



# Εργαστηριακή Άσκηση Μέρος Β' Πρόβλεψη Alzheimer's με Χρήση Γενετικών Αλγορίθμων

Μαριάνθη Θώδη  
AM:1084576

Μάιος 2025

## Contents

1	Εισαγωγή	2
2	Γενετικοί Αλγορίθμοι	2
3	Σχεδιασμός Γενετικού Αλγορίθμου	3
3.1	Encoding	3
3.2	Αρχικοποίηση	4
3.3	Fitness function	4
3.4	Γενετικοί Τελεστές	5
3.4.1	Μέθοδος Επιλογής: Tournament Selection	5
3.4.2	Μέθοδος Διασταύρωσης (Crossover): Uniform Crossover	6
3.4.3	Μέθοδος Μετάλλαξης: Elitism	7
4	Υλοποίηση Αλγορίθμου	7
5	Αποτελέσματα	7
5.1	Αξιολόγηση και Επίδραση Παραμέτρων	7
5.1.1	1ο Σετ Παραμέτρων	8
5.1.2	2ο Σετ Παραμέτρων	10
5.1.3	3ο Σετ Παραμέτρων	11
5.1.4	4ο Σετ Παραμέτρων	12
5.1.5	5ο Σετ Παραμέτρων	13
5.1.6	6ο Σετ Παραμέτρων	14

5.1.7	7ο Σετ Παραμέτρων . . . . .	15
5.1.8	8ο Σετ Παραμέτρων . . . . .	16
5.1.9	9ο Σετ Παραμέτρων . . . . .	17
5.1.10	10ο Σετ Παραμέτρων . . . . .	18
5.2	Τελική Σύγκριση . . . . .	19
<b>6</b>	<b>Αξιολόγηση ΤΝΔ</b>	<b>20</b>
6.1	Σύγκριση Δικτύων Μέρους Α' vs Μέρους Β' . . . . .	20
6.1.1	Γενικευτική Ικανότητα . . . . .	21
6.1.2	Επίδραση της μείωσης των χαρακτηριστικών . . . . .	22
6.1.3	Overfitting στα δεδομένα ελέγχου . . . . .	22
6.2	Ανάλυση και Αποτελέσματα . . . . .	23
6.3	Επανεκπαίδευση ΤΝΔ . . . . .	24
6.4	Ανάλυση και Αποτελέσματα . . . . .	24
6.4.1	Γενικευτική Ικανότητα . . . . .	24
6.4.2	Επίδραση της μείωσης των χαρακτηριστικών . . . . .	25
6.4.3	Overfitting στα δεδομένα ελέγχου . . . . .	25
<b>7</b>	<b>Συμπεράσματα</b>	<b>26</b>

# 1 Εισαγωγή

Βάση της άσκησης Α, όπου σχεδιάστηκε και βελτιστοποιήθηκε ένα νευρωνικό δίκτυο χρησιμοποιώντας και τις 34 χαρακτηριστικές εισόδους των ασθενών, η άσκηση Β εστιάζει στην επιλογή των πιο σημαντικών χαρακτηριστικών για τη βελτίωση της πρόβλεψης της νόσου Alzheimer. Η άσκηση Β έχει ως στόχο τη μείωση του αριθμού των εισόδων, ώστε να απλοποιηθεί το μοντέλο και να αποφευχθεί η υπερεκπαίδευση, χωρίς να χαθεί η ακρίβεια. Αυτό επιτυγχάνεται μέσω της υλοποίησης ενός γενετικού αλγορίθμου, ο οποίος αναζητά τον βέλτιστο υποσύνολο χαρακτηριστικών που θα παραμείνουν. Το δίκτυο αξιολογεί κάθε υποψήφιο υποσύνολο χαρακτηριστικών χρησιμοποιώντας το προεκπαιδευμένο νευρωνικό δίκτυο από την άσκηση Α (στο σημείο αυτό, χρησιμοποιήσα drop out (πριν δεν το είχα χρησιμοποιήσει) στην εκπαίδευση για να κάνω simulate το feature selection), ισορροπώντας μεταξύ της ακρίβειας στα δεδομένα επικύρωσης και του αριθμού των χαρακτηριστικών που χρησιμοποιούνται. Με αυτόν τον τρόπο, η άσκηση ενσωματώνει την επιλογή χαρακτηριστικών στη διαδικασία μοντελοποίησης με στόχο τη βελτίωση της αποδοτικότητας και της γενίκευσης του μοντέλου. Ο τελικός στόχος είναι να εντοπιστεί ένα μικρότερο, βελτιστοποιημένο σύνολο χαρακτηριστικών εισόδου που διατηρεί ή βελτιώνει την προγνωστική απόδοση του δικτύου, μειώνοντας παράλληλα την πολυπλοκότητα. Μπορείτε να δείτε το project στο **GitHub** εδώ: Alzheimer's Detection Using Neural Networks and Genetic Algorithms

# 2 Γενετικοί Αλγορίθμοι

Ένας γενετικός αλγόριθμος είναι μια τεχνική βελτιστοποίησης εμπνευσμένη από τη φυσική εξέλιξη. Ξεκινά με έναν πληθυσμό πιθανών λύσεων (chromosomes), όπου κάθε μία αντιπροσωπεύει μια πιθανή απάντηση στο πρόβλημα. Αυτές οι λύσεις αξιολογούνται βάσει μιας fitness function που μετράει πόσο καλές είναι. Οι καλύτερες λύσεις επιλέγονται και συνδυάζονται μέσω genetic operators όπως η crossover (ανάμιξη τμημάτων από δύο λύσεις) και η mutation (τυχαία αλλαγή τμημάτων μιας λύσης)

για να δημιουργηθεί ένας νέος πληθυσμός. Αυτή η διαδικασία επαναλαμβάνεται για πολλές γενιές έως ότου ο αλγόριθμος βρει μια βέλτιστη ή ικανοποιητική λύση.

### Ένας απλός Γενετικός Αλγόριθμος

- ▶ Κωδικοποίηση (Coding)
- ▶ Αρχικοποίηση (Initialization)
- ▶ Αποκωδικοποίηση (Decoding)
- ▶ Υπολογισμός ικανότητας ή αξιολόγηση (Fitness calculation ή evaluation)
- ▶ Επιλογή (Selection)
- ▶ Αναπαραγωγή (Reproduction)
- ▶ Διασταύρωση (Crossover ή mating)
- ▶ Μετάλλαξη (Mutation)
- ▶ Επανάληψη από το βήμα (2) μέχρι να ικανοποιηθεί το κριτήριο τερματισμού του Γ.Α.

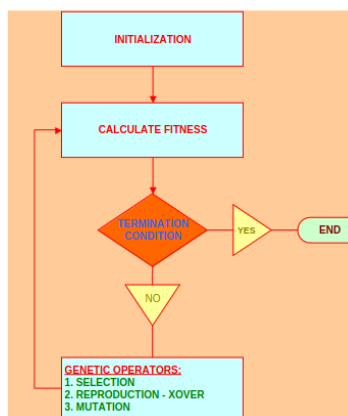


Figure 1: Διάγραμμα από την διάλεξη 9

## 3 Σχεδιασμός Γενετικού Αλγορίθμου

Ο γενετικός αλγόριθμος έχει σχεδιαστεί για να επιλέγει το πιο σχετικό υποσύνολο χαρακτηριστικών εισόδου για την πρόβλεψη της νόσου Alzheimer, διατηρώντας ακρίβεια και μειώνοντας την πολυπλοκότητα του μοντέλου. Αρχικά, κάθε άτομο στον πληθυσμό κωδικοποιείται ως ένα δυαδικό διάνυσμα μήκους 34, όπου κάθε δυαδικό ψηφίο δείχνει αν ένα χαρακτηριστικό περιλαμβάνεται ή αποκλείεται. Τέλος, ο αρχικός πληθυσμός αποτελείται από τυχαία άτομα, το καθένα από τα οποία αντιπροσωπεύει έναν διαφορετικό συνδυασμό χαρακτηριστικών.

Μια συνάρτηση καταλληλότητας αξιολογεί κάθε άτομο με βάση δύο παράγοντες: την ακρίβεια ή cross entropy loss, χρησιμοποιώντας τα επιλεγμένα χαρακτηριστικά, και μια ποινή. Στην συνέχεια, για να εξελιχθεί ο πληθυσμός, χρησιμοποιούνται μέθοδοι επιλογής όπως το τουρνουά ή η ρουλέτα για την επιλογή γονέων, ενώ η διασταύρωση (όπως μονού σημείου ή ομοιόμορφη) και η μετάλλαξη εισάγουν ποικιλία. Εφαρμόζεται επίσης ελιτισμός ώστε να διατηρούνται τα καλύτερα άτομα σε κάθε γενιά. Επομένως, αυτή η διαδικασία αναζητά ένα βέλτιστο υποσύνολο χαρακτηριστικών που εξισορροπεί την ακρίβεια και την απλότητα, χωρίς να απαιτείται επανεκπαίδευση του δικτύου.

### 3.1 Encoding

Η κωδικοποίηση είναι ο τρόπος με τον οποίο κάθε υποψήφια λύση αναπαρίσταται στον γενετικό. Εδώ, κάθε άτομο (χρωμόσωμα) αντιστοιχεί σε ένα υποσύνολο των 34 εισόδων χαρακτηριστικών για το νευρωνικό δίκτυο που προβλέπει την ασθένεια. Αυτό γίνεται χρησιμοποιώντας έναν δυαδικό διάνυσμα μήκους 34, όπου κάθε στοιχείο δείχνει αν ένα χαρακτηριστικό (bit/gene) συμπεριλαμβάνεται (1) ή αποκλείεται (0). Για παράδειγμα, ένα άτομο όπως

$$[1, 0, 1, 1, 0, \dots, 0]$$

σημαίνει ότι τα χαρακτηριστικά 1, 3 και 4 επιλέγονται, ενώ τα χαρακτηριστικά 2, 5 και τα υπόλοιπα όχι.

Αν θεωρήσουμε ότι το πλήρες σύνολο χαρακτηριστικών είναι:

$$\mathbf{X} = [x_1, x_2, \dots, x_{34}]$$

Το δυαδικό διάνυσμα μάσκας που αναπαριστά τα επιλεγμένα χαρακτηριστικά είναι:

$$\mathbf{S} = [s_1, s_2, \dots, s_{34}] \quad \text{όπου} \quad s_i = \begin{cases} 1 & \text{αν το χαρακτηριστικό } i \text{ επιλέγεται} \\ 0 & \text{διαφορετικά} \end{cases}$$

Η είσοδος στο νευρωνικό δίκτυο γίνεται:

$$\mathbf{X_S} = [s_1x_1, s_2x_2, \dots, s_{34}x_{34}]$$

Εδώ, τα μη επιλεγμένα χαρακτηριστικά μηδενίζονται. Αυτή η κωδικοποίηση είναι απλή, μοντελοποιεί άμεσα το πρόβλημα επιλογής χαρακτηριστικών και λειτουργεί καλά με γενετικές λειτουργίες όπως η διασταύρωση και η μετάλλαξη. Στόχος είναι να βρεθεί η μάσκα  $\mathbf{S}$  που ισορροπεί υψηλή ακρίβεια πρόβλεψης στα δεδομένα επικύρωσης με τον ελάχιστο αριθμό επιλεγμένων χαρακτηριστικών, διατηρώντας το μοντέλο αποτελεσματικό και αποδοτικό.

## 3.2 Αρχικοποίηση

Η αρχικοποίηση του πληθυσμού (πρώτης γενιάς ατόμων) γίνεται με τη δημιουργία πολλαπλών ατόμων (χρωμοσωμάτων), όπου κάθε άτομο αναπαρίσταται ως ένα δυαδικό διάνυσμα μήκους ίσου με τον αριθμό των εισόδων. Κάθε bit στο διάνυσμα ορίζεται τυχαία σε 0 ή 1 με ίση πιθανότητα, όπου το 1 σημαίνει ότι το αντίστοιχο χαρακτηριστικό επιλέγεται και το 0 ότι αποκλείεται. Για να διασφαλιστεί η εγκυρότητα, ο κώδικας ελέγχει ότι κάθε χρωμόσωμα έχει τουλάχιστον ένα επιλεγμένο χαρακτηριστικό (δηλαδή δεν αποτελείται εξολοκλήρου από μηδενικά). Η διαδικασία αυτή επαναλαμβάνεται για το επιθυμητό μέγεθος πληθυσμού, με αποτέλεσμα τη δημιουργία ενός ποικιλόμορφου συνόλου έγκυρων συνδυασμών χαρακτηριστικών για τον γενετικό αλγόριθμο.

## 3.3 Fitness function

Στον παρόντα γενετικό αλγόριθμο για την πρόβλεψη της νόσου Alzheimer, στόχος μου είναι να επιλέξω το πιο σημαντικό υποσύνολο από τις 34 εισόδους που οδηγούν σε ακριβή και αποδοτική απόδοση του νευρωνικού δικτύου. Για τον σκοπό αυτό, κάθε άτομο στον πληθυσμό αναπαρίσταται ως ένα δυαδικό χρωμόσωμα που δείχνει ποια χαρακτηριστικά επιλέγονται.

