

**T.C.
SÜLEYMAN DEMİREL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**EĞRİ UYDURMA PROBLEMLERİNE MELEZ ALGORİTMA
YAKLAŞIMI**

Yusuf KARADEDE

**Danışman
Yrd. Doç. Dr. Gültekin ÖZDEMİR**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ
ENDÜSTRİ MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI
ISPARTA - 2014**

© 2014 [Yusuf KARADEDE]

TEZ ONAYI

Yusuf KARADEDE tarafından hazırlanan "**Eğri Uydurma Problemlerine Melez Algoritma Yaklaşımı**" adlı tez çalışması aşağıdaki jüri üyeleri önünde Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü **Endüstri Mühendisliği Anabilim Dalı**'nda **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak başarı ile savunulmuştur.

Danışman

Yrd. Doç. Dr. Gültekin ÖZDEMİR
Süleyman Demirel Üniversitesi

Jüri Üyesi

Yrd. Doç. Dr. Halil İbrahim KORUCA
Süleyman Demirel Üniversitesi

Jüri Üyesi

Yrd. Doç. Dr. Erdal AYDEMİR
Süleyman Demirel Üniversitesi



Enstitü Müdürü

Doç. Dr. Ahmet ŞAHİNER

TAAHHÜTNAME

Bu tezin akademik ve etik kurallara uygun olarak yazıldığını ve kullanılan tüm literatür bilgilerinin referans gösterilerek tezde yer aldığını beyan ederim.

Yusuf KARADEDE

İÇİNDEKİLER

	Sayfa
İÇİNDEKİLER.....	i
ÖZET	iii
ABSTRACT	iv
TEŞEKKÜR.....	v
ŞEKİLLER DİZİNİ	vi
ÇİZELGELER DİZİNİ	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ.....	viii
1. GİRİŞ.....	1
2. LİTERATÜR ARAŞTIRMASI	5
3. EĞRİ UYDURMA.....	11
3.1. En Küçük Kareler Yöntemi.....	13
3.1.1. Doğrusal regresyon	13
3.1.2. Üslü fonksiyonlar.....	16
3.1.3. Üstel (e^x) fonksiyonlar.....	18
3.1.4. Polinom regresyon	19
3.2. En Küçük Medyan Kareler Yöntemi.....	21
4. GENETİK ALGORİTMALAR.....	24
4.1. Genetik Algoritmanın Temelleri	24
4.2. Genetik Algoritmanın İşleyişi.....	26
4.3. İkili Kodlu Genetik Algoritmalar	29
4.3.1. Kodlama.....	29
4.3.2. Başlangıç popülasyonu oluşturma süreci.....	30
4.3.3. Uygunluk değeri	30
4.3.4. Seçim yöntemi.....	31
4.3.4.1. Rulet tekerlek seçimi.....	33
4.3.4.2. Deterministik örnekleme.....	33
4.3.4.3. Kalanlı stokastik örnekleme	33
4.3.4.4. Yer değiştirme ile stokastik artan seçimi	34
4.3.4.5. Yerine koymadan stokastik örnekleme.....	34
4.3.4.6. Stokastik evrensel seçim.....	35
4.3.4.7. Doğrusal sıralama seçimi.....	35
4.3.4.8. Kesme seçimi.....	35
4.3.4.9. Turnuva seçimi	36
4.3.4.10. Aralık seçimi.....	37
4.3.4.11. Genetik ilişki tabanlı seçim.....	37
4.3.5. Çaprazlama	39
4.3.5.1 Tek nokta çaprazlama	39
4.3.5.2 İki nokta çaprazlama	40
4.3.5.3 Düzgün çaprazlama.....	41
4.3.6. Mutasyon.....	41
4.4. Gerçek Kodlu Genetik Algoritmalar	43
4.4.1. Parametrelerin kodlanması ve amaç fonksiyonu	44
4.4.2. Başlangıç popülasyonu ve uygunluk değeri hesaplama.....	45
4.4.3. Seçim	46
4.4.4. Eşleştirme	46
4.4.5. Çaprazlama	46

4.4.5.1. Düz çaprazlama	46
4.4.5.2. Basit çaprazlama	47
4.4.5.3. Aritmetik çaprazlama	47
4.4.5.4. BLX- α çaprazlama	47
4.4.5.5. Doğrusal çaprazlama	48
4.4.5.6. Ayırık çaprazlama	48
4.4.5.7. Genişletilmiş doğrusal çaprazlama	49
4.4.5.8. Genişletilmiş ara çaprazlama	50
4.4.5.9. Bulanık çaprazlama	51
4.4.5.10. Wright sezgisel çaprazlaması	52
4.4.5.11. Doğrusal BGA çaprazlama	52
4.4.6. Mutasyon	52
4.4.6.1. Ayırık mutasyon	53
4.4.6.2. Sürekli mutasyon	54
4.5. Genetik Algoritmanın Diğer Algoritmalarından Farkları	55
5. TAVLAMA BENZETİMİ	57
6. MELEZ ALGORİTMA	61
7. TEST PROBLEMLERİ	67
7.1. Doğrusal Test Problemi	67
7.2. Doğrusal Olmayan Test Problemi	75
8. SONUÇ VE TARTIŞMA	85
KAYNAKLAR	88
ÖZGEÇMİŞ	96

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

EĞRİ UYDURMA PROBLEMLERİNE MELEZ ALGORİTMA YAKLAŞIMI

Yusuf KARADEDE

Süleyman Demirel Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Endüstri Mühendisliği Anabilim Dalı

Danışman: Yrd. Doç. Dr. Gültekin ÖZDEMİR

Bu tez çalışmasında en küçük medyan kareler metodu (EKMK) ile en küçük kareler (EKK) metodunun eğri uydurma gücü ile gerçek değerli genetik algoritma (GDGA) ve bir melez algoritmanın (GDGA_TB) araştırma gücü birleştirilerek elde edilen modelin doğrusal ve doğrusal olmayan iki denklem üzerinde sonuçları incelenmiştir.

Modelin arka yüzünde breeder genetik algoritma (BGA) ve tavlama benzetimi (TB) çalışmaktadır. İlk örnek verileri direk olarak Karr vd. (1991)'in çalışmasından alınarak EKK ve EKMK tabanlı çalışan GDGA ve GDGA_TB melez algoritma doğrusal bir denkleme uygulanmıştır. İkinci örnek ise oldukça hata oranı içeren rastgele üretilen red noise veri kümesi ile doğrusal olmayan test problemi üzerine uygulanmıştır.

İlk test problemi için EKMK tabanlı GDGA ve GDGA_TB algoritmalarının sonuçlarının EKK'ler metodundan elde edilen sonuçlardan çok daha iyi olduğu saptanmıştır. Benzer şekilde ikinci test problemi için modelin arka yüzünde rastgele üretilen hata oranı yüksek verilerden dolayı EKK ve EKMK tabanlı melez algoritmanın performansında değişkenlik arz ettiği tespit edilmiştir.

Özellikle EKMK metodunun veri kümesinin %50'den fazla sapan değer içerdiği durumlarda en küçük kareler yöntemine göre daha iyi sonuç vermediği tablolar halinde gösterilmiştir. Çünkü modelde % 50'den fazla sapan değer içeren rastgele veriler üretilmiştir. Bunun da modelin hem EKK hem de EKMK açısından performansını etkilediği tespit edilmiştir.

Küreselleşen dünyanın problemlerine bakıldığında, eldeki işletme verileri ne kadar hata oranı içerirse içersin küçük hata oranı ile hızlı cevap veren algoritmayı içerisinde barındıran model(ler)e ihtiyaç olduğudur. Melez algoritma (GDGA_TB) bu özelliği içerisinde barındıran bir modeldir.

Anahtar Kelimeler: Eğri Uydurma, En Küçük Kareler, En Küçük Medyan Kareler, Gerçek Değerli Genetik Algoritma, Tavlama Benzetimi

ABSTRACT

M.Sc. Thesis

A HYBRID ALGORITHM APPROACH TO CURVE FITTING PROBLEMS

Yusuf KARADEDE

**Süleyman Demirel University
Graduate School of Applied and Natural Sciences
Department of Industrial Engineer**

Supervisor: Asst. Prof. Dr. Gültekin ÖZDEMİR

In this thesis, the least median squares method (LMS) and least squares (LS) of the method of curve fitting with the power of real-valued genetic algorithm (GDG) and hybrid algorithm (GDGA_TB) are studied for linear and non-linear models of two equations and results are listed in the form of tables and graphs.

In the background of the model, a breeder genetic algorithm (BGA) and a simulated annealing (TB) are working. The first sample data are taken from Karr et al. (1991) and are applied to a linear equation based on the GDGA and GDGA_TB hybrid algorithm using LS and LMS. The second example is applied to randomly generated data set that includes non-linearity with quite red noise.

It is observed that GDGA_TB and GDGA algorithms based on LMS gave much better results than the results obtained from LS method for the first test problem. Similarly, the performance of the LMS and LS based hybrid algorithm for the second test problem has been identified highly variable due to randomly generated data with a high error rate.

In particular, it is shown that the method of LS gives better results for the data set contains more than 50% outliers than the method of LMS with tables. Because, the data which contain more than 50% outliers are generated randomly. This influences the performance of the model in terms of both LMS and LS.

It is necessary to have models which will react very fast and with a small error rate to the real life problems of the globalized world of business. The hybrid algorithm (GDGA_TB) is a model that has this feature.

Keywords: Curve Fitting, Least Squares, Least Median Squares, Real Valued Genetic Algorithm, Simulated Annealing

2014, 96 pages

TEŞEKKÜR

Bu araştırma sürecinde kıymetli bilgi ve tecrübesini benimle paylaşan, çalışma süreci boyunca araştırma ortamı hazırlayan, her türlü ilgi ve desteğini esirgemeyen, yönlendiren, karşılaştığım zorlukları aşmamda yardımcı olan Danışman Hocam Sayın Yrd. Doç. Dr. Gültekin ÖZDEMİR'e teşekkür ve saygılarımı sunarım.

Yüksek lisans eğitimim boyunca dolaylı ve dolaysız yardımlarını gördüğüm kıymetli Hocam Yrd. Doç. Dr. Halil İbrahim KORUCA'ya teşekkür ederim. Araştırmanın yürütülmesinde yardımlarından ve fikirlerinden yararlandığım değerli Hocam Yrd. Doç. Dr. Erdal AYDEMİR'e teşekkür ederim.

Tez projemin TÜBİTAK'a başvuru esnasında sisteme yüklenmesinde yardımcı olan Arş. Gör. M. Onur OLGUN'a ayrıca teşekkür ederim. Tez çalışmam sürecinde güler yüzlülüğünü esirgemeyen ve gerekli çalışma şartlarını sağlayan Endüstri Mühendisliği Bölümü Sekreteri Çetin İPEK'e teşekkür ederim.

Araştırmanın yürütülmesinde maddi ve manevi yardımlarını gördüğüm Isparta halkına ve kıymetli arkadaşlarıma çok teşekkür ederim.

Tezimin gerçekleşmesinde bugüne kadar kendilerinden ders aldığım bütün hocalarıma sevgi ve saygılarımı sunarım.

3626-YL1-13 No'lu Proje ile tezimi maddi olarak destekleyen Süleyman Demirel Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Yönetim Birimi Başkanlığı'na ve projemizin takibini yapmış personeline teşekkür ederim.

Tezimin gerçekleşmesinde **"2210-C Yurt İçi Öncelikli Alanlara Yönelik Yüksek Lisans Tez Teşvik Bursu"** programı kapsamında maddi destek sağlayan Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu'na (TÜBİTAK) ve projemizin takibini yapmış personeline teşekkür ederim.

Tezimin her aşamasında maddi ve manevi yardımlarını esirgemeyen beni yalnız bırakmayan Aileme sonsuz sevgi ve saygılarımı sunarım.

Yusuf KARADEDE
ISPARTA, 2014

ŞEKİLLER DİZİNİ

	Sayfa
Şekil 3.1. EKK yöntemiyle regresyon model tahmin grafiği.....	14
Şekil 3.2. Üslü fonksiyon grafiği	18
Şekil 4.1. Genetik algoritma akış şeması.....	28
Şekil 4.2. A-kromozomu	39
Şekil 4.3. B-kromozomu	39
Şekil 4.4. C-kromozomu	40
Şekil 4.5. D-kromozomu	40
Şekil 4.6. E-kromozomu	40
Şekil 4.7. F-kromozomu	40
Şekil 4.8. G-kromozomu	40
Şekil 4.9. H-kromozomu.....	40
Şekil 4.10. Düzgün çaprazlama.....	41
Şekil 4.11. Mutasyon türleri.....	43
Şekil 4.12. Ayrık çaprazlama	49
Şekil 4.13. Genişletilmiş doğrusal çağrazlama	50
Şekil 4.14. Genişletilmiş ara çağrazlama	50
Şekil 4.15. Bulanık operatörü.....	51
Şekil 5.1. Tavlama benzetimi akış şeması	60
Şekil 6.1. Melez algoritma akış şeması	63
Şekil 7.1. Doğrusal denklemin GDGA ile EKK hata grafiği.....	69
Şekil 7.2. Doğrusal denklemin GDGA_TB ile EKK hata grafiği	71
Şekil 7.3. Doğrusal denklemin GDGA ile EKKM hata grafiği.....	72
Şekil 7.4. Doğrusal denklemin GDGA_TB ile EKKM hata grafiği	74
Şekil 7.5. Doğrusal olmayan denklemin GDGA ile EKK hata grafiği	77
Şekil 7.6. Doğrusal olmayan denklemin GDGA_TB ile EKK hata grafiği.....	79
Şekil 7.7. Doğrusal olmayan denklemin GDGA ile EKKM hata grafiği	81
Şekil 7.8. Doğrusal olmayan denklemin GDGA_TB ile EKKM hata grafiği.....	83
Şekil 8.1. Doğrusal olmayan denklemin GDGA'nın EKK ve EKKM ile farklı iterasyonlardaki Log10 hata grafiği	86
Şekil 8.2. Doğrusal olmayan denklemin GDGA_TB'nin EKK ve EKKM ile farklı iterasyonlardaki Log10 hata grafiği	86

ÇİZELGELER DİZİNİ

	Sayfa
Çizelge 3.1. Telin sıcaklık ve direnç değerleri	13
Çizelge 3.2. Üslü fonksiyon için rastgele veriler grafiği	17
Çizelge 4.1. Bulanık operatörü.....	51
Çizelge 6.1. Gerçek değerli genetik algoritmada kullanılan parametre değerleri	62
Çizelge 6.2. Tavlama benzetiminde kullanılan parametre değerleri.....	64
Çizelge 6.3. Breeder genetik algoritma pseudo kodu	66
Çizelge 7.1. X verilerine karşılık gelen gerçek Y değerleri.....	67
Çizelge 7.2. Doğrusal denklemin GDGA ile EKK hataları	68
Çizelge 7.3. Doğrusal denklemin GDGA_TB ile EKK hataları.....	68
Çizelge 7.4. Doğrusal denklemin GDGA ile EKMK hataları	72
Çizelge 7.5. Doğrusal denklemin GDGA_TB ile EKMK hatalar	73
Çizelge 7.6. İlk test problemi için sonuçların karşılaştırılması	74
Çizelge 7.7. Doğrusal olmayan denklemin GDGA ile EKK hatalar	77
Çizelge 7.8. Doğrusal olmayan denklemin GDGA_TB ile EKK hatalar	78
Çizelge 7.9. Doğrusal olmayan denklemin GDGA ile EKMK hatalar	80
Çizelge 7.10. Doğrusal olmayan denklemin GDGA_TB ile EKMK hatalar	82
Çizelge 7.11. İkinci test problemi için sonuçların karşılaştırılması	84

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

A	Alt sınır
BGA	Bredeer genetik algoritma
DeltaE	Enerji farkı
e	Hata
E	Hataların kareleri toplamı
EA	Evrimsel algoritma
EIR	Genişletilmiş ara çaprazlama
EKK	En küçük kareler
EKMK	En küçük medyan kareler
F	Her döngü için sıcaklık azaltım miktarı
FR	Bulanık çaprazlama
GA	Genetik algoritma
GDGA	Gerçek değerli genetik algoritma
GDGA_TB	Melez algoritma
IR	Ara çaprazlama
k _B	Bozaltman sabiti
m	Her sıcaklıkta üreticek komşu çözüm sayısı
m _j	Bit uzunluğu
n	Eleman sayısı
na	Kabul edilen çözüm sayısı
N	Populasyon büyüklüğü
N	Tavlama benzetiminde döngü sayısı
N _{par}	Parametre sayısı
MARS	Çok değişkenli uygulanabilir regresyon eğrileri
p	Tavlama benzetiminde kabul fonksiyonu değeri
p _i	Bireyin seçilme olasılığı
Pf	Optimizasyon sonunda kötü çözümleri kabul etme olasılığı
Ps	Başlangıçta kötü çözümleri kabul etme olasılığı
r	[0,1] aralığında rastgele bir sayı
range	Mutasyon aralığı
T	Sıcaklık
TB	Tavlama benzetimi
Ü	Üst sınır
z	Oğul
Δ	Fark
x _j	Değişken
∂E	Kareler toplamının türevi

1. GİRİŞ

Eğri uydurma, herhangi bir veri grubu üzerinde daha net yorum yapabilmek, sistemi görselleştirme yolu ile veri grubunu anlamlı kılmak ve bu sistemin tahmin değerlerinin gerçek değerlerden minimum ne kadar saptığını gösteren uygun fonksiyonu bulmak olarak ifade edilebilir. Bu uygun fonksiyon ile sistemin ne düzeyde temsil edildiği sorusuna cevap bulunabilir.

Eğri uydurma problemleri yaklaşık üç yüz yıl önce ortaya çıkmasına rağmen (Angeline, 1996) genel bir uygulamaya sahip bir yöntem hala bulunamamıştır. Bu, kısmen problem alanlarının çeşitliliğinden dolayı, kısmen de problem alanlarının kapsamının geniş olması nedeniyle sadece problemin bir kısmını ele alan çeşitli yaklaşımların hesaplama sınırlamalarından kaynaklanmaktadır (Gulsen ve Smith, 1999). Problem alanlarının çeşitliliği, beraberinde problemlere özgü tekniklerin gelişmesine yol açtığı söylenebilir.

Eğri uydurma problemlerine genel düzeyde işlem görecektir bir sistemin geliştirilememesi, araştırmacıları bu konu üzerinde sürekli çalışmaya sevk etmiştir. Özellikle karmaşık ve zor problemlerin çözümünde En Küçük Kareler (EKK) ve En Küçük Medyan Kareler (EKMK) gibi dayanıklı yöntemlerin geliştirilmesi ve bu metotlara paralel tahmincilerin geliştirilmesi bu sorunu ortadan kaldıramamıştır. Tahmincilerin dayanıklılık özelliği geliştirilmesine rağmen, bazı kısıtlamalara/dezavantajlara sahip olduğu ve bu sınırlamaları azaltabilecek şekilde araştırmacılar bu dayanıklı yöntemlerle özellikle karmaşık ve girdi değişkeni fazla olan problemleri çözmek için, araştırma gücü yüksek olan sezgisel algoritmalar ile bu dayanıklı yöntemleri birleştirmişlerdir. Böylece, büyük veri kümesi ile birlikte büyük boyuttaki problemleri kısa süre içerisinde temsil edebilen ve belirli bir hata oranı ile çalışan modeller (tahmin denklemleri) kurmuşlardır. Bu nedendir ki pek çok gerçek dünya probleminin değerlendirilmesi, uzun zaman alan maliyet fonksiyonları ile çok sayıda karmaşık modellere sahiptir (Haupt ve Haupt, 2004). Bu karmaşıklık, bünyesinde üstün bir algoritma barındıran uygun modeller ile çözülebilir ve analiz edilebilir. Literatür incelendiğinde, sistemi deneysel veriler ile temsil eden bu modelleri oluşturabilen birçok algoritma geliştirildiği görülmektedir. Bu

algoritmalar problemlere kısmen cevap vermiş olsa da yüksek boyuta sahip problemleri çözmede genel bir çerçeveye sahip bir algoritma kurulamamıştır. Bu boşluğu daraltabilmek için araştırmacılar karmaşık ve zor problemlerin çözümüne, süregelen alternatif yöntemler geliştirmişlerdir. Bu karmaşık ve zor bir yapıya sahip problemlerin olması (yani problem boyutunun büyük olması ve analitik olarak ifade edilememesi) çözümlerin bilgisayar ortamında iterasyonlar yolu ile çözüm uzayının uygun bölgelerini hızlıca tarayan ve kısmen tatmin edici sonuçlar elde eden sezgisel algoritmalar öne sürmüşlerdir. Bu sezgisel algoritmalar evrimsel algoritma (EA), genetik algoritma (GA) ve tavlama benzetimi (TB) gibi stokastik optimizasyon tekniklerinin gelişimine büyük bir miktarda çaba ayrıldığı ve geliştirilen metotların bazılarının çeşitli gerçek dünya problemlerine başarılı bir şekilde uygulandığı görülmektedir (Yao ve Liu, 1999; Im vd., 2003).

Bir problem NP-zor sınıfında ise, bu problem erişilemez (intractable), zor, yani en iyi çözümü makul zamanlarda elde edilemez (İnternet 2,2014). Üstel olarak artan çözüm zamanına sahip NP-zor (non-deterministic polynomial) sınıfı problemler için karar değişkeni sayısı arttıkça optimum çözüme ulaşılması çok zaman almakta, hatta imkansız olabilmektedir (Ünsal, 2013). Bu nedenle NP-zor sınıfına ait problemleri çözmek için evrimsel optimizasyon teknikleri iyi yaklaşım metotları sağlar (Blum ve Roli, 2003; Alba Torres ve Khuri, 2004). Geleneksel optimizasyon teknikleri bazı kısıtlamalara sahip olmasına rağmen, tavlama benzetimi (TB), genetik algoritma (GA) ve evrimsel algoritma (EA) gibi stokastik optimizasyon teknikleri, amaç fonksiyonlarının karakterleri üzerinde kısıtlamalar koymadan yakın global optimal çözümleri bulma yeteneğinden dolayı, pek çok araştırmacının dikkatini üzerine çekmektedir. Dahası, geleneksel optimizasyon teknikleri çözüme ulaşmada ciddi hesaplama gücü ve genel itibarıyla çok uzun zaman almaktadır (Zhang vd., 2006).

Eğri uydurma konusunda yapılan çalışmalar genel bir çerçevede incelendiğinde, en küçük kareler metodu tabanlı basit genetik algoritma ile eğri uydurma işleminin yaygın çalışıldığı görülmektedir. Eğri uydurmanın pek çok alanda kullanılabilirliği yeteneğinden dolayı her türlü probleme kısa sürede model uyduracak bir tekniğin ya da algoritmanın kesin ve net yorumlar yapabilecek

şekilde geliştirilememesinden dolayı, bu konunun hep araştırma konusu olduğu önceki çalışmalardan anlaşılmaktadır. Bu nedenle araştırmacılar hızla gelişen dünyamızın gerçek problemlerine daha hızlı yanıt verebilmek için verileri belirli bir hata oranı ile görselleştiren modeller kurmak için pek çok algoritma geliştirmişlerdir. Bu nedenle eğri uydurma gücü yüksek dayanıklı tahminleyici yöntemler ile birlikte bu yöntemleri hızlı çalıştırabilecek ve arama uzayını kısa sürede araştırabilecek yeni yöntemlerin oluşturulmasına zemin hazırlamıştır. Ayrıca, oluşturulan her yöntem literatürde önce çalışılmış örnekler üzerinde denenmiş ve gerçek gündelik problemlere uygulanmışlardır. Nitekim, geliştirilen bu yöntemlerin literatüre büyük bir katkı sağladığı ve yapılacak çalışmalara önemli bir hazırlık aşaması oluşturulduğu açıkça görülmektedir.

Problem karmaşıklığı (değişken sayısı, veri sayısı büyüklüğü, veri türü gibi...) arttığında bu oluşturulan algoritmaların önemli bazı test fonksiyonları üzerinde sağlıklı sonuçlar vermediği ve iyi sonuçlar üreten algoritmaların varlığına hala ihtiyaç olduğunu göstermektedir. Her kurulan algoritmanın hem problemin çözüm süresinin hem de hata oranının azaltılması açısından literatüre büyük oranda katkı sağlayacağı açıktır. Bu nedendir ki, eğri uydurma konusu araştırma konusu olma üstünlüğünü yitirmemiş ve üç yüz yıllık bir geçmişi olmasına rağmen (Angeline,1996), araştırma konusu olarak yerini korumuştur. Bu süreç içerisinde gün geçtikçe uygun modellere yaklaşıldığı önceden gerçekleştirilmiş çalışmalardan ve test fonksiyonları üzerindeki uygulamalardan görülmektedir. Böylece kurulan modellerin veri gruplarını sistemleştirmesi bakımından değerlendirme şartlarının oluşturulması, araştırmacıya daha şeffaf yorum yapması ve sağlıklı tahminde bulunması imkanı sağlayacaktır. Bu nedenle, doğrusal olmayan fonksiyonların ve karmaşık fonksiyonların çözümünü hızlıca gerçekleştirebilecek algoritmayı bünyesinde çalıştırabilen modelin kurulması şu anda eğri uydurma problemleri için önemli bir basamak/aşama olarak görülmektedir. Şimdiye kadar genel bir sistem mekanizmasının kurulamamış olması sürecin zorluğunu ortaya koymaktadır. Model oluşum sürecinde faydanılacak en küçük kareler ve en küçük medyan kareler metotları eğri uydurma problemleri için dayanıklı yöntemler olmasına rağmen verileri tam olarak temsil etmedikleri yani, bazı sınırlamalara sahip

oldukları önceki çalışmaların yoğun vurgusundan anlaşılmaktadır. Bu nedenle en küçük kareler ve en küçük medyan kareler metotlarının eğri uydurma gücü ile gerçek değerli genetik algoritma ve tavlama benzetiminden oluşan melez algoritmanın araştırma gücü birleştirilerek bu sınırlamaların kısmen azaltılabileceği düşünülmektedir.

Bu sınırlamaları kısmen bertaraf edecek melez algoritmanın üstünlüğü bundan önce çalışılmış (Friedman 1988; Karr vd., 1991; Rogers 1991; Gulsen vd., 1995) olan doğrusal ve doğrusal olmayan iki örnek üzerinde test etmek ve melez algoritmanın çok yönlülüğünü göstermektir.

Bu tez çalışmasının amacı; eğri uydurma metotlarında en küçük kareler yerine daha güçlü/dayanıklı bir metot olan en küçük medyan kareler yöntemi tabanlı bir melez algoritma (Gerçek Değerli Genetik Algoritma ve Tavlama Benzetimi) geliştirmektir. En küçük kareler ve en küçük medyan kareler tabanlı çalışan melez algoritmanın doğrusal ve doğrusal olmayan denklemler üzerindeki performansı incelenecektir. Melez algoritmanın içerisinde barındırdığı gerçek değerli genetik algoritma ve tavlama benzetimi algoritmalarının işleme sürecini oluşturan operatörlerin işleyiş mekanizmasında değişikliğe gidilerek daha iyi bir model kurulacağı beklenmektedir.

2. LİTERATÜR ARAŞTIRMASI

Eğri uydurma konusu pek çok alanda uygulama bulması ve bu alanlara özgü karakteristik yapıların olması, araştırmacıları farklı düşünmeye yönlendirmiştir. Özellikle, karmaşık ve zor problemlerin çözümünde analitik algının oluşmaması, süreksiz yapıya sahip noktalar bünyesinde barındıran ve türev bilgisi isteyen amaç fonksiyonların çözüm zorluğu nedeni ile araştırma gücü yüksek sezgisel algoritmalar kullanılmışlardır. Çünkü, sezgisel algoritmalar için fonksiyonda süreksiz noktaların olması ya da ekstra bilgi isteyen özelliklerin olması önemli değildir. Uygun çözümü bulabilen algoritmaların varlığı, çeşitli alanlardaki gerçek dünya problemlerinin çözümüne daha hızlı olanak sağlamakta ve bu alanların işleyiş mekanizmasını kolaylaştırmaktadır. Bu nedenle kısa sürede en uygun modelleri oluşturabilen birçok algoritma ortaya atılmıştır. Eğri uydurma ile ilgili yapılan çalışmalar incelendiğinde; arama gücü yüksek melez sezgisel algoritmaların az olduğu görülmektedir. Sezgisel algoritmalar, bir başlangıç çözüm(ü) uzayı ile başlamaktadır. Bu nedenle başlangıç çözümünün nasıl kodlanacağı, hangi başlangıç çözümü ile başlatılacağı, seçim yönteminin hangi yöntemle yapılacağı, çaprazlama ve mutasyon işleyişinde kullanılacak tekniklerin Gerçek Değerli Genetik Algoritma (GDGA) ve Tavlama Benzetiminin (TB) başarımını önemli ölçüde etkileyeceği genelde önceki çalışmalardan bilinen bir olgudur.

Eğri uydurma problemlerini çözmek için sezgisel algoritmaların kullanılması ve kullanılmaması ile ilgili literatürde çalışılmış birkaç örnek çalışma aşağıda verilmiştir.

Friedman (1988) çalışmasında, çok değişkenli uygulanabilir regresyon eğrileri, Multivariate Adaptive Regression Spline (MARS), algoritmasını geliştirmiştir. Bu algoritma iki aşamadan oluşmaktadır. İlk aşamada ileri doğru adım algoritması ile elde edilen model, beklenilenden karmaşık olduğu için ikinci aşamada geriye doğru adım algoritması ile modelde yer alan temel fonksiyonlar (basis function) elenerek optimum modele ulaşılmaktadır. MARS algoritması ile 1000 örneklem verisi ile 20 girdi değişkeni büyüklüğüyle etkili olduğunu kanıtlamıştır.

Karr vd. (1991) yaptıkları çalışmalarında, genetik algoritma ile verilere en küçük kareler tahminleyicisi ile eğri uydurmak için üç tane örnek vermişlerdir. İlki, seçilen altı veri noktasına doğrusal bir eğri uydurulmuş olması, ikincisi Stanley vd. (1985)'nin atık su çamurlarını susuzlaştırmak için gerekli polimer miktarını temsil eden doğrusal denklemi kendi deneme-yanılma yöntemiyle çözmüş olmalarıdır. Karr ve arkadaşları aynı verileri kullanarak kendi genetik algoritmalarına uygulamışlardır. Stanley ve Scheiner (1986)'in fosfatlı çamur atıklarını susuzlaştırmak ve akışmazlık bileşenlerini tahmin etmek için oldukça doğrusal olmayan bir denklem olan Re-Eyring denklemini kendi metotları ile eğriyi 12,55 hata ile hesap etmişlerdir. Karr ve arkadaşları aynı verilere en küçük kareler yöntemiyle genetik algoritma uygulayarak eğriyi 1,57 hata ile hesap etmişlerdir. Böylece genetik algoritmanın yakın optimal çözüme hızlıca yaklaştığını ve en küçük kareler yöntemi ile eğri uydurma problemlerine kolaylıkla uygulanabileceğini göstermişlerdir.

