

DIFFERENCE-BASED MUTATION OPERATION FOR NEUROEVOLUTION OF AUGMENTED TOPOLOGIES

Študenty:

Bc. Heorhii Tolstoukhov

Bc. Bohdan Orydoroha

Vyučujúci:

doc. Ing. Marián Mach, CSc.

<https://www.mdpi.com/1999-4893/14/5/127>



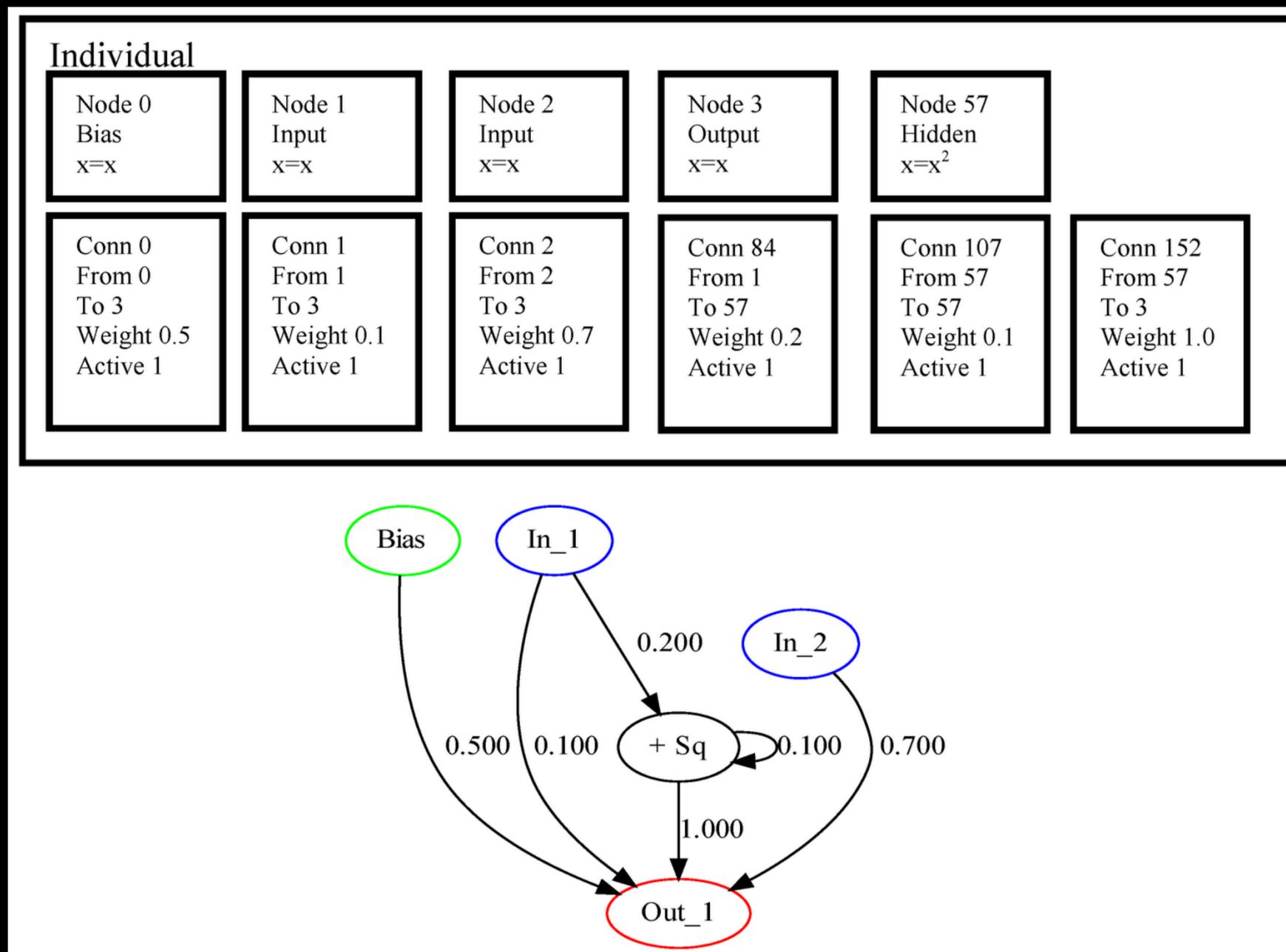
TECHNICKÁ UNIVERZITA
V KOŠICIACH

Prečo potrebujeme nové mutácie?

