



**AUKRA  
BENUTZUNGSHANDBUCH  
AQUISITION UND KONTURANALYSE  
RASTERELEKTRONENMIKROSKOPISCHER AUFNAHMEN  
FÜR DAS ALFRED-WEGENER-INSTITUT FÜR  
POLAR- UND MEERESFORSCHUNG**

---

**TZI – TECHNOLOGIE ZENTRUM INFORMATIK  
BILDVERARBEITUNG  
UNIVERSITÄT BREMEN**

<b>1 ÜBERSICHT .....</b>	<b>3</b>
<b>2 ANWENDUNG .....</b>	<b>5</b>
INSTALLATION VON AUKRA .....	5
STARTEN VON AUKRA .....	6
JUSTIEREN .....	7
AUKRA ANWENDUNG .....	16
EINSTELLUNGEN .....	17
<i>Directories</i> .....	19
<i>REM Analysis</i> .....	22
<i>positions.ini</i> .....	23
REM-ANALYSE .....	24
<i>Wiederaufsetzen abgebrochener REM-Analysen</i> .....	29
VEKTORDATEIEN ANALYSIEREN .....	31
<i>Ergebnisse</i> .....	33
BILDER ANALYSIEREN .....	34
<b>3 DESIGN .....</b>	<b>35</b>
REM SERVER .....	35
<i>Verzeichnisstruktur</i> .....	35
ANALYSIS CLIENT .....	35
<i>Verzeichnisstruktur</i> .....	35
INITIALISIERUNGSDATEIEN .....	36
<i>awi.ini</i> .....	37
<i>positions.ini</i> .....	38
<i>REMPrefs.ini</i> .....	39
REM-ANALYSE .....	39
REM-ANSTEUERUNG .....	42
WIEDERAUFSETZEN ABGEBROCHENER REM-ANALYSEN .....	44
ANALYSE ERGEBNISSE .....	45
LOG-FILES .....	46
DIAGRAMME .....	47

# 1 Übersicht

In dieser Dokumentation wird das System **AuKRA** beschrieben.

Dieses Kapitel gibt eine kurze Übersicht über das Gesamtdokument.

Im nächsten Kapitel *2 Anwendung* wird die Systembedienung von der Installation über die Anwendung bis hin zu Problembehebungen beschrieben. Dieses Kapitel beschreibt das System aus der Sicht eines Benutzers.

Im darauffolgenden Kapitel *3 Design* wird das System genauer beschrieben, d.h. aus welchen Komponenten es besteht und wie die Dynamik von AuKRA realisiert ist. Dieses Kapitel muss nicht gelesen werden, damit das System korrekt bedient werden kann.

In Abbildung 1 sind die in dieser Dokumentation verwendeten Begriffe dargestellt. Es erweist sich als hilfreich, beim studieren der Dokumentation gelegentlich auf diese Abbildung zu schauen.

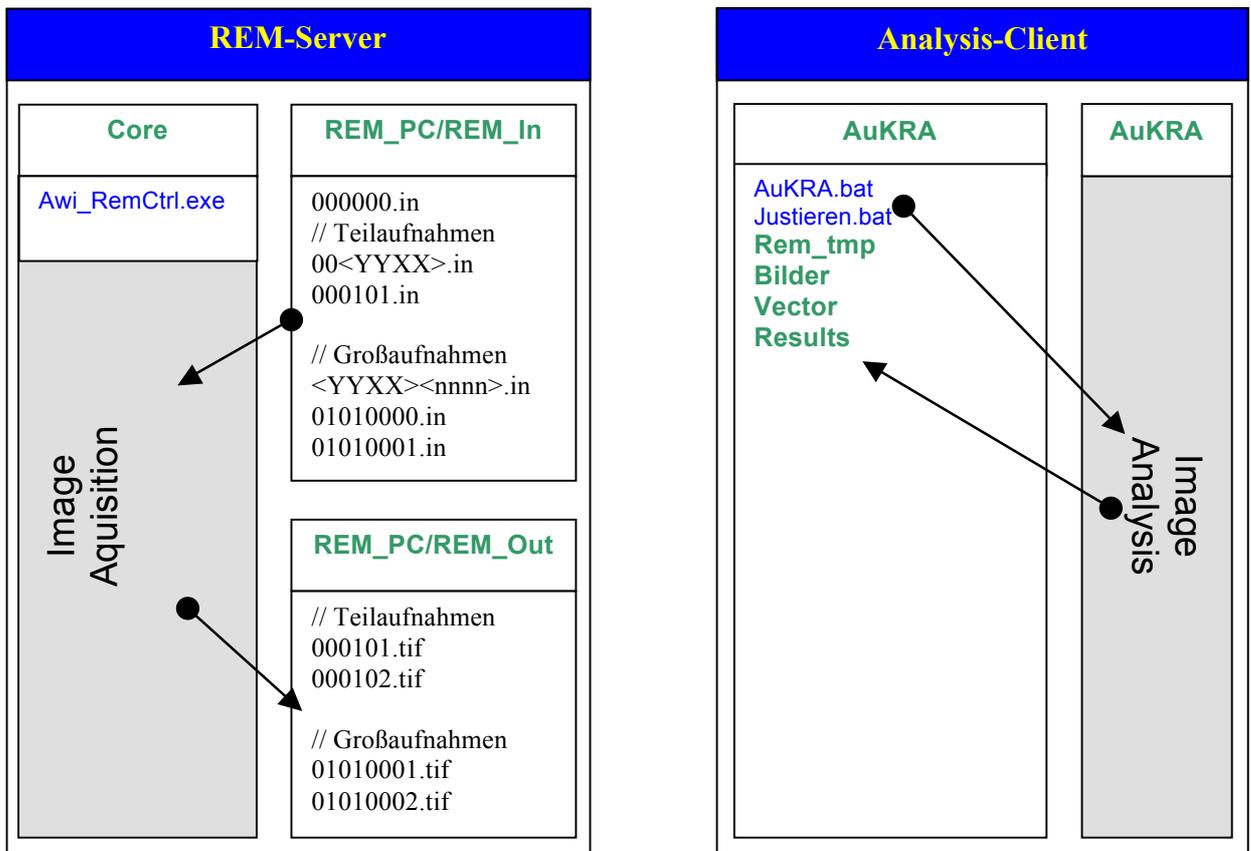
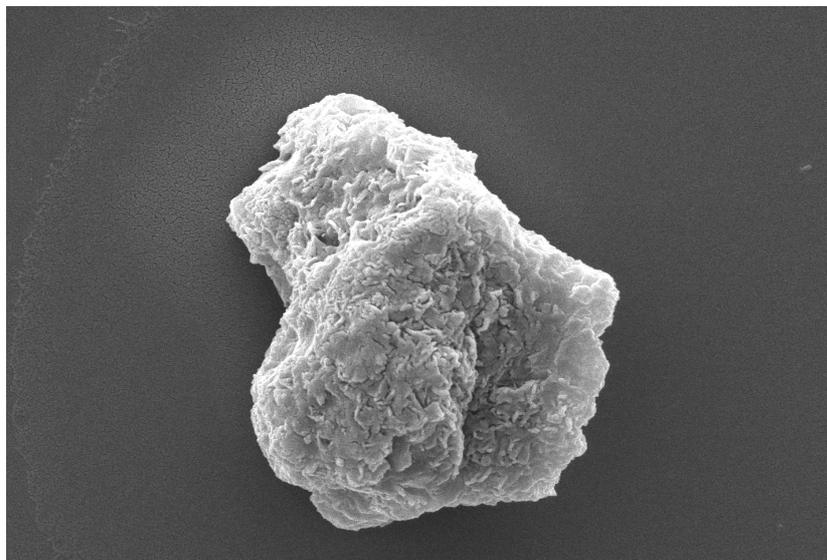


Abbildung 1: Das System AuKRA im Überblick: Der REM\_Server aquiriert Bilder vom REM und der Analysis-Client analysiert diese Bilder; grün steht für Verzeichnisse und blau steht für Programme;

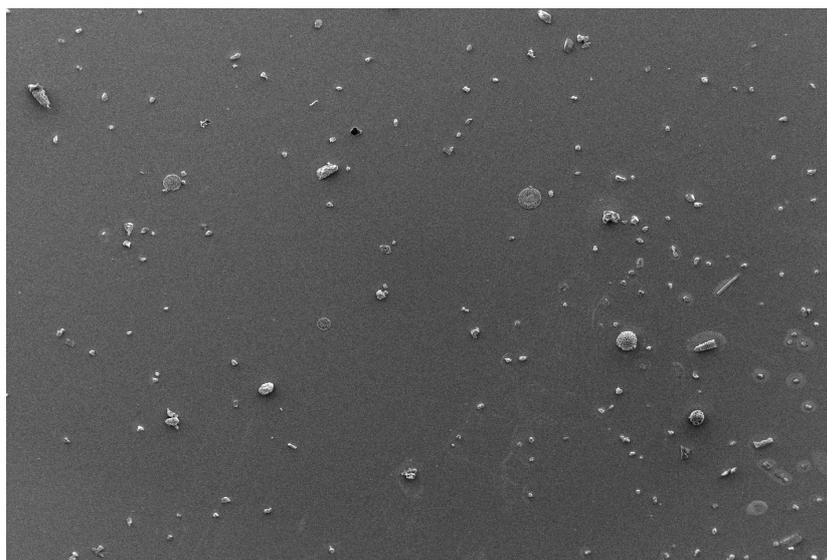
AuKRA unterscheidet grundsätzlich 2 verschiedene Bildtypen: die **Übersichtsaufnahmen** (= **Teilaufnahmen**) und die **Großaufnahmen**.

Jede Großaufnahme stellt ein Partikel stark vergrößert dar (z.B. 5.000-fach). Damit AuKRA sich einen effizienten Weg ausrechnen kann, um über den Objektträger zu navigieren, benutzt AuKRA eine Heuristik, die es erforderlich macht, sich einen Überblick über die Gesamtprobe zu verschaffen.

Abbildung 2 zeigt eine Großaufnahme und Abbildung 3 eine Übersichtsaufnahme. Diese beiden Begriffe tauchen in dem vorliegenden Dokument immer wieder auf.



**Abbildung 2: Ein Partikel auf einer Großaufnahme;**

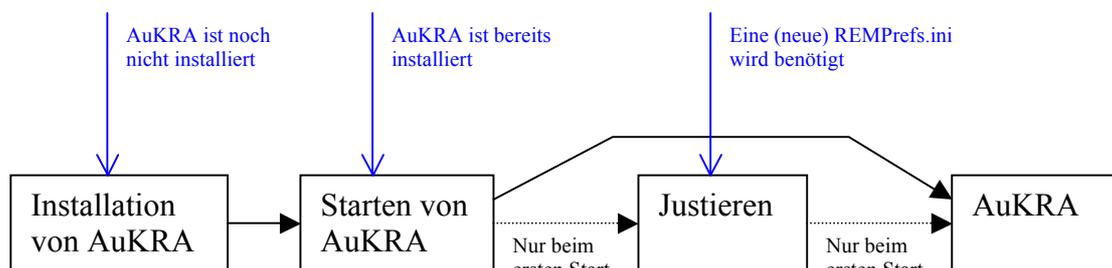


**Abbildung 3: Viele Partikel auf einer Übersichtsaufnahme;**

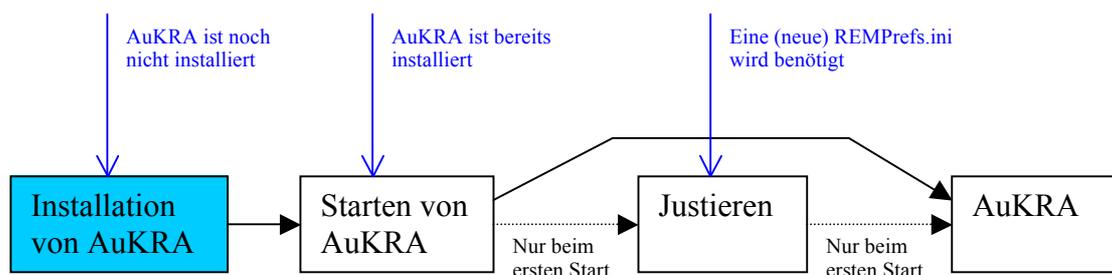
## 2 Anwendung

Das folgende Ablaufdiagramm soll zunächst einen kleinen Überblick über den Ablauf bzw. den Zusammenhang der in diesem Abschnitt *Anwendung* besprochenen Kapitel verschaffen. Die blauen Pfeile zeigen, an welchen Stellen angesetzt werden sollte, wenn der dazugehörige Kommentar zutrifft.

In den einzelnen Kapiteln wird ein entsprechendes Diagramm immer wieder auftauchen um schnell ersichtlich zu machen, an welcher Stelle des Programms Sie sich gerade befinden.



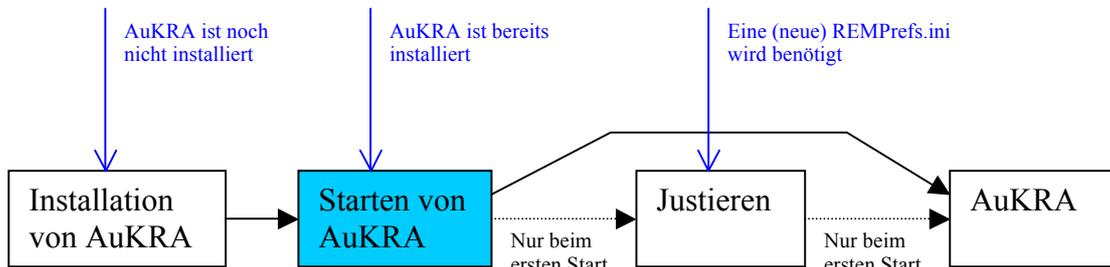
### Installation von AuKRA



Um AuKRA auf Ihrem Rechner laufen lassen zu können, wird das Java(TM) 2 Runtime Environment (JRE) in der Version 1.3.0 oder neuer und das JavaTM Advanced Imaging (JAI) in der Version 1.0.2 oder neuer benötigt. Bitte stellen Sie sicher, dass diese auf Ihrem Rechner installiert sind.

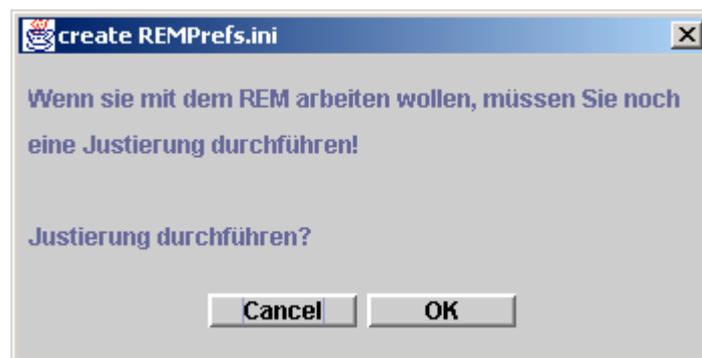
Zur Installation von AuKRA muss lediglich der Ordner AuKRA (so, wie er sich auf der Installations-CD befindet) in ein beliebiges Verzeichnis auf den *Analysis Client* kopiert werden.

