

Gezgin Satıcı Problemi için Çok Populasyonlu Paralel
Bir Genetik Algoritma Tasarımı, Geliştirilmesi ve Analizi

İlker Ozan Koç

DOKTORA TEZİ

Endüstri Mühendisliği Anabilim Dalı

Eylül 2007

Designing, Developing and Analyzing a Multi Population Parallel
Genetic Algorithm for Traveling Salesman Problem

İlker Ozan Koç

DOCTORAL DISSERTATION

Department of Industrial Engineering

September 2007

Gezgin Satıcı Problemi için Çok Populasyonlu Paralel Bir Genetik Algoritma
Tasarımı, Geliştirilmesi ve Analizi

İlker Ozan Koç

Eskişehir Osmangazi Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Lisansüstü Yönetmeliği Uyarınca
Endüstri Mühendisliği Anabilim Dalı
Yöneylem Araştırması Bilim Dalında
DOKTORA TEZİ
Olarak Hazırlanmıştır

Danışman: Yrd. Doç. Dr. Muzaffer Kapanoğlu

Eylül 2007

İlker Ozan Koç' un DOKTORA tezi olarak hazırladığı “Gezgin Satıcı Problemi İçin Çok Populasyonlu Paralel Bir Genetik Algoritma Tasarımı, Geliştirilmesi ve Analizi” başlıklı bu çalışma, jürimizce lisansüstü yönetmeliğinin ilgili maddeleri uyarınca değerlendirilerek kabul edilmiştir.

Üye : Yrd. Doç. Dr. Muzaffer Kapanoğlu (Danışman)

Üye : Prof. Dr. İmdat Kara

Üye : Prof. Dr. Selim Aktürk

Üye : Prof. Dr. Atilla İşlier

Üye : Doç. Dr. Müjgan Sağır Özdemir

Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu'nun tarih ve sayılı kararıyla onaylanmıştır.

Prof. Dr. Abdurrahman KARAMANCIOĞLU

Enstitü Müdürü

GEZGİN SATICI PROBLEMİ İÇİN ÇOK POPULASYONLU PARALEL BİR GENETİK ALGORTİMA TASARIMI, GELİŞTİRİLMESİ VE ANALİZİ

İLKER OZAN KOÇ

ÖZET

Bu tezde, gezgin satıcı problemi için çok populasyonlu paralel bir genetik algoritma tasarlanmış, geliştirilmiş ve analiz edilmiştir. Geliştirilen çok populasyonlu paralel genetik algoritma, her bir populasyonun yerel en iyi çözümlere yakınsamasını sağlayarak, farklı populasyonlardan elde edilen farklı yapı taşlarının adım adım birleştirilmesi mantığıyla çalışmaktadır. Farklı populasyonların farklı yerel en iyi çözümlere yakınsamasını sağlayabilmek için, her bir populasyonda çalışmak üzere aç gözlü bir genetik algoritma geliştirilmiştir. Aç gözlü genetik algoritma, bir komşuluk derecesi olasılık fonksiyonundan faydalanarak, kromozomlar üzerinde aç gözlü bir arama gerçekleştirmektedir. Aç gözlü genetik algoritma için iki mutasyon operatörü ve bir çaprazlama operatörü geliştirilmiştir.

Farklı populasyonlardan elde edilen farklı yapı taşlarının populasyonlar arası paylaşımını sağlamak için, yapı taşlarını tahmin edebilen ve populasyonlar arası sadece yapı taşı aktarımı gerçekleştiren yeni bir iletişim operatörü geliştirilmiştir. Geliştirilen iletişim operatörünün yapı taşlarının çoğalmasını sağladığı gösterilmiştir. Ayrıca, iletişim operatörü için bir yapı taşı yayılma fonksiyonu belirlenmiş ve yapı taşlarının yayılma hızının iletişim parametreleri ile kontrol edilebildiği gösterilmiştir. Son olarak geliştirilen çok populasyonlu paralel genetik algoritma ile literatürde yer alan çeşitli çalışmalar çeşitli simetrik ve asimetrik gezgin satıcı problemleri üzerinde karşılaştırılmıştır. Önerilen yaklaşımın hem simetrik hem de asimetrik problemler için literatürde yer alan bir çok genetik algoritma çalışmasından daha iyi çözümler verdiği görülmüştür.

Anahtar Kelimeler: Gezgin satıcı problemi, çok populasyonlu genetik algoritma, iletişim operatörü, çaprazlama, aç gözlü mutasyon

**DESIGNING, DEVELOPING AND ANALYZING A MULTI POPULATION
PARALLEL GENETIC ALGORITHM FOR TRAVELING SALESMAN
PROBLEM**

İLKER OZAN KOÇ

SUMMARY

In this dissertation, a multi population parallel genetic algorithm is designed, developed and analyzed for traveling salesman problem. The motivation of the developed multi population parallel genetic algorithm is to obtain different local optimum solutions in different populations and combine different building blocks handled from different populations in a stepwise procedure. A greedy genetic algorithm is developed which utilizes an adjacency degree probability function to perform a greedy search over the chromosomes. Two new mutation operators and a new crossover operator are developed for the greedy genetic algorithm.

A new communication operator is developed to combine the different building blocks handled from the different populations. The developed communication operator estimates the building blocks and transfers only the estimated building blocks among the populations. It is shown that the developed communication operator supports the increase of the building blocks. Furthermore, a building block spread function is determined based on the parameters of the communication operator. Finally the performance of the developed multi population parallel genetic algorithm is compared with the performances of some approaches from the literature over a test bed including a variety symmetric and asymmetric traveling salesman problems. It is observed that the performance of the proposed approach is superior to the most of the approaches proposed in the literature.

Keywords: Traveling salesman problem, multi population genetic algorithm, communication operator, crossover, greedy mutation

TEŐEKKÜR

Doktora süresi boyunca gösterdikleri sabır, destek ve anlayış için deęerli hocam ve danıřmanım Yrd. Do. Dr. Muzaffer Kapanoęlu'na ve aileme teőekkürlerimi sunarım.

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa</u>
ÖZET	v
SUMMARY	vi
TEŞEKKÜR	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	xi
TABLolar DİZİNİ	xiii
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	xv
1. GİRİŞ	1
2. GEZGİN SATICI PROBLEMİ	10
3.GENETİK ALGORİTMALARA GİRİŞ	14
3.1.Şema Teoremi, Yapı Taşı Hipotezi ve Epistasis	22
3.2.Yapı Taşlarının Birleştirilmesi	30
3.3.Populasyon Çeşitliliği ve Seçim Baskısı	41
3.4.Gezgin Satıcı Problemi için Kullanılan Genetik Gösterim ve Operatörler	46
3.4.1.İkili (0-1) genetik gösterim	47
3.4.2.Rota genetik gösterimi	49
3.4.3.Bitişiklik genetik gösterimi	63
3.4.4.Sırasal genetik gösterim	65
3.4.5.Rassal anahtar genetik gösterimi	66
3.4.6.Matris genetik gösterimi	67
4.PARALEL GENETİK ALGORİTMALAR	71
4.1.Yönetici-Köle Paralel Genetik Algoritmalar	71
4.2.Çok Populasyonlu Paralel Genetik Algoritmalar	73
4.3.İnce Taneli Paralel Genetik Algoritmalar	78
4.4.Hiyerarşik Melez Paralel Genetik Algoritmalar	79

İÇİNDEKİLER (devam)

Sayfa

5.GELİŞTİRİLEN ÇOK POPULASYONLU PARALEL GENETİK ALGORİTMA	80
5.1.Gezgin Satıcı Probleminde Yapı Taşları.....	81
5.1.1. o -şema.....	82
5.1.2.Gezgin satıcı probleminin yapı taşı özellikleri ve e -şema.....	83
5.2.Geliştirilen Çok Populasyonlu Paralel Genetik Algoritmanın Genel Yapısı.....	87
5.3.Geliştirilen Aç Gözlü Genetik Algoritma.....	92
5.3.1.Komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu.....	94
5.3.2.Genetik gösterim.....	96
5.3.3.Başlangıç populasyonların oluşturulması.....	97
5.3.4.Seçim operatörü.....	97
5.3.5.Geliştirilen çaprazlama operatörü.....	98
5.3.6.Geliştirilen mutasyon operatörleri.....	106
5.3.7.Aç gözlü GAnın parametrelerinin belirlenmesi.....	110
5.4.Yeniden Başlatma Operatörü.....	116
5.5.Geliştirilen İletişim Operatörü.....	117
5.5.1.Geliştirilen iletişim topolojisi.....	118
5.5.2. Yapı taşı havuzlarının doldurulması.....	120
5.5.3.İletişim stratejisi.....	125
5.5.4.İletişim yöntemi.....	126
5.5.5.Geliştirilen iletişim operatörünün incelenmesi.....	128
5.5.6.İletişim operatörünün parametrelerinin değerlerinin belirlenmesi.....	135
6. PERFORMANS KARŞILAŞTIRMALARI	155
7. SONUÇ	163
8. KAYNAKLAR DİZİNİ	168

İÇİNDEKİLER (devam)

9. EKLER

Ek.1.Test problemleri

Ek.2.İletişim operatörünün parametrelerinin farklı düzeyleri için deney sonuçları

ÖZGEÇMİŞ

ŞEKİLLER DİZİNİ

<u>Sekil</u>	<u>Sayfa</u>
3.1 İkili genetik gösterim için örnek bir kromozom	15
3.2 Örnek bir populasyon	16
3.3 Seçim operatörü sonrası oluşan yeni populasyon	17
3.4 Örnek bir çaprazlama işlemi (tek nokta çaprazlama)	17
3.5 Örnek bir mutasyon işlemi	18
3.6 Genetik algoritmanın akış şeması	18
3.7 Tek nokta çaprazlama operatörü için tanım uzunluğunun önemi	31
3.8 Farklı bir çaprazlama operatörünün aynı yapı taşları üzerindeki etkisi	32
3.9 (loci,allel) genetik gösterimi için örnek iki kromozom	34
3.10 (loci, allele) genetik gösteriminde çaprazlama sonrası bazı genlerin fazlalığı ve bazı genlerin eksikliği	35
3.11 GSP için ikili genetik gösterimde tek nokta çaprazlama operatörünün çalışma yöntemi	48
4.1 Yönetici- köle paralel genetik algoritmaların genel yapısı	72
4.2 Çok populasyonlu paralel genetik algoritmaların genel yapısı	74
4.3 İnce taneli paralel genetik algoritmalarda örnek bir populasyon yapısı	78
5.1 Rota genetik gösterimi için örnek bir kromozom	81
5.2 SGSP ve AGSP için yapı taşlarının pozisyon bağımsızlığı	84
5.3 SGSP ve AGSP için aynı yapı taşlarının farklı tanım uzunlukları	85
5.4 Geliştirilen çok populasyonlu paralel genetik algoritmanın genel yapısı	89
5.5 Populasyonlar arası yakınsama ve yeniden başlatma	91
5.6 Geliştirilen çok populasyonlu paralel genetik algoritmanın sözde kodu	92
5.7 Henüz ziyaret edilmemiş en yakın komşuluk derecelerinin	95
5.8 MT2 mutasyon olasılığının farklı düzeylerinin ortalama performansları	113
5.9 MT2 mutasyon olasılığı ile turnuva büyüklüğünün etkileşim etkisi	114
5.10 kroB150 test problemi için $p_{mt2} = 0.005$ ve $t = 2$ düzeylerinde pmt1'in farklı düzeyleri için elde edilen ortalama yakınsama grafikleri	115
5.11 Yeniden başlatma operatörünün sözde kodu	117
5.12 Geliştirilen iletişim topolojisinin yapısı	119

ŞEKİLLER DİZİNİ (devam)

<u>Sekil</u>	<u>Sayfa</u>
5.13 Yapı taşı belirleme algoritmasının sözde kodu.....	122
5.14 Yapı taşı havuzu doldurma algoritmasının sözde kodu.....	124
5.15 İletişim operatörünün sözde kodu.....	128
5.16 Yapı taşlarının yayılma hızı, populasyonlar arası yakınsama hızı ve populasyonlar arası çeşitlilik arasındaki ilişki.....	134
5.17 Populasyonlar arası yakınsama hızı için M , $p_{iletişim}$ ve α ana etki grafikleri.....	140
5.18 Populasyonlar arası yakınsama hızı için $M \times p_{iletişim}$, $M \times \alpha$ ve $p_{iletişim} \times \alpha$ ikili etkileşim grafikleri.....	142
5.19 Populasyonlar arası yakınsama hızı için $M \times p_{iletişim} \times \alpha$ üçlü etkileşim grafiği.....	144
5.20 Populasyonlar arası çeşitlilik için M , $p_{iletişim}$ ve α ana etki grafikleri.....	146
5.21 Populasyonlar arası çeşitlilik için $M \times \alpha$, $p_{iletişim} \times \alpha$ ve $M \times p_{iletişim}$ ikili etkileşim grafikleri.....	147
5.22 Elde edilen çözüm kaliteleri için M , $p_{iletişim}$ ve α ana etki grafikleri.....	149
5.23 Elde edilen çözüm kaliteleri için $p_{iletişim} \times \alpha$ ikili etkileşim grafiği.....	150
5.24 Populasyonlar arası yakınsama hızı ve populasyonlar arası çeşitlilik için $p_{iletişim} \times \alpha$ ikili etkileşim grafikleri üzerinde $p_{iletişim}$ her bir düzeyinde en iyi çözüm kalitesinin elde edildiği noktalar.....	151
5.25 Elde edilen çözüm kaliteleri için $M \times p_{iletişim} \times \alpha$ üçlü etkileşim grafiği.....	152
5.26 İletişim operatörünün parametrelerinin çözüm kalitesi ve işlem süresi üzerindeki etkileri.....	153

TABLOLAR DİZİNİ

<u>Tablo</u>	<u>Sayfa</u>
3.1 İkili genetik gösterimde kromozomun deşifre edilmesi	47
3.2 ER çaprazlaması için ayırıt eşlemesi	57
5.1 Komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu	96
5.2 OX3 çaprazlama operatörünün diğer çaprazlama operatörleriyle karşılaştırılması	103
5.3 Aç gözlü GAnın deneyler yoluyla belirlenecek parametreleri ve bu parametrelerin göz önüne alınan düzeyleri	111
5.4 Aç gözlü GAnın göz önüne alınan parametrelerinin düzeyleri için deney sonuçları	112
5.5 Parametrelerin ana etkileri ve etkileşim etkilerine ilişkin varyans analizi sonuçları	113
5.6 Aç gözlü GAnın parametrelerinin belirlenen düzeyleri	116
5.7 AGSP ve SGSP için elde edilen ortalama yapı taşı dereceleri	137
5.8 Değerleri önceden belirlenen iletişim mekanizması parametreleri	137
5.9 İletişim operatörünün farklı düzeyleri incelenen parametreleri ve bu parametrelerin göz önüne alınan düzeyleri	138
5.10 İletişim operatörünün parametrelerinin populasyonlar arası yakınsama hızı üzerindeki etkilerine ilişkin varyans analizi sonuçları	140
5.11 İletişim operatörünün parametrelerinin populasyonlar arası çeşitlilik üzerindeki etkilerine ilişkin varyans analizi sonuçları	146
5.12 İletişim operatörünün parametrelerinin elde edilen çözüm kalitesi üzerindeki etkilerine ilişkin varyans analizi sonuçları	149
5.13 İletişim operatörünün parametrelerinin belirlenen düzeyleri	153
6.1 ÇPPGA ile SGSP için elde edilen çözümlerin bir tek büyük populasyon kullanılması durumunda elde edilen çözümler ile karşılaştırılması	156
6.2 ÇPPGA ile AGSP için elde edilen çözümlerin bir tek büyük populasyon kullanılması durumunda elde edilen çözümler ile karşılaştırılması	157
6.3 Karşılaştırma amaçlı kullanılan çalışmalar	159

TABLolar DİZİNİ (devam)

<u>Tablo</u>	<u>Sayfa</u>
6.4. ÇPPGANın performansının SGSP için literatürde yer alan çalışmalar ile karşılaştırılması.....	160
6.5. ÇPPGANın performansının AGSP için literatürde yer alan çalışmalar ile karşılaştırılması.....	161

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

<u>Simgeler</u>	<u>Açıklama</u>
$o(S)$	Bir şemanın derecesi
$\delta(S)$	Bir şemanın tanım uzunluğu
p_c	Çaprazlama olasılığı
$g(S)$	e-şemaların gevşeklik derecesi
$p_{iletişim}$	İletişim olasılığı
$O_{eşik}$	İletişim operatörünün kullandığı yapı taşı derecesi eşiği
p_{filtre}	İletişim operatörünün yapı taşı filtreleme olasılığı
α	Maden popülasyon sayısı
p_{mt1}	Mutasyon operatörü 1'in mutasyon olasılığı
p_{mt2}	Mutasyon operatörü 2'nin mutasyon olasılığı
M	Popülasyon sayısı
m	Popülasyon büyüklüğü
N	Problemdeki düğüm sayısı
$p_{yapıtashi}$	Rassal yapı taşı belirleme safhası için yapı taşı seçme olasılığı
t	Turnuva büyüklüğü parametresi

<u>Kısaltmalar</u>	<u>Açıklama</u>
AGSP	Asimetrik gezgin satıcı problemi
GA	Genetik algoritma
ÇPPGA	Geliştirilen çok popülasyonlu paralel genetik algoritma
MT1	Geliştirilen mutasyon operatörü 1
MT2	Geliştirilen mutasyon operatörü 2
GSP	Gezgin satıcı problemi
PGA	Paralel genetik algoritma
SGSP	Simetrik gezgin satıcı problemi

BÖLÜM 1

GİRİŞ

Gezgin satıcı problemi, bir listedeki bir şehirden başlayıp, listedeki tüm şehirleri sadece bir kez ziyaret edip, tekrar başladığı şehre dönen bir satıcı için en kısa turun belirlenmesi problemidir. Bir serimde, her bir düğüm bir şehri ve her bir ayrıt iki şehir arasındaki yolu temsil etmek üzere, gezgin satıcı problemi bir serim üzerinde tur belirleme problemidir.

Gezgin satıcı problemi, tanımlanması kolay olmasına karşın çözülmesi zor bir problemidir. Problem ilk olarak 1800'lü yıllarda İrlandalı matematikçi Sir William Rowan Hamilton ve İngiliz matematikçi Thomas Penyngton Kirkman tarafından ele alınmış ve günümüze kadar üzerinde binlerce çalışma yapılmıştır. Gezgin satıcı problemi hesapsal karmaşıklık teorisine göre NP-Zor (NP-Hard) sınıfında yer alan bir problemidir. Bunun anlamı, gezgin satıcı problemini polinom zamanda çözebilecek bir tekniğin henüz geliştirilememiş olmasıdır. Bu nedenle, gezgin satıcı probleminin kaliteli bir çözümünü kısa sürede belirleyebilmek amacıyla geliştirilmiş çok sayıda sezgisel teknik mevcuttur.

Gezgin satıcı probleminin ilgi odağı oluşunun diğer bir nedeni de, geniş bir uygulama alanına sahip olmasıdır. Gerçek hayatta karşılaşılan bir çok problem, bir gezgin satıcı problemi olarak göz önüne alınabilmektedir.

Gezgin satıcı problemlerini genel olarak iki sınıfta incelemek mümkündür: simetrik gezgin satıcı problemi ve asimetrik gezgin satıcı problemi. Simetrik gezgin satıcı problemlerinde, düğümler arasındaki uzaklıklardan oluşan uzaklık matrisi simetriktir. Asimetrik gezgin satıcı probleminde ise bu matris asimetriktir. Hesapsal karmaşıklık teorisine göre simetrik gezgin satıcı problemi asimetrik gezgin satıcı probleminden daha kolay olmasa da, simetrik gezgin satıcı problemi için oldukça iyi sonuçlar veren kaliteli sezgisel teknikler literatürde mevcuttur. Simetrik gezgin satıcı problemi için kaliteli çözümlerin hızlı bir şekilde elde edilebildiği en başarılı sezgisel

tekniklerden birisi, Lin-Kernighan yerel arama tekniğidir (Lin and Kernighan, 1973). Bir çok araştırmacı Lin-Kernighan yerel arama tekniğinin çeşitli versiyonları üzerinde çalışmıştır (Mak and Morton, 1993; Reinelt, 1994; Johnson and McGeoch, 1997; Neto, 1999; Applegate, et al., 1999).

Bu tezde simetrik ve asimetrik gezgin satıcı problemleri için çok popülasyonlu paralel bir genetik algoritma tasarlanmış ve geliştirilmiştir. Genetik algoritmalar doğadaki evrim sürecinden esinlenilerek geliştirilmiş sezgisel tekniklerdir. Doğada yer alan eşleşme, mutasyon, çevreye uyumu daha iyi olanların hayatta kalması ve çoğalması gibi mekanizmalar genetik algoritmalarda çözümlerin bir kümesi üzerinde taklit edilerek, bir problemin en iyi çözümü aranmaktadır. Genetik algoritma ifadesi ilk olarak Bagley'in (1967) çalışmasında kullanılmıştır. Daha sonra Holland'ın (1975) genetik algoritmaların teorik bulgularını literatüre kazandırmasıyla, genetik algoritma çalışmaları hızlı bir artış göstermiştir. Bazı çalışmalar daha etkin genetik algoritma tasarımları üzerine yoğunlaşırken, bazı çalışmalar genetik algoritmaların farklı uygulama alanlarında kullanımı üzerine yoğunlaşmıştır.

Genetik algoritmalarda kullanılan terminoloji büyük ölçüde genetik biliminde kullanılan terminolojidir. Genetik algoritmalar kromozomların oluşturduğu bir popülasyon üzerinde çalışmaktadır. Bir *kromozom*, probleme ait karar değişkenlerinin değerlerinin genetik gösterim ismi verilen özel bir yapı üzerinde kodlanması ile oluşturulmuş bir vektördür. Bir kromozomun her bir elemanına *gen* ismi verilir ve genlerin almış olduğu değerlere *allel* denir. *Popülasyon* ise belirli sayıda kromozomu içeren bir kümedir. Her bir kromozom kodladığı çözümün kalitesini gösteren bir *uygunluk değeri*ne sahiptir. Genetik algoritmaların temel çalışma mantığı, tıpkı evrim sürecinde olduğu gibi, uygunluk değerleri daha iyi olan kromozomların çoğalarak artması üzerine kuruludur. Genetik algoritmaların her bir iterasyonuna bir *jenerasyon* ismi verilmektedir. Her bir jenerasyonda *genetik operatör* olarak isimlendirilen çeşitli prosedürler popülasyonda yer alan kromozomlar üzerinde uygulanarak, yeni çözümleri kodlayan kromozomlardan oluşan yeni bir popülasyon elde edilmektedir. Her bir genetik operatör doğada yer alan evrim sürecinin farklı bir mekanizmasını kromozomlar üzerinde taklit etmektedir. Genetik algoritmalarda kullanılan üç genetik

operatör vardır: seçim, çaprazlama ve mutasyon. *Seçim operatörünün* görevi bir önceki jenerasyonun populasyonunda seçim yaparak, yeni bir populasyon oluşturmaktır. Kromozomların seçilme olasılıkları uygunluk değerleri ile orantılıdır. Bu nedenle uygunluk değeri yüksek olan kromozomların yeni populasyondaki beklenen sayıları daha çok iken, uygunluk değeri düşük olanların beklenen sayıları daha azdır. *Çaprazlama operatörü*, seçim operatörüyle seçilmiş yeni populasyon üzerinde çalışmaktadır. Çaprazlama operatörünün görevi, kromozomlar arasında genetik bilgi paylaşımı yaparak, farklı genetik bilgilerin bir araya getirilmesini sağlamaktır. *Mutasyon operatörü* ise, kromozomlar üzerinde çeşitli rassal değişiklikler yapmak yoluyla farklı çözümleri kodlayan kromozomlar oluşturmaktadır.

Genetik algoritmalar bir çok alanda uygulama alanı buldukları gibi, gezgin satıcı problemi için de geliştirilmiş çok sayıda genetik algoritma yaklaşımı mevcuttur. Ancak, gezgin satıcı problemi için geliştirilmiş çeşitli yerel arama teknikleri ile karşılaştırıldığında, standart bir genetik algoritmanın gezgin satıcı problemi üzerindeki performansı oldukça düşük kalmaktadır. Literatürde yer alan bir çok çalışmanın bu soruna bulduğu çözüm, yerel arama tekniklerini genetik algoritmanın içerisine entegre etmektir. Bazı çalışmalar yerel arama tekniklerini çaprazlama ve mutasyon operatörleri sonucunda elde edilen tüm yeni kromozomların tekrar yerel en iyi çözümlere yakınsaması için kullanırken (Ulder, et al., 1991; Mühlenbein, 1991; Bui and Moon; 1994; Gorges-Schleuter, 1996; Fraisleben and Merz, 1996; Merz and Fraisleben; 1997; Jayalakshmi, et al., 2001; Choi, et al., 2003; Xing, et al., 2007), bazı çalışmalar ise yerel arama tekniklerini çaprazlama veya mutasyon operatörlerinin içine entegre ederek kullanmaktadır (Grefenstette, 1987; Jog, et al., 1989; Katayama, et al., 2000; Jayalakshmi, et al., 2001, Ray, et al., 2004). Özellikle yerel arama teknikleri çaprazlama ve mutasyon operatörlerinin sonucunda elde edilen tüm yeni kromozomların tekrar yerel en iyi çözümlere yakınsaması için kullanıldığında, bir genetik algoritma ile elde edilecek en kötü çözüm, yerel arama tekniği ile elde edilebilecek en kötü çözüme eşit olacaktır. Bu nedenle, yerel arama tekniklerinin bu şekilde yoğun kullanımıyla elde edilen çözümlerin, yerel arama tekniği ile elde edilen çözümlerin ortalama kalitesinden iyi olması beklenen bir durumdur. Ancak, bu yaklaşımlarda elde edilen başarının ne kadarının genetik algoritmaya, ne kadarının

kullanılan sezgisel tekniğe ait olduğu açık değildir. Kullanılan yerel arama tekniği ne kadar başarılı ise, genetik algoritmanın da o kadar başarılı olması beklenebilir. Simetrik gezgin satıcı problemi için oldukça başarılı sonuçların raporlandığı çalışmalarda (Gorges-Schleuter, 1996; Fraisleben and Merz, 1996; Merz and Freisleben; 1997), simetrik gezgin satıcı problemi için oldukça kaliteli çözümler veren Lin-Kernighan veya 2-Opt yerel arama teknikleri kullanılmıştır. Aynı çalışmalarda, asimetric gezgin satıcı problemi için kullanılan yerel arama teknikleri değiştirilmiş ve raporlanan sonuçlar bir kaç test problemi ile sınırlı kalmıştır. Daha sonra farklı araştırmacılar (Choi, et al., 2003; Xing, et al., 2007), asimetric gezgin satıcı problemi için daha uygun olduğu düşünülen farklı yerel arama tekniklerini genetik algoritmaya entegre ederek, asimetric gezgin satıcı probleminin daha geniş bir kümesi üzerinde çeşitli iyi çözümler raporlamıştır.

Simetrik ve asimetric gezgin satıcı problemleri için başarılı sonuçların raporlandığı yukarıda değinilen çalışmalarda genetik operatörlerin görevi, yerel arama teknikleri için farklı başlangıç noktaları üretmektir. Ancak, yerel arama tekniklerinin bu şekilde doğrudan kullanılması, genetik algoritmayı daha çok görev odaklı ve daha az gürbüz (robust) bir teknik haline getirmektedir. Gezgin satıcı probleminin temsil ettiği gerçek hayat problemlerinin çeşitliliği göz önüne alındığında, geliştirilen yaklaşımın gürbüz bir yaklaşım olması ayrı bir öneme sahiptir. Bu tezde, bir genetik algoritmanın yerine getirmesi gereken görevler bir bütün olarak göz önüne alınarak, simetrik ve asimetric gezgin satıcı problemleri için kaliteli çözümler verebilecek çok popülasyonlu gürbüz bir paralel genetik algoritma tasarlanmış ve geliştirilmiştir.

Çok popülasyonlu genetik algoritmalar, paralel genetik algoritmalar sınıfında yer almaktadır. Bazı paralel genetik algoritma yaklaşımları genetik algoritmanın birden çok işlemci üzerinde hızlandırılmasına dayanırken, bazıları da genetik algoritmanın çalışma mekanizmasında önemli değişiklikler yapmaktadır. Çok popülasyonlu genetik algoritmalar, genetik algoritmanın çalışma mekanizması üzerinde değişiklik yapan yaklaşımlardan birisidir. Çok popülasyonlu genetik algoritmalar diğer genetik algoritma yaklaşımlarından farklı iki önemli bileşene sahiptir: *birden fazla popülasyon* ve popülasyonlar arası bilgi alışverişine izin veren

bir *iletişim operatörü*. Çok popülasyonlu genetik algoritmalarda temel mantık, bir tek büyük popülasyon üzerinde çalışmak yerine boyutları küçük olan çok sayıda popülasyon üzerinde çalışmaktır. Her bir popülasyonda bir genetik algoritma çalışmaktadır. Popülasyonlar birbirinden tamamen izole olduğunda, her bir popülasyonun farklı bir yerel en iyi çözüme yakınsama ve buradan kurtulamaması riski vardır. Bu nedenle popülasyonlar arasında belirli sıklıkla iletişim gerçekleştirilmektedir. İletişimi gerçekleştirmek için literatürde yaygın olarak kullanılan iletişim operatörü *göç iletişim operatörüdür* (Grefenstette, 1981). Göç iletişim operatörü *topoloji* adı verilen ve hangi popülasyonların birbirleriyle iletişim kurabileceklerini tarifleyen bir yapıdan faydalanmaktadır. Belirli sıklıklarla iletişime izin verilen popülasyonlar arasında bir yada daha çok sayıda kromozom aktarımı yapılarak, popülasyonlar arası bilgi alışverişi gerçekleştirilmektedir.

Çok popülasyonlu veya tek popülasyonlu bütün genetik algoritma yaklaşımlarının temel çalışma ilkeleri *şema teoremi* (Holland, 1975) ve *yapı taşı hipotezi* (Goldberg, 1989a) ile açıklanmaktadır. *Şema* kromozomlar arasındaki gen benzerliklerini göstermeye yarayan bir yapıdır. Özet olarak *şema teoremi*, kısa tanım uzunluklu, düşük dereceli ve ortalama üstü uygunluk değerine sahip şemaların genetik algoritma ile gerçekleştirilen aramaya yön verdiğini söylemektedir. *Yapı taşı hipotezi* ise bu özel şemalara yapı taşı ismini vermekte ve genetik algoritmanın yapı taşlarını birleştirmek yoluyla problemin en iyi çözümünü aradığını ileri sürmektedir. Şema teoremi ve yapı taşı hipotezi birlikte göz önüne alındığında, bir genetik algoritmanın performansının yüksek olabilmesi için aşağıdaki dört görevi etkin bir şekilde yerine getirebilmesi gerekmektedir:

- i. Farklı yapı taşlarını üretebilmek,
- ii. Popülasyondaki yapı taşı çeşitliliğini yüksek tutabilmek,
- iii. Yapı taşlarının çoğalarak artmasını sağlayabilmek (şema teoremi),
- iv. Farklı yapı taşlarını birleştirerek daha iyi çözümlerin oluşturulmasını sağlayabilmek (yapı taşı hipotezi).

Ancak bazı problemlerde kısa tanım uzunluklu, düşük dereceli ve uygunluk değeri yüksek olan yapı taşlarının birleştirilmesi, genetik algoritmayı en iyi çözüm

yerine bir yerel en iyi çözüme götürmektedir. Bu tip problemlere *aldatıcı (deceptive)* problemler denilmektedir (Goldberg, 1989a). Bunun nedeni, kromozomdaki genlerin kromozomun uygunluk değerlerine olan katkılarının diğer genlerin almış olduğu değerlerle bağımlı olmasıdır. Genlerin bu şekilde ilişkili olması durumuna *epistasis* denilmektedir (Goldberg, 1989a). Bu tip problemlerde, daha uzun tanım uzunluğuna sahip ve derecesi daha yüksek olan farklı yapı taşlarının bir kromozomdan diğerine aktarılması gerekmektedir. Bu noktada yapı taşlarının birleştirilebilirliği ayrı bir önem taşımaktadır.

Yapı taşlarını birleştirme görevi çaprazlama operatörüne aittir. Tanım uzunluğu kısa ve derecesi düşük yapı taşlarını başarılı bir şekilde birleştirebilen çaprazlama operatörleri mevcuttur. Uzun tanım uzunluğuna sahip ve derecesi daha yüksek olan yapı taşlarının kromozomlar arasında aktarılmasını sağlamak amacıyla literatürde yapılan çalışmalar iki yönlüdür: (i) daha başarılı çaprazlama operatörlerinin geliştirilmesi ve (ii) bağlanım öğrenen genetik algoritmalar. Geliştirilen çeşitli çaprazlama operatörleri ile bir yapı taşına ait daha çok sayıda genin daha etkin bir şekilde kromozomlar arası aktarılması sağlanmaya çalışılmaktadır. Bağlanım öğrenen genetik algoritmalarda ise genellikle genetik gösterimde yapılan değişikliklerle genlerin pozisyonlarının değişmesine izin verilmekte, böylece kromozom üzerinde yer alan bir yapı taşına ait genlerin yan yana gelebilmesi ve yapı taşının tanım uzunluğunun düşürülmesi sağlanmaya çalışılmaktadır.

Bu çalışmada, bir genetik algoritmanın yerine getirmesi gereken görevler dikkate alınarak farklı yapı taşlarını hızlı bir şekilde üretebilen, yapı taşı çeşitliliğini yüksek tutabilen, yapı taşlarının çoğalmasını sağlayabilen ve farklı yapı taşlarını etkin bir şekilde birleştirebilen yeni bir çok popülasyonlu paralel genetik algoritma yaklaşımı geliştirilmiştir. Geliştirilen çok popülasyonlu genetik algoritma, hem çok popülasyonlu yapıyı kullanım şekliyle hem de yapı taşlarını birleştirme yöntemiyle literatürdeki yaklaşımlardan farklıdır. Geliştirilen yaklaşım aşağıdaki özelliklere sahiptir:

- Farklı yapı taşlarını hızlı bir şekilde keşfedebilmek,
- Yapı taşlarını tahmin edebilmek,

- Yapı taşlarını kontrollü bir şekilde birleştirebilmek.

İlk olarak gezgin satıcı probleminin yapı taşı özellikleri incelenmiştir. Goldberg and Lingle (1985) ve Goldberg (1989a), sıralama tabanlı problemler için *o*-şema ismini verdikleri farklı bir şema yapısı önermiştir. Gezgin satıcı probleminin yapı taşı özellikleri göz önüne alındığında, *o*-şemanın gezgin satıcı probleminin yapı taşı özelliklerini açıklamakta yetersiz kaldığı görülmüştür. Bu nedenle bu tezde, gezgin satıcı probleminin yapı taşı özelliklerini daha iyi açıklayan yeni bir şema yapısı önerilmiştir. Bu yeni şema yapısına *e*-şema adı verilmiştir.

Farklı yapı taşlarını hızlı bir şekilde keşfedebilmek için, her bir populasyonda farklı bir yerel en iyi çözüme hızlı bir şekilde yakınsama sağlayan aç gözlü bir genetik algoritma geliştirilmiştir. Farklı yerel en iyi çözümleri kodlayan kromozomların yapı taşı bakımından zengin oldukları varsayımı altında, ilk olarak yapı taşları tahmin edilmekte, daha sonra populasyonlar arası yapı taşı aktarımı gerçekleştirilmektedir. Her populasyon bir yapı taşı havuzuna sahiptir ve bu havuzlar farklı populasyonlardan elde edilen yapı taşları ile doldurulmaktadır. Her populasyon belirli bir sıklıkla kendi havuzunu diğer populasyonlardan faydalanarak doldurmakta ve havuzda yer alan bir yapı taşını alarak kendi içerisinde kullanmaktadır. Bir populusyona aktarılan yapı taşları belirli bir süre boyunca genetik operatörlerin bozucu etkisinden korunmaktadır. Böylece farklı yapı taşlarının birleştirilmesine ve yeni yapı taşlarının oluşturulmasına imkan verilmektedir.

Geliştirilen çok populasyonlu paralel genetik algoritmanın performansını etkileyen üç önemli faktör olacaktır: *yapı taşlarının yayılma hızı*, *populasyonlar arası çeşitlilik* ve *populasyonlar arası yakınsama hızı*. Yapı taşlarının yayılma hızı, bir populasyonda yer alan bir yapı taşının diğer populasyonlara yayılması hızıdır. Populasyonlar arası çeşitlilik, populasyonların birbirlerine göre sahip oldukları farklı yapı taşlarının çeşitliliğidir. Populasyonlar arası yakınsama hızı ise populasyonların arama uzayında arama yaptıkları bölgelerin birbirlerine yaklaşma hızıdır. Yapı taşlarının yayılma hızı diğer iki faktör üzerinde direkt etkilidir. Yapı taşlarının yayılma hızı ne kadar yüksek olursa, populasyonlar arası yakınsama hızı da o kadar

yüksek olacaktır. Populasyonlar arası yakınsama hızının artması ise populasyonlar arası çeşitliliği düşürecektir. Populasyonlar arası çeşitliliğin düşmesi, farklı populasyonlarda yer alan yapı taşı çeşitliliğinin düşmesi anlamına gelmektedir. İletişim gerçekleştiği sürece populasyonların belirli bir hızla birbirlerine yakınsaması ve dolayısıyla populasyonlar arası çeşitliliğin belirli bir hızla düşmesi kaçınılmazdır. Ancak, populasyonlar arası çeşitliliğin çok hızlı düşmesi, farklı populasyonlarda yer alan bazı kaliteli yapı taşlarının henüz değerlendirilemeden kaybedilmesine sebep olacaktır. Bu nedenle, populasyonlar arası çeşitlilik ile populasyonlar arası yakınsama hızı arasında bir denge kurabilmek önemlidir. Populasyonlar arası yakınsama hızı ile populasyonlar arası çeşitlilik arasındaki hassas dengeyi kurabilmek, yapı taşlarının yayılma hızını uygun bir seviyede tutmak ile mümkündür.

Bu çalışmada geliştirilen iletişim operatörü, yapı taşlarının yayılma hızını kontrol edebilme yeteneğine sahiptir. İletişim operatörünün parametrelerinin değerlerine ve bir yapı taşının belirli bir anda içinde yer aldığı populasyon sayısına bağlı olarak, yapı taşlarının yayılma hızının hipergeometrik dağılım aracılığıyla kestirilebileceği gösterilmiştir.

Geliştirilen çok populasyonlu paralel genetik algoritma yaklaşımı, hem simetrik hem de asimetrik bir çok Hamilton yolu veya turu belirleme problemine uygulanabilir. Nitekim bu çalışmanın bir ön ürünü olan Kapanoglu and Koc (2006)'da benzer bir yaklaşım, çok sayıda kısıta sahip bir gerçek hayat çizelgeleme problemine başarılı bir şekilde uygulanmıştır.

İzleyen bölümde gezgin satıcı problemi ve tez kapsamında kullanılan simetrik ve asimetrik test problemleri tanıtılmıştır. Üçüncü bölümde genetik algoritmalar tanıtılmış, şema teoremi ve yapı taşı hipotezine yer verilmiş, literatürde yapı taşlarının birleştirilmesine ilişkin yapılan çalışmalar özetlenmiş ve gezgin satıcı problemi için kullanılan çeşitli genetik gösterim ve operatörler tanıtılmıştır. Dördüncü bölümde paralel genetik algoritma yaklaşımları tanıtılmıştır.

Bu tezin genetik algoritmalara olan katkıları beşinci bölümde yer almaktadır. Beşinci bölümde ilk olarak gezgin satıcı probleminin yapı taşı özellikleri incelenmiş

ve gezgin satıcı probleminin yapı taşı özelliklerini daha iyi yansıtan *e*-şema tanıtılmıştır. Daha sonra geliştirilen çok popülasyonlu paralel genetik algoritmanın genel yapısı tanıtılmış ve her bileşenin tasarım ve geliştirilmesine yer verilmiştir. Geliştirilen aç gözlü genetik algoritmanın kullandığı çeşitli parametrelerin uygun düzeylerini belirleyebilmek amacıyla, bu parametrelerin çeşitli düzeyleri için tam faktöriyel deney tasarımı gerçekleştirilmiştir. Daha sonra geliştirilen iletişim operatörü incelenerek, iletişim operatörünün farklı yapı taşlarını birleştirmek yoluyla yapı taşlarının çoğalmalarını sağladığı gösterilmiştir. Ayrıca, iletişim operatörünün parametrelerine bağlı olarak yapı taşlarının yayılma hızını açıklayabilen bir yapı taşı yayılma hızı fonksiyonu belirlenmiştir. Daha sonra, iletişim operatörünün kullandığı çeşitli parametrelerin düzeylerinin belirlenebilmesi için gerçekleştirilen analizlere yer verilmiştir. Gerçekleştirilen analizlerde, iletişim operatörünün parametrelerinin popülasyonlar arası yakınsama hızı, popülasyonlar arası çeşitlilik ve elde edilen çözüm kalitesi üzerindeki etkileri incelenerek, iletişim parametrelerinin uygun değerleri belirlenmiştir.

Altıncı bölümde, simetrik ve asimetric test problemleri için geliştirilen çok popülasyonlu paralel genetik algoritma kullanılarak elde edilen çözümler ile literatürde yer alan çeşitli genetik algoritma yaklaşımları için raporlanmış sonuçlar karşılaştırılmıştır. Yedinci bölüm ise çalışmanın özetlendiği ve elde edilen sonuçların tartışıldığı sonuçlar bölümüdür.

BÖLÜM 2

GEZGİN SATICI PROBLEMİ

Gezgin Satıcı Problemi (GSP) bir listedeki bir şehirden başlayıp, listedeki tüm şehirleri sadece bir kez ziyaret edip, tekrar başladığı şehre dönen bir satıcı için en kısa turun belirlenmesi problemidir. Bir serimde her bir düğüm bir şehri ve her bir ayrıt iki şehir arasındaki yolu temsil etmek üzere, GSP bir serim üzerinde tur belirleme problemidir.

Tur belirleme problemleri genel olarak iki başlıkta incelenmektedir: *Euler turu belirleme problemleri* ve *Hamilton turu belirleme problemleri*. Euler turu belirleme problemleri ayrıtlar için tur belirleme problemleri iken, Hamilton turu belirleme problemleri ise düğümler için tur belirleme problemleridir (Johnson and Papadimitriou, 1985). GSP, bir serim üzerinde en kısa tur uzunluğuna sahip Hamilton turunun belirlenmesi problemidir. Serimdeki düğüm sayısı N , düğümler arası uzaklık matrisi D ve i . düğümü düğümlerin bir π permutasyonunda i .sırada yer alan düğüme bağlayan ayrıtın uzunluğu $d_{i\pi(i)}$ olmak üzere, GSP şöyle tanımlanır (Johnson and Papadimitriou, 1985):

Verilen bir $N \geq 3$ ve elemanları negatif olmayan $N \times N$ boyutunda bir $D = (d_{ij})$ matrisi için 1 'den N ' e kadar olan tamsayıların hangi π permutasyonu $\sum_{i=1}^N d_{i\pi(i)}$ toplamını en küçükleyen bir Hamilton turu oluşturur?

GSP problemleri iki ana sınıfta incelenmektedir: simetrik GSP (SGSP) ve asimetric GSP (AGSP). SGSPde uzaklık matrisi D simetrik iken, AGSPde asimetrictir.

GSP, hem pek çok uygulama alanı olan bir problem olması, hem de farklı pek çok problemin temelini oluşturması nedeniyle oldukça önemli bir problemdir. GSP, araç rotalama problemleri (Laporte, et al., 1985), kristallerin yapılarının analizlenmesi (Bland and Shallcross, 1987), bir depodaki malzemelerin taşınması problemi (Ratliff and Rosenthal, 1981), kesme problemleri (Madsen, 1988), veri dizilerinin

sınıflandırılması (Lenstra, 1974), bir makine için işlerin sıralanması (Gilmore and Gomory, 1969), baskılı devre levhalarının delinmesi (Grötschel, et al., 1989) ve esnek imalat sistemlerinde delme işlemlerinin sıralanması (Chauny, et al., 1987) gibi bir çok uygulama alanına sahiptir. Gerçek hayat problemlerinin özelliklerine bağlı olarak, bazı problemler SGSPye karşılık gelirken, bazı problemler de AGSPye karşılık gelmektedir.

GSPnin geniş bir uygulama alanına sahip olmasının yanı sıra, hesapsal karmaşıklık teorisine göre *NP-Zor* problemler sınıfında yer alması ilgi odağı oluşunun diğer bir nedenidir (Papadimitriou, 1977; Papadimitriou and Steiglitz, 1982). Eğer *NP-Zor* sınıfındaki herhangi bir problem için polinom zamanlı bir teknik geliştirilebilirse, o zaman *NP* sınıfında yer alan tüm problemler de polinom zamanlı olarak çözülebilecektir. Bu da $P = NP$ anlamına gelecektir (Johnson ve Papadimitriou, 1985). Burada *P* polinom zamanlı olarak çözülebilir problemler kümesini, *NP* ise çözümü için henüz polinom zamanlı bir teknik geliştirilememiş problemler kümesini göstermektedir. Genel kanı $P \neq NP$ olduğu yönünde olmasına rağmen bu durum henüz ispatlanamamıştır.

Herhangi bir GSP problemi ile karşılaşan bir kişinin önünde üç seçenek vardır: Bunlardan ilki, problem üzerinde bazı özel yapıları aramak yoluyla problemi iyi-çözülebilir GSPler alt kümesine (Gilmore, et al., 1985; Rothe, 1988; Burkard, et al., 1998) dahil etmeye çalışmaktır. İyi-çözülebilir GSP problemleri kümesi, GSPnin polinom zamanda çözülebilir bazı özel durumlarından oluşmaktadır. Eğer ilk seçenekten sonuç elde edilemezse, problemin en iyi çözümünü makul sürelerde bulabilmenin garantisi yoktur ve geriye sadece iki seçenek kalmıştır. Bunlardan ilki çok fazla zaman harcama riskine katlanarak en iyi çözümü aramaktır (Hoffman and Wolfe, 1985; Cook, et al., 1998). Son seçenek ise en iyi çözümü bulamama riskine katlanarak kaliteli bir çözümü kısa sürede bulmak için sezgisel teknikleri kullanmaktır.

Literatürde GSP için geliştirilmiş çok sayıda sezgisel teknik vardır ve bu teknikler dört ana başlıkta incelenmektedir (Reinelt, 1994): kaliteden çok hıza önem veren tur oluşturma teknikleri, klasik tur oluşturma teknikleri, yerel arama teknikleri ve meta-sezgisel teknikler. Kaliteden çok hıza önem veren tur oluşturma teknikleri Öklit GSP (ÖGSP) için geliştirilmiş tekniklerdir. ÖGSP, düğümlerin koordinatları ile temsil

edilebildiği ve uzaklık matrisi D nin öklit uzaklıklarından oluştuğu SGSPnin özel bir çeşididir (Papadimitriou and Steiglitz, 1982). Kaliteden çok hıza önem veren tur oluşturma teknikleri, büyük boyutlu ÖGSPler için bir turun hızlı bir şekilde belirlenmesine yöneliktir (Reinelt 1994). Klasik tur oluşturma teknikleri ise bir turun adım adım bir prosedürle oluşturulmasına dayalı tekniklerdir. Kullanılan tekniğin yapısına göre başlangıçta bir düğüm (en yakın komşu teknikleri) veya bir tur (araya ekleme teknikleri) kullanılmakta ve adım adım bir prosedürle diğer düğümlerin çeşitli kriterlere göre eklenmesi yoluyla bir tur oluşturulmaktadır. Yerel arama teknikleri, tüm düğümlerin yer aldığı bir turu ele alarak çeşitli prosedürler yoluyla her iterasyonda daha iyi bir turun elde edilmesi mantığıyla çalışan tekniklerdir. Bu tekniklere örnek olarak Lin-Kernighan (Lin and Kernighan, 1973) ve GENI/GENIUS (Gendreau, et al., 1992) teknikleri gösterilebilir. Lin-Kernighan tekniği literatürde büyük ilgi görmüştür ve üzerinde çeşitli değişiklikler yapılarak bir çok versiyonu geliştirilmiştir (Mak and Morton, 1993; Reinelt, 1994; Johnson and McGeoch, 1997; Neto, 1999; Applegate, et al., 1999). Meta-sezgisel teknikler ise probleme özel olmayan, üzerlerinde küçük değişiklikler yapılarak bir çok problem için uygulanabilir olan sezgisel tekniklerdir. Bu tekniklere örnek olarak genetik algoritmalar (Holland, 1975), tavlama benzetimi (Kirkpatrick, et al., 1983), yasaklı arama (Glover, 1986) ve karınca kolonileri (Dorigo, et al., 1996) verilebilir.

Genetik Algoritmaların (GAların) GSP üzerine uygulandığı ilk çalışma Brady'e (1985) aittir ve bu çalışmadan sonra GAların GSP için kullanımı hızlı bir atış göstermiştir. GSP için GAların kullanımına yönelik yapılan ilk çalışmaların büyük çoğunluğu, GSP için uygun genetik gösterim ve uygun genetik operatörlerin belirlenmesine yöneliktir (Grefenstette, et al., 1985; Goldberg and Lingle, 1985; Davis, 1985; Oliver, et al., 1987; Grefenstette, 1987; Fox and McMahon, 1987; Mühlenbein, et al., 1988; Syswerda, 1989, 1991; Whitley, et al., 1991; Bean, 1994). Bu çalışmalarda geliştirilen genetik gösterim ve operatörler Bölüm 3.4'de detaylı olarak tanıtılmıştır.

