



UNIVERSIDADE DO MINHO

MESTRADO INTEGRADO EM ENGENHARIA  
INFORMÁTICA

## **Trabalho Prático Individual 1**

*João Nuno Cardoso Gonçalves de Abreu, A84802*

Computação Natural  
4º Ano, 2º Semestre  
Departamento de Informática

3 de maio de 2021

# Índice

<b>1</b>	<b>Introdução</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>Preparação e Análise dos Dados</b>	<b>2</b>
<b>3</b>	<b>Convolutional Neural Network Model</b>	<b>3</b>
<b>4</b>	<b>Algoritmo Genético</b>	<b>5</b>
4.1	Representação das Soluções . . . . .	7
4.2	Função de Fitness . . . . .	8
4.3	Função de Seleção . . . . .	8
4.4	Função de Crossover . . . . .	8
4.5	Função de Mutação . . . . .	8
<b>5</b>	<b>Resultados</b>	<b>9</b>
5.1	Resultados GA . . . . .	9
5.2	Resultados CNN . . . . .	10
5.3	Conclusões sobre os Resultados . . . . .	12
<b>6</b>	<b>Extra</b>	<b>13</b>
<b>7</b>	<b>Conclusões</b>	<b>16</b>

# 1 Introdução

*Computer Vision* e *Neural Networks* são as novas tecnologias *IT* de técnicas de *machine learning*. Com os avanços das redes neuronais e a capacidade de ler imagens como *pixel density numbers*, várias empresas utilizam essa técnica para obter mais dados.

Neste trabalho prático, pretende-se aplicar os conhecimentos leccionados ao longo da unidade curricular de Computação Natural para a classificação de aves através de imagens, fazendo uso de algoritmos CNN (Convolutional Neural Network). Noutras palavras, o projeto consiste em mecanismos que possibilitam a preparação do conjunto de dados necessários, seguido do desenvolvimento e otimização dos modelos de aprendizagem. Além disso, Algoritmos Genéticos devem ser aplicados para otimização automática da arquitetura CNN. Todas os dados fornecidos neste relatório como imagens, gráficos, conjunto de dados, etc, foram obtidos usando o notebook chamado *auxiliar-relatório.ipynb*.

## 2 Preparação e Análise dos Dados

Este *dataset* é referente a um conjunto de imagens de aves, separadas em pastas sendo o critério de separação a espécie de cada ave. Como tal, o nosso objetivo será, dada uma imagem de uma ave nunca antes vista pelo algoritmo, classificá-la corretamente quanto à sua espécie.

As informações quanto ao *dataset* utilizado estarão presentes abaixo:

- N<sup>o</sup> Espécies de Aves: 250;
- *Training Images*: 35215;
- *Validation Images*: 1250 (5 por espécie);
- *Test Images*: 1250 (5 por espécie);
- Tamanho das imagens: 224 x 224 x 3;
- Género das espécies: 80% das espécies são masculinas enquanto que os restantes 20% são femininas - o classificador pode ter um pior desempenho nas imagens com espécies femininas.

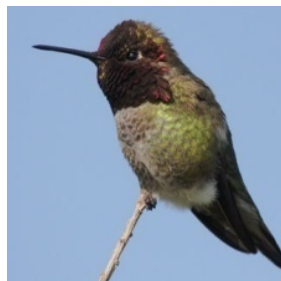


Figura 1: Exemplo de espécie de ave. (Annas Hummingbird)

É referido no enunciado que cada espécie teria, pelo menos, 100 *training images*, no entanto, isso não é a realidade pois há certas espécies com menos de 100 imagens para treino. Essas classes podem ser consultadas na Figura 2.

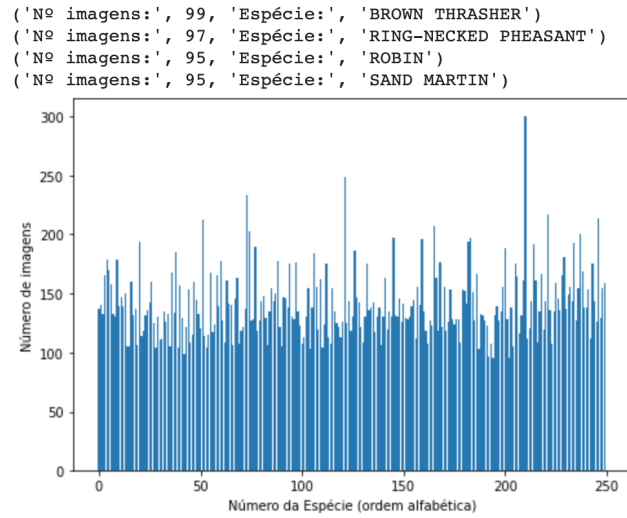


Figura 2: Espécies com menos de 100 imagens e número de imagens por espécie.