## Starten von AuKRA



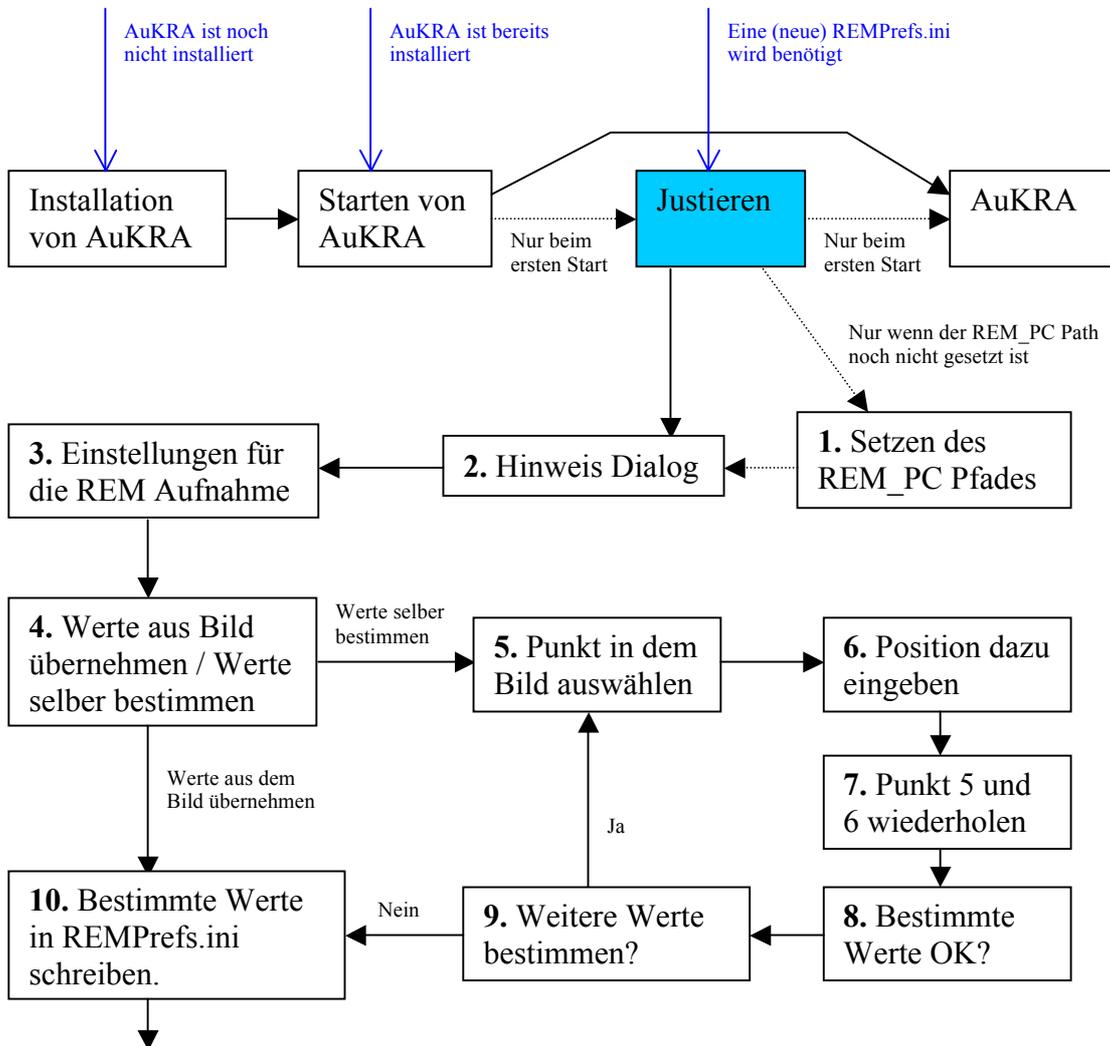
AuKRA wird mittels **AuKRA.BAT** gestartet, welche sich in dem Ordner **AuKRA** befindet. Diese Datei darf nicht in einen anderen Ordner verschoben werden. Alternativ kann eine Verknüpfung (ein Shortcut) zu **AuKRA.BAT** angelegt werden, indem Sie mittels der rechten Maustaste **AuKRA.BAT** in den gewünschten Ordner oder auf den Schreibtisch ziehen und dann in dem PopUp-Menü „Verknüpfung(en) hier erstellen“ wählen.

Beim ersten Start von AuKRA werden Sie in einer Dialogbox gefragt, ob Sie mit dem REM arbeiten wollen. Ist dies der Fall (sprich Sie möchten REM-Analysen durchführen), so muss zunächst das Programm *Justieren* ausgeführt werden. Wählen Sie dazu in dem Dialog *create REMPrefs.ini* **OK** und das Programm *Justieren* startet. Wollen Sie zunächst keine REM-Analysen durchführen, so wählen Sie **Cancel**.



**Abbildung 4:** Dialogbox erscheint beim ersten Start von AuKRA; i.d.R. ist hier **OK** zu wählen; nur in dem Fall, dass man bereits eine Justierung durchgeführt hat, kann **Cancel** gewählt werden;

## Justieren



Das Programm *Justieren* ist dazu da, Faktoren zu bestimmen, damit das REM korrekt angesteuert werden kann.

Die Justierung kann entweder automatisch – auf Wunsch des Benutzers beim ersten Start von AuKRA – oder mittels des Programms *Justieren.BAT* jederzeit gestartet werden. *Justieren.BAT* befindet sich in dem Ordner AuKRA. *Justieren.BAT* darf (wie AuKRA.BAT) **nicht** in einen anderen Ordner verschoben werden.

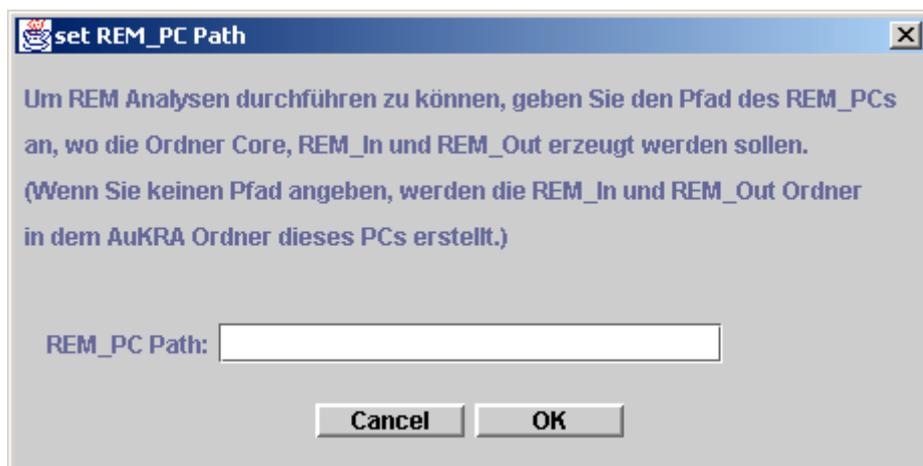
Das Programm *Justieren* ist z.B. immer dann auszuführen, wenn die Positionierungen für die REM-Aufnahmen nicht mehr richtig funktionieren oder beim ersten Programmstart von AuKRA nicht die Justierung durchgeführt wurde.

Es gibt generell zwei Möglichkeiten, wie die zu bestimmenden Positionierungsfaktoren berechnet werden.

Die erste Möglichkeit besteht darin, die von dem *Justieren*-Programm automatisch aus dem REM-Bild bestimmten Werte zu übernehmen. Die zweite Möglichkeit besteht darin, manuell diese Werte zu bestimmen. Zum Zeitpunkt von *Punkt 4.* entscheidet man sich für die manuelle oder automatische Version.

1. Sollte der REM\_PC Verzeichnis-Pfad (*REM\_PC Pfad*) noch nicht gesetzt worden sein, so erscheint zunächst der Dialog *set REM\_PC Pfad*. Wählen Sie **OK**, so werden an dem angegebenen Pfad die Ordner *REM\_In*, *REM\_Out* und der Ordner *Core* mitsamt des Programms *Awi\_RemCtrl.exe* erstellt. Sollte es nicht möglich sein an dem angegebenen Pfad diese Ordner zu erstellen, so erscheint dieser Dialog erneut. Mittels **Cancel** können Sie die Justierung abbrechen.

Falls der gewünschte REM\_PC-Pfad nicht angenommen wird, kann es sein, dass entsprechende Zugriffsrechte für diesen Pfad nicht vergeben worden sind oder der Pfad gar nicht freigegeben wurde.



**Abbildung 5: Dialogbox zum angeben des Pfades, wo auf dem REM\_Server die von AuKRA benötigten Verzeichnisse angelegt werden sollen;**

2. Ist der REM\_PC Pfad gesetzt, so erscheint ein Dialog, in dem Sie aufgefordert werden *Awi\_RemCtrl* (auf dem REM-Server) zu starten. Das Programm *Mctrl* muss natürlich ebenfalls laufen. *Mctrl* läuft auf dem REM-Server und dient der interaktiven Steuerung des REM. Hier müssen folgende Einstellungen getroffen werden:
  - hohe Auflösung 1424x968
  - ScanRotation = 0
  - SpecimenRotation = 0

Es haben sich des weiteren folgende Werte bewährt:

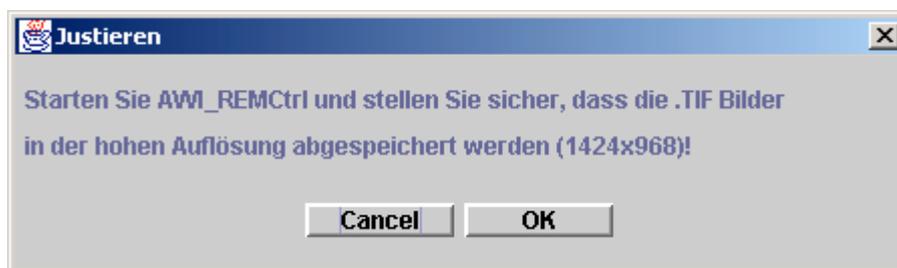
- Scanmode 3, 20 ms
- Abstand 10mm (Elektronenstrahl zur Probe)

Außerdem sollte das REM ein scharfes Bild zeigen und alle weiteren Einstellungen so gesetzt sein, dass die Justierung dadurch nicht negativ beeinflusst wird.

Einstellungen für *AwI\_RemCtrl*:

Die *DelayTime* ist größer zu setzen (z.B. 21 Sekunden), als *Mctrl* mit dem aktuell gesetzten Scanmode für eine Aufnahme benötigt (z.B. 20 Sekunden).

Mit **OK** führen Sie die Justierung fort, mit **Cancel** brechen Sie diese ab.

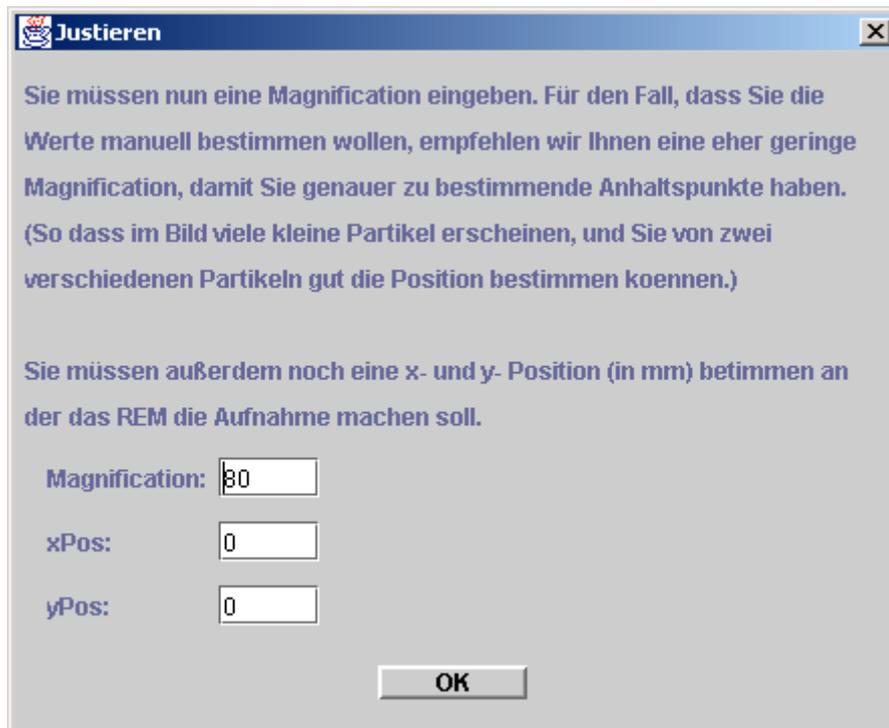


**Abbildung 6: Dialogbox zur Erleichterung der Handhabung; angegebenes soll auf dem REM\_Server eingestellt werden;**

3. Als nächstes erscheint eine Eingabemaske, in der die Vergrößerung anzugeben ist, mit denen das REM zur Justierung Bilder machen soll. Sie können die automatisch bestimmten Werte übernehmen.

Wollen Sie hingegen selbst die Werte (Faktoren) bestimmen, so sollten diese Angaben möglichst so gewählt sein, dass in dem Bild zwei gut zu bestimmende Punkte existieren, die sich sowohl von der x- als auch von der y-Position in dem Bild möglichst stark unterscheiden. Dies ist empfehlenswert, um Messungenauigkeiten möglichst gering zu halten.

Nachdem Sie **OK** gewählt haben, wird an den REM-Server der Auftrag gesendet und bearbeitet. Es kann eine Weile dauern, bis der nächste Dialog erscheint, da das REM sich positionieren und ein Bild aufnehmen muss.



**Abbildung 7: Dialogbox zur Angabe von Einstellungen für eine Bildaufnahme, die zur Justierung benutzt wird;**

4. Als nächstes erscheint unten stehender Auswahldialog. Hier können Sie zwischen den Punkten **Werte aus dem Bild übernehmen** und **Werte selber bestimmen** auswählen. Im Idealfall sollten die automatisch bestimmten Werte übernommen werden können. Es kann aber durchaus sein, dass im Einzelfall mit der manuellen Justierung bessere Werte bestimmt werden können.

Wählen Sie **Werte aus dem Bild übernehmen**, so folgt daraufhin der Dialog unter Punkt 10. Wählen Sie **Werte selber bestimmen** folgt daraufhin Punkt 5.

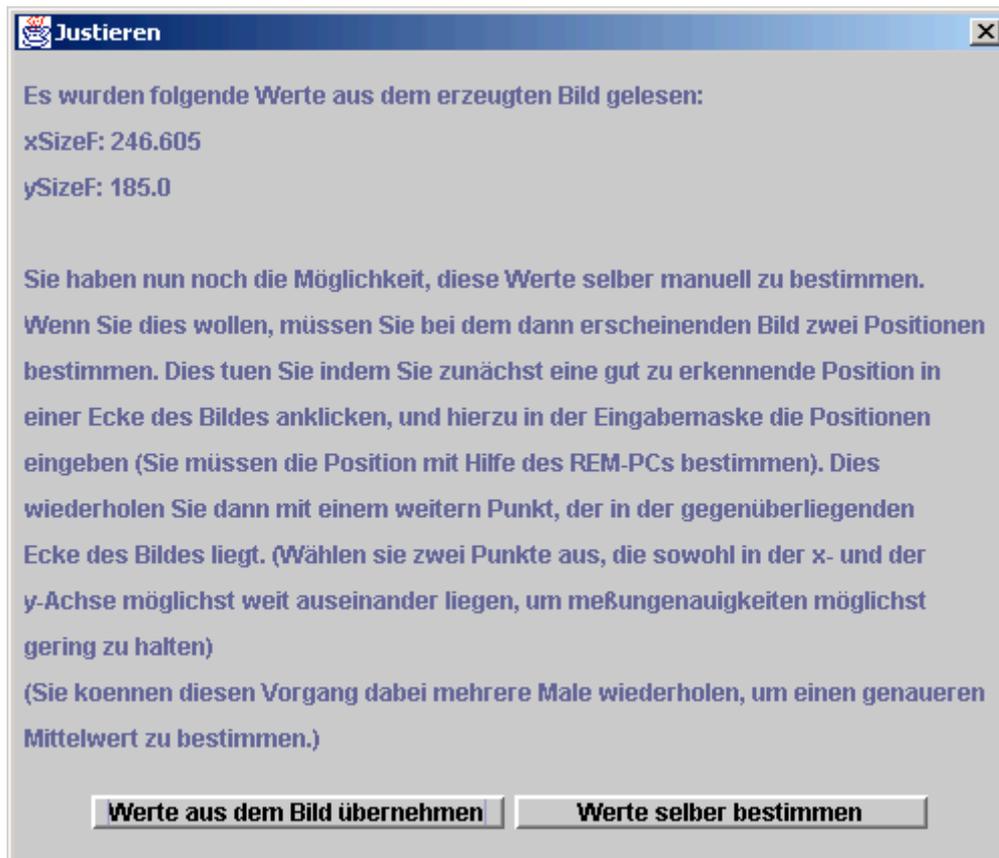
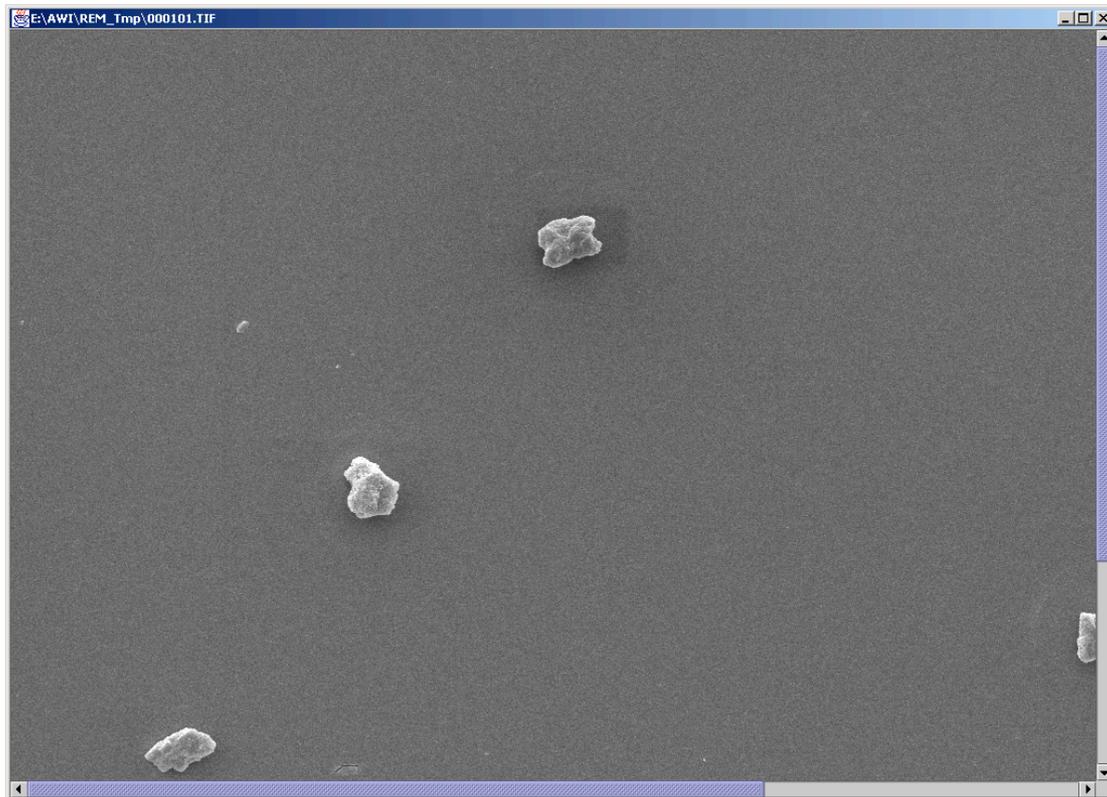


Abbildung 8: Dialogbox zur Bestätigung der Justierungsergebnisse;

5. Wollen Sie die Werte selber bestimmen, erscheint daraufhin das von dem REM aufgenommene Bild. Sie müssen mit der Maus auf einen gut wieder zu bestimmenden Punkt in dem Bild klicken. Hierbei ist zu beachten, dass noch ein zweiter Punkt gewählt werden muss, der von der x- und y- Position des ersten Punktes möglichst weit entfernt sein sollte.