Για την αξιολόγηση της καταλληλότητας, χρησιμοποιώ ένα προεκπαιδευμένο νευρωνικό δίκτυο και εισάγω τα δεδομένα επικύρωσης, διατηρώντας μόνο τα επιλεγμένα χαρακτηριστικά (οι υπόλοιπες εισοδοί μηδενίζονται). Η συνάρτηση καταλληλότητας υπολογίζεται ως: Για ένα δυαδικό χρωμόσωμα  $\mathbf{c} \in \{0, 1\}^d$ :

$$\text{fitness}(\mathbf{c}) = \frac{1}{1 + \text{CEloss}(\mathbf{c}) + \alpha \cdot \frac{\sum_{i=1}^d c_i}{d}}$$

όπου:

- $\text{CEloss}(\mathbf{c})$  είναι το cross entropy loss στα pretrained δεδομένα,
- $\sum_{i=1}^d c_i$  ο αριθμός των επιλεγμένων χαρακτηριστικών,

- $d$  το συνολικό πλήθος χαρακτηριστικών,
- $\alpha$  ο συντελεστής ποινής που ισορροπεί την απόδοση και την αραιότητα.

όπου η cross-entropy απώλεια μετρά πόσο καλά προβλέπει το μοντέλο (όσο μικρότερη, τόσο καλύτερα), και η ποινή ενθαρρύνει τη χρήση λιγότερων χαρακτηριστικών, προσθέτοντας ένα κλιμακωτό κόστος ανάλογα με το πλήθος των επιλεγμένων χαρακτηριστικών.

Επιπλέον, χρησιμοποιήσα τετραγωνική ποινή της μορφής:

$$penalty = \alpha \left( \frac{\text{num\_features}}{n_{\text{features}}} \right)^2$$

αντί για γραμμική, επειδή τιμωρεί πιο έντονα τα άτομα που χρησιμοποιούν πολλά χαρακτηριστικά, προωθώντας πιο συμπαγείς λύσεις, ενώ παράλληλα επιτρέπει μέτριο αριθμό χαρακτηριστικών όταν αυτά βελτιώνουν την ακρίβεια. Αυτό βοηθά στην πιο αποτελεσματική εξισορρόπηση μεταξύ ακρίβειας και απλότητας, σε σχέση με τη γραμμική ποινή που ίσως να μην αποθαρρύνει επαρκώς τη χρήση μεγάλων συνόλων χαρακτηριστικών.

Η αντίστροφη μορφή της συνάρτησης καταλληλότητας εξασφαλίζει ότι όσο μικρότερο το σφάλμα και λιγότερα τα χαρακτηριστικά, τόσο υψηλότερη η καταλληλότητα, καθοδηγώντας τον γενετικό αλγόριθμο προς βέλτιστα υποσύνολα χαρακτηριστικών.

### 3.4 Γενετικοί Τελεστές

Οι γενετικοί τελεστές είναι βασικές οι λειτουργίες που χρησιμοποιούν οι γενετικοί αλγόριθμοι για να βρουν σταδιακά καλύτερες λύσεις σε ένα πρόβλημα. Είναι εμπνευσμένοι από τον τρόπο που λειτουργεί η φυσική εξέλιξη, όπου τα γονίδια των οργανισμών αλλάζουν και συνδυάζονται ώστε να προκύψουν πιο δυνατοί απογόνιοι.

Οι τρεις γενετικοί τελεστές είναι:

1. **Τελεστής Επιλογής :** Διαλέγει ποια άτομα (λύσεις) θα "ζήσουν" και θα αναπαραχθούν στην επόμενη γενιά, δηλαδή ποιες λύσεις θα χρησιμοποιηθούν για να φτιαχτούν καινούργιες.
2. **Τελεστής Διασταύρωσης :** Αναμειγνύει δύο λύσεις (γονείς) για να φτιάξει μία ή περισσότερες νέες λύσεις (απογόνους), σαν να παίρνεις κομμάτια από κάθε γονέα και να φτιάχνεις κάτι καινούργιο .
3. **Τελεστής Μετάλλαξης :** Κάνει μικρές τυχαίες αλλαγές σε μια λύση, για να φέρει καινούργια στοιχεία και να βοηθήσει το σύστημα να "ξεφύγει" από τοπικά βέλτιστα σημεία .

#### 3.4.1 Μέθοδος Επιλογής: Tournament Selection

Η επιλογή με τουρνουά επιλέγει γονείς επιλέγοντας τυχαία μια μικρή ομάδα ατόμων από τον πληθυσμό και στη συνέχεια επιλέγοντας αυτόν με τη μεγαλύτερη καταλληλότητα ως γονέα. Αυτή η προσέγγιση βοηθά στην εξισορρόπηση μεταξύ εξερεύνησης και εκμετάλλευσης και μειώνει τον κίνδυνο πρόωρης σύγκλισης, που μπορεί να συμβεί όταν ο πληθυσμός γίνεται πολύ ομοιόμορφος πολύ γρήγορα , ένα πρόβλημα συχνό σε προβλήματα επιλογής χαρακτηριστικών όπου οι τιμές καταλληλότητας είναι συχνά κοντά μεταξύ τους. Σε σύγκριση με άλλες μεθόδους επιλογής όπως η ρουλέτα ή η επιλογή κατάταξης, η επιλογή με τουρνουά είναι απλή στην υλοποίηση, διαχειρίζεται πιο αποτελεσματικά θορυβώδεις ή παρόμοιες τιμές καταλληλότητας και διατηρεί τη διαφορετικότητα στον πληθυσμό.

Επιλέγει το καλύτερο άτομο από ένα τυχαίο υποσύνολο μεγέθους  $k$  (μέγεθος τουρνουά). Η πιθανότητα  $P_i$  να επιλεγεί ένα άτομο  $i$  με θέση κατάταξης  $r_i$  εκφράζεται ως:

$$P_i = \left(\frac{r_i}{N}\right)^k - \left(\frac{r_i - 1}{N}\right)^k$$

όπου:

- $N$  το μέγεθος πληθυσμού,
- $r_i$  η θέση κατάταξης του ατόμου  $i$  ( $1 =$  καλύτερο,  $N =$  χειρότερο),
- $k$  το μέγεθος τουρνουά.

Αυτή η σχέση δείχνει ότι τα άτομα με υψηλότερη κατάταξη (καλύτερο fitness) έχουν εκθετικά μεγαλύτερες πιθανότητες να επιλεγούν όσο αυξάνει το  $k$ .

### 3.4.2 Μέθοδος Διασταύρωσης (Crossover): Uniform Crossover

Σε αυτή την υλοποίηση, χρησιμοποιείται uniform crossover, όπου κάθε bit χαρακτηριστικού επιλέγεται ανεξάρτητα από έναν από τους δύο γονείς με ίση πιθανότητα. Αυτή η μέθοδος επιτρέπει ευέλικτο συνδυασμό χαρακτηριστικών σε σχέση με τη διασταύρωση μονού ή πολλαπλού σημείου, που ανταλλάσσουν συνεχόμενα τμήματα και μπορεί να εισάγουν προκατάληψη θέσης (χαρακτηριστικά που βρίσκονται κοντά το ένα στο άλλο σχετίζονται). Η αρχικοποίηση του πληθυσμού γίνεται επίσης με ανεξάρτητη τυχαία ανάθεση 0 ή 1 σε κάθε bit, χωρίς υποτιθέμενη θέση των χαρακτηριστικών. Ιδιαίτερα κατάλληλη για δυαδικά προβλήματα επιλογής χαρακτηριστικών, γιατί αντιμετωπίζει κάθε χαρακτηριστικό ανεξάρτητα, διατηρώντας τη διαφορετικότητα και επιτρέποντας εξερεύνηση των πιθανών υποσυνόλων χαρακτηριστικών.

Για κάθε γονίδιο  $i \in \{1, 2, \dots, n\}$  στο χρωμόσωμα:

$$\text{Απόγονος}_i = \begin{cases} \text{Γονέας}_1^i, & \text{με πιθανότητα } p \\ \text{Γονέας}_2^i, & \text{με πιθανότητα } 1 - p \end{cases}$$

Όπου:

- $\text{Απόγονος}_i$  είναι το  $i$ -οστό bit του χρωμοσώματος του απογόνου.
- $\text{Γονέας}_1^i, \text{Γονέας}_2^i$  είναι τα  $i$ -οστά bits των δύο γονέων.
- $p = 0.5$  στην τυπική ομοιόμορφη διασταύρωση (ίσες πιθανότητες από κάθε γονέα).

Η διαδικασία αυτή εφαρμόζεται ανεξάρτητα σε κάθε γονίδιο του χρωμοσώματος και παράγει έναν απόγονο που αναμειγνύει γονίδια και από τους δύο γονείς χωρίς προκατάληψη ως προς τη θέση.

### 3.4.3 Μέθοδος Μετάλλαξης: Elitism

Η μετάλλαξη εισάγει τυχαίες αλλαγές στα άτομα του γενετικού, για να διατηρήσει την ποικιλία και να εξερευνήσει νέες λύσεις, αναστρέφοντας bits(features) σε ένα άτομο μετά την διασταύρωση. Ο ελιτισμός εξασφαλίζει ότι τα καλύτερα άτομα μεταφέρονται στην επόμενη γενιά, προστατεύοντας τις υψηλής ποιότητας λύσεις από το να χαθούν λόγω μετάλλαξης ή διασταύρωσης. Αυτό βελτιώνει τη σταθερότητα, επιταχύνει τη σύγκλιση και αποτρέπει τη χειροτέρευση των καλών λύσεων. Χωρίς αυτό, πολύτιμες λύσεις μπορεί να χαθούν, επιβραδύνοντας την πρόοδο. Έτσι, ισορροπείται η διατήρηση της προόδου με την εξερεύνηση νέων δυνατοτήτων μέσω της μετάλλαξης.

Αν ο πληθυσμός στη γενιά  $t$  είναι

$$G_t = \{x_1, x_2, \dots, x_N\}$$

ταξινομημένος κατά *fitness*, ο ελιτισμός εγγυάται ότι η επόμενη γενιά  $G_{t+1}$  περιέχει τα κορυφαία  $E$  άτομα :

$$G_{t+1} = \{x_1, x_2, \dots, x_E\} \cup \text{απόγονοι από τα υπόλοιπα } (N - E) \text{ άτομα,}$$

όπου  $E$  είναι ο αριθμός των elite ατόμων .

Αυτό διασφαλίζει ότι η μέγιστη τιμή *fitness* δεν μειώνεται:

$$\max_{x \in G_{t+1}} f(x) \geq \max_{x \in G_t} f(x).$$

## 4 Υλοποίηση Αλγορίθμου

Η παρούσα υλοποίηση εφαρμόζει έναν γενετικό αλγόριθμο (GA) για την αυτόματη επιλογή των σημαντικότερων χαρακτηριστικών με στόχο τη βελτίωση της πρόβλεψης της νόσου Alzheimer μέσω ενός προεκπαιδευμένου νευρωνικού δικτύου με μηχανισμό dropout, το οποίο είναι ανθεκτικό στην απουσία δεδομένων. Κάθε υποψήφια λύση αναπαρίσταται ως δυαδικό χρωμόσωμα, όπου κάθε bit υποδηλώνει την επιλογή ή μη ενός χαρακτηριστικού, και ο αρχικός πληθυσμός αποτελείται από τυχαία υποσύνολα χαρακτηριστικών. Η διαδικασία ξεκινά με τη ρύθμιση διαφορετικών σετ παραμέτρων (π.χ. μέγεθος πληθυσμού, ποσοστά διασταύρωσης και μετάλλαξης) και για κάθε σετ ο αλγόριθμος εκτελείται δέκα φορές, ώστε να υπολογιστούν αξιόπιστοι μέσοι όροι απόδοσης. Σε κάθε εκτέλεση, ο πληθυσμός εξελίσσεται σταδιακά μέσω επιλογής των καταλληλότερων ατόμων, δημιουργίας απογόνων με διασταύρωση και μετάλλαξη, και διατήρησης των καλύτερων μέσω ελιτισμού. Η καταλληλότητα κάθε λύσης αξιολογείται με βάση την απώλεια επικύρωσης του μοντέλου, στην οποία προστίθεται ποινή για υπερβολικό πλήθος χαρακτηριστικών, ώστε να προτιμώνται πιο συμπαγείς λύσεις. Η εξελικτική διαδικασία συνεχίζεται έως ότου επιτευχθεί σύγκλιση ή ικανοποιηθεί κάποιο κριτήριο τερματισμού, ενώ στο τέλος κάθε παραμετροποίησης υπολογίζονται οι μέσοι όροι της καλύτερης καταλληλότητας και των γενεών σύγκλισης, δημιουργούνται διαγράμματα απόδοσης και συντάσσεται συνοπτική αναφορά που αποτυπώνει την επίδραση των διαφορετικών ρυθμίσεων του GA στην ακρίβεια και την αποδοτικότητα του μοντέλου.

