

Inteligência Computacional

Luís A. Alexandre

UBI

Ano lectivo 2019-20

Conteúdo

Redes Neuronais Evolucionárias: NeuroEvolução

Introdução
NEAT

Leitura recomendada

Redes Neuronais Evolucionárias: NeuroEvolução Introdução

Introdução

- ▶ Os algoritmos evolucionários podem ser combinados com as redes neuronais.
- ▶ Um dos maiores desafios atuais no uso de RNs é saber qual a topologia da rede a usar para um dado problema.
- ▶ Assim como as redes profundas, nomeadamente as CNNs vieram revolucionar o paradigma da aprendizagem ao fazerem elas próprias a escolha das melhores características a usar, a NeuroEvolução traz a promessa de fazer o mesmo com a topologia da rede.
- ▶ As abordagens mais comuns usam os algoritmos genéticos para que a estrutura da rede possa evoluir.
- ▶ O maior desafio a este tipo de abordagens é o seu custo computacional, dado que a função de aptidão passa por treinar e correr uma rede.

Redes Neuronais Evolucionárias: NeuroEvolução NEAT

NEAT

- ▶ Uma das primeiras e mais bem sucedidas abordagens à NeuroEvolução é o NEAT, proposto em 2002, que passaremos a estudar.
- ▶ A primeira questão a estudar passa pela forma como a rede neuronal deverá ser codificada nos genes.
- ▶ Podemos usar uma **codificação direta**, que implica que devemos ter todas as ligações entre neurónios, o seu número, o número de camadas, etc. especificado explicitamente nos cromossomas.
- ▶ A outra alternativa passa pelo uso de uma **codificação indireta**, que passa pela criação de regras e / ou parâmetros que permitam depois a criação do detalhe da rede.
- ▶ A codificação indireta é mais compacta mas mais difícil de definir de forma apropriada a um dado problema.

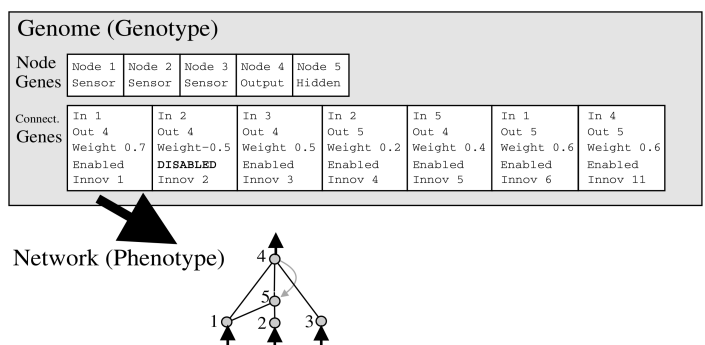
Redes Neuronais Evolucionárias: NeuroEvolução NEAT

NEAT

- ▶ O NEAT opta por usar uma codificação direta.
- ▶ O cromossoma contém **dois tipos de genes**: os relativos a nodos (neurónios) e os relativos a ligações entre os nodos.
- ▶ Os nodos de entrada e saída da rede não aparecem nos cromossomas.
- ▶ A informação relativa às ligações contém o seguinte:
 - ▶ os pontos de início e fim da ligação;
 - ▶ o peso associado à ligação;
 - ▶ indicação se a ligação está ativa ou não;
 - ▶ um valor de inovação (ver abaixo).
- ▶ A codificação foi desenhada de forma a ser fácil alinhar os cromossomas no processo de crossover.