Rogers (1991) çalışmasında, G/SPLINES algoritmasını tanıtmıştır. Bu algoritma Friedman (1988) tarafından geliştirilen çok değişkenli uyarlanabilir regresyon eğrileri (MARS) algoritması ile Holland'ın (1975) genetik algoritmasının birleşiminden oluşan bir melez algoritmadır. Bu algoritmada MARS algoritmasında kullanılan ileri doğru adım algoritması yerine bir genetik araştırma yer almaktadır. Böylece daha az sayıda en küçük kareler hesaplaması yapılmakta ve ciddi büyüklükteki karmaşık-zor problemlerin çözümüne olanak sağlamaktadır.

Karr vd. (1994) çalışmalarında, En Küçük Medyan Kareler (EKMK) yönteminin veri kümesinin genel yapısının dışında olan gözlemlere (aykırı gözlem) özellikle bugünkü süreç-kontrol mühendisleri tarafından belirtilen gürültü problemlerinde en küçük kareler yöntemine nazaran daha dayanıklı bir yöntem olduğunu söylemişlerdir. En küçük medyan kareler yöntemi dayanıklı bir yöntem olmasına rağmen bazı kısıtlamalara sahip olduğunu örneğin doğrusal olmayan problemleri çözmenin zor olduğunu ve çok sayıda veri/katsayının bu metodu yavaşlatacağını söylemişlerdir. Ancak en küçük medyan kareler metodunun eğri uydurma kabiliyetiyle genetik algoritmanın araştırma gücü birleştirilerek bu kısıtlamaların üstesinden gelinebileceğini belirtmişlerdir. Bu

konuda birkaç örnek uygulama göstererek genetik algoritma tabanlı en küçük medyan kareler yaklaşımının eğri uydurmada çok yönlülüğünü kanıtlamışlardır.

Gulsen vd. (1995) çalışmalarında, eğri uydurma problemlerinin çözümü için kendi genetik algoritmalarını tanıtmışlardır. Genetik algoritmalarında, parametreleri gerçek değerli kodlamışlar ve algoritmada seçim yöntemi olarak Back ve Schwefel'in (1993) önerdiği kesme yöntemini (truncation selection) kullanmışlardır. Algoritmada temel olarak kullanılan çaprazlama ve mutasyon operatörlerini de Mühlenbein ve Schlierkamp-Voosen'in (1993) Breeder Genetik Algoritmalarında (BGA) kullandıkları şekilde kullanmışlardır. Çaprazlama yöntemi, katsayıların iki ebeveyn çözümünün aritmetik ortalamasını alması ile yeni katsayılar üretmektedir. Bu çaprazlama türü ara çaprazlama (intermediate recombination) olarak adlandırılmaktadır. Bu algoritmayı farklı hata metrikleri kullanarak Friedman(1988), Karr vd. (1991) ve Rogers (1991) tarafından daha önceden çalışılmış eğri uydurma problemlerine, kendi algoritmalarını uygulamışlar ve gerçek değerli genetik algoritmalarının üstünlüğünü kanıtlamışlardır.

Gulsen ve Smith (1999), çalışmalarında çok değişkenli veri kümeleri için kapalı fonksiyon türlerini tanımlamak adına bir hiyerarşik genetik algoritma çerçevesi tanımlamışlardır. Bu çerçeve üst GA (upper GA) ve alt GA (lower GA) olmak üzere iki aşama ile çalışmaktadır. Hiyerarşik GA, ilk önce üst GA ile başlamakta ve kullanıcı tarafından belirlenen ilkeler ve aday bağımsız değişkenler ile uygun fonksiyon türlerini araştırmaktadır. Her fonksiyon türü, değişkenler, katsayılar ve fonksiyon ilkeleri birbiri ile bağlantılı olan bir ağaç yapısı olarak kodlamışlardır. Bu fonksiyon türleri hiyerarşinin ikinci kısmı olan alt GA'ya gönderilmekte ve bu kısımda seçilen hata metriği ve veri kümelerine göre fonksiyon katsayıları optimize edilmektedir. Ayrıca üst GA tarafından tanımlanan fonksiyon türünün gereksiz karmaşıklığından kaçınmak için uygunluğun hesaplanmasında bir ceza fonksiyonu kullanmışlardır. Bu nedenle hiyerarşik GA'nın gerekli hesaplama yoğunluğundan dolayı bu sistem Cray Supercomputer (Cray üstünbilgisayar) ile çalıştırılmış ve uygunlukların hesaplanmasını hızlandırmışlardır. Bu hiyerarşik GA'yı literatürdeki beş veri kümesi üzerinde uygulamışlar ve hiyerarşik GA'nın son derece iyi veri dosyası

fonksiyonu tanımladığını gördükleri gibi fonksiyon türü, interpolasyon ve extrapolasyonda çok mantıklı sonuçlar verdiğini belirtmişlerdir.

Şentürk (2009) çalışmasında, eğri uydurma yöntemlerine alternatif bir yöntem olarak gün geçtikçe daha geniş kullanım alanına sahip olan genetik algoritmalar yöntemini önermiştir. Genetik algoritmaların kullanımının, diğer parametre tahmin yöntemlerine göre destekleyici bilgi ve ön hazırlık bilgisi gerektirmediğini bu nedenle karmaşık uygulamalar için kullanışlı olduğunu söylemiştir. Böylece basit bir polinom parametrelerini tahmin etmek için çözümü uzun süren karmaşık matematiksel işlemlere gerek duyulmayabileceğini gösteren bir program yazmış ve sonuçlarına yer vermiştir.

Keskintürk ve Şahin (2009), Altunkaynak ve Esin (2004)'in doğrusal olmayan regresyonda parametre tahminini ikili kodlu genetik algoritma ile yapmışlar ve elde ettikleri sonuçları Gauss-Newton ile karşılaştırmışlardır. Çalışmalarında ise parametre tahmininde genetik algoritmada gerçek kod kullanmışlardır ve sonuçlarını ilgili çalışmadaki sonuçlar ile karşılaştırmışlardır.

Çetişli ve Kalkan (2011) çalışmalarında, klasik polinom eğri uydurma problemlerinin çözümünde pozitif tamsayılı üsler kullanılması çalışılan uzayı kısıtlaması ile beraber bu kısıtlı uzayda hata oranının yeterli düzeyde azaltılamadığını belirtmişlerdir. Bu nedenle kullanılan fonksiyonlarda üsler pozitif tamsayı yerine reel üsler kullanılırsa yaklaşık hata oranının azalacağı ve çalışma uzayının gerçek uzaydan kompleks uzaya dönüşebileceğini söylemişlerdir. Çalışmalarında, eğri uydurma problemleri için reel pozitif üsleri tahmin etmek için, Genetik algoritma (GA) ve En Küçük Karelerin (EKK) birleşiminden oluşan VRP (Varying real powers) adlı melez bir algoritma önermişlerdir. Bu melez algoritma, doğrusal olmayan sistemlerin gerçel üslerini daha doğru tahmin etmek için genetik algoritma, polinom katsayılarını tahmin etmek için ise en küçük kareler metodunu kullanmaktadır. Polinomun katsayılarını tahmin etmek için geliştirilen VRP melez algoritması ile geleneksel en küçük kareler yöntemini karşılaştırmışlardır. Bu karşılaştırmada aynı zamanda ANFIS (adaptive neuro-fuzzy inference system) metodunu da kullanmışlardır. Bu metotlar ortalama karekök hata (RMS) değeri ile sınanmış

ve bu metotlar arasında genel olarak en iyi metodun VRP metodu olduğunu belirtmişlerdir.

Özdemir vd. (2014) çalışmalarında, Türkiye'nin doğalgaz talebini tahmin etmek için doğrusal regresyon tabanlı Genetik algoritma ve Tavlama benzetimi birleşiminden oluşan Melez bir algoritma (GA-TB) geliştirmişlerdir. Bağımlı değişken olarak, 1985 ve 2000 yılları arasında doğalgaz tüketim miktarını, bağımsız değişkenlerde ise gayri safi milli hasıla, populasyon, büyüme oranı kullanarak 2001 ve 2009 yılları arasındaki doğalgaz tüketim miktarını tahmin etmek için bir model oluşturmuşlardır. Doğrusal modelin en iyi sonucuna genetik algoritma uygulayarak katsayıların tahmininde daha iyi sonuçlar elde etmişler ve elde ettikleri en iyi sonuca tavlama benzetimi uygulayarak daha iyi sonuçlar elde ettiklerini görmüşlerdir. Bu melez algoritmayı Türkiye'nin doğalgaz tüketimi hakkında en son yapılan Toksari'nin 2010 yılındaki sonuçları ile karşılaştırmışlar ve bu karşılaştırma sonucu MAPE (ortalama mutlak hata yüzdesi) değerinde Toksari'ye göre %35 daha iyi bir değere ulaştıklarını belirtmişlerdir.

Satman (2013) çalışmasında, gerçel değerli genetik algoritmalar için bir yeni kodlama-kod çözme tekniğini tanıtmış ve makina kodlu genetik algoritmalar (Machine Coded Genetic Algorithms) stratejisini kullanan genetik algoritmalar olarak adlandırmıştır. Nümerik sayılar hafızada bayt dizileri olarak depolanmakta ve daha önceden hafızada kodlu olan gerçek değerlerin bayt temsilleri üzerine klasik çaprazlama ve mutasyon operatörlerini uygulamıştır. Tek gerçek bir değer için sekiz gen ile 256-tekli bir alfabe kullanımına eşit olduğunu belirtmiştir. Ayrıca bu bayt temsili kullanımı hassasiyeti kaybetmeden arama yeteneğini arttırdığını ve kromozomların ondalıklı sayılar ile temsil edilmesinde klasik operatörleri yorumlanabilir yapmakta olduğunu ifade etmiştir. Bu stratejinin aynı zamanda genetik operatörler için ihtiyaç duyulan hesaplama süresini düşürdüğü bilgisinin yanı sıra zaman etkinliği ve global optimuma yaklaşması açısından pek çok test fonksiyonu üzerinde iyi performans gösterdiğini de yaptığı simulasyon çalışmasında göstermiştir.

Bu çalışmada kullanılacak gerçek değerli genetik algoritmanın parametrelerinin gerçek değerli olarak kodlanması ve algortmada seçim yöntemi olarak Back ve Schwefel'in (1993) önerdiği kesme yöntemi (truncation selection) kullanılması ile algortmada temel olarak kullanılan çaprazlama ve mutasyon operatörleri de Mühlenbein ve Schlierkamp-Voosen'in (1993) Breeder Genetik Algoritmalarında (BGA) kullandıkları şekilde olacaktır. Bu çaprazlama yöntemi, genişletilmiş ara çaprazlama, katsayıların iki ebeveyn çözümünün $[-0,25;1,125]$ aralığında rastgele üretilen α değerleri ile yeni katsayılar üretmektedir. Süreçte Gerçek Değerli Genetik Algoritmadan (GDGA) elde edilecek en iyi çözüme Tavlama Benzetimi (TB) uygulanmıştır. Bu iki sezgisel algortmada amaç fonksiyonu dayanıklı (robust) eğri uydurma yöntemleri olan en küçük kareler yöntemi ve en küçük medyan kareler yöntemi kullanılmış ve Melez Algoritma (GDGA_TB) ile bu iki metodun (EKK ve EKMK) çıktıları önceden çalışılan problemler üzerinde performansı gösterilmiştir. Böylece algortma, farklı tahminleyici teknikleri ile farklı iterasyon sonucu elde edilen çıktılar çizelgeler ve şekiller yardımıyla sunulmuştur. Literatür incelendiğinde işleyiş sürecindeki adımlar doğrultusunda böyle bir algortmanın literatürde yer almadığı gözlemlenmiştir. Bu boşluğun az da olsa doldurulmuş olması, literatüre önemli ölçüde kaynak olacağı düşünülmektedir.

3. EĞRİ UYDURMA

Bir sistemin ne oranda performans gösterdiğini görselleştirmek için matematiksel bir model kurabilmek oldukça önem arz etmektedir. Model, sistem hakkındaki tüm veri bilgisini temsil eden genel bir kavramdır. Bu nedenle matematiksel modelin deneysel metotlar ile elde edilmiş veri grubu esas alınarak yazılması veri grubu hakkında genel fikir vermesi açısından önemlidir. Bu durumda veri grubu ile model/denklem belirli bir hata oranıyla yazılır ve sistem hakkında yorum yapma imkânı verir.

Eğri uydurma, verilen bir veri kümesinin kapalı bir fonksiyon çeşidine yaklaşma işlemidir. Böylece pek çok tekniğin modellenmesinde simulasyon, model tahminleyici ve istatistiksel çıkarım gibi üretim problemlerinin çözülmesinde önem arz eder. Yaklaşık eğriyi uydurmanın pek çok yöntemi olmasına rağmen, bazı metotlar çok az değişkenle modeli iyi temsil ederken, doğrusal olmayan fonksiyonlar ve kompleks fonksiyonlar için az değişkenle modeli ifade eden pek az teknik vardır. Eğri uydurmadaki amaç, üzerinde düşünülen veri noktaları kümesindeki toplam hatayı minimize etmek için uygun bir fonksiyon seçmektir (Gulsen vd., 1995).

Eğri uydurma, deney verilerinin birbiri ile ilişkisinin ölçülmesine, verilerin yorumlanmasına ve analiz edilmesine yardımcı olmada önemli rol oynadığı söylenebilir. Bu çalışma kapsamında, gerçek hayatta deneysel yolla elde edilmiş herhangi bir veri grubu üzerinde daha net, gözlemlenebilir ve araştırmacıya veriler hakkında hızlı yorum yapmasını sağlayacak bir sistem tasarımı hedeflenmektedir. Bu sistemin oluşumunda kullanılacak metotlar şöyle sıralanabilir: En küçük kareler, en küçük medyan kareler, genetik algoritmalar ve tavlama benzetimi.

Literatürde veri kümelerine dayanarak modelleri kurmak için; eğri uydurma problemleri çözümünde regresyon ve interpolasyon tekniklerinin sıklıkla kullanıldığı görülmektedir. Bu kavramları kısaca açıklamak konunun bütünlük kazanmasına yardımcı olacaktır.

Regresyon analizi, iki ya da daha fazla deęişken (bağımlı ve bağımsız deęişkenler) arasındaki ilişkiyi ölçmeye ve bu ilişkiyi analiz etmeye yarayan bir metot olarak ifade edilebilir. Regresyon, veriler arasında açıkça bir hata olduęu zaman kullanılır (Şentürk, 2009). Sonuçta, veriler regresyon teknięi yoluyla birbirine en yakın olacak şekilde belirli bir hata oranı ile bağlanmaktadır.

İnterpolasyon ise, veri noktaları arasında boş kalan alanlarda tahmin yapılmasını saęlayan bir metottur. Bu kavram, bilinmeyen ara deęerlerin hesaplanmasından etmemizde bize kolaylıklar saęlamaktadır (Şentürk, 2009). Örneęin; bir fonksiyonun x deęerlerinin bazı deęerleri verilmiş olsun; fakat bu deęerleri deęil de bu deęerler arasında yer alan bir x deęeri hesaplanmak istendięinde interpolasyon bu deęerin bulunmasına imkan saęlamaktadır.

Eęri uydurma problemlerinin çözümü için kullanılan teknikler; gerçek hayatta karşılaşılan problemlerin çözümüne farklı tahminleyiciler ve bu tahminleyicileri güçlendirecek sezgisel algoritmaların kullanımı ile yeni problemlere daha hızlı yanıt verilmesine yardımcı olacaktır.

Regresyon çözümlemesinde veri analizi oldukça önemlidir. Çünkü tek bir gözlem bile regresyon modelindeki parametre tahminleri üzerinde büyük bir etkiye sahip olabileceęi gibi, bir gözlemin veri kümesinden çıkartılması regresyon denklemini tamamen deęiştirebilir. Bu nedenle büyük artık deęere sahip gözlemler ya da aykırı deęer, regresyon çözümlemesinde oldukça etkilidir. Veri kümesinde aykırı deęer olması durumunda, parametre tahminlerinde dayanıklı yöntemler kullanılmaktadır (Şanlı ve Apaydın, 2004).

Veri analizindeki aykırı deęerleri (veri kümesinin genel yapısının dışında olan gözlemler) belirleme problemi yoğun çaba gerektirebilir. Son zamanlarda bu aykırı deęerleri belirleme problemini aşmak için birkaç dayanıklı regresyon teknięi geliştirilmiştir. Bu tekniklerden En Küçük Kareler (EKK) eęri uydurma yöntemi artıkların hata karelerinin toplamını minimize etmeye çalışır. Böylece model yoluyla tahmin edilen deęerler ile gerçek veriler arasındaki hatayı en küçükleyen uygun model katsayılarının bulunması amaçlanır. En Küçük Medyan Kareler (EKMK) yöntemi, En Küçük Kareler (EKK) yöntemine göre daha dayanıklı bir yöntemdir. En küçük medyan kareler yaklaşımı, en küçük kareler

yöntemindeki hata kareleri toplamı yerine hata karelerinin medyanını minimize etmeye çalışır. Tez çalışması kapsamında dayanıklı yöntemlerden sadece En Küçük Kareler (EKK) ve En Küçük Medyan Kareler (EKMK) yöntemlerinden faydalanılmıştır.

3.1. En Küçük Kareler Yöntemi

En küçük kareler yöntemi (EKK), hesaplama kolaylığı etkinliğinden dolayı parametre tahmin yöntemi olarak sık kullanılan bir yöntemdir. Bu nedenle en küçük kareler metodu sınıflandırma, eğri uydurma, kontrol, sistem tanımlama, tahmin, düzgünleştirme (smoothing) gibi gerçek problemlerde yaygın olarak kullanılır (Jang ve Sun, 1997; Çetişli ve Edizkan, 2011). En küçük kareler metodu bağımlı değişken değerleri ile tahmin edilen değerlerin arasındaki farkın, yani hatanın, karelerinin toplamın en küçük olmasını amaçlar. En küçük kareler yöntemi ile regresyon model tahmini yapmak ve yöntemi daha anlaşılır hale getirmek için regresyon modeli türleri aşağıda verilmiştir.

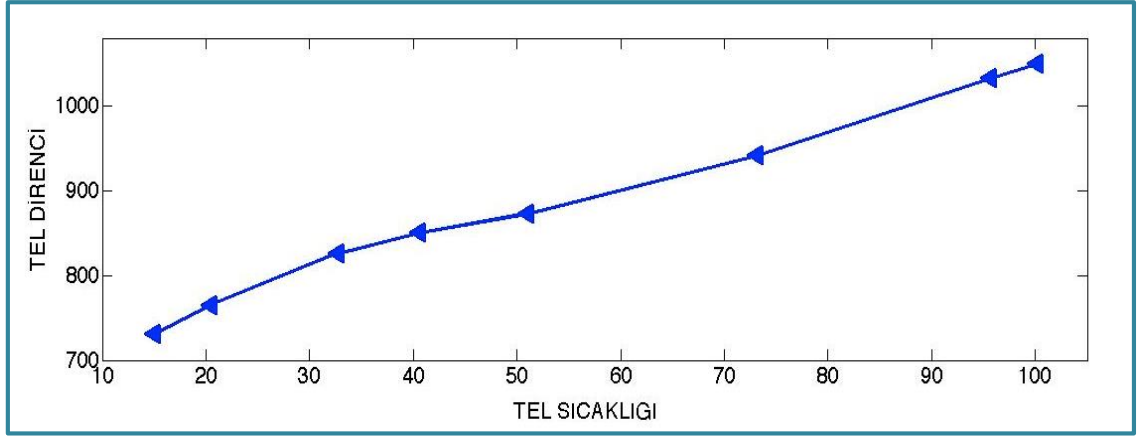
3.1.1. Doğrusal regresyon

Bu bölümde, doğrusal regresyon yönteminin anlaşılması ve yöntemin tanıtılması açısından belirli matematiksel işlem gerektiren aşağıda basit bir örnek verilmiştir. Bir deneysel çalışma sırasında bir telin sıcaklığı ile direnci farklı öğrenciler tarafından ölçülerek Çizelge 3.1’de verilen değerler elde edilmiştir (Yükselen, 2011).

Çizelge 3.1. Telin sıcaklık ve direnç değerleri (Yükselen, 2011)

T (°C) (x)	15	20,5	32,7	40,6	51	73,2	95,7	100,2
R (Ohm) (y)	730	765	826	850	873	942	1032	1050

Veri noktaları aynı zamanda grafik üzerinde Şekil 3.1’de gösterilmiş olup, noktaların tam olmasa da doğrusala yakın bir dağılıma sahip olduğu görülmektedir. Bu veri dağılımına en uygun doğrunun uydurulması için en küçük kareler yöntemi kullanılmıştır.



Şekil 3.1. EKK yöntemiyle regresyon model tahmin grafiği

Veri noktalarının doğrudan uzaklıkları hata olarak nitelendirilirse en uygun doğru, bu hataların en küçük olduğu doğru olacaktır. En küçük kareler regresyon yöntemi hata kareler toplamını en küçük yapmayı amaçlayan istatistiksel bir yöntemdir. En küçük kareler yöntemine göre belirlenen en uygun doğru denklemi $y=3,5435 \cdot x+693,52$ olarak bulunmuştur. Eğri, veri noktalarını belirli bir hata oranıyla temsil ettiği için eğri bir şekilde göz kararıyla uydurulmaktadır. Bu verilere uydurulan doğrusal denklem için hata kareleri ($R\text{-square}=0,99$), 1'e yakın olduğu için eğrinin doğruları iyi temsil ettiği söylenebilir.

Veri dağılımı $\{(x_i, y_i)\}_{i=1}^N$ ile

Buna uydurulacak doğru $y(x)=a \cdot x+b$ şeklinde tanımlansın.

Buna göre, hatalar: $e_k = y_i - y(x_i)$ (3.1)

Hataların kareleri: $e_k^2 = [y_i - y(x_i)]^2 = [y_i - b - ax_i]^2$ (3.2)

Hataların kareleri toplamı: $E = \sum_{i=1}^N (y_i - b - ax_i)^2$ (3.3)

EKK Amaç fonksiyonu: $\text{enk } E = \text{enk } \sum_{i=1}^N (y_i - b - ax_i)^2$ (3.4)

şeklinde olacaktır. En küçük kareler yöntemi bu E toplamının en küçük değerinin ($\text{enk } E$) bulunmasını hedefler ki bunun için problemin iki parametresi olan a ve b büyüklüklerinin en uygun değerinin bulunması gerekir. E değerini en küçük yapan değeri bulmak için $\frac{\partial E}{\partial a}$ ve $\frac{\partial E}{\partial b}$ türevleri alınarak sıfıra eşitlenir.

$$\frac{\partial E}{\partial a} = 0, \quad \frac{\partial E}{\partial b} = 0 \quad (3.5)$$

Türevleri alınan denklemler sıfıra eşitlenirse;

$$\frac{\partial E}{\partial a} = \sum_{i=1}^N 2(y_i - b - a x_i) \cdot (-x_i) = 0$$

$$\frac{\partial E}{\partial b} = \sum_{i=1}^N 2(y_i - b - a x_i) \cdot (-1) = 0$$

elde edilir ve bu ifadeler matris şeklinde gösterilirse,

$$\begin{bmatrix} n & \sum_{i=1}^N x_i \\ \sum_{i=1}^N x_i & \sum_{i=1}^N x_i^2 \end{bmatrix} \begin{Bmatrix} b \\ a \end{Bmatrix} = \begin{Bmatrix} \sum_{i=1}^N y_i \\ \sum_{i=1}^N x_i y_i \end{Bmatrix} \quad (3.6)$$

şeklini alır. Bu matrisleri soldan sağa doğru **M**, **A**, **N** harfleri ile sembolize edilirse,

$$\mathbf{M} \cdot \mathbf{A} = \mathbf{N}$$

matris eşitliği elde edilir. Eldeki veri noktalarının koordinatlarından yararlanarak,

$$\mathbf{X} = \begin{pmatrix} 1 & x_1 \\ 1 & x_2 \\ \dots & \dots \\ 1 & x_n \end{pmatrix} \quad \text{ve} \quad \mathbf{Y} = \begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \dots \\ y_n \end{pmatrix}$$

matrisleri tanımlanırsa,

$$\mathbf{M} = \mathbf{X}^T \mathbf{X} \quad \text{ve} \quad \mathbf{N} = \mathbf{X}^T \mathbf{Y}$$

olduğu görülür.

Buradan,

$$(\mathbf{X}^T \mathbf{X}) \mathbf{A} = \mathbf{X}^T \mathbf{Y}$$

ifadesi elde edilir. Bu matris eşitliğinden **A** matrisi yalnız bırakılırsa,

$$\mathbf{A} = (\mathbf{X}^T \mathbf{X})^{-1} \mathbf{X}^T \mathbf{Y}$$

bulunur. Yukarıdaki matrisler yerlerine yazarak **A** matrisi bulunabilir. Bu da a ve b katsayılarının bulunması demektir. Burada denklem sistemi çözülürse a ve b değerlerinin uygun değerleri bulunur. Ele alınan örnekte n=8 için,

$$\sum_{i=1}^N x_i = 428,9$$

$$\sum_{i=1}^N x_i^2 = 30520,67$$

$$\sum_{i=1}^N y_i = 7068$$

$$\sum_{i=1}^N x_i y_i = 405602,5$$

elde edildi. Denklem sisteminin çözümünden: a=3,5435 ve b=693,52 bulunur.

Dolayısıyla veri dağılımına en uygun doğru denklemi:

$$y=3,5435 \cdot x+693,52 \quad (3.7)$$

elde edilir.

3.1.2. Üslü fonksiyonlar

Üslü fonksiyonlar,

$$y = bx^a \quad (3.8)$$

şeklindeki matematiksel ifadeler olup, eğri uydurmak için kullanılabilir. Bu eşitliğin her iki tarafının doğal logaritması alınırsa,

$$\ln(y) = \ln(bx^a) = \ln(b) + a\ln(x) \text{ elde edilir.}$$

Burada;

$$\ln(y) = v, \ln(b) = w \text{ ve } \ln(x) = u$$

olmak üzere, üstel fonksiyon doğrusal halde yazılmış olur. Bu durumda, eşitlik (3.8):

$$v = w + au \quad (3.9)$$

halini alır. Toplam hataların kareleri toplamı w ve a 'ya göre türevleri alınır,

$$\begin{bmatrix} n & \sum u \\ \sum u & \sum u^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} w \\ a \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sum v \\ \sum u \cdot v \end{bmatrix} \quad (3.10)$$

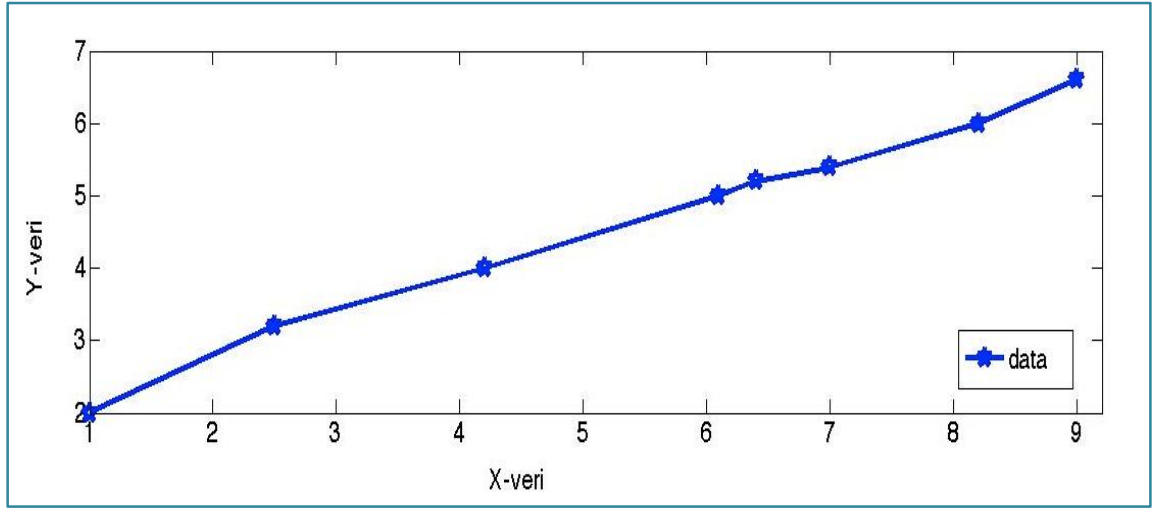
şeklinde yazılabilir. Buradan w ve a değerleri hesaplanarak fonksiyon oluşturulmuş olur.

Bu durum bir örnekle açıklanacak olursa, Çizelge 3.2 'de verilen değerleri kullanarak u, v, w değerleri bulunur. Değerler matriste yazılırsa denklem $y = 1,863x^{0,5576}$ olur.

Çizelge 3.2. Üslü fonksiyon için rastgele veriler

No	X	Y	$u=\ln(x)$	$v=\ln(y)$	u^2	$u \cdot v$
1	1	2	0	0,69	0	0
2	2,5	3,2	0,91	1,16	0,83	1,05
3	4,2	4	1,43	0,35	2,04	0,5
4	6,1	5	1,8	0,58	3,24	1,04
5	6,4	5,2	1,85	0,61	3,42	1,12
6	7	5,4	1,94	0,66	3,76	1,28
7	8,2	6	2,1	0,74	4,41	1,55
8	9	6,6	2,19	0,78	4,8	1,7
Σ	44,4	37,4	12,22	5,57	22,5	8,24

Bu denklemin grafiği Şekil 3.2'deki gibidir.



Şekil 3.2. Üslü fonksiyon grafiği

Burada hata kareleri (R-square) 1'e yakın olduğu için uydurulan fonksiyonun verileri iyi temsil ettiği söylenebilir.

