

Nettrack

Softwareunterstützung zur Analyse und Visualisierung interner Prozesse Neuronaler Netze

Benedikt Fischer, Christian Lappe, Christian Thies,
Mark O. Güld und Thomas M. Lehmann

Institut für Medizinische Informatik, RWTH Aachen, 52057 Aachen
Email: bfischer@mi.rwth-aachen.de

Zusammenfassung. Zur approximativen Lösung schwerer Rechenprobleme werden oftmals Hopfield-Netze eingesetzt. Ihr Erfolg ist dabei maßgeblich von der eingesetzten Parametrierung abhängig. Mit *Nettrack* wird ein Analyse- und Dokumentationswerkzeug vorgestellt, welches dem Benutzer die nötige Komplexitätsreduktion erlaubt, um die Einflüsse unterschiedlicher Parametrierungen auf die internen Prozesse zu erkennen und eine zielgerichtete Kontextadaptierung vornehmen zu können.

1 Einleitung

In der medizinischen Bildverarbeitung werden immer häufiger Probleme behandelt, deren hohe Rechenkomplexität eine exakte, global optimale Lösung verhindert, so dass zur Problemlösung approximative Verfahren eingesetzt werden. Hier haben Neuronale Netze den Vorteil, besonders flexibel auf die jeweilige Problemstellung angepasst werden zu können. Nachteilig ist allerdings, dass viele Parameter oft heuristisch eingestellt werden müssen. Der Gesamtprozess zerfällt in zahlreiche, teils parallele, interagierende Subprozesse und bei großen Probleminstanzen müssten zum Teil Interaktionen zwischen Millionen von Neuronen untersucht werden. Dies ist manuell nicht mehr zu bewerkstelligen.

Ein geeignetes Analysewerkzeug muss deshalb die Datenkomplexitäten effektiv abstrahieren und eine Fokussierung auf die wesentlichen Simulationsgrößen erlauben. Für Detailanalysen müssen jedoch auch Informationen bis in sehr tief liegende Komponenten eines Simulationslaufes verfolgt werden können.

Da die Kontextadaptierung im Sinne einer Parametrierung ein Optimierungsproblem darstellt, kann sie selbst wiederum über approximative Verfahren, z.B. mit genetischen oder randomisierten Algorithmen, gelöst werden. Diese Technik ist in der Fachliteratur entsprechend vielfach vertreten. Eine systematisch durchgeführte manuelle Parametrierung kann jedoch ebenfalls sinnvoll sein, erlaubt sie doch eine kontrolliertere, zielgerichtete Anpassung an den Problemkontext.

Für eine manuelle Parametrierung unerlässlich und für die Kontrolle automatischer Parametrierungen sinnvoll, ist eine Analyse der Parametereinflüsse innerhalb des Neuronalen Netzes und über die verschiedenen Iterationen hinweg.

Die Software des „Stuttgart Neural Net Simulator“ (SNNS, [1]) bietet Analysen verschiedener Neuronaler Netze und Selbstorganisierender Karten. Jedoch werden die für Optimierungsprobleme sehr häufig eingesetzten Hopfield-Netze [2] nicht unterstützt. So wurde Nettrack ursprünglich zur Parametrierung eines Hopfield-Netzes entwickelt, das Bilder anhand ihrer aus einer hierarchischen Partitionierung gewonnenen Graphrepräsentationen für inhaltsbasiertes Image Retrieval vergleicht [3]. Hier wurden Analysen zu Netztopologie, Netzdynamik, Matching-Ergebnis und Detailfragen zu einzelnen Matchings durchgeführt, um eine geeignete Parametrierung des Netzes zu gewinnen.