Uma vez que as aves já vinham corretamente separadas por espécie, não foi necessário qualquer alteração na importação dos dados, excepto a normalização da escala da imagem (1/255).

```
General_datagen = ImageDataGenerator(rescale=1./255)
```

### 3 Convolutional Neural Network Model

O modelo de CNN foi construído através da utilização da biblioteca *Keras* que fornece uma interface mais fácil e intuitiva para os utilizadores comparativamente a utilizar apenas *Tensorflow*.

Para o CNN desenvolvido, primeiramente optei por não usar nenhum modelo pré-treinado, para me familiarizar com as ferramentas e realizar alguns testes. Após algumas tentativas, reparei que valores como a *accuracy* e mesmo tempo de execução não estavam a ser propriamente aceitáveis e optei então por pesquisar por modelos pré-treinados. Deparei-me com um que acabou por ser o usado neste projeto chamado *MobileNet*. Tal como é referido em [1]:

MobileNets are based on a streamlined architecture that uses

depth-wise separable convolutions to build light weight deep neural networks. We introduce two simple global hyper-parameters that efficiently trade off between latency and accuracy. These hyper-parameters allow the model builder to choose the right sized model for their application based on the constraints of the problem.

Posto isto, apresentarei de seguida o modelo CNN desenvolvido:

```
base_mobilenet = MobileNet(
    weights = 'imagenet',
    include_top = False,
    input_shape = (224,224,3)
)
base_mobilenet.trainable = False # Freeze the mobilenet weights.

model = Sequential()
model.add(base_mobilenet)
model.add(Conv2D(f, (k,k), input_shape=(224,224,3), padding='same'))
model.add(Activation(a))
model.add(MaxPooling2D(pool_size=(2,2), padding='same'))
model.add(Flatten())
model.add(Dense(32*32))
model.add(Dropout(d))
model.add(Dense(250))
model.add(Activation('softmax'))

model.compile(
    Adam(1),
    loss='categorical_crossentropy',
    metrics=['accuracy']
)
```

Como pode ser visto no código acima, existem variáveis não definidas, sendo

estas [f,k,a,d,l]. Estas variáveis são os parâmetros que descobriremos com o uso do Algoritmo Genético mais à frente. Importante referir que o modelo apresentado foi baseado no modelo CNN da solução do exercício *Cats and Dogs CNN* realizado nas aulas práticas da unidade curricular com os devidos ajustes ao *dataset* em questão.

## 4 Algoritmo Genético

Algoritmos Genéticos são um tipo de *learning algorithm* puramente inspirados pelo processo de evolução natural da natureza. Usam a ideia de que cruzar os pesos de duas boas redes neuronais resultaria numa rede neuronal melhor. A razão pela qual os algoritmos genéticos são tão eficazes é porque não existe um algoritmo de otimização direta, permitindo a possibilidade de obter resultados extremamente variados.

As suas vantagens são:

- **Computacionalmente não intensivo** - Não há cálculos de álgebra linear a serem feitos. Os únicos cálculos de *machine learning* necessários são passagens pelas redes neuronais.
- **Adaptável** - Pode-se adaptar e inserir muitos testes e maneiras diferentes de manipular a natureza flexível dos algoritmos genéticos.
- **Compreensível** - Para redes neuronais normais, os padrões de aprendizagem do algoritmo são enigmáticos, na melhor das hipóteses. Para algoritmos genéticos, é fácil entender porque algumas coisas acontecem: por exemplo, quando um algoritmo genético recebe o ambiente do jogo do galo, certas estratégias reconhecíveis desenvolvem-se lentamente. Esse é um grande benefício, pois o uso do *machine learning* é usar a tecnologia para nos ajudar a obter *insights* sobre assuntos importantes.

