergebnisse der Ähnlichkeitsmaße geeignet dargestellt und visualisiert werden können (Abschnitt 4.5).
3. Der Abschnitt 4.6 vereint die beiden vorher genannten Teil-Konzepte zu einem Gesamt-Konzept, welches als Spezifikation für eine interaktive Visualisierung dient. Diese wird in Form eines Prototypen im Implementierungskapitel 5 vorgestellt.

4.1 Die Aufgabenstellung

Das Ziel dieser Bachelorarbeit ist die Erweiterung der Slit-Scan-Visualisierungstechnik, um die Möglichkeit das Blickverhalten mehrerer Probanden miteinander vergleichen zu können. Hierfür werden Ähnlichkeitsmaße aus den Kategorien Trajektorien-, Scanpath- sowie Bildähnlichkeiten ausgewählt. Hierbei muss zum einen untersucht werden, welche Ähnlichkeitsmaße für diese Aufgabe in Frage kommen und wie diese kohärent mit der Slit-Scan-Visualisierungstechnik vereint werden können. Dafür wird im Rahmen dieser Bachelorarbeit ein Gesamt-Konzept ausgearbeitet, welches als Spezifikation für eine interaktive Visualisierung dient. Mit der interaktiven Visualisierung soll am Ende die untersucht werden, inwiefern die Resultate der Ähnlichkeitsmaße mit der visuellen Interpretation (über die Slit-Scans) zusammenpassen.

4.2 Die Slit-Scan Visualisierung

Die Slit-Scan-Visualisierung [KW16] hat gegenüber anderen Visualisierungstechniken einige Vorteile, die sie insbesondere bei der Vergleichsanalyse von Blickverhalten interessant macht. Im Kapitel 3 kamen diese, bei der Gegenüberstellung zu den Visualisierungstechniken der verwandten Arbeiten, zur Ansprache. Im Folgenden werden sie nochmal erläutert.

- Die Slit-Scans erlauben eine kompakte Darstellung von Stimulus und Augendaten. Dies erweist sich insbesondere bei der Verwendung von dynamischen Stimuli von Vorteil.
- Es werden keine Areas-Of-Interests vorausgesetzt, da es sich um eine punkt-basierte Visualisierungstechnik handelt.
- Die Untersuchung des Blickverhaltens ist verhältnismäßig einfach, da die Slit-Scans das Blickverhalten von Probanden im Kontext des Stimulus direkt wiedergeben.

Aus diesem Grund ist die Integration dieser Visualisierungstechnik in das Konzept dieser Arbeit sinnvoll. Bevor diese Integration jedoch stattfinden kann, werden zunächst die technischen Details zur Erzeugung von Slit-Scans geklärt. Diese wurden von Kurzhals et al. [KW16] übernommen. Danach werden Probleme und Herausforderungen erläutert, die im Zusammenhang mit der Slit-Scan-Visualisierung auftreten.

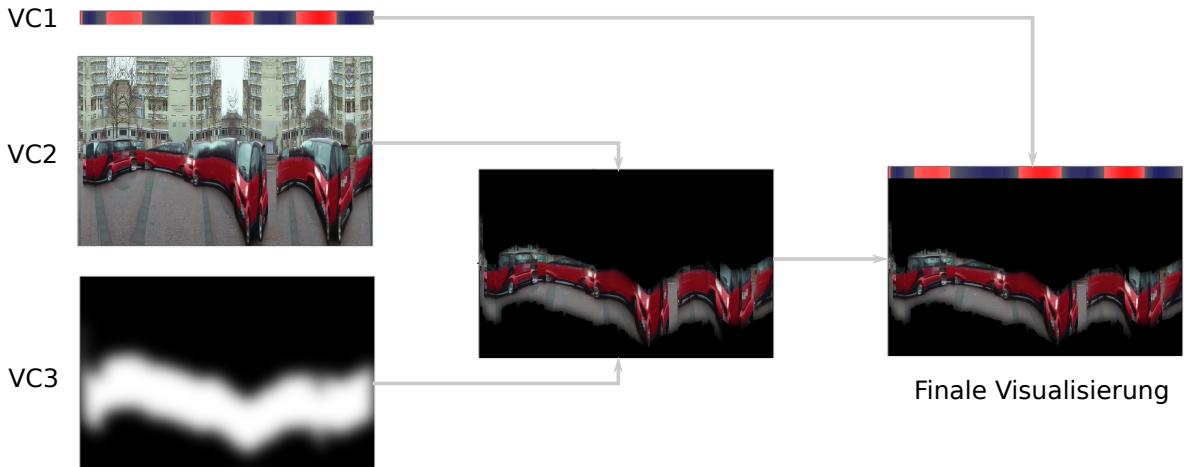


Abbildung 4.1: Die drei visuellen Komponenten der Slit-Scan-Visualisierungstechnik : Spektrogramm (VC1), Slit-Scan (VC2) sowie der Fokus-Map (VC3).

4.2.1 Technische Details

Die Visualisierung basiert auf zwei Datenquellen, einerseits dem Stimulus $S(x_s, y_s, t)$ sowie einer Menge von Blickpunkten $G(x_g, y_g)$ mit $(x_s, y_s), (x_g, y_g) \in n \times m$, der räumlichen Dimen-

sion des Stimulus. Im Wesentlichen besteht die Visualisierung aus drei visuellen Komponenten, die im Folgenden erklärt werden.

Spektrogramm Die absolute x-Koordinate $x_g(t)$ des Blickpunkts zum Zeitpunkt t wird als horizontaler Farbstreifen dargestellt. Die ermittelten Farbstreifen werden horizontal aneinander angefügt, was das Spektrogramm (VC1) ergibt.

Slit-Scan Eine Scanline gibt an, welcher Ausschnitt des Stimulus entnommen werden soll. Die horizontale Position der Scanline ist durch die x-Koordinate $x_g(t)$ des Blickpunkts zum Zeitpunkt t bestimmt. Die extrahierten Ausschnitte werden horizontal aneinander angefügt, was letztlich den Slit-Scan (VC2) erzeugt.

Fokus-Map Um die y-Koordinate $y_g(t)$ des Blickpunkts zum Zeitpunkt t wird ein allmählich abfallender heller Bereich erzeugt. Die Breite des Bereichs ist dabei auf 300 Pixel festgelegt. Bei dieser Breite sind, die vom Probanden fokussierten Objekte, im Stimulus gut identifizierbar. Dieser Wert wurde experimentell ermittelt.

Die Abbildung 4.1 zeigt, wie aus den beschriebenen visuellen Komponenten die finale Visualisierung entsteht. Das Beispiel visualisiert dabei den Blickverlauf einer Person, die ein Video eines fahrenden Autos betrachtet. Es ist deutlich am Slit-Scan (VC2) zu sehen, dass die Person über den gesamten Zeitraum des Videos das fahrende rote Auto betrachtet. Der Slit-Scan vermittelt jedoch nur den Bildinhalt an der x-Position. Um die y-Koordinate ebenso in die Visualisierung miteinzubeziehen, wird die Scanline vertikal um den Blickpunkt allmählich ausgeblendet. Die Fokus-Map (VC3) ist dabei die visuelle Komponente, die diesen Ausblendungseffekt, beispielsweise mit einer Anpassung des Alpha-Kanals erzeugt. Das Spektrogramm (VC1) ist insofern hilfreich, da darüber die absolute Position der x-Koordinate visuell vermittelt werden kann. Diese visuelle Komponente erleichtert zudem die Feststellung von Ähnlichkeiten, bzw. Unterschieden im Blickverhalten zwischen Probanden.

4.2.2 Probleme und Herausforderungen

Trotz der vielen Vorteile der Slit-Scan-Visualisierungstechnik, weißt auch sie einige Schwächen auf, welche die Betrachtung einiger Problemstellungen notwendig macht. Damit die Integration der Slit-Scan-Visualisierungstechnik in ein Gesamtkonzept gelingen kann, werden zusätzlich Lösungsansätze für die genannten Problemstellungen präsentiert.

Skalierung nach Datensatzlänge

Die Slit-Scan-Visualisierung extrahiert für jeden Gaze-Punkt in Regel aus dem Stimulus einen ein-Pixel breiten Streifen und fügt diese (horizontal) zu einem Bild zusammen. Bei einer kleinen Menge von 2000 Gaze-Punkten (was bei einer Sampling-Rate von 50 Hz, etwa ein Video von 40 Sekunden entspricht), kann der dazugehörige Slit-Scan bereits nicht mehr vollständig

4 Aufgabenstellung und Konzept

auf einem Full-HD-Bildschirm (1920 x 1080) angezeigt werden. Hierbei bieten sich folgende Lösungsansätze an.

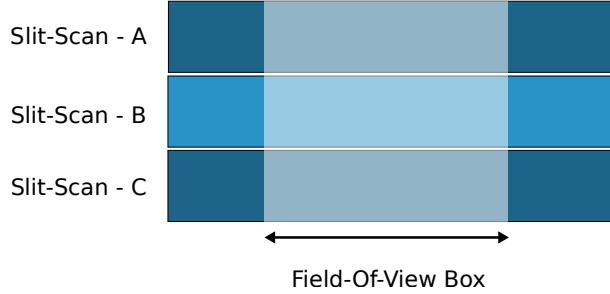


Abbildung 4.2: Die Field-Of-View-Box ist frei beweglich auf der horizontalen wie auch vertikalen Achse. Dies ermöglicht dem Benutzer beliebige Bereiche der Slit-Scans zu betrachten.

- Ein Ansatz wird in [KHH+16a] im Zusammenhang mit der Gaze-Stripes Visualisierung genannt. Die Autoren geben an, dass aufeinander folgende Bild-Elemente, die ähnlich zueinander sind, zusammengefasst werden können. Übertragen auf die Slit-Scans, könnten ähnlich aussehende Slits ebenso zusammengefasst werden. Dadurch würden die Slit-Scans kürzer werden. Jedoch wird auch genannt, dass damit die Informationen über die Dauer verloren gehen. Dies würde den Vergleich von mehreren Probanden unter Verwendung der Slit-Scans erschweren.
- Ein gängiger, wenn auch nicht perfekter Lösungsansatz ist die Verwendung einer Field-Of-View-Box, welche erlaubt immer einen bestimmten Ausschnitt des Slit-Scans zu sehen (siehe Abbildung 4.2). Mithilfe einer Scroll-Leiste [MSI13] als Bedienelement, kann die dabei Position der Field-Of-View-Box dynamisch vom Benutzer angepasst werden.

Skalierung nach Probanden

Die Slit-Scan-Visualisierung ist eine Technik, die für jeden Probanden ein eigenes visuelles Element, den Slit-Scan, erzeugt. Um mehrere Probanden mit der Slit-Scan-Visualisierung auf ähnliches Blickverhalten untersuchen zu können, muss eine Möglichkeit gefunden werden, mehrere Slit-Scans gleichzeitig darzustellen. Da bereits aus dem vorherigen Problem eine horizontale Field-of-View Box (Abbildung 4.2) vorgeschlagen wurde, ist eine Erweiterung dieser, um die vertikale Dimension sinnvoll. Somit kann der Benutzer mittels einer vertikalen Scrollbar die Slit-Scans mehrerer Probanden untersuchen und mit der horizontalen Scrollbar die verschiedenen Bereiche der Slit-Scans betrachten.

Overview der Slit-Scans

Die Field-Of-View Box behebt das Problem, den gesamten Slit-Scan-Bereich überblicken zu können. Bevor man bestimmte Bereiche mit der Field-Of-View-Box analysiert, ist man davor meist daran interessiert einen gesamten Überblick über die Slit-Scans zu bekommen. Dabei bieten sich folgende Ansätze als Lösungsmöglichkeiten an.

Mini-Map Die Slit-Scans der Probanden können in einer vereinfachten Ansicht dargestellt werden. Denkbar ist beispielsweise die Spektrogramme in einer kompakten Form darzustellen, sodass mithilfe dieser ein erster Überblick gewonnen werden kann.

Zooming Ein klassischer Ansatz ist es, den Zoom-Faktor der Slit-Scan-Ansicht anzupassen, sodass ein gesamter Überblick gewonnen werden kann (über die Senkung des Zoom-Faktors). Außerdem besteht über die Erhöhung des Zoom-Faktors zudem die Möglichkeit Details in der Slit-Scans zu betrachten.

Der Ansatz der Mini-Map ist vielversprechend, wird aber in dieser Arbeit nicht näher behandelt. Eine Umsetzung dieses Ansatzes wird Gegenstand zukünftiger Arbeit sein. Aus diesem Grund wird der klassische 'Zooming'-Ansatz verwendet, da er auch einfacher umzusetzen ist.

Rückkopplung zum Stimulus

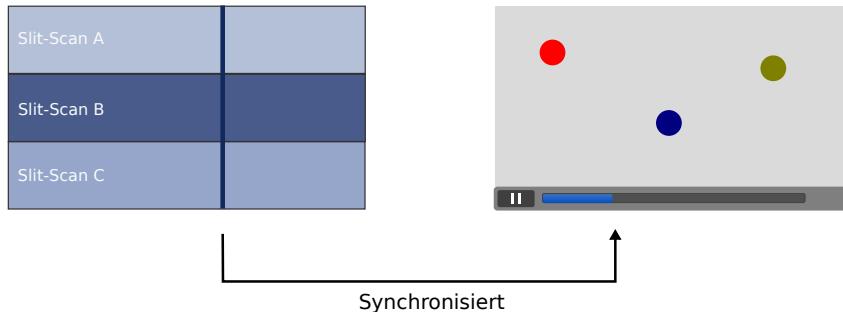


Abbildung 4.3: Zeitliche Synchronisierung zwischen der Slit-Scan-Visualisierung und der Bee-Swarm-Visualisierung mittels einer Timeline.

In Abbildung 4.1 kann aus der Slit-Scan-Visualisierung gut abgelesen werden, dass es sich dem betrachteten Objekt um ein rotes Auto handeln muss. Dies ist jedoch nicht immer der Fall, insbesondere wenn das Blickverhalten einer Person zeitlich stark variiert. Somit ist nicht immer gewährleistet, dass die visuellen Elemente des Stimulus in den Slit-Scans einwandfrei wieder erkennbar sind. Eine globale Einordnung des gesehenen, in dem Kontext des Stimulus, ist zudem nicht möglich. Es handelt sich hier offenbar um eine Schwäche der Slit-Scan-Visualisierung. Ein naheliegender Ansatz zur Lösung dieses Problems, ist der Einsatz einer weiteren Visualisierungstechnik. Im Folgenden werden einige von diesen nach Blascheck et. al [BKR+17] beschrieben.

Heatmap Eine Heatmap-Visualisierung erlaubt die räumliche Verteilung der Blickpunkte aller Probanden zu visualisieren. Die zeitliche Dimension der Scanpaths geht jedoch verloren.

Gaze-Plot Der Gaze-Plot erlaubt die Scanpaths der Probanden relativ direkt visuell darzustellen. Die Gaze-Punkte werden als Kreise visualisiert und die Sakkaden als Linien zwischen diesen. Vor allem bei dynamischen Stimuli wird diese Form der Darstellung aber schnell unübersichtlich.

Bee-Swarm Anders als beim Gaze-Plot, stellt die Bee-Swarm Visualisierung nur die Gaze-Punkte der Probanden als Kreise dar. Außerdem eignet sie sich vor allem für dynamische Stimuli, da zur jedem Bild (des Videos) nur die relevanten Gaze-Punkte angezeigt werden.

Die eben genannten Visualisierungen können dabei einfach mit dem Stimulus kombiniert werden. Hinsichtlich der Verwendung von dynamischen Stimuli erweist sich die Bee-Swarm-Visualisierung als besonders geeignet, da sie eine wesentlich übersichtlichere Visualisierung der Gaze-Punkte ermöglicht.

4.3 Daten und Repräsentationen

Nachdem die notwendigen Erweiterungen der Slit-Scan Visualisierung erörtert wurden, folgen nun die Konzepte zur Ähnlichkeitsbestimmung. In den Anforderungen wurde bereits genannt, dass Trajektorie- Scanpath sowie Bildmaße zum Einsatz kommen, um das Blickverhalten zwischen Probanden zu analysieren. In diesem Zusammenhang stellt sich die Frage, in welcher Form die Eye-Tracking-Daten repräsentiert werden müssen, sodass der Einsatz dieser Maße möglich ist. Sie können außerdem einen nicht zu vernachlässigenden Einfluss auf das Ergebnis dieser darstellen. Deshalb wird im Folgenden, auf Basis der verfügbaren Daten (Fixationen, Gaze-Punkte sowie Fixationsdauern) geklärt, wie sie in dieser Arbeit definiert sind.

Scanpath In dieser Arbeit wird die String-basierte Repräsentation eines Scanpaths verwendet. Ein AOI-String wird zusammen mit den AOI-Definitionen aus den Fixationen erzeugt. Hierfür wird jede Fixation mittels der AOI-Definitionen in ein Zeichen aus dem Alphabet Σ konvertiert. Eine wichtige Frage in diesem Zusammenhang ist, ob Fixationsdauern ignoriert werden können. Sollen sie miteinbezogen werden, so ist es notwendig die einzelnen Zeichen in dem AOI-String entsprechend der Fixationsdauern zu replizieren (Temporal-Binning) [CMTG10]. In dieser Arbeit werden beide Varianten betrachtet.

Trajektorie Ist die Trajektorie-basierte Repräsentation des Blickverhaltens. Hier stellt sich die Frage, ob Trajektorien aus Gaze-Punkten, oder Fixationen bestehen sollen. Da im Vorfeld nur wage Vermutungen über die Unterschiede angestellt werden können, ist eine Betrachtung beider Varianten auch hier sinnvoll.

Bildebene Die Slit-Scan Visualisierung (Abschnitt 4.2) eignet sich gut um das Blickverhalten von Probanden zu untersuchen. Dieser erlaubt auf visueller Basis genau und kompakt den Scanpath eines Probanden abzubilden. Aus diesem Grund werden die Slit-Scans

nicht nur zur visuellen Darstellung des Blickverhaltens verwendet, sondern auch zum Ähnlichkeitsvergleichs auf Bildebene. Dafür werden im Rahmen dieser Arbeit sowohl Histogramm-basierte Verfahren, wie auch Bildsequenz-Verfahren betrachtet.

4.4 Die Auswahl von Ähnlichkeitsmaßen

Auflistung der Distanzmaße		
Name	Kategorie	Repräsentation
Levenshtein-Distanz	Scanpath	AOI-String (\pm TB.)
Needleman-Wunsch-Algorithmus	Scanpath	AOI-String (\pm TB.)
Dynamic-Time-Warping	Trajektorie	Gaze und Fixation
Frechet-Distanz	Trajektorie	Gaze und Fixation
Chi-Quadrat-Methode	Bildebene	Histogramm
Bhattacharyya-Distanz	Bildebene	Histogramm
Earth-Mover's-Distance	Bildebene	Histogramm
Squared-Differences	Bildebene	Bildsequenz
Kosinus-Maß	Bildebene	Bildsequenz
Korrelations-Maß	Bildebene	Bildsequenz

Tabelle 4.1: Auflistung aller in dieser Arbeit verwendeten Distanzmaße mit deren zugrundeliegenden Repräsentationen. \pm TB. steht für zwei Varianten : Mit und ohne Temporal-Binning.

Nachdem die unterschiedlichen Repräsentationen vorgestellt wurden, wird nun untersucht welche Ähnlichkeitsmaße auf diesen in Frage kommen. In jeder der betrachteten Kategorien : Scanpath, Trajektorie und Bildebene gibt es jedoch eine Vielzahl an unterschiedlichen Verfahren, die verschiedene Stärken und Schwächen in Bezug auf bestimmte Anwendungsfälle aufweisen. Ein Verwendung aller Distanzmaße ist aufgrund der großen Anzahl nicht möglich, weshalb ein Kriterium zur Auswahl der Distanzmaße getroffen werden muss. Ein für diese Arbeit als sinnvoll empfundenes Kriterium, ist ein möglichst breites Spektrum an verfügbaren Maßen abzudecken. Die im Grundlagenkapitel vorgestellten Taxonomien bieten dafür eine gute Grundlage, da diese eine Unterteilung von Ähnlichkeitsmaßen, bezüglich unterschiedlicher Merkmale ermöglichen. In Tabelle 4.1 ist eine Auflistung aller in dieser Arbeit verwendeten Distanzmaße zu finden. Im Folgenden wird diese Wahl begründet.

Auswahl von Scanpath-Maßen

In Kapitel 2 wurden bereits die verschiedenen Kategorien von Scanpath-Maßen eingeführt. Es wurde dabei ersichtlich, dass es unterschiedliche Möglichkeiten zur Repräsentation von

Scanpaths gibt. Die wohl bekannteste ist die String-Repräsentation. Die populärste Methode unter diesen ist die Levenshtein-Distanz. Brandt und Stark stellten 1997 erstmals die Möglichkeit vor, Scanpaths auf Grundlage der bekannten Levenshtein-Distanz [Lev66] miteinander zu vergleichen [BS97]. Seitdem wurde sie in einer Vielzahl von Experimenten bereits erfolgreich als Distanzmaß zwischen Scanpaths verwendet [HB10]. Der große Vorteil dieser Methode ist, dass sie sehr gut die intuitive Vorstellung einer Scanpath-Distanz abbildet [AAKB15]. Die Schwächen der Levenshtein-Distanz wurde jedoch über die Jahre auch deutlich. So ist es nicht möglich, Ähnlichkeiten zwischen AOIs in das Ähnlichkeitsmaß einfließen zu lassen. Der Needleman-Wunsch-Algorithmus [CMTG10] versucht diese Probleme mittels der individuellen Anpassung der Editkosten zu umgehen. Im Bereich des Scanpath-Vergleichs hat sie deshalb ebenso an Popularität erlangt.

Auswahl von Trajektorie-Maßen

In Kapitel 2 wurde auch eine Taxonomie zur Einordnung verschiedener Trajektorie-Maße vorgestellt. Dabei wurde zwischen räumlich-zeitlichen Ähnlichkeitsmaßen sowie räumlichen Ähnlichkeitsmaßen unterschieden. Um ein möglichst großes Spektrum an unterschiedlichen Maßen abzudecken, wird jeweils ein Maß aus diesen Kategorien ausgewählt.