- Problém: tréning neurónových sietí bez gradientu
- Tradičné trénovanie môže zlyhať pri neznámych architektúrach
- Evolúčné algoritmy ako NEAT hľadajú riešenie cez populáciu

NEAT

- Evolúcia topológie aj váh
- Genotyp = uzly + spoje
- Historické čísla pre inovácie



Problémy klasickej mutácie v NEAT

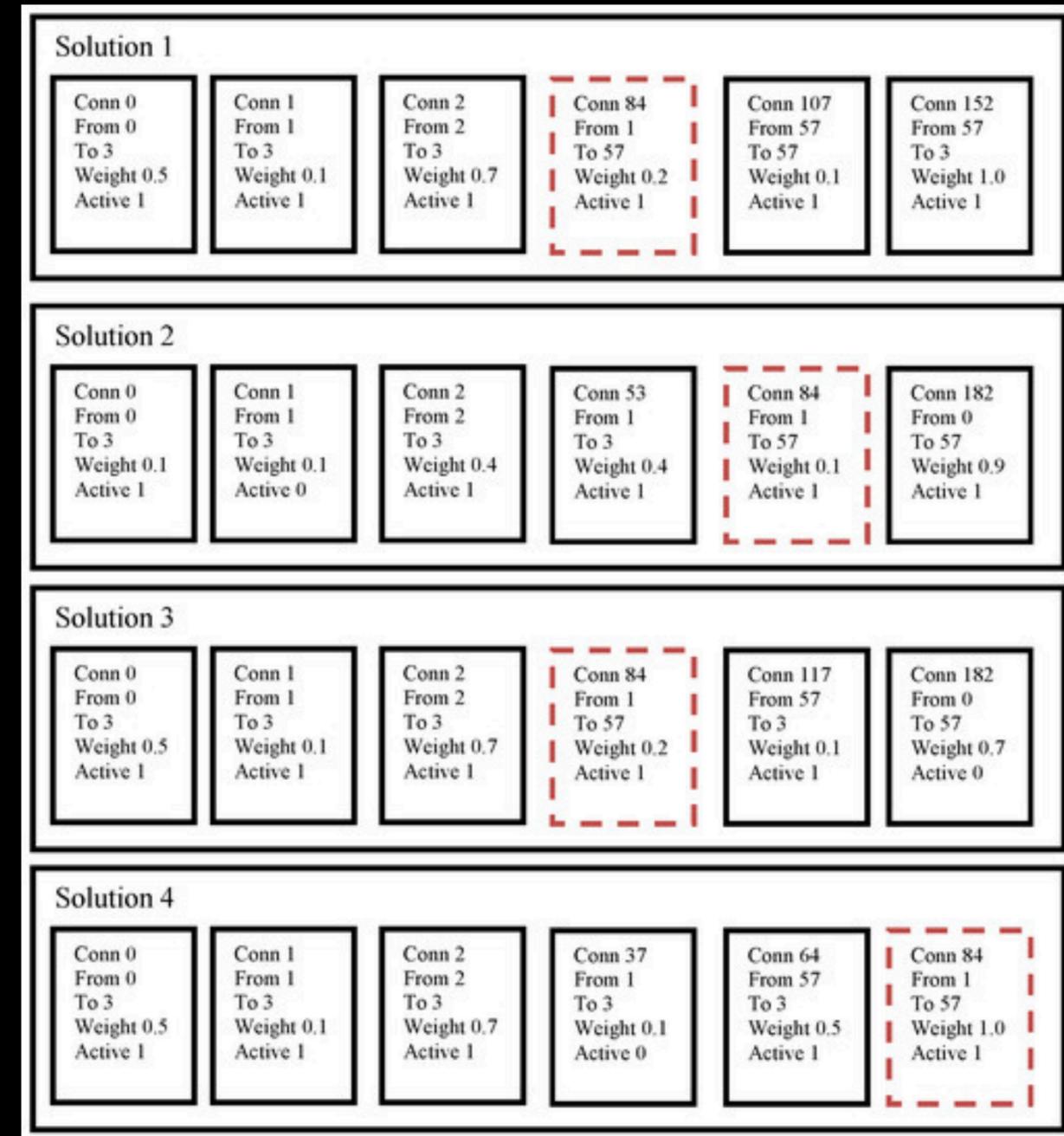
- Náhodná mutácia hmotností často neefektívna
- Môže narušiť užitočné vlastnosti
- Chýba smerovanie zmien