3.1.3. Üstel (e^x) fonksiyonlar

Genellikle elde edilen veriler doğrusal davranışlı modellere uymayabilir. Yani, en küçük kareler yönteminde bağımlı ve bağımsız değişkenler arasında ilişki bilinmeyen parametrelere göre doğrusal olmayabilir. Bu durumlarda doğrusal olmayan yaklaşım fonksiyonu kullanılabilir, ancak bu tip fonksiyonların tespiti oldukça zordur. Bununla birlikte yapılabilecek birtakım basit değişken dönüşümleri yardımıyla yaklaşım fonksiyonu doğrusal hale getirilebilir (Oturanç vd., 2008).

Üslü fonksiyon genel olarak

$$y = a \cdot e^{bx} \quad (3.11)$$

şeklinde ifade edilir (Oturanç vd., 2008).

Burada eşitliğin her iki yanının doğal tabana göre logaritması alınır,

$$\ln(y) = \ln(a) + b \quad (3.12)$$

elde edilir.

Burada; $Y = \ln(y)$ ve $A = \ln(a)$ dönüşümleri ile $Y = A + b \cdot x$ doğrusal modeli elde edilir.

Böylece,

$$\begin{bmatrix} n & \sum_{k=1}^N x_k \\ \sum_{k=1}^N x_k & \sum_{k=1}^N x_k^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} A \\ b \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sum_{k=1}^N Y_k \\ \sum_{k=1}^N x_k \cdot Y_k \end{bmatrix} \quad (3.13)$$

denklem sistemi çözülerek A ve b katsayıları kolayca bulunur.

3.1.4. Polinom regresyon

En küçük kareler metodu sadece birinci dereceden polinomlar için değil aynı zamanda k-dereceden polinomlar için de kullanılabilir. Ama polinom fonksiyonu uydurmanın zayıf yanı k-dereceden bir eğri uyduruluyorsa, k+1 tane doğrusal denklem takımı çözme zorunluluğudur.

Ayrıca dikkat edilmesi gereken nokta, kullanılabilecek polinomun derecesi her zaman için verilen noktaların sayısından bir eksik olmalıdır, yani n adet nokta varsa, uydurulacak eğrinin derecesi (n-1) olur. Mevcut bir $\{(x_i, y_i)\}_{i=1}^N$ veri kümesi için k. dereceden polinom:

$$p_k(x) = a_0 + a_1 \cdot x + a_2 \cdot x^2 + \dots + a_k \cdot x^k \quad (3.14)$$

şeklinde yazılabilir.

En küçük kareler metodunun tanımından, hataların minimum olması için hataların karelerin türevleri alınır ve sıfıra eşitlenirse aşağıdaki denklem takımları kolayca bulunabilir. Burada temel amaç, hatayı en küçük yapan $a_0, a_1, a_2, \dots, a_k$ katsayı parametrelerini bulmaktır. Burada $e_k = y_i - y(x_i)$ olacak şekilde E değerinin en küçük yapılabilmesi için $j=0,1,\dots,k$ olmak üzere $\frac{\partial E}{\partial a_j} = 0$ olmalıdır.

Böylece,

$$\frac{\partial E(a_0, a_1, a_2, \dots, a_k)}{\partial a_0} = \sum_{i=1}^N 2 (y_i - a_0 - a_1 x_i - a_2 x_i^2 - \dots - a_k x_i^k) \cdot (-1) = 0$$

$$\frac{\partial E(a_0, a_1, a_2, \dots, a_k)}{\partial a_1} = \sum_{i=1}^N 2 (y_i - a_0 - a_1 x_i - a_2 x_i^2 - \dots - a_k x_i^k) \cdot (-x_i) = 0$$

⋮

$$\frac{\partial E(a_0, a_1, a_2, \dots, a_k)}{\partial a_k} = \sum_{i=1}^N 2 (y_i - a_0 - a_1 x_i - a_2 x_i^2 - \dots - a_k x_i^k) \cdot (-x_i^k) = 0$$

(k+1) denklem elde edilir. Her bir denklem (-2) ile bölünerek düzenlenirse matris formu aşağıdaki gibi olur:

$$\begin{bmatrix} n & \sum_{i=1}^N x_i & \sum_{i=1}^N x_i^2 & \dots & \sum_{i=1}^N x_i^k \\ \sum_{i=1}^N x_i & \sum_{i=1}^N x_i^2 & \sum_{i=1}^N x_i^3 & \dots & \sum_{i=1}^N x_i^{k+1} \\ \sum_{i=1}^N x_i^2 & \sum_{i=1}^N x_i^3 & \sum_{i=1}^N x_i^4 & \dots & \sum_{i=1}^N x_i^{k+2} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sum_{i=1}^N x_i^k & \sum_{i=1}^N x_i^{k+1} & \sum_{i=1}^N x_i^{k+2} & \dots & \sum_{i=1}^N x_i^{2k} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_0 \\ a_1 \\ a_2 \\ \vdots \\ a_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sum_{i=1}^N y_i \\ \sum_{i=1}^N x_i y_i \\ \sum_{i=1}^N x_i^2 y_i \\ \vdots \\ \sum_{i=1}^N x_i^k y_i \end{bmatrix}$$

Sadece iki bilinmeyen için üstteki denklem yazılırsa bu iki değişkenli eğri uydurma ile aynı olduğu görülür. Eğer dört bilinmeyen için yazılırsa bu durumda da 3. dereceden bir eğri için işlem yapılmış olacaktır. Bir denklemde n tane bilinmeyen varsa (n-1). dereceden bir eğri için işlem gerçekleştirilecektir. Polinom regresyonun doğrusal regresyon yönteminden farkı, eğrinin derecesinin değişmesidir, aksi takdirde yöntem aynıdır.

3.2. En Küçük Medyan Kareler Yöntemi

En küçük medyan kareler yöntemi, en küçük kareler yöntemine göre daha dayanıklı (robust) bir yöntemdir. En küçük medyan kareler yaklaşımı, en küçük kareler yöntemindeki hata kareleri toplamı yerine hata karelerinin medyanını enküçüklemeye çalışır.

Rousseeuw (1984), en küçük medyan kareler yöntemi tahmin denklemi (3.4)'deki amaç fonksiyonunda Σ yerine medyan yazılmasıyla elde edilen;

$$\text{Enk medyan } (y_i - b - ax_i)^2 \quad (3.15)$$

denkleminin, diğerlerinden daha dirençli, çok daha az duyarlı, kırılma noktası % 50 olan tahminci olduğunu ifade etmiştir.

Yorulmaz (2009)'da, En Küçük Medyan Kareler (EKMK) yönteminin algoritmasını kısaca şöyle anlatmıştır: p parametre sayısını göstermek üzere eleman sayısı en az p+1 olan tüm mümkün altkümeler elde edilir, her bir altküme için en küçük kareler tahmincileri bulunur ve bu tahmincilerle tüm gözlemler üzerinden elde edilen artıkların karelerinin ya da mutlak değerlerinin medyanı alınarak en küçük medyan kareler amaç fonksiyonu elde edilir. Bu işlem altküme sayısı kadar tekrarlanarak amaç fonksiyonunu enküçük yapan en küçük medyan kareler parametre tahminlerine ulaşılır. En küçük medyan kareler tahminleyicisinin kırılma noktası % 50'dir. Ancak denklem (3.4)'deki amaç fonksiyonunda yapılan küçük bir değişiklikle elde edilen denklem (3.15), yeni amaç fonksiyonuna analitik bir çözüm elde etmek olanaksız olup, amaca ulaşmayı sağlayacak a ve b tahminlerinin sayısal değerleri bilgisayar iterasyonları ile bulunabilir.

Yaygın olarak kullanılan Rousseeuw'un (1984) algoritmasında, n elemanlı bir veri kümesinin tüm mümkün p elemanlı alt kümelerine $\binom{n}{p}$ enküçük kareler yöntemi uygulanır ve her biri için hataların kareleri için medyan değeri hesaplanır. Bu medyan değerleri içerisinde en küçük medyan değerine sahip olan alt kümenin en küçük kareler tahminleri en küçük medyan kareler tahmini olarak kabul edildiğini ifade etmiştir.

Küçük veri grupları için en küçük medyan kareler tahminlerinin kesin değerlerini yukarıda ifade edildiği şekilde elde etmek mümkün olsa da, büyük veri kümelerinde mümkün olan tüm alt uzayların taranması ve en küçük kareler uygulanması işlem kalabalığı açısından oldukça zor olacaktır. Bu durumda veri kümesi içerisinde bazı altkümelerin rastlantısal olarak çekilmesi/seçilmesi ve amaç fonksiyonunun bu altkümelerde uygulanması düşünülebilir. Bu işlem altkümelerin hızlıca taranmasına yardımcı olacaktır. Rousseeuw ve Leroy (1987), belirli kısıtlar altında veriden rassal olarak çekilecek en az bir altkümenin istenilen sonucu verme olasılığının 1'e yakın olduğunu ispatlamıştır (Sınıksaran ve Aktütün, 2005).

Eğri uydurma problemlerine şimdiye kadar genel bir çözüm yapısı oluşturulamamasının nedeni problemlerin karmaşık ve zor olması yani boyut problemi ile karşılaşılıyor olmasıdır. Boyutun artması demek, değişken sayısının artması anlamına geldiği gibi analitik olarak düşünmenin zorlaştığı anlamına da taşımaktadır. Çünkü analitik olarak en çok üç değişkenli fonksiyonların çizilebildiği bilinmektedir. Bu nedenle parametreler bilgisayar yardımıyla tahmin edilmeye çalışılmaktadır. Böylece her probleme özgü girdi değişkeni sayısı ve örnekleme yer alan veri sayısının aşırı büyük olduğu durumlarda şimdiye kadar geliştirilmiş pek çok algoritmanın sağlıklı çözüm üretmediği ve hesaplamada yoğun çaba gerektirdiği görülmektedir. Temel amaç bu olumsuzlukları azaltmaktır.

Literatürde araştırmacılar, farklı tahminleyiciler kullanmaya ve bu tahminleyicilerin yetersiz olduğunu gördüklerinde de bu durumu daha dayanıklı hale getirmek için farklı sezgisel algoritmalar katarak çözüm uzayını hızlıca tarama imkânı bulmuşlar ve uygun modeli oluşturmuşlardır. Böylece diğer çalışmalar ile kıyas ettiklerinde hızlı ve daha küçük hata oranı ile deneylerden elde edilen verilere en uygun eğriyi (model) uydurduklarını görmüşlerdir. Bu süreç içerisinde kullanılan tahmincilerin bazı dezavantajlarının da olduğunu tespit etmişlerdir. Yukarıda da bahsedildiği gibi en küçük medyan kareler eğri uydurma metodu, en küçük kareler metodundan daha dayanıklı bir yöntem olsa bile bu metodun da bazı dezavantajlara sahip olduğunu gösteren çalışmalar da literatürde yer almaktadır.

En Küçük Medyan Kareler yöntemi, etkin bir yöntem olmasına rağmen özellikle aşağıda verilen durumlarda dezavantajlı olabilmektedir (Karr vd., 1994).

- Parametre sayısı ve veri noktaları sayısı fazla olduğunda metot yavaş çalışma eğilimi gösterir.
- Hız olayı orta bir değer aldığı zaman metodun netliği bazı tahminleri net yapamaz.
- En küçük medyan kareler metodu ile doğrusal olmayan eğri uydurma problemlerini çözmek zordur.

Yukarıdaki dezavantajları iyileştirmek için Genetik Algoritma (GA) ve Tavlama Benzetimi (TB) algoritmalarının çok yönlülüğü üzerinde durmak ve sisteme katkıları açısından açıklanmasında fayda vardır.

En küçük medyan kareler eğri uydurma, dayanıklı bir yöntem olmasına rağmen verileri tam olarak temsil etmediği (aykırı değerlere hassas olması) yani bazı sınırlamalara sahip olduğu bilinmektedir. Bu nedenle en küçük medyan kareler metodunun eğri uydurma gücü ile Gerçek Değerli Genetik Algoritma ile Tavlama Benzetimi melez algoritmasının araştırma gücü birleştirilerek bu sınırlamanın kısmen ortadan kaldırılacağı düşünülmektedir. Bu sınırlamaları kısmen bertaraf edecek melez algoritmanın üstünlüğünü ve çok yönlülüğünü gösterebilmek için bundan önce çalışılmış doğrusal ve doğrusal olmayan iki denklem üzerinde yoğunlaşılacaktır.

Bu çalışmada, daha önce literatürde çalışılmış olan problemlere, en küçük kareler metoduna dayalı melez algoritmanın uygulanması amaçlanmıştır.

4. GENETİK ALGORİTMALAR

Bu bölümde Genetik algoritmanın işleyişi, kullandığı operatörler, diğer araştırma tekniklerine göre üstünlüğü ve genetik algoritmanın işleyişini gösteren algoritma şeması vb. konular açıklanacaktır.

4.1. Genetik Algoritmanın Temelleri

Günümüzde giderek problemlerin karmaşık hale gelmesi ve bu problemlere model kurmanın neredeyse imkânsız hale gelmesi beraberinde birçok araştırma tekniğinin de geliştirilmesine yol açmıştır.

Bu tekniklerden biri John Holland'ın (1975) tanımladığı genetik algoritma tekniğidir. Genetik Algoritmalar (GA), doğal seleksiyon mekanizmasına dayanan araştırma teknikleridir. John Holland, Charles Darwin'in "en iyinin hayatta kalması (survival of the fittest)" prensibinden yola çıkarak güçlü bir araştırma tekniği olan genetik algoritmayı tanımlamıştır. Goldberg (1989), genetik algoritma uygulamaları üzerine klasik eser olarak kabul edilen kitabını yayınladı ve genetik algoritmanın çeşitli konularda kullanılabileceğini gösterdi. Genetik algoritma, ayrık ve sürekli değişkenler ile kombinatoriyal problemlere veya zor yüksek boyutlu fonksiyon optimizasyonlarında genelde iyi çözüm bulabilirler (Goldberg, 1989; Haupt ve Haupt, 2004; Phadke vd., 2011).

Genetik Algoritmalar, biyolojik evrimin işleyiş biçimini taklit eden ve bazı doğal olayları modelleyen stokastik algoritmalarlardır. Genetik algoritmayı diğer optimizasyon tekniklerinden ayıran en belirgin fark, popülasyon (çözüm uzayı) denilen bir mekanizmayla hep evrim geçirmesidir. Popülasyondaki her çözüm kromozom ya da birey olarak adlandırılmaktadır. Kromozomlar sayı dizilerinden oluşmaktadır. Kromozomların geçirdiği her başarılı iterasyona nesil denilmektedir (Gen ve Cheng, 1997). Her bir kuşak sürecinde kromozomlar uygunluk değerlerine (fitness values) göre evrim geçirerek bir sonraki nesile geçme imkânı sağlamış olurlar.

Bir nesil, genetik algoritmanın kullandığı seçim, çaprazlama ve mutasyon operatörü olarak adlandırılan safhalar sürecinde evrim geçirmesi ile elde edilir.

Bu evrim sonunda oğul (offspring) oluşmaktadır. Her oluşan yeni kuşaktaki kromozomlar uygunluk değerlerine göre ya bir sonraki kuşak/jenerasyona aktarılır ya da elenirler. Bu duruma, doğal seleksiyon işlemi denir. Böylece en iyilerin (uygunluk değerlerine göre) diğer kuşağa aktarılmasına izin verilirken diğer kromozomların elenmesi ile popülasyonun büyüklüğü sabit tutulmuş olur. Bir algoritmanın daha aktif çalışması parametrelerin nasıl kodlandığına, çaprazlama ve mutasyon operatörlerinin işleyiş mekanizmasının nasıl belirlendiği ile doğrudan ilişkili olduğu önemli bir bilgidir.

Genetik algoritmalar geniş çeşitlilikte problemleri çözmek ya da yaklaşık çözüm bulmak için doğrusal olmayan çok boyutlu uzaylarda başarılı araştırmalar sağlamıştır (Goldberg, 1989; Davis, 1987; 1991; Davidor, 1991; Rogers, 1991; Michalewicz, 1992; Gulsen vd., 1995; Gulsen ve Smith, 1999; Blum ve Roli, 2003; Alba Torres ve Khuri, 2004; Çetişli ve Kalkan, 2011). Genetik algoritmalar biyolojik evrimin işleyiş biçimini taklit eden ve bazı doğal olayları modelleyen stokastik algoritmalarlardır. Genetik algoritmayı diğer optimizasyon tekniklerinden ayıran en belirgin fark, popülasyon denilen bir mekanizmayla hep evrim geçirmesidir.

Popülasyondaki her çözüm kromozom ya da birey olarak adlandırılmaktadır. Kromozomlar sayı dizilerinden oluşmaktadır. Kromozomların geçirdiği her başarılı iterasyona nesil denilmektedir (Gen ve Cheng, 1997). Her bir nesilde kromozomlar uygunluk değerlerine (fitness values) göre evrim geçirerek bir sonraki nesile geçme imkanı sağlamış olurlar. Bu nesilin gerçekleşebilmesi için genetik algoritmanın kullandığı seçim, çaprazlama operatörü ve mutasyon operatörü denilen safhaları tek tek evrim geçirmesi ile elde edilir. Bu evrim sonucunda oğul (offspring) oluşmaktadır. Her oluşan yeni jenerasyon sürecinde kromozomlar uygunluk değerlerine göre ya bir sonraki jenerasyona aktarılır ya da elenirler. Bu duruma doğal seleksiyon işlemi denir. Böylece en iyilerin (uygunluk değerlerine göre) diğer kuşağa aktarılmasına izin verilirken diğer kromozomların elenmesi ile popülasyonun büyüklüğü sabit tutulmuş olur.

4.2. Genetik Algoritmanın İşleyişi

Genetik Algoritma (GA) işleyiş sürecinin adımları aşağıda verilmiştir.

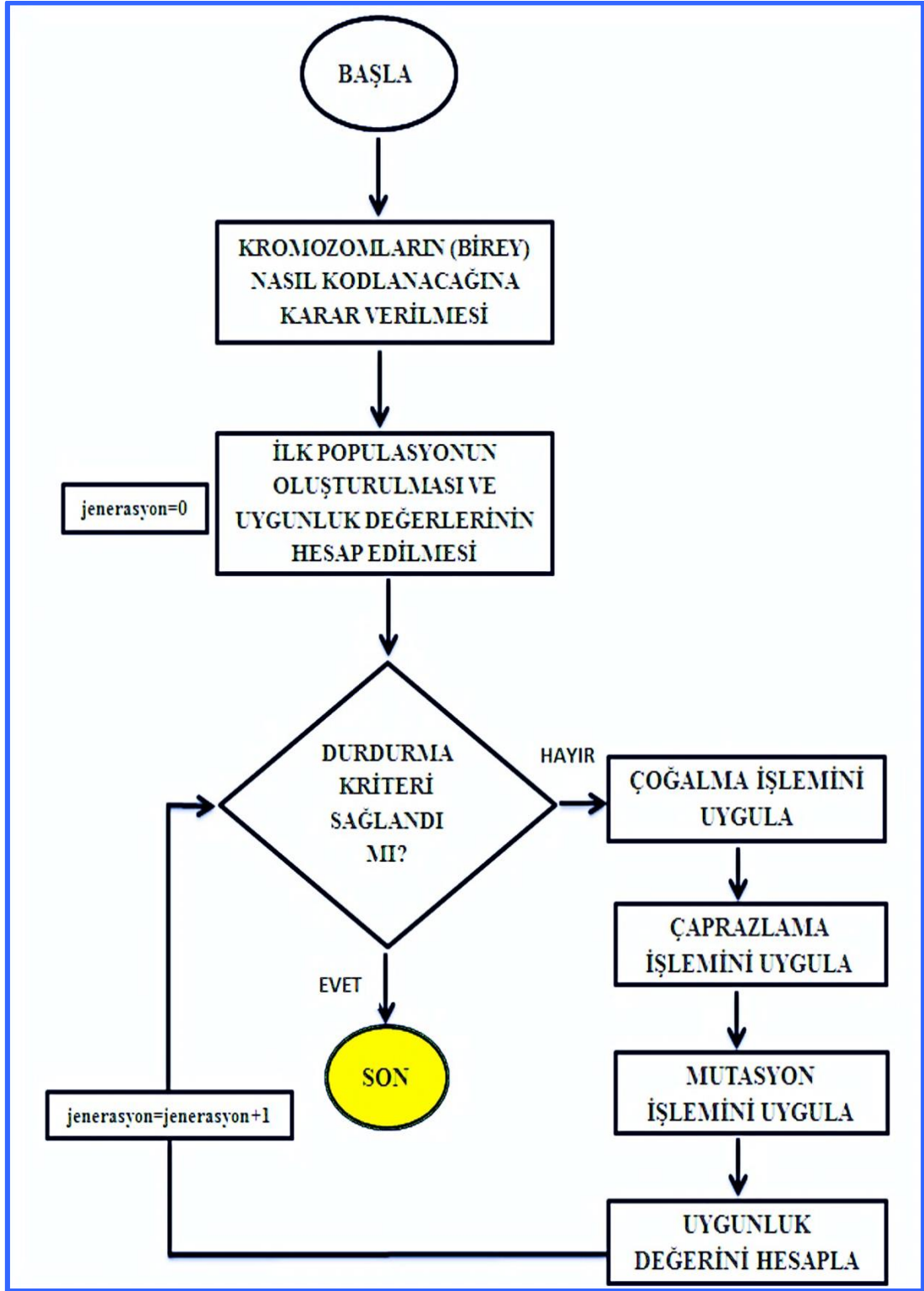
- Başlangıçta popülasyonu oluşturan kromozomların nasıl kodlanılacağına karar verilir.
- Çözümleri temsil eden rastgele bir başlangıç popülasyonu oluşturulur.
- Başlangıç popülasyonun uygunluk değerleri (fitness values) hesap edilir.
- Uygunluk değeri hesaplandıktan sonra durdurma şartı sağlanıyorsa yani istenilen uyuma sahip çözüm elde edildiyse algoritmanın durdurulması.
- Eğer durdurma şartı sağlanmadıysa yüksek uyuma sahip bireylerin çoğalma işlemine tabi tutulması için seçme işleminin uygulanması.
- Seçim işlemi ile belirlenen kromozomlara ait iyi çözümlerin bir sonraki kuşağa taşınması için çaprazlama (gen takası) işleminin yapılması.
- Çözümlerin önceki çözümü kopyalamasını önleyerek çeşitliliği sağlamak için popülasyondaki bireylerin bir kısmı mutasyona (değişime) uğratılır.
- Yeni elde edilen bireylerin uygunluk değerleri tekrar hesaplanarak uygun uyuma sahip bireyler bir sonraki kuşağa aktarılır diğerleri yok edilir.
- Böylece, durma kriterine ulaşıncaya (arzu edilen çözüme ulaşıncaya) kadar popülasyon evrim geçirir.

Erden (2012)'de "Evrin Çalıştayı'nda" genetik algoritmanın özelliklerini aşağıda olduğu gibi vermiştir.

- Bir çeşit **eniyileme** (optimizasyon) algoritmasıdır.
- **Genel** amaçlıdır (neredeyse her probleme uygulanır).
- Çözüm kümesinin farklı bölgelerinde **çokkoldan** arama-tarama yapar.
- Yakalanan iyi çözümleri bir sonraki adımlara **aktarır**.
- Sınanmak üzere yeni çözüm **adayları yaratır**.

Yeni oğul oluşumuna katkı sağlayan "seçim", "çaprazlama" ve "mutasyon" operatörleri aşağıda hem ikili (binary) genetik algoritma için hemde gerçek kodlu genetik algoritma açısından açıklanmıştır.

Yukarıdaki prosedür sırasıyla detaylı bir şekilde uygulandığında problemin yaklaşık çözüme ulaşması beklenir. Burada De Jong's (1975) 'un önerdiği populasyon büyüklüğünün orta büyüklükte, çaprazlama olasılığının yüksek ve mutasyon olasılığının düşük olması değerleri ile tutarlı olması başarımı artıracaktır. Genetik Algoritma (GA) için farklı çaprazlama ve farklı mutasyon türleri için optimal çözüme yaklaşım süresinde artma ve azalma görülebilir. Genetik algoritmanın akış şeması Şekil 4.1'de verilmiştir.



Şekil 4.1. Genetik algoritma akış şeması

4.3. İkili Kodlu Genetik Algoritmalar

4.3.1. Kodlama

Genetik algoritmanın çözüme katkı sağlayabilmesi ve hızlı bir şekilde çözüm uzayını tarayabilmesi için parametrelerin doğru kodlanması genetik algoritmanın en önemli adımıdır. Parametre temsili, genetik algoritmanın işleminde anahtar ilk adımdır. Çünkü genetik algoritmalar problemi temsil eden kodlanmış kromozomlar ile doğrudan çalışır (Koza, 1994).

Kromozomlar (bireyler) bağımsız parametrelerin kodlanarak yan yana yazılması ile oluşur. Goldberg (1989)'in genel bir forma kavuşturduğu basit genetik algortmada kromozomları 0 ve 1 olarak kodlamıştır. Her bir parametrenin bit uzunluğu aynı uzunlukta olmayabilmektedir. Bu nedenle her bir parametrenin bit uzunluğu parametrenin duyarlılığına bağlı olmaktadır. Parametre duyarlılığı, eşitlik (4.3)'deki gibi hesaplanır. Her bir parametrenin bit uzunluğu ve parametrenin değerinin nasıl hesaplandığı aşağıda gösterilmiştir (Gen ve Cheng, 1997).

Bir x_j değişkenin bulunduğu aralık $[a_j, b_j]$ olarak verilsin. Her bir değişkenin duyarlılığı, ondalık kısımdan sonra beş basamaktır. Yani, $[a_j, b_j]$ aralığında noktadan sonra beş hane olmalıdır. Her bir parametre aralığı için gerekli duyarlılık (precision) en az $(b_j - a_j) \cdot 10^5$ boyut aralığına bölünmelidir. Her bir parametre için gerekli bit uzunluğu m_j denkliği (Gen ve Cheng, 1997):

$$2^{m_j-1} < (b_j - a_j) \cdot 10^5 \leq 2^{m_j+1} \quad (4.1)$$

ile hesaplanır. Her bir x_j değişkenin ikili (binary) diziden gerçek değere dönüşümü denklem (4.2)'deki gibidir. Denklemden yer alan ondalık (substring_j) her bir x_j değişkenin için j. alt dizinin ondalık değerini temsil etmektedir. Burada a_j ve b_j parametrenin alt ve üst sınırlarını temsil etmektedir.

$$x_j = a_j + \text{decimal}(\text{substring}_j) \cdot \frac{b_j - a_j}{2^{m_j} - 1} \quad (4.2)$$

Parametrelerin duyarlılığı denkliği ise:

$$\frac{b_j - a_j}{2^{m_j} - 1} \quad (4.3)$$

ile hesaplanır.

Parametrelerin bit uzunluklarının hesap edilmesinde duyarlılık önemli bir yer teşkil etmektedir. Bu nedenle populasyon oluşumunun sağlıklı bir şekilde üretilmesi genetik algoritmanın işleyişinde kolaylık sağlayabileceği gibi tatmin edici sonuçlar vereceği beklenilebilir.

4.3.2. Başlangıç populasyonu oluşturma süreci

Kodlama işlemi problemin doğasına uygun yapıldıktan sonra evrim geçirecek kromozomların rastgele populasyon oluşturma, jenerasyon sürecinin ilk aşamasını oluşturmaktadır. Genetik algoritmanın işleyebilmesi için populasyon şarttır. Populasyon kurulduktan sonra her bir operatör (seçim, çaprazlama, mutasyon) sahip olduğu özelliği populasyon üyelerine uygulayarak iterasyonlar geçirir. Böylece başlangıç populasyonun boyutu değişmeden farklı çözümlere sahip bireyler elde edilmeye çalışılır. Populasyon birey ya da kromozom denilen yapılardan oluşmaktadır. Birey sayısı çok az ise yani populasyon büyüklüğü küçükse çaprazlama ve mutasyon (evrim) geçirecek birey sayısının azalmasına, bu da çeşitliliğin azalmasına neden olacaktır. Bu nedenle araştırma uzayının küçülmesine ve en uygun çözümü içinde barındıracak uzayın daralmasına sebep olacaktır. Aksine, birey (kromozom) sayısı çok fazla olursa da araştırma uzayı içindeki uygun çözümü bulmak zaman almaya başlayacaktır. Bu da istenmeyen bir durumdur.

4.3.3. Uygunluk değeri

Populasyonu oluşturan parametrelerin her birinin uygunluk değeri denklem (4.2) 'ye göre hesaplanır. Populasyonu oluşturan kromozomlar parametrelerin yanyana yazılması ile elde edilen çözümlerdir. Kromozomlardaki parametrelerin bit uzunlukları eşit olmayabileceği gibi eşitte olabilir. Dolayısıyla kromozomları oluşturan parametreler birbirinden bağımsız olarak yan yana dizilerek kodlanır. Kromozomların uygunluk değeri probleme özgü amaç fonksiyonu ile

hesaplandıktan sonra en uygun uyuma sahip bireyler ya bir sonraki kuşağa aktarılır ya da elenirler. Dolayısıyla “uygunluk değeri” bir karar verme süreci olduğu ve bu süreçte her probleme özgü bir amaç fonksiyonu ile jenerasyon ilerletilmeye çalışılır.

4.3.4. Seçim yöntemi

Populasyon evrim geçirerek jenerasyon oluşturur. Jenerasyon sonucu yüksek uyuma sahip bireylerin bir sonraki nesle aktarılabilmesi için bireylerin rastgele eşleştirilmesi gerekir. Genetik algoritma metodu, seçim tekniğini eşleşme havuzundaki bireyleri rastgele seçmek için kullanılır. Eşleşme havuzunda yer alan bireyler yeni oğullar oluşturmak için kullanılır. Genetik algoritmada seçim tekniği eşleşme havuzu sayesinde populasyondaki daha iyi bireylerin seçimini kolaylaştırmaktadır (Deep vd., 2009). Tabi bu süreç belirli özellikler taşıyan seçim yöntemleriyle/operatörleriyle olmaktadır. Seçim operatörü, araştırma uzayının taranması ve açıklanması arasında dengeyi sağlamanın yanı sıra en iyi uygunluğa sahip bireylerin daha çok çoğalma şansını da sağlayabilmelidir. Seçim, umut vaat eden tüm araştırma uzay bölgelerinin taranması için populasyon çeşitliliğini korumalıdır ve yeniden birleşmeye tabi olmak için eşleşme havuzuna girebilecek bireyleri de seçebilme kabiliyeti taşımalıdır (Gog vd., 2007). Bu düşünceden yola çıkarak, seçim operatörü daha iyi bireylerin bir sonraki nesle geçmesini ve kötü uyuma sahip bireylerin yok edilmesinde fikir verir.