- Unter den zeitlich-räumlichen Maßen sind die Maße : Longest-Common-Subsequence (LCSS), Dynamic-Time-Warping (DTW), Edit-Distance-On-Real-Sequences (EDR) sowie Edit-Distance-With-Real-Penalty (ERP) denkbar [MSME15]. Bei allen handelt es sich um zeitreihen-basierte Vergleichsverfahren auf Trajektorien. Die Verfahren LCSS und EDR erweisen sich aus einem bestimmten Grund jedoch als nicht geeignet. So sind bei beiden bestimmte Parameter¹ im Vorfeld zu bestimmen. Um gute Ergebnisse zu erzielen, ist dabei die korrekte Wahl dieser Parameter wesentlich. Da die Bestimmung der korrekten Parameter sehr aufwändig sein kann und zudem domänenspezifisches Wissen erfordert (welches im Rahmen des Scanpaths-Vergleichs bisher nicht existiert), werden daher diese Maße in dieser Arbeit nicht weiter behandelt. Im direkten Vergleich zwischen DTW sowie ERP ergeben sich bezüglich der Eigenschaften keine großen Unterschiede. Aufgrund der größeren Popularität des DTW-Verfahrens wird dieses aber gegenüber dem ERP-Verfahren vorgezogen.
- Unter den räumlichen Maßen zählen die Euklidische-Distanz, die Hausdorff-Distanz sowie die Frechet-Distanz zu den drei bekanntesten. Eine direkte Gegenüberstellung dieser Methoden im Rahmen des Vergleichs von Trajektorien konnte jedoch nicht gefunden werden. Es ist jedoch bekannt, dass die Frechet-Distanz in bestimmten Anwendungsfällen besser Ergebnisse liefert, als andere etablierte Verfahren [SAW15].

¹Es handelt sich hier um einen Schwellenwert-Parameter (engl. Threshold-Parameter)

Auswahl von Bild-Maßen

Aus dem Grundlagenkapitel (Kapitel 2) wurden zwei unterschiedliche Möglichkeiten zur Repräsentation von Bilddaten vorgestellt. Einerseits der Histogramm-basierte Ansatz, welcher Bilder als Histogramme dargestellt und andererseits der Ansatz, Bilder als Sequenzen aus Pixeln darzustellen. In dieser Arbeit werden Methoden beider Ansätze ausgewählt. Grund dafür ist, dass beide Repräsentationen durchaus unterschiedliche Eigenschaften vorweisen. Im Folgenden werden beide Ansätze kurz gegenübergestellt, um deren Unterschiede sowie daraus resultierenden Vor-und Nachteilen zu erläutern [Soe15].

- Histogramme vernachlässigen, im Gegensatz zu Bildsequenzen, die Position der einzelnen Bildpunkte. Es wird lediglich die Verteilung der Grauwerte/Farbwerte modelliert. Somit können fälschlicherweise zwei unterschiedlich aussehende Bilder als ähnlich erkannt werden. Diese Eigenschaft ist jedoch nicht nur von Nachteil. Aufgrund dessen sind Histogramme invariant gegenüber bestimmten Bildtransformationen, wie Rotation oder Spiegelung.
- Bildsequenz-Maße sind in der Regel nicht robust gegenüber kleinen Änderungen. Insbesondere Bildtransformationen können das Ergebnis negativ beeinflussen.

Aus den eben genannten Gründen ist es sinnvoll, sowohl Histogramm-basierte Maße zu verwenden, als auch Maße auf Bildsequenzen.

Auswahl von Histogramm-Maßen

Wie bereits im Grundlagenkapitel (Kapitel 2) erwähnt, lassen sich Distanzmaße auf Histogrammen in wahrscheinlichkeits-basierte und vektor-basierte Kategorien untergliedern. Aus jeder der genannten Kategorien wird im Folgenden ein Distanzmaß ausgewählt.

- Im Kontext des Bildvergleichs weisen Cross-Bin-Verfahren, wie beispielsweise die Earth-Movers-Distance, einige vorteilhafte Eigenschaften gegenüber Bin-By-Bin Maßen auf [RTG00]. Dies ist damit begründet, dass sie keine Annahmen über die Menge der Klassen machen und somit in der Regel robuster als Bin-By-Bin Maße sind [PW10]. Da die Earth-Mover's-Distance ein klassischer Vertreter der Cross-Bin-Verfahren ist, wird sie in dieser Arbeit verwendet.
- Unter den Bin-To-Bin-Maßen sowie den wahrscheinlichkeits-basierten Distanzmaßen die erweist sich die Auswahl weitaus unübersichtlicher. In [Cha08] sind über 50 verschiedene Maße definiert, die diesen Kategorien angehören. In [ZL03] wird u.a die Überlegenheit von χ^2 Statistik basierten Maßen festgestellt, weshalb eine Verwendung dieses Maßes im Rahmen dieser Arbeit sinnvoll ist.

- Unter den wahrscheinlichkeits-basierten Distanzmaßen erweist sich beispielsweise die KL-Divergenz [Cha08] als Vergleichsmaß eher ungeeignet, da sie nicht symmetrisch ist. Dies bedeutet, dass die Distanz zwischen A und B im Allgemeinen nicht dieselbe Distanz wie zwischen B und A ist. Aus diesem Grund ist beispielsweise die Wahl der Bhattacharyya-Distanz [Soe15] sinnvoller. Außerdem ist bekannt, dass die sie im Zusammenhang des Bildvergleichs vielversprechende Ergebnisse liefert [Soe15].

Auswahl von Bildsequenz-Maßen

Die Autoren Goshtasby et al. [Gos12] beschreiben viele Maße, die ein Vergleich auf Bildsequenzen ermöglichen. Eine Taxonomie zu diesen Maßen scheint nicht zu existieren, sodass keine klare Unterscheidung zwischen diesen, nach unterschiedlichen Merkmalen möglich ist. Aus diesem Grund werden in dieser Arbeit Verfahren verwendet, die in diesem Zusammenhang weit verbreitet sind. Darunter die 'Squared-Difference' Methode [Gos12], welche erlaubt die einzelnen (quadratischen) Differenzen zwischen gleichen Bildpunkten zu untersuchen. Sie ist definiert als $\sum_{i=1}^n (x_i - y_i)^2$, wobei x_i, y_i die einzelnen Bildpunkte der Sequenzen $X = (x_1, \dots, x_n)$ und $Y = (y_1, \dots, y_n)$ sind. Eine andere naheliegende, zudem weit verbreitete Möglichkeit ist die lineare Abhängigkeit zwischen den Sequenzen X und Y zu untersuchen. Dafür eignet sich der (Pearson) Korrelationskoeffizient $\rho_{X,Y} = \frac{\text{cov}(X,Y)}{\sigma_X \sigma_Y}$ [Hen11]. Eine weitere gut funktionierende Methode, die zudem sehr ähnlich zur Korrelation ist, betrachtet die beiden Sequenzen X und Y als Vektoren. Der Winkel zwischen den beiden Sequenzen (welcher mit der Kosinus-Funktion berechnet wird) gibt dabei die Ähnlichkeit zwischen diesen an [FHS+05].

4.5 Visualisierungen und Analysekonzepte

Ein wichtiger Bestandteil dieser Arbeit ist die Resultate der Ähnlichkeitsmaße in Kontext der Slit-Scan Visualisierung zu setzen. Eine Herausforderung dabei ist, die Resultate der Ähnlichkeitsmaße visuell geeignet darzustellen. Ein möglicher Ansatz zur Darstellung von Ähnlichkeitswerten ist, diese als Liste von Werten dem Benutzer zu präsentieren. Bei einer kleinen Anzahl von untersuchten Elementen, kann diese Darstellung durchaus sinnvoll sein. Mit zunehmender Anzahl an Elementen, wird diese aber schnell unübersichtlich. Außerdem kann aus einer solchen Darstellung meist nur sehr wenig abgelesen werden und ist deshalb für einen Menschen nur schwer interpretierbar. Es werden also andere, geeignete Ansätze, zur Darstellung von Ähnlichkeitswerten benötigt.

Eine häufig verwendete Data-Mining-Technik ist die hierarchische Clusteranalyse (Hierarchical agglomerative clustering analysis, kurz HAC-Analyse). Die Software *EyePatterns* [WHRK06] hat gezeigt, dass die HAC-Analyse im Rahmen der Scanpath-Vergleichsanalyse ein vielversprechender Ansatz ist. Einer der Gründe dafür ist, dass sie ein sehr anschauliches Daten-Modell für die Ähnlichkeiten zwischen den untersuchten Sequenzen liefern kann. Im Grundlagenkapitel wurde bereits erwähnt, wie das Ergebnis eines hierarchischen Clusterings, in Form eines

Dendrogramms, oder einer Heatmap (Abschnitt 2.6.2) visualisiert werden kann. Für die visuelle Darstellung eines einzelnen Clusterings wird diese Visualisierung immer noch verwendet.

Betrachtet man jedoch mehrere Ähnlichkeitsmaße, wie es in dieser Arbeit der Fall ist, so stellt sich die Frage, wie die Ergebnisse unterschiedlicher HACs miteinander geeignet verglichen werden können. Eine klassische Idee wäre einfach mehrere Dendrogramme, oder mehrere Heatmaps nebeneinander dem Benutzer zu präsentieren. Nachteil davon ist jedoch, dass somit die Aufgabe der Vergleichsanalyse für den Benutzer erschwert wird. Damit der Benutzer von dieser Aufgabe befreit wird, werden in diesem Zusammenhang zwei Konzepte vorgestellt, die in dieser Arbeit entwickelt wurden.

Multi-Dendrogramm Analyse

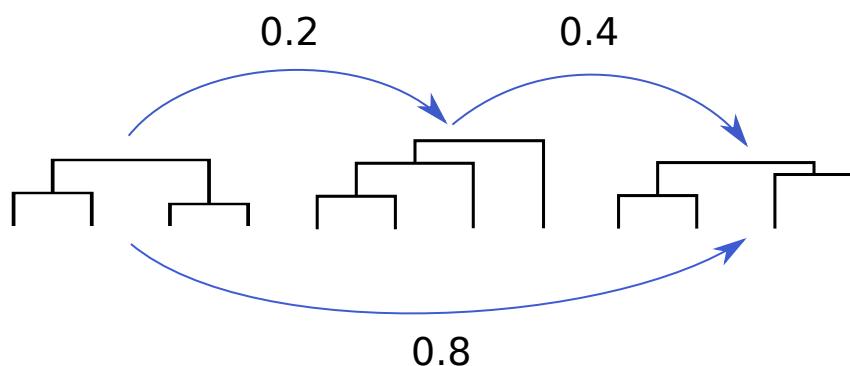


Abbildung 4.4: Schematische Darstellung der Multi-Dendrogramm Analyse. Die Abbildung zeigt die Ähnlichkeiten zwischen den Clusterings. Dies können beispielsweise mit der cophentischen Korrelation berechnet werden (Abschnitt 2.6.3).

Ein wesentliches Grundkonzept zur Vergleichsanalyse von hierarchischen Clusterings ist die Definition eines Distanzmaßes zwischen diesen. Das Distanzmaß soll dabei angeben, wie unterschiedlich zwei Clustering-Ergebnisse zueinander sind. Als Distanzmaße ist beispielsweise die cophentische Korrelation aus dem Grundlagenteil (Abschnitt 2.6.3) denkbar. Dabei ist es möglich auf Grundlage dieses Distanzmaßes Visualisierungen zu entwickeln, die den Vergleich von Clusterings vereinfachen. Ein Beispiel ist hier das Force-Directed-Layout, oder die hierarchische Clusteringanalyse von Clusterings [LKS+15]. Ein Grund weshalb einer dieser Ansätze nicht näher verfolgt wird, ist die Tatsache eine Integration dieser Techniken im Rahmen dieser Arbeit zu aufwändig ist. Daher wird auf Grundlage der cophenetischen Korrelation ein eigenständiges Konzept zur Vergleichsanalyse von hierarchischen Clusterings entwickelt. Der Ansatz dazu ist schematisch in Abbildung 4.4 dargestellt. Die Ansicht besteht dabei aus Dendrogrammen, welche die entsprechenden Clusterings repräsentieren. Die Pfeile stellen die Ähnlichkeiten zwischen den beteiligten Clusterings dar. Sie sind mit Werten zwischen null (für stark verschiedene Clusterings) und eins (für identische Clusterings) annotiert.

Multi-Heatmap Visualisierung

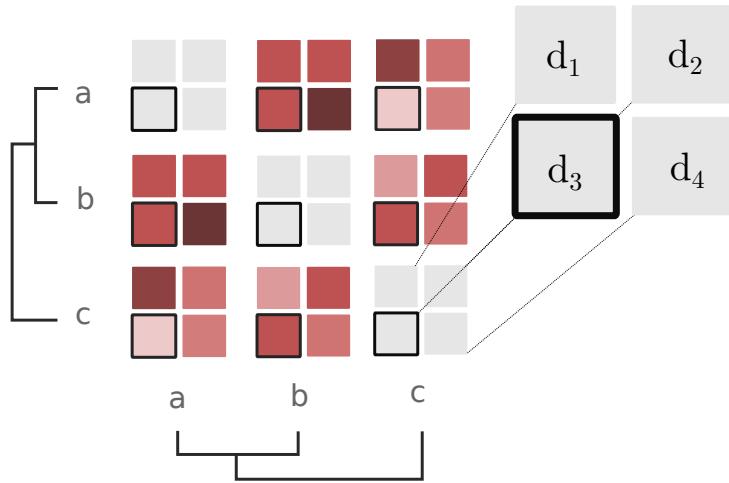


Abbildung 4.5: Schematische Darstellung einer (Multi)-Heatmap, die vier Distanzmatrizen gleichzeitig visualisiert. Das dargestellte Dendrogramm gehört zum Distanzmaß d_3 .

Die Multi-Dendrogramm Analyse hat einen bedeutenden Nachteil. Sie erlaubt keinen direkten Einblick in die Ähnlichkeitswerte. Eine mögliche Lösung ist die Heatmap-Visualisierung (siehe Abschnitt 2.6.2 im Grundlagenkapitel), welche die Darstellung der Ähnlichkeitswerten auf direkter Ebene erlaubt. Sie ist jedoch nur für die Darstellung einer Distanzmatrix gedacht, weshalb in dieser Arbeit das Konzept der Heatmap, um die Möglichkeit zur Darstellung von mehreren Distanzmatrizen, erweitert wird. Das Resultat dieser Heatmap-Erweiterung in Abbildung 4.5 zu sehen. In diesem Fall werden vier Distanzmatrizen², von den Maßen d_1 , d_2 , d_3 sowie d_4 gleichzeitig dargestellt. Für jedes Paar von Elementen (x, y) werden die Werte $d_1(x, y)$, $d_2(x, y)$, $d_3(x, y)$ sowie $d_4(x, y)$ zusammen als Block dargestellt. Das Dendrogramm wurde aus der Distanzmatrix zum Distanzmaß d_3 erzeugt. Die entsprechende Distanzwerte von d_3 werden schwarz umrandet hervorgehoben, sodass deutlich ist welche Distanzwerte an der Erzeugung des Clusterings (und somit des Dendrogramms) beteiligt sind.

4.6 Gesamtkonzept

Die bereits erörterten Konzepte zur Vergleichsanalyse von Distanzwerten (Abschnitt 4.5) dienen in diesem Kapitel zum Entwurf eines Gesamtkonzepts. Das Ziel ist die bereits vorgestellten Konzepte kohärent mit der Slit-Scan-Visualisierungstechnik (Abschnitt 4.2) zu vereinigen,

²Die Multi-Heatmap Visualisierung ist nicht auf die Darstellung von vier Distanzmatrizen beschränkt.

sodass eine Vergleichsanalyse des Blickverhaltens, auf Basis der ausgewählten Ähnlichkeitsmaße (Abschnitt 4.4), möglich wird. Dafür wird eine interaktive Visualisierung benötigt, damit untersucht und ermittelt werden kann, ob die Ergebnisse der Ähnlichkeitsmaße mit den Hypothesen, welche über die Visualisierung gewonnen wurden, übereinstimmen. Letztlich soll damit die Eignung der ausgewählten Ähnlichkeitsmaße bezüglich der visuellen Interpretation mit der Slit-Scan-Visualisierungstechnik festgestellt werden. Im Folgenden wird deshalb ein Gesamtkonzept auf Grundlage der Visual Analytics vorgestellt, welche als Spezifikation für die Implementierung einer interaktiven Visualisierung (sie wird im Kapitel 5 vorgestellt) dient.

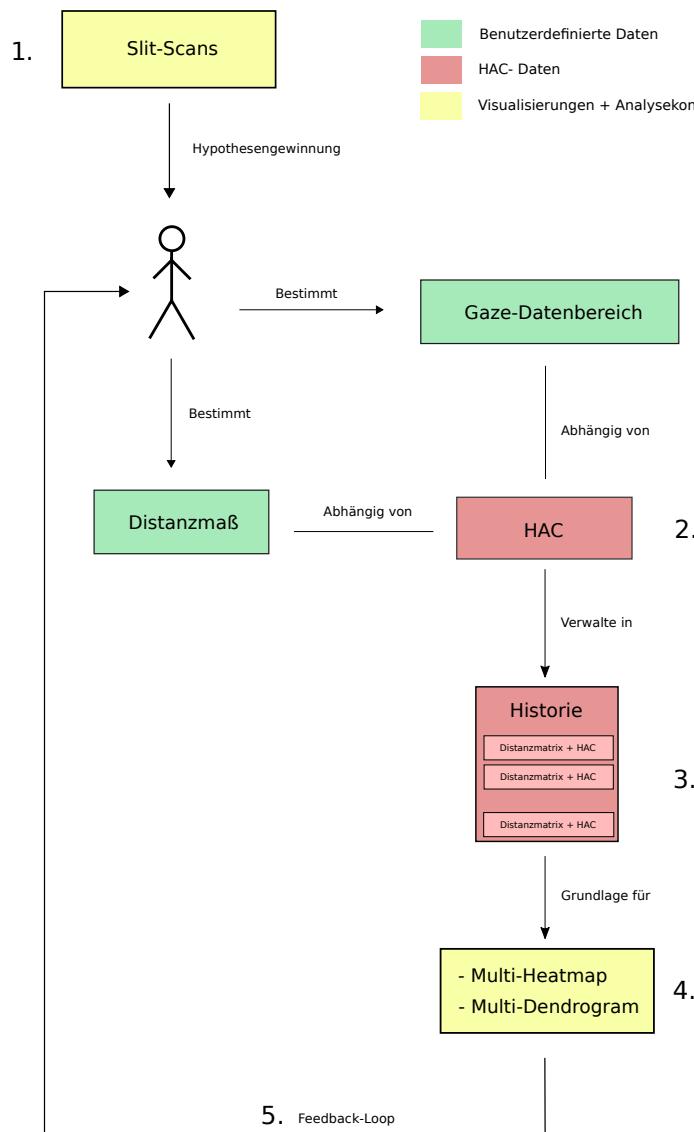


Abbildung 4.6: Illustration des Gesamtkonzepts dieser Arbeit angelehnt an dem Ansatz der Visual-Analytics. Die Historie stellt die Grundlage dafür dar, die erzeugten hierarchischen Clusterings miteinander vergleichen zu können.

4 Aufgabenstellung und Konzept

1. Auf Grundlage des Slit-Scans der einzelnen Probanden, kann der Benutzer Datenbereiche von Interesse finden, deren Vergleichsanalyse beispielsweise eine bestimmte, vorher festgelegte Hypothese, bestätigen sollen. Dies Hypothesen kann der Benutzer mit einer explorativen Analyse auf den Slit-Scans finden. Die entwickelten Konzepte des Zoomings, der anpassbaren Field-Of-View-Box sowie sowie der Bee-Swarm-Visualisierung sollen den Benutzer bei dieser Aufgabe unterstützen.
2. Auf Grundlage des Gaze-Datenbereichs sowie dem ausgewählten Distanzmaß wird die Distanzmatrix berechnet, welche alle paar-weise Distanzen enthält. Zuvor müssen die geeigneten Daten-Repräsentation aus den Gaze-Datenbereich erzeugt werden (Abschnitt 4.3). Aus der Distanzmatrix wird mit der HAC-Analyse ein hierarchisches Clustering erzeugt. Eine Beschreibung dieses Vorgangs ist im Grundlagenkapitel (Abschnitt 2.6) zu finden.
3. Ein Historie verwaltet die erzeugten HACs und Distanzmatrizen. Hat der Benutzer die HAC-Analyse für eine bestimmte Konfiguration (Distanzmaß und Gaze-Datenbereich) durchgeführt, so ist der daran interessiert weitere Ergebnisse zu erzeugen. Aus diesem Grund müssen das Ergebnis (Distanzmatrix und HAC) in einer Historie abgelegt werden, sodass dieses für den Benutzer weiterer hin zugreifbar ist.
4. In Abschnitt 4.5 wurde geklärt, welche Ansätze zum Vergleich von mehreren hierarchischen Clusterings und deren zugrundeliegenden Distanzmatrizen existieren. Die Multi-Dendrogramm Analyse erlaubt die erzeugten HACs aus der Historie miteinander zu vergleichen. Die Multi-Heatmap Visualisierung ermöglicht hingegen dem Benutzer, die Ähnlichkeitswerte auf direkter Ebene zu betrachten (dafür werden die Distanzmatrizen aus der Historie verwendet).
5. Ein wesentliches Konzept der Visual-Analytics ist die sogenannte Feedback-Loop, die ebenfalls in Abbildung 4.6 angedeutet ist. Mittels der eben genannten Visualisierungen und Analysekonzepte, kann der Benutzer klären, wie gut die festgestellten Unterschiede, welche visuell mit der Slit-Scan Visualisierung erkannt wurden, mit den der Ergebnissen der Distanzmaße zusammen passen. Damit kann der Benutzer Erkenntnisse und Wissen erlangen, die im dabei helfen die Eignung von Distanzmaßen zur Slit-Scan Visualisierung festzustellen. Auf Grundlage dieses Wissens, kann er weitere Hypothesen aufstellen und damit zusammenhängende Fragestellungen beantworten, um nun eine zielgerichtete Analyse durchzuführen.