Mit Nettrack wird ein Werkzeug vorgestellt, welches das geforderte breite Analysespektrum unterstützt und trotz der Komplexitäten eine interaktive Benutzung gestattet. Es bietet dem Anwender die Möglichkeit einer handhabbaren Analyse der Simulationsläufe Neuronaler Netze selbst auf großen Netzen mit tausenden von Knoten und Iterationen und erlaubt die Analyse allgemeiner Neuronaler Netze sowie eine Unterstützung von Hopfield-Netzen. Gleichzeitig werden Dokumentationsmöglichkeiten mit Export- und Vergleichsfunktionen zur Verfügung gestellt.

2 Methoden

Die von Nettrack angebotenen Analysen werden offline durchgeführt, d.h. während der Berechnungen des Neuronalen Netzes werden die interessierenden Daten über ein Plugin in einem Standardformat auf Sekundärmedien protokolliert. Nettrack stellt aufbauend auf den protokollierten Daten eine graphische Oberfläche zur Verfügung, welche die wichtigsten Simulationsvorgänge in geeigneten Visualisierungen aufbereitet. Dabei kann sich der Benutzer interaktiv im zeitlichen Verlauf einer Simulation bewegen oder globale Verläufe über alle Iterationen betrachten. Dazu stehen neun verschiedene Sichten auf einen Simulationslauf zur Verfügung:

1. Mit der zentralen „Topologieansicht“ (Abb. 1 (a)) erfolgt die abstrakte Visualisierung von Netztopologien und statischen Abhängigkeiten zwischen Neuronen sowie von Detailinformationen zu Neuronen. Neuronen werden in einer Kreisordnung mit einer Farbkodierung ihres Zustandes dargestellt. Die repräsentierte Hypothese wird als Label annotiert und der Wert des Stabilitätsmarkers wird ggf. als Rechteck um ein Neuron visualisiert. Excitatorische bzw. inhibitorische Netzverbindungen werden als grüne bzw. rote Linien zwischen Neuronen gezeigt.
2. Die Sicht „Neuronale Aktivität“ (Abb. 1 (b)) fasst neuronale Aktivitäten in einem Aktivitätsplot zusammen. Für jede Iteration werden die Anzahl instabiler und die Anzahl valider Neuronen aufgetragen.
3. In der Sicht „Netz-Energie“ wird ein globaler Energie- und Energietransferplot für jede Iteration erzeugt.
4. In der Sicht „Netz-Gewichte“ wird die Entwicklung excitatorischer und inhibitorischer Verbindungsgewichte aufgezeigt und globale Beträge der Gewichte für jede Iteration aufgetragen.

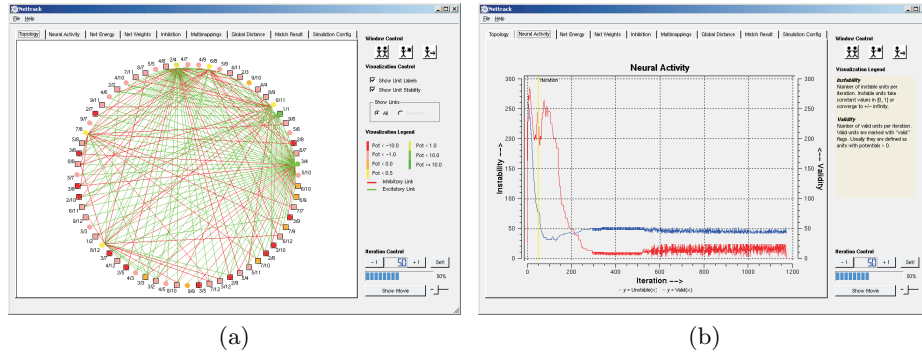


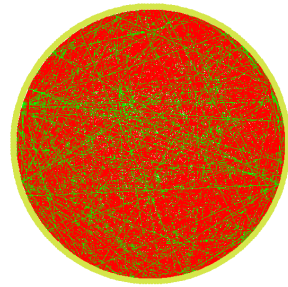
Abb. 1. Benutzeroberfläche von Nettrack in Topologie- (a) und Aktivitätsansicht (b). Weitere Ansichten sind über die Karteikartenreiter auswählbar.