GSP için geliştirilmiş çeşitli yerel arama teknikleri ile karşılaştırıldığında, standart bir genetik algoritmanın GSP üzerindeki performansı oldukça düşük kalmaktadır. Literatürde yer alan bir çok çalışmanın bu soruna bulduğu çözüm, yerel

arama tekniklerini genetik algoritmanın içerisine entegre etmektir. Literatürde bu tip yaklaşımlar farklı isimlerle adlandırılmıştır: bilgi eklenmiş GA'lar (Grefenstette, 1987), memetik algoritmalar (Moscato, 1989), genetik yerel arama algoritmaları (Freisleben and Merz, 1996), aç gözlü GA'lar (Ahuja, et al., 2000) veya melez GA'lar (Sinha and Goldberg, 2003). GSP için önerilmiş bu tip yaklaşımlarda bazı çalışmalar yerel arama tekniklerini çaprazlama ve mutasyon operatörleri sonucunda elde edilen tüm yeni kromozomların tekrar yerel en iyi çözümlere yakınsaması için kullanırken (Ulder, et al., 1991; Mühlenbein, 1991; Bui and Moon; 1994; Gorges-Schleuter, 1996; Freisleben and Merz, 1996; Merz and Freisleben; 1997; Jayalakshmi, et al., 2001; Choi, et al., 2003; Xing, et al., 2007), bazı çalışmalar ise yerel arama tekniklerini çaprazlama veya mutasyon operatörlerinin içerisine entegre ederek kullanmaktadır (Grefenstette, 1987; Jog, et al., 1989; Katayama, et al., 2000; Jayalakshmi, et al., 2001, Ray, et al., 2004). Bu çalışmalardan SGSP ve AGSP için başarılı sonuçların raporlandığı çalışmalar, bu tez kapsamında geliştirilen çok popülasyonlu paralel genetik algoritmanın performans karşılaştırmalarında kullanılmıştır.

GSP, performans değerlendirmesi amacıyla kullanılabilir, en iyi çözümleri bilinen geniş bir test problemleri kümesine sahiptir (TSPLIB). Bu tez kapsamında TSPLIB'de yer alan, düğüm sayısı 300 veya daha küçük olan SGSP ve AGSPlerin büyük çoğunluğu tasarım, geliştirme ve performans değerlendirme safhalarında kullanılmıştır. Toplam 71 test problemi göz önüne alınmış ve bu problemler EK-1'de verilmiştir.

BÖLÜM 3

GENETİK ALGORİTMALARA GİRİŞ

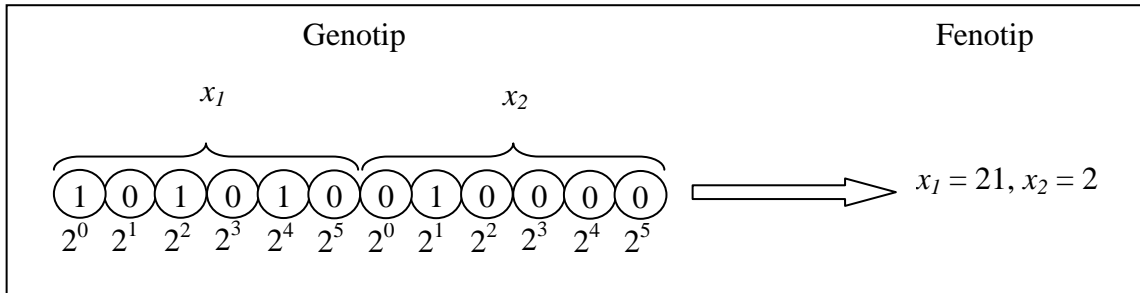
Genetik algoritmalar (GAlar) doğadaki evrim sürecini taklit etmeye dayalı sezgisel tekniklerdir. Doğadaki evrim sürecinde yer alan bir çok mekanizma GAlarda probleme ait bir grup çözümün evrimleştirilmesi ve böylece en iyi veya en iyiye yakın çözümlerin elde edilmesi için kullanılmaktadır.

“Genetik algoritma” ifadesi ilk defa Bagley’in (1967) çalışmasında kullanılmıştır. Daha sonra Holland (1975) GAların teorik bulgularını literatüre kazandırmış ve aynı yıl içerisinde yapılan De Jong’un (1975) çalışmasında, GAların en iyileme amaçlı olarak kullanılabileceği çeşitli deneyler üzerinde gösterilmiştir. Bu çalışmaların ardından GA çalışmaları hızlı bir artış göstermiştir.

GAlar doğayı taklit etme düşüncesi ile geliştirildiklerinden, GAlarda kullanılan terminoloji büyük ölçüde genetik biliminin terminolojisi ile ilişkilidir. Bu nedenle GAlara daha fazla değinmeden önce genetik bilimi ile ilgili bazı terimlerden söz etmekte fayda vardır. Bütün yaşayan canlılar hücrelerden oluşurlar ve her bir hücre bir veya daha fazla *kromozom*dan oluşur. Kromozomlar ise belirli sayıda *genden* oluşurlar. Genler DNA’nın fonksiyonel yapılarıdır ve her biri belirli bir proteini kodlar. Yani genler göz rengi gibi belirli özellikleri kodlayan yapılardır. Bir özelliği oluşturabilecek mümkün farklı yapılar *allel* adını alır. Yani her bir gen mümkün farklı allellerden birini içerir. Bir genin *alleli* o genin almış olduğu değeri göstermektedir. Bir özelliğin kromozom tarafından kodlanmış haline *genotip* (*genotype*), bu özelliğe ise *fenotip* (*phenotype*) denilmektedir. Canlılar ürediklerinde ortaya çıkan yavruların kromozomları ebeveynlerinin kromozomlarının bir karmasıdır. Dolayısıyla yavruların kromozomlarının bir kısmı anneden bir kısmı da babadan gelmektedir. Bu işleme *çaprazlama* adı verilir. Ayrıca evrim teorisine göre doğada meydana gelen bazı yıkıcı etkiler veya genetik süreçteki çeşitli hatalar nedeniyle kromozom üzerinde yer alan bazı

genlerin allelleri değişmektedir. Genlerdeki bu değişim ise *mutasyon* olarak adlandırılır.

GAlarda kullanılan terminoloji genetik biliminin terminolojisi ile bağdaştırılarak açıklanabilir. GAlar kromozomların oluşturduğu bir *populasyon* üzerinde çalışmaktadır. Bir *kromozom*, probleme ait karar değişkenlerinin değerlerinin *genetik gösterim* ismi verilen özel bir yapı üzerinde kodlanması ile oluşturulmuş bir vektördür. Dolayısıyla her bir kromozom probleme ilişkin bir çözümü kodlamaktadır. Karar değişkenlerinin kodlanması ile oluşan kromozoma *genotip*, kromozomun kodladığı karar değişkeni değerlerine *fenotip* denilmektedir. Kromozom üzerinde yer alan çeşitli *gen* dizileri problemin karar değişkenlerini kodlar ve her bir genin almış olduğu değerlere *allel* denir. İki adet karar değişkenine sahip (x_1 ve x_2) bir problem için ikili genetik gösterim için oluşturulmuş örnek bir kromozom Şekil 3.1’de verilmiştir.



Şekil 3.1: İkili genetik gösterim için örnek bir kromozom

Örneğin, Şekil 3.1’de x_1 ve x_2 karar değişkenleri altışar adet gen kullanılarak kodlanmıştır. x_1 karar değişkenini kodlayan ilk genin alleli “1”, ikinci genin alleli “0” dır. *Populasyon* belirli sayıda kromozomu içeren bir kümedir. Bir başka ifadeyle, populasyon problemin çeşitli çözümlerinin kodlandığı bir küme olarak tanımlanabilir. Dört kromozomdan oluşan örnek bir populasyon Şekil 3.2’de gösterilmiştir.

x_1						x_2						x_1	x_2	$Enb f(x_1, x_2) =$
												$x_1 + x_2$		
1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	21	2	23
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	63	2	65
1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	0	1	29	46	75

Şekil 3.2: Örnek bir populasyon

Her bir kromozom kodladığı çözümün kalitesini gösteren bir uygunluk değerine sahiptir. Problemin amaç fonksiyonunun $Enb f(x_1, x_2) = x_1 + x_2$ olduğu varsayılacak olursa, kromozomların kodladığı karar değişkenlerinin değerlerinin amaç fonksiyonu değeri kromozomların uygunluk değerleri olarak düşünülebilir. Bu durum Şekil 3.2’de gösterilmiştir.

GAların temel çalışma mantığı, tıpkı evrim sürecinde olduğu gibi, uygunluk değerleri daha iyi olan kromozomların çoğalarak artması üzerine kuruludur. Böylece daha iyi uygunluk değerine sahip kromozomlar çoğalarak aramaya yön verecektir. GAların her bir iterasyonuna bir *jenerasyon* ismi verilmektedir. Her bir jenerasyonda, *genetik operatör* olarak isimlendirilen çeşitli prosedürler populasyonda yer alan kromozomlar üzerinde uygulanır. Genetik operatörler kullanılarak yeni çözümleri kodlayan kromozomlardan oluşan yeni bir populasyon elde edilmektedir. Her bir genetik operatör doğada yer alan evrim sürecinin farklı bir mekanizmasını kromozomlar üzerinde taklit etmektedir. GAlarda üç genetik operatör kullanılmaktadır: seçim, çaprazlama ve mutasyon. *Seçim operatörünün* görevi, bir önceki jenerasyonun populasyonunda seçim yaparak yeni bir populasyon oluşturmaktır. Kromozomların seçilme olasılıkları uygunluk değerleri ile orantılıdır. Bu nedenle uygunluk değeri yüksek olan kromozomların yeni populasyondaki beklenen sayıları daha çok iken, uygunluk değeri düşük olanların beklenen sayıları daha azdır. Örneğin, Şekil 3.2’de verilen populasyona seçim operatörünün uygulanması sonucu elde edilen yeni populasyonun Şekil 3.3’de verilen populasyon olduğu düşünülebilir.

x_1	x_2	x_1	x_2	$Enb f(x_1, x_2) = x_1 + x_2$
$\overbrace{1\ 0\ 1\ 0\ 1\ 0}^{x_1}$	$\overbrace{0\ 1\ 0\ 0\ 0\ 0}^{x_2}$	21	2	23
$1\ 0\ 1\ 1\ 1\ 0$	$0\ 1\ 1\ 1\ 0\ 1$	29	46	75
$1\ 1\ 1\ 1\ 1\ 1$	$0\ 1\ 0\ 0\ 0\ 0$	63	2	65
$1\ 0\ 1\ 1\ 1\ 0$	$0\ 1\ 1\ 1\ 0\ 1$	29	46	75

Şekil 3.3: Seçim operatörü sonrası oluşan yeni populasyon

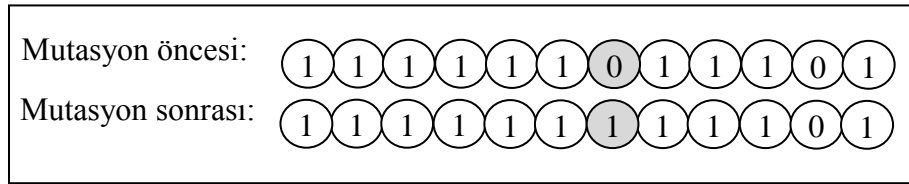
Çaprazlama operatörü seçim operatörüyle seçilmiş yeni populasyon üzerinde çalışmaktadır. Çaprazlama operatörünün görevi, kromozomlar arasında genetik bilgi paylaşımı yaparak, farklı genetik bilgilerin bir araya getirilmesini sağlamaktır. Çaprazlama operatörü genellikle popülasyonda yer alan iki kromozomun ebeveyn olarak seçilmesi, bu iki kromozoma çaprazlama işleminin uygulanması ve iki yeni yavru kromozomun elde edilmesi yoluyla çalışır. Örneğin, Şekil 3.3’de verilen popülasyonda yer alan ikinci ve üçüncü kromozomlar ebeveyn olarak seçildiğinde, çaprazlama (tek nokta çaprazlama; Holland, 1975) işleminin uygulanışı ve çaprazlama sonrası elde edilen iki yeni yavru kromozom Şekil 3.4’de gösterilmiştir.

	x_1	x_2	$Enb f(x_1, x_2) = x_1 + x_2$
Ebeveyn 1: $1\ 0\ 1\ 1\ 1\ 0\ 0\ 1$ $1\ 1\ 0\ 1$	29	46	75
Ebeveyn 2: $1\ 1\ 1\ 1\ 1\ 1\ 0\ 1$ $0\ 0\ 0\ 0$	63	2	65
Yavru 1: $1\ 0\ 1\ 1\ 1\ 0\ 0\ 1$ $0\ 0\ 0\ 0$	29	2	31
Yavru 2: $1\ 1\ 1\ 1\ 1\ 1\ 0\ 1$ $1\ 1\ 1\ 0\ 1$	63	46	109

Şekil 3.4: Örnek bir çaprazlama işlemi (tek nokta çaprazlama)

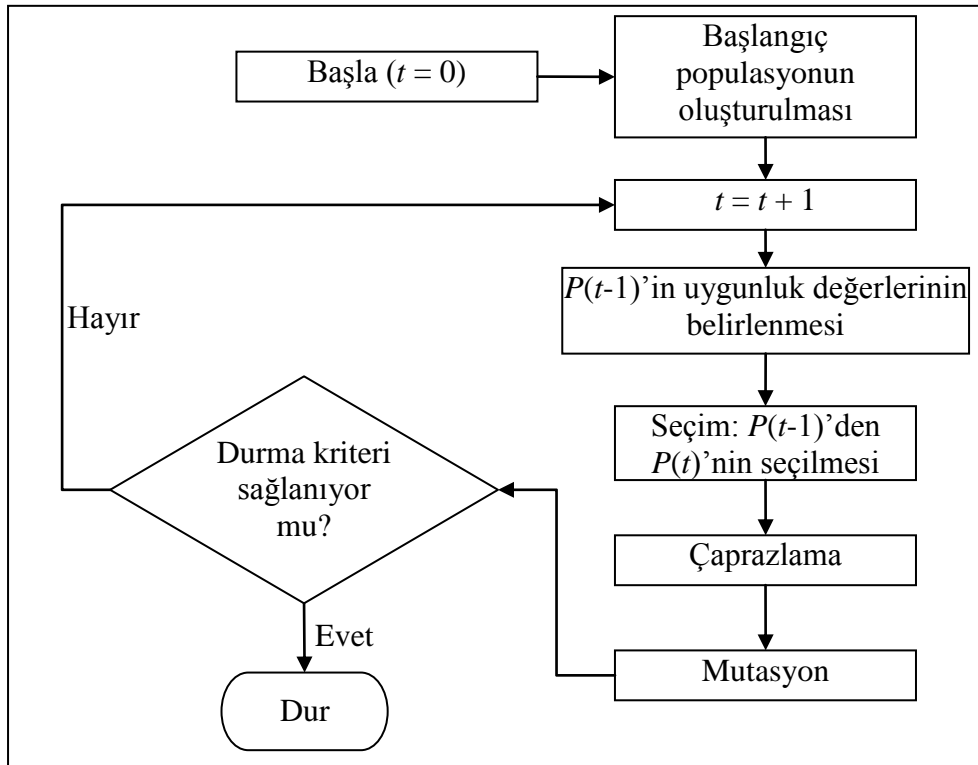
Mutasyon operatörü ise kromozomlar üzerinde çeşitli rassal değişiklikler yapmak yoluyla farklı çözümleri kodlayan kromozomlar oluşturmaktadır. Mutasyon operatörünün görevi genlerin allellerini rassal olarak değiştirmek yoluyla

populasyondaki genetik bilgi zenginliğini arttırmak ve GA'nın yerel en iyi çözümlere takılmasını engellemektir. Örneğin Şekil 3.4'de elde edilen ikinci yavru kromozomun yedinci geni mutasyon için seçildiğinde mutasyon işlemi sonrası elde edilen yeni kromozom Şekil 3.5'de verilmiştir.



Şekil 3.5: Örnek bir mutasyon işlemi

GA'lar seçim, çaprazlama ve mutasyon operatörlerini bir populasyon üzerinde kullanarak, her jenerasyonda yeni bir populasyon elde etmek yoluyla bir problemin en iyi çözümünü ararlar. Bir t jenerasyonundaki populasyon $P(t)$ ile gösterilmek üzere GA'ların akış şeması Şekil 3.6'de verilmiştir.



Şekil 3.6: Genetik algoritmanın akış şeması

GAların yeni kromozomlar elde etmek için kullandığı genetik operatörler, çaprazlama ve mutasyondur operatörleridir. Her iki operatör de kullandıkları yönteme bağlı olarak kromozomun belirli bir komşuluğundaki farklı kromozomları elde edebilme becerisine sahiptir. Bir genetik gösterim aracılığıyla oluşturulabilir tüm kromozomlar kromozom uzayını oluşturmak üzere, her iki operatör popülasyonda yer alan kromozomların belirli bir komşuluğunda örnekleme yapar. Seçim operatörü ise bir önceki jenerasyonun popülasyonunda seçim yaparak yeni bir popülasyon oluşturmaktadır. Çaprazlama ve mutasyon operatörleri bu yeni popülasyon üzerinde çalışmaktadır. Dolayısıyla, seçim operatörü GAnın kromozom uzayının hangi bölgelerinde örnekleme yapacağını belirler, çaprazlama ve mutasyon operatörleri ise bu bölgelerde örnekleme yapar. Bu nedenle seçim, çaprazlama ve mutasyon operatörleri bir GAnın kromozom uzayını örnekleme yöntemini oluştururlar.

Kromozom uzayında yer alan bir K kromozomu problemin çözüm uzayında yer alan bir \mathcal{C} çözümünü kodlamaktadır. Ancak K kromozomunun kromozom uzayında yakın komşuluğunda yer alan kromozomlar, çözüm uzayında \mathcal{C} çözümünün yakın komşuluğunda yer almak zorunda değildir. Çaprazlama ve mutasyon operatörleri popülasyondaki kromozomların belirli bir komşuluğunda örnekleme yaparken, aslında çözüm uzayının bambaşka bölgelerinde dolaylı bir örnekleme yapmaktadırlar. Bu nedenle GAlar çözüm uzayındaki yerel en iyi çözümlerden kurtulabilme becerisine sahiptir. Bu özellik GAların *gürbüz (robust)* teknikler olmasını sağlar.

Bir GAnın kromozom uzayında ve dolaylı olarak çözüm uzayında örnekleme yapabilme becerisi popülasyonda yer alan kromozomların çeşitliliği ile sınırlı olduğundan, popülasyondaki kromozomlar ne kadar çeşitli olursa GAnın kromozom uzayının farklı bölgelerini örnekleme kabiliyeti de o kadar fazla olacaktır. Buna karşın seçim operatörü bir önceki popülasyonda bir seçim yaparak, uygunluk değeri yüksek olan kromozomların yeni popülasyona artan sayıda geçmesini sağlamaktadır. Bunun anlamı önceki popülasyonda yer alan bazı kromozomların yeni popülasyonda yer alamaması ve bazılarının yeni popülasyonda birden fazla sayıda yer almasıdır. Dolayısıyla seçim operatörünün uygunluk değeri yüksek kromozomlara tanıdığı öncelik ne kadar artarsa, yeni popülasyonda kromozom çeşitliliği o kadar düşecektir. Bu da

GANın kromozom uzayının farklı bölgelerinde örnekleme yapabilme kabiliyetini kısıtlayacaktır. Bu nedenle uygunluk değeri yüksek olan kromozomlara tanınan ayrıcalığın derecesi ile popülasyondaki kromozomların çeşitliliği arasında uygun bir denge kurmak gerekmektedir. Bu durum literatürde farklı terimlerle ele alınmaktadır. Bazı çalışmalar arama uzayının keşfedilmesi ile elde edilen kaliteli çözümlerin aramaya yön vermesi arasındaki dengeden söz ederken (Holland, 1975; Goldberg, 1999), bazı çalışmalar *popülasyon çeşitliliği* (*population diversity*) ve *seçim baskısı* (*selective pressure*) arasındaki dengeden söz etmektedir (Whitley, 1989; Back, 1995; Miller and Goldberg, 1996; Thierens, 1997). Arama uzayının keşfedilmesi ile kaliteli çözümlerin aramaya yön vermesi arasındaki denge bir çok sezgisel teknik için (örneğin: tavlama benzetimi, yasaklı arama, karınca kolonileri) kurulması gereken bir dengedir. GAlar da sezgisel teknikler sınıfında yer aldığı için literatürün bir kısmının bu bakış açısıyla yaklaşması doğaldır. Ancak GA'ları diğer sezgisel tekniklerden ayıran en önemli özellik popülasyon tabanlı olmalarıdır. Bu nedenle GAlar için *popülasyon çeşitliliği* ve *seçim baskısı* daha uygun terimlerdir.

Popülasyon çeşitliliği ile seçim baskısı arasındaki denge, GAların temel çalışma ilkelerini açıklayan *şema teoremi* (Holland, 1975) ve *yapı taşı hipotezi* (Goldberg, 1989a) ile daha fazla anlam kazanmaktadır. Şema teoremi ve yapı taşı hipotezi Bölüm 3.1'de detaylı olarak açıklanacaktır, ancak kısaca tanımlamak gerekirse *şema teoremi*, kısa tanım uzunluklu, düşük dereceli ve ortalama üstü uygunluk değerine sahip şemaların genetik algoritma ile gerçekleştirilen aramaya yön verdiğini söylemektedir. Şema kromozomlar arasındaki benzerlikleri tarifleyen özel bir yapıdır. *Yapı taşı hipotezi* ise, bu özel şemalara yapı taşı ismini vermekte ve GANın yapı taşlarını birleştirmek yoluyla problemin en iyi çözümünü aradığını ileri sürmektedir. Yapı taşlarını birleştirmek bir GANın başarısının arkasında yatan en önemli unsurdur. Yapı taşlarının önemini daha iyi anlatmak için yapı taşları şöyle tanımlanabilir: Uygunluk değeri yüksek olan bazı kromozomların, diğer kromozomlara göre daha yüksek uygunluk değerine sahip olmalarını sağlayan bazı özel genlerinin almış olduğu değerler bir *yapı taşıdır*. Bu nedenle bir GANın performansı farklı kromozomlarda yer alan farklı yapı taşlarını birleştirebilme kabiliyetine bağlıdır (Goldberg, 1989a).

Eğer popülasyondaki kromozomlar farklı yapı taşlarına sahip olmazlarsa, bunların birleştirilmesi de söz konusu olamaz. Bu nedenle popülasyon çeşitliliğini korumak önemlidir. Bunun yanı sıra, eğer uygunluk değeri yüksek olan kromozomlara ayrıcalık tanınmazsa, bu durumda da yapı taşlarının ilerleyen jenerasyonlarda çoğalarak artması (şema teoremi) söz konusu olamaz. Bu nedenle seçim baskısının var olması da önemlidir. Bu iki sebepten dolayı popülasyonlar arası çeşitlilik ile seçim baskısı arasında uygun bir denge kurabilmek bir GAnın performansı üzerinde etkilidir. Özetle, bir GAnın performansının yüksek olabilmesi için şu dört görevi başarılı bir şekilde yerine getirmesi gerekir:

- i. Farklı yapı taşlarını üretebilmek,
- ii. Popülasyondaki yapı taşı çeşitliliğini yüksek tutabilmek (popülasyon çeşitliliği),
- iii. Yapı taşlarının çoğalarak artmasını sağlayabilmek (şema teoremi, seçim baskısı),
- iv. Farklı yapı taşlarını birleştirerek daha iyi çözümlerin oluşturulmasını sağlayabilmek (yapı taşı hipotezi).

Holland'ın (1975) şema teoremi ve Goldberg'ün (1989a) yapı taşı hipotezi birlikte değerlendirildiğinde tanım uzunluğu kısa, derecesi düşük ve uygunluk değeri yüksek yapı taşlarının GAnın performansı için önemli olduğu söylenebilir. Ancak problemlerin öyle bir kümesi vardır ki, GAnın kısa tanım uzunluklu, düşük dereceli ve uygunluk değeri yüksek yapı taşlarını birleştirmesi, GAnın yerel en iyi çözümlere yakınsamasına sebep olmaktadır. Bu tip problemlere *aldatıcı (deceptive)* problemler denilmektedir (Goldberg, 1989a). Aldatıcı problemlerde kromozomdaki genlerin kromozomun uygunluk değerlerine olan katkıları diğer genlerin almış olduğu değerlerle bağımlıdır. Genlerin bu şekilde ilişkili olması durumuna *epistasis* denilmektedir (Goldberg, 1989a). GSP de yüksek derecede epistasisin söz konusu olduğu bir problemdir (Beasley, et al., 1993a). Epistatik problemlerde başarı elde etmenin yolu, daha uzun tanım uzunluğuna sahip, derecesi daha yüksek olan yapı taşlarının da kromozomlar arasında başarılı bir şekilde aktarılmasını sağlamaktır. Bunu başarmanın ise üç yolu vardır (Beasley, et al., 1993a): Uygun çaprazlama operatörleri geliştirmek,

uygun genetik gösterimler kullanmak veya genler arasındaki ilişkiyi öğrenerek GANın aramasına yön vermek.

3.1. Şema Teoremi, Yapı Taşı Hipotezi ve Epistasis

Genetik algoritmaların nasıl çalıştığını açıklayan iki teorik temel vardır: *şema teoremi* (Holland, 1975) ve *yapı taşı hipotezi* (Goldberg, 1989a). Şema teoremi *şema* adı verilen ve kromozom üzerinde yer alan bazı özel alt dizilerin GANın kromozom uzayında gerçekleştirdiği aramaya yön verdiğini göstermektedir. Yapı taşı hipotezi ise bu özel şemalara *yapı taşı* ismini vermekte ve GANın bu yapı taşlarını birleştirmek suretiyle problemin en iyi çözümünü bulabileceğini öne sürmektedir.

Şema teoremi ikili genetik gösterim yoluyla oluşturulmuş kromozomlar için *tek nokta çaprazlama operatörünün* ve *basit mutasyon operatörünün* kullanılması durumunu göz önüne almaktadır. Tek nokta çaprazlama operatörü iki kromozomu p_c çaprazlama olasılığı ile seçmekte, bu iki kromozom üzerinde bir çaprazlama noktasını rassal olarak belirleyerek, çaprazlama noktası sonrasındaki genlerini karşılıklı olarak değiştirmektedir. Basit mutasyon operatörü ise herhangi bir kromozomun herhangi bir genini p_m mutasyon olasılığı ile seçip, bu genin allelini (değerini) değiştirmek yoluyla çalışmaktadır.

Şema teoremi üç önemli varsayımda bulunmaktadır (Holland, 1975):

- i. Populasyon büyüklüğü sonsuzdur,
- ii. Uygunluk değeri belirleme fonksiyonu kromozomun kodladığı çözümün kalitesini doğru bir şekilde yansıtmaktadır ve
- iii. Kromozom üzerindeki genlerin birbirleri ile olan etkileşimleri fazla değildir.

Bu üç varsayım bu bölümün sonunda tartışılacaktır. Bu varsayımları tartışmadan önce şema teoremi ve yapı taşı hipotezini tanıtmakta fayda vardır.

Şema, kromozomlar arasındaki benzerliklere daha geniş perspektiften bakmayı sağlayan bir yapıdır. Bir şema kodların alfabesine * sembolünün eklenmesi ile

oluşturulmaktadır ve kendisinin * sembolü dışındaki elemanlarının tamamı kromozomunki ile aynı olan tüm kromozomlar tarafından temsil edilir. Örnek olarak 10 adet genden oluşan kromozom ve şemalar göz önüne alınabilir. $S = (* 1 1 0 1 0 1 0 0 0)$ şeması iki kromozom tarafından temsil edilebilir: $\{(0 1 1 0 1 0 1 0 0 0), (1 1 1 0 1 0 1 0 0 0)\}$. $S = (* 1 * 1 0 1 1 1 0 1)$ şeması ise dört kromozom tarafından temsil edilebilir: $\{(0 1 0 1 0 1 1 1 0 1), (0 1 1 1 0 1 1 1 0 1), (1 1 0 1 0 1 1 1 0 1), (1 1 1 1 0 1 1 1 0 1)\}$. $S = (1 0 1 1 0 1 1 0 0 1)$ şeması sadece bir kromozom tarafından temsil edilebilir ve o da bütün genleri kendisinininki ile aynı olan kromozomdur. $S = (* * * * * * * * *)$ şeması ise 10 uzunluğundaki bütün kromozomlar tarafından temsil edilir. Şemadaki * sembolü sayısı r ile gösterildiğinde, bir şema en fazla 2^r tane kromozom tarafından temsil edilebilir. Diğer yandan m uzunluğundaki her bir kromozom, 2^m tane şemayı temsil edebilir. Örneğin, $(1 0 0 1 1 1 0 0 0 1)$ kromozomu aşağıdaki 2^{10} şemayı da temsil eder:

$$\begin{array}{c}
 (1 0 0 0 1 1 1 0 0 0 1) \\
 (* 0 0 0 1 1 1 0 0 0 1) \\
 (1 * 0 0 1 1 1 0 0 0 1) \\
 (1 0 * 0 1 1 1 0 0 0 1) \\
 \dots\dots \\
 (1 0 0 0 1 1 1 0 0 0 *) \\
 (* * 0 0 1 1 1 0 0 0 1) \\
 (* 0 * 0 1 1 1 0 0 0 1) \\
 \dots\dots \\
 (1 0 0 0 1 1 1 0 0 * *) \\
 (* * * 0 1 1 1 0 0 0 1) \\
 \dots\dots \\
 (* * * * * * * * *)
 \end{array}$$

Üç önemli şema özelliği vardır: *şemanın derecesi*, *şemanın tanım uzunluğu* ve *şemanın uygunluk değeri*. Şema teoremi bu özellikler üzerine kurulmuştur. Bir S şemasının *derecesi* $o(S)$ ile gösterilmektedir ve şemadaki 0 ve 1'lerin sayısını ifade etmektedir. Örnek olarak üç şema ve bu şemaların dereceleri aşağıda verilmiştir. Şemaların derecesi, şemaların mutasyon operatörü sırasında bozulmaması olasılıklarını hesaplamada kullanılmaktadır.

$$\left. \begin{array}{l} S_1 = (* * * 1 0 1 * 0 1 1) \\ S_2 = (* * * * 0 0 * * 1 *) \\ S_3 = (0 1 0 0 1 * * 0 0 1) \end{array} \right\} o(S_1) = 6, o(S_2) = 3, o(S_3) = 8$$

S şemasının tanım uzunluğu ise $*$ sembolüne sahip olmayan ilk ve son pozisyonlar arasındaki farktır ve $\delta(S)$ ile gösterilmektedir. Yukarıda verilen üç şema göz önüne alınacak olursa, $\delta(S_1) = 10 - 4 = 6$, $\delta(S_2) = 9 - 5 = 4$ ve $\delta(S_3) = 10 - 1 = 9$ 'dur. Şemaların *tanım uzunluğu*, şemaların çaprazlama operatörü sonrasında yaşamlarını devam ettirmesi olasılığı hesaplanırken kullanılmaktadır.

Şemaların diğer bir özelliği de t anındaki uygunluk değeridir ($f^t(S)$). S şemasının uygunluk değeri, t anında populyasyonda kendisini temsil eden kromozomların uygunluk değerlerinin ortalamasıdır. Bir t anındaki populyasyonda S şemasını temsil eden z tane kromozom olduğunda ve i 'inci kromozomun t anındaki uygunluk değeri f_i^t olduğunda, S şemasının t anındaki uygunluk değeri Denklem 3.1'de verilen eşitlik yoluyla hesaplanır.

$$f^t(S) = \sum_{i=1}^z \frac{f_i^t}{z} \quad 3.1$$

Uygunluk değeri populyasyonun uygunluk değeri ortalamasının üzerinde olan şemalar *ortalama üstü şemalar*, altında olan şemalar *ortalama altı şemalar* ve eşit olan şemalar ise *ortalama şemalar* olarak isimlendirilmektedir.

Bir t anındaki populyasyon $P(t)$ ile gösterilmek üzere, GAnın evrim süreci ardı ardına tekrarlanan beş adımdan oluşur:

Adım 1: $t = t + 1$

Adım 2: $P(t-1)$ 'in değerlendirilmesi (kromozomların uygunluk değerlerinin belirlenmesi)

Adım 3: Seçim operatörü yoluyla $P(t-1)$ 'den $P(t)$ 'nin seçilmesi

Adım 4: Çaprazlama

Adım 5: Mutasyon

İlk adım sadece evrim saatini bir birim ileri hareket ettirmekte, ikinci adım ise popülasyondaki kromozomları değerlendirerek uygunluk değerlerini belirlemektedir. Evrim sürecinde asıl işlem sürecin geriye kalan üç adımında gerçekleşmektedir: seçim, çaprazlama ve mutasyon.

Seçim operatörü ile n adet kromozomdan oluşan popülasyondan n tane kromozom seçilir ve yeni bir popülasyon oluşturulur. Burada gerçekleştirilen seçimin iadeli bir seçim olduğu düşünülmektedir. Dolayısıyla bir kromozom birden çok kez seçilme şansına sahiptir. Seçim operatöründen sonra S şeması tarafından belirtilen $\xi(S, t+1)$ tane kromozoma sahip olunması beklenir.

t anında S şeması tarafından belirtilen bir kromozomun seçilme olasılığı $f^t(S)/F$ olduğundan, t anında S şemasını temsil eden kromozom sayısı $\xi(S, t)$ olduğundan ve n (n : popülasyon büyüklüğü) kere kromozom seçileceğinden,

$$\xi(S, t+1) = \xi(S, t) \cdot n \cdot f^t(S) / F \text{ ' dir.} \quad 3.2$$

t anındaki popülasyonun ortalama uygunluğu $\bar{F} = F/n$ olduğundan Denklem 3.2'deki eşitlik,

$$\xi(S, t+1) = \xi(S, t) \cdot f^t(S) / \bar{F} \quad 3.3$$

olacaktır. Bu eşitlik, popülasyonun ortalama uygunluk değerinin üstünde uygunluk değerine sahip olan şemaları sonraki jenerasyonda daha fazla sayıda kromozomun, popülasyonun ortalama uygunluk değerinin altında uygunluk değerine sahip olan şemaları sonraki jenerasyonda daha az sayıda kromozomun ve popülasyonun ortalama uygunluk değerine eşit uygunluk değerine sahip olan şemaları da sonraki jenerasyonda aynı sayıda kromozomun temsil etmesinin beklendiği anlamına gelmektedir.

Denklem 3.3'deki eşitliğin uzun dönem etkisi ise şöyledir: Bir S şemasının $\% \varepsilon$ ile popülasyonun ortalama uygunluk değerinin üzerinde uygunluk değerine sahip olduğu varsayıldığında ($f^t(S) = \bar{F} + \varepsilon \bar{F}$),

$$\xi(S, t) = \xi(S, 0) (1 + \varepsilon)^t \quad 3.4$$

olur. Burada $\varepsilon = (f^t(S) - \bar{F})/\bar{F}$ dir. Populasyonun uygunluk değeri ortalamasının üzerinde uygunluk değerine sahip olan şemalar için $\varepsilon > 0$, altındakiler için $\varepsilon < 0$ ve eşit olanlar için $\varepsilon = 0$ 'dır. Denklem 3.4, ortalama üstü şemaların sonraki jenerasyonda sadece artan sayıda kromozom tarafından değil, üstel artan sayıda kromozom tarafından temsil edildiği anlamına gelmektedir. Dolayısıyla bu eşitliğe dayanarak genetik algoritmalar tarafından yapılan aramaya ümit verici iyi çözümleri kodlayan kromozomların öncülük ettiği söylenebilir.

Seçim operatörü arama uzayında yeni noktaların oluşturulmasını sağlamaz. Seçim operatöründe yapılan şey var olan populasyondaki kromozomların kopyalanmasından ibarettir. Yeni kromozomlar çaprazlama ve mutasyon operatörleri tarafından oluşturulurlar. Şimdi bu iki operatörün bir şemayı sonraki jenerasyonda temsil etmesi beklenen kromozom sayısı üzerindeki etkisi incelenecektir.

Çaprazlama operatörü göz önüne alındığında şemanın tanım uzunluğu, bir şemanın yaşamını sürdürmesi olasılığı üzerinde önemli rol oynamaktadır. Çaprazlama işlemi sırasında m uzunluğundaki bir kromozom için çaprazlama noktası $m-1$ nokta arasından rassal olarak seçilir. Her noktanın seçilme olasılığı eşittir. Bir şemanın tanım uzunluğu onun ilk ve son * sembolünü içermeyen noktaları arasındaki fark olduğundan, S şemasının çaprazlama sırasında yok olması olasılığı $p_d(S) = \frac{\delta(S)}{m-1}$ dir ve yaşamını sürdürmesi olasılığı, $p_s(S) = 1 - \frac{\delta(S)}{m-1}$ dir.

Tüm kromozomlar çaprazlamaya tabi tutulmadığından ve çaprazlamaya tabi tutulacak olanlar p_c çaprazlama olasılığına göre seçildiğinden bir şemanın yaşamını sürdürmesi olasılığı,

$$p_s(S) = 1 - p_c \frac{\delta(S)}{m-1} \quad 3.5$$

dır. Çaprazlama noktası, tanım uzunluğunu belirleyen pozisyonlar arasında seçilse bile şemanın yaşamını sürdürmesi olasılığı vardır (karşılıklı değiştirilen genlerin aynı olması durumu). Ancak bu olasılık oldukça düşüktür. Bu nedenle bir şemanın yaşamını sürdürmesi olasılığı,

$$p_s(S) \geq 1 - p_c \frac{\delta(S)}{m-1} \quad 3.6$$

olacaktır. Seçim ve çaprazlama operatörlerinin bir şemanın yaşamını sürdürmesi olasılığı üzerindeki birleştirilmiş etkisi,

$$\xi(S, t+1) \geq \frac{\xi(S, t) f^t(S)}{\bar{F}} \left(1 - p_c \frac{\delta(S)}{m-1} \right) \quad 3.7$$

olacaktır. Denklem 3.7'deki eşitsizlikten de görülebileceği gibi, seçim ve çaprazlama operatörleri sonrasında kısa tanım uzunluğuna ve ortalama üstü uygunluk değerine sahip olan şemaların sonraki jenerasyonda üstel olarak artan sayıda kromozom ile temsil edilmesi beklenir.

Göz önüne alınacak son operatör mutasyon operatörüdür. Mutasyon operatörünün kromozomdaki bir geni değiştirmesi olasılığı p_m 'dir. Şemanın mutasyon operatöründen sonra yaşamını sürdürebilmesi için * sembolü dışındaki tüm genlerinin mutasyona uğramadan sonraki jenerasyona geçmesi gerekir. Yani bir şemanın mutasyon operatörü sırasında bozulmaması için değişmemesi gereken genlerinin sayısı, o şemanın derecesine eşittir ($o(S)$). Bir genin değişmesi olasılığı p_m olduğundan, bir genin mutasyon operatörünü değişmeden atlatması olasılığı $(1-p_m)$ 'dir. Böylece bir S şemasının mutasyon operatöründen sonra yaşamını sürdürmesi olasılığı Denklem 3.8'de verilmiştir.

$$p_s(S) = (1 - p_m)^{o(S)} \quad 3.8$$

$p_m \ll 1$ olduğundan bu olasılık yaklaşık,

$$p_s(S) \cong 1 - o(S)p_m \quad 3.9$$

olur. Son olarak seçim, çaprazlama ve mutasyon operatörlerinin birleştirilmiş etkileri Denklem 3.10'da verilmiştir.

$$\xi(S, t + 1) \geq \frac{\xi(S, t) f^t(S)}{\bar{F}} \left(1 - p_c \frac{\delta(S)}{m - 1} - o(S)p_m \right) \quad 3.10$$

Denklem 3.10'dan da görülebileceği gibi bir şemanın çoğalması üç parametreye bağlıdır: $f^t(S)$, $f^t(S)$ ve $o(S)$. Şema çoğalma eşitliğinin sonucu olarak Şema Teoremi ortaya koyulmuştur ve bu teoremi yapı taşı hipotezi izlemiştir.

Şema Teoremi: Kısa tanım uzunluklu, düşük dereceli ve ortalama üstü şemalar sonraki jenerasyonlarda üstel artan sayıda yer alırlar (Holland, 1975).

Yapıtaşı hipotezi: Kısa tanım uzunluklu, düşük dereceli ve ortalama üstü şemalar *yapı taşları* olmak üzere, bir genetik algoritma yapı taşlarını birleştirmek yoluyla en iyiye yakın bir performans gösterir (Goldberg, 1989a).

Şema teoremi ve yapı taşı hipotezi birlikte göz önüne alındığında, bir GAnın farklı yapıtaşlarını bulabilmesi, uygunluk değeri yüksek olan yapı taşlarının çoğalarak artmasını sağlaması ve yapı taşlarını birleştirebilmesi gerekmektedir. Şema teoremi populasyon büyüklüğünün sonsuz olduğunu varsaymaktadır ve teoride populasyonda yer alan farklı yapı taşlarının çeşitliliği her zaman korunacaktır. Ancak pratikte populasyon büyüklüğünün sonsuz olması imkansızdır. Bu noktada populasyon çeşitliliği ile seçim baskısı arasındaki denge önem kazanmaktadır. İyi bir GA hem populasyondaki yapı taşı çeşitliliğini yüksek tutmalı hem de kaliteli yapı taşlarına öncelik vererek bu yapı taşlarının populasyonda çoğalarak artmalarını sağlamalıdır.

Şema teoreminin ikinci önemli varsayımı uygunluk değeri belirleme fonksiyonunun kromozomun kodladığı çözümün kalitesini doğru bir şekilde yansıtmasıdır. Problemin amaç fonksiyonunun uygunluk değeri belirleme fonksiyonu olarak kullanılmasıyla, kromozomun kodladığı çözümün kalitesi ölçülebilir. Ancak,

kromozomların uygunluk değerlerinin kromozom üzerinde yer alan yapı taşlarının kalitesinin kestiricisi olarak kullanılması bir takım sorunları beraberinde getirmektedir. Problemin en iyi çözümünü kodlayan kromozom göz önüne alındığında, uygunluk değeri yüksek bir yapı taşının, her zaman problemin en iyi çözümünü kodlayan kromozom üzerinde yer alıyor olması zorunlu değildir. Dolayısıyla uygunluk değeri yüksek olan yapı taşlarının her zaman doğru yapı taşları olduğu iddia edilemez. Bu durum kromozom üzerindeki genlerin birbirleri ile etkileşim içerisinde olması durumunda söz konusudur ve Holland'ın (1975) üçüncü varsayımı bu durumun önünü kesmektedir: Kromozom üzerindeki genlerin birbirleri ile olan etkileşimleri fazla değildir.

Goldberg'ün (1989a) yapı taşı hipotezine göre GAnın performansı yapı taşlarını bulup birleştirebilmesine bağlıdır. Yine Goldberg'e (1989a) göre iyi bir genetik gösterim aşağıdaki koşullara bağlı olarak yapı taşlarının oluşturulmasını ve birleştirilmesini sağlamaktadır:

- i. Yapı taşını oluşturan genler kromozom üzerinde birbirlerine yakın olmalılar (kısa tanım uzunluğu) ve
- ii. Genler arasında az miktarda etkileşim olmalı.

Şema teoreminde yer alan kromozom üzerindeki genlerin birbirleri ile olan etkileşimlerinin az olduğu varsayımı, Goldberg (1989a) tarafından bir GAnın etkin olabilmesinin koşulu olarak göz önüne alınmıştır.

Genler arasında etkileşimin olmasının anlamı, bir genin farklı değerlerinin kromozomun uygunluk değerine olan katkısının diğer genlerin almış olduğu değerlere bağımlı olmasıdır (epistasis). Genler arası etkileşimin var olması durumu, amaç fonksiyonu, dolayısıyla uygunluk değeri belirleme fonksiyonu, birden fazla yerel en küçük ve en büyük noktada içeren (*multimodal*) bütün problemler için söz konusudur (Beasley, 1993b). Epistasisin yüksek olduğu problemler önemlidir, çünkü Goldberg'ün (1989a) yukarıda verilen iki koşulunu bu problemler için sağlamak kolay değildir. Ancak genler arasındaki her etkileşim epistasis olarak değerlendirilmemelidir. Beasley, et al, (1993b) kromozom üzerinde yer alan genlerin bir birleri ile olan etkileşimlerinin

derecelerine göre bir sınıflama yapmış ve genlerin yüksek derecede etkileşim içerisinde olması durumunu *epistasis* olarak tanımlamıştır. Bu sınıflama şöyledir:

- *Düzyey 0: Etkileşim yok.* Bir genin değerinde yapılan belirli bir değişikliğin uygunluk değeri üzerinde her zaman aynı değişimi yaratması.
- *Düzyey 1: Hafif etkileşim (mild interaction).* Bir genin değerinde yapılan belirli bir değişikliğin uygunluk değeri üzerinde her zaman aynı yönde etki yapması veya hiç etki yapmaması.
- *Düzyey 2: Epistasis.* Bir genin değerinde yapılan belirli bir değişikliğin uygunluk değeri üzerinde diğer genlerin değerlerine bağlı olarak farklı yönlerde ve farklı miktarlarda etki yapması.

Yukarıda verilen sınıflamaya göre bütün genler arasındaki etkileşimin düzeyi 0 veya 1 düzeyinde olduğunda GAya da ihtiyaç yoktur. Bu özelliği taşıyan problemleri basit bir yerel arama tekniği de kolaylıkla çözebilir. GAlarda epistasis terimi genler arasındaki etkileşimin düzeyi 2 olan problemler için kullanılmaktadır (Beasley, et al., 1993c).

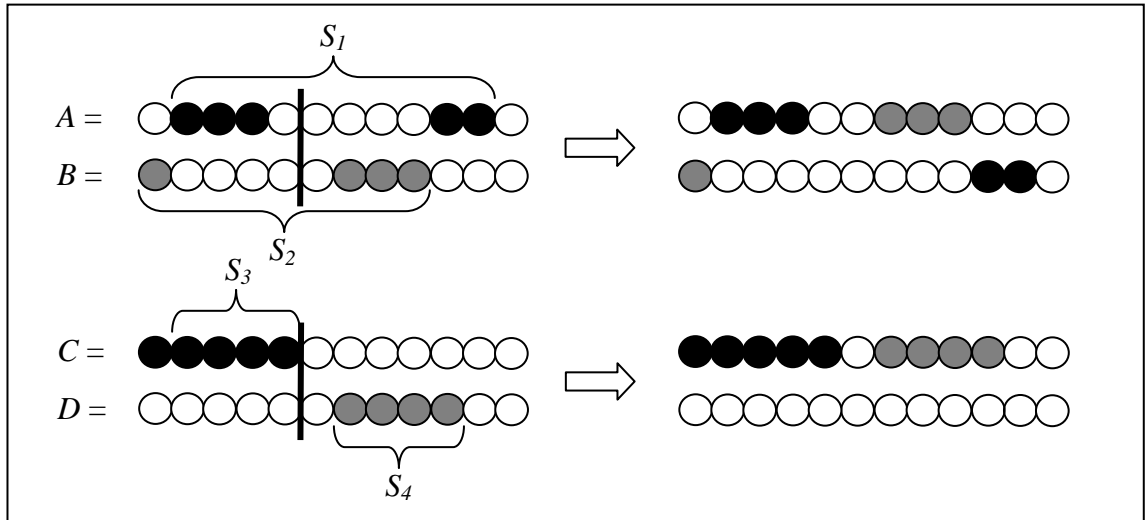
GSP de bu problemlerden birisidir ve GSP için kullanılan genetik gösterimler yoluyla oluşturulan kromozomlarda genler arasında yüksek derecede etkileşim vardır (Beasley, 1993a). Tekrar şema teoremi ve yapı taşı hipotezi birlikte değerlendirilecek olursa, bu iki teori GAlar için önemlidir ancak her ikisi de standart bir GAnın epistasisin yüksek olduğu problemlerde etkin olamayacağını belirtmektedir. Oysaki GAlara en çok ihtiyaç duyulan problemler, yüksek derecede epistasisin söz konusu olduğu (yüksek derecede multimodal yapıya sahip) problemlerdir. GAların bu tip problemlerde daha etkin çalışması ancak yapı taşlarının daha etkin bir şekilde oluşturulması ve birleştirilmesi ile sağlanabilir ve bu yaklaşımlar izleyen bölümde tartışılmıştır.

3.2. Yapı Taşlarının Birleştirilmesi

Genler arasındaki etkileşimin fazla olmasının (epistasis) yapı taşlarına olan etkisi, yapı taşlarının daha uzun tanım uzunluğuna sahip olmalarıdır. Epistasis derecesi

artıkça genler birbirleri ile daha fazla etkileşim içerisinde olacağından, bir yapı taşı oluşturulan genlerin kromozom üzerine daha fazla yayılması söz konusu olacaktır. Bu da yapı taşlarının tanım uzunluğunu arttırmaktadır. Holland'ın (1975) şema teoremi tekrar göz önüne alındığında, şema teoremi tek nokta çaprazlama operatörü altında kısa tanım uzunluğuna sahip yapı taşlarının çaprazlama operatörünü bozulmadan atlatalmaları olasılığının daha yüksek olduğunu göstermektedir. Ancak yapı taşlarının bozulmamalarının yanı sıra Goldberg'ün yapı taşı hipotezine göre birleştirilmelerinin de sağlanması gerekmektedir. Yapı taşları birleştirilemediği sürece, aynı yapı taşının bozulmamasının bir anlamı yoktur.