5 Implementierung

In dem folgenden Kapitel wird das in dieser Arbeit entwickelte Konzept, in Form eines Prototypen umgesetzt. Für die Entwicklung der grafischen Oberfläche kam das Software-Development-Framework Qt¹ zum Einsatz. Des weiteren wurde die Open Source Computer Vision Library (OpenCV)² zur Erzeugung der Slit-Scans verwendet. Diese Programmzbibliothek wurde ebenfalls für die Implementierung der Histogramm- sowie Bildsequenz-Maße eingesetzt. Die Scanpath- und Trajektorie-Maße wurden anhand der Publikationen selbst nach-implementiert. Die gesamte Applikation ist in der Programmiersprache C++ (Standard : C++11) entwickelt worden.

5.1 Gesamtübersicht der grafischen Bedienelemente

Die zwei Hauptansichten des implementierten Prototypen sind in Abbildung 5.1 zu sehen. Die darin enthaltenen grafischen Bedienelemente sind dabei mit den Bezeichnern A-G versehen. Wie außerdem zu sehen ist, existieren zwei unterschiedliche Ansichten. Diese werden im Folgenden kurz umrissen. Eine nähere Erläuterung dieser grafischen Bedienelemente ist in den folgenden Abschnitten zu finden.

Haupt-Ansicht Sie enthält die Slit-Scan Visualisierung (A) mit zusätzlichen grafischen Bedien- und Anzeigeelementen, welche unterhalb der Slit-Scans angeordnet sind. Die Bee-Swarm Visualisierung mit Abspielfunktionalität (Play/Pause - Button) ist in (B) zu sehen. Auf der linken Seite des Fensters ist die Liste aller hinzufügten Ähnlichkeitsmaße (C) zu sehen und unter dieser die Liste der importierten Probanden (D).

Detail-Ansicht Die Detail-Ansicht enthält im Wesentlichen die Multi-Heatmap-Visualisierung (F) sowie zusätzlich eine Anzeigefläche (G), die über dieser platziert ist.

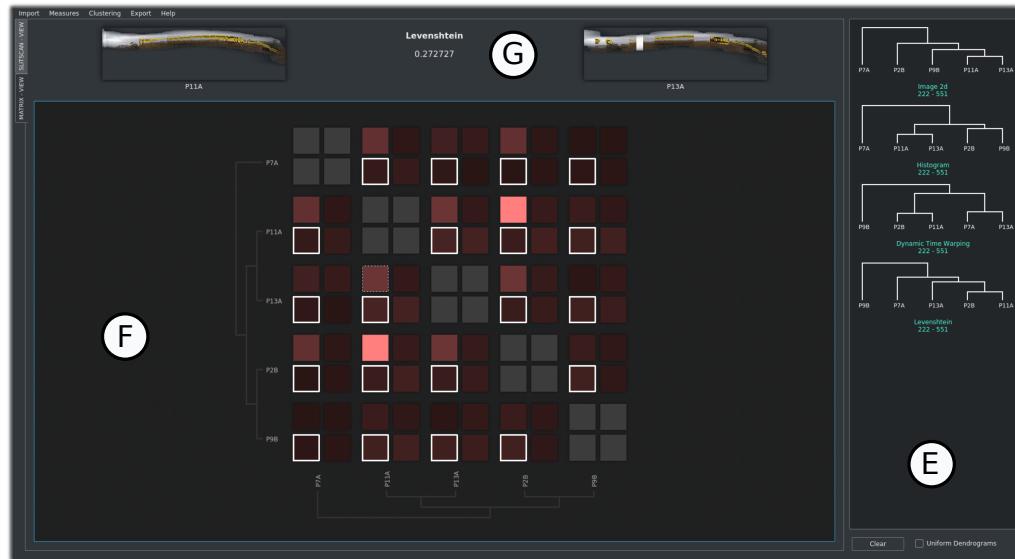
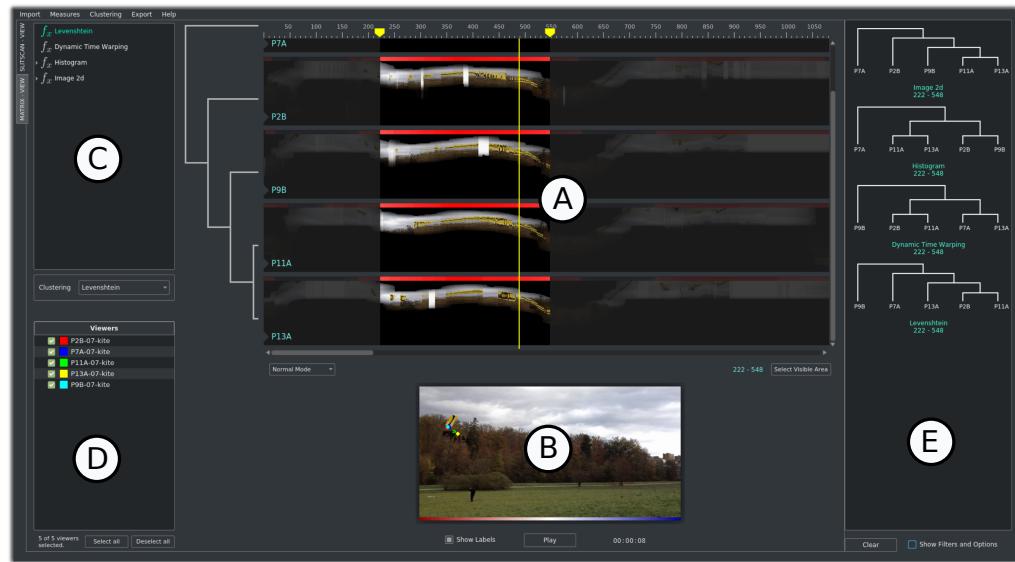
Bei beiden Ansichten ist die Liste der erzeugten hierarchischen Clusterings (E) vorzufinden. Um zwischen den beiden Ansichten wechseln zu können, sind diese als Reiter in die grafische Oberfläche eingebunden. Die Reiter-Auswahl befindet sich dabei an der linken Seite des Fensters, direkt neben der Liste der hinzufügten Ähnlichkeitsmaße (C).

¹<https://www.qt.io>. (Zuletzt überprüft am 28.10.2017.)

²<https://opencv.org>. (Zuletzt überprüft am 28.10.2017.)

5 Implementierung

Haupt - Ansicht



Detail - Ansicht

Abbildung 5.1: Gesamtübersicht der grafischen Bedienelemente aus der Haupt-Ansicht (oben) sowie der Detail-Ansicht (unten).

5.2 Einbindung der Daten

Einbindung von Probanden

Bevor das Blickdaten von Probanden auf Ähnlichkeiten analysiert werden kann, müssen diese zunächst in die Applikation eingebunden werden. Die Blickdaten der Probanden sind dabei als Tab-separated values (TSV) in Tabellenform (separat pro Proband) abgespeichert. Jeder Eintrag der Tabelle steht für einen Aufzeichnungszeitpunkt des Eye-Tracking-Geräts. Ein solcher Eintrag beinhaltet dabei beispielsweise die Attribute der X- und Y-Koordinaten der Fixations- sowie Gazepunkte³. In einer solchen Datei sind meist mehrere tausend Einträge mit den dazugehörigen Werten abgespeichert. Wie in Abbildung 5.2 zu sehen ist, wird für jeden importierten Probanden ein eigener Listeneintrag erstellt.

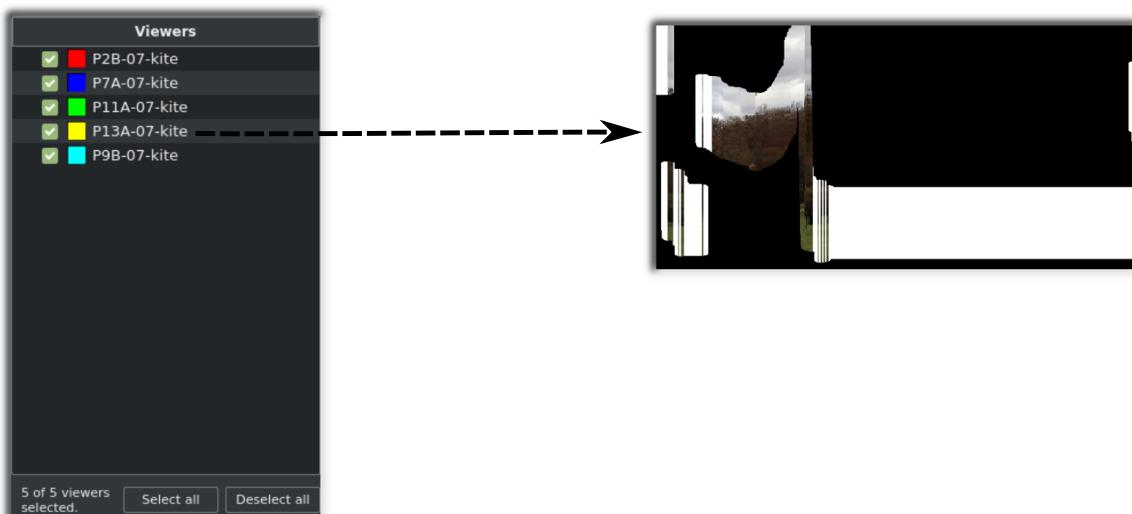


Abbildung 5.2: Liste der importierten Probanden (links). Mit den Checkboxen können die Slit-Scans der einzelnen Probanden aus der Haupt-Ansicht ein- oder ausgeblendet werden. Ein Grund dafür kann die Datenqualität (rechts) eines Probanden sein. Die sichtbaren weißen Bereiche in dem Slitscan zeigen fehlerhafte Eye-Tracking-Daten.

Die Checkboxen neben den Einträgen der Probanden, erlauben diese zu selektieren bzw. deselektieren. Dies ermöglicht die Slit-Scans der Probanden in der Hauptansicht ein- bzw. auszublenden. Hiermit erhält der Benutzer die Möglichkeit, Probanden die für ihn als un interessant gelten, auszublenden. Ein weiterer Anwendungsfall hat mit der Datenqualität zu tun.

³Nähere Informationen dazu sind in den User-Manuals der Eye-Tracking-Geräte von Tobii Technology auf : <http://www.tobiipro.com> (Zuletzt überprüft am 28.10.2017.) zu finden.

Eye-Tracking-Geräte können nicht zu jedem Zeitpunkt die Augen des Probanden erfassen, so dass in diesen Fällen fehlerhafte Einträge aufgenommen werden. In den Slit-Scans werden diese als weiße Bereiche (siehe Abbildung 5.2) sichtbar. Gibt es zu viele solcher fehlerhaften-Bereiche, kann es sinnvoll sein, den Probanden in der Analyse nicht weiter zu betrachten.

Unterhalb der Liste der importierten Probanden sind außerdem noch Bedienelemente zum Selektieren, bzw. Deselektieren aller Einträge angebracht. Diese Bedienelemente können insbesondere bei der Analyse einzelner Probanden hilfreich sein.

Einbindung des Stimulus und der AOI-Daten

Ebenso wie die Blickdaten der Probanden, kann die Definition der Areas-Of-Interests (AOIs) sowie der Stimulus in die Applikation eingebunden werden. Die Definition der Areas-Of-Interests wird dabei für die Levenshtein-Distanz und den Needleman-Wunsch-Algorithmus benötigt. Diese Definition muss dabei als XML-Datei im Video Performance Evaluation Resource (ViPER) - Format ⁴ vorliegen. Der Stimulus selbst wird einerseits zur Generierung der Slit-Scan Visualisierung benötigt und anderseits für die Bee-Swarm-Visualisierung. Der Prototyp unterstützt bisher nur die Einbindung von dynamischen Stimuli. Dieser muss deshalb in Form einer Video-Datei vorliegen.

Einbindung von Ähnlichkeitsmaßen

Ein wichtiger Bestandteil des Prototypen ist die Möglichkeit, die Ähnlichkeiten zwischen den Blickverhalten der Probanden zu berechnen. Hierfür wurden Ähnlichkeitsmaße bestimmt (Abschnitt 4.4 im Konzeptkapitel), die sich für diese Aufgabe als geeignet erweisen. Die Abbildung 5.3 zeigt, wie ein Ähnlichkeitsmaß hinzugefügt werden kann. Alle hinzufügten Ähnlichkeitsmaße werden in einer Liste mit ihrem Namen als Eintrag verwaltet. Neben ihrer Bezeichnung sind weitere Eigenschaften und relevante Parameter in dieser Übersicht aufgelistet. Diese können beim Hinzufügen eines Maßes vom Benutzer ausgewählt werden. Es handelt sich hierbei um folgende Parameter:

- Für die Histogramm-Maße ist einer der Farbräume : LAB, HSV, oder RGB vom Benutzer auszuwählen.
- Für die Trajektorie-Maße kann ausgewählt werden, ob Fixationen oder Gaze-Punkte als Grundlage für die Trajektorien verwendet werden sollen.
- Im Falle von Scanpath-Maßen, hat der Benutzer die Wahl, ob Temporal Binning für die Erzeugung des AOI-Strings verwendet werden soll.

⁴<http://viper-toolkit.sourceforge.net> (Zuletzt überprüft am 28.10.2017.)



Abbildung 5.3: Mit der Optionsleiste (oben) können die Maße zur der Liste (rechts) hinzugefügt werden. Das Maß für die HAC-Analyse wird mit der Auswahlbox (unten) festgelegt.

Jenes Ähnlichkeitsmaß, welches für die hierarchische Cluster-Analyse verwendet werden soll, wird über eine Auswahlbox, unterhalb der Liste vom Benutzer ausgewählt.

5.3 Die Slit-Scan Ansicht

Aus den Daten der importierten Probanden sowie dem Stimulus werden schließlich die Slit-Scans erzeugt. In Abbildung 5.4) sind dabei die Slit-Scans der fünf importierten Probanden zu sehen. Wie bereits in Abschnitt 4.2.2 erläutert, werden die einzelnen Slit-Scans der Probanden untereinander vertikal angeordnet. Mithilfe von Scroll-Leisten auf beiden Achsen, kann die Position der Field-Of-View-Box (4.2.2) durch den Benutzer angepasst werden. Wie außerdem in Abbildung 5.4) zu sehen ist, hat er die Möglichkeit zwischen zwei Modi auszuwählen. Diese werden im Folgenden erläutert und motiviert.

5.3.1 Übersichts- und Auswahlmodus

Auswahl-Modus Um die Bereiche von Interesse mittels der Ähnlichkeitsmaße analysieren zu können, ist eine Auswahl dieser durch den Benutzer notwendig. Eine Szenenauswahl soll

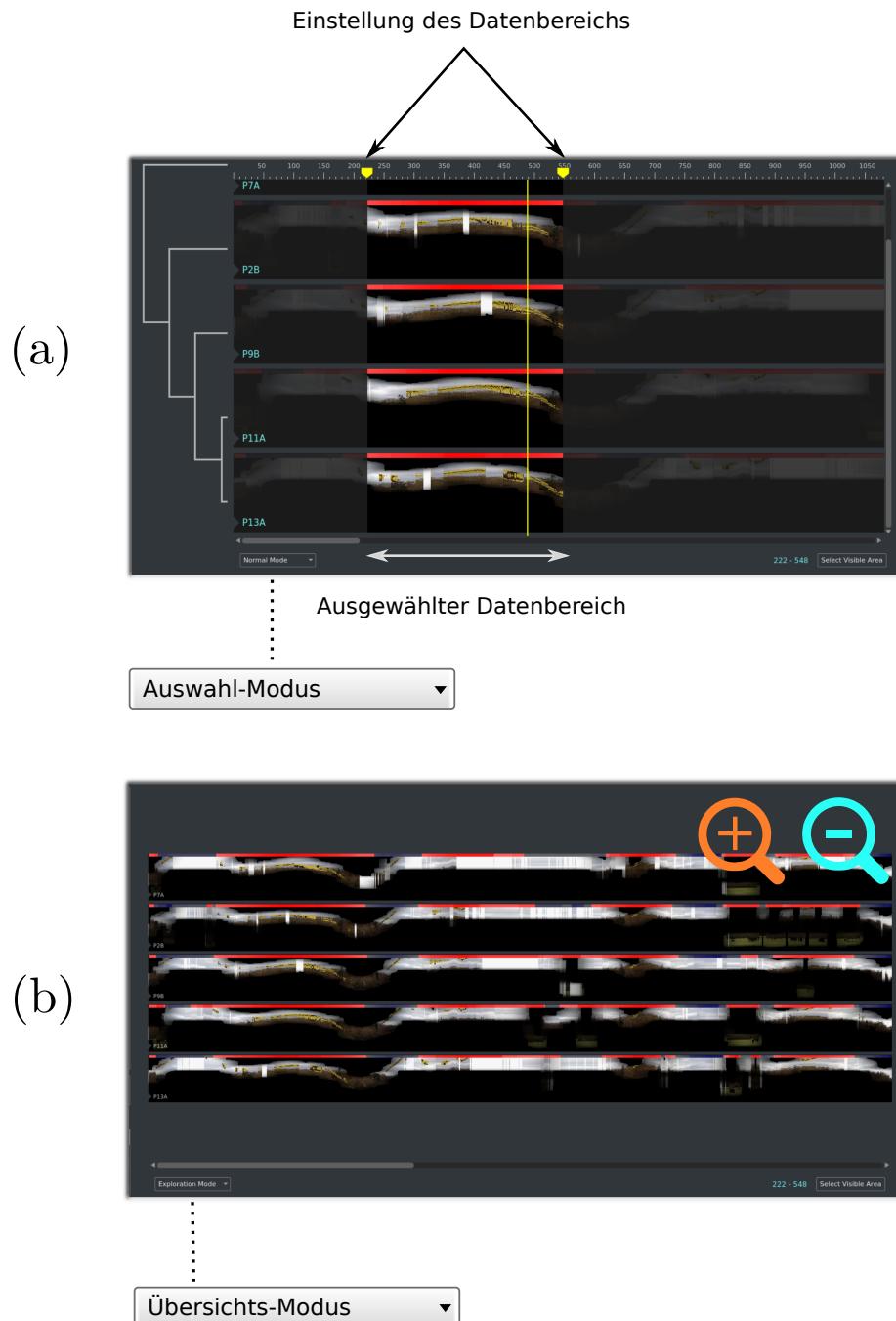


Abbildung 5.4: Der Auswahl-Modus (a) ermöglicht die Festlegung des Datenbereichs sowie die Betrachtung des Dendrogramms. Der Übersichts-Modus (b) erlaubt den Zoom-Faktor einzustellen.

dies ermöglichen. Die Szenenauswahl erlaubt dem Benutzer dabei das Selektieren eines Datenbereichs. Diese Selektion findet mit zwei beweglichen Kontrollelementen statt.

Der nicht-selektierte Bereich wird dabei (grau) ausgeblendet, um eine Unterscheidung des selektierten und nicht-selektierten Bereichs zu ermöglichen. Die Skala oberhalb der Slit-Scan-Ansicht ermöglicht dem Benutzer einzuordnen, welcher Indexbereich der Gaze-Daten gerade ausgewählt ist. Im Falle der Abbildung 5.4 wurde beispielsweise ein der Datenbereich zwischen den Indizes 220 und 550 der Gaze-Punkte ausgewählt.

Übersichts-Modus Wie gut in Abbildung 5.4 zu sehen ist, kann immer nur ein kleiner Bereich der Slit-Scans im Auswahl-Modus gleichzeitig betrachtet werden. Dieses Problem wurde bereits in 4.2.2 erläutert. Der Lösungsvorschlag wurde unter dem Begriff des 'Zoomings' vorgestellt. Die Datenbereichsauswahl sowie das Dendrogramm werden in diesem Modus ausgeblendet, damit eine eine bessere Übersicht gewonnen werden kann. Außerdem kann der Benutzer den Zoom-Faktor der Slit-Scan-Ansicht anpassen. Die Abbildung 5.4 zeigt, wie ein geringer Zoom-Faktor es ermöglicht, einen größeren Bereich der Slit-Scans zu betrachten.

5.3.2 Rückkopplung zum Stimulus

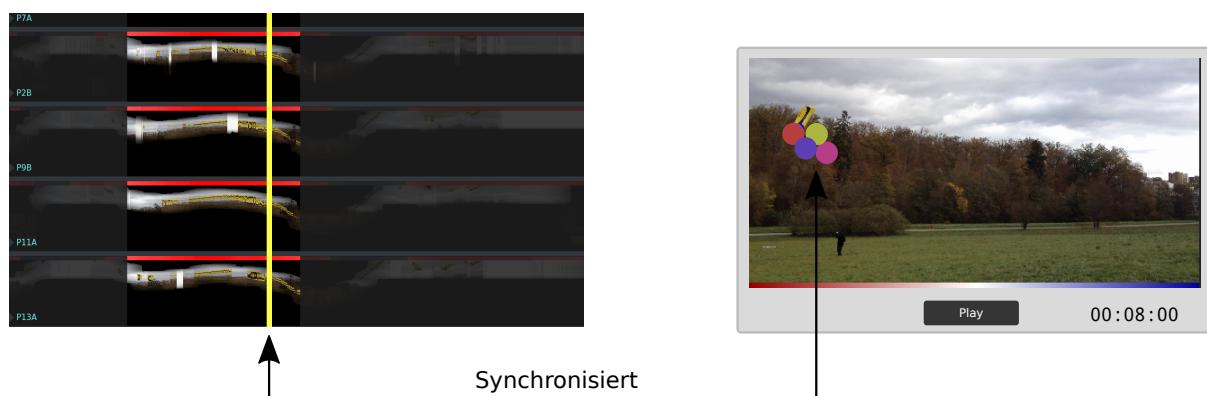


Abbildung 5.5: Die Bee-Swarm Visualisierung ist mit der Slit-Scan Visualisierung mittels einer frei bewegbaren Timeline zeitlich synchronisiert. Die Kreise stellen die Gaze-Punkte der Probanden dar.

Ein Problem, welches im Zusammenhang mit der Slit-Scan-Visualisierung auftritt, ist der mangelnde Bezug zum Stimulus (siehe Abschnitt 4.2.2 im Konzeptkapitel). Aus diesem Grund ist die Bee-Swarm Visualisierung im Prototypen, als Rückkopplung zum Stimulus, integriert. Die Slit-Scan Ansicht ist dabei mit der Bee-Swarm Visualisierung in folgender Art und Weise zeitlich synchronisiert.