5. In der Sicht „Inhibition“ wird ein zentraler Plot des Inhibitionsverfahrens bzw. Penalty Schedule für jede Iteration gezeigt.
6. Die Sicht „Mehrfachzuordnungen“ bezieht sich auf eine Besonderheit bestimmter Hopfield-Netze. Es wird ein Plot der Entwicklung des Ausschlusses von Mehrfachzuordnungen erstellt. Ihre Anzahlen werden nach Typ sortiert (1:m oder m:1) und für jede Iteration aufgetragen.
7. Die Sicht „Globale Distanz“ liefert einen Auswertungsplot der globalen Distanzberechnung für jede Iteration.
8. Die Sicht „Endergebnis“ zeigt eine Zusammenfassung des Simulationsergebnisses.
9. Die Sicht „Simulationskonfiguration“ bietet eine schnelle Übersicht über die angewandte Parametrierung.

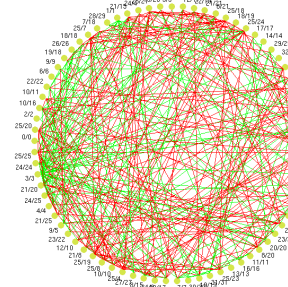
Die Komplexität des Gesamtnetzes kann über folgende Mechanismen reduziert werden:

- Einzelne oder mehrere Neuronen des gesamten Netzes (Abb. 2 (a)) können ausgewählt und als Ausschnitt des Gesamtnetzes visualisiert werden (Abb. 2 (b)).
- Im iterativen Verlauf einer Simulation ist oft ein Großteil der Netzverbindungen im Sinne einer aktiven Erregungsleitung zwischen Neuronen nicht relevant. Bei Auswahl einer konkreten Iteration werden solche Verbindungen in der Ansicht automatisch unterdrückt (Abb. 2 (c)).
- Ist ein einzelnes Neuron von Interesse, kann es per Mausklick ausgewählt werden. In der Visualisierung werden das Neuron, seine aktuell relevanten Verbindungen sowie die zugehörigen Partnerneuronen hervorgehoben. Durch einen Doppelklick auf ein Neuron werden weitere Detailanalysen seines Zustandes angezeigt (Abb. 2 (d)).

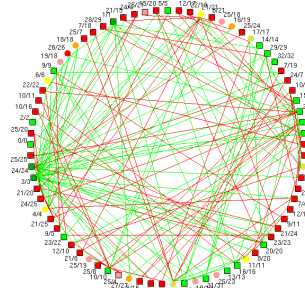
Allen Sichten gemein ist die automatische Ausrichtung auf einen vom Benutzer ausgewählten Fokus, um eine effektive Analyse eines aufgetretenen Berech-



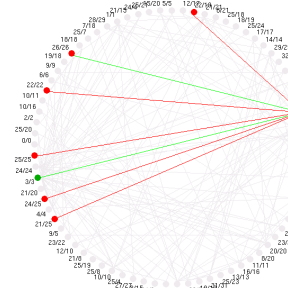
(a)



(b)



(c)



(d)

Abb. 2. Komplexitätsreduktion: Komplettes Netzwerk (a), Benutzerdefinierte Auswahl interessierender Neuronen (b), Ausblenden inaktiver Verbindungen (c), Einzelanalyse eines Neurons (d)

nungszustandes aus verschiedenen Perspektiven zu ermöglichen. Zum Beispiel kann ein Benutzer Prozesse wie Netzoszillationen im Aktivitätsplot der Simulation identifizieren (Abb. 1(b)), einen visuellen Iterationsmarker auf diesen Bereich setzen und nach einem Wechsel in die Topologiekomponente werden eventuell bereits zuvor ausgewählte interessierende Neuronen im Zustand der Oszillationen dargestellt (Abb. 3). Diese können dann zu Detailanalysen hinzugezogen werden, um den Ursprung der aufgetretenen Oszillationen zu ergründen.