## 5 Αποτελέσματα

### 5.1 Αξιολόγηση και Επίδραση Παραμέτρων

Θα ελέγξουμε τα αποτελέσματα του παραπάνω πίνακα για κάθε σετ παραμέτρων (μέγεθος πληθυσμού, πιθανότητα διασταύρωσης, πιθανότητα μετάλλαξης)

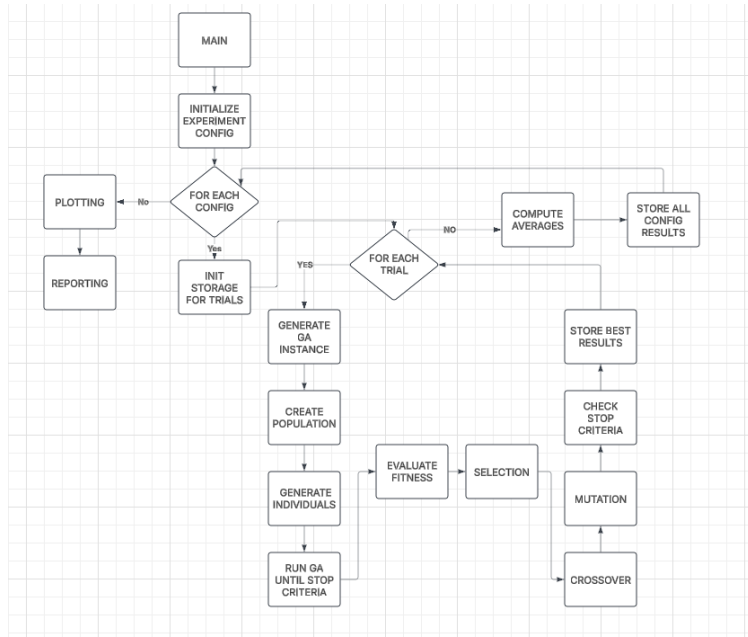


Figure 2: Διάγραμμα Ροής

A/A	Μέγεθος Πληθυσμού	Πιθανότητα Διασταύρωσης	Πιθανότητα Μετάλλαξης	Μέση Καταλληλότητα	Μέσος Αριθμός Γενεών
1	20	0.6	0.00	0.6808	11.2
2	20	0.6	0.01	0.6890	15.3
3	20	0.6	0.10	0.6890	12.2
4	20	0.9	0.01	0.6893	14.2
5	20	0.1	0.01	0.6866	13
6	200	0.6	0.00	0.6905	11.7
7	200	0.6	0.01	0.6910	11.6
8	200	0.6	0.10	0.6903	12.4
9	200	0.9	0.01	0.6912	11.8
10	200	0.1	0.01	0.6902	11.6

Table 1: Δεδομένα πίνακα

### 5.1.1 1ο Σετ Παραμέτρων

Το σετ παραμέτρων 1 χρησιμοποιεί μικρό πληθυσμό 20 ατόμων, με μέτρια πιθανότητα διασταύρωσης 0.6 και μηδενικό ρυθμό μετάλλαξης (0.0). Αυτή η διαμόρφωση οδηγεί σε έναν γενετικό αλγόριθμο που συγκλίνει γρήγορα, συνήθως μέσα σε 11 γενιές, αλλά με περιορισμένες δυνατότητες εξερεύνησης. Ο μικρός πληθυσμός μειώνει τη γενετική ποικιλιότητα και, σε συνδυασμό με την απουσία μετάλλαξης, η αναζήτηση περιορίζεται κυρίως στον αρχικό πληθυσμό και τους ανασυνδυασμούς του. Ως αποτέλεσμα, η μέση καλύτερη καταλληλότητα σταθεροποιείται γύρω στο 0.68, με μέγιστο περίπου 0.6882, τιμή μέτρια και σημαντικά χαμηλότερη από το σετ 9, που έχει μέση καταλληλότητα 0.6913.

Η καταλληλότητα αρχικά πέφτει ελαφρώς από 0.681 σε 0.676 έως τη 2η γενιά, και μετά αυξάνεται σταδιακά, σταθεροποιούμενη κοντά στο 0.68 από τη 5η έως τη 12η γενιά. Αυτό δείχνει ότι ο αλγόριθμος στηρίζεται μόνο στη διασταύρωση και την επιλογή, χωρίς μετάλλαξη για νέο γενετικό υλικό, κάτι που περιορίζει τις βελτιώσεις και οδηγεί σε πρόωρη σύγκλιση σε τοπικά βέλτιστα σημεία. Ο μέσος αριθμός επιλεγμένων χαρακτηριστικών μειώνεται από 32 αρχικά σε περίπου 14.62, δείχνοντας



μέτρια μείωση διαστάσεων, αλλά πιθανόν με απώλεια καλύτερων συνδυασμών.

Ο κύριος περιορισμός είναι ο μηδενικός ρυθμός μετάλλαξης, που μειώνει πολύ την ικανότητα του αλγορίθμου να εξερευνήσει πέρα από το αρχικό γενετικό υλικό και τα προϊόντα διασταύρωσης. Παρά την γρήγορη σύγκλιση, το αποτέλεσμα μπορεί να είναι υποβέλτιστο λόγω έλλειψης ποικιλότητας και εξερεύνησης. Η ανάλυση αυτή του σετ 1 δείχνει πόσο σημαντική είναι η μετάλλαξη και η σωστή ρύθμιση του μεγέθους του πληθυσμού στα επόμενα σετ παραμέτρων, ώστε να επιτυγχάνεται καλύτερη απόδοση και να αποφεύγεται η πρόωρη στασιμότητα.

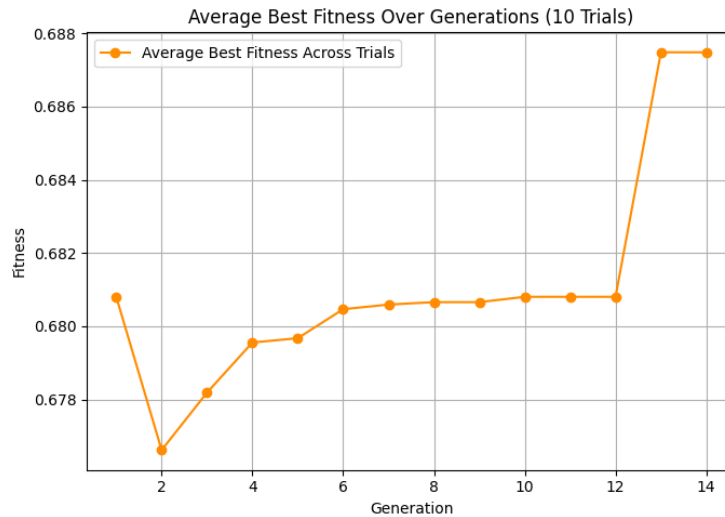


Figure 3: Μέση Καλύτερη Fitness vs Γενιές

### 5.1.2 2ο Σετ Παραμέτρων

Το σετ παραμέτρων 2 χρησιμοποιεί τον ίδιο μικρό πληθυσμό 20 ατόμων και την ίδια πιθανότητα διασταύρωσης 0.6 με το σετ 1, αλλά προσθέτει έναν χαμηλό ρυθμό μετάλλαξης 0.01, που βελτιώνει σημαντικά την εξερεύνηση του γενετικού αλγορίθμου. Έτσι, μπορεί να ξεφεύγει από τα τοπικά βέλτιστα που περιορίζουν το σετ 1 και η μέση καλύτερη καταλληλότητα αυξάνεται αισθητά από 0.6808 σε 0.6890, δείχνοντας πιο αποτελεσματική αναζήτηση και βελτίωση της λύσης.

Ενώ το σετ 1 συγκλίνει γρήγορα μέσα σε περίπου 11.2 γενιές και σταθεροποιείται νωρίς, το σετ 2 χρειάζεται περισσότερο χρόνο, περίπου 15.3 γενιές, πριν φτάσει σε σύγκλιση. Αυτή η παρατεταμένη διάρκεια είναι ωφέλιμη γιατί η μετάλλαξη εισάγει νέες γενετικές παραλλαγές που επιμηκύνουν την εξερεύνηση και αποτρέπουν την πρόωρη σύγκλιση. Η καμπύλη καταλληλότητας στο σετ 2 ξεκινά δυναμικά κοντά στο 0.689, αλλά παρουσιάζει μια προσωρινή πτώση στο 0.677 στην αρχή, η οποία δείχνει την εξερεύνηση που προκαλεί η μετάλλαξη. Στη συνέχεια, η καταλληλότητα ανεβαίνει σταδιακά από τη 4η έως την 11η γενιά και σταθεροποιείται μεταξύ 0.688 και 0.690 μέχρι τη 23η γενιά, δείχνοντας πιο σταθερή σύγκλιση σε σχεδόν βέλτιστες λύσεις.

Επιπλέον, η επιλογή χαρακτηριστικών βελτιώνεται στο σετ 2, με μέσο αριθμό 13.09 χαρακτηριστικών έναντι 14.62 στο σετ 1, πράγμα που δείχνει ότι η μετάλλαξη βοηθά τον αλγόριθμο να βρει όχι μόνο καλύτερες λύσεις αλλά και πιο αποδοτική μείωση διαστάσεων, πιθανόν εξερευνώντας νέα υποσύνολα χαρακτηριστικών.

Συνολικά, το σετ παραμέτρων 2 δείχνει τον θετικό αντίκτυπο της εισαγωγής ακόμα και μικρού ρυθμού μετάλλαξης σε περιβάλλον με μικρό πληθυσμό, πετυχαίνοντας καλύτερη ισορροπία μεταξύ εξερεύνησης και εκμετάλλευσης από το σετ 1, βελτιώνοντας την καταλληλότητα και την επιλογή χαρακτηριστικών, με κόστος μεγαλύτερου χρόνου σύγκλισης και ξεπερνώντας τα προβλήματα πρόωρης στασιμότητας που εμφανίζονται χωρίς μετάλλαξη.

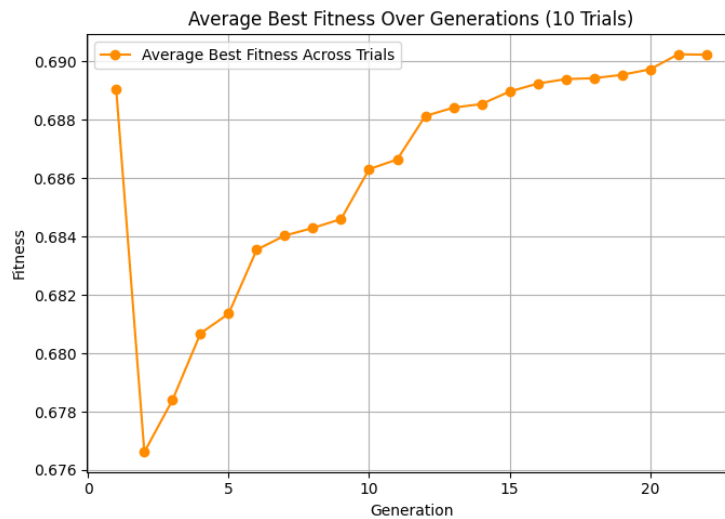


Figure 4: Μέση Καλύτερη Fitness vs Γενιές

### 5.1.3 3ο Σετ Παραμέτρων

Το σετ παραμέτρων 3 διατηρεί τον μικρό πληθυσμό των 20 και την πιθανότητα διασταύρωσης 0.6, ενώ αυξάνει σημαντικά τον ρυθμό μετάλλαξης σε 0.1, γεγονός που διατηρεί τη γενετική ποικιλία και ενισχύει την εξερεύνηση. Αυτό βοηθά στην αποφυγή της πρόωρης σύγκλισης που παρατηρήθηκε στο σετ 1 και επιταχύνει τη σύγκλιση σε σχέση με το σετ 2, αφού χρειάζεται περίπου 12.2 γενιές αντί για 15.3. Ωστόσο, σε αντίθεση με τη μέτρια βελτίωση του σετ 2, η αύξηση της μετάλλαξης δεν αυξάνει την καταλληλότητα, η οποία παραμένει γύρω στο 0.689, ίδια με αυτή του σετ 2.

Η πορεία της καταλληλότητας ξεκινά κοντά στο 0.689, πέφτει στο 0.681 στη δεύτερη γενιά λόγω διαταραχής από την υψηλή μετάλλαξη και μετά ανακάμπτει σταδιακά, σταθεροποιούμενη μεταξύ 0.686 και 0.689 μέχρι τη 13η γενιά. Ακολουθεί μια μικρή πτώση μεταξύ των γενεών 14 και 18, που οφείλεται στη διατήρηση ποικιλίας λόγω της μετάλλαξης και επιβραδύνει τη λεπτομερή βελτιστοποίηση, πριν σταθεροποιηθεί ξανά κοντά στο 0.689 στη 20ή γενιά. Αυτό δείχνει ότι ενώ η μετάλλαξη αποτρέπει την πρόωρη στασιμότητα, η υπερβολική μετάλλαξη μπορεί να προκαλέσει θόρυβο που καθυστερεί τη σύγκλιση και μειώνει την ακρίβεια στη βελτιστοποίηση.

Επιπλέον, ο υψηλός ρυθμός μετάλλαξης επηρεάζει την επιλογή χαρακτηριστικών, καθώς το σετ 3 επιλέγει κατά μέσο όρο 15.38 χαρακτηριστικά, περισσότερα από τα 13.09 του σετ 2 και τα 14.62 του σετ 1. Αυτό υποδηλώνει ότι η έντονη μετάλλαξη δυσκολεύει την αναγνώριση και διατήρηση των σημαντικότερων χαρακτηριστικών, πιθανώς επειδή οι συνεχείς διαταραχές εμποδίζουν τη σταθερή βελτίωση των υποσυνόλων.