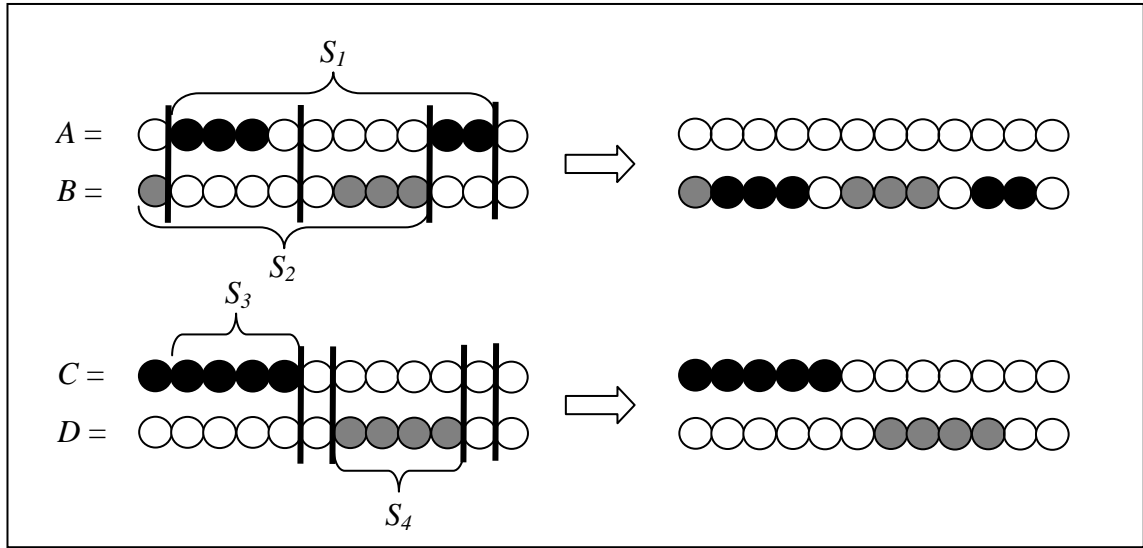
İki farklı kromozomda yer alan iki farklı yapı taşının (S_1 ve S_2) tek nokta çaprazlama operatörü altında birleştirilebilirliği Şekil 3.7'de gösterilmiştir. Şekil 3.7'de A ve B kromozomları üzerinde yer alan yapı taşları başarılı bir şekilde birleştirilemediği gibi her iki yapı taşı da bozulmaktadır. C ve D kromozomları üzerindeki yapı taşlar ise başarılı bir şekilde birleştirilebilmiştir. Şekil 3.7'de S_3 ve S_4 yapı taşlarının S_1 ve S_2 yapıtaşlarından olan farkı, daha kısa tanım uzunluğuna sahip olmalarıdır.



Şekil 3.7: Tek nokta çaprazlama operatörü için tanım uzunluğunun önemi

Şekil 3.7'de tek nokta çaprazlama operatörü için seçilen çaprazlama noktası kromozom üzerinde hangi nokta olursa olsun S_1 ve S_2 yapı taşlarını bir kromozom

üzerinde birleştirmenin hiç bir yolu yoktur. Aynı kromozomlar üzerinde tek nokta çaprazlama operatöründen farklı bir çaprazlama operatörü kullanıldığında durum farklı olabilir. Örneğin kromozomlar üzerinde dört adet çaprazlama noktası seçen ve ilk iki çaprazlama noktası ve son iki çaprazlama noktası arasında kalan genlerin değiş tokuş edildiği bir çaprazlama operatörü göz önüne alındığında, C ve D kromozomları üzerinde yer alan S_3 ve S_4 yapı taşlarının bir kromozom üzerinde birleştirilebilmesi imkansızdır. Bu durum Şekil 3.8’de gösterilmiştir.



Şekil 3.8: Farklı bir çaprazlama operatörünün aynı yapı taşları üzerindeki etkisi

Şekil 3.8’de kullanılan çaprazlama operatöründe, S_3 ve S_4 yapı taşlarını tek kromozom üzerinde birleştirmenin hiç bir yolu yok iken S_1 ve S_2 yapı taşları başarılı bir şekilde birleştirilebilmiştir. Üstelik bu yeni çaprazlama operatörü ile S_1 ve S_2 yapı taşlarının bozulmaması olasılığı da S_3 ve S_4 yapı taşlarının bozulmaması olasılığına göre daha yüksektir. Görüldüğü gibi yapı taşlarını oluşturan genler kromozom üzerinde farklı şekillerde dağıldığında, kullanılacak farklı çaprazlama operatörleri farklı sonuçlar verebilmektedir. Ancak asıl sorun yapı taşlarını oluşturan genlerin hangileri olduğunun bilinmemesinin yanı sıra, yapı taşlarını oluşturan genlerinin kromozom üzerinde nasıl dağıldıklarının da bilinmemesidir.

Yapı taşlarının tek nokta çaprazlama operatörü kullanıldığında bozulmama olasılıklarını belirlemek için bir yapı taşının tanım uzunluğu yeterli bir bilgi iken, çaprazlama noktası sayısı arttığında tanım uzunluğu anlamını yitirmektedir. Bu nedenle bir yapı taşının farklı çaprazlama operatörleri altında bozulmamalarını belirlemek için yapı taşlarına daha genel bir perspektiften bakabilen *bağlanım* terimi kullanılmaktadır. *Bağlanım*, bir yapı taşını oluşturan genlerin kromozom üzerinde birbirlerine ne kadar yakın olduklarının ölçülmesi ve açıklanması için kullanılan bir terimdir (Chen, et al., 2007). Birbirine bitişik genlerden oluşan yapı taşları *sıkı bağlanımlı yapı taşları*, birbirine uzak genlerden oluşan yapı taşları ise *gevşek bağlanımlı yapı taşları* olarak isimlendirilmektedir. Örneğin, Şekil 3.8’de yer alan S_1 ve S_2 yapı taşları gevşek bağlanımlı iken, S_3 ve S_4 yapı taşları sıkı bağlanımlıdır.

Literatürde yapı taşlarının daha etkin bir şekilde birleştirilebilmesini sağlamak üzere yapılan ilk çalışmaların çıkış noktası, genlerin kromozom üzerinde farklı şekillerde sıralanmalarına izin vererek bir yapı taşını oluşturan genlerin bir araya getirilmesini sağlamaktır. Bu bağlamda genlerin dizileceği sırayı bulmak bir sıralama problemi. GSP de bir sıralama problemi olduğundan, zaman zaman araştırmacılar genlerin sıralanması problemini GSP ile ilişkilendirmiştir.

Literatürde yapı taşlarının birleştirilebilirliğini sağlamak için önerilmiş yaklaşımlardan ilki, genlerin kromozom üzerindeki pozisyonlarını çeşitli şekillerde değiştirip farklı gen permutasyonları oluşturarak yapı taşlarının bozulmadan karşılıklı olarak aktarımını sağlamak olmuştur. Bu yaklaşım ilk defa Bagley (1967) tarafından kullanılmıştır. Bagley (1967) her bir genin hem kromozom üzerindeki pozisyon bilgisini (*loci*), hem de genin değerini (*allele*) genlerin içerisine kodlayarak genlerin kromozom üzerinde farklı şekillerde sıralanmasına imkan vermiştir. (*loci,allele*) genetik gösterimi için iki örnek kromozom Şekil 3.9’da verilmiştir.

$$\begin{array}{l}
 A = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline (1,1) & (5,1) & (3,0) & (9,1) & (4,0) & (2,0) & (7,1) & (8,1) & (6,0) \\ \hline \end{array} = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ \hline \end{array} \\
 B = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline (5,1) & (4,0) & (2,0) & (1,1) & (6,0) & (3,0) & (8,1) & (9,1) & (7,1) \\ \hline \end{array} = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ \hline \end{array}
 \end{array}$$

Şekil 3.9: (*loci,allele*) genetik gösterimi için örnek iki kromozom

Şekil 3.9’da verilen *A* ve *B* kromozomlarının her ikisinin de kodladıkları çözüm aynıdır. Aralarındaki tek fark genlerin kromozom üzerindeki sıralanışıdır. Bagley (1967)’in kromozom yapısının *bağlanım* kavramıyla olan ilişkisi, kromozomun genlerin farklı şekillerde sıralanışına izin veriyor olmasıdır. Dolayısıyla birbiriyle etkileşim halinde olan ancak birbirine uzak olan iki genin yan yana gelmesine imkan vermektedir. Bagley, ters çevirme (*inversion*) ismini verdiği bir operatör yoluyla kromozom üzerinde iki pozisyon seçip, bu pozisyonlar arasında kalan genlerin sırasını ters çevirerek genlerin farklı şekillerde sıralanmasını sağlamıştır. Ancak her bir genin hem pozisyon bilgisini (*loci*) hem de genin değeri (*allele*) bilgisini taşıması kromozom değerlendirilirken önce kromozomun kodladığı gen sırasının belirlenmesini, sonra da kromozomun değerlendirilmesini gerektirmektedir.

Bu yaklaşımda karşılaşılan en önemli problem, çaprazlama operatörü sonrasında bazı genlerin birden fazla sayıda kromozomda yer alması ve bazılarının hiç yer almaması olmuştur. Örneğin Şekil 3.9’da verilen *A* ve *B* kromozomları üzerinde çaprazlama yapıldığında, elde edilen iki yeni kromozom Şekil 3.10’de verilmiştir. Bagley (1967) bu problemin önüne geçmek için sadece aynı gen sırasına sahip kromozomlar arasında çaprazlama yapılmasını önermiştir. Ancak bu durumda da çaprazlama yapma sıklığı oldukça düşmüştür. Bu nedenlerle Bagley, genlerin bu şekilde karıştırılmasının anlamlı olmadığı sonucuna ulaşmıştır.

Frantz (1972), kromozom üzerindeki genlerin sıralarını değiştirmenin GANın performansına olan etkisini incelemiştir. Doğrusal olmayan alt problemlerin doğrusal toplamlarından oluşan problemlerin bir kümesi üzerinde çalışmıştır. Frantz (1972) gerçekleştirdiği analizlerin sonucunda, belirli bir alt probleme ilişkin genler kromozom üzerinde birbirlerine yakın yerleştirildiklerinde GANın daha hızlı yakınsadığını

$A =$	(1,0)	(5,1)	(3,1)	(9,1)	(4,0)	(2,0)	(7,1)	(8,1)	(6,0)	$=$	1	0	1	0	1	0	1	1	1
$B =$	(5,1)	(4,1)	(2,1)	(1,1)	(6,0)	(3,0)	(8,1)	(9,1)	(7,1)	$=$	1	1	0	1	1	0	1	1	1
$C =$	(1,1)	(5,1)	(3,1)	(9,1)	(6,0)	(3,0)	(8,1)	(9,1)	(7,1)	$=$	1	?	?	?	1	0	1	1	1
$D =$	(5,1)	(4,1)	(2,1)	(1,1)	(4,0)	(2,0)	(7,1)	(8,1)	(6,0)	$=$	1	?	?	?	1	0	1	1	?

Şekil 3.10: (*loci, allel*) genetik gösteriminde çaprazlama sonrası bazı genlerin fazlalığı ve bazı genlerin eksikliği

göstermiştir. Ancak genlerin farklı dizilimlerine sahip kromozom yapıları için elde edilen çözüm kaliteleri arasında bir farklılık olmamıştır. Daha sonra Frantz (1972), Bagley'nin (1967) ters çevirme operatörünün etkisini incelemiştir. Bagley'nin (1967) ters çevirme operatörünü kullanarak genlerin karışmasına izin vermesi durumunda yaşadığı en büyük problem, çaprazlama operatörü sonrasında bazı genlerin kromozom üzerinden yok olması, bazılarının ise birden çok kez var olmasıdır (bkz. Şekil 3.10). Frantz (1972), çaprazlama operatörü sırasında bir ebeveynin tüm genlerini diğer ebeveynin genleri ile aynı sırada dizerek bu durumun ortaya çıkmasını engellemiştir.

Holland (1975), ters çevirme operatörünü genlerin dizilimini değiştirerek popülasyonda yer alan gen dizilimi çeşitliliğini arttırıcı bir operatör olarak göz önüne almıştır. Bölüm 3.1'de açıklanan şema teoreminin bir sonucu olarak kısa tanım uzunluğuna sahip yapı taşlarının GA için önemini göstermiştir. Genlerin kromozom üzerindeki sıralarının değiştirilmesi yoluyla uzun tanım uzunluğuna sahip yapıtaşlarını oluşturan genlerin bir araya getirilebileceğini (sıkı bağlanımlı) ve bu gen dizilerinin ters çevirme operatörü ile bozulma olasılıklarının düşük olacağını belirtmiştir.

Goldberg and Lingle (1985), genlerin sıralanması problemini gezgin satıcı problemi üzerinde değerlendirerek, PMX çaprazlama operatörünü geliştirmişlerdir. Goldberg and Lingle (1985), ters çevirme operatörünün (Bagley, 1967) yerine PMX çaprazlama operatörünün kullanılmasıyla kromozomlar üzerinde yer alan genlerin sıralanış bilgisinin de kromozomlar arası taşınmasını sağlamışlardır. Goldberg and

Lingle (1985) bu çalışmayı dört gözlemeden hareketle yapmışlardır: (i) derecesi düşük ve sıkı bağlanımlı yapı taşları kaliteli çözümlere öncülük ettiğinde GA başarılı olabilmektedir, (ii) yapı taşlarının sıkı bağlanımlı olmasına izin vermeyen genetik gösterimler üzerinde çalışmak GA için zordur, (iii) ters çevirme operatörü yapı taşlarının bağlanımlarını faydalı bir şekilde değiştirmek için kullanılamamaktadır, (iv) gezgin satıcı problemi GA kullanılarak başarılı bir şekilde çözülememiştir. Goldberg and Lingle'nin (1985) GAların GSP üzerindeki başarısızlığını örnek olarak vermesinin sebebi GSP için kullanılan özel bir genetik gösterimden kaynaklanmaktadır: rota genetik gösterimi. Rota genetik gösteriminde her bir genin değeri sabittir ve her bir gen GSP'nin bir düğümüne karşılık gelmektedir. Dolayısıyla rota genetik gösterimi ile oluşturulan bir kromozomda sadece genlerin sıralanışı değiştirilmeye çalışılmaktadır. Bu da literatürde genlerin sıralarının değiştirilmesi yoluyla yapı taşını oluşturan genlerin bir araya getirilmesi ile yakından ilişkilidir. Goldberg and Lingle (1985), ters çevirme operatörünün mutasyon benzeri bir operatör olduğunu, kromozom uzayındaki farklı bölgeler arasında bilgi alışverişi yapmadığı için bir çok sıralama problemini çözümede başarısız olduğunu belirtmişlerdir. Bu nedenle PMX çaprazlama operatörünü geliştirmişler ve hem genlerin sıralanışının, hem de genlerin değerlerinin kromozomlar arası aktarılmasını sağlamışlardır. Daha sonra sıralama problemleri için *o-schemata* ismini verdikleri bir şema yapısı geliştirmişler ve PMX çaprazlama operatörünün *o-schemata*'nın korunmasını sağladığını göstermişlerdir. Goldberg ve Lingle'nin bu çalışmasından sonra çeşitli araştırmacılar bir dizi çaprazlama operatörü geliştirmiştir. Bu çaprazlama operatörlerinin bazıları Bölüm 3.4.2'de rota genetik gösterimi altında verilmiştir.

Goldberg ve Lingle'nin (1985) çalışması GSPde GAların kullanılması açısından önemli bir çalışmadır. Ancak literatürde göz önüne alınan genlerin sıralanması problemi ile GSP için göz önüne alınan sıralama problemi arasında önemli bir fark vardır. GSPde genlerin farklı şekillerde sıralanması ile elde edilen kromozomlar bir uygunluk değerine sahiptir. Dolayısıyla hangi sıralamanın diğerine göre daha iyi olduğu belirlenebilmektedir. Oysa ki, ikili kodlama ile oluşturulmuş kromozomlarda yapı taşlarına ait genlerin bir araya getirilmesi amacıyla genlerin sırasının belirlenmesi probleminde hangi sıralamanın diğerine göre daha iyi olduğunu belirlemenin bir yolu

yoktur. Bunun sebebi hangi genlerin yapı taşı oluşturduğunun bilinmemesidir. Bu nedenle Syswerda (1989) *uniform çaprazlama* ismini verdiği bir çaprazlama operatörü geliştirmiştir. Syswerda (1989) genlerin sıralarını karıştırıp tek nokta çaprazlama operatörü yapmaktansa, her genin eşit olasılıkla kromozomlar arası değiş tokuşuna izin vermenin aynı şey olduğunu belirtmiştir. Nitekim uniform çaprazlamada her gen eşit olasılıkla kromozomlar arasında karşılıklı olarak değiştirilmektedir.

Goldberg, et al., (1989b) *Messy GA* ismini verdikleri bir GA geliştirmişlerdir. Messy GA yapı taşlarının birleştirilmesine yeni bir boyut kazandırmıştır. Messy GA Bagley'in (1967) çalışmasında kullanılan (*loci, allele*) genetik gösterimini kullanmaktadır. Ancak evrim süreci iki safhaya bölünmüştür: *ön safha (primordial) safha* ve *birleştirme (juxtapositional) safhası*. Ön safha yapı taşlarını oluşturmakta, birleştirme safhası ise bu yapı taşlarını birleştirmektedir. Başlangıç olarak daha önceden tanımlanmış bir *k* parametresi kullanılmakta ve *k* derecesine sahip tüm yapı taşı alternatifleri oluşturulmaktadır. Ön safhada bu yapı taşları rassal olarak birleştirilerek çeşitli kromozomlar oluşturulmaktadır. Rassal oluşturulan bu kromozomların uygunluk değeri yüksek olan bir alt kümesi başlangıç populasyon olarak kullanılmaktadır. Birleştirme safhası bu populasyon üzerinde çalışmakta ve farklı kromozomlardaki yapı taşlarını birleştirmeye çalışmaktadır. Yapı taşlarını birleştirmek için çaprazlama operatörü yerine *kesme ve birleştirme* ismi verilen bir operatör kullanılmıştır. Ancak Messy GA'da elde edilen yavru kromozomlar Bagley'in (1967) çalışmasında olduğu gibi bazı genleri birden çok kez içerebileceği gibi bazı genleri de kaybetmektedir. Kromozomun bir geni birden fazla sayıda içermesi durumu için Goldberg, et al., (1989b)'un önerdiği çözüm, kromozomdaki pozisyonu küçük olan geni kullanmak, diğerini silmektir. Eksik genlerin olması durumu için önerdikleri çözüm ise bazı kalıpların (template) kullanılmasıdır. Bir kalıp bir önceki jenerasyonda bulunmuş en iyi kromozomdur ve boşluklar bu kromozomdan hareketle doldurulmaktadır.

Farklı bir yaklaşım da Tsutsui, et al., (1994)'ün bölünen GA (*forking GA: fGA*) yaklaşımıdır. fGA bir ana populasyona ve birden fazla yavru populasyona sahiptir. Ana populasyon dikkat çeken yapı taşlarının bir listesini tutmakta (populasyonda gözlenme sıklığına göre), yavru populasyonların her biri ise her bir dikkat çeken yapı

taşıını kromozom üzerinde sabitleyerek, kromozom uzayının daraltılması yoluyla arama yapmaktadır. Ana populusyonda yeni yapı taşlarının belirlenebilirliğini ve yerel en iyi çözümlere yakınsamayı engellemek için yapı taşı havuzunda yer alan yapı taşlarına sahip kromozomlar seçim operatörü sırasında populusyondan silinmektedir. Böylece ana populusyon farklı yapı taşlarını ararken, yavru populusyonlar daraltılmış bir kromozom uzayında yeni yapı taşlarını aramaktadır.

Paredis (1995), *simbiyotik (symbiotic) evrim* ismini verdiği bir yaklaşım geliştirmiştir. Bu yaklaşımda Bagley'nin (1967) (*loci, allele*) genetik gösteriminin iki ayrı populusyona bölündüğü düşünülebilir. Bir populusyon standart ikili kodlama ile alleller üzerinde çalışırken, diğer populusyon genlerin pozisyonlarının (*loci*) kodlandığı bir genetik gösterim yoluyla oluşturulan kromozomlar üzerinde çalışmaktadır. Birinci populusyon çözüm populusyondur ve probleme ilişkin çözümleri kodlayan kromozomlardan oluşmaktadır. İkinci populusyon ise permutasyonlar populusyonudur ve her bir kromozom genlerin hangi sırayla sıralandıktan sonra çaprazlamaya tabi tutulacağını göstermektedir. Birinci populusyondan iki kromozom çaprazlama için seçildikten sonra, bu kromozomların üzerinde yer alan genler permutasyon populusyonundaki bir kromozomun belirttiği sıraya göre tekrar dizilmekte, ve çaprazlama işlemi bu yeni sıra ile yapılmaktadır. Çaprazlama sonrası kromozomlar üzerindeki genler tekrar orijinal gen sırasına göre dizilerek birinci populusyona yerleştirilmektedir. Her iki kromozomda yer alan genlerin aynı sıraya dizilmesinden sonra çaprazlama yapılması, Frantz'ın (1972) çaprazlama öncesi her iki kromozomu da aynı gen sırasına göre dizerek çaprazlama yapmasına benzemektedir. Ancak Paredis'in (1995) getirdiği en büyük yenilik permutasyonlar populusyonunda yer alan kromozomların da uygunluk değerlerinin olması ve bu kromozomların da bir evrim sürecine tabi tutulmasıdır. Bir permutasyon çaprazlama için kullanıldığında, o permutasyonu kodlayan kromozom için bir uygunluk değeri belirlenmektedir. Bu uygunluk değeri, yavru kromozomların uygunluk değerlerinin ebeveyn kromozomların uygunluk değerlerine oranıdır.

Smith and Fogarty (1996) birbirlerine bitişik bazı gen bloklarının kullanılmasıyla yeni çözümlerin oluşturulması yoluna gitmiştir. Bu yapıya LEGO

modeli ismini vermişlerdir. LEGO modelinde her bir gen iki bayrak (flag) taşımaktadır. Bunlardan ilki genin önceki gen ile bağlı olup olmadığını, ikincisi ise genin sonraki gen ile bağlı olup olmadığını göstermektedir. Birbirleri ile bağlı olan gen zincirlerine gen blokları (gene blocks) denilmiştir. Yeni bir kromozom oluşturulurken, kromozomun her bir pozisyonu için popülasyondaki tüm kromozomlar üzerinde o pozisyona uygun olan bütün gen blokları göz önüne alınmaktadır. Uygunluk değeri bazında göz önüne alınan bir gen bloğu seçilerek ilgili pozisyona yerleştirilmektedir. Aynı işlem kromozom üzerindeki ilk boş gen pozisyonu için tekrar yapılmakta ve bu yolla tüm kromozom oluşturulmaktadır. Bayrakların değerlerini de mutasyona uğratarak farklı gen bloklarının elde edilmesini sağlamışlardır. Smith and Fogarty'nin (1996) epistasisin kromozom üzerindeki etkisini incelemişlerdir. Epistasis derecesi arttıkça blok oluşturan genlerin oranının da arttığını gözlemlemişlerdir. Smith and Fogarty'nin (1996) bu yaklaşımı popülasyonda yer alan yapı taşlarının ve genler arası etkileşimin tahmin edilip birleştirildiği bir yaklaşım olarak değerlendirilebilir. Bazı gen bloklarının bir kromozoma aktarılması ile oluşturulan yeni kromozomun uygunluk değeri düşükse bu kromozom zaten ilerleyen jenerasyonlarda yok olacaktır. Doğru gen bloklarının aktarılmasıyla oluşan uygunluk değeri yüksek bir kromozom ilerleyen jenerasyonlarda da var olacak ve üzerinde taşıdığı bayrakların değerlerini de koruyacaktır. Böylelikle GA zamanla hangi gen bloklarının birleştirilmesi yoluyla yeni bir kromozom oluşturulması gerektiğini de zamanla öğrenmektedir.

Harik (1997), bağlanım öğrenen (linkage learning) GA ismini verdiği yeni bir yaklaşım geliştirmiştir. Bu yaklaşımda Bagley'in (1967) kullandığı genetik gösterimi temel alınmıştır. Ancak Bagley'den farklı olarak bir kromozom, başlangıç ve bitişi bağlı olan bir tur şeklinde tanımlanmıştır. *Değiş tokuş operatörü (exchange operator)* ismini verdiği bir operatör bir kromozomdan seçilen bir alt diziyi ikinci bir kromozomda rassal olarak seçilen bir pozisyonda araya eklemektedir. Daha sonra ikinci kromozom rassal olarak seçilen bir pozisyondan başlanarak saat yönünde taramakta, fazla genler kromozomdan silinmektedir. Bu bağlamda değiş tokuş operatörü sıralama tabanlı problemler için bir çaprazlama operatörü gibi çalışmaktadır. Harik (1997) değiş tokuş operatörü yoluyla oluşturulan kromozomlarda bir olasılık

dağılımının söz konusu olduğunu göstermiş, GAnın zamanla bağlanımları da öğrenebileceğini göstermiştir.

Uygun bağlanımları gerçekleştirebilmek için geliştirilmiş diğer bir yaklaşım da *dağılım tahminleme algoritması (estimation of distribution algorithm: EDA)* olarak isimlendirilmiştir (Mühlenbein and Paaß, 1996). EDAlarda geçerli popülasyondan bir dağılım kestirimi yapılmakta ve bu dağılım sonraki popülasyonun oluşturulmasında kullanılmaktadır. Dağılım, seçim operatörü yoluyla seçilen kromozomlar üzerindeki genlerin değerleri aracılığıyla kestirildiğinden, genler arası ilişkileri de içermektedir. Yeni popülasyon bu kestirilen dağılıma göre oluşturulduğundan, genlerin değerleri ve aralarındaki ilişkiler yeni popülasyona aktarılmaktadır. Böylelikle yapı taşı aktarımının yanı sıra, yapı taşı birleştirme işlemi de gerçekleşmektedir. EDAlar dağılımın kestirilme biçimi ve kestirilen dağılımın kullanılma biçimine göre çeşitlilik göstermektedir (Larranaga, 2002).

Chang, et al., (2005) GSP için *fabrikasyon* adını verdikleri yeni bir operatör geliştirmişlerdir. Bu operatör her bir iterasyonda elde edilen en iyi çözümleri bir veri tabanında tutmakta ve bu çözümlerden hareketle fabrikasyon havuzu ismi verilen bir matris oluşturmaktadır. Fabrikasyon matriste her bir düğümün kromozom üzerinde hangi pozisyonda yer aldığı bilgisi tutulmaktadır. Daha sonra her bir pozisyonda en çok gözlenen düğüm o pozisyona atanarak yeni bir kromozom oluşturulmakta ve bu kromozom popülasyona eklenmektedir. Bu yolla GSP için uygun bağlanımların bulunması hedeflenmiştir. Chang, et al., (2007) ise bu yaklaşımı çok amaçlı akış tipi çizelgeleme problemine uyarlamıştır.

Sonuç olarak, literatürde yer alan yapı taşı birleştirme odaklı çalışmalar incelendiğinde, genlerin sıralarının rassal olarak değiştirildiği yaklaşımlardan, genler arasındaki etkileşimlerin daha hassas bir şekilde tahmin edilmesi yoluyla yapı taşlarının tahmin edildiği ve bu ilişkilerden faydalanarak yapı taşlarının birleştirildiği yaklaşımlara doğru bir akış olduğu görülmektedir. GAlarda diğer bir önemli konu da popülasyon çeşitliliği ile seçim baskısı arasında uygun bir denge kurabilmektir. Bu

denge iki açıdan önemlidir: yapı taşlarının birleştirilmesi için GAYa tanınan süre ve eldeki yapı taşı zenginliğini uygun bir seviyede tutabilmek.

3.3. Populasyon Çeşitliliği ve Seçim Baskısı

GAnın evrim süreci ile ilişkili en önemli faktörlerden birisi populasyon çeşitliliğidir. Populasyon çeşitliliği bir populasyonun içerdiği kromozomların, dolayısıyla yapı taşlarının, çeşitlilik miktarıdır. Populasyon çeşitliliği düşük olduğunda populasyonda yer alan farklı yapı taşlarının da miktarı düşük olacağından, GAYı en iyi çözüme götürecek olan yapı taşlarının bazıları populasyonda yer almayabilir. Bunun yanı sıra, populasyon çeşitliliği gereğinden fazla olduğunda, doğru yapı taşlarının birleştirilmesi olasılığı da düşeceğinden GAnın yakınsama hızı da düşecektir. Dolayısıyla populasyon çeşitliliğini uygun bir seviyede tutabilmek önemlidir.

GAnın bütün parametreleri ve operatörleri populasyon çeşitliliği üzerinde etkilidir. Örneğin populasyon büyüklüğü ne kadar fazla olursa populasyon çeşitliliğinin de o kadar fazla olması beklenir. Bu bağlamda bazı araştırmacılar GA için uygun populasyon büyüklüğünün ne olması gerektiğini araştırmışlardır (Gigore and Goldberg, 1998, Goldberg, 1989c). Populasyon çeşitliliği üzerinde önemli etkiye sahip faktörlerden birisi de mutasyon operatörüdür. Hem mutasyon operatörünün çalışma mekanizması hem de mutasyon olasılığı populasyon çeşitliliği üzerinde önemli etkiye sahiptir. Gereğinden fazla gerçekleşen bir mutasyon GAnın rassal aramaya dönüşmesine sebep olabilir. Benzer şekilde, farklı çaprazlama operatörleri kromozomlar arası çaprazlama yaparken farklı yöntemleri kullandıklarından, farklı çaprazlama operatörlerinin populasyon çeşitliliği üzerindeki etkileri de farklı olacaktır. Örneğin, Mühlenbein, et al., (1988) geliştirdikleri MPX çaprazlama operatörünün populasyon çeşitliliğini çok hızlı düşürdüğünü söylemiştir.

Tüm bu önemli faktörlerin yanı sıra, seçim operatörü hem populasyon çeşitliliği üzerinde etkili olması hem de uygunluk değeri yüksek yapı taşlarının sonraki jenerasyonlarda artan sayıda yer almasını sağlaması (bkz. Bölüm 3.1, Şema teoremi) açısından ayrı bir önem taşımaktadır. Seçim operatörünün uygunluk değeri yüksek olan kromozomlara tanıdığı ayrıcalık seçim baskısıdır. Seçim baskısı ile populasyon

çeşitliliği birbirleri ile yakından ilişkilidir. Seçim baskısındaki artış ağırlıklı olarak iyi kromozomların seçilmesine neden olur ve dolayısıyla populasyon çeşitliliği azalır. Seçim baskısındaki azalış, kötü olan kromozomların da seçilmesi olasılığını artırır ve böylece populasyon çeşitliliği artar.

Güçlü bir seçim baskısı, genetik algoritmanın erken safhalarda bulduğu iyi bir çözüme yakınsamasına neden olabilir. Ancak erken safhalarda çözüm uzayı yeteri kadar incelenmemiştir ve bu nedenle güçlü seçim baskısı genetik algoritmanın bir yerel en iyiye takılmasına neden olabilir. Bu duruma erken yakınsama denir (Goldberg, 1989a).

Düşük bir seçim baskısı ise populasyondaki bütün kromozomların seçilme olasılıklarını birbirine yaklaştırarak populasyon çeşitliliğini artırır. Ancak bu durumda da iyi ve kötü kromozomların seçilme olasılıkları birbirlerine çok yakın olacağından genetik algoritma bir rassal arama tekniğine dönüşebilir. Bölüm 3.1’de de değinildiği gibi şema teoremi uygunluk değeri yüksek olan şemaların (yapı taşlarının) sonraki jenerasyonlara üstel artan sayıda geçmesini gerektirmektedir. Seçim baskısının düşmesi, uygunluk değeri yüksek olan şemaların sonraki jenerasyondaki beklenen sayılarının düşmesi demektir. Bu nedenlerle populasyon çeşitliliği ve seçim baskısı arasında uygun bir denge kurmak oldukça önemlidir.

Seçim operatörlerinin çalışma mantığı büyük ölçüde Darwin’in evrim teorisine dayalıdır. Darwin’in evrim teorisinde, değişen çevreye hızlı ve uygun adaptasyonu sağlayabilen canlıların yaşamlarını sürdürdüğünden ve uygun adaptasyonu sağlayamayan canlıların soylarının tükendiğinden bahsedilmektedir. Seçim operatöründe, Darwin’in evrim teorisinde sözü geçen çevre rolünü, kromozomların uygunluk değerlerini belirleyen değerlendirme fonksiyonu oynamaktadır. Seçim operatörü tıpkı Darwin’in evrim teorisinde olduğu gibi, daha iyi olan kromozomların yaşamını sürdürmesini ve çoğalmasını, kötü olan kromozomların ise yok olmasını sağlamaktadır.

Yaygın olarak kullanılan seçim operatörlerinden birisi rulet tekeri seçim operatörüdür (Holland, 1975). Rulet tekeri seçim operatörü, her bir kromozom için

uygunluk değeri ile orantılı bir seçilme olasılığı belirler. Populasyonda i 'inci sırada yer alan bir kromozomun seçilme olasılığı p_i olduğunda, bir kromozomun rulet tekeri seçim operatörü sonrası populasyondaki beklenen sayısı ($n \times p_i$) olacaktır. Burada n populasyondaki kromozom sayısıdır. Rulet tekeri seçim operatörü populasyonun durumuna göre değişen bir seçim baskısına sahiptir. Eğer populasyondaki kromozomlar birbirlerine yakın uygunluk değerlerine sahipse, seçilme olasılıkları da birbirlerine yakın olacaktır. Böylece seçim baskısı da düşük olacaktır. Eğer populasyonda diğer kromozomlara göre çok yüksek uygunluk değerine sahip bir kromozom varsa, bu kromozomun seçilmesi olasılığı diğerlerine göre çok fazla olacaktır. Bu nedenle, bu kromozom sonraki jenerasyonun populasyonu için çok fazla kopya verecek ve bir sonraki jenerasyona gereğinden fazla kopya vererek populasyon çeşitliliğinin hızla düşmesine sebep olacaktır. Bu da önceden bahsedildiği gibi erken yakınsamanın en önemli sebebidir. Bunun yanı sıra her ne kadar olasılığı düşük olsa da hep aynı kromozomun yeni populasyona seçilmesi veya populasyondaki en iyi kromozomun yeni populasyona seçilmemesi ihtimalleri de vardır.

Rulet tekeri seçim operatörünün bu sakıncalarını ortadan kaldırmak için çeşitli çalışmalar yapılmıştır. Bu konudaki ilk çalışma De Jong'a aittir (De Jong, 1975). De Jong, rulet tekeri seçim operatörünün çeşitli versiyonlarını göz önüne almıştır. İlk versiyonda rulet tekeri seçim operatörüne seçici (elitist) strateji eklenmiştir. Seçici strateji, populasyondaki en iyi kromozomun bir sonraki jenerasyona ait populasyona değişmeden geçmesini sağlamaktadır. İkinci versiyon olan beklenen değer versiyonu seçimin stokastik hatalarını azaltmayı amaçlamaktadır. Bu versiyon her bir kromozomun en fazla beklenen değeri kadar seçilmesine izin vermekte, böylece bir kromozomun beklenenden fazla seçilmesi engellenmektedir. Populasyonda boş kalan yerler ise rassal olarak doldurulur. Üçüncü versiyon seçici beklenen değer versiyonudur ve ilk iki versiyonun birleştirilmiş halidir. Dördüncü versiyon kalabalık faktörü (crowded factor) versiyonudur. Bu versiyon daha çok çaprazlama operatörü sonucu elde edilen yeni kromozomların populasyona yerleştirilmeleri ile ilgilidir. Bu versiyonda, çaprazlama operatörüyle yeni üretilen bir kromozom eskiler içinden kendisine en çok benzeyenin yerine geçer. Bu versiyonun amacı populasyonda

birbirine benzeyen çok fazla kromozom olmasını engellemek ve böylece populasyon çeşitliliğini dengede tutmaya çalışmaktır.

Rulet tekeri seçim operatörü üzerinde yapılan diğer değişiklikler, kromozomların uygunluk değerleri üzerinde yoğunlaşmaktadır. Eğer populasyondaki kromozomların uygunluk değerleri arasında bir denge kurulabilirse, seçim baskısı ve populasyon çeşitliliği arasında da bir denge kurulmuş olacaktır. Bu amaçla kullanılacak iki teknik söz konusudur: sıralamaya dayalı seçim operatörleri ve ölçeklendirmeye dayalı seçim operatörleri. Sıralamaya dayalı seçim operatörleri, populasyondaki kromozomların uygunluk değerlerine göre sıralanmasına ve seçilme olasılıklarının belirlenmesinde bu sıralamanın kullanılmasına dayalıdır. Ölçeklendirmeye dayalı seçim operatörleri ise, uygunluk değerlerinin ölçeklendirilmesine ve seçim işleminin bu ölçeklendirilmiş uygunluk değerlerine göre yapılmasına dayalıdır.

Sıralamaya dayalı seçim operatörü seçim baskısının kullanıcı tarafından kontrol edilmesine imkan vermektedir (Michalewicz, 1992). Bu yaklaşımda kromozomlar uygunluk değerine göre en yüksekte en düşüğe doğru sıralanmaktadır. Bir q parametresinin değeri kullanıcı tarafından belirlenmekte ve bir doğrusal fonksiyon;

$$p_k = q - (k - 1)r \quad 3.11$$

veya bir doğrusal olmayan fonksiyon,

$$p_k = q(1 - q)^{k-1} \quad 3.12$$

k pozisyonunda bulunan kromozomun seçilme olasılığını belirlemek için kullanılmaktadır ($k = 1$ en iyi kromozom ve $k = n$ en kötü kromozom). Her iki fonksiyon da seçim baskısının kullanıcı tarafından kontrolüne izin verir. Denklem 3.11'de verilen doğrusal fonksiyonda $\sum_{i=1}^n p_i = 1$ gereksiniminden dolayı, $q = r(n - 1)/2 + 1/n$ olması gereklidir. $r = 0$ için seçim baskısı yoktur. Yani bütün kromozomlar eşit seçilme şansına sahiptirler. $r = 0$ olmasını sağlayan q değeri $q=1/n$ 'dir. Yani $q=1/n$ için seçim baskısı yoktur. $q-(n-1)r = 0$ için en yüksek seçim baskısı elde edilir.

Buradan $r = 2/(n(n-1))$ ve dolayısıyla $q = 2/n$ olması gerekliliği elde edilir. Yani $q = 2/n$ için en büyük seçim baskısı elde edilir. Böylece q 'nun $1/n$ ve $2/n$ arasındaki değerleri için istenilen seçim baskısı elde edilebilir.

Denklem 3.12'de verilen doğrusal olmayan fonksiyon için q parametresi populasyon büyüklüğüne bağlı değildir. $q \in (0,1)$ 'dir. q 'nun büyük değerleri güçlü seçim baskısına ve düşük değerleri zayıf seçim baskısına neden olmaktadır.

Sıralamaya dayalı bir başka seçim operatörü de turnuva seçim operatörüdür (Brindle, 1981). Bu operatörde bir turnuva büyüklüğü (t) kullanıcı tarafından tanımlanmaktadır. Daha sonra t tane kromozom populasyondan rassal olarak seçilmekte ve bu kromozomlar arasında uygunluk değeri en yüksek olan kromozom yeni populasyona yerleştirilmektedir. Populasyon dolana kadar bu işleme devam edilmektedir. Turnuva seçim operatörü t parametresine bağlı olarak seçim baskısının kontrol edilmesine izin vermektedir. t 'nin büyük değerleri için seçim baskısı artmakta, küçük değerleri için ise seçim baskısı azalmaktadır. İki uç durum göz önüne alınacak olursa: $t = n$ olması durumunda bir sonraki populasyondaki bütün kromozomlar bir önceki populasyondaki en iyi uygunluk değerine sahip kromozomdan oluşacaktır. $t = 1$ olması durumunda ise seçim operatörü bütünüyle rassal bir seçim yapacaktır.

Ölçeklendirmeye dayalı seçim operatörü ise uygunluk değerlerini ölçeklendirmek yoluyla seçim baskısı ve populasyon çeşitliliği arasında bir denge kurmaya çalışmaktadır. Bu teknik ölçeklendirme yöntemlerine göre üç ayrı başlıkta incelenebilir: doğrusal ölçeklendirme, sigma kısaltması ve kuvvet ölçeklendirmesi (Michalewicz, 1992).

Doğrusal ölçeklendirmede kromozomların uygunluk değerleri Denklem 3.13 kullanılarak ölçeklendirilmektedir.

$$w_i^t = a \cdot f_i^t + b \quad 3.13$$

Denklem 3.13'de w_i^t , t . jenerasyondaki i . kromozomun ölçeklendirilmiş uygunluk değeridir. a ve b parametreleri, ölçeklendirilmiş uygunluk değerlerinin ortalaması ölçeklendirilmemiş uygunluk değerlerinin ortalamasına ve ölçeklendirilmiş en iyi

uygunluk değeri ortalama uygunluğun belirli bir katına eşit olacak şekilde seçilmektedir.

Sigma kısaltması ile ölçeklendirilmiş uygunluk değerleri Denklem 3.14 kullanılarak ölçeklendirilmektedir.

$$w_i^t = f_i^t + (\bar{F} - c \cdot \sigma) \quad 3.14$$

Denklem 3.14'de c küçük bir tamsayıdır ve değeri kullanıcı tarafından belirlenmektedir (genellikle 1-5 aralığında değer verilmektedir (Michalewicz, 1992)). σ populasyondaki uygunluk değerlerinin standart sapmasıdır.

Kuvvet ölçeklendirmesinde ise uygunluk değerlerinin belirli bir kuvveti alınmaktadır:

$$w_i^t = (f_i^t)^k \quad 3.15$$

f_i^t uygunluk değerlerini ölçeklendiren bir parametre vardır (k). k 'nın değeri ele alınan problemin amaç fonksiyonunun yapısına göre belirlenmektedir, ancak çeşitli deneysel çalışmalar sonucunda $k = 1.005$ 'in kullanılması önerilmiştir (Michalewicz, 1992).

Literatürde sıralama ve ölçeklendirmeye dayalı bir dizi farklı seçim operatörlerini de bulmak mümkündür. Seçim operatörleri arasında kullanımı son yıllarda büyük ölçüde artan seçim operatörü turnuva seçim operatörüdür (Brindle, 1981). Bunun iki sebebi vardır. Bunlardan ilki seçim baskısının oldukça basit bir yöntemle kontrol edilebilir olmasıdır. İkincisi ise işlem yükünün az olmasıdır.

3.4. Gezin Satıcı Problemi için Kullanılan Genetik Gösterim ve Operatörler

Herhangi bir problemin GA kullanılarak çözülebilmesi için en önemli nokta, kullanılacak olan genetik gösterimin belirlenmesidir. Kullanılacak olan genetik operatörler, kullanılan genetik gösterimin yapısına göre değişiklik göstermektedir. Bir çok teknikte olduğu gibi GALarda da çok sayıda GSP uygulaması mevcuttur. Bu da bir

çok genetik gösterimi ve dolayısıyla genetik operatörü beraberinde getirmektedir. Bu bölümde GSP için kullanılan GA yaklaşımları incelenmiştir. Çaprazlama ve mutasyon operatörleri kullanılan genetik gösterime göre değişiklik gösterdiğinden, ilgili genetik gösterim için yaygın olarak kullanılan bazı çaprazlama ve mutasyon operatörler ilgili genetik gösterim altında verilmiştir.

3.4.1. İkili (0-1) genetik gösterim

N düğümden oluşan bir GSP için ikili genetik gösterimde her bir düğüm $\lceil \log_2 N \rceil$ tane gen kullanılarak kodlanır. Dolayısıyla kromozom $N \lceil \log_2 N \rceil$ tane genden oluşur. Örneğin 6 düğümlü bir GSP’de her bir düğüm için kromozom üzerinde 3 gen ($\lceil \log_2 6 \rceil = 3$) ayrılır. Böylece kromozom uzunluğu 18 olur ($6 \times 3 = 18$). Tablo 3.1’de 6 düğüm için kromozom üzerinde kodlanan çözümün nasıl deşifre edileceği gösterilmiştir.

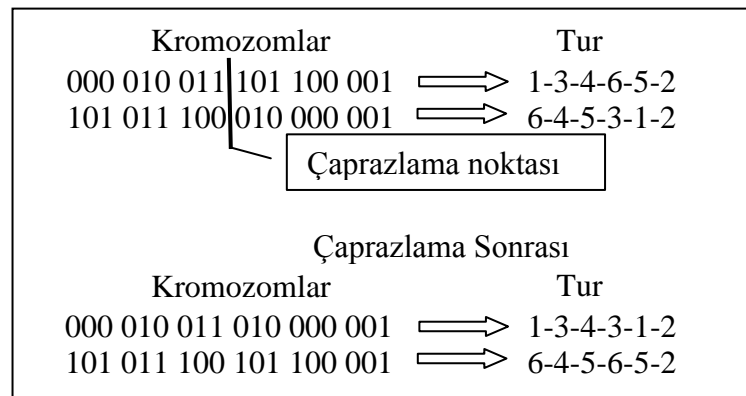
Tablo 3.1: İkili genetik gösterimde kromozomun deşifre edilmesi

Düğüm		Düğüm	
1	000	4	011
2	001	5	100
3	010	6	101

Örneğin, (000 010 011 101 100 001) kromozomu (1 – 3 – 4 – 6 – 5 – 2) turunu kodlamaktadır. Bu noktada ikili genetik gösterim kullanıldığında 3 gen ile oluşturulabilecek 8 alternatifin olduğuna dikkat edilmelidir. 110 ve 111 ifadeleri herhangi bir düğüme karşılık gelmemektedir. Dolayısıyla çaprazlama ve mutasyon ile problemin kısıtlarını sağlamayan *illegal kromozomların* elde edilmesi olasılığı vardır. İlegal kromozomlar ile karşılaşıldığında kromozomun uygun bir çözüm kodlamasını sağlayacak bir takım tamir teknikleri (repair techniques) kullanılmaktadır. İkili gösterim her ne kadar GSP’ye uygulanabilir olsa da GSP için uygun bir genetik gösterim değildir (Larranaga, 1999).

3.4.1.1. Tek nokta çaprazlama operatörü

Tek nokta çaprazlama şu şekilde çalışmaktadır: İlk olarak belirli bir çaprazlama olasılığı ile populyasyondan iki adet kromozom (ebeveynler) seçilir. Daha sonra bu iki kromozom için bir çaprazlama noktası rassal olarak seçilir ve iki kromozomun çaprazlama noktasından sonraki genleri karşılıklı olarak değiştirilir. Böylece iki yeni kromozom (yavrular) oluşur. Bu işlem 6 düğümlü bir problem için Şekil 3.11’de gösterilmiştir.



Şekil 3.11: GSP için ikili genetik gösterimde tek nokta çaprazlama operatörünün çalışma yöntemi

Şekil 3.11’den de görüldüğü gibi oluşan iki yeni kromozomun her ikisi de problem için uygun birer çözüm değildir (illegal çözümler). Bu nedenle bu kromozomların uygun birer çözüm kodlamasını sağlamak için bazı tamir tekniklerine ihtiyaç duyulur. Görüldüğü gibi ikili genetik gösterim için klasik çaprazlama operatörleri kullanıldığında elde edilen yavrular illegal olmaktadır.

3.4.1.2. İki nokta ve uniform çaprazlama operatörleri

İki nokta çaprazlama operatörü Eshelman, et al., (1989) tarafından önerilmiştir. İki nokta çaprazlama operatöründe tek nokta çaprazlama operatöründen farklı olarak iki tane çaprazlama noktası seçilir ve bu iki nokta arasındaki genler değiş tokuş edilirler.

Genel olarak tek nokta çaprazlama operatörü k nokta çaprazlama operatörüne dönüştürmek mümkündür. Bu genelleştirmenin en uç durumu uniform çaprazlamadır (Syswerda, 1989). Uniform çaprazlama operatöründe iki ebeveyn arasında her bir gen eşit olasılıkla değiş tokuş edilmektedir.

3.4.1.3. Klasik mutasyon operatörü

Klasik mutasyon operatörü popülasyondaki tüm kromozomların her bir geni üzerinde işlem yapar ve genin değerini belirli bir olasılığa göre değiştirir (Holland, 1975). Bu olasılığa mutasyon olasılığı denilmektedir ve değeri kullanıcı tarafından belirlenmektedir. Bir gen mutasyon için seçildiğinde genin değeri “0” ise “1”, “1” ise “0” yapılarak mutasyon işlemi tamamlanır.

3.4.2. Rota genetik gösterimi

Rota genetik gösterimi (path representation) GSP için bir turun en doğal gösterimini sağlamaktadır. Rota genetik gösteriminde N düğümlü bir GSP için kromozom N tane genden oluşur. Her bir gen ise 1’den N ’e kadar olan tamsayı değerlerin tamamını alabilir. Böylece altı düğümden oluşan bir GSP için (1 – 2 – 3 – 4 – 5 – 6 – 1) turu aşağıdaki kromozom yoluyla gösterilir.

$$(1\ 2\ 3\ 4\ 5\ 6)$$

GSP için rota genetik gösterimi kullanıldığında, Bölüm 3.3.1’de ikili genetik gösterim için tanımlanan çaprazlama ve mutasyon operatörlerini kullanmak mümkündür. Ancak bu genetik operatörlerin kullanılması tıpkı ikili genetik gösterimde olduğu gibi, rota genetik gösteriminde de illegal kromozomların oluşmasına neden olabilmektedir. Bu durumda bazı tamir ve penaltı yaklaşımlarını kullanmak mümkündür. Ancak rota genetik gösterimi için çok daha iyi çalışan genetik operatörler geliştirilmiştir. Bu genetik operatörler genlerin değerlerini değiştirmek yerine genlerin kromozom üzerindeki pozisyonlarını değiştirmek yoluyla çalışmaktadır ve izleyen bölümlerde bu operatörler incelenmiştir.