Algorithm 1 NEAT

```
1: for  $gen = 1$  to  $NG$  do  
2:   Initialize population  $P$  with minimal solutions, calculate fitness  $fit_i, i = 1, \dots, N$   
3:   Assign species numbers to every individual  
4:   for  $i = 1$  to  $N$  do  
5:     Perform tournament-based selection ( $t = 2$ ) to get index  $tr$   
6:     Perform crossover between  $P_i$  and  $P_{tr}$ , save offspring to  $O_i$   
7:     Select the mutation operator to be used  
8:     Perform mutation on  $O_i$  and calculate fitness  
9:   end for  
10:  Perform speciation of combined parents  $P$  and offspring  $O$  populations  
11:  Create new population from the representatives of every species  
12: end for  
13: Return best found solution
```

Difference-Based Mutation (DBM)

- Využíva rozdiel medzi váhami dvoch rodičov
- Nová váha: $w = w_1 + \alpha(w_1 - w_2)$
- α – škálovací koeficient



Biologická a algoritmická motivácia

- Pripomína vektorový gradient
- Podobné ako diferenciálna evolúcia
- Využíva informáciu o predkoch

Implementácia a integrácia do NEAT

Čo zostáva rovnaké:

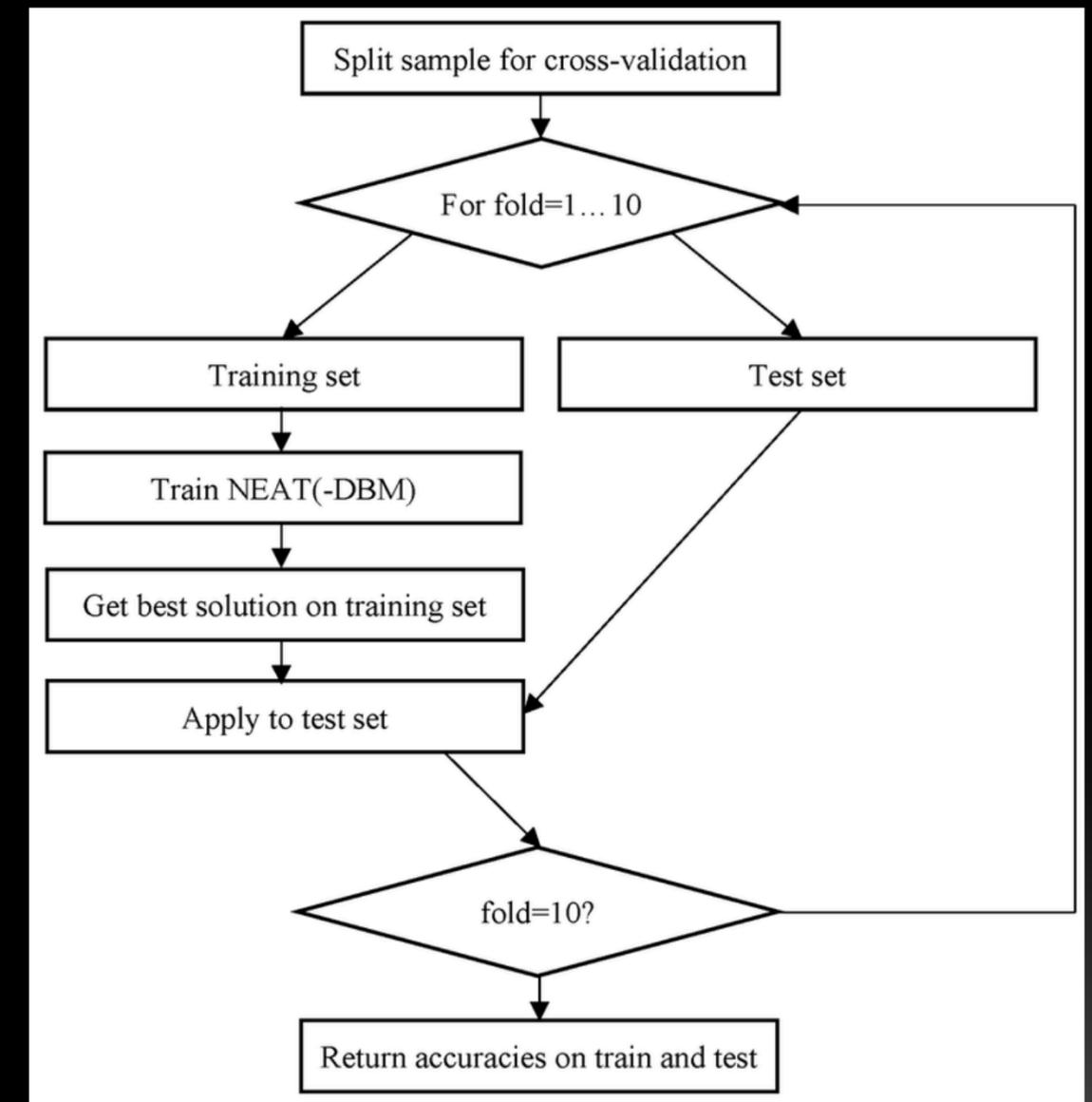
- Všetky hlavné časti NEAT fungujú rovnako: výber, kríženie, pridávanie uzlov, rozdelenie populácie na skupiny.
- Štruktúra genómu a spôsob reprezentácie siete sa nemení.