Συνολικά, το σετ 3 δείχνει τον συμβιβασμό που φέρνει ο ρυθμός μετάλλαξης, καθώς η αύξηση από 0.01 σε 0.1 διατηρεί την καταλληλότητα και επιταχύνει τη σύγκλιση, αλλά αυξάνει τη γενετική ποικιλία στα χαρακτηριστικά εις βάρος της πιο αποδοτικής μείωσης διαστάσεων και της σταθερότητας στην επιλογή.

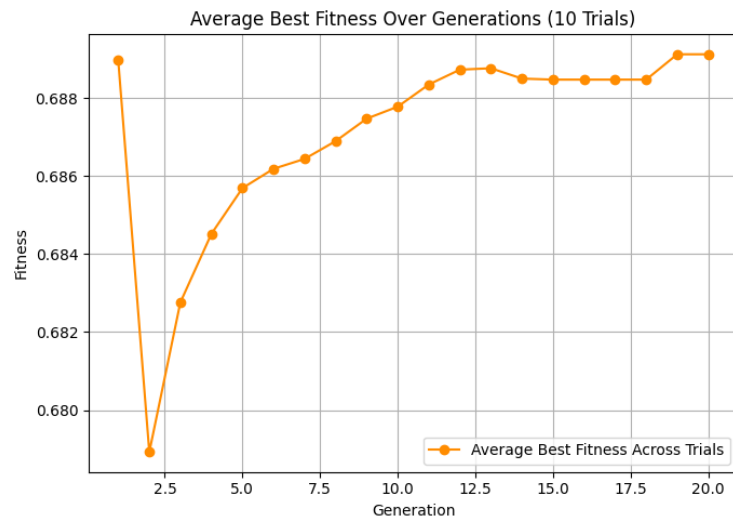


Figure 5: Μέση Καλύτερη Fitness vs Γενιές

#### 5.1.4 4ο Σετ Παραμέτρων

Το σετ παραμέτρων 4 χρησιμοποιεί μικρό πληθυσμό 20 ατόμων, όπως και τα προηγούμενα σετ, αλλά αυξάνει σημαντικά την πιθανότητα διασταύρωσης σε 0.9, ενώ κρατά χαμηλό τον ρυθμό μετάλλαξης στο 0.01. Αυτή η ρύθμιση πετυχαίνει την υψηλότερη μέση καταλληλότητα μέχρι τώρα, περίπου 0.6893, ξεπερνώντας ελαφρώς τα σετ 2 και 3, που είχαν διαφορετικούς ρυθμούς μετάλλαξης και μέτρια διασταύρωση.

Ο ρυθμός διασταύρωσης παίζει καθοριστικό ρόλο, καθώς ενισχύει τον γενετικό ανασυνδυασμό, αναμειγνύοντας πιο αποτελεσματικά υποσύνολα χαρακτηριστικών από τους γονείς και δίνοντας τη δυνατότητα στον αλγόριθμο να εξερευνά ποικίλους και πιθανώς καλύτερους συνδυασμούς, σε αντίθεση με τα σετ 1 και 3 που είχαν χαμηλότερη διασταύρωση.

Η σύγκλιση είναι μέτρια και χρειάζεται περίπου 14.2 γενιές, κάτι που είναι λίγο περισσότερο από τα σετ 1 και 3, αλλά λιγότερο από το σετ 2, δείχνοντας μια ισορροπημένη διαδικασία όπου ο ισχυρός ανασυνδυασμός απαιτεί μερικές επιπλέον γενιές για να σταθεροποιηθούν τα οφέλη, αποφεύγοντας όμως τη στασιμότητα που παρατηρείται σε περιπτώσεις με χαμηλή διασταύρωση ή μετάλλαξη.

Η καταλληλότητα ξεκινά κοντά στο 0.689, πέφτει σε 0.678 στη 3η γενιά, πιθανόν λόγω της ανάμειξης λιγότερο αποδοτικών ατόμων, και στη συνέχεια βελτιώνεται σταδιακά από τη 4η έως την 11η γενιά φτάνοντας περίπου στο 0.687. Από τη 12η γενιά και μετά αυξάνεται σταθερά και σταθεροποιείται κοντά στο 0.690, δείχνοντας πως η υψηλή διασταύρωση διευκολύνει την εξερεύνηση πριν την τελική σύγκλιση.

Η επιλογή χαρακτηριστικών είναι επίσης βελτιωμένη, με μέσο όρο 13.03 χαρακτηριστικά, λιγότερα από τα σετ 1 και 3 και συγκρίσιμα με το σετ 2, υποδεικνύοντας ότι ο συνδυασμός υψηλής διασταύρωσης και χαμηλής μετάλλαξης επιτρέπει την αποτελεσματική βελτιστοποίηση των υποσυνόλων χωρίς υπερβολικό θόρυβο. Συνολικά, το σετ 4 δείχνει πως η αύξηση της διασταύρωσης στο 0.9 μαζί με χαμηλή μετάλλαξη 0.01 βελτιώνει την ποιότητα και τη σταθερότητα των λύσεων, ισορροπώντας εξερεύνηση και εκμετάλλευση, και υπερτερεί έναντι των προηγούμενων σετ.

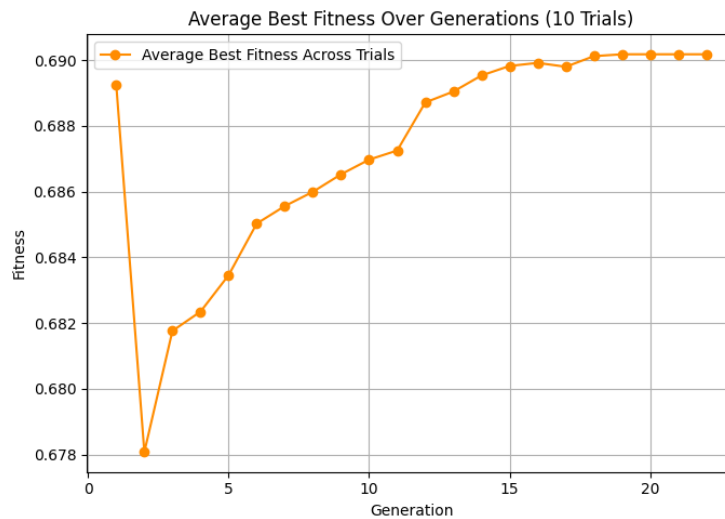


Figure 6: Μέση Καλύτερη Fitness vs Γενιές

### 5.1.5 5ο Σετ Παραμέτρων

Το σετ 5 έχει μικρό πληθυσμό 20 και χαμηλή μετάλλαξη 0.01, όπως τα σετ 2 και 4, αλλά πολύ χαμηλή διασταύρωση 0.1. Αυτή η χαμηλή διασταύρωση περιορίζει τον ανασυνδυασμό, δυσκολεύοντας τον αλγόριθμο να βελτιστοποιήσει τα υποσύνολα χαρακτηριστικών. Έτσι, η μέση καταλληλότητα είναι 0.6866, χαμηλότερη από τα σετ με διασταύρωση 0.6 ή 0.9 που φτάνουν κοντά ή πάνω από 0.689.

Η περιορισμένη ανασύνθεση κάνει την εξερεύνηση πιο αργή, με την καταλληλότητα να ξεκινά 0.687, να πέφτει σε 0.678 στη γενιά 3 και να ανεβαίνει αργά κοντά στο 0.69 γύρω στις γενιές 14-22. Η χαμηλή μετάλλαξη δίνει λίγη εξερεύνηση αλλά δεν καλύπτει την έλλειψη διασταύρωσης, με σύγκλιση νωρίς (περίπου 13 γενιές) σε υποβέλτιστες λύσεις λόγω λίγων νέων συνδυασμών.

Η επιλογή χαρακτηριστικών είναι λιγότερο αποδοτική, με μέσο 14.24 χαρακτηριστικά, πιο πολλά από τα σετ 2 και 4, επειδή η χαμηλή διασταύρωση δυσκολεύει τη βελτίωση και μείωση των υποσυνόλων.

Σε σύγκριση με το σετ 4 (διασταύρωση 0.9, μετάλλαξη 0.01), το σετ 5 έχει χειρότερη απόδοση, δείχνοντας τη σημασία της διασταύρωσης για καλό ανασυνδυασμό χαρακτηριστικών. Σε σχέση με το σετ 1 (χωρίς μετάλλαξη, διασταύρωση 0.6), η μικρή μετάλλαξη βοηθά στην αποφυγή πρόωρης στασιμότητας, αλλά η πολύ χαμηλή διασταύρωση περιορίζει την πρόοδο. Σε σχέση με τα σετ 2 και 3 (διασταύρωση 0.6, μετάλλαξη 0.01 ή 0.1), το σετ 5 έχει χαμηλότερη καταλληλότητα και χειρότερη μείωση χαρακτηριστικών.

Συμπερασματικά, η πολύ χαμηλή διασταύρωση μαζί με μικρή μετάλλαξη οδηγεί σε φτωχότερη εκμετάλλευση, ανεπαρκή γενετική ανάμειξη και λιγότερη βελτίωση στην καταλληλότητα και επιλογή χαρακτηριστικών, προκαλώντας πιο αργή και υποβέλτιστη σύγκλιση σε σχέση με ρυθμίσεις με μεγαλύτερη διασταύρωση.

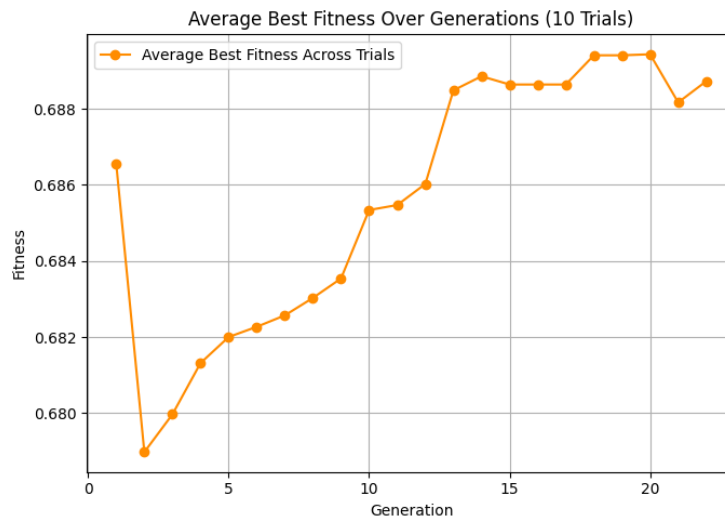


Figure 7: Μέση Καλύτερη Fitness vs Γενιές

### 5.1.6 6ο Σετ Παραμέτρων

Το σετ 6 ξεχωρίζει για το μεγάλο πληθυσμό των 200 ατόμων, με μέτρια διασπαύρωση 0.6 και μηδενική μετάλλαξη. Το μεγάλο μέγεθος αυξάνει πολύ τη γενετική ποικιλιότητα από την αρχή, προσφέροντας πολλές λύσεις για εξερεύνηση του χώρου, κάτι που αντισταθμίζει την απουσία μετάλλαξης, καθώς ο αλγόριθμος βασίζεται μόνο σε επιλογή και διασπαύρωση για νέους απογόνους και οδηγώντας σε γρήγορη σύγκλιση σε περίπου 12 γενιές, πιο γρήγορα από πολλά σετ με μικρότερο πληθυσμό, λόγω της καλύτερης αρχικής ποικιλιότητας.

Η μέση καλύτερη καταλληλότητα ξεκινά από υψηλή τιμή 0.692, παρουσιάζει μικρή πτώση σε 0.687 στη δεύτερη γενιά και σταθεροποιείται γύρω στο 0.686–0.688 στις γενιές 3 και 4, αντανακλώντας την εξερεύνηση μέσω διασπαύρωσης. Από τις γενιές 5 έως 9 αυξάνεται σταθερά έως 0.690, ενώ μεταξύ 10–15 φτάνει και διατηρείται σε επίπεδα 0.6905–0.691, υποδηλώνοντας σύγκλιση σε σχεδόν βέλτιστη λύση. Η σταθεροποίηση στις γενιές 16–18 επιβεβαιώνει την επίτευξη ποιοτικών λύσεων. Η γρήγορη σύγκλιση συμφωνεί με τον μέσο όρο 11.7 γενεών των δοκιμών.

Σε σύγκριση με το σετ 1 που έχει μικρό πληθυσμό και μηδενική μετάλλαξη και συγκλίνει γρήγορα αλλά πρόωρα, το σετ 6 αποφεύγει την πρόωρη σύγκλιση χάρη στην ποικιλία του μεγάλου πληθυσμού. Σε σχέση με τα σετ 2 και 3 με μικρό πληθυσμό και μετάλλαξη, το σετ 6 πετυχαίνει ίση ή καλύτερη καταλληλότητα χωρίς μετάλλαξη, δείχνοντας πως το μεγάλο μέγεθος μπορεί να αντικαταστήσει τη μετάλλαξη ως προς τη γενετική ποικιλιότητα. Σε αντίθεση με το σετ 4 που έχει μικρό πληθυσμό, υψηλή διασπαύρωση και χαμηλή μετάλλαξη, το σετ 6 χρησιμοποιεί μέτρια διασπαύρωση αλλά ωφελείται περισσότερο από το μέγεθος πληθυσμού, πετυχαίνοντας παρόμοια ή καλύτερη καταλληλότητα πιο γρήγορα. Σε σχέση με το σετ 5 που έχει μικρό πληθυσμό, χαμηλή διασπαύρωση και μετάλλαξη, το σετ 6 έχει σαφώς ανώτερη απόδοση λόγω του μεγάλου πληθυσμού και της υψηλότερης διασπαύρωσης.

