

T.C
FIRAT ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

169302

**ÇAPRAZLAMA VE MUTASYONUN ORTOGONAL VE
SÖZDE RASSAL BAŞLANGIÇ POPULASYONLARI
ÜZERİNDEKİ ETKİLERİ**

Pınar SANAÇ

Tez Yöneticisi
Yrd. Doç. Dr. Ali KARCI

YÜKSEK LİSANS TEZİ
BİLGİSAYAR MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI

ELAZIĞ, 2005

T.C
FIRAT ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**ÇAPRAZLAMA VE MUTASYONUN ORTOGONAL VE
SÖZDE RASSAL BAŞLANGIÇ POPULASYONLARI
ÜZERİNDEKİ ETKİLERİ**

Pınar SANAÇ

Yüksek Lisans Tezi
Bilgisayar Mühendisliği Anabilim Dalı

Bu tez, 13/07/2005 tarihinde aşağıda belirtilen jüri tarafından oybirliği /oyçokluğu ile başarılı /başarısız olarak değerlendirilmiştir.

Danışman: Yrd. Doç. Dr. Ali KARCI

Üye: Yrd. Doç. Dr. Yetkin TATAR

Üye: Prof. Dr. Yakup DEMİR

Bu tezin kabulü, Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu'nun 02/07/2005 tarih ve 2005-23/2 sayılı kararıyla onaylanmıştır.

TEŞEKKÜR

Bu çalışma boyunca yardım ve desteklerini esirgemeyen tez danışmanım Yrd. Doç. Dr. Ali KARCI' ya katkılarından dolayı sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Her konuda yardımcı olan değerli hocalarım ve arkadaşlarıma ve bütün öğrencilik hayatım boyunca gösterdikleri sabır ve anlayışları için aileme çok teşekkür ederim.



İÇİNDEKİLER

TEŞEKKÜR

İÇİNDEKİLER.....	I
ŞEKİLLER LİSTESİ.....	II
TABLolar LİSTESİ.....	VI
SİMGELER	VII
KISALTMALAR.....	VIII
ÖZET	IX
ABSTRACT.....	X
1. GİRİŞ.....	1
2. BAŞLANGIÇ POPULASYONLARI OLUŞTURMA YÖNTEMLERİ.....	5
2.1. Sözde Rassal Populasyonlar.....	6
2.2. Ortogonal Populasyonlar.....	9
2.2.1. Problem Tanımlama	9
2.2.2. Deneyisel Tasarım Metotları	9
2.2.3. Ortogonal Dizinin Yapısı.....	11
2.2.4. Ortogonal Başlangıç Populasyonun Oluşturulması	12
3. ŞEMA TEOREMİ	15
3.1. Şema Analizi	15
3.2. Şemaların Geometrik Yorumu.....	16
3.3. Geleneksel Şema Teoremi.....	16
3.4. Reel-Kod Şema Teoremi	18
3.5. Çaprazlama ve Mutasyonun Şemaya Etkisi	19
3.5.1. Çaprazlamanın Etkisi.....	19
3.5.1.1. N-Noktalı Çaprazlama için Şemanın Yaşamını Sürdürme Teorisi.....	20
3.5.1.2. Düzenli (Uniform) Çaprazlama için Şemanın Yaşamını Sürdürme Teorisi	23
3.5.2. Mutasyon için Şemanın Yaşamını Sürdürme Teorisi	24
4. ÇAPRAZLAMANIN BAŞLANGIÇ POPULASYONLARI ÜZERİNDEKİ ETKİLERİ	27
5. MUTASYONUN BAŞLANGIÇ POPULASYONLARI ÜZERİNDEKİ ETKİLERİ.....	44
6. SONUÇLAR	60
KAYNAKLAR	62
ÖZGEÇMİŞ	64

ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil 3.1. Çift Çaprazlama Olayı.....	20
Şekil 3.2. Tek Çaprazlama Olayı.....	21
Şekil 3.3. Tanımlama ve Kromozom Uzunluğu.....	25
Şekil 4.1.1. Rassal populasyon şemalarının tanımlama uzunluğuna göre yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)	28
Şekil 4.1.2. Halton populasyonun tanımlama uzunluğuna göre yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)	29
Şekil 4.1.3. Hammersley populasyon şemalarının tanımlama uzunluğuna göre yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)	29
Şekil 4.1.4. Ortogonal populasyon şemalarının tanımlama uzunluğuna göre yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)	29
Şekil 4.2.1. Rassal populasyon şemalarının nesiller boyunca yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)	30
Şekil 4.2.2. Halton populasyon şemalarının nesiller boyunca yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)	31
Şekil 4.2.3. Hammersley populasyon şemalarının nesiller boyunca yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)	31
Şekil 4.2.4. Ortogonal populasyon şemalarının nesiller boyunca yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)	32
Şekil 4.3.1. Tek noktalı çaprazlamanın 3 ve 4. mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)	32
Şekil 4.3.2. Tek noktalı çaprazlamanın 3 ve 4. mertebeden Halton sözde rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)	33
Şekil 4.3.3. Tek noktalı çaprazlamanın 3 ve 4. mertebeden Hammersley sözde rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)	33
Şekil 4.3.4. Tek noktalı çaprazlamanın 3 ve 4. mertebeden Ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)	33
Şekil 4.4.1. Tek noktalı çaprazlamanın nesiller boyunca 3 ve 4. mertebeden rassal şemalar üzerindeki ortalama etkisi (f_1 fonksiyonu için)	34

Şekil 4.4.2. Tek noktalı çaprazlamanın nesiller boyunca 3 ve 4. mertebeden Halton sözde rassal şemalar üzerindeki ortalama etkisi (f_1 fonksiyonu için)	34
Şekil 4.4.3. Tek noktalı çaprazlamanın nesiller boyunca 3 ve 4. mertebeden Hammersley sözde rassal şemalar üzerindeki ortalama etkisi (f_1 fonksiyonu için)	34
Şekil 4.4.4. Tek noktalı çaprazlamanın nesiller boyunca 3 ve 4. mertebeden ortogonal şemalar üzerindeki ortalama etkisi (f_1 fonksiyonu için)	34
Şekil 4.5.1.2 noktalı çaprazlamanın rassal populasyonlar üzerindeki etkileri (f_2 fonksiyonu için)	35
Şekil 4.5.2. 2 noktalı çaprazlamanın Halton sözde rassal populasyonlar üzerindeki etkileri (f_2 fonksiyonu için)	35
Şekil 4.5.3. 2 noktalı çaprazlamanın Hammersley sözde rassal populasyonlar üzerindeki etkileri (f_2 fonksiyonu için)	36
Şekil 4.5.4. 2 noktalı çaprazlamanın Ortogonal populasyonlar üzerindeki etkileri (f_2 fonksiyonu için)	36
Şekil 4.6. 3 noktalı çaprazlamanın 4. mertebeden şemalar üzerindeki etkileri (f_2 fonksiyonu için)	37
Şekil 4.7. 5 noktalı çaprazlamanın 2. mertebeden şemalar üzerindeki etkileri (f_2 fonksiyonu için)	38
Şekil 4.8. 6 noktalı çaprazlamanın 6. mertebeden şemalar üzerindeki etkileri (f_3 fonksiyonu için)	38
Şekil 4.9. 4 noktalı çaprazlamanın 5. mertebeden şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)	39
Şekil 4.10.1. Düzenli çaprazlamanın 2. mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)	39
Şekil 4.10.2. Düzenli çaprazlamanın 2. mertebeden Halton sözde rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)	39
Şekil 4.10.3. Düzenli çaprazlamanın 2. mertebeden Hammersley sözde rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)	40
Şekil 4.10.4. Düzenli çaprazlamanın 2. mertebeden ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)	40

Şekil 4.11.1. Düzenli çaprazlamanın 3. ve 4. mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)	41
Şekil 4.11.2. Düzenli çaprazlamanın 3. ve 4. mertebeden Halton sözde rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)	41
Şekil 4.11.3. Düzenli çaprazlamanın 3. ve 4. mertebeden Hammersley sözde rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)	41
Şekil 4.11.4. Düzenli çaprazlamanın 3. ve 4. mertebeden ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)	42
Şekil 5.1. Mutasyonun 2 mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)	45
Şekil 5.2. Mutasyonun 2 mertebeden Halton sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)	46
Şekil 5.3. Mutasyonun 2 mertebeden Hammersley sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)	47
Şekil 5.4. Mutasyonun 2 mertebeden ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için) ...	48
Şekil 5.5. Mutasyonun 3 mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_2 fonksiyonu için)	48
Şekil 5.6. Mutasyonun 3 mertebeden Halton sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_2 fonksiyonu için)	49
Şekil 5.7. Mutasyonun 3 mertebeden Hammersley sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_2 fonksiyonu için)	50
Şekil 5.8. Mutasyonun 3 mertebeden Ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_2 fonksiyonu için) ..	50
Şekil 5.9. Mutasyonun 4 mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)	51
Şekil 5.10. Mutasyonun 4 mertebeden Halton sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)	51
Şekil 5.11. Mutasyonun 4 mertebeden Hammersley sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)	52
Şekil 5.12. Mutasyonun 4 mertebeden ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için) ..	52
Şekil 5.13. Mutasyonun 5 mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)	53
Şekil 5.14. Mutasyonun 5 mertebeden Halton sözde- rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)	53

Şekil 5.15. Mutasyonun 5 mertebeden Hammersley sözde- rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)	54
Şekil 5.16. Mutasyonun 5 mertebeden ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için) .	54
Şekil 5.17. Mutasyonun 6 mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)	55
Şekil 5.18. Mutasyonun 6 mertebeden Halton sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)	55
Şekil 5.19. Mutasyonun 6 mertebeden Hammersley sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)	56
Şekil 5.20. Mutasyonun 6 mertebeden ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için) .	57



TABLÖLAR LİSTESİ

Tablo 2.1. Onluk ve ikilik tabanda $\phi_p(n)$ değerleri	7
Tablo 2.2. 5 elemanlı dizi için $\phi_p(n)$ değerleri	8
Tablo 2.3. Ortogonal diziye dayalı dokuz kombinasyonlu 3 faktörlü örnek.	10
Tablo 3.1. Şema Örneği 1	15
Tablo 3.2. Şema Örneği 2	16
Tablo 3.3. Çeşitli Boyutlu İkili Dizgeler	17
Tablo 4.1. f_1 fonksiyonu için en iyi sonuçlar	42
Tablo 4.2. f_2 fonksiyonu için en iyi sonuçlar	43
Tablo 4.3. f_3 fonksiyonu için en iyi sonuçlar	43
Tablo 5.1. f_1 Fonksiyonu için En iyi Uygunluk Değerleri	57
Tablo 5.2. f_2 Fonksiyonu için En iyi Uygunluk Değerleri	58
Tablo 5.3. f_3 Fonksiyonu için En iyi Uygunluk Değerleri	58

SİMGELER

D	: Problem boyutu.
$\phi_p(n)$	: Bir n doğal sayısının p tabanındaki sözde-rassal değeri.
$L_M(Q^N)$	: $M \times N$ boyutlu bir ortogonal dizi.
G	: Populasyonu boyutu.
N	: Populasyon boyutu.
k	: Şema mertebesi.
H_k	: k . mertebeden bir şema.
L	: Kromozom uzunluğu.
$m_{t+1}(H)$	: $t+1$ anında H şemasına ait birey sayısı.
$m_t(H)$	: t anında H şemasına ait birey sayısı.
$f_t(H)$	: t anında H şemasına ait bireylerin ortalama uygunluk değeri.
$\bar{f}_t(H)$	: t anında populasyonun ortalama uygunluk değeri.
$P_{yasama}(H)$	: H şemasının genetik operatörler sonucu yaşamını sürdürmesi olasılığı.
$d(x,y)$	: x ve y bireyleri arasındaki uzaklık.
P_c	: Şemanın çaprazlama sonrası yaşamını sürdürme olasılığı.
P_m	: Şemanın mutasyon sonrası yaşamını sürdürme olasılığı.
C	: Alfabenin eleman sayısı.
R	: Çaprazlama olayı.
μ	: Bir genin mutasyona uğrama olasılığı.
P_{eq}	: Populasyon homojenliği.
$E_y[B_k, \mu]$	: Mutasyon sonucunda şemaya ait beklenen birey sayısı.

KISALTMALAR

GA	: Genetik Algoritma
SRS	: Söзде Rassal Sayı
OGA	: Ortogonal Genetik Algoritma



ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

ÇAPRAZLAMA VE MUTASYONUN ORTOGONAL VE SÖZDE RASSAL BAŞLANGIÇ POPULASYONLARI ÜZERİNDEKİ ETKİLERİ

Pınar SANAÇ

Fırat Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Bilgisayar Mühendisliği Anabilim Dalı

2005, Sayfa:64

Bu tezde, çaprazlama ve mutasyon operatörlerinin sözde-rassal ve ortogonal populasyonlar üzerindeki etkileri araştırılmıştır. Bu populasyonların ne tür şemalar oluşturduğu ve oluşturulan şemalar iyi ise, bunların çaprazlama ve mutasyon sonrasında korunup korunmadığı incelenmiştir. Ayrıca bu şemalar rassal populasyon şemaları ile karşılaştırılmıştır.

Bu çalışmada reel şemalar için uygun olan, reel-kod şema teoreminden yararlanılmıştır. Ayrıca, tek noktalı, n-noktalı ve düzenli çaprazlamanın populasyonlara olan etkileri araştırılmıştır. Daha sonra mutasyonun aynı populasyonlar üzerindeki etkileri incelenmiştir.

Yapılan incelemelerde en iyi şema yapısını oluşturan populasyon türünün ortogonal populasyon olduğu, daha sonra sözde-rassal populasyonlardan Halton populasyonun geldiği ve ardından da Hammersley populasyonun geldiği gözlemlenmiştir. Rassal populasyon ise en düzensiz ve en kötü şema yapılarını oluşturmuştur. Şema yapısını en fazla mutasyonun bozduğu gözlemlenmiştir. Mutasyon oranının arttırılması, iyi oluşturulan şema yapılarına bozucu etkiler göstermiştir. Çaprazlamanın ise şemanın tanımlama uzunluğuna ve çaprazlama noktasına göre bozucu etkisinin olduğu gözlemlenmiştir.

Anahtar Kelimeler: Sözde-rassal Populasyonlar, Ortogonal Populasyonlar, Reel-kod Şema Teoremi.

ABSTRACT

MS Thesis

THE EFFECTS OF THE CROSSOVER AND MUTATION ON THE ORTHOGONAL AND THE QUASI-RANDOM INITIAL POPULATIONS

Pınar SANAÇ

Fırat University

Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Computer Engineering

2005, Page: 64

In this thesis, the effects of the crossover and mutation on the quasi-random and the orthogonal populations have been investigated. It was investigated that these populations generate which types of schemata and the probabilities of survival of schemata after the crossover and the mutation were observed. It has been researched the schemata are survive after crossover or mutation. Moreover, these schemata have been compared with schemata of random populations.

The real-coded schema theorem was used for this analysis, while this investigation had been done. The effects of the one-point, n-point and the uniform crossover on the populations have been investigated. Afterthat, the effects mutation on these populations have been researched.

It was observed that the orthogonal populations have the best schemata. The Halton and Hammersley populations have the better schemata than the schemata of the random populations. The random populations have the worst and unsystematic schemata. Mutation has more disruptive effects on the schemata. If the mutation rates are increased, the good building blocks are disrupted. The crossover has disruptive effects depending on the defining length and order of cut-point.

Keywords: Quasi-random Populations, Orthogonal Populations, Real-coded Schema Theorem.

1. GİRİŞ

Genetik Algoritma (GA), Darwin'in evrim teorisinden esinlenerek oluşturulmuş bir optimizasyon ve arama yöntemidir [1]. Bu algoritma, biyolojik sistemin çevresine adaptasyonda kullandığı metodun örneklendirilmesidir. Bilgisayarda, bu tür çok parametrelili optimum bulma problemlerine ve makine öğrenme problemlerine çözüm modeli olarak kullanılabilir. Doğal adaptasyondan esinlenen GA'nın basit olarak iskeleti;

- Bireyin bulunduğu ortamda hayatta kalmak için kendi kendini değiştirerek ortama uygun hale gelmesi,
- Bu adaptasyon boyunca yeni üretilen nesillere bu özellikler ile birlikte mümkün olabilecek daha çok değişim aktararak, bireylerin daha çok uyumlu hale getirilmesi olarak özetlenebilir.

GA'nın keskin bir tanımı yoktur, basitçe şöyle tanımlanabilir: Kromozomlardan oluşan bir popülasyon, uygunluğa göre seçim, yeni evlatlar üretmek için çaprazlama ve yeni evlat oluşturmak için rassal mutasyon [2].

Algoritma, ilk olarak başlangıç popülasyonu denen bir çözüm kümesi ile başlatılır. Bir popülasyondaki bireyler bir öncekinden daha iyi olacağı beklenen yeni bir popülasyon oluşturmak için kullanılır. Yeni popülasyon oluşturulması için bireyler uygunluk değerlerine göre seçilir. Çünkü uygunluğu iyi olan bireylerin daha iyi sonuçlar üretmesi beklenir. Bu, istenen çözüm sağlanıncaya kadar devam ettirilir.

GA doğada geçerli olan en iyinin yaşaması kuralına dayanarak sürekli iyileşen çözümler üretmeyi hedefler. Bunun için "iyi"nin ne olduğunu belirleyen bir uygunluk fonksiyonu ve yeni çözümler üretmek için "yeniden kopyalama", "değiştirme" gibi operatörleri kullanır. GA'nın diğer önemli bir özelliği de bir grup çözümle uğraşmasıdır. Bu sayede çok sayıda çözümün içinden iyileri seçilip, kötülerini elenebilir. Seçme özelliği, GA'ları diğerlerinden ayıran en önemli özelliklerden birisidir. Çözümün uygunluğu onun seçilme olasılığını artırır, fakat bunu garanti etmez. Seçim de başlangıç popülasyonunun oluşturulması gibi rassaldır. Ancak bu rasgele seçimde seçilme olasılıklarını, çözümlerin uygunluğu belirler. Buna göre GA, Algoritma 1.1' de en temel adımlarıyla gösterilmiştir.

Algoritma 1.1 (Genetik Algoritma)

1. Başlangıç popülasyonunu oluştur
2. Kromozomların uygunluk değerlerini hesapla
3. Çaprazlama uygula
4. Mutasyon uygula
5. Oluşturulan bireylerin uygunluklarını hesapla

6. Yeni popülasyonu eski ve yeni bireyler arasından seç
7. Hata kabul edilebilir ise algoritmayı durdur
8. Değilse 3. adıma geri dön

Kodlama, bireyleri ifade etme şeklidir. GA' da kodlama yöntemleri oldukça önemlidir ve problemin türüne bağlı olarak seçilmelidir. En sık kullanılan kodlama türü ikili (binary) kodlamadır. Ancak her problemde ikili kodlama kullanmak mümkün olmamaktadır. Bu nedenle çeşitli kodlama yöntemleri geliştirilmiştir, reel kodlama çok sık kullanılan bir kodlama türüdür.

GA gerçekten çözülmesi zor olan mühendislik problemlerinde oldukça iyi sonuçlar verir fakat 2 büyük problemi vardır. Bunlardan birincisi yerel çözümlerde takılıp kalma ve ikincisi de çözüme erken yakınsama yada çözümden iraksama problemleridir. GA' nın bu iki problemden kurtulması için temel algoritma yapısı bozulmadan çeşitli yöntemler geliştirilmiş, algoritmaya bazı eklemeler yapılmıştır [3,4]. Başlangıç popülasyonları farklı metotlar kullanılarak oluşturulmuş, yeni çaprazlama, seçim ve mutasyon metotları geliştirilmiş, uygunluk fonksiyonları üzerinde çalışmalar yapılmıştır. Hatta daha iyi sonuçlar elde etmek için GA' nın bileşenlerinin analizi yapılmıştır. Başlangıç popülasyonundaki optimum eleman sayısının, kromozom uzunluğunun, çaprazlama ve mutasyon oranlarının algoritmayı nasıl etkilediği araştırılmıştır.

Yapılan çalışmalardan bir tanesi de yeni başlangıç popülasyonları oluşturma yöntemleri kullanmaktır [5,6,7]. Klasik bir GA' da başlangıç değerleri rassal olarak oluşturulur. Bu rassal değerler elde edilirken rassal sayı üreteçlerinden faydalanılır [5]. Ayrıca çoğu programlama dilinin kendi rassal sayı üretme fonksiyonları vardır. Rassal sayılardan oluşturulan başlangıç çözümlerinin aynı bölgede toplanma olasılığı yüksektir, bu nedenle de çözümleri çözüm aralığına düzgün bir şekilde dağıtmak hedeflenmiş ve özel başlangıç popülasyonları geliştirilmiştir [6-8]. Sözde-rassal popülasyonlar bunlardan bir tanesidir ve sözde-rassal dizilerden faydalanılarak elde edilirler. Birçok sözde-rassal dizi oluşturma yöntemi vardır [6,9-12]. Bu tezde, sözde-rassal popülasyonlar Halton ve Hammersley yöntemleri kullanılarak elde edilmiştir [6,9,12]. Bu iki yöntemin en iyi bilinen özellikleri; her çeşit problem boyutu için uygun olmalarıdır, yani hem düşük mertebeli hem de yüksek mertebeli problemler için iyi dağılımlar gerçekleştirirler. Bir başka başlangıç popülasyonu oluşturma yöntemi de ortogonal dizilerden yararlanmaktır. Literatürde birçok ortogonal dizi vardır [7,13,14]. Bu çalışmada bunlardan sadece bir tanesi kullanılmıştır [7]. Başlangıç popülasyonunda, ortogonal dağılım kullanılarak popülasyonun çözüm aralığına düzgün olarak yayılması hedeflenir.

Çaprazlama ve mutasyon operatörlerinin bu başlangıç popülasyonlarını nasıl etkileyeceği de, yeni oluşacak popülasyonlar ve elde edilecek çözümler açısından oldukça önem taşımaktadır. Bu nedenle, kromozomların temel yapılarını oluşturan “şema”lar incelenmiştir.

Literatürde ikili kodlama kullanılarak oluşturulan rassal populasyonlar için çaprazlama ve mutasyonun etkileri klasik şema teoremi kullanılarak elde edilmiştir [15,16]. Ancak, reel kodlama söz konusuysen, klasik şema teoremi yetersiz kalmaktadır. Çünkü klasik şema teoremi sonlu alfabeler için uygundur. Bundan dolayı bu çalışmada; reel şemalar için uygun olan “reel-kod şema teoremi” kullanılmıştır [17]. Reel-kod şema teoreminde sonsuz olan değer aralığı, sonlu alt aralıklara bölünmüş ve bu aralıkta kalan değerler aynı gen değeri olarak kabul edilmiştir. Buna bağlı olarak; rassal, sözde-rassal ve ortogonal populasyonların reel şemalarının, çaprazlama ve mutasyondan nasıl etkilendiklerini araştırmak amaçlanmıştır. Eğer iyi olan şema yapıları bozulmaz ve bununla birlikte çeşitlilik de korunursa, GA’ nın yerel çözümlere takılmaktan kurtulması ve zaman bakımından da oldukça iyi sonuçlar vermesi beklenmektedir.

GA’ da mühendislik ve bilimsel problemlerde çok sık olarak bir çözme veya çözüm arama tekniği olarak kullanılacağından, bu yöntemin performansının iyi olması bulunacak sonucun da iyi olmasını sağlayacaktır. Genelde GA’ lar bir sisteme uygulandıklarında, sistemin kendi içerisinde hatası varsa, GA da hata içerirse toplam hata kabul edilemeyecek kadar büyük olabilecektir. Bundan dolayı GA’ nın mümkün olduğunca az hata içermesi gerekmektedir. Bu çalışmanın amacı GA’ nın başlangıç populasyonları yönünde, bu özelliği sağladığı durumu veya durumları ortaya çıkarmaktır.

Tezin 2. bölümünde; sözde-rassal ve ortogonal başlangıç populasyonları oluşturma yöntemleri anlatılmıştır. Sözde-rassal başlangıç populasyonlarından, yüksek boyutlu problemlerde iyi sonuç verdiği bilinen Halton ve Hammersley populasyonlar anlatılmaktadır. Ortogonal populasyon için ise bir tane özel ortogonal diziden faydalanılmış ve bu ortogonal dizinin dağılımı göz önüne alınmıştır.

3. bölümde; reel-kod şema teoremi anlatılmıştır. Klasik şema teoremine alternatif olarak geliştirilmiş reel-kod şema teoremine, klasik şema teoremi için kullanılan analizler adapte edilmiş ve bunun sonucunda reel şemaların çaprazlama ve mutasyondan etkilenme olasılıkları hesaplanmıştır. Tek noktalı, n-noktalı ve düzenli çaprazlama için reel şemanın yaşama olasılıkları hesaplanmıştır. Ayrıca klasik mutasyon için de, mutasyon oranları dikkate alınarak şema analizi yapılmıştır.

4. bölümde; Delphi programlama dilinde geliştirilmiş olan bir GA programından faydalanılarak populasyonlar üzerine tek noktalı, n-noktalı ve düzenli çaprazlama sırasıyla uygulanmış ve bunun sonucunda populasyonlara ait şemaların çaprazlamadan nasıl etkilendikleri gözlemlenmiş ve grafiklerle ifade edilmiştir.

5. bölümde de aynı Delphi programında, mutasyon uygulanarak şemaların durumları incelenmiş ve grafiklerle gösterilmiştir. Farklı mertebeden şemalara farklı mutasyon oranları uygulanmış ve sonuçlar değerlendirilmiştir.

6. bölümde ise; 4. ve 5. bölümlerde elde edilen sonuçlar değerlendirilmiştir. Her populasyon türü için sonuçlar karşılaştırılmıştır. Populasyonların ve genetik operatörlerin GA için beklenen iyileştirmeleri gerçekleştirip gerçekleştiremediği değerlendirilmiştir.



2. BAŞLANGIÇ POPULASYONLARI OLUŞTURMA YÖNTEMLERİ

Başlangıç populasyonları genetik algoritmanın önemli parametrelerinden bir tanesidir. Başlangıç populasyonundaki her bir birey çözüm için yola çıkılacak olan başlangıç noktalarını belirler. Bu noktalardan yola çıkılarak GA nesiller boyunca ilerler ve çözüme ulaşmaya çalışır.

GA' da, bu ilk çözümlerden daha iyi bireylere ulaşmak için çaprazlama, mutasyon ve seçim operatörleri kullanılır. Eğer bireyler birbirlerine çok benzer olurlarsa, bu durumda en fazla oranla uygulanan çaprazlama operatörü yeterince farklı bireyler oluşturamayacaktır. Bu durumda çaprazlama sonucunda oluşan bireyler yine ata bireylerin toplandığı noktalara yakın noktalarda olacaktır. Mutasyon operatörü ise, varolmayan bilgiyi bireye kattığı için ve bireyin yapısını değiştirdiği için çözüm noktasında bazı sıçramalar gerçekleştirebilir. Ama mutasyon yüksek oranlarda uygulanırsa, varolan genetik bilgi kaybedilebilir, yani global çözümden uzaklaşılabilir.

GA' da başlangıç populasyonları genellikle rassal olarak oluşturulur. Fakat bu rassallıktan dolayı bireylerin çoğu birbirine yakın yerlerde toplanabilirler ve bu toplandıkları nokta global çözümden çok uzakta olabilir. Bu durumda bu global çözüme ulaşmak ya mümkün olmayacak yada çok fazla zaman gerektirecektir. Bunun sonucunda da algoritma lokal çözümlerde takılıp kalabilir veya çözüme erken yakınsayabilir. Bu durumda temel amaç başlangıçtaki bireyleri arama uzayına mümkün olduğunca düzenli dağıtmak olacaktır. Çünkü bu sayede genetik operatörler uygulandığında oldukça farklı ve daha iyi bilgiye sahip bireyler oluşması beklenir. Bu nedenle başlangıç populasyonlarının çözüm uzayındaki dağılımı GA' nın sonucunu etkilemektedir denilebilir. Bu noktada başlangıç populasyonlarının GA için önemi bilindiğinden dolayı populasyonları daha iyi bir şekilde oluşturmak amacıyla çeşitli yöntemler geliştirilmekte ve başlangıç populasyonları bazı kurallara dayalı olarak oluşturulmaktadır [6-13].