3.4.2.1. Kısmi – eşlenmiş çaprazlama operatörü (PMX)

PMX (Partially Mapped Crossover) operatörü Goldberg and Lingle (1985) tarafından geliştirilmiştir. Düğümler arasındaki sıra ilişkisinin ebeveynlerden yavrulara geçmesini sağlayan bir çaprazlama operatörüdür. Örnek olarak, çaprazlama için seçilen iki kromozom (ebeveynler) şöyle olsun:

(1 2 3 4 5 6)

(2 3 4 6 5 1)

İlk olarak ebeveyn kromozomlar üzerinde iki çaprazlama noktası rassal olarak seçilir. Örneğin, seçilen çaprazlama noktalarının pozisyonları 2 ve 5'inci pozisyonlardaki genlerin hemen sonrası olduğunda,

$$\begin{array}{l} \text{Ebeveyn 1:} \\ \text{Ebeveyn 2:} \end{array} \begin{array}{c} 1 \quad 2 \quad \left| \quad 3 \quad 4 \quad 5 \quad \left| \quad 6 \\ 5 \quad 3 \quad \left| \quad 1 \quad 6 \quad 2 \quad \left| \quad 4 \end{array}$$

olur. Çaprazlama noktaları arasında kalan alt dizilere *eşleme bölgeleri* (mapping sections) denilmektedir. Bu örnekte eşleme bölgeleri $3 \leftrightarrow 1$, $4 \leftrightarrow 6$ ve $5 \leftrightarrow 2$ eşlemelerini tanımlar. Eşleme bölgeleri iki ebeveyn arasında karşılıklı olarak değiştirilerek iki yeni yavru elde edilir.

Yavru 1: * * 1 6 2 *

Yavru 2: * * 3 4 5 *

Daha sonra i . yavrunun ($i = 1, 2$) boş kalan genleri i . ebeveyn kullanılarak doldurulur. Eğer i . ebeveyn den alınan herhangi bir gen zaten yavruda var ise tanımlanan eşlemeler kullanılır. Örneğin birinci yavrunun ilk geninin değeri birinci ebeveynin ilk geninden alınacaktır. Ancak bu genin değeri 1'dir ve 1 değeri birinci yavrunun üçüncü geninde zaten vardır. Bu durumda tanımlanan eşlemelere başvurulur ve $1 \leftrightarrow 3$ eşlemesi kullanılarak birinci yavrunun ilk genine 3 değeri atanır. Bu yolla iki

yavrunun boş kalan genleri doldurulur. Elde edilen iki yeni yavru kromozom aşağıda verilmiştir.

Yavru 1: 3 5 1 6 2 4

Yavru 2: 2 1 3 4 5 6

3.4.2.2. Döngü çaprazlama operatörü (CX)

CX (Cycle Crossover) operatörü Oliver, et al., (1987) tarafından geliştirilmiştir. CX operatörü iki ebeveynden sadece bir yavru kromozom oluşturmaktadır. Yavru kromozomun belirli bir pozisyondaki geninin alacağı değer ebeveynlerinin aynı pozisyondaki genlerinin almış olduğu değerlere göre belirlenir. Örnek olarak aşağıdaki iki ebeveyn kromozom göz önüne alınsın.

Ebeveyn 1: (1 2 3 4 5 6)

Ebeveyn 2: (5 3 1 6 2 4)

Yavru kromozomun ilk geni, ebeveynlerinin ilk genlerine göre belirlenir. Dolayısıyla ilk gen için sadece 1 ve 5 nolu genler söz konusudur. Bu iki gen arasında rassal bir seçim yapılır ve seçilen değer yavru kromozoma verilir. Örneğin 1 nolu gen seçildiğinde yavru kromozom,

Yavru: (1 * * * *)

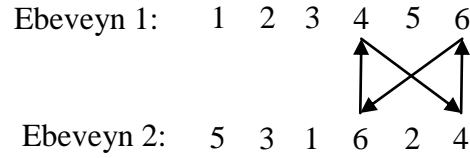
olur. Yavru kromozom üzerinde bir sonraki adımda belirlenecek olan gen, bir önceki adımda verilen genin diğer ebeveyn kromozomdaki pozisyonuna karşılık gelen genidir. İlk verilen 1 nolu gen birinci ebeveynden alındığından ve 1 nolu gen ikinci ebeveynde 3. pozisyonda olduğundan, değeri belirlenecek olan gen 3. pozisyondaki genidir. Ebeveynlerde 3. pozisyondaki genler 1 ve 3 nolu genlerdir. 1 nolu gen yavru kromozomda zaten olduğundan, yavru kromozomun 3. pozisyonuna 3 nolu gen yerleştirilir.

Yavru: (1 * 3 * *)

elde edilir. Verilen 6 nolu gen ikinci ebeveynden seçildiği için ve bu gen birinci ebeveynde 6. pozisyonda olduğu için, bir sonraki adımda değeri belirlenecek olan pozisyon 6. pozisyonudur. Bu pozisyona atanabilir genler 6 ve 4 nolu genler olduğundan ve 6 nolu gen yavruda zaten olduğundan, 4 nolu gen yavruya verilir.

Yavru: (1 2 3 6 5 4)

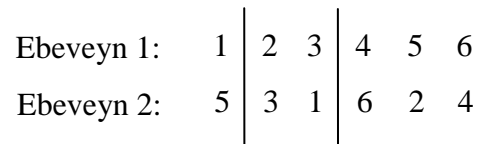
Böylelikle bir döngü daha tamamlanmış olur ve iki ebeveynden bir yavru elde edilir. İkinci döngü ise şöyle gerçekleşmiştir.



CX operatörü üzerinde yapılan deneysel çalışmalar CX operatörünün PMX operatörüne göre daha iyi sonuçlar verdiğini göstermiştir (Oliver, 1987).

3.4.2.3. Sıra çaprazlama operatörü (OX1)

OX1 (Order Crossover) çaprazlama operatörü Davis (1985) tarafından geliştirilmiştir. OX1 çaprazlama operatörü GSP'de düğümlerin pozisyonlarının değil sıralarının önemli olması durumundan hareketle geliştirilmiştir. İlk olarak iki ebeveynden birer alt dizi rassal olarak seçilir ve yavru kromozomlara verilir. Daha sonra yavru kromozomların boş kalan genleri diğer ebeveynden alt tur oluşmasına sebep olmayacak şekilde sırayla alınır. Örnek olarak aşağıdaki iki kromozom göz önüne alınsın.



Seçilen alt diziler (2 3) ve (3 1) alt dizileri olsun. Bu alt diziler yavru kromozomlara doğrudan aktarılır.

Yavru 1: * 2 3 * * *

Yavru 2: * 3 1 * * *

Daha sonra yavru kromozomların boş kalan genleri diğer ebeveynden bir alt tur oluşturmayacak şekilde sırayla alınır. Bu işleme, aktarılan genlerin hemen sonrasındaki ilk boş pozisyondan başlanır. Bu örnekte ilk boş pozisyon dördüncü pozisyondur. Bu nedenle ilk yavru kromozom için ikinci ebeveynden genlerin alınmasına dördüncü pozisyondan başlanır. Elde edilen iki yavru kromozom aşağıda verilmiştir.

Ebeveyn 2: 5 3 1 6 2 4
 Yavru 1: 1 2 3 6 4 5

Ebeveyn 1: 1 2 3 4 5 6
 Yavru 2: 2 3 1 4 5 6

3.4.2.4. Sıra çaprazlama operatörü 2 (OX2)

OX2 (Order Based Crossover) çaprazlama operatörü Syswerda (1991) tarafından geliştirilmiştir. Bu operatör ilk olarak iki ebeveynden birisi üzerinde rassal olarak çeşitli genleri seçer ve bu genlerin değerlerini belirler. Seçilen genlerin kümesi S olsun. Daha sonra diğer ebeveynin S kümesindeki elemanlardan farklı genleri yavru kromozoma verir. Son olarak yavru kromozom üzerinde boş kalan genlere S kümesindeki elemanlar seçildikleri ebeveyndeki sıralarına göre yerleştirilir. Böylece yeni bir yavru oluşturulur. Örnek olarak aşağıdaki iki ebeveyn göz önüne alınabilir.

Ebeveyn 1: 1 2 3 4 5 6
 Ebeveyn 2: 5 3 1 6 2 4

İkinci ebeveynden rassal olarak seçilen genler 1. ve 5. genler olsun. Böylece $S=\{5, 2\}$ kümesi elde edilir. Yavru kromozoma birinci ebeveynin S kümesindeki elemanlardan farklı olan genleri verilir.

Yavru 1: 1 * 3 4 * 6

Son olarak S kümesindeki elemanlar ikinci ebeveyndeki sıralarına göre yavru kromozoma yerleştirilerek yeni bir kromozom elde edilir.

Yavru 1: 1 5 3 4 2 6

Daha sonra birinci ve ikinci ebeveynlerin çaprazlama işlemindeki rolleri değiştirilerek ikinci yavru elde edilir.

3.4.2.5. Pozisyona dayalı çaprazlama (POS)

POS (Position Based Crossover) çaprazlama operatörü de OX2’de olduğu gibi ebeveynler üzerinde rassal olarak çeşitli genleri seçer (Syswerda, 1991). İkinci ebeveynden seçilen genler birinci yavruya, birinci ebeveynden seçilen genler de ikinci yavruya aktarılır. Daha sonra birinci yavrudaki boşluklar illegal bir kromozom oluşturmayacak şekilde birinci ebeveynden sırasıyla alınarak doldurulur. Aynı işlem ikinci yavru ve ikinci ebeveyn arasında da gerçekleştirilerek iki yeni kromozom oluşturulur. Örnek olarak aşağıdaki iki ebeveyn göz önüne alınabilir.

Ebeveyn 1: 1 2 3 4 5 6

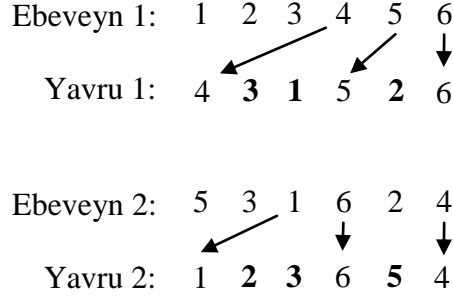
Ebeveyn 2: 5 3 1 6 2 4

Seçilen gen pozisyonları 2., 3. ve 5. pozisyonlar olsun. Bu pozisyonlardaki genler yavrulara aktarıldığında elde edilen iki yavru aşağıda gösterilmiştir.

Yavru 1: * 3 1 * 2 *

Yavru 2: * 2 3 * 5 *

İki yavrudaki boşluklar ebeveynlerden şu şekilde doldurulur:



POS operatörü aslında OX1 operatörünün uniform versiyonu olarak da düşünülebilir. OX1 operatöründe belirli bir alt diziyi seçip karşılıklı olarak değiş tokuş etmek yerine kromozom üzerindeki her bir pozisyonun eşit olasılıkla seçilmesine izin verilirse POS operatörü elde edilmiş olur. POS çaprazlama operatörü OX1 operatörünün bir versiyonu olarak düşünülebilir. OX1’de belirli bir aralıktaki genler seçilirken POS operatöründe ilgili genler rassal olarak seçilmektedir ve seçilen genlerin kromozom üzerinde yan yana olma zorunlulukları yoktur. Geriye kalan işlemler her iki operatörde de aynıdır.

3.4.2.6. Sezgisel çaprazlama (HX)

HX (Heuristic Crossover) çaprazlama operatörü ayrıtlara önem veren bir operatördür ve Grefenstette (1987) tarafından geliştirilmiştir. Bu operatör orijinal haliyle 2 ebeveyn kullanır ancak kullanılacak olan ebeveyn sayısını arttırmak mümkündür. Bu nedenle aşağıda verilen adımlarda K tane ebeveynin kullanıldığı düşünülmüştür. Sezgisel çaprazlama operatörünün adımları şöyledir:

- i. Bir düğüm rassal olarak seçilir (seçilen düğüm c olsun).
- ii. K tane ebeveynde c düğümüne bağlı ayrıtlar belirlenir. Ayrıtların uzunluğuna bağlı olarak bu ayrıtlar için bir olasılık dağılımı tanımlanır. Alt tur oluşmasını engellemek amacıyla daha önce ziyaret edilmiş bir düğümüne giden bir ayrıtlın olasılığı sıfır yapılır.
- iii. Bu olasılık dağılımına göre bir ayrıtl seçilir. Dolayısıyla c düğümünden sonra hangi düğümün geleceği seçilmiş olur. Eğer göz önüne alınan ayrıtların hepsi

de daha önce ziyaret edilmiş bir düğüme bağlanıyorsa, farklı bir ayrıt rassal olarak seçilir. Seçilen s düğümü (seçilen ayrıta bağlı olan düğüm) kromozom üzerinde c düğümünden sonraki pozisyona yerleştirilir. ($c = s$) güncellemesi yapılır.

- iv. Bir tur oluşana kadar (ii) ve (iii) adımlar tekrarlanır.

3.4.2.7. Ayrıt yeniden birleştirme çaprazlaması (ER)

ER (Genetic Edge Recombination) çaprazlama operatörü Whitley, et al., (1991) tarafından geliştirilmiştir. ER çaprazlama operatörü yavrulara mümkün olan en fazla bilginin aktarılması için ebeveynlerin ayrıtlarını korumaya çalışmaktadır. ER operatörü çalışırken bir ayrıt eşlemesi (edge map) kullanır. Bu ayrıt eşlemesi ebeveynler üzerinde her bir düğüm için kendisine gelen ve kendisinden çıkan ayrıtların bir listesini tutar. Örnek olarak aşağıdaki iki kromozom göz önüne alınsın. Bu iki kromozom için elde edilen ayrıt eşlemesi Tablo 3.2’de verilmiştir.

(1 2 3 4 5 6) ve (2 4 3 1 5 6)

Tablo 3.2: ER çaprazlaması için ayrıt eşlemesi

Düğüm	Bağlı olduğu düğümler
1	2, 6, 3, 5
2	1, 3, 4, 6
3	2, 4, 1
4	3, 5, 2
5	4, 6, 1
6	1, 5, 2

ER operatörünün adımları şöyle verilebilir:

- Henüz ziyaret edilmemiş bir düğüm seçilir (seçilen düğüm c ile gösterilsin). Bu seçim tamamen rassal yapılabileceği gibi ayrıt listesinde en az sayıda eleman bulunan düğüm de seçilebilir.
- Ayrıt eşlemesi tablosundaki listelerin tamamından c düğümü çıkartılır.

- iii. Eğer c düğümünün ayrıt listesi boşsa (v)'e, değilse (iv) adımına gidilir.
- iv. c düğümünün ayrıt listesindeki düğümlerden kendi ayrıt listesinde en az sayıda eleman olan düğüm belirlenir. Bu eleman s ile gösterilsin. Eğer listesindeki eleman sayısı en az olan birden fazla düğüm varsa bunlar arasındaki seçim rassal olarak yapılır. Bu s düğümü kromozom üzerinde c düğümünden sonraki pozisyona yerleştirilir ve ($c = s$) güncellemesi yapılarak (ii) adımına dönülür.
- v. Eğer ziyaret edilmemiş düğüm kalmamışsa durulur. Diğer durumda (i) adımına geri dönülür.

Görüldüğü gibi ER operatörü listesi en az sayıda elemandan oluşan düğümlere öncelik vermektedir. Bir düğümün listesinde az sayıda eleman olması demek o düğüme gelen ve o düğümden çıkan ayrıtların genelde aynı ayrıtlar olması anlamına gelmektedir. Örneğin bir düğüme ait listedeki eleman sayısı en az 2 olabilir. Çünkü bir tur oluşması için kendisinden önce bir düğüm ve kendisinden sonra da bir düğüm olmak zorundadır. Eğer bir düğümün listesindeki eleman sayısı 2 ise o zaman o düğüme gelmek ve o düğümden gitmek için hep aynı ayrıtlar kullanılmış demektir. Dolayısıyla listesinde en az sayıda eleman olan düğümlere öncelik vermek demek daha çok kullanılmış olan ayrıtlara öncelik vermek demektir. Bu da aslında karınca kolonilerinde (Dorigo, et al., 1996) kullanılan mantığa çok benzer bir mantıktır. Karıncaların daha fazla kullanılan ayrıtlara daha fazla öncelik vermesi ayrıtlardaki *feromen* miktarlarının artırılması ile sağlanmaktadır. Burada ise iki ebeveyn arasında kullanılan ayrıtlar bir listede tutulmakta ve daha çok kullanılan ayrıtlara öncelik verilmektedir.

3.4.2.8. En koruyucu çaprazlama (MPX)

MPX (Maximal Preservative Crossover) çaprazlama operatörü Mühlenbein, et al., (1988) tarafından geliştirilmiştir. İlk olarak ilk ebeveyn den rassal olarak bir alt dizi seçilir. Seçilen alt dizi yavru kromozomun ilk geninden başlayarak yavru kromozom üzerine yerleştirilir. Yavru kromozomun geriye kalan genleri ebeveynlerde ayrıt kontrolü yapılarak doldurulur. Örnek olarak aşağıdaki ebeveynler göz önüne alınsın.

Ebeveyn 1: 4 2 0 8 9 5 3 7 6 1
 Ebeveyn 2: 2 9 8 3 7 5 0 1 6 4

İlk ebeveynden seçilen alt dizi (0 8 9 5) alt dizisi olsun. Bu dizi yavru kromozomun ilk geninden başlayarak yavru kromozoma eklenir.

Yavru: (0 8 9 5)

Daha sonra, yavru kromozomun son geninin ikinci ebeveyndeki komşuları kontrol edilir. Eğer ikinci ebeveyndeki komşular yavru kromozom üzerinde henüz yoksa bu komşu genlerden birisi yavru kromozoma eklenir. Eğer her iki komşu gen de yavru kromozomda zaten varsa, yavru kromozomun son geninin birinci ebeveyndeki komşuları kontrol edilir. Eğer birinci ebeveynde henüz yavru kromozomda olmayan bir komşu gen belirlenebilirse bu gen yavru kromozoma eklenir. Eğer birinci ebeveyndeki komşu genler de zaten yavru kromozomda varsa, ikinci ebeveyn üzerinde yavru kromozomun son geninden sonraki ilk uygun gen yavru kromozoma verilerek işlemlere devam edilir. Yukarıdaki örnekte yavru kromozomun son geni 5 nolu genidir. Bu genin ikinci ebeveyndeki komşuları 0 ve 7 nolu genlerdir. Bu iki genden 7 nolu gen henüz yavruda yoktur ve bu nedenle 7 nolu gen yavruya verilir. Daha sonra 7 nolu genin ikinci ebeveyndeki komşuları kontrol edilir. Bu genler 3 ve 5 nolu genlerdir ve 3 nolu gen henüz yavruda olmadığı için yavruya eklenir.

Yavru: (0 8 9 5 7 3)

3 nolu genin ikinci ebeveyndeki komşuları 8 ve 7 nolu genlerdir. Her iki gen de yavruda olduğu için, 3 nolu genin birinci ebeveyndeki komşuları kontrol edilir (5 ve 7 nolu düğümler). Bu düğümler de zaten yavru üzerinde yer aldığı için, ikinci ebeveynin 3 nolu düğümden sonraki ilk uygun geni (1 nolu düğüm) yavruya verilerek işlemlere devam edilir. Bu yolla aşağıdaki yavru kromozom elde edilir.

Yavru: (0 8 9 5 7 3 1 6 4 2)

MPX çaprazlama operatörü iki ebeveynden 1 yavru elde edilmektedir (Mühlenbein, et al., 1988). Ancak, aynı işlemler ikinci ebeveynden seçilen bir alt dizi için tekrarlandığında ikinci bir yavru kromozomun da elde edilmesi mümkündür. MPX operatörünün en büyük avantajı sınırlı sayıda ayrıtın yok olmasını sağlamasıdır. Özellikle genetik algoritmanın ileriki jenerasyonlarında yok olan ayrıt sayısı daha da fazla azalmaktadır. Mühlenbein, et al., (1988) ayrıtların %10'undan daha azı yok olduğunda ek bir mutasyon kullanılmasını önermiştir.

3.4.2.9. Yerinden çıkartma mutasyonu (DM)

DM (Displacement Mutation) mutasyon operatörü şöyle çalışmaktadır (Michalewicz, 1992): İlk olarak mutasyona uğratılacak olan kromozom üzerinden bir alt dizi rassal olarak seçilir. Bu seçilen alt dizi kromozomdan çıkartılarak rassal olarak seçilen bir pozisyonda araya sokulur. Örnek olarak aşağıdaki kromozom mutasyon için seçilmiş olsun.

(1 2 3 4 5 6)

Rassal olarak seçilen alt dizi (3 4) alt dizisi olsun. Seçilen bu dizi kromozomdan çıkartılır ve rassal olarak seçilen bir pozisyonda araya eklenir. Bu işlem aşağıda gösterilmiştir.

(3 4)
↓
(1 2 5 6) → (1 2 5 3 4 6)

3.4.2.10. Değiş-tokuş mutasyonu (EM)

EM (Exchange Mutation) mutasyon operatörü şu şekilde çalışmaktadır (Banzhaf, 1990): Tur üzerindeki iki düğümü rassal olarak seçilir ve yerleri değiştirilir. Bu mutasyon operatörünün çalışma mekanizması aşağıda gösterilmiştir.

(1 2 3 4 5 6) → (1 6 3 4 5 2)

3.4.2.11. Araya ekleme mutasyonu (ISM)

ISM (Insertion Mutation) mutasyon operatörü şu şekilde çalışmaktadır (Michalewicz, 1992): Bir düğüm rassal olarak bir seçilir, seçilen düğüm için rassal olarak bir pozisyon belirlenir ve seçilen düğümü bu pozisyonda araya eklenir. Bu mutasyon operatörünün çalışma mekanizması aşağıda gösterilmiştir.

$$(1\ 2\ 3\ 4\ 5\ 6) \rightarrow (2\ 3\ 4\ 1\ 5\ 6)$$

3.4.2.12. Basit ters çevirme mutasyonu (SIM)

SIM (Simple Inversion Mutation) mutasyon operatörü kromozom üzerinde bir alt diziyi rassal olarak seçer ve bu dizideki genlerin sırasını ters çevirir (Bagley, 1967). Örnek olarak aşağıdaki kromozom mutasyon için seçilmiş olsun.

$$(1\ 2\ 3\ 4\ 5\ 6)$$

Rassal olarak seçilen alt dizi (3 4 5) alt dizisi olsun. Seçilen bu dizi ters çevrilerek mutasyon işlemi gerçekleştirilir. Bu işlem aşağıda gösterilmiştir.

$$(1\ 2\ 3\ 4\ 5\ 6) \rightarrow (1\ 2\ 5\ 4\ 3\ 6)$$

3.4.2.13. Ters çevirme mutasyonu (IVM)

IVM (Inversion Mutation) mutasyon operatörü SIM ve DM mutasyon operatörlerinin bir karmasıdır ve şu şekilde çalışmaktadır (Larranaga, 1999): İlk olarak bir alt dizi rassal olarak seçilir. Daha sonra bu alt dizi için bir pozisyon rassal olarak seçilir ve seçilen alt dizi ters çevrilerek bu pozisyonda araya sokulur. Örnek olarak aşağıdaki kromozom mutasyon için seçilmiş olsun.

$$(1\ 2\ 3\ 4\ 5\ 6)$$

Rassal olarak seçilen alt dizi (3 4) alt dizisi olsun. Seçilen bu dizi kromozomdan çıkartılır ve ters çevrilerek rassal olarak seçilen bir pozisyonda araya eklenir. Bu işlem aşağıda gösterilmiştir.

$$\begin{array}{c} (3\ 4) \\ \swarrow \\ (1\ 2\ 5\ 6) \end{array} \longrightarrow (1\ 2\ 5\ 4\ 3\ 6)$$

3.4.2.14. Karıştırma mutasyonu (SM)

SM (Scramble Mutation) mutasyon operatörü kromozom üzerinde bir alt diziyi rassal olarak seçer ve bu alt diziyi kendi içerisinde karıştırır (Syswerda, 1991). Örnek olarak aşağıdaki kromozom mutasyon için seçilmiş olsun.

$$(1\ 2\ 3\ 4\ 5\ 6)$$

Rassal olarak seçilen alt dizi (3 4 5) alt dizisi olsun. Seçilen bu dizi kendi içerisinde rassal olarak karıştırılarak mutasyon işlemi gerçekleştirir. Bu işlem aşağıda gösterilmiştir.

$$(1\ 2\ 3\ 4\ 5\ 6) \rightarrow (1\ 2\ 4\ 5\ 3\ 6)$$

3.4.2.15. Çift köprü mutasyonu (DB)

DB (Double Bridge Mutation) mutasyon operatörü Martin ve Otto'nun çift köprü hareket kuralını kullanmaktadır (Martin and Otto, 1996). İlk olarak kromozom üzerinde 4 adet alt dizi rassal olarak seçilir. Bu alt diziler s_1, s_2, s_3, s_4 ile gösterilsin. Daha sonra bu alt dizilerin sırası kromozom üzerinde ters çevrilerek mutasyon işlemi gerçekleştirilir (s_4, s_3, s_2, s_1). Örnek olarak aşağıdaki kromozom mutasyon için seçilmiş olsun.

$$(1\ 2\ 3\ 4\ 5\ 6\ 7\ 8)$$

Seçilen alt diziler ise $s_1=(1, 2), s_2=(3, 4), s_3=(5, 6), s_4=(7, 8)$ alt dizileri olsun. Bu alt dizilerin sırası ters çevrilerek mutasyon işlemi gerçekleştirilir ve aşağıdaki kromozom elde edilir.

$$(7\ 8\ 5\ 6\ 3\ 4\ 1\ 2)$$

3.4.3. Bitişiklik genetik gösterimi

Bitişiklik gösterimi (adjacency representation) Grefenstette, et al., (1985) tarafından geliştirilmiş bir genetik gösterimdir. GSP’de temel yapı taşları ayrıtlardır ve daha büyük yapı taşları ise tur üzerindeki çeşitli alt yollardır. Grefenstette, et al., (1985) bu gerekçelerle bitişiklik gösterimini geliştirmişlerdir.

Bitişiklik gösteriminde i . pozisyondaki genin değerinin j olması, (i, j) ayrıtının tur üzerinde yer aldığı anlamına gelmektedir. Örneğin, (2 3 5 6 4 1) kromozomu,

$$1 - 2 - 3 - 5 - 4 - 6 - 1$$

turunu tanımlamaktadır. Bu genetik gösterimde dikkat edilmesi gereken nokta illegal kromozomların oluşma ihtimalinin olmasıdır. Örneğin, (2 1 5 6 3 4) kromozomu,

$$1 - 2 - 1, 3 - 5 - 3 \text{ ve } 4 - 6 - 4$$

alt turlarını kodlamaktadır. Bitişiklik gösterimi için klasik çaprazlama operatörlerinin kullanılması illegal kromozomların oluşmasına sebep olabilmektedir. Bu nedenle bitişiklik gösterimi için bir takım çaprazlama operatörleri geliştirilmiştir. Bu bölümde bitişiklik gösterimi için geliştirilmiş 3 çaprazlama operatörü incelenecektir.

Dikkat edilmesi gereken diğer bir nokta da mutasyon operatörlerinin de illegal kromozomlara sebebiyet verebilmesidir. Rota genetik gösterimi için tanımlanan mutasyon operatörleri legallığı kontrol etmek suretiyle bu genetik gösterim için de kullanılabilir.

3.4.3.1. Karşılıklı ayrıt çaprazlaması (AEX)

AEX (Alternating Edge Crossover) çaprazlama operatörü Grefenstette, et al., (1985) tarafından geliştirilmiştir. İlk olarak birinci ebeveynden bir ayrıt rassal olarak seçilir. Daha sonra bu yolla oluşturulmuş olan kısmi tur ikinci ebeveynden alınan uygun bir ayrıt ile genişletilir. Bu kısmi tur ise birinci ebeveynden alınan uygun bir ayrıtla tekrar genişletilir. Bir tur oluşana dek bu adımlar tekrarlanır. Seçilen bir ayrıtın alt tur oluşmasına neden olması durumunda bu seçim iptal edilir ve yeni bir ayrıt alt tur

oluşturmayacak şekilde rassal olarak seçilir. Örnek olarak aşağıda verilen iki ebeveyn göz önüne alınsın.

(2 3 4 5 6 1) 1 – 2 – 3 – 4 – 5 – 6 – 1

(5 3 6 2 4 1) 1 – 5 – 4 – 2 – 3 – 6 – 1

İlk ebeveynden rassal olarak seçilen ilk ayrıt (1,2) ayrıtı olsun. Böylece yavru kromozom (2 * * * *) olur. İkinci ebeveynden (2,3) ayrıtı alınır ve yavru (2 3 * * * *) olur. Daha sonra birinci ebeveynden (3,4) ayrıtı alınır ve yavru (2 3 4 * * *) olur. Şimdi ikinci ebeveynden (4,2) ayrıtının alınması gerekmektedir. Bu durum alt tur oluşmasına neden olduğundan (4,2) ayrıtı yerine başka bir ayrıtı rassal olarak seçilir. Rassal olarak seçilen ayrıtı (4,6) ayrıtı olsun. Böylece yavru (2 3 4 6 * *) olur. Şimdi birinci ebeveynden (6,1) ayrıtının alınması gerekmektedir ancak bu durumda yine alt tur oluşacaktır. Bu nedenle (6,1) ayrıtı yerine rassal olarak başka bir ayrıtı seçilir. Seçilen ayrıtı (6,5) ayrıtı olsun. Bu ayrıtının eklenmesi yavru kromozom (2 3 4 6 * 5) olur. Alt tur oluşmaması için son olarak eklenecek ayrıtı (5,1) ayrıtıdır ve bu ayrıtının da eklenmesi ile legal bir kromozom elde edilir (2 3 4 6 1 5).

Bu çaprazlama operatörünün en büyük dezavantajı, sadece bazı ayrıtlara önem vermesi ve bunu sonucu olarak da tur üzerindeki bazı iyi alt yolların çok kolay yok olmasına sebep olmasıdır (Grefenstette, 1985).

3.4.3.2. Kısmi tur çaprazlaması (SCX)

SCX (Subtour Chunks Crossover) çaprazlama operatörü de Grefenstette, et al., (1985) tarafından geliştirilmiştir. İlk olarak birinci ebeveynden uzunluğu rassal olarak belirlenen bir alt yol alınır. Daha sonra bu alt yol diğer ebeveynden yine uzunluğu rassal olarak belirlenen başka bir alt yol seçilerek genişletilir. Bir tur oluşana kadar bu işleme devam edilir. Eğer belirli bir anda seçilen alt yol alt tur oluşmasına sebep oluyorsa bu alt yol eklenmez. Bunun yerine, alt tur oluşturmayacak şekilde bir ayrıtı rassal olarak seçilir ve eklenir.

3.4.3.3. Bitişiklik gösterimi için sezgisel çaprazlama (HX2)

HX2 (Heuristic Crossover) çaprazlama operatörü de Grefenstette, et al., (1985) tarafından geliştirilmiştir. İlk olarak bir düğüm yavru kromozomun turunun başlangıcı olmak üzere rassal olarak seçilir. Daha sonra, ebeveynlerde bu düğümden çıkan ayrıtlara bakılır ve daha kısa olanı seçilir. Daha sonra seçilen ayrıtın gittiği düğüm göz önüne alınır ve aynı işlem onun için de yapılır. Alt tur içermeyen tam bir tur oluşana kadar bu işleme devam edilir. Eğer belirli bir anda seçilen ayrıt alt tur oluşmasına sebebiyet veriyorsa, bu ayrıtın yerine başka bir ayrıt alt tur oluşturmayacak şekilde rassal olarak seçilir.

3.4.4. Sırasal genetik gösterim

Sırasal gösterim (ordinal representation) Grefenstette, et al., (1985) tarafından geliştirilmiştir. Sırasal gösterimde kromozomdaki her bir genin alabileceği değer belirli bir değer aralığından seçilir. Kromozom üzerinde i . pozisyonda bulunan bir genin alabileceği değerler 1 ile $(N-i + 1)$ aralığındaki tamsayı değerlerdir. Burada N problemdeki düğüm sayısını göstermektedir.

Kromozomu deşifre etmek için ise düğümlerin bir listesinden faydalanılır (bu liste L listesi olsun). Deşifre etme işlemine kromozomdaki ilk genden başlanır. Kromozomun genlerinin değerleri L listesinden bir düğüm seçmek için kullanılır. Örneğin ilk genin değeri 5 ise ilk ziyaret edilen düğüm L listesinde 5. sırada bulunan düğümdür. Kromozom üzerindeki birinci gen için değer aralığı $[1, N]$ olduğu için ilk ziyaret edilecek olan düğüm herhangi bir düğüm olabilir. İkinci ziyaret edilecek olan düğüm ilk ziyaret edilen düğüm ile aynı olamayacağından, ikinci ziyaret edilecek olan düğüm belirlenmeden önce L listesinden ilk ziyaret edilen düğüm çıkartılır. Daha sonra 2. genin değerine bağlı olarak ikinci ziyaret edilecek olan düğüm listeden seçilir ve çıkartılır. Bu şekilde bir tur oluşturulur. Örnek olarak $L = (1, 2, 3, 4, 5, 6)$ listesi ve $(2\ 5\ 3\ 3\ 2\ 1)$ kromozomu göz önüne alınsın. İlk genin değeri 2'dir dolayısıyla ilk ziyaret edilecek olan düğüm L listesindeki 2. düğümdür. L listesinden 2. düğüm çıkartılarak liste güncellenir $L = (1, 3, 4, 5, 6)$. İkinci genin değeri 5'tir dolayısıyla

ikinci ziyaret edilecek olan düğüm listedeki beşinci eleman olan 6'dır. Bu şekilde kromozom deşifre edilir ve aşağıda verilen tur elde edilir.

$$2 - 6 - 4 - 5 - 3 - 1 - 2$$

Sırasal gösterim için ikili genetik gösterimde kullanan çaprazlama ve mutasyon operatörleri kullanılabilir.

3.4.5. Rassal anahtar genetik gösterimi

Rassal anahtar gösterimi (random keys representation) Bean (1994) tarafından geliştirilmiştir ve N düğümlü bir GSP için N uzunluğunda bir kromozom kullanmaktadır. Kromozomdaki her bir gen bir düğümü temsil etmektedir. Örneğin 1. gen 1. düğüme, 2. gen 2. düğüme vb. karşılık gelmektedir. Genlerin değerleri ise rassal olarak türetilmiş reel değerlerdir. Her ne kadar Bean bu değerleri $[0,1]$ aralığından türetmiş olsa da farklı bir değer aralığının kullanılması ve hatta aralığı yeteri kadar geniş tutarak tamsayı değerlerin de kullanılması mümkündür.

Genin almış olduğu değer o gene karşılık gelen düğümün kaçınıcı sırada ziyaret edildiğini belirlemede kullanılır. Genel olarak bir genin değeri aynı kromozom üzerindeki en küçük k 'inci değer ise o gene karşılık gelen düğüm tur üzerinde k 'inci sırada ziyaret edilecek demektir. Örnek olarak aşağıda bir kromozom ve kromozomun deşifre edilmesi yoluyla elde edilen tur (T) verilmiştir.

$$(0.12 \quad 0.48 \quad 0.95 \quad 0.36 \quad 0.27 \quad 0.13)$$

$$T: 1 - 6 - 5 - 4 - 2 - 3 - 1$$

Rassal anahtar gösterimi için ikili genetik gösterim için geliştirilmiş klasik çaprazlama ve mutasyon operatörleri kullanılabilir. Bean (1994) uniform çaprazlamayı kullanmıştır. Mutasyon operatörü yerine ise göç (immigration) operatörünü kullanmıştır. Göç operatöründe belirli sayıda kromozom popülasyondan çıkartılmakta ve bunların yerine rassal olarak oluşturulan yeni kromozomlar

koyulmaktadır. Bean popülasyonunun %1'ini her jenerasyonda rassal olarak yeniden oluşturmayı önermiştir.

3.4.6. Matris genetik gösterimi

Matris gösterimi (matrix representation) Fox ve McMahon (1987) tarafından önerilmiştir. Bu gösterimde N düğümlü bir GSP için her bir kromozom $N \times N$ boyutunda bir matristir. Matrisin elemanları 0 veya 1 değerini alabilmektedir. Bir kromozom üzerinde i . satır ve j . sütundaki elemanın 1 değerini alması i düğümünün tur üzerinde j düğümünden önce ziyaret edildiğini göstermektedir. Ancak i ve j 'nin tur üzerinde yan yana olmaları zorunlu değildir. Sadece i düğümü j 'den daha önce ziyaret edilecektir. Tur belirlenirken matristeki sütun toplamlarına bakılır. Düğümler tur üzerinde sütun toplamlarına göre dizilirler. Örneğin aşağıdaki kromozom (2 – 3 – 1 – 4) turunu göstermektedir.

$$\begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Herhangi bir kromozomdaki matris \mathbf{M} ile gösterildiğinde, \mathbf{M} matrisi aşağıdaki özelliklere sahiptir:

1. $\sum_{j=1}^N \sum_{i=1}^N m_{ij} = \frac{N(N-1)}{2}$
2. $m_{ij} = 0 \quad i \in \{1, 2, \dots, N\}$
3. $(m_{ij} = 1 \wedge m_{jk} = 1) \Rightarrow m_{ik} = 1 \quad i, j, k \in \{1, 2, \dots, N\}$

İlk koşulda $\sum_{j=1}^N \sum_{i=1}^N m_{ij} = \frac{N(N-1)}{2}$ olması ve diğer iki koşulun sağlanması düğümlerin kısmi bir sıraya sahip olduğu anlamına gelir. Bu durumda uygun bir çözüm elde etmek mümkündür.

Matris gösterimi için iki çaprazlama operatörü geliştirilmiştir. Bu operatörler izleyen bölümlerde incelenmiştir. Fox ve McMahon (1987) herhangi bir mutasyon operatörü tanımlamamıştır. Matris gösterimlerinde her bir kromozomun $N \times N$ boyutlu bir matristen oluşması, özellikle büyük GSP problemleri için yüksek hafıza gereksiniminden dolayı bu genetik gösterimleri kullanışsız kılmaktadır.

3.4.6.1. Kesişim çaprazlama operatörü

Kesişim çaprazlama operatöründe (intersection crossover) ebeveynler P_1 ve P_2 ile ve yavru kromozom O ile gösterildiğinde O 'nun her bir geni şöyle belirlenir (Fox and McMohan, 1987):

$$o_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{eger } p_{1,ij} = p_{2,ij} = 1 \\ 0 & \text{diger durumda} \end{cases} \quad i, j \in \{1, 2, \dots, N\}$$

Elde edilecek olan matris legal bir kromozom olacak şekilde, ebeveynlerden sadece birisinde 1 değerini almış olan genlerin bazıları O 'ya verilir. Örnek olarak aşağıdaki matrisler göz önüne alınabilir (Fox and McMohan, 1987).

	A	B	C	D	E	F	G
A	0	1	1	1	1	1	1
B	0	0	1	1	1	1	1
C	0	0	0	1	1	1	1
D	0	0	0	0	1	1	1
E	0	0	0	0	0	1	1
F	0	0	0	0	0	0	1
G	0	0	0	0	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G
A	0	1	1	1	1	1	1
B	0	0	1	0	0	0	1
C	0	0	0	0	0	0	1
D	0	1	1	0	0	0	1
E	0	1	1	1	0	1	1
F	0	1	1	1	0	0	1
G	0	0	0	0	0	0	0

İlk olarak iki matriste aynı pozisyonda olan "1"ler yavruya verilir ve yavrunun diğer genleri sıfır yapılır (bu işlem Fox ve McMohan (1987) tarafından iki matrisin kesişiminin belirlenmesi adımı olarak adlandırılmıştır).

	A	B	C	D	E	F	G
A	0	1	1	1	1	1	1
B	0	0	1	0	0	0	1
C	0	0	0	0	0	0	1
D	0	0	0	0	0	0	1
E	0	0	0	0	0	1	1
F	0	0	0	0	0	0	1
G	0	0	0	0	0	0	0

Bu kesişim işlemi Bölüm 3.4.2.7’de verilen ER operatörü ile benzeşmektedir. Burada da her iki ebeveyn de kullanılan ortak ayrıtların yavruya verilmesinde bir öncelik söz konusudur. Kesişim işleminden sonra satır ve sütun toplamları göz önüne alınarak iki ebeveynin “1” değerini almış bazı genleri yavruya verilerek çaprazlama işlemi tamamlanır. Ancak seçilecek olan bu genlerin hangi kriterler bağlı olarak seçileceği Fox ve McMohan (1987) tarafından açıklanmamıştır.

3.4.6.2. Birleşim çaprazlama operatörü

Birleşim çaprazlama operatörü (union crossover) Fox ve McMohan (1987) tarafından geliştirilmiştir. Birleşim çaprazlama operatörü düğümler kümesini iki ayrı gruba böler. Daha sonra ilk gruptaki düğümler arasındaki ilişkiyi tanımlayan alt matris 1. ebeveynden, ikinci gruptaki düğümler arasındaki ilişkiyi tanımlayan alt matris ikinci ebeveynden alınarak birleşim matrisi oluşturulur. Örnek olarak aşağıdaki iki ebeveyn göz önüne alınsın (Larranaga, 1999):

	A	B	C	D
A	0	0	0	1
B	1	0	1	1
C	1	0	0	1
D	0	0	0	0

	A	B	C	D
A	0	0	1	0
B	1	0	1	1
C	0	0	0	0
D	1	0	1	0

Düğümler {A, B} ve {C, D} şeklinde gruplanmış olsun. Elde edilen birleşim matrisi şöyle olur:

	A	B	C	D
A	0	0	*	*
B	1	0	*	*
C	*	*	0	0
D	*	*	1	0

Satır ve sütun toplamları göz önüne alınarak matrisin geriye kalanı doldurulur. Böylece aşağıdaki kromozomun elde edilmesi mümkündür. Elde edilen bu kromozom D – C – B – A turunu kodlamaktadır.

	A	B	C	D
A	0	0	0	0
B	1	0	0	0
C	1	1	0	0
D	1	1	1	0

BÖLÜM 4

PARALEL GENETİK ALGORİTMALAR

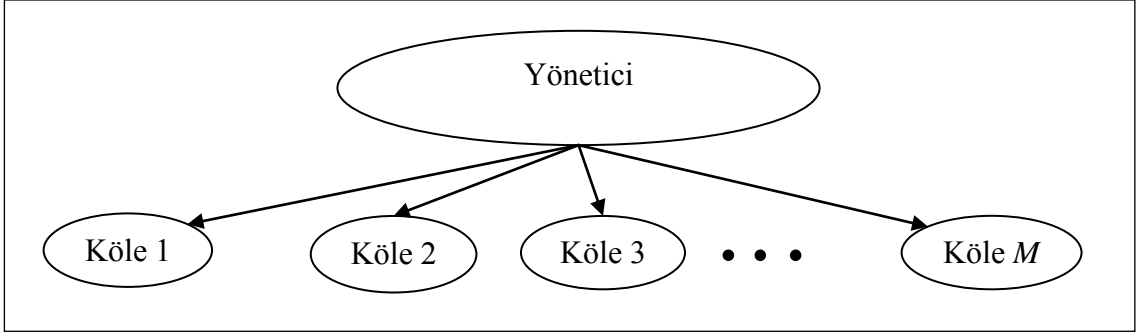
Bu bölümün amacı paralel genetik algoritmaları (PGAlar) tanıtmak ve PGAlar üzerine yapılmış bazı önemli çalışmaları özetlemektir. Çoğu paralel tekniğin arkasındaki düşünce, yapılması gereken çok sayıda işi daha küçük işler kümelerine bölmek ve bu iş kümelerinin her birini bir işlemciye atayarak eşzamanlı çözümlerini sağlamaktır. Bu yaklaşım GAlara da çeşitli şekillerde uygulanabilmektedir. Cantu-Paz (2000) bu bakış açısı ile birden fazla işlemci üzerinde paralelleştirilen GA yaklaşımlarını PGAlar başlığı altında toplamıştır. Ancak bu tez kapsamında PGAlarla ilgilenilmesinin sebebi, PGAların birden fazla işlemci üzerinde paralelleştirilmesinden çok, çok popülasyonlu PGAların, GAnın çalışma yöntemine getirdiği faydalı yeniliklerdir. PGAlar dört ana sınıfta incelenmektedir (Cantu-Paz, 2000):

- Yönetici-köle PGAlar,
- Çok popülasyonlu PGAlar,
- İnce-taneli PGAlar,
- Hiyerarşik melez PGAlar.

İzleyen bölümlerde farklı PGA yaklaşımları tanıtılmış ve ilgili literatür özetlenmiştir.

4.1. Yönetici-Köle Paralel Genetik Algoritmalar

Yönetici-köle PGAlar tek bir popülasyona sahiptir. Bir *yönetici düğüm* (işlemci) genetik algoritmayı çalıştırır ve kromozomların uygunluk değerlerinin belirlenmesi işini çeşitli işlemcilere dağıtarak işlerin paralel bir şekilde yerine getirmesini sağlar (Cantu-Paz,2000). İşlemciler yönetici düğümün verdiği işleri yerine getirirler ve sonucu yöneticiye geri aktarırlar. Böylece kromozomlar eşzamanlı olarak değerlendirilmiş olur. Bu tip PGAlarda genetik operatörler (seçim, çaprazlama ve mutasyon) popülasyonu bir bütün olarak göz önüne aldıklarından, bunlara “global” PGAlar da denilmektedir. Şekil yönetici-köle PGAların yapısını göstermektedir.



Şekil 4.1: Yönetici- köle paralel genetik algoritmaların genel yapısı

Yönetici-köle PGAların, GANın temel çalışma yöntemi bakımından Bölüm 3’de tanıtilan standart bir GA yaklaşımından farkı yoktur. Aralarındaki tek fark, yönetici-köle PGAların işlem yükünü çeşitli işlemcilerle dağıtması ve bu yolla daha hızlı çalışmasıdır. Yönetici-köle PGAların toplam işlem süresi iki bileşenden oluşur: İşlerin yapılması için harcanan süre ve işlemciler arasındaki iletişim için harcanan süre. İşlemci sayısı arttıkça kromozomların uygunluk değerlerinin belirlenmesi için harcanan süre azalırken, iletişim süresi artacaktır (Cantu-Paz, 2000).

GAların paralel çalışması üzerine yapılmış ilk çalışma Bethke’nin (1976) çalışmasıdır. Bu çalışmada uygunluk değerlerinin belirlenmesi için harcanan süre, genetik operatörler için harcanan süreye göre fazla olduğunda önemli kazanımlar sağlanabileceği gösterilmiştir. Ancak iletişim süresi göz ardı edilmiştir.

Grefenstette (1981) dört farklı PGA önermiştir. Bunlardan ilk üçü yönetici-köle PGA, dördüncüsü ise çok popülasyonlu PGA’dır. Grefenstette bu çalışmasında, çok popülasyonlu PGAların yönetici-köle PGAlar ile birleştirilebileceğini belirtmiştir.

Yönetici-köle PGA çalışmalarının diğer bir örneği Fogarty and Huang’ın (1991) çalışmasıdır. Bu çalışmada işlemciler arasındaki iletişimi tarifleyen farklı topolojiler denenmiştir ve işlem süresinin iletişim süresine baskın geldiği durumlarda işlemciler için kullanılan farklı topolojilerin önemsiz olduğu vurgulanmıştır. Ayrıca işlemci sayısı arttıkça iletişim süresinin hızlı bir artış gösterdiği vurgulanarak, belirli bir noktadan

sonra işlemci sayısını arttırmanın işlem süresindeki kazanımları engelleyebileceği belirtilmiştir.

Genel olarak uygunluk değerlerinin belirlenmesi için gereken işlem süresi arttıkça, yönetici-köle PGAların etkinliği de artmaktadır (Grefenstette, 1995; Cantu-Paz, 2000). Yönetici-köle PGAlardaki süre kazanımının her bir işlemci için (*işin yapılma süresi – iletişim süresi*) olduğu düşünülecek olursa, işin yapılma süresi arttıkça yönetici PGAnın verimliliğinin de artması beklenen bir durumdur.