Čo sa mení:

- Namiesto náhodnej mutácie váh sa používa DBM – mutácia podľa rozdielu medzi rodičmi.

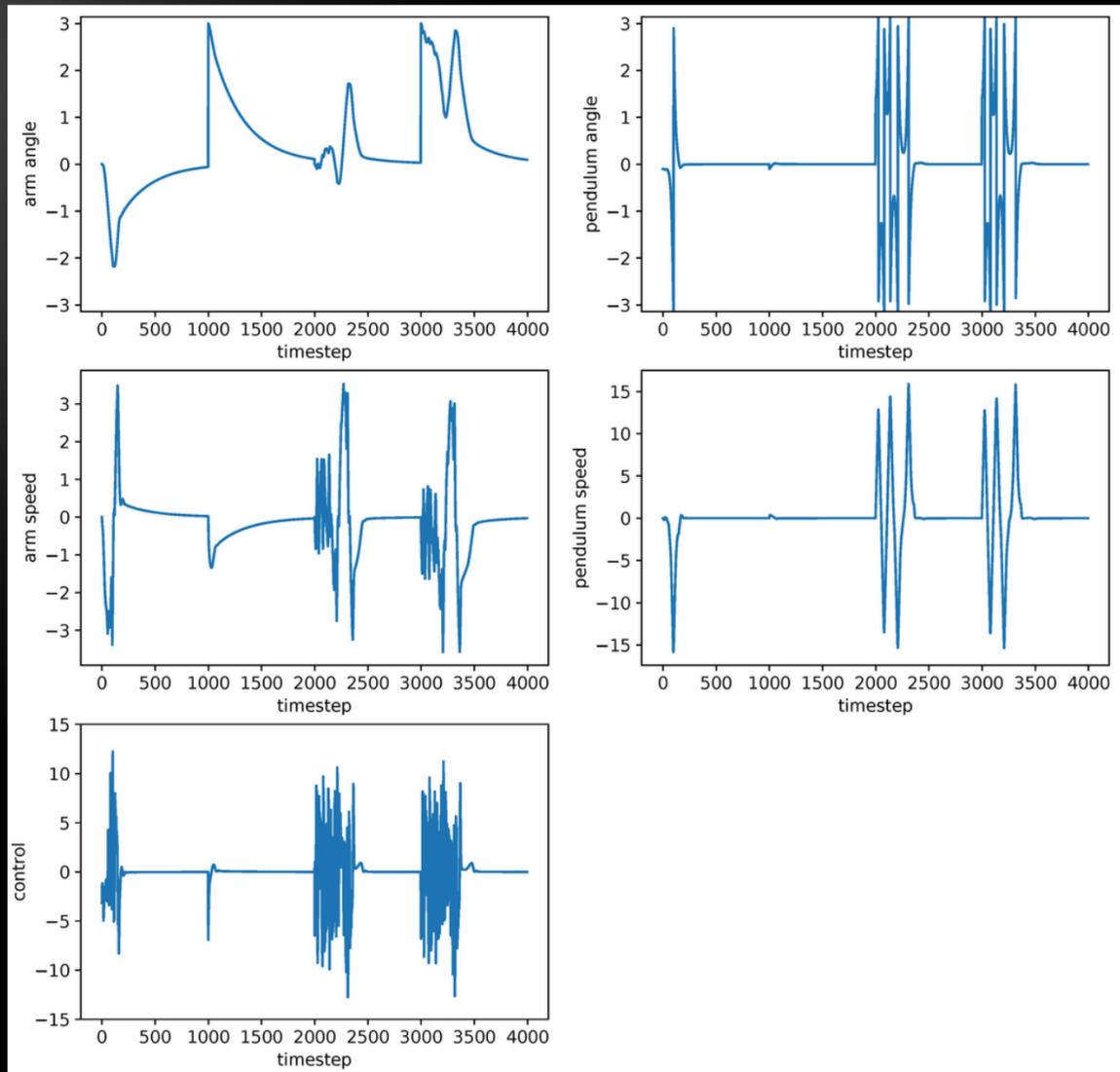
Ako to funguje:

- Vyberú sa dvaja rodičia, ktorí majú rovnaké spojenie.
- Porovná sa ich váha na tomto spojení.
- Nová váha sa vypočíta takto:

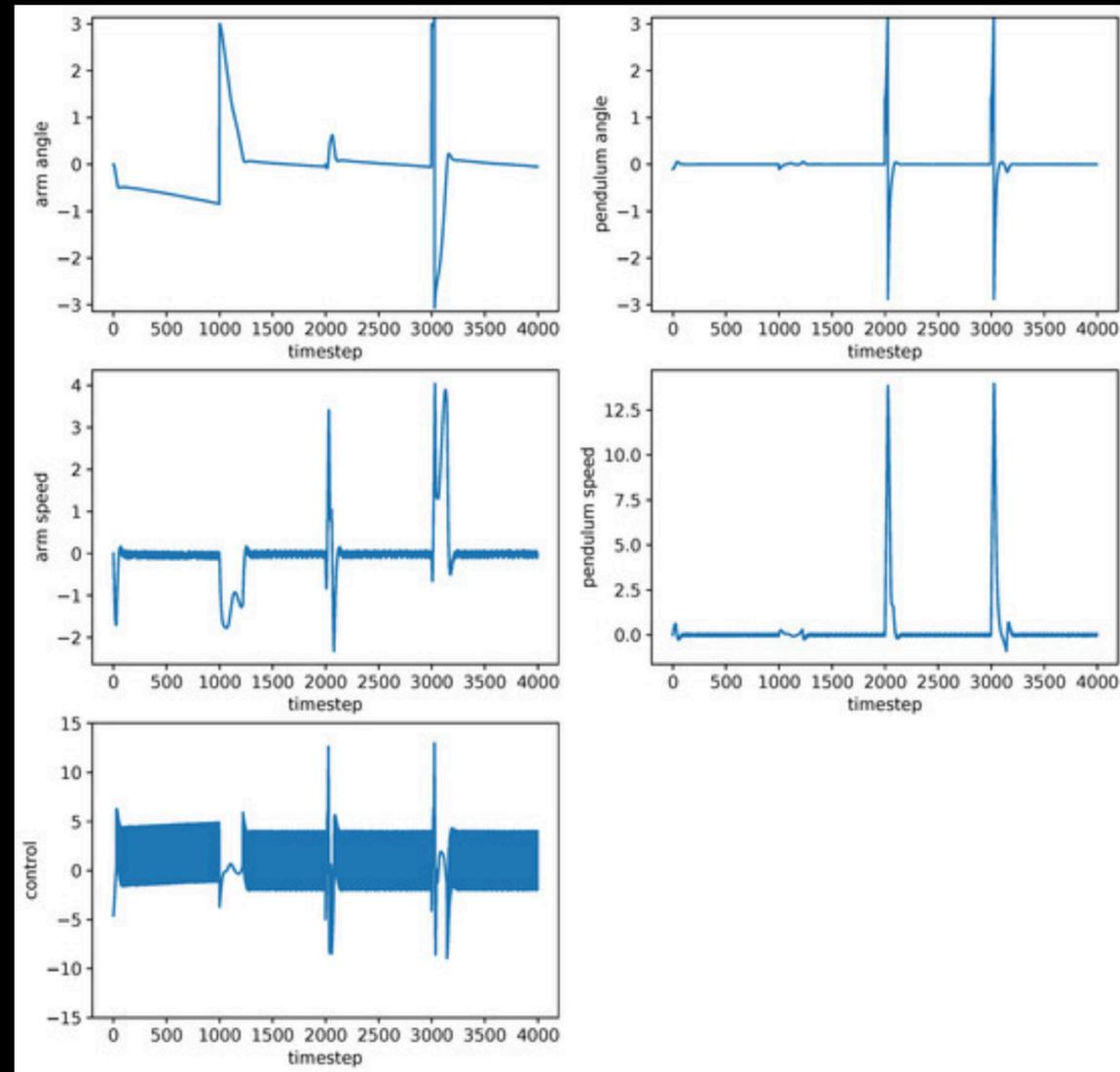


$$\omega = \omega_1 + \alpha(\omega_1 - \omega_2)$$

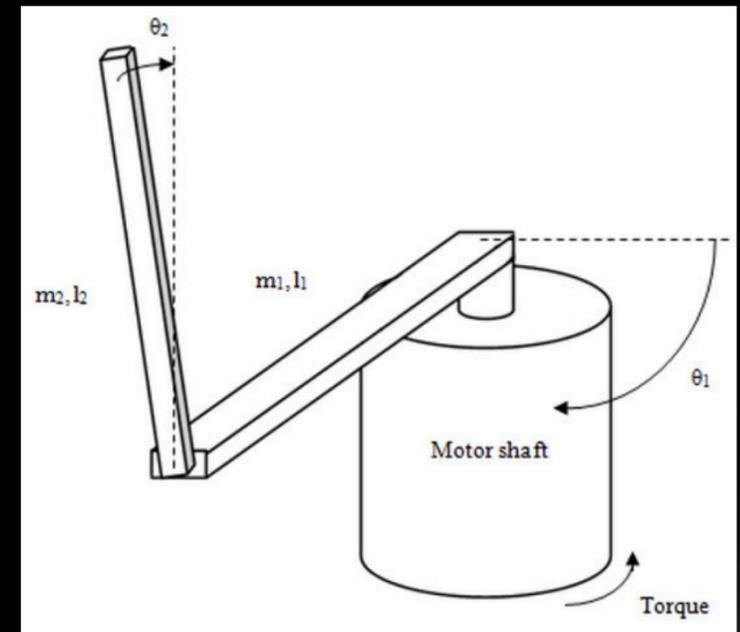
Experimenty a výsledky



Výsledek bez DBM



Výsledek z DBM



Nevýhody a výzvy

Nevýhody:

- Vyžaduje dvoch rodičov s rovnakými spojeniami
- Citlivosť na parameter α – príliš veľké zmeny môžu destabilizovať učenie
- Zložitejšia mutácia – treba kontrolovať súlad génov

Výzvy do budúcnosti:

- Lepší výber rodičov pre DBM
- Adaptívne nastavovanie parametra α
- Skúmanie v iných typoch sietí a úloh

Záver

Čo sme videli:

- DBM zlepšuje učenie v NEAT pomocou smerovanej mutácie
- V experimentoch sa ukázal ako rýchlejší a stabilnejší
- Pomáha objaviť efektívnejšie a funkčnejšie siete

Čo to znamená:

- Jednoduchá zmena v algoritme → výrazné zlepšenie výsledkov
- DBM je prakticky použiteľný v rôznych úlohách a simuláciách
- Má zmysel ho skúmať aj ďalej a aplikovať širšie



THANK YOU