Poplasyonların farklı yöntemler kullanılarak oluşturulmasının amacı, populasyonu çözüm uzayına mümkün olduğunca düzenli bir şekilde dağıtmak ve bu sayede GA' nın iki probleminden kurtulmaya çalışmaktır. Rassal değerlerle başlandığında bireyler birbirine çok yakın noktalara dağılmış olabilirler. Bu toplandıkları nokta arama uzayında global çözümden çok uzakta olabilir ve çok kısa bir zamanda lokal çözümü yakalayabilir ve bunu çözüm olarak kabul edebilir.

Başlangıç populasyonlarını belirli kurallara göre oluşturmak GA için bir iyileştirme ve geliştirme metodudur. Literatürde çok çeşitli başlangıç populasyonu oluşturma yöntemleri vardır [6-13]. Rassal sayı üreticileri kullanmak, düzenli populasyon yöntemi kullanmak, sözde rassal dizilerden faydalanmak, ortogonal dizileri kullanmak, yapay sinir ağlarını kullanarak

oluşturmak, bulanık mantık kullanmak, yapay bağıklık yöntemlerini kullanmak bunlardan bazılarıdır. Bu yöntemler kullanılacak kodlama türüne göre de değişirler.

Bu tezde reel kodlama kullanılacağından reel kodlama için uygun olan ortogonal başlangıç popülasyonları ve sözde rassal başlangıç popülasyonları kullanılmıştır.

2.1. Sözde Rassal Popülasyonlar

Sözde rassal popülasyonlar, sözde rassal dizilerden faydalanılarak oluşturulurlar. Çok boyutlu integrasyon, simülasyon ve optimizasyonda sözde-rassal üreteçleri gittikçe önemli bir rol oynamaya başlamıştır [6]. Çok boyutlu küp ünitelerinde yüksek düzenlilikle noktaları dağıtan dizileri kullanır. Bu sayede sözde rassal popülasyonlar, daha iyi bir yakınsaklık performansı ve daha güvenilir çözümler sunarlar.

Sözde rassal dizileri oluşturma yönteminin birçok türü vardır [6,9-12]. Bunlar genellikle sözde rassal diziye geliştiren kişilerin ismiyle anılırlar. En çok kullanılan yöntemler;

- Halton
- Hammersley
- Sobol
- Niederreiter
- Faure

şeklindedir. Sözde rassal popülasyondan iyi sonuçlar almak problemin boyutuna da bağlıdır. Bütün bu yöntemler her türlü boyutta iyi performans gösteremez. Sobol ve Niederreiter yüksek boyutlu ($D > 100$) problemlerde iyi sonuç verirken, bu tür yüksek boyutlu problemlerde Faure' yi kullanmak iyi sonuçlar vermez. Faure' nin performansının yüksek olması için düşük boyutlu problemlerde kullanılması gereklidir ($D < 5$). Halton ve Hammersley ise birçok boyutta iyi sonuçlar verir [6,9-12]. Bu çalışmada, Halton ve Hammersley sözde rassal dizilerden faydalanılarak başlangıç popülasyonu oluşturulacaktır.

Bu bölümde, sözde rassal sayıların (SRS) nasıl oluşturulduğu anlatılacaktır [6]. Halton ve Hammersley dizilerinin başlangıçta oluşturulma aşamaları aynıdır. SRS' lerin yapısı şu şekilde tanımlanabilir : Bir n doğal sayısı p tabanında denklem (2.1)' deki gibi ifade edilebilir;

$$n = a_0 + a_1 * p + a_2 * p^2 + \dots + a_m * p^m \quad (2.1)$$

Burada a_i değerleri katsayılarıdır ($0 \leq a_i \leq p$) ve m basamak sayısıdır. Bir SRS' nin $\phi_p(n)$ değerini hesaplamak için ise denklem (2.2) kullanılır.

$$\phi_p(n) = a_0 * p^{-1} + a_1 * p^{-2} + \dots + a_m * p^{-m-1} \quad (2.2)$$

Yani sözde rassal sayıyı elde etmek için sayı asal tabanda yazılır ve onun $\phi_p(n)$ değeri bulunur. Örneğin ikilik tabanda $\phi_p(n)$ değerleri tablo 2.1’ de gösterilmiştir.

Tablo 2.1. Onluk ve ikilik tabanda $\phi_p(n)$ değerleri

Onluk	İkilik	İkilik	Onluk
$n = 1$	$= 1$	$\phi_2(n) = 0.1$	$= 0.5$
2	10	0.01	0.25
3	11	0.11	0.75
4	100	0.001	0.125
5	101	0.101	0.625
6	110	0.011	0.375
7	111	0.111	0.875
8	1000	0.0001	0.0625
...	...	...	...

Diziler oluşturulurken asal tabanlar seçilmelidir. Genellikle ilk $n-1$ tane asal sayı taban olarak seçilir. Asal olarak seçilmesinin amacı sayıların birbirinin katı olmasını engellemektir. Eğer asal tabanda yazılmazsa, oluşturulan sayılar birbirlerinin katı şeklinde ilerleyeceklerdir. Bu da çözüm bölgesinde tekrarlı veya yakın bölgelere dağılmış çözümleri doğurur.

Halton ve Hammersley Sözde rassal sayılar sadece dizinin elde edilmesi sırasında birbirlerinden farklı olarak oluşturulurlar.

Halton sözde rassal sayılar i . diziyi denklem (2.3)’ deki gibi oluşturur;

$$x_i = (\phi_{p_1}(i), \phi_{p_2}(i), \dots, \phi_{p_n}(i)) \quad i = 1, 2, \dots, N \quad (2.3)$$

Yani Halton dizi için sayının n tane asal tabanda yazılması gereklidir.

Hammersley sözde rassal sayılar ise i . diziyi oluşturması için sayının $n-1$ tane asal tabanda yazılması yeterlidir (2.4).

$$x_i = \left(\frac{i}{N}, \phi_{p_1}(i), \phi_{p_2}(i), \dots, \phi_{p_{n-1}}(i)\right) \quad i = 1, 2, \dots, N \quad (2.4)$$

Buna göre örneğin 5 boyutlu 5 tane ($n=5, N=5$) dizi sözde rassal sayılar kullanılarak elde edilebilir. Tablo 2.2’ de $\phi_p(n)$ değerleri verilmiştir.

Tablo 2.2. 5 elemanlı dizi için $\phi_p(n)$ değerleri

	p=2	=3	=5	=7	=11
n=1	0.5	0.333	0.2	0.142	0.09
=2	0.25	0.666	0.4	0.285	0.181
=3	0.75	0.111	0.6	0.428	0.272
=4	0.125	0.444	0.8	0.571	0.363
=5	0.625	0.555	0.04	0.714	0.454

Halton dizileri kullanılırsa;

$$\begin{aligned}x_1 &= (0.5, 0.333, 0.2, 0.142, 0.09) \\x_2 &= (0.25, 0.666, 0.4, 0.285, 0.181) \\x_3 &= (0.75, 0.111, 0.6, 0.428, 0.272) \\x_4 &= (0.125, 0.444, 0.8, 0.571, 0.363) \\x_5 &= (0.625, 0.555, 0.04, 0.714, 0.454)\end{aligned}$$

Hammersley dizileri kullanılırsa;

$$\begin{aligned}x_1 &= (0.2, 0.5, 0.333, 0.2, 0.142) \\x_2 &= (0.4, 0.25, 0.666, 0.4, 0.285) \\x_3 &= (0.6, 0.75, 0.111, 0.6, 0.428) \\x_4 &= (0.8, 0.125, 0.444, 0.8, 0.571) \\x_5 &= (1, 0.625, 0.555, 0.04, 0.714)\end{aligned}$$

şeklinde olacaktır.

Görüldüğü gibi Halton ve Hammersley dizileri arasındaki fark sadece dizinin ilk ve son elemanlarındadır. Halton dizisi doğrudan asal tabanda yazılı olan sayıları kullanırken, Hammersley dizisi ise, dizinin ilk elemanı olarak o anki yazacağı dizi elemanını bütün oluşturulacak dizi sayısına bölerek elde ettiği sonuçla oluşturur.

Elde edilen dizilerin her biri bir kromozom olarak ele alındığında, bu diziler başlangıç popülasyonunu oluşturur. Literatürde bu diziler kullanıldığında popülasyonun çözüm aralığına düzgün olarak dağıtıldığı gösterilmiştir [6,9,12,18].

2.2. Ortogonal Populasyonlar

1999 yılında Zhang ve Leung, 0-1 sayı programlama problemi için çaprazlama operatörünü geliştirmek amacıyla “ortogonal tasarım” şeklinde isimlendirilen bir deneysel tasarım metodunu geliştirdiler ve buna “ortogonal genetik algoritma” adını verdiler (OGA) [13]. Üzerinde çalışılan problemlerde OGA’ nın geleneksel GA’ ya göre önemli derecede daha iyi bir performans sağladığı ispatlanmıştır. Buna göre OGA’ da başlangıç populasyonlarını oluşturmak için ortogonal dizilerden faydalanılarak bir yöntem geliştirilmiştir [7]. Aynı şekilde algoritmanın çaprazlama ve seçim operatörleri de yine ortogonal diziler kullanılarak geliştirilmiştir. Bu tez çalışmasında sadece başlangıç populasyonlarını oluşturmak için OGA kullanılmıştır, çaprazlama ve seçim operatörlerinde varsayılan yöntemler kullanılmıştır.

Ortogonal başlangıç populasyonlarını oluşturma yöntemleri için önce bir optimizasyon probleminin önemli kriterleri anlaşılmalıdır. Bunun için [7]’ deki çalışmadan faydalanılarak, Bölüm 2.2.1’ de problem tanımlanmış, 2.2.2’ de deneysel tasarım metotları anlatılmış ve 2.2.3’ de ortogonal dizinin yapısı anlatılmıştır.

2.2.1. Problem Tanımlama

Global optimizasyon problemi aşağıdaki gibi tanımlanabilir [7]:

Bir $f(x)$ fonksiyonu minimum yapılmak istenirse, $[l,u]$ aralığındaki x bileşenleri R^n de tanımlı değişken vektörler olmak üzere;

$$x = (x_1, x_2, \dots, x_N)$$

dir. Burada $f(x)$, amaç fonksiyonudur ve

$$l = (l_1, l_2, \dots, l_N) \text{ ve } u = (u_1, u_2, \dots, u_N)$$

çözüm aralığında tanımlıdır. Yani her çözüm aralığı alt çözüm aralıklarının bileşimi olarak alınabilir. O zaman bir problem optimize edilirken onun tanımlı olduğu aralık alt çözüm aralıklarına bölünebilir.

2.2.2. Deneysel Tasarım Metotları

Bir deney yapıldığında bu deneyin sonucunu etkileyecek faktör veya faktörler gözlemlenmeli ve bu faktörlerin sonucu ne şekilde etkilediği araştırılmalıdır.

Burada bazı tanımlamalar örnek verilerek yapılmıştır. Örneğin sebze üretilirken beklenen kazanç;

- sıcaklık
- gübre miktarı

- topraktaki pH değeri

gibi üç özelliğe bağlıdır. Bu özellikler Tablo 2.3’ de gösterilmiştir ve bunlar deneyin, “faktör” leri olarak isimlendirilir. Her faktör tabloda da gösterilen üç farklı değer alabilir. Buna her faktörün “düzey” i denir. Maksimum kazanç elde etmek için en iyi düzeyi bulmak amacıyla her kombinasyon için bir deney yapılır ve bunlardan en iyi olanı seçilir. Bu örnekte $3 \times 3 \times 3 = 27$ tane kombinasyon vardır ve bu nedenle 27 tane deney olacaktır. Genelde N faktör varsa ve her faktörde Q düzey varsa, Q^N tane kombinasyon olacaktır. N ve Q çok büyükse, tüm Q^N deneyi yapmak mümkün olmayacaktır. Bu nedenle genellikle küçük örnekler seçilmesi tercih edilir.

Tablo 2.3. Ortogonal diziye dayalı dokuz kombinasyonlu 3 faktörlü örnek.

Kombinasyon	Faktör		
	Sıcaklık(°C)	gübre miktarı(g/m ²)	pH değeri
1.	20	100	6
2.	20	150	7
3.	20	200	8
4.	25	100	7
5.	25	150	8
6.	25	200	6
7.	30	100	8
8.	30	150	6
9.	30	200	7

Ortogonal tasarım bunlardan yararlanılarak oluşturulmuştur. Burada farklı N ve Q lar için “ortogonal diziler” önerilmiştir. Bir ortogonal dizi $L_M(Q^N)$ şeklinde gösterilirse, burada M; kombinasyon düzeylerinin sayısıdır. Ortogonal dizi M tane sıraya sahiptir ve her sırada düzeylerin kombinasyonları mevcuttur. $L_M(Q^N) = [a_{i,j}]_{M \times N}$, bu $a_{i,j}$ düzeyine sahip olan i. kombinasyondaki j. faktördür ve $a_{i,j} \in \{1,2,...,Q\}$. İki tane ortogonal dizi örneği verilecek olursa;

$$L_4(2^3) = \begin{bmatrix} 111 \\ 122 \\ 212 \\ 221 \end{bmatrix} \quad L_9(3^4) = \begin{bmatrix} 1111 \\ 1222 \\ 1333 \\ 2123 \\ 2231 \\ 2312 \\ 3132 \\ 3213 \\ 3321 \end{bmatrix}$$

$L_4(2^3)$ ' de 3 faktör ve her faktörde iki düzey vardır. Düzeylerin dört kombinasyonu vardır. Birinci kombinasyonda üç faktör 1 1 1 düzeyleri mevcuttur, ikinci kombinasyonda sırasıyla 1 1 2 faktörleri vardır.. vs. $L_9(3^4)$ de ise dört faktör vardır, her faktör üç düzeye sahiptir ve düzeylerin dokuz kombinasyonu mevcuttur.

Genellikle ortogonal dizi $L_M(Q^N)$ şu özelliklere sahiptir.

- 1- Herhangi bir sütundaki faktör için her düzey M/Q zamanda ortaya çıkar.
- 2- Herhangi iki sütundaki faktörler için iki düzeyin kombinasyonu M/Q^2 zamanda ortaya çıkar.
- 3- Herhangi iki sütundaki iki faktör için, M tane kombinasyon şu düzeyleri içerir:
(1,1), (1,2), ..., (1,Q), (2,1), (2,2), ..., (2,Q), (Q,1), (Q,2), ..., (Q,Q)
- 4- Eğer herhangi iki sütun yer değişirse, sonuçta oluşan dizi halen bir ortogonal dizidir.
- 5- Eğer bazı sütunlar ortogonal diziden çıkarılırsa, sonuçta oluşan dizi düşük sayıda faktör içeren bir ortogonal dizidir.

Sonuç olarak ortogonal diziyle seçilen kombinasyonlar, mümkün kombinasyonlar uzayına düzgün olarak dağıtılır.

2.2.3. Ortogonal Dizinin Yapısı

Matematikte birçok ortogonal dizi oluşturma yöntemi vardır. Fakat ortogonal dizilerin tamamını anlatmak ve kullanmak mümkün değildir. Farklı optimizasyon problemleri için farklı ortogonal diziler kullanılabilir. Burada, sadece ortogonal dizinin belirli bir sınıfı olan $L_M(Q^N)$ dizi türü anlatılacaktır. Burada, $M = Q^j$, j; pozitif tamsayı ve Q tek sayıdır.

$$N = \frac{Q^j - 1}{Q - 1}$$

şeklindedir.

Ortogonal diziyi oluşturmak için basit bir algoritma verilecektir. $[a_{i,j}]_{M \times N}$ ortogonal dizisinin j . sütunu a_j ile gösterilebilir. a_j sütunları,
 $j = 1, 2, (Q^2 - 1) / (Q - 1) + 1, (Q^3 - 1) / (Q - 1) + 1, \dots, (Q^{J-1} - 1) / (Q - 1) + 1$
 için “esas sütunlar ” olarak isimlendirilirler. Diğerleri de “esas olmayan sütunlar” olarak isimlendirilirler.

Algoritma 2.2.1 (ortogonal dizinin oluşturulması) [7]:

1. Adım : Esas sütunları aşağıdaki gibi oluştur:

1. $k \leftarrow 1, 2, \dots, J$

$$a. \quad j = \frac{Q^{k-1} - 1}{Q - 1} + 1;$$

b. for $i \leftarrow 1, 2, \dots, Q^j$

$$i. \quad a_{i,j} = \left[\frac{i-1}{Q^{j-k}} \right] \bmod Q;$$

2. Adım : Esas olmayan sütunları oluştur:

2. $k \leftarrow 2, 3, \dots, J$

$$a. \quad j = \frac{Q^{k-1} - 1}{Q - 1} + 1;$$

b. $s \leftarrow 1, 2, \dots, j-1$

i. $t \leftarrow 1, 2, \dots, Q-1$

$$1. \quad a_{j+(s-1)(Q-1)+t} = (a_s \times t + a_j) \bmod Q;$$

3. Adım: tüm $1 \leq i \leq N$ ve $1 \leq j \leq N$ için $a_{i,j}$ ’ yi bir arttır.

2.2.4. Ortogonal Başlangıç Populasyonunun Oluşturulması

Küçük sayı kombinasyonlarıyla oluşturulan ortogonal dizilerin, tüm mümkün kombinasyonları çözüm uzayına düzgün bir şekilde dağıttığı gözlemlenmiştir. Bu nedenle ortogonal tasarım, iyi bir başlangıç populasyonu oluşturma metodu olmuştur [7,13].

Eğer x_i , i . faktör olarak tanımlanırsa her kromozom N faktöre sahip olacaktır. Bu faktörler sürekli, oysa ortogonal tasarım sadece ayrık faktörlere uygulanabilir. Bu problemi gidermek için nicelendirme işlemi yapılır. Q_1 ’ deki x_i ’ nin $[l_i, u_i]$ aralığı, $\alpha_{i,1}, \alpha_{i,2}, \dots, \alpha_{i,Q}$ düzeyde nicelendirilir. Burada Q_1 tasarım parametresi tek sayıdır ve

$$\alpha_{i,j} = \begin{cases} l_i & j = 1 \\ l_i + (j-1)((u_i - l_i)/(Q-1)) & 2 \leq j \leq Q_i - 1 \\ u_i & j = Q_i \end{cases}$$

olur. Niceleme işleminden sonra, ortogonal dizi oluşturulur. $L_M(Q^N) = [a_{ij}]$ oluşturulduktan sonra M kombinasyonları, aşağıdaki M kromozomlarını oluşturmak için kullanılır.

$$\begin{aligned} &(\alpha_{1,a[1,1]}, \alpha_{2,a[1,2]}, \alpha_{3,a[1,3]}, \dots, \alpha_{N,a[1,N]}) \\ &(\alpha_{1,a[2,1]}, \alpha_{2,a[2,2]}, \alpha_{3,a[2,3]}, \dots, \alpha_{N,a[2,N]}) \\ &\dots \\ &(\alpha_{1,a[M,1]}, \alpha_{2,a[M,2]}, \alpha_{3,a[M,3]}, \dots, \alpha_{N,a[M,N]}) \end{aligned}$$

Bu M tane potansiyel kromozomdan G tane seçilir, burada G populasyon boyutudur.

Çözüm uzayı çok geniş olduğunda, potansiyel kromozomların daha geniş bir kapsamda dağıtılması arzu edilir. Fakat ortogonal tasarımda boyut keyfi olarak arttırılamaz. Bu durumun üstesinden gelmek için çözüm uzayı, S tane alt uzaya bölünür. S. boyut

$$U_s - L_s = \max\{u_i - l_i\}$$

olarak seçilirse $[l, u]$ aralığı; $[l(1), u(1)], [l(2), u(2)], \dots, [l(S), u(S)]$ tane alt uzaya bölünebilir. Burada, $i = 1, 2, \dots, S$ olmak üzere;

$$\begin{aligned} l(i) &= l + (i-1)(u_s - l_s) / s \\ u(i) &= u - (S-i)(u_s - l_s) / s \end{aligned}$$

olarak hesaplanır. Bütün bunlar göz önüne alınarak başlangıç populasyonunu oluşturmak için gerekli olan işlemler toplamı Algoritma 2.2.2' de verilmiştir. Ortogonal diziden indis olarak faydalanılmıştır, yani dizinin elemanları populasyonu oluşturmaz, kullanılacak olan sayıların yerlerini belirler.

Algoritma 2.2.2 (başlangıç populasyonu oluşturma) [7]:

1. Adım : Çözüm uzayını uygun alt uzaylara böl.
2. Adım : Her alt uzayı nicele.
3. Adım : Başlangıç populasyonunu oluşturmak için $M \times S$ tane kromozom seç.

Algoritmanın ilk adımında, bölüm 2.2.4’ de anlatıldığı şekliyle, çözüm aralığı alt aralıklara bölünür. Bunun sebebi ortogonal dizinin sınırlı olan boyutunu, istenen boyuta ulaştırmaktır (bölüm 2.2.4). İkinci adımda, dizinin ayrık faktörlerden kurtulup sürekli faktörler için de uygulanabilmesi amacıyla niceleme işlemi yapılır. Üçüncü adımda ise nicelenen çözümlerden istenilen sayıda kromozom seçilir.



3. ŞEMA TEOREMİ

3.1. Şema Analizi

Şemalar, uzayda birçok noktayı temsil eden dizgelerdir. Çok sık olarak yapı taşları (building blocks) olarak da adlandırılırlar, ancak tamamen aynı değildirler [19]. GA' da bir kromozom en az bir şemaya aittir. Holland' ın şema teoreminde bir kromozom uzayının altkümelerini temsil eden kalıplara şema denmiştir [16]. Bir şema serbest genlerden ve sabit alellerden oluşur. Alfabeledeki değerler ve bunlara ek olarak * işareti şemada gösterilen ifadelerdir. Burada * ifadesi serbest genleri ifade eder, * geninin değeri ne olursa olsun şema bozulmaz. İkili kodlama için bir şema $\{0,1,*\}$ değerlerinden oluşur. Örneğin bir H şeması; $H = (1^{**}01)$ ise, 10001, 10101, 11001, 11101 bireyleri bu H şemasına aittir.

Bir şemadaki sabit alellere “tanımlayıcı genler” denir. Şemada tanımlayıcı genlerin sayısı o şemanın mertebesini gösterir. Şemanın mertebesi şema isminde alt indis olarak gösterilir. Tanımlama uzunluğu, şemada birbirlerine en uzak noktada bulunan tanımlayıcı genler arasındaki gen sayısıdır. Örneğin; $H_3 = (11^{**}0)$ şeması için; H şeması 3. mertebeden ve tanımlama uzunluğu 4 olan bir şemadır. Tablo 3.1’ de çeşitli şemalar için örnekler gösterilmiştir.

Tablo 3.1. Şema Örneği 1

Şema	Şemaya Ait Bireyler	Mertebe $O(h)$	Tanımlama Uzunluğu $d(h)$
10	0100 0101 1100 1101	2	$(3-2) = 1$
***	000 001 010 011 100 101 110 111	0	-
1001	1001	4	3
1*1	101 111	2	$(3-1)=2$
**1*	0010 0011 0110 0111 1010 1011 1110 1111	1	$(3-3)=0$

Tablodan da görüldüğü gibi *10* şemasının mertebesi 2’ dir. Tanımlama uzunluğu ise 1’ dir. Bu şemaya ait 4 tane birey vardır. GA’ da bir birey birden fazla şemanın üyesi olabilir. N. mertebeden bir birey mutlaka n den daha küçük mertebeli bir şemanın da üyesidir. Örneğin 101 kromozomu hem 1*1 şemasına hem de 1** şemasına aittir. Tablo 3.2’ de bazı bireylerin hangi şemalara ait olduğu gösterilmiştir.

Tablo 3.2. Şema Örneği 2

Kromozom	Ait Olduğu Şemalar
0	0 *
100	100 10* 1*0 *00 1** *0* **0 ***
10	10 1* *0 **

GA' da kromozom uzunluğu l ve alfabenin eleman sayısı k ise $(k+1)^l$ tane şema olması mümkündür. Özel olarak ikili dizgeler için 3^l tane şema olabilir.

3.2. Şemaların Geometrik Yorumu

L uzunluğundaki bir dizge, l boyutlu bir uzayda bir noktayı gösterir. İkili dizgeler; Tablo 3.3.' de gösterilmiştir. Bir şemada ortalama uygunluk değeri (average fitness), o şemaya ait olan bireylerin (kromozomların) uygunluk değerlerinin aritmetik ortalamasıdır. Örneğin; $Ort_Uyg (*1*1)=Ort_Uyg(0101, 1011, 1101, 1111)$ değeridir.

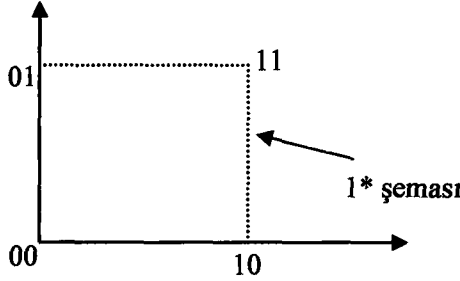
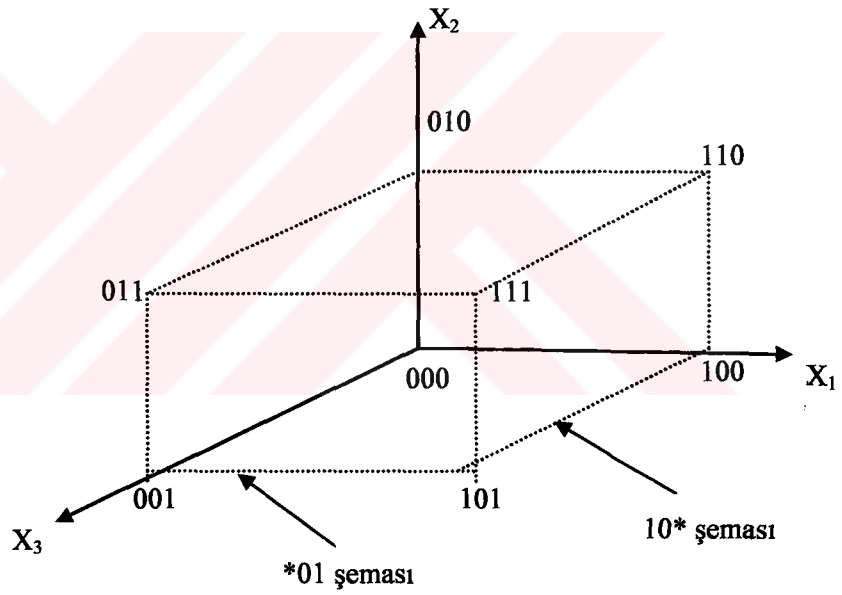
Bir şemada seçim, çaprazlama ve mutasyon sonrasında tanımlayıcı genler değişmiyorsa o şema hayatını sürdürmüştür. Tanımlayıcı genler tanımlayıcı genlerden bir tanesi bile değişiyorsa o şema dağılmıştır (bozulmuştur) denir.

Şemalar basitçe anlatıldıktan sonra şema teoremine geçilebilir. Bölüm 3.3' de Holland' ın geleneksel şema teoremi [15,19] ve bölüm 3.4' de de geleneksel şema teoremine dayalı olarak reel kodlama için geliştirilmiş reel-kod şema teoremi anlatılacaktır [17].