Um den darauf folgenden Dialog korrekt anzeigen zu können, werden außerdem keine Positionen zugelassen, die weniger als 50 Pixel von einem der Ränder entfernt sind.



**Abbildung 9: Beispielbild für die Justierung;**

Bei der Wahl des zweiten Punktes, wird ein Abstand von weniger als 250 Pixel zum ersten Punkt gar nicht erst akzeptiert. In diesem Fall erscheint folgender Dialog:

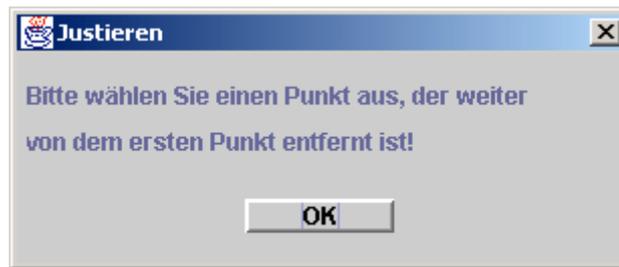


Abbildung 10: Dialogbox, die erscheint, falls der zweite Auswahl-Punkt zu nah am ersten ist;

6. Im nächsten Dialog müssen Sie zu dem ausgewählten Punkt die x-/y-Position bestimmen. Diese Koordinate muss mit Hilfe des REM-Ansteuerungsprogramms *Mctrl.exe* bestimmt werden. Mit **OK** werden die unter *xPos:* und *yPos:* eingegebenen Werte abgespeichert. Mittels **Position neu wählen** haben Sie die Möglichkeit einen anderen Punkt zu wählen.



Abbildung 11: Dialogbox zur Eingabe der mit dem REM (*Mctrl.exe*) ermittelten Positionen;

7. Wiederholen Sie die Punkte 5 und 6 mit der zweiten Position.

8. Die soeben bestimmten Werte erscheinen nun in einem weiteren Dialog unter „Zuletzt bestimmte Werte für:“. Haben Sie bereits mehrere Werte bestimmt, werden zusätzlich die Mittelwerte angezeigt. Ist dies nicht der Fall, erscheint eine -1 für die Mittelwerte. Wollen Sie den zuletzt bestimmten Wert in den Mittelwert einbeziehen so wählen Sie **Yes**, andernfalls **No**.

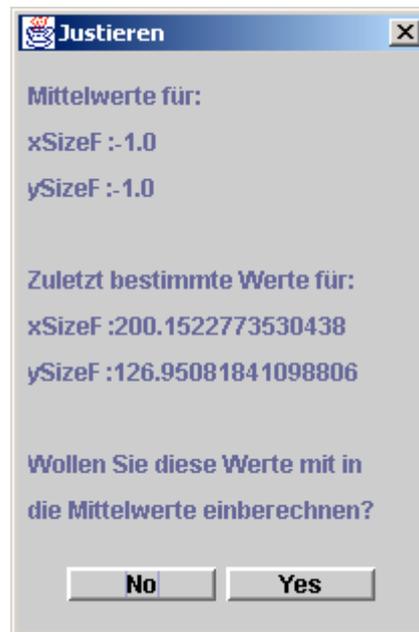


Abbildung 12: Dialogbox zur Abfrage, ob die zuletzt ermittelten Werte mit in den Mittelwert der bisher ermittelten Werte aufgenommen werden sollen;

9. In dem folgenden Dialog können Sie wählen, ob Sie weitere Werte bestimmen wollen. Dies hat den Vorteil, dass so Mittelwerte berechnet werden, die möglicherweise noch etwas genauer sind, als die bereits bestimmten Werte. Durch **Yes** wiederholen sich die Punkte 5-9 mit **No** folgt der abschließende Dialog des Programms.

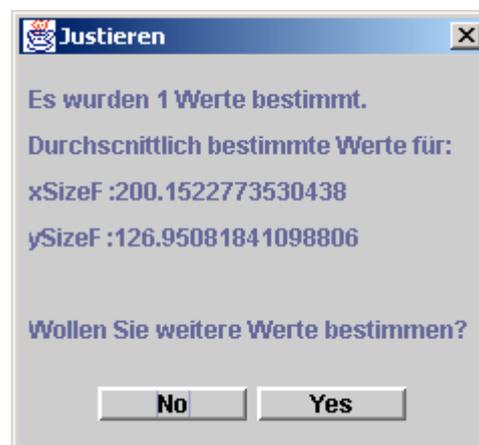


Abbildung 13: Dialogbox zur Abfrage, ob weitere Werte bestimmt werden sollen;

10. Zuletzt haben Sie die Möglichkeit, die bestimmten Werte mittels **Yes** abzuspeichern oder die Justierung mittels **No** abubrechen. Die Justierung wird mit diesem Dialog beendet.

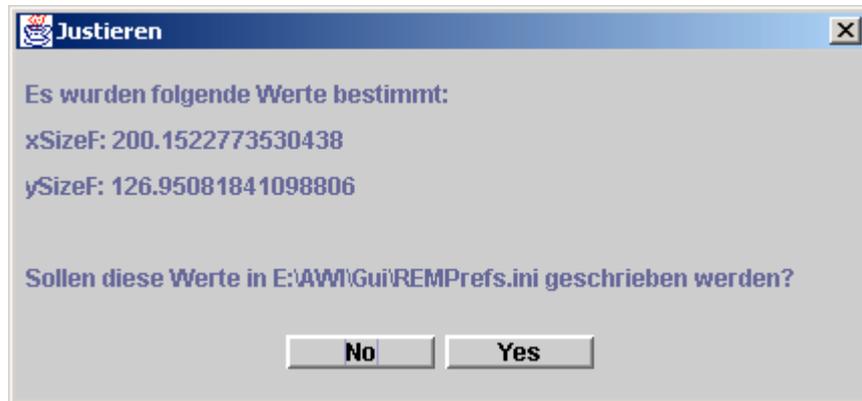
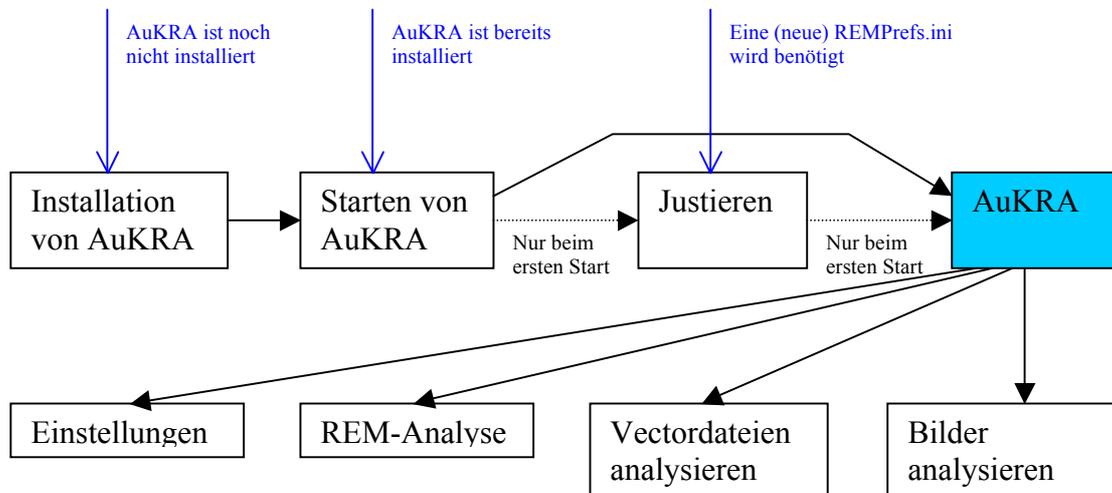


Abbildung 14: Dialogbox zur Abfrage, ob die ermittelten Werte zur Nutzung abgespeichert werden sollen;

## AuKRA Anwendung



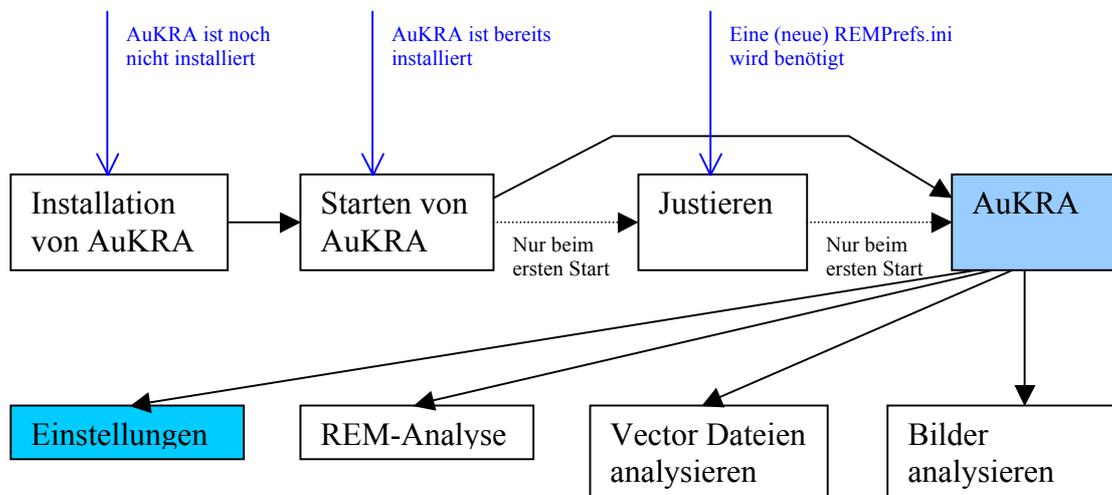
Ist das Programm *AuKRA* gestartet, so erscheint die Menüleiste *Contourextraction and Analysis* mit den Menüpunkten *File* und *Configure*. Unter dem Menüpunkt *File* gelangen Sie unter *New* zu den drei verschiedenen Analysen (*Tiff-Picture*, *Vector-File* und *Rem-Analysis*), die Ihnen zur Verfügung stehen. Mit *Exit* oder dem Tastenkürzel *Alt-X* verlassen Sie das Programm.

Unter dem Menüpunkt *Configure* gelangen Sie zu den Einstellungen (*Preferences*) des Programms.



Abbildung 15: AukRA-Menü;

## Einstellungen



Mittels der Preferences (Menü: *Configure/Preferences* oder dem Tastenkürzel *Alt-P*) können einige Grundeinstellungen vorgenommen werden.

Die geänderten Einstellungen werden immer erst dann übernommen, wenn **OK** gewählt wurde. Mittels *close*  werden die vorgenommenen Änderungen verworfen.

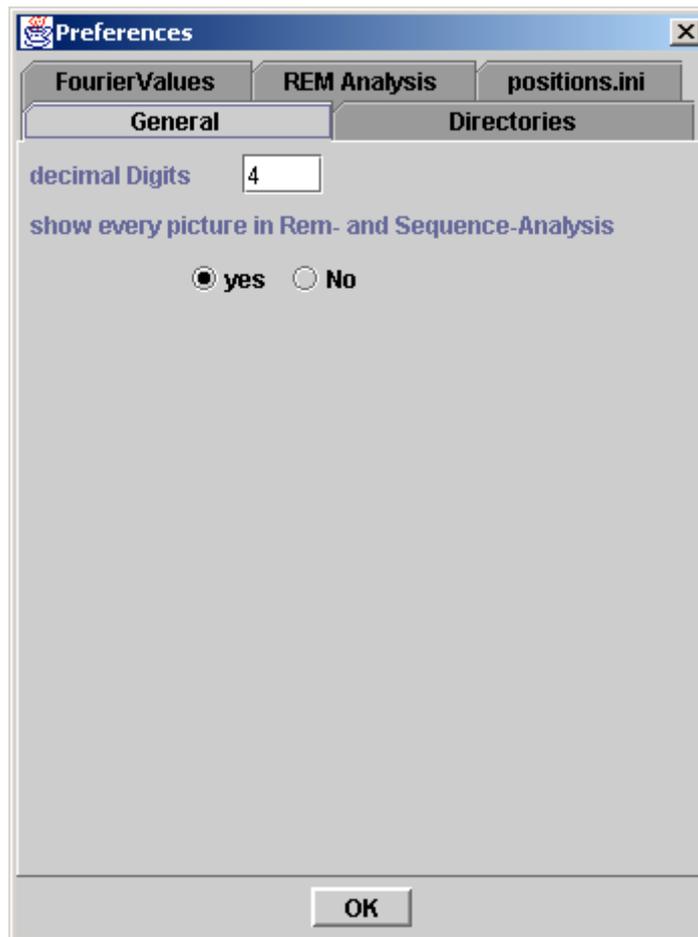


Abbildung 16: Preferences-Einstellungen;

## General

### decimal Digits

Anzahl der Nachkomma-Stellen, mit denen die *FourierValues* angegeben werden. Die weiteren Nachkomma-Stellen werden abgeschnitten.

### show every picture in Rem- and Sequence-analysis

Gibt an, ob die Bilder in der Rem- bzw. Serienanalyse angezeigt werden sollen. Bei Auswahl von *yes* sollte berücksichtigt werden, das für die Darstellung mehr Systemspeicher benötigt wird.