Redes Neuronais Evolucionárias: NeuroEvolução NEAT

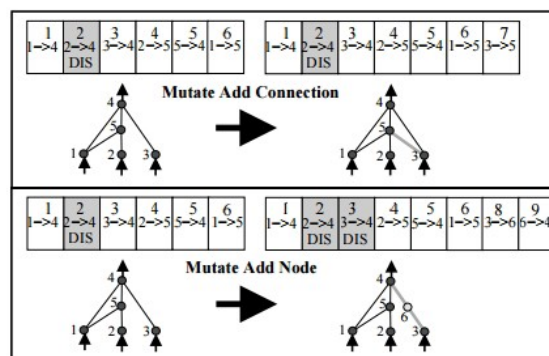
Cromossomas



Mutação

- ▶ A mutação no NEAT pode ser aplicada aos pesos associados às ligações ou pode servir para criar novas ligações (estrutura) na rede.
- ▶ Temos então 3 casos em termos de mutações:
 - ▶ **Mutação de uma ligação:** irá alterar o valor associado à ligação.
 - ▶ **Criação de uma nova ligação:** o seu peso recebe um valor inicial aleatório.
 - ▶ **Acrescentar um novo nodo:**
 - ▶ O novo nodo é inserido entre dois nodos, p.ex. A e B, que já existam e que estejam ligados um ao outro.
 - ▶ A ligação que existia antes entre A e B é desligada (mas não removida do cromossoma).
 - ▶ O nodo A irá ligar ao novo nodo, chamemos-lhe C, usando o peso da ligação antiga entre A e B.
 - ▶ O nodo C liga ao B usando uma ligação com peso 1.
- ▶ Note-se que a adição de um novo nodo implica a adição de 2 novos genes relativos a ligações e a desativação de um gene relativo à ligação original entre A e B.

Mutação



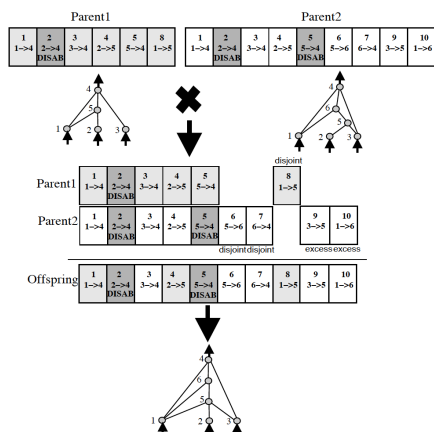
Crossover

- ▶ A questão talvez mais complexa quando se pensa em fazer evoluir redes neuronais passa pela definição da forma de efetuar o crossover.
- ▶ É fácil perceber que cada indivíduo da população (cada rede) terá uma forma própria de codificar os dados com que tem que lidar.
- ▶ E cada indivíduo tem provavelmente um cromossoma com tamanho diferente dos outros.
- ▶ Como fazer para combinar duas redes sem destruir a representação que cada uma desenvolveu e lidar com cromossomas de tamanhos diferentes?
- ▶ Em biologia este processo é feito usando a **homologia**: o alinhamento dos cromossomas ao nível dos genes que codificam um determinado traço.

Crossover

- ▶ O NEAT o que faz é usar **marcadores históricos** para efetuar o alinhamento.
- ▶ Os marcadores históricos são os números referidos acima como **valor de inovação**, que se usam para marcar a altura em que um dado nó ou ligação foi criado.
- ▶ Isto é usado para alinhar os cromossomas na altura do crossover e evitar a criação de indivíduos não-funcionais.
- ▶ O crossover é depois efetuado de acordo com as seguintes regras:
 - ▶ O descendente herda um gene alinhado aleatoriamente de um dos progenitores.
 - ▶ Os **genes disjuntos** (que não têm alinhado e aparecem no meio do cromossoma) são herdados do progenitor com maior aptidão.
 - ▶ Os **genes em excesso** (que não têm alinhado e aparecem no final do cromossoma) são herdados do progenitor com maior aptidão.
 - ▶ Os genes desativados podem ficar de novo ativos em gerações futuras: usa-se uma probabilidade de um destes genes passar a ativo no processo de crossover.

Crossover



Especiação

- ▶ A **especiação** é o processo evolucionário que leva à divisão de uma espécie em duas ou mais novas espécies.
- ▶ A maior parte das novas alterações aos indivíduos leva à degradação do seu desempenho e não ao seu aumento, pelo menos enquanto a alteração não tiver tempo para ser otimizada.
- ▶ Uma inovação pode não chegar a desenvolver-se por ter que competir logo contra arquiteturas já maduras existentes na população.
- ▶ O NEAT evita isto com recurso à especiação.
- ▶ A ideia é criarmos várias espécies e cada uma só compete entre si.