3.3. Geleneksel Şema Teoremi

Şema teoremi bir populasyonun matematiksel olarak değerlendirilebilmesi için 1975 yılında John Holland tarafından geliştirilmiştir. Bu teoreme göre, GA' da kısa, düşük mertebeli ve yüksek uygunluk ortalamalı şemalara sahip olan bir populasyon nesiller ilerledikçe daha iyiye gider, fakat bu tamamen tartışmaya açıktır ve kesinliğe kavuşturulmamıştır [20].

Tablo 3.3. Çeşitli Boyutlu İkili Dizgeler

Kromozom Uzunluğu	Uzayda Gösterdiği Noktalar
$l=1$ ise $\{0,1\}$	
$l=2$ ise $\{00,01,10,11\}$	
$l=3$ ise $\{000,001,010,011,100,101,110,111\}$	

Holland, t anında bulunan şema sayısını kullanarak $t+1$ anında aynı şemaya ait birey sayısını araştırmıştır. Goldberg (1987)' in kullanım şekliyle yazılacak olursa; $m_t(H)$, t anında H şemasına ait birey sayısı ise, $f_t(H)$ t anında H şemasının ortalama uygunluk değerini, $\bar{f}_t$ de t anında popülasyonun gözlemlenen ortalama uygunluk değerini gösterirse; $t+1$ anında H şemasına ait beklenen birey sayısı 1. eşitsizlikteki gibi olur (3.1).

$$m_{t+1}(H) \geq m_t(H) \frac{f_t(H)}{f_t} P_{yasama}(H) \quad (3.1)$$

Burada $P_{yasama}(H)$ genetik operatörlerin (seçim, çaprazlama, mutasyon) uygulanmasından sonra şemanın yaşamını sürdürme olasılığıdır. Bu eşitsizlik incelendiğinde; eğer şema genetik operatörlerden sonra hayatını sürdürüyorsa, şemaya ait birey sayısının $t+1$ anında da aynı olması beklenir. Fakat sadece eşit değil, büyük ve eşitlik söz konusudur. Bunun sebebi çaprazlama veya mutasyon sonucunda diğer şemalara ait bireylerden H şemasının oluşması ihtimalidir. Eğer böyle bir durum gerçekleşirse, H şemasına ait birey sayısı $t+1$ anında t anındakinden fazla olacaktır. Denklemden kilit nokta H şemasının yaşamını sürdürme olasılığını hesaplamaktır. Bu olasılığı hesaplamak için çeşitli istatistiksel yöntemler kullanılmıştır.

Bu tez çalışmasında genetik operatörlerden çaprazlama ve mutasyonun şema üzerindeki etkileri araştırıldığından seçim operatörünün etkisi göz önüne alınmamıştır. Çaprazlama ve mutasyon sonucunda sadece şemanın yaşamını sürdürme olasılığı hesaplanmıştır.

3.4. Reel-Kod Şema Teoremi

Genetik algoritmada birçok problem ikili kodlama için uygundur. Ancak bazı problemler için farklı kodlama yöntemleri kullanmak gereklidir. Bunlardan bir tanesi de reel kodlamadır. Geleneksel şema teoremi sonlu alfabe için kullanılabilir. Fakat reel kodlama için çözüm uzayı sonsuz olduğundan geleneksel şema teoremini kullanmak uygun olmadığından dolayı reel kodlama için yeni bir şema teoremi geliştirilmiştir [17].

Reel kodlu şemalar için ilk önce sürekli olan arama uzayı ayrık alt uzaylara (Ω) bölünmüştür ve bir şema grubu bu Ω ayrık uzayında tanımlanır. Bir popülasyondaki x ve y bireyleri arasındaki uzaklık denklem (3.2)' deki gibi hesaplanabilir.

$$d(x, y) = \frac{1}{k} |XOR(x, y)| \quad (3.2)$$

Burada $|X|$; X kümesine ait eleman sayısıdır. Bununla birlikte bir şema birden fazla bölgede tanımlanabilir. Örneğin $[0,1]$ aralığında bir şema denklem (3.3)' deki gibi tanımlanabilir.

$$U = [\alpha_1, \beta_1]x[\alpha_2, \beta_2]x...x[\alpha_n, \beta_n] \quad (3.3)$$

Eğer bir popülasyonun t anındaki bireyleri ($x^1, x^2, \dots, x^n$) ve $x_j = (x_j^1, x_j^2, \dots, x_j^n)$ ise popülasyondaki maksimum şema $M = [y_1, z_1] \times [y_2, z_2] \times \dots \times [y_n, z_n]$ olur. Burada y_j

$=\min\{x_j^k\}_{k=1}^n$ ve $z_j = \max\{x_j^k\}_{k=1}^n$ ' dir. Daha sonra oluşabilecek şemalar $N=g(M)$ şeklinde tanımlanır.

Bu durumda M : maksimum şema sayısı, N : oluşabilecek şema sayısı, P_c : çaprazlama olasılığı ve P_m : mutasyon olasılığı olmak üzere, t anına göre $t+1$ anında H şemasına ait beklenen birey sayısı

$$m_{t+1}(H) \geq m_t(H) \frac{f_t(H)}{f_t} P_{yasama}(H) \quad (3.4)$$

olur. Burada H şemasının çaprazlama ve mutasyonla dağıtılması olasılığı 1' den çıkarılırsa H şemasının yaşama olasılığı ($P_{yasama}(H_k)$) bulunur ve reel-kod şema teoreminin son hali

$$m_{t+1}(H) \geq m_t(H) \frac{f_t(H)}{f_t} \left[1 - P_c \frac{m(M/H)}{m(M)} - P_m \frac{m(N/H)}{m(N)} \right] \quad (3.5)$$

olur.

3.5. Çaprazlama ve Mutasyonun Şemaya Etkisi

Bu bölümde, çaprazlama ve mutasyonun etkisi teorik olarak anlatılacaktır [20,21].

3.5.1. Çaprazlamanın Etkisi

Sabit uzunluklu bir evrimsel algoritma için eğer kromozom uzunluğu L ve kullanılan alfabenin eleman sayısı C ise C^L tane kromozom oluşturulabilir. Eğer k . dereceden bir şema H_k ile gösterilirse, H_k ' ya ait C^{L-k} tane kromozom olabilir.

Çaprazlama olayı R rassal değişkeniyle tanımlanırsa, H_k için 2^k tane çaprazlama olayının olması mümkündür ($0 \leq R \leq 2^k - 1$). Bir nesilde bütün çaprazlama olaylarının toplam olasılığı 1 olmalıdır (3.6).

$$\sum_R P(R) = 1 \quad (3.6)$$

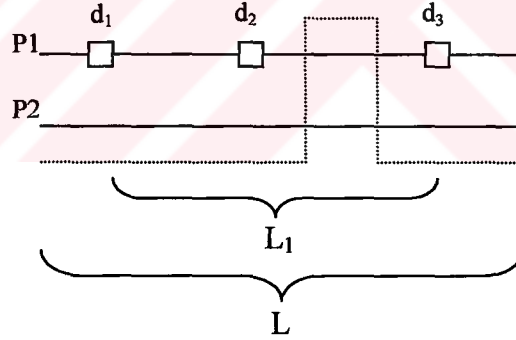
Çaprazlama için 2 birey seçilirse, seçilen bireylerden bir tanesinin H_k şemasına ait olduğu ve diğer bireyin de popülasyondan keyfi olarak seçildiği varsayılırsa, bu durumda çaprazlama sonrası H_k şemasının yaşamını sürdürme olasılığı denklem (3.7)' deki gibi hesaplanabilir [15].

$$P_{yasama}(H_k) = \sum_R P(R)P(H_{k_yasama} / R) = \sum_R P(R)P_{yasama}(H_k / R) \quad (3.7)$$

Bu denklemde $P_{yasama}(H_k)$, H_k şemasının yaşamını sürdürme olasılığı, $P(R)$ de çaprazlama olayının olma olasılığını göstermektedir.

3.5.1.1. N noktalı Çaprazlama için Yaşamını Sürdürme Teorisi

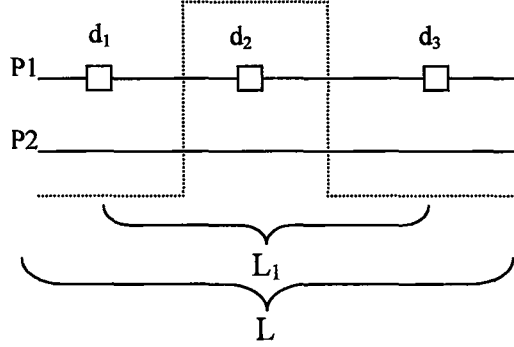
n noktalı çaprazlamada rassal olarak n tane kesim noktası bulunur ve bu noktalar arasında kalan kısımlar yer değiştirir. Çaprazlama olayları tek ve çift olaylar olmak üzere ikiye ayrılabilir. Çift çaprazlama olayında H_k 'nin tanımlama pozisyonları arasına çift sayıda kesim noktası gelir. Bu durumda tanımlayıcı alellerin hiçbiri yer değiştirmeyecektir yada tümü yer değiştirecektir. Bu nedenle çift çaprazlama varsa, şema yaşamını kesinlikle sürdürür. Bunun tersine tek çaprazlama olayında, tanımlama pozisyonları arasına gelen kesim noktaları tek sayıdadır. Bu durumda da bu tanımlayıcı alellerin bir bölümü yer değiştirir. Şema kesinlikle bozulur denilemez ama bozulma ihtimali yüksektir. Şekil 3.1 ve 3.2' de 3. mertebeden bir şema için çift ve tek çaprazlama olayları gösterilmiştir [15]. Burada d_n tanımlama pozisyonlarını gösterir.



Şekil 3.1. Çift Çaprazlama Olayı

$$P_{çift}(H_k) = \sum_{R_{çift}} P(R) \quad (3.8)$$

$$P_{tek}(H_k) = \sum_{R_{tek}} P(R) \quad (3.9)$$



Şekil 3.2. Tek Çaprazlama Olayı

Tek ve çift çaprazlama olasılıkları eşitlik (3.8) ve (3.9)' da gösterilmiştir. Tek ve çift çaprazlama olayları bütün çaprazlama kümesini oluşturur ve toplamaları 1' dir.

$$P_{\text{çift}}(H_k) + P_{\text{tek}}(H_k) = 1 \quad (3.10)$$

Bu durumda H_k şemasının yaşama olasılığı

$$P_{\text{yasama}}(H_k) = \sum_{R_{\text{çift}}} P(R) P_{\text{yasama}}(H_k / R) + \sum_{R_{\text{tek}}} P(R) P_{\text{yasama}}(H_k / R) \quad (3.11)$$

gibi olur. Şema mertebesi k olmak üzere, k=2 için çift çaprazlama olayının olma olasılığı n noktalı çaprazlama için

$$P_{\text{çift}}(H_2, L, L_1, n) = \sum_{x=0}^{\lfloor n/2 \rfloor} \binom{n}{2x} \left(\frac{L_1}{L} \right)^{2x} \left(\frac{L - L_1}{L} \right)^{n-2x} \quad (3.12)$$

olur. Burada L_1/L oranı kesim noktasının iki tanımlama noktası arasına yerleşme olasılığını, $(L - L_1)/L$ ise, kesin noktasının iki tanımlama noktası dışında olma olasılığını gösterir. $2x$ indeksi daima çifttir, 0' dan n' e kadar bütün çift sayıları içerir. Kombinasyon ise, n tane kesim noktasından seçilebilen çift sayı yollarının sayısını hesaplar. Bu sonuç sadece ikinci dereceden şemalar için geçerlidir. Bu ilişkiyi daha yüksek şemalar için genelleştirmek mümkündür, çünkü çift sayıların toplamı yine bir çift sayıdır. Bu denklem en genel haliyle, k. mertebeden bir şema için denklem (3.13)' deki eşitlikle gösterilebilir.

$$P_{çift}(H_k, L, L_1, \dots, L_{k-1}, n) = \sum_{x=0}^{\lfloor n/2 \rfloor} \binom{n}{2x} \left(\frac{L_1}{L} \right)^{2x} \left(\frac{L-L_1}{L} \right)^{n-2x} P_{çift}(H_{k-1}, L_1, \dots, L_{k-1}, 2x) \quad (3.13)$$

Çift çaprazlama olayı gerçekleşirse, şema hayatını sürdürür. Fakat bir de tek çaprazlama olayında çaprazlama noktalarındaki tanımlayıcı genlerin aynı olması durumunda şemanın yaşamını sürdüreceği göz önüne alınırsa, şemanın yaşamını sürdürme olasılığı artacaktır. Bu durumu kontrol etmek için populasyon homojenliğinden faydalanılabilir. Populasyon homojenliği, aynı hizadaki tanımlama noktalarında bulunan aynı olan genlerin sayısıdır. Bu durumda H_k şemasının R çaprazlama olayına bağlı olarak yaşamını sürdürme olasılığı

$$P_{yasama}(H_k) = \sum_R P(R) P_{yasama}(H_k / R) \quad (3.14)$$

olabilir. 2. mertebeden bir şema için bu denklem

$$P_{yasama}(H_2, L, L_1, n) = \sum_{x=0}^n \binom{n}{x} \left(\frac{L_1}{L} \right)^x \left(\frac{L-L_1}{L} \right)^{n-x} P_{yasama}(H_2 / R) \quad (3.15)$$

şeklinde düzenlenebilir. Bu denklem, k. mertebeden bir şema için genelleştirilirse

$$P_{yasama}(H_k, L, L_1, \dots, L_{k-1}, n) = \sum_{x=0}^n \binom{n}{x} \left(\frac{L_1}{L} \right)^x \left(\frac{L-L_1}{L} \right)^{n-x} P_{yasama}(H_{k-1}, L_1, \dots, L_{k-1}, x) \quad (3.16)$$

olur. Burada esas problem $P_{yasama}(H_k / R)$ olasılığını hesaplamaktır. Tek çaprazlama olayı gerçekleştiğinde yer değişecek olan tanımlama pozisyonlarının iki bireyde de aynı olması durumunda şema yaşamını sürdürür. Yani bu durum populasyon homojenliğine bağlıdır. K, tanımlama pozisyonlarının kümesi olsun ve çaprazlamanın P_1 atasındaki K tanımlama pozisyonlarının X alt kümesinde sonuçlandığı düşünülün. Bu durumda atalar X altkümesinde eşleşirse veya K-X altkümesinde eşleşirlerse şemanın dağıtılması imkansızdır. $P_{yasama}(H_k / R)$ olasılığı denklem (3.17)' deki gibi hesaplanabilir.

$$P_{yasama}(H_k / R) = P_{eq}(X) + P_{eq}(K - X) - P_{eq}(K) \quad (3.17)$$

Bu denklemde $P_{eq}(X)$ iki atanın X alellerinde eşleşme olasılığı, $P_{eq}(K - X)$ de ataların X alelleri dışında eşleşme olasılığıdır. $P_{eq}(K)$ ise, tüm k alellerinde ortak eşleşme olasılığıdır ve

toplamdan çıkarılır. Eğer çift çaprazlama olayı gerçekleşirse; $X=K$ ve $P_{yasama}(H_k / R) = 1$ olur. Bununla birlikte tek çaprazlama olayı için; $P_{yasama}(H_k / R) \leq 1$ olur. $P_{eq}(X)$ değerini kesin olarak hesaplamak oldukça zordur, çünkü nesiller ilerledikçe karmaşıklık ve nonlineerlik artacaktır. 2 varsayımla bu hesaplama kolaylıkla gerçekleştirilebilir.

Birincisi alellerin bağımsızlığıdır, $P_{eq}(d)$ özel bir d tanımlama noktasındaki alellerin iki atada da aynı olma olasılığı olsun. Bu aleller birbirlerinden bağımsız olduğundan denklem (3.18) yazılabilir.

$$P_{yasama}(H_k / R) = \prod_{d \in X} P_{eq}(d) + \prod_{d \in K-X} P_{eq}(d) + \prod_{d \in K} P_{eq}(d) \quad (3.18)$$

İkinci varsayım ise, H_k ile ilgilidir. $P_{eq}(d)$ tüm tanımlama noktaları için özdeşdir ($P_{eq}(d) = P_{eq}, \forall d \in K$). P_1 atasının X altkümesindeki K alellerinin R çaprazlama olayı altında aynı evlatta yaşamını sürdürdüğü düşünölsün. Bu durumda, eğer atalar tüm X tanımlama noktalarında eşleşirse veya $K-X$ noktalarında eşleşirse bozulma olması imkansızdır. Bu durumda da $P_{yasama}(H_k / R)$ hesaplanabilir (3.19).

$$P_{yasama}(H_k / R) = P_{eq}^x + P_{eq}^{k-x} - P_{eq}^k \quad (3.19)$$

3.5.1.2. P_0 Düzenli (Uniform) Çaprazlama için Yaşamını Sürdürme Teorisi

Düzenli çaprazlamada iki ata arasındaki aleller P_0 olasılığıyla yer değışir. O zaman şemanın yaşamını sürdürmesi için tüm tanımlama pozisyonundaki k alellerinin yer değışmesi yada hiçbirinin yer değışmemesi gerekir. Bu durumda çift çaprazlama olayının meydana gelme olasılığı

$$P_{çift}(H_k, P_0) = P_0^k + (1 - P_0)^k \quad (3.20)$$

gibidir. Bu durumda, H_k şemasının R düzenli çaprazlama olayı sonrası yaşamını sürdürmesi olasılığı hesaplanmalıdır (3.21). Eğer bütün yer değışecek tanımlama noktaları X altkümesindeyse veya $K-X$ altkümesindeyse, H_k şemasının yaşamını sürdürmesi kesin olacaktır.

$$P_{yasama}(H_k / R) = P_{eq}(X) + P_{eq}(K - X) - P_{eq}(K) \quad (3.21)$$

Bu denklemde (3.21), $P_{eq}(X)$, iki atanın X alellerinde eşleşme olasılığı, $P_{eq}(K - X)$ iki atanın kalan alellerde eşleşme olasılığıdır. N noktalı çaprazlama için yapılan varsayımları burada da kabul etmek mümkündür. $P_{eq}(d)$; d tanımlama noktalarında ataların aynı alellere sahip olma olasılığı olmak üzere $P_{yasama}(H_k / R)$ hesaplanabilir (3.22).

$$P_{yasama}(H_k / R) = \prod_{d \in X} P_{eq}(d) + \prod_{d \in K-X} P_{eq}(d) - \prod_{d \in K} P_{eq}(d) \quad (3.22)$$

Tüm tanımlama noktalarındaki alellerin aynı olma olasılığının 1 olduğunu varsayılırsa

$$P_{yasama}(H_k / R) = P_{eq}^x + P_{eq}^{k-x} - P_{eq}^k \quad (3.23)$$

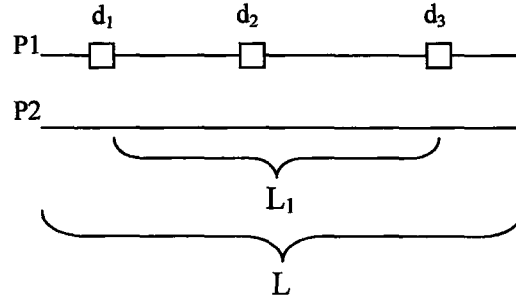
elde edilir. Bunun sonucu olarak H_k şemasının P_0 olasılıklı düzenli çaprazlama sonucu yaşamını sürdürme olasılığı hesaplanabilir (3.24).

$$P_{yasama}(H_k, P_0) = \sum_{x=0}^k \binom{k}{x} P_0^x (1 - P_0)^{k-x} (P_{eq}^x + P_{eq}^{k-x} - P_{eq}^k) \quad (3.24)$$

3.5.2. Mutasyon için Şemanın Yaşamını Sürdürme Teorisi

C elemanlı bir alfabede bir alel, μ olasılıkla seçilecek (μ : mutasyon oranı) ve bu alel geriye kalan C-1 tane değerden bir tanesini alacak ve böylece mutasyon işlemi gerçekleşecektir. Hemen hemen her evrimsel algoritmada mutasyon bireylere bağımsız olarak uygulanır. Mutasyon için şemanın yaşamını sürdürme olasılığı araştırılırken yine populasyon homojenliğinden faydalanılmıştır, bu nedenle mutasyon da iki atalı bir operatör olarak düşünülmüştür. Şemanın mutasyon yoluyla yaşamını sürdürmesi demek mutasyon sonucunda 1 veya 2 evladın o şemaya ait olması demektir. Bu nedenle mutasyon için şemanın yaşama olasılığı değil, direkt olarak mutasyon sonucu şemaya ait beklenen birey sayısı ($E_y(B_k)$) hesaplanabilir [15].

Bireyler için rassal deneyler yapılacaktır. Bunun için bireylerden bir tanesi H_k ' ya ait, diğeri de populasyondan keyfi olarak seçilmiş olsun(P_1, P_2). P_1 , 3. mertebeden ve d_1, d_2, d_3 tanımlama pozisyonlarına sahip, P_2 de keyfi bir birey olsun (Şekil 3.3).



Şekil 3.3. Tanımlama ve kromozom uzunluğu

Rasgele bir deney yapıldığında H_3 şeması (H_k şeması) yaşamını sürdürür veya dağıtılır. B , mutasyon sonucunda H_k 'nin evlat sayısını gösteren rassal bir değişken olsun. O zaman B sadece 0, 1 ve 2 değerlerini alabilir (3.25).

$$E_y[B] = \sum_{b \in \{0,1,2\}} b x P(B = b) = P(B = 1) + 2P(B = 2) \quad (3.25)$$

O zaman μ olasılıklı mutasyon sonucu beklenen birey sayısı hesaplanabilir (3.26).

$$E_y[B_k, \mu] = \sum_{q=0}^k P(Q = q) [P(B = 1 / Q = q) + 2P(B = 2 / Q = q)] \quad (3.26)$$

Burada, Q tanımlama pozisyonlarındaki alellerin kümesini temsil eden bir değişkendir, $P(Q)$ da popülasyon homojenliğine dayalıdır. Bu durumda $P_{eq}(d)$ özel bir d tanımlama noktasında her iki atanın da aynı alellere sahip olma olasılığı olsun ve $P_{eq}(d)$ tüm tanımlama pozisyonları için aynı olsun ($P_{eq}(d) = P_{eq}$, $\forall d$) (3.27).

$$P(Q = q) = \binom{k}{q} (1 - P_{eq})^q P_{eq}^{k-q} \quad (3.27)$$

C elemanlı bir alfabe için istenilen bir alelin mutasyona uğrama olasılığı $1/(C-1)$ dir. Denklem (3.27)'den faydalanılarak şemanın beklenen evlat sayısı

$$E_y[B_k, \mu] = \sum_{q=0}^k \binom{k}{q} (1 - P_{eq})^q P_{eq}^{k-q} [(1 - \mu)^k + \left(\frac{\mu}{C-1}\right)^q (1 - \mu)^{k-q}] \quad (3.28)$$

şeklinde hesaplanabilir.

4. ÇAPRAZLAMANIN BAŞLANGIÇ POPULASYONLARI ÜZERİNDEKİ ETKİLERİ

Çaprazlama operatörü GA için çok önemlidir. Genelde tanımlama uzunluğu ne kadar büyükse, çaprazlama sonucunda şemanın dağılması ihtimalinin o kadar yüksek olması beklenir [15,22]. Ancak bu durum her zaman doğrudur denilemez, genellikle tek noktalı çaprazlama için söz konusudur. Bu bölümde n-noktalı ve düzenli çaprazlamanın çeşitli şemalar üzerindeki etkileri araştırılmıştır. İkili kodlama için verilen teorik bilgiden yola çıkılarak [15], reel kodlama için uygun olan reel-kod şema teorisi esas alınmıştır [17].

Bu bölümde çaprazlamanın, daha önce anlatılan sözde rassal ve ortogonal populasyonlar üzerindeki etkileri araştırılmıştır. Çaprazlama oranının algoritma için önemi büyüktür. Fakat son zamanlarda GA' da genellikle %100 çaprazlama oranı kullanılır, bu nedenle bu çalışmada da çaprazlama oranı 1 olarak seçilmiştir. Çaprazlamanın etkisi ile şemanın bozulma olasılığı tanımlama uzunluğuna göre değişir. Bu etkiyi araştırırken birçok parametre göz önüne alınmıştır. Bunlar; şema mertebesi, tanımlama uzunluğu ve çaprazlama türüdür. Bütün bunlar dikkate alınarak şemanın yaşamını sürdürmesi olasılığı hesaplanmış ve grafiklerle ifade edilmiştir.

Yapılan çalışma GA' nın teorisi ile ilgili olduğundan uygulamada kullanılan problemler çok önemli olmamaktadır. Temelde 3 tane Benchmark fonksiyonu kullanılmıştır [8]. Bu fonksiyonlar ve çözüm aralıkları denklem (4.1), (4.2) ve (4.3)' de gösterilmiştir. Uygulamalarda populasyon boyutu sabit olarak alınmıştır, sadece başlangıç populasyonları ile alınan sonuçlarda karşılaştırmaları görmek amacıyla populasyon boyutu değişken alınmıştır. Aksi belirtilmedikçe popülasyondaki birey sayısı 50' dir ve her birey reel değerler kullanılarak kodlanmıştır. Kromozom uzunluğu 30 gendir.

$$f_1 = \sum_{i=1}^N (x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i) + 10) \quad [0,10] \quad (4.1)$$

$$f_2 = \sum_{i=1}^N x_i^2 \quad [-10,10] \quad (4.2)$$

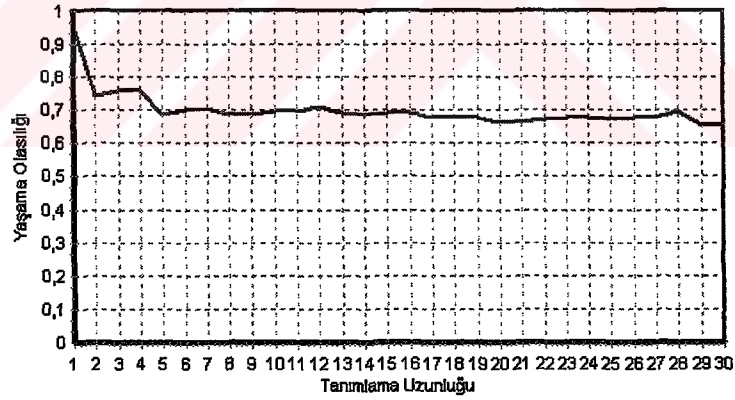
$$f_3 = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i^4 - 16x_i^2 + 5x_i) \quad [-5,5] \quad (4.3)$$

Başlangıçta çaprazlamanın etkisini görmek amacıyla sadece çaprazlama kullanılmıştır bireylere mutasyon uygulanmamıştır. Yapılan deneylerde 1, 2, 3, 4 noktalı ve düzenli çaprazlama yöntemleri kullanılmıştır. Bununla birlikte şemanın mertebesi 2,3,4,5 ve 6 olarak

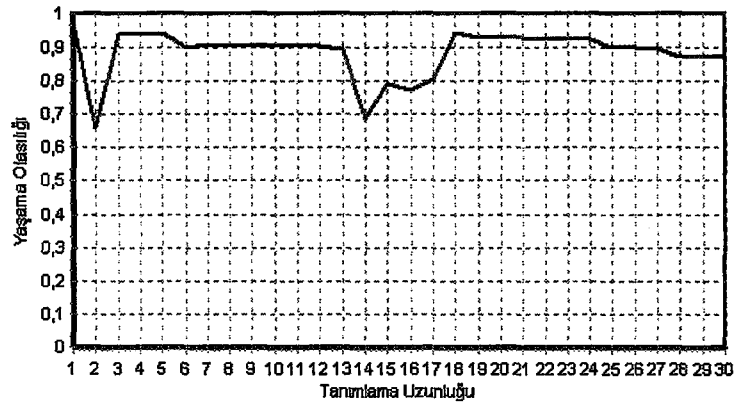
alınmıştır. Buna göre her bir populasyon türü için şemanın çaprazlama sonrasında hayatını sürdürme olasılığı grafiklerle gösterilmiştir.