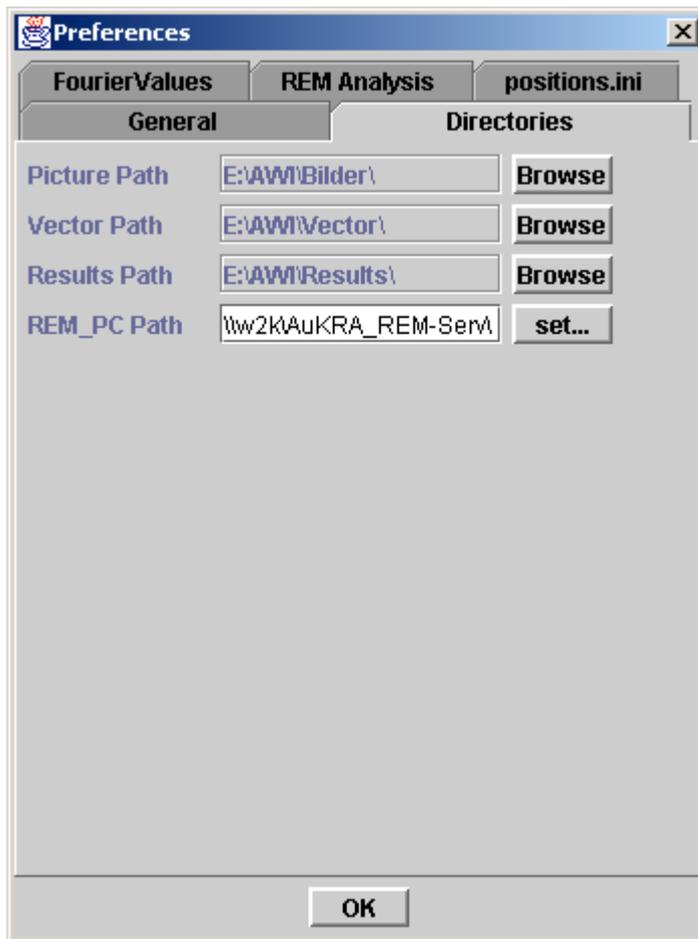


Abbildung 17: Preferences-Einstellungen;

## Directories

### Picture Pfad

Der Standard-Ordner für die Bilder, die analysiert werden sollen;

### Vector Pfad

Der Standard-Ordner für die Vectordateien, die analysiert werden sollen;

### Results Pfad

Der Ordner, in dem die Ergebnisse der Analysen abgespeichert werden;

### REM\_PC Pfad

Der Pfad, wo der Ordner von dem *REM\_PC* liegt, in dem die Ordner *Core*, *REM\_In* und *REM\_Out* enthalten sind;

Mittels der **Browse**-Buttons öffnet sich ein *Open* Fenster. Mittels Doppelklick auf einen Ordner werden die darin enthaltenen Unterordner aufgelistet. Mittels **Open** wird der ausgewählte Ordner als Standard-Ordner übernommen.

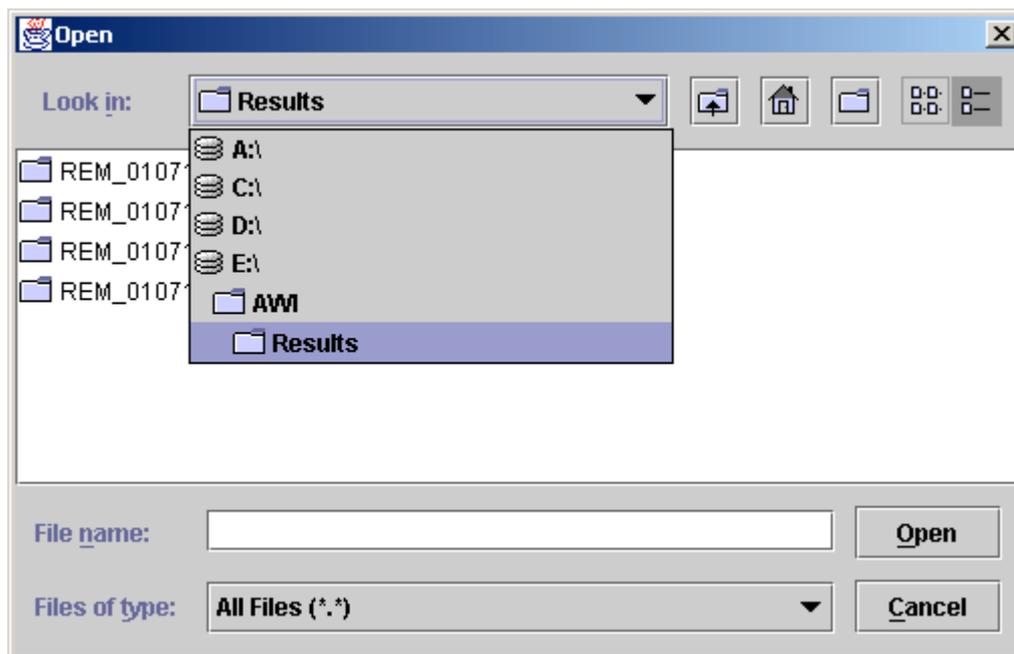


Abbildung 18: Ordnerauswahl: Results;

Wird der Button **set...** (in Abbildung 17) gewählt, so wird versucht, den angegebenen REM\_PC Pfad zu erstellen (wenn dieser noch nicht existiert). Außerdem werden dort die Ordner *Core* (mitsamt des Programms *Awi\_RemCtrl*), *REM\_In* und *REM\_Out* erzeugt. Sollte dies nicht erfolgreich gewesen sein, wird der vorher angegebene Pfad erneut gesetzt.

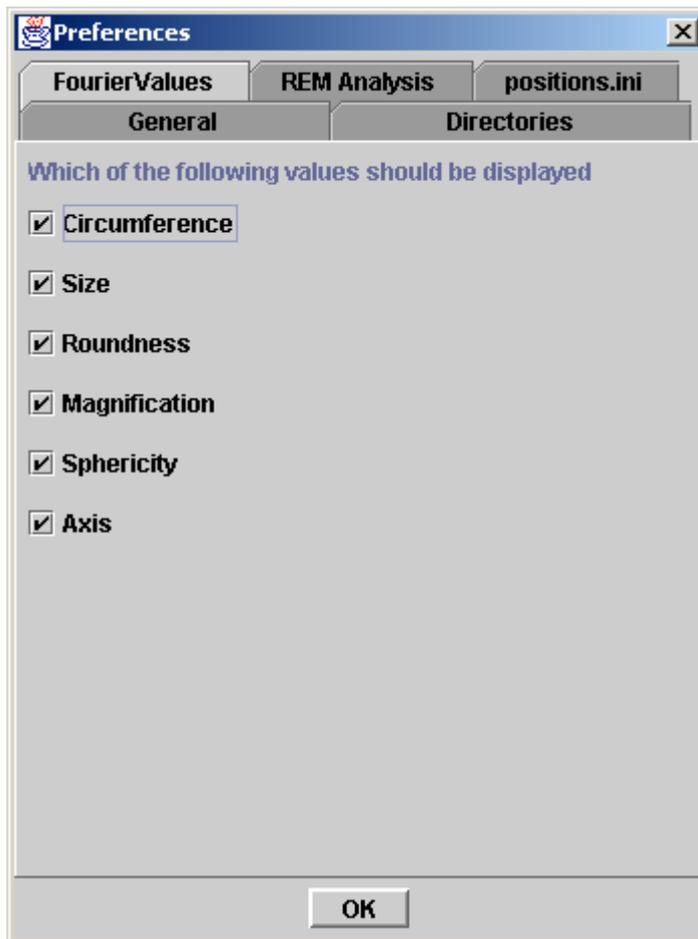
Falls Sie **OK** wählen, ohne vorher **set...** ausgewählt zu haben, wird der angegebene Pfad so ohne weitere Prüfungen übernommen. Es sollte im Normalfall daher immer vorher der **set...** Button ausgewählt werden.

Beim ersten Start von *AWI\_RemCtrl.exe* erscheint eine Dialogbox, in der ein Verzeichnis auszuwählen ist, das die Verzeichnisstruktur des REM-Servers referenziert.

Wollen Sie den *REM\_PC* Pfad auf dem REM\_PC neu setzen, wenn dort bereits *Awi\_RemCtrl* in Benutzung war, so müssen auf dem REM\_PC mittels der *Regedit* die Angaben für die *REM\_In* und *REM\_Out* Ordner geändert werden.

Klicken Sie hierfür auf den Windows **Start** Button und wählen sie **Run** aus. Tippen Sie „Regedit“ ein und bestätigen Sie mit **OK**.

Unter *HKEY\_CURRENT\_USER\Software\TZI\Awi\_RemCtrl\Directories\* finden Sie die Einträge *In\_dir* und *Out\_Dir*, die entsprechend angepasst werden müssen.



## FourierValues

Angabe, welche der Kennwerte (nach einer Analyse) für das ausgewählte Partikel angezeigt werden sollen.

Abbildung 19: Preferences-Einstellungen;

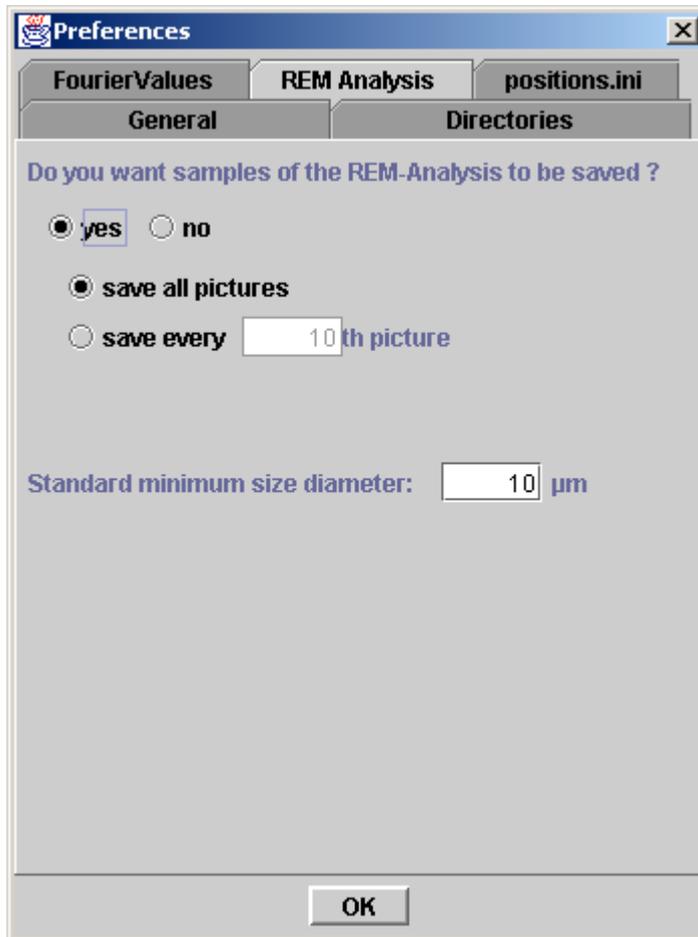


Abbildung 20: Preferences-Einstellungen;

## REM Analysis

### Do you want samples of the REM Analysis to be saved?

Hier kann angegeben werden, ob und wieviele der analysierten Bilder einer REM-Analyse in dem *Results Ordner* abgespeichert werden sollen.

### Standard minimum size diameter:

Der Standard-Wert für den Wert *Minimum Size: Diameter* bei REM-Analysen. Eine Änderung des Wertes in einer REM-Analyse selbst hat keinen Einfluss auf diesen Wert.

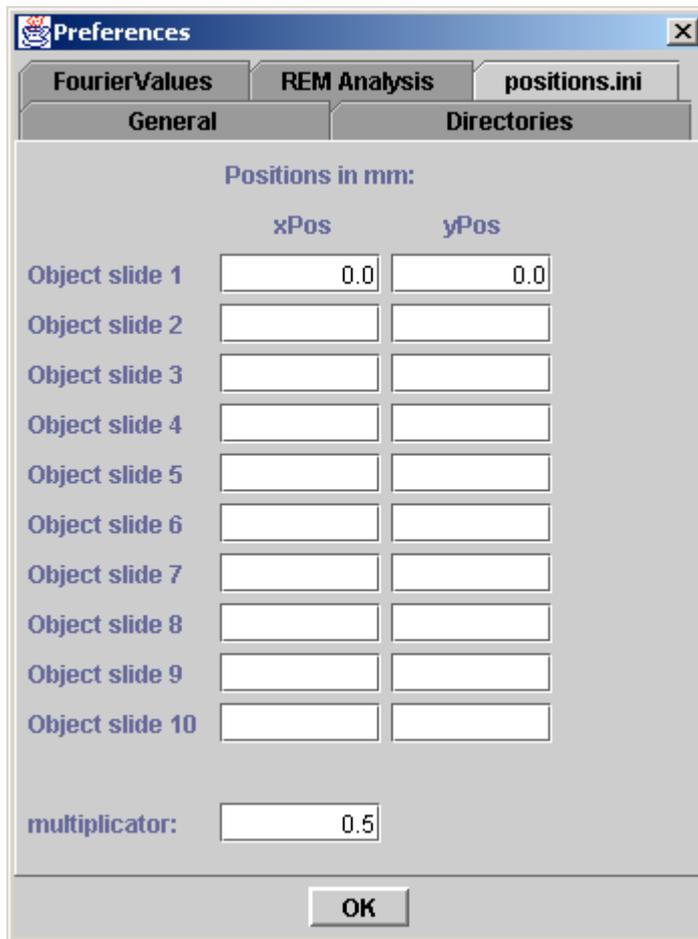


Abbildung 21: Preferences-Einstellungen;

## positions.ini

### Object slide x

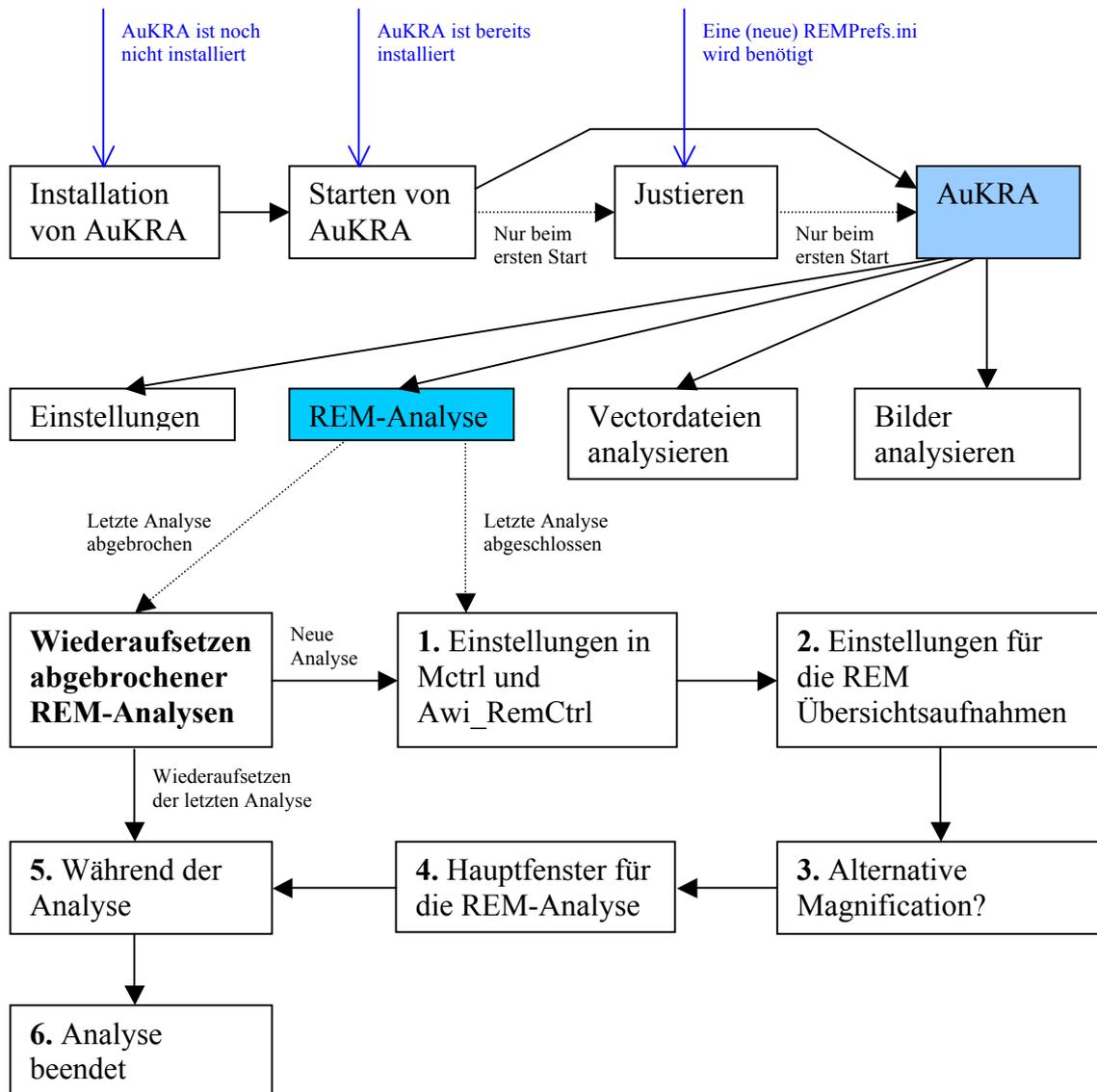
Beim Start von REM-Analysen erscheint ein Dialog, in dem alle hier eingetragenen Werte so übernommen werden können, ohne diese erneut eingeben zu müssen. Für jeden *Object slide* (Objekträger) muss sowohl eine x- als auch eine y- Position (in mm) angegeben werden.