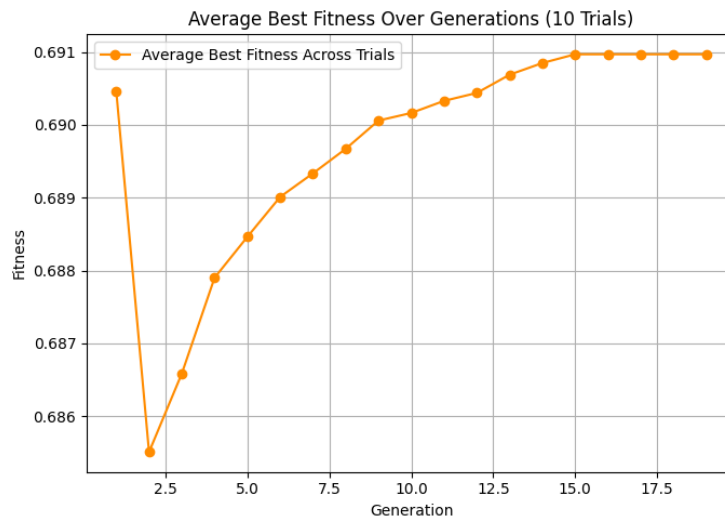


Figure 8: Μέση Καλύτερη Fitness vs Γενιές

### 5.1.7 7ο Σετ Παραμέτρων

Το σετ 7 συνδυάζει μεγάλο πληθυσμό 200 ατόμων με μέτρια διασταύρωση 0.6 και χαμηλή μετάλλαξη 0.01, πετυχαίνοντας την καλύτερη συνολική απόδοση από όλα τα σετ, με μέση καταλληλότητα 0.6910, λίγο πάνω από το σετ 6 που έχει ίδια διασταύρωση και πληθυσμό αλλά χωρίς μετάλλαξη. Το μεγάλο μέγεθος πληθυσμού προσφέρει μεγάλη γενετική ποικιλότητα από την αρχή, καλύπτοντας ευρύτερο χώρο αναζήτησης. Η μέτρια διασταύρωση επιτρέπει αποτελεσματικό ανασυνδυασμό, αναμειγνύοντας καλά χαρακτηριστικά χωρίς να τα διαταράσσει υπερβολικά, ενώ η χαμηλή μετάλλαξη προσθέτει αρκετή τυχαιότητα ώστε να διατηρείται η διαφορετικότητα και να αποφεύγεται η παγίδευση σε τοπικά βέλτιστα χωρίς να επηρεάζει αρνητικά τη σύγκλιση.

Το γράφημα καταλληλότητας δείχνει αρχική τιμή γύρω στο 0.691 στην πρώτη γενιά, με γρήγορη πτώση στο 0.685 στη δεύτερη, που αντανακλά την εξερευνητική φάση όπου η γενετική ποικιλότητα μέσω μετάλλαξης και διασταύρωσης δημιουργεί νέες, και λιγότερο κατάλληλες, λύσεις. Από την τρίτη έως την έκτη γενιά, η καταλληλότητα βελτιώνεται σταθερά (0.686 → 0.6895), δείχνοντας την αποτελεσματική επιλογή και ανασυνδυασμό που βελτιώνουν τις λύσεις. Από την έβδομη έως την 13η γενιά, η βελτίωση γίνεται πιο αργή και σταθεροποιείται κοντά στο 0.691, υποδεικνύοντας τη φάση εκμετάλλευσης όπου ο αλγόριθμος βελτιστοποιεί τα υποσύνολα χαρακτηριστικών, ενώ από την 14η έως την 18η γενιά υπάρχει ένα πλάτο κοντά στο 0.692, που δείχνει κορεσμό και σύγκλιση σε βέλτιστες ή σχεδόν βέλτιστες λύσεις.

Ο μέσος χρόνος σύγκλισης περίπου 11.6 γενεών δείχνει γρήγορη αλλά ολοκληρωμένη αναζήτηση, που ισορροπεί καλά την εξερεύνηση με την εκμετάλλευση. Στην επιλογή χαρακτηριστικών, ο αλγόριθμος διατηρεί σταθερά γύρω στα 13, εξισορροπώντας την απλότητα του μοντέλου με την απόδοση, και ενισχύοντας τη σταθερότητα της λύσης.

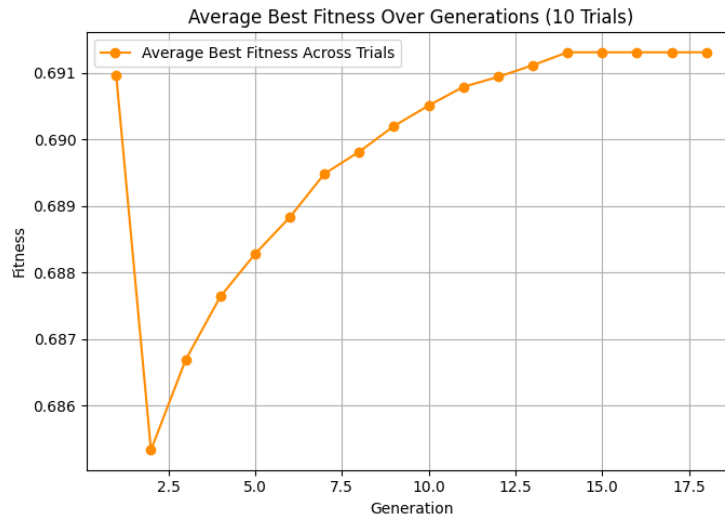


Figure 9: Μέση Καλύτερη Fitness vs Γενιές

### 5.1.8 8ο Σετ Παραμέτρων

Το σετ 8 χρησιμοποιεί μεγάλο πληθυσμό 200, μέτρια διασπαύρωση 0.6 και υψηλή μετάλλαξη 0.1, τιμή πολύ μεγαλύτερη από το 0.01 του σετ 7 και το 0.0 του σετ 6. Αν και η καταλληλότητα φτάνει σε σχετικά καλό επίπεδο (0.6903), παραμένει ελαφρώς χαμηλότερη από τα 0.6910 και 0.6905 των σετ 7 και 6 αντίστοιχα, ενώ η σύγκλιση καθυστερεί (12.4 γενιές έναντι 11.6 και 11.7). Επιπλέον, η επιλογή χαρακτηριστικών είναι λιγότερο αποδοτική, με 15.7 κατά μέσο όρο, σε σύγκριση με τα περίπου 13 του σετ 7, οδηγώντας σε λιγότερο συμπαγείς και δυσκολότερα ερμηνεύσιμες λύσεις.

Η υψηλή μετάλλαξη ενισχύει την εξερεύνηση, αλλά προκαλεί πτώση στην καταλληλότητα στις αρχικές γενιές (0.685), καθώς εισάγει πολλές τυχαίες μεταβολές. Στη συνέχεια, η απόδοση αποκαθίσταται σταδιακά μέχρι τη 11η γενιά (0.690), ενώ παρατηρείται κορυφή στο 0.693 στις γενιές 12–13, δείχνοντας ότι η έντονη εξερεύνηση μπορεί να εντοπίσει ισχυρές λύσεις. Ωστόσο, η διατήρηση υψηλού επιπέδου μετάλλαξης εμποδίζει τη σταθεροποίηση, με τιμές καταλληλότητας να κυμαίνονται γύρω στο 0.691 και ορισμένες δοκιμές να διαρκούν έως 19 γενιές, υποδεικνύοντας αστάθεια λόγω υπερβολικού "θορύβου".

Αν και ο μεγάλος πληθυσμός προσφέρει αρχική ποικιλία και σταθερότητα, η υψηλή μετάλλαξη τελικά υπονομεύει αυτά τα πλεονεκτήματα, καθώς καθυστερεί τη σύγκλιση και οδηγεί σε μεγαλύτερα σύνολα χαρακτηριστικών. Συγκριτικά, το σετ 7 με χαμηλή μετάλλαξη επιτυγχάνει καλύτερες τιμές καταλληλότητας, ταχύτερη σύγκλιση και πιο λιτές λύσεις, ενώ το σετ 6, χωρίς καθόλου μετάλλαξη, συγκλίνει γρήγορα και επιλέγει ακόμη λιγότερα χαρακτηριστικά. Το σετ 4, παρά τον μικρότερο πληθυσμό, πετυχαίνει παρόμοια καταλληλότητα και καλύτερη μείωση χαρακτηριστικών χάρη στην υψηλή διασπαύρωση (0.9) και χαμηλή μετάλλαξη (0.01), δείχνοντας ότι η σωστή ρύθμιση των πιθανοτήτων μπορεί να αντισταθμίσει το μέγεθος πληθυσμού.

Συνοψίζοντας, το σετ 8 δείχνει ότι η υπερβολική μετάλλαξη, αν και ενισχύει την εξερεύνηση, προκαλεί αστάθεια και μειώνει την αποδοτικότητα στη βελτιστοποίηση και την επιλογή χαρακτηριστικών. Ο συνδυασμός μεγάλου πληθυσμού και μέτριας διασπαύρωσης λειτουργεί καλύτερα όταν η μετάλλαξη είναι χαμηλή (όπως στο 0.01 του σετ 7), κάτι που αποδεικνύεται κρίσιμο για την επίτευξη ισορροπίας μεταξύ εξερεύνησης και εκμετάλλευσης σε γενετικούς αλγορίθμους.



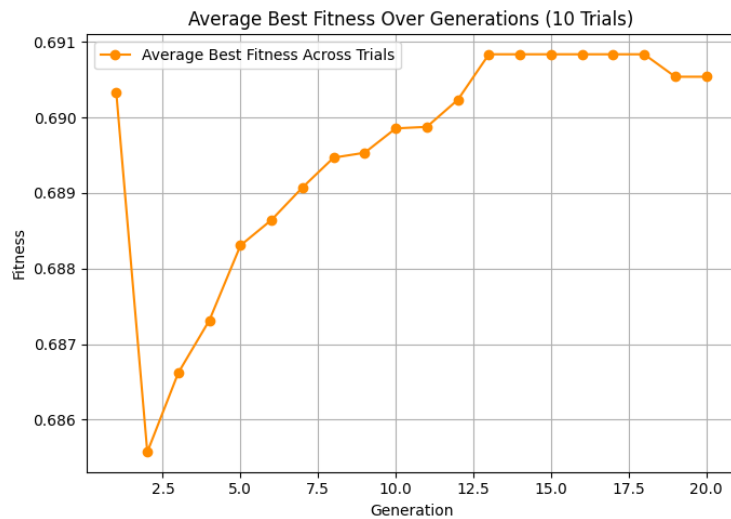


Figure 10: Μέση Καλύτερη Fitness vs Γενιές

### 5.1.9 9ο Σετ Παραμέτρων

Το σετ 9 εμφανίζει την καλύτερη συνολική απόδοση, συνδυάζοντας μεγάλο πληθυσμό (200), υψηλή διασταύρωση (0.9) και χαμηλή μετάλλαξη (0.01). Η μέση καλύτερη καταλληλότητα φτάνει το 0.6912, την υψηλότερη τιμή από όλα τα σετ, υπερβαίνοντας οριακά το 0.6910 του σετ 7 και το 0.6905 του σετ 6. Η σύγκλιση είναι ταχεία (11.8 γενιές), ενώ η επιλογή χαρακτηριστικών είναι ιδιαίτερα αποδοτική, με μόλις 12.62 χαρακτηριστικά κατά μέσο όρο, ο χαμηλότερος αριθμός μεταξύ των σετ με πληθυσμό 200.

Ο μεγάλος πληθυσμός εξασφαλίζει ευρεία κάλυψη του χώρου αναζήτησης, η έντονη διασταύρωση ενισχύει τον συνδυασμό χρήσιμων χαρακτηριστικών, επιταχύνοντας την ανακάλυψη υποσυνόλων με υψηλή απόδοση, και η περιορισμένη μετάλλαξη διατηρεί την ποικιλία χωρίς να διαταράσσει τη σύγκλιση. Στην πορεία των γενεών, η καταλληλότητα ξεκινά ψηλά (0.6915), μειώνεται προσωρινά (0.686 στη γενιά 2), και έπειτα αυξάνεται σταθερά (0.690 στη γενιά 7, 0.6915 έως τη γενιά 13), όπου και σταθεροποιείται.

Η επιλογή χαρακτηριστικών παρουσιάζει σταθερότητα και συνοχή ανάμεσα στις δοκιμές, χωρίς τις διακυμάνσεις που προκαλεί η αυξημένη μετάλλαξη, όπως στο σετ 8. Συγκριτικά, το σετ 9 υπερτερεί του σετ 7 λόγω της υψηλότερης διασταύρωσης, επιτυγχάνοντας ελαφρώς καλύτερη καταλληλότητα και λιγότερα χαρακτηριστικά. Επίσης, υπερτερεί του σετ 6, καθώς η μικρή παρουσία μετάλλαξης αποτρέπει την πρόωρη σύγκλιση, ενώ προσφέρει μεγαλύτερη σταθερότητα και συμπαγείς λύσεις σε σχέση με το σετ 8. Τέλος, ξεπερνά και μικρότερα σετ όπως το σετ 4, αφού ο μεγαλύτερος πληθυσμός ενισχύει την εξερεύνηση και τη σταθερότητα.