İkili şemalar için tek noktali çaprazlamanın rassal olarak oluşturulan populasyonlar üzerindeki etkisi daha önceki çalışmalardan bilinmektedir [15]. Tanımlama uzunluğu arttıkça, şemanın yaşamını sürdürme olasılığı azalmaktadır. Tek noktali çaprazlama için bu lineer bir azalmadır. Reel şemalar için de aynı durum söz konusu olacak mıdır? Rassal populasyonlar ek olarak sözde-rassal (Halton ve Hammersley) populasyonlar ve ortogonal populasyonlar için de aynı durum söz konusu mudur?

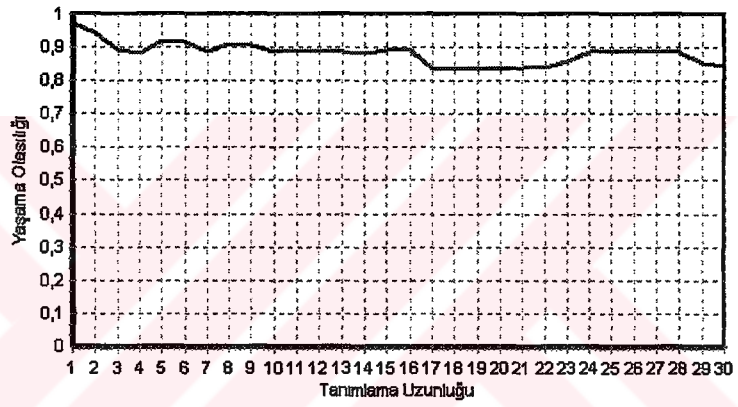
Bu durumu araştırmak amacıyla öncelikle sadece başlangıç populasyonlar göz önüne alınmıştır. Buna göre Şekil 4.1.1-4' te tek noktali çaprazlamanın, sırasıyla rassal, Halton sözde rassal, Hammersley sözde rassal ve ortogonal populasyonlarındaki 2. mertebeden şemalar üzerindeki etkisi gösterilmiştir. Şekil 4.1.1' de çaprazlamanın rassal populasyon üzerindeki etkisi gösterilmiştir. Görüldüğü gibi tanımlama uzunluğuna göre bir azalma söz konusudur, fakat bu azalma lineer bir azalma değildir. Benzeri bir durum Halton ve Hammersley sözde rassal populasyonlar için de geçerlidir (Şekil 4.1.2-3). Bu populasyonlarda şemanın yaşamını sürdürme olasılığı daha yüksektir. Ortogonal populasyon için ise, bu olasılığın değişkenlik göstererek inişler ve çıkışlar yaptığı görülmektedir (Şekil 4.1.4).



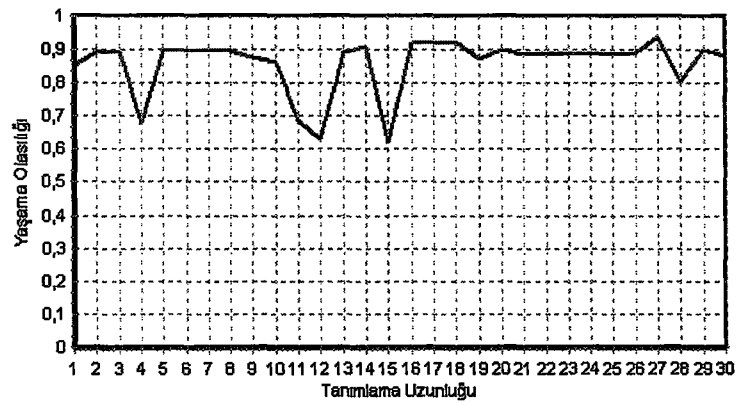
Şekil 4.1.1. Rassal populasyon şemalarının tanımlama uzunluğuna göre yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)



Şekil 4.1.2. Halton populasyonun tanımlama uzunluğuna göre yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)



Şekil 4.1.3. Hammersley populasyon şemalarının tanımlama uzunluğuna göre yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)



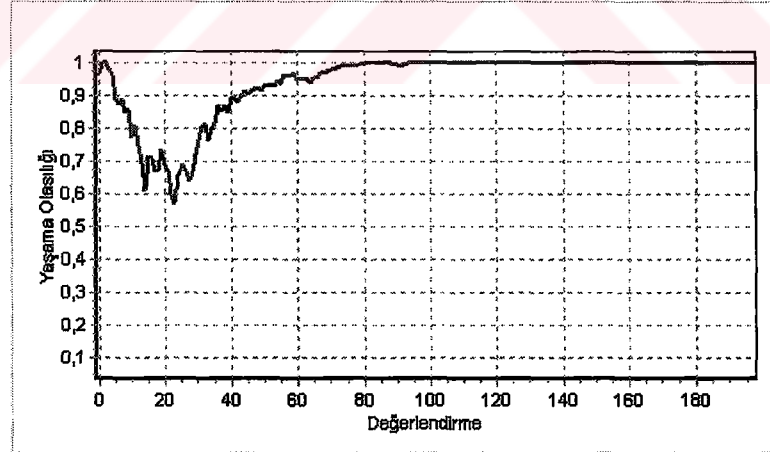
Şekil 4.1.4. Ortogonal populasyon şemalarının tanımlama uzunluğuna göre yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)

Tek noktalı çaprazlama sonucunda reel şemalar için yaşama olasılığının ikili şemalara göre yüksek olmasının birkaç nedeni olabilir:

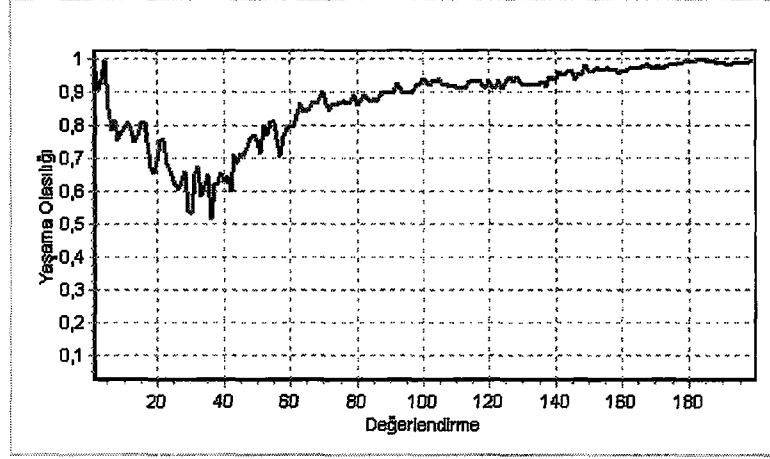
Birincisi; çift çaprazlama olayının gerçekleşmiş olması olasılığıdır. Tek noktalı çaprazlama olduğuna göre kesim noktası (çaprazlama noktası) rassal olarak seçildiğinden, tanımlayıcı genler arasına gelmemiş olabilir. Bu durumda, ya tanımlayıcı genlerin hiçbiri yer değiştirmez veya her ikisi de diğer bireye geçer. Bu iki durumdan hangisi gerçekleşirse gerçekleşsin şema hayatını sürdürmeye devam eder.

İkinci bir neden reel şema olabilir. Daha önceden reel şema teoreminde anlatıldığı gibi, şemanın her bir üyesi belirli bir aralığı içermektedir. Bu durumda eğer çaprazlama sonrasında tanımlayıcı genlerden bir tanesi diğer bireye geçmişse ve bu genle yerine gelen gen de aynı tanımlayıcı gen grubundaysa, farklı gibi görünen gen değerleri aslında aynı şema değerini işaret edebileceğinden şema yine yaşamını sürdürmeye devam edecektir.

Üçüncü bir sebep de başlangıç populasyonlarını oluşturma yöntemleri olabilir. Sözde rassal ve ortogonal populasyonlar oluşturulurken bazı kurallar kullanılır. Bu tür populasyonlarda çeşitliliğin iyi sağlandığı bilinmektedir. Ancak bu çeşitlilik gen bazında değil kromozom bazındadır, yani her bir bireyin uzayda ifade ettiği noktaya göredir. Şema analizi yapılırken bireyler gen bazında kontrol edildiğinden, bu tür populasyonların bazı noktalarındaki bireylerin benzer olma olasılığı yüksek olabilir. Ve bu benzer noktalar tanımlama pozisyonlarına denk gelirse, şemanın bozulma ihtimali az olacaktır.

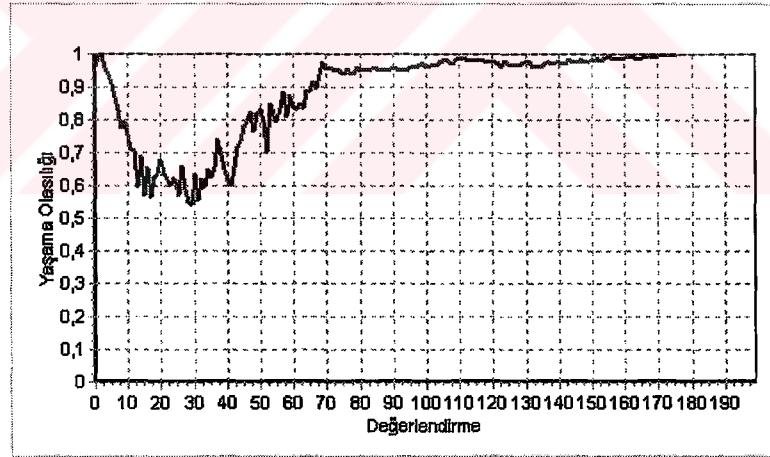


Şekil 4.2.1. Rassal populasyon şemalarının nesiller boyunca yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)



Şekil 4.2.2. Halton populasyon şemalarının nesiller boyunca yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)

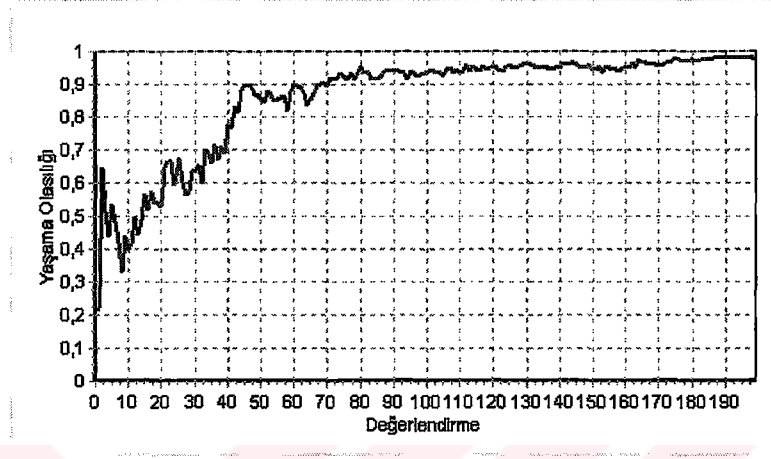
GA' da nesiller ilerledikçe bireylerin birbirlerine benzemesi beklenen bir sonuçtur. Bireyler birbirine benzedikçe, benzer şemaların da artması kaçınılmazdır. Şemaların birbirlerine benzeme zamanları GA' da erken yakınsama olup olmadığı hakkında bilgi verebilir. Bunun için algoritma her bir populasyon için 200 nesil boyunca ilerletilmiştir.



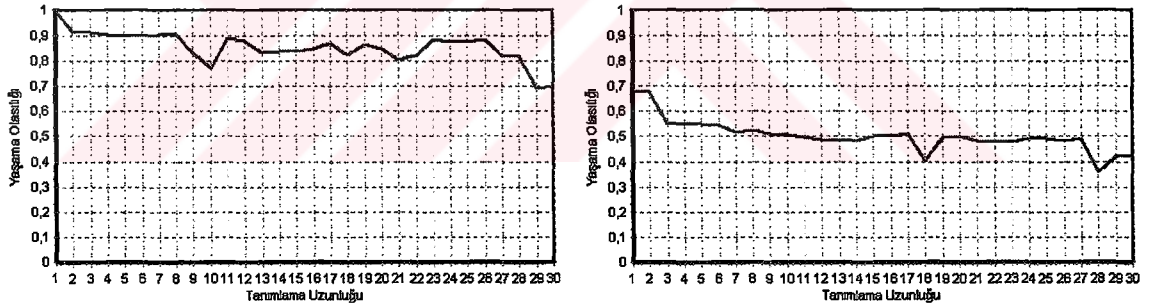
Şekil 4.2.3. Hammersley populasyon şemalarının nesiller boyunca yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)

Bütün nesiller boyunca, her nesilde şemaların ortalama yaşama olasılıkları hesaplanmıştır ve grafiklerle ifade edilmiştir (Şekil 4.2.1-4). Şekil 4.2.1' e rassal populasyon için bakılırsa; çaprazlama yaklaşık olarak 25. nesle kadar şemanın yaşam olasılığını düşürücü etkide bulunmuştur, daha sonra bu etki giderek azalmaya başlamıştır. Yaklaşık 90. nesilden itibaren çaprazlamanın hiçbir etkisi olmamıştır ve şemanın yaşama ihtimali 1 olmuştur. Şekil

4.2.2-3' deki Halton ve Hammersley popülasyona bakıldığında şemaların birbirlerine benzeme süreçleri daha geçir ve yaşama olasılığı uzun nesiller boyunca 1 olmamıştır. Ortogonal popülasyon için incelendiğinde (Şekil 4.2.4), şemaların özellikle ilk nesillerde birbirlerinden farklı olduğu, çaprazlama bu oranın giderek arttığı görülmektedir. Bu grafiğe göre başlangıç popülasyonlarından ortogonal popülasyonun en farklı şemalara sahip olduğu söylenebilir.

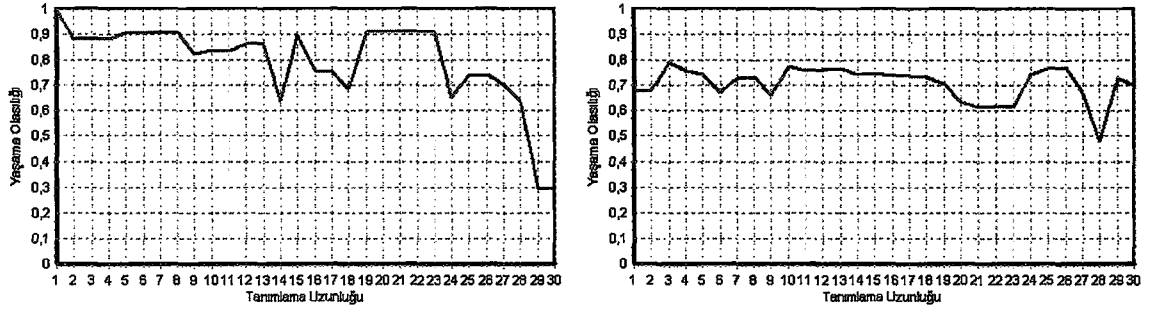


Şekil 4.2.4. Ortogonal popülasyon şemalarının nesiller boyunca yaşamını sürdürme olasılığı (f_1 fonksiyonu için)

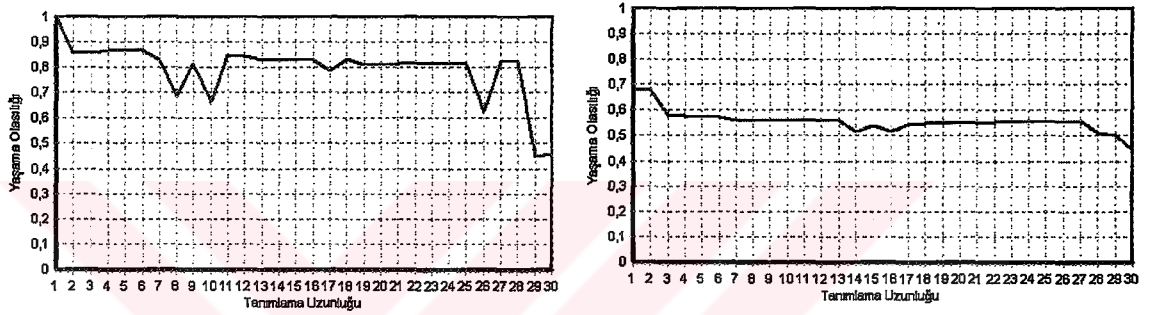


Şekil 4.3.1. Tek noktalı çaprazlamanın 3 ve 4. mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)

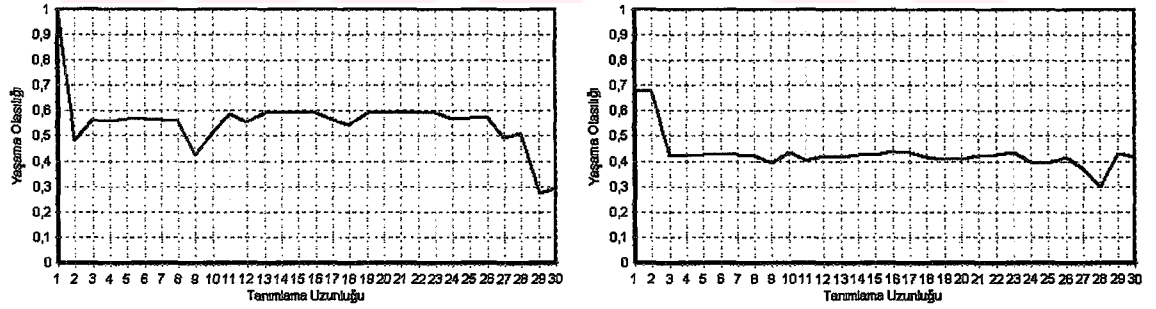
Görüldüğü gibi şemaların mertebeleri arttıkça, tek noktalı çaprazlama sonrasında şemaların yaşamını sürdürme olasılıkları düşüyor. Tanımlama uzunluğu arttıkça şemaların yaşama olasılıkları az bir düşüş gösterse de azalmıştır (Şekil 4.3.1-4).



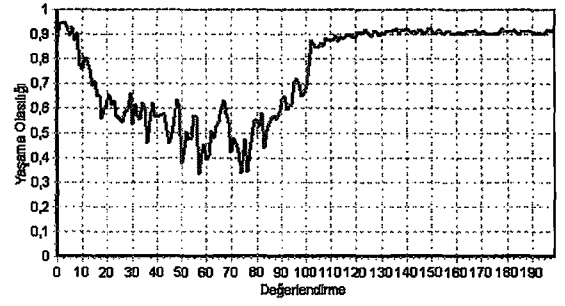
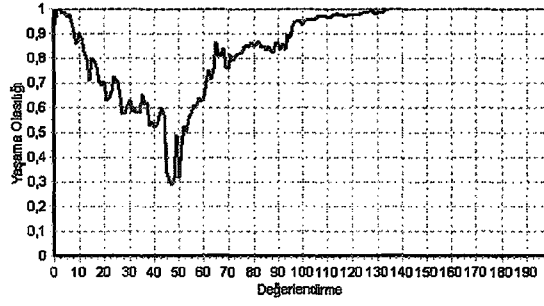
Şekil 4.3.2. Tek noktalı çaprazlamanın 3 ve 4. mertebeden Halton sözde rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)



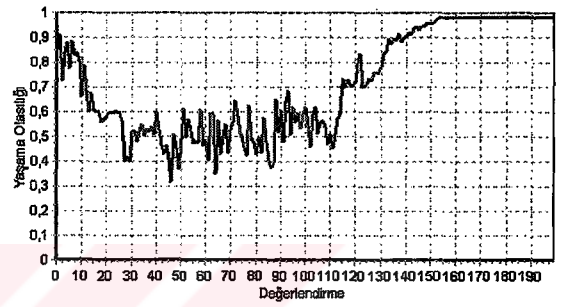
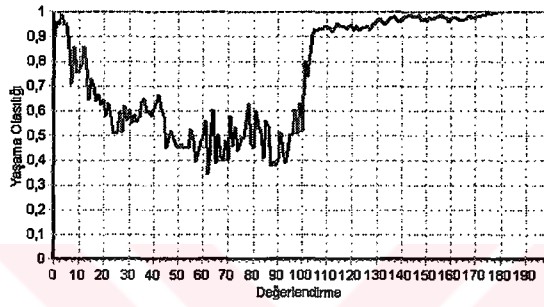
Şekil 4.3.3. Tek noktalı çaprazlamanın 3 ve 4. mertebeden Hammersley sözde rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)



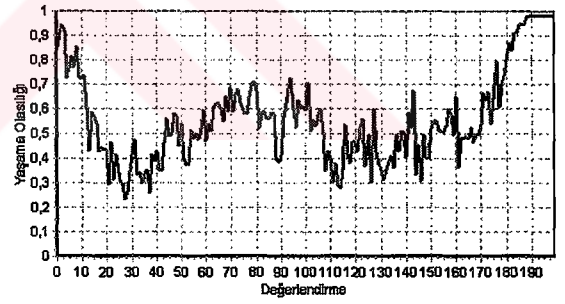
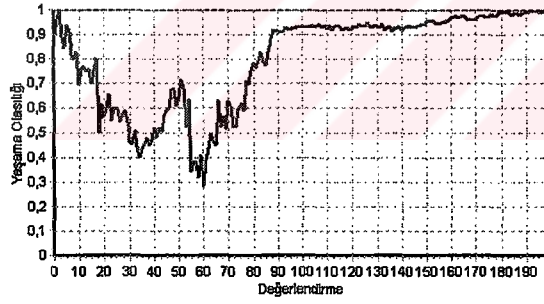
Şekil 4.3.4. Tek noktalı çaprazlamanın 3 ve 4. mertebeden Ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)



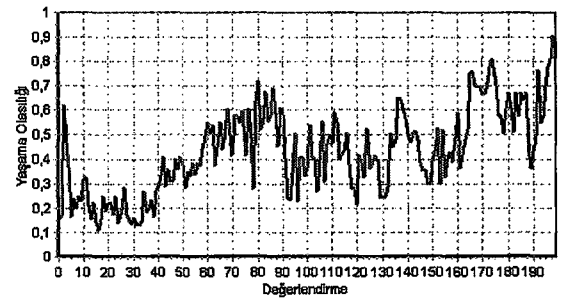
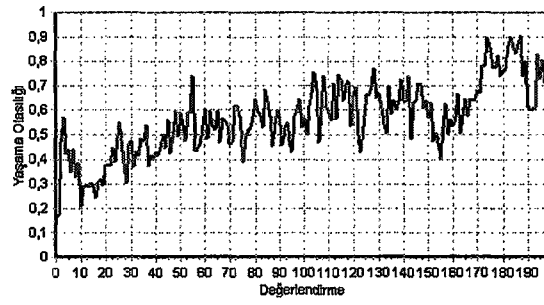
Şekil 4.4.1. Tek noktali çaprazlamanın nesiller boyunca 3 ve 4. mertebeden rassal şemalar üzerindeki ortalama etkisi (f_1 fonksiyonu için)



Şekil 4.4.2. Tek noktali çaprazlamanın nesiller boyunca 3 ve 4. mertebeden Halton sözde rassal şemalar üzerindeki ortalama etkisi (f_1 fonksiyonu için)

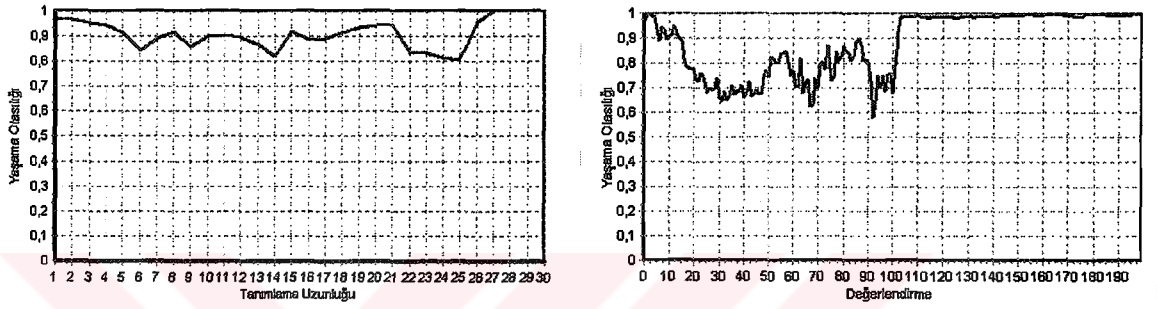


Şekil 4.4.3. Tek noktali çaprazlamanın nesiller boyunca 3 ve 4. mertebeden Hammersley sözde rassal şemalar üzerindeki ortalama etkisi (f_1 fonksiyonu için)

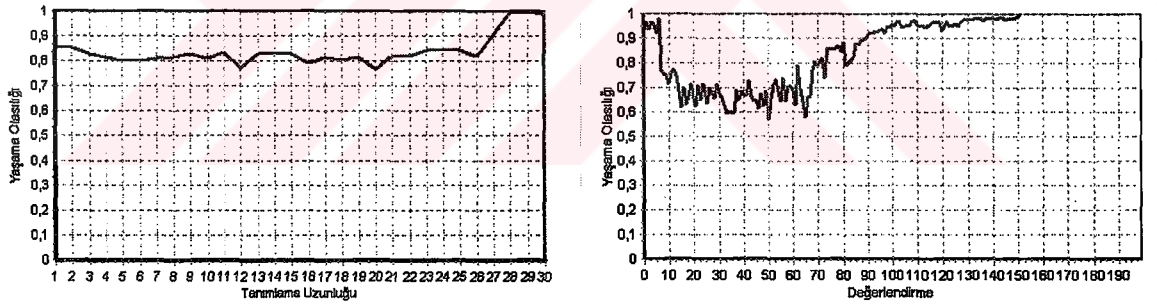


Şekil 4.4.4. Tek noktali çaprazlamanın nesiller boyunca 3 ve 4. mertebeden ortogonal şemalar üzerindeki ortalama etkisi (f_1 fonksiyonu için)

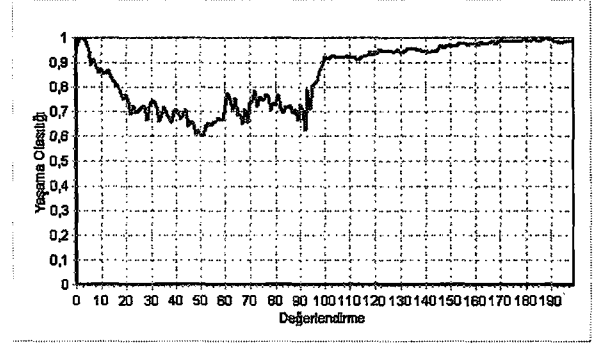
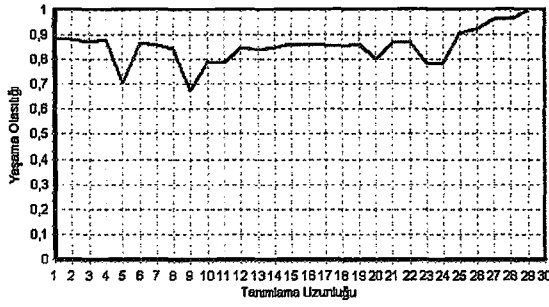
Şekil 4.4.1-4 göstermektedir ki şemaların ortalama yaşamlarını sürdürmeleri ihtimali düşüktür ve şemaların birbirlerine benzemeleri uzun zaman sonra olmuştur. 2. mertebeden şemalarda olduğu gibi 3. ve 4. mertebeli şemalar için de yine ortogonal populasyonun şemaları birbirlerine benzememektedir. Yani tek noktalı çaprazlama etkisini en fazla ortogonal populasyon üzerinde göstermiştir, çaprazlamanın şemayı çok büyük bozucu etkisi vardır. İkinci büyük etki de sözde rassal populasyonlarda görülmüştür. Özellikle şemanın mertebesi arttıkça bu etki daha fazla olmuştur, rassal populasyon içinse bu etki daha azdır denilebilir. Rassal populasyon şemaları diğer iki populasyondakilere göre daha hızlı birbirlerine benzemişlerdir.