A desvantagem é que:

- **Demora muito tempo** - Maus *crossovers* e/ou *mutations* podem resultar

num efeito negativo na precisão do programa e, portanto, tornar o programa mais lento para convergir ou atingir um certo limite de perda.

Agora vamos passar por alguns dos fundamentos do algoritmo genético.

- **Indivíduo** - Um indivíduo é a entidade que tenta resolver o problema dado.
- **Genes** - Conjunto de propriedades que caracterizam o indivíduo. Podem ser um conjunto de strings ou, em nosso caso, os pesos da rede neuronal.
- **População** - Uma população é um conjunto de indivíduos que tentam superar um determinado problema.
- **Geração** - toda a população num determinado momento é a geração. Cada geração é melhor que a anterior. Cada indivíduo na geração atual é produzido a partir da última geração ou selecionado aleatoriamente a partir dela.
- **Elitismo** - A maioria dos indivíduos da elite da geração atual são capazes de se adaptar ao problema e, portanto, são promovidos diretamente para a próxima.
- **Acasalamento** - Da geração atual, os melhores indivíduos são escolhidos. Dois deles são escolhidos aleatoriamente e seus genes são misturados para formar um novo indivíduo.
- **Mutação** - os genes de um indivíduo recém-formado são modificados aleatoriamente para manter a aleatoriedade nas gerações.



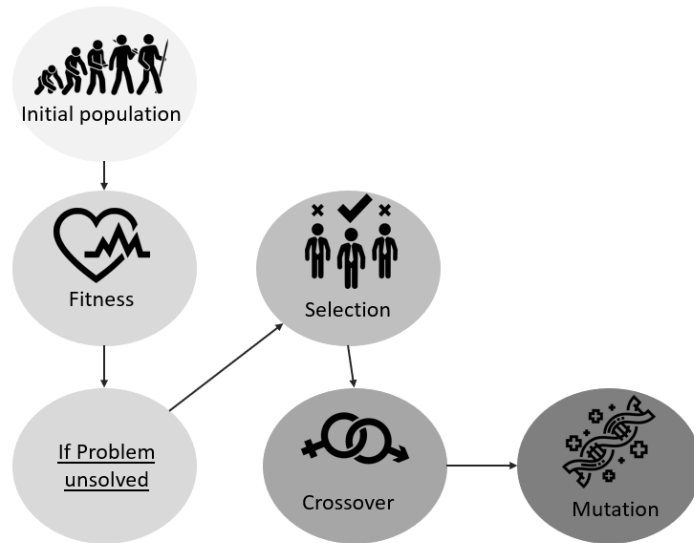


Figura 3: Fluxo do Algoritmo Genético.

## 4.1 Representação das Soluções

Uma solução terá de ter uma variedade de parâmetros (genes) relativos a possíveis parâmetros do modelo CNN a otimizar juntamente com os valores testados. Entre elas:

- Features map: [16, 32, 64, 128, 256]
- Kernel: [2, 3, 5, 7, 9]
- Activation: [Sigmoid, relu, tanh]
- Dropout: [0.0, 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5]
- Learning Rate: [0.0001, 0.0005, 0.001, 0.005, 0.01, 0.05, 0.1, 0.5]
- Fitness Value Loss
- Fitness Value Accuracy

Foi estipulada uma população de 6 soluções, sendo que o algoritmo irá parar ao fim de 10 execuções.

## 4.2 Função de Fitness

Imediatamente após a criação de cromossomas aleatórios, cada cromossoma realizará o treino CNN. Depois disso, cada valor de *accuracy* e *loss* será registado no final de cada cromossoma. O número de epochs usado foi 100 e *steps\_per\_epoch* foi 10.

## 4.3 Função de Seleção

Neste projeto é usado *Rank Selection* e *Tournament Selection*. Isto acontece porque os cromossomas primeiro precisam ser classificados antes de entrar no próximo processo. Após a classificação com base na menor *loss* e maior *accuracy*, metade dessa população será selecionada para realizar a *Tournament Selection*. Na *Tournament Selection*, os cromossomas são selecionados aleatoriamente, e apenas uma vez para serem selecionados para cada tournament. Isto significa que, quando o Parent 1 está a selecionar o cromossoma A, é garantido que o Parent 2 não possa selecionar o mesmo cromossoma. Isto é para produzir uma variedade de descendentes que não sejam iguais aos dos seus pais.