Συνολικά, το σετ 9 πετυχαίνει την καλύτερη ισορροπία παραμέτρων, με τη μέγιστη μέση καταλληλότητα, ταχύτερη και πιο σταθερή σύγκλιση, και τις πιο μικρές και ερμηνεύσιμες λύσεις χαρακτηριστικών.

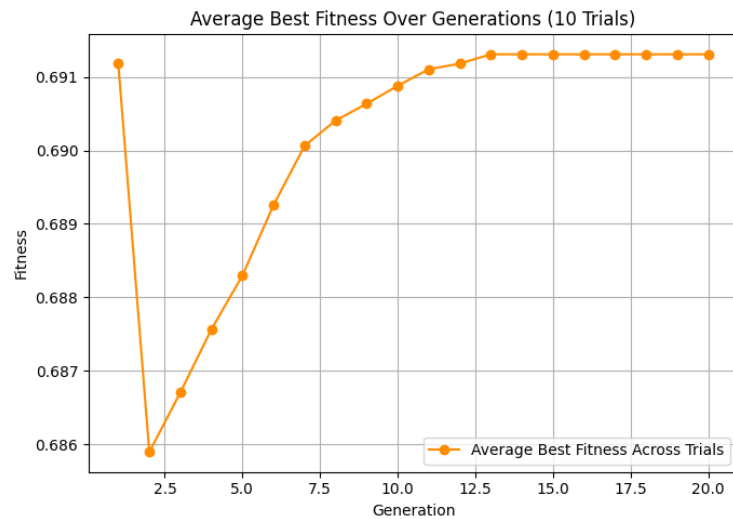


Figure 11: Μέση Καλύτερη Fitness vs Γενιές

#### 5.1.10 10ο Σετ Παραμέτρων

Το σετ 10 χρησιμοποιεί μεγάλο πληθυσμό (200), πολύ χαμηλή διασπαύρωση (0.1) και χαμηλή μετάλλαξη (0.01), αλλά αποδίδει χειρότερα σε σχέση με άλλα σετ που αξιοποιούν υψηλότερη διασπαύρωση. Η μέση καλύτερη καταλληλότητα φτάνει μόλις το 0.6902, χαμηλότερα από το 0.6912 του σετ 9, ενώ η σύγκλιση γίνεται σε 11.6 γενιές κατά μέσο όρο, με μεγαλύτερες διακυμάνσεις. Ταυτόχρονα, ο μέσος αριθμός επιλεγμένων χαρακτηριστικών (14.33) είναι αυξημένος, κάτι που υποδηλώνει λιγότερο συμπαγείς και ενδεχομένως λιγότερο αποδοτικές λύσεις.

Η πολύ χαμηλή διασπαύρωση περιορίζει την ικανότητα του αλγορίθμου να συνδυάζει επωφελή χαρακτηριστικά, γεγονός που επιβραδύνει την αναζήτηση. Αν και η μετάλλαξη διατηρεί μια βασική ποικιλία στο γενετικό υλικό, δεν αρκεί για να αντισταθμίσει την έλλειψη ανασυνδυασμού. Έτσι, η πορεία της καταλληλότητας ξεκινά ψηλά (0.6915), πέφτει απότομα (0.685 στη γενιά 2) και στη συνέχεια βελτιώνεται αργά έως περίπου 0.6905 στη γενιά 14, χωρίς να φτάσει τα επίπεδα των σετ με πιο ισορροπημένες παραμέτρους.

Σε σύγκριση με το σετ 9, το οποίο έχει ίδιο πληθυσμό αλλά πολύ υψηλότερη διασπαύρωση (0.9), το σετ 10 επιτυγχάνει χαμηλότερη καταλληλότητα και κρατά περισσότερα χαρακτηριστικά. Ακόμα και σε σχέση με το σετ 7 (διασπαύρωση 0.6), οι επιδόσεις είναι χειρότερες, επιβεβαιώνοντας τη σημασία μιας μέτριας ή υψηλής διασπαύρωσης. Επιπλέον, υστερεί ακόμα και έναντι μικρότερων σετ όπως το σετ 4, που με υψηλή διασπαύρωση και μικρότερο πληθυσμό επιτυγχάνει καλύτερη ισορροπία.

Συνοψίζοντας, το σετ 10 δείχνει καθαρά ότι η πολύ χαμηλή διασπαύρωση περιορίζει την εξελικτική δυναμική του αλγορίθμου, οδηγώντας σε πιο αργή σύγκλιση, μικρότερη ακρίβεια και λιγότερο συμπαγείς και ερμηνεύσιμες λύσεις χαρακτηριστικών, παρά τον μεγάλο πληθυσμό.

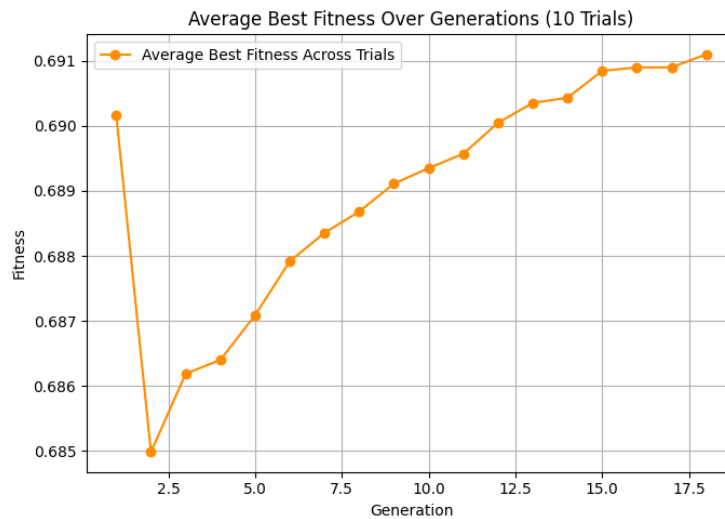


Figure 12: Μέση Καλύτερη Fitness vs Γενιές

## 5.2 Τελική Σύγκριση

Η σύγκριση των 10 σετ παραμέτρων δείχνει ότι η απόδοση του γενετικού αλγορίθμου στην επιλογή χαρακτηριστικών εξαρτάται άμεσα από το μέγεθος του πληθυσμού, την πιθανότητα διασταύρωσης και το ποσοστό μετάλλαξης. Συγκεκριμένα, όταν ο πληθυσμός είναι μεγάλος (όπως 200 άτομα), η εξερεύνηση του χώρου λύσεων είναι πιο εκτενής και οι λύσεις πιο σταθερές και ποιοτικές, ενώ αντίθετα οι μικροί πληθυσμοί περιορίζουν την ποικιλία και ευνοούν την πρόωρη σύγκλιση, μειώνοντας την τελική καταλληλότητα.

Παράλληλα, η διασταύρωση παίζει κρίσιμο ρόλο, αφού τιμές από 0.6 έως 0.9 διευκολύνουν τον ανασυνδυασμό καλών χαρακτηριστικών, επιταχύνοντας τη βελτιστοποίηση και οδηγώντας σε πιο αποδοτικά και συμπαγή σύνολα, ενώ αντίθετα πολύ χαμηλές τιμές (όπως 0.1) επιβραδύνουν την πρόοδο και αφήνουν τον αλγόριθμο να εγκλωβίζεται σε μεγαλύτερες και λιγότερο αποτελεσματικές λύσεις.

Η μετάλλαξη, με τη σειρά της, δρα υποστηρικτικά στη διαδικασία εξερεύνησης, προσφέροντας την απαραίτητη ποικιλότητα για να αποφεύγεται η στασιμότητα, αλλά η επίδρασή της εξαρτάται έντονα από το μέγεθός της: όταν είναι χαμηλή (0.01), επιτυγχάνεται καλή ισορροπία ανάμεσα στη σταθερότητα και τη διαφοροποίηση, οδηγώντας σε κορυφαία αποτελέσματα (όπως στα σετ 7 και 9), ενώ όταν είναι υψηλή (0.1), αν και αυξάνει τη διαφορετικότητα, προκαλεί αστάθεια και καθυστερεί τη σύγκλιση (όπως στο σετ 8). Αντίθετα, η πλήρης απουσία μετάλλαξης μπορεί να αποδώσει μόνο όταν συνδυάζεται με μεγάλο πληθυσμό και επαρκή διασταύρωση, αλλά γενικά περιορίζει την ευελιξία του αλγορίθμου (όπως φάνηκε στο σετ 6).

Το πιο ισορροπημένο σύνολο παραμέτρων εμφανίζεται στο σετ 9, όπου ο συνδυασμός μεγάλου πληθυσμού (200), υψηλής διασταύρωσης (0.9) και χαμηλής μετάλλαξης (0.01) επιτυγχάνει ταυτόχρονα υψηλή καταλληλότητα, γρήγορη σύγκλιση και μικρά, ερμηνεύσιμα σύνολα χαρακτηριστικών. Αντίστοιχα, και το σετ 7 με μέτρια διασταύρωση και την ίδια μετάλλαξη εμφανίζει πολύ καλή συμπεριφορά. Αντίθετα, όλα τα σετ με χαμηλή διασταύρωση (όπως το σετ 10) παρουσιάζουν περιορισμένη απόδοση ανεξαρτήτως πληθυσμού, επιβεβαιώνοντας ότι η σωστή ρύθμιση της διασταύρωσης είναι κρίσιμη.

Τελικά, για να επιτευχθεί μέγιστη απόδοση σε γενετικούς αλγόριθμους επιλογής χαρακτηριστικών,

απαιτείται ένας καλά ισορροπημένος συνδυασμός: μεγάλος πληθυσμός για επαρκή εξερεύνηση, υψηλή ή μέτρια διασταύρωση για αποτελεσματική ανάμιξη χαρακτηριστικών και χαμηλή, αλλά όχι μηδενική, μετάλλαξη για διατήρηση της ποικιλότητας χωρίς να διαταράσσεται η σταθερότητα, αποφεύγοντας ακραίες τιμές που οδηγούν είτε σε πρόωρη στασιμότητα είτε σε απώλεια ποιότητας.

Σετ	Πληθ.	Διαστ.	Μετάλ.	Μ. Κατ.	Μ. Γεν.	Χαρακτ.
1	20	0.6	0.0	0.67	Μέτριες	Υψηλός ( 14+)
2	20	0.6	0.01	Καλύτερη	Μέτριες	Λιγότερα ( 13)
3	20	0.6	0.1	Όμοια	Παρόμοιες	Περισσότερα
4	20	0.9	0.01	Καλή ( 0.69)	Μέτριες	Λιγότερα ( 13)
5	20	0.1	0.01	Χαμηλή ( 0.6866)	Μέτριες	Υψηλός ( 14.2)
6	200	0.6	0.0	Καλή ( 0.6905)	Γρήγορες ( 11.7)	Μέτριος ( 13.1)
7	200	0.6	0.01	Καλύτερη ( 0.6910)	Γρήγορες ( 11.6)	Μέτριος ( 13.1)
8	200	0.6	0.1	Χειρότερη ( 0.6903)	Αργότερες ( 12.4)	Υψηλός ( 15.7)
9	200	0.9	0.01	Καλύτερη ( 0.6912)	Γρήγορες ( 11.8)	Χαμηλός ( 12.6)
10	200	0.1	0.01	Χαμηλή ( 0.6902)	Γρήγορες ( 11.6)	Υψηλός ( 14.3)

Table 2: Συνοπτικός Πίνακας Παραμέτρων

## 6 Αξιολόγηση ΤΝΔ

### 6.1 Σύγκριση Δικτύων Μέρος Α' vs Μέρος Β'

Κατά τη σύγκριση των δύο μοντέλων , του αρχικού ΤΝΔ, το οποίο εκπαιδεύτηκε με όλα τα χαρακτηριστικά, και του βελτιωμένου με GA ΤΝΔ, το οποίο χρησιμοποιεί ένα μειωμένο σύνολο χαρακτηριστικών —, οι μετρικές επικύρωσης και ελέγχου (loss, accuracy, precision, recall, F1 score και ROC AUC) μας επιτρέπουν να αξιολογήσουμε άμεσα τόσο την ικανότητά τους να γενικεύουν, όσο και την επίδραση της επιλογής χαρακτηριστικών, αλλά και το αν υπάρχει πιθανότητα υπερπροσαρμογής στο σετ επικύρωσης. Μια μικρή διαφορά ανάμεσα στην επίδοση στην επικύρωση και σε αυτήν στον έλεγχο υποδηλώνει ότι το μοντέλο έχει γενικεύσει αρκετά καλά, ενώ μια μεγάλη διαφορά μπορεί να υποδηλώνει ότι έχει μάθει το σετ επικύρωσης, αντί να μάθει να αποδίδει αποτελεσματικά σε νέα, αόρατα δεδομένα. Επιπλέον, το overfitting ratio, το οποίο συγκρίνει την πτώση από την επικύρωση στον έλεγχο, προσφέρει έναν απλό και σαφή τρόπο ώστε να μπορούμε να μετρήσουμε το μέγεθος του overfitting και να συγκρίνουμε το φαινόμενο αυτό ανάμεσα στα δύο μοντέλα. Αν το GA-βελτιωμένο νευρωνικό δίκτυο διατηρεί ή βελτιώνει την επίδοσή του χρησιμοποιώντας σημαντικά λιγότερα χαρακτηριστικά, αυτό αποδεικνύει ότι μπορεί να επιτευχθεί αποτελεσματική μείωση διαστατικότητας χωρίς απώλεια προγνωστικής ικανότητας, γεγονός που αντανακλά μία θετική επίδραση της επιλογής χαρακτηριστικών στην απόδοση του δικτύου. Αυτή η σύγκριση, δίνοντας ιδιαίτερη έμφαση στην ακρίβεια, την ανάκληση και το F1 score, έχει μεγάλη σημασία σε ιατρικό περιβάλλον, όπου τόσο τα ψευδώς θετικά όσο και τα ψευδώς αρνητικά μπορούν να έχουν σημαντικές κλινικές συνέπειες. Συνολικά, οι παραπάνω μετρικές παρέχουν μία ολοκληρωμένη εικόνα τόσο της ανθεκτικότητας κάθε μοντέλου όσο και της ικανότητάς τους να αποδίδουν με ακρίβεια σε νέα δεδομένα, ενώ ταυτόχρονα αναδεικνύουν το όφελος της επιλογής χαρακτηριστικών και τον κίνδυνο υπερπροσαρμογής σε κάθε προσέγγιση.