### multiplier

Dieser Wert ist ein Faktor, der mit der errechneten Magnification für die Großaufnahme einer REM-Analyse multipliziert wird. Beim errechneten Wert – also Faktor 1 – sollte das Partikel

in der Großaufnahme ohne Abstand zum Rand aufgenommen werden. Ein Faktor von 0.5 würde bedeuten, dass die Magnification nur noch halb so groß ist. Der aufgenommene Bildteil wäre damit doppelt so groß wie mit dem Faktor 1. Der Wert 0.5 hat sich als günstig erwiesen. Berücksichtigt werden sollte, dass bei einem Wert zu nah an 1, die Gefahr besteht, Ungenauigkeiten der REM-Positionierung nicht abzufangen.

## REM-Analyse



Mittels einer REM-Analyse (im Menü: *File/New/Rem-Analyse* oder dem Tastenkürzel *Alt-R*) kann die komplette Analyse einer Probe vorgenommen werden.

Nach dem Starten der Analyse werden vollautomatisch Partikel mittels Übersichtsaufnahmen detektiert. Danach werden für diese Partikel durch Großaufnahmen deren Konturen und die durch die Fourieranalyse extrahierten Konturen und weitere damit das Partikel beschreibende Werte bestimmt. Diese Ergebnisse – inklusive oder auch exklusive der Bilder (siehe **Einstellungen**) – werden in dem Ordner *Results* in einem Unterordner abgespeichert, der entsprechend des Erstellungsdatums benannt wird. Z.B.: REM\_010716-114922 für eine REM-Analyse, die im Jahr 2001 im Juli (07) am 16. um 11:49:22 gestartet wurde.

1. Vor dem Start einer REM-Analyse muss der Benutzer noch *Mctrl* und *Awi\_RemCtrl* (auf dem REM-Server) starten und unten stehende Einstellungen in *Mctrl* und *Awi\_RemCtrl* vornehmen.

Sollte bisher noch keine Justierung durchgeführt worden sein, muss zusätzlich das Programm *Justieren* (siehe **Justieren**) noch einmal aufgerufen werden, damit die Initialisierungsdatei *REMPrefs.ini* erstellt wird.

#### **Einstellungen für *Mctrl*:**

- hohe Auflösung 1424x968
- ScanRotation = 0
- SpecimenRotation = 0

Es haben sich des weiteren folgende Werte bewährt:

- Scanmode 3, 20 ms
- Abstand 10mm (Elektronenstrahl zur Probe)

Außerdem sollte das REM ein scharfes Bild zeigen und alle weiteren Einstellungen so gesetzt sein, dass die REM-Analyse dadurch nicht negativ beeinflusst wird.

#### **Einstellungen für *Awi\_RemCtrl*:**

Die *DelayTime* ist größer zu setzen (z.B. 21 Sekunden), als *Mctrl* mit dem aktuell gesetzten Scanmode für eine Aufnahme benötigt (z.B. 20 Sekunden). Beim ersten Start von *AWI\_RemCtrl.exe* erscheint eine Dialogbox, in der ein Verzeichnis auszuwählen ist, das die Verzeichnisstruktur des REM-Servers referenziert.

2. Nach der Auswahl *Rem-Analysis* erscheint ein Dialog, in dem ein *object slide* (siehe **Einstellungen**) bzw. die x- und y- Positionen des Mittelpunktes der Probe angegeben werden müssen. Zusätzlich muss angegeben werden, wie groß der zu analysierende Bereich sein soll (bei 6 mm z.B. 6 x 6 mm) und was für eine Magnification für die Übersichtsaufnahmen gewählt werden soll. Die Größe des zu analysierenden Bereichs hängt von den verwendeten Objektträgern ab und sollte so gewählt sein, dass dieser vollständig im Bereich des Objektträgers liegt. Die Magnification der Übersichtsaufnahmen sollte nicht zu klein gewählt werden, damit alle Partikel sicher erkannt werden können. Eine geringere Magnification bedeutet zwar, dass weniger Übersichtsaufnahmen gemacht werden müssen, andererseits hat sich in der Praxis gezeigt, dass bei einer höheren Magnification bessere Ergebnisse erzielt werden, ohne wesentliche Performanceeinbußen in Kauf nehmen zu müssen. Es wird eine Magnification von 500 empfohlen.

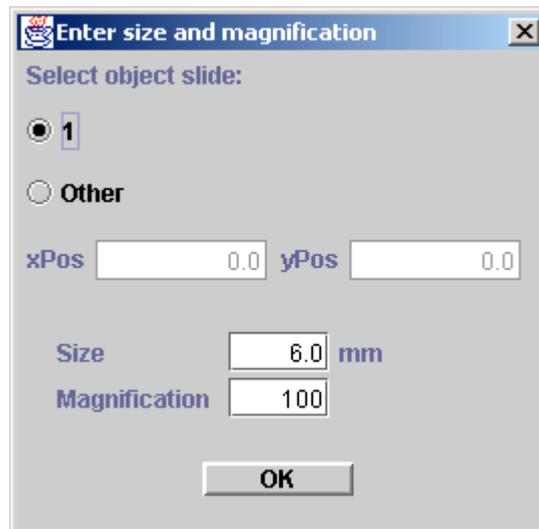


Abbildung 22: Einstellungen für die Gesamtprobe;

3. Der folgende Dialog bietet dem Benutzer die Möglichkeit eine alternative Magnification zu wählen, um die Fläche der Probe besser ausnutzen zu können. Hierbei entspricht die mittlere Option der gewünschten, eingegebenen Magnification. Das Programm berechnet, wieviel von dem Gesamtobjektträger damit ausgenutzt wird (im Beispiel 71%). Das Programm optimiert die Magnification, um dem Benutzer eine kleinere oder größere Magnification vorzuschlagen. Auf diese Weise kann der Objektträger besser ausgenutzt werden. Der Benutzer braucht nicht einen optimalen Wert im Vorfeld selber ausrechnen.

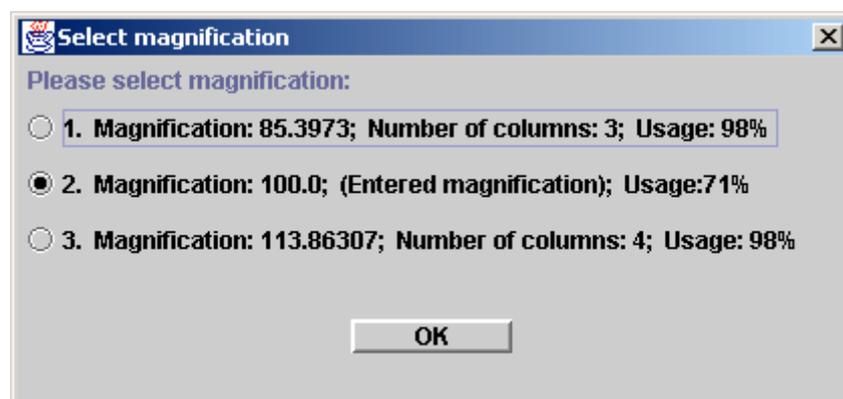


Abbildung 23: Einstellungen für die Magnification der Großaufnahmen;

4. Es erscheint das Hauptfenster für die REM-Analyse. Mit der Eingabe **Particle: Minimum Size: Diameter** unter **Analysis – Options** kann der Wert für die Größe geändert werden, die ein Partikel mindestens haben muss, damit es analysiert wird. Der hier eingestellte Wert wird immer nur für die aktuelle Analyse verwendet. Soll standardmäßig bei allen REM-Analysen ein anderer Wert benutzt werden, so kann dies unter *Preferences* (siehe **Einstellungen**) eingestellt werden. Hier können auch noch weitere Einstellungen vorgenommen werden, die im Zusammenhang mit der REM-Analyse stehen (z.B., ob die Bilder, die von dem REM aufgenommen werden, angezeigt werden sollen).

In dem Verzeichnis **Working Directory** unter **Output – Options** werden alle Analyse-Ergebnisse gespeichert.

Mittels des Buttons **Start** wird die Analyse gestartet und die REM-Analyse durchgeführt.

Mit dem Button **Close Wnd** kann jederzeit die REM-Analyse beendet werden. Das Hauptfenster wird daraufhin geschlossen. Gegebenenfalls ist auf Reaktionen des Programms zu warten.

Möchten Sie eine bereits laufende REM-Analyse abbrechen, ohne das Fenster zu schließen, so drücken Sie den Button **Abort**.

Möchten Sie eine beendete REM-Analyse weiterführen (wiederaufsetzen), so muss zunächst die REM-Analyse mittels des Buttons **Close Wnd** beendet werden (wenn dies noch nicht der Fall ist) und dann erneut *REM-Analysis* ausgewählt werden (siehe **Wiederaufsetzen abgebrochener REM-Analysen**).

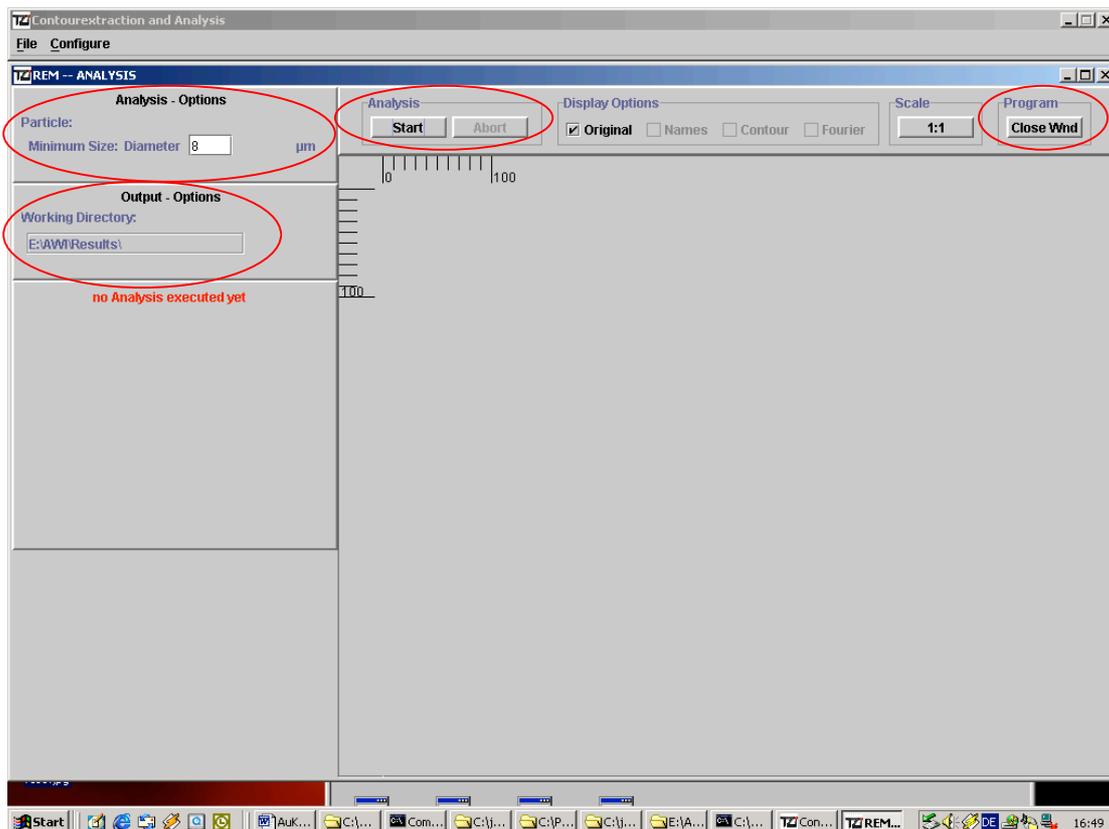


Abbildung 24: REM-Analyse Hauptfenster und einige GUI-Elemente;

5. Während des Programmablaufs erscheinen nun – falls dies unter Preferences so eingestellt wurde – die Bilder, die das REM aufgenommen hat. Angezeigt wird jeweils das zuletzt analysierte Bild. Für die analysierten Bilder bestehen dieselben Anzeigemöglichkeiten wie für analysierte Tiff-Bilder (siehe **Bilder analysieren** bzw. **Vectordateien analysieren**) mit dem Unterschied, dass bei den Übersichtsaufnahmen keine Namen, Fourierkonturen und die dazugehörigen Werte angezeigt werden können. Dies ist nur bei den Großaufnahmen der detektierten Partikel möglich. Denn in den Übersichtsaufnahmen werden lediglich grob die Partikel detektiert und noch keiner weiteren Analyse unterzogen. Dies geschieht erst in den Großaufnahmen für jedes der Partikel einzeln.

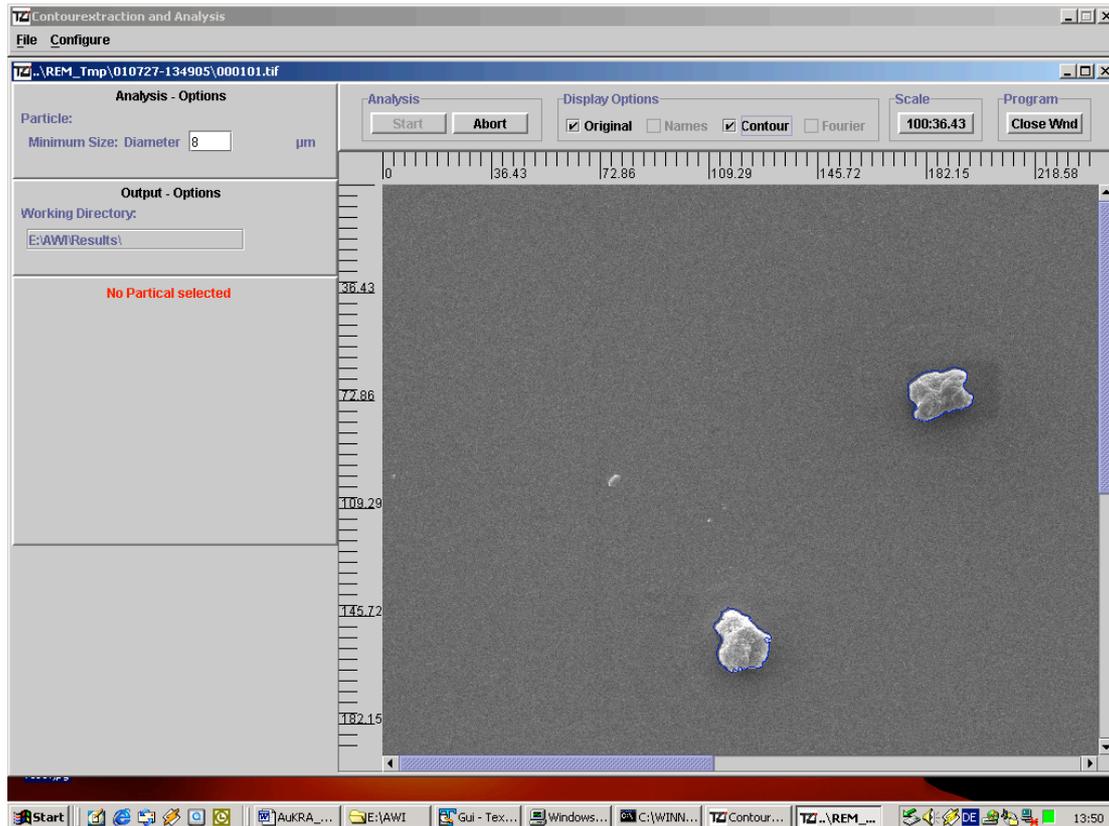


Abbildung 25: GUI mit einer Übersichtsaufnahme;

6. Ist die REM-Analyse abgeschlossen, so erscheint ein Hinweisdialog mit der Meldung **THE REM – ANALYSIS is FINISHED**.

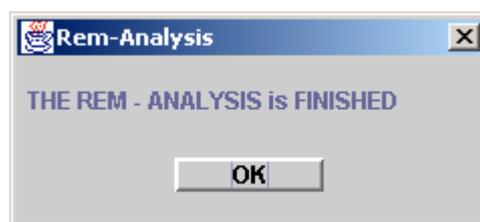


Abbildung 26: Hinweis Dialogbox für den Abschluß eines REM-Laufs;

## Wiederaufsetzen abgebrochener REM-Analysen

AuKRA's Struktur und Prozeßdynamik ist so aufgebaut worden, dass bei jeglichen Problemen das System dort wiederaufsetzen kann, wo es zuletzt abgebrochen ist.

Selbst wenn die Rechner vollständig neu gestartet werden müssen, ist das System dazu in der Lage, den Einstiegspunkt der alten Analyse wiederzufinden.

Eine abgebrochene oder auch abgestürzte REM-Analyse kann fortgesetzt werden, wenn die dazugehörigen Dateien aus dem Verzeichnis REM\_Tmp\yyMMdd-HHmss (z.B. REM\_Tmp\010727-142951 für das Projekt vom 27.07.2001, das um 14:29:51 gestartet wurde) und die Dateien aus den Verzeichnissen REM\_In und REM\_Out noch existieren und die dazugehörige Probe unverändert unter dem REM liegt.

