進捗報告

1 今週やったこと

GAの実験

2 GAの実験

2.1 遺伝子

画像変換は {AutoContrast, Brightness, Color, Contrast, Equalize, Identity, Posterize, Rotate, Sharpness, ShearX/Y, Solarize, TranslateX/Y} の 14 種 (一つは恒等変換) を用い、各遺伝子はその遺伝子座に対する変換を用いるかいなかについて 0/1 の値を持つビットエンコーディングとした。また、 FixMatchにおける弱及び強変換に対し持つので遺伝子長は 28 とした.

選択はサイズ2のトーナメント選択,交叉には一様交叉,突然変異は遺伝子座ごとに対立遺伝子に置換されるように設定した.

表 2, 3, 4 に実験の設定を示す.

また得られた個体について全世代における上位 10 個体を用いて学習した.

2.2 結果

図1,3に適応度の推移を、図2,4最終個体における各 transform の累積を示す、実験1,2間で選択された trnasform にかなり差異があることから初期収束が起こっている可能性がある.

また表1テストに対する識別率を示す。今回得られたものでは最初期の iteration では従来のものに勝っているが、iteration が増えるにつれ逆転するような結果となった。原因として得られた個体について weak と strong をペアとして扱わずバラバラに適用していたことと時間短縮のために非常に短いみてにおける適応度しか見ていないことが挙げられる。

3 来週の課題

- 実験設定の改良
- SimCLR を用いた実験

表 1: テスト識別率

実験 1			
iteration	従来	今回	
6000	0.241	0.420	
10000	0.261	0.185	
実験2			
iteration	従来	今回	
10000	0.314	0.409	
15000	0.634	0.435	

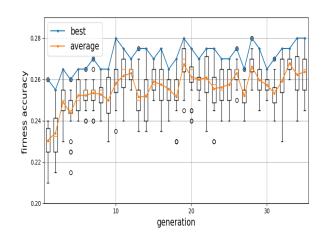


図1:実験1の適応度

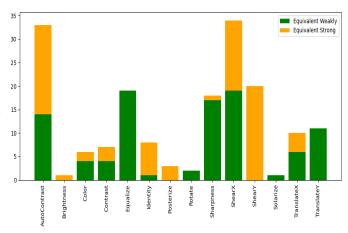


図 2: 実験1の最終個体

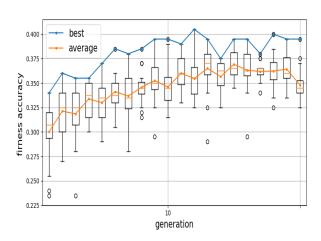


図 3: 実験2の適応度

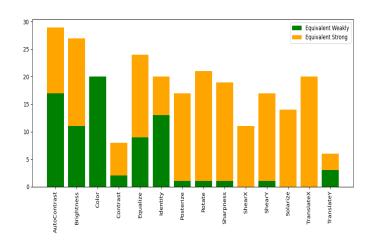


図 4: 実験2の最終個体

表 2: GA の設定

個体数	20
交叉率	1.0
突然変異率	0.03

表 3: 実験1の設定

model	Wid	PogNot16 2		
moder	WideResNet16-2			
data set	cifar10			
train	labeled	50		
	unlabeled	49750		
valid	200			
test	10000			
事前学習				
batch size	labeled	32		
	unlabeled	32 * 7		
augment	labeled	RandAugment		
	weak	Identity		
	strong	Identity		
optimizer	SGD(lr=0.05,momntum=0.9)			
num_iterations	5000			
GA の評価				
batch size	labeled	16		
	unlabeled	16 * 3		
augment	labeled	RandAugment		
num_iterations	1000			

表 4: 実験2の設定

model	WideResNet16-2			
data set	cifar10			
train	labeled	50		
	unlabeled	49750		
valid	200			
test	10000			
事前学習				
batch size	labeled	32		
	unlabeled	32 * 7		
augment	labeled	RandAugment		
	weak	Identity		
	strong	Identity		
optimizer	SGD(lr=0.05,momntum=0.9)			
$num_iterations$	20000			
GA の評価				
batch size	labeled	16		
	unlabeled	16 * 2		
augment	labeled	RandAugment		
num_iterations	3000			