- Wird die Position der Time-Line in der Slit-Scan-Ansicht angepasst, so wird zum entsprechenden Frame in der Videoansicht gesprungen.
- Wird die Abspielfunktion der Videoansicht (mit dem Play-Button) aktiviert, so wird das Video abgespielt und währenddessen die Position der Time-Line stetig angepasst.

Die Gaze-Punkte der einzelnen Probanden in dem aktuellen (Video-) Frame werden dabei als Kreise eingezeichnet (Für jeden Probanden ein Kreis). Dadurch wird ersichtlich, wo im Stimulus die Probanden gerade hinschauen. Jedem Punkt ist dabei eine Farbe zugeordnet. Die eingefärbten Quadrate (neben den Bezeichnern der Probanden) in der Liste der importierten Probanden (siehe Abbildung 5.2) ermöglichen die Zuordnung von Farbe zu Proband.

5.4 Hierarchische Clusteranalyse



Abbildung 5.6: Das Ergebnis des hierarchischen Clustering wird mit einem Dendrogramm (links) visualisiert. Die Slit-Scans (rechts) werden entsprechend dem Clustering vertikal umsortiert.

In dieser Arbeit stellt die hierarchische Clusteringanalyse das Grundkonzept zum Vergleich von Blickverhalten dar. Sie findet sich deshalb auch im vorgestellten Prototypen wieder. Im Folgenden wird davon ausgegangen, dass Benutzer folgende Schritte bereits durchgeführt hat.

1. Die Gaze-Daten der Probanden, der Stimulus sowie die AOI-Definition wurden in die Applikation eingebunden.
2. Es wurde ein Dateibereich von Interesse in den Slit-Scans gefunden und ausgewählt, welcher analysiert werden soll.
3. Es wurde ein Maß aus der Liste der hinzugefügten Ähnlichkeitsmaße ausgewählt, welches für die hierarchische Clusteranalyse eingesetzt werden soll.

Danach kann die eigentliche hierarchische Clusteranalyse stattfinden. Als Link-Methode wird dabei Group-Average-Link verwendet. Das Resultat der HAC-Analyse wird, wie in Abbildung 5.6 zu sehen, als Dendrogramm neben der Slit-Scan Ansicht dargestellt. Die Slit-Scans werden

entsprechend dem Clustering vertikal neu angeordnet. Dies ermöglicht dem Benutzer, die ermittelten Gruppierungen direkt auf der Ebene der Slit-Scans zu betrachten.

5.5 Historie der erzeugten Clusterergebnisse

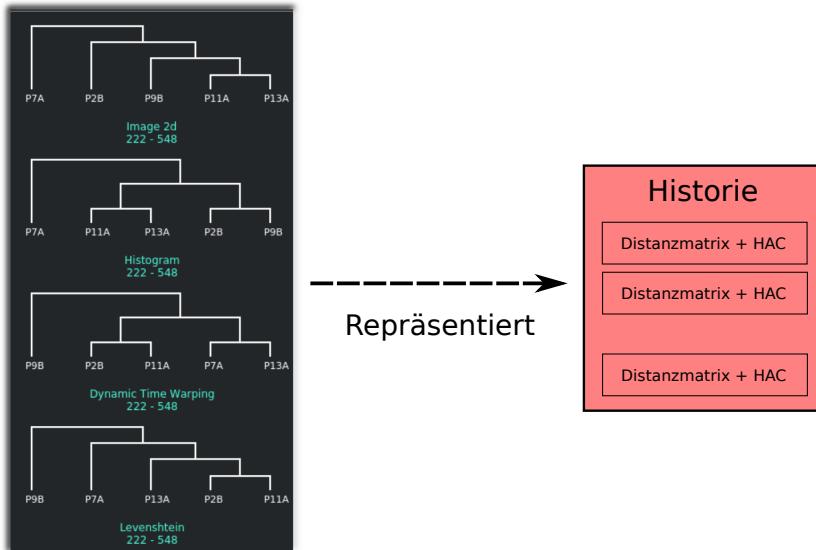


Abbildung 5.7: Die Liste der HACs (links) repräsentiert das Konzept der Historie (rechts).

Im 4.6 wurde bereits verdeutlicht, dass die Historie der erzeugten Clusterergebnisse die Grundlage für Visualisierungen und Analysekonzepte darstellt. Die Historie ist auch im entwickelten Prototyp ein wichtiger Bestandteil. Wie in Abbildung 5.7 angedeutet ist, stellt die Historie nicht nur eine interne Programm Struktur dar, sondern wird auch als Form einer Listenansicht dem Benutzer präsentiert. Jedes erzeugte Clustering wird als Form eines Listeneintrags in dieser Historie vermerkt. Jeder Eintrag enthält dabei die folgenden Kenngrößen:

- Dendrogramm zum Clustering.
- Name des Ähnlichkeitsmaß.
- Datenbereich auf dem das Clustering stattfand.

5.5.1 Umsetzung der Multi-Dendrogramm Analyse

In Kapitel 4 wurden zwei Möglichkeiten vorgestellt, wie hierarchische Clusterings miteinander verglichen werden können. Die Grundlage dafür ist die Historie der erzeugten Clusterings. Eines

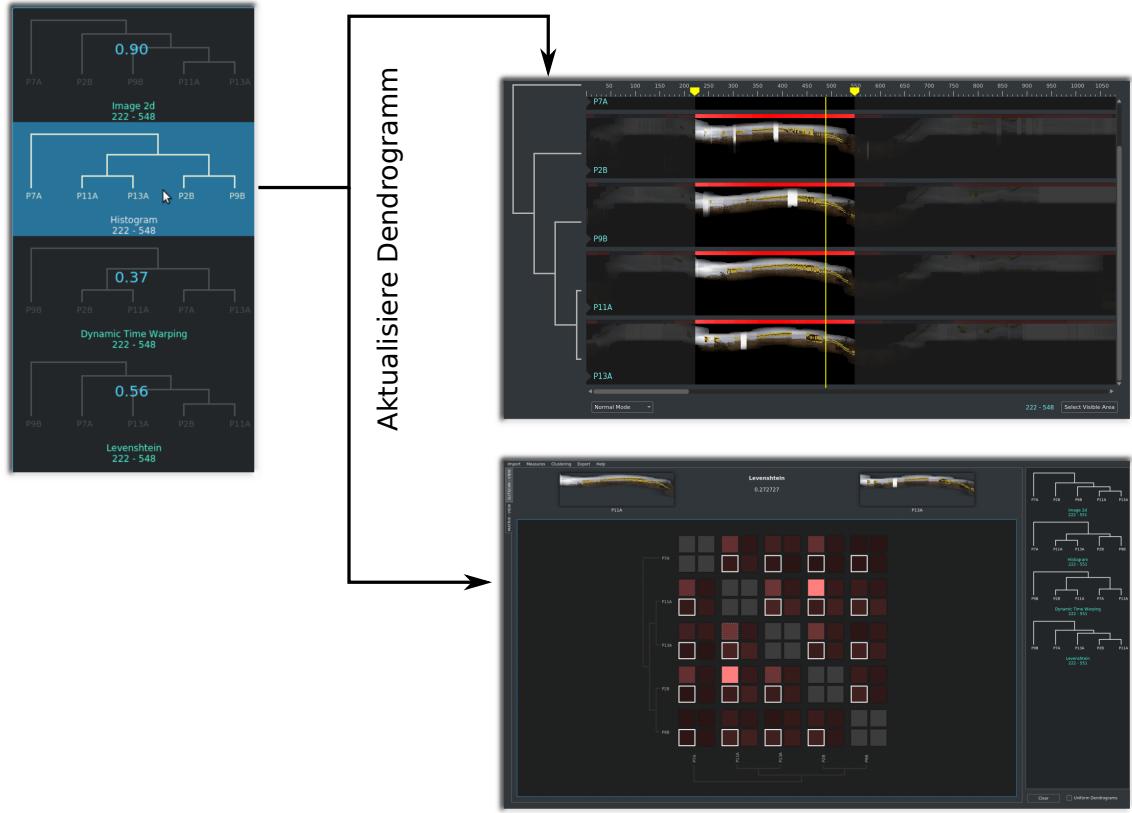


Abbildung 5.8: Die Auswahl eines Dendrogramm-Eintrags zeigt die Ähnlichkeitswerte zu den anderen Dendrogrammen an. Außerdem findet eine Aktualisierung der beiden Ansichten auf Grundlage des ausgewählten Clusterings statt.

dieser Konzepte ist die Multi-Dendrogramm Analyse (Abschnitt 4.5 im Konzeptkapitel). Diese soll den Vergleich unterschiedlicher Clusterings auf Ebene der Dendrogramme ermöglichen. Der vorgestellte Prototyp erlaubt dabei die Ähnlichkeiten zwischen den Clusterings interaktiv darzustellen. Wie in Abbildung 5.8 links zu sehen ist, kann der Benutzer einen beliebigen Eintrag der Historie mit der Maus auswählen. Dies hat zur Folge, dass die Ähnlichkeiten zwischen dem ausgewählten Clustering und den anderen Clusterings berechnet und als Zahlen zwischen Null und Eins angezeigt werden. Beispielsweise ist das in Abbildung 5.8 ausgewählte Clustering sehr ähnlich zum obersten Clustering (Ähnlichkeit : 0.9). Die Ähnlichkeit zwischen den Clusterings wird bestimmt, in dem die cophenetische Korrelation (Abschnitt 2.6.3 im Grundlagenkapitel) zwischen den entsprechenden Dendrogrammen berechnet wird.

Neben der Darstellung der Ähnlichkeitswerte, hat das Selektieren eines Eintrags noch etwas zur Folge. Wie in Abbildung 5.8 rechts dargestellt, handelt es sich hierbei um einen Aktualisierungsvorgang auf die Haupt-, als auch auf die Detail-Ansicht. Entsprechend dem ausgewählten Eintrag, werden die Dendrogramme in beiden Ansichten auf dessen Zustand zurückgesetzt.

Somit lassen sich bereits erzeugte Clustering zu einem späteren Zeitpunkt, im Kontext der beiden Ansichten, betrachten und analysieren.

5.5.2 Umsetzung der Multi-Heatmap Visualisierung

Das zweite Konzept welches zur Vergleichsanalyse von mehreren Clusterings vorgestellt wurde, nennt sich Multi-Heatmap Visualisierung (Abschnitt 4.5 im Konzeptkapitel). Diese basiert, wie auch die Multi-Dendrogramm Analyse, auf den Einträgen der Historie. In die Visualisierung fließen dabei die Distanzmatrizen aller Einträge aus der Historie ein. Im Falle von Abbildung 5.9 werden die Werte von vier Distanzmatrizen dargestellt. Jeder Box in der Heatmap-Visualisierung steht für einen berechneten Distanzwert zwischen zwei Probanden. Die Bezeichner der Probanden sind horizontal und vertikal angebracht. Sie erlauben dabei festzustellen, um welche beiden Probanden es sich handelt. Entsprechend dem Distanzwert, wird die Farbe der Box bestimmt. Liegt ein hoher Distanzwert vor, so ist der Rotton dunkler (Ähnlichkeit geringer), als bei einem kleinen Distanzwert (Ähnlichkeit höher). Das Dendrogramm welches ebenfalls in die Heatmap-Visualisierung eingebaut ist, bezieht sich auf eine der dargestellten Distanzmatrizen. Die Einträge dieser Distanzmatrix werden deshalb hell umrandet.

Jede Box kann vom Benutzer mit der Maus selektiert werden. Entsprechend der Selektion wird der Name des Distanzmaßes, der Distanzwert sowie deren beteiligte Probanden angezeigt. Diese Elemente sind in Abbildung 5.9 oberhalb der Multi-Heatmap angeordnet. Wie ebenfalls zu sehen ist, werden sogenannte *Small-Multiples* [Tuf90] der Slit-Scans angezeigt. Es werden aber nicht die gesamten Slit-Scans angezeigt, sondern nur der Teilbereich, welcher für das entsprechende Clustering ausgewählt wurde. Diese Small-Multiples ermöglichen den Rückbezug zur Slit-Scan Ansicht, da die angezeigten Distanzwerte in den Kontext der Slit-Scan Visualisierung gesetzt werden können. Man kann dies als Kopplung zwischen der Haupt- und Detail-Ansicht ansehen.

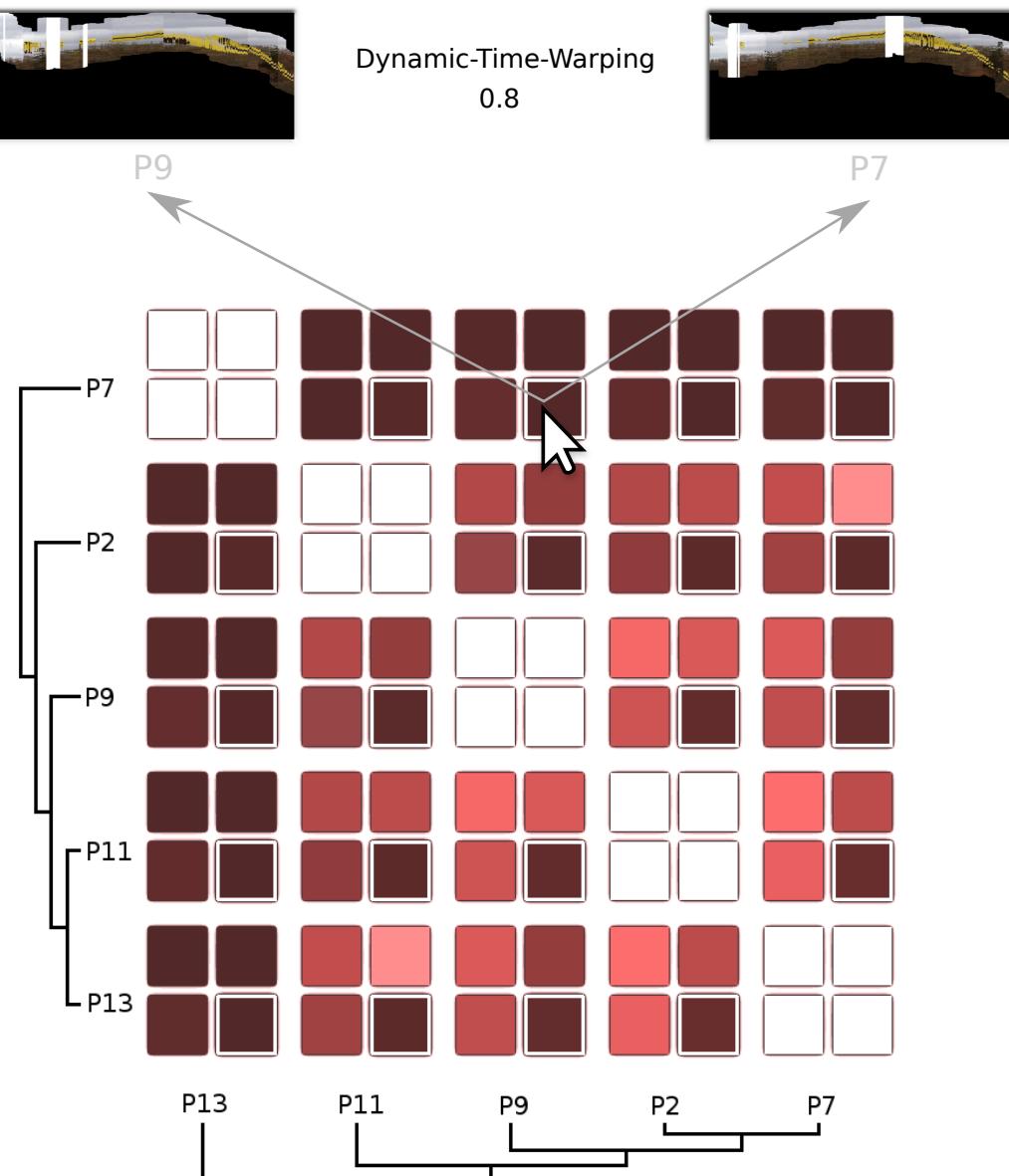


Abbildung 5.9: Die Multi-Heatmap Visualisierung dargestellt mit vier Distanzmatrizen (unten) mit anklickbaren Box-Elementen. Entsprechend der ausgewählten Box, werden Small-Multiples der Slit-Scans, Name des Distanzmaßes sowie der Distanzwert angezeigt (oben).

5.6 Weitere Funktionen

Im entwickelten Prototypen wurden noch weitere Funktionalitäten integriert, die in den vorherigen Abschnitten nicht zur Sprache kamen. Grund dafür ist, dass es sich dabei lediglich um Hilfs-Funktionalitäten handelt. Zur Vollständigkeit, werden diese im Folgenden jedoch kurz erwähnt.

- Alle Einträge der Historie können mit einer 'Clear'-Funktionalität aus der Liste entfernt werden. Dies ist insbesondere hilfreich, wenn der Benutzer einen anderen Datenbereich analysieren möchte.
- Der Prototyp erlaubt Screenshots der beiden Ansichten zu erstellen, sodass die ermittelten Ergebnisse in einem anderen Zusammenhang wiederverwendet werden können.
- Neben der Erzeugung von Screenshots, können die berechneten Distanzmatrizen aus der Historie exportiert werden. Die Exportdatei liegt im Comma-Separated-Values (CSV) - Format vor. Dies ermöglicht beispielsweise eine weitere statistische Analyse der Distanzwerte mit der Programmiersprache R ⁵.

⁵<https://www.r-project.org> (Zuletzt überprüft am 28.10.2017.)

6 Demonstration und Evaluation

In dem Folgenden Kapitel wird der entwickelte Prototyp (Kapitel 5) zur Evaluation der Distanzmaße verwendet. Als Datensatz kommt der frei verfügbare Eye-Tracking Benchmark-Datensatz von Kurzhals et al. [KBB+14] zum Einsatz. Das Ziel der Evaluation ist es herauszufinden, inwiefern die Ergebnisse der implementierten Maße, in Einklang zu der Slit-Scan-Visualisierung stehen. Hierbei stellen sich zwei wesentliche Fragen. Einerseits wie ähnlich die Maße innerhalb einer Kategorie sind. Andererseits wie es sich bei den Maßen unterschiedlicher Kategorien verhält. Die Abschnitte 6.2 und 6.3 sollen diese Fragen beantworten. Die Diskussion und Interpretation (Abschnitt 6.4) der ermittelten Ergebnisse, schließt dieses Kapitel ab. Bevor jedoch auf all die genannten Punkte näher eingegangen wird, folgen zunächst Vorbereitungen zur Vergleichsanalyse .

6.1 Vorbereitungen zur Vergleichsanalyse

Im Folgenden Abschnitt wird schematisch erläutert, wie die einzelnen Schritte der Evaluation aussehen. In den späteren Abschnitten 6.2 und 6.3 werden diese Einzelschritte nicht mehr im näheren erläutert. Auf Grundlage des entwickelten Prototypen, soll die Evaluation um Methoden der statischen Inferenzanalyse erweitert werden. Es wird im Folgenden erläutert, wie das auf Basis der Cluster-Ergebnisse sowie der Distanzwerte geschehen soll.

1. Der erste Schritt vor der eigentlichen Vergleichsanalyse, ist das Auffinden von Datenbereichen im Datensatz. Hierfür kann einer der zu Verfügung stehenden Stimuli aus dem Datensatz ausgewählt werden, um diesen zusammen mit den Eye-Tracking-Daten der Probanden zu importieren (siehe Abschnitt 5.2 im Implementierungskapitel). Danach kann die eigentliche Exploration nach geeigneten Datenbereichen stattfinden. Mithilfe des Übersichts-Modus, welcher in Abschnitt 5.3.1 im Implementierungskapitel vorgestellt wurde, kann beispielsweise ein solcher Datenbereich gefunden werden. Die Abbildung 6.1 zeigt den Prototypen im Übersichts-Modus. Der Zoom-Faktor wurde entsprechend angepasst, um die gesamten Slit-Scans überblicken zu können.
2. Somit kann beispielsweise der in grüne markierte Datenbereich gefunden werden, welcher dann im Auswahl-Modus mit den entsprechenden Bedienelementen ausgewählt wird (Abbildung 6.1 unten). Wurde der Datenbereich von Interesse ausgewählt, so kann dieser mit der Bee-Swarm-Visualisierung (Abschnitt 5.3.2) direkt auf Ebene der Gaze-Punkte näher analysiert werden.

6 Demonstration und Evaluation

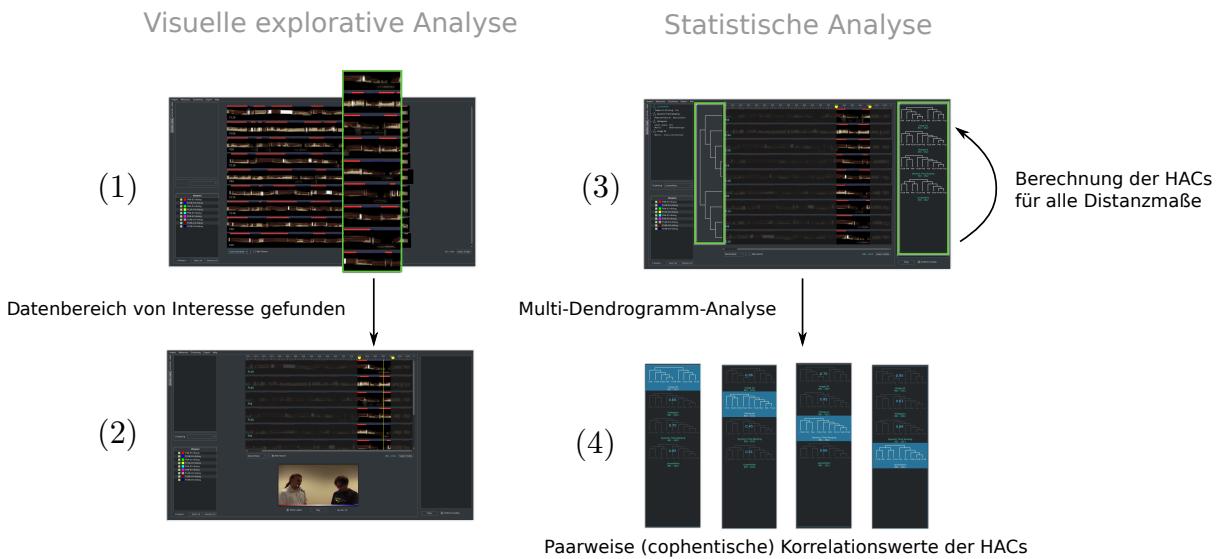


Abbildung 6.1: Die zwei wesentlichen Schritte der Evaluation. Einerseits die visuelle explorative Analyse und andererseits die statistische-Analyse, welche auf den Cluster-Ergebnissen sowie den Distanzwerten beruht.