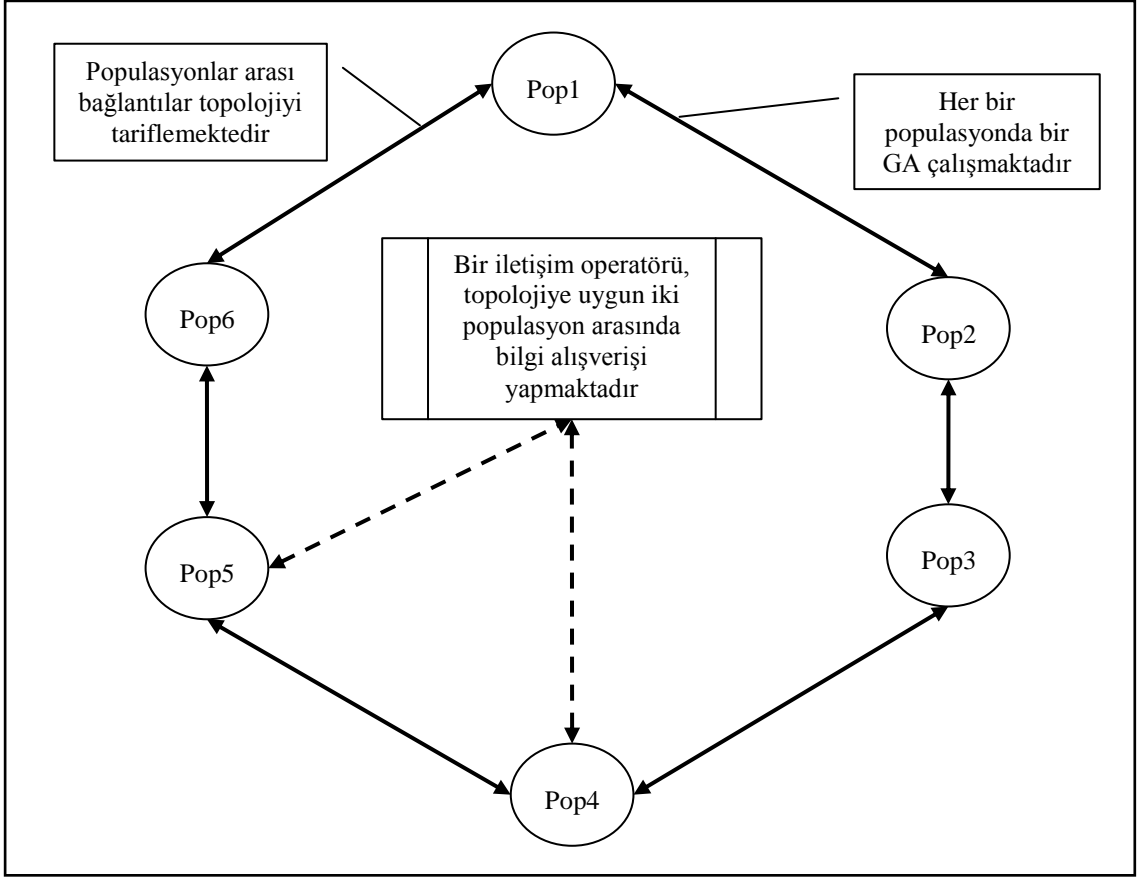
4.2. Çok Populasyonlu Paralel Genetik Algoritmalar

Çok populasyonlu PGAlar, GAların çalışma mekanizmalarına iki önemli yenilik getirmiştir:

- *Birden fazla populasyon* ile çalışmak,
- *Populasyonlar arası bilgi alışverişini* sağlamak.

Çok populasyonlu PGAlar, birden fazla populasyon üzerinde çalışmaktadır. Her populasyon üzerinde bir GA çalışır. GAnın her bir populasyon için kromozom uzayının farklı bölgelerini örnekleme (keşfetme) beklenir. Farklı populasyonlar arasında bilgi alışverişi sağlanarak, farklı populasyonlardan elde edilen bilgilerin birleştirilmesi yoluyla daha kaliteli çözümleri kodlayan kromozomların elde edilmesi sağlanmaktadır.

Çok populasyonlu PGAlar, populasyonlar arası bilgi alışverişini gerçekleştirmek için bir *topolojiden* faydalanırlar. *Topoloji*, hangi populasyonların birbirleriyle iletişimde bulunacaklarını tanımlayan bir yapıdır. Daha sonra bilgi alışverişini gerçekleştirmek üzere kullanılan bir operatör, topolojiye uygun iki populasyon arasında bilgi alışverişi yapar. Çok populasyonlu PGAnın genel yapısı Şekil 'de gösterilmiştir. Şekil 'de verilen yapıda örnek bir topoloji (çift yönlü halka topolojisi, Cantu-Paz, 2000) kullanılmıştır.



Şekil 4.2: Çok popülasyonlu paralel genetik algoritmaların genel yapısı

Çok popülasyonlu PGAlar “*ada modeli genetik algoritmalar*” olarak da bilinmektedir. Çünkü ada modeli birbirinden izole bir şekilde yaşayan ve ara sıra kendi aralarında göçün olduğu çok sayıdaki popülasyonu tariflemektedir. Çok popülasyonlu PGAlar bu bakış açısı ile GAların esinlenme kaynağı olan genetik bilimene daha çok uymaktadır. Nitekim, Elredge and Gould’un (1972) “*punctuated equilibria*” teorisi çok popülasyonlu PGAlar ile benzerlik taşımaktadır. Bu teori, uzun süreler bir popülasyonda önemli değişiklikler olmasa da (popülasyon dengede iken), bazı olayların popülasyonda hızlı değişimlere sebep olabileceğini öne sürmektedir. Cohoon, et al., (1987, 1991) bu teorinin çok popülasyonlu PGAlarda popülasyonlar arası iletişimin popülasyonlar üzerindeki etkisi ile benzerlik taşıdığını göstermiştir.

Literatürde çok popülasyonlu evrimsel algoritmalara ilişkin bulunabilen ilk çalışma Bossert’e (1967) aittir. Bossert’in çalışmasında popülasyonlar yaşamlarına

devam etmek için birbirleri ile rekabet etmektedirler. Bossert (1967), en kötü populasyonu rassal olarak belirlenen periyotlarla yok etmiş, bunun yerine yeni bir populasyonun rassal olarak oluşturulması yoluna gitmiştir.

Çok populasyonlu PGAlara ilişkin bulunan ilk çalışma ise Grefenstette'ye (1981) aittir. Grefenstette, populasyonlar arası bilgi alışverişini sağlamak için her bir populasyondaki en iyi kromozomu her jenerasyonda diğer tüm populasyonlara aktarma yoluna gitmiştir (*göç iletişim operatörü*). Bu yaklaşımda populasyonlar arasında oldukça yüksek bir iletişim miktarı söz konusudur ve populasyonların hızla birbirlerine yakınsaması kaçınılmazdır. Nitekim, Grefenstette bunun bir sonucu olarak göç sıklığı, aktarılan kromozomların hangi yönde aktarılacağı (topoloji) ve göç operatörünün erken yakınsama üzerindeki etkisi gibi konular üzerinde çalışılması gerektiğini vurgulamıştır.

Grosso (1985), alt populasyonlara bölünmüş bir yaklaşım kullanarak uygunluk değerlerindeki artış oranının tek populasyonlu yapıya göre daha yüksek olduğunu gözlemlemiştir. Aynı çalışmada, çok populasyonlu yapıda populasyonların birbirlerinden tamamen izole edilmesi durumunda elde edilen çözümlerin, toplamda aynı kromozom sayısına sahip tek populasyonlu yapıda elde edilen çözümlerden daha kötü olduğu belirtilmiştir. Bu sonuç beklenen bir sonuçtur. Çünkü, çok populasyonlu yapıda küçük alt populasyonların her birinin populasyon çeşitliliği büyük bir tek populasyonlu GAYa göre daha düşük olacaktır. Bunun anlamı, her bir küçük populasyonun yerel en iyi çözümlere yakınsaması olasılığının daha fazla olmasıdır. Aralarında bilgi alışverişine izin verilmeden çalışan M adet küçük populasyonlu bir GAnın ortalama performansının bir tek küçük populasyona sahip bir GAnın M kere çalıştırılmasından elde edilecek ortalama performansa eşit olması beklenir. Dolayısıyla populasyon çeşitliliği daha yüksek olan bir tek büyük populasyonlu bir GAnın elde edeceği çözüm kalitesinin, birbirinden tamamen izole çalışan M adet küçük populasyonun elde edeceği çözüm kalitesinden daha yüksek olması beklenen bir durumdur. Grosso, göç sıklığı parametresinin çeşitli düzeylerini incelemiş ve göç sıklığı parametresinin ortalama düzeyleri için bir tek büyük populasyona sahip tek populasyonlu yapı ve birden fazla küçük populasyona sahip çok populasyonlu yapı

kullanılarak elde edilen çözümlerin aynı kalitede olduğunu göstermiştir. Grosso, yaptığı deneylerin ilk kısmında her jenerasyonda göçe izin vermiş ve hem göç edecek kromozomları hem de hangi popülasyona göç edeceklerini rassal olarak belirlemiştir. Grosso deneylerinin ikinci kısmında, “*geciktirilmiş göç*” operatörünü iletişim amacıyla kullanmıştır. Bu yaklaşımda popülasyonların kendi içlerindeki yakınsamalarını tamamlamaları beklenmekte ve daha sonra yüksek bir iletişim oranı ile iletişimde bulunmalarına izin verilmektedir. Grosso’nun analizlerinin ikinci kısmında elde edilen çözümlerin kalitelerinin, analizlerin ilk kısmında elde edilen çözüm kaliteleri ile aynı olduğu belirtilmiştir.

Munetomo, et al., (1993), Grosso’nun (1985) önerdiği *geciktirilmiş göç operatörünü* farklı bir şekilde kullanarak popülasyon içerisindeki kromozomların çeşitliliği belirli bir değerin altına düştüğünde popülasyonlar arasında iletişim kurulmasına izin vermiştir. Bu çalışmadaki diğer bir farklı yaklaşım da, kullanılan *dinamik topoloji* yapısıdır. Bu topolojiye göre göç işlemi, en düşük popülasyon çeşitliliğine sahip popülasyona yapılmaktadır.

Starkweather, et al., (1991), kısmi bir şekilde izole çalışan popülasyonların arama uzayının farklı bölgelerini örneklediğini gözlemlemiş, daha sonra bu popülasyonlar arasında göç operatörü ile bilgi alışverişine izin verildiğinde farklı popülasyonlardan elde edilen farklı kromozomların birleştirilmesi yoluyla daha iyi çözümlerin elde edildiğini belirtmiştir. Ayrıca bu durumun amaç fonksiyonu ayrılabilir olduğunda (kısmi çözümlerin birleştirilmesi yoluyla daha iyi çözümlerin elde edilebilir olduğu durumlarda) söz konusu olduğunu, aksi halde tek popülasyonlu yapının kullanılmasının daha mantıklı olduğunu belirtmişlerdir. Bu bulgular daha sonra Whitley, et al., (1999) tarafından da onaylanmıştır. Benzer şekilde Rudolph’un (1991) çok popülasyonlu evrimsel algoritmalar üzerinde yaptığı deneysel çalışmaların sonuçları da Starkweather, et al., (1991) ile tutarlılık göstermektedir.

Lin, et al., (1994) erken yakınsamayı engellemek için çeşitli göç operatörleri, topolojiler ve çok popülasyonlu PGA yaklaşımları üzerinde çalışmışlardır. Geliştirdikleri yaklaşımlar arasında en ilgi çeken yaklaşım “*Injection-Island Genetic Algorithms*” (iiGA) yaklaşımıdır. iiGA yaklaşımı her biri farklı genetik gösterim

çözünürlüğüne sahip M populasyon ile çalışmaktadır ve göç operatörü sadece düşük çözünürlüklü genetik gösterim kullanan populasyondan yüksek çözünürlük kullanan populasyon yönünde gerçekleşmektedir. Düşük çözünürlüğe sahip populasyon ile genel bazı yapı taşları üretip, daha sonra bu yapı taşlarının daha yüksek çözünürlükte bir populasyon içerisinde işlenmesi amaçlanmaktadır. Bu yaklaşım daha sonra Goodman, et al., (1997) tarafından bir tasarım problemi üzerinde başarılı bir şekilde kullanılmıştır.

Kapanoglu (1997), hiyerarşik olarak çözülebilen bir dizi planlama ve çizelgeleme problemini eşzamanlı olarak çözecek, ancak üst düzey planlama kararlarının operasyonel düzeydeki kararları baskılamasına izin vermeyecek bir yaklaşım önermiştir. Yaklaşım, farklı uygunluk değerlerinin farklı yapıtaşlarını yani farklı düzeydeki kararları barındıracağı varsayımını içermekte olup, alt populasyonlar arası iletişim, daha düşük uyum değerlerini içeren alt populasyonlardan üst populasyonlara en iyi değerlerin göçüne olanak vermektedir. Farklı düzey kararlar tek bir uygunluk fonksiyonu içine gömülmüş olup, kararların ağırlıkları ve uygunluk değerine katkıları karar vericinin değerlendirmesine bırakılmıştır. Yaklaşım, hiyerarşik problemlerin eşzamanlı çözümlerinin çözüm uzayını daha gürbüz ve fırsatçı keşfetmesini hedeflemektedir. Hindistan'daki kast sistemine öykündüğü için kast-tabanlı paralel genetik algoritma olarak adlandırılmıştır (Kapanoglu, et al., 2001).

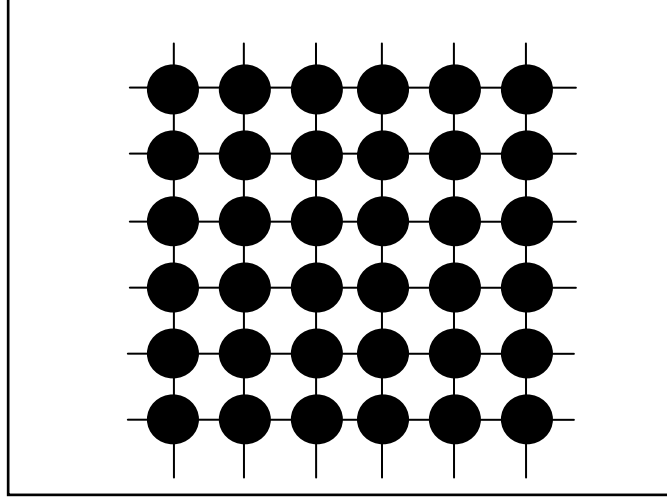
Cantu-Paz (2000), çok populasyonlu PGAlarda populasyon büyüklüğünün, populasyon sayısının, göç sıklığının ve uygun topolojilerin belirlenmesi üzerinde çalışmıştır. Cantu-Paz'ın (2000) analizleri sonucunda ortaya koyduğu önemli bulgulardan birisi, topolojide hangi populasyonlar arasında bilgi alışverişine izin verildiğinden çok, bir populasyonun topoloji yoluyla bilgi alışverişinde bulunmasına izin verilen populasyon sayısının önemli olduğudur.

Xu, et al., (2002) populasyonlar arası bilgi alışverişi için yeni bir yöntem önermiştir: *şema göçü* (schema migration). Şema göçü operatörü ikili genetik gösterim için geliştirilmiştir ve iki safhadan oluşmaktadır (Xu, et al., 2002): Şemaların belirlenmesi ve şemaların dağıtılması. Şemaların belirlenmesi safhasında, pozisyon tabanlı olarak bir populasyonda her bir pozisyonda yer alan ortak allellere göre kısa tanım uzunluklu, düşük dereceli şemalar (yapı taşları) ve bu şemaların uygunluk

değerleri belirlenmektedir. Daha sonra uygunluk değeri yüksek olan bir şema, diğer tüm popülasyonlara aktararak iletişim işlemi tamamlanmaktadır.

4.3. İnce Taneli Paralel Genetik Algoritmalar

Diğer bir paralel genetik algoritma tipi de ince-taneli PGAlardır. İnce-taneli PGAlar bir popülasyondan oluşurlar. Popülasyon yapısı olarak genellikle iki boyutlu karesel ızgara (grid) kullanılır (Manderick and Spiessens, 1989). İki boyutlu karesel ızgara yapısı kullanan örnek bir popülasyon Şekil 'de gösterilmiştir.



Şekil 4.3: İnce taneli paralel genetik algoritmalarda örnek bir popülasyon yapısı

Şekil 4.3'de verilen popülasyon yapısında her nokta bir kromozom içermektedir ve genellikle her nokta için bir bilgisayar işlemcisi kullanılmaktadır (Cantu-Paz, 2000). Böylece kromozomların uygunluk değerlerinin belirlenmesi eşzamanlı olarak gerçekleştirilmektedir. İnce taneli PGAlar kromozomlar arasında tariflenen bir komşuluk ilişkisi yoluyla GAların çalışma yönteminde değişiklik yaparlar. Seçim ve çaprazlama operatörlerinin kromozomlar arasında tanımlanan bu komşulukta çalışmasına izin verilmektedir (Manderick and Spiessens, 1989). İnce taneli PGAlar literatürde yayılma modeli GAlar (*diffusion model GAs*: Pettey, 1997), hücreli GAlar (*cellular GAs*: Whitley, 1993) ve massively-paralel GAlar (Baluja, 1992) olarak da isimlendirilmektedir.

4.4. Hiyerarşik Melez Paralel Genetik Algoritmalar

Hiyerarşik melez PGAlar, çok popülasyonlu PGAların yönetici-köle PGAlar, ince taneli PGAlar veya yine çok popülasyonlu PGAlar ile birleştirilmesinden elde edilmektedir. Cantu-Paz (2000) bu tip yaklaşımları *hiyerarşik melez paralel genetik algoritmalar* olarak isimlendirmiştir. Bunun sebebi, üst düzeyde çok popülasyonlu genetik algoritma yapısı kullanılmakla beraber, alt düzeyde her bir alt popülasyonun yönetici-köle PGA, ince taneli PGA veya başka bir çok popülasyonlu PGA yaklaşımını kullanmasıdır.

Bu yaklaşımın önerildiği ilk çalışma Grefenstette'ye (1981) aittir. Grefenstette, çok popülasyonlu PGA yaklaşımı ile yönetici-köle PGA yaklaşımının birleştirilebileceğini vurgulamıştır. Manderick and Spiessens (1989), çok-popülasyonlu bir PGA için her bir popülasyonun yapısını ince-taneli PGAları kullanacak şekilde tasarlamıştır. Çok popülasyonlu PGAlarda alt düzeyde ince taneli PGA yapısının kullanıldığı diğer bir çalışma da Gorges-Schleuter'e (1997) aittir. Georges-Schleuter (1997), popülasyonlar arasında ve her bir popülasyonda yer alan kromozomlar arasında halka topolojisini (ring topology) kullanmıştır. Ayrıca değişken bir iletişim sıklığı kullanılmıştır. Başlangıçta popülasyonlar arası iletişim sıklığını çok düşük tutulmuş ve jenerasyonlar ilerledikçe iletişim sıklığının doğrusal olarak artması sağlanmıştır.

BÖLÜM 5

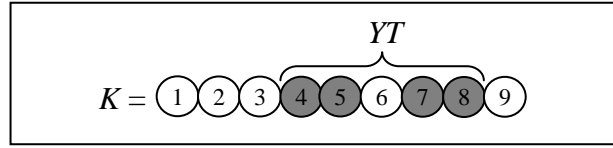
GELİŞTİRİLEN ÇOK POPULASYONLU PARALEL GENETİK ALGORİTMA

Bu bölümde, GSP için geliştirilen çok populasyonlu paralel genetik algoritma (ÇPPGA) yaklaşımı tanıtılmıştır. Geliştirilen ÇPPGANın çalışma mekanizması, GSP için yapı taşlarının etkin bir şekilde belirlenip birleştirilmesi üzerine kuruludur. Çok populasyonlu yapının kullanılmasının nedeni, bu yapının farklı yapı taşlarının belirlenmesine uygun bir altyapı sunmasıdır. Farklı populasyonlarda farklı yapı taşlarının hızlı bir şekilde belirlenebilmesi sağlandığında, farklı populasyonlardan elde edilen farklı yapı taşlarının adım adım bir prosedürle birleştirilmesi yoluyla, problemin en iyi veya en iyiye yakın bir çözümünün elde edilmesi sağlanabilir. Bu noktada yapı taşlarının ne olduğunun belirlenmesi ayrı bir önem taşımaktadır.

Geliştirilen ÇPPGANın motivasyonu yapı taşlarını tahmin etmek ve tahmin edilen yapı taşlarını birleştirmektir. Bir problemin yapı taşlarının özellikleri, göz önüne alınan probleme ve problem için kullanılan genetik gösterime bağlıdır. Bu çalışmada literatürde yaygın olarak kullanılan ve GSPye en uygun genetik gösterim olduğu düşünülen rota genetik gösterimi kullanılmıştır. Bu nedenle ilk olarak rota genetik gösterimi üzerinde GSPnin yapı taşı özelliklerinin doğru bir şekilde belirlenmesi gerekmektedir. Sıralama tabanlı problemler için Goldberg and Lingle (1985) rota genetik gösterimi altında *o-şema* (*o-schema*) ismini verdikleri yeni bir şema yapısı geliştirmişlerdir. Daha sonra Goldberg (1989a) farklı özelliklere sahip sıralama problemleri için *o-şemanın* farklı versiyonlarını tanımlamıştır. İzleyen bölümde Goldberg'ün (1989a) tanımladığı farklı *o-şema* yapıları tanıtılmıştır. Daha sonra GSPnin yapı taşı özellikleri incelenerek, yapı taşlarının farklı *o-şema* yapılarına uygunluğu tartışılmış ve GSP için yeni bir şema yapısı önerilmiştir. Son olarak, geliştirilen ÇPPGA'nın probleme yaklaşımı ve bu yaklaşıma bağlı olarak geliştirilen bileşenleri tanıtılmıştır.

5.1. Gezgin Satıcı Probleminde Yapı Taşları

Rota genetik gösterimi kullanıldığında bir sıralama probleminin yapı taşlarına iki farklı bakış açısı söz konusudur: pozisyon tabanlı ve ayrıt tabanlı. Örneğin GSP için rota genetik gösterimi kullanılarak Şekil 5.1’de verilen K kromozomu elde edilmiş olsun ve K kromozomu üzerinde yer alan yapı taşı gri renkli genlerden oluşan YT yapı taşı olsun.



Şekil 5.1: Rota genetik gösterimi için örnek bir kromozom

Şekil 5.1’de verilen K kromozomunda yer alan YT yapı taşına iki farklı bakış açısıyla bakılabilir. İlk bakış açısına göre YT yapı taşının anlamı 4 nolu düğümün dördüncü pozisyonda, 5 nolu düğümün beşinci pozisyonda, 7 nolu düğümün yedinci pozisyonda ve 8 nolu düğümün sekizinci pozisyonda yer almasıdır. İkinci bakış açısına göre ise YT yapı taşının anlamı 4 nolu düğümün gelmesi ve 7 nolu düğümün gelmesidir. Bu iki farklı bakış açısı arasındaki fark, ilkinin yapı taşını pozisyon tabanlı, ikincisinin ise ayrıt tabanlı değerlendiriyor olmasıdır. GSP’de bir düğümün belirli bir pozisyonda yer almasından çok, öncesi ve sonrasındaki düğümlerin hangi düğümler olduğu önemlidir. Örneğin; aşağıda verilen iki kromozom aynı yapı taşlarına sahip aynı turu kodlayan iki farklı kromozomdur:

$$K_1 = (1 - 2 - 3 - \underline{4-5} - 6 - \underline{7-8} - 9)$$

$$K_2 = (3 - \underline{4-5} - 6 - \underline{7-8} - 9 - 1 - 2)$$

Bu bakış açısıyla GSP’nin yapı taşı özelliklerini daha fazla incelemeyen önce Goldberg’un (1989a) sıralama tabanlı problemler için önerdiği *o-şema* türlerini incelemek faydalı olacaktır.

5.1.1. *o*-şema

Goldberg and Lingle (1985) sıralama tabanlı problemler için *o*-şema (*order based schema: o-schema*) ismini verdikleri yeni bir şema yapısı önermiş ve daha sonra Goldberg (1989a) farklı sıralama tabanlı problem türleri için çeşitli *o*-şema yapıları tasarlamıştır. Bunlardan ilki, genlerin salt (absolute) pozisyonlarının önemli olduğu *a* tipi *o*-şema'dır (*o-schema, type a*). Örneğin, 3 nolu genin ikinci ve 5 nolu genin dördüncü pozisyonunda olması durumunda *a* tipi *o*-şema,

$$(! 3 ! 5 ! ! ! ! !)$$

şeklinde gösterilmektedir. Bu yapıda “!” sembolü geriye kalan genlerin herhangi bir permutasyonunu göstermek için kullanılmıştır. Kromozomdaki toplam gen sayısı l ve *o*-şemanın derecesi o (“!” sembolünden farklı gen sayısı) olmak üzere, bir *a* tipi *o*-şema $(l - o)!$ tane kromozom tarafından temsil edilebilir.

Genlerin görelî pozisyonlarının önemli olduğu düşünülecek olursa, *r* tipi *o*-şema (*o-schema, type r*) elde edilir. *r* tipi *o*-şema, bir dizi *a* tipi *o*-şemaya karşılık gelir. Uzunluğu l olan *a* tipi şemaları üretmek için kullanılan fonksiyon notasyonu $r^l()$ olduğunda bir *r* tipi $(2 ! ! 3 4)$ *o*-şeması aşağıda verilen *a* tipi *o*-şemalara karşılık gelir $r^9(2 ! ! 3 4)$:

$$\begin{aligned} & (2 ! ! 3 4 ! ! ! ! !) \\ & (! 2 ! ! 3 4 ! ! ! ! !) \\ & (! ! 2 ! ! 3 4 ! ! ! ! !) \\ & (! ! ! 2 ! ! 3 4 ! ! ! ! !) \\ & (! ! ! ! 2 ! ! 3 4 ! ! ! ! !) \end{aligned}$$

Eğer kromozomun bir tur oluşturma problemi için oluşturulduğu düşünülecek olursa bu listeye aşağıda verilen *a* tipi *o*-şemaları da eklemek gerekmektedir:

$$\begin{aligned} & (4 ! ! ! ! 2 ! ! 3) \\ & (3 4 ! ! ! ! 2 ! !) \\ & (! 3 4 ! ! ! ! 2 !) \\ & (! ! 3 4 ! ! ! ! 2) \end{aligned}$$

Genler arasındaki “!” sembollerinin sayısı önemsiz olduğunda üçüncü tip *o*-şema olan *rs* tipi *o*-şema (*relative o-schema with sliding: o-schema, type rs*) elde edilir. δ tanım uzunluğuna ve l uzunluğuna sahip r tipi *o*-şemaları üretmek için kullanılan fonksiyon notasyonu $rs_{\delta}^l(\cdot)$ olduğunda, bir *rs* tipi (2 3 4) şeması aşağıda verilen r tipi *o*-şemalara karşılık gelir. $rs_4^9(2\ 3\ 4)$:

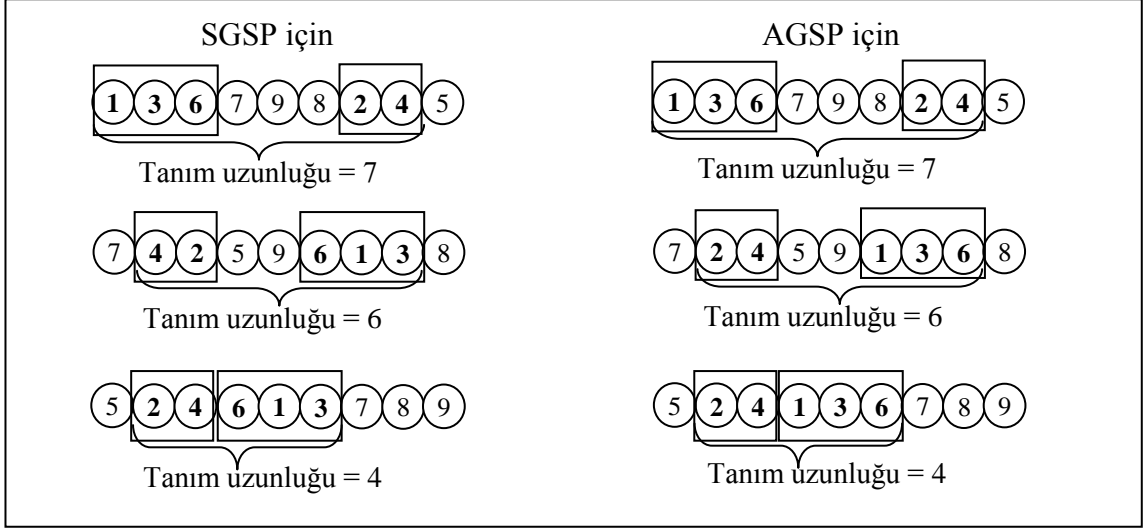
$$\begin{aligned} & r^9(2\ 3\ !\ !\ 4) \\ & r^9(2\ !\ 3\ !\ 4) \\ & r^9(2\ !\ !\ 3\ 4) \end{aligned}$$

Bazı problemlerde “!” sembolü dışındaki elemanların kendi aralarındaki görelî sıraları da önemsiz olabilir. Goldberg (1989a) bu tip *o*-şemaları da *rse* tipi *o*-şemalar (*relative, sliding, o-schema with exchange: o-schema, type rse*) olarak isimlendirmiştir. δ tanım uzunluğuna ve l uzunluğuna sahip *rs* tipi *o*-şemaları üretmek için kullanılan fonksiyon notasyonu $rse_{\delta}^l(\cdot)$ olduğunda, bir *rse* tipi (2 3 4) şeması aşağıda verilen *rs* tipi *o*-şemalara karşılık gelir. $rse_4^9(2\ 3\ 4)$:

$$\begin{aligned} & rs_4^9(2\ 3\ 4) \\ & rs_4^9(4\ 2\ 3) \\ & rs_4^9(3\ 2\ 4) \\ & rs_4^9(2\ 4\ 3) \\ & rs_4^9(3\ 4\ 2) \\ & rs_4^9(4\ 3\ 2) \end{aligned}$$

5.1.2. Gezgin satıcı probleminin yapı taşı özellikleri ve *e*-şema

Yapı taşlarına olan ayrıt veya pozisyon tabanlı bakış açılarından hangisinin GSPye daha uygun olduğuna karar vermek için, bir yapı taşının ne anlama geldiğini tekrar incelemek gerekmektedir. Yapı taşı, uygunluk değeri yüksek, derecesi düşük ve tanım uzunluğu kısa olan şemalardır (Goldberg, 1989a). Yapı taşının derecesinin düşük olmasının gerekliliği mutasyon operatöründen ve tanım uzunluğunun kısa olmasının gerekliliği çaprazlama operatöründen kaynaklanmaktadır. Bu tanımda kritik olan nokta, uygunluk değerinin yüksek olmasıdır. Yapı taşlarının uygunluk değerleri, problemin amaç fonksiyonu bilgisinden hareketle hesaplanmaktadır. Göz önüne alınan problem GSP olduğunda, bir düğümün hangi sırada olduğunun amaç fonksiyonu için bir anlamı



Şekil 5.3: SGSP ve AGSP için aynı yapı taşlarının farklı tanım uzunlukları

Şekil 5.3'den de görüldüğü gibi, GSP için yapı taşları pozisyon bağımsız olduğundan bir yapı taşı kromozom üzerinde farklı yollarla temsil edilebilir ve 1 ile $N-1$ arasında herhangi bir tanım uzunluğuna sahip olabilir. AGSP için yapı taşları Goldberg'ün (1989a) rs tipi o -şemalarıyla ve SGSP için Goldberg'ün (1989a) rse tipi o -şemalarıyla benzer özellikler taşımaktadır. Ancak GSP'de yapı taşlarının ayrıt tabanlı olması nedeniyle Goldberg'ün (1989a) o -şemaları yapı taşlarını temsil etmekte yetersiz kalmaktadır. Örneğin, $(1\ 3\ 6\ !\ !\ !\ 2\ 4\ !)$ a tipi o -şeması ile $(1\ 3\ !\ 6\ !\ !\ 2\ !\ 4)$ a tipi o -şeması, aynı rs tipi o -şemaya karşılık gelen iki a tipi o -şemadır. Oysa GSP için bunlar iki farklı şemadır: $(1\ 3\ 6\ !\ !\ !\ 2\ 4\ !)$ ve $(1\ 3\ !\ !\ !\ !\ !\ !)$.

Bu nedenle AGSP ve SGSP için iki yeni şema yapısını kullanmak daha uygundur: *ayrıt tabanlı şema tip 1* ve *tip 2* (e^1 -şema, e^2 -şema). e^1 -şemada ayrıtlar tek yönlüdür ve AGSP için tanımlanmıştır. Kromozomdaki gen sayısı l ve yapı taşını oluşturan ayrıt zincirleri e_1, e_2, \dots, e_n olmak üzere bir e^1 -şema, $S_l^1 = (e_1 | e_2 | \dots | e_n)$ kapalı formunda gösterilebilir. Bir e^1 -şemasına karşılık gelen ve toplam uzunluğu l olan a tipi o -şemaları üreten fonksiyon notasyonu $f_l^1(S_l^1)$ olmak üzere, bir $S_l^1 = (2\ 3 | 4\ 5\ 6)$ şeması aşağıda verilen a tipi o -şemalara karşılık gelir.

$$f_7^1(2\ 3\ | \ 4\ 5\ 6) =$$

(2 3 4 5 6 !!)	(2 3 ! 4 5 6 !)	(2 3 !! 4 5 6)
(! 2 3 4 5 6 !)	(! 2 3 ! 4 5 6)	(6 2 3 !! 4 5)
(!! 2 3 4 5 6)	(6 ! 2 3 ! 4 5)	(5 6 2 3 !! 4)
(6 !! 2 3 4 5)	(5 6 ! 2 3 ! 4)	(4 5 6 2 3 !!)
(5 6 !! 2 3 4)	(4 5 6 ! 2 3 !)	(! 4 5 6 2 3 !)
(4 5 6 !! 2 3)	(! 4 5 6 ! 2 3)	(!! 4 5 6 2 3)
(3 4 5 6 !! 2)	(3 ! 4 5 6 ! 2)	(3 !! 4 5 6 2)

e^2 -şemada ise ayrıtlar çift yönlüdür ve SGSP için tanımlanmıştır. Kromozomdaki gen sayısı l ve yapı taşı oluşturulan ayrıtlar zincirleri e_1, e_2, \dots, e_n olmak üzere bir e^2 -şema, $S_l^2 = (e_1 | e_2 | \dots | e_n)$ kapalı formunda gösterilebilir. Bir e^2 -şemaya karşılık gelen ve toplam uzunluğu l olan a tipi o -şemalar, e^1 -şemada her bir ayrıtlar zincirinin ters sıra ile dizildiği farklı kombinasyonları da kapsar. Örneğin $S_l^2 = (2\ 3\ | \ 4\ 5\ 6)$ e^2 -şemaya karşılık gelen a tipi o -şemaları $f_7^1(2\ 3\ | \ 4\ 5\ 6)$, $f_7^1(3\ 2\ | \ 4\ 5\ 6)$, $f_7^1(2\ 3\ | \ 6\ 5\ 4)$ ve $f_7^1(3\ 2\ | \ 6\ 5\ 4)$ fonksiyonları ile türetilir.

e -şemalarda ayrıtlar zincirleri pozisyon bağımsız olduklarından, e^1 -şema ve e^2 -şemalarda yer alan farklı ayrıtlar zincirlerinin sayısı ilgili e -şemanın *gevşeklik derecesi* olarak tanımlanmıştır ($g(S^1)$, $g(S^2)$). Her iki tip e -şema da aynı gevşeklik derecesine sahip olduğunda, bir e^2 -şemaya karşılık gelen a tipi o -şemaların sayısı, e^1 -şemaya karşılık gelen a tipi o -şemaların sayısından $2^{g(S^2)}$ kat fazladır. Bu fazlalık e^2 -şemanın ayrıtları çift yönlü değerlendirmesinden kaynaklanmaktadır.

GSP için yapı taşlarının pozisyon bağımsız olması, yapı taşlarının birleştirilmesi işlemini de zorlaştırmaktadır. Örneğin, N düğümden oluşan bir GSP için tanım uzunluğu 2 olan $N/2$ tane yapı taşının tam olarak bilindiği varsayıldığında, bu yapı taşlarını birleştirmenin AGSP için $(N/2)!$, SGSP için $2^{N/2}(N/2)!$ alternatif yolu vardır. Dolayısıyla yapı taşlarının belirlenmesi sadece arama uzayını daraltmaktadır. Belirlenen yapı taşlarının birleştirilmesi problemi, boyutları indirgenmiş ayrı bir GSPdir.

5.2. Geliştirilen Çok Populasyonlu Paralel Genetik Algoritmanın Genel Yapısı

Bölüm 3’de de değinildiği gibi bir GAnın performansının yüksek olabilmesi için aşağıda verilen dört görevi etkin bir şekilde yerine getirebilmesi gerekmektedir:

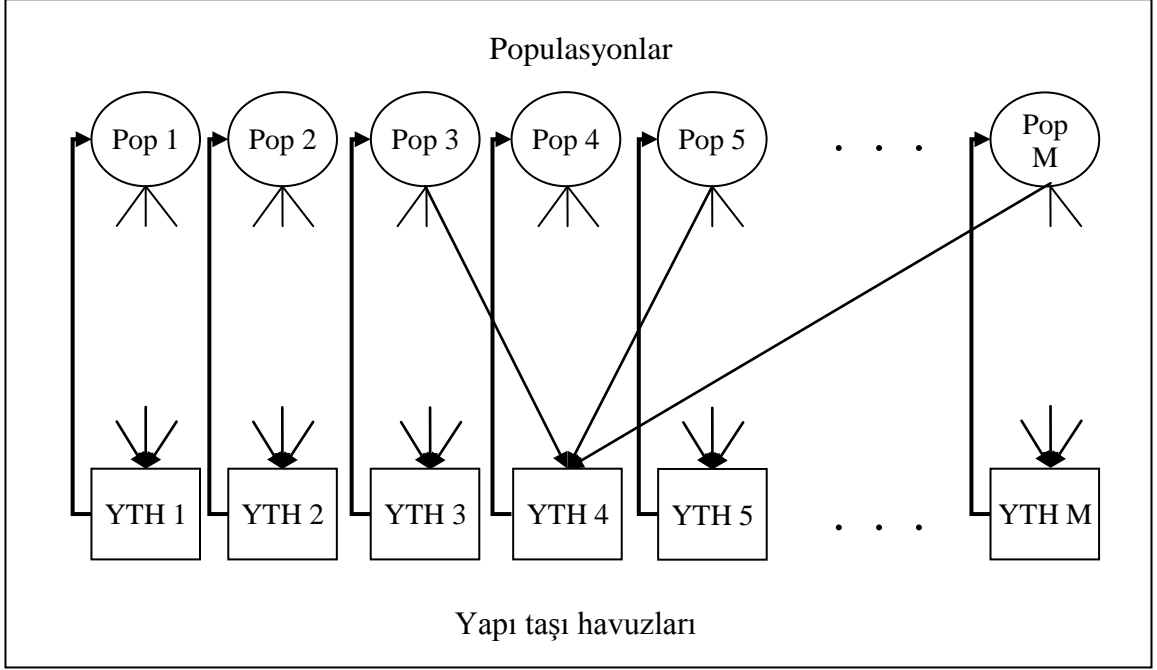
- i. Farklı yapı taşlarını üretebilmek,
- ii. Populasyondaki yapı taşı çeşitliliğini yüksek tutabilmek (populasyon çeşitliliği),
- iii. Yapı taşlarının çoğalarak artmasını sağlayabilmek (şema teoremi, seçim baskısı),
- iv. Farklı yapı taşlarını birleştirerek daha iyi çözümlerin oluşturulmasını sağlayabilmek (yapı taşı hipotezi).

Bir GAnın en temel görevi farklı yapı taşlarını üretebilmektir. Kaliteli yapı taşlarının hızlı bir şekilde üretilmesi GAnın performansını arttıracaktır. GSP bir GA için epistasisin yüksek olduğu bir problemdir. Daha açık bir ifadeyle, kromozom üzerinde yer alan genler birbirleri ile etkileşim içindedir. Bunun anlamı, bir genin kromozom üzerinde belirli bir pozisyonda yer almasının kromozomun uygunluk değerine olan katkısının, diğer genlerin durumlarından etkilenmesidir. GSP için düğümler arasındaki bu etkileşim tam olarak belirlenemese de, bazı tahminler yapılabilir. Örneğin bir GSPnin en iyi çözümü göz önüne alındığında, en iyi çözümü elde etmek için büyük ölçüde düğümleri yakın komşuluklarındaki düğümlere bağlayan ayrıtların kullanıldığı görülmektedir. Nitekim düğümler arasındaki bu ilişkiden faydalanan çeşitli çalışmalar literatürde yer almaktadır (Lin and Kenrighan, 1973; Chen and Zhang, 2006). Benzer şekilde düğümler arasındaki komşuluk ilişkisini GAnın da kullanması sağlanarak bir dezavantaj olan epistasis bir avantaja dönüştürülebilir. Bunu sağlayabilmek için, ilk olarak Ek-1’de verilen ve en iyi çözümleri bilinen test problemleri kümesi üzerinde, en iyi çözümleri elde etmek için kullanılan ayrıtların hangi komşuluk dereceleri ile oluşturulduğu incelenmiştir. Bu incelemenin sonucunda bir düğümden sonra hangi ayrıtların kullanılacağına karar vermek için kullanılacak bir olasılık fonksiyonu (*komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu*) belirlenmiştir. Bu olasılık fonksiyonundan faydalanan bir mutasyon operatörü geliştirilmiş ve böylece GAnın

uygunluk değeri yüksek yapı taşlarını hızlı bir şekilde keşfetmesi sağlanmıştır. Ancak bu durumda da GAnın bir yerel en iyi çözüme hızla yakınsayıp, problemin en iyi çözümünü bulamaması riski vardır. Bunun üstesinden gelebilmek için çok popülasyonlu yapı kullanılmıştır. Temel mantık, her bir popülasyonun farklı bir yerel en iyi çözüme hızla yakınsamasını sağlamak, daha sonra farklı popülasyonlarda keşfedilmiş farklı yapı taşlarını kontrollü bir şekilde birleştirmek yoluyla problemin en iyi çözümünü aramaktır.

Farklı popülasyonlarda keşfedilmiş yapı taşlarını popülasyonlar arası kontrollü bir şekilde aktarabilmek için yeni bir iletişim operatörü geliştirilmiştir. Geliştirilen iletişim operatörü en az iki popülasyondan hareketle Bölüm 5.1.2’de açıklanan e -şemaları belirlemektedir (AGSP için e^1 -şema, SGSP için e^2 -şema). GSPde yapı taşları pozisyon bağımsız olduğundan, belirlenen e -şemaları oluşturan ayrıt zincirleri bir yapı taşı havuzunu doldurmak için kullanılmaktadır. Ayrıt zincirleri pozisyon bağımsız olduklarından, e -şemada yer alan ayrıt zincirlerinin kromozom üzerindeki pozisyonları değişiklik gösterebilmektedir. Bu nedenle, her bir ayrıt zinciri ayrı bir yapı taşı olarak göz önüne alınmıştır. İletişim operatörü farklı en az iki popülasyondan faydalanılarak doldurulmuş yapı taşı havuzunda yer alan yapı taşlarını teker teker göz önüne alarak, farklı bir popülasyonun en iyi kromozomu üzerinde uygun bir pozisyona yerleştirmeye çalışmaktadır. Uygunluk değerine en fazla katkıda bulunan (veya en az bozulmaya sebep olan) yapı taşı kromozom üzerine yerleştirilerek iletişim işlemi tamamlanmaktadır. Geliştirilen ÇPPGANın genel yapısı Şekil 5.4’de verilmiştir.

Problemin en iyi çözümünü kodlayan kromozom *en iyi yapı taşı* olarak göz önüne alındığında, GAya yön veren her yapı taşının en iyi yapı taşının bir parçası olması beklenemez. Dolayısıyla GAnın aramasına yön veren bazı yapı taşları doğru, bazıları ise yanlış yapı taşlarıdır. Yanlış yapı taşlarının uygunluk değerlerinin de yüksek olması, GAnın bir yerel en iyi çözüme yakınsamasına sebep olabilmektedir. Bu özelliğe sahip problemlere *aldatıcı (deceptive)* problemler denilmektedir (Goldberg, 1989a) ve GSP GAnın için *aldatıcı* bir problemdir. Geliştirilen iletişim operatörü aç gözlü bir şekilde çalıştığı için, uygunluk değeri yüksek ama yanlış yapı taşlarının yapı taşı havuzunda yer alması durumunda, tüm popülasyonların bir yerel en iyi çözüme



Şekil 5.4: Geliştirilen çok popülasyonlu paralel genetik algoritmanın genel yapısı

yakınsama riski vardır. Bunun önüne geçmek için, geliştirilen iletişim operatörünün havuzda yer alan her bir yapı taşını belirli bir olasılıkla göz önüne alması sağlanmıştır.

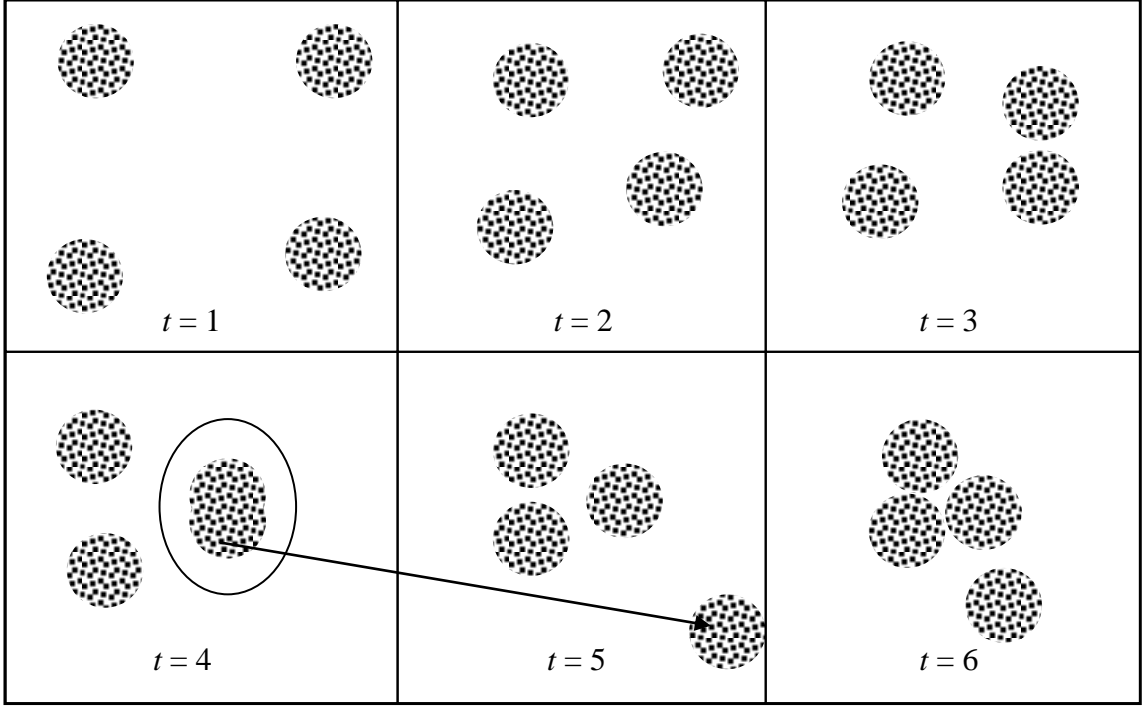
İletişim operatörü her seferinde sadece bir yapı taşını aktardığı için, e -şemaların ilgili popülasyonda adım adım oluşturulması söz konusudur. Ayrıca yapı taşı havuzu bir tek e -şemaya ait ayrı zincirlerinden oluşmak zorunda değildir. Dolayısıyla geliştirilen iletişim operatörü, farklı e -şemaları oluşturan farklı yapı taşlarının popülasyonlarda tekrar bir arada değerlendirilmesini sağlamaktadır. Bu yolla yeni e -şemaların bulunması ve yapı taşlarının birleştirilmesi yoluyla daha yüksek dereceye sahip yeni yapı taşlarının elde edilmesi sağlanmıştır. İletişim operatörü tarafından aktarılmış olan yapı taşları, belirli bir süre boyunca ilgili popülasyondaki evrim sürecinden korunmaktadır. Böylece her bir popülasyonda çalışan GAya, farklı yapı taşlarını birleştirmesi ve uygunluk değeri yüksek yeni e -şemaları bulması için zaman kazandırılmaktadır. Her bir popülasyonda çalışan GAnın yapı taşlarını daha etkin birleştirebilmesi için yeni bir çaprazlama operatörü geliştirilmiştir. Geliştirilen çaprazlama operatörü OX1 çaprazlama operatörüne benzer bir yapıya sahiptir. Geliştirilen çaprazlama operatörü OX1 çaprazlama operatöründen farklı olarak,

kromozomlar arası aktarılan genlerin hangi ayrıta bağlanacağı bilgisini de korumaktadır. Geliştirilen çaprazlama operatörünün yapı taşlarını birleştirme becerisi literatürde yer alan çeşitli çaprazlama operatörleriyle karşılaştırılmış ve performansının karşılaştırılan çaprazlama operatörlerine göre daha iyi olduğu görülmüştür.

Geliştirilen ÇPPGANın performansını etkileyen üç önemli faktör olacaktır: *yapı taşlarının yayılma hızı, populasyonlar arası çeşitlilik ve populasyonlar arası yakınsama hızı*. Yapı taşlarının yayılma hızı, bir populasyonda yer alan bir yapı taşının diğer populasyonlara yayılma hızıdır. Populasyonlar arası çeşitlilik, populasyonların birbirlerine göre sahip oldukları farklı yapı taşlarının çeşitliliğidir. Populasyonlar arası yakınsama hızı ise populasyonların arama uzayında arama yaptıkları bölgelerin birbirlerine yaklaşma hızıdır. Yapı taşlarının yayılma hızı diğer iki faktör üzerinde direkt etkilidir. Yapı taşlarının yayılma hızı ne kadar yüksek olursa populasyonlar arası yakınsama hızı da o kadar yüksek olacaktır. Populasyonlar arası yakınsama hızının artması ise populasyonlar arası çeşitliliği düşürecektir. Populasyonlar arası yakınsama hızı ile populasyonlar arası çeşitlilik arasındaki hassas dengeyi kurabilmek ancak yapı taşlarının yayılma hızını uygun bir seviyede tutmak ile mümkündür.

Geliştirilen iletişim operatörü yapı taşlarının yayılma hızını kontrol edebilme yeteneğine sahiptir. Yapı taşlarının yayılma hızının, toplam populasyon sayısına, iletişim operatörünün parametrelerinin değerlerine ve bir yapı taşının belirli bir anda içinde yer aldığı populasyon sayısına bağlı olarak hipergeometrik dağılım aracılığıyla kestirilebileceği gösterilmiştir.