Wird als Menüpunkt *File/New/REM-Analysis* gewählt und existiert eine abgebrochene REM-Analyse, so erscheint ein Auswahlfenster in dem man wählen kann, ob die als letztes gestartete Analyse weiter fortgeführt werden soll oder nicht.

Mittels **Yes** wird die abgebrochene Analyse fortgeführt. Es erscheint das Hauptfenster für die REM-Analyse und die Analyse wird mit dem Bild fortgesetzt, bei dem die Analyse abgebrochen wurde.

Wird **No** gewählt, so wird eine neue REM-Analyse gestartet.

**In diesem Fall kann zu keinem späteren Zeitpunkt mehr die abgebrochene Analyse fortgeführt werden, da dann die Dateien in den REM\_In und REM\_Out Ordnern überschrieben werden!**

Mittels **Cancel** wird der Dialog abgebrochen und es wird keine REM-Analyse gestartet.

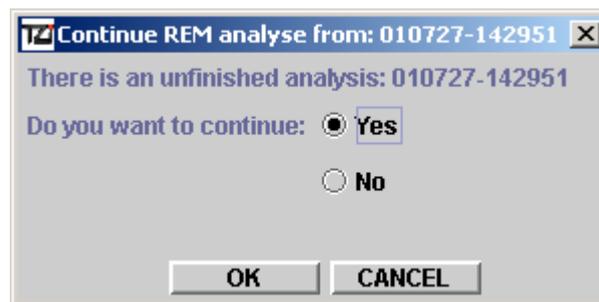
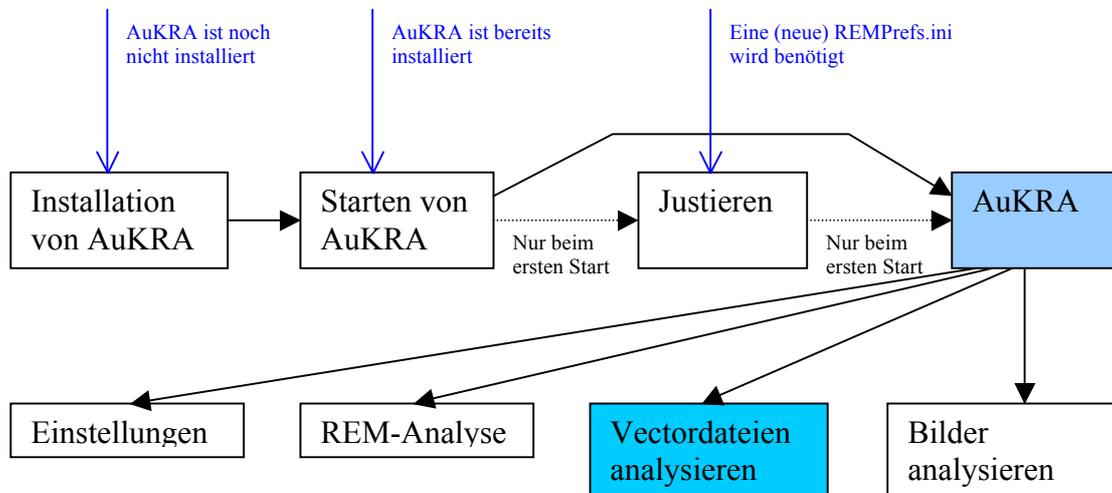


Abbildung 27: Dialogbox erscheint beim starten von AuKRA, falls es zuvor einen Abbruch des REM-Laufs gab;

## Vektordateien analysieren



Der Aufruf der Vektordateianalyse erfolgt über das Menü *File/New/Vector-File* oder mit dem Tastenkürzel *Alt-V*.

In dem folgenden *Open* Fenster ist die zu analysierende Datei auszuwählen. Anstelle einer Datei kann auch ein Verzeichnis selektiert werden, woraufhin alle in diesem Verzeichnis stehenden Vektordateien sequentiell analysiert werden. Außerdem können beliebig viele Dateien in einem Ordner selektiert werden, indem die Steuerungstaste *Strg* bzw. *Ctrl* gehalten wird.

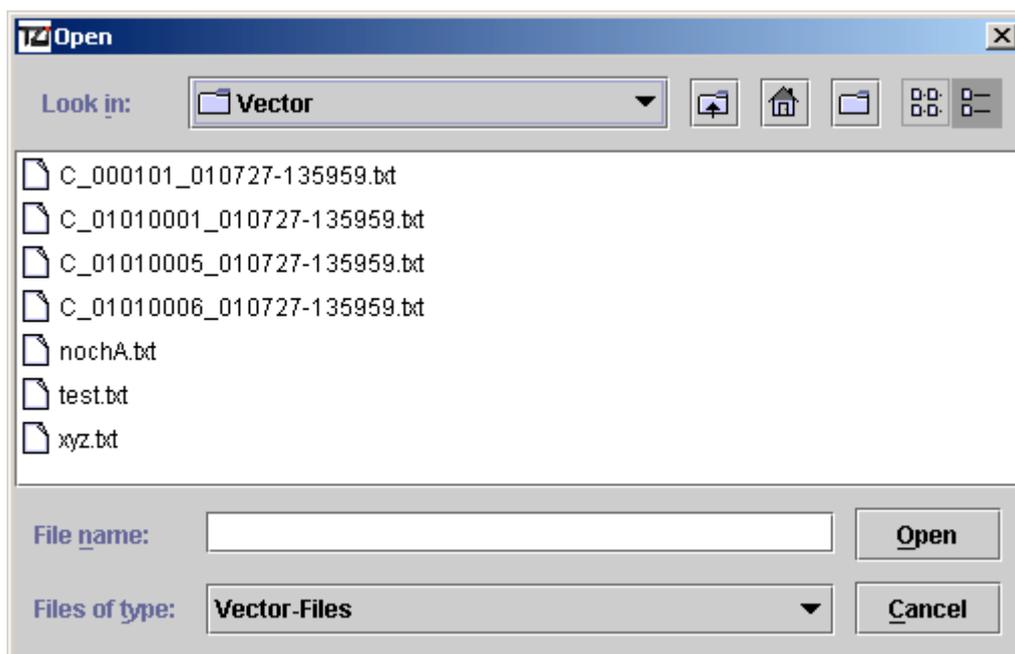


Abbildung 28: Erscheint zum öffnen einer Vektordatei;

Falls mehrere Dateien ausgewählt worden sind, wird die Anzahl selektierter Dateien angezeigt: **You've selected  $n$  Picture(s)**.

Mit der Eingabe **Particle: Minimum Size: Diameter** unter **Analysis – Options** kann eine minimale Größe der zu berücksichtigenden Partikel angegeben werden.

In dem Verzeichnis **Working Directory** unter **Output – Options** werden alle Analyse-Ergebnisse gespeichert.

Durch den **Start**-Knopf wird die Analyse des Bildes gestartet, mittels **Abort** kann die Analyse abgebrochen werden.

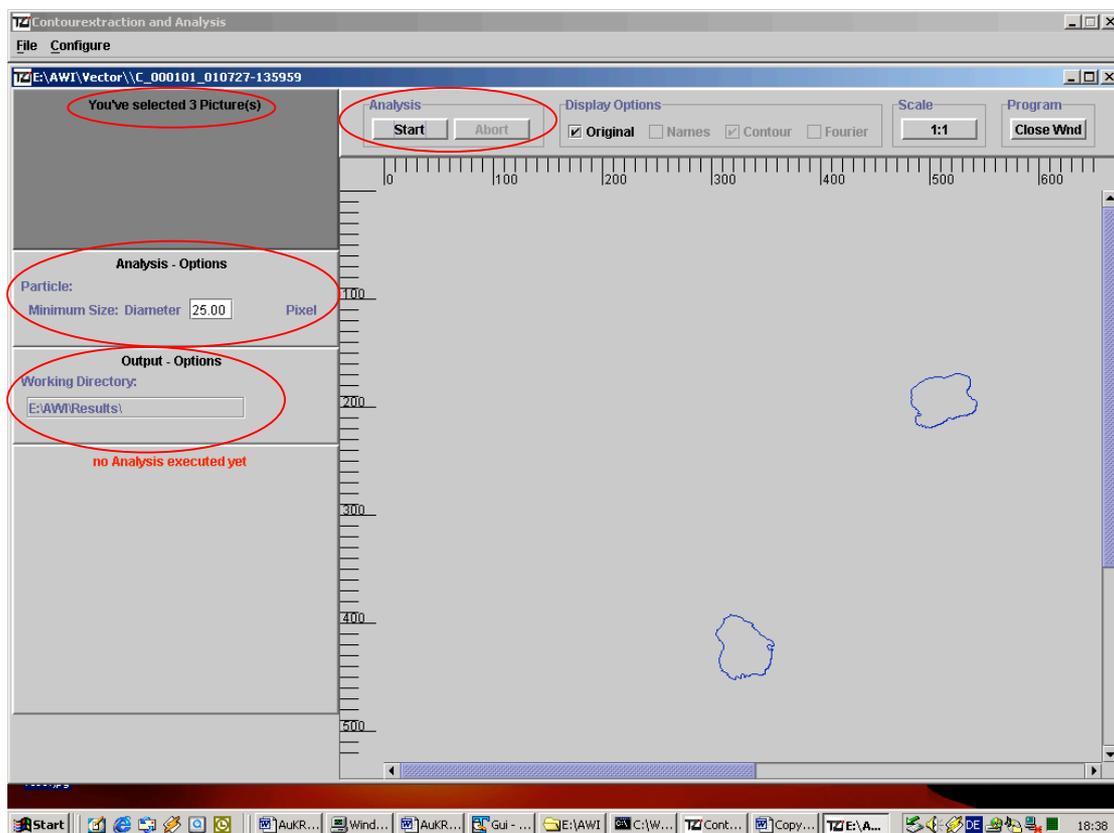


Abbildung 29: GUI mit Ergebnisdarstellung der Konturen;

## Ergebnisse

Die **Display Options** geben an, was aktuell angezeigt werden soll:

- **Original**: die Konturen der Vektordatei (des Bildes)
- **Names**: Namen analysierter Figuren/Partikel
- **Contour**: die Kontur
- **Fourier**: die aus der Fourieranalyse extrahierte Kontur.

In **Fourier Values** erscheinen die für das ausgewählte Partikel berechneten Kennwerte.

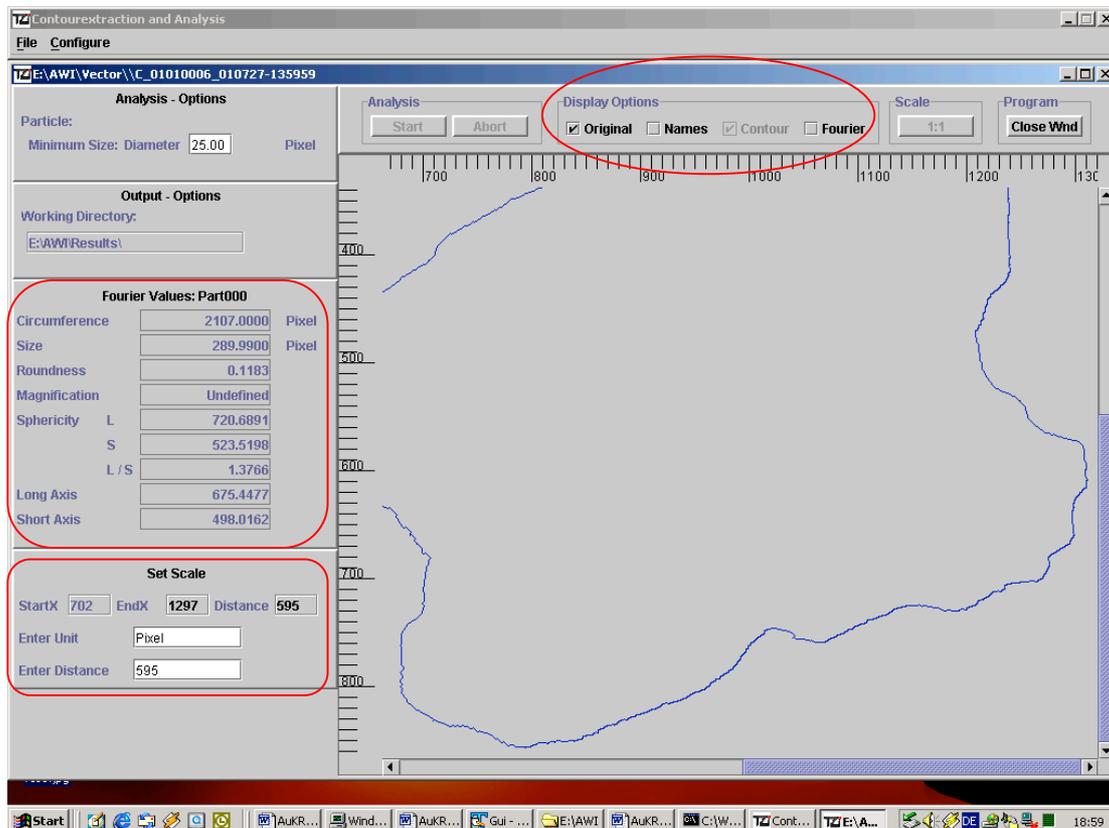
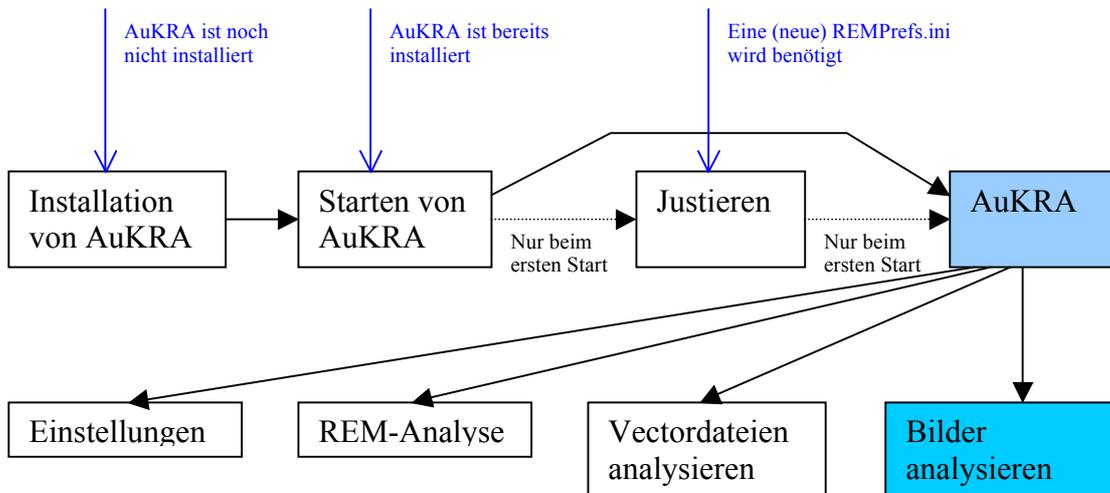


Abbildung 30: GUI mit Hinweisen für die Scale-Einstellungen;

Mittels **Scale** kann der angezeigte Maßstab verändert werden. Der Mauscursor verwandelt sich in ein Fadenkreuz. Man klickt einen beliebigen Punkt im Bild an, z.B. das eine Ende eines Partikels und wählt daraufhin einen zweiten Punkt, z.B. das andere Ende des Partikels. Auf diese Weise hat man den Abstand (in Pixel) gemessen, für den man einen realen Abstand angeben möchte.

Man gibt nun die gewünschte Einheit (z.B. *mm*) und die Distanz, die zwischen den beiden x-Koordinaten der gewählten Punkte liegen, in der **Set Scale** Box an. Nach Betätigen der Eingabe-Taste (Return) verschwindet die **Set Scale** Box und der neu gewählte Maßstab erscheint in Form einer Strich-Skala am oberen und linken Bildrand.

## Bilder analysieren



Der Aufruf der Tiff-Bilddateianalyse erfolgt über das Menü *File/New/Tiff-Picture* oder mit dem Tastenkürzel *Alt-T*.

Die Bedienung erfolgt analog zur Vektordatei-Analyse. Dies gilt insbesondere auch für die Auswahl einer Serie von Bildern und Darstellung der Ergebnisse.