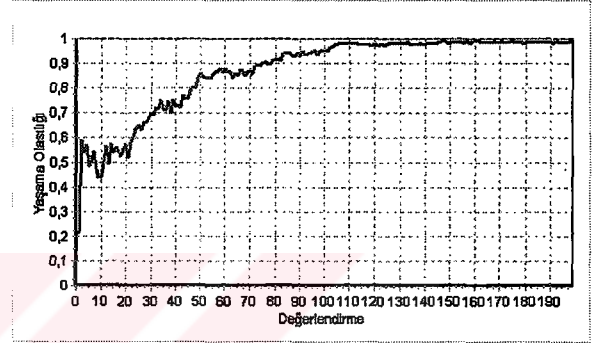
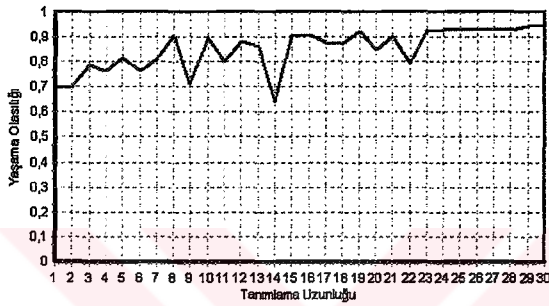
Şekil 4.5.1. 2 noktalı çaprazlamanın rassal populasyonlar üzerindeki etkileri (f_2 fonksiyonu için)



Şekil 4.5.2. 2 noktalı çaprazlamanın Halton sözde rassal populasyonlar üzerindeki etkileri (f_2 fonksiyonu için)



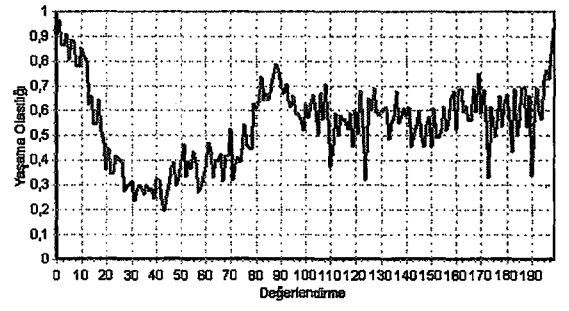
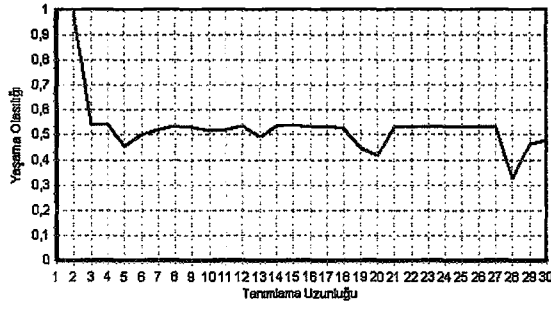
Şekil 4.5.3. 2 noktalı çaprazlamanın Hammersley sözde rassal populasyonlar üzerindeki etkileri (f_2 fonksiyonu için)



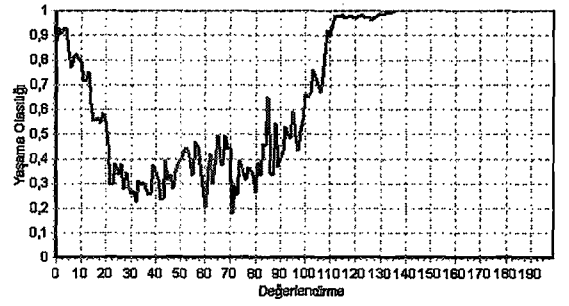
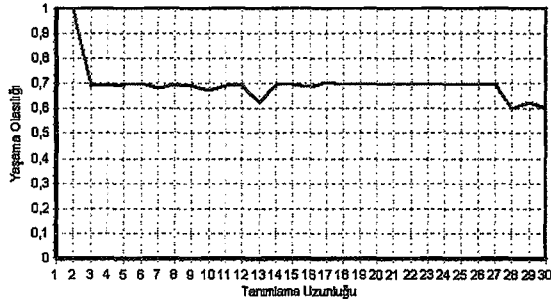
Şekil 4.5.4. 2 noktalı çaprazlamanın Ortogonal populasyonlar üzerindeki etkileri (f_2 fonksiyonu için)

Tek noktalı çaprazlamanın şemalar üzerindeki etkileri görüldükten sonra, 2, 3 ve 4 noktalı çaprazlama kullanılarak yine değişik mertebelerden şemalar üzerindeki etkileri incelenmiştir.

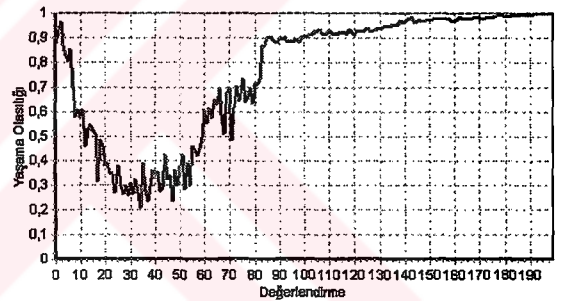
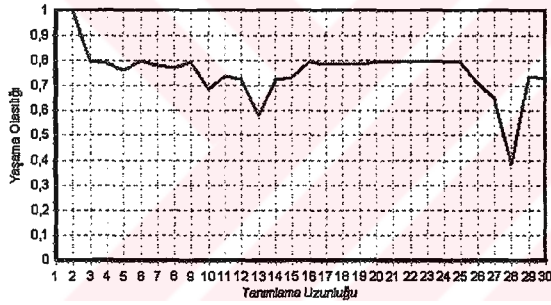
Şekillerde 2 noktalı çaprazlamanın 2. mertebeden şemalar üzerindeki etkileri gösterilmiştir (Şekil 4.5.1-4). Başlangıç populasyonları açısından bakıldığında tanımlama uzunluğu arttıkça genellikle şemaların yaşamlarını sürdürme ihtimalleri de artış göstermiştir. Bu beklenen bir durumdur, çünkü tanımlama uzunluğu arttıkça iki kesim noktasının bu aralık arasına gelme ihtimali artar ve şemanın bozulma ihtimali azalır. Yapılan uygulamalar da bunu doğrulamaktadır. Ortalamaya bakıldığında ise, şemaların yaşama olasılıklarının genelde 0.5' in altına düşmediği görülür. Genellikle 70 nesle kadar şemalar değişiklik göstermiştir, bu da iki noktalı çaprazlamanın çift çaprazlama olayına rağmen çeşitliliği iyi sağladığının bir göstergesidir.



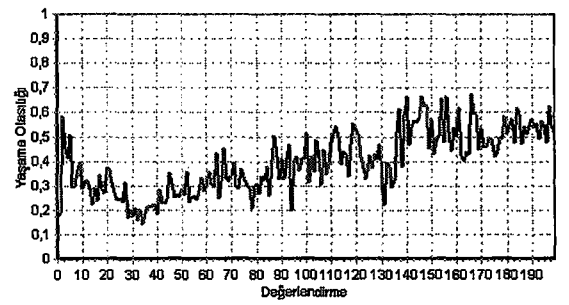
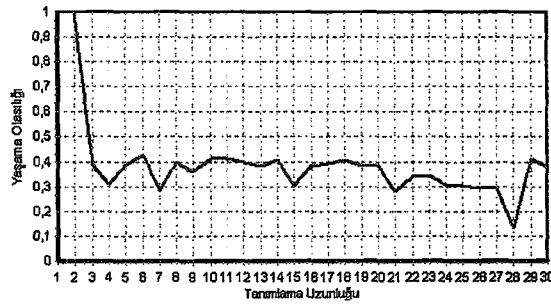
Rassal populasyon



Halton sözde rassal populasyon

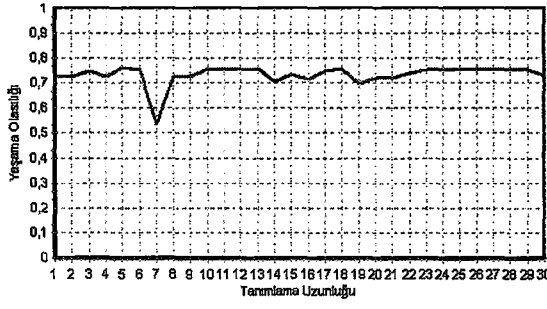


Hammersley sözde rassal populasyon

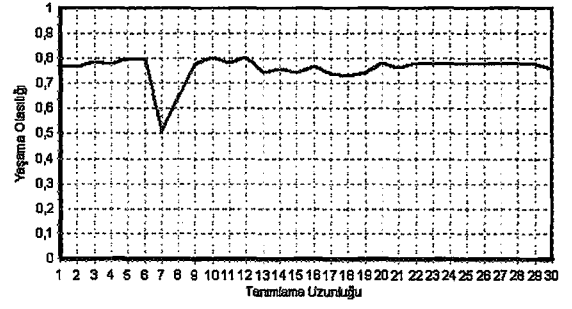


Ortogonal populasyon

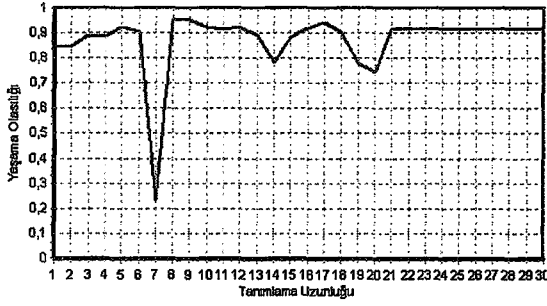
Şekil 4.6. 3 noktalı çaprazlamanın 4. mertebeden şemalar üzerindeki etkileri (f_2 fonksiyonu için)



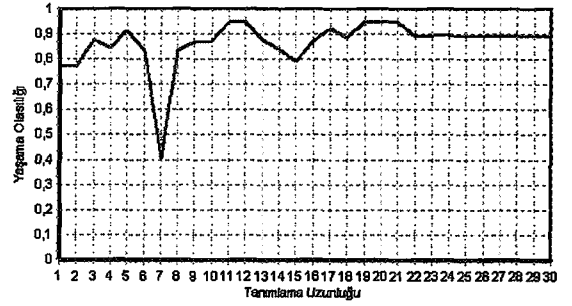
Rassal populasyon



Halton sözde rassal populasyon

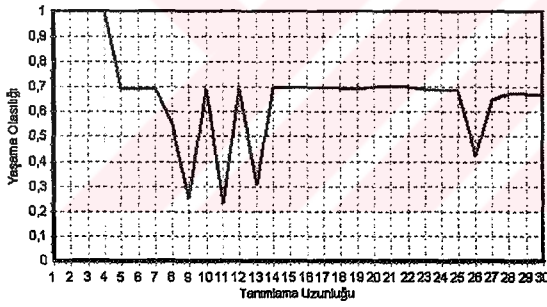


Hammersley sözde rassal populasyon

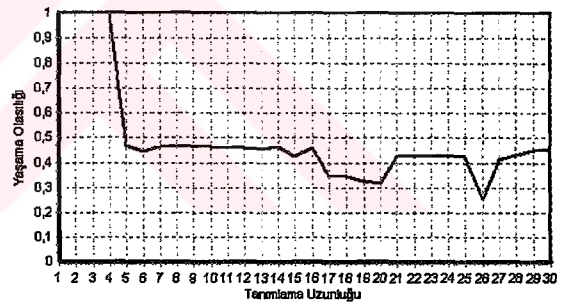


Ortogonal populasyon

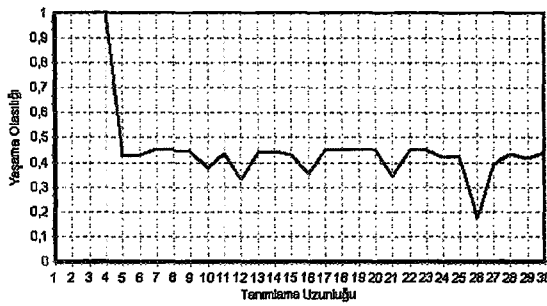
Şekil 4.7. 5 noktalı çaprazlamanın 2. mertebeden şemalar üzerindeki etkileri (f_2 fonksiyonu için)



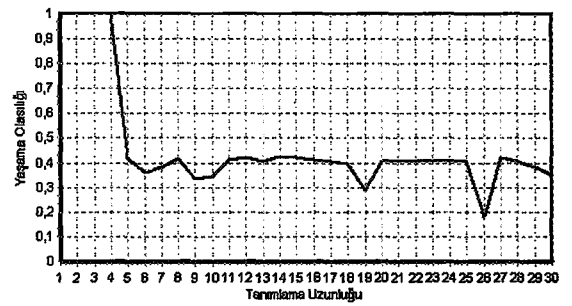
Rassal populasyon



Halton sözde rassal populasyon

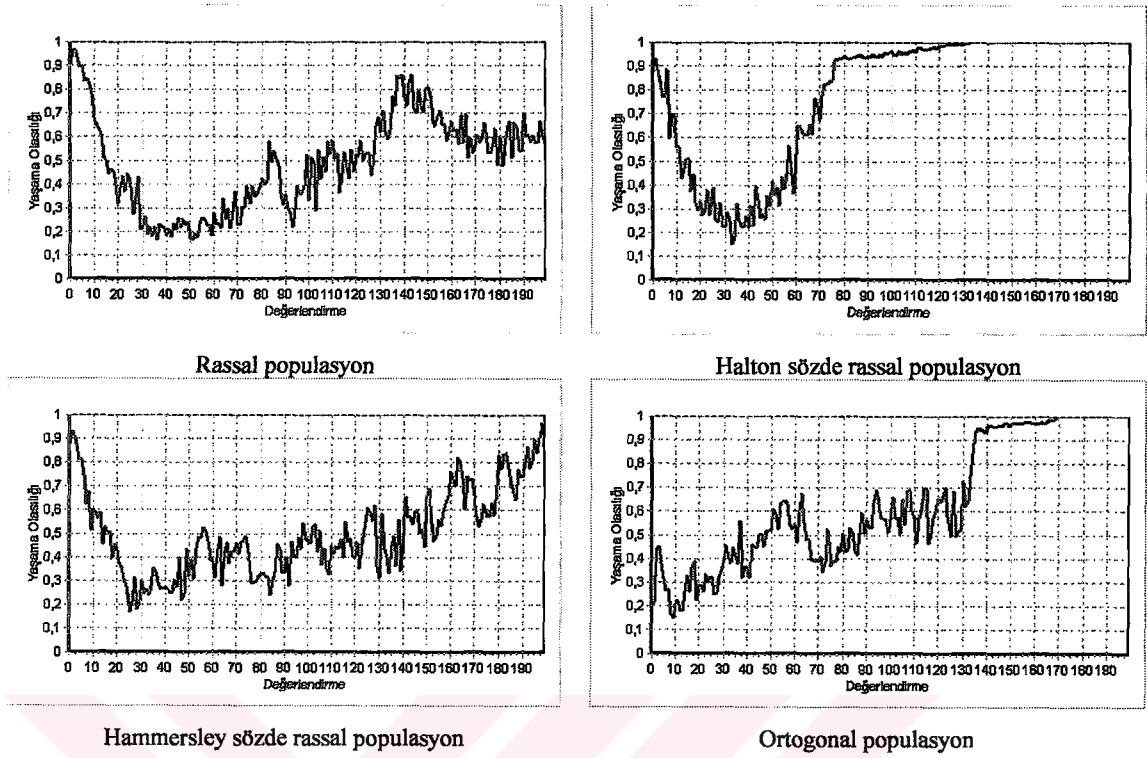


Hammersley sözde rassal populasyon

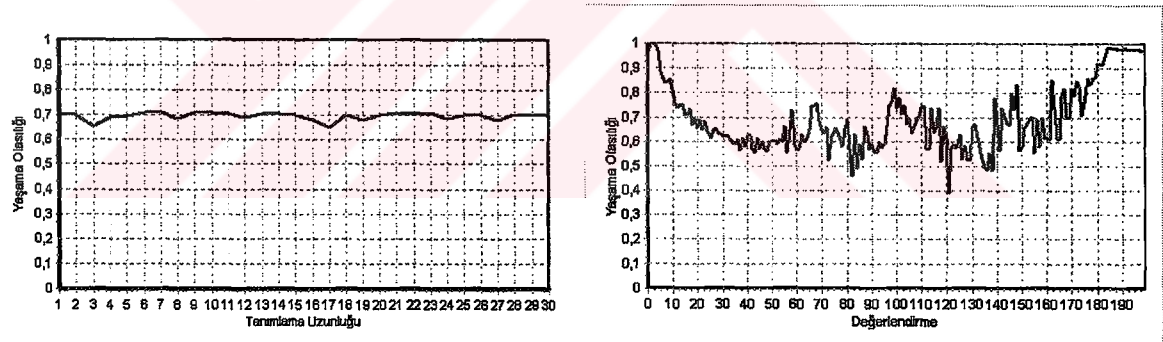


Ortogonal populasyon

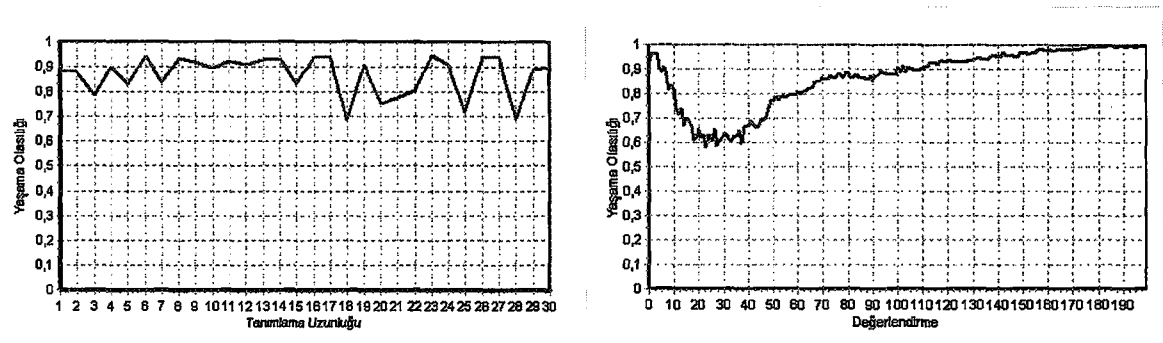
Şekil 4.8. 6 noktalı çaprazlamanın 6. mertebeden şemalar üzerindeki etkileri (f_3 fonksiyonu için)



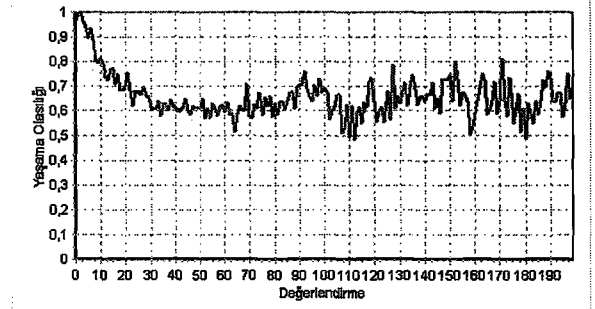
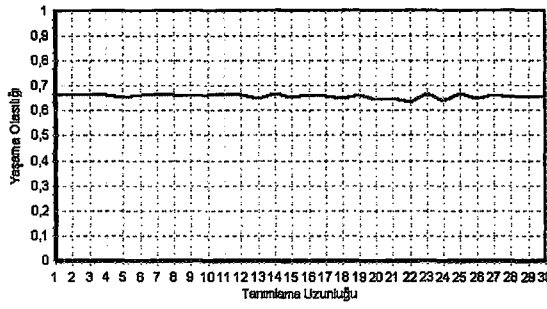
Şekil 4.9. 4 noktalı çaprazlamanın 5. mertebeden şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)



Şekil 4.10.1. Düzenli çaprazlamanın 2. mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)

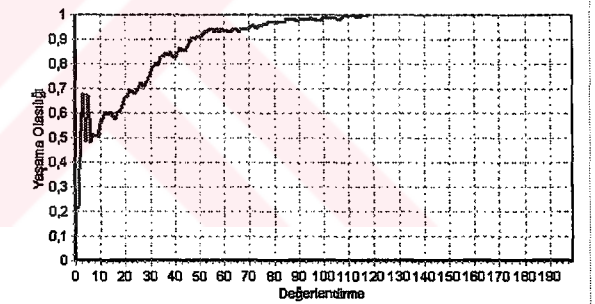
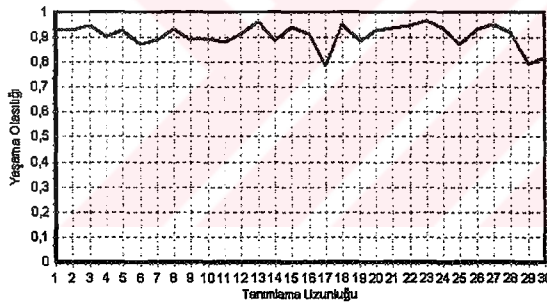


Şekil 4.10.2. Düzenli çaprazlamanın 2. mertebeden Halton sözde rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)



Şekil 4.10.3. Düzenli çaprazlamanın 2. mertebeden Hammersley sözde rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)

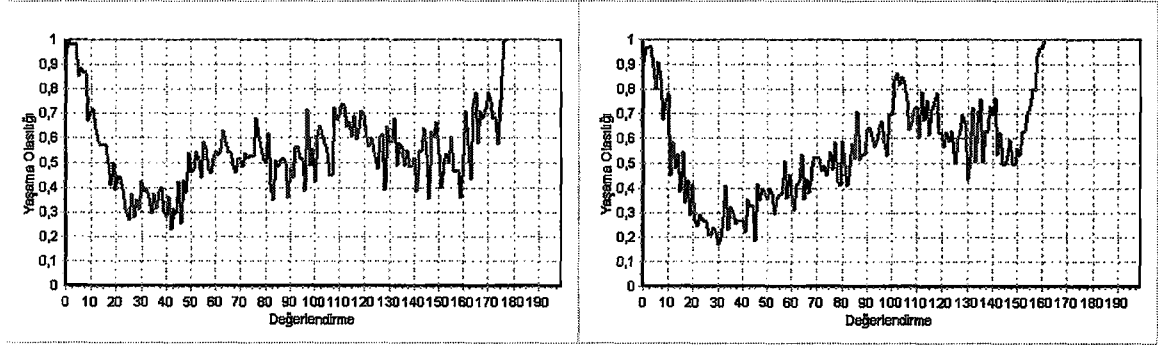
Şekil 4.6-9' da değişik şema mertebelerine karşılık n noktalı çaprazlamalar uygulanmıştır. Şema mertebesi arttıkça çaprazlamanın şema üzerindeki bozucu etkisi de artmaktadır. Yüksek mertebeden şemalar için çaprazlama nokta sayısının pek önemi yoktur, tanımlayıcı gen sayısı fazla olduğu için, kesim noktalarının herhangi bir tanımlayıcı genin yerini değiştirme ihtimali oldukça yüksektir. Son olarak düzenli (uniform) çaprazlamanın 2, 3 ve 4 mertebeden şemalar üzerindeki etkileri gösterilmiştir.



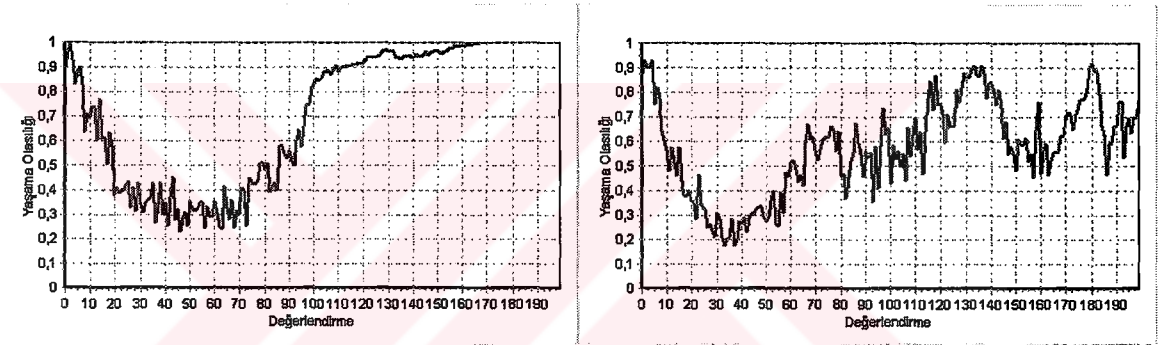
Şekil 4.10.4. Düzenli çaprazlamanın 2. mertebeden ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)

n -noktalı çaprazlamanın aksine düzenli çaprazlama ortogonal populasyon üzerinde az etkili olmuştur. Şemalar hızla birbirlerine benzemeye başlamış ve çaprazlama sonrası şemaların yaşamlarını sürdürme ihtimali yükselmiştir (Şekil 4.10.4). Şekil 4.10.1 ve 3' ye göre düzenli çaprazlama 2. mertebeden şemalarda en çok rassal ve Hammersley sözde rassal poulasyonların şemaları üzerinde etkili olmuştur; şemayı bozucu bir etkisi olmuştur. Fakat tanımlama uzunluklarına göre bakıldığında şemanın yaşama olasılığının tanımlama uzunluğuna bağlı olmadığı görülmektedir (Şekil 4.10.1-4). Bunun sebebi düzenli çaprazlamada belirli bir kesim noktasının olmamasıdır. Her genin yerdeğiştirme ihtimali vardır, bu nedenle de tanımlama uzunluğundan bağımsızdır. Daha belirli olması açısından düzenli çaprazlama 3 ve 4.

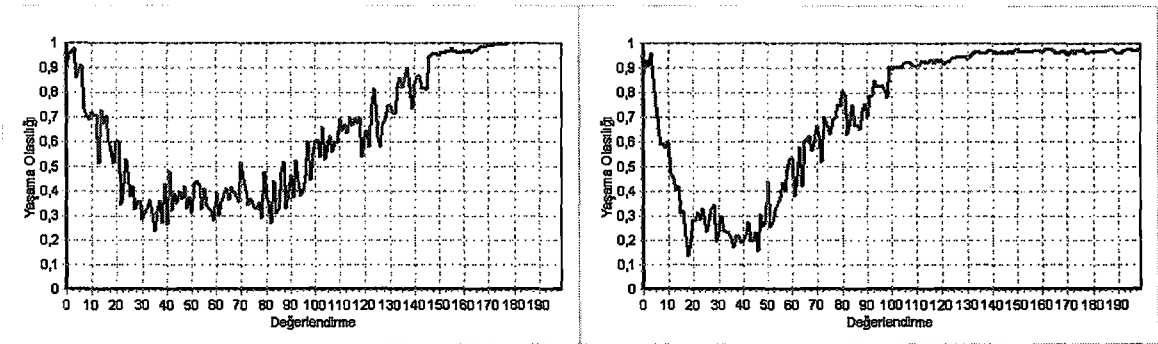
mertebeden şemalar üzerinde de incelenmiştir. Tanımlama uzunluğuna bağlı olmadığı için düzenli çaprazlamada sadece nesiller boyunca şemaların yaşamını sürdürme olasılığı incelenmiştir (Şekil 4.11.1-4).