Für eine interaktive Bedienung selbst bei sehr großen Netzen ist eine schnelle Visualisierung erforderlich. Bei den Fokuswechseln der Topologiedarstellung kommen deshalb anstelle von Adjazenzlisten für die excitatorischen und inhibitorischen Verbindungen Techniken zur sog. Kollisionsdetektion zur Anwendung [4].

Zu Dokumentationszwecken können alle erstellten Ansichten in verschiedene Grafikformate exportiert werden. Vergleiche zwischen verschiedenen Sichten und Iterationen werden durch Kopieren der Sichtweisen und Loslösen aus der automatischen Ausrichtung der Benutzeroberfläche auf den global gesetzten Fokus ermöglicht.

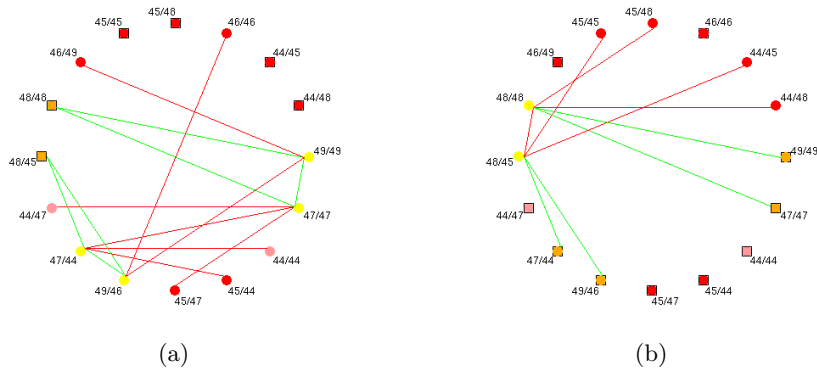


Abb. 3. Visualierungsbeispiel: In einem Simulationslauf traten die beiden dargestellten Iterationszustände oszillierend auf. Durch Einzelanalyse der beteiligten Neuronen konnte die Ursache erkannt und beseitigt werden.

3 Ergebnisse

Mit Nettrack steht ein Visualisierungs- und Dokumentationswerkzeug zur Offline-Analyse der internen Prozessabläufe Neuronaler Netze, insbesondere von Hopfield-Netzen, zur Verfügung. Das Werkzeug ist allgemein genug gehalten, beliebige andere Neuronale Netze zu unterstützen, sofern diese eine Protokollierung der internen Prozesse im spezifizierten Datenformat erlauben. Einsatz und Anpassung des Werkzeugs sind für den nicht-kommerziellen Einsatz zu Forschungszwecken möglich und unter Linux, Windows 2000 und Windows XP getestet.

Nettrack wurde erfolgreich zur Kontextanpassung eines allgemeinen Hopfield-Netzes zur Ähnlichkeitsbewertung hierarchisch partitionierter Bilder eingesetzt. Durch den Analyseprozess konnten insbesondere Oszillationen beseitigt, das Konvergenzverhalten beschleunigt und die Klassifikationsergebnisse verbessert werden.

Literaturverzeichnis

1. Zell, A., Mache, N., Sommer, T., Korb, T.: Recent developments of the SNNS neural network simulator. In: Procs SPIE, Applications of Neural Networks. Volume 1469. (1991) 708–19
2. Russel, S., Norvig, P.: Artificial Intelligence: A Modern Approach. Prentice Hall, New Jersey, USA (1995)
3. Lappe, C., Fischer, B., Thies, C., Güld, M.O., Kohlen, M., Lehmann, T.M.: Optimierung eines konnektionistischen Graphmatchers zum inhaltsbasierten Retrieval medizinischer Bilder. In: Procs BVM. (2004) 338–342
4. Lin, M., Gottschalk, S.: Collision detection between geometric models: A survey. In: Procs IMA Conference on Mathematics of Surfaces, Winchester, UK. (1998) 33–52