進捗報告

1 今週やったこと

GAの実験

2 GAの実験

ラベルなし画像 100 枚取り出し、それらに対する ラベルを GA によって探索する。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.

表 1: GA の設定

| 個体数 | 30 |
|------------|-------------|
| 世代数 | 20 |
| 交叉率 | 1.0 |
| 突然変異率 | 0.02 |
| 全ラベル付き画像 | 250 枚 |
| train:eval | 100 枚:150 枚 |
| search | 100 枚 |

2.1 結果

図??に示す.14世代以降でfitnessが落ちてしまっているのはtrainにおいてもともとのラベル付きデータを入れ忘れてしまっていたからであった.ただし、それを抜きにしても精度の頭打ちが来ていることが分かる.

3 来週の課題

• 実験設定の改良

表 2: FixMatch の設定

| model | WideResNet16-2 | |
|----------------|-------------------------|--------|
| data set | cifar10 | |
| batch size | labeled | 32 |
| | unlabeled | 32 * 7 |
| optimizer | SGD(lr=0.1,momntum=0.9) | |
| loss | cross_entropy_loss | |
| 事前学習 | | |
| train | labeled | 100 |
| data | unlabeled | 49650 |
| val data | 150 | |
| num_iterations | 2**15 | |
| GA の評価 | | |
| train | serach | 100 |
| data | unlabeled | 49650 |
| val data | 250 | |
| num_iterations | 5000 | |
| 個体の評価 | | |
| train | labeled+search | 250+? |
| data | unlabeled | 49650 |
| val data | 10000 | |
| num_iterations | 2**16 | |