

## 進捗報告

### 1 今週やったこと

- GA の実験

### 2 GA の実験

表 1, 2 に実験の設定を示す. 遺伝子は 0 から 9 の整数値をとる整数値コーディングとした.

選択はサイズ 2 のトーナメント選択, 交叉には二点交叉, 突然変異は別の数値にランダムに移るように設定した.

また, 今回は One-shot モデルを用いた.

表 1: GA の設定

個体数	20
世代数	20
交叉率	1.0
突然変異率	0.03
labeled	250 枚
search	100 枚

#### 2.1 結果

図 1 に示す. 結果として今回も正答数を上げるには至らなかった. 今までと同様の結果のため特に考察が出来るわけではないが, val data だけでなく test data に対する識別率も確認する必要があると思った.

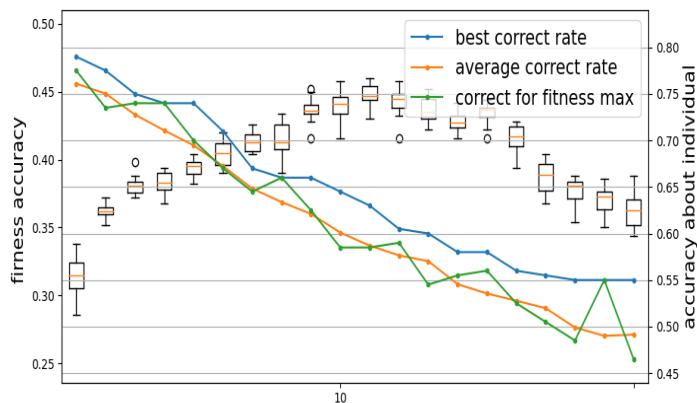


図 1: 実験 1 の結果

### 3 来週の課題

- 実験設定の改良
- SimCLR を用いた実験

表 2: FixMatch の設定

model	WideResNet16-2	
data set	cifar10	
事前学習		
batch size	labeled	32
	unlabeled	32 * 7
optimizer	SGD(lr=0.05,momntum=0.9)	
train	labeled	100
	unlabeled	49650
val data	150	
num.iterations	2*16	
GA の評価		
batch size	labeled	32
	unlabeled	32 * 2
optimizer	SGD(lr=0.003,momntum=0.9)	
train	search のみ	100
	unlabeled	49650
val data	250	
num.iterations	1 世代目	3000
	以降	500