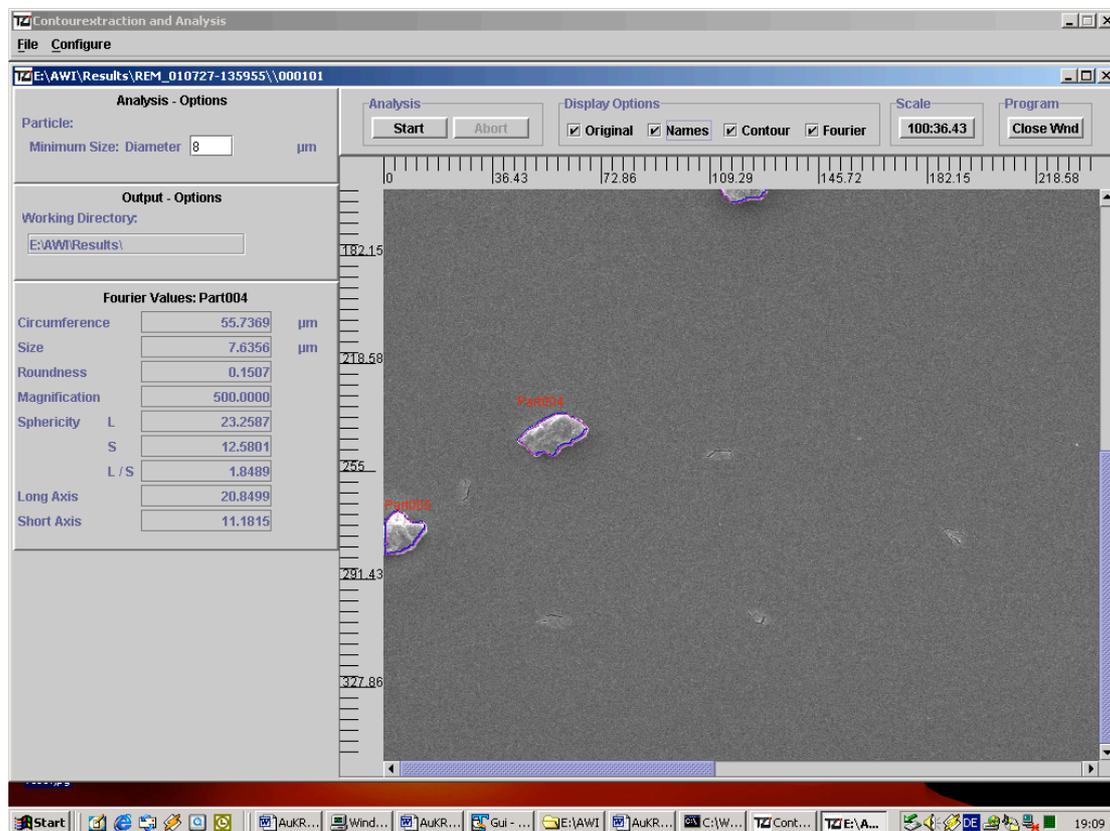


Abbildung 31: GUI mit Ergebnisdarstellung auf dem Originalbild;

## 3 Design

In diesem Kapitel stehen weitere Informationen über den Programmablauf. Teils ist dieses Kapitel mit Kapitel 2 *Anwendung* redundant. Es werden einige genauere Angaben gemacht, die für eine normale Bedienung des Systems nicht erforderlich, im Zweifelsfall aber hilfreich sind.

Insbesondere soll mit diesem Kapitel auch das Design dokumentiert werden. Dies betrifft die wesentlichen Strukturen und den Systemablauf.

### REM Server

Der REM Server bezeichnet den Rechner, der direkt mit dem REM verbunden ist und auf dem auch das interaktive REM-Ansteuerungsprogramm *Mctrl.exe* installiert ist. Auf dem REM Server werden nur Bilder vom Rasterelektronenmikroskop akquiriert.

#### Verzeichnisstruktur

Ausgehend von einem beliebigen Verzeichnis ist auf dem REM-Server folgende Verzeichnis-Struktur erforderlich:

TZI\Core                    Hier steht das Programm *Awi\_REMCtrl*, das das REM direkt ansteuert.

TZI\REM\_In                Hier werden Anforderungsdateien vom Analysis-Client abgelegt, die das Programm *Awi\_REMCtrl* bearbeiten muss.

TZI\REM\_Out               Hier werden Ergebnisse des *Awi\_REMCtrl*-Programms abgelegt, die sich der Analysis-Client herüber holt.

Sollten die Ordner Core, REM\_In und REM\_Out nicht existieren, so werden diese (inklusive des Programms *Awi\_REMCtrl*) beim Programmstart von AuKRA automatisch erzeugt. Dies gilt ebenfalls wenn Einstellungen in dem Preferences Menü bezüglich des REM\_PC Pfad vorgenommen werden.

### Analysis Client

Der Analysis Client bezeichnet den PC, der über das Netzwerk mit dem REM Server verbunden ist, und auf dem die AuKRA-Benutzeroberfläche installiert ist. Hier werden die eigentlichen Bildanalyseprozesse durchgeführt.

#### Verzeichnisstruktur

AuKRA                    In diesem Ordner befinden sich standardmäßig alle weiter benötigten Ordner und die \*.BAT Dateien, um das AuKRA-Programm bzw. das Justieren-Programm auszuführen.

AuKRA\Gui	In diesem Ordner befinden sich die Class Files für die AuKRA-Benutzungsoberfläche mit dem REM-Ansteuerungsprogramm, dem <i>Justieren</i> -Programm und den verschiedenen *.ini Dateien (siehe Kapitel Initialisierungsdateien). Außerdem werden in diesem Ordner <i>LogFiles</i> Ausgaben der Programme AuKRA (der letzten 50 Läufe) und Justieren (der letzten 10 Läufe) abgespeichert.
AuKRA\Core	Dieser Ordner enthält das Bildanalyse-Programm ( <i>AwI9.exe</i> ).
AuKRA\Bilder	Standardordner für die zu analysierenden Tiff-Bilder.
AuKRA\Vector	Standardordner für die zu analysierenden Vektordateien.
AuKRA\Results	In diesem Ordner werden die Ergebnisse der Bildanalyse abgespeichert.
AuKRA\REM_Tmp	Temp-Ordner, der weitere Ordner für separate REM-Analyseläufe enthält, in denen Zwischenergebnisse gespeichert werden.

Sollten die Ordner Bilder, Vector, Results oder REM\_Tmp nicht existieren, so werden diese beim Programmstart von AuKRA automatisch erzeugt.

Die meisten dieser Verzeichnisse können aber auch interaktiv durch den Benutzer mittels der Preferences geändert werden (siehe auch *Initialisierungsdateien*).

## Initialisierungsdateien

Die Initialisierungsdateien (*awi.ini*, *positions.ini* und *REMPrefs.ini*) werden automatisch beim ersten Programmstart erzeugt. Der Benutzer braucht sich danach nicht weiter mit diesen Dateien zu beschäftigen. Alle relevanten Einstellungen, die mit den Dateien *awi.ini* und *positions.ini* im Zusammenhang stehen, können bei Bedarf in dem Menü *Preferences* angepasst werden. Sollte sich die Justierung des REM einmal geändert haben, so kann mit Hilfe des Programms *Justieren* eine neue *REMPrefs.ini* erzeugt werden.

## awi.ini

In der Datei *awi.ini* stehen für bestimmte Ordner die Pfadangaben und weitere Einstellungen, die das AuKRA Programm betreffen. Alle relevanten Einstellungen können jedoch durch den Menüpunkt Preferences im AuKRA-Programm an die jeweiligen Bedürfnisse angepasst werden. Die Pfadangaben werden standardmäßig relativ angegeben, d.h., dass die Ordner oder Dateien von dort aus angegeben werden, von wo aus sie gesucht werden. Dies ist bei AuKRA immer der Ordner *Gui*. Zwei Punkte stehen dabei immer für den darüber liegenden Ordner. In diesem Fall steht *..\* für den Ordner *AuKRA* und *..\Vector\* für den Ordner *Vector*, der in dem Ordner *AuKRA* liegt. Dies hat den Vorteil, dass der komplette Ordner *AuKRA* bei Bedarf an jede Stelle auf einem beliebigen PC kopiert werden kann, ohne dass dadurch das Programm versucht, auf die alten Ordner, die innerhalb des Ordners *AuKRA* lagen, zuzugreifen.

**Hinweis:** Es werden nur die Pfade relativ angegeben, die innerhalb des *Pfad\_awi* liegen. Außerdem muss der *Pfad\_awi* - dieser sollte immer dem Ordner *AuKRA* entsprechen - auch relativ gesetzt sein. Sollen die Pfadangaben absolut gesetzt werden, muss lediglich einmal der *Pfad\_awi* absolut gesetzt werden. Nach einem Programmlauf werden daraufhin alle Pfade absolut angegeben.

### Beispiel für die Initialisierungsdatei *awi.ini*:

```
[PFAD - DIRECTORY]
rem *eine Pfadangabe oder ein Verzeichnisname muessen mit einem \ enden*

Pfad_awi=..\

Pfad_vector=..\Vector\
Pfad_picture=..\Bilder\
Pfad_results=..\Results\

rem *der Pfad in dem sich auf dem REM-PC die REM_In und REM_Out Ordner befinden*
*(Rechner im Netzwerk werden mit \\<Name> angegeben) z.B.: \\xy_PC\TZI\ *
Pfad_remPC=\\xy_PC\TZI\

rem *der Ordner in dem die Dateien gespeichert werden, die vom REM-PC kopiert werden*
Pfad_remTMP=..\REM_Tmp\
```

```

Pfad_core=.\Core\
[CPP]
name_awi=awi9
pic_to_save=1
dec_Digits=4
min_Size=8.0
show_Circum=true
show_Size=true
show_Round=true
show_Magn=true
show_Spher=true
show_Axis=true
show_Pics=true
rem *end of FILE*
  
```

← *Gibt den Namen des Bildanalyseprogramms an.*  
 ← *Gibt an, wie viele Bilder bei einer REM-Analyse abgespeichert werden sollen.  
 (0=keins; 1=jedes; ansonsten x=jedes x-te)*  
 ← *Gibt an, mit wie vielen Nachkommastellen die Ergebnisse angezeigt werden sollen.*  
 ← *Gibt die Standard Minimum Size Diameter für ein Partikel an.*  
 } *Diese Werte geben an, welche der Fourier Values angezeigt werden sollen.*  
 ← *Gibt an, ob bei REM- oder Serien-Analysen die Ergebnisse angezeigt werden sollen.*

### positions.ini

In der Datei *positions.ini* werden die Positionen (in mm) angegeben, die den Mittelpunkten der verschiedenen Objektträger entsprechen. Außerdem wird zusätzlich noch ein Faktor angegeben, der beeinflusst, wie viel Abstand zwischen der Konturlinie eines Partikels und dem Bildrand bei Großaufnahmen einer REM Analyse gelassen wird. Standardmäßig wird zunächst eine *positions.ini* erzeugt, die als einzige Position (0,0) für einen Objektträger gespeichert hat. Auf Wunsch können hier aber manuell bis zu zehn Positionen angegeben werden.

Es muss dabei auf die vorgegebene Schreibweise geachtet werden: (xPos,yPos). Es werden nur Angaben zwischen den Zeilen „object slide positions“ und der Zeile „@“ beachtet.

Für den Faktor *multiplicator* gilt, dass dieser zwischen den Zeilen „multiplicator“ und der Zeile „@“ stehen muss. Die erste Zahl, die dabei nach dem Zeichen „[“ kommt, wird als *multiplicator* interpretiert.

Ein Beispiel für die Initialisierungsdatei *positions.ini*:

Es koennen bis zu zehn Positionen (z.B. Mittel-/Nullstellen der Objektträger) angegeben werden. (in mm)  
 Schreibweise: (xPos,yPos)

```

object slide positions:
(0.00013,-0.000223)
(1,-1)
(0,0)
(0.0001334,-0.000223634)
(1,-1)
(0,0)
(8,2)
(4.32E-1,4.6)
  
```

@

Der nächste Wert ist ein Faktor, der mit der errechneten Magnification für die Großaufnahme multipliziert wird. Beim errechneten Wert - also Faktor 1 - sollte das Partikel theoretisch ohne Rand in der Großaufnahme aufgenommen werden. Ein Faktor von 0.5 würde bedeuten, daß die Magnification nur noch halb so groß ist. Der Bildausschnitt wäre dann doppelt so groß, wie mit dem Faktor 1.  
Schreibweise: [Faktor]

multiplier:

[0.6]

@

## REMPrefs.ini

In der Datei *REMPrefs.ini* stehen Faktoren, die benötigt werden, um das REM korrekt ansteuern zu können. Die *REMPrefs.ini* wird durch das Programm Justieren erzeugt, das entweder unabhängig von AuKRA ausgeführt werden kann oder durch AuKRA selbst aufgerufen wird.

Ein Beispiel für die Initialisierungsdatei *REMPrefs.ini*:

xSizeF=246.605

ySizeF=185.0

@

(1.0)

[1.0]

## REM-Analyse

Bei einer REM-Analyse muss zunächst der in **b** dargestellte Bereich angegeben werden, indem der Mittelpunkt und die Größe der Probe eingegeben wird.

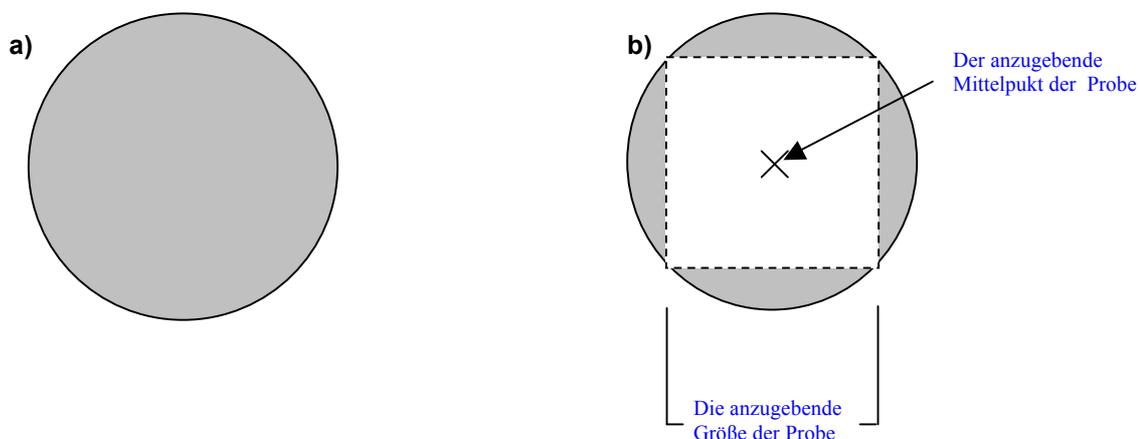
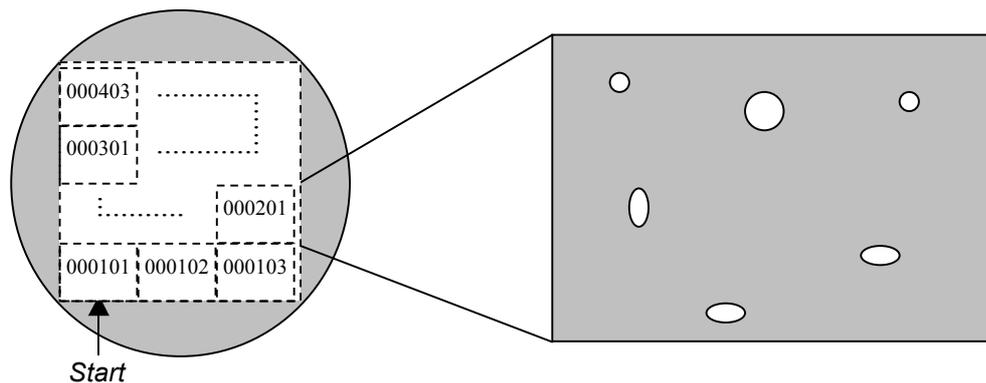


Abbildung 32: Konzeptionelle Darstellung der Gesamtprobe;

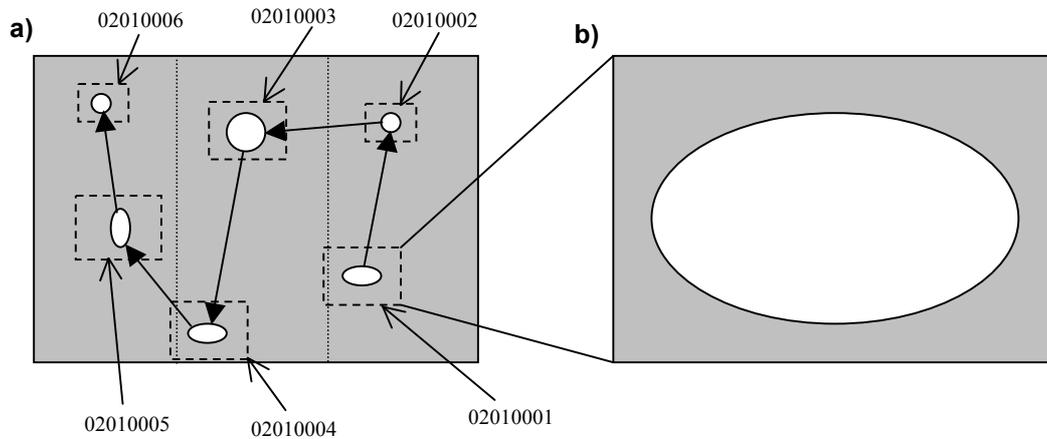
Durch die Angabe der Magnification, die die Übersichtsaufnahmen haben sollen, werden Anforderungen über \*.in Dateien (siehe **REM-Ansteuerung**) an den *REM-Server* für die Übersichtsaufnahmen geschickt. Die Benennung (Nummerierung) der Übersichtsaufnahmen ist der Abbildung 33 zu entnehmen.