Table 3: Σύγκριση απόδοσης μεταξύ μοντέλου NN (όλα τα χαρακτηριστικά) και μοντέλου GA (επιλεγμένα χαρακτηριστικά)

Metric	NN	GA
Selected Features	32	9
Validation Loss	+0.4518	+0.4430
Validation Accuracy	+0.8343	+0.8488
Validation Precision	+0.7778	+0.7966
Validation Recall	+0.7459	+0.7705
Validation F1 Score	+0.7615	+0.7833
Validation ROC AUC	+0.8144	+0.8312
Test Loss	+0.4628	+0.4579
Test Accuracy	+0.8349	+0.8326
Test Precision	+0.7718	+0.7500
Test Recall	+0.7566	+0.7895
Test F1 Score	+0.7641	+0.7692
Test ROC AUC	+0.8171	+0.8228
Overfitting Ratio (Accuracy)	-0.0007	+0.0192

### 6.1.1 Γενικευτική Ικανότητα

Αν εξετάσουμε την ακρίβεια επικύρωσης και την ακρίβεια ελέγχου και για τα δύο μοντέλα, παρατηρούμε ότι και στα δύο υπάρχει ισχυρή γενίκευση, κάτι που αντικατοπτρίζει άμεσα τον τρόπο υλοποίησης και εκπαίδευσης που ακολουθήθηκε στον κώδικα. Το NN με όλα τα χαρακτηριστικά παρουσιάζει σχεδόν ταυτόσημες τιμές ακρίβειας στην επικύρωση (+0.8343) και στον έλεγχο (+0.8349) και αυτό συμβαίνει γιατί το δίκτυο εκπαιδεύτηκε με όλα τα 32 χαρακτηριστικά και κατάφερε να μάθει τα βασικά μοτίβα των δεδομένων χωρίς να υπερπροσαρμοστεί ή να απομνημονεύσει το σύνολο εκπαίδευσης. Αντίθετα, το μοντέλο που βελτιώθηκε με τη χρήση γενετικού αλγορίθμου και επιλέγει τα πιο σημαντικά χαρακτηριστικά εμφανίζει υψηλότερη ακρίβεια επικύρωσης (+0.8488) σε σχέση με την ακρίβεια ελέγχου (+0.8326).

Η γενικευτική απόδοση και των δύο μοντέλων, όπως φαίνεται από τις ακρίβειες επικύρωσης και δοκιμής, δείχνει πόσο αποτελεσματικά το κάθε δίκτυο εφαρμόζει τα μοτίβα που έμαθε σε άγνωστα δεδομένα, κάτι που σχετίζεται άμεσα με την εκπαίδευσή τους και τη χρήση των χαρακτηριστικών στον κώδικα. Το νευρωνικό δίκτυο που εκπαιδεύτηκε με όλα τα 32 χαρακτηριστικά πετυχαίνει σχεδόν ίδιες ακρίβειες επικύρωσης (0.8343) και δοκιμής (0.8349), αποδεικνύοντας πολύ καλή ικανότητα γενίκευσης. Αυτή η ισορροπημένη απόδοση είναι αναμενόμενη, αφού το δίκτυο χρησιμοποιεί ολόκληρο το σύνολο χαρακτηριστικών, καταφέροντας να αποτυπώσει την πολυπλοκότητα των δεδομένων χωρίς να υπερπροσαρμοστεί ή να υποπροσαρμοστεί. Αντίθετα, το μοντέλο με τον γενετικό αλγόριθμο, που μειώνει τα χαρακτηριστικά από 32 σε 9, εμφανίζει ελαφρώς υψηλότερη ακρίβεια επικύρωσης (0.8488) αλλά λίγο χαμηλότερη ακρίβεια δοκιμής (0.8326). Η μικρή πτώση στην ακρίβεια δοκιμής σε σχέση με την επικύρωση υποδηλώνει ότι το μοντέλο εστιάζει περισσότερο, καθώς επικεντρώνεται στα πιο σημαντικά χαρακτηριστικά, βελτιώνοντας την απόδοση στην επικύρωση αλλά με ελαφρώς μεγαλύτερο κίνδυνο υπερπροσαρμογής στα δεδομένα επικύρωσης, ωστόσο, οι κοντινές τιμές μεταξύ επικύρωσης και δοκιμής αποδεικνύουν ισχυρή γενίκευση.

Table 4: validation accuracy vs test accuracy

Model	Validation Accuracy	Test Accuracy
NN	+0.8343	+0.8349
GA	+0.8488	+0.8326

### 6.1.2 Επίδραση της μείωσης των χαρακτηριστικών

Η βελτίωση που παρατηρείται στα κριτήρια επικύρωσης για το μοντέλο του γενετικού αλγορίθμου με τα επιλεγμένα χαρακτηριστικά συνδέεται άμεσα με τον τρόπο ενσωμάτωσης της διαδικασίας επιλογής χαρακτηριστικών στον κώδικα. Ο γενετικός αλγόριθμος αναζητά επαναληπτικά ένα βέλτιστο υποσύνολο χαρακτηριστικών που μεγιστοποιεί την απόδοση, αφαιρώντας αποτελεσματικά τα περιττά ή θορυβώδη δεδομένα που θα μπορούσαν να μπερδέψουν ή να μειώσουν την ικανότητα μάθησης του τεχνητού νευρωνικού δικτύου. Μειώνοντας τη διάσταση των εισόδων από 32 σε 9 χαρακτηριστικά, το δίκτυο μπορεί να εστιάσει στα πιο πληροφοριακά στοιχεία, απλοποιώντας έτσι το χώρο των υποθέσεων και μειώνοντας τον κίνδυνο υπερπροσαρμογής. Αυτή η απλοποιημένη είσοδος επιτρέπει στο δίκτυο να μάθει πιο ουσιαστικά μοτίβα και να γενικεύσει καλύτερα σε νέα, άγνωστα δεδομένα, όπως φαίνεται από την αυξημένη ακρίβεια επικύρωσης (+0.8488), το F1 score (+0.7833) και το ROC AUC (+0.8312).

Table 5: Σύγκριση απόδοσης με όλα τα χαρακτηριστικά έναντι επιλεγμένων χαρακτηριστικών

	Όλα features	Επιλεγμένα features
Number of Features	32	9
Validation Accuracy	+0.8343	+0.8488
Validation F1 Score	+0.7615	+0.7833
Validation ROC AUC	+0.8144	+0.8312

### 6.1.3 Overfitting στα δεδομένα ελέγχου

Η υπερπροσαρμογή αξιολογείται συγκρίνοντας πόσο καλύτερη απόδοση έχει το μοντέλο στα δεδομένα επικύρωσης σε σχέση με τα δεδομένα δοκιμής, μετρημένη εδώ μέσω του λόγου υπερπροσαρμογής που υπολογίζεται στον κώδικα. Το νευρωνικό δίκτυο με όλα τα χαρακτηριστικά εμφανίζει έναν αρνητικό overfitting ratio (-0.0007), που σημαίνει ότι η ακρίβεια δοκιμής (0.8349) είναι ελαφρώς καλύτερη από την ακρίβεια επικύρωσης (0.8343). Αυτό δείχνει ότι το μοντέλο δεν υπερπροσαρμόζεται, αλλά αντίθετα γενικεύει πολύ καλά, πιθανώς ακόμα και υποπροσαρμόζεται ελαφρώς, κάτι που συμβαίνει επειδή το ANN έχει αρκετή χωρητικότητα να αναπαραστήσει το πρόβλημα χωρίς να "θυμάται" τα δεδομένα επικύρωσης. Αντίθετα, το μοντέλο με τον γενετικό αλγόριθμο παρουσιάζει έναν μικρό θετικό λόγο υπερπροσαρμογής +0.0192, καθώς η ακρίβεια επικύρωσης (0.8488) ξεπερνά την ακρίβεια δοκιμής (0.8326). Αυτή η μικρή υπερπροσαρμογή προκύπτει από τη διαδικασία επιλογής χαρακτηριστικών που πραγματοποιεί ο γενετικός αλγόριθμος, ο οποίος βελτιστοποιεί τα χαρακτηριστικά επιλέγοντας εκείνα που είναι πιο προβλεπτικά για τα σύνολα εκπαίδευσης και επικύρωσης. Περιορίζοντας τον χώρο εισόδου, το μοντέλο προσαρμόζεται καλύτερα στα δεδομένα επικύρωσης, αλλά αυτό μπορεί να προκαλέσει μια μικρή πτώση στην απόδοση δοκιμής όταν αντιμετωπίζει νέα δεδομένα με διαφορετική ποικιλία. Ωστόσο, επειδή ο λόγος παραμένει μικρός, υποδηλώνει ότι το μοντέλο διατηρεί καλή γενίκευση ενώ εστιάζει σε ένα μειωμένο σύνολο χαρακτηριστικών.

Table 6: validation accuracy, test accuracy, and overfitting ratio

Model	Validation Accuracy	Test Accuracy	Overfitting Ratio
NN	+0.8343	+0.8349	-0.0007
GA	+0.8488	+0.8326	+0.0192

## 6.2 Ανάλυση και Αποτελέσματα

**Validation Performance** Το μοντέλο GA υπερτερεί σταθερά σε όλους τους δείκτες επικύρωσης σε σχέση με το μοντέλο NN, με την ακρίβεια επικύρωσης να βελτιώνεται κατά 1,7% (84,88% έναντι 83,43%), τον δείκτη F1 κατά 2,2% και τον δείκτη ROC AUC επίσης κατά 1,7%. Αυτό αποδεικνύει πως η επιλογή των 13 χαρακτηριστικών μέσω του γενετικού αλγορίθμου ενισχύει την ικανότητα του μοντέλου να συλλαμβάνει ουσιαστικά πρότυπα κατά την εκπαίδευση, μειώνοντας το θόρυβο και τις άσχετες πληροφορίες. Η παρατήρηση αυτή συμφωνεί με την προσδοκία ότι η επιλογή χαρακτηριστικών βελτιώνει την αποδοτικότητα της μάθησης και την προγνωστική ισχύ του μοντέλου.

**Test Performance** Στο σύνολο δοκιμών, και τα δύο μοντέλα πετυχαίνουν συγκρίσιμη ακρίβεια, με το μοντέλο NN να φτάνει το 83,49% και το μοντέλο GA το 83,26%, δηλαδή διαφορά μόλις 0,23% υπέρ του μοντέλου με το πλήρες σύνολο χαρακτηριστικών. Η μικρή αυτή μείωση στην ακρίβεια δοκιμών του μοντέλου GA μπορεί να οφείλεται στην επιλογή ενός μικρότερου υποσυνόλου χαρακτηριστικών, που οδηγεί σε μια ελαφρά υπερπροσαρμογή στα δεδομένα επικύρωσης, όπως υποδεικνύει και ο θετικός λόγος υπερπροσαρμογής (+1,92%). Παρόλα αυτά, το μοντέλο GA εμφανίζει βελτίωση στην ανάκληση στο σύνολο δοκιμών (+4,3%) καθώς και μικρή αύξηση στον δείκτη F1 (+0,5%) και στον δείκτη ROC AUC (+0,57%), γεγονός που υποδηλώνει ότι γενικεύει καλά στις θετικές περιπτώσεις, κάτι που είναι ιδιαίτερα σημαντικό σε ιατρικά διαγνωστικά πλαίσια.

**Overfitting Ratio** Το μοντέλο NN παρουσιάζει έναν λόγο υπερπροσαρμογής σχεδόν μηδενικό και ελαφρώς αρνητικό (-0,07%), κάτι που υποδηλώνει γενίκευση χωρίς σημάδια υπερπροσαρμογής. Αντίθετα, το μοντέλο GA εμφανίζει θετικό λόγο υπερπροσαρμογής (+1,92%), που δείχνει μικρή υπερπροσαρμογή στα δεδομένα επικύρωσης. Αυτό πιθανόν οφείλεται στη διαδικασία επιλογής χαρακτηριστικών, η οποία βελτιστοποιεί το μοντέλο ώστε να αποδίδει άριστα στα δεδομένα επικύρωσης, αλλά με ελαφρά μείωση της ανθεκτικότητάς του στα νέα, ανεξάρτητα δεδομένα δοκιμής.

