

## 進捗報告

### 1 今週やったこと

GA を用いた DataAugmentaion

### 2 実験

前回に引き続き G A を用いた DataAugmentation の実験を行った. 表 1 に学習パラメータを示す. 事

表 1: 学習パラメータ

optimizer	Adam
learning rate	0.001
loss function	categorical_crossentropy
batch size	128

前学習では epoch 数 300, train\_data を各ラベル 5000 枚の計 50000 枚使用し, G A で学習する際は epoch 数 100, train\_data は各ラベル 200 枚のオリジナルとそれらすべてを DataAugmentaion したものとを合わせ計 4000 枚とし, test\_data は共に 10000 枚とした.

#### 2.1 実験 1

前回行った実験に関して 30 世代まで実験を回した. 表 2 に設定を示す.

表 2: 実験 1

個体数	10
交叉率	0.5
突然変異率	0.2

accuracy の平均値が最良値に近づいており, 遺伝子がそろってきていることが分かる. しかし, 交叉に用いる上位個体が 20 世代から 30 世代まで変わらなかった. 理由として 1 世代の個体数が少ないためすぐに収束したと考えられる. また, 学習済みモデルから学習させたことでもとの学習データと大幅に違う画像を生成する個体がすぐにはじかれてしまったのではないかと考えた.

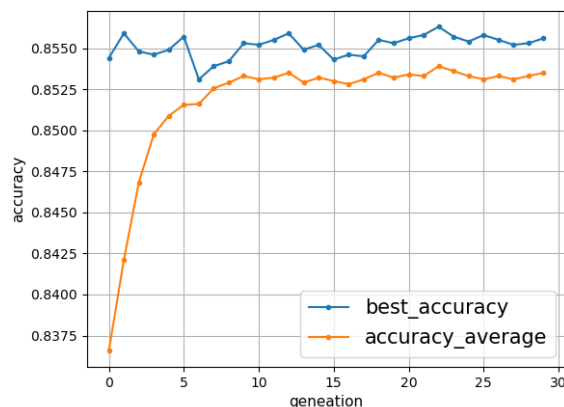


図 1: 実験 1

#### 2.2 実験 2

実験 1 を踏まえ, 個体数, 突然変異率を増やし, 学習済みモデルを用いずに学習を行った.

表 3 に設定を示す.

表 3: 実験 2

個体数	20
交叉率	0.5
突然変異率	0.4

図 2 に結果を示す

まだ世代数が少ないため良い個体が出現しなかっただけかもしれないが, 全体的に精度自体が良くなかった. ある程度学習されたモデルからはじめなければならないか, あるいは水増しされたミニデータ自体の個数を増やすかしなければ, 学習済みモデルを用いたものに近しい精度が得られないと思う.

### 3 今後の課題

精度を上げるには個体数, ミニデータ数, 世代数どれに関しても上げていかなければならない. または識別クラス数を減らしてより簡単なタスクで行ってみるなど.

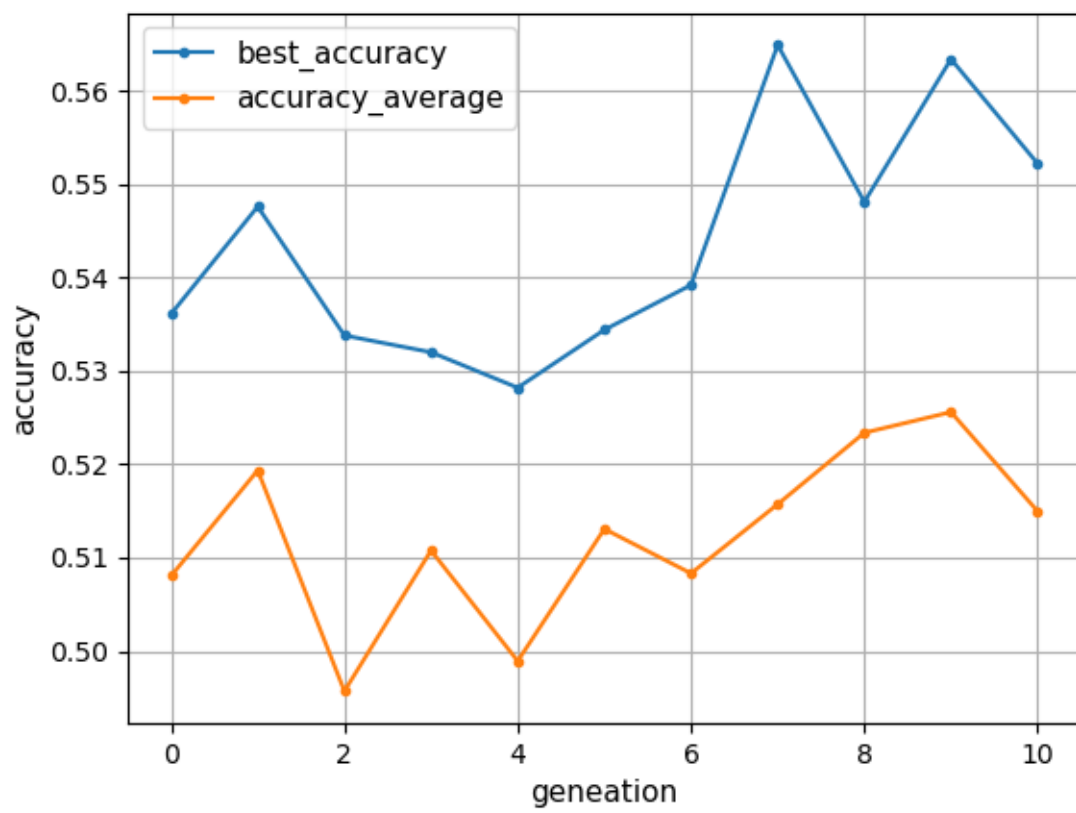


図 2: 実験 2