## 4.4 Função de Crossover

Após selecionada metade da geração a manter para gerar descendentes, o processo de *crossover* é então executado em cada par possível desta. Este *crossover* é executado usando *Single-Point Crossover*, onde, é escolhido um ponto nos cromossomas de ambos os pais e designado como ponto de cruzamento. Os bits à direita desse ponto são trocados entre os dois cromossomas pais. Isso resulta em dois filhos, cada um carregando algumas informações genéticas de ambos os pais.

## 4.5 Função de Mutação

Em termos de mutação definiu-se que 30% de probabilidade de ocorrer era equilibrado, resultando em, por cada 10 soluções, 3 iriam sofrer mutação. Esta ocorre em apenas num dos genes que possui, tendo todas estas a mesma probabilidade de ocorrer.

## 5 Resultados

### 5.1 Resultados GA

Dado as opções iniciais dos parâmetros definidos em 4.1, os resultados obtidos do Algoritmo Genético para *hyperparameter-tuning* foram os seguintes:

Estrutura:

[Features Map, Kernel, Activation, Dropout, L Rate, Loss, Accuracy]

Geração 0 foi:

[64, 2, 'sigmoid', 0.5, 0.001, 0.0, 0.0]

[256, 2, 'tanh', 0.5, 0.001, 0.0, 0.0]

[256, 9, 'tanh', 0.0, 0.5, 0.0, 0.0]

[256, 5, 'tanh', 0.3, 0.1, 0.0, 0.0]

[32, 9, 'relu', 0.3, 0.01, 0.0, 0.0]

[128, 7, 'sigmoid', 0.2, 0.1, 0.0, 0.0]

Geração 10 foi:

[16, 2, 'tanh', 0.5, 0.001, 2.6004033851623536, 0.409781250001397]

[16, 2, 'tanh', 0.5, 0.001, 2.613929785490036, 0.40974999997066336]

[16, 2, 'tanh', 0.5, 0.001, 2.614882788658142, 0.4069167682295665]

[16, 2, 'tanh', 0.5, 0.1, 2.6004033851623536, 0.409781250001397]

[16, 2, 'tanh', 0.5, 0.01, 2.613929785490036, 0.40974999997066336]

[16, 2, 'tanh', 0.5, 0.01, 2.613929785490036, 0.40974999997066336]

Daqui podemos concluir que, dado os parâmetros iniciais aleatoriamente escolhidos, o algoritmo converge para um resultado com  $loss = 2.6$  e  $accuracy = 40\%$ . Uma das primeiras questões que se pode fazer a estes resultados seria de onde vem o valor do *features map* = 16 na geração final se nunca aparece na primeira geração? Isso deve-se ao facto de, na geração seguinte, na geração 1, ter ocorrido uma mutação no primeiro bit que acabou por se manter até ao final. O output de todo o Algoritmo Genético no *notebook* encontra-se um bocado desorganizado devido ao excesso de linhas que indicam o progresso das epochs, por isso, foi criado um

ficheiro à parte chamado *output-clean.txt* onde se pode analisar casos de mutações como este. Mais conclusões acerca dos resultados serão explicados em 5.3.

## 5.2 Resultados CNN

Após encontrados os parâmetros ótimos a partir do Algoritmo Genético, foi corrida a função de fitness **de novo** com os novos valores da seguinte maneira.

```
base_mobilenet = MobileNet(
    weights = 'imagenet',
    include_top = False,
    input_shape = SHAPE
)
base_mobilenet.trainable = False

model = Sequential()
model.add(base_mobilenet)
model.add(Conv2D(16, (2,2), input_shape=(224,224,3), padding='same'))
model.add(Activation('tanh'))
model.add(MaxPooling2D(pool_size=(2,2), padding='same'))
model.add(Flatten())
model.add(Dense(32*32))
model.add(Dropout(0.5))
model.add(Dense(250))
model.add(Activation('softmax'))
model.summary()

model.compile(
    Adam(0.01),
    loss = 'categorical_crossentropy',
    metrics = ['accuracy']
)
```