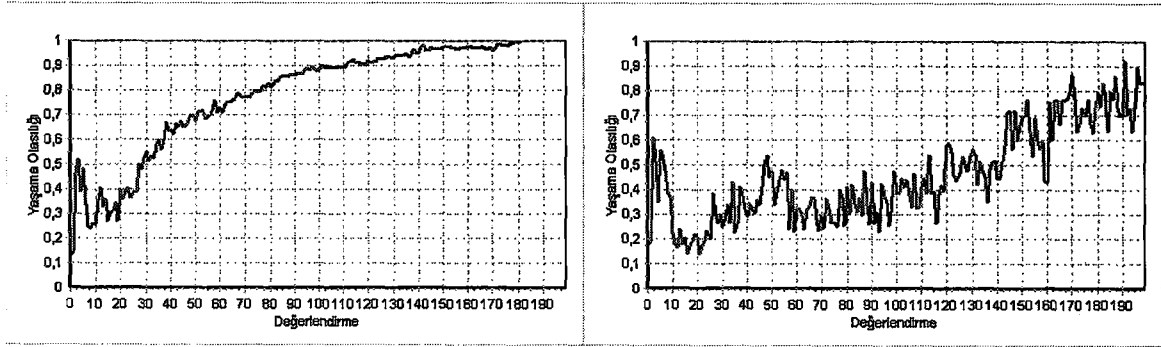
Şekil 4.11.1. Düzenli çaprazlamanın 3. ve 4. mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)



Şekil 4.11.2. Düzenli çaprazlamanın 3. ve 4. mertebeden Halton sözde rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)



Şekil 4.11.3. Düzenli çaprazlamanın 3. ve 4. mertebeden Hammersley sözde rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)



Şekil 4.11.4. Düzenli çaprazlamanın 3. ve 4. mertebeden ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)

Düzenli çaprazlama şemaya yıkıcı etkiye bulunmuştur. Düzenli çaprazlamadan en fazla ortogonal populasyon şemaları etkilenmiştir. Özellikle de şemanın mertebesinin yüksek olması ortogonal populasyonu daha fazla etkilemiştir.

Tablo 4.1. f_1 fonksiyonu için en iyi sonuçlar

f_1	En İyi Uygunluk (Değerlendirme sayısı - Sonuç)				
	1 noktalı çaprazlama	2 noktalı çaprazlama	3 noktalı çaprazlama	4 noktalı çaprazlama	Düzenli çaprazlama
Rassal populasyon	4350 2501,72	2150 2385,3	1800 2300,1	1450 2305,34	3150 2793,03
Halton sözde-rassal populasyon	1150 2705,6	3600 2764,21	2150 2737,87	1350 2709,49	3100 2793,03
Hammersley sözde-rassal populasyon	2000 2842,56	1050 2846,46	950 2912,95	2500 2666,49	3400 2631,0
Ortogonal populasyon	1800 3001,17	1350 2898,67	850 2840,09	2000 3006,91	1050 2794,15

Bu durumda, f_1 fonksiyonu için sadece çaprazlama kullanılmasıyla elde edilen genetik algoritma sonuçları Tablo 4.1' de görülmektedir. Tablodan da görülebileceği gibi ortogonal populasyon her çaprazlama türünde daha iyi sonuçlar vermiştir. Halton ve Hammersley sözde rassal populasyonlar ortogonala göre daha kötü sonuç vermiştir, ama rassal populasyona göre daha tutarlı sonuçlar vermiştir. Çaprazlama noktasının artırılması algoritmayı kötüye götürmüştür. Rassal populasyon ise tutarsızdır, bazen çok iyi sonuçlar verirken bazen kötü sonuçlar vermiştir. Bu durumda çaprazlamanın en fazla ortogonal populasyonlar üzerinde etkili olduğunu çeşitliliği iyi sağladığı fakat iyi şema yapılarını dağıttığı söylenebilir.

Tablo 4.2. f_2 fonksiyonu için en iyi sonuçlar

f_2	En İyi Uygunluk (Değerlendirme sayısı - Sonuç)				
	1 noktalı çaprazlama	2 noktalı çaprazlama	3 noktalı çaprazlama	4 noktalı çaprazlama	Düzenli çaprazlama
Rassal populasyon	10100	1200	1260	5000	5000
	1945,75	1732,50	1557,17	1570,52	1818,66
Halton sözde- rassal populasyon	2100	1000	2150	3500	4000
	1761,84	1555,56	1611,27	1565,21	1768,27
Hammersley sözde-rassal populasyon	2500	1200	2500	3000	3000
	1641,74	1762,70	1507,66	1484,27	1525,13
Ortogonal populasyon	3000	1500	2500	2500	3600
	2500,12	2500,71	2285,26	2514,27	2337,10

Tablo 4.3. f_3 fonksiyonu için en iyi sonuçlar

f_3	En İyi Uygunluk (Değerlendirme sayısı - Sonuç)				
	1 noktalı çaprazlama	2 noktalı çaprazlama	3 noktalı çaprazlama	4 noktalı çaprazlama	Düzenli çaprazlama
Rassal populasyon	1350	1200	1450	1950	2800
	68,03	63,92	62,65	57,05	57,92
Halton sözde- rassal populasyon	1500	2000	1350	2300	1000
	105,64	106,41	104,46	104,04	89,39
Hammersley sözde-rassal populasyon	1450	1400	750	2650	2300
	105,54	104,36	104,54	108,27	104,31
Ortogonal populasyon	1000	850	1050	1050	1300
	196,65	174,97	191,27	191,69	188,18

Tablolar incelendiğinde, genel olarak çaprazlama noktası arttırıldığında uygunluk değerleri düşüş göstermiştir. Çaprazlama noktası arttırıldığında şemaların daha fazla bozulduğu bilinmektedir, o zaman özellikle sözde-rassal populasyonlarla ortogonal populasyonların iyi şema yapıları oluşturduğu söylenebilir, çaprazlama şemaya ne kadar bozucu etkide bulunursa, uygunluk değerleri düşer.Yapılan çalışmada belirli bir nesilden sonra çaprazlama özel başlangıç populasyonlarının oluşturduğundan daha kötüye gitmiştir.

5. MUTASYONUN BAŞLANGIÇ POPULASYONLARI ÜZERİNDEKİ ETKİLERİ

Mutasyon, GA' da çok düşük oranlarla kullanılan fakat GA için vazgeçilmez olan bir operatördür. Mutasyon sonucun sürekli kendini kopyalamasını engellemek amacıyla kullanılır ve bunu varolmayan bilgiyi kromozoma ekleyerek gerçekleştirir. Böylece uygulandığı genin yapısı tamamen değişebilir. Bunun sonucunda, çözüm sürekli olarak aynı bölgeyi taramaz, bazen büyük bazen küçük sıçramalar yaparak uzayda diğer bölgelere de geçebilir.

Mutasyon oranı da çok önemlidir, genlere hangi olasılıkla uygulanacağını belirler. Genellikle düşük mutasyon oranları seçilir. Eğer bu oran büyük seçilirse, varolan faydalı bilgileri kaybetme olasılığı ortaya çıkabilir, genlerin değerleri sürekli değişeceğinden dolayı potansiyel çözümler sürekli farklı bölgelere sıçramalar yapar ve tutarlı bir ilerleme gerçekleştiremeyeceği için iyi sonuçlara ulaşma ihtimali azalabilir veya genetik süreç uzayabilir. O zaman düşük mutasyon oranının GA için “faydalı mutasyon”, yüksek mutasyon oranının da “zararlı mutasyon” anlamına geldiği söylenebilir.

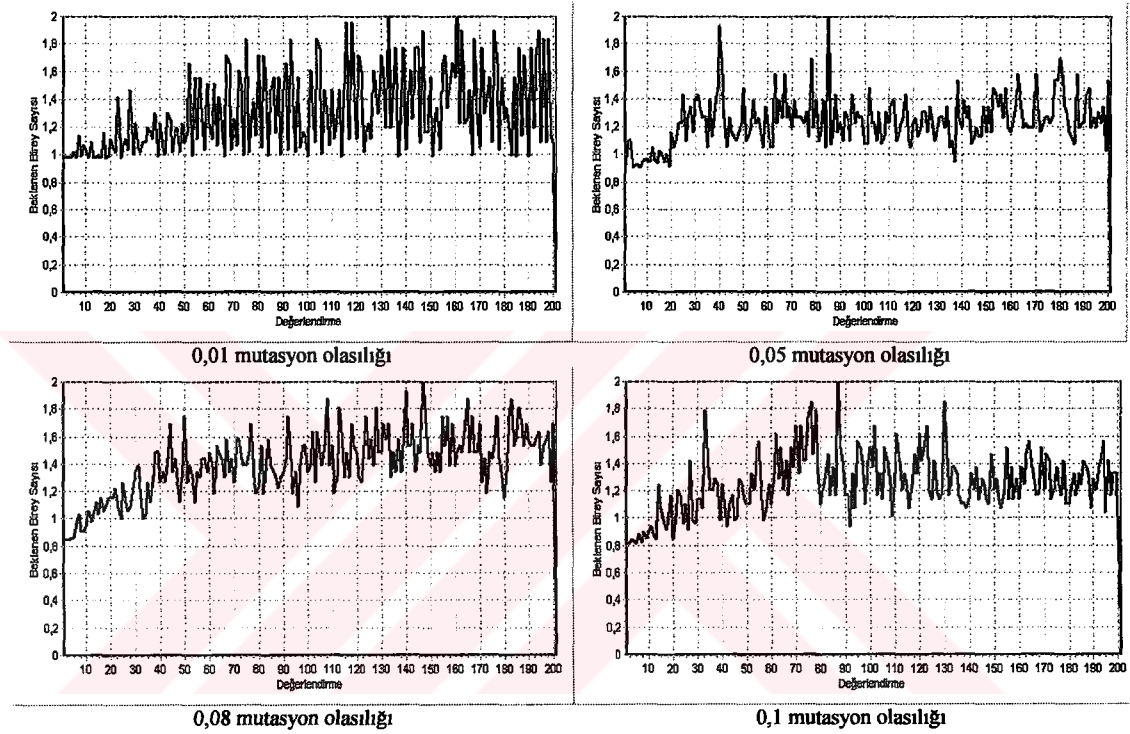
Peki mutasyon şemayı nasıl etkiler? Mutasyon tek atalı bir operatördür. Gen bazında uygulandığından, şemanın tanımlama uzunluğundan bağımsız olacağı şüphesizdir. Fakat çaprazlamaya uygun olması bakımından 2 atalı olarak düşünülmüştür [15].

Mutasyonun şema üzerindeki etkisini görebilmek için mutasyon sonucunda şemaya ait beklenen birey sayısı populasyon homojenliğine dayalı olarak, bölüm 3' deki denklem (3.27) kullanılarak hesaplanmıştır.

Bu bölümde farklı mutasyon oranları kullanarak mutasyonun farklı mertebelerden şemalar üzerindeki etkileri nesiller boyunca hesaplanmış ve grafiklerle gösterilmiştir. Her bir populasyon türü için 4 farklı mutasyon olasılığı kullanılmıştır; 0.01, 0.05, 0.08, 0.1 ve bu olasılıkların 2, 3, 4, 5 ve 6. mertebeden şemalar üzerindeki etkileri gözlemlenmiştir.

Bu grafikler sadece bir şema için geçerli değildir; yapılan hesaplamalarda bütün n. mertebeden şemalar için hesaplanmış ve grafik için bunların ortalamaları alınmıştır. Şemaya ait birey sayısının reel sayıları kapsamasının sebebi budur (örneğin şemaya ait birey sayısının 0.8 olması gibi). Her bir nesilde çaprazlama kullanılmış ve ardından çaprazlama sonucu elde edilen bireyler üzerine mutasyon uygulanmıştır. Şekil 5.1' de rassal populasyon için mutasyonun 2. mertebeden şemalar üzerindeki etkisi görülmektedir. 0.01 oranının şema üzerinde herhangi bir yıkıcı etkisi olmamıştır. Nesiller boyunca şemaya ait birey sayısı artmış, dolayısıyla şemanın yaşamını sürdürme ihtimali de artmıştır. Birçok nesilde şemaya ait birey sayısı 2 olmuştur, bu da mutasyonun tanımlayıcı genlere uygulandığını ve mutasyon sonucunda genin tanımlayıcı gen değerini aldığı söylenebilir. Mutasyon oranı arttırıldığında (0.05) şemaya ait birey sayısı 2' nin altına düşmüştür, fakat halen eldeki şema bozulmamıştır, ancak mutasyon sonucunda elde

edilen birey şemaya ait olmamıştır. Yüksek mutasyon olasılıklarının şemayı bozucu etkisinin daha fazla olması beklenir, 0.08 ve 0.1 mutasyon oranları düşünüldüğünde şemaya ait birey sayısının 1' in altında olması beklenir. Fakat şekilde de görüldüğü gibi birey sayısı artmış, hatta bazı nesillerde 2 olmuştur. O zaman bunun iki farklı nedeni olabilir, birincisi seçilen ata bireylerin zaten aynı şemaya ait olması ve mutasyonun da önemsiz genlere uygulanmış olması olabilir, ikinci nedeni de yine mutasyon sonucunda genin, mutasyondan önceki genle aynı alt uzay aralığında olması olabilir.

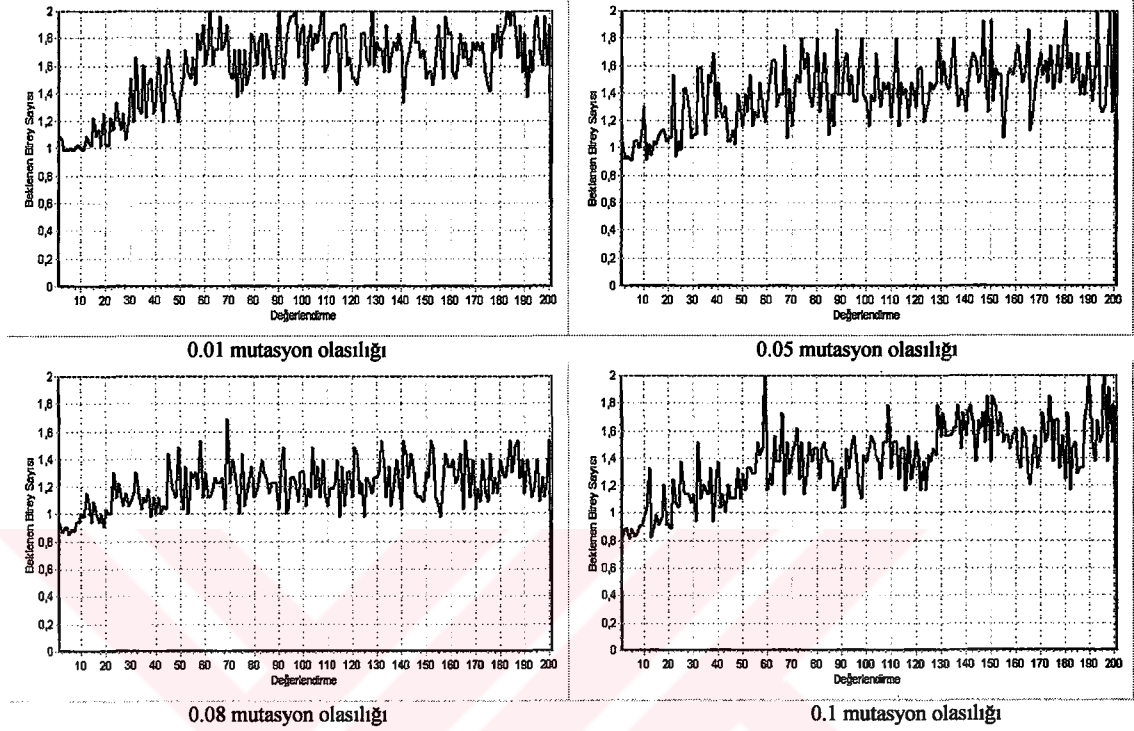


Şekil 5.1. Mutasyonun 2 mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)

Aynı mutasyon olasılıklarıyla Halton sözde rassal populasyonlara bakıldığında tamamında 2. mertebeden şemalar için mutasyon sonucunda elde edilen bireyler 1'in üzerindedir. Mutasyon olasılığının 0.08 olması Halton şemalar üzerinde genel olarak daha dağıtıcı rol oynamıştır (Şekil 5.2).

Hammersley populasyon da buna benzer şekilde etkilenmiştir, en azından eldeki ata birey korunmuştur. Şekil 5.3' e bakıldığında Hammersley populasyonu en fazla etkileyen mutasyon oranı 0.05 olmuştur, şema en düşük birey sayısına bu olasılıkta erişmiştir. En az etkili olan da 0.01 olasılığı olmuştur.

Şekil 5.4, ortogonal populasyon şemaları üzerindeki etkiyi göstermektedir. Şemanın yaşamını sürdürme ihtimali en fazla ortogonal populasyonda olmuştur. Beklenen ortalama birey sayısı sürekli bir artış göstermektedir.



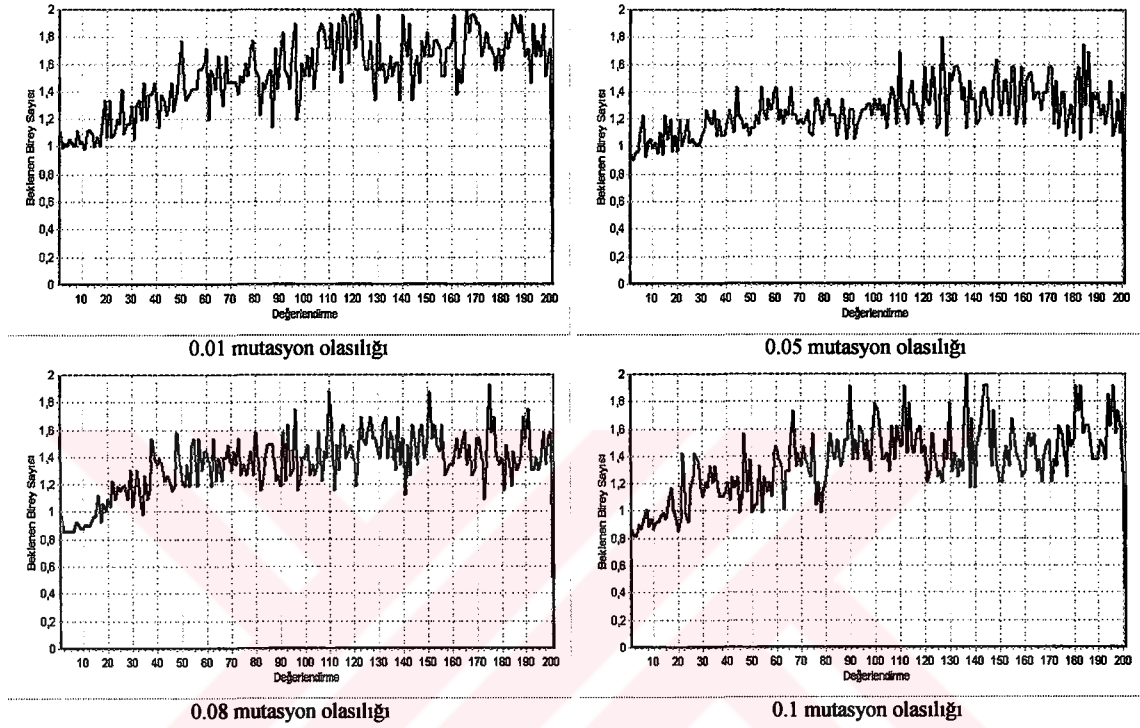
Şekil 5.2. Mutasyonun 2 mertebeden Halton sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)

2. mertebeden bu dört populasyona bakıldığında birbirlerine çok benzer etkiler gösterdikleri görülmüştür. Kromozom uzunluğu 30 olan bir GA için şemanın mutasyon sonucunda yaşamını sürdürmesi beklenen bir durumdur, çünkü mutasyona uğrayacak genlerin şemaya ait olan iki tanımlama genine rastlaması olasılığı oldukça düşüktür. Acaba şema mertebesi arttırıldığında bu durumda bir değişme gözlemlenecek midir?

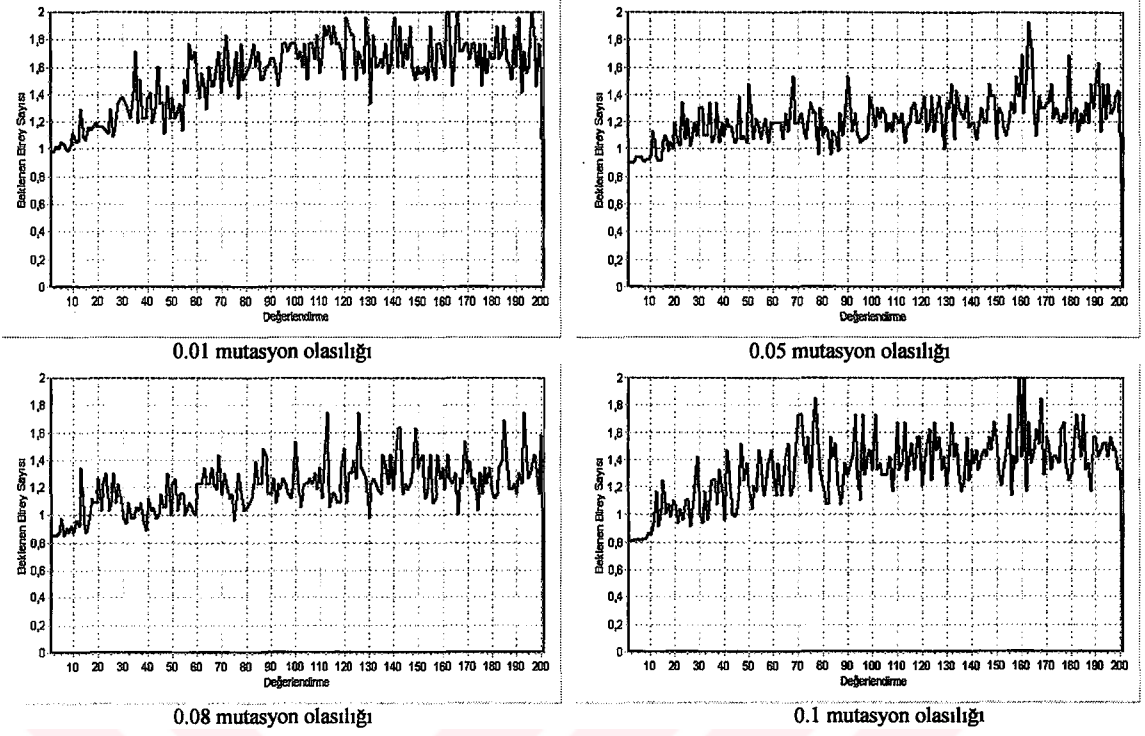
3. mertebeden şemalar dikkate alındığında rassal populasyon için şemaya ait birey sayısı 0.8 den başlamış giderek artmış ve 1' in altına hiç düşmemiştir. Fakat hiçbir zaman 2' ye ulaşamamıştır (Şekil 5.5). Nesiller boyunca beklenen birey sayısının artması ise, populasyonun gittikçe daha benzerlik göstermesi olarak açıklanabilir, yapılan iniş çıkışların sebebi de tanımlama genlerinin mutasyona uğraması olarak açıklanabilir.

Aynı olasılıklarla Halton populasyona bakıldığında, şemanın varlığını sürdürmesinin daha yüksek oranlarda olduğu görülmektedir (Şekil 5.6). Özellikle en yüksek mutasyon oranı olan 0.1 olasılığında şemanın yaşamını sürdürmesi olasılığı oldukça yüksektir. Hammersley populasyon için ise, şemaya ait beklenen birey sayısı en fazla 0.01 olasılığında gerçekleşmiştir

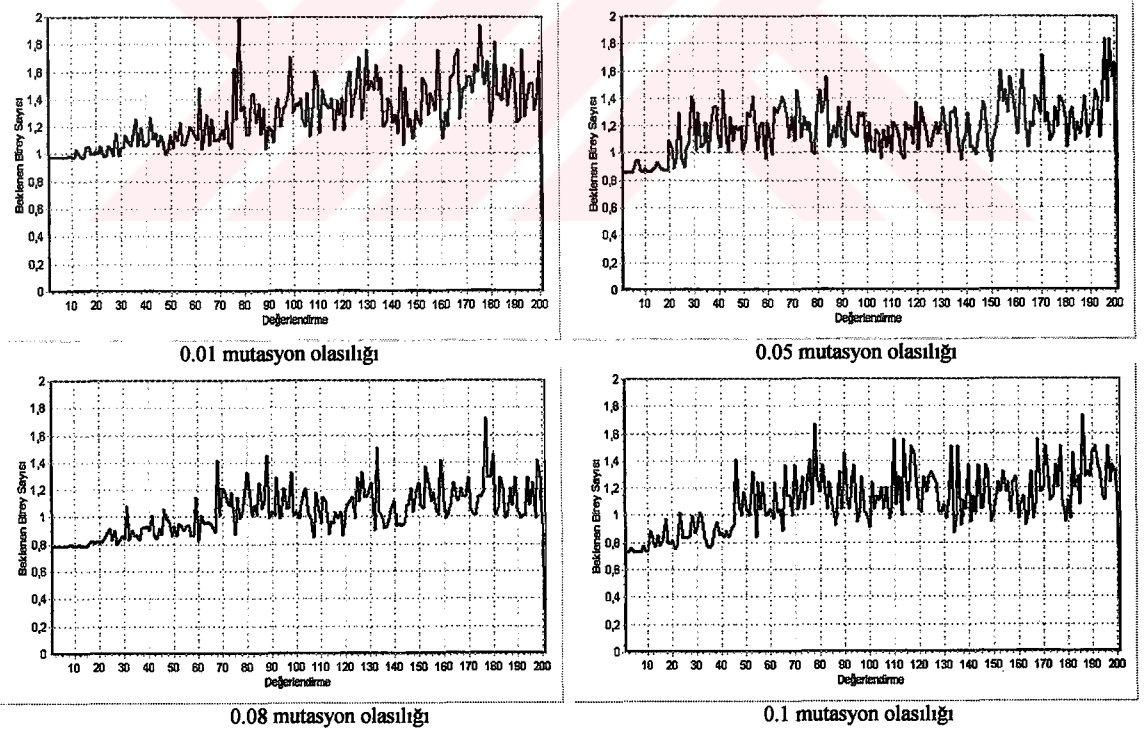
(Şekil 5.7). Özellikle 0.05 olasılığı şemayı genel olarak dağıtma eğilimi göstermiştir; birey sayısı 0.8 ile 1.2 arasında uzun süre kalmıştır, üstelik populasyon birbirine benzemeye başladığı zamanlarda bile şemayı koruyamamıştır. Ortogonal populasyon için ise (Şekil 5.8), Hammersley populasyonda 0.05 olasılığında gözlemlenen durumun (Şekil 5.7), 0.1 olasılığında görülmesidir. Ve birey sayısı yine 2'ye ulaşamamıştır.