Yapı taşlarının populasyonlar arası yayılma hızı, dolayısıyla populasyonlar arası yakınsama hızı ve çeşitlilik, ne kadar kontrol altında olursa olsun, iletişim gerçekleştiği sürece iki populasyonun belirli bir süre sonra birbirine yakınsaması kaçınılmazdır. İki populasyonun kromozom uzayının aynı bölgesinde arama yaptığı anlaşıldığında, iki populasyondan birisinde yer alan tüm kromozomlar silinerek tekrar baştan aramaya başlaması sağlanmıştır. Böylece iki populasyonun aynı anda aynı bölgede arama yapması engellenmiştir. Geliştirilen ÇPPGANın kromozom uzayında çalışma şekli Şekil 5.5’de gösterilmiştir.

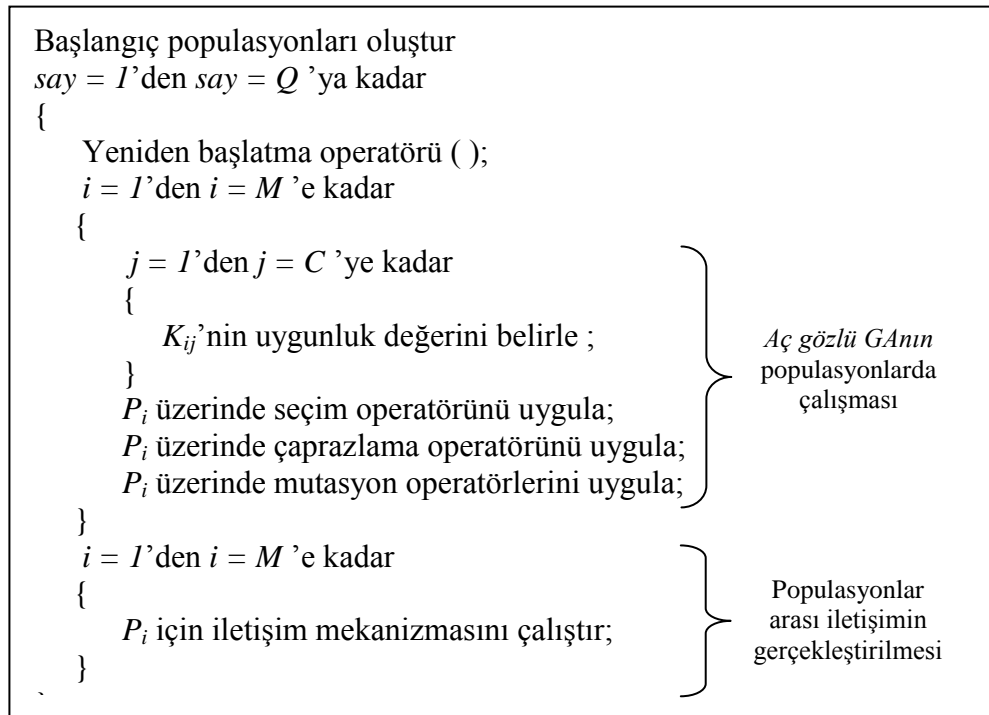


Şekil 5.5: Populasyonlar arası yakınsama ve yeniden başlatma

Bir populasyonun yeniden başlatılması üç nedenle önemlidir. Bunlardan ilki iki populasyon da kromozom uzayında aç gözlü bir şekilde arama yaptığından, her ikisinin de aynı bölgede arama yapmasının anlamsız olmasıdır. İkinci neden, diğer populasyonlardaki yapı taşları değiştiği için, yeniden başlatılan populasyonun diğer populasyonlara yakınsarken izleyeceği yol farklı bir yol olacaktır ve bulacağı yeni yapı taşları farklılık gösterebilecektir. Üçüncü neden ise, diğer populasyonlar birbirlerine belirli bir miktarda yakınsadıkları için, taşıdıkları yapı taşlarının dereceleri artmıştır. Tekrar başlatılan populasyon diğer populasyonlarla birlikte yapı taşı havuzunu doldurmak amaçlı kullanıldığında, elde edilen yapı taşlarının dereceleri de düşecektir. Bu da derecesi düşük yapı taşlarının farklı şekillerde tekrar birleştirilmesine ve yeni yapı taşlarının elde edilmesine imkan verecektir.

Özet olarak, geliştirilen ÇPPGA iki ana bileşenden oluşmaktadır: Her bir populasyonda çalışan bir *aç gözlü GA* ve *iletişim operatörü*. Populasyonlar üzerinde çalışan GAnın mutasyon operatörleri düğümler arasındaki komşuluk derecelerinin kullanılma olasılıklarına dayalı çalışmaları için, geliştirilen GA *aç gözlü GA* olarak

isimlendirilmiştir. Aç gözlü GA, farklı popülasyonda farklı yerel en iyi çözümlere hızlı bir şekilde yakınsayacak şekilde tasarlanmıştır. Farklı yerel en iyi çözümlerden elde edilen yapı taşlarını belirleyerek, yapı taşlarının popülasyonlar arasında kontrollü bir şekilde paylaşılmasını sağlayacak yeni bir iletişim operatörü geliştirilmiştir. Geliştirilen ÇPPGANın sözde kodu Şekil 5.6'da verilmiştir. İzleyen bölümlerde geliştirilen ÇPPGANın her bir bileşeni tanıtılmıştır.



Şekil 5.6: Geliştirilen çok popülasyonlu paralel genetik algoritmanın sözde kodu

5.3. Geliştirilen Aç Gözlü Genetik Algoritma

Geliştirilen aç gözlü GA kullanılan genetik gösterim dışındaki tüm bileşenleri ile yeni bir GA yaklaşımıdır. Aç gözlü GA çok popülasyonlu PGANın bir bileşeni olarak tasarlanmıştır ve aç gözlü GA'yı geliştirilen çok popülasyonlu PGA'dan bağımsız düşünmek yanlış olacaktır. Bu nedenle öncelikle aç gözlü GANın çok popülasyonlu PGA içerisindeki görevini netleştirmekte fayda vardır. Geliştirilen aç gözlü GANın iki temel görevi vardır:

- i. Farklı populasyonlarda kromozom uzayının farklı bölgelerinde arama yapabilmek ve bu bölgelerde yer alan çeşitli yerel en iyi çözümleri kodlayan kromozomları hızla keşfedebilmek,
- ii. İletişim operatörü yoluyla bir populusyona aktarılmış yapı taşlarını populusyondaki kromozomlarda yer alan diğer yapı taşları ile birleştirmek yoluyla en iyi çözümü aramak.

Yerel en iyi çözümleri kodlayan kromozomların yapı taşı bakımından zengin kromozomlar oldukları varsayılmıştır. Dolayısıyla aç gözlü GAnın ilk görevi, farklı populasyonlarda farklı yapı taşlarını kodlayan kromozomların keşfedilmesine karşılık gelmektedir. Burada önemli olan nokta, aç gözlü GAnın farklı populasyonlarda farklı yerel en iyi çözümleri bulabilmesini sağlamaktır. Aç gözlü GA bunu iki yolla sağlamaktadır: *komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu* ve aç gözlü mutasyon operatörleri. Komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu belirli bir komşuluk derecesi (η) ile sınırlandırılmıştır. Geliştirilen aç gözlü mutasyon operatörleri, bir yandan düğümleri en yakın η komşulukları içinde bir komşuluğu kullanmaya iterken, bir yandan da en yakın ilk η komşuluk sınırını mümkün olduğunca az esneterek kromozomun dar bir komşuluğunda arama yapmaya özen göstermektedirler.

İletişim operatörü populasyonları yapı taşları ile beslerken, bir populusyonda yer alan farklı kromozomlardaki yapı taşlarının birleştirilmesi görevi çaprazlama operatörüne aittir. Aç gözlü GA için bu görevi etkin bir şekilde yerine getirebilecek yeni bir çaprazlama operatörü geliştirilmiştir. Geliştirilen çaprazlama operatörü iletişim operatörü yoluyla aktarılmış yapı taşlarının kromozomlar arası paylaşımına öncelik verecek şekilde tasarlanmıştır. Çaprazlama operatörü komşuluk derecesi olasılık fonksiyonundan ve bu dağılım için tariflenmiş en yakın η komşuluk sınırından bağımsız çalışmaktadır. Böylece tanımlanan komşuluk sınırı ne olursa olsun, çaprazlama operatörü iki farklı yapı taşının birleştirilebilirliğini her zaman mümkün kılmaktadır.

İletişim operatörünün aktardığı yapı taşlarının çaprazlama operatörü tarafından yeteri kadar işlenmesine imkan vermek için, aç gözlü GAnın genetik operatörleri bir *yapı taşı koruma mekanizmasına* sahiptir. Her bir genetik operatör koruma altındaki yapı taşlarına zarar vermeden çalışmaktadır. İzleyen bölümde komşuluk derecesi

olasılık fonksiyonu belirlenmiştir. Daha sonraki alt bölümlerde ise aç gözlü GAnın bileşenleri tanıtılmıştır.

5.3.1. Komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu

Bir A düğümünden sonra gelen B düğümünün, A düğümünün henüz ziyaret edilmemiş en yakın x 'inci komşusu olması olayı için x rassal değişkeninin olasılık fonksiyonu *komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu* olarak tanımlanmıştır. x rassal değişkeninin değer kümesi $E = \{1,2,\dots, \eta\}$ olarak tariflenmiştir. Böylece x rassal değişkeninin alabileceği en yüksek değerin η olduğu olaylarla ilgilenilmektedir.

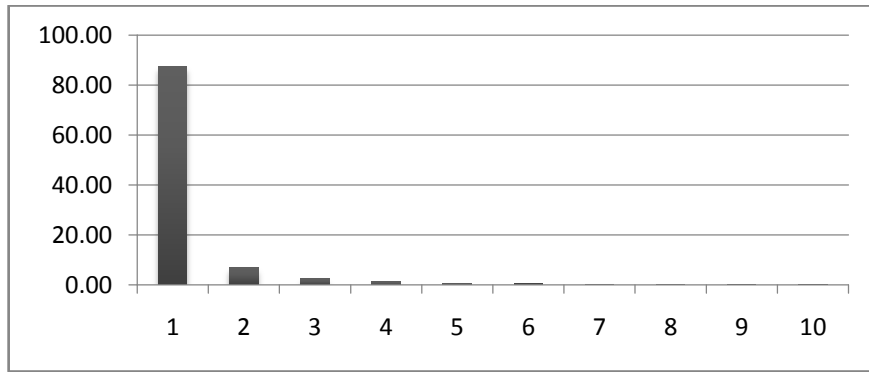
Komşuluk derecesi olasılık fonksiyonundan, hem başlangıç popülasyonlar oluşturulurken, hem de mutasyon operatörü sırasında faydalanılmaktadır. Böylece hem A düğümünden sonra gelecek olan düğümler A düğümünün bir η komşuluğu ile sınırlandırılmakta hem de A düğümünden sonra gelecek olan düğüm komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu kullanılarak belirlenmektedir.

GSP için kullanılan başarılı sezgisel tekniklerin bir çoğunda düğümler arasındaki en yakın komşuluk ilişkisinden faydalanılmaktadır. Örneğin Lin-Kernighan (Lin and Kernighan, 1973) algoritması belirli bir dereceye kadar sayımlama yapmaktadır ve gerçekleştirilen bu sayımlama bir düğümün en yakın k komşuluğu ile kısıtlandırılmıştır. Lin-Kernighan algoritmasının çeşitli versiyonları düğümler arasındaki farklı komşuluklardan faydalanmaktadır: quadrant-tabanlı komşuluklar (Johnson, 1990) ve DeLauney üçgenleştirmesi tabanlı komşuluklar (Reinelt, 1994). Yakın zamanda Chen and Zhang (2006) ise tavlama benzetiminde komşuluk derecesinin kullanım olasılıklarına dayalı bir enerji fonksiyonu kullanmışlardır.

Bir GSP probleminin en iyi çözümü göz önüne alındığında, en iyi çözümü oluşturmak için kullanılan komşuluk derecelerinin kullanım sıklıklarının aynı olması beklenemez. Düşük dereceli komşulukların kullanım sıklığı, yüksek dereceli komşuluklara göre daha fazladır. Dolayısıyla tur üzerinde bir A düğümünden sonra gelecek olan düğüm belirlenirken, A düğümünün ilk η komşuluğundaki düğümlerin tamamına eşit seçilme şansı verilmesi hatalı olacaktır. Bu nedenle bu çalışmada her bir

düğümün henüz ziyaret edilmemiş ilk η komşuluğu için bir olasılık fonksiyonu belirlenerek başlangıç popülasyonların oluşturulmasında ve mutasyon operatörlerinden bir tanesinde bu olasılık fonksiyonundan faydalanılmıştır.

Komşuluk derecesi olasılık fonksiyonunun belirlenmesinde, Ek-1’de verilen 71 test probleminden faydalanılmıştır. Her bir test probleminde, her bir düğümünün başlangıç düğüm olarak kullanılması durumunda en iyi çözümü elde etmek için henüz ziyaret edilmemiş kaçınıcı komşuluğun kullanılması gerektiği belirlenmiştir. Göz önüne alınan 71 adet test problemi üzerinde, henüz ziyaret edilmemiş en yakın komşuluk derecelerinin kullanım oranları ilk 10 komşuluk derecesi için Şekil 5.7’de verilmiştir.



Şekil 5.7: Henüz ziyaret edilmemiş en yakın komşuluk derecelerinin kullanılma oranları (%)

Şekil 5.7’den de görüldüğü gibi, en iyi çözümü elde etmek için bir düğümün henüz ziyaret edilmemiş en yakın komşusunun kullanılma oranı, diğer komşuluk derecelerine göre oldukça yüksektir. Komşuluk derecesi düştükçe kullanılma oranları üstel olarak artmaktadır. Bu çalışmada her bir popülasyonun yerel en iyi çözümlere yakınsamasını sağlamak amacıyla $\eta = 5$ kullanılmıştır. Böylece x rassal değişkeninin değer kümesi $E = \{1,2,\dots, 5\}$ için komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu Tablo 5.1’de verilmiştir.

Tablo 5.1: Komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu

Komşuluk derecesi (y)	Kullanılma olasılığı (p(x = y))
1	0.887
2	0.069
3	0.026
4	0.013
5	0.005

5.3.2. Genetik gösterim

Geliştirilen aç gözlü GAda kullanılan genetik gösterim, Bölüm 3.4.2’de açıklanan rota genetik gösterimine dayalıdır. Rota genetik gösterimi üzerinde değişiklik yapılarak, bir popülasyonda yer alan kromozomların tamamının aynı düğümden başlaması sağlanmıştır. Bunu sağlamak için bir popülasyonda yer alan tüm kromozomların ilk genlerine aynı değer atanmıştır. Rota genetik gösteriminde yapılan bu değişikliğin sebebi, komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu ve η komşuluk derecesi sınırlaması altında her bir popülasyonu kromozom uzayının, dolayısıyla çözüm uzayının, farklı bölgelerine yönlendirmektir.

Popülasyonların başlangıç düğümlerini belirlerken, ÇPPGANın popülasyon sayısı M ve problemin düğüm sayısı N olduğunda şu üç farklı durumdan biri ile karşılaşılabilir: $M = N$, $M < N$ ve $M > N$. Bu durumların her birinde başlangıç düğümler aşağıdaki şekilde belirlenmektedir:

- $M = N$ durumu: Her bir düğüm bir popülasyonun başlangıç düğümü olarak atanmaktadır.
- $M > N$ durumu: Her bir düğüm $\lfloor M/N \rfloor$ tane popülasyona rassal olarak atanmaktadır. Geriye kalan popülasyonlara atanacak düğümler bir düğüm iki kez atanmayacak şekilde rassal olarak belirlenmektedir.
- $M < N$ durumu: İlk popülasyona rassal olarak seçilen bir düğüm atanmaktadır. Daha önce atanmış düğümler kümesi S , kümenin eleman sayısı $n(S)$ ve bu kümenin her bir elemanı s_i olmak üzere,

sonraki populusyona atanacak olan x düğümü

$$\{x \mid \text{enb} \left(\sum_{i=1}^{n(S)-1} d_{s_i x} \right); x = 1, 2, 3, \dots, N\} \text{ yoluyla belirlenir.}$$

İlk durumda ($M = N$) populusyon sayısı ve düğüm sayısı eşittir ve her bir düğüm bir populusyona atanmaktadır. İkinci durumda populusyon sayısı düğüm sayısından fazladır. Örneğin, $M = 40$ ve $N = 15$ olduğunda her bir düğüm populusyonlara $[M/N] = [40/15] = 2$ 'şer kez atanmaktadır. Geriye kalan 10 populusyona ise aynı düğüm iki kez atanmamak koşulu ile düğümler rassal olarak atanmaktadır. Son durumda ise düğüm sayısı populusyon sayısından fazladır ($M < N$). Bu durumda ilk populusyona bir düğüm rassal olarak atanmaktadır. İkinci populusyona atanacak olan düğüm ilk populusyona atanan düğüme en uzak düğümdür. Üçüncü populusyona atanacak olan düğüm birinci ve ikinci populusyona atanmış olan düğümlere toplam uzaklığı en fazla olan düğümdür. Diğer populusyonlara da aynı mantıkla atama yapılmaktadır. Bu yolla her bir populusyonun birbirlerine uzak olan düğümleri başlangıç düğüm olarak kullanması hedeflenmiştir.

5.3.3. Başlangıç populusyonların oluşturulması

Başlangıç populusyonlar komşuluk derecesi olasılık fonksiyonundan faydalanılarak oluşturulmaktadır. İlk olarak bir populusyonda yer alan tüm kromozomların ilk genine, o populusyon için belirlenmiş olan başlangıç düğüm yerleştirilmektedir. Kromozomların sonraki genleri ise, en düşük indise sahip genden başlanarak komşuluk derecesi olasılık fonksiyonunda verilen olasılıklara göre (bkz. Tablo 5.1) rassal olarak belirlenmektedir.

5.3.4. Seçim operatörü

Seçim operatörü olarak *turnuva seçim operatörü* kullanılmıştır (Brindle, 1981). Turnuva seçim operatörü, turnuva büyüklüğü ismi verilen bir parametre ile çalışmaktadır. Bir populusyondaki kromozom sayısı m ve turnuva büyüklüğü t olmak üzere, turnuva seçim operatörü populusyondan t adet kromozomu m kez seçip, her

seferinde en iyi uygunluk değerine sahip olanının yeni popülasyona yerleştirilmesi yoluyla çalışmaktadır.

Seçim operatöründe ayrıca seçici (elitist) strateji (De Jong, 1975) kullanılmıştır. Bu yolla popülasyondaki uygunluk değeri en yüksek kromozomun bir sonraki jenerasyonun popülasyonuna bozulmadan aktarılması sağlanmıştır.

Seçim operatörü bir yapı taşı koruma mekanizmasına sahiptir. Seçim operatörü, koruma altındaki bir yapı taşıyı içeren kromozomu seçici stratejide olduğu gibi yeni popülasyona doğrudan aktarmaktadır. Seçim operatörünün geriye kalan çalışma mekanizması aynıdır. Koruma altındaki yapı taşına sahip kromozomun birden çok kez seçilmesi durumunda, yeni seçilen kromozomlar üzerindeki koruma kaldırılmaktadır. Dolayısıyla, seçim operatörü yoluyla koruma altındaki bir kromozom yeni popülasyona birden fazla sayıda kopya verebilir, ancak bunlardan sadece bir tanesi koruma altında olmaya devam eder.

5.3.5. Geliştirilen çaprazlama operatörü

Rota genetik gösterimi için geliştirilmiş çok sayıda çaprazlama operatörü mevcuttur. Literatürde yaygın olarak kullanılan bazı çaprazlama operatörleri Bölüm 3.4.2’de açıklanmıştır.

Çaprazlama operatörlerini iki farklı sınıfta incelemek mümkündür: *pozisyon tabanlı çaprazlama operatörleri* ve *ayrıt tabanlı çaprazlama operatörleri*. Pozisyon tabanlı çaprazlama operatörleri kromozom üzerinde belirli pozisyonlarda yer alan genlerin aktarılmasına dayalıdır. Ayrıt tabanlı çaprazlama operatörleri ise kromozom üzerinde yer alan komşu genlerin bir dizisi üzerinde kodlanan ayrıt zincirinin aktarılmasına dayalıdır. Göz önüne alınan problemin yapı taşları pozisyon bağımlı olduğunda pozisyon tabanlı çaprazlama operatörlerinin, ayrıt tabanlı olduğunda ayrıt tabanlı çaprazlama operatörlerinin kullanılması uygundur. GSPde yapı taşları Bölüm 5.1.2’de de değinildiği gibi pozisyon bağımsızdır. GSPde yapı taşları ayrıtlardır ve bu nedenle GSP için uygun bir çaprazlama operatörünün ayrıt tabanlı çalışması gerekmektedir.

Bu çalışmada geliştirilen ÇPPGAda her bir popülasyonda bir aç gözlü GA çalışmaktadır. Aç gözlü GA yerel en iyi çözümleri kodlayan kromozomları hızlı bir şekilde üretmektedir. Dolayısıyla popülasyondaki kromozomların büyük çoğunluğu yapı taşı bakımından zengin kromozomlardan oluşmaktadır. Bu nedenle kullanılacak olan çaprazlama operatörünün yapı taşı bakımından zengin kromozomlar üzerinde fazla tahribat yapmadan yapı taşlarını birleştirebilme becerisine sahip olması gerekmektedir. Bu işlemi kısa sürede yerine getirebilecek yeni bir çaprazlama operatörü geliştirilmiştir.

Yeni geliştirilen çaprazlama operatörü, OX1 (Davis, 1985) çaprazlama operatörü üzerinde yapılan bir değişiklik yoluyla elde edilmiştir. OX1 çaprazlama operatörünün çalışma mekanizması Bölüm 3.4.2.3'de açıklanmıştır. Bu çalışmada geliştirilen çaprazlama operatörü kromozomlar üzerinde SGSP ve AGSP için iki farklı şekillerde çalışmakla beraber, OX1 çaprazlama operatörüne göre ayrıtların korunmasına daha fazla önem vermektedir. OX1 çaprazlama operatörü, çaprazlama noktası arasında kalan genleri, bu genlerin buldukları pozisyona göre yavru kromozoma vermektedir. Geliştirilen çaprazlama operatörü ise, aktarılan genlerin yavru kromozomda nereye yerleştirilmesi gerektiği bilgisini taşıyan ayrıtı da korumaktadır. Yapı taşlarının birleştirilmesi bakış açısıyla bir yapı taşının diğer kromozoma sadece aktarılması yeterli değildir. GSP'de yapı taşları pozisyon bağımsız olduğundan, aktarılan yapı taşının hangi ayrıta bağlanarak yerleştirileceği ayrı bir önem taşımaktadır. Geliştirilen çaprazlama operatörüne OX3 ismi verilmiştir.

İzleyen bölümlerde ilk olarak OX3 çaprazlama operatörünün çalışma mekanizması tanıtılmıştır. Daha sonra OX3 çaprazlama operatörünün performansı literatürde yaygın olarak kullanılan sekiz çaprazlama operatörünün performansları ile karşılaştırılmıştır.

5.3.5.1. Geliştirilen çaprazlama operatörünün çalışma yöntemi (OX3)

Geliştirilen OX3 çaprazlama operatörü SGSP ve AGSP için farklı çalışmaktadır. Bunun nedeni Bölüm 5.1.2'de de açıklandığı gibi SGSP'de yapı taşlarının çift yönlü, AGSP'de ise tek yönlü oluşudur. OX3 çaprazlama operatörünün çalışma yöntemi

açıklanırken, SGSP ve AGSP için uygulanan farklı yöntemlere yeri geldikçe değinilmiştir.

OX3 çaprazlama operatörü seçilen iki kromozom üzerinde işlem yapmaktadır. Bu nedenle m büyüklüğündeki bir popülasyonda kromozomların rassal olarak seçilmesi yoluyla m adet kromozom çifti oluşturulur. Her bir kromozom çifti için çaprazlama yapılıp yapılmayacağına p_c çaprazlama olasılığına göre rassal olarak karar verilir. Eğer çaprazlama yapılacaksa, bu iki kromozom için iki çaprazlama noktası rassal olarak belirlenir ve bu iki çaprazlama noktası arasında kalan genler kopyalanır. Örneğin, seçilen çaprazlama noktaları iki ve altıncı pozisyonlar olduğunda, aşağıda verilen A ve B kromozomlarından kopyalanacak olan g_A ve g_B gen dizileri aşağıda verilmiştir:

Ebeveyn kromozomlar	Kopyalanan genler
$A: \quad 2 \quad 1 \quad \quad 3 \quad 4 \quad 5 \quad 6 \quad \quad 7 \quad 8 \quad 9$	$g_A: \quad 3 \quad 4 \quad 5 \quad 6$
$B: \quad 2 \quad 5 \quad \quad 7 \quad 9 \quad 3 \quad 1 \quad \quad 6 \quad 4 \quad 8$	$g_B: \quad 7 \quad 9 \quad 3 \quad 1$

Kopyalanan g_A gen dizisinde ilk pozisyonda yer alan gen dışındaki tüm genler B kromozomundan silinir. Benzer şekilde g_B 'de ilk pozisyonda yer alan gen dışındaki tüm genler A kromozomundan silinir. Bu işlem sonrasında A ve B kromozomları şöyle olur:

$A: \quad 2 \quad \quad \quad 4 \quad 5 \quad 6 \quad \mathbf{7} \quad 8$
$B: \quad 2 \quad \quad 7 \quad 9 \quad \mathbf{3} \quad 1 \quad \quad \quad 8$

Görüldüğü gibi g_A 'nın ilk geni B kromozomunda ve g_B 'nin ilk geni A kromozomunda buldukları yerlerde bırakılmıştır. Bundan sonraki işlem AGSP ve SGSP için farklılık göstermektedir. AGSP için g_A 'nın geriye kalan genleri B kromozomunda yer alan g_A 'nın ilk geninin yanına eklenerek, g_A gen dizisi B kromozomunda oluşturulur. Benzer şekilde g_B 'nin geriye kalan genleri A kromozomunda yer alan g_B 'nin ilk geninin yanına eklenerek, g_B gen dizisi A kromozomunda oluşturulur. AGSP için OX3 çaprazlama operatörü sonrası oluşturulan iki yeni A ve B kromozomu aşağıda verilmiştir.

AGSP için oluşan iki yeni kromozom

A: 2 4 5 6 7 9 3 1 8

B: 2 7 9 3 4 5 6 1 8

SGSP'de yapı taşları çift yönlüdür. Bunun bir sonucu olarak kopyalanan g_A ve g_B genleri çift yönlü değerlendirilmelidir. Bu nedenle SGSP için AGSP'den farklı olarak dört yeni kromozom üretilir. Bunlardan ikisi AGSP için üretilen iki kromozomla aynıdır. Diğer ikisi ise g_A ve g_B genlerinin sıralarının ters çevrilmesi ile elde edilir. SGSP için oluşturulan bu dört yeni kromozom aşağıda verilmiştir.

SGSP için oluşan dört yeni kromozom

*A*₁: 2 4 5 6 7 9 3 1 8 *A*₂: 2 4 5 6 1 3 9 7 8

*B*₁: 2 7 9 3 4 5 6 1 8 *B*₂: 2 7 9 6 5 4 3 1 8

AGSP için oluşturulan iki kromozom popülasyonda ebeveynlerinin yerini alırlar. SGSP'de ise *A*₁ ve *A*₂ kromozomlarından daha yüksek uygunluk değerine sahip olanı popülasyonda *A* ebeveyn kromozomunun yerini, *B*₁ ve *B*₂ kromozomlarından daha yüksek uygunluk değerine sahip olanı popülasyonda *B* ebeveyn kromozomunun yerini alır.

5.3.5.2. OX3 ve diğer çaprazlama operatörlerinin karşılaştırılması

OX3 çaprazlama operatörü yapı taşı aktarma becerisi bakımından literatürde yaygın olarak kullanılan sekiz çaprazlama operatörü ile karşılaştırılmıştır. Bu çaprazlama operatörleri CX (Oliver, et al., 1987), ER (Whitley, et al., 1991), HX (Grefenstette, 1987), MPX (Mühlenbein, et al., 1988), OX1 (Davis, 1985), OX2 (Syswerda, 1991), PMX (Goldberg and Lingle, 1985), POS (Syswerda, 1991) çaprazlama operatörleridir.

OX3 ve diğer çaprazlama operatörlerinin yapı taşı aktarabilme kabiliyetlerini ve bu operatörlerin kromozomlar üzerinde yarattıkları hasarları ölçebilmek için Ek-1'de verilen 71 test probleminin her biri için 200'er kromozom aşağıda verilen komşuluk derecesi kullanma olasılıklarından faydalanılarak rassal olarak oluşturulmuştur. Bir

düğümünden sonraki ayrıtın henüz ziyaret edilmemiş en yakın x 'inci komşu düğümü kullanılarak oluşturulması olayı için, x rassal değişkeninin olasılık fonksiyonu aşağıda verilmiştir:

$$x \in \{1,2\}; P(x = 1) = 0.8, P(x = 2) = 0.2$$

Oluşturulan kromozomlar rassal olarak eşleştirilmiştir. Böylece her test problemi için 100 kromozom çifti elde edilmiştir. Daha sonra, her bir kromozom çiftine göz önüne alınan çaprazlama operatörleri uygulanarak, kromozomların çaprazlama öncesi ve çaprazlama sonrası uygunluk değerlerinin ortalamaları karşılaştırılmıştır. Elde edilen sonuçlar Tablo 5.2'de verilmiştir.

Tablo 5.2'den de görüldüğü gibi OX3 çaprazlama operatörü ile üretilmiş iki kromozomun ortalama uygunluk değeri ebeveynlerinkine göre ortalama %3.841 kötüleşmiştir. Bunun yanı sıra, OX3 çaprazlama operatörü kullanılarak yapılan çaprazlamaların %32.4'ünde üretilen yavru kromozomların ortalama uygunluk değeri ebeveynlerinkinden daha iyidir. Ortalama uygunluk değeri değişiminde OX3'e en yakın performans gösteren çaprazlama operatörü ER'dir (%8.444).

Tablo 5.2'de görülen ve beklenen sonuç, ayrıt tabanlı çaprazlama operatörlerinin (OX3, ER, MPX, OX1, PMX), pozisyon tabanlı çaprazlama operatörlerine (OX2, POS, CX) olan üstünlüğüdür. Ayrıt tabanlı operatörlerden sadece HX operatörü beklenenden kötü performans göstermiştir. Bunun sebebi ise HX operatörünün yüksek dereceli yapı taşlarının aktarma olasılığının düşük olmasıdır. HX çaprazlama operatörü yavru kromozomları oluştururken, bir düğümü rassal olarak yavru kromozomun ilk genine atar. Daha sonra ebeveynlerde bu düğüme bağlı ayrıtlar için bir olasılık dağılımı belirler ve sonraki düğümü bu olasılık dağılımını kullanarak rassal olarak belirler. Sonraki genler için de aynı işlem tekrarlanır. Bu yöntem, bir ebeveynde yer alan uzun bir ayrıt dizisinin yavru kromozoma aktarılma olasılığını düşürmektedir.

Tablo 5.2: OX3 çaprazlama operatörünün diğer çaprazlama operatörleriyle karşılaştırılması.

Çaprazlama operatörü	Problem tipi	$\left(\frac{\bar{f}_y - \bar{f}_e}{\bar{f}_e}\right) \times 100^*$		İyileşme kaydedilen çaprazlama işlemlerinin yüzdesi	Ortalama işlem süresi (milisaniye)
		Ortalama	Std. Sapma		
OX3	AGSP	5.669	8.704	17	0.628
	SGSP	3.021	12.825	39.3	0.803
	Ortalama	3.841	11.767	32.4	0.749
ER	AGSP	15.848	10.089	4.1	2.772
	SGSP	5.120	6.288	17.9	4.919
	Ortalama	8.444	9.134	13.6	4.254
MPX	AGSP	11.109	9.304	4.409	0.692
	SGSP	7.884	9.915	9.959	1.392
	Ortalama	8.884	9.842	8.239	1.175
OX1	AGSP	10.272	7.938	2.5	0.205
	SGSP	11.210	14.838	4.3	0.435
	Ortalama	10.919	13.101	3.8	0.364
PMX	AGSP	37.631	25.715	0.1	0.146
	SGSP	45.904	39.280	0.9	0.241
	Ortalama	43.340	35.836	0.6	0.212
OX2	AGSP	34.362	24.263	0.3	0.059
	SGSP	58.806	56.369	0.7	0.125
	Ortalama	51.232	50.029	0.6	0.104
POS	AGSP	41.106	26.685	0.6	0.232
	SGSP	69.645	70.315	0.9	0.399
	Ortalama	60.802	61.699	0.8	0.347
HX	AGSP	73.390	31.594	0	2.121
	SGSP	71.389	48.108	0.1	3.372
	Ortalama	72.009	43.671	0	2.985
CX	AGSP	51.277	47.509	2.955	0.947
	SGSP	88.509	105.202	3.694	1.733
	Ortalama	76.972	92.915	3.465	1.489

* \bar{f}_y : yavru kromozomların ortalama uygunluk değeri, \bar{f}_e : ebeveyn kromozomların ortalama uygunluk değeri.

Çaprazlama operatörlerinin iyileşme kaydettikleri çaprazlama işlemlerinin oranlarına bakıldığında yine OX3 çaprazlama operatörünün üstünlüğü görülmektedir. OX3 çaprazlama operatörünün gerçekleştirdiği çaprazlama işlemlerinin %32.4'ünde yavru kromozomların ortalama uygunluk değeri ebeveynlerinin ortalama uygunluk

değerinden daha iyidir. İyileşme kaydedilen çaprazlama işlemlerinin oranlarında da OX3 çaprazlama operatörüne en yakın performansı gösteren çaprazlama operatörü %13.6 oranıyla ER çaprazlama operatörüdür. Bu oran diğer çaprazlama operatörleri için oldukça düşüktür.

Tablo 5.2’de verilen işlem süreleri incelendiğinde OX3 çaprazlama operatörünün ER çaprazlama operatörüne göre ortalama 5.67 (4.254/0.749) kat daha hızlı çalıştığı görülmektedir. OX1, PMX, OX2 ve POS çaprazlama operatörlerinin ortalama işlem süresi OX3 çaprazlama operatöründen daha iyidir. Ancak bu çaprazlama operatörlerinin çözüm kalitelerindeki düşük performansları göz önüne alındığında, işlem sürelerinin daha hızlı olması önem taşımamaktadır.

5.3.5.3. OX3 çaprazlama operatörünün yapı taşı koruma mekanizması

Bir çaprazlama işlemi için seçilen iki ebeveyn kromozomda şu üç durumdan birisi ile karşılaşılabilir:

- i. Ebeveynlerin her ikisi de koruma altında olmayabilir: Bu durumda OX3 çaprazlama operatörü direkt uygulanarak iki yeni yavru kromozom elde edilir.
- ii. Ebeveynlerden birisi koruma altında olabilir: Bu durumda çaprazlama noktaları koruma altında olan kromozoma göre belirlenir. Örneğin çaprazlanacak olan iki kromozom aşağıda verilen *A* ve *B* kromozomları olsun.

Ebeveyn kromozomlar

<i>A</i> :	2	1	3	4	5	6	7	8	9
<i>B</i> :	2	5	7	9	3	1	6	4	8

Burada koruma altında olan kromozom *B* kromozomudur ve koruma altındaki yapı taşı oluşturulan genler gri renkle işaretlenmiştir. Çaprazlama noktaları, koruma altındaki yapı taşı iki çaprazlama noktasının arasında kalacak şekilde belirlenmiştir. Böylece koruma altındaki yapı taşının *A* kromozomuna aktarılması sağlanacaktır. *B* kromozomunda iki yapı taşı arasındaki gen dizisi direkt kopyalanırken, *A* kromozomunda iki çaprazlama noktası arasında kalan genlerden koruma altındaki

yapı taşı ile aynı değeri kodlayan genler çıkartılır ve geriye kalan genler kopyalanır. Böylece iki kromozomdan kopyalanan genler şunlardır:

Kopyalanan genler

g_A : 4 5 6

g_B : 7 9 3 1

Çaprazlama işleminin geriye kalanı olağan şekilde gerçekleştirilir. Böylece hem B kromozomu üzerindeki yapı taşı korunur ve hem de koruma altındaki yapı taşı A kromozomu ile paylaşılmış olur.

iii. Ebeveynlerin her ikisi de koruma altında olabilir: Bu durumda her iki ebeveyn için iki farklı çaprazlama noktası belirlenir. Örneğin çaprazlanacak olan iki kromozom aşağıda verilen A ve B kromozomları olsun.

Ebeveyn kromozomlar

A: 2 1 3 4 5 | 6 7 8 9 |
 B: 2 5 7 | 9 3 1 6 | 4 8

Çaprazlama noktaları, koruma altındaki yapı taşı iki çaprazlama noktasının arasında kalacak şekilde belirlenir. Daha sonra her iki kromozomda da çaprazlama noktaları arasındaki genlerden diğer kromozomun koruma altındaki yapı taşı olmayan genler kopyalanır. Böylece iki kromozomdan kopyalanan genler şunlardır:

Kopyalanan genler

g_A : 6 7 8

g_B : 9 3 1 6

Çaprazlama işleminin geriye kalanı olağan şekilde tamamlanarak AGSP için aşağıdaki iki yeni kromozom elde edilir.

Yavru kromozomlar

A: 2 4 5 7 8 9 3 1 6
 B: 2 5 9 3 1 6 7 8 4

Böylece hem koruma altındaki yapı taşları paylaşılmış olur, hem de koruma altındaki yapı taşlarının bozulması önlenir.

5.3.6. Geliştirilen mutasyon operatörleri

Literatürde rota genetik gösterimi için geliştirilmiş mutasyon operatörleri (bkz. Bölüm 3.4.2) kromozom üzerinde gen bazlı değişiklikler yapmak yoluyla kromozomun belirli bir komşuluğunda örnekleme yapmaktadırlar. Bu komşuluk kullanılan mutasyon operatörüne göre dar olabileceği gibi, oldukça geniş de olabilir. Mutasyon operatörlerinin bu komşulukta yaptıkları örnekleme tamamen rassal bir örneklemedir. Ancak çok populasyonlu PGAnın bir parçası olarak tasarlanan aç gözlü GAnın görevi, kromozomların nispeten dar ve kaliteli çözümleri kodlayan komşuluklarını hızla örnekleyerek, her bir populasyon için farklı yerel en iyi çözümleri hızlı bir şekilde elde etmektir. Bu nedenle bu çalışmada geliştirilen mutasyon operatörleri, kromozomun nispeten kaliteli çözümleri kodlayan dar bir komşuluğunda örnekleme yapacak şekilde tasarlanmıştır.

İki mutasyon operatörü geliştirilmiştir : MT1 ve MT2. MT1 mutasyon operatörü kromozom üzerinde yer alan bir geni p_{mt1} olasılığıyla, MT2 mutasyon operatörü ise p_{mt2} olasılığıyla mutasyona uğratmak üzere seçmektedir. MT1 mutasyon operatörü kromozom üzerinde mutasyona uğratılmak üzere seçilmiş olan geni (düğümü) kromozomdan (turdan) çıkartır ve en yakın η ($\eta = 5$) komşusunun komşuluğunda mümkün olan en iyi pozisyona geri yerleştirir. MT2 mutasyon operatörü ise komşuluk derecesi olasılık fonksiyonundan (bkz. Tablo 5.1) faydalanarak yeni bir ayırıt oluşturur ve bazı düğümlerin tur dışında kalmasına sebep olur. Tur dışında kalan düğümler, yeni oluşturulmuş ayırıtın bozulmasına sebep olmayacak şekilde, tıpkı MT1 mutasyon operatöründe olduğu gibi en yakın η komşuluklarındaki mümkün en iyi pozisyona yerleştirilirler.

5.3.6.1. Mutasyon operatörü 1 (MT1)

MT1 *mutasyon* operatörü bir tur (kromozom) üzerinde yer alan bir düğümü (geni) p_{mt1} olasılığıyla seçer ve mutasyona uğratır. İlk olarak seçilen düğüm turdan

çıkartılır. Seçilen düğüm tura geri yerleştirilirken en yakın η komşuluğundaki bütün düğümlerin komşulukları denenerek, tur uzunluğunda en az artışı sağlayan pozisyonda tura geri yerleştirilir.

$N = 9$ düğümden oluşan bir GSP problemi için, bir kromozomun kodladığı tur aşağıda verilmiştir:

2 4 5 6 7 9 3 1 8

Mutasyona uğratılmak üzere seçilen düğüm tur üzerinde üçüncü pozisyonda yer alan 5 nolu düğüm olsun. İlk olarak bu düğüm turdan çıkartılır.

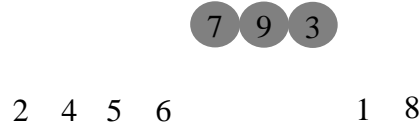
2 4 ⁵ 6 7 9 3 1 8

Bu düğümün turdan çıkartılmasının toplam tur uzunluğuna olan etkisi $f_{\text{çıkartma}}(x, y, z) = d_{x,z} - d_{x,y} - d_{y,z}$ fonksiyonu yoluyla hesaplanır. Burada y , turdan çıkartılan düğüm, x , turda y düğümünden önce yer alan düğüm ve z , turda y düğümünden sonra yer alan düğümdür. Yukarıdaki örnekte 5 nolu düğümün toplam tur uzunluğuna olan etkisi $f_{\text{çıkartma}}(4,5,6) = d_{4,6} - d_{4,5} - d_{5,6}$ yoluyla hesaplanır. $\eta = 3$ ve turdan çıkartılan düğümün en yakın η komşuluğunda yer alan düğümler (2, 7, 3) düğümleri olsun. 5 nolu düğüm tura geri yerleştirilirken 2, 7 ve 3 nolu düğümlerin öncesi ve sonrasındaki pozisyonların tamamı göz önüne alınır. Alternatif pozisyonlar için tur üzerinde meydana gelebilecek değişiklikler şunlardır: (8 - 5- 2), (2- 5-4), (6-5-7), (7-5-9), (9-5-3), (3-5-1). Alternatif pozisyonların tamamı için 5 nolu düğümü tura geri eklemenin tur uzunluğundaki artışı $f_{\text{ekleme}}(x, y, z) = d_{x,y} + d_{y,z} - d_{x,z}$ fonksiyonu kullanılarak hesaplanır. Burada y düğümü tura eklenecek düğüm, x düğümü y 'nin ekleneceği pozisyondan önceki pozisyonda yer alan düğüm ve z düğümü y 'nin ekleneceği pozisyondan sonraki pozisyonda yer alan düğümdür. Örneğin 5 nolu düğümü 2 nolu düğümün sonrasına yerleştirmenin tur uzunluğunda sebep olacağı artış $f_{\text{ekleme}}(2,5,4) = d_{2,5} + d_{5,4} - d_{2,4}$ 'dir. Çıkartma ve ekleme işlemlerinden sonra yeni

tur uzunluğu $f_{tur_yeni} = f_{tur_eski} + f_{çıkartma} + f_{ekleme}$ olacaktır. Turdan çıkartılan düğüm en küçük yeni tur uzunluğunu veren pozisyona yerleştirilir.

MT1 mutasyon operatörü bir yapı taşı koruma mekanizmasına sahiptir. MT1 mutasyon operatöründe koruma altındaki yapı taşının bozulabileceği iki durum söz konusudur:

- i. Koruma altındaki yapı taşına ait genlerden herhangi birisinin mutasyona uğratılmak üzere seçilmesi: Bu durumda koruma altındaki yapı taşı olduğu gibi kromozomdan çıkartılır. Örneğin bir kromozom için bu durum aşağıda gösterilmiştir.



Çıkartılan yapı taşı kromozoma geri yerleştirilirken, SGSP için hem düz hem ters dizili şekilde kromozom üzerindeki tüm pozisyonlara yerleştirildiği durumlar denenir ve en uygun pozisyona en uygun sırayla (düz veya ters) yerleştirilir. AGSP için aynı işlem yapı taşındaki genlerin sıralaması değiştirilmeden yapılır. Örneğin SGSP için bu işlem sonucunda elde edilen kromozom aşağıdaki gibi olabilir.



- ii. Farklı bir gen mutasyon için seçilmiştir ve geri yerleştirilmesi için gereken en uygun pozisyon yapı taşı üzerinde yer almaktadır: Bir gen mutasyon için turdan çıkartıldıktan sonra, geri yerleştirilirken yapı taşı üzerindeki pozisyonlar dikkate alınmaz. Böylece yapı taşının bozulması engellenmiş olur.

5.3.6.2. Mutasyon operatörü 2 (MT2)

MT2 mutasyon operatörü bir tur (kromozom) üzerinde yer alan bir düğümü (geni) p_{mt2} olasılığıyla seçer ve bu düğümü sonraki düğüme bağlayan ayrıtı mutasyona uğratır. Yeni oluşturulan ayrıtı, seçilen düğümün *henüz turda yer almayan en yakın η*

komşuluğundaki farklı bir düğümün, *komşuluk derecesi olasılık fonksiyonundaki* olasılıklara (bkz. Tablo 5.1) göre belirlenmesi ile oluşturulur. Ancak, yeni ayrıtın oluşturulması, tur üzerinde yer alan bazı düğümlerin turdan çıkartılması ile sonuçlanır. Tur dışı kalan düğümler, yeni oluşturulan ayrıtın bozulmasına sebep olmayacak şekilde MT1 mutasyon operatöründe kullanılan geri yerleştirme mekanizması kullanılarak tura dahil edilirler.

$N = 9$ düğümden oluşan bir GSP için, bir kromozomun kodladığı tur aşağıda verilmiştir:

2 4 5 6 7 9 3 1 8

Seçilen düğüm tur üzerinde üçüncü pozisyonda yer alan 5 nolu düğüm olsun. Dolayısıyla mutasyona uğrıtılacak olan ayrıt (5-6) ayrıttır. 5 nolu düğümün henüz turda yer almayan en yakın η komşuluğundaki 6 nolu düğümden farklı bir düğüm, *komşuluk derecesi olasılık fonksiyonundan* faydalanılarak rassal olarak belirlenir. Belirlenen düğüm 9 nolu düğüm olduğunda, yeni oluşturulacak olan ayrıt (5-9) ayrıttır. Bu ayrıtın tur üzerinde oluşturulması 6 ve 7 nolu düğümlerin tur dışı kalması ile sonuçlanır. Bu durum aşağıda gösterilmiştir.

6 7

2 4 5 \longrightarrow 9 3 1 8

Tur dışı kalan 6 ve 7 nolu düğümler, yeni oluşturulan (5-9) ayrıtının bozulmasına sebep olmayacak şekilde en yakın η komşuluklarındaki en uygun pozisyona yerleştirilirler. Bu yerleştirme işlemi sırasında tur dışı kalan düğümlerin tura yerleştirilme sıralarındaki farklılıklar, farklı turların oluşmasına neden olabilir. MT2 mutasyon operatöründe bu düğümler rassal olarak belirlenen bir sırayla tura eklenmektedir.

MT2 mutasyon operatörü de bir yapı taşı koruma mekanizmasına sahiptir. MT2 mutasyon operatöründe koruma altındaki yapı taşının bozulabileceği dört durum söz konusudur:

- i. Mutasyona uğratılmak üzere seçilen gen, yapı taşının son geninden farklı bir gen olabilir: Bu duruma izin verilmemektedir. Yapı taşı üzerinde herhangi bir gen mutasyon için seçilirse, seçilen genin yapı taşının son geni olduğu varsayılarak hareket edilir. Böylece yapı taşının bozulması engellenir.
- ii. Mutasyona uğratılacak gen için belirlenen yeni ayrıt, yapı taşının ilk geninden farklı bir genine bağlanmaktadır: Bu duruma da izin verilmez. Böyle bir durumda yeni oluşturulan ayrıt yapı taşının ilk genine bağlanarak bu durumun önüne geçilir.
- iii. Mutasyona uğratılacak gen için belirlenen yeni ayrıt, yapı taşının tur dışında kalmasına sebep olmaktadır: Bu durumda yapı taşı tura geri yerleştirilirken MT1 mutasyon operatörünün yapı taşı koruma mekanizmasının (i) maddesinde verilen yöntem uygulanır.
- iv. Bir genin mutasyona uğratılması sonucu tur dışı kalan genler, yapı taşı üzerinde bir pozisyona yerleşmek istemektedir: Bu durumda MT1 mutasyon operatörünün yapı taşı koruma mekanizmasının (ii) maddesinde uygulanan yöntem uygulanır.

5.3.7. Aç gözlü GAnın parametrelerinin belirlenmesi

Aç gözlü GA için değerleri belirlenmesi gereken parametreler şunlardır: populasyon büyüklüğü (m), turnuva büyüklüğü (t), çaprazlama olasılığı (p_c), MT1 mutasyon olasılığı (p_{mt1}) ve MT2 mutasyon olasılığı (p_{mt2}). Çok populasyonlu PGAda aç gözlü GAnın her bir populasyonda mümkün olduğunca hızlı örnekleme yaparak, yerel en iyi çözümlere hızla yakınsaması istendiğinden populasyon büyüklüğü küçük tutulmuş ve $m = 10$ kullanılmıştır.