Bir bireyin iyi uyuma sahip olması demek, uygunluk değeri ile ilgili bir durumdur. Bu uygunluk değeri problemin yapısına göre oluşturulan amaç fonksiyonu ile hesaplanır. Basit genetik algoritmada seçim işlemi ilk önce n populasyon büyüklüğünü göstermek üzere her bir bireyin uyum değeri, denklem (4.4) ile hesaplanır ve tüm bireylerin uyum değerleri toplanır. Bu işlemlerden sonra her bir bireyin uyum değeri, bireylerin toplam uyum değerine bölünür. Böylece her bir bireyin seçilme olasılığı denklem (4.5) ile hesaplanır.

$$\sum_{i=1}^n f_i \quad (4.4)$$

$$P_i = \frac{f_i}{\sum_{i=1}^n f_i} \quad (4.5)$$

Bireyler seçilme olasılığına göre ya bir sonraki kuşağa aktarılır ya da elenir. Böylece yüksek uyuma sahip bireyler birbirleri ile eşleştirilir ve jenerasyon ilerledikçe daha uygun çözümlerin üretilmesi beklenir.

Genetik algoritmadaki seçim metotları aşağıda verilmiştir (Sivaraj ve Ravichandran, 2011):

A. Geleneksel mekanizmalar (Traditional Mechanisms)

○ Oransal seçim yöntemleri (Proportionate Selection Methods)

- Rulet tekerlek seçimi (Roulette wheel selection)
- Deterministik örnekleme (Deterministic sampling)
- Stokastik kalan örnekleme (Stochastic remainder sampling)
- Yer değiştirme ile stokastik kalan seçimi (Stochastic remainder selection with replacement)
- Yer değiştirme olmadan stokastik kalan seçimi (Stochastic remainder selection without replacement)
- Stokastik evrensel seçim (Stochastic universal selection)

○ Sıralama Seçimi (Ranking Selection)

- Doğrusal sıralama seçimi (Linear ranking selection)
- Kesme seçimi (Truncate selection)

○ Turnuva Seçimi (Tournament Selection)

- İkili turnuva seçimi (Binary tournament selection)
- Büyük turnuva seçimi (Larger tournament selection)
- Boltzmann turnuva seçimi (Boltzmann tournament selection)
- Korelatif turnuva seçimi (Correlative tournament selection)

B. Alternatif Seçim Mekanizmaları (Alternative Selection Mechanisms)

○ Aralık Seçimi (Range Selection)

○ Cinsiyete Özgü Seçim (Gender-Specific Selection)

- Kromozom farklılaşması ile Genetik Algoritma (Genetic algorithm with chromosome differentiation (GACD))
- Sınırlı çiftleşme (Restricted mating)
- Korelatif aile tabanlı seçim (Correlative family- based selection)

○ Genetik İlişki Tabanlı Seçim (Genetic relatedness (GR) based selection)

- Uygun düzgün seçim şeması (Fitness uniform selection scheme (FUSS))

- Ayırtma seçimi (Reserve selection)

Yukarıdaki seçim yöntemleri içerisinde literatürde en çok kullanılanları aşağıda açıklanmıştır.

4.3.4.1. Rulet tekerlek seçimi

Rulet tekeri seçim yönteminde, ilk önce tüm kromozomların uygunluk değerleri hesaplanır. Uygunluk değerleri, genetik algoritmanın evrim geçirecek üyelerinin belirlenmesine yardımcı olmaktadır. Denklem (4.5)'e göre her bir bireyin seçilme olasılığı hesaplandıktan sonra, tüm bireylerin kümülatif q_i değerleri hesaplanır. Eğer; tüm bireyler için rastgele $[0,1]$ aralığında sayılar türetilir ve bu rastgele sayılar hangi iki birikimli değer arasında kalıyorsa, birikimli değeri büyük olan kromozom çaprazlanmak için seçilir.

Örneğin, $r \in [0,1]$ aralığında üretilen rastgele bir sayı $r \leq q_1$ ise ilk kromozom seçilir, değilse $q_{i-1} < r \leq q_i$ olacak şekilde i .kromozom seçilir. Bu işlem her bir kromozom için üretilen r değeri için sürdürülür.

4.3.4.2. Deterministik örnekleme

Deterministik örneklemede, her bir bireyin uygunluk değeri popülasyonun ortalama uygunluk değerine bölünmesiyle popülasyonun her bir bireyinin ortalama uygunluğu $Pselect_i$ değeri hesaplanır. Ancak bir sonraki nesil için bireyleri seçmek için bu işlemin sadece tamsayı kısmı kullanılır. Kesir kısmı bireyleri sıralamak için kullanılır. Yeni popülasyondaki kalan boş yerlere en büyük kesir değerine sahip bireyler getirilir.

4.3.4.3. Kalanlı stokastik örnekleme

Kalanlı stokastik örneklemede, deterministik örneklemede kullanılan benzer fikre sahip ve popülasyon a_{pi}/a_{avg} 'nin sonucunda elde edilen ifadenin tam kısmı ile oluşturulmalıdır. Bu durumda boş yerler rulet tekeri metoduna göre doldurulur. Kalan seçim mekanizmasında, bir dizinin beklenen kopya sayısı

$m_i = f_i/f$ ile hesaplanır. Artan seçim mekanizması her bir bireyin m_i değerinin tamsayı kısmı ile ebeveynleri atar ve geriye kalan kesir kısmı ile de rulet tekeri seçim mekanizmasını kullanır. Kesirli kısımlar, çemberdeki aralıkların belirlenmesinde kullanılır. Örneğin, herhangi bir bireyin ölçülen m_i değeri 2,3 olarak ölçülürse, tam kısmı iki olduğundan yeni yığına iki kopyası alınır ve populasyon büyüklüğüne ulaşılmadıysa diğer kopyasının yeni yığında olma olasılığı ise % 30 'dir (Sivaraj ve Ravichandran, 2011).

4.3.4.4. Yer değiştirme ile stokastik artan seçimi

Bu metotta bir bireyin seçim olasılığı uygunluk değeri ile orantılıdır. Bireyler yüksek uygunluk değerleri ile (ortalama populasyon uygunluğunun yukarısı) bireylerin kopyalanma sayısı artarken, ortalama uygunluğun altında olan bireyler bir sonraki nesil için kopyalanma sayısı düşecek ve sonunda yok olacaktır. Yöntem, genel olarak rulet oyununa benzetilir. Populasyondaki bireylerin toplam uygunluk değeri rulet çemberinin büyüklüğünü verir ve her birey uygunluk değeri kadar yer kaplar. Bu yöntemde her bir bireyin beklenen seçilme olasılığı $f_i / \sum f$ ile hesaplanır. Rulet tekeri populasyon büyüklüğü kadar çevrilir. Her çevirme işleminden sonra göstergenin bulunduğu yerde olan birey işlem havuzuna dâhil edilir (Cerrolaza vd., 2000).

4.3.4.5. Yerine koymadan stokastik örnekleme

Bu seçim yönteminde, her bir bireyin seçilme olasılıkları $Pselect_i = f_i / \sum f$ ile genel olarak hesaplanır. Populasyon büyüklüğü N seçilirse her bir dizi için beklenen birey sayısı e_i , $e_i = pselect_i * N$ olarak hesaplanır. Her dizi örneklemleri e_i değerlerinin tamsayı kısmına göre düzenlenir ve e_i değerlerinin kesir kısmı ile Bernoulli deneylerinin (weighted coin tosses) yapılması ile bir sonraki kuşağa aktarılacak bireylerin kopyalanma ihtimali bulunur ve populasyon büyüklüğüne ulaşınca kadar devam ettirilir (Cerrolaza vd., 2000).

4.3.4.6. Stokastik evrensel seçim

James Baker, bireye atanan gerçek oğul sayısı ile beklenen oğul sayısı arasındaki farkı enküçükleyen bir yöntem olarak bu yöntemi önermiştir (Karaoğlu, 2007). Bu mekanizma rulet tekeri mekanizmasına benzemektedir. En önemli farkı, tekerin dış kısmının eşit parçalara bölünmesidir. Bu parçaların sayısı, populasyon büyüklüğü kadar sayıda olmaktadır. Seçim aşamasında çember bir kere döndürülür. Bir dizinin kopya sayısı, çemberin dış kısmındaki parça sayısı ile belirlenir. Bu durumda, bir dizinin çemberdeki ağırlıklandırılmış aralığına düşen parça sayısı o dizinin kopya sayısını vermektedir (Yıldız, 2006).

4.3.4.7. Doğrusal sıralama seçimi

Bir populasyondaki bireylerin sayısı N olsun. Doğrusal sıralama seçiminde, ilk önce bireyler uygunluk değerlerine göre sıralanır. Daha sonra sıralanmış populasyonun her bir bireyine bir sayı atanır. Yüksek uygunluk değerine sahip (en iyi birey) olan rank N 'e atanırken düşük uygunluk değerine sahip olan rank 1'e atanacaktır. Bireylerin seçilme olasılığı populasyondaki bireylere atanan sayıların populasyon büyüklüğüne göre verilir (Gog vd., 2007).

4.3.4.8. Kesme seçimi

Bu seçim mekanizması olasılıksal (stokastik) bir yöntem olmayıp deterministik bir yapıya sahiptir. Toplam populasyonun sadece yüzdelik bir kısmı ile alınan en iyi bireyler çaprazlama ve mutasyon işlemi uygulanmak için gen havuzuna giriş yaparlar. Bu nedenle en iyi bireyler her zaman seçim şansı bulmakta, diğerleri elenmektedir (Belanche, 1999). Başka bir deyişle, ilk önce bireyler uygunluk değerlerine göre sıralanır ve p gibi bir oran ile ($p=1/2, 1/3, vb.$) en iyi bireyler $1/p$ kez çoğaltılır. Bu çoğaltma işlemi populasyon büyüklüğü kadar sayıda birey elde edilene kadar rastgele çoğaltma işlemi uygulanır (Sivaraj ve Ravichandran, 2011).

Mevcut populasyondaki üst sırada yer alan en iyi bireylerin $\%T$ kadarı alınır. Bu bireyler bir sonraki nesil için çaprazlama ve mutasyon geçirirler (Sheetekela,

2010). Yukarıda belirtilen T eşik enerjisi normal olarak %10 ve %50 aralığında seçilir (Mühlenbein ve Schlierkamp-Voosen, 1993). Bu anlatımlar göz önünde bulundurulduğunda popülasyondaki en iyi bireyin bir sonraki nesilde yeri garanti edilir. Diğer üstte yer alan % (T-1) tanesi de bir sonraki nesil için geriye kalan bireyleri oluşturmak için çaprazlama ve mutasyon işlemini geçirirler. Böylece süreç optimal çözüm elde edilene kadar ya da enfazla iterasyon sayısına ulaşılan kadar tekrar edilir (Greene, 2005).

4.3.4.9. Turnuva seçimi

Turnuva seçim operatörü çoğalma operatörü olarak kullanılır. Turnuva büyüklüğü q olmak üzere turnuvalar q tane çözüm arasında oynanır ve böylece eşleşme havuzu için daha iyi çözümler yer almış olur (Deep vd., 2009). Başka bir ifadeyle, bu seçim yönteminde popülasyondan rastgele k tane birey yerine koyarak veya koymadan seçilir ve en iyi uygunluk değerine sahip birey yeni popülasyona kopyalanır. Burada k turnuva büyüklüğünü göstermek üzere genellikle iki seçilir. N popülasyon büyüklüğünü ifade etmek üzere kopyalama işlemi popülasyon büyüklüğüne ulaşınca kadar devam eder. Turnuva seçim yönteminde k değeri önemlidir ve performansı büyük ölçüde etkiler. Bu seçim yönteminde bir bireyin seçilme olasılığı denklem (4.6) ile verilmektedir (Karaoğlu, 2007).

$$P_i = \frac{1}{N^k} ((N - i + 1)^k - (N - i)^k) \quad (4.6)$$

Burada;

N: Popülasyon büyüklüğü,

P_i: i. Bireyin seçilme olasılığını,

k: Turnuva büyüklüğünü göstermektedir.

Genellikle turnuva büyüklüğü iki olmakla beraber bu sayının artması da mümkündür (Yıldız, 2006).

4.3.4.10. Aralık seçimi

Populasyondaki her birey uygunluk değerine göre sayısal olarak sıralanır ve seçim uygunluk değerleri arasındaki mutlak farklılıktan ziyade bu sıralamaya dayanır. Bu metodun avantajı, başta iyi uyuma sahip bireylerin az uyum elde etme baskınlığını önleyebiliyor olmasıdır. Bu az uyumlu bireyler populasyonun genetik çeşitliliğini azaltmakta ve kabul edilebilir bir çözümün araştırılmasını engellemektedir.

4.3.4.11. Genetik ilişki tabanlı seçim

Bu seçim yöntemini Gog ve arkadaşları (2007) şöyle açıklamıştır. Genetik ilişkililik/akrabalık kavramı ortak iyi bir ataya sahip bireyler arasındaki mevcut ilişkiyi tanımlamak için tanıtılmıştır. Bir ata, ebeveynlerin ve onların ebeveynlerinin oluşumuna katkı sağlayan ve önceki neslin birinde var olan bir bireydir. En iyi uygunluk değeri ile atanın bir bireyi *LineOpt* ile gösterilir ve atalardan gelen tek silsile içerisinde aynı en iyi uygunluk değerine sahip pek çok ata var ise en yakın ata seçilir. Bağımsız iki silsile de aynı uygunluk değerine sahip en iyi bireyler içerisinde onlardan biri rastgele seçilir. Başlangıç populasyonundaki tüm en iyi bireyler aynı *LineOpt* değerine sahiptir. Genetik ilişki tabanlı seçim yöntemi, eşleşme havuzuna girecek bireyleri seçtiği zaman her bir bireyin *LineOpt* bilgisini kullanır.

Örneğin mevcut $P(t)$ populasyonu n bireye sahip olsun ve

$$P(t) = x^1, x^2, \dots, x^n$$

ile gösterilsin. Mevcut populasyondaki tüm bireyler *LineOpt* değerine göre gruplandırılır. Mevcut $P(t)$ populasyonu göz önünde bulundurulduğunda kümeler,

$$A_1, \dots, A_k, \quad k \leq n$$

aşağıdaki kurallara göre oluşturulur.

(i) $A_1, \dots, A_k, \quad k \leq n$ kümeleri $P(t)$ populasyonun bir kısmını temsil etsin.

$$(a) A_i \neq \emptyset, 1 \leq i \leq k,$$

$$(b) \bigcup_{i=1}^k A_i = P(t),$$

$$(c) A_i \cap A_j = \emptyset, 1 \leq i \leq k, 1 \leq j \leq k, i \neq j.$$

(ii) $A_i (1 \leq i \leq k)$ kümesine ait tüm bireyler aynı LineOpt değerlerine sahipse:

$$\text{LineOpt}(x^u) = \text{LineOpt}(x^v), \forall x^u, x^v \in A_i, 1 \leq i \leq k.$$

(iii) İki farklı küme $A_i, A_j (1 \leq i \leq k, 1 \leq j \leq k, i \neq j.)$ farklı LineOpt değerlerine sahip olsun.

$$\text{LineOpt}(x^u) \neq \text{LineOpt}(x^v), \forall x^u \in A_i, x^v \in A_j, (1 \leq i \leq k, 1 \leq j \leq k, i \neq j).$$

Bir sonraki nesil üzerinde yüksek uyuma sahip bir grup veya bir bireyi baskın olmaktan önlemek için her kümede yer alan tüm bireylerin olasılıkları toplamı aynı değere sahiptir ve

$$\sum_{x^u \in A_j} p_{uj} = \frac{1}{k}, \quad 1 \leq j \leq k$$

ile gösterilir. Uygunluk fonksiyonu f ile gösterilsin. Her bir k tane küme içerisinde, A_j kümesi içerisindeki x^u bireyinin seçim olasılığı p_{uj} aşağıdaki gibi hesaplanır.

$$p_{uj} = \frac{f(x^u)}{F_j} \cdot \frac{1}{k}, \quad x^u \in A_j, 1 \leq j \leq k$$

F_j, A_j kümesi içerisindeki bireylerin toplam uygunluğunu göstermek üzere;

$$F_j = \sum_{x^u \in A_j} f(x^u), \quad 1 \leq j \leq k$$

olur. İki farklı kümede aynı uygunluk değerine sahip iki birey var ise,

$$x^u \in A_i, x^v \in A_j, (1 \leq i \leq k, 1 \leq j \leq k, i \neq j), f(x^u) = f(x^v) \text{ 'dir.}$$

Genetik ilişki tabanlı orantılı seçim her kümede yer alan tüm bireylerin olasılıkları toplamı aynı değere sahiptir. Bu teknik tüm populusyona nazaran

daha az uyuma sahip bireylerin hayatta kalmasını sağlayacak ama bireyler ait oldukları kümeye göre en iyi olmalıdır.

4.3.5. Çaprazlama

Genetik algoritma sürecinde çaprazlama işlemi ikili kodlanmış bireyler ve gerçek kodlanmış bireyler için farklı şekillerde yapılmaktadır. Bu kısımda önce ikili kod ile gösterilmiş kromozomların çaprazlama türleri ve şekilleri anlatılacak daha sonra bazı gerçek kodlu çalışan çaprazlama yöntemleri gösterilecektir. Çaprazlama, popülasyondaki en iyi uyuma sahip bireylerin bir sonraki nesle aktarılabilmesi için bireyler arasındaki gen alış-verişi ile popülasyon kalitesi daima en iyi tutulmaya çalışılır. Böylece gelişmiş çözümler elde edilirken diğer çözümler elenir. Çaprazlama operatörünün bazı türleri aşağıdaki gibi verilebilir:

- Tek Nokta Çaprazlama (single point crossover),
- İki Nokta Çaprazlama (two point crossover),
- Düzgün Çaprazlama (Uniform crossover).

4.3.5.1. Tek nokta çaprazlama

Bu yöntemde, mevcut popülasyondan seçim yolu ile eşleştirilen kromozomlar rastgele seçilen kesim noktası ile birinci kromozomun ilk parçası ile ikinci kromozomun ikinci parçası birleştirilir. Bu süreç, ikili kodlanmış Şekil 4.2 ve Şekil 4.3'deki A ve B kromozomlarıyla gösterilebilir.

1	0	1	0	1	1	0
---	---	---	---	---	---	---

Şekil 4.2. A-kromozomu

0	1	1	0	0	1	1
---	---	---	---	---	---	---

Şekil 4.3. B-kromozomu

Rastgele seçim yolu ile seçilen pozisyon dördüncü nokta olsun ve bu durumda seçilen pozisyon diğer beş noktada olabileceği gibi çaprazlama yöntemi aynı

şekilde olacaktır. A ve B kromozomlarının çaprazlaması sonucu oluşturduğu iki yeni kromozom sırasıyla Şekil 4.4 ve Şekil 4.5'deki gibi olacaktır.

1	0	1	0	0	1	1
---	---	---	---	---	---	---

Şekil 4.4. C-kromozomu

0	1	1	0	1	1	0
---	---	---	---	---	---	---

Şekil 4.5. D-kromozomu

4.3.5.2. İki nokta çaprazlama

İki nokta çaprazlama, mevcut populasyondan seçim yolu ile eşleştirilen kromozomların rastgele iki çaprazlama noktası seçilmesi ve bu seçilen noktalar arasında kalan parçaların yer değiştirmesiyle gerçekleştirilir. Bu süreç, ikili kodlanmış Şekil 4.6 ve Şekil 4.7'deki E ve F kromozomlarıyla gösterilebilir.

1	0	1	0	0	1	1
---	---	---	---	---	---	---

Şekil 4.6. E-kromozomu

0	1	1	0	1	1	0
---	---	---	---	---	---	---

Şekil 4.7. F-kromozomu

Rastgele seçilen iki nokta, dördüncü ve altıncı noktalar olsun. E ve F kromozomlarının çaprazlaması sonucu oluşturduğu iki yeni kromozom sırasıyla G ve H ise sırasıyla Şekil 4.8 ve Şekil 4.9'daki gibi gösterilebilir.

1	0	1	0	1	1	1
---	---	---	---	---	---	---

Şekil 4.8. G-kromozomu

0	1	1	0	0	1	0
---	---	---	---	---	---	---

Şekil 4.9. H-kromozomu

4.3.5.3. Düzgün çaprazlama

Düzgün çaprazlama diğer çaprazlama türlerine göre farklı bir sistem ile çalışır. Bu çaprazlama türünde ilk önce çaprazlanmak için iki kromozom seçim yolu ile rastgele seçilir ve çaprazlama işleminin yapılması için rastgele oluşturulan **“çaprazlama maskı”** ile çaprazlama yapılır. Üretilen çaprazlama maskında ‘1’ değeri o genin birinci atadan kopyalanacağını, ‘0’ ise o genin ikinci atadan kopyalanacağını göstermektedir. Bu durum Şekil 4.10’da verilmektedir.

Çaprazlama Maskı

<u>1</u>	0	<u>1</u>	<u>1</u>	<u>1</u>	0	0	<u>1</u>	0	0
----------	---	----------	----------	----------	---	---	----------	---	---

I. Ebeveyn

1	0	1	1	1	0	0	1	0	0
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

II. Ebeveyn

1	0	1	1	1	0	0	1	0	0
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

Oğul

1	0	1	1	1	0	0	1	0	0
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

Şekil 4.10. Düzgün çaprazlama

Farklı çaprazlama teknikleri olmasına rağmen yukarıda “Tek noktalı”, “İki noktalı” ve “Düzgün çaprazlama” tekniklerinden bahsedilmesi konunun anlaşılması açısından yeterlidir.

4.3.6. Mutasyon

Genetik algoritma sürecinde mutasyon işlemi, ikili kodlanmış bireyler ve gerçek kodlanmış bireyler için farklı şekillerde yapılmaktadır. İlk önce ikili kodda gösterilmiş kromozomların mutasyon türleri ve şekilleri anlatılacak daha sonra

literatürden bazı gerçek kodlu çalışan mutasyon yöntemleri detaylı olarak gösterilecektir. Mutasyon operatörü en yakın optimal çözümü bulmak için genetik algoritmanın araştırma yeteneğini arttırdığı gibi kromozomlardaki bilginin kaybolmasını önlemek için uygulanan önemli bir operatördür. Eğer mutasyon operatörü uygulanmazsa, çaprazlama sonucu oluşan yeni çözümler birbirinin kopyası olacağı için çeşitliliğin kaybolmasına neden olacaktır. Bu çeşitliliği korumak adına bireylerdeki bazı bitler ya da değişkenler mutasyona uğratarak algoritmanın çalışma hızının artmasına ve çözümde oluşan tıkanıklığın giderilmesine olanak sağlanmış olur.

Genetik algortmada mutasyon operatörü ebeveynlerin bazı değerlerinin rastgele değişmesidir (Farahat vd., 2012). Genetik algortmalarda mutasyon operatörü, oluşan yeni çözümlerin önceki çözümleri kopyalamasının önüne geçmek ve sonuca hızlı ulaşmak için yapılmaktadır (Kurt vd., 2001). İkili kodlanmış diziler için, mutasyon, bir p_m olasılığı ile her kromozomun bit değerinin '0' değerinden '1' değerine ya da tam tersi şekilde değişme işlemidir (Baragona vd., 2001).

Mutasyona uğrayacak bitleri tespit etmek için [0,1] aralığında rastgele sayılar üretilir. Bu üretilen sayılar mutasyon olasılığı p_m ile karşılaştırılır. Eğer rastgele üretilen sayılar p_m değerinden büyükse o gen mutasyona uğramaz. Eğer rastgele üretilen sayılar mutasyon olasılığı p_m değerinden küçük ise o zaman gen mutasyona uğrar. Mutasyon olasılığı genellikle düşük değerde seçilir. Bazı ikili kodlu mutasyon türleri aşağıda verilmiştir (Bolat vd., 2004).

- Ters çevirme,
- Ekleme,
- Yer değişikliği,
- Karşılıklı değişim.

Ters çevirmede, kromozomdan rastgele iki pozisyon seçilir ve iki ucu arasında ters çevirilir. Eklemede ise rastgele bir pozisyon seçilir ve rastgele bir yere yerleştirilir. Yer değişikliği mutasyonunda, rastgele bir alt dizi seçilir ve rastgele bir yere yerleştirilir. Karşılıklı değişim mutasyonunda, rastgele seçilen iki genin

yerleri deęiřtirilir. Bu mutasyon operatörlerinin uygulamaları Şekil 4.11’de verilmiřtir.

Kromozom

1	0	1	1	1	0	0	1	0	0
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

Ters Çevirme Mutasyonu

1	0	<u>1</u>	<u>0</u>	<u>1</u>	<u>1</u>	0	1	0	0
---	---	----------	----------	----------	----------	---	---	---	---

Ekleme Mutasyonu

1	0	<u>0</u>	1	1	0	0	1	0	0
---	---	----------	---	---	---	---	---	---	---

Yer Deęiřiklięi Mutasyonu

1	0	0	1	0	0	<u>1</u>	<u>1</u>	<u>1</u>	<u>0</u>
---	---	---	---	---	---	----------	----------	----------	----------

Karřılıklı Deęiřim Mutasyonu

<u>0</u>	0	1	1	1	0	0	1	0	<u>1</u>
----------	---	---	---	---	---	---	---	---	----------

Şekil 4.11. Mutasyon türleri

4.4. Gerçek Kodlu Genetik Algoritmalar

İkili kod, temsili büyük nümerik duyarlılık gerektiren ve büyük boyutlu sürekli araştırma uzayları ile uğrařıldığı zaman bazı zorluklar ile karřılařılmaktadır (Herrera vd., 1998). Kromozomların sahip olduęu genlerin toplamına genotip denir. Genotip ve çevre kořullarının etkisiyle ortaya çıkan dıř görünüře ise fenotip denilmektedir (İnternet 3, 2014). Gerçek kodlu genetik algoritmalar bařka bir ifadeyle sürekli parametrelili genetik algoritmalar, gerçek kodlama iřleminde ikili kodlamada uygunlukların hesaplanmasında yapılan genotip deęerlerini fenotip deęerlerine çevirmedeki hesaplama iřlemlerine gerek duymaması uygunluk deęerlerinin hesaplanmasında kolaylıklar saęlamakta ve

zaman tasarrufu sağlamaktadır. Bu nedenle ikili kodlamanın her zaman parametrelerin çözümünü iyi temsil ettiği söylenememektedir.

Özellikle problem boyutu büyüdüğünde (kromozomların bit sayısının artması), ikili kodlamanın hassasiyeti sınırlı kılmaktadır. Bunun yerine gerçek rakamlarla kodlama yapabilen gerçek kodlu genetik algoritma kullanmak avantajlıdır. Gerçek kodlu GA, hem daha hassas hem de bilgisayar belleğinde daha az yer kaplamaktadır (Aydoğdu, 2006). Çünkü herhangi bir problem çözümünde rakamların hassasiyeti önemli bir yer tutmaktadır. İkili kodlamanın bir başka dezavantajı ise, orijinal değerleri birbirine yakın olmasına rağmen ikili koda çevrildiğinde değerlerin birbirine uzak düşmeleridir. Örneğin; 30 ve 32 orijinal değerleri birbirine yakın iki değer olmasına rağmen ikili koda çevrildiğinde 30 sayısı 11110 değerine karşılık gelirken, 32 sayısı 100000 değerine karşılık gelmektedir. Genetik algoritma yapısı içerisinde 30 değerinin 32 değerine ilerlemesi için 0 ve 1'lerden oluşan yapıda çok bitin yerinin değişmesi gerekmektedir (Akyol, 2006).

Gerçek değerli genetik algoritmalarından birisi de Bredeer Genetik Algoritmadır (BGA). BGA'nın bazı özellikleri aşağıdaki gibidir (Folly ve Sheetekela, 2012).

- Klasik genetik algoritmada kullanılan ikili temsile karşın BGA gerçek-değerli kod temsili kullanır.
- BGA kullanıcı tarafından seçilecek sadece birkaç parametre gerektirir.
- Seçim tekniği olarak her zaman kesme (truncation) yöntemini kullanır. Bu yöntem, mevcut popülasyonda üst sırada yer alan en iyi bireyleri seçmek için mevcut popülasyonun % T kadarı alınır. Bu bireyler bir sonraki nesil için çaprazlama ve mutasyon geçirirler. Bireylerden geriye kalanlar atılır.

4.4.1. Parametrelerin kodlanması ve amaç fonksiyonu

Gerçek dünya problemlerinin çeşitliliği ve bu çeşitliliğe paralel olarak problemlerin doğasına uygun olarak ifade etme şekilleri de çeşitlilik göstermektedir. Popülasyon, problemin çözümünü temsil eden kromozomlardan oluşmaktadır. Kromozomlar parametrelerin yan yana

dizilmesiyle oluşmaktadır. Dolayısıyla her bir parametre bir gen ile ifade edilmektedir. Gerçek kodlu genetik algoritma parametrenin yapısına uygun bir şekilde her bir gen on tabanlı bir sayı dizisi ile temsil edilir (Aydoğdu, 2006). Bir kromozom başka bir deyişle bir birey N_{par} adet parametre ile $1 \times N_{par}$ boyutunda bir matris ile aşağıdaki şekilde ifade edilir.

$$\text{Kromozom} = [\text{gen}_1 \text{gen}_2 \text{gen}_3, \dots, \text{gen}_{N_{par}}]$$

Bu süreçte her bir parametrenin uygunluk değerleri:

$$f(\text{kromozom}) = f(\text{gen}_1 \text{gen}_2 \text{gen}_3, \dots, \text{gen}_{N_{par}})$$

şeklinde yazabiliriz.