Şekil 5.3. Mutasyonun 2 mertebeden Hammersley sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)

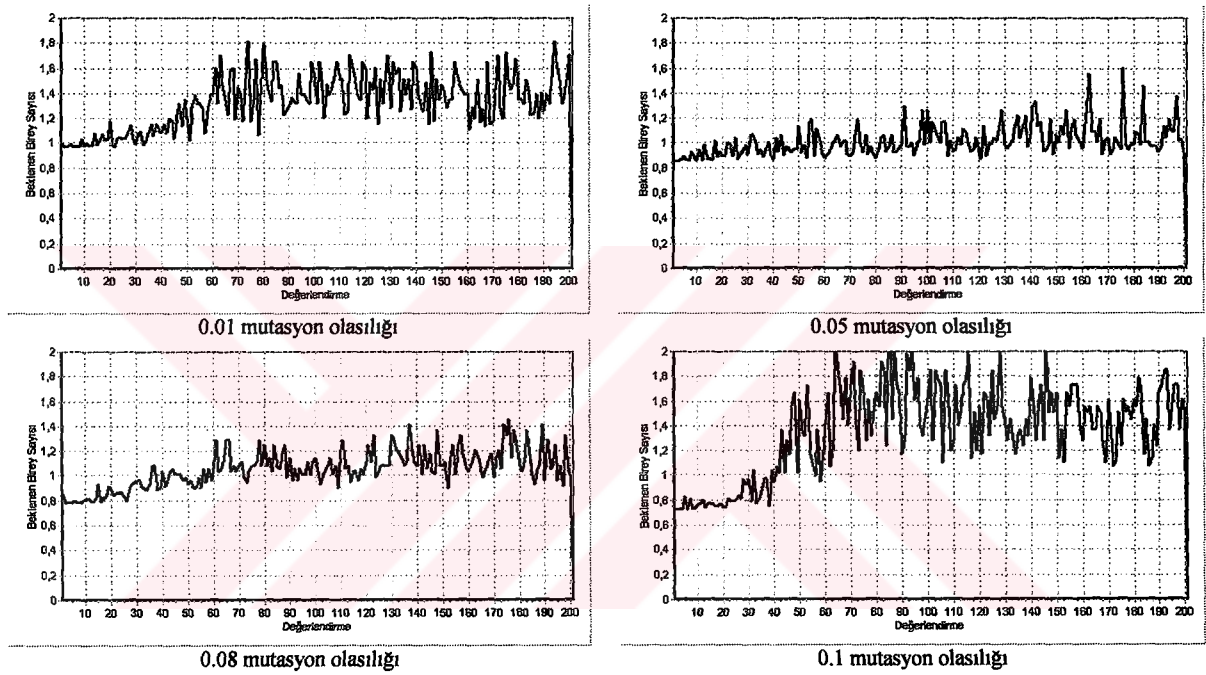


Şekil 5.4. Mutasyonun 2 mertebeden ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)

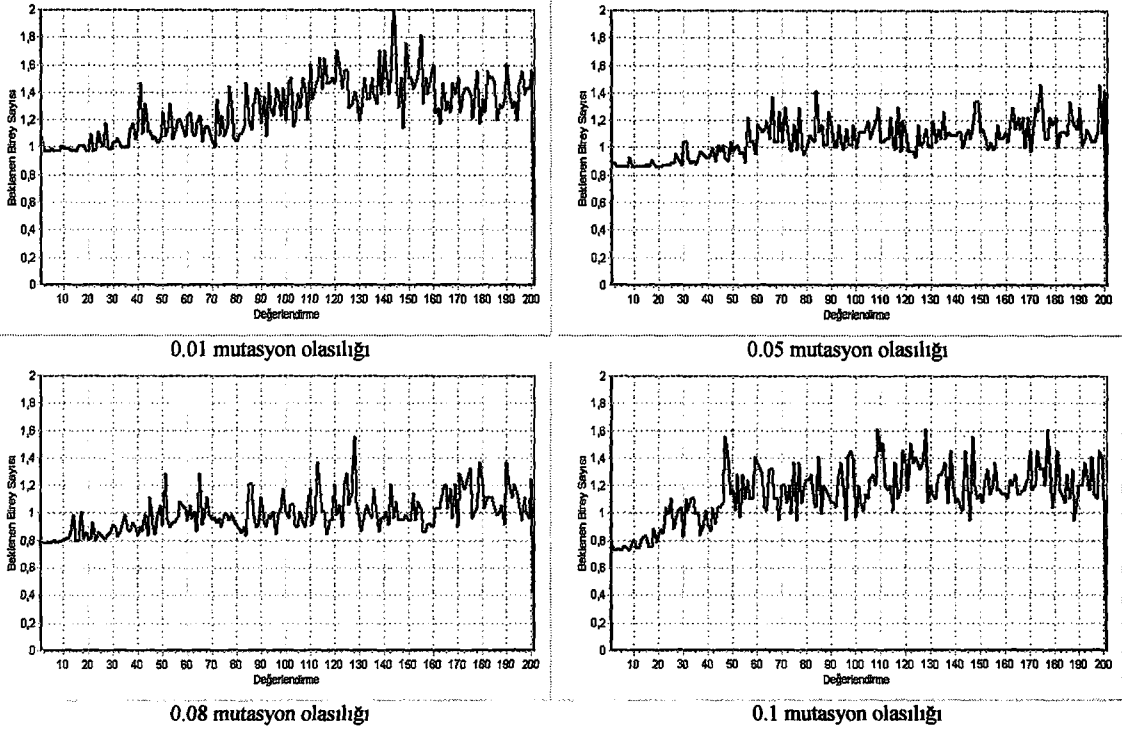


Şekil 5.5. Mutasyonun 3 mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_2 fonksiyonu için)

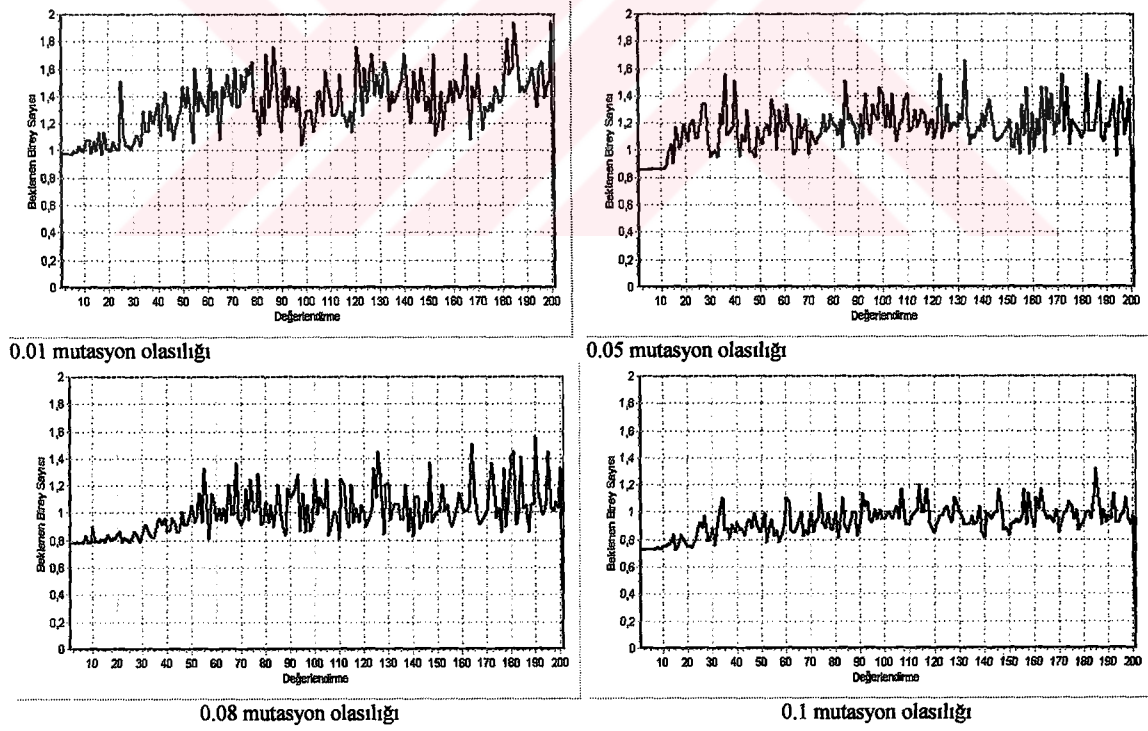
Şema mertebesi tekrar artırılmıştır. Bu kez 4. mertebeden şemalar incelenmiştir (Şekil 5.9-5.12). Tüm 4 populasyon için de benzer etkiler görülmektedir. Tabi ki mertebenin artırılması tek genin mutasyonu ile şema elde edilmesi olasılığını oldukça düşürür ve bununla birlikte şemanın yaşamını sürdürebilmesi için beklenen durum mutasyonun tanımlama genlerine denk gelmemiş olmasıdır. Şekillere bakıldığında bu durumun etkisi açıkça görülmektedir, 0.01 oranı hariç birey sayısı 0.6 lara kadar iniş göstermiş ve nesiller sonra büyük bir artış göstermemiştir (Şekil 5.9-5.12). 4. mertebeden şemalarını en iyi koruyan populasyon Halton populasyon olmuştur (Şekil 5.10). En kötü değeri 0.05 olasılığında göstermiş ancak bunda da 0.8' lerde sabit kalmıştır.



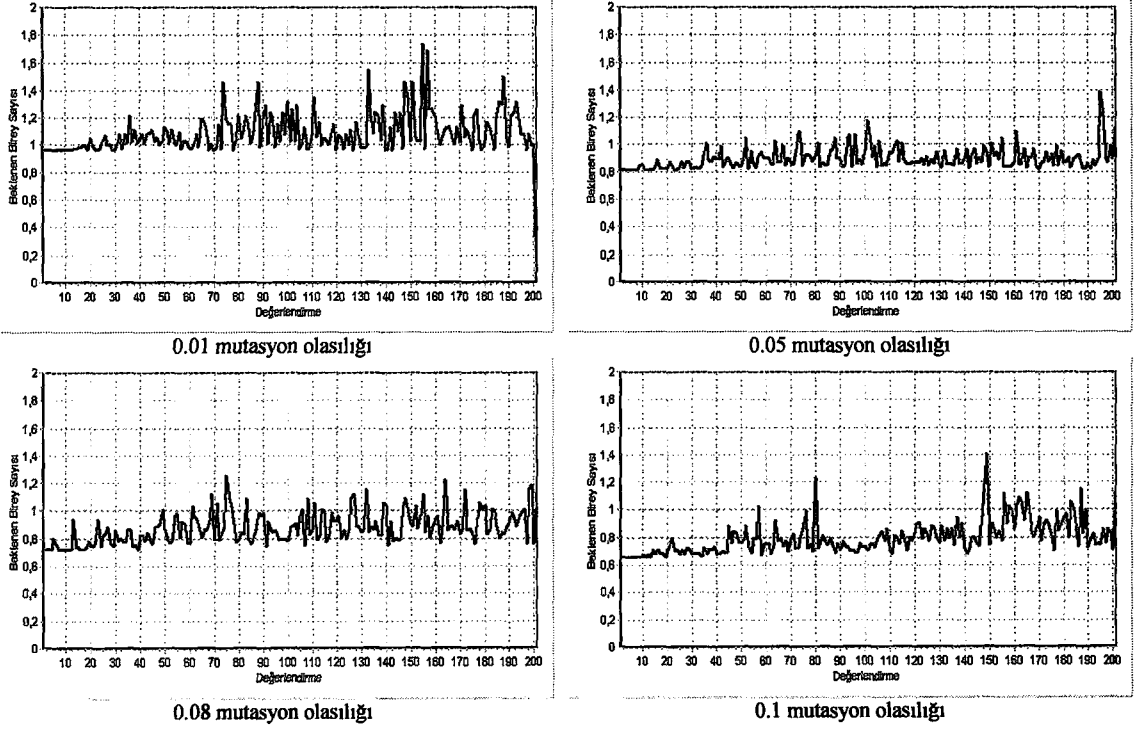
Şekil 5.6. Mutasyonun 3 mertebeden Halton sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_2 fonksiyonu için)



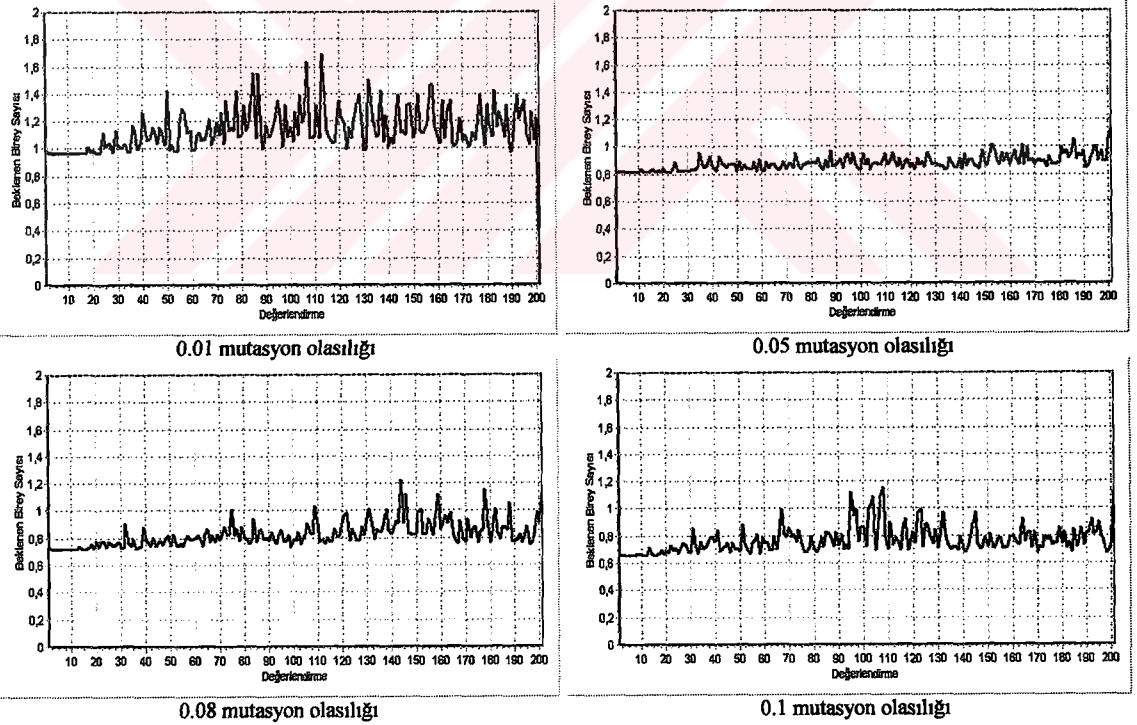
Şekil 5.7. Mutasyonun 3 mertebeden Hammersley sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_2 fonksiyonu için)



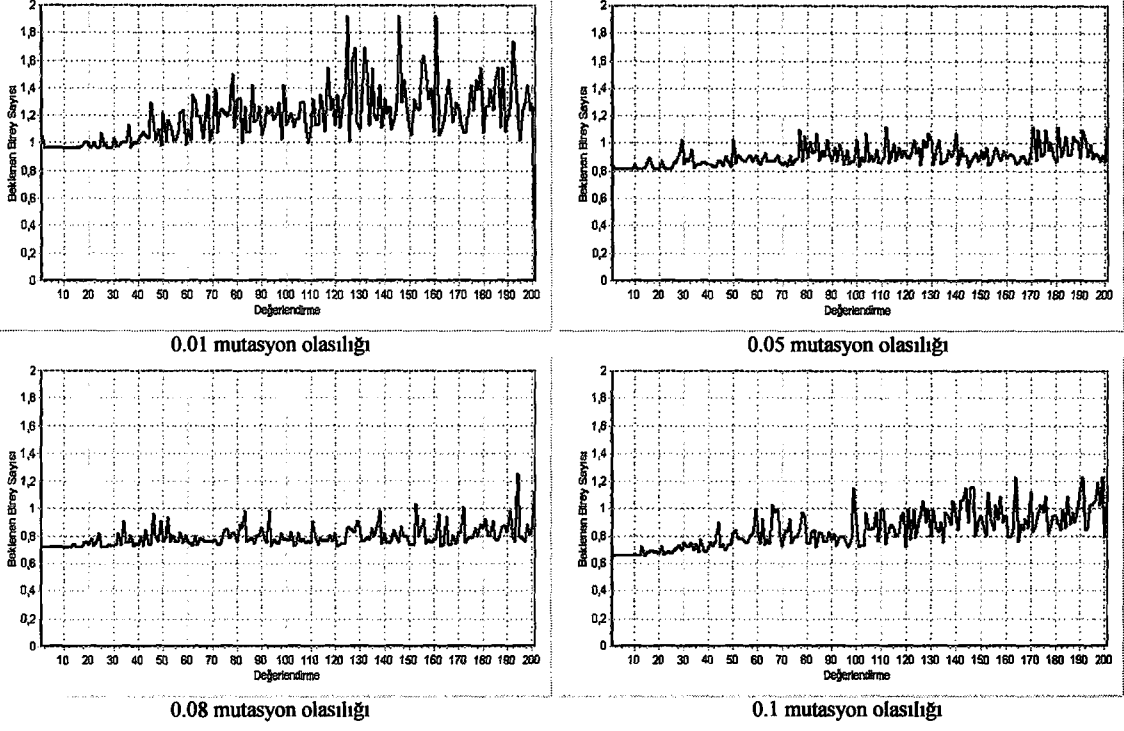
Şekil 5.8. Mutasyonun 3 mertebeden Ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_2 fonksiyonu için)



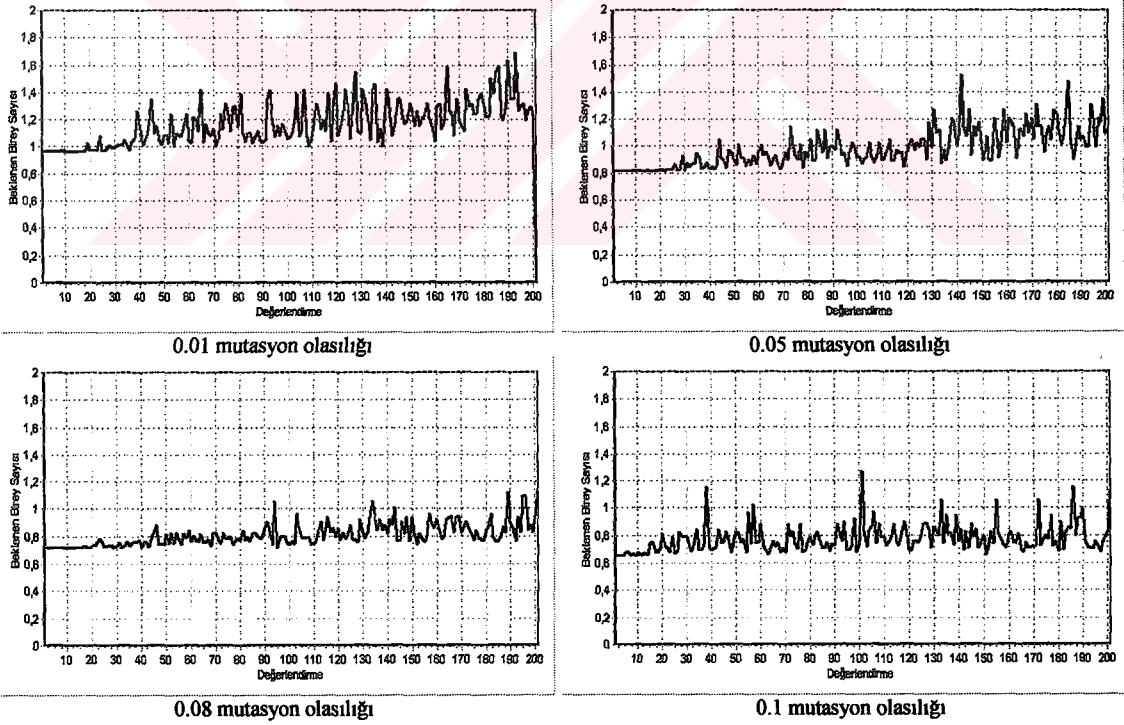
Şekil 5.9. Mutasyonun 4 mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)



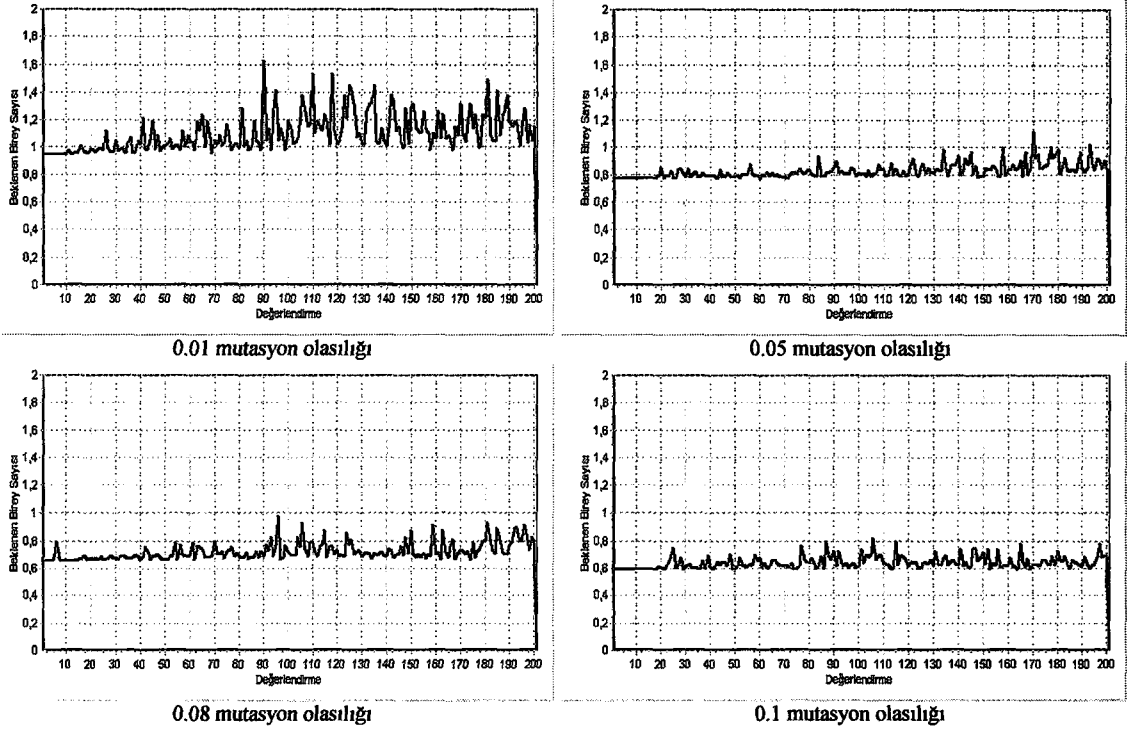
Şekil 5.10. Mutasyonun 4 mertebeden Halton sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)



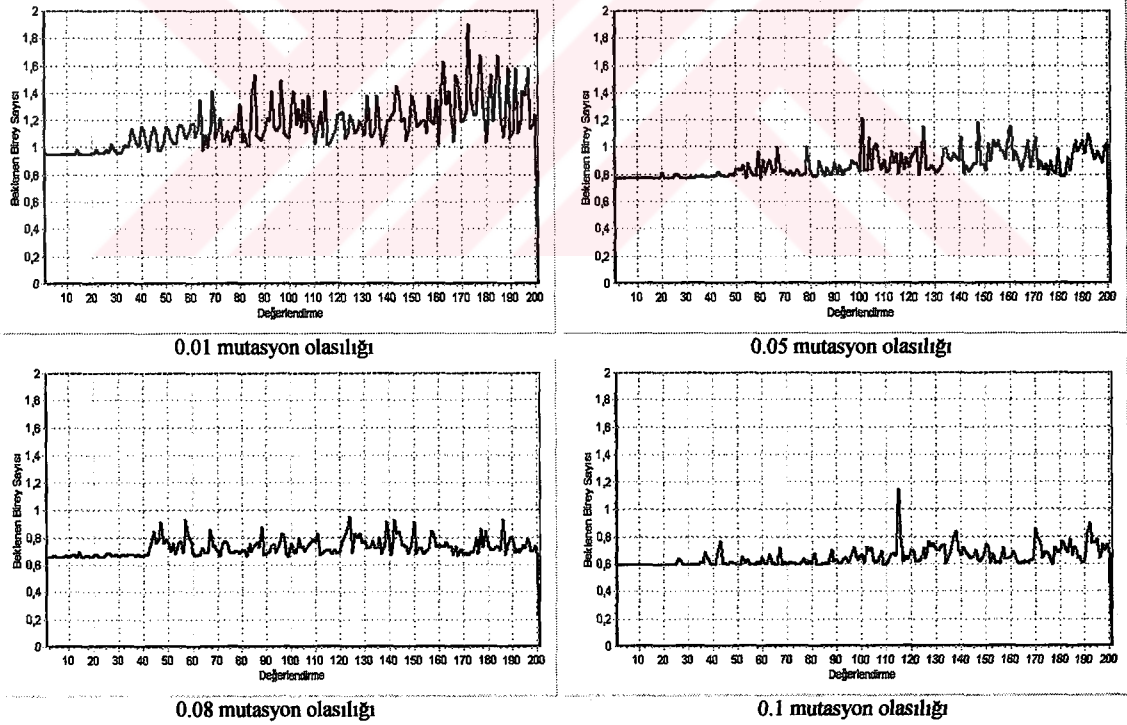
Şekil 5.11. Mutasyonun 4 mertebeden Hammersley sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)



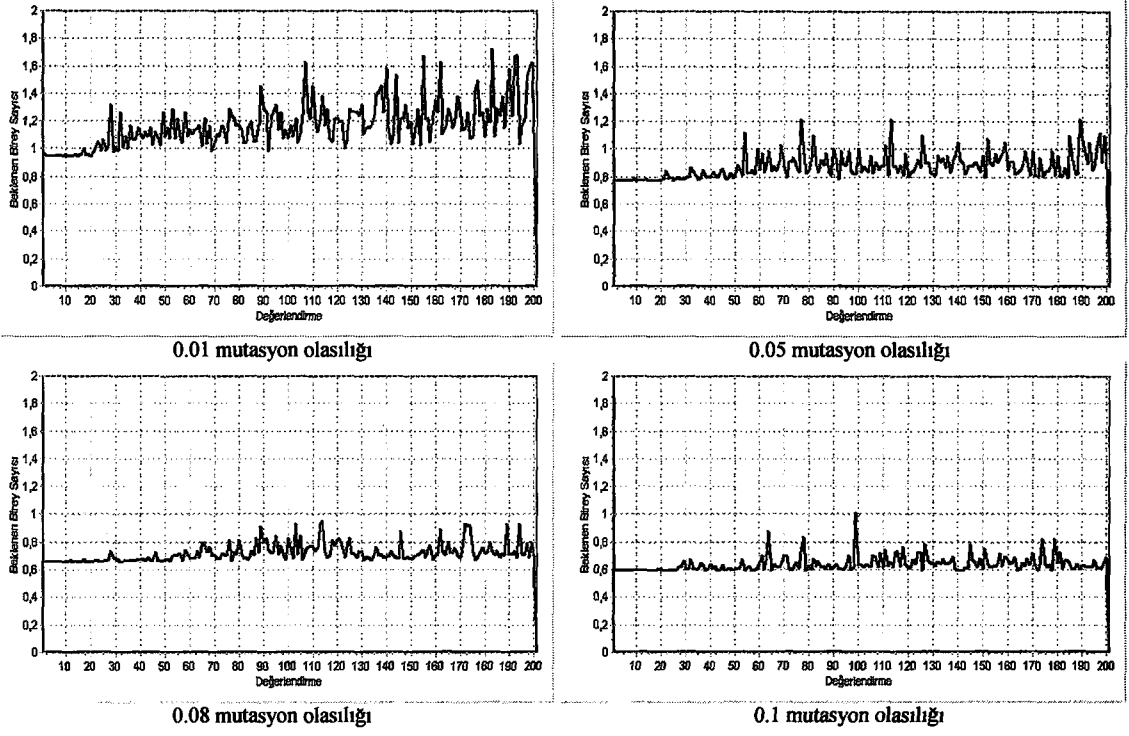
Şekil 5.12. Mutasyonun 4 mertebeden ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)