Aç gözlü GA'da kullanılan çaprazlama operatörünün en önemli görevi, iletişim operatörü ile aktarılmış yapı taşlarının kromozomlar arası paylaşımını sağlamaktır. Bu nedenle çaprazlama olasılığı yüksek tutulmuş ve $p_c = 0.8$ kullanılmıştır. Diğer

parametrelerin (t , p_{mt1} ve p_{mt2}) değerlerinin belirlenmesi için gerçekleştirilen deneyler tek populasyon üzerinde gerçekleştirildiğinden, her bir test probleminde populasyonun başlangıç düğümü olarak rastgele seçilen bir düğüm kullanılmıştır. Deneyler yoluyla değerleri belirlenecek olan parametreler ve bu parametrelerin göz önüne alınan düzeyleri Tablo 5.3’de verilmiştir.

Tablo 5.3: Aç gözlü GAnın deneyler yoluyla belirlenecek parametreleri ve bu parametrelerin göz önüne alınan düzeyleri

Turnuva büyüklüğü	MT1 mutasyon olasılığı (p_{mt1})	MT2 mutasyon olasılığı (p_{mt2})
2	0.001	0.001
3	0.005	0.005
	0.01	0.01

Gerçekleştirilen deneylerde Ek-1’de tanıtılan 71 adet test problemi kullanılmıştır. Tablo 5.3’de verilen parametre düzeylerinin her kombinasyonu için aç gözlü GA her bir test problemi üzerinde beş kez çalıştırılmıştır (Toplam $2 \times 3 \times 3 \times 5 \times 71 = 6390$ deney). Her seferinde aç gözlü GAnın 1000 jenerasyon çalışmasına izin verilmiştir. Her bir deneyden aç gözlü GA için şu gözlem değerleri elde edilmiştir: *en iyi çözümden olan yüzde sapma* ve *keşfedilen doğru yapı taşı yüzdesi*. Aç gözlü GAnın keşfettiği doğru yapı taşı yüzdesi, 1000 jenerasyon sonunda en iyi çözüm üzerinde yer alan ayrıtların yüzde kaçının aç gözlü GAnın elde ettiği çözümde yer aldığı hesaplanarak elde edilmiştir. Parametre düzeylerinin her bir kombinasyonu için elde edilen gözlem değerlerinin ortalaması Tablo 5.4’de verilmiştir.

Tablo 5.4: Aç gözlü GAnın göz önüne alınan parametrelerinin düzeyleri için deney sonuçları

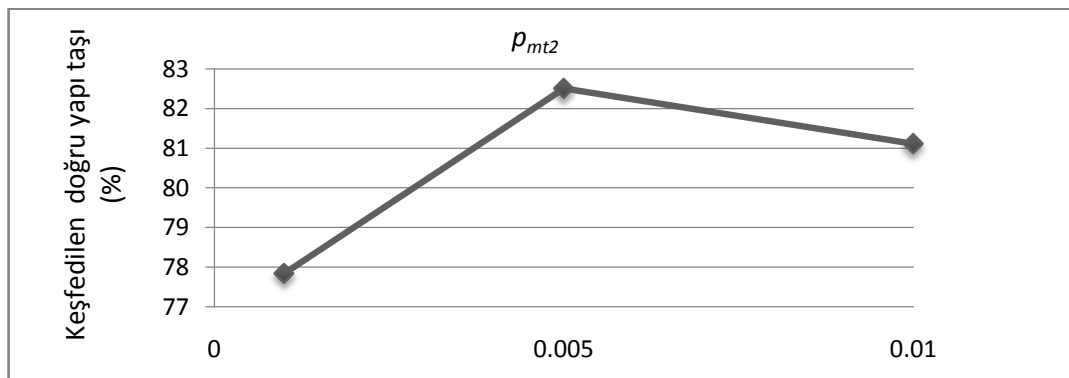
t	P_{mt2}	P_{mt1}	En iyi çözümden olan sapma (%)	Keşfedilen yapı taşları (%)
2	0.001	0.001	1.977	77.837
		0.005	1.936	77.416
		0.01	2.014	77.922
		Ortalama	1.976	77.725
	0.005	0.001	1.006	82.880
		0.005	0.975	82.863
		0.01	0.943	83.073
		Ortalama	0.974	82.938
	0.01	0.001	1.343	80.288
		0.005	1.259	80.624
		0.01	1.213	81.086
		Ortalama	1.272	80.666
	Ortalama			1.407
3	0.001	0.001	2.030	77.105
		0.005	1.903	78.754
		0.01	1.958	78.033
		Ortalama	1.964	77.964
	0.005	0.001	1.032	82.197
		0.005	1.048	81.967
		0.01	0.964	82.070
		Ortalama	1.015	82.078
	0.01	0.001	1.298	81.230
		0.005	1.237	81.221
		0.01	1.194	82.244
		Ortalama	1.243	81.565
	Ortalama			1.407

Göz önüne alınan parametreler ve parametreler arasındaki etkileşimlerin keşfedilen yapı taşı yüzdesi üzerinde istatistiksel olarak anlamlı olup olmadığını belirlemek için varyans analizi yapılmıştır. Test problemleri arasındaki farklı zorluk dereceleri aç gözlü GAnın performansı üzerindeki en önemli değişkenlik kaynağıdır. Bu nedenle test problemleri de bir faktör olarak göz önüne alınmıştır. Böylece test problemleri arasındaki farklılıkların aç gözlü GA performansı üstündeki etkisi arındırılmıştır. Elde edilen sonuçlar Tablo 5.5’de verilmiştir.

Tablo 5.5: Parametrelerin ana etkileri ve etkileşim etkilerine ilişkin varyans analizi sonuçları

Değişkenlik kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalamaları	F değeri	Anlamlılık düzeyi (p)
Test problemi	70	926580	926580	13237	182.59	0
t	1	14	14	14	0.19	0.664
p_{mt1}	2	248	248	124	1.71	0.181
p_{mt2}	2	24417	24417	12208	168.4	0
$t \times p_{mt1}$	2	68	68	34	0.47	0.627
$t \times p_{mt2}$	2	842	842	421	5.8	0.003
$p_{mt1} \times p_{mt2}$	4	245	245	61	0.85	0.496
$t \times p_{mt1} \times p_{mt2}$	4	355	355	89	1.22	0.298

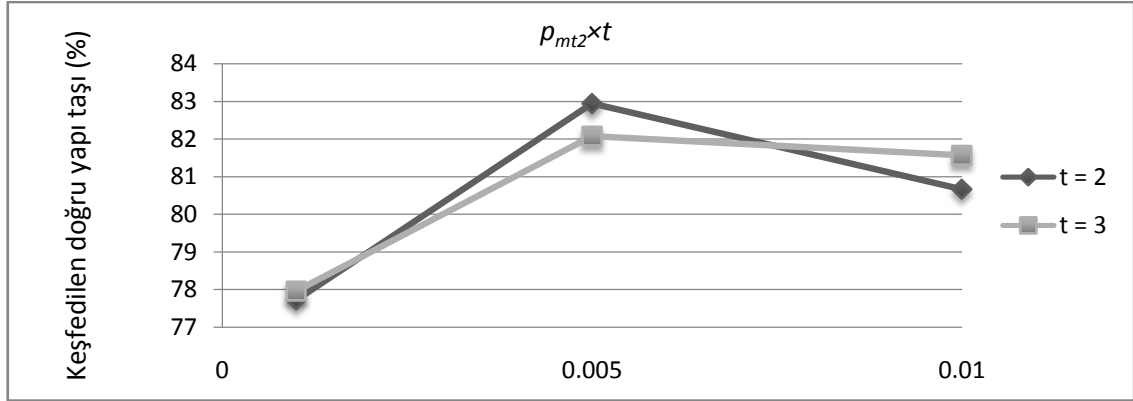
Varyans analizi tablosundan da görüldüğü gibi, aç gözlü GAnın yapı taşlarını yakalama performansı üzerinde en etkili faktör test problemleridir. Farklı test problemleri aç gözlü GA için farklı zorluk derecelerine sahip olabildiğinden, bu sonuç beklenen bir sonuçtur. Etkisi istatistiksel olarak anlamlı diğer faktörler p_{mt2} ve $t \times p_{mt2}$ faktörleridir. p_{mt2} 'nin farklı düzeylerinde elde edilen ortalama performans Şekil 5.8'de verilmiştir. Şekil 5.8'den de görüldüğü gibi aç gözlü GA en iyi performansı $p_{mt2} = 0.005$ için göstermiştir.



Şekil 5.8: MT2 mutasyon olasılığının (p_{mt2}) farklı düzeylerinin ortalama performansları

Turnuva büyüklüğü (t) tek başına istatistiksel olarak anlamlı bir faktör değilken, turnuva büyüklüğü (t) ile MT2 mutasyon olasılığının (p_{mt2}) etkileşim etkisinin

istatistiksel olarak anlamlı olması dikkat çekicidir. Bu iki faktör arasındaki etkileşim Şekil 5.9’da gösterilmiştir.

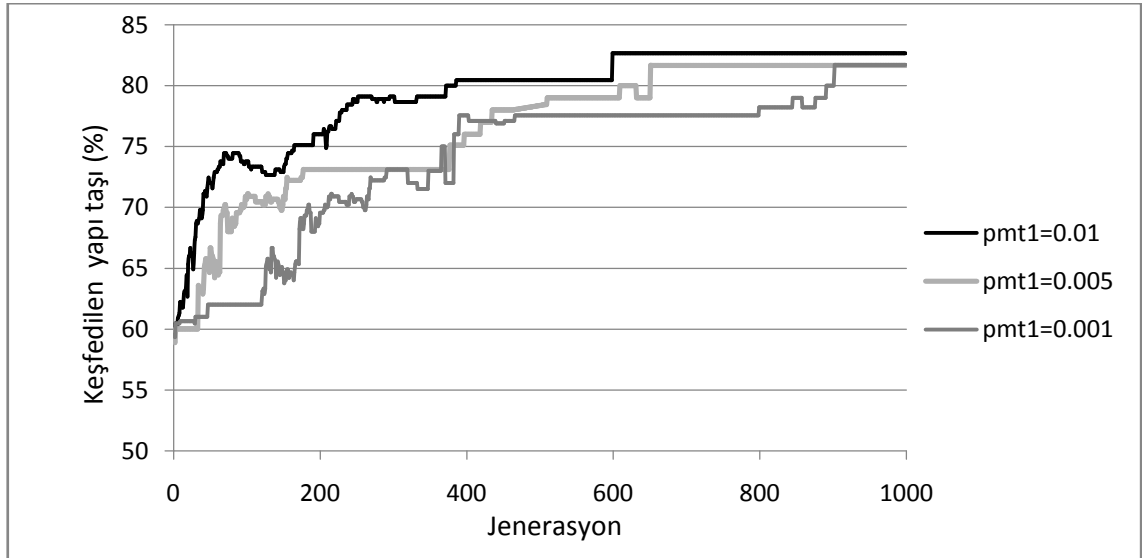


Şekil 5.9: MT2 mutasyon olasılığı (p_{mt2}) ile turnuva büyüklüğünün (t) etkileşim etkisi

Şekil 5.9’den da görüldüğü gibi aç gözlü GA, $t = 2$ düzeyi için $p_{mt2} = 0.005$ ve $t = 3$ düzeyi için $p_{mt2} = 0.01$ düzeyinde daha çok yapı taşı keşfedilebilmiştir. Bu durum popülasyon çeşitliliği ve seçim baskısı arasındaki ilişki ile açıklanabilir. $p_{mt2} = 0.01$ olduğunda popülasyonda gereğinden fazla mutasyon yapılmaktadır ve popülasyonda çok sayıda kalitesi düşük kromozom yer almaktadır. Bu durumda kalitesi yüksek kromozomların aramaya öncülük etmesini sağlamanın yolu, seçim baskısını arttırmaktır. Dolayısıyla, $p_{mt2} = 0.01$ için seçim baskısının daha fazla olduğu $t = 3$ turnuva büyüklüğü daha iyi performans göstermiştir. Mutasyon olasılığının çok düşük olduğu durumda ($p_{mt2} = 0.001$) ise mutasyon operatörü kromozom uzayını örneklemede yetersiz kalmaktadır. Bu nedenle $t = 2$ ve $t = 3$ için aç gözlü GAnın performansı birbirine çok yakındır. Şekil 5.9’da bu iki parametrenin göz önüne alınan düzeylerinin en iyi kombinasyonunun $t = 2$ ve $p_{mt2} = 0.005$ olduğu görülmektedir.

Tablo 5.5’de verilen varyans analizi sonuçlarında dikkat çekici diğer bir sonuç da p_{mt1} mutasyon olasılığının aç gözlü GAnın performansı üzerinde istatistiksel olarak anlamlı bir etkisinin olmayışdır. Ancak her ne kadar p_{mt1} olasılığının aç gözlü GA ile 1000 jenerasyon sonunda elde edilen çözümler üzerinde anlamlı bir etkisi olmasa da, aç gözlü GAnın yakınsama grafikleri incelendiğinde, p_{mt1} ’in yakınsama hızı üzerinde etkili

bir faktör olduğu görülmektedir. Örneğin kroB150 test problemi için $p_{mt2} = 0.005$, $t = 2$ düzeylerinde p_{mt1} 'in farklı düzeyleri için elde edilen ortalama yakınsama grafikleri Şekil 5.10'da verilmiştir.



Şekil 5.10: kroB150 test problemi için $p_{mt2} = 0.005$ ve $t = 2$ düzeylerinde p_{mt1} 'in farklı düzeyleri için elde edilen ortalama yakınsama grafikleri

Şekil 5.10'da verilen yakınsama grafiğindeki durum tüm test problemlerinde benzerdir. Bu nedenle p_{mt1} 'in farklı düzeylerinin aç gözlü GANın yakınsama hızı üzerinde etkili olduğu söylenebilir. p_{mt1} olasılığının değeri arttıkça aç gözlü GANın yakınsama hızı da artmaktadır. Bu nedenle hızlı yakınsama elde etmek için p_{mt1} 'in yüksek değerlerini kullanmak uygun olacaktır.

Sonuç olarak, geliştirilen aç gözlü GANın belirlenen parametre değerleri Tablo 5.6'da verilmiştir. Çalışmanın geri kalanında gerçekleştirilecek analizlerde aç gözlü GA için parametrelerin Tablo 5.6'da verilen değerleri kullanılacaktır.

Tablo 5.6: Aç gözlü GAnın parametrelerinin belirlenen düzeyleri.

Populasyon büyüklüğü (m)	Turnuva büyüklüğü (t)	Çaprazlama olasılığı (p_c)	MT1 mutasyon olasılığı (p_{m1})	MT2 mutasyon olasılığı (p_{m2})
10	2	0.8	0.01	0.005

5.4. Yeniden Başlatma Operatörü

Yeniden başlatma operatörü, ÇPPGANın her bir jenerasyonunun başlangıcında kromozom uzayının aynı bölgesine yakınsayan populasyonlardan birisinin yeniden başlatılması yoluyla çalışmaktadır. Populasyonların tekrar rassal olarak başlatılması yaklaşımı daha önce Bossert (1967) tarafından kullanılmıştır. Bossert'in (1967) kullandığı yaklaşımda, en kötü uygunluk değerine sahip populasyon daha önceden belirlenmiş belirli periyotlarla yeniden başlatılmaktadır. Yeniden başlatma operatörü ise kromozom uzayının aynı bölgelerinde arama yaptığını belirlediği iki populasyondan birisini rassal olarak yeniden başlatmaktadır.

Yeniden başlatma operatörü hangi populasyonların kromozom uzayının aynı bölgelerinde arama yaptıklarına karar vermek için, ÇPPGANın her jenerasyonunun başlangıcında, tüm populasyonların en iyi kromozomlarının uygunluk değerlerini karşılaştırmaktadır. En iyi kromozomlarının uygunluk değerleri aynı olan populasyonlar için ek bir kontrol daha yapılmaktadır. Bu ek kontrol, en iyi kromozomların ayrıtlarının yüzde kaçının birbirinden farklı olduğunu belirlemektedir. Eğer populasyonların en iyi kromozomları arasındaki ayrıt farkı %5'den küçükse, iki populasyonun kromozom uzayının aynı bölgesinde arama yaptığı varsayılmaktadır ve rastgele seçilen bir populasyon yeniden başlatılmaktadır. Burada dikkat edilmesi gereken nokta, ilk olarak uygunluk değerlerinin eşitliğinin sağlanması gerekliliğidir. Ayrıtlar arasındaki farkın %5'den az olması koşuluna ikinci aşamada bakılmaktadır. Populasyon sayısı M , i . populasyonun uygunluk değeri en yüksek olan kromozomu E_i , bu kromozomun uygunluk değeri $f(E_i)$ ve E_i ve E_j kromozomlarının birbirinden farklı olan ayrıtlarının yüzdesi $\pi(E_i, E_j)$ olmak üzere, *yeniden başlatma operatörünün* sözde kodu Şekil 5.11'de verilmiştir.

Yeniden başlatma operatöründe sadece en iyi uygunluk değerine sahip kromozomlara bakılarak tüm populasyon hakkında çıkarsama yapılmaktadır. Kullanılan aç gözlü GA yaklaşımında populasyon büyüklüğünün küçük olduğu ve seçim operatöründe seçkin stratejinin kullanıldığı göz önüne alınacak olursa, aç gözlü GAnın en iyi uygunluk değerine sahip kromozomun komşuluğunda arama yaptığı gerçekçi bir varsayımdır.

```

i = 1'den i = M-1'e kadar
{
  j = i + 1'den j = M'e kadar
  {
    eğer ( f(Ei) = f(Ej) ) ise
    {
      eğer ( π(Ei, Ej) < 5 ise
      {
        Pi veya Pj populasyonunu yeniden başlat;
      }
    }
  }
}

```

Şekil 5.11: Yeniden başlatma operatörünün sözde kodu

5.5. Geliştirilen İletişim Operatörü

Bu çalışmada yapı taşlarını tahmin eden, populasyonlar arası sadece yapı taşı aktarımına izin veren ve yapı taşı aktarımını etkin bir şekilde yerine getiren yeni bir iletişim operatörü geliştirilmiştir. Geliştirilen iletişim operatörü üç başlık altında incelenebilir:

- i. İletişim topolojisi,
- ii. İletişim stratejisi,
- iii. İletişim yöntemi.

Geliştirilen iletişim operatöründe her populasyon bir *yapı taşı havuzuna* sahiptir. Her populasyonun *yapı taşı havuzu* iletişim topolojisi yoluyla tariflenen belirli sayıda

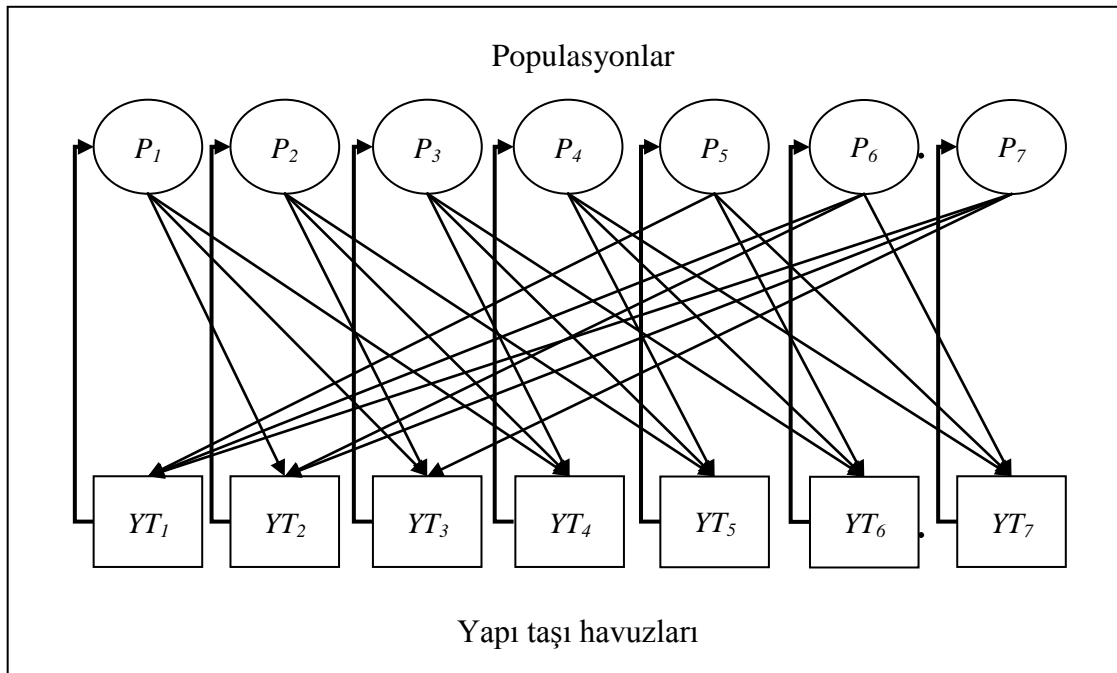
farklı populusyona baęlıdır. Yapı taşı havuzu için bu populusyonlar birer *maden populusyonudur*. İletişim operatörü ilk olarak bir populusyonun *yapı taşı havuzunun* baęlı olduęu *maden populusyonlardan* faydalanarak, ilgili populusyonun *yapı taşı havuzunu* doldurur. Bu işlem sırasında gevşeklik derecesi yüksek *e*-şemaların alt bileşenleri olan ayrıt zincirleri ayrı birer yapı taşı olarak değerlendirilmektedir. Dolayısıyla havuzda yer alan her bir yapı taşı *sıkı yapı taşıdır*. Daha sonra, iletişim operatörü yapı taşı havuzundaki her bir yapı taşı adayını ilgili populusyonun en iyi çözümüne yerleştirmeye çalışır. En uygun şekilde yerleştirilebilen yapı taşının kromozoma yerleştirilmesi ile elde edilen yeni kromozom, populusyondaki en kötü kromozomun yerini alır. Buraya kadar olan kısım, sıkı yapı taşlarının kromozoma aktarılmasından ibarettir. Ancak GSP için gevşeklik derecesi yüksek *e*-şemaların da aktarılması gerekmektedir. Oysaki iletişim operatörü sadece her biri bir ayrıt zinciri olan sıkı yapıtaşlarını aktarmaktadır. İletişim operatöründe bir *e*-şemayı oluşturan her bir ayrıt zinciri birer sıkı yapı taşı olarak göz önüne alındığından, iletişim operatörünün $g(S)$ gevşekliğine sahip bir *e*-şemayı aktarabilmesi için en az $g(S)$ kez iletişim gerçekleştirilmesi gerekmektedir. Aç gözlü GAnın genetik operatörleri aktarılmış yapı taşlarını belirli bir süre boyunca koruduğundan, çaprazlama operatörü sıkı yapı taşlarını kromozomlar arası aktarmak yoluyla, *e*-şemaların oluşturulmasına imkan vermektedir. Ayrıca maden populusyonu sayısı ikiden fazla olduğunda havuz birden fazla *e*-şema tarafından beslenecektir. Böylece iletişim operatörü yoluyla farklı *e*-şemaları oluşturan farklı ayrıt zincirlerinin bir populusyona aktarılıp tekrar birleştirilmesi yoluyla, yeni *e*-şemalar da oluşturulabilmektedir.

Yeteri kadar iletişim gerçekleştiğinde, tüm populusyonların taşıdığı *e*-şemalar zamanla büyüyecek ve birbirlerine benzemeye başlayacaktır. Böylece, farklı populusyonlardan elde edilen farklı yapı taşları adım adım bir prosedürle birleştirilmiş olacaktır.

5.5.1. Geliştirilen iletişim topolojisi

Geliştirilen iletişim topolojisi iletişim operatörünün yapısından dolayı, populusyonları birbirine bağlamak yerine populusyonları *yapı taşı havuzlarına*

bağlamaktadır. Bir yapı taşı havuzuna bağlanan populusyona, ilgili yapı taşı havuzunun *maden populusyonu* adı verilmiştir. Yapı taşı havuzları kendilerine ait *maden populusyonlardan* hareketle doldurulmaktadır. Yapı taşı havuzu doldurulurken, bir *yapı taşı havuzu doldurma algoritması* kullanılmaktadır. *Yapı taşı havuzu doldurma algoritması*, maden populusyonların her ikili kombinasyonu için bir *yapı taşı belirleme algoritması* çalıştırmakta ve belirlenen yapı taşlarını havuza yerleştirmektedir. Bir yapı taşı havuzunun sahip olduğu maden populusyon sayısı (α), ilgili havuzun zenginliğinin bir ölçüsüdür. Ancak, yapı taşı belirleme algoritmasının $\frac{\alpha!}{(\alpha-2)!2!}$ defa çalışması gerekmektedir. Bu nedenle yüksek α değerleri yapı taşı havuzunun doldurulması sürecinin işlem yükünü arttıracaktır. $M = 7$ populusyon ve $\alpha = 3$ için örnek bir iletişim topolojisi Şekil 5.12’de verilmiştir.



Şekil 5.12: Geliştirilen iletişim topolojisinin yapısı

İletişim topolojisi statik veya dinamik olabilir. Statik iletişim topolojisinde yapı taşı havuzlarına gelen ayrıtlar (maden populusyonlar) her zaman aynı kalırken, dinamik iletişim topolojisinde yapı taşı havuzlarına gelen ayrıtlar belirli periyotlarla değiştirilir.

Bu çalışmada dinamik bir iletişim topolojisi yapısı kullanılmıştır. İletişim havuzu doldurulmadan önce maden populasyonları rassal olarak belirlenerek, her seferinde yapı taşı havuzunun farklı e -şemalar yoluyla beslenmesi sağlanmıştır. Bir populasyonun yapı taşı havuzunun sürekli aynı e -şemalardan elde edilen yapı taşları ile beslenmesi, ilgili populasyonun maden populasyonlarına çok hızlı yakınsamasıyla sonuçlanabilir. Bu istenmeyen bir durumdur. Bu nedenle yapı taşı havuzlarının sürekli farklı maden populasyonları ile beslenmesi sağlanarak, populasyona daha önce aktarılmış e -şema parçacıklarının farklı e -şema parçacıkları ile birleştirilmesi yoluyla, yeni e -şemaların oluşturulması hedeflenmiştir.

5.5.2. Yapı taşı havuzlarının doldurulması

Yapı taşı havuzları maden populasyonların her ikili kombinasyonundan elde edilen e -şemaları oluşturan ayırıt zincirleri ile doldurulmaktadır. Dolayısıyla ayırıt zincirleri birer yapı taşı olarak göz önüne alınmaktadır.

Yapı taşı havuzları *yapı taşı havuzu doldurma algoritması* kullanılarak doldurulur. *Yapı taşı havuzu doldurma algoritması* bir populasyonun maden populasyonları kümesinin (L) elemanlarının tüm ikili kombinasyonları için ilk olarak bir *yapı taşı belirleme algoritması* çalıştırır. Yapı taşı belirleme algoritması iki maden populasyondan seçilen birer kromozomu karşılaştırarak, her ikisinin üzerinde ortak olan ayırıtı belirler. Dolayısıyla bu aşamada iki kromozom aracılığıyla bir e -şema belirlenmektedir. Daha sonra *yapı taşı belirleme algoritması* elde edilen e -şema üzerinde yer alan yapı taşlarından, derecesi *yapı taşı derecesi eşliğinin* ($o_{eşik}$) üzerinde veya eşit olan yapı taşlarını ($o(S) \geq o_{eşik}$) belirler ve *yapı taşı adayları listesine* ekler. Yapı taşı belirleme algoritmasının yapı taşı belirleme süreci iki safhadan oluşur: *deterministik yapı taşı belirleme safhası* ve *rassal yapı taşı belirleme safhası*. Deterministik yapı taşı belirleme safhası göz önüne alınan iki kromozom üzerinde çalışmaktadır. İki kromozom birbiri ile karşılaştırılarak, her iki kromozomun da üzerinde yer alan ve derecesi yapı taşı derecesi eşliğine eşit veya daha fazla olan yapı taşları belirlenerek yapı taşı adayları listesine eklenmektedir. Rassal yapı taşı belirleme algoritması ise göz önüne alınan iki kromozomdan rassal olarak seçilen bir tanesi

üzerinde çalışmaktadır. İlk olarak yapı taşı aday listesinde yer alan yapı taşları kromozom üzerinden çıkartılır. Daha sonra kromozomun geriye kalan genleri üzerinde derecesi yapı taşı derecesi eşğine eşit olan çeşitli yapı taşları $p_{yapı_taşı}$ olasılığıyla seçilerek yapı taşı adayları listesine eklenirler.

Bir popülasyonun yapı taşı havuzu, o popülasyondan seçilmiş olan bir K kromozomunu yapı taşlarıyla beslemek üzere doldurulmaktadır. Bu nedenle yapı taşı adayları listesindeki yapı taşlarından, sadece K kromozomu üzerinde yer almayan yapı taşları havuza yerleştirilirler.

Geliştirilen aç gözlü GA yerel en iyi çözümlere hızlı bir şekilde yakınsadığı için, elde edilen yapı taşlarının dereceleri yüksektir. Bu nedenle derecesi yapı taşı derecesi eşğine ($O_{eşik}$) eşit veya daha fazla olan yapı taşları göz önüne alınmaktadır. Böylece yapı taşı havuzunda gereksiz kalabalığın önüne geçilmeye çalışılmaktadır. Deterministik yapı taşı belirleme safhası her iki kromozomda da yer alan ortak yapı taşlarını belirlediğinden, bu safhada sadece bir kromozomda yer alan çeşitli kaliteli yapı taşları göz ardı edilmektedir. Bu nedenle rassal yapı taşı belirleme safhasında bir kromozom çiftindeki iki kromozomdan birisi rassal olarak seçilerek, seçilen kromozom üzerindeki çeşitli yapı taşı adayları rassal olarak belirlenip, bu yapı taşlarının da göz önüne alınabilirliği sağlanmaya çalışılmaktadır.

Yapı taşı belirleme algoritması için maden popülasyonlarından seçilen iki kromozom L_i ve L_j kromozomları olduğunda, N problemdeki düğüm sayısı ve a_{kl} k . düğümü l . düğüme bağlayan ayrıt olmak üzere, yapı taşı belirleme algoritmasının sözde kodu Şekil 5.13'de verilmiştir.

Deterministik yapı taşı belirleme safhası

```
{
   $L_i$  üzerindeki tüm  $a_{kl}$  ayrıtları için
  {
    AGSP için:
    eğer ( $a_{kl}$  ayrıtı  $L_j$  üzerinde yoksa)
    {
       $L_i$  üzerinde  $k$ . düğüm ile  $l$ . düğüm arasına "*" ekleyerek ayrıtı kır;
    }
    SGSP için:
    eğer ( $a_{kl}$  ayrıtı veya  $a_{lk}$  ayrıtı  $L_j$  üzerinde yoksa)
    {
       $L_i$  üzerinde  $k$ . düğüm ile  $l$ . düğüm arasına "*" ekleyerek ayrıtı kır;
    }
  }
  "*" sembolleri arasında yer alan gen sayısı  $o_{eşik}$ 'e eşit veya daha fazla olan dizileri
  yapı taşı adayları listesine ekle;
}
```

Rassal yapı taşı belirleme safhası

```
{
  yapı taşı aday listesindeki yapı taşlarını  $L_i$  üzerinden çıkart;
   $yt = \emptyset$ ;
   $k = 1$ 'den  $|L_i|$ 'ye kadar
  {
    eğer ( $L_{ik} \neq "*" )$ 
    {
       $yt$ 'ye  $L_{ik}$ 'yi ekle;
    }
    diğer durumda
    {
      eğer ( $L_{ik+1} = "*" )$ 
      {
         $yt = \emptyset$ ;
      }
    }
  }
  eğer ( $|yt| = o_{eşik}$  ise)
  {
     $yt$ 'yi  $p_{yapı\_taşı}$  olasılığıyla yapı taşı adayları listesine ekle;
    eğer (ekleme yapıldıysa)
    {
       $yt = \emptyset$ ;
    }
    diğer durumda
    {
       $yt_1$ 'i  $yt$ 'den çıkart;
    }
  }
}
```

Şekil 5.13: Yapı taşı belirleme algoritmasının sözde kodu

Örneğin aşağıda verilen L_i ve L_j kromozomları için yapı taşı belirleme algoritması kullanıldığında, deterministik yapı taşı belirleme safhası sonunda L_i kromozomunun algoritma sonrası durumu aşağıda verilmiştir.

$$L_i: \quad 2 \quad 4 \quad 5 \quad 7 \quad 8 \quad 9 \quad 3 \quad 1 \quad 6$$

$$L_j: \quad 2 \quad 5 \quad 9 \quad 3 \quad 1 \quad 6 \quad 7 \quad 8 \quad 4$$

AGSP için :

$$L_i: \quad 2 \quad * \quad 4 \quad * \quad 5 \quad * \quad 7 \quad 8 \quad * \quad 9 \quad 3 \quad 1 \quad 6 \quad *$$

SGSP için :

$$L_i: \quad 2 \quad 4 \quad * \quad 5 \quad * \quad 7 \quad 8 \quad * \quad 9 \quad 3 \quad 1 \quad 6 \quad *$$

Yukarıdaki L_i kromozomunda yer alan “*” sembolü iki kromozom arasında ortak olmayan ayrıtları kırmaktadır. Dolayısıyla AGSP için elde edilen birinci tip e-şema $S^1 = (7 \ 8 \mid 9 \ 3 \ 1 \ 6)$ dir. Göz önüne alınan problem SGSP olduğunda ise ikinci tip e-şema belirlenmektedir $S^2 = (2 \ 4 \mid 7 \ 8 \mid 9 \ 3 \ 1 \ 6)$. AGSP için elde edilen e-şema iki yapı taşı içerirken, SGSP için elde edilen e-şema üç yapı taşı içermektedir. Ancak bu yapı taşlarından sadece derecesi yapı taşı derecesi eşğine ($o_{eşik}$) eşit veya daha fazla olan yapı taşları göz önüne alınmaktadır. $o_{eşik} = 4$ olduğu varsayılacak olursa, AGSP ve SGSP için göz önüne alınacak tek yapı taşı (9 3 1 6) dir. Bu nedenle sadece bu yapı taşı yapı taşı adayları listesine (YTAL) eklenir: YTAL = [(9 3 1 6)].

Rassal yapı taşı belirleme algoritması ilk olarak yapı taşı aday listesindeki yapı taşlarını L_i üzerinden siler. Bu işlem sonrası elde edilen L_i kromozomu aşağıda verilmiştir.

AGSP için :

$$L_i: \quad 2 \quad * \quad 4 \quad * \quad 5 \quad * \quad 7 \quad 8 \quad * \quad *$$

SGSP için :

$$L_i: \quad 2 \quad 4 \quad * \quad 5 \quad * \quad 7 \quad 8 \quad * \quad *$$

Rassal yapı taşı belirleme algoritması ilk genden başlayarak bir yt kümesine “*” sembolü dışındaki genleri eklemeye başlar. Eğer yt kümesinin eleman sayısı $o_{eşik}$ değerine eşitse $p_{yapı_taşı}$ olasılığıyla bu yapı taşını aday listesine ekleyip eklememe kararı

verilir. Eğer ekleme yapıldıysa yt kümesindeki elemanlar L_i üzerinden silinir ve yt kümesi boşaltılır. Örneğin $o_{eşik} = 3$ olduğu varsayılacak olursa, $yt = (2,4,5)$ kümesinin bir yapı taşı olarak aday listesine eklenip eklenmeyeceğine karar verilir. Eğer ekleme yapılırsa bu elemanlar L_i üzerinden silinirler. Ekleme yapılmadığı durumda yt kümesinin ilk elemanı kümeden çıkartılır: $yt = (4,5)$. yt kümesine yeni eklenecek düğüm, 7 nolu düğümdür. Böylece $yt = (4,5,7)$ olur. Aday listesine ekleyip eklememe kararı verilir ve işlemlere devam edilir. Bu işlemler sırasında yan yana iki adet “*” sembolü ile karşılaşıldığı anda yt kümesi boşaltılır. Yan yana iki adet “*” sembolü olması demek, bu iki “*” sembolünün arasında bir yapı taşı alınmış demektir. Dolayısıyla bu “*” sembollerinin öncesi ve sonrasındaki düğümler arasında aslında bir ayrıt yoktur. Bu nedenle bu durum ile karşılaşıldığında yt kümesi boşaltılarak işlemlere devam edilir.

Yapı taşı aday listesindeki yapı taşlarının bir K kromozomuna aktarmak üzere belirlendiği düşünülecek olursa, *yapı taşı havuzu doldurma algoritması* bu yapı taşlarından zaten K kromozomu üzerinde olan yapı taşlarını belirler ve yapı taşı aday listesinden çıkartır. Geriye kalan yapı taşları yapı taşı havuzuna eklenir. Yapı taşı havuzu doldurma algoritmasının sözde kodu, seçilen bir P_i populasyonu ve P_i populasyonundan seçilmiş bir K kromozomu için Şekil 5.14’de verilmiştir.

```

 $YT_i$  havuzunu boşalt;
 $j = 1$ 'den  $j = \alpha - 1$ 'e kadar
{
   $k = j + 1$ 'den  $k = \alpha$ 'ya kadar
  {
     $L_j$  ve  $L_k$  arasındaki yapı taşlarını belirle; (yapı taşı belirleme alg.)
     $K$  üzerinde zaten olan yapı taşlarını yapı taşı adayları listesinden çıkart;
    Geriye kalan yapı taşlarını  $YT_i$  havuzuna ekle;
  }
}

```

Şekil 5.14: Yapı taşı havuzu doldurma algoritmasının sözde kodu

Bir yapı taşı havuzu $\frac{\alpha!}{(\alpha-2)!2!}$ tane kromozom çifti arasında belirlenen yapı taşları ile doldurulmaktadır. Maden popülasyonu sayısı $\alpha = 2$ olduğunda belirlenen her yapı taşı yapı taşı havuzunda sadece bir kez yer alacaktır. Ancak $\alpha > 2$ için ikiden fazla popülasyon tarafından keşfedilmiş yapı taşlarının havuzda birden çok kez yer alması olasılığı vardır.

5.5.3. İletişim stratejisi

İletişim stratejisi literatürde yaygın olarak kullanılan göç iletişim operatörü (Grefenstette, 1981) için iletişimde bulunacak popülasyondan seçilecek kromozomun nasıl belirleneceğini ve seçilen kromozomun aktarılacağı popülasyonda hangi kromozomun yerine yerleştirileceğini belirleme yöntemini tarifler. Bu tez kapsamında geliştirilen iletişim operatöründe ise,

- maden popülasyonların hangi kromozomları kullanılarak yapı taşı havuzunun doldurulacağı,
- yapı taşı aktarımının popülasyondaki hangi kromozom üzerine uygulanacağı,
- yapı taşı aktarımı sonrası elde edilen yeni kromozomun popülasyondaki hangi kromozomun yerine yerleştirileceğini,

belirlemede kullanılır. Bu bağlamda, göz önüne alınabilecek çeşitli iletişim stratejileri şunlardır:

- (En iyi, en iyi, en kötü)
- (En iyi, en iyi, rastgele)
- (En iyi, rastgele, en kötü)
- (En iyi, rastgele, rastgele)
- (Rastgele, en iyi, en kötü)
- (Rastgele, en iyi, rastgele)
- (Rastgele, rastgele, en kötü)
- (Rastgele, rastgele, rastgele)

İletişim stratejilerinin elemanları sırasıyla, maden popülasyondan seçilecek kromozomu, yapı taşı aktarımının yapılacağı kromozomu ve yeni kromozomun popülasyondaki hangi kromozomun yerini alacağını belirleme yöntemini tarifler. Örneğin (En iyi, en iyi, en kötü) iletişim stratejisi: maden popülasyonlardaki en iyi kromozomların kullanılmasını, popülasyondaki en iyi kromozoma yapı taşı aktarımının yapılmasını ve yeni kromozomun popülasyondaki en kötü kromozomun yerine yerleştirilmesini tariflemektedir.

5.5.4. İletişim yöntemi

İletişim operatörü bir popülasyon için iletişimi $p_{iletişim}$ olasılığıyla gerçekleştirir. Eğer P_i popülasyonu için iletişim gerçekleşecekse, ilk olarak iletişim stratejisine göre P_i popülasyonundan bir kromozom seçilir (K). K kromozomu yapı taşı aktarımının yapılacağı kromozomdur. Daha sonra P_i popülasyonu için yapı taşı havuzu doldurma algoritması çalıştırılır. Böylece P_i popülasyonunun yapı taşı havuzu (YT_i) doldurulmuş olur. Yapı taşı havuzunda yer alan her bir yapı taşı ($YT_{ij} j=1, \dots, |YT_i|$; $|YT_i|$: yapı taşı havuzunun eleman sayısı) yapı taşı filtreleme olasılığıyla (p_{filtre}) göz önüne alınır ve K kromozomu üzerindeki her bir pozisyona yerleştirilmesi denenir. Göz önüne alınan yapı taşları arasından tur uzunluğunda en az artışa sebep olanı, kendisi için belirlenmiş en uygun pozisyona yerleştirilerek iletişim işlemi tamamlanır.

Yapı taşları kromozom üzerine yerleştirilirken uygulanan yaklaşım, OX3 çaprazlama operatöründe uygulanan yaklaşıma benzerdir. Burada OX3'den farklı olarak, yapı taşının kromozom üzerinde en uygun pozisyonunun belirlenmesi için bir yerel arama yapılmaktadır. Örneğin, aşağıda verilen K kromozomuna aktarılması denenen yapı taşı YT_i havuzunda yer alan 2. yapı taşı olduğunda, örneğin $YT_{i2} = (3 \ 4 \ 5)$, ilk olarak bu yapı taşının tüm elemanları K kromozomundan çıkartılır.

K : 2 4 5 7 8 9 3 1 6

$YT_{i2} =$ (3) (4) (5)

K : 2 7 8 9 1 6

Daha sonra, $YT_{i2} = (3 \ 4 \ 5)$ yapı taşı K kromozomu üzerinde mümkün her pozisyona yerleştirilerek tur uzunluğu üzerinde en az artışa sebep olan pozisyon YT_{i2} yapı taşının kromozom üzerine yerleştirileceği pozisyon olarak belirlenir. Göz önüne alınan problem AGSP ise, yapı taşı olduğu gibi kromozoma yerleştirilmeye çalışılır. SGSPde ise, yapı taşları çift yönlü olabildiğinden, yapı taşı kromozom üzerindeki her bir pozisyona hem düz hem de ters çevrilmiş olarak yerleştirilmeye çalışılır. Bu işlemden sonra YT_{i2} yapı taşı hemen kromozoma aktarılmaz. Aynı işlem YT_i havuzunda yer alan diğer yapı taşları için de tekrarlanır. Göz önüne alınan yapı taşlarından, tur uzunluğu üzerinde en az artışa sebep olanı kromozoma aktarılır. Bu yapı taşının YT_{i2} yapı taşı olduğu ve en uygun pozisyonun tur üzerindeki 4. pozisyon olduğu varsayılacak olursa, YT_{i2} yapı taşının 4. pozisyona yerleştirilmesi ile iletişim tamamlanır.

$K: \ 2 \ 7 \ 8 \ 3 \ 4 \ 5 \ 9 \ 1 \ 6$

İletişim olasılığı ($p_{iletişim}$) bir populasyonun iletişimde bulunup bulunmamasına karar vermek için kullanılırken, yapı taşı filtreleme olasılığı (p_{filtre}) yapı taşı havuzunda yer alan bir yapı taşının dikkate alınıp alınmamasına karar vermek için kullanılmaktadır. Yapı taşı havuzundaki tüm yapı taşlarının göz önüne alınması, sürekli aynı yapı taşının aktarımı ile sonuçlanabilir. Farklı yapı taşlarının aktarımına imkan vermek için p_{filtre} yapı taşı filtreleme olasılığı kullanılmaktadır. Populasyon sayısı M olmak üzere iletişim operatörünün sözde kodu Şekil 5.15’de gösterilmiştir.

İletişim operatörü ile yapı taşı aktarımı yapıldıktan sonra, ilgili kromozom kendi populasyonunda iletişim stratejisine göre belirlenen bir kromozomun yerine yerleştirilir. Bu kromozomlarda yer alan aktarılmış yapı taşları belirli bir süre boyunca aç gözlü GAnın bozucu etkisinden korunurlar. Geliştirilen iletişim operatörü, aktarılmış yapı taşlarına sahip kromozomların populasyondaki oranı %20’ye eşit veya daha az olduğu sürece bu kromozomlar üzerindeki aktarılmış yapı taşları koruma altında tutmaktadır. Bu oran %20’nin üzerine çıktığı anda en uzun süre koruma altında bulunmuş olan yapı taşının koruması kaldırılmaktadır. Böylece aç gözlü GAya aktarılmış yapı taşlarını birleştirebilmesi ve diğer kromozomlar ile paylaşabilmesi için süre kazandırılmaktadır.

```

i=1'den i = M'e kadar
{
  Piletişim olasılığıyla Pi için iletişim gerçekleşecekse
  {
    Pi'den bir K kromozomunu iletişim stratejisine göre seç;
    YTi'yi doldur; (Yapı taşı havuzu doldurma algoritması)
    j=1'den j = |YTi|'e kadar
    {
      Pfiltre olasılığıyla YTij yapı taşı denenecekse;
      {
        YTij için K üzerinde en uygun pozisyonu ve tur uzunluğundaki artışı bul (f(YTij));
      }
    }
    f(YTij) değeri en küçük olan yapı taşını K kromozomuna aktar
  }
}

```

Şekil 5.15: İletişim operatörünün sözde kodu

5.5.5. Geliştirilen iletişim operatörünün incelenmesi

Geliştirilen iletişim operatörünün önemli avantajlarından birisi, yapı taşı havuzundaki yapı taşlarının uygunluk değerlerinden bağımsız çalışmasıdır. Bir R_i popülasyonuna ait yapı taşı havuzunda yer alan bir yt_j yapı taşının, R_i popülasyonuna aktarılması ancak ve ancak yt_j yapı taşının R_i popülasyonunda yer alan yapı taşlarına, havuzda yer alan diğer yapı taşlarından daha iyi uyum göstermesi ile mümkündür. Bunun nedeni, iletişim operatörünün kullandığı iletişim yönteminin havuzda yer alan yapı taşlarını aç gözlü bir şekilde değerlendirmesi ve daha iyi uyum gösteren yapı taşını popülasyona aktarmasıdır. Bu nedenle, havuzda yer alan uygunluk değeri düşük ancak doğru bir yapı taşının da iletişim operatörü yoluyla diğer popülasyonlara aktarılması mümkündür. GAların esinlenme kaynağı, *çevreye uyumu daha yüksek olan canlıların çoğalarak artması ve uyumu daha kötü olan canlıların zamanla yok olmasıdır*. Holland'ın (1975) şema teoremi, bir yapı taşının (şemanın) uygunluğunu kromozomun uygunluk değeri aracılığıyla ölçmekte ve *uygunluk değeri* daha yüksek olan yapı taşlarının seçim operatörü yoluyla çoğalarak arttığını göstermektedir. Geliştirilen iletişim operatöründe ise, bir yapı taşının uygunluğu, farklı bir popülasyonda yer alan

bir kromozoma gösterdiği *uyum miktarı* ile ölçülmektedir. Bu noktada iletişim operatörünün, uyum miktarı daha yüksek olan yapı taşlarının çoğalarak artmasını sağladığını göstermek gerekmektedir.

Teorem 1: Geliştirilen iletişim operatörü uyum miktarı yüksek olan yapı taşlarını bir araya getirmek yoluyla yapı taşlarının çoğalarak artmasını sağlamaktadır.

İspat: Belirli bir anda birbirleri ile uyum gösterebilecek ve farklı populasyonlarda yer alan iki yapı taşı yt_1 ve yt_2 iken, bu iki yapı taşından sadece yt_1 yapı taşını içeren populasyon sayısı k_1 ve sadece yt_2 yapı taşını içeren populasyon sayısı k_2 olsun. Bu iki yapı taşından birinin çoğalabilmesi, yapı taşlarından birinin iletişimin gerçekleştirileceği populasyonda, diğerinin yapı taşı havuzunda yer alması gerekmektedir. Bu nedenle öncelikle k_1 tane populasyondan birinin veya k_2 tane populasyondan birinin iletişim için seçilmesi gerekmektedir. İlk olarak k_1 tane populasyondan birisinin iletişim için seçilmesi olasılığı ile başladığında, toplam populasyon sayısı M olmak üzere bu olasılık,

$$P(k_1 \text{ tane populasyondan birisinin iletişim için seçilmesi}) = \frac{k_1}{M} \times p_{\text{iletişim}} \quad 5.1$$

olacaktır. Yapı taşı havuzları α tane maden populasyondan belirlenen yapı taşları ile doldurulmaktadır. Bu maden populasyonlar üzerinde yapı taşı belirleme süreci iki safhadan oluşmaktadır: deterministik yapı taşı belirleme safhası ve rassal yapı taşı belirleme safhası. Deterministik yapı taşı belirleme safhasında yt_2 yapı taşının belirlenebilmesi için, α tane maden populasyondan en az ikisinin yt_2 yapı taşını içeren k_2 adet populasyon arasından seçilmesi gerekmektedir. Bu durumun gerçekleşme olasılığını belirlemek için *Yardımcı Teorem 1* kullanılabilir.

Yardımcı Teorem 1: Bir yapı taşının içerisinde bulunduğu populasyon sayısı k olmak üzere, toplam $M - 1$ adet populasyon arasından iadesiz ve rassal olarak seçilen α adet populasyondan X tanesinin ilgilenilen k populasyon arasından seçilmesi olasılığı hipergeometrik dağılıma sahiptir.

