

# Evolution neuronaler Netze mittels augmentierender Topologien: Eine Analyse des NEAT-Algorithmus

Niklas Viertel

December 17, 2024

## Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Einleitung</b>	<b>1</b>
1.1	Hintergrund und Motivation . . . . .	1
<b>2</b>	<b>Grundlagen</b>	<b>2</b>
2.1	Genetische Algorithmen . . . . .	2
2.2	Künstliche Neuronale Netze . . . . .	6
2.3	Neuroevolution und ihre Kodierung . . . . .	10
2.3.1	Direkte Kodierungen . . . . .	11
2.3.2	Indirekte Kodierung . . . . .	12
2.3.3	Abschließende Bemerkung zu Kodierungswahl . . . . .	13
2.4	Weitere Probleme in Neuroevolution . . . . .	14
2.4.1	Competing Conventions-Problem . . . . .	14
2.4.2	Schutz von Innovationen durch Speziation . . . . .	16
2.4.3	Initiale Population und topologische Innovation . . . . .	18
<b>3</b>	<b>NEAT-Algorithmus</b>	<b>19</b>
3.1	NEAT im Überblick . . . . .	19
3.2	Genetische Kodierung . . . . .	19
3.3	Mutationen in NEAT . . . . .	21
3.4	Innovationsnummern: Schlüssel zur genetischen Kompatibilität . . . . .	24
3.5	Speziation: Schutz vor genetischer Dominanz . . . . .	28
3.6	Inkrementelles Wachstum und minimale Strukturen in NEAT . . . . .	31
<b>4</b>	<b>Praktische Projekte</b>	<b>32</b>
4.1	Projekt 1: Komponentenanalyse des NEAT Algorithmus . . . . .	32
4.1.1	Erklärung der Implementierung . . . . .	32
4.1.2	Analyse der Ergebnisse . . . . .	33
4.1.3	Bezug zu theoretischen Erkenntnissen . . . . .	37
4.2	Projekt 2: Vergleich zu anderen Algorithmen . . . . .	40
4.2.1	Erklärung der Implementierung . . . . .	41
4.2.2	Analyse der Ergebnisse . . . . .	42
<b>5</b>	<b>Untersuchung der Weiterentwicklungen</b>	<b>44</b>
5.1	HyperNEAT . . . . .	44
5.2	rtNEAT . . . . .	46
<b>6</b>	<b>Abschluss</b>	<b>47</b>
6.1	Stärken und Schwächen von NEAT . . . . .	47
6.2	Zusammenfassung . . . . .	48
6.3	Ausblick . . . . .	49

# Genetische Algorithmen (GA)

- ▶ **Iterative Optimierungsverfahren**
- ▶ **Inspiration: Natürliche Selektion**
- ▶ **Definitionen:**
  - ▶ **Genotyp:** Darstellung der Lösung durch eine Zeichenkette (z. B. binär, real).
  - ▶ **Phänotyp:** Tatsächliche Lösung, abgeleitet vom Genotyp.
  - ▶ **Allele:** Zeichenart in Genotyp
  - ▶ **Locus:** Spezifische Position im Genotyp.

# Genetischen Algorithmen

## Iterativer Ablauf von GAs:

1. **Initialisierung:** Zufällige Population  $\mathbf{P}(t) = \{\mathbf{x}_1, \dots, \mathbf{x}_N\}$ .
2. **Fitnessbewertung:** Bewertung jeder Lösung mit einer Fitnessfunktion  $f(\mathbf{x}_i)$ .
3. **Selektion:** Auswahl der besten Individuen für die nächste Generation.
4. **Kreuzung:** Kombination von Eltern zur Erzeugung neuer Nachkommen.
5. **Mutation:** Zufällige Änderungen einzelner Gene zur Diversitätserhöhung.
6. **Reproduktion:** Bildung einer neuen Population  $\mathbf{P}(t + 1)$ .