4.4.2. Başlangıç popülasyonu ve uygunluk değeri hesaplama

Kodlama işlemi problemin yapısına uygun bir şekilde yapıldıktan sonra bir başlangıç popülasyonun oluşturulması gerekir. Başlangıç popülasyonun oluşturulabilmesi için N_{pop1} sayıda birey/kromozom gerekmektedir ve başlangıç popülasyonu $N_{pop1} \times N_{par}$ boyutunda bir matrisi ifade etmektedir. Matris oluşumunda yer alan N_{par} optimize edilecek parametre sayısını ifade etmektedir. Dolayısıyla başlangıç popülasyonunu oluşturan genler aşağıdaki denklik ile verilir (Aydoğdu, 2006).

$$POP = A + (\bar{U} - A) \times \text{rand}(N_{pop1}, N_{par}) \quad (4.7)$$

Burada yer alan $\bar{U}$ ve A sırasıyla değişkenin üst sınır değerini ve değişkenin alt sınır değerini ifade etmektedir. Denklemden yer alan rand ifadesi 0-1 aralığında rastgele sayılar üretmektedir. Dolayısıyla her bir parametre için izin verilen aralık içerisinde rastgele sayılar üretilerek yan yana yazılır ve kromozomlar oluşturulur. Her bir kromozomun uygunluk değeri probleme özgü amaç fonksiyonu değeri ile hesaplanır.

4.4.3. Seçim

İkili genetik algoritmada anlatılan seçim metotları kullanılabilir. Ancak breeder genetik algoritmada seçim yöntemi olarak kesme seçim (truncation selection) yöntemi kullanılmak zorundadır (Folly ve Sheetekela, 2012).

4.4.4. Eşleştirme

Seçim yolu ile hayatta kalmasına izin verilen % T tane birey sayısını N_T ile gösterelim. Bireyler birinci kromozomdan başlayarak N_T sayısına kadar sıralanır. Aşağıda da görüldüğü gibi kromozomlar rastgele sayı üretici ile üretilmektedir.

$$\text{kromozom} = \text{round}\{N_T \times \text{rastgele sayı}\}$$

Örneğin, N_T sayısı 6 olsun. Rastgele üretilen sayılar ise 0,4648; 0,7640; 0,8182; 0,1002; 0,1781 ve 0,3596 olsun. Bu sayılar 6 ile çarpıldığı zaman 3, 5, 5, 1, 1 ve 2 değerleri elde edilir. Buna göre kromozom3-kromozom5, kromozom5-kromozom1 ve kromozom1-kromozom2 ile eşleşmiş olacaktır (Aydoğdu, 2006).

4.4.5. Çaprazlama

Gerçek kodlu bazı çaprazlama türleri aşağıda anlatılmıştır (Herrera vd., 1998).

4.4.5.1. Düz çaprazlama

Düz çaprazlama işleminin uygulanacağı için iki kromozom;

$$C_1 = (c_1^1 \dots c_n^1) \text{ ve } C_2 = (c_1^2 \dots c_n^2)$$

olsun. Bir oğul, $H = (h_1, \dots, h_i, \dots, h_n)$ olsun. Buradaki h_i değerleri $[c_i^1, c_i^2]$ aralığından düzgün (uniformly) rastgele seçilir (Radcliffe, 1991a).

4.4.5.2. Basit çaprazlama

Bir pozisyon $i \in \{1, 2, \dots, n - 1\}$ aralığında rastgele seçilir ve iki yeni kromozom eşitlikler (4.8) ve (4.9) kullanılarak oluşturulur (Wright, 1991; Michalewicz, 1992).

$$H_1 = (c_1^1, c_2^1, \dots, c_i^1, c_{i+1}^2, \dots, c_n^2) \quad (4.8)$$

$$H_2 = (c_1^2, c_2^2, \dots, c_i^2, c_{i+1}^1, \dots, c_n^1) \quad (4.9)$$

4.4.5.3. Aritmetik çaprazlama

İki oğul, $H = (h_1^k, \dots, h_i^k, \dots, h_n^k)$; $k = 1, 2$ olsun. Burada λ sabit (düzgün aritmetik çaprazlama) olmak üzere H , $h_i^1 = \lambda c_i^1 + (1 - \lambda) c_i^2$ ve $h_i^2 = \lambda c_i^2 + (1 - \lambda) c_i^1$ şeklinde elde edilir. Eğer kuşak sayısına göre farklılık olursa λ (düzgün olmayan aritmetik çaprazlama) ile belirlenir (Michalewicz, 1992). Bu çaprazlama türünde $\lambda = 0,5$ değer aldığı zaman (Davis, 1991), sonuç iki parametrenin ortalaması olmaktadır. Benzer şekilde $\lambda = 0$ değer alması ikinci bireyin baskın olmasına ve diğer bireyin ölmesine neden olmaktadır.

4.4.5.4. BLX- α çaprazlama

Bu çaprazlama türü 'Karma çaprazlama metodu' (Blend crossover, BLX- α) olarak da adlandırılmaktadır. Burada bazı parametrelerin α değerlerini belirleyerek işleme başlanır. Bir oğul $H = (h_1, \dots, h_i, \dots, h_n)$ olsun. Burada h_i değerleri;

$$[c_{enk} - I \cdot \alpha, c_{enb} + I \cdot \alpha], \quad c_{enb} = \text{enb}(c_i^1, c_i^2), \quad c_{enk} = \text{enk}(c_i^1, c_i^2), \quad I = c_{enb} - c_{enk}$$

düzgün (uniform) aralığı oluşturularak seçilmesiyle elde edilir. Görüldüğü şekilde α değeri parametrelerin dış sınırlarını belirlemekte ve bu sınırlar çerçevesinde yeni oğullar üretmektedir. BLX-0,0 çaprazlama şekli flat çaprazlama (düz çaprazlama) şekline eşittir (Eshelman ve Shafter, 1993).

4.4.5.5. Doğrusal çaprazlama

Bu yöntemde, iki kromozomdan üç tane yeni nesil aşağıda belirtildiği şekilde üretilmektedir. Bu üç tane oğul;

$$H = (h_1^k, \dots, h_i^k, \dots, h_n^k); k = 1, 2, 3$$

olsun. Bu üç oğul;

$$h_i^1 = \frac{1}{2} c_i^1 + \frac{1}{2} c_i^2, h_i^2 = \frac{3}{2} c_i^1 - \frac{1}{2} c_i^2 \text{ ve } h_i^3 = -\frac{1}{2} c_i^1 + \frac{3}{2} c_i^2$$

şeklinde hesaplanmaktadır. Bir oğula bu çaprazlama türü ile seçim mekanizması, popülasyondaki ebeveynlerin durumuna göre bu üç oğuldan en iyi olan iki tanesine uygulanır (Wright, 1991).

4.4.5.6. Ayrık çaprazlama

İki kromozom $x = (x_1, \dots, x_n)$ ve $y = (y_1, \dots, y_n)$ olsun. Oğul $z = (z_1, \dots, z_n)$ olacak şekilde:

$$z_i = \{x_i\} \text{ veya } \{y_i\}$$

x_i veya y_i 0,5 olasılıkla yani eşit olasılık ile seçilir (Mühlenbein ve Schlierkamp-Voosen, 1993). Bu çaprazlama türüne işlevsel olarak bakıldığında ayrık çaprazlama, düzgün çaprazlamanın gerçek kodlama için tasarlanmış halidir. Düzgün çaprazlamayla arasındaki tek fark değiş tokuş edilen genlerin 0 ve 1 yerine reel sayılar olmasıdır (Küçüktezcan, 2008). Çaprazlanacak iki kromozomlar X ve Y olmak üzere, bu çaprazlama türünün çalışma prensibi Şekil 4.12'de verilmiştir.

X kromozom

12	4	5	6
----	---	---	---

Y kromozom

9	3	2	45
---	---	---	----

X kromozom maskı

2	2	1	2
---	---	---	---

Y kromozom maskı

1	1	2	1
---	---	---	---

I. oğul

9	3	5	45
---	---	---	----

II. oğul

12	4	2	6
----	---	---	---

Şekil 4.12. Ayrık çağrazlama

4.4.5.7. Genişletilmiş doğrusal çaprazlama

Bu çaprazlama yönteminde, eşitlik (4.10)'da yer alan α değeri $[-0,25; 1,25]$ aralığında düzgün (uniform) rastgele seçilir (Mühlenbein ve Schlierkamp-Voosen, 1993).

$$z_i = x_i + \alpha \cdot (y_i - x_i) \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (4.10)$$

Görüldüğü gibi doğrusal çaprazlamanın kapsamlı ara çaprazlamadan farkı, kromozomdaki her gen için α değeri üretmek yerine tek bir α değeri ürettiği ilgili denklemden anlaşılmaktadır. Şekil 4.12'deki X ve Y kromozomları dikkate

alınsın. Birinci oğul için seçilen α değeri 0,3 ve ikinci oğul için aralıktan rastgele seçilen α değeri 0,2 olduğu kabul edilirse, yeni oğullar Şekil 4.13'te verilmektedir.

I. oğul

11,1	3,7	4,1	17,7
------	-----	-----	------

II. oğul

11,4	3,8	4,4	13,8
------	-----	-----	------

Şekil 4.13. Genişletilmiş doğrusal çağrazlama

4.4.5.8. Genişletilmiş ara çağrazlama

Bu çağrazlama şeklinde; eşitlik (4.11)'de yer alan α değeri ya sabit olarak $\alpha=0,5$ seçilir ya da $[0; 1]$ aralığında rastgele seçilir.

$$z_i = x_i + \alpha_i \cdot (y_i - x_i) \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (4.11)$$

Bu çağrazlama türüne ara çağrazlama denir. Benzer şekilde α_i değerleri $[-0,25; 1,25]$ aralığında rastgele seçilirse genişletilmiş ara çağrazlama denir (Mühlenbein ve Schlierkamp-Voosen, 1993). Şekil 4.12'deki X ve Y kromozomları dikkate alınsın. Birinci oğul için seçilen α değerleri 1; 0,25; 1,2 ve 0,3 ve ikinci çocuk için aralıktan rastgele seçilen α değerleri 0,25; 1,1; 0,2 ve 1 olduğu varsayılın. Yeni oğullar Şekil 4.14'te verilmektedir.

I. oğul

9	3,75	1,4	17,7
---	------	-----	------

II.oğul

11,25	2,9	4,4	45
-------	-----	-----	----

Şekil 4.14. Genişletilmiş ara çağrazlama

4.4.5.9. Bulanık çaprazlama

Bulanık çaprazlama operatörü, bulanık küme teorisinden esinlenerek ortaya çıkarılmıştır. Bulanık çaprazlama ile üretilen z_i değerine sahip oğul i . değer olasılığı bir iki modlu dağılım ile verilir. İki gerçek değerli kromozom;

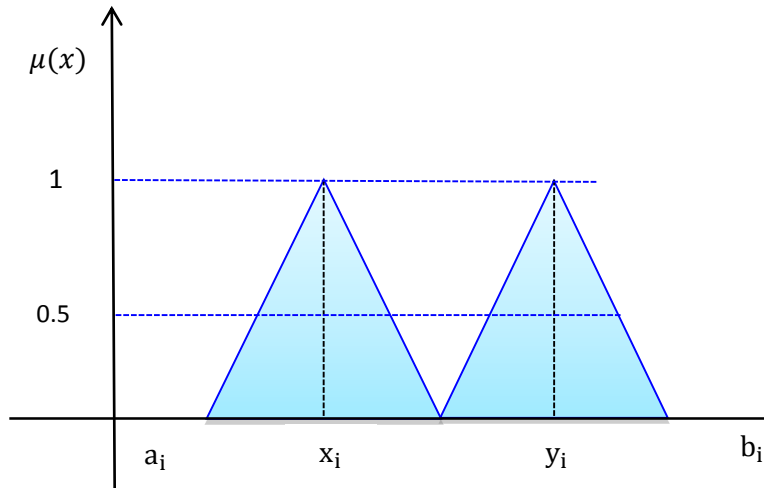
$$X = (x_1, \dots, x_n), Y = (y_1, \dots, y_n) \text{ ve } (x_i, y_i \in [a_i, b_i] \subset \mathbb{R}, i = 1, 2, \dots, n)$$

olsun. Bu durumda bulanık çaprazlamanın ürettiği bir oğul $Z = (z_1, \dots, z_n)$ olacak şekilde, z_i oğulunun i . değerini elde etmek için olasılık iki modlu bir dağılımdan $p(z_i) \in \{\varphi(x_i), \varphi(y_i)\}$ ile elde edilir. $x_i \leq y_i$ ve $d \geq 0.5$ için $\varphi(r)$ değeri üçgensel olasılık dağılımına (triangular probability distributions) sahiptir. Çizelge 4.1’de bulanık operatörler gösterilmektedir.

Çizelge 4.1. Bulanık operatörü (Herrera ve Lozano, 2001)

Olasılık dağılımı	Enküçük değer	Mod değeri	Enbüyük değer
$\varphi(x_i)$	$x_i - d y_i - x_i $	r	$x_i + d y_i - x_i $
$\varphi(y_i)$	$y_i - d y_i - x_i $	r	$y_i + d y_i - x_i $

Ayrıca bulanık operatörü Şekil 4.15’te gösterilmektedir.



Şekil 4.15. Bulanık operatörü (Herrera ve Lozano, 2001)

Burada d değeri büyüdükçe popülasyondaki çeşitlilik artmakta, tersi durumda çeşitlilik azalmaktadır (Herrera ve Lozano,2001; Deb ve Jain, 2011). Bulanık

çaprazlama, üçgensel sürekli olasılık dağılımını kullanır ve bu yüzden bulanık çaprazlama, ayırık çaprazlama ve BLX- α çaprazlama arasında bir melez çaprazlama olarak düşünülür (Herrera ve Lozano, 2000).

4.4.5.10. Wright sezgisel çaprazlaması

Örneğin, C_1 en iyi uygunluğa sahip bir ebeveyn olsun. Bu durumda yeni nesil;

$$h_i = r \cdot (c_i^1 - c_i^2) + c_i^1$$

ile hesap edilir ve r değeri $[0, 1]$ aralığına ait rastgele bir sayı olması ile her parametre için farklı r değerleri üreterek yeni nesiller elde edilmiş olunacaktır. Böylece uygun görülen değerlerin dışında üretilen sayılar göz ardı edilir ve yeni r değerleri ile işlem devam eder (Wright, 1990).

4.4.5.11. Doğrusal BGA çaprazlama

Örneğin, C_1 en iyi uygunluğa sahip bir ebeveyn olsun. Bu durumda;

$$h_i = c_i^1 \mp \text{rang}_i \cdot \gamma \cdot \Delta, \text{ burada } \Delta = \frac{c_i^2 - c_i^1}{\|C_1 - C_2\|}$$

ifadesi ile hesaplanmaktadır. Yer alan “-” işareti ise 0,9 olasılık ile seçilir. Genel olarak rang_i değeri;

$$0,5 \cdot (b_i - a_i) \text{ ve } \gamma = \sum_{k=0}^{15} a_k \cdot 2^{-k}$$

dir. Burada yer alan $\alpha_i \in \{0,1\}$ değeri $p(\alpha_i = 1) = \frac{1}{16}$ ile rastgele oluşturulur (Schlierkamp-Voosen, 1994).

4.4.6. Mutasyon

Genetik algoritmalar tekniği ile çözülen problemlerin mutasyon işlemine tabi tutulması yerel optimum tuzaklarına takılmayı önlemek ve böylece global optimum çözüm noktalarını elde etmek içindir. Nitekim, çaprazlama işlemi sonucunda oğullar birbirine benzemekte ve sonuca hızlı yaklaşım olmaktadır. Mutasyon işleminde temel amaç, yerel noktalara yakınsamanın önüne geçmektir.

Eğer yakınsama sonucunda yerel noktalar bulunursa çözümün iyi olmadığı, global noktaların bulunması ise çözüm sonucunun iyi olduğu anlamını taşımaktadır. Burada önemli olan kaç tane parametrenin mutasyona uğrayacağını belirlemektir. İlk önce toplam parametre sayısı ile mutasyon oranı çarpılarak bulunur. Bir matriste, satır ve sütunu ifade edecek şekilde rastgele rakamlar üretilerek mutasyon gerçekleştirilir (Aydoğdu, 2006).

Kromozomlardaki her bir gen, bir parametreyi temsil ettiği için gerçek değerli kodlamada mutasyon, gerçek genlerden oluşan bir kromozom mutasyona tabi tutulacak ise belirli sınırlar içerisinde rastgele elde edilen bir reel sayı parametre değerine eklenerek ya da çıkartılarak ilgili gen mutasyona uğratılmış olur. Gerçek değerli mutasyon problem çeşitliliğine göre farklı türlere sahiptir. Gerçek değerli mutasyon türlerinden biri Breeder genetik algoritmada kullanılan mutasyon şeklidir (Keskintürk ve Şahin, 2009; Mühlenbein, 1994). Bu mutasyon yöntemleri detaylı olarak aşağıda anlatılmıştır.

4.4.6.1. Ayırık mutasyon

Gerçek değerli değişkenlerin mutasyonu için bir x_i değişkeni küçük p_m olasılığı ile seçilir. Breeder genetik algoritma normal olarak $p_m = \frac{1}{n}$ olarak kullanılır ve n değeri bir bireyin değişkenlerinin sayısını ifade etmektedir. Kromozomdaki en az bir değişken mutasyona uğratılmalıdır. Her değişken için mutasyon aralığı $range_i$ ile gösterilmektedir. Mutasyon aralığı $\lambda \cdot searchinterval_i$ ile hesap edilir. Mutasyon aralığındaki $searchinterval_i$ ifadesi mutasyona uğrayacak değişkenin üst ve alt sınırlarının farkını temsil etmektedir. Bu işlemdeki λ değeri genel olarak 0,1 alınmaktadır. Mutasyona uğratılacak değişkene $[-range_i, range_i]$ aralığında bir değer eklenir (Montiel vd., 2004).

Yeni z_i değeri $z_i = x_i \pm range_i \cdot \delta$ ifadesine göre hesaplanır. Burada + ve - değerleri 0,5 olasılık ile seçilir. δ eşitlik 4.12'de ifade edildiği gibi küçük bir değere karşılık gelen dağılımdan hesaplanır.

$$\delta = \sum_{i=0}^{accur-1} \alpha_i \cdot 2^{-i} \quad \alpha_i \in \{0,1\} \quad (4.12)$$

Açık bir ifadeyle mutasyon aralığı (Mühlenbein ve Schlierkamp-Voosen, 1993) eşitlik 4.13 ile belirlenir:

$$\text{range}_i = 0,1 \cdot (\text{üst sınır} - \text{alt sınır}) \quad (4.13)$$

Eşitlik (4.12)'deki 'accur' sayısı mutasyon adımlarının duyarlılığını ifade etmekte olup bilgisayarın duyarlılığı ile alakalı bir şeydir, yani, bilgisayarda gerçek değerli bir değişkeni temsil etmek için kullanılan bit sayılarıdır. Çalışmalarda genellikle 8 ve 16 bit değerleri kullanılır (Roewa ve Shannon, 2008). Ayrık mutasyonda genellikle 'accur' değeri 16 alınır.

Mutasyon olmadan önce $\alpha_i = 0$ değerine sahiptir. Eğer,

$$\alpha_i = \text{rand}(\text{accur}, 1) < 1/\text{accur}$$

şartı sağlanırsa, her α_i değeri $p_\delta = \frac{1}{\text{accur}}$ olasılık değeri ile sıfır (0) değerinden bir (1) değerine değiştirilir. Buradan sadece α_i değeri 1 değerini aldığı anda eşitlik 4.12'deki toplam değerine katkı yapmaktadır. Bu durumda;

$$\delta = 2^{-j}$$

olarak verilebilir. Standart BGA mutasyon operatörü $x_i \pm \text{range}_i$ ile x merkezli hiperküpün herhangi bir noktası elde edebilir. Ama x 'in komşuluklarında daha sık test edilir (Mühlenbein ve Schlierkamp-Voosen, 1993).

Yukarıda açık bir şekilde belirtildiği gibi gerçek değerli kodlamada mutasyona uğrayacak aday değişken değerinin belirlenen mutasyon adımı miktarınca azaltılması veya eşit olasılıkla arttırılması şeklinde mutasyona tabi tutulmaktadır. Bu adımın belirlenmesi farklı şekillerde yapılır. Breeder genetik algoritma mutasyon bunlardan biridir (Mühlenbein, 1994).

4.4.6.2. Sürekli mutasyon

Bu mutasyon yöntemi ayrık mutasyona benzemektedir. Ancak, ayrık mutasyona göre fazla ek hesaplama gerektirmediğinden kodlanması daha kolay olmaktadır. Eşitlik 4.12'deki ifade eşitlik 4.14 halini almaktadır.

$$\delta = 2^{-k\beta} \quad (4.14)$$

Burada yer alan $\beta \in [0, 1]$ olacak şekilde düzgün bir olasılık ile seçilmektedir (Belanche, 1999).

4.5. Genetik Algoritmanın Diğer Algoritmalarından Farkları

Genetik algoritmayı diğer geleneksel arama yöntemlerinden ve optimizasyon tekniklerinden ayıran bazı farklılıklar aşağıda verilmiştir (Goldberg, 1989):

- Genetik algoritma çok sayıda aday çözümleri **eşzamanlı** araştırır.
- Genetik algoritma olasılıklı bir optimizasyon tekniğidir. Genetik algoritmalar araştırma ve seçim olayını **rastgele** yapar. Deterministik (rastgele olmayan) metotlar kullanmaz.
- Genetik algoritmaların kullandığı amaç fonksiyonu hazırlık bilgisine (türev gibi) gerek duymaz, probleme **özgü** bilgiye dayalıdır.

Genetik algoritmalar, gerçek hayattaki pek çok probleme uygulanabilmesinin yanı sıra geleneksel metotlar ile çözümü zor olan pek çok problem uzaylarına da uygulanabilmesi yeteneği ile aşağıdaki avantajlara sahiptir (Genel, 2004):

- Çok geniş bir çözüm uzayı,
- Birden fazla optimum noktası,
- Amaç fonksiyonunun türevinin alınamıyor olması,
- Amaç fonksiyonunda süreksizliklerin olması,
- Verilerin doğrusal olmaması,
- Verilerde önemli oranda hata payı (noise) olması,
- Verilerin istikrarsız (nonstationary) olması.

Başka bir şekilde genetik algoritmaların avantajları aşağıdaki gibi sıralanabilir: (Aydoğdu, 2006).

- Sürekli ve ayrık parametreleri optimize etmesi,
- Türevsel hesaplamalar gerektirmemesi,
- Amaç fonksiyonunu geniş bir yelpazede araştırması,
- Çok sayıda parametrelerle çalışma imkânı olması,

- Paralel bilgisayarlar kullanılarak çalıştırılabilmesi,
- Karmaşık amaç fonksiyonu parametrelerini, lokal enküçük veya enbüyüklere takılmadan optimize edebilmesi,
- Çoklu amaç fonksiyonlar ile çalışabilmesi gibi üstün yeteneklere sahip olduğu bilinmektedir.

5. TAVLAMA BENZETİMİ

Tavlama Benzetimi (TB) (simulated annealing), ilk olarak Kirkpatrick, Gellatt ve Veechi (1983) tarafından ortaya atılmıştır. Tavlama Benzetimi katıların fiziksel tavlama sürecini taklit eden bir algoritmadır. Katıların tavlama süreci, kombinatoriyal optimizasyon problemlerine yakın global çözüm bulmak için taklit edilebilir (Mukhopadhyay vd., 2008). Tavlama benzetimi kombinatoriyal optimizasyon problemlerinin daha iyi bir çözüme ulaşmasını sağlayan olasılıklı bir arama yöntemidir (Alp vd., 2001).

Tavlama, bir katıya istenilen özellikleri kazandırmak amacıyla ısı banyosunda yüksek enerji durumundan düşük enerji durumuna geçiş süreci olarak tanımlanabilir. Isıl süreç aşağıdaki gibi iki madde ile açıklanabilir:

- Isı banyosu sıcaklığı katının eriyebileceği en yüksek değerde tutulması.
- Katının kristal (düzenli) yapıya ulaşana kadar ısı banyosunun sıcaklığının düzenli bir şekilde düşürülmesi.

Sonuçta, ısıl sürecin başarılı bir şekilde gerçekleştirilebileceği düşünülmektedir. Tavlama, katının ergime sıcaklığına kadar ısıtılması ve devamında düzenli kristal yapıya geçene kadar yavaş yavaş soğutulması işlemidir. Metallerdeki atomlar yüksek sıcaklıklarda yüksek enerjiye sahip iken düşük sıcaklıklarda düşük enerjiye sahiptirler. Sıcaklık yavaş yavaş azaltıldığında düzenli kristal yapı oluşmaya başlar. Böylece kristal yapıya ulaştığında enerji minimum olmaya başlar. Bu süreçte sıcaklık parametresinin dikkatli bir şekilde azaltılması çok önemlidir. Eğer sıcaklık hızlı bir şekilde azaltılmaya başlanırsa düzenli kristal yapıda kusurlar/düzensizlikler oluşmaya başlayacaktır. Bu durumun önüne geçmek için ısıl işlem sürecinde soğutma işlemi yavaşça yapılmalıdır (Ünler, 2006).

Tavlama Benzetimi aşağıdaki parametrelere sahiptir:

- Başlangıç sıcaklığı,
- Her sıcaklık değerinde üretilecek çözüm sayısı fonksiyonu (sabit, aritmetik, geometrik, logaritmik ve üssel),

- Sıcaklık azaltma fonksiyonu (aritmetik, geometrik, ters ve logaritmik fonksiyon),
- Algoritmayı durdurma şartı:
 - Algoritma istenen iterasyona ulaşıldığında,
 - Sıcaklık minimum değerine ulaştığında,
 - İstenen çözüm değerine ulaşıldığında algoritma durdurulur.

Tavlama Benzetimi algoritması, ilk olarak rastgele oluşturulmuş bir başlangıç çözümü ile başlar. Mevcut çözümün komşu çözümlerin oluşturulması için uygun hareket mekanizmasıyla komşu çözümler oluşturulur. Üretilen çözümlerin amaç değeri mevcut çözümün amaç değerinden daha iyi ise yeni çözüm olarak kabul edilir. Burada amaç fonksiyonu değeri fiziksel tavlamaadaki enerji ile benzeşiktir (Suresh ve Sahu, 1994). Yani, amaç fonksiyonu ile enerji fonksiyonu aynı şeyi ifade etmektedir. Elde edilen yeni çözümün amaç değeri mevcut çözümün amaç değerinden daha kötü olması durumunda kabul fonksiyonu;

$$\exp \left[\frac{\Delta}{k_B \cdot T} \right]$$

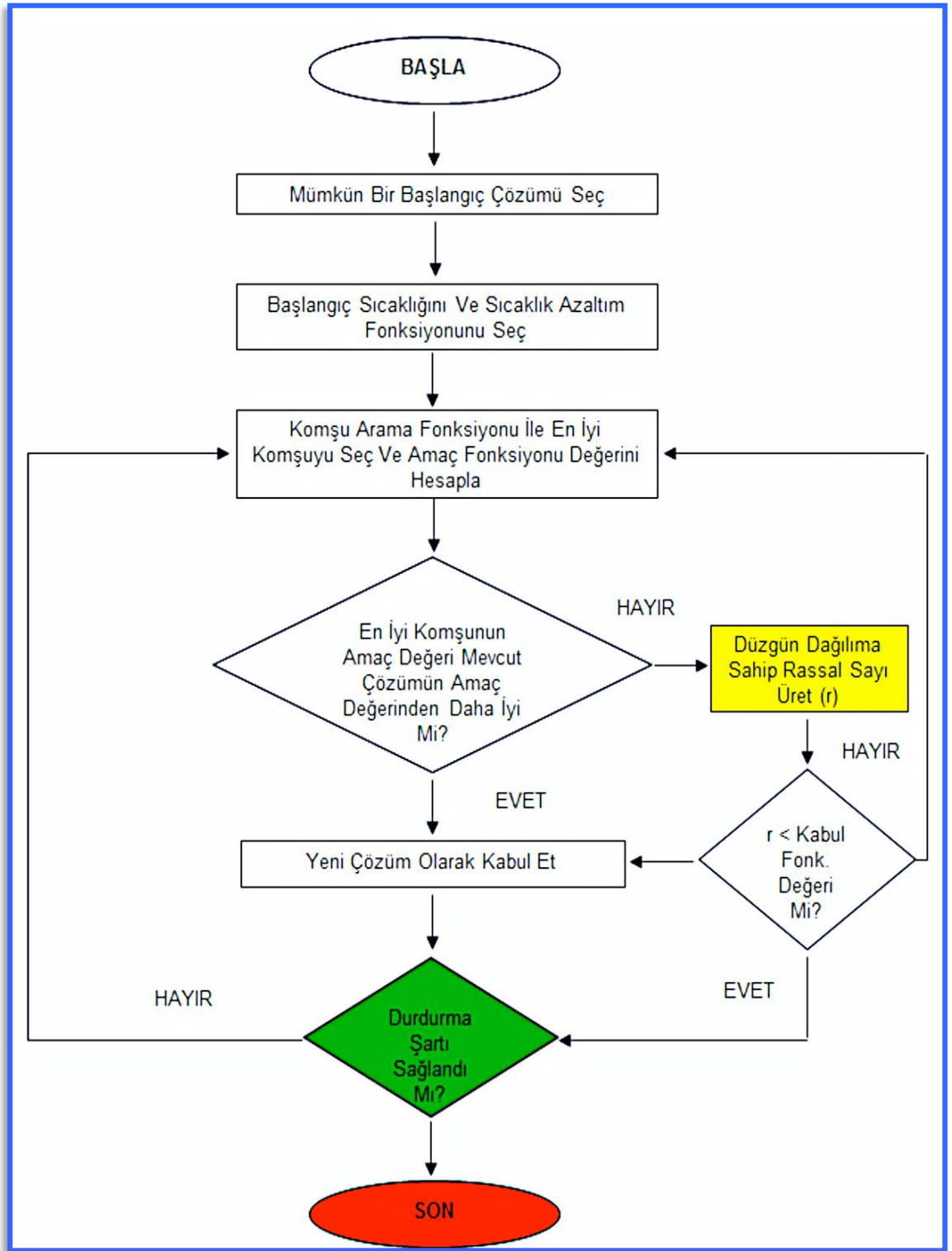
olan belirli bir olasılık değeri ile hesap edilir. Kabul fonksiyonunda Δ yeni amaç fonksiyonu değeri ile mevcut amaç fonksiyonu değeri arasındaki farkı ifade etmektedir. T ısı banyosundaki sıcaklık ve k_B ise “Boltzman sabiti”olarak bilinen fiziksel bir sabittir. Tavlama benzetimi algoritmasında, yerel optimum tuzaklarına düşülmesini engellemek için yüksek bir T sıcaklık değeri ile aramaya başlanır (Yiğit ve Türkbey, 2003).