Yardımcı Teorem 1'in ispatı: X rassal değişkeni, toplam $M - 1$ populasyon arasından seçilen α adet populasyondan kaç tanesinin ilgilenilen k populasyondan birisi olduğunu göstermek üzere ve

$$H_{k,M-1,\alpha}(X = x) = \frac{\text{İlgilenilen sonuç sayısı}}{\text{Karşılaşılabilir sonuç sayısı}}$$

olmak üzere, karşılaşılabilir sonuç sayısı $\binom{M-1}{\alpha}$ dır. Seçilecek olan α adet populasyondan x tanesi ilgilenilen k populasyondan seçileceğinden, bunların sayısı $\binom{k}{x}$ dır. Geriye kalan $\alpha - x$ adet populasyon, ilgilenilmeyen $M - 1 - k$ adet populasyon arasından seçileceğinden, bunların sayısı $\binom{M-1-k}{\alpha-x}$ dır. Böylece ilgilenilen toplam sonuç sayısı $\binom{k}{x} \times \binom{M-1-k}{\alpha-x}$ olacağından,

$$H_{k,M-1,\alpha}(X = x) = \frac{\binom{k}{x} \times \binom{M-1-k}{\alpha-x}}{\binom{M-1}{\alpha}} \quad 5.2$$

olacaktır. $\alpha > k$ için $x = 0, 1, 2, \dots, k$ olabileceğinden ve $\alpha \leq k$ için $x = 0, 1, 2, \dots, \alpha$ olabileceğinden, Denklem 5.3'de verilen hipergeometrik dağılım elde edilir.

$$H_{k,M-1,\alpha}(X = x) \begin{cases} \frac{\binom{k}{x} \times \binom{M-1-k}{\alpha-x}}{\binom{M-1}{\alpha}} & x = 0, 1, 2, \dots, k \ (\alpha > k) \\ & x = 0, 1, 2, \dots, \alpha \ (\alpha \leq k) \\ 0 & \text{diğer durumda} \end{cases} \quad 5.3$$

Böylece *Yardımcı Teorem 1* ispatlanmış olur.

İletişim için seçilen populasyonun k_1 adet yt_1 yapı taşı içeren populasyondan biri olması ve deterministik yapı taşı belirleme safhası için bu populasyonun maden populasyonlarından en az ikisinin yt_2 yapı taşı içeren k_2 populasyondan biri olması olasılığı aşağıda verilmiştir.

$$P_{\text{deter_}k_1} = \frac{k_1}{M} \times p_{\text{iletisim}} \times \left(H_{k_2, M-1, \alpha}(X \geq 2) \right) \quad 5.4$$

İletişim için seçilen populasyonun k_2 adet yt_2 yapı taşı içerdiği populasyondan biri olması ve deterministik yapı taşı belirleme safhası için bu populasyonun maden populasyonlarından en az ikisinin yt_1 yapı taşı içerdiği k_1 adet populasyondan biri olması olasılığı da aynı şekilde hesaplandığında, Denklem 5.5'de verilen olasılık elde edilir.

$$P_{\text{deter_}k_2} = \frac{k_2}{M} \times p_{\text{iletisim}} \times \left(H_{k_1, M-1, \alpha}(X \geq 2) \right) \quad 5.5$$

Deterministik yapı taşı belirleme safhasının yanı sıra bir de rassal yapı taşı belirleme safhası söz konusudur. Rassal yapı taşı belirleme safhası için, yt_1 ve yt_2 yapı taşlarından birinin yapı taşı havuzunda, diğerinin iletişim için seçilen populasyonda yer alması olasılığı da aşağıda hesaplanmıştır. İletişim için seçilen populasyonun yt_1 yapı taşı içerdiği k_1 populasyondan biri olması olasılığı Denklem 5.1'de verilen olasılıktır. Rassal yapı taşı belirleme safhasında yt_2 yapı taşının havuzda yer alabilmesi için, yt_2 yapı taşının yapı taşı belirleme amaçlı kullanılan iki kromozomdan birinde olması, diğerinde olmaması gerekmektedir. Her iki kromozomda da yer alması durumunda, yapı taşı deterministik safhada belirlenip kromozom üzerinden çıkartılacağı için, rassal yapı taşı belirleme safhasında bu yapı taşının belirlenmesi mümkün değildir. yt_2 yapı taşının bir kromozomda olup diğerinde olmaması olasılığını hesaplamak için, α maden populasyondan yt_2 yapı taşına sahip populasyonların beklenen sayısını belirlemek gerekmektedir. $M - 1$ tane populasyon arasından seçilen α tane populasyondan x tanesinin k_2 populasyon arasından seçilmesi olasılığı hipergeometrik dağıldığından (bkz. *Yardımcı Teorem 1*), α tane populasyondan yt_2 yapı taşına sahip olan maden populasyonun beklenen sayısı hipergeometrik dağılımın aritmetik ortalamasından (Kara, 2000) hareketle,

$$n(yt_2) = E(X) = \frac{k_2}{M - 1} \times \alpha \quad 5.6$$

olacaktır. Yapı taşı havuzu toplam α tane populasyona sahiptir ve bütün ikili kombinasyonlar için yapı taşı belirleme algoritması çalışacaktır. Bu ikili kombinasyonlardan herhangi birinde, bir kromozomun yt_2 yapı taşına sahip olması diğerinin sahip olmaması olasılığı, “toplam α tane kromozomdan $n(yt_2)$ tanesi yt_2

yapı taşına sahip olmak üzere, bu kromozomlar arasından seçilen 2 kromozomdan birinin $n(yt_2)$ kromozomdan bir tanesi olması diğerinin olmaması olasılığı” şeklinde de ifade edilebilir. *Yardımcı Teorem 1*’den hareketle bu olasılığın da hipergeometrik dağıldığı bilinmektedir ve bu olasılık $H_{n(yt_2),\alpha,2}(X = 1)$ olarak gösterilebilir. Böylece, yapılan ikili karşılaştırmalarda bir kromozomun yt_2 yapı taşına sahip olması diğerinin sahip olmaması olasılığı,

$$P(yt_2\text{'nin iki kromozomdan birisinde olması}) = H_{n(yt_2),\alpha,2}(X = 1) \quad 5.7$$

olacaktır. yt_2 yapı taşı iki kromozomdan birisinde olsa dahi, rassal yapı taşı belirleme safhası iki kromozomdan birisini rassal olarak seçmektedir. Seçilen kromozomun yapı taşına sahip olan kromozom olması olasılığı 0.5’dir. Bunun yanı sıra, yt_2 yapı taşının rassal yapı taşı belirleme safhasında belirlenebilirliği, yt_2 yapı taşının kromozom üzerindeki pozisyonuna bağlıdır. Bu olasılığın $p_{rassal_belirlenebilme}$ olduğu varsayılabilir. yt_2 yapı taşı $p_{rassal_belirlenebilme}$ olasılığıyla belirlenmiş olsa dahi, $p_{yapı_taşı}$ olasılığıyla havuza yerleştirilmektedir. Bu nedenle, yt_2 yapı taşının rassal yapı taşı belirleme safhasında belirlenip, yapı taşı havuzuna aktarılması olasılığı,

$$P_{rassal_k_1} = \frac{k_1}{M} \times p_{iletişim} \times H_{n(yt_2),\alpha,2}(X = 1) \times 0.5 \times p_{rassal_belirlenebilme} \times p_{yapı_taşı} \quad 5.8$$

olacaktır. Aynı olasılık başlangıçta iletişim için seçilen populasyonun yt_2 yapı taşına sahip olması durumu için de hesaplandığında,

$$P_{rassal_k_2} = \frac{k_2}{M} \times p_{iletişim} \times H_{n(yt_1),\alpha,2}(X = 1) \times 0.5 \times p_{rassal_belirlenebilme} \times p_{yapı_taşı} \quad 5.9$$

elde edilir. Havuzdaki her bir yapı taşının iletişim operatörü tarafından göz önüne alınması olasılığı p_{filtre} olduğundan, yapı taşı belirleme algoritmasının deterministik ve rassal yapı taşı belirleme safhaları sonunda yt_1 ve yt_2 yapı taşlarından birisinin havuzda diğerinin iletişimin gerçekleştirileceği populasyonda yer alması ve havuzda yer alan yapı taşının iletişim operatörü tarafından göz önüne alınması olasılığı,

$$P = (P_{deter_k_1} + P_{rassal_k_1} + P_{deter_k_2} + P_{rassal_k_2}) \times p_{filtre} \quad 5.10$$

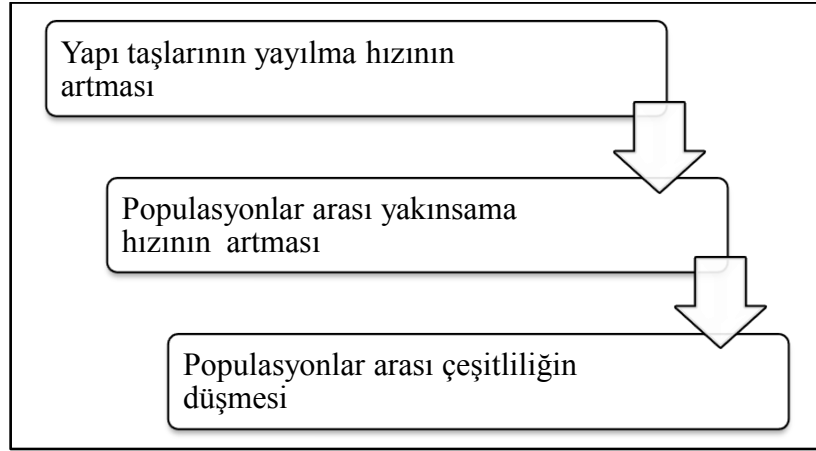
olacaktır. Denklem 5.10'da verilen olasılık yt_1 ve yt_2 yapı taşları için başarılı iletişim olasılığı olarak değerlendirilebilir. Bir jenerasyonun başlangıcında (t anında) her iki yapı taşını da içeren populasyon sayısı N olmak üzere, ilgili jenerasyonun sonunda ($t+1$ anında) yt_1 ve yt_2 yapı taşlarının her ikisini birden içeren populasyon sayısı,

$$E^{t+1}[N] = N + \left((P_{deter_k_1} + P_{rassal_k_1}) \times p_{filtre} \right) \times k_2 \\ + \left((P_{deter_k_2} + P_{rassal_k_2}) \times p_{filtre} \right) \times k_1 \quad 5.11$$

olacaktır. Ayrıca, $p_{iletişim} > 0$, $p_{filtre} > 0$ ve $p_{yapıtaşı} > 0$ olması koşuluyla, N 'in değerinin artmaması ancak ve ancak $k_1 = 0$ veya $k_2 = 0$ olması durumunda söz konusudur. Bunun anlamı, uyum miktarı yüksek yapı taşları var olduğu sürece, iletişim operatörü bu yapı taşlarının birleştirilmesi yoluyla çoğalmalarını sağlamaktadır. Bu sonuç, Teorem 1'i ispatlamaktadır.

Farklı populasyonlar, birbirlerine uyum gösterecek kaliteli yapı taşlarını üretebildiği sürece, geliştirilen iletişim operatörü bu yapı taşlarını birleştirebilmekte ve çoğalarak artmalarını sağlayabilmektedir. Ayrıca bir yt_1 yapı taşı yt_2 yapı taşı ile uyumlu değilken, üçüncü bir yt_3 yapı taşı ile birlikte değerlendirildiğinde, yt_1 , yt_2 ve yt_3 yapı taşları üçlü bir uyum sergileyebilirler. İki'den fazla yapı taşının birlikte değerlendirilebilmesini sağlayabilmek için, aktarılan yapı taşları aktarıldıkları populasyonda belirli bir süre korunmaktadır. Bu yolla GAY'a ikiden fazla yapı taşını da bir arada değerlendirmesi için zaman tanınmaktadır.

Geliştirilen ÇPPGANın performansını etkileyen üç önemli faktör olacaktır: *yapı taşlarının yayılma hızı*, *populasyonlar arası çeşitlilik* ve *populasyonlar arası yakınsama hızı*. Yapı taşlarının yayılma hızı, bir populasyonda yer alan bir yapı taşının diğer populasyonlara yayılması hızıdır. Populasyonlar arası çeşitlilik, populasyonların birbirlerine göre sahip oldukları farklı yapı taşlarının çeşitliliğidir. Populasyonlar arası yakınsama hızı ise populasyonların arama uzayında arama yaptıkları bölgelerin birbirlerine yaklaşma hızıdır. Yapı taşlarının yayılma hızı diğer iki faktör üzerinde önemli etkiye sahiptir. Bu durum Şekil 5.16'da gösterilmiştir.



Şekil 5.16: Yapı taşlarının yayılma hızı, populasyonlar arası yakınsama hızı ve populasyonlar arası çeşitlilik arasındaki ilişki

Yapı taşlarının yayılma hızının artması, populasyonlar arası yakınsama hızının artmasına neden olacaktır. Populasyonlar arası yakınsama hızının artması, populasyonlar arası çeşitliliğin düşmesine neden olacaktır. Populasyonlar arası çeşitlilik düştükçe elde edilen yapı taşlarının dereceleri artacak, sayıları azalacaktır. Bu durumun bir sonucu olarak yapı taşı havuzları küçülecektir. İletişim gerçekleştiği sürece populasyonların birbirlerine yakınsaması ve dolayısıyla populasyonlar arası çeşitliliğin düşmesi kaçınılmazdır. Önemli olan populasyonlar arası çeşitliliğin düşüş hızının yeteri kadar yavaş olmasıdır. Populasyonlar arası yakınsama hızı çok hızlı düştüğünde, farklı populasyonlardan elde edilen farklı yapı taşları yeteri kadar değerlendirilemeden kaybedilebilir. Bu durum tüm populasyonların hızlı bir şekilde bir yerel en iyi çözüme yakınsamasına neden olabilir. Bu nedenle yapı taşlarının yayılma hızı için uygun bir düzey belirlemek önemlidir.

Bir yt_1 yapı taşına uygun çeşitli yapı taşlarının farklı populasyonlarda olduğu düşünülecek olursa, yt_1 yapı taşının populasyonlar arası yayılma hızı, yt_1 yapı taşının herhangi bir yapı taşı havuzunda bulunma olasılığı ile orantılıdır. Denklem 5.5 ve Denklem 5.9'da yer alan bu olasılıklar kullanılarak, bir yt_1 yapı taşının yayılma hızının kestiricisi olarak aşağıda verilen olasılık kullanılabilir.

$$\gamma_{yt_1} = p_{iletisim} \times (H_{k1,M-1,\alpha}(X \geq 2) + H_{n(yt_1),\alpha,2}(X = 1) \times 0.5 \times p_{rassal_belirlenebilme} \times p_{yapı_taşı}) \quad 5.12$$

Denklem 5.12’de verilen olasılıkta, yapı taşlarının yayılma hızının kontrol edilemeyen iki bileşeni, yt_1 yapı taşının belirli bir anda içinde bulunduğu populasyon sayısı (k_1), ve $p_{rassal_belirlenebilme}$ olasılığıdır. Denklem 5.12’de verilen γ_{yt_1} olasılığının, rassal yapı taşı belirleme safhasından gelen kısmı oldukça küçüktür. Bu olasılık eşitlik dışında bırakılacak olursa, toplam k populasyon tarafından içerilen bir yt yapı taşının populasyonlar arası yayılma hızının kestiricisi olarak Denklem 5.13’de verilen γ_{yt} olasılığı kullanılabilir.

$$\gamma_{yt} \cong p_{iletisim} \times H_{k,M-1,\alpha}(X \geq 2) \quad 5.13$$

Denklem 5.13’de verilen yapı taşı yayılma hızı eşitliğine dayanarak, bir yapı taşının yayılma hızının iletişim olasılığı, populasyon sayısı ve maden populasyonu sayısı parametreleri ile kontrol edilebildiği söylenebilir. İzleyen bölümde iletişim operatörünün parametrelerinin farklı düzeyleri için tam faktöriyel deney tasarımı gerçekleştirilerek, uygun parametre düzeyleri belirlenmiştir. Ayrıca Denklem 5.13 kullanılarak, parametrelerin farklı düzeyleri için kestirilen yapı taşı yayılma hızının farklı düzeyleri, ilgili parametreler için gerçekleşen populasyonlar arası yakınsama hızı ve yapı taşı havuzu büyüklükleri ile karşılaştırılmıştır.

5.5.6. İletişim operatörünün parametrelerinin değerlerinin belirlenmesi

İletişim operatörünün değerleri belirlenmesi gereken parametreleri, iletişim operatörünün her bir bileşeni için aşağıda verilmiştir.

- İletişim topolojisi için,
 - Populasyon sayısı (M)
 - Yapı taşı havuzlarının maden populasyonu sayısı (α)
 - Topolojinin yapısı (statik veya dinamik)
 - Yapı taşı belirleme algoritması için:

- Yapı taşı derecesi eşiği ($o_{eşik}$)
- Rassal yapı taşı belirleme safhası için yapı taşı seçme olasılığı ($p_{yapı_taşı}$)
- İletişim yöntemi için,
 - İletişim olasılığı ($p_{iletişim}$)
 - Yapı taşı filtreleme olasılığı (p_{filtre})
- İletişim stratejisi

Populasyon sayısı (M), yapı taşı havuzlarının maden populasyonu sayısı (α) ve iletişim olasılığı ($p_{iletişim}$) parametrelerinin uygun düzeylerini belirleyebilmek için, bu parametrelerin çeşitli düzeyleri için tam faktöriyel deney tasarımı yapılmıştır. Gerçekleştirilen deneylerde geriye kalan parametrelerin düzeyleri önceden belirlenerek sabit tutulmuştur. Yapı taşı havuzlarının farklı maden populasyonlardan elde edilen yapı taşları ile beslenmesini sağlamak için *dinamik* bir topoloji kullanılmıştır ve yapı taşı havuzu doldurulmadan önce maden populasyonları rassal olarak belirlenmiştir.

Yapı taşı filtreleme olasılığı, yapı taşı havuzunda yer alan uyum miktarı daha az olan yapı taşlarının da iletişim operatörü aracılığıyla aktarılmasına izin vermek için kullanılmaktadır. Gerçekleştirilen deneylerde yapı taşı filtreleme olasılığı $p_{filtre} = 0.5$ kullanılmıştır.

Yapı taşı derecesi eşiğini ($o_{eşik}$) belirlemek için, aç gözlü GA bir populasyon üzerinde Tablo 5.6'da verilen parametre değerleri kullanılarak, Ek-1'de verilen 71 test probleminin her biri için 10 kez çalıştırılmıştır. Aç gözlü GA ile elde edilebilen en iyi çözüm üzerinde 50 jenerasyon boyunca iyileşme kaydedilememesi durumunda aç gözlü GA durdurulmuştur. Aç gözlü GA kullanılarak elde edilen çözümler ile problemlerin en iyi çözümleri yapı taşı belirleme algoritmasının deterministik safhası kullanılarak karşılaştırılmıştır. Bu karşılaştırmalarda aç gözlü GAnın bulabildiği doğru yapı taşlarının ortalama derecesi hesaplanmıştır. Hesaplanan ortalama yapı taşı dereceleri AGSP ve SGSP için Tablo 5.7'de verilmiştir.

Tablo 5.7: AGSP ve SGSP için elde edilen ortalama yapı taşı dereceleri

Problem Tipi	Elde edilen yapı taşlarının ortalama derecesi
AGSP	4.658355077
SGSP	8.117705296

Tablo 5.7’de verilen ortalama yapı taş derecelerine dayanarak, yapı taşı derecesi eşliğinin $o_{eşik} = 4$ olarak kullanılması uygun görülmüştür. Ayrıca, yapı taşı belirleme algoritmasının rassal yapı taşı belirleme safhasında kullanılan yapı taşı seçme olasılığı $p_{yapı_taşı} = 0.3$ kullanılarak, bu safhada elde edilen yapı taşlarının sayısının nispeten az olması sağlanmıştır.

Geliştirilen ÇPPGAda populasyonların büyüklükleri küçük olduğu için ($m = 10$) ve aç gözlü GA her bir populyasyonda aç gözlü bir şekilde arama yaptığı için, her bir populyasyonda elde edilen en iyi kromozomlar, ilgili populyasyonda keşfedilmiş yapı taşlarını temsil edebilmektedir. Bu nedenle (En iyi, en iyi, en kötü) iletişim stratejisi kullanılmıştır. Sonuç olarak, gerçekleştirilen deneyler için değerleri önceden belirlenerek sabit tutulan parametreler Tablo 5.8’de verilmiştir.

Tablo 5.8: Değerleri önceden belirlenen iletişim mekanizması parametreleri

Parametreler	Düzeyleri
<i>Topolojinin yapısı</i>	Dinamik
$o_{eşik}$	4
$p_{yapı_taşı}$	0.3
p_{filtre}	0.5

Bölüm 5.5.5’de de değinildiği gibi, geliştirilen ÇPPGAnın performansı üzerinde önemli etkiye sahip olacağı düşünülen üç önemli faktör vardır: yapı taşlarının yayılma hızı, populyasyonlar arası yakınsama hızı ve populyasyonlar arası çeşitlilik. Yapı taşlarının yayılma hızı diğer iki faktör üzerinde önemli etkiye sahip olacaktır. Denklem 5.13’de verilen yapı taşı yayılma hızı eşitliğine göre, bir yapı taşının yayılma hızı iletişim olasılığı ($p_{iletişim}$), populyasyon sayısı (M) ve maden populyasyonu sayısı (α) parametreleri ile kontrol edilebilmektedir. Hem bu eşitliğin deneysel doğrulamasını yapmak, hem de uygun yapı taşı yayılma hızı düzeyini belirleyebilmek için, iletişim

olasılığının ($p_{iletişim}$), populasyon sayısının (M) ve maden populasyonu sayısının (α) Tablo 5.9’da verilen düzeyleri için tam faktöriyel deney tasarımı yapılmıştır.

Tablo 5.9: İletişim operatörünün farklı düzeyleri incelenen parametreleri ve bu parametrelerin göz önüne alınan düzeyleri

Populasyon sayısı (M)	İletişim olasılığı ($p_{iletişim}$)	Maden populasyon sayısı (α)
20	0.1	2
30	0.5	3
40	0.9	4
	1	5

ÇPPGA, Tablo 5.9’da göz önüne alınan parametreler ve bu parametrelerin farklı düzeylerinin her kombinasyonu için, Ek-1’de verilen 71 test probleminin her biri üzerinde 6 kez çalıştırılmıştır ($3 \times 4 \times 4 \times 6 \times 71 = 20448$ deney). Gerçekleştirilen deneylerde ÇPPGA’nın en fazla 800 jenerasyon çalışmasına izin verilmiştir. Her deneyde ÇPPGA ile elde edilen çözümün problemin en iyi çözümünden olan sapması, ÇPPGA’nın ortalama bir jenerasyon çalışma süresi, yapı taşı havuzlarının ortalama büyüklüğü ve yeniden başlatma operatörünün toplam yeniden başlattığı populasyon sayısı verileri kaydedilmiştir. Elde edilen sonuçlar Ek-2’de verilmiştir.

Yeniden başlatma operatörünün toplam yeniden başlattığı populasyon sayısı, populasyonlar arası yakınsama hızını yansıtmaktadır. Yeniden başlatılan populasyon sayısının fazla olması, populasyonlar arası yakınsama hızının fazla olduğu anlamına gelmektedir. Yapı taşı havuzları yapı taşı belirleme algoritması kullanılarak doldurulmaktadır. Yapı taşı belirleme algoritması ise maden populasyonların her ikili kombinasyonu için çalışmaktadır. Bir kromozom çiftinden elde edilen ortalama yapı taşı sayısı, populasyonlar arası çeşitliliğin bir ölçüsüdür ve yapı taşı havuzlarının büyüklüklerinden hareketle hesaplanabilir. Bir kromozom çiftinden elde edilen ortalama yapı taşı sayısının fazla olması, elde edilen yapı taşlarının derecelerinin düşük olmasına karşın sayılarının fazla olması anlamına gelmektedir. Bu nedenle bir kromozom çiftinden elde edilen yapı taşı sayısı ne kadar fazla ise, populasyonlar arası çeşitlilik de o kadar fazladır. İzleyen bölümlerde, Tablo 5.9’da verilen parametrelerin

farklı düzeylerinin populasyonlar arası yakınsama hızı, populasyonlar arası çeşitlilik ve elde edilen çözüm kaliteleri üzerindeki etkileri incelenmiştir.

5.5.6.1. İletişim operatörünün parametrelerinin populasyonlar arası yakınsama hızı üzerindeki etkilerinin incelenmesi

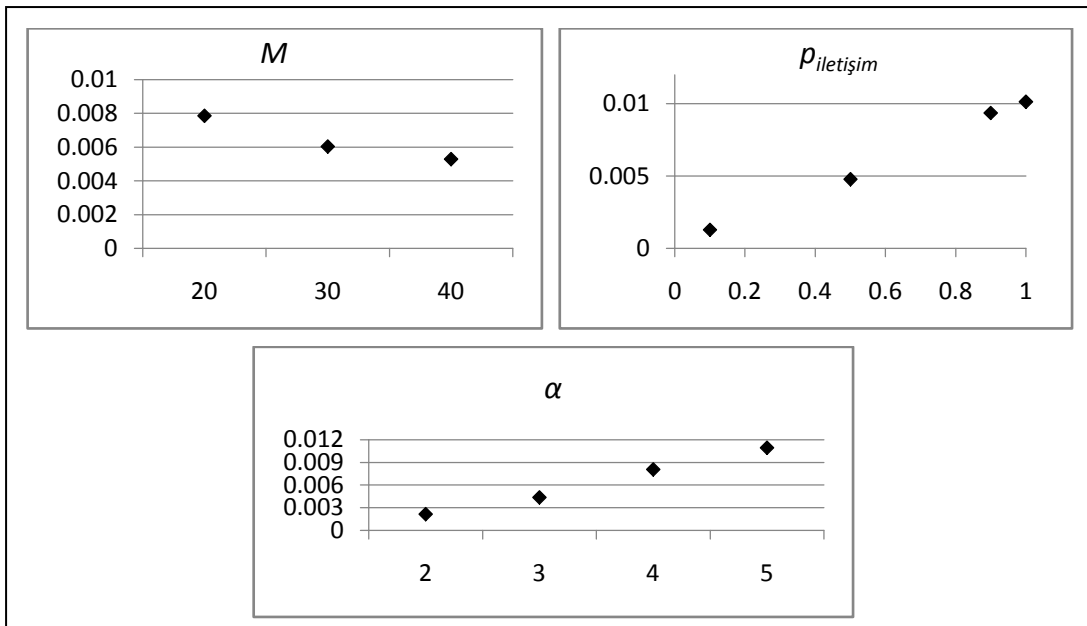
Populasyonlar arası çeşitlilik, populasyonların kromozom uzayının farklı bölgelerine ne ölçüde yayıldığıнын bir ölçüsüdür. Yeniden başlatma operatörü, her jenerasyonun başlangıcında bütün populasyonlardan elde edilen en iyi kromozomları birbirleri ile karşılaştırarak, uygunluk değerleri eşit ve sahip oldukları ortak ayrıtların oranı %95’den fazla olan kromozomlardan birisinin ait olduğu populasyonu rassal olarak yeniden başlatmaktadır. Bu nedenle, arama süresince gerçekleşen toplam yeniden başlatma sayısı, ilgili parametre düzeyleri için gerçekleşen populasyonlar arası yakınsama hızının bir ölçüsüdür.

Bu bölümde iletişim operatörünün Tablo 5.9’da verilen parametrelerinin farklı düzeylerinin populasyonlar arası yakınsama hızı üzerindeki etkilerini incelemek için, ilgili parametrelerin düzeylerinin toplam yeniden başlatma sayısı üzerindeki etkileri incelenmiştir. Farklı problemler farklı zorluk derecelerine sahip olduklarından, problemlerin zorluk derecelerinden kaynaklanan değişkenliğin model tarafından açıklanabilirliğini sağlamak için “problem” faktörü modele eklenmiştir. Ayrıca her bir deneyden elde edilen toplam yeniden başlatma sayısı populasyon sayısına bölünerek standartlaştırılmıştır. Bu standartlaştırılmış değerler populasyonlar arası yakınsama hızının bir ölçüsü olduğundan çalışmanın geri kalanında “standartlaştırılmış yeniden başlatma sayısı” ifadesi yerine “populasyonlar arası yakınsama hızı” ifadesi kullanılmıştır. Gerçekleştirilen varyans analizinde, faktörlerin (iletişim operatörünün etkisi incelenen parametrelerinin) populasyonlar arası yakınsama hızı üzerindeki ana etkileri, ikili etkileşim etkileri ve üçlü etkileşim etkileri incelenmiştir. Varyans analizi sonuçları Tablo 5.10’da verilmiştir.

Tablo 5.10: İletişim operatörünün parametrelerinin populasyonlar arası yakınsama hızı üzerindeki etkilerine ilişkin varyans analizi sonuçları

Değişkenlik kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalamaları	F değeri	Anlamlılık düzeyi (p)
<i>Problem</i>	70	0.538452	0.538452	0.007692	83.73	0
<i>M</i>	2	0.262877	0.262877	0.087626	953.8	0
<i>p</i> _{iletişim}	3	0.232899	0.232899	0.077633	845.03	0
α	3	0.023769	0.023769	0.011884	129.36	0
$M \times p$ _{iletişim}	6	0.096776	0.096776	0.010753	117.04	0
$M \times \alpha$	6	0.01166	0.01166	0.001943	21.15	0
p _{iletişim} $\times \alpha$	9	0.006701	0.006701	0.001117	12.16	0
$M \times p$ _{iletişim} $\times \alpha$	18	0.004791	0.004791	0.000266	2.9	0
Hata	20330	1.867728	1.867728	0.000092		
Toplam	20447	3.045652				

Tablo 5.10’da verilen varyans analizi sonuçlarına göre, göz önüne alınan tüm faktörlerin populasyonlar arası yakınsama hızı üzerindeki etkileri istatistiksel olarak anlamlıdır. İletişim operatörünün parametrelerine ilişkin faktörlerin ana etki grafikleri Şekil 5.17’de verilmiştir.



Şekil 5.17: Populasyonlar arası yakınsama hızı için *M*, *p*_{iletisim} ve α ana etki grafikleri

Şekil 5.17'den de görüldüğü gibi M 'in değerinin artması durumunda populasyonlar arası yakınsama hızı düşmekte, $p_{iletişim}$ ve α 'nın değerlerinin artması durumlarında ise populasyonlar arası yakınsama hızı artmaktadır.

Göz önüne alınan faktörlerin populasyon arası yakınsama hızı üzerindeki etkilerini, bu faktörlerin yapı taşlarının yayılma hızı üzerindeki etkileri ile birlikte değerlendirmek, populasyonlar arası yakınsama hızı ile yapı taşlarının yayılma hızı arasındaki bire bir etkileşimin daha net görülmesini sağlayacaktır. Denklem 5.13'de verilen γ_{yt} olasılığı, yapı taşlarının yayılma hızının kestiricisidir. γ_{yt} olasılığı, Denklem 5.3'de verilen hipergeometrik dağılım kullanılarak $k \geq \alpha$ için tekrar yazıldığında,

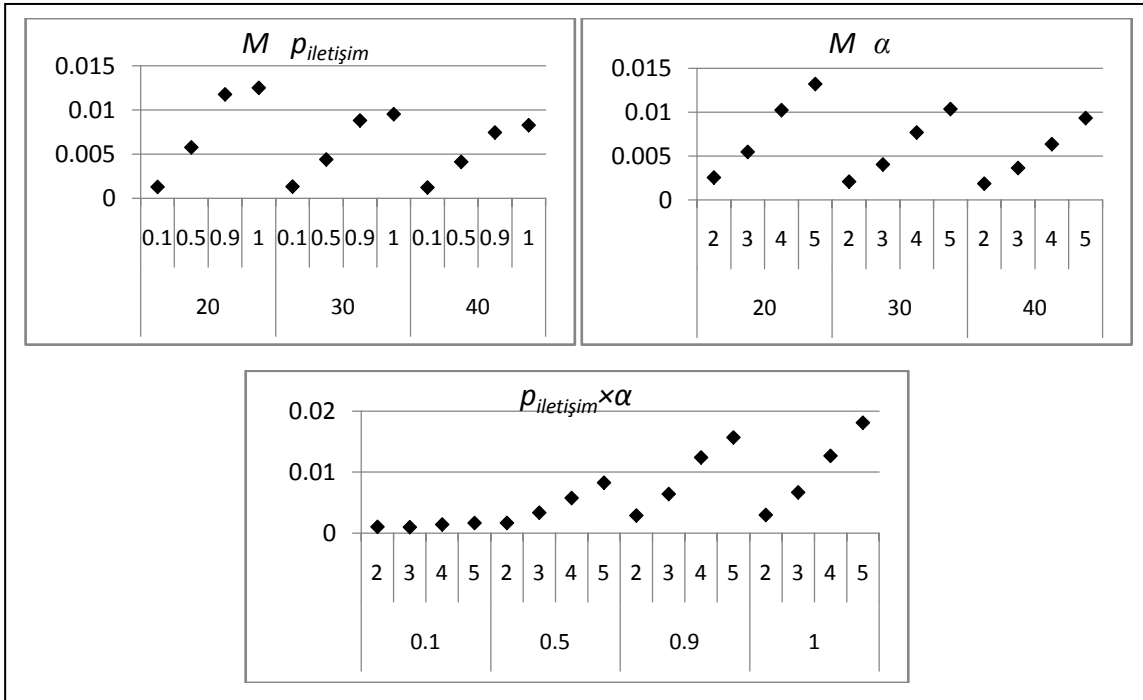
$$\begin{aligned}
 \gamma_{yt} &\cong p_{iletişim} \times \sum_{x=2}^{\alpha} \frac{\binom{k}{x} \times \binom{M-1-k}{\alpha-x}}{\binom{M-1}{\alpha}} \\
 &\cong p_{iletişim} \times \sum_{x=2}^{\alpha} \frac{k!}{(k-x)!x!} \times \frac{(M-1-k)!}{(M-1-k-\alpha+x)! (\alpha-x)!} \\
 &\quad \frac{(M-1)!}{(M-1-\alpha)! \alpha!} \\
 &\cong p_{iletişim} \times \sum_{x=2}^{\alpha} \frac{k!}{(k-x)!x!} \times \frac{(M-1-k)!}{(M-1-k-\alpha+x)! (\alpha-x)!} \times \frac{(M-1-\alpha)! \alpha!}{(M-1)!} \\
 \gamma_{yt} &\cong p_{iletişim} \times \sum_{x=2}^{\alpha} \frac{k!}{(k-x)!x!} \times \frac{\prod_{i=0}^{k-x-1} (M-1-\alpha-i)}{\prod_{i=0}^{k-1} (M-1-i)} \times \prod_{i=0}^{x-1} (\alpha-i) \quad 5.14
 \end{aligned}$$

elde edilir. Denklem 5.14'de verilen yapı taşı yayılma hızı eşitliğinde, iletişim olasılığının ($p_{iletişim}$) değerindeki artışın, yapı taşı yayılma hızı üzerinde aynı oranda artışa sebep olacağı görülmektedir. Nitekim Şekil 5.17 incelendiğinde, iletişim olasılığındaki artışın populasyonlar arası yakınsama hızında aynı oranda artışa neden olduğu görülmektedir.

Denklem 5.14'de populasyon sayısını (M) içeren bileşenler $\left(\frac{\prod_{i=0}^{k-x-1} (M-1-\alpha-i)}{\prod_{i=0}^{k-1} (M-1-i)} \right)$ incelendiğinde, M 'in değerindeki artışların yapı taşlarının yayılma

hızını düşürdüğü görülmektedir. Ayrıca $\frac{\prod_{i=0}^{k-x-1}(M-1-\alpha-i)}{\prod_{i=0}^{k-1}(M-1-i)}$ oranında M 'in değeri arttıkça, yapı taşı yayılma hızındaki düşüş miktarı da azalmaktadır. Nitekim Şekil 5.17'de, M 'in değerinin düşmesinin popülasyonlar arası yakınsama hızını düşürdüğü ve M 'in değerinin 20'den 30'a çıkması ile elde edilen popülasyonlar arası yakınsama hızındaki düşüş miktarının, M 'in değerinin 30'dan 40'a çıkması ile elde edilen düşüş miktarından daha fazla olduğu görülmektedir.

Denklem 5.14'de maden popülasyonu sayısını (α) içeren bileşenler incelendiğinde $(\prod_{i=0}^{k-x-1}(M-1-\alpha-i) \times \prod_{i=0}^{x-1}(\alpha-i))$, α 'nın değerindeki artışın yapı taşlarının yayılma hızını da arttıracığı görülebilir. Nitekim Şekil 5.17'de, α 'nın değerindeki artışın popülasyonlar arası yakınsama hızında da artışa neden olduğu görülmektedir. Ana etki grafiklerine dayanarak, yapı taşlarının yayılma hızındaki artışın, popülasyonlar arası yakınsama hızında benzer oranlarda artışa sebep olduğu söylenebilir. Benzer durum Şekil 5.18'de verilen ikili etkileşim grafiklerinde de söz konusudur.

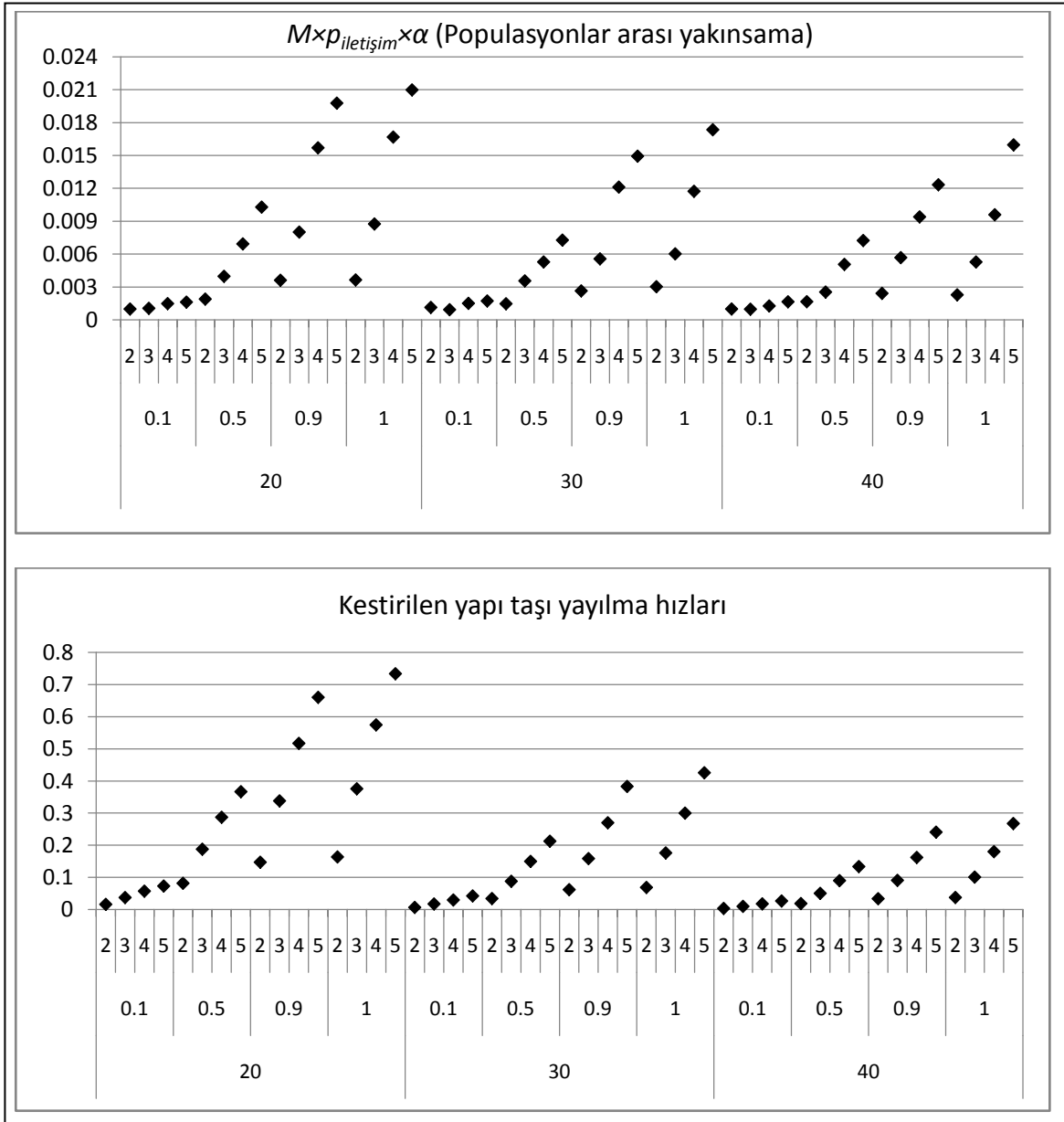


Şekil 5.18: Popülasyonlar arası yakınsama hızı için $M \times p_{iletisim}$, $M \times \alpha$ ve $p_{iletisim} \times \alpha$ ikili etkileşim grafikleri

Şekil 5.18’de verilen ikili etkileşim grafiklerinde, M ’in değerindeki artışın hem $p_{iletişim}$ ’in, hem de α ’nın değerindeki artışlara bağlı olarak yaşanan populasyonlar arası yakınsama hızındaki artış miktarını bir miktar azalttığı görülmektedir. M ’in yapı taşlarının yayılma hızını düşürücü etkisi göz önüne alındığında, bu durum oldukça anlamlıdır. Diğer yandan, $p_{iletişim}$ ve α faktörlerinin her ikisi de yapı taşlarının yayılma hızını arttırıcı etkiye sahiptir. Her ikisinin birden değerinin artması yapı taşlarının yayılma hızının çok daha hızlı artmasına neden olacaktır. Nitekim bu iki faktörün ikili etkileşimleri incelendiğinde, populasyonlar arası yakınsama hızında da aynı etkiyi yarattıkları görülmektedir.

Son olarak faktörlerin üçlü etkileşim grafikleri Şekil 5.19’da verilmiştir. Bir yapı taşına sahip populasyon sayısı (k) önceden bilinmediğinden, Denklem 5.14’de $k = 8$ değeri kullanılarak, iletişim parametrelerinin düzeylerinin her bir kombinasyonu için kestirilen yapı taşı yayılma hızlarına da Şekil 5.19’da yer verilmiştir.

Şekil 5.19’dan da görüldüğü gibi kestirilen yapı taşı yayılma hızları ile populasyonlar arası yakınsama hızları grafikleri büyük ölçüde benzerdir. Kestirilen yapı taşı yayılma hızlarının M ’in değeri arttıkça populasyonlar arası yakınsama hızlarına göre daha fazla düşmüş olmasının sebebi, M ’in her düzeyi için $k = 8$ değeri kullanılarak yapı taşı hızlarının kestirilmiş olmasından kaynaklanmaktadır. M ’in değeri arttıkça k ’nın da değerinin artması beklenir. Bu nedenle iki grafiği M ’in farklı düzeylerinde ayrı ayrı karşılaştırmak uygundur. Sonuç olarak, Şekil 5.19’a dayanarak, iletişim operatörünün parametrelerinin farklı düzeylerinin, yapı taşlarının yayılma hızını ve dolayısıyla populasyonlar arası yakınsama hızını Denklem 5.13 ve 5.14’e bağlı olarak kontrol edebildiğini söylemek mümkündür. İzleyen bölümde iletişim operatörünün parametrelerinin populasyonlar arası çeşitlilik üzerindeki etkisi incelenmiştir.



Şekil 5.19: Populasyonlar arası yakınsama hızı için $M \times p_{iletisim} \times \alpha$ üçlü etkileşim grafiği

5.5.6.2. İletişim operatörünün parametrelerinin populasyonlar arası çeşitlilik üzerindeki etkilerinin incelenmesi

Bu bölümde, iletişim operatörünün parametrelerinin farklı düzeylerinin populasyonlar arası çeşitlilik üzerindeki etkisi incelenmiştir. Populasyonlar arası çeşitliliğin ölçüsü olarak, bir kromozom çiftinden elde edilen ortalama yapı taşı sayısı

kullanılmıştır. Bir kromozom çiftinden elde edilen ortalama yapı taşı sayısı, elde edilen yapı taşlarının ortalama derecesi ile yakından ilişkilidir. Kromozomlarda yer alan yapı taşlarının ortalama derecesi \bar{o} olduğunda, N tane genden oluşan bir kromozomdan elde edilebilir en fazla yapı taşı sayısı $\frac{N}{\bar{o}}$ olacaktır. Dolayısıyla \bar{o} ne kadar düşük olursa elde edilen yapı taşlarının sayısı da o kadar yüksek olabilir. Bu nedenle bir kromozom çiftinden elde edilen yapı taşı sayısının fazla olması, populasyonlar arası çeşitliliğin de fazla olduğunu ifade etmektedir. Populasyonlar arası çeşitlilik düştükçe elde edilen yapı taşlarının ortalama derecesi de artacağından, bir kromozom çiftinden elde edilen ortalama yapı taşı sayısı da düşecektir. En uç durumda, iki kromozom birbiri ile aynı olduğunda, bu kromozom çiftinden elde edilecek yapı taşı bir tane olacaktır.

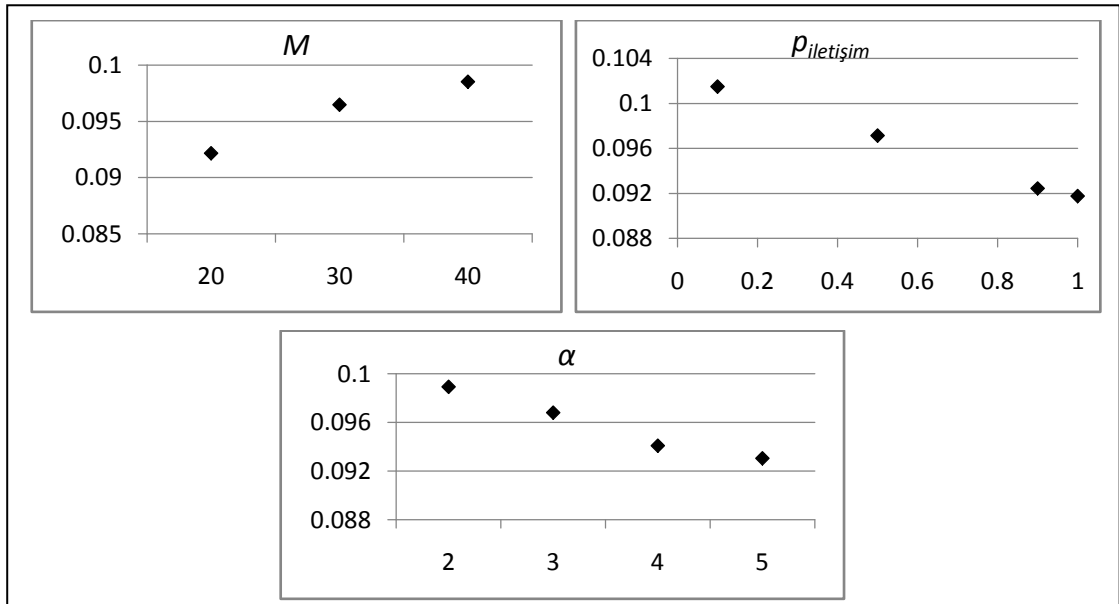
Gerçekleştirilen deneylerde, yapı taşı havuzu her doldurulduğunda havuzdaki yapı taşı sayısı belirlenmiş ve her deney için ortalama yapı taşı havuzu büyüklüğü hesaplanmıştır. N büyüklüğüne sahip bir GSP probleminin çözümünde yer alan ayrıt sayısı N olduğundan ve GSP’de yapı taşları ayrıtlardan oluştuğundan, yapı taşı havuzunun büyüklüğü üzerindeki en önemli faktör problemdeki düğüm sayısıdır. Bu nedenle, yapı taşı havuzlarının ortalama büyüklükleri N^2 e bölünerek standartlaştırılmıştır. Bir yapı taşı havuzunun büyüklüğü üzerinde etkili olan diğer bir faktör de maden populasyonu sayısıdır (α). Her bir yapı taşı havuzu $\frac{\alpha!}{(\alpha-2)!2!}$ kromozom çifti arasında belirlenen yapı taşları ile doldurulduğundan, standartlaştırılmış yapı taşı havuzu büyüklükleri $\frac{\alpha!}{(\alpha-2)!2!}$ e bölünerek, *bir kromozom çiftinden elde edilen ortalama standartlaştırılmış yapı taşı sayısı* belirlenmiştir. Bir kromozom çiftinden elde edilen ortalama standartlaştırılmış yapı taşı sayısı populasyonlar arası çeşitliliğin bir ölçüsü olarak kullanıldığından, bu bölümde populasyonlar arası çeşitlilik ifadesiyle, bir kromozom çiftinden elde edilen ortalama standartlaştırılmış yapı taşı sayısı kastedilmektedir.

İletişim operatörünün incelenen parametrelerinin populasyonlar arası çeşitlilik üzerindeki ana etkilerinin, ikili etkilerinin ve üçlü etkilerinin anlamlılığının analiz edildiği varyans analizi sonuçları Tablo 5.11’de verilmiştir.

Tablo 5.11: İletişim operatörünün parametrelerinin populasyonlar arası çeşitlilik üzerindeki etkilerine ilişkin varyans analizi sonuçları

Değişkenlik kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalamaları	F değeri	Anlamlılık düzeyi (p)
M	2	0.315596	0.315596	0.105199	375.31	0
$p_{iletisim}$	3	0.108621	0.108621	0.036207	129.17	0
α	3	0.143785	0.143785	0.071892	256.48	0
$M \times p_{iletisim}$	6	0.047752	0.047752	0.005306	18.93	0
$M \times \alpha$	6	0.01344	0.01344	0.00224	7.99	0
$p_{iletisim} \times \alpha$	9	0.007079	0.007079	0.00118	4.21	0
$M \times p_{iletisim} \times \alpha$	18	0.003358	0.003358	0.000187	0.67	0.848
Hata	20400	5.718084	5.718084	0.00028		
Toplam	20447	6.357716				