# Künstliche Neuronale Netze (KNN)

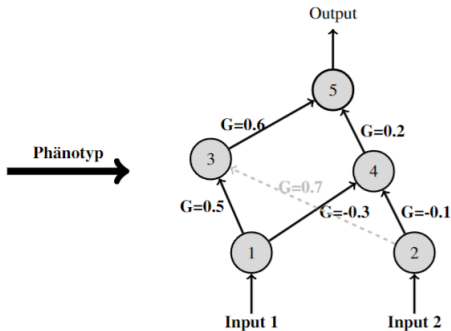
- ▶ **Definition:** Rechenmodelle, inspiriert von biologischen Nervensystemen.
- ▶ **Aufbau:** Eingabe-, verborgene und Ausgabeschichten.
- ▶ **Funktion:**
  - ▶ Gewichtete Summen + Aktivierungsfunktion.
  - ▶ Typische Funktionen: Sigmoid, ReLU, Tanh.
- ▶ **Training:** z.B. Backpropagation

# NEAT Algorithmus

- ▶ Neuroevolutions Algorithmus
  - ▶ Kombiniert GAs mit KNNs
  - ▶ Optimiert parallel Topologie und Parameter
- ▶ NeuroEvolution of Augmenting Topologies (NEAT)
- ▶ Von Ken Stanley und Risto Miikkulainen (2002)
- ▶ Merkmale:
  - ▶ Innovationsnummern für sinnvollen Kreuzungsoperator
  - ▶ Speziation
  - ▶ Inkrementelles Wachstum

# Genetische Kodierung

Genome		Verbindungs-Gene				
Neuronen-Gene		Start	Ende	Gewicht	Aktiv	Innov.
Node ID	Typ					
1	Input	1	3	0.5	1	1
2	Input	1	4	-0.3	1	2
3	Hidden	2	3	0.8	0	4
4	Hidden	2	4	-0.1	1	6
5	Output	3	5	0.6	1	8
		4	5	0.2	1	9



# Mutationen in NEAT

- ▶ **Hinzufügen neuer Verbindung**



# Mutationen in NEAT

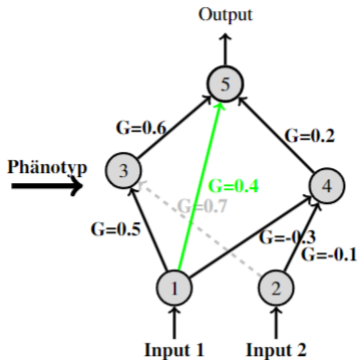
- ▶ **Hinzufügen neuer Verbindung**
- ▶ **Hinzufügen neuer Knoten**
  - ▶ Aufteilen alter Verbindung

# Mutationen in NEAT

- ▶ **Hinzufügen neuer Verbindung**
- ▶ **Hinzufügen neuer Knoten**
  - ▶ Aufteilen alter Verbindung
- ▶ **Parametermutation**
  - ▶ Gewicht
  - ▶ Aktivierungsstatus Verbindung
  - ▶ Weitere versionsabhängige Parameter z.b. Aktivierungsfunktion

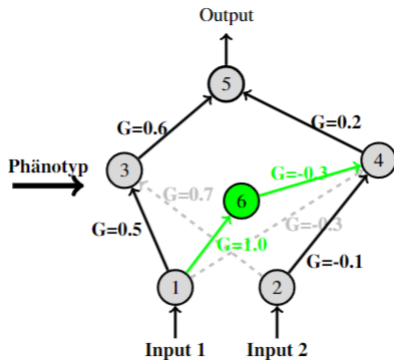
# Hinzufügen neuer Verbindung

Genome		V.-Gene				
N.-Gene		L.	O.	Wght.	A.	IN.
ID	Typ					
1	Input	1	3	0.5	1	1
2	Input	1	4	-0.3	1	2
3	Hidden	2	3	0.8	0	4
4	Hidden	2	4	-0.1	1	6
5	Output	3	5	0.6	1	8
		4	5	0.2	1	9
		1	5	0.4	1	10