Yukarıdaki kabul fonksiyonu Metropolis algoritması olarak bilinmektedir. Monte Carlo tekniği üzerine dayalı olarak Metropolis vd. (1953) tarafından modellenmiştir. Temel olarak bu algoritma soğutma sürecinden geçirilen bir sistemin kararlı bir duruma gelinceye kadar enerjisinde meydana gelen değişikliklerin benzetimini yapar ve otuz yıl sonra Kirkpatrick ve arkadaşları bu tür bir benzetimin optimizasyon problemlerinde uygun çözümü bulabileceğini söylemişlerdir (Gülsün vd., 2008).

Metropolis algoritmasında sistem enerjisinde azalma olmuşsa bu yeni çözüm kabul edilir. Eğer sistem enerjisinde artma olmuşsa, rastgele bir sayı üretilir ve

bu sayı kabul fonksiyonu eşitliğinden küçük ise yeni durum kabul edilir. Aksi takdirde mevcut durum kabul edilerek değişime gidilmez. Bu nedenle kabul fonksiyonun sistemdeki rolü oldukça önemlidir. Benzer şekilde tavlama benzetim performansını etkileyen önemli ölçütlerden birisi komşu arama işlemidir. Problemin türüne göre komşu arama yöntemleri vardır. Bu yöntemlerden birisi aşağıda bir örnek üzerinde anlatılmıştır.

Komşuluk arama yöntemlerinden birisi de rastgele araya ekleme işlemidir (Random Insertion Perturbation Scheme - RIPS). Örneğin, S kümesi beş makinenin sıralaması $S=\{2-3-1-5-4\}$ olarak verilsin. Birinci sırada yer alan iş ekstrem bir pozisyondur ve sağ tarafındaki herhangi bir yere eklenebilir. İlk işin atanacağı yeri belirlemek için 2 ile 5 arasında rastgele bir sayı üretilerek pozisyon belirlenir. Örneğin, pozisyon 3 olsun. Böylece ilk işin atanacağı yer üçüncü pozisyon olacaktır. Yeni sıralama $S1=\{3-1-2-5-4\}$ olacaktır. S sıralamasındaki 3 işi iki farklı pozisyona atanabilir. Şöyleki, 3 işi sağındaki $(2+1)$ ile $n=5$ pozisyonları ve solundaki birinci pozisyon ile $(2-1)$ pozisyon arasına atanabilir. Bu işlem, tüm pozisyonlardaki makineler için sırasıyla uygulanır. Başka bir ekstrem nokta olan $n=5$ pozisyonu, birinci solundaki birinci pozisyon ile $(n-1)$ pozisyonları arasına atanabilir. RIPS işlemi sonucunda $2 \cdot (n-1)$ sayıda yeni sıralama elde edilir (Ponnambalam vd.,1999). Şekil 5.1’de Tavlama Benzetiminin akış şeması verilmiştir.



Şekil 5.1. Tavlama benzetimi akış şeması

6. MELEZ ALGORİTMA

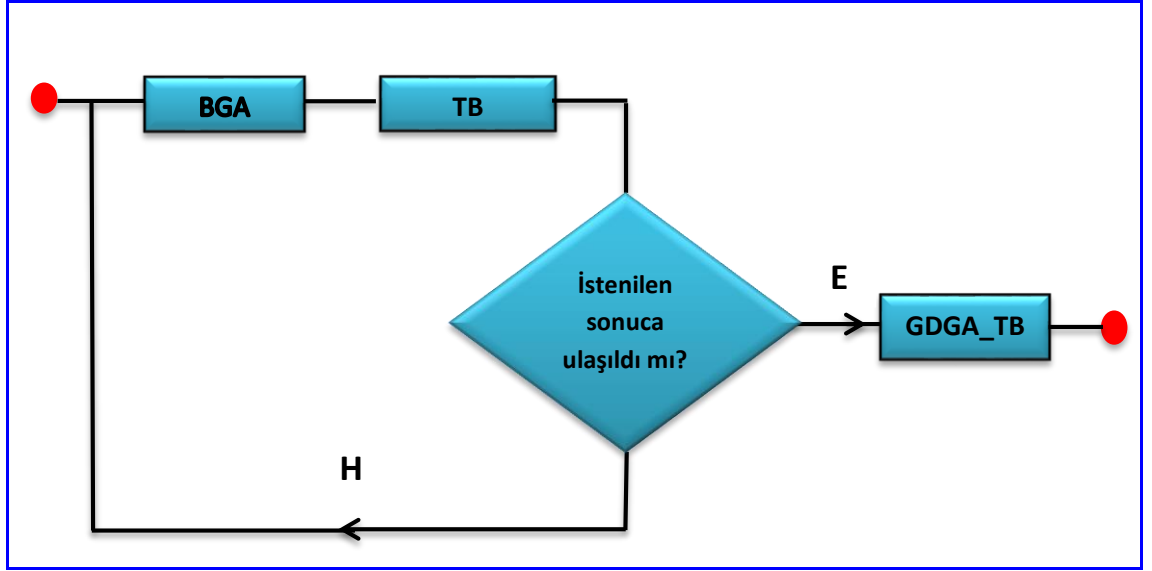
Eğri uydurma ile ilgili yapılan çalışmalar incelendiğinde, araştırma gücü yüksek melez sezgisel algoritmaların az olduğu görülmektedir. Sezgisel algoritmalar bir başlangıç çözüm(ler) ile başlamaktadır. Bu nedenle başlangıç çözümünün nasıl kodlanacağı, ne şekilde belirleneceği, seçimin hangi yöntem(ler)le yapılacağı, çaprazlama ve mutasyon işleyişinde kullanılacak tekniğin Genetik Algoritma ve Tavlama Benzetiminin başarımını önemli ölçüde etkileyeceği genelde bilinmemektedir.

Melez algoritma, gerçek değerli genetik algoritma ve tavlama benzetimi (GDGA_TB) sezgisellerinin ortak kullanımıyla oluşturulmuştur. Algoritmanın ilk aşamasını oluşturan genetik algoritma kısmında parametreler gerçek değerli kodlandı ve algoritmada seçim yöntemi olarak Back vd. nin (1993) önerdiği kesme yöntemi (truncation selection) kullanıldı. Bu seçim yöntemi breeder genetik algoritmaya has bir özelliktir. Ayrıca, algoritmada temel olarak kullanılan çaprazlama ve mutasyon operatörleri de Mühlenbein ve Schlierkamp-Voosen'in (1993) Beeder Genetik Algoritmalarında (BGA) kullandıkları şekilde oluşturuldu. Bu çaprazlama yöntemi, genişletilmiş ara çaprazlama, katsayıların iki ebeveyn çözümünün $[-0,25; 1,125]$ aralığında rastgele üretilen α değerleri ile yeni katsayılar üretmektedir. Benzer şekilde, gerçek değerli genetik algoritmada k değeri ± 2 değeri ile sürekli mutasyon uygulandı. Önerilen algoritmanın ilk kısmını oluşturan gerçek değerli genetik algoritmanın parametreleri Çizelge 6.1'de ve akış şeması Şekil 6.1'de verilmiştir.

Algoritmanın ilk kısmını gerçek değerli olan Breeder Genetik Algoritma ikinci kısmını ise Tavlama Benzetimi oluşturmaktadır. BGA'dan elde edilen en iyi sonuç TB'nin başlangıç noktası seçildi ve bu başlangıç noktasına göre yeni komşu hareket mekanizmaları oluşturuldu. Melez algoritmada tatmin edici sonuca ulaşıldığında algoritma durduruldu. Eğer istenilen sonuca ulaşılmadıysa algoritma tekrardan başa döndürülerek çalıştırılır.

Çizelge 6.1. Gerçek değerli genetik algortmada kullanılan parametre değerleri

Kullanılan genetik algoritma türü	Bredeer genetik algoritma
Kodlama Türü	Gerçek kodlu
Doğrusal denklemin parametre alt ve üst sınır değerleri	[-32, 32]
Doğrusal olmayan denklemin parametre alt ve üst sınır değerleri	[-10, 10]
Doğrusal denklem için populasyon büyüklüğü	50
Doğrusal olmayan denklem için populasyon büyüklüğü	100
Doğrusal denklem için kromozom uzunluğu	2
Doğrusal olmayan denklem için kromozom uzunluğu	9
Doğrusal denklem için kullanılan veri sayısı	6
Doğrusal olmayan denklem için kullanılan veri sayısı	100
Seçme yöntemi	Kesme seçimi
T-eşik enerjisi	%50
Çaprazlama yöntemi	Genişletilmiş ara çaprazlama
Mutasyon yöntemi	Sürekli mutasyon
Doğrusal denklem için mutasyon aralığı (range)	0,1*64
Doğrusal olmayan denklem için mutasyon aralığı (range)	0,1*20
Mutasyon oranı	0,5
k-değeri	[-2, 2]



Şekil 6.1. Melez algoritma akış şeması

Gerçek değerli genetik algorithmadan elde edilen en iyi çözüme tavlama benzetimi uygulandı. Yani, gerçek değerli genetik algorithmadan elde edilen en iyi sonuç tavlama benzetiminin başlangıç çözümü olarak belirlendi. Melez algoritmanın ikinci aşamasını oluşturan tavlama benzetimi için komşu arama yöntemi ile başlangıç çözümünün belirli miktarlarda arttırılması ya da azaltılması ile yeni deneme noktaları oluşturuldu. Bu komşu çözüm noktalarının enerjisi, amaç fonksiyonu yardımıyla hesaplandı ve elde edilen amaç fonksiyonu değerlerinin mevcut çözümün amaç fonksiyonu değerinden daha iyi olanları yeni çözüm olarak kabuledildi. Aksi takdirde, elde edilen yeni çözümlerin amaç fonksiyonu değerleri mevcut çözümün amaç değerinden daha kötü olması durumunda kabul fonksiyonu

$$\exp \left[\frac{-\Delta E}{\Delta E_{avg} \cdot T} \right] \quad (6.1)$$

olan belirli bir p-olasılık değeri hesaplandı (İnternet 1, 2013). Şayet rastgele üretilen değer, kabul fonksiyonundan elde edilen p-olasılık değerinde küçük kalırsa yeni çözüm olarak kabul edilir, değilse mevcut durum kabul edilerek değişime gidilmez. Eşitlik (6.1)'de yer alan kabul fonksiyonunda ΔE yeni amaç fonksiyonu değeri ile mevcut amaç fonksiyonu değeri arasındaki enerji farkını ifade etmektedir. T -değeri, ısı banyosundaki metalin mevcut sıcaklık değerini ifade etmektedir. Benzer şekilde eşitlikte yeralan ΔE_{avg} değeri algoritmanın başlangıcında sıfır kabul edilir. İlk iterasyonda ΔE değeri

hesaplanır ve ΔE_{avg} değerine eşit kabul edilir. Kabul edilen çözümlerin sayısı arttıkça ΔE_{avg} değeri;

$$\Delta E_{avg} = \frac{\Delta E_{avg} * (na-1) + \Delta E}{na} \quad (6.2)$$

İle hesaplanır (İnternet 1, 2013). Eşitlik 6.2)'de yer alan na -değeri, kabul edilen çözüm sayılarını göstermektedir. Algoritmanın başlangıcında na -değeri sıfır alınır ve iterasyon ilerledikçe kabul edilen na sayı değerinde artma olacağından ΔE_{avg} değerinde de sayısal bir değişme meydana geleceğinden eşitlik (6.1)'de p-olasılık değeri, her iterasyon için hesaplanmıştır. Melez algoritmanın ikinci kısmını oluşturan tavlama benzetiminde döngü sayısı 250 ve her bir sıcaklık değerinde aranacak komşu çözüm sayısı 50 olarak belirlendi. Böylece melez algoritmayı oluşturan tavlama benzetimi 250 iterasyondaki sıcaklık değerinde durduruldu. Tavlama benzetiminde kullanılacak parametre değerleri Çizelge 6.2'de gösterilmiştir.

Çizelge 6.2. Tavlama benzetiminde kullanılan parametre değerleri

Kötü çözümleri kabul etme olasılığı (Ps)	0,5
Optimizasyon sonunda kötü çözümleri kabul etme olasılığı (Pf)	10^{-8}
Başlangıç sıcaklığı (Ts)	$-\frac{1.0}{\ln(Ps)}$
Son sıcaklık (Tf)	$-\frac{1.0}{\ln(Pf)}$
Her döngü için sıcaklık azaltım miktarı (F)	$\left(\frac{Tf}{Ts}\right)^{\frac{1}{N}-1.0}$
Her sıcaklık değerinde üretilecek çözüm sayısı fonksiyonu	Sabit
Kabul fonksiyonu (p)	$\exp\left[\frac{-\Delta E}{\Delta E_{avg} \cdot T}\right]$
Sıcaklık azaltım fonksiyonu	Geometrik
Döngü sayısı (N)	{250, 500}
Her sıcaklık değerinde üretilecek komşu çözüm sayısı(m)	50

Her döngü için değişen sıcaklık denkliği;

$$T = F * T \quad (6.3)$$

ile her iterasyon için sıcaklık azaltılmış olundu (İnternet 1, 2013).

Bu iki sezgisel algoritmada amaç fonksiyonu dayanıklı eğri uydurma yöntemleri olan en küçük kareler yöntemi ve en küçük medyan kareler yöntemi kullanıldı. Bu melez algoritma ile bu iki metodun (EKK ve EKMK) çıktıları önceden çalışılan problemler ile karşılaştırılması bakımından melez algoritmanın üstünlüğü gösterilmiş olundu. Böylece, melez algoritmanın hem gerçek değerli genetik algoritma kısmında hem de tavlama benzetimi kısmında model baştan her çalıştırıldığında MATLAB paket programının arka yüzünde *cumsum(randn(100,10))* komutu ile oldukça görüntü oranı yüksek (rednoise) veriler üretildi ve bu verilere karşılık gelen gerçek değerler denklem (7.2) için oluşturuldu. Bu gerçek değerlere melez algoritma ile ne kadar hata büyüklüğü ile ulaşıldığı tablo ve grafikler yardımı ile görsel olarak sunuldu. İşleyiş sürecindeki adımlar doğrultusunda böyle bir algoritmaya ihtiyaç olduğu, literatür araştırmasından anlaşılmaktadır. Bu boşluğu melez algoritmanın doldurması literatüre önemli ölçüde katkı sağlayacağı düşünülmektedir. Ayrıca, melez algoritmanın ilk safhasında yer alan gerçek değerli genetik algoritmanın seçim, çaprazlama ve mutasyon operatörleri breeder genetik algoritmanın operatörleri olması açısından bazı özelliklerine aşağıda değinilmiştir.

Breeder genetik algoritma, Melez algoritmanın ilk safhasında kullanılması bakımından pseudo kodu Çizelge 6.3'te verilmiştir (Phiri ve Folly, 2008).

Çizelge 6.3. Breeder genetik algoritma pseudo kodu

```
begin  
randomly initialize N tane birey içeren rastgele bir başlangıç popülasyonu oluştur.  
while (durdurma kriteri sağlanmadıysa)  
  evaluate her bir bireyin uygunluğunu hesapla.  
  save yeni popülasyonda en iyi bireyleri tut.  
  select Toplam popülasyonun % T kadarı ile en iyi bireyleri seç.  
  for i =1 den N-1 için yap.  
    randomly select Toplam popülasyonun % T kadar kısmı ile en iyi bireyler arasında  
    iki bireyi rastgele seç.  
    recombine bir oğul elde etmek için iki bireyi çaprazla.  
    perform mutation oluşan oğul üzerinde mutasyon işlemini uygula.  
    update variables durdurma koşulu sağlandıysa değişkeni güncelle.  
end
```

7. TEST PROBLEMLERİ

Bu bölümde, önerilen melez algoritmanın performansı doğrusal ve doğrusal olmayan iki test problemi üzerinden test edilmiştir. Elde edilen sonuçlar tablo ve şekiller yardımıyla okuyucuya sunulmuştur.

7.1. Doğrusal Test Problemi

İlk test problemi,

$$y = C_1.x + C_2 \quad (7.1)$$

doğrusal denklem türüne veri uydurma işlemini içermektedir. Denklemden yer alan C_1 ve C_2 değerlerini tahmin etmek için eğri ve noktalar arasında uzaklığın karesini minimize etmek gerekir. İlk test probleminde fonksiyonun türü, katsayıları, katsayıların sınır aralığı ve veriler Karr ve arkadaşları (1991) çalışmasından olduğu gibi alınmıştır. Bu test probleminde altı veri noktası Çizelge (7.1)'de verilmektedir.

Geleneksel en küçük kareler tahminleyicisi kullanılarak C_1 ve C_2 gerçek değerleri sırasıyla 1 ve 0 olarak hesap etmişler ve her bir katsayı parametresinin başlangıç üst ve alt sınır değerleri ± 32 olarak belirlemişlerdir. İlk test problemi için C_1 ve C_2 parametrelerini tahmin etmek için kullanılan altı veri noktası Çizelge (7.1.1.1)'deki gibi verilmiştir (Karr vd., 1991).

Çizelge 7.1. X verilerine karşılık gelen gerçek Y değerleri (Karr vd., 1991)

X	0	1	2	3	4	10
Y	0	1	2	3	4	10

Gerçek değerli algoritma ve melez algoritmanın farklı tahminleyiciler ile farklı iterasyon sayıları ile sonuçlar Çizelge 7.2 ve Çizelge 7.3'te verilmiştir. Gerçek değerli genetik algoritmanın ve melez algoritmanın amaç fonksiyonlarında en küçük hata kareleri ve en küçük medyan kareler kullanılmıştır.

Çizelge 7.2. Doğrusal denklemin GDGA ile EKK hataları

İterasyon	EKK-Hata	C1	C2
6-iterasyon	3,3572e-04	0,9999800088766	0,0075465820483
25-iterasyon	3,1296e-08	1,0000000170106	0,0000722787353
50-iterasyon	3,7872e-15	0,9999999930938	1,171718414e-08
100-iterasyon	4,1008e-18	1,0000000002544	-8,480793005e-10
200-iterasyon	5,3449e-15	1,0000000065791	-4,276119606e-08
250-iterasyon	6,9000e-22	1,0000000000032	-1,291385490e-11
Gerçek değer		1	0

Çizelge 7.3. Doğrusal denklemin GDGA_TB ile EKK hataları

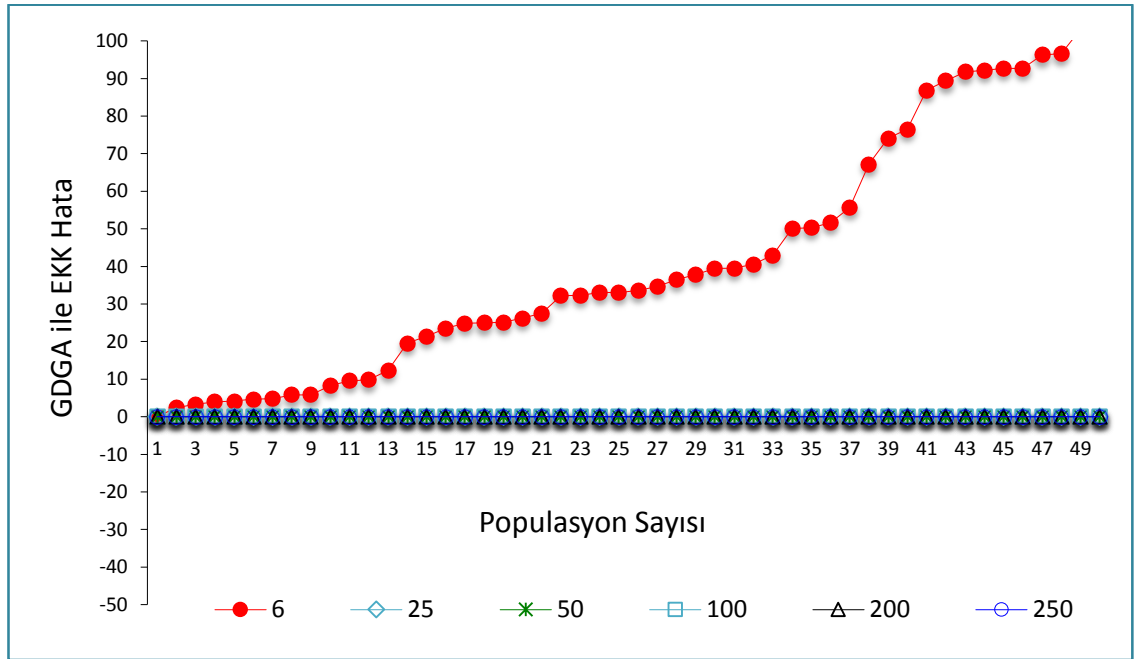
İterasyon	EKK-Hata	C1	C2
6-iterasyon	1,59e-09	0,99999578	-5,22e-06
25-iterasyon	1,74e-09	1,00000143	2,11e-05
50-iterasyon	1,03e-14	0,99999999	1,17e-08
100-iterasyon	2,14e-17	1	-8,48e-10
200-iterasyon	2,79e-14	1	-4,28e-08
250-iterasyon	3,98e-21	1	-1,29e-11
Gerçek değer		1	0

En küçük medyan kareler yöntemi, en küçük kareler yöntemine göre daha dayanıklı bir yöntemdir. En küçük medyan kareler yaklaşımı, en küçük hata kareleri yöntemindeki hata kareleri toplamı yerine hata karelerinin medyanını minimize etmeye çalışır. Böylece C₁ ve C₂ parametrelerinin son nümerik değerleri Çizelge 7.2 ve Çizelge 7.3'te farklı iterasyonlar için en küçük hata kareleri gösterilmiştir. Bu iki tablodan açık bir şekilde görülmektedir ki, gerçek değerli genetik algoritma ve melez algoritma hem Karr vd. (1991)'deki ikili kodlu

genetik algoritmasından hem de Gulsen vd. (1995)'nin gerçek değerli genetik algoritmasındaki kareli hataları minimize etme açısından oldukça üstündür.

Her iki çalışmada altıncı jenerasyondan sonra çok iyi katsayılar bulunmasına rağmen hata kareleri açısından Çizelge 7.2 ve Çizelge 7.3'te görüldüğü gibi önerilen melez algoritmanın hata sonucu çok küçük kalmaktadır. Melez algoritmanın ilk kısmını oluşturan gerçek değerli genetik algoritma için C_1 ve C_2 parametrelerinin alt ve üst araştırma aralığı ± 32 ve popülasyon büyüklüğü 50 olarak seçilmiştir. Daha sonra en küçük hata kareleri ve en küçük medyan kareleri açısından farklı iterasyonlar ile daha küçük hatalarla daha hızlı yanıt verdiği çizelgelerden net bir şekilde görülmektedir.

Doğrusal denklemin gerçek değerli genetik algoritma ile en küçük hata kareleri açısından farklı iterasyonlardaki davranışları Şekil 7.1'de gösterilmiştir.



Şekil 7.1. Doğrusal denklemin GDGA ile EKK hata grafiği

Şekil 7.1 dikkatlice incelendiğinde; altıncı iterasyoun ilk dört çözümünde iyi çözümler elde edilmesine karşın beşinci çözümden ellinci çözüme kadar ciddi derecede kötü çözümlerin bulunduğu gözlemlenmektedir. Altıncı iterasyonda elde edilen çözümleri gösteren eğrinin bu kadar sapması popülasyondaki parametrelerin alt ve üst sınır değerlerinin ± 32 gibi büyük bir aralık olarak

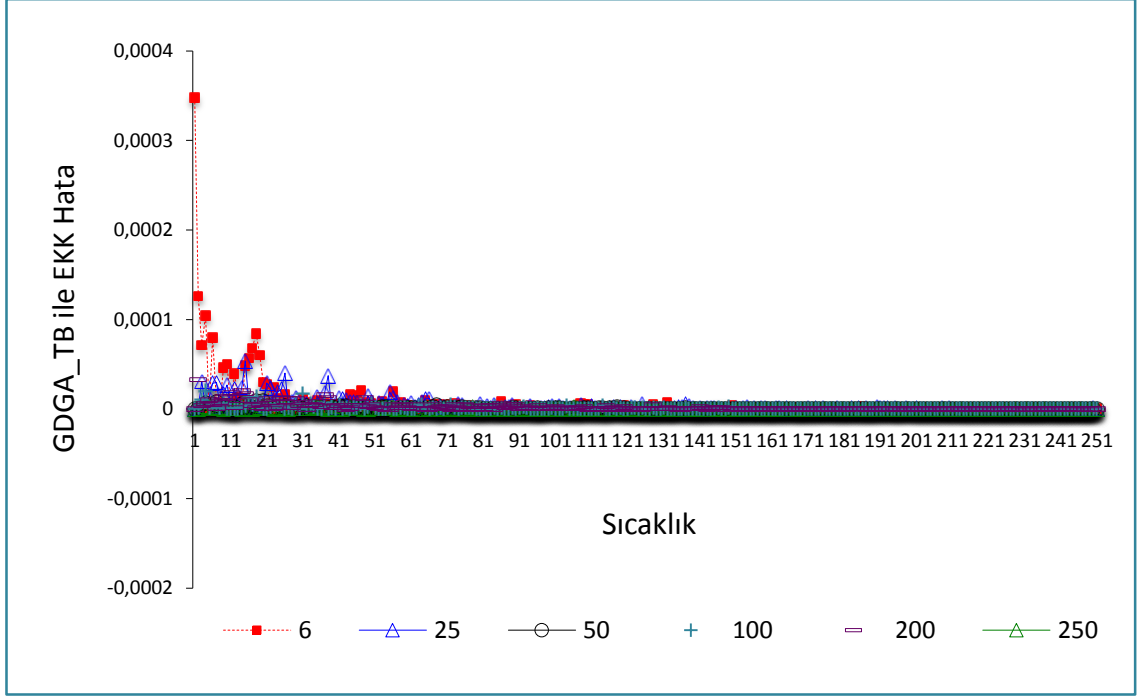
seçilmesi ve bu aralıkta altı iterasyon gibi kısa bir döngü ile gerçek değerli genetik algoritmanın işleyiş operatörlerinin beklenen düzeyde evrim geçirmesine mücadele etmediği ve böylece popülasyonun beklenen düzeyde harmanlanamamasından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Doğrusal denklemin genetik algoritma ile en küçük kareler hata hesabı Çizelge 7.2’de görüldüğü gibi 100. ve 250. iterasyonlarda neredeyse sıfıra yakın çok iyi sonuçlar elde ettiği görülmektedir. Bu katsayıların bulunmasında tatmin edici sonuçların elde edilebileceğini ve artık ciddi matematiksel işlemlere gerek duyulmayabileceğini göstermektedir. Altıncı iterasyonda elde edilen sonuçlar dışında diğer iterasyonlarda elde edilen hataların sıfır civarında toplandıkları açıkça Şekil 7.1’de görülmektedir. Bu ise arzu edilen bir durumdur.

Çizelge 7.2’deki doğrusal denklemin gerçek değerli genetik algoritma ile farklı iterasyonlarında elde edilen değerlerine tavlama benzetimi uygulandığında elde edilen sonuçlar Çizelge 7.3’de gösterilmiştir.

Çizelge 7.2’deki gerçek değerli genetik algoritma ile farklı iterasyonlarda elde edilen sonuçlara tavlama benzetimi uygulandığında modelin ilk çalıştırılması ile gelen sonuçlar Çizelge 7.3’de verilmiştir. Bu hata değerleriyle C_1 ve C_2 parametre değerlerinin neredeyse gerçek değere yakın bulunması, özellikle 100, 200 ve 250 iterasyonlarda elde edilen C_1 ve C_2 değerleri ile melez algoritmanın üstünlüğünü açıkça göstermektedir.

Doğrusal denklemin, GDGA_TB ile EKK hata grafiği farklı iterasyonlar için Şekil 7.2’de verilmiştir.



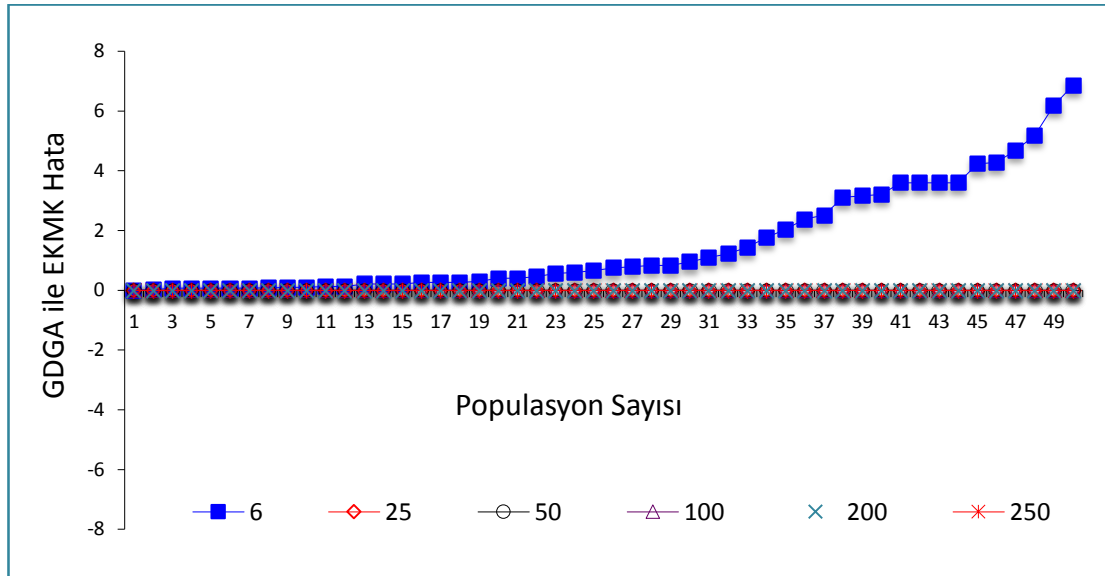
Şekil 7.2. Doğrusal denklemin GDGA_TB ile EKK hata grafiği

Şekil 7.2 incelendiğinde, altıncı iterasyonun sadece ilk yirmi sıcaklığında sapmaların olduğu görülmektedir. Her ne kadar ilk yirmi sıcaklıkta sapma olmuşsa da bu modelin kararlılığına gölge düşürmemektedir. Çünkü sapmalar yine sıfır ve civarında olmuştur. Benzer şekilde GDGA_TB melez algoritmasının 100 ve 250 iterasyonlar için hiç sapma göstermediği neredeyse gerçek değere ulaşıldığı görülmektedir.

