

Max Planck Institut für Physik München

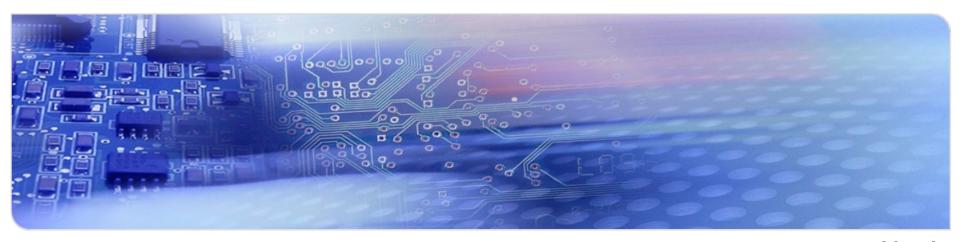


#### Belle II

#### **Neuronal Network Trigger**

High Energy Accelerator Research Organization (高エネルギー加速器研究機構)

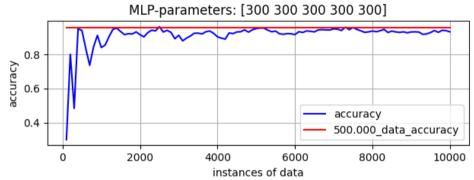




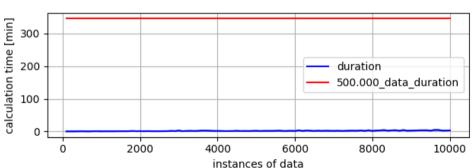
#### **Notwendige Anzahl an Daten**



Für die Netzvalidierung (hier: Datenset random3):



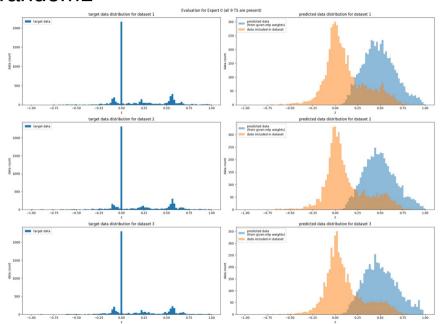
→ 5000 Daten reichen für die Validierung aus!

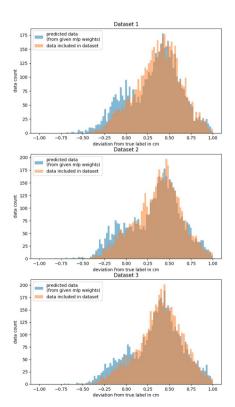


# Karlsruhe Institute of Technology

#### Netwerk Perfomance des existierenden MLPs:

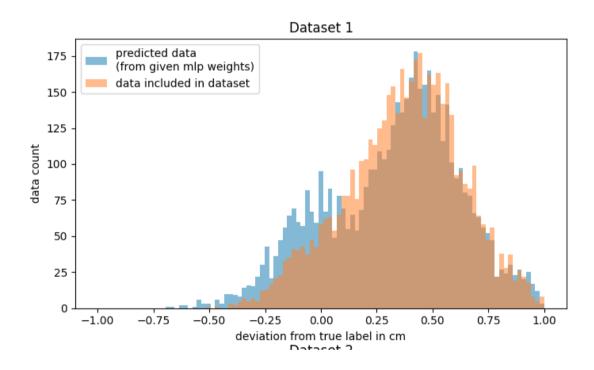
hier: Expert 0 Performance für den Datenset neurorandom1





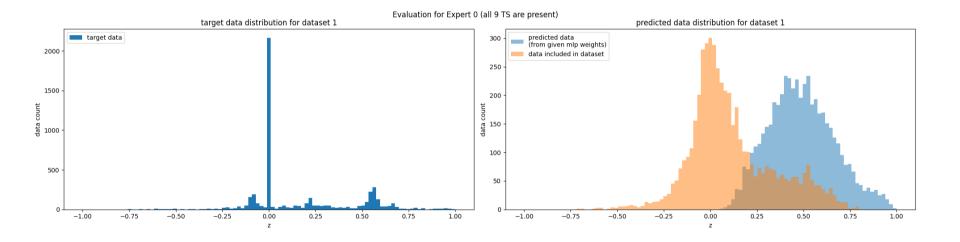
# Abweichung des predicteten z-Werts zu dem realen/rekonstruierten Wert (target)





## z-Verteilung:

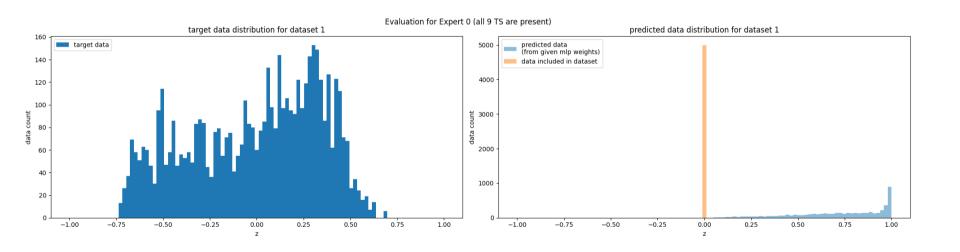




### z-Verteilung

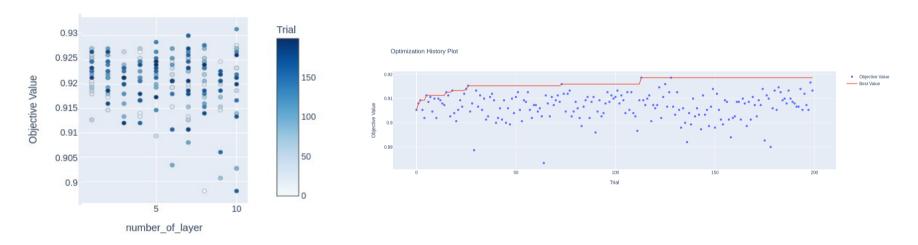


#### hier: Expert 0 Performance für den Datenset random1



### **Bredth Search of layer structur**



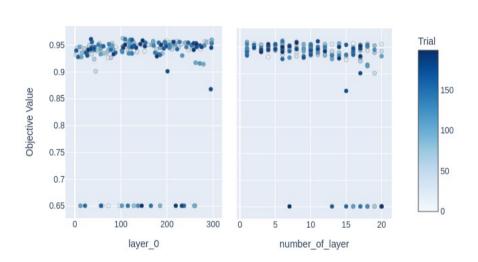


Optuna: MPL Hyperparameter Optimation Library

(dataset: neuroresult\_random1)

#### **Bredth Search of layer struktur**

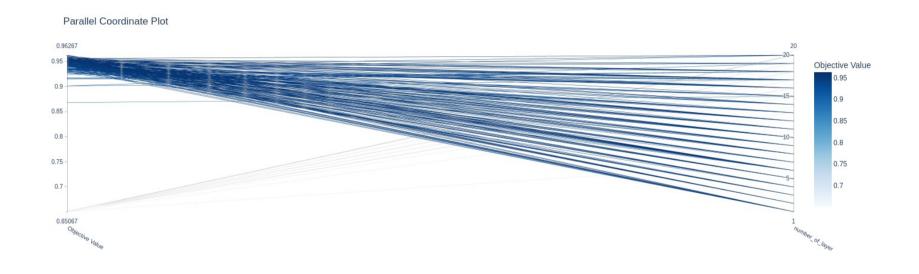




Optuna: MPL Hyperparameter Optimation Library (dataset: neuroresult\_random1)

## **Bredth Search of layer struktur**





# Genetische Algotihmen für die MLP Hyperparamter Optimization



#### Individuen:

Netzparameter mit variabler Layerlänge (1-10) und Neuronenzahl (1-300) pro hidden layer

#### Fitness:

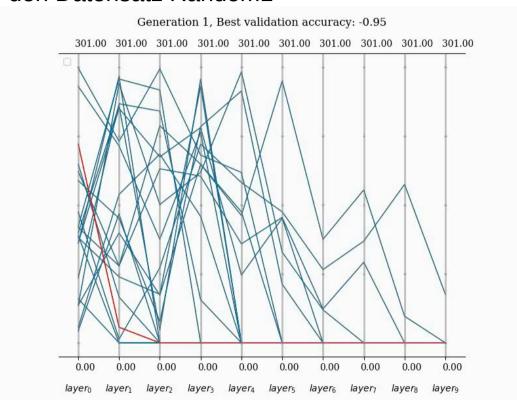
Minimierungsproblem mit den Netzevaluierungswerten (- validation\_acc, sum(weights < 0.25), sum(total\_parameter))

(minimum accuracy als contraint)

Pymoo's NSGA2 (Non-dominated Sorting Genetic Algorithm)

## Hier: 100 Daten, 20 Individuen für 20 Generationen für den Datensatz Random1





#### Ausblick:

- mit den zuvor bestimmten 5000 Daten berechen
- auf gemischte Datensätze anwenden
- Netz mit optimierten
  Hyperparamtern erstellen und mit altem Netzwerk vergleichen

# Hier: 100 Daten, 20 Individuen für 20 Generationen für gemischte Daten