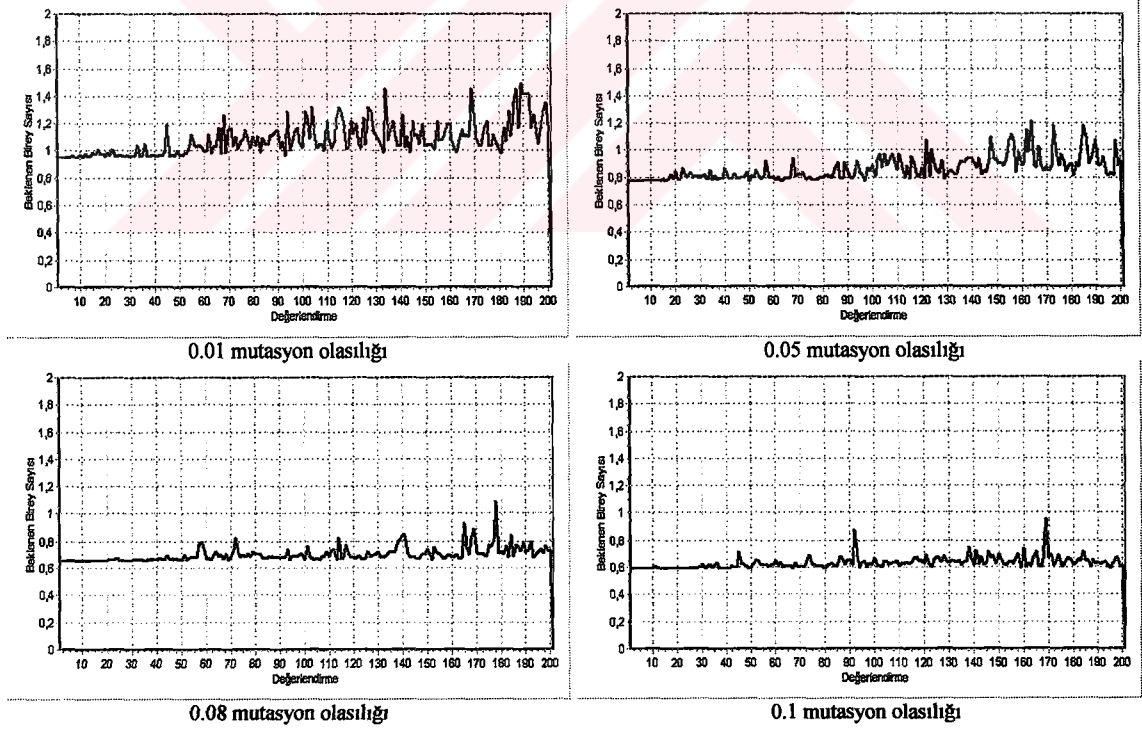
Şekil 5.13. Mutasyonun 5 mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)



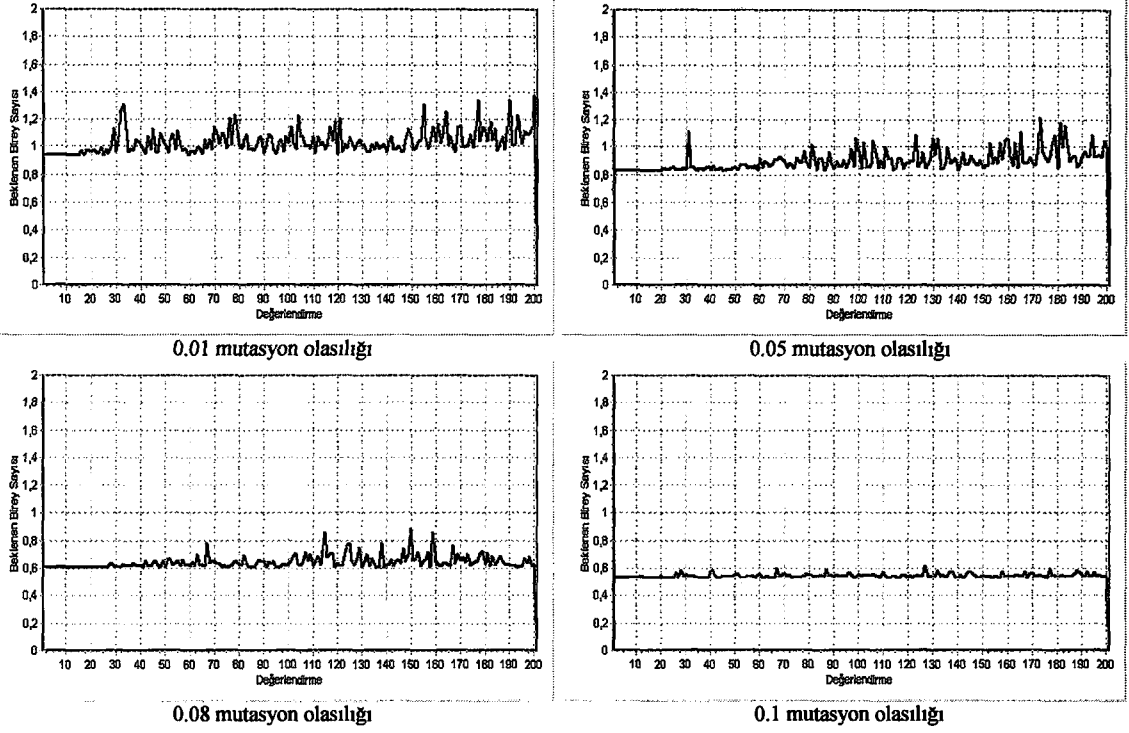
Şekil 5.14. Mutasyonun 5 mertebeden Halton sözde- rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)



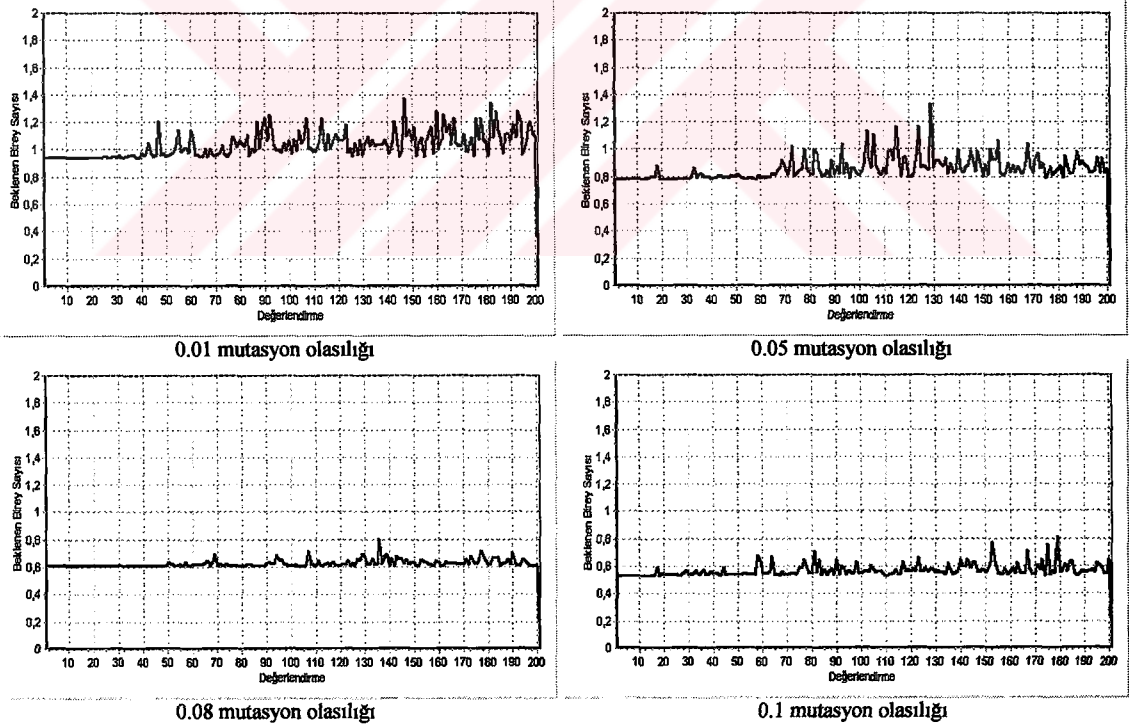
Şekil 5.15. Mutasyonun 5 mertebeden Hammersley sözde- rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)



Şekil 5.16. Mutasyonun 5 mertebeden ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_3 fonksiyonu için)



Şekil 5.17. Mutasyonun 6 mertebeden rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)

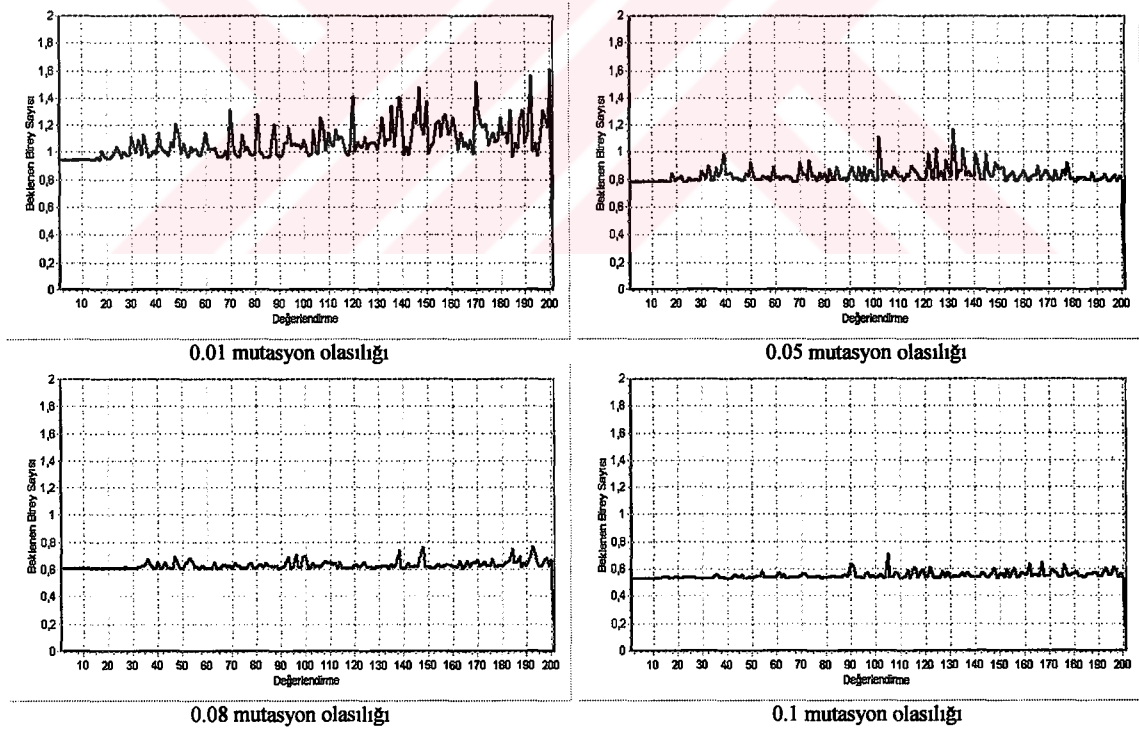


Şekil 5.18. Mutasyonun 6 mertebeden Halton sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)

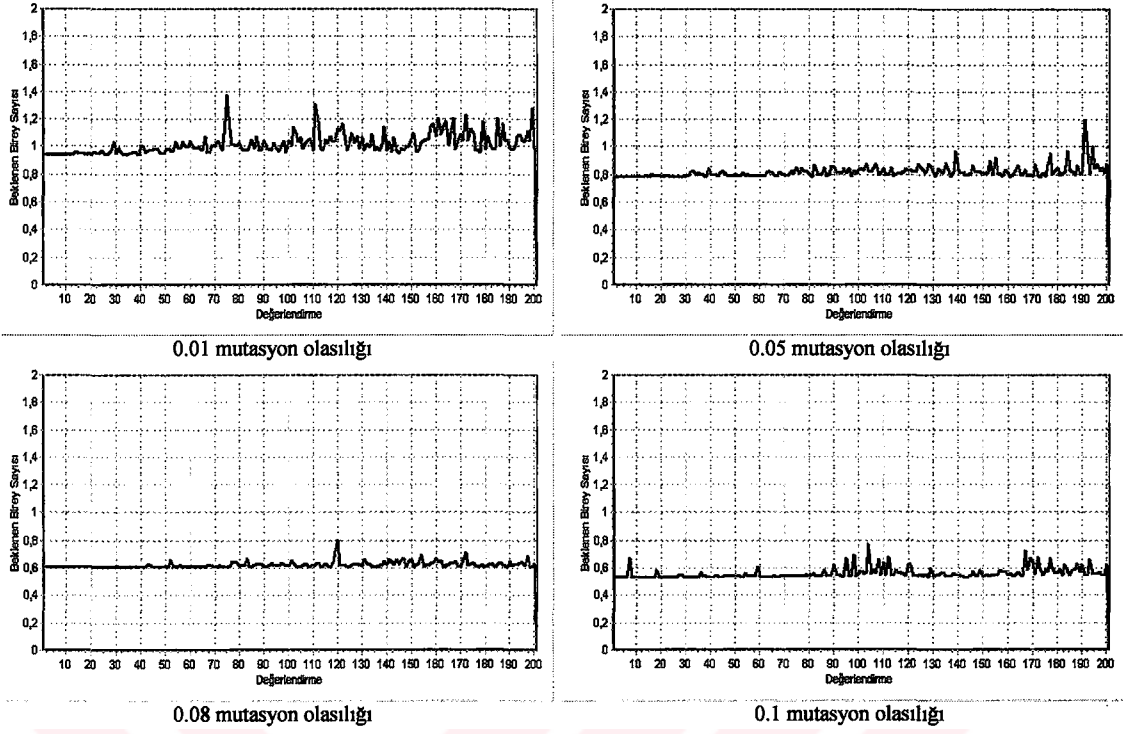
5. mertebeden şemalara bakıldığında 0.01 olasılığı göz ardı edilirse, tahmin edilen birey sayısında yine düşüş olduğu görülmektedir; şemaların benzerliği çok azdır ve bu az benzerlik küçük değişimlerle birbirlerine benzemektedir (Şekil 5.13-5.16).

6. mertebede ise neredeyse şema sayısında hiç değişiklik olmamıştır denilebilir, nesiller botunca ata şemalar bile varlıklarını sürdürmekte zorlanmışlardır, çünkü onların tanımlama genlerinin mutasyona uğrama ihtimali oldukça yükselmiştir (Şekil 6.17-6.20).

Yapılan çalışmada da görülmüştür ki, yüksek mutasyon şemayı bozar ifadesi her zaman doğru olmayabilir. Bu durumun gerçekleşmesi, mutasyon olasılığıyla birlikte bazı parametrelere de bağlıdır. Bunlardan bir tanesi mutasyona uğrayacak genin tanımlama noktasına denk gelmesidir. Bir başkası ise şemanın özelliğinden kaynaklanmaktadır. Geleneksel şemalarda sonlu bir alfabe mevcut olduğundan bir tanımlama geni mutasyona uğradığında şema mutlaka dağılır. Fakat, reel şemalarda alfabe sonsuz değer alabilir, ama değerler aralıklara bölündüğünden her aralık bir değer olarak düşünülür. Ancak mutasyon uygularken bir gen kendi değeri dışında her değeri alabilir ve bu aldığı değer de kendi aralığında olursa, mutasyona uğrayan şema hayatını sürdürmeye devam eder.



Şekil 5.19. Mutasyonun 6 mertebeden Hammersley sözde-rassal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)



Şekil 5.20. Mutasyonun 6 mertebeden ortogonal şemalar üzerindeki etkisi (f_1 fonksiyonu için)

Bununla birlikte mutasyon; rassal populasyon hariç, başlangıç populasyonlarının türüne bağımlı olmaksızın genellikle benzer şekilde etki etmiştir. Tablo 5.1, 5.2 ve 5.3’ te farklı mutasyon oranlarına göre f_1 , f_2 ve f_3 fonksiyonları için genetik algoritmanın bulduğu en iyi sonuçlar ve bu sonuçlar için kullanılan uygunluk fonksiyonu hesaplama sayıları gösterilmektedir.

Tablo 5.1. f_1 Fonksiyonu için En iyi Uygunluk Değerleri

f_1	En İyi Uygunluk (Değerlendirme sayısı - Sonuç)			
Mutasyon olasılığı	0.01	0.05	0.08	0.1
Rassal populasyon	3000 2461,63	2000 2010,0	5000 2403,86	10000 2280,56
Halton sözde-rassal populasyon	4000 2851,50	1000 2517,48	3500 2510,94	7500 2510,94
Hammersley sözde-rassal populasyon	4000 2719,68	1500 2661,3	3500 2588,77	7500 2539,1
Ortogonal populasyon	4000 3000,02	1500 2507,3	4000 2604,77	5000 2502,14

Tablo 5.1' e bakıldığında mutasyon olasılığı arttıkça algoritmanın daha kötü sonuçlar verdiği görülebilir. En iyi sonucu bulan populasyon yine ortogonal populasyon olmuş ve en iyi sonuçlara ulaşmıştır.

Tablo 5.2. f_2 Fonksiyonu için En iyi Uygunluk Değerleri

f_2	En İyi Uygunluk (Değerlendirme sayısı - Sonuç)			
Mutasyon olasılığı	0.01	0.05	0.08	0.1
Rassal populasyon	4000 1914,50	5000 1665,74	10000 1383,32	10000 782,02
Halton sözde-rassal populasyon	2500 1824,16	5000 1644,12	8000 1355,88	10000 800,8
Hammersley sözde-rassal populasyon	3000 1833,0	3500 1703,56	8000 1332,22	10000 799,64
Ortogonal populasyon	2500 2318,44	5500 2300,0	7500 2284,42	10000 1344,45

Tablo 5.2 dikkate alındığında; genel olarak mutasyon olasılığının artışına bağlı olarak bulunan en iyi değerlerde düşüşler olduğu görülür. Bununla birlikte algoritma daha fazla hesaplama zamanı harcamıştır, uygunluk hesaplama sayısında artışlar görülmüştür. Aynı durum, Tablo 5.3' deki değerler için de geçerli olmuştur.

Tablo 5.3. f_3 Fonksiyonu için En iyi Uygunluk Değerleri

f_3	En İyi Uygunluk (Değerlendirme sayısı - Sonuç)			
Mutasyon olasılığı	0.01	0.05	0.08	0.1
Rassal populasyon	5000 61,71	10000 67,62	5000 71,05	4000 75,76
Halton sözde-rassal populasyon	2500 104,34	5000 104,69	5000 90,75	4500 83,3
Hammersley sözde-rassal populasyon	3000 105,31	7500 103,05	5000 91,45	5000 81,26
Ortogonal populasyon	4000 200,0	5000 183,12	5000 173,18	5000 163,98

Rassal populasyonun bulduğu sonuçlarda tutarsızlıklar görülmektedir. Mutasyon olasılığı arttıkça bulunan sonuçlar bazen iyiye (Tablo 5.3), bazen kötüye (Tablo 5.2) gitmektedir; bazen de çok fazla etki etmemektedir (Tablo 5.1). Oysa, sözde-rassal ve ortogonal populasyonlar mutasyondan her defasında benzer şekilde etkilenmiştir, mutasyon olasılığı arttıkça bulunan

sonular ktye gitmiřtir (Tablo 5.1-3). Bu durumda szde-rassal ve ortogonal populasyonların tutarlı ve iyi řema yapıları oluřturdukları; bu temel řemalar dağıldıka algoritmanın zmden ıraksadığı grlmektedir. Fakat, rassal populasyon řemalarının ise dzgn bir yapılarının olmadığı dolayısıyla rassal populasyonun iyi deęerlerle bařlamadığı sylenebilir.



6. SONUÇLAR

Bu çalışmada, çaprazlama ve mutasyonun rassal, sözde-rassal ve ortogonal populasyonlar üzerindeki etkilerinin dinamik analizi yapılmıştır. Bunun için çaprazlama ve mutasyonun k. mertebeden reel şemalar üzerindeki etkileri incelenmiştir. Hem çaprazlama hem de mutasyon operatörleri, 2 atalı operatörler olarak kullanılmıştır. Atalardan birincisi k. mertebeden bir H şemasından, ikincisi de populasyondan rasgele seçilmiştir. Çaprazlama ve mutasyon sonucunda şemaya ait birey sayıları ve şemaların yaşama olasılıkları hesaplanmıştır.

Çaprazlamanın etkisi şemanın tanımlama uzunluğuna bağlı olarak, mutasyonun etkisi ise mutasyon oranına bağlı olarak değişmektedir. Ayrıca her iki operatör için de populasyon homojenliği göz önüne alınmıştır. Bu tezde aşağıdaki sonuçlara ulaşılmıştır:

- Mutasyon operatörü, çaprazlamaya göre şema üzerinde daha bozucu (dağıtıcı) etkiye sahiptir. Genel olarak çaprazlama sonucunda şemanın yaşamlarını sürdürme olasılıkları daha yüksek olmuştur.
- Populasyon homojenliği düşükken, çaprazlama şema üzerinde daha fazla bozucu etkiye sahiptir. Mutasyonda da populasyon homojenliği yüksekse, şemanın yaşamını sürdürme olasılığı ve şemaya ait birey sayısının artma olasılığı yüksektir.
- Şema mertebelerinin yüksek olması, şemaların çaprazlama ve mutasyon sonucunda daha hızlı dağılmasına sebep olur.
- Reel şemalarda çaprazlama ve mutasyon sonucunda şemaların yaşamlarını sürdürme ihtimalleri, ikili şemalara göre daha fazladır.
- Reel şemalarda seçilen alt uzay sayısı arttıkça, farklı türden şema sayıları da artar, populasyon homojenliği azalır, dolayısıyla şemaların yaşamlarını sürdürme ihtimalleri azalabilir.
- Ortogonal populasyon, diğer populasyonlara göre daha çok sayıda (çeşitli) şemalar oluşturmuştur. Bununla birlikte oluşturduğu şemalar, diğer şemalara göre daha iyidir.
- Halton ve Hammersley populasyonlar, birbirlerine benzer şemalar oluşturmuşlardır, bu nedenle çaprazlama ve mutasyon operatörlerinin etkileri de benzer olmuştur.
- Genel olarak rassal populasyon diğer populasyonlara göre şema çeşitliliğini yeterince sağlayamamış ve varolan çeşitliliği daha erken kaybetmiştir. Şemalar birbirlerine benzemeye daha erken zamanda başlamışlardır.
- İyi yapıtaşlarının iyi sonuçlar vereceği düşünülürse, bu çalışmada elde edilen sonuçlara göre, rassal populasyonların çok iyi ve tutarlı yapıtaşları oluşturmadığı ve

 aprazlama ve mutasyon sonucunda bunlardan daha iyilerine ulařamadıđı s ylenebilir.

- Hammersley populasyon řemaları  aprazlamadan daha fazla etkilenmiřtir. Bu durum Hammersley populasyonda populasyon homojenliđinin d ř k olduđunu g sterir.
- Halton populasyonda da populasyon homojenligi d ř kt r,  eřitlilik iyi sađlanmıřtır. Ancak ortogonal populasyona g re, Halton populasyon řemalarını daha erken kaybeder.
- Mutasyon populasyonlar arasında s zde-rassal populasyonlara ve ortogonal populasyonlara daha fazla etki etmiřtir. Mutasyon olasılıđının y kselmesiyle bu populasyonların buldukları iyi sonu larda d ř řler meydana gelmiřtir. Bu da demektir ki, bu populasyonların oluřturdukları iyi řemalar mutasyonla daha fazla bozulmuř ve bunun sonucunda sonu lar k t ye gitmiřtir.
- Bařlangı  populasyonlarına g re  alıřtırılan GA programının bulduđu en iyi sonu lar karřılařtırıldıđında, ger ekten de ortogonal populasyonun her zaman daha iyi sonu lara ulařtıđı g r lebilir. İkinci ve    nc  en iyi sonu lara ulařan Halton ve Hammersley populasyonlar olmuřtur. Bu iki populasyonun buldukları sonu lar benzerdir. En k t  ve tutarsız sonu ları bulan rassal populasyon olmuřtur.

KAYNAKLAR

1. Goldberg, D., 1989, Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Addison-Wesley.
2. Mitchell, M., 1999, An Introduction to Genetic Algorithms, MIT.
3. Karcı, A., Sanaç, P., 2004, Genetik Algoritmelerde Yeni Bir Çaprazlama Yöntemi: Bal Arısı Çaprazlama, Ya/Em'2004, Çukurova Üniversitesi, Adana.
4. Karcı, A.: Novelty in the Generation of Initial Population for Genetic Algorithms. Lecture Notes in Artificial Intelligence, vol: 3214, 2004, 268-275.
5. Marsaglia, G., 1993, Monkey Test for Random Number Generators, Computers & Mathematics with Applications.
6. Cao, Y.J., Wu, Q.H., Shimmin, D.W., 1997, Study Of Initial Population In Evolutionary Programming. Proceedings of the European Control Conference, , 1-4.
7. Leung, Y.W., 2001, An Orthogonal Genetic Algorithm with Quantization for Global Numerical Optimization, IEEE Trans. on Evolutionary Computation, vol:5, no:1.
8. Karcı, A., 2002, Genetik Algoritmelerde Iraksama ve Yerel Çözümde Kalma Problemlerinin Giderilmesi, Doktora Tezi, Fırat Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü.
9. Halton, J.H., 1960, On the Efficiency of Certain Quasi-random Sequences of Points in Evaluation Multi-dimensional Integrals, Numer. Math., 2, 84-90.
10. Sobol, I.M., 1967, The Distribution of Points in a Cube and The Approximate Valuation of Integrals, USSR Comp. Math. and Math. Phys., 7, 86-112.
11. Niederreiter, H., 1987, Point Sets and Sequences With Small Discrepancy. Monatsh. Math., 104, 273-337.
12. Hammersley, J.M., Handscomb, D.C., 1964, Monte Carlo Methods, Methuen & Co Ltd, London.
13. Zhang, Q. and Leung, Y.W., 1999, An Orthogonal Genetic Algorithm for Multimedia Multicast Routing, IEEE Trans. Evol. Comput., vol. 3, pp. 53-62, Apr.
14. Math. Stat. Res. Group, 1975, Chinese Acad. Sci., Orthogonal Design (in Chinese).
15. Spears, W. M., 2000, Evolutionary Algorithms the Role Mutation and Recombination, Springer.
16. Holland, J., 1975, Adaptation in Natural and Artificial Systems, University of Michigan Press, Ann Arbor, MI.
17. Cui, Z.H., Zeng, J.C., 2002, Schema Theorem of Real-Coded Nonlinear Genetic Algorithm, Proceedings of the First International Conference on Machine Learning and Cybernetics, Beijing.

18. Sanaç, P., Karcı, A., 2004, Genetik Algoritmelerde Sanki Rassal Populasyonların Araştırılması, Ya/Em'2004, Çukurova Üniversitesi, Adana.
19. Liles, W.C., 2002, Wiegand, Introduction to Schema Theory, Summer Lecture Series.
20. Srinivas, M., Patnaik, L.M., 1994, Adaptive Probabilities of Crossover and Mutation in Genetic Algorithms, IEEE Transactions on Systems, Vol. 24, No. 4.
21. Sanaç, P., Karcı, A., 2004, Genetik Algoritmelerde Tek ve Çok Noktalı Çaprazlamanın Sözde Rassal Populasyonlara Etkisi, ELECO'2004, Bursa.
22. Greene, A.W., 2000, A Non-Linear Schema Theorem for Genetic Algorithms, GECCO.



ÖZGEÇMİŞ

1981 yılında Elazığ’ da doğdu, ilk ve orta eğitimini burada tamamladı. Lisans eğitimini 2003 yılında, Fırat Üniversitesi Bilgisayar Mühendisliği Bölümünde tamamladı, 2003-2004 Güz yarıyılında aynı bölümde yüksek lisans eğitimine başladı. 2003-2004 öğretim yılının Bahar döneminde F.Ü. Bilgisayar Mühendisliği Bölümüne Araştırma Görevlisi olarak atandı.

İlgi alanları; yapay zeka ve genetik algoritmalarıdır. Hali hazırda ulusal konferanslarda sunulmuş 3 tane bildirisi bulunmaktadır.

Sanaç, P., Karcı, A., 2004, Genetik Algoritmalarla Sanki Rassal Populasyonların Araştırılması, Ya/Em’2004, Çukurova Üniversitesi, Adana.

Sanaç, P., Karcı, A., 2004, Genetik Algoritmalarla Tek ve Çok Noktalı Çaprazlamanın Sözde Rassal Populasyonlara Etkisi, ELECO’2004, Bursa.

Karcı, A., Sanaç, P., 2004, Genetik Algoritmalarla Yeni Bir Çaprazlama Yöntemi: Bal Arısı Çaprazlama, Ya/Em’2004, Çukurova Üniversitesi, Adana.