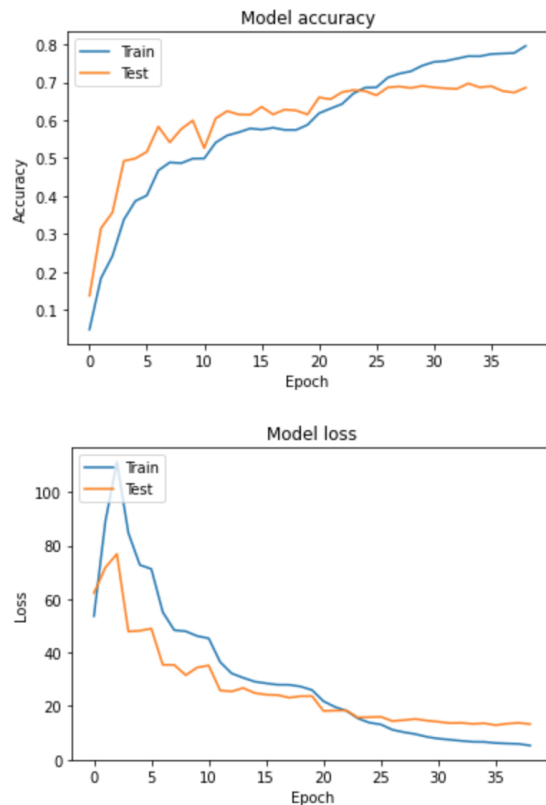
Ou seja, os valores usados foram:

- Features map: 16
- Kernel: 2
- Activation: tanh
- Dropout: 0.5
- Learning Rate: 0.01

E a função de fitness usada foi:

```
model.fit_generator(
    train_data,
    steps_per_epoch = Train_groups,
    epochs = 50,
    validation_data = validation_data,
    validation_steps = Valid_groups,
    verbose = 1,
    callbacks=[EarlyStopping(monitor = 'val_accuracy', patience = 5,
                             restore_best_weights = True),
              ReduceLROnPlateau(monitor = 'val_loss', factor = 0.7,
                                patience = 2, verbose = 1)
    ])
```

Os resultados obtidos foram os seguintes:



40/40 [=====] - 24s 606ms/step - loss: 11.6598 - accuracy: 0.6968  
 Test loss: 11.659765243530273  
 Test accuracy: 0.6967999935150146

Figura 4: Resultados CNN.

### 5.3 Conclusões sobre os Resultados

A partir dos resultados em 5.1 e em 5.2 conseguimos concluir:

- O que difere entre os cromossomas resultantes do AG foi apenas o LR, sendo assim escolhi o que tinha maior *accuracy* (que é quase insignificante) para correr de novo a função de fitness do modelo CNN.
- No entanto, na função fitness do modelo CNN que corri **após** obter os parâmetros resultantes do AG, coloquei uma nova callback que não tinha usado até agora chamada ***ReduceLROnPlateau*** na função de fitness que vai reduzindo o LR quando a *accuracy* para de melhorar. O LR passou de 0.01 ->

0.0005. É uma grande diferença mas podia ter usado um dos outros cromossomas resultantes (que têm todos praticamente os mesmos valores de *loss* e *accuracy*) com LR de 0.001 que a diferença já seria menor.

- Ou seja, na função fitness do modelo CNN fim do Algoritmo Genético a *accuracy* era 40%. Depois, ao pegar nos parâmetros resultantes do AG e correndo a função fitness de novo com a *callback* referida anteriormente, a *accuracy* passou para cerca de 70%.
- Também consigo concluir que, apesar de ter colocado valores como 0.0005 nas possibilidades para as combinações dos parâmetros, este não foi escolhido pelo algoritmo inicialmente, o que leva a pensar que, dada outra combinação de valores iniciais, o meu resultado poderia ter sido melhor, não só para o LR como para todos os outros parâmetros.