Gerçek değerli genetik algoritmanın (GDGA) amaç fonksiyonunda en küçük medyan kareler kullanılmasıyla elde edilen sonuçlar Çizelge 7.4'te verilmiştir. Çizelge 7.4 incelendiğinde, gerçek değerli genetik algoritmanın 100 ve 200 iterasyonlarda en küçük medyan kareler hata hesabı ile katsayılar neredeyse gerçek değer gibi bulunmuştur. Bu algoritmanın çok üstün olduğunu Çizelge 7.4'te görülmektedir. Ayrıca algoritmanın farklı iterasyonlar ile edilen çözümlerinin davranışları Şekil 7.3'te gösterilmiştir.

Çizelge 7.4. Doğrusal denklemin GDGA ile EKMK hataları

İterasyon	EKMK-Hata	C1	C2
6-iterasyon	9,6337e-04	0,9793106668880	0,031541806105
25-iterasyon	2,0922e-11	1,0000011435148	-6,859356135e-06
50-iterasyon	1,7418e-12	0,9999991206248	2,241566717e-06
100-iterasyon	3,3336e-30	0,9999999999999	-2,579521726e-16
200-iterasyon	3,0019e-29	0,9999999999999	1,036425051e-14
250-iterasyon	3,3737e-19	0,9999999996127	9,680653492e-10
Gerçek değer		1	0



Şekil 7.3. Doğrusal denklemin GDGA ile EKMK hata grafiği

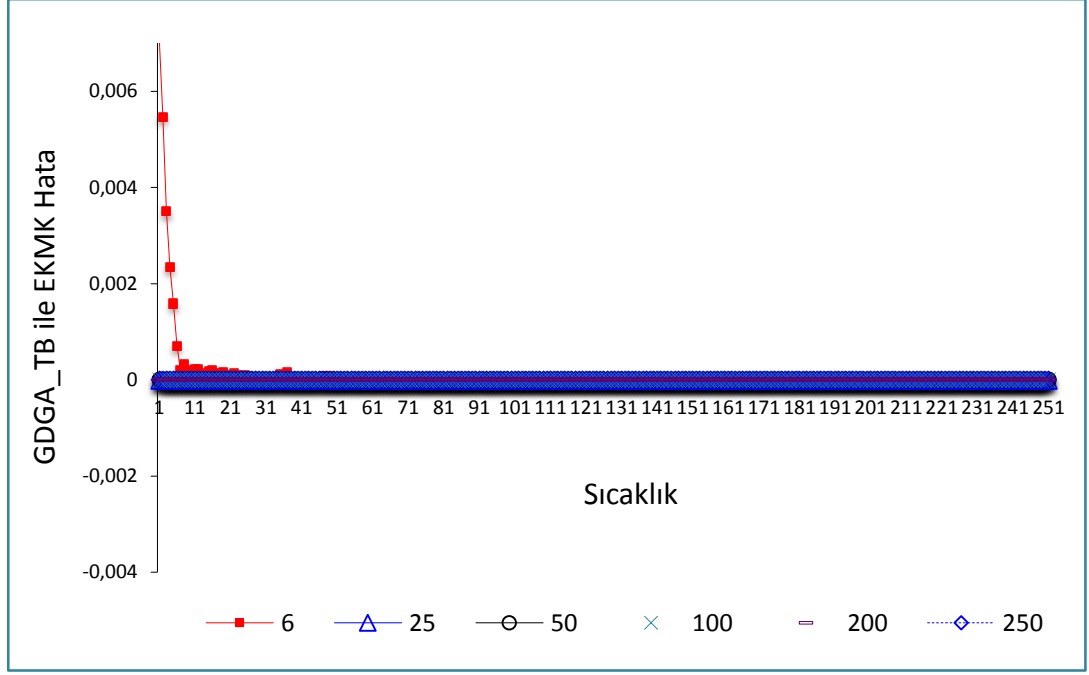
Şekil 7.3 dikkatlice incelendiğinde ilk 25 çözümünde iyi çözümlerin elde edildiğini 25. çözümden sonra eğrinin saptığı ve kötü çözümlerin geldiği görülmektedir. Şekil 7.2 ve Şekil 7.3 karşılaştırıldığında, gerçek değerli genetik algoritmanın amaç fonksiyonunda en küçük medyan kareler yönteminin en küçük kareler yöntemine göre kullanımının daha elverişli ve daha kararlı yapıya sahip olduğu görülmektedir.

Gerçek değerli genetik algoritma ile Çizelge 7.4'den farklı iterasyonlar ile bulunan sonuçlara tavlama benzetimi uygulanıp modelin ilk çalıştırılması sonucu bulunan sonuçlar Çizelge 7.5'te verilmektedir.

Çizelge 7.5. Doğrusal denklemin GDGA_TB ile EKMK hatalar

İterasyon	EKMK-Hata	C1	C2
6-iterasyon	1,11e-09	0,99998088	-6,06e-05
25-iterasyon	1,67e-12	0,99999917	-1,73e-06
50-iterasyon	1,99e-11	0,99999912	2,24e-06
100-iterasyon	6,49e-26	1	-2,58e-16
200-iterasyon	7,04e-26	1	1,04e-14
250-iterasyon	3,79e-18	1	9,68e-10
Gerçek değer		1	0

Çizelge 7.4'te farklı iterasyonlarda bulunan sonuçlara tavlama benzetimi uygulanıp ilk çalıştırılması ile elde edilen sonuçlar Çizelge 7.5 ve Şekil 7.4'te gösterilmiştir. Şekil 7.4 incelendiğinde amaç fonksiyonunda en küçük medyan kareler kullanılması ve hem de tavlama benzetimi uygulanması hata oranlarını oldukça düşürmüş ve hatalar neredeyse sapma göstermemiştir. Sadece altıncı iterasyondaki hata değeri ilk on sıcaklıkta azalma göstermiş ve diğer sıcaklıklarda sabit bir trend izlemiştir. Diğer iterasyonlarda ise son sıcaklık değerine kadar sabit bir trend izleyerek sıfır hata civarında çözümler bulunmuştur.



Şekil 7.4. Doğrusal denklemin GDGA_TB ile EKMK hata grafiği

Gerçek değerli genetik algoritma ve melez algoritma için özet sonuçlar Çizelge 7.6'da verilmiştir.

Çizelge 7.6. İlk test problemi için sonuçların karşılaştırılması

Teknikler	C1	C2	EKK	EKMK
GDGA	0,9999999999999999	-2,57952172688054e-16	-	3,3336e-30
GDGA	1,0000000000000324	-1,29138549072856e-11	6,9000e-22	-
GDGA_TB	1	-2,58e-16	-	6,49e-26
GDGA_TB	1	-1,29e-11	3,98e-21	-
Gulsen vd. (1995)	1,004698	-0,012621	0,007177	-
Karr vd. (1991)	0,9688	0,0000	0,127	-

Çizelge 7.6 incelendiğinde genetik algoritmanın en küçük medyan kareler ve en küçük kareler olarak sonuçlarına doğrusal denklem için en küçük medyan karelerin sonuçlarının daha tatmin edici olduğu görülmektedir. Bu sonuçlara tavlama benzetimi uygulandığında elde edilen sonuçlara ise en küçük medyan karelerin daha küçük hata oranları ile daha iyi sonuç verdiğini ve kararlı bir yapı izlediğini Çizelge 7.3 ve Çizelge 7.5'ten görülmektedir. Doğrusal denklem için veriler Karr vd. (1991) çalışmasından olduğu gibi alındığı için Gulsen vd. (1995)'nin sonuçlarıyla doğrudan karşılaştırılabilir. Bu da önerilen modelin hem genetik algoritma kısmında hem de melez algoritma kısmında önceden yapılan çalışmalara göre oldukça iyi sonuç verdiği açık bir şekilde görülmektedir.

7.1.2. Doğrusal Olmayan Test Problemi

İkinci test problemi 10 tane bağımsız değişkene sahip doğrusal olmayan bir denklemdir. Bu denklemde 9 tane parametre tahmin edilmektedir. Doğrusal olmayan ikinci test problemi denklem (7.2)'de verilmektedir.

$$y = C_1 \sin(\pi x_1 x_2) + C_2 (x_3 - 0.5)^2 + C_3 x_4 + C_4 x_5 + \sum_{n=6}^{10} C_{n-1} x_n \quad (7.2)$$

Bu denklemin yanıt değişkeni sadece ilk beş değişkene bağlı ve geriye kalan x_6 dan x_{10} kadar olan değişkenler yanıt fonksiyonunu etkilememektedir.

İkinci test problemi, Friedman'nın (1988) geliştirdiği MARS algoritması ile rastgele ürettiği 200 görültü(noise) veri grubu ile geleneksel eğri uydurma (Spline fitting) yapmıştır. Bu çalışmadan sonra Rogers (1991) G/SPLINES algoritmasını tanıtmıştır. Bu algoritma, Friedman (1988) tarafından geliştirilen çok değişkenli uyarlanabilir regresyon eğrileri (MARS) algoritması ile Holland'ın (1975) genetik algoritmasının birleşiminden oluşan bir algoritmadır. Bu algoritma ile y değişkenine 4,8 sinyal gürültü oranı ekleyerek rastgele ürettiği 200 görültü veri grubu ile doğrusal olmayan bu denkleme uygulamıştır. Bu değişkenler aynı zamanda verilerde önemli oranda hata payı (red herring noise) içerdiğinden dolayı C_5 ve C_9 arasında optimal parametre değerleri sıfır olması gerektiğini söylemiştir. Gulsen vd. (1995) parametrelerin alt ve üst başlangıç

araştırma bölgelerini ± 10 ayarlamışlar ve bu test probleminde 100 veri noktası kullanmışlardır.

Burada önerilen melez algoritmanın hem genetik algoritma kısmında hem de tavlama benzetimi kısmında MATLAB paket programı ile oldukça hata oranı yüksek görüldü veri büyüklüklerine karşılık denklem (7.2) için gerçek değerler oluşturulmuştur. Böylece algoritmanın farklı iterasyonlar ile sonuçları denklem (7.2) için sonuçlar çizelgeler ve şekiller yardımıyla görselleştirilmiştir.

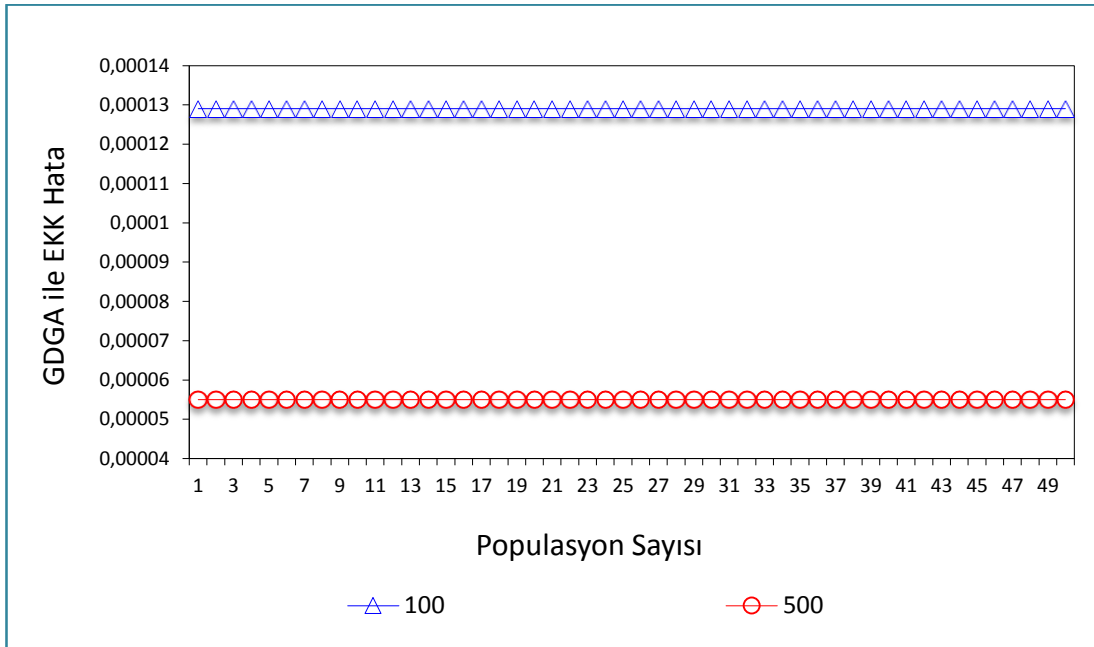
Genetik algoritma için popülasyon büyüklüğü 100 olarak seçildi. Önerilen algoritma ile Rogers (1991) ve Gulsen vd. (1995) sonuçlarını doğrudan karşılaştırmak mümkün olmasa da yaklaşık olarak karşılaştırılabilir. Çünkü verilerin içerdiği hata oranı farklı olabilmektedir. Böylece genetik algorithmadan elde edilen en iyi sonuçlara tavlama benzetimi uygulandı. Akabinde sonuçlar önceki çalışmalar ile karşılaştırıldı. Ayrıca, genetik algoritma ve melez algoritmasının ikinci test problemi için en küçük hata kareleri ve en küçük medyan kareleri açısından farklı iterasyonlar ile daha küçük hatalarla daha hızlı yanıt verdiği tespit edilmiştir.

Doğrusal olmayan denklemin genetik algoritma ile bulunan en küçük hata kareleri Çizelge 7.7'de 100. ve 500. iterasyonlar için sonuçları gösterilmiştir. Çizelge incelendiğinde 500. iterasyon için daha iyi sonuç elde edildiği görülmektedir.

Doğrusal olmayan denklemin GDGA ile EKK hata grafiğinin bulunduğu Şekil 7.5 incelendiğinde hataların iterasyon boyunca sabit bir trend izleyerek kararlı yapıya ulaştığı ve sapmaların neredeyse olmadığı görülmektedir. Parametre değerlerinin gerçek değere oldukça yaklaştığını Çizelge 7.7'den görülmektedir.

Çizelge 7.7. Doğrusal olmayan denklemin GDGA ile EKK Hatalar

Gerçek değer		100-iterasyon	500-iterasyon
C1	10	10,001431	9,997203
C2	20	20,001476	19,999625
C3	10	9,998973	10,003729
C4	5	4,997023	4,996016
C5	0	0,000272	0,000343
C6	0	0,000463	0,000710
C7	0	0,000626	0,000590
C8	0	0,000364	0,000729
C9	0	0,000597	0,000602
EKK-Hata		1,2903e-04	5,4985e-05



Şekil 7.5. Doğrusal olmayan denklemin GDGA ile EKK hata grafiği

Çizelge 7.7’de bulunan katsayılar a tavlama benzetimi uygulandığında elde edilen sonuçlar Çizelge 7.8’de gösterilmiştir. Çizelge incelendiğinde hatanın oldukça düştüğü ve parametrelerin gerçeğe çok yaklaştığı görülmektedir. Yapılan

önceki çalışmalar göz önünde bulundurulduğunda modelin oldukça iyi olduğu açıkça görülmektedir.

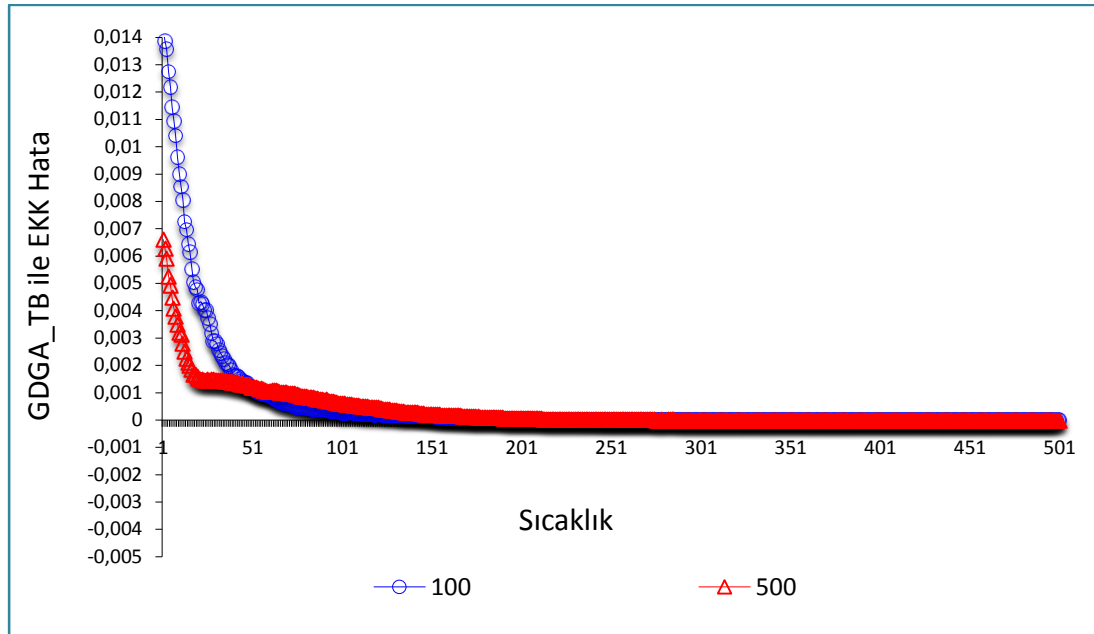
Çizelge 7.8. Doğrusal olmayan denklemin GDGA_TB ile EKK hatalar

Gerçek değer		100-iterasyon	500-iterasyon
C1	10	10,0000347	9,99996523
C2	20	20,0000004	19,9999991
C3	10	10,0000166	9,9999988
C4	5	4,99998151	4,9999997
C5	0	3,02e-05	1,68e-05
C6	0	-6,01e-05	-2,55e-05
C7	0	3,60e-05	2,60e-05
C8	0	8,46e-06	-1,27e-05
C9	0	-1,25e-05	1,70e-06
EKK-Hata		2,81e-07	8,76e-08

Melez algoritmadan elde edilen sonuçlar modelin ilk çalıştırılmasında elde edilen sonuçlardır. Bu da kısa sürede karmaşık işletme problemlerine yanıt verme açısından büyük bir avantaj olarak görülebilir. Modelden bu kadar kullanışlı sonuçların çok küçük hatalar ile elde edilmesinde Bredeer genetik algoritma ve tavlama benzetiminin rolü olduğu önemli bir bilgidir. Gerçek değerli kod kullanan algoritmaların kullanılması hem hesaplama süresinin düşmesine hemde bilgisayar hafızasında az yer kaplaması açısından başka bir avantaj olarak görülebilir.

Şekil 7.6 incelendiğinde ilk yetmiş sıcaklıktan sonra hataların sıfır civarında kümелendiği açıkça görülmektedir. Hataların sıfır civarında kümelenmesi katsayı değerlerinin gerçek değer civarında kümelenmesi ile aynı anlama gelmektedir. Ayrıca ilk sıcaklık değerinde önceden çalışılan diğer çalışmalarda elde edilen

hatalardan daha küçük hata oranlarına ulaşıldığı Çizelge 7.8 ve Şekil 7.6'den görülmektedir.



Şekil 7.6. Doğrusal olmayan denklemin GDGA_TB ile EKK hata grafiği

Eğri uydurma problemlerinin en önemli sorunu doğrusal olmayan denklemlerin parametrelerini küçük hatalar ile tahminlemek olduğu önceki çalışmalarda vurgulanan bir gerçektir. Bu, ancak kullanılacak modelin üst seviyede kullanışlı bir algoritma içinde barındırması ile mümkün olduğu söylenebilir.

Özellikle algoritmanın kodlanması sürecinde doğru kodlama yapılması ve yanlış yönler çekebilecek taktiklerden kaçınılması gerekmektedir. Bu özellikle genetik algortmada istenmeyen sonuçların elde edilmesine yol açacaktır. Şunu unutmamak gerekir ki genetik algoritma çok koldan tarama yaptığı için yanlış kollardan taramaya yönlendirilirse sonuç beklenmedik olabilir. Bu da tavlama benzetiminde başlangıç çözümü olacak noktanın yanlış ya da gerçek değere uzak noktalar etrafında yeni noktalar oluşturmaya neden olacağından özellikle kodlanma sürecinde algoritmanın doğru kodlanması modelin istenilen çerçevede sonuçlar üretmesine olanak sağlayacaktır. Aksi takdirde işletme problemlerinin çözümünde neden olacak mali kayıp için olumsuz bir sonuç doğuracağı beklenen bir şeydir.

Doğrusal olmayan denklemin parametre tahmininde en küçük medyan kareler

yönteminin en küçük kareler yönteminden daha iyi sonuç verdiği Çizelge 7.9'dan görülmektedir. Çizelge 7.9'daki hataların Çizelge 7.7'deki hata oranlarından daha küçük kaldığı görülmektedir. Bu da en küçük medyan kareler yönteminin en küçük kareler yöntemine göre daha güçlü bir tahmin metodu olduğunu göstermektedir. Buna paralel olarak en küçük medyan kareler yönteminin kırılma noktası %50 olduğu yani, veri kümesinin %50'ye kadar sapan değer içerdiği durumlarda da iyi sonuçlar verdiği bilinmektedir.

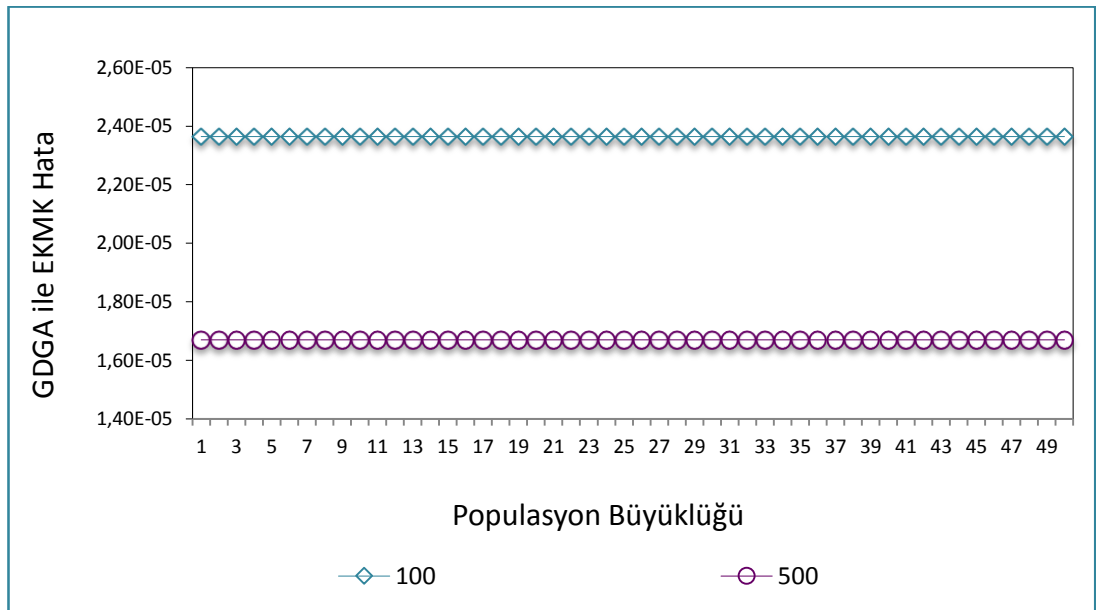
Çizelge 7.9. Doğrusal olmayan denklemin GDGA ile EKMK hatalar

Gerçek değer		100-iterasyon	500-iterasyon
C1	10	9,904813	10,023984
C2	20	20,003620	19,989462
C3	10	10,015967	10,020008
C4	5	4,957445	4,949742
C5	0	0,000625	0,000632
C6	0	0,000716	0,000302
C7	0	0,000269	0,000592
C8	0	0,000476	0,000777
C9	0	0,000216	0,000505
EKMK-Hata		2,3645e-05	1,6699e-05

En küçük medyan kareler yöntemi artıkların medyan değerini en küçük yapmayı amaçlarken geriye kalan (n-1) adet gözlemi elemektedir. Bundan dolayı örneklem büyüklüğü arttıkça regresyon katsayılarının kestiriminde en küçük medyan kareler yöntemi en küçük kareler yöntemi kadar etkili olmamaya başlar (Ryan, 1997; Gürünlü Alma ve Vupa, 2008). Bu çalışmada doğrusal olmayan denklem için melez algoritmanın hem genetik algoritma kısmında hem de tavlama benzetimi kısmında model her çalıştırıldığında önemli oranda hata payı içeren verilerin rastgele üretilmesi sürecin zorluğunu ortaya koymaktadır. Bu

işlemede en küçük kareler ve en küçük medyan kareler tahminleyicilerinin farklı davranış göstermesi beklenen bir durumdur. Bu nedenle melez algoritma için Çizelge 7.10'daki sonuçlar Çizelge 7.8'deki sonuçlardan daha iyi değildir. Bu da doğrusal olmayan denklemlere eğri uydurmada en küçük medyan karelerin en küçük kareler kadar regresyon katsayılarının kestiriminde etkili olmamaya başladığını göstermektedir. Çünkü veri kümesinin %50'den fazla sapan değer içerdiği durumda en küçük medyan kareler en küçük kareler kadar etkili olmamaya başlamaktadır.

Bu sebeple modelin arka yüzünde üretilen rastgele görüntü(noise) verileri %50 'den fazla ya da az sapan değer içermesi, tahminleyicilerin farklı davranış göstermesine neden olmaktadır. Ancak, katsayı kestiriminde en küçük medyan karelerin en küçük kareler yöntemine göre fazla sapma göstermediği Şekil 7.7 ve Şekil 7.5'den görüldüğü gibi önemli bir tespittir.



Şekil 7.7. Doğrusal olmayan denklemin GDGA ile EKMK hata grafiği

En küçük kareler yönteminde kestirilen katsayılar gerçek değerlerden bir anda çokça sapma gösterebilmektedir. Yani hata çok olabilmektedir. Ama en küçük medyan karelerde iyi sonuç elde edildiğinde hep iyi çözümler gelmektedir. Dolayısıyla, gerçek değerlerden fazla sapma göstermemektedir. Bu durum Şekil 7.7'te rahatlıkla görülebilmektedir. Çünkü en küçük medyan kareler, artıkların medyan değerini minimum yaparken geriye kalan gözlemleri dikkate almaz. Bu

da sapmaların önüne geçmekte ama en küçük kareler yöntemine göre daha etkili olmadığını Çizelge 7.10 ve Çizelge 7.8’den açıkça görülmektedir.

Çizelge 7.10. Doğrusal olmayan denklemin GDGA_TB ile EKMK hatalar

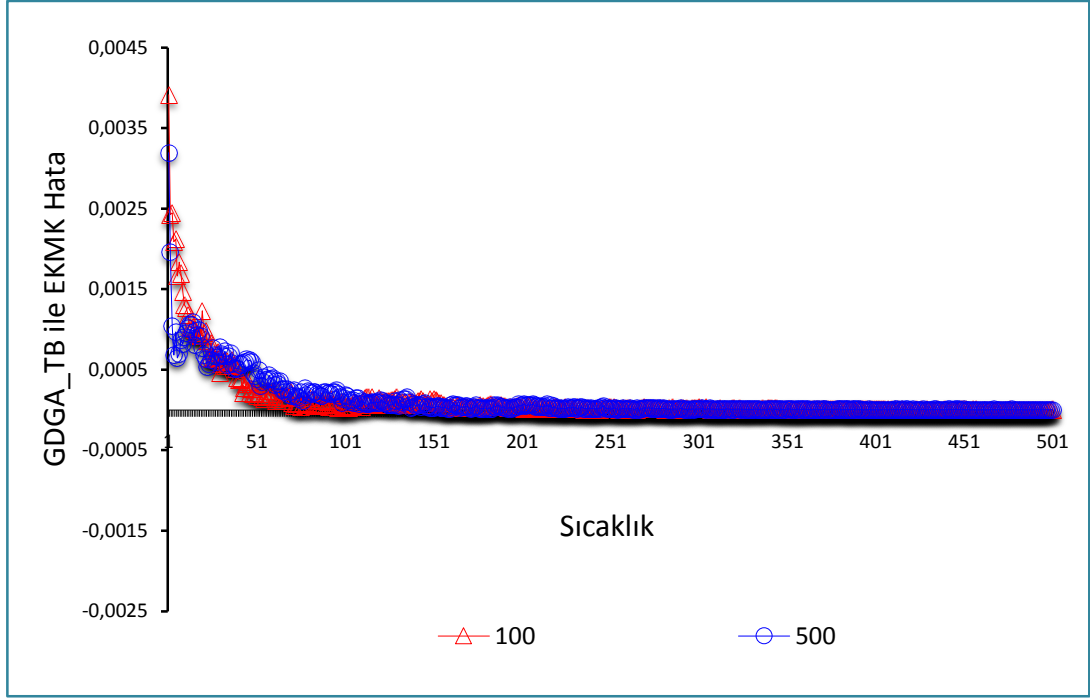
Gerçek değer		100-iterasyon	500-iterasyon
C1	10	10,0012704	9,99964111
C2	20	19,9999339	20,0001392
C3	10	9,99946994	9,99951581
C4	5	5,00037264	5,00017095
C5	0	0,0002705	-8,42e-05
C6	0	-0,0008693	0,0006018
C7	0	-3,62e-05	-0,0007785
C8	0	0,0013515	0,0003736
C9	0	-0,0007016	-0,0001389
EKMK-Hata		7,36e-07	2,73e-07

Çizelge 7.9’da bulunan parametre değerlerine tavlama benzetimi uygulayarak Çizelge 7.10’daki parametre değerleri elde edildi. Daha iyi parametre değerleri bulunmasına karşın, Çizelge 7.10’daki parametre değerleri Çizelge 7.8’deki parametre değerlerinden iyi değildir.

Şekil 7.8’in Şekil 7.6’ya göre daha ilk sıcaklıklarda iyi çözümü yakaladığı görülmektedir. Buradan en küçük medyan karelerin, çözüme ulaşmada en küçük kareler yönteminden daha iyi olduğu sonucu çıkarılabilir.

Melez algoritmanın ikinci kısmı olan tavlama benzetimi uygulanan kısmında da veriler rastgele üretildiği için veri kümesinin %50’den fazla sapan değer içerdiği durumlarda en küçük kareler yöntemine göre daha iyi sonuç vermemektedir. Bu durum, daha çok modelin yapısı ile değil kullanılan verilerin türü ile alakalı bir şeydir. Bir daha vurgulamak gerekirse; melez algoritma çözümleri hepsi modelin ilk çalıştırılmasından elde edilen sonuçlar çizelgelerde gösterilmiştir. Bu şimdiye

kadar doğrusal olmayan denklem türüne rastgele üretilen hata oranı yüksek veriler uydurulması açısından hem de oldukça düşük hata oranıyla parametre tahmini yapan bir model olması açısından literatürdeki yerini koruyacağı ve birçok çalışmaya ışık tutabilecek bilgiler içerdiği düşünülmektedir. Doğrusal olmayan denklem için kestirilen katsayıların ilk birkaç hanesi çizelgelerde gösterildi.



