

A JoCoR tekinthető egy speciális ensemble modellnek és természetes módon kiterjeszhető kettőnél több hálózatra is. Ez felveti a kérdést, hogy érdemes-e három hálózatra kiterjeszteni, amennyiben megvan hozzá a számítási kapacitás?

Egyik eredményünk az, hogy a fenti kérdése a válasz igen; mind a szimmetrikus, mind az aszimmetrikus zaj esetében sikerült javítást elérni három hálózattal és összesen hat Kullback–Leibler taggal (páronként a softmax outputokra) a CIFAR-10 és CIFAR-100 adathalmazokon. Hasonló eredményeket kaptunk három taggal is ($L_{con} = D_{KL}(p_1||p_2) + D_{KL}(p_2||p_3) + D_{KL}(p_3||p_1)$, ahol p_1, p_2, p_3 a softmax outputok.), de a tanítás során a hálózat fejlődése lassabb volt és a tesztadatokon elért pontosság nagyobb szórást mutatott. Vizsgálataink során a keresztentrópiát is teszteltük erre a célra. Ez valamelyest gyengébb pontossághoz vezetett, szintén nagyobb szórással. További módosításokkal is végeztünk vizsgálatokat (pl. háromnál több hálózat), melyeket poszterünkön szintén bemutatunk következtetéseinkkel együtt.

[1] I. FAZEKAS, L. FÓRIÁN, A. BARTA, Deep learning from noisy labels with some adjustments of a recent method, *Infocommunications J.* **15**(2023) (SI). pp. 9–12.

[2] H. WEI, L. FENG, X. CHEN, B. AN, Combating noisy labels by agreement: A joint training method with co-regularization, in: *2020 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, pp. 13723–13732.

Sejtautomata alapú szimulátor élesztőtelepek növekedésének modellezésére

GAIZER BENCE, GAIZER TÜNDE, CSIKÁSZ-NAGY ATTILA, JUHÁSZ JÁNOS

Pázmány Péter Katolikus Egyetem, Információs Technológiai és Bionikai Kar

A mikrobiológiai kutatások egyik legalapvetőbb módszere a sejttelepek agar lemezen való tenyésztése. A kísérletek során megfigyelhető a sejtek működése, környezeti tényezők hatása, különböző tápanyagok hasznosítása különböző törzseknél, valamint egyes baktérium- és gombatörzsek közti kölcsönhatások. Ezen kísérletek elvégzése idő- és eszközigényes, kutatásunk célja ezért egy olyan számítógépes szimulációs modell létrehozása, mely csökkentheti az elvégzendő kísérletek számát. A korábbi ágens alapú modellek hátránya, hogy a számítási igény a sejtek számának növelésével együtt növekszik. Jelen kutatásunk egy olyan sejtautomata alapú szimulációs környezet létrehozására irányul, mely képes különböző mikrobiológiai törzsek biológiai paramétereinek azonosítására, valamint környezeti és sejtközi hatások felderítésére.