## 6 Extra

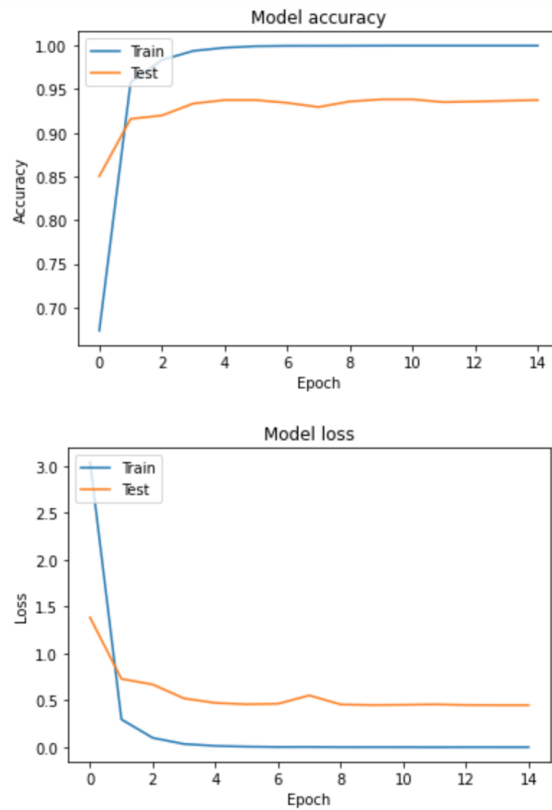
Após concluído o trabalho, pesquisei mais sobre *MobileNet* e encontrei o seguinte modelo:

```
base_mobilenet = MobileNet(  
    weights = 'imagenet',  
    include_top = False,  
    input_shape = SHAPE  
)  
base_mobilenet.trainable = False  
  
model = Sequential()  
model.add(base_mobilenet)  
  
model.add(Flatten())  
model.add(Activation('relu'))  
model.add(Dense(250))  
model.add(Activation('softmax'))
```

```
model.compile(  
    optimizer = tf.keras.optimizers.SGD(  
        lr=0.001,  
        momentum=0.9,  
        nesterov=True  
    ),  
    loss = 'categorical_crossentropy',  
    metrics = ['accuracy']  
)
```

É um modelo que faz uso de poucas *layers* e que usa na função *compile* um otimizador diferente chamado *SGD*. Usando este modelo e usando a função de fitness referida anteriormente, os resultados foram excelentes.





```
40/40 [=====] - 10s 243ms/step - loss: 0.2751 - accuracy: 0.9584
Test loss: 0.27506011724472046
Test accuracy: 0.9584000110626221
```

Figura 5: Resultados CNN Novo Modelo.

Com 95.8% de *accuracy*, este modelo classifica corretamente 1198/1250 aves! Daqui posso concluir que o resultado obtido pelo Algoritmo Genético ficou bastante a desejar em comparação com o que realmente pode ser alcançado, sendo que a razão pode ter sido no tipo e valores das *layers* usadas para o *hyperparameter-tuning* do AG.

## 7 Conclusões

Algoritmos genéticos são algoritmos que possibilitam um processo automático de otimização de modelos de *machine learning*, com um baixo custo de implementação, tendo apenas como defeito a quantidade de tempo necessário para treinar, crescendo facilmente com os modelos em questão. Com este trabalho aprendi que dada as tantas possibilidades de arquiteturas possíveis para *Convolutional Neural Networks*, escolher manualmente uma é dispendioso e não praticado, sendo que me foquei pelas arquiteturas tradicionais, mas usando uma ferramenta por trás como as GA's este processo torna-se simples e com pouco esforço. É importante referir que a solução encontrada é apenas uma de muitas boas soluções que a GA encontrou, sendo que é possível existirem muitas mais ainda nesta nuvem de soluções. Uma nova execução de todo o Algoritmo Genético com melhores valores iniciais poderia ter melhorado substancialmente os resultados obtidos, mas devido à quantidade de tempo que este processo exige e à escassez do mesmo, infelizmente, não foi possível realizar novos testes.

Aspetos a melhorar no trabalho seria a tomada em atenção do facto de existirem muito mais imagens de espécies masculinas do que femininas para uma melhor *accuracy* do modelo. A solução que proporia seria fazer uso de *data augmentation* ou utilizando, por exemplo, *grey-scale evaluation* para tornar mais fácil prever as aves femininas pois as suas cores são menos intensas do que as masculinas.

## Referências

- [1] *MobileNets: Efficient Convolutional Neural Networks for Mobile Vision Applications*, <https://arxiv.org/abs/1704.04861>, Acedido: 02-05-2021.