Şekil 7.8. Doğrusal olmayan denklemin GDGA_TB ile EKMK hata grafiği

Doğrusal olmayan denklemler için sıfıra yakın hata ile sonuçlar elde etmek çok zor olmakla beraber ancak üstün tasarlanmış bir model ile olabilir. Bu katsayıların minimum hata ile hesaplanması tatmin edici sonuçların elde edilebileceğini ve artık karmaşık matematiksel işlemlere gerek duyulmayabileceğini göstermektedir.

Çizelge 7.11’de gerçek değerli genetik algoritma ve önerilen melez algoritmanın en küçük kareler ve en küçük medyan kareler üzerinde farklı performans gösterdiği görülmektedir. Önerilen melez algoritmanın hem GDGA ve hem de TB kısmında rastgele hata oranı yüksek veriler üretilmiştir. Üretilen veriler %50’den fazla sapma değer içerdiği durumlarda, en küçük kareler en küçük medyan kareler yönteminden daha elverişli olduğunu Çizelge 7.11’den

dörülmeştir. Verilerin %50'den az sapan değeri içerdığı durumda ise en küçük medyan karelerin en küçük karelerden daha iyi sonuç verdiği görülmektedir.

Çizelge 7.11. İkinci test problemi için sonuçların karşılaştırılması

Teknikler	EKK	EKMK	Jenerasyon
Friedman (1988)	1,12	-	1600
Rogers (1991)	1,17	-	200
Gulsen vd. (1995)	0,000158	-	200
GDGA	1,2903e-04	-	100
GDGA	5,4985e-05	-	500
GDGA	-	2,3645e-05	100
GDGA	-	1,6699e-05	500
GDGA_TB	2,81e-07	-	100
GDGA_TB	-	7,36e-07	100
GDGA_TB	8,76e-08	-	500
GDGA_TB	-	2,73e-07	500

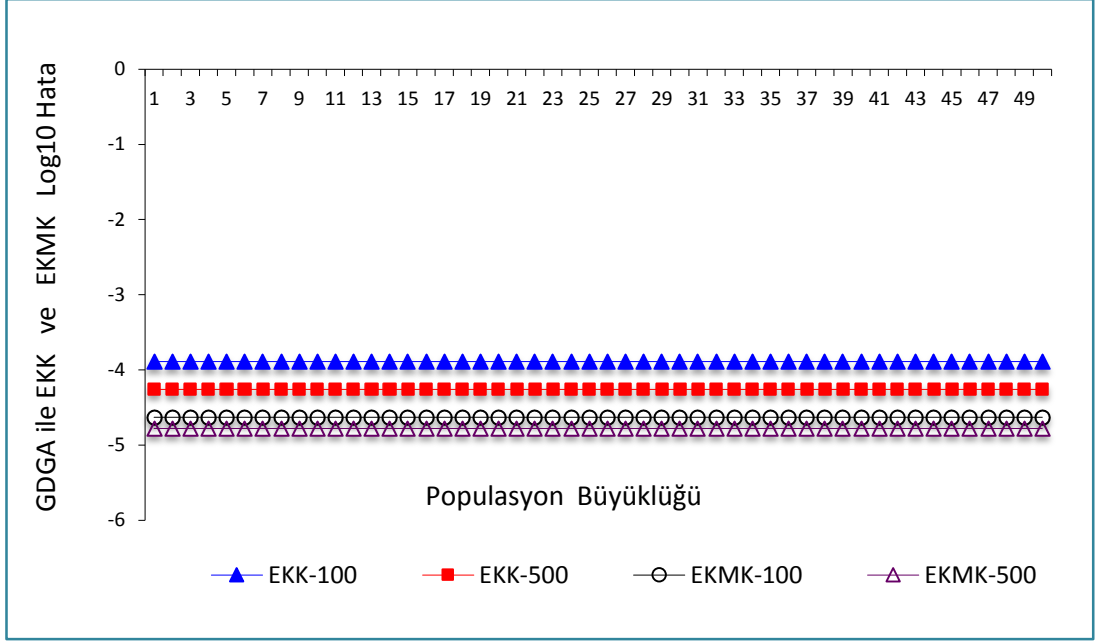
Sonuç olarak, Çizelge 7.6 ve Çizelge 7.11 incelendiğinde görülmektedir ki bu çalışmada geliştirilen melez algoritmanın hem doğrusal hem de doğrusal olmayan denklemler için çok üstün olduğu ve kısa zamanda işletmelerin ve günümüz problemlerinin çözümünde hızlı yanıt verebilecek bir model olduğunu açık bir şekilde görülmektedir.

8. SONUÇ VE TARTIŞMA

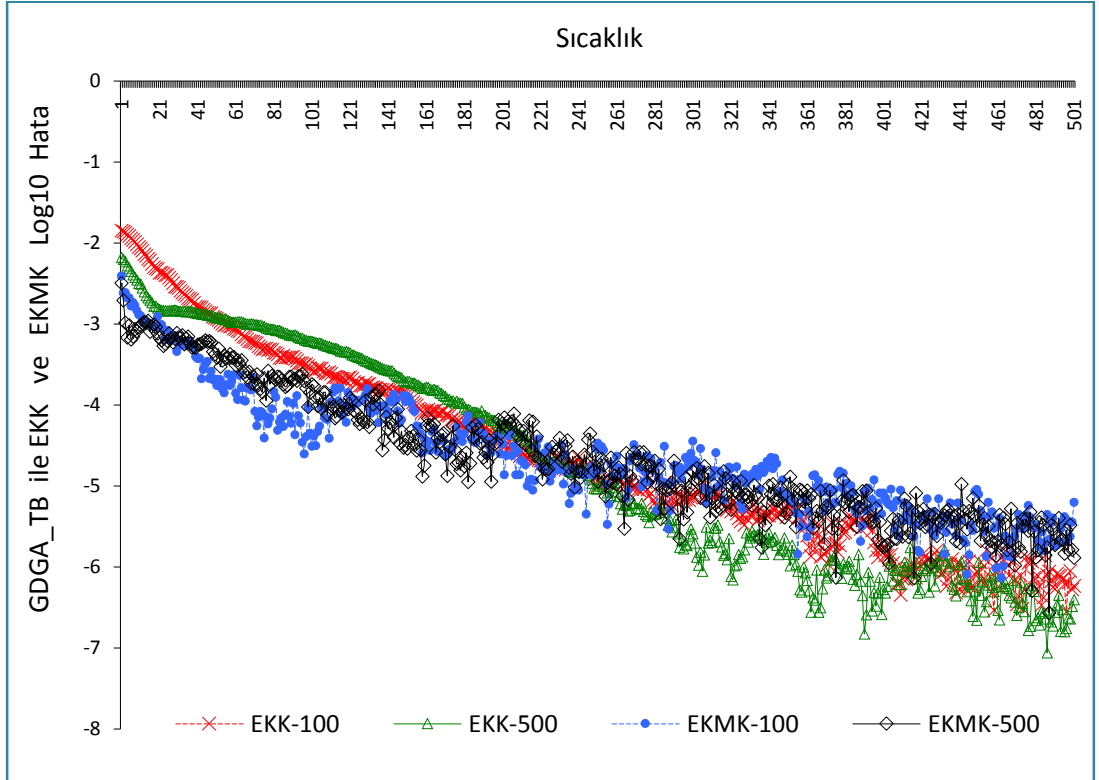
Genel olarak denklem türleri doğrusal ve doğrusal olmayan şekilde iki kısımda sınıflanabilir. Bu çalışmada önerilen algoritma, doğrusal ve doğrusal olmayan iki test problemi üzerinde uygulanmış ve sonuçlarıyla ve değerlendirmeler ile beraber verilmiştir. Karr vd. (1991) doğrusal denklem için populasyon büyüklüğünü 100 ve Gulsen vd. (1995) populasyon büyüklüğünü 50 olarak seçmişlerdir. Bu çalışmada populasyon büyüklüğü 50 ve sürekli mutasyonda kullanılan k değeri ± 2 olarak seçildi. Sadece en iyilerin çaprazlandığı ve en iyi uyuma sahip bireylerin mutasyon işlemine tabi tutulması algoritmanın performansını ciddi bir şekilde arttırdığı görülmektedir (Çizelge 7.6). Elde edilen sonuçlar daha önceki elde edilen sonuçlar ile karşılaştırıldığında, önerilen algoritmanın üstünlüğü görülmektedir.

Doğrusal olmayan denklem için, genetik algoritma ve melez algoritmanın en küçük kareler ve en küçük medyan kareler ile farklı iterasyonlardaki Log10 hataları Şekil 8.1 ve Şekil 8.2’de verilmiştir. Doğrusal olmayan denklem için sonuçları önceden çalışılan örnekler ile doğrudan karşılaştırılmaz ama yaklaşık olarak karşılaştırılabilir. Bu nedenle sonuçlar rastgele üretilen verilere rağmen oldukça iyi sonuçlar verdiği ve katsayıların kestiriminin gerçek değere yakın yapıldığı çizelge ve şekillerden net bir şekilde görülmektedir. Bu işlem sürecinde algoritmanın doğru kodlanmaması ve analiz edilmemesi beklenmeyen çok farklı sonuçların elde edilmesine yol açacaktır.

Şekil 8.2 incelendiğinde, Şekil 8.1’de elde edilen değerlerden daha küçük hata oranları ile daha iyi sonuçlar verdiğini görülmektedir. Bu, tavlama benzetiminin modelin araştırma gücünü ne kadar olumlu yönde arttırdığının göstergesidir.



Şekil 8.1. Doğrusal olmayan denklemin GDGA'nın EKK ve EKMK ile farklı iterasyonlardaki Log10 hata grafiği



Şekil 8.2. Doğrusal olmayan denklemin GDGA_TB'nin EKK ve EKMK ile farklı iterasyonlardaki Log10 hata grafiği

Şekil 8.1 ve Şekil 8.2'ye göre en küçük kareler ve en küçük medyan kareler tahminleyicisinin genetik algoritma ve melez algoritma ile kullanılması ile tatmin edici sonuçlar elde edilebileceğini göstermektedir. Eğer veri kümesinin %50'den fazla sapan değer içerdği durumlarda en küçük kareler yöntemi daha iyi sonuç vermektedir.

Doğrusal denklem için hem genetik algoritma hemde melez algoritma kısmında en küçük medyan kareler yönteminin en küçük kareler yöntemine göre daha iyi sonuç verdiği açıktır. Ancak, doğrusal olmayan denklem için veri yapısı değiştikçe en küçük kareler ve en küçük medyan kareler farklı performans göstermektedirler.

Bu çalışmanın devamında ise, farklı sezgisel algoritma kombinasyonları ile yeni melez algoritmalar üretilebilir.

KAYNAKLAR

- Akyol A.P., 2006. Doğrusal Olmayan Ekonometrik Modellerin Genetik Algoritma Yaklaşımı İle Parametre Tahmini. Gazi Üniversitesi Sosyal Bilimler Enstitüsü, Ekonometri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi, Ankara.
- Altunkaynak, B., Esin, A., 2004. Doğrusal Olmayan Regresyonda Parametre Tahmini için Genetik Algoritma Yöntemi. Gazi Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi, 17(2), 43-51.
- Alba Torres, E., Khuri, S., 2004. Applying Evolutionary Algorithms to Combinatorial Optimization Problems, ICCS 2001, LNCS 2074, Springer Verlag Berlin Heidelberg, 689-698.
- Alp, A., Çerçioğlu, H., Tokaylı, M. A., Dengiz, B., 2001. Stokastik Montaj Hattı Dengeleme: Bir Tavlama Benzetimi Algoritması, Endüstri Mühendisliği Dergisi, 12, 3-4, 32-51.
- Angeline, Peter J., 1996. Two self-adaptive crossover operators for genetic programming, Advances in Genetic Programming Volume II (editors: Peter J. Angeline and Kenneth E. Kinneer, Jr.), MIT Press, Cambridge MA, 89-109.
- Aydoğdu, Ö., 2006. Fırçasız Doğru Akım Motorlarının Genetik Tabanlı Bulanık Denetleyici İle Sensörsüz Kontrolü. Selçuk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Elektrik-Elektronik Mühendisliği Anabilim Dalı, Doktora Tezi, Konya.
- Back, T., Schwefel, H. P., 1993. An overview of evolutionary algorithms for parameter optimization. Evolutionary Computation, 1, 1-23.
- Baragona, R., Battaglia, F., Calzini, C., 2001. Genetic algorithms for the identification of additive and innovation outliers in time series, Computational Statistics & Data Analysis, 37, 1-12.
- Belanche, L. A., 1999. An Application Example Of The Breeder Genetic Algorithm To Function Optimization, Secció d 'Inteligencia Artificial, Dept. de Llenguatges i Sistemes Informàtics, Universitat Politècnica de Catalunya.
- Blum, C., Roli, A., 2003. Metaheuristics in Combinatorial Optimization: Overview and Conceptual Comparison, ACM Computing Surveys, 35, 268-308.
- Cerrolaza, M., Annicchiarico, W., Martinez, M., 2000. Optimization of 2D boundary element models using β -splines and genetic algorithms. Engineering Analysis with Boundary Elements, 24, 427-440.
- Çetişli, B., Kalkan, H., 2011. Polynomial Curve Fitting with Varying Real Powers. System Engineering, Computer Technology, 6(112).

- Çetiřli, B., Edizkan R., 2011. Estimation of adaptive neuro-fuzzy inference system parameters with the expectation maximization algorithm and extended Kalman smoother. *Neural Computing and Applications*, 20(3), 403-415.
- Davidor, Y., 1991. *Genetic Algorithms and Robotics*. World Scientific, Singapore.
- Davis, L., 1987. *Genetic Algorithms and Simulated Annealing*. Pitman, London, England.
- Davis, L., 1991. *Handbook of Genetic Algorithms*. Van Nostrand Reinhold, New York.
- Deb, K., Jain, H., (September, 2011). Parent to Mean-Centric Self-Adaptation in Single and Multi-Objective Real-Parameter Genetic Algorithms with SBX Operator. KanGAL Report No. 2011017.
- Deep, K., Singh, K. P., Kansal, M.L., Mohan,C., 2009. A real coded genetic algorithm for solving integer and mixed integer optimization problems. *Applied Mathematics and Computation*, 212(2), 505-518.
- De Jong, K. A., 1975. Analysis of the behavior of a class of genetic adaptive systems. PhD thesis, Dept. Of Computer and Communication Sciences, University of Michigan Ann Arbor, MI.
- Erden, M. S., 2012. *Genetik Algoritmalar*, Nesin Matematik Köyü, Evrim Çalıştay, 20-23 Nisan.
- Eshelman, L.J., Schaffer, J.D., 1993. Real-Coded Genetic Algorithms and Interval-Schemata. *Foundation of Genetic Algorithms 2*, L.Darrell Whitley (Ed.) (Morgan Kaufmann Publishers, San Mateo), 187–202.
- Farahat, M. A., Talaat, M., 2012. Short-Term Load Forecasting Using Curve Fitting Prediction Optimized by Genetic Algorithms. *International Journal of Engineering*, 2(2), 23-28.
- Folly, K. A., Sheetekela, S. P., 2012. Optimal Design of Power System Controller Using Breeder Genetic Algorithm, *Bio-Inspired Computational Algorithms and Their Applications*, Dr. Shangce Gao (Ed.), ISBN: 978- 953-51-0214-4.
- Friedman, J., 1988 (revised 1990). *Multivariate Adaptive Regression Splines* Department of Statistics Technical Report 102, Stanford University.
- Gen, M., Cheng, R., 1997. *Genetic Algorithms and Engineering Design*. New York: John Wiley & Sons, Inc.
- Genel, H., 2004. *Genetik Algoritmalarla Portföy Optimizasyonu*. Ankara Üniversitesi Sosyal Bilimler Enstitüsü İşletme Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi, Ankara.

- Greene, J., 2005. The basic idea behind the Breeder Genetic Algorithm
Department of electrical engineering, Technical Report, University of
Cape Town.
- Gog, A., Dumitrescu, D., Hirsbrunner, B., 2007. New selection operators based on
genetic relatedness for evolutionary algorithms, *Evolutionary
Computation*, 4610 – 4614.
- Goldberg, D.E., 1989. *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine
Learning*. Addison-Wesley, Reading, MA.
- Gulsen, M., Smith, A. E., Tate, D. M., 1995. A Genetic Algorithm Approach to Curve
Fitting, 33, 7, 1911-1923.
- Gulsen, M., Smith, A.E., 1999. Hierarchical Genetic Algorithm for System
Identification and Curve Fitting with a Supercomputer Implementation.
IMA Volumes in Mathematics and its Applications, *Evolutionary
Algorithms*, Springer-Verlag, 111-138, New York.
- Gülsün, B., Tuzkaya, G., Bildik, E., 2008. Reverse Logistics Network Design: A
Simulated Annealing Approach. *Journal of Engineering and Natural
Sciences*, 26, 1.
- Gürünlü Alma, Ö., Vupa, Ö., 2008. Regresyon Analizinde Kullanılan En Küçük
Kareler ve En Küçük Medyan Kareler Yöntemlerinin Karşılaştırılması,
SDÜ Fen Edebiyat Fakültesi Fen Dergisi , 3(2), 219-229.
- Haupt, R.L., Haupt, S. E., 2004. *Practical genetic algorithms*. 2nd ed. John Wiley
and Sons.
- Herrera, F., Herrera-Viedma, E., Lozano, M., Verdegay, J. L., 1994. Fuzzy Tools to
Improve Genetic Algorithms, *Proc. Second European Congress on
Intelligent Techniques and Soft Computing*, 1532–1539.
- Herrera, F., Lozano, M., Verdegay, J. L., 1998. Tackling Real-Coded Genetic
Algorithms: Operators and Tools for Behavioural Analysis, *Artificial
Intelligence Review*, 12, 265–319.
- Herrera, F., Lozano, M., Verdegay, J.L., 1997. Fuzzy connectives based crossover
operators to model genetic algorithms population diversity, *Fuzzy Sets
and Systems*, 92, 21-30.
- Herrera, F., Lozano, M., 2000. Two-Loop Real-Coded Genetic Algorithms with
Adaptive Control of Mutation Step Sizes, *Applied Intelligence*, 13, 187–
204.
- Herrera, F., Lozano, M., 2001. Adaptive Genetic Operators Based on Coevolution
with Fuzzy Behaviors, *IEEE Transactions On Evolutionary Computation*,
5, 2.

- Holland, J. H., 1975. Adaptation in Natural and Artificial Systems. The University of Michigan Press, Ann Arbor, MI.
- Im, C. H., Jung, H. K., Kim, Y. J., 2003. Hybrid genetic algorithm for electromagnetic topology optimization, IEEE Trans. Magn, 39, 2163-2169.
- İnternet 1, 2013. Simulaed Annealing Tutorial. Erişim Tarihi: 20.08.2013. <http://apmonitor.com/me575/index.php/Main/SimulatedAnnealing>
- İnternet 2, 2014. Gören, H. G., Optimizasyon Problemleri,Kombinatoryal Eniyileme ve Çözüm Yöntemleri,Pamukkale Üniversitesi, Endüstri Mühendisliği ENM 507 Sezgisel Yöntemler ve Uygulamaları. ErişimTarihi: 05.01.2014. hgoren.pau.edu.tr/index_507_dosyalar/sy_hafta2.ppt
- İnternet 3, 2014. Mendel Genetiği, Mendel'in Çalışmaları ve Gen Kromozom Teorisi. 28.04.2013. Erişim Tarihi: 05.01.2014. <http://www.biyolojidersnotlari.com/mendel-genetigi-mendelin-calismalari-ve-gen-kromozom-teorisi.html>
- Jang, J. S. R., Sun, C.T., Mizutani, E., 1997. Neuro-fuzzy and soft computing. Prentice Hall, Upper Saddle River.
- Karaoğlu, Ö, G., 2007. Kontrol Sistemleri İçin Bulanık Pıd Kontrolörlerin Genetik Algoritmalar Yardımıyla Ayarlanması,Yüksek Lisans Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul Teknik Üniversitesi.
- Karr, C. L., Stanley, D. A., Scheiner, B. J., 1991. Genetic Algorithm Applied To Least Squares Curve Fitting. U.S. Bureau of Mines Report of Investigations 9339. Washington, DC.
- Karr, C.L., Weck, B., Massart, D.L., Vankeerberghen, P., 1994. Least Median Squares Curve Fitting Using a Genetic Algorithm. Engng Applic. Artif. İntell, 8,2, 177-189.
- Keskintürk, T., Şahin, S., 2009. Doğrusal olmayan regresyon analizinde gerçek değer kodlamalı genetik algoritma. İstanbul Ticaret Üniversitesi Sosyal Bilimler Dergisi, 8(15),167-178.
- Koza, J. R., 1994. Genetic programming as a means for programming computers by natural selection. Statistics and Computing, 4, 2, 87-112.
- Kurt, M., Semetay, C., 2001. "Genetik Algoritma ve Uygulama Alanları", Mühendis ve Makine , 42(501) , 19-24.
- Küçüktezcan, F., 2008. Genetik Algoritma İle Optimize Edilmiş Bulanık Güç Sistemi Kararlı Kılıcısının Sistem Kararlılığına Etkisi, İstanbul Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Elektrik Mühendisliği, Yüksek Lisans Tezi.

- Mizumoto, M., 1989a. Pictorial Representations of fuzzy connectives, Part I: Cases of tnorms, tconorms and averaging operators. *Fuzzy Sets and Systems*, 31, 217-242.
- Mizumoto, M., 1989b. Pictorial Representations of fuzzy connectives, Part II: Cases of Compensatory Operators and Seftdual Operators. *Fuzzy Sets and Systems*, 32, 45-79.
- Michalewicz, Z., 1992. *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*, SpringerVerlag, New York.
- Mukhopadhyay, S. K., Singh, M. K., Srivastava, R., 1998. FMS machine loading: A simulated annealing approach, *International Journal of Production Research*, 36, 6, 1529-1547.
- Mühlenbein, H., Schlierkamp-Voosen, D., 1993. Predictive models for the Breeder genetic algorithm: I. Continuous parameter optimization. *Evolutionary Computation*, 1, 25-49.
- Mühlenbein H., 1994. The Breeder Genetic Algorithm - a provable optimal search algorithm and its application. *Colloquium on Applications of Genetic Algorithms*, IEE 94/067, London.
- Oturanç, G., Kurnaz, A., Kiriş, M. E., Keskin, Y. 2008. *Sayısal Analiz*. Selçuk Üniversitesi Yayınları, Konya.
- Özdemir, G., Aydemir, E., Olgun, M. O., Mulbay, Z., 2014. Forecasting of Turkey Natural Gas Demand Using a Hybrid Algorithm. *Energy Sources Part B-Economics Planning and Policy*, (article in press).
- Pakkan, B., Ermiş, M., 2010. İnsansız Hava Araçlarının Genetik Algoritma Yöntemiyle Çoklu Hedeflere Planlanması. *Havacılık ve Uzay Teknolojileri Dergisi*, 4, 3, 77-84.
- Phadke, A.R., Fozdar, M., Niazi, K.R., 2011. A new techniques for computation of closest Saddle-node bifurcation point of power system using real coded genetic algorithm. *Electrical Power and Energy Systems*, 33,5, 1203-1210.
- Phiri, A., Folly, K. A., 2008. Application Of Breeder GA To Power System Controller Design, 2008 IEEE Swarm Intelligence Symposium St. Louis MO USA, September 21-23.
- Ponnambalam, S. G., Jawahar, N., Aravindan, P., 1999. A simulated annealing Algorithm for job shop scheduling, *Production Planning & Control: The Management of Operations*, 10:8, 767-777.
- Radcliffe, N.J., (1991a). Equivalence Class Analysis of Genetic Algorithms, *Complex Systems*, 5(2), 183-205.

- Roeva, O., Shannon, A., 2008. A Generalized Net Model Of A Mutation Operator For The Breeder Genetic Algorithm, Ninth Int. Workshop on GNs, 4 July, 59-63, Sofia.
- Rogers, D., 1991. G/SPLINES: A Hybrid of Friedman's Multivariate Adaptive Regression Splines (MARS) Algorithms with Holland's Genetic Algorithm. Proceedings of the Fourth International Conference on Genetic Algorithms, 384-391.
- Rousseeuw, P. J., 1984. Least Median Of Squares Regression. J. Am. Statist. Ass. 79, 871-880.
- Rousseeuw, P., Leroy A. 1987. Robust Regression and Outlier Detection. John Wiley Sons, 84-143, Canada.
- Ryan, T.P., 1997. Modern Regression Methods. John Wiley Sons, New York.
- Satman, M. H., 2013. Machine Coded Genetic Algorithms For Real Parameter Optimization Problems. Gazi University Journal of Science, 26 (1) , 85-95.
- Schlierkamp-Voosen, D., 1994. Strategy Adaptation by Competition, Proc. Second European Congress on Intelligent Techniques and Soft Computing, 1270-1274.
- Sheetekela, S. P., Folly, K. A., 2010. Power System Controller Design: A Comparison between Breeder Genetic Algorithm and Population Based Incremental Learning, Neural Networks (IJCNN), International Joint Conference on, 1-8.
- Sınıksaran, E., Aktütün, A., 2005. Rastlantısal Şeritler ile En Küçük Medyan Kareler Doğrusunun Bulunması. İstanbul Üniversitesi İktisat Fakültesi Ekonometri ve İstatistik Dergisi.
- Sivaraj, R., Ravichandran, T., 2011. A review of selection methods in genetic algorithm. International Journal of Engineering Science and Technology (IJEST), 3, 5, ISSN: 0975-5462.
- Stanley, D. A., Scheiner, B. J., 1985. Mechanically Induced Dewatering of Ion Exchanged Attapulgate Flocculated by a High Molecular Weight Polymer. Colloids and Surf, 14, 151-159.
- Stanley, D. A., Webb, S. W., Scheiner, B. J., 1986. Rheology of Ion-Exchanged Montmorillonite Clays. Bu Mines RI 8895, 17.
- Suresh, G., Sahu, S., 1994. Stochastic assembly line balancing using simulated annealing. International Journal of Production Research, 32, 8, 1801-1810.
- Şanlı, K., Apaydın, A., 2004. The Fuzzy Robust Regression Analysis, The Case Of Fuzzy Data Set Has Outlier. Gazi Üniversitesi, Fen Bilimleri Dergisi, 17, 3, 71-84.

- Şentürk, S., 2009. Applied Genetic Algorithms Approach To Curve Fitting Problems. Master's Thesis, İstanbul.
- Temiz, İ., 2008. Çok Kriterli Permütasyon Akış Tipi Çizelgeleme Problemi İçin Bir Tavlama Benzetimi Yaklaşımı. Gazi Üniversitesi Mühendislik Mimarlık Fakültesi, Endüstri Mühendisliği, 1. Mühendislik ve Teknoloji Sempozyumu 24-25 Nisan, Çankaya Üniversitesi, Ankara.
- Toksari, M., 2010. Predicting The Natural Gas Demand Based On Economic Indicators: Case of Turkey. Energy Sources, Part A: Recovery, Utilization and Environmental Effects, 32, 6, 559-566.
- Ünler, A., 2006. Sezgisel Yöntemlerle K-Harmonik Ortalama Veri Kümeleme Eniyilemesi, Gazi Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Ankara.
- Ünsal, M. G., 2013. Karesel Atama Problemleri için Deterministik Tavlama Benzetim Yöntemlerinin Karşılaştırılması. Uludağ Üniversitesi Mühendislik-Mimarlık Fakültesi Dergisi, 18, 2.
- Voight, H-M., Anheyer, T., 1994. Modal Mutations in Evolutionary Algorithms. Evolutionary Computation, IEEE World Congress on Computational Intelligence., Proceedings of the First IEEE Conference on, 27-29 Jun, 1, 88 – 92.
- Yao, X., Liu, Y., 1999. Evolutionary Programming Made Fast, IEEE Trans. Evol. Comput., 3, 82-102.
- Yıldız, A. R., 2006. Tasarım Optimizasyon Problemlerinin Çözümü İçin Çok Amaçlı Arama Tabanlı Bir Sistemin Geliştirilmesi, Doktora tezi, Makine Müh. Anabilim Dalı, Uludağ Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Bursa.
- Yiğit, V., Türkbey, O., 2003. Tesis Yerleşim Problemlerine Sezgisel Metotlarla Yaklaşım. Gazi Üniversitesi Mühendislik Mimarlık Fakültesi Dergisi, 18, 4, 45-56.
- Yükselen, M.A., 2011. HM504 Eğri Uydurma ve İnterpolasyon Uygulamalı Sayısal Yöntemler Ders Notları. Erişim Tarihi: 15.06.2013. <http://web.itu.edu.tr/~yukselen/HM504/02%20E%F0ri%20uydurma%20ve%20interpolasyon.pdf>
- Zhang, Guo-Li., Li, Geng-Yin., Ma, Jian-Wei., 2006. Real-Coded Genetic Algorithm For Constrained Optimization Problem, Proceedings of the Fifth International Conference on Machine Learning and Cybernetics, Dalian, 13-16.
- Wright, A., 1990. Genetic Algorithms for Real Parameter Optimization. Foundations of Genetic Algorithms, First Workshop on the Foundations of

Genetic Algorithms and Classifier Systems, G. J. E. Rawlin (Ed.) (Morgan Kaufmann, Los Altos, CA), 205–218.

Wright, A., 1991. Genetic Algorithms for Real Parameter Optimization. Foundations of Genetic Algorithms 1, G.J.E Rawlin (Ed.) (Morgan Kaufmann, San Mateo), 205-218.

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Yusuf KARADEDE
Doğum Yeri ve Yılı : SAMSAT, 1987
Medeni Hali : Bekar
Yabancı Dili : İngilizce
E-posta : yusufkaradede@hotmail.com
ysfkrdede@gmail.com



Eğitim Durumu

Lise : Samsat Lisesi, Adıyaman, 2004
Lisans : Süleyman Demirel Üniversitesi
Fen Edebiyat Fakültesi, Matematik, 2010
Yüksek Lisans : Süleyman Demirel Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü, Endüstri Mühendisliği Anabilim Dalı