3. Nachdem der Datenerbreich von Interesse gefunden wurde, kann die hierarchische Cluster-Analyse stattfinden. Hierfür werden zunächst die Distanzmaße ausgewählt, welche zur Vergleichsanalyse herangezogen werden sollen. Danach wird jedes dieser Distanzmaße eine hierarchische Cluster-Analyse auf dem ausgewählten Datenbereich durchgeführt. Die ermittelten Cluster-Ergebnisse werden in der Historie als Einträge vermerkt (siehe Abschnitt 5.5 im Implementierungskapitel).
4. Wurden alle Cluster-Ergebnisse erzeugt, so erfolgt eine statistische Analyse zwischen diesen. Die Multi-Dendrogramm-Analyse (Abschnitt 5.5.1 im Implementierungskapitel) wird in diesem Fall genutzt, um alle paarweisen (cophentischen) Korrelationswerte zwischen den HACs zu bestimmen. Diese können dann kompakt in einer Matrixform dargestellt werden. In den folgenden Abschnitten wird diese Matrix als 'Korrelation der HACs' bezeichnet.

Um die Distanzwerte in die Analyse miteinzubeziehen, wäre die Verwendung der Multi-Heatmap-Visualisierung (Abschnitt 5.5.2) denkbar. In den meisten Fällen der Evaluation hat sie sich jedoch als zu wenig kompakt erwiesen, sodass ihre Darstellung im Rahmen einer Evaluation zu umständlich ist. Um die Distanzwerte dennoch in die Evaluation miteinzubeziehen, werden neben der HAC-Korrelationsmatrix, außerdem die Korrelationen zwischen den Distanzwerten ermittelt. Für jedes ermittelte Cluster-Ergebnis werden deshalb die entsprechenden Distanzwerte in einer CSV-Datei zusammengeführt und anschließend auf diesen eine Korrelationsanalyse durchgeführt. Dies geschieht mittels eines R-Skripts, unter Verwendung des Rangkorrelationskoeffizienten nach Spearman [Hen11].

6.2 Evaluation innerhalb der Kategorien

In diesem Abschnitt werden zunächst die Maße innerhalb ihrer Kategorie (Scanpath, Trajektorie, Bildähnlichkeiten) verglichen. Das Ziel dieser Evaluation ist festzustellen, wie sich die Maße untereinander Verhalten. Hierbei wird bewusst noch kein Bezug zur Slit-Scan-Visualisierung hergestellt. Es soll also nur das grundsätzliche Verhalten auf Ebene der Distanzwerte sowie der Cluster-Ergebnisse untersucht werden. Die folgenden Resultate wurden mit drei Stimuli : Car Pursuit (S1), Turning Car (S2) sowie Dialog (S3) aus dem Benchmark-Datensatz erzeugt. Hierbei wurde stets über die gesamte Länge eine hierarchische Clusteringanalyse durchgeführt (für S1 : 0:25 min, S2 : 0:28 min, S3 : 0:19 min). Somit entfällt der Schritt der visuellen explorativen Analyse (Abschnitt 6.1). Es wurden jeweils die Eye-Tracking-Daten aller verfügbaren Probanden ($n = 25$) in die Vergleichsanalyse miteinbezogen¹ Die Korrelationswerte zwischen den einzelnen Maßen wurden dabei über die drei Datensätze gemittelt.

6.2.1 Evaluation zwischen Scanpath-Maßen

Unter den Scanpath-Maßen werden die Levenshtein-Distanz sowie der Needleman-Wunsch-Algorithmus miteinander verglichen. Bei beiden Methoden wird zudem untersucht, inwiefern die Integration der Fixationsdauern einen Einfluss auf das Ergebnis hat. Deshalb werden die Zeichen der AOI-Strings entsprechend der Fixationsdauern repliziert (Temporal Binning). Die Bin-Size wurde dabei anhand der Sampling-Frequenz des Eye-Trackers (etwa 60 Hz), auf 17 Millisekunden festgelegt.

Die Abbildung 6.2 zeigt die gemittelten Korrelationswerte zwischen den Distanzwerten, als auch zwischen den HACs. Bei beiden ist zu sehen, dass das Temporal-Binning einen großen Einfluss auf das Ergebnis hat. Die HAC-Korrelationen zwischen Needleman-Wunsch mit Temporal-Binning und der Variante ohne Temporal-Binning sind vergleichsweise gering (auf HACs : 0.577 , auf Distanzwerten : 0.31). Außerdem ist anzumerken, dass selbst unter den Maßen, die nicht die Fixationsdauern miteinbeziehen, die Korrelation eher gering ausfallen. Anders sieht dies bei den Maßen aus, die Temporal-Binning verwenden. Hier deuten die hohen Korrelationswerte darauf hin, dass die Clustering-Ergebnisse nahezu identisch sind.

6.2.2 Evaluation zwischen Trajektorie-Maßen

Die in dieser Arbeit betrachteten Trajektorie-Maße sind einerseits Dynamic-Time-Warping und anderseits die Frechet-Distanz. Für jedes dieser Maße wird zusätzlich betrachtet, welche Unterschiede sich bezüglich der Wahl der Trajektorie-Repräsentation (Gaze-Punkte oder Fixationen) ergeben.

¹Der Grund weshalb diese drei Stimuli ausgewählt wurden, ist deren vergleichsweise kurze Länge. Bei Stimuli über eine Minute ist der Zeitaufwand zur Ermittlung der Ergebnisse zu hoch geworden.

6 Demonstration und Evaluation

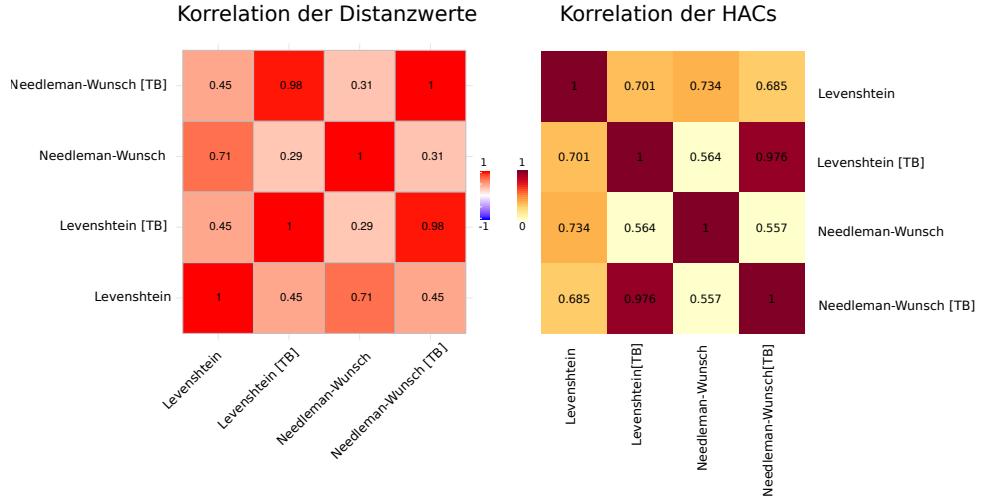


Abbildung 6.2: Gemittelte Korrelationswerte für Scanpath-Maße. Links die HAC-Korrelationen. Rechts die HAC-Korrelationen. TB steht für Temporal-Binning.

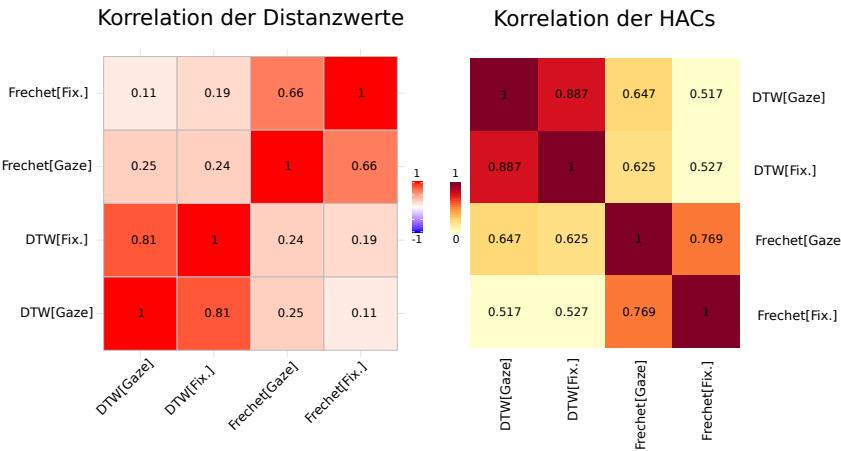


Abbildung 6.3: Gemittelte Korrelationswerte für Trajektorie-Maße. Links die Korrelationen zwischen den Distanzwerten. Rechts die HAC-Korrelationen.

Die Abbildung 6.3 zeigt um Grunde, dass sich die Ergebnisse der Dynamic-Time-Warping und der Frechet-Distanz nicht decken. Dies ist sowohl auf HAC- als auch auf Ebene der Distanzwerte gut zu sehen. Vergleicht man dieselben Maße miteinander, so ergeben sich teilweise auch Unterschiede, die auf die Auswahl der Repräsentation zurückzuführen sind. Dies ist insbesondere bei der Frechet-Distanz zu beobachten, wo die Korrelationen zwischen den HACs bei etwa 0.8 liegen. Hier erweist sich das Dynamic-Time-Warping Verfahren in gewisser Weise robuster, da hier HAC-Korrelationen höher ausfallen (etwa bei 0.9). Noch deutlicher jedoch der Unterschied bei den Distanzwerten zu beobachten.

6.2.3 Evaluation zwischen Bild-Maßen

Evaluation zwischen Histogramm-Maßen

Im folgenden werden die Ergebnisse der Bhattacharyya-Distanz sowie der Chi-Square Methode miteinander verglichen. Die Earth-Mover's-Distanz musste aus der Evaluation ausgegliedert werden, da unverhältnismäßig hohe Berechnungszeiten auftraten. Außerdem werden beide Maße in drei unterschiedlichen Farträumen : RGB, HSV sowie LAB getestet. Die Anzahl der Intensitätsklassen für jeden Kanal wurde auf 30 festgelegt. Im Falle von HSV werden nur der Farbton-Kanal (H) sowie der Sättigungskanal (S) in die Berechnung miteinbezogen. Im Falle des LAB-Farbraums nur die Kanäle A und B.

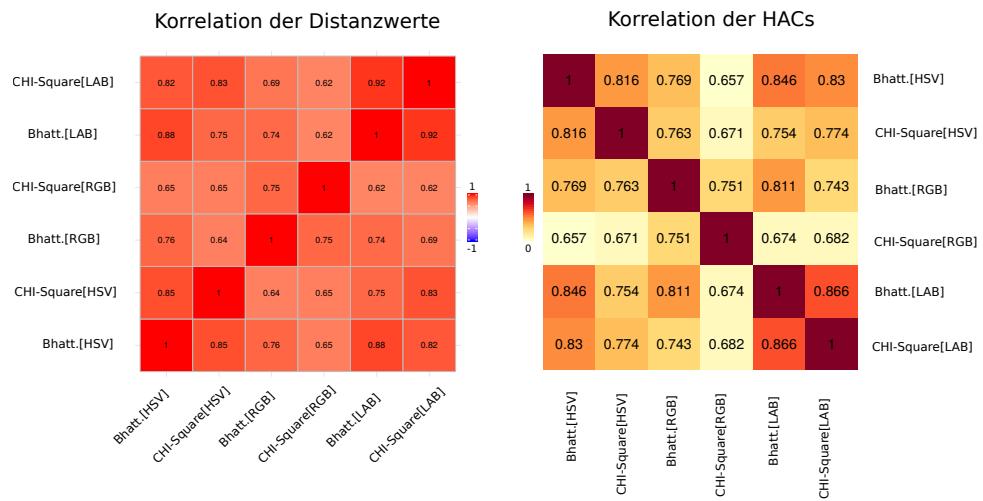


Abbildung 6.4: Gemittelte Korrelationswerte für Histogramm-Maße. Links die Korrelationen zwischen den Distanzwerten. Rechts die HAC-Korrelationen.

Die Abbildung 6.4 zeigt die gemittelten Korrelationswerte für die HACs als auch für Distanzwerte. Betrachtet man die Korrelationswerte zwischen den HACs, so sind sie fast alle im Bereich zwischen 0.76 und 0.86, was eine hohe Ähnlichkeit zwischen den erzeugten Clustering-Ergebnissen andeutet. Eine Ausnahme bildet hier die Chi-Square Methode, unter Verwendung des RGB-Farbraums. Hier sind die Korrelationswerte zu den anderen HACs geringer (alle etwa bei 0.65). Dies ist ebenso auf Ebene der Distanzwerte zu sehen (auch etwa bei 0.65). Betrachtet man die Maße die denselben Farbraum verwenden, so sind die höchsten Korrelationen unter den Maßen zu beobachten, die den LAB-Farbraum verwenden. Mehr Varianzen sind hingegen beim RGB-Farbraum zu beobachten, wo die HAC-Korrelationen nur bei circa 0.75 liegen.

Evaluation zwischen Bildsequenz-Maßen

Unter den Bildsequenz-Maßen wurden die Squared-Differences Methode, das Korrelations-Maß sowie das Kosinus-Maß vorgestellt.

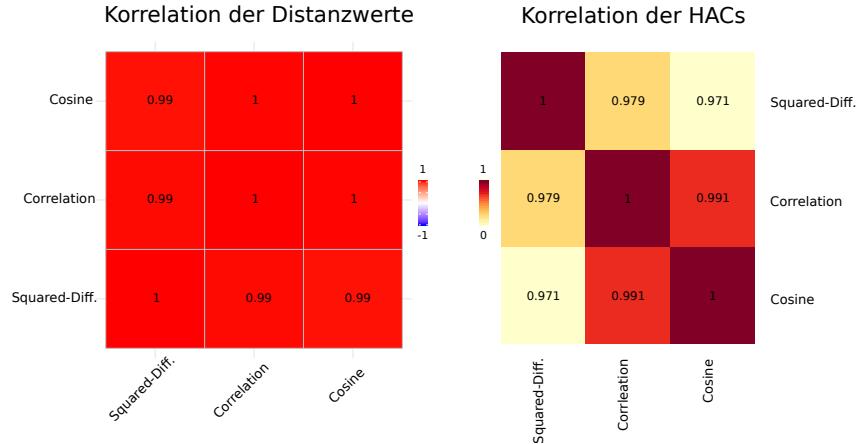


Abbildung 6.5: Gemittelte Korrelationswerte für Bildsequenz-Maße. Links die Korrelationen zwischen den Distanzwerten. Rechts die HAC-Korrelationen.

Bei den Bildsequenz-Maßen fallen die Ergebnisse weit homogener aus, wie an Abbildung 6.5 gut zu erkennen ist. Betrachtet man die Korrelationen zwischen den Distanzwerten, so deuten sich hier perfekte Übereinstimmungen an. Dasselbe lässt sich bei den Korrelationen zwischen den HACs beobachten.

6.3 Evaluation zwischen Kategorien

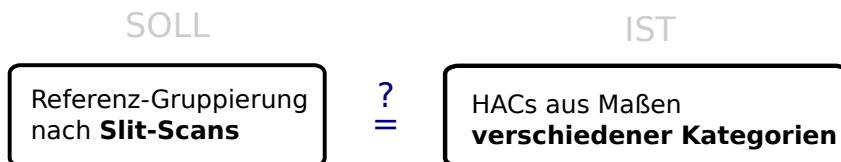


Abbildung 6.6: Veranschaulichung zur Herangehensweise, wie die Eignung der Maße in Bezug auf die Slit-Scan-Visualisierung festgestellt werden kann.

Nachdem die Maße untereinander in ihrer jeweiligen Kategorie miteinander verglichen wurden, folgt nun eine Evaluation zwischen Maßen unterschiedlicher Art. In diesem Zusammenhang ist ein Vergleich zwischen allen Maßen jedoch nicht sinnvoll. Grund dafür ist der hohe Evaluationsaufwand, welcher damit verbunden wäre. Aus diesem Grund wird aus jeder Kategorie nur ein Maß für die nachfolgenden Evaluation betrachtet. Eine Ausnahme bilden hier die Bild-Maße. In diesem Fall wird jeweils ein Bildsequenz-Maß sowie ein Histogramm-Maß ausgewählt. Die betrachteten vier Maße sind im Folgenden aufgeführt.

- Levenshtein-Distanz mit Temporal-Binning.
- Dynamic-Time-Warping auf Gaze-Punkten.
- Bhattacharyya-Distanz auf dem HSV-Farbraum (quantisiert in 30 Intensitätsklassen).
- Korrelationsmaß auf Bildsequenzen.

Diese haben sich experimentell als besonders vielversprechend, bezüglich der visuellen Interpretation erwiesen. In diesem Abschnitt werden zudem die Ergebnisse der beteiligten Distanzmaße in den Kontext der Slit-Scan-Visualisierung gesetzt. Dies geschieht an vier unterschiedlichen Szenarien, die aus den Benchmark-Datensätzen ausgewählt wurden. Die Herangehensweise für diese Aufgabe ist in Abbildung 6.6 dargestellt. Für jedes dieser Szenarien wird eine Referenzgruppierung präsentiert, die über die Slit-Scan-Visualisierung ermittelt wurde. Danach wird überprüft, wie gut die Maße diese Gruppierung nachbilden können. Damit soll letztlich die Frage beantwortet werden, inwiefern sich die Ergebnisse der Maße, mit der visuellen Interpretation, welche über die Slit-Scans gewonnen wurde, decken.

6.3.1 Beschreibung der Szenarien

Eine gängige Herangehensweise bei dem Vergleich von Blickverhalten ist, die Blicksequenzen der Probanden über den gesamten Zeitraum (des Stimulus) auf Ähnlichkeiten zu analysieren. Somit kann ermittelt werden, ob insgesamt Ähnlichkeiten, bzw. Unterschiede im Blickverhalten vorhanden sind. Das Szenario 1 soll sich genau dieser Aufgabe widmen.

Berechnet man die Ähnlichkeit über den gesamten Zeitraum, so ergibt sich daraus genau ein finaler Wert. Die Aussagekraft dieses Wertes lässt sich jedoch anzweifeln, da damit nicht feststellbar ist, wo die tatsächlichen Unterschiede (bzw. Ähnlichkeiten) zwischen den Blickverhalten existieren. Eine wichtige Aufgabe einer Visualisierung ist es, genau solche Bereiche zu identifizieren [KW16]. Die Slit-Scan-Visualisierung eignet sich für diese Aufgabe besonders gut. Eine Ermittlung dieser Sequenzen ist mittels der explorativen Analyse besonders einfach (siehe Abschnitt 6.1). Insofern ist es interessant, auch solche ausgewählten Bereiche in der Evaluation zu betrachten. Die Szenarien zwei bis vier sollen deshalb die Frage beantworten, inwiefern sich die visuell ermittelten Ähnlichkeiten, über die Resultate der Distanzmaße bestätigen lassen. Im Folgenden wird die Auswahl dieser Bereiche näher begründet.

Szenario 2 betrachtet ein Bereich, wo in den Slit-Scans deutlich zwei Gruppen von unterschiedlichen Blickverhalten identifiziert werden können. Hierbei ist es interessant festzustellen, ob sich das offensichtlich verschiedene Blickverhalten auch mittels der Ähnlichkeitsmaße bestätigen lässt.

Szenario 3 betrachtet ein Bereich, indem zwei Objekte im Stimulus fokussiert werden, die sehr ähnlich zueinander aussehen. Hier soll untersucht werden, ob auch Bildmaße die geringfügigen visuellen Unterschiede ermitteln können.

Szenario 4 betrachtet ein Bereich, indem sich das Blickverhalten der Probanden innerhalb eines Areas-Of-Interest abspielt. Als punkt-basierte Visualisierungstechnik, können die Slit-Scans jedoch diese Unterschiede gut erfassen. Es wird deshalb untersucht, ob bestimmte Maße in diesem Zusammenhang, keine gute Eignung bezüglich der visuellen Interpretation aufweisen.

6.3.2 Szenario 1

In diesem Szenario verfolgen die Probanden die Fahrt eines roten Autos, welches auf einem Parkplatz eine Wendung durchführt. Das Szenario basiert auf dem Stimulus Turning-Car (S2) des Benchmark-Datensatzes. Es wird dabei der gesamte Datenbereich betrachtet. In diesem Stimulus gibt es nur ein Area-Of-Interest, nämlich das rote Auto (siehe Abbildung 6.7). In diesem Zusammenhang ist es von Interesse, über welchen Zeitraum die Probanden das rote Auto fokussieren. Tatsächlich lassen sich zwei Gruppen vom Probanden ausmachen, deren Slit-Scans in Abbildung 6.7 zu sehen sind. Diese Gruppen werden im Folgenden näher beschrieben.

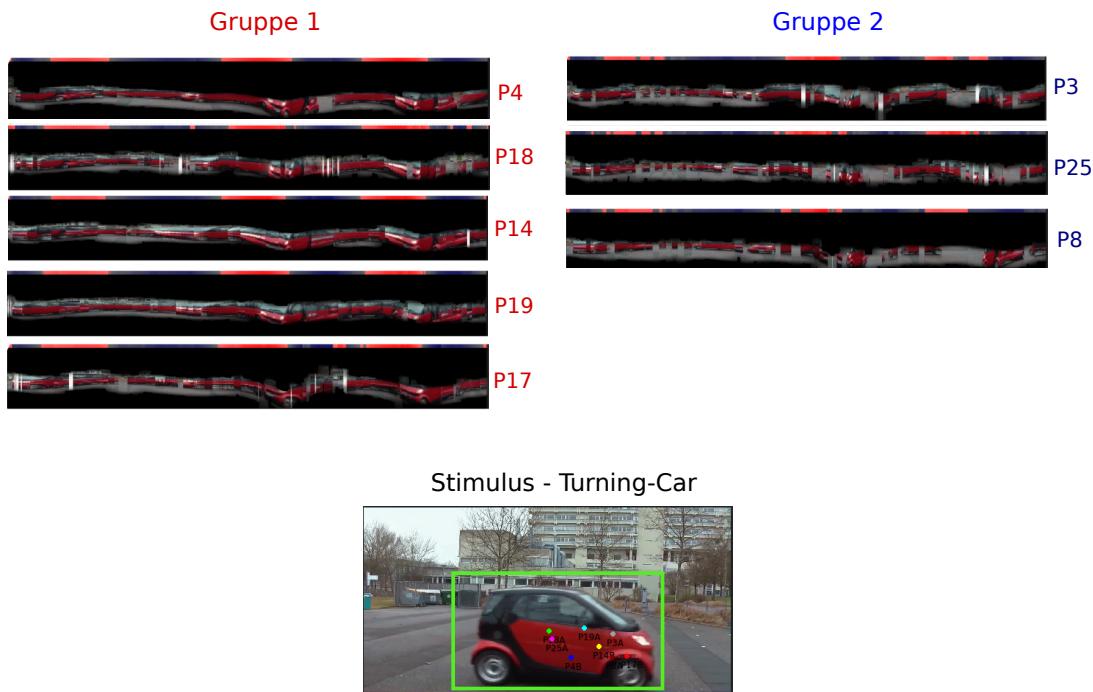


Abbildung 6.7: Szenario 1 - Referenzgruppierung und zeitlicher Ausschnitt des Stimulus mit eingezeichnetem AOI.

Gruppe 1 Besteht aus den Probanden P4, P18, P14, P19 sowie P17. Sie fokussieren kontinuierlich das fahrende rote Auto. Es gibt insgesamt nur sehr wenige Zeitpunkte, wo der Fokus auf das Auto verloren geht.

Gruppe 2 Besteht aus den Probanden P3, P25 und P8. Sie schauen im Vergleich zur Gruppe 1 weitaus weniger kontinuierlich auf das rote Auto. Dies ist in den Slit-Scans relativ gut an den unregelmäßig auftretenden gräulichen Bereichen zu sehen. Hier schauen die Probanden offenbar auf den Asphalt und nicht auf das Auto.

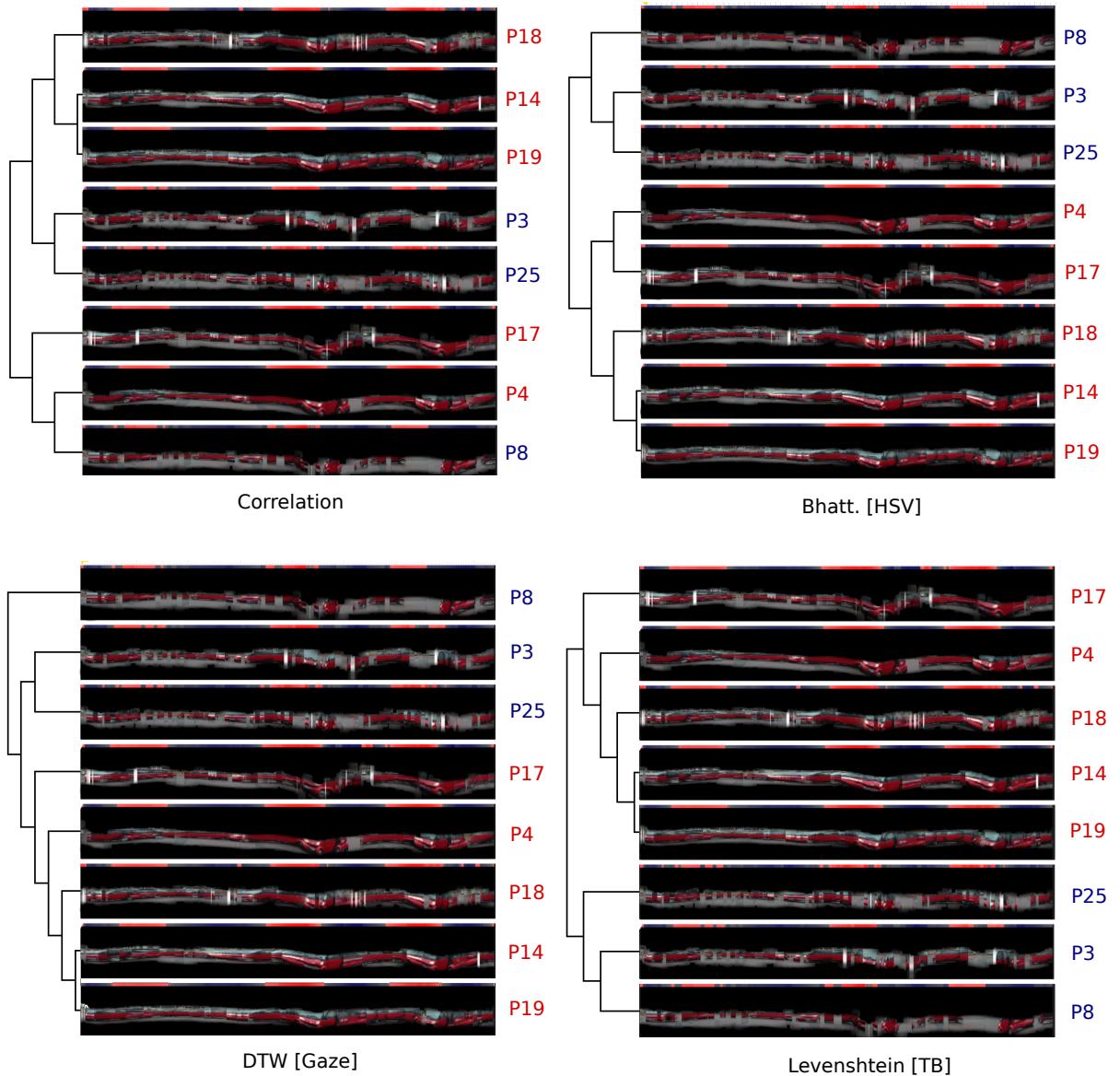


Abbildung 6.8: Szenario 1 - Dendrogramme zu den erzeugten HACs erstellt mit dem Prototypen.

Ergebnisse

Die Abbildung 6.8 zeigt die Ergebnisse der Clusterings unter Verwendung der vier Distanzmaße. Es ist deutlich zu sehen, dass Dynamic-Time-Warping, die Bhattacharyya-Distanz sowie die Levenshtein-Distanz die Referenz-Gruppierungen einwandfrei ermitteln können. Zudem sind die erzeugten Clusterings sehr ähnlich zueinander, wie die Korrelationen zwischen den HACs zeigen (siehe Abbildung 6.9). Sie liegen für diese drei Maße im Bereich zwischen 0.89 und 0.94. Betrachtet man jedoch die Korrelationswerte zwischen den Distanzwerten, so zeigt

6.3 Evaluation zwischen Kategorien

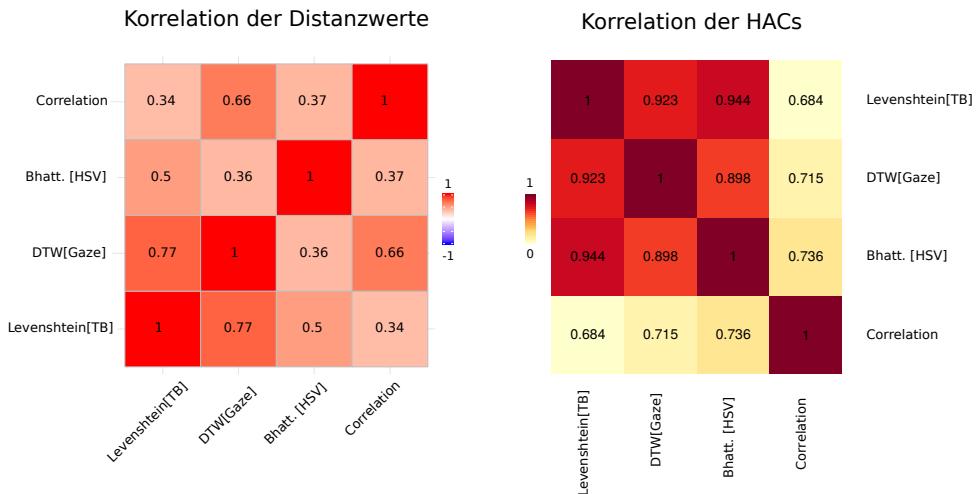


Abbildung 6.9: Szenario 1 - Links die Korrelationen zwischen den Distanzwerten. Rechts die HAC-Korrelationen.

sich etwas anderes. Es sind lediglich hohe Korrelationen (0.77) zwischen der Dynamic-Time-Warping Methode und der Levenshtein-Distanz zu erkennen. Die anderen Korrelationswerte sind hier deutlich geringer (zum Beispiel nur 0.34 zwischen dem Korrelations-Maß und der Levenshtein-Distanz).

6.3.3 Szenario 2

Dieses Szenario basiert auf dem Stimulus Dialog (S3) vom Benchmark-Datensatz, in welchem zwei Personen einen Dialog führen. Der verwendete Datenbereich liegt zwischen den Gaze-Punkten 800 und 1011. Die Probanden fokussieren in der Regel jene Person, die gerade am Sprechen ist. Da die beiden Gesichter in den Slit-Scans schwer zu unterscheiden sind, ist in diesem Fall das Spektrogramm sehr hilfreich. Es erlaubt festzustellen, ob der Proband gerade die linke Person betrachtet (Spektrogramm ist rot), oder die rechte Person (Spektrogramm ist blau). In Abbildung 6.10 ist ein einzelnes Bild des Stimulus zu sehen, in dem die AOIs als grüne Umrandungen angedeutet sind. Links in Abbildung 6.7 ist die Referenz-Gruppierung angegeben, welche über die Slit-Scan-Visualisierung ermittelt wurde. Diese Gruppierung wird im folgenden näher beschrieben.

Gruppe 1 Besteht aus P4, P12, P8, P11 und P5. Diese schauen auf die linke Person und danach auf die rechte Person. Bei der rechten Person schauen die Probanden aber vorwiegend auf den Aufdruck des T-Shirts, was in den Slit-Scans auch gut zu sehen ist. Der Proband P5 kann innerhalb dieser Gruppe als Ausreißer angesehen werden, da er früher auf den Aufdruck des T-Shirts schaut.

Gruppe 2 Besteht aus P2, P18, P14 und P23. Sie schauen zunächst auf die linke Person, dann auf die rechte Person und schließlich wieder auf die linke Person. Das Spektrogramm

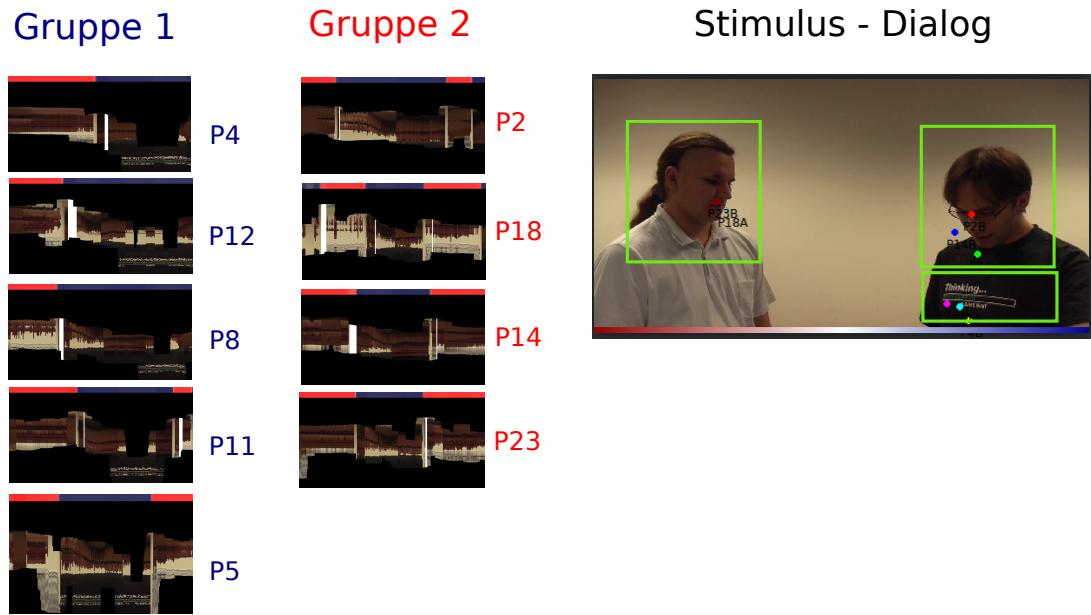


Abbildung 6.10: Szenario 2 - Referenzgruppierung und zeitlicher Ausschnitt des Stimulus mit eingezeichneten AOIs.

zeigt diesen Verlauf deutlich. Auch in dieser Gruppe kann ein Proband als Ausreißer gesehen werden. In diesem Fall handelt es sich um P2. Dieser schaut vorwiegend auf die rechte Person, wie sich anhand des Spektrogramms leicht erkennen lässt.

Ergebnisse

Die Ergebnisse der ermittelten HACs sind in Abbildung 6.11 für alle vier Maße zu sehen. Alle erzeugten Clusterings zeigen eine relativ gute Übereinstimmung zur erwarteten Referenz-Gruppierung. Einzig die Dynamic-Time-Warping Methode zeigt einige fehlerhafte Zuordnungen. So werden P5 und P11 in Gruppe 2 eingeordnet. Wie gut zu sehen ist, sind das Clustering zwischen der Levenshtein-Distanz und dem Korrelationsmaß sehr ähnlich. Dies lässt sich auch aus den Korrelation der HACs in Abbildung 6.12 gut ablesen. Sie beträgt zwischen diesen beiden Maßen etwa 0.92. Bei den Distanzwerten ist dies jedoch nicht zu beobachten. Hier sind beispielsweise die Korrelationen zwischen der Dynamic-Time-Warping Methode und dem Korrelations-Maß höher. Beide haben jedoch gemeinsam, dass der Proband P5 fälschlicherweise in Gruppe 2 eingeordnet wird. Dies konnte auch bereits bei der Dynamic-Time-Warping Methode beobachtet werden. Bei der Bhattacharyya-Distanz wird hingegen Proband P18 falsch in Gruppe 1 eingeordnet. Die Ausreißer P2 und P5 werden hingegen der korrekten Gruppe zugeordnet. Aufgrund dieser Unterschiede in den Clusterings, sind die HAC-Korrelation zwischen der Bhattacharyya-Distanz und den anderen drei Maßen nur im Bereich zwischen 0.45 und 0.6.

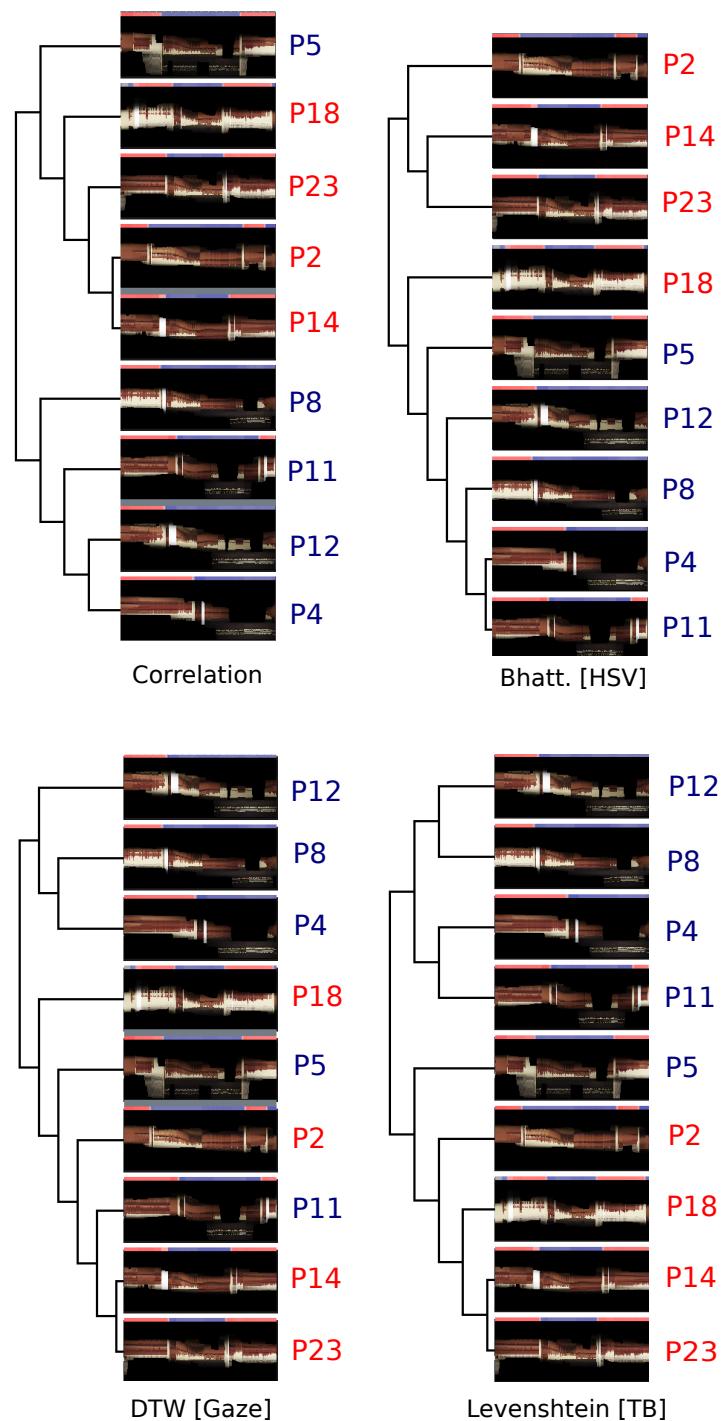


Abbildung 6.11: Szenario 2 - Dendrogramme zu den erzeugten HACs erstellt mit dem Prototypen.

6 Demonstration und Evaluation

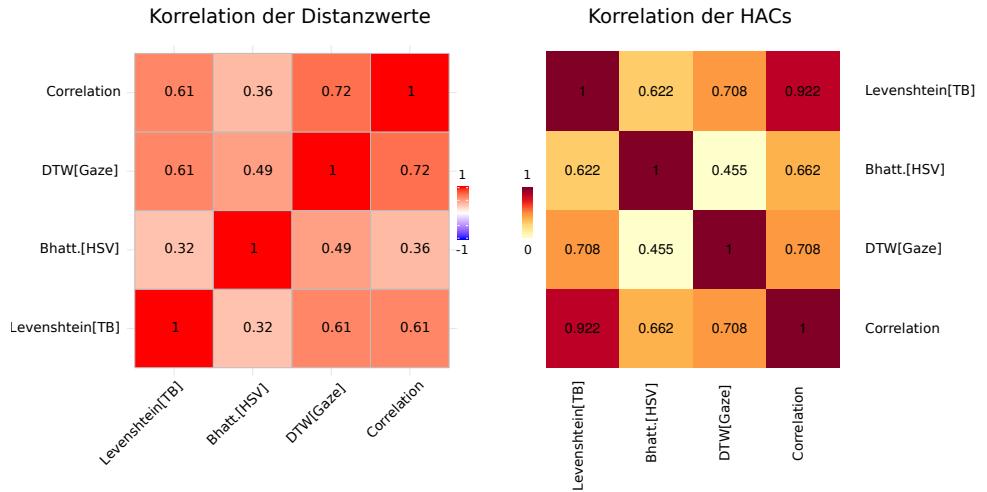


Abbildung 6.12: Szenario 2 - Links die Korrelationen zwischen den Distanzwerten. Rechts die HAC-Korrelationen.

6.3.4 Szenario 3

Dieses Szenario zeigt, wie zwei Akteure das Kartenspiel 'Memory' spielen. Es basiert auf dem Stimulus Memory (S5) des Benchmark-Datensatzes. Die verwendete Datenbereich liegt zwischen den Gaze-Punkten 2003 und 2231. Bei diesem Stimulus stellt sich die Frage, welche Karten die Probanden fokussieren. Aus diesem Grund ist jede der 16 Karten als ein eigenständiges Area-Of-Interest definiert. In Abbildung 6.13 sind zur Einfachheit halber nur die ersten vier AOIs als grüne Umrandungen annotiert. Links in Abbildung 6.10 ist die Referenz-Gruppierung angegeben, die über die Slit-Scan-Visualisierung ermittelt wurde. Diese Gruppierung wird im folgenden näher beschrieben.

Gruppe 1 Besteht aus den Probanden P5, P23, P19, P8 und P25. Diese schauen auf die eine aufdeckte Karte (A) und das relativ kontinuierlich, ohne auf eine anderen Karte zu schauen.

Gruppe 2 Besteht aus den Probanden P22, P14 und P24. Sie schauen zum Teil auch auf die aufgedeckte Karte A. Zwischendurch fokussieren sie jedoch auch die andere aufgedeckte Karte (B), welche genauso aussieht wie die Karte (A). Dieser Blickverlauf ist in den Slit-Scans gut als Sprünge zwischen den beiden Karten A und B zu sehen.

Ergebnisse

Wie in Abbildung 6.14 zu sehen ist, können die Levenshtein-Distanz, Dynamic-Time-Warping als auch das Korrelationsmaß klar die Referenz-Gruppen als solche identifizieren. Hier gibt es bezüglich der Clusterings nur geringfügige Unterschiede. Die Korrelationswerte (sowohl bei den Distanzwerten, als auch auf den HACs) in Abbildung 6.15 bestätigen dies. Diese liegen alle

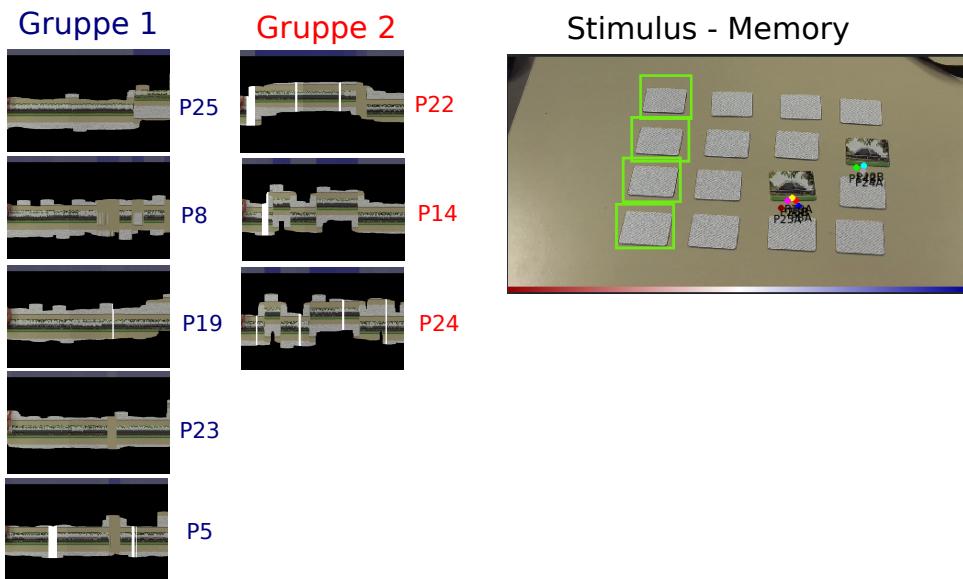


Abbildung 6.13: Szenario 3 - Referenzgruppierung und zeitlicher Ausschnitt des Stimulus mit eingezeichneten AOIs.

im Bereich von 0.8, was als hoch angesehen werden kann. Vor allem zwischen dem Korrelationsmaß und der Levenshtein-Distanz ist eine hohe Ähnlichkeit in den Distanzwerte zu beobachten. Anders sieht es jedoch bei der Bhattacharyya-Distanz aus, wo das Clustering die beiden Gruppen nicht identifizieren kann. Die Probanden P14 und P24 werden zwar korrekterweise zusammengeführt, jedoch wird auch fälschlicherweise P22 mit P23 zusammengeführt. Die Korrelationswerte zwischen den HACS (etwa alle bei 0,4) machen die Unterschiede ebenfalls nochmal deutlich. Auf Ebene der Distanzwerte wird der Unterschied noch deutlicher. Hier sind die entsprechenden Korrelationswerte teilweise kleiner als 0.1.

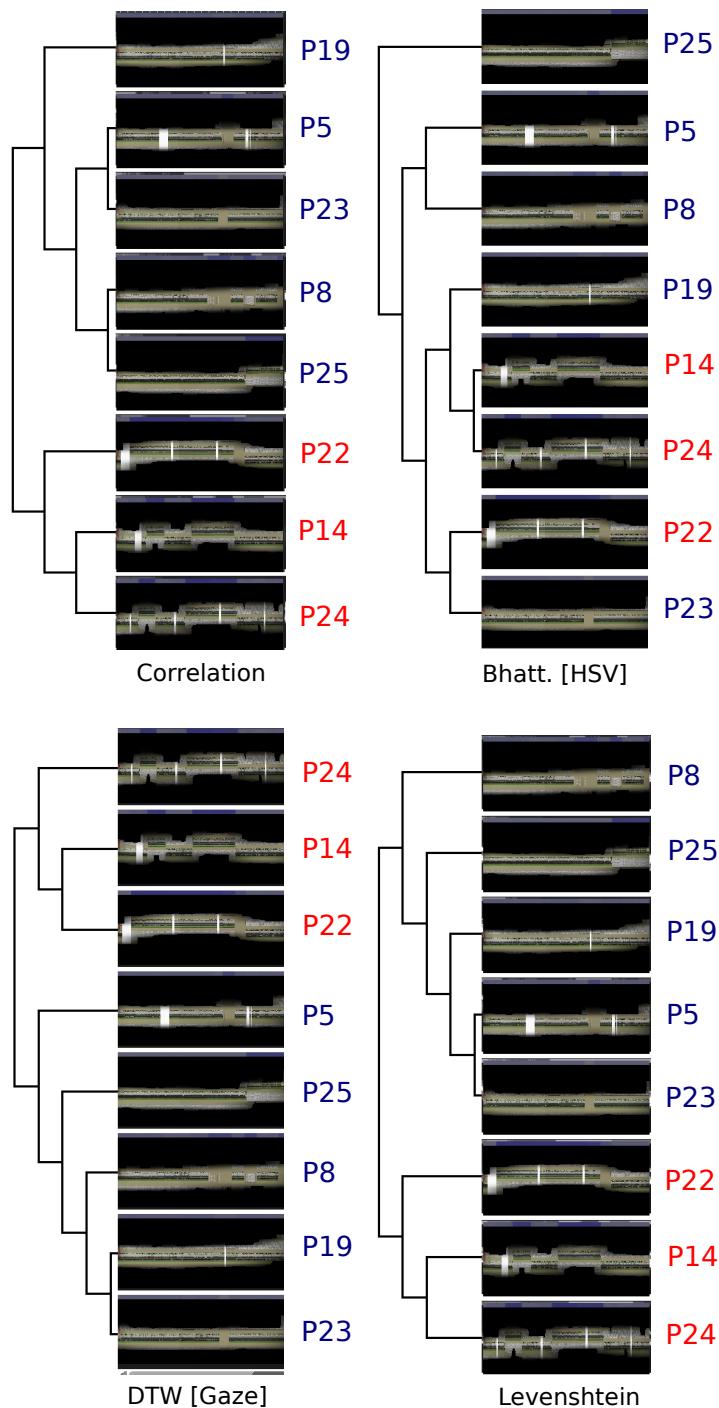


Abbildung 6.14: Szenario 3 - Dendrogramme zu den erzeugten HACs erstellt mit dem Prototypen.

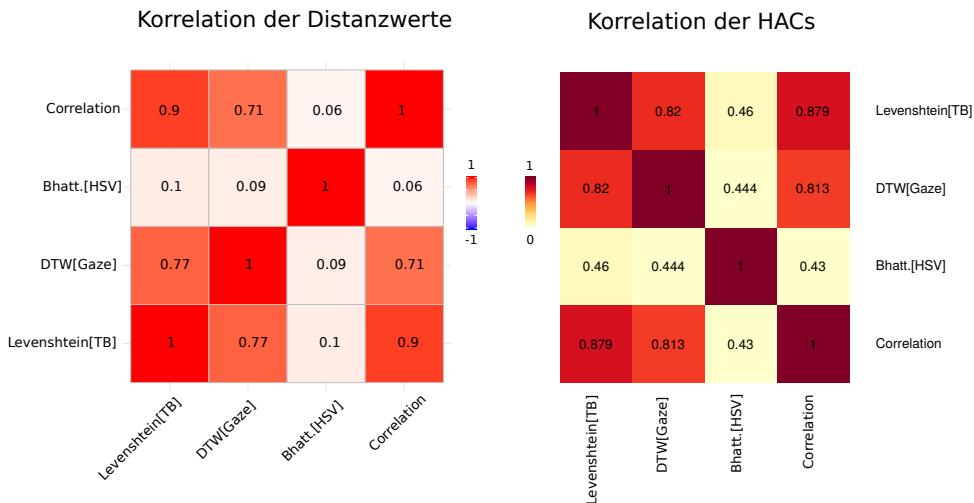


Abbildung 6.15: Szenario 3 - Links die Korrelationen zwischen den Distanzwerten. Rechts die HAC-Korrelationen.

6.3.5 Szenario 4

In diesem Szenario spielen zwei Akteure das Kartenspiel 'UNO'. Es basiert ebenfalls auf dem Benchmark-Datensatz. Hier wurde jedoch der Stimulus Uno (S6) auf den Gaze-Punkten zwischen 2102 bis 2392 verwendet. Dabei existieren verschiedene Fokuspunkte, die als Areas-Of-Interest im Stimulus markiert sind. Darunter die Karten-Blätter der beiden Spieler. Außerdem die beiden mittleren Kartenstapel. Links in Abbildung 6.16 ist die Referenz-Gruppierung angegeben, welche über die Slit-Scan-Visualisierung ermittelt wurde. Besonders an den Probanden aller Gruppen ist, dass sie alle auf das Kartenblatt vom rechten Spieler schauen. Die entsprechenden Spektrogramme zeigen dies deutlich (da sie alle weitgehend blau sind). Dennoch gibt es zwischen diesen Probanden auch Unterschiede, die sich ebenfalls aus den Slit-Scans gut ablesen lassen. Die folgende Beschreibung der Referenz-Gruppierung soll dies verdeutlichen.

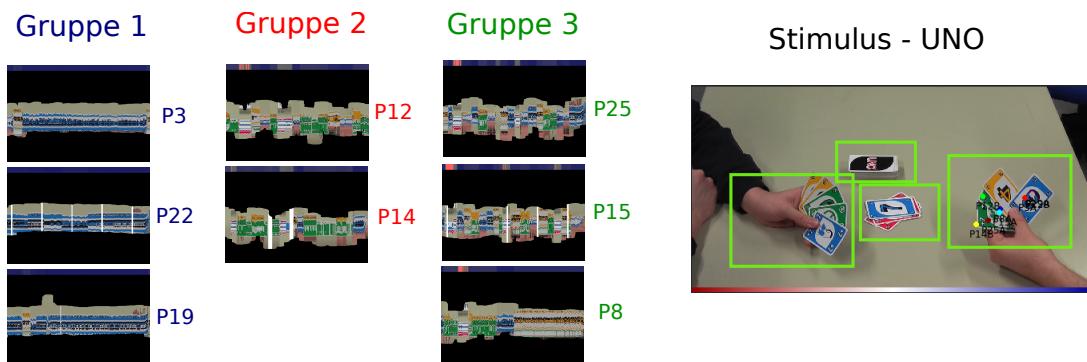


Abbildung 6.16: Szenario 4 - Referenzgruppierung und zeitlicher Ausschnitt des Stimulus mit eingezeichneten AOIs.

Gruppe 1 Bestehend aus den Probanden P3, P22 und P19. Diese schauen durchgehend auf die blaue Karte vom Spieler rechts. Die entsprechenden Slit-Scans in Abbildung 6.16 zeigen dies deutlich.

Gruppe 2 Bestehend aus den Probanden P12 und P14. Sie schauen vorwiegend auf die grüne Karte vom Spieler rechts.

Gruppe 3 Bestehend aus den Probanden P25, P15 und P8. Sie schauen auf mehrere verschiedene Karten des rechten Spieler. Der Proband P8 kann als Ausreißer gesehen werden, da er vor allem auf die gelbe Karte fokussiert ist.

Ergebnisse

Die Abbildung 6.17 zeigt die Clustering-Ergebnisse der beteiligten Maße. Die Bhattacharyya-Distanz, Dynamic-Time-Warping sowie das Korrelation-Maß können die drei Referenz-Gruppen gut erkennen. Die Clustering-Ergebnisse sind auch sehr ähnlich zueinander. Die Korrelationswerte zwischen den dazugehörigen HACs, wie in Abbildung 6.17 gut zu sehen ist, sind entsprechend hoch und liegen im Bereich von 0.9 und 1.0. Ähnliches ist auf der Ebene der Distanzwerte zu beobachten. Außerdem wird in diesem Clustering die Abgrenzung von Gruppe 1 (Probanden die auf die blaue Karte schauen) zu den beiden anderen Gruppen 2 und 3 deutlich. Die Gruppen 2 und 3 werden hier zunächst zusammengeführt, bevor sie mit Gruppe 1 zusammengeführt werden. Dennoch gibt es auch Probleme bei der Zuordnung der Probanden zu den Referenz-Gruppen. So gelingt es beispielsweise der Dynamic-Time-Warping Methode nicht, die Ähnlichkeit P14 und P12 korrekt zu erkennen. Dasselbe ist bei dem Korrelation-Maß zu beobachten. Die Probanden P15 und P25 der Gruppe 3 werden hingegen korrekt zugeordnet. Abzugrenzen von diesen drei Clusterings ist das Resultat der Levenshtein-Distanz. Sie verhält sich, wie man an den Korrelationswerten gut erkennen kann, in diesem Szenario ganz anders. Betrachtet man das Clustering, so fällt auf, dass die Gruppen 2 und 3 nicht eindeutig identifiziert werden können. Außerdem zeigt das Clustering keine klare Abgrenzung zwischen den Probanden der Gruppe 1 (P22, P3, P19) und den anderen Probanden.

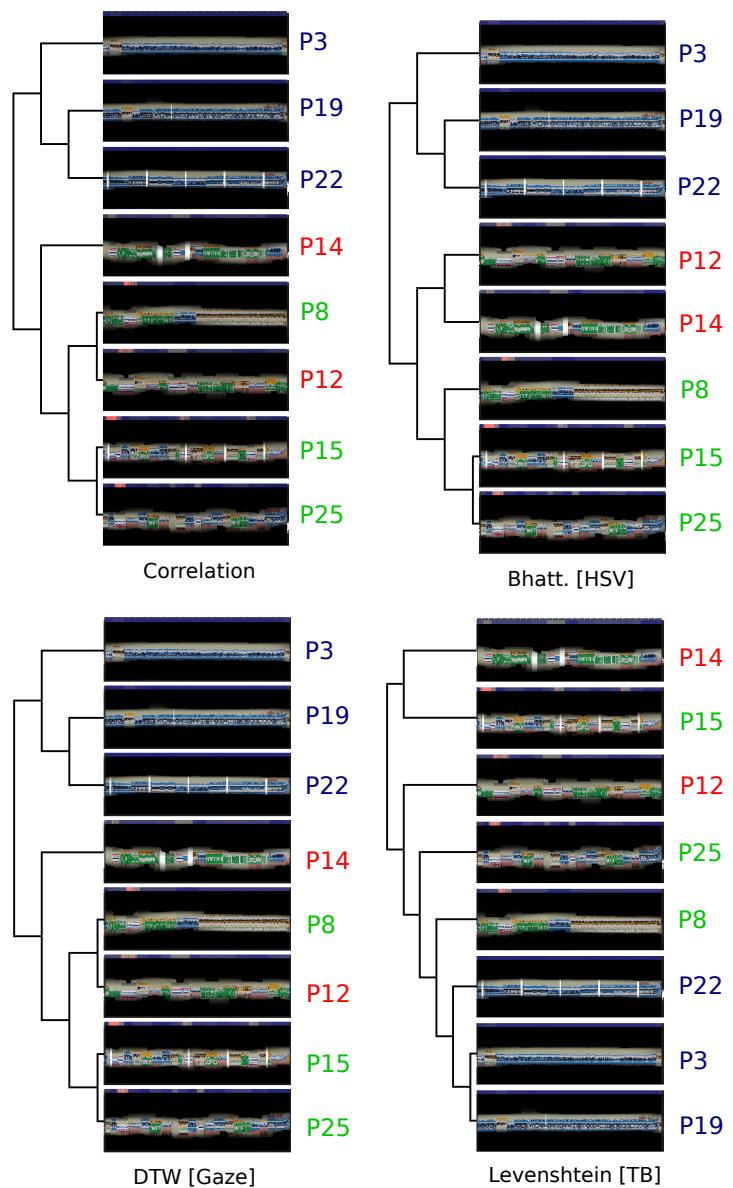


Abbildung 6.17: Szenario 4 - Dendrogramme zu den erzeugten HACs erstellt mit den Prototypen.

6 Demonstration und Evaluation

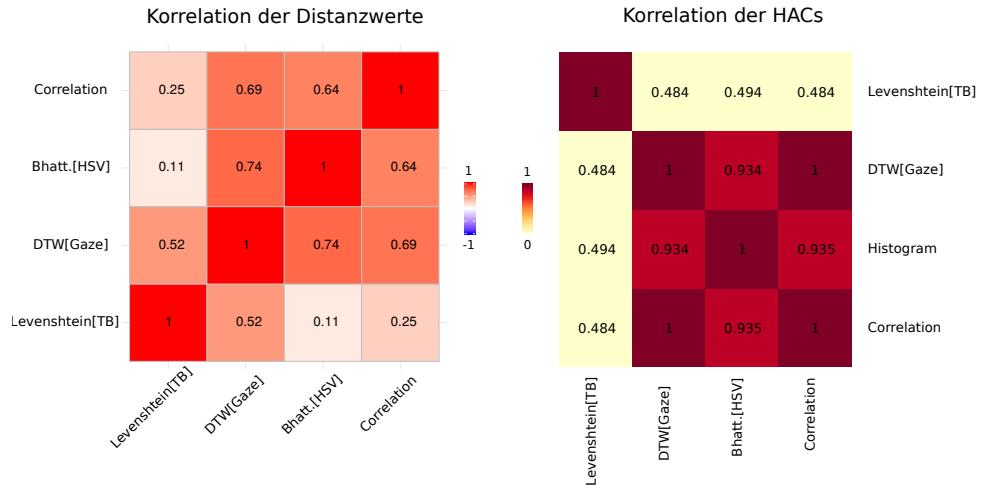


Abbildung 6.18: Szenario 4 - Links die Korrelationen zwischen den Distanzwerten. Rechts die HAC-Korrelationen.

6.4 Diskussion und Interpretation der Ergebnisse

Betrachtet man die Ergebnisse aus Abschnitt 6.3, so ist zunächst zu erwähnen, dass repräsentative Aussagen anhand von nur vier Szenarien schwer getroffen werden können. Dennoch lassen sich auf Grundlage der ermittelten Ergebnisse, Tendenzen ziehen. Betrachtet man die Szenarien 1, 2 und 3 so kann deutlich beobachtet werden, dass die Ergebnisse zwischen der Levenshtein-Distanz und den Trajektorie- und Bildmaßen oft in guter Übereinstimmung zur visuellen Interpretation stehen. Insofern ist zu anzumerken, dass anhand der vorliegenden Realbeispiele eine gute Eignung dieser Maße im Kontext der Slit-Scan-Visualisierung anzunehmen ist. Vor allem sind dabei die Levenshtein-Distanz sowie die Bhattacharyya-Distanz zu erwähnen, da sie die Referenzgruppierungen oft korrekt wiedergeben konnten. Insbesondere bei den ersten beiden Szenarien wurde dies beobachtet. Aber auch sie haben Schwächen, die sich im Rahmen der Evaluation angedeutet haben. So konnte in Szenario 3 beobachtet werden, dass die Bhattacharyya-Distanz offenbar Schwierigkeiten bei der Unterscheidung von ähnlich aussehenden Elementen im Stimulus hatte. Es konnte jedoch auch beobachtet werden, dass im selben Szenario das Bildsequenz-Maß (Correlation) hier offenbar weniger Probleme hatte. So lässt sich daraus nicht automatisch folgern, dass Bildmaße in einem solchen Szenario schlechter abschneiden müssen. Es ist jedoch zu vermuten, dass Histogramm und Maße auf Bildsequenzen durchaus unterschiedliches Verhalten aufweisen. Betrachtet man Szenario 4, so konnte beobachtet werden, dass die Levenshtein-Distanz Probleme hatte, die Referenzgruppierungen korrekt wiederzugeben. Die Vermutung ist, dass Scanpath-Maße unter bestimmten Umständen, keine besonders gute Eignung in Bezug auf die visuelle Interpretation aufweisen. Dies ist insbesondere bei punkt-basierten Visualisierungstechniken (wie der Slitscan-Visualisierung) anzunehmen, vor allem wenn die Unterteilung des Stimulus in Areas-Of-Interests zu grobgranular ausfällt. In solchen Fällen werden zwar Varianzen im Blickverhalten durch die punkt-basierte Visualisierungstechnik visuell wiedergegeben, aber

nicht von AOI-basierten Scanpath-Maßen erkannt. Hier können nicht-AOI-basierte Verfahren, wie die Bhattacharyya-Distanz, das Korrelations-Maß, oder Dynamic-Time-Warping deutlich bessere Ergebnisse liefern.

Es stellt sich natürlich die Frage, wie gut die Eignung jener Maße zur visuellen Interpretation ist, die nicht näher im Abschnitt 6.3 untersucht wurden. Auf Grundlage der Resultate aus dem Abschnitt 6.2 können zumindest einige Vermutungen angestellt werden. So ist davon auszugehen, dass der Needleman-Wunsch-Algorithmus mit Temporal-Binning die ähnlichen Ergebnisse liefern wird, wie die Levenshtein-Distanz mit Temporal-Binning. Anders ist dies unter der Missachtung der Fixationsdauern (als ohne Temporal-Binning) zu erwarten. Die Korrelationswerte haben deutlich ergeben, dass die Fixationsdauern einen großen Einfluss auf die Cluster-Ergebnisse haben. Insofern stellt sich die Frage, ob ohne Temporal-Binning, von einer schlechteren Eignung bezüglich der visuellen Interpretation auszugehen ist. Betrachtet man die Histogramm-Maße, so ist davon auszugehen, dass keine großen Unterschiede zwischen der Bhattacharyya-Distanz und der Chi-Square Methode existieren. Bei der Wahl des Farbraums sind zwar ähnliche Ergebnisse beobachtet worden, jedoch waren sie nicht immer in vollständiger Übereinstimmung zueinander. Die Farbraumauswahl hat offenbar einen nicht zu vernachlässigenden Einfluss auf die Resultate des Clusterings. Diese Tatsache scheint im Kontext des Histogramm-Vergleichs nicht ungewöhnlich zu sein. So haben beispielsweise Chiang et al. [CTH06] dies ebenso zwischen den Farträumen HSV, RGB und YUV feststellen können. Insbesondere bei den Bildsequenz-Maßen konnte gezeigt werden, dass hier die Wahl des Maßes keine besondere Auswirkung auf das Ergebnis hat. Somit ist davon auszugehen, dass die Squared-Difference-Methode und das Kosinus-Maß sich in den vier vorgestellten Szenarien, ähnlich wie das Korrelations-Maß verhalten werden. Bei den Trajektorie-Maßen (Dynamic-Time-Warping und Frechet-Distanz) kann am ehesten davon ausgegangen werden, dass sehr unterschiedliche Ergebnisse zu erwarten sind. Selbst bei der Wahl der Repräsentation (Fixationen oder Gaze-Punkte), wurden unterschiedliche Ergebnisse festgestellt. Bei all den erkannten Unterschieden, ist es letztlich jedoch schwer, die genauen Gründe für diese Umstände ausfindig zu machen. Hierfür wäre eine tiefere gehende Analyse notwendig.

7 Zusammenfassung und Ausblick

Dieses Kapitel fasst die in dieser Arbeit behandelten Inhalte kurz zusammen. Danach wird ein Ausblick gegeben, wie verschiedene Aspekte des Konzepts sowie der Evaluation sinnvoll erweitert werden können.

Zusammenfassung

Das Ziel dieser Bachelorarbeit bestand in der Erweiterung der Slit-Scan-Visualisierungstechnik, um die Möglichkeit das Blickverhalten mehrerer Probanden berechnen und analysieren zu können. Hierfür wurden Ähnlichkeitsmaße basierend auf Trajektorien-, Scanpaths- und Bildähnlichkeiten implementiert, die eine objektive Analyse des Blickverhaltens zwischen unterschiedlichen Probanden ermöglichen. Das in dieser Arbeit entwickelte Konzept erlaubt die berechneten Ähnlichkeiten zwischen den Probanden in den Kontext der Visualisierung zu setzen und die Ergebnisse unterschiedlicher Ähnlichkeitsmaße miteinander zu vergleichen. Hierfür wurden zwei visuelle Erweiterungen: die Multi-Dendrogramm-Analyse sowie die Multi-Heatmap-Visualisierung vorgestellt, die dies auf interaktiver Ebene ermöglichen. Das Konzept der hierarchischen Clusteranalyse stellt dabei die Grundlage dieser Techniken dar. Die Implementierung der genannten Konzepte wurde in Form eines Prototypen umgesetzt, welcher für die Evaluation der implementierten Ähnlichkeitsmaße verwendet wurde. Diese wurden dabei auf zwei Arten miteinander verglichen. Zunächst fand eine Untersuchung unter den Ähnlichkeitsmaßen derselben Kategorie (Trajektorie, Scanpath- und Bildähnlichkeiten) statt. Danach wurde ein Ähnlichkeitsmaß pro Kategorie ausgewählt, um diese untereinander, im Kontext der Slit-Visualisierung, auf ihre Eignung bezüglich der visuellen Interpretation zu testen. Zum Schluss folgte eine Diskussion sowie Interpretation der ermittelten Ergebnisse.

Die Ergebnisse zeigen, dass sich die Resultate der betrachteten Ähnlichkeitsmaße in vielen Fällen mit der visuellen Interpretation vertragen. Die betrachteten Szenarien deuten jedoch auch auf potenzielle Schwächen einiger Ähnlichkeitsmaße hin. Außerdem sind mit nicht zu vernachlässigenden Varianzen in den Resultaten der Ähnlichkeitsmaße zu rechnen, welche auf die Auswahl der Repräsentationen zurückzuführen sind.

Ausblick

Im Folgenden wird erläutert, an welchen Punkten dieser Arbeit, Verbesserungen sowie Erweiterungen denkbar sind.

Ausweitung der Evaluation

Das Evaluationskapitel hat die Eignung der verschiedenen Ähnlichkeitsmaße in Bezug auf die visuelle Interpretation getestet. Dies geschah jedoch nur anhand vier ausgewählten (Real-)Szenarien. An dieser Stelle ist es sinnvoll die Evaluation auf mehr Szenarien auszuweiten, um repräsentative und sichere Ergebnisse liefern zu können. Hierfür wäre es sinnvoll, für diese Aufgabe zugeschnittene Eye-Tracking-Daten aufzunehmen.

Erweiterung der Slit-Scan Visualisierung

Um das Problem des Überblicks zu bewältigen, wurde der klassische Ansatz des 'Zoomings' verwendet (Abschnitt 4.2.2 im Konzeptkapitel). In vielen Fällen erweist sich dieser als sehr hilfreich, jedoch ist der Detail-Verlust mitunter sehr hoch. In diesem Zusammenhang wäre es interessant, ob der ebenfalls betrachtete Ansatz der Mini-Map, einen besseren Überblick erlaubt.

Es wurde auch ein anderer Ansatz zur besseren Skalierung nach der Datensatzlänge, auf Grundlage von Bildähnlichkeiten vorgestellt (Abschnitt 4.2.2 im Konzeptkapitel). Hier stellt sich die Frage, wie trotz der Zusammenführung ähnlicher Slits, die Information der Dauer erhalten bleiben kann. Unter der Voraussetzung, dass dieses Problem gelöst wird, wäre die Umsetzung dieses Ansatzes ebenfalls vielversprechend.

Erweiterung des Prototypen um die statistische Analyse

Im Rahmen der Evaluation wurden neben dem entwickelten Prototypen, außerdem statistische Methoden (wie die Korrelationsanalyse) verwendet. Diese wurde aber extern mithilfe eines R-Skripts durchgeführt. Hier wäre es sinnvoller, statistische Methoden direkt in den Prototypen zu integrieren, sodass die Anwendung für diese Aufgabe nicht verlassen werden muss.

Erweiterung der Multi-Heatmap-Visualisierung

Die Multi-Heatmap-Visualisierung ist vor allem für die Darstellung von mehreren Distanzmatrizen geeignet. Jedoch skaliert sie nur unzureichend über die Anzahl der Elemente, was die direkte Analyse der Distanzwerte erschwert. Somit hat sie sich als nur eingeschränkt nützlich erwiesen. An dieser Stelle wäre es denkbar, Filterkonzepte in diese Visualisierung zu integrieren, sodass weniger Distanzwerte gleichzeitig darstellt werden müssen. Beispielsweise könnten nur jene Werte angezeigt werden, welche einen vom Benutzer festgelegten Schwellenwert über- oder unterschreiten.

Literaturverzeichnis

[AAKB15] N. C. Anderson, F. Anderson, A. Kingstone, W. F. Bischof. „A comparison of scanpath comparison methods“. In: *Behavior Research Methods* 47.4 (2015), S. 1377–1392. ISSN: 1554-3528. DOI: [10.3758/s13428-014-0550-3](https://doi.org/10.3758/s13428-014-0550-3). URL: <http://dx.doi.org/10.3758/s13428-014-0550-3> (zitiert auf S. 7, 32).

[BKR+17] T. Blascheck, K. Kurzhals, M. Raschke, M. Burch, D. Weiskopf, T. Ertl. „Visualization of Eye Tracking Data: A Taxonomy and Survey“. In: *Computer Graphics Forum* (2017), n/a–n/a. ISSN: 1467-8659. DOI: [10.1111/cgf.13079](https://doi.org/10.1111/cgf.13079). URL: <http://dx.doi.org/10.1111/cgf.13079> (zitiert auf S. 1, 6, 7, 29).

[BS97] S. A. Brandt, L. W. Stark. „Spontaneous eye movements during visual imagery reflect the content of the visual scene“. In: *Journal of cognitive neuroscience* 9.1 (1997), S. 27–38 (zitiert auf S. 2, 32).

[Cha07] S.-H. Cha. *Comprehensive Survey on Distance/Similarity Measures between Probability Density Functions*. 2007 (zitiert auf S. 10).

[Cha08] S.-H. Cha. „Taxonomy of nominal type histogram distance measures“. In: *City* 1.2 (2008), S. 1 (zitiert auf S. 33, 34).

[CHC17] A. Coutrot, J. H. Hsiao, A. B. Chan. *Scanpath modeling and classification with hidden Markov models*. 2017 (zitiert auf S. 8).

[CMTG10] F. Cristino, S. Mathôt, J. Theeuwes, I. D. Gilchrist. „ScanMatch: A novel method for comparing fixation sequences“. In: *Behavior research methods* 42.3 (2010), S. 692–700 (zitiert auf S. 30, 32).

[CS02] S.-H. Cha, S. N. Srihari. „On measuring the distance between histograms“. In: *Pattern Recognition* 35.6 (2002), S. 1355–1370. ISSN: 0031-3203. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0031-3203\(01\)00118-2](https://doi.org/10.1016/S0031-3203(01)00118-2). URL: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0031320301001182> (zitiert auf S. 9).

[CTH06] T.-W. Chiang, T. Tsai, M.-J. Hsiao. „Comparison of Color Spaces for Histogram-Based Image Retrieval“. In: (2006), S. 333–341 (zitiert auf S. 73).

[ESBB98] M. B. Eisen, P. T. Spellman, P. O. Brown, D. Botstein. „Cluster analysis and display of genome-wide expression patterns“. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences* 95.25 (1998), S. 14863–14868 (zitiert auf S. 17).

[EYH15] S. Eraslan, Y. Yesilada, S. Harper. „Eye tracking scanpath analysis techniques on web pages: A survey, evaluation and comparison“. In: *Journal of Eye Movement Research* 9.1 (2015) (zitiert auf S. 7).

[FHS+05] P. Filev, L. Hadjiiski, B. Sahiner, H.-P. Chan, M. A. Helvie. „Comparison of similarity measures for the task of template matching of masses on serial mammograms“. In: *Medical physics* 32.2 (2005), S. 515–529 (zitiert auf S. 34).

[Gom00] E. H. Gombrich. *Art and illusion : a study in the psychology of pictorial representation*. Princeton: Princeton University Press, 2000. ISBN: 0691070008 9780691070001 0691017506 9780691017501 0691097852 9780691097855. URL: http://www.worldcat.org/search?qt=worldcat_org_all&q=9780691070001 (zitiert auf S. 13).

[Gos12] A. A. Goshtasby. „Similarity and Dissimilarity Measures“. In: *Image Registration: Principles, Tools and Methods*. London: Springer London, 2012, S. 7–66. ISBN: 978-1-4471-2458-0. DOI: [10.1007/978-1-4471-2458-0_2](https://doi.org/10.1007/978-1-4471-2458-0_2). URL: https://doi.org/10.1007/978-1-4471-2458-0_2 (zitiert auf S. 11, 34).

[HB10] G. Harding, M. Bloj. „Real and predicted influence of image manipulations on eye movements during scene recognition“. In: *Journal of Vision* 10.2 (2010), S. 8–8 (zitiert auf S. 32).

[HD06] J. Heminghous, A. T. Duchowski. „iComp: A Tool for Scanpath Visualization and Comparison“. In: *Proceedings of the 3rd Symposium on Applied Perception in Graphics and Visualization*. APGV '06. Boston, Massachusetts, USA: ACM, 2006, S. 152–152. ISBN: 1-59593-429-4. DOI: [10.1145 / 1140491.1140529](https://doi.acm.org/10.1145/1140491.1140529). URL: <http://doi.acm.org/10.1145/1140491.1140529> (zitiert auf S. 20).

[Hen11] N. Henze. *Stochastik für Einsteiger*. Neunte Auflage. 2011 (zitiert auf S. 18, 34, 54).

[Hol15] K. Holmqvist. *Eye tracking : a comprehensive guide to methods and measures*. Oxford [u.a.]: Oxford Univ. Press, 2015. ISBN: 9780198738596 0198738595 9780199697083 0199697086. URL: http://www.worldcat.org/search?qt=worldcat_org_all&q=0199697086 (zitiert auf S. 5, 6).

[HTF17] T. Hastie, R. Tibshirani, J. H. Friedman. *The elements of statistical learning : data mining, inference, and prediction*. 2017. ISBN: 9780387848570 0387848576. URL: http://www.worldcat.org/search?qt=worldcat_org_all&q=978038784857 (zitiert auf S. 15, 16).

[KBB+14] K. Kurzhals, C. F. Bopp, J. Bässler, F. Ebinger, D. Weiskopf. „Benchmark data for evaluating visualization and analysis techniques for eye tracking for video stimuli“. In: *Proceedings of the fifth workshop on beyond time and errors: novel evaluation methods for visualization*. ACM. 2014, S. 54–60 (zitiert auf S. 53).

[KEK15] T. Kübler, S. Eivazi, E. Kasneci. „Automated Visual Scanpath Analysis Reveals the Expertise Level of Micro-neurosurgeons“. In: (Okt. 2015) (zitiert auf S. 8, 9).

[KHH+16a] K. Kurzhals, M. Hlawatsch, F. Heimerl, M. Burch, T. Ertl, D. Weiskopf. „Gaze Stripes: Image-Based Visualization of Eye Tracking Data“. In: *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics* 22.1 (2016), S. 1005–1014. ISSN: 1077-2626. DOI: doi.ieeecomputersociety.org/10.1109/TVCG.2015.2468091 (zitiert auf S. 28).

[KHH+16b] K. Kurzhals, M. Hlawatsch, F. Heimerl, M. Burch, T. Ertl, D. Weiskopf. „Gaze stripes: Image-based visualization of eye tracking data“. In: *IEEE transactions on visualization and computer graphics* 22.1 (2016), S. 1005–1014 (zitiert auf S. 19, 22, 23).

[KHW14] K. Kurzhals, F. Heimerl, D. Weiskopf. „ISeeCube: Visual Analysis of Gaze Data for Video“. In: *Proceedings of the Symposium on Eye Tracking Research and Applications*. ETRA '14. Safety Harbor, Florida: ACM, 2014, S. 43–50. ISBN: 978-1-4503-2751-0. DOI: [10.1145/2578153.2578158](https://doi.acm.org/10.1145/2578153.2578158). URL: <http://doi.acm.org/10.1145/2578153.2578158> (zitiert auf S. 19, 21).

[KKEM10] D. Keim, J. Kohlhammer, G. Ellis, F. Mansmann. *Mastering the information age solving problems with visual analytics*. Eurographics Association, 2010 (zitiert auf S. 14).

[KMSZ06] D. Keim, F. Mansmann, J. Schneidewind, H. Ziegler. „Challenges in Visual Data Analysis“. In: *Tenth International Conference on Information Visualisation (IV'06)*. IEEE, 2006. DOI: [10.1109/iv.2006.31](https://doi.org/10.1109%2Fiv.2006.31). URL: <https://doi.org/10.1109%2Fiv.2006.31> (zitiert auf S. 14).

[KW16] K. Kurzhals, D. Weiskopf. „Visualizing eye tracking data with gaze-guided slit-scans“. In: *2016 IEEE Second Workshop on Eye Tracking and Visualization (ETVIS)*. IEEE, Okt. 2016. DOI: [10.1109/etvis.2016.7851165](https://doi.org/10.1109/etvis.2016.7851165). URL: <https://doi.org/10.1109%2Fetvis.2016.7851165> (zitiert auf S. 2, 19, 24, 26, 60).

[LB13] O. Le Meur, T. Baccino. „Methods for comparing scanpaths and saliency maps: strengths and weaknesses“. In: *Behavior Research Methods* 45.1 (2013), S. 251–266. ISSN: 1554-3528. DOI: [10.3758/s13428-012-0226-9](https://doi.org/10.3758/s13428-012-0226-9). URL: <http://dx.doi.org/10.3758/s13428-012-0226-9> (zitiert auf S. 8).

[Lev66] V. I. Levenshtein. „Binary codes capable of correcting deletions, insertions, and reversals“. In: *Soviet physics doklady*. Bd. 10. 8. 1966, S. 707–710 (zitiert auf S. 32).

[Lew94] J. Lewis. „Fast Template Matching“. In: 95 (Nov. 1994) (zitiert auf S. 11).

[LKS+15] S. L’Yi, B. Ko, D. Shin, Y.-J. Cho, J. Lee, B. Kim, J. Seo. „XCluSim: a visual analytics tool for interactively comparing multiple clustering results of bioinformatics data“. In: *BMC bioinformatics* 16.11 (2015), S5 (zitiert auf S. 35).

[MSI13] K. Mizoguchi, D. Sakamoto, T. Igarashi. „Overview scrollbar: A scrollbar showing an entire document as an overview“. In: *IFIP Conference on Human-Computer Interaction*. Springer. 2013, S. 603–610 (zitiert auf S. 28).

[MSME15] N. Magdy, M. A. Sakr, T. Mostafa, K. El-Bahnasy. „Review on trajectory similarity measures“. In: *2015 IEEE Seventh International Conference on Intelligent Computing and Information Systems (ICICIS)*. Dez. 2015, S. 613–619. DOI: [10.1109/IntelCIS.2015.7397286](https://doi.org/10.1109/IntelCIS.2015.7397286). URL: <http://ieeexplore.ieee.org/document/7397286/?arnumber=7397286&tag=1> (zitiert auf S. 11, 12, 32).

[NGCG06] M. Nunes, S. Greenberg, S. Carpendale, C. Gutwin. „Timeline: Video traces for awareness“. In: *Video Proc. ACM CSCW*. Bd. 6. 2006 (zitiert auf S. 24).

[OL03] M. de Oliveira, H. Levkowitz. „From visual data exploration to visual data mining: A survey“. In: *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics* 9.3 (Juli 2003), S. 378–394. doi: [10.1109/tvcg.2003.1207445](https://doi.org/10.1109/tvcg.2003.1207445). URL: <https://doi.org/10.1109/tvcg.2003.1207445> (zitiert auf S. 13).

[PS00] C. M. Privitera, L. W. Stark. „Algorithms for defining visual regions-of-interest: Comparison with eye fixations“. In: *IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence* 22.9 (2000), S. 970–982 (zitiert auf S. 6).

[PW10] O. Pele, M. Werman. „The quadratic-chi histogram distance family“. In: *European conference on computer vision*. Springer. 2010, S. 749–762 (zitiert auf S. 33).

[RHB+14] M. Raschke, D. Herr, T. Blascheck, T. Ertl, M. Burch, S. Willmann, M. Schrauf. „A Visual Approach for Scan Path Comparison“. In: *Proceedings of the Symposium on Eye Tracking Research and Applications*. ETRA '14. Safety Harbor, Florida: ACM, 2014, S. 135–142. ISBN: 978-1-4503-2751-0. doi: [10.1145/2578153.2578173](https://doi.acm.org/10.1145/2578153.2578173). URL: [http://doi.acm.org/10.1145/2578153.2578173](https://doi.acm.org/10.1145/2578153.2578173) (zitiert auf S. 19, 20).

[RTG00] Y. Rubner, C. Tomasi, L. J. Guibas. „The Earth Mover's Distance as a Metric for Image Retrieval“. In: *International Journal of Computer Vision* 40.2 (Nov. 2000), S. 99–121. ISSN: 1573-1405. doi: [10.1023/A:1026543900054](https://doi.org/10.1023/A:1026543900054). URL: <https://doi.org/10.1023/A:1026543900054> (zitiert auf S. 33).

[SAW15] A. S. Shirkhorshidi, S. Aghabozorgi, T. Y. Wah. „A comparison study on similarity and dissimilarity measures in clustering continuous data“. In: *PloS one* 10.12 (2015), e0144059 (zitiert auf S. 32).

[SD04] A. Santella, D. DeCarlo. „Robust clustering of eye movement recordings for quantification of visual interest“. In: *Proceedings of the 2004 symposium on Eye tracking research & applications*. ACM. 2004, S. 27–34 (zitiert auf S. 20).

[SDD13] S. Saracli, N. Doğan, İ. Doğan. „Comparison of hierarchical cluster analysis methods by cophenetic correlation“. In: *Journal of Inequalities and Applications* 2013.1 (2013), S. 203 (zitiert auf S. 17).

[Shn96] B. Shneiderman. „The eyes have it: a task by data type taxonomy for information visualizations“. In: *Proceedings 1996 IEEE Symposium on Visual Languages*. IEEE Comput. Soc. Press, 1996. doi: [10.1109/vl.1996.545307](https://doi.org/10.1109/vl.1996.545307). URL: <https://doi.org/10.1109/vl.1996.545307> (zitiert auf S. 13).

[Soe15] N. Soe. „Image matching scheme by using Bhattacharyya coefficient algorithm“. In: *Int. J. Innov. Res. Comput. Commun. Eng.* 3.7 (2015), S. 6364–6370 (zitiert auf S. 33, 34).

[SR62] R. R. Sokal, F. J. Rohlf. „The comparison of dendograms by objective methods“. In: *Taxon* 11.2 (1962), S. 33–40 (zitiert auf S. 17).

[Tuf90] E. R. Tufte. *Envisioning information*. Graphics press, 1990, S. 67 (zitiert auf S. 49).

[VLS+15] V. Vaithiyanathan, K. D. Lakshmi, K. J. A. Sundar, M. I. Ahmed, V. Sangeetha, R. Sivagami. „Evaluation of distance functions for the comparison of gradient orientation histograms“. In: *Indian Journal of Science and Technology* 8.35 (2015) (zitiert auf S. 10).

[WHRK06] J. M. West, A. R. Haake, E. P. Rozanski, K. S. Karn. „eyePatterns: Software for Identifying Patterns and Similarities Across Fixation Sequences“. In: *Proceedings of the 2006 Symposium on Eye Tracking Research & Applications*. ETRA '06. San Diego, California: ACM, 2006, S. 149–154. ISBN: 1-59593-305-0. DOI: [10.1145/1117309.1117360](https://doi.acm.org/10.1145/1117309.1117360). URL: <http://doi.acm.org/10.1145/1117309.1117360> (zitiert auf S. 19, 34).

[Yar67] A. L. Yarbus. „Eye movement and vision, trans. B. Haigh“. In: *ed: Plenum Press, New York* (1967) (zitiert auf S. 1).

[ZL03] D. Zhang, G. Lu. „Evaluation of similarity measurement for image retrieval“. In: *Neural Networks and Signal Processing, 2003. Proceedings of the 2003 International Conference on*. Bd. 2. IEEE. 2003, S. 928–931 (zitiert auf S. 33).

Alle URLs wurden zuletzt am 28. 10. 2017 geprüft.

Erklärung

Ich versichere, diese Arbeit selbstständig verfasst zu haben. Ich habe keine anderen als die angegebenen Quellen benutzt und alle wörtlich oder sinngemäß aus anderen Werken übernommene Aussagen als solche gekennzeichnet. Weder diese Arbeit noch wesentliche Teile daraus waren bisher Gegenstand eines anderen Prüfungsverfahrens. Ich habe diese Arbeit bisher weder teilweise noch vollständig veröffentlicht. Das elektronische Exemplar stimmt mit allen eingereichten Exemplaren überein.

Ort, Datum, Unterschrift