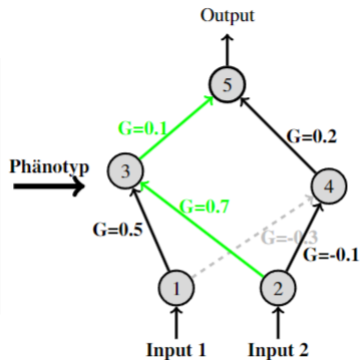
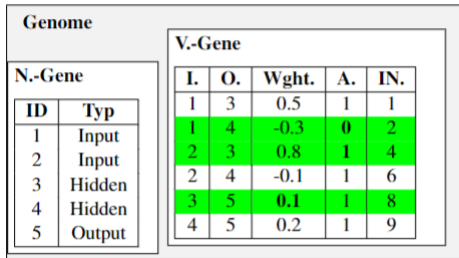


# Hinzufügen neuer Knoten

Genome		V.-Gene				
N.-Gene		L	O	Wght.	A.	IN.
ID	Typ					
1	Input	1	3	0.5	1	1
2	Input	2	3	0.8	0	4
3	Hidden	2	4	-0.1	1	6
4	Hidden	3	5	0.6	1	8
5	Output	4	5	0.2	1	9
6	Hidden	1	4	1.0	1	10
		4	6	-0.3	1	11



# Sonstige Mutation

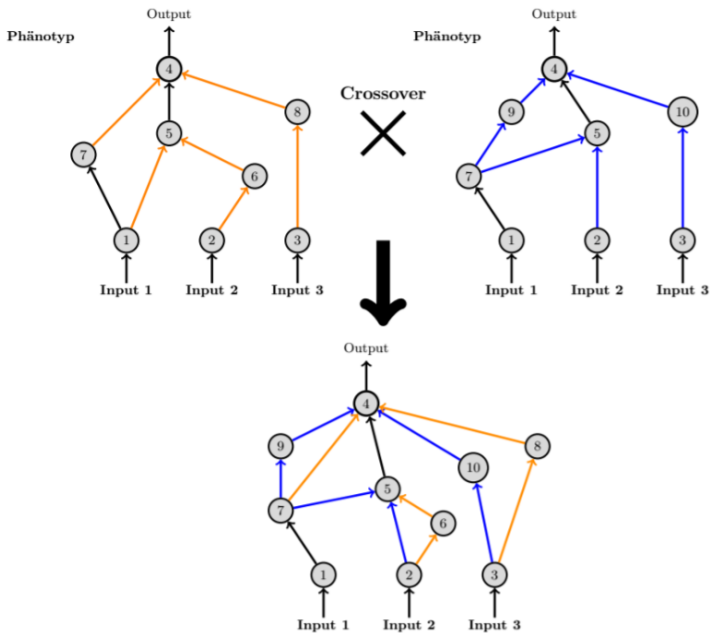


# Innovationsnummern

- ▶ Identifizieren homologe Gene
- ▶ Eindeutige Innovationsnummer
- ▶ Genarten
  - ▶ Matching Genes
  - ▶ Disjoint Genes
  - ▶ Excess Genes

# Innovationsnummern

- ▶ Identifizieren homologe Gene
- ▶ Eindeutige Innovationsnummer
- ▶ Genarten
  - ▶ Matching Genes
  - ▶ Disjoint Genes
  - ▶ Excess Genes
- ▶ Disjoint- und Excess-Gene vom fitteren Elternteil.
- ▶ Vererbung Matching Genes:
  - ▶ Zufällige Auswahl des Gewichts
  - ▶ Durchschnitt der Gewichte
- ▶ Deaktivierte Gene bleiben (meist) deaktiviert