Especiação

- ▶ A seguinte equação dá-nos a **distância entre dois cromossomas**:

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

onde E representa o número de genes em excesso, D o número de genes disjuntos, \overline{W} a média das diferenças entre pesos nos genes emparelhados (incluindo os desligados), N é o número de genes no maior cromossoma e os parâmetros c_1 , c_2 e c_3 servem para ajustar a importância dos fatores.

- ▶ O critério a usar para criar uma nova espécie usa um **limiar de compatibilidade** δ_t .
- ▶ No início de cada geração, cada espécie é representada por um cromossoma aleatório dessa espécie.
- ▶ Cada cromossoma é comparado com o representante de cada espécie, usando a distância definida acima: ele é atribuído nesta geração, à primeira espécie em que a sua distância for menor que δ_t .

Aptidão Partilhada Explícita

- ▶ O NEAT usa a para função de aptidão, a chamada **Aptidão Partilhada Explícita** (APE), que permite que os indivíduos consigam saber quão bons são mesmo pertencendo a espécies diferentes.
- ▶ A APE define-se como:

$$APE(C_i) = \frac{FA(C_i)}{N_i}$$

onde $FA(C_i)$ é o valor de aptidão do cromossoma C_i e N_i é o número de cromossomas pertencentes à mesma população que o C_i .

- ▶ As espécies com poucos elementos são favorecidas dado o seu valor de N_i ser menor.
- ▶ A ideia é permitir que espécies recentes não sejam imediatamente removidas por terem baixa aptidão e possam usar algumas gerações de evolução para ver se são ou não viáveis.

Evolução

- ▶ Cada espécie pode gerar um **número de descendentes** que é proporcional à soma da APE dos elementos dessa espécie.
- ▶ O **processo de reprodução** começa pela remoção dos elementos da população com menor APE.
- ▶ A população é depois substituída pelos descendentes criados a partir dos elementos que não foram removidos no início da geração.
- ▶ Pode ser usada uma forma de **elitismo** e enviar para a geração seguinte o cromossoma com maior valor de APE de cada espécie, desde que a espécie contenha mais de 5 elementos.

Estrutura Mínima

- ▶ O NEAT propõe como redes iniciais, redes que não contêm nodos nas camadas escondidas.
- ▶ Cada indivíduo da população inicial consiste apenas de uma camada de entrada e outra de saída e ligações entre elas.
- ▶ Isto evita que se perca tempo a remover eventuais ligações iniciais aleatórias que não sejam necessárias.

Valores dos Parâmetros

- ▶ Os vários parâmetros devem ser ajustados consoante o problema a resolver.
- ▶ Ficam aqui os valores usados no artigo original para a evolução de redes que resolvem o problema do XOR:
 - ▶ Tamanho da população = 150;
 - ▶ $c_1 = 1.0$, $c_2 = 1.0$, $c_3 = 0.4$;
 - ▶ $\delta_t = 3.0$;
 - ▶ Probabilidade de um gene sofrer mutação = 0.8;
 - ▶ Probabilidade de um gene desativado ficar ativado após mutação = 0.25;
 - ▶ Em cada geração 25% dos descendentes resultam de mutação sem crossover.

Para além do NEAT

- ▶ O NEAT abriu o caminho para muitas novas propostas na área da neuroevolução.
- ▶ Uma lista de novas abordagens que nasceram do NEAT é a seguinte:
 - ▶ HyperNEAT
 - ▶ ESHyperNEAT
 - ▶ CoDeepNEAT

Leitura recomendada

- ▶ <http://nn.cs.utexas.edu/downloads/papers/stanley.ec02.pdf>
- ▶ <https://towardsdatascience.com/neat-an-awesome-approach-to-neuroevolution-3eca5cc7930f>