**Model Complexity & Efficiency** Το μοντέλο GA χρησιμοποιεί 73.53% λιγότερα χαρακτηριστικά (από 34 σε 9), γεγονός που οδηγεί σε σημαντική μείωση της πολυπλοκότητάς του και μπορεί να βελτιώσει τόσο την ταχύτητα εξαγωγής αποτελεσμάτων όσο και τη χρήση μνήμης, κάνοντας το πιο αποδοτικό και πιο κατανοητό. Αυτό το πλεονέκτημα έχει μεγάλη σημασία, ιδιαίτερα σε πραγματικά κλινικά περιβάλλοντα, όπου ο μικρότερος αριθμός βιοδεικτών μειώνει το κόστος και απλοποιεί σημαντικά τόσο το έργο της συλλογής δεδομένων όσο και την ανάλυσή τους.

**Αποτελέσματα** Το μοντέλο GA, το οποίο χρησιμοποιεί επιλεγμένα χαρακτηριστικά, έχει καλύτερη απόδοση στην επικύρωση και συγκρίσιμη απόδοση στο test set, χρησιμοποιώντας ταυτόχρονα ένα πιο αποδοτικό σύνολο χαρακτηριστικών, γεγονός που δείχνει ότι η επιλογή χαρακτηριστικών βελτιώνει την ικανότητα μάθησης του μοντέλου και αυξάνει την ακρίβεια επικύρωσης. Αντίθετα, το νευρωνικό δίκτυο, το οποίο χρησιμοποιεί όλα τα χαρακτηριστικά, παρουσιάζει ελαφρώς καλύτερη ακρίβεια δοκιμής και αμελητέα υπερπροσαρμογή, υπογραμμίζοντας την ανθεκτικότητά του και την ικανότητά του να γενικεύσει σε νέα δεδομένα. Με βάση αυτά τα αποτελέσματα, το μοντέλο GA προτιμάται σε πρακτικές εφαρμογές όπου έχει σημασία η μείωση της διαστατικότητας των χαρακτηριστικών,

διατηρώντας ταυτόχρονα υψηλή απόδοση στην επικύρωση, ενώ το νευρωνικό δίκτυο μπορεί να είναι πιο κατάλληλο αν προτεραιότητα αποτελεί η μεγιστοποίηση της ακρίβειας δοκιμής χωρίς κίνδυνο υπερπροσαρμογής.

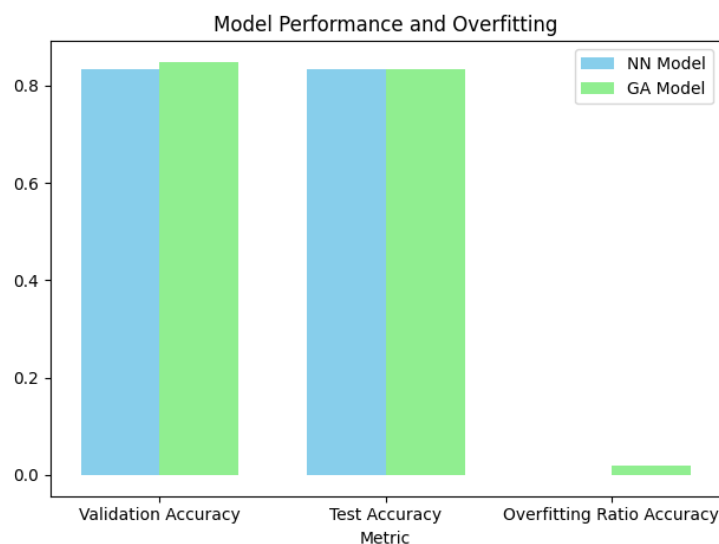


Figure 13: Σύγκριση NN vs GA

### 6.3 Επανεκπαίδευση ΤΝΔ

Ο κύριος στόχος είναι να επανεκπαιδευσουμε και να αξιολογηθεί ένα νευρωνικό δίκτυο (ANN) χρησιμοποιώντας την καλύτερη διαμόρφωση που βρέθηκε από τον γενετικό αλγόριθμο (GA) στο σύνολο δεδομένων alzheimer's disease. Κατά αρχάς, εφαρμόζονται τα χαρακτηριστικά που έχει επιλέξει ο GA και στη συνέχεια, φορτώνονται οι καλύτερες υπερπαραμέτρους, όπως τον αριθμό των κρυφών νευρώνων, το ρυθμό μάθησης, την ορμή και την κανονικοποίηση, προκειμένου να εκπαιδευτεί εκ νέου το νευρωνικό δίκτυο και να αξιολογηθεί η επίδοσή του.

### 6.4 Ανάλυση και Αποτελέσματα

#### 6.4.1 Γενικευτική Ικανότητα

Το επανεκπαιδευμένο μοντέλο, που χρησιμοποιεί τις 9 χαρακτηριστικές μεταβλητές που επέλεξε ο GA, δείχνει ισχυρή ικανότητα γενίκευσης, με ακρίβεια επικύρωσης 84,88% και ακρίβεια δοκιμής 82,33%, παρουσιάζοντας μικρό λόγο υπερπροσαρμογής 3%, που σημαίνει ότι το μοντέλο διατηρεί σταθερή απόδοση σε άγνωστα δεδομένα χωρίς να έχει απλώς απομνημονεύσει το σύνολο εκπαίδευσης. Σε σύγκριση, το NN που εκπαιδεύτηκε με όλα τα 32 χαρακτηριστικά πετυχαίνει ακρίβεια επικύρωσης 83,43% και δοκιμής 83,49%, με σχεδόν μηδενικό λόγο υπερπροσαρμογής -0,07%, υποδεικνύοντας εξαιρετική γενίκευση, όμως επεξεργάζεται περισσότερα από διπλάσια χαρακτηριστικά, κάτι που μπορεί να αυξήσει το χρόνο εκπαίδευσης και τον κίνδυνο υπερπροσαρμογής σε άλλα σύνολα δεδομένων. Το μοντέλο GA με τα επιλεγμένα χαρακτηριστικά, που εκπαιδεύτηκε κατά τη διάρκεια της αναζήτησης από τον GA, παρουσιάζει ακρίβεια επικύρωσης 84,88% και δοκιμής 83,26%, με λόγο υπερπροσαρμογής 1,92%, θέση που βρίσκεται ανάμεσα στα άλλα δύο μοντέλα, αντικατοπτρίζοντας μικρή πτώση



Table 7: NN, GA, και retrained model

Metric	NN	GA	Retrained
Selected Features	32	9	9
Validation Loss	N.A	+0.4374	+0.4374
Validation Accuracy	+0.8343	+0.8488	+0.8488
Validation Precision	+0.7718	+0.7500	+0.8017
Validation Recall	+0.7566	+0.7895	+0.7623
Validation F1 Score	+0.7615	+0.7833	+0.7815
Validation ROC AUC	+0.8144	+0.8312	+0.8293
Test Loss	+0.4628	+0.4579	+0.4445
Test Accuracy	+0.8349	+0.8326	+0.8233
Test Precision	+0.7718	+0.7500	+0.7375
Test Recall	+0.7566	+0.7895	+0.7763
Test F1 Score	+0.7641	+0.7692	+0.7564
Test ROC AUC	+0.8171	+0.8228	+0.8126
Overfitting Ratio	-0.0007	+0.0192	+0.03

απόδοσης από την επικύρωση στη δοκιμή, αλλά εντός λογικών ορίων. Συνολικά, το retrain model επιτυγχάνει ισορροπία μεταξύ μείωσης των χαρακτηριστικών και απόδοσης, με μόλις 2,5% μικρότερη ακρίβεια στη δοκιμή σε σχέση με το πλήρες NN, επιβεβαιώνοντας έτσι την αποτελεσματική γενίκευση με μικρότερη πολυπλοκότητα.

#### 6.4.2 Επίδραση της μείωσης των χαρακτηριστικών

Χρησιμοποιώντας μόνο τα 9 χαρακτηριστικά που επιλέχθηκαν από τον GA, το επανεκπαιδευμένο μοντέλο επιτυγχάνει ισοδύναμα ή καλύτερα αποτελέσματα σε βασικά μετρικά σε σύγκριση με το NN μοντέλο που χρησιμοποιεί όλα τα χαρακτηριστικά. Για παράδειγμα, παρουσιάζει υψηλότερο σκορ F1 στην επικύρωση (78,15% έναντι 76,15%) και ελαφρώς καλύτερο ROC AUC (82,93% έναντι 81,44%). Αυτά τα αποτελέσματα αναδεικνύουν την επιτυχία του GA στην απομόνωση των πιο ενημερωτικών και σχετικών χαρακτηριστικών, αποφεύγοντας έτσι τα πλεονάζοντα δεδομένα. Αυτή η επιλογή απλοποιεί το μοντέλο, αλλά μπορεί επίσης να επιταχύνει τη σύγκλιση κατά την εκπαίδευση και να μειώσει τον κίνδυνο υπερπροσαρμογής που σχετίζεται με τα μη σχετιζόμενα δεδομένα. Με άλλα λόγια, η διαδικασία επιλογής χαρακτηριστικών βελτιώνει την προβλεπτική απόδοση, ενώ ταυτόχρονα αυξάνει την αποδοτικότητα και την ερμηνευσιμότητα περιορίζοντας τον χώρο εισόδου μόνο στις πιο ουσιαστικές μεταβλητές.

#### 6.4.3 Overfitting στα δεδομένα ελέγχου

Ο δείκτης υπερπροσαρμογής, που μετρά τη μείωση της ακρίβειας από το σύνολο επικύρωσης στο σύνολο δοκιμών, είναι υψηλότερος στο retrain model με 3%, ακολουθούμενος από το μοντέλο GA με 1,92%, ενώ για το NN με όλα τα χαρακτηριστικά είναι σχεδόν μηδενικός (-0,07%). Η ελαφρώς αυξημένη υπερπροσαρμογή στο επανεκπαιδευμένο μοντέλο πιθανόν οφείλεται στο γεγονός ότι η εκπαίδευση έγινε σε ολόκληρο το σύνολο εκπαίδευσης χωρίς ξεχωριστό σύνολο επικύρωσης κατά την επανεκπαίδευση, γεγονός που αυξάνει την πιθανότητα το μοντέλο να απομνημονεύσει δείγματα της εκπαίδευσης. Από την άλλη πλευρά, το NN, έχοντας στη διάθεσή του ένα πιο "πλούσιο" και διαφοροποιημένο σύνολο χαρακτηριστικών, μπορεί να γενικεύει καλύτερα, καθώς λαμβάνει περισ-

σότερες πληροφορίες που το βοηθούν να αποφύγει τοπικά ελάχιστα κατά τη βελτιστοποίηση. Παρόλη την αύξηση, ο δείκτης υπερπροσαρμογής στο 3% παραμένει λογικός και υποδηλώνει ότι το επανεκπαιδευμένο μοντέλο διατηρεί καλή ρύθμιση και γενικεύει ικανοποιητικά σε νέα δεδομένα.



Figure 14: Σύγκριση NN vs GA vs Retrained NN

## 7 Συμπεράσματα

Η σύγκριση των τριών νευρωνικών δικτύων δείχνει μια ισορροπία μεταξύ διαστατικότητας χαρακτηριστικών, πολυπλοκότητας μοντέλου και απόδοσης. Το NN μοντέλο με τα 32 χαρακτηριστικά πετυχαίνει υψηλή ακρίβεια στο τεστ (83,49%) και χαμηλό δείκτη υπερπροσαρμογής (-0,07%), που δείχνει εξαιρετική γενίκευση, αλλά με αυξημένες υπολογιστικές απαιτήσεις και κίνδυνο υπερπροσαρμογής σε άλλα δεδομένα. Το GA μοντέλο με 9 επιλεγμένα χαρακτηριστικά έχει παρόμοια απόδοση σε επικύρωση και τεστ, με καλύτερη ανάκληση και F1, αποδεικνύοντας ότι η επιλογή χαρακτηριστικών μειώνει το μέγεθος εισόδου χωρίς απώλεια ακρίβειας, με μέτριο δείκτη υπερπροσαρμογής (1,92%). Το επανεκπαιδευμένο μοντέλο, με τα χαρακτηριστικά του GA και όλο το εκπαιδευτικό σύνολο, δείχνει ανταγωνιστικά μετρικά επικύρωσης, βελτιωμένη ακρίβεια επικύρωσης (80,17%), ενώ η ακρίβεια στο τεστ είναι ελαφρώς χαμηλότερη (82,33%) και ο δείκτης υπερπροσαρμογής λίγο υψηλότερος (3%), αλλά εντός αποδεκτών ορίων. Συνολικά, η επιλογή χαρακτηριστικών από τον GA επιτρέπει απλούστερα μοντέλα χωρίς σημαντική απώλεια ακρίβειας και η επανεκπαίδευση προσφέρει αποδοτικό και αξιόπιστο μοντέλο, ιδανικό όταν χρειάζεται μείωση πολυπλοκότητας με διατήρηση απόδοσης.