Genotyp  
Fitness: 75

N.-Gene

ID	Typ
1	Input
2	Input
3	Input
4	Output
5	Hidden
6	Hidden
7	Hidden
8	Hidden

V.-Gene

I.	O.	Wght.	A.	IN.
1	4	-0.3	0	1
2	4	-0.5	0	2
3	4	-0.7	0	3
1	5	-0.2	1	4
2	6	1.0	1	5
3	8	-0.3	1	6
8	4	0.1	1	7
5	6	-0.7	1	8
1	7	-0.4	1	9
5	4	0.2	1	11
7	4	0.4	1	12
7	5	-0.8	0	15

Genotyp  
Fitness: 75

N.-Gene

ID	Typ
1	Input
2	Input
3	Input
4	Output
5	Hidden
6	Hidden
7	Hidden
8	Hidden
9	Hidden
10	Hidden

V.-Gene

I.	O.	Wght.	A.	IN.
1	4	0.5	0	1
2	4	0.4	0	2
3	4	0.6	0	3
1	5	1.0	0	4
3	8	0.5	0	6
5	6	0.5	0	8
1	7	1.0	1	9
5	4	0.3	1	11
2	5	-0.3	1	13
7	9	0.6	1	14
7	5	-0.3	1	15
9	4	-0.1	1	16
3	10	-0.1	1	17
10	4	0.9	1	18



Genotyp

Disjoint Gene  
Excess Gene

N.-Gene

ID	Typ
1	Input
2	Input
3	Input
4	Output
5	Hidden
6	Hidden
7	Hidden
8	Hidden
9	Hidden
10	Hidden

V.-Gene

I.	O.	Wght.	A.	IN.
1	4	-0.3	0	1
2	4	-0.5	0	2
3	4	0.6	0	3
1	5	1.0	0	4
2	6	1.0	1	5
3	8	-0.3	1	6
8	4	0.1	1	7
5	6	-0.7	1	8
1	7	-0.4	1	9
5	4	0.3	1	11
7	4	0.4	1	12
2	5	-0.3	1	13
7	9	0.6	1	14
7	5	-0.3	1	15
9	4	-0.1	1	16
3	10	-0.1	1	17
10	4	0.9	1	18

# Speziation

- Kompatibilitätsfunktion:

$$\delta = \frac{c_1 E}{N} + \frac{c_2 D}{N} + c_3 * \overline{W}$$

# Speziation

- ▶ Kompatibilitätsfunktion:

$$\delta = \frac{c_1 E}{N} + \frac{c_2 D}{N} + c_3 * \overline{W}$$

- ▶ Explizites Fitnesssharing

$$f'_i = \frac{f_i}{\sum_{j=1}^n sh(\delta(i,j))}$$

# Speziation

- ▶ Kompatibilitätsfunktion:

$$\delta = \frac{c_1 E}{N} + \frac{c_2 D}{N} + c_3 * \overline{W}$$

- ▶ Explizites Fitnesssharing

$$f'_i = \frac{f_i}{\sum_{j=1}^n sh(\delta(i,j))}$$

- ▶ Anzahl Nachkommen jeder Spezies

$$n_k = \frac{\overline{F}_k}{\overline{F}_{tot}} |P|$$

# Speziation

- ▶ Kompatibilitätsfunktion:

$$\delta = \frac{c_1 E}{N} + \frac{c_2 D}{N} + c_3 * \overline{W}$$

- ▶ Explizites Fitnesssharing

$$f'_i = \frac{f_i}{\sum_{j=1}^n sh(\delta(i,j))}$$

- ▶ Anzahl Nachkommen jeder Spezies

$$n_k = \frac{\overline{F}_k}{\overline{F}_{tot}} |P|$$

- ▶ Ermöglicht minimale Topologien in Anfangspopulation

Vielen Dank für Ihre  
Aufmerksamkeit!

Fragen?