**Abbildung 33: Konzeptionelle Darstellung der Gesamtprobe und die Aufteilung in Übersichtsaufnahmen; rechts ist eine Übersichtsaufnahme zu sehen;**

Für die in den Übersichtsaufnahmen detektierten Partikel werden wiederum Anforderungen an den REM-Server für die Großaufnahmen der Partikel geschickt. Dabei wird durch geschickte Einteilung der Übersichtsaufnahmen in Zeilen versucht, die Positionierbewegungen des REMs möglichst gering zu halten. Die Benennung der Großaufnahmen hat folgendes Schema:

Die ersten vier Zahlen stammen von der Übersichtsaufnahme, während die folgenden vier Zahlen eine Fortnummerierung der Partikel innerhalb der Übersichtsaufnahme sind; siehe Abbildung 34.



**Abbildung 34: a) Eine Übersichtsaufnahme und b) eine Großaufnahme;**

Die Ergebnisse der Analyse werden in dem Results-Ordner abgespeichert (siehe **Analyse Ergebnisse**).

Mittels der Grafiken auf den letzten beiden Seiten soll der Prozessablauf und der Datenfluss bei einer REM-Analyse verdeutlicht werden.

## REM-Ansteuerung

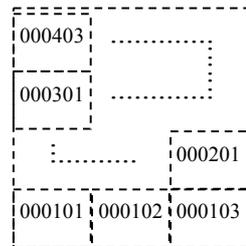
Die Ansteuerung des REMs wird mittels der \*.in Dateien, die in den *REM\_In* Ordner kopiert werden, realisiert. Das Programm *AWI\_RemCtrl* liest zunächst die Info-Datei *000000.in* ein, durch die es die Information bekommt, wie viele Übersichtsaufnahmen vorgenommen werden sollen. Es erhält dafür die genaue Information, in wie viele Spalten und Zeilen die Probe für die Übersichtsaufnahmen eingeteilt werden muss.

### Beispiel für eine *000000.in* Info-Datei

Spalten=3

Zeilen=4

@



**Abbildung 35: Beispiel einer *000000.in* Datei, die dem REM initial die Aufteilung der Probe in Großaufnahmen vermittelt;**

In den \*.in Dateien für die Übersichtsaufnahmen steht die Art (Typ) der Aufnahme (**p** steht für Übersichtsaufnahme), die Position in mm angegeben (Pos=<x>,<y>), an der die Übersichtsaufnahme aufgenommen werden soll, die Magnification für die Aufnahme und weitere Informationen, die für die Nummerierung der Großaufnahmen von Bedeutung sind (siehe Abbildung). Liest das Programm *AWI\_RemCtrl* eine In-Datei ein, wird entsprechend der Angaben ein Bild aufgenommen und dieses in dem *REM\_Out* Ordner abgespeichert.

### Beispiel für eine In-Datei einer Übersichtsaufnahme (*000201.in*)

Typ=p

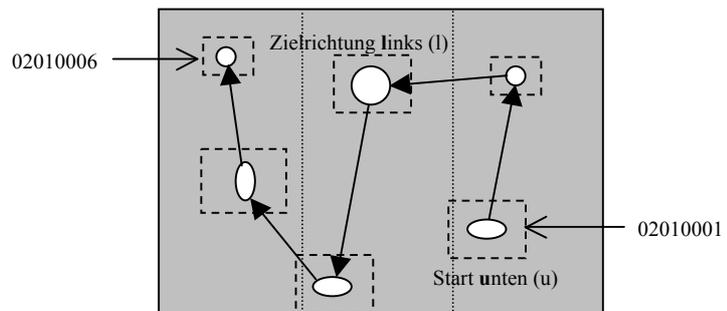
Pos=1.4036607,-1.0178572

Magn=140.0

@

Zielrichtung=l

Start=u



**Abbildung 36: Die In-Datei einer Übersichtsaufnahme und ihr Bildbezug;**

In den Info-Dateien für die Großaufnahmen steht die Anzahl der Partikel, die innerhalb der Übersichtsaufnahme detektiert wurden.

**Beispiel für eine Info-Datei für die Großaufnahmen (02010000.in)**

Anzahl=6

@

In den \*.in Dateien für die Großaufnahmen steht die Art (Typ) der Aufnahme (**d** steht für Großaufnahme), die Position in mm angegeben (Pos=<x>,<y>), an der die Übersichtsaufnahme aufgenommen werden soll und die Magnification für die Aufnahme.

**Beispiel für eine In-Datei einer Großaufnahme (02010001.in)**

Typ=d

Pos=1.87120786,-1.57295545

Magn=1356.3265

@

Zusätzlich zu den \*.in Dateien gibt es auch noch *kill*-Dateien, mit denen entweder *AWI\_RemCtrl* komplett beendet werden kann oder alternativ resettet werden kann und zwar so, dass dann *AWI\_RemCtrl* mit der Aufnahme für das angegebene Bild fortsetzt. Diese Option ist erforderlich, um REM-Analysen vom Analysis-Client aus abbrechen, neu starten oder auch abgebrochene REM-Analysen fortsetzen zu können.

**Beispiele für *kill*-Dateien:**Diese *kill*-Datei beendet *AWI\_RemCtrl*:

=-9

@

Mit dieser *kill*-Datei wird *AWI\_RemCtrl* komplett resettet:

=0,0,0

@

Mit dieser *kill*-Datei würde *AWI\_RemCtrl* mit der Übersichtsaufnahme 000102 fortfahren:

=1,2,0

@

Mit dieser *kill*-Datei würde *AWI\_RemCtrl* bei mit der Großaufnahme 0001020004 fortfahren:

=1,2,4

@

## Wiederaufsetzen abgebrochener REM-Analysen

AuKRA verfügt über ein selbstorganisierendes Datei-Managementsystem. AuKRA generiert Anforderungen für das REM, schickt diese auf den REM-Server und holt sich vom REM bearbeitete Anforderungen wieder vom REM-Server ab. Dieser Datei-Datenfluß macht das System transparent, da man anhand der Anforderungsdateien (\*.in) und der gleichnamigen Ergebnisdateien (\*.tif) in den jeweiligen Verzeichnissen den aktuellen Systemzustand beobachten kann.

Vor allem aber macht sich AuKRA selber diesen Datei-Datenfluß zu nutze. Wenn das System abbricht oder sogar das gesamte System abstürzt, bleiben die Dateien dem System erhalten. AuKRA kann sich nach einem Neustart selbst in einen Systemzustand versetzen, um den abgebrochenen REM-Lauf wieder dort fortzusetzen, wo er abgebrochen ist.

Hierzu müssen allerdings die dazugehörigen Dateien in dem Verzeichnis `REM_Tmp\yyMMdd-HHmms` (z.B. `REM_Tmp\010727-142951` für das Projekt vom 27.07.2001, das um 14:29:51 gestartet wurde) und die Dateien in den Verzeichnissen `REM_In` und `REM_Out` noch existieren. Selbstverständlich muß auch die zur abgebrochenen Analyse dazugehörige Probe unverändert unter dem REM liegen.

Wird als Menüpunkt *File/New/REM-Analysis* gewählt und existiert eine abgebrochene REM-Analyse, so erscheint ein Auswahlfenster, in dem man auswählen kann, ob die zuletzt gestartete Analyse fortgeführt werden soll oder nicht.

Mittels **Yes** wird die abgebrochene Analyse fortgeführt, ohne dass der Benutzer weitere Angaben machen muss. Der Analysis-Client extrahiert alle wichtigen Informationen aus den entsprechenden Ordnern und bereitet sie so vor, dass die Analyse bei dem Bild fortgesetzt wird, bei dem zuvor die Untersuchung abgebrochenen wurde.

Sollte einmal nicht mit dem Bild fortgesetzt werden, mit dem die Analyse abgebrochen ist, so kann dies beeinflusst werden. Hierzu müssen alle \*.in Dateien die übersprungen werden sollen, inklusive der, bei welcher fortgesetzt werden soll, aus dem *REM\_In* Ordner in den aktuellen *REM\_Tmp* Ordner (`REM_Tmp\yyMMdd-HHmms`) kopiert werden. Werden dabei Übersichtsaufnahmen übersprungen, müssen noch zusätzlich weitere Info-Dateien per Hand erstellt werden.

Wird z.B. die Übersichtsaufnahme 000201 übersprungen, so müsste folgende Info-Datei erstellt werden:

**02010000.in:**

Anzahl=0

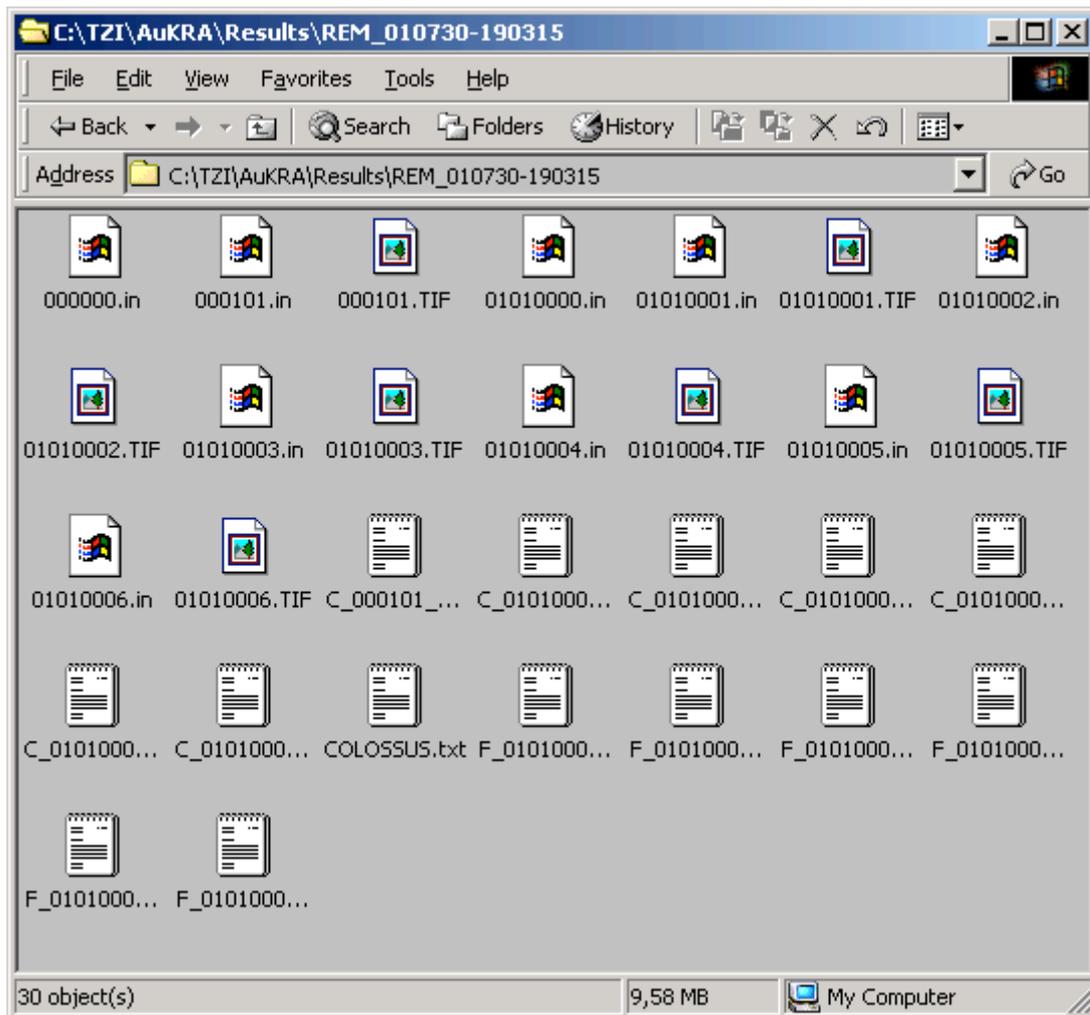
@

Diese Datei muß in dem *REM\_In* Ordner abgelegt werden, da *AWI\_RemCtrl* mit dieser Datei weiter arbeitet und dazu nach dieser Datei im *REM\_In* sucht.

## Analyse Ergebnisse

Die Analyse-Ergebnisse werden in dem Ordner Results abgespeichert.

Bei REM-Analysen wird hierzu ein Ordner innerhalb des Ordners Results angelegt, in dem die Ergebnisse einer kompletten Analyse wiederzufinden sind. Dieser Ordner wird entsprechend des Datums benannt, an dem die REM-Analyse gestartet wurde (z.B.: *REM\_010730-190315* für eine REM-Analyse, die am 30.07.01 um 19:03:15 gestartet wurde). In diesem Ordner werden zunächst alle \*.in Dateien abgelegt und – je nach Einstellung in den Preferences – alle, ein Teil oder keins der Bilder, die das REM aufgenommen hat; außerdem die Konturen der Partikel (*C\_....txt*), die Konturen der Fourieranalyse mit Informationen zu dem Partikel (*F\_....txt*) und eine *COLOSSUS.txt* Datei, in der die relevanten Werte aller analysierten Partikel im Überblick wiederzufinden sind. In dem folgenden Fenster ist ein Beispiel einer REM-Analyse mit nur einer Übersichtsaufnahme zu sehen.



**Abbildung 37: Beispielübersicht der von AuKRA erzeugten Dateien im Results-Ordner;**

Bei allen anderen Analysen werden nur die Konturen der Partikel (C\_....txt) und die Konturen der Fourieranalyse (F\_....txt) direkt in dem Ordner Results abgespeichert. Zudem werden relevante Werte aller analysierten Partikel in der Datei *COLOSSUS* abgespeichert.

**Anmerkung:** Es existiert für jeden Ordner, in dem Ergebnisse einer Analyse abgespeichert wurden, genau eine *COLOSSUS* Datei, unabhängig davon, wie viele Analysen durchgeführt wurden.

## Log-Files

Jeder REM-Lauf wird automatisch durch ein Log-File dokumentiert. D.h. dass vor allem die in AuKRA abgelaufene Prozeßdynamik und die Kommunikation zwischen dem REM-Server und Analysis-Client hier festgehalten werden.

In den Log-Files werden die Ausgaben der Programme *AuKRA* und *Justieren* abgespeichert.

Sollte einmal ein unerwarteter Fehler aufgetreten sein, so kann anhand der Log-Files der Fehler nachvollzogen werden.

Die Log-Files werden im dem Ordner *LogFiles*, der in dem Ordner *Gui* liegt abgespeichert. Es sind dort die Ausgaben der letzten 50 Läufe des Programms *AuKRA* und der letzten 10 Läufe des Programms *Justieren* abgespeichert.

## Diagramme

Die folgenden zwei Diagramme zeigen das AuKRA-System nocheinmal im Ganzen.

Das Datenflußdiagramm zeigt den Datenfluß in der Form von Dateien auf dem *REM\_Server* und dem *Analysis\_Client*, sowie zwischen diesen beiden Rechnern.

Das Ablaufdiagramm zeigt die Dynamik des AuKRA-Systems im Überblick.

Das Ablaufdiagramm stellt ein einfaches Petrinetz dar. Die Systemdynamik kann mit dem Petrinetz simuliert werden, in dem eine sogenannte *Marke* in die erste *Stelle* (die Kreise bezeichnen die Stellen), zwischen *REM Analyse* und *TotalSymple* gesetzt wird.

Die Marke wandert entlang den Pfeilen des Diagramms. Alle in eine Ecke eingehenden Pfeile stammen von Prozessen. Damit eine Stelle *weitschalten* kann, muß in ihr eine Marke enthalten sein. Der nachfolgende Prozeß kann daraufhin gestartet werden und die Marke verschwindet aus der Stelle.



## Datenflußdiagramm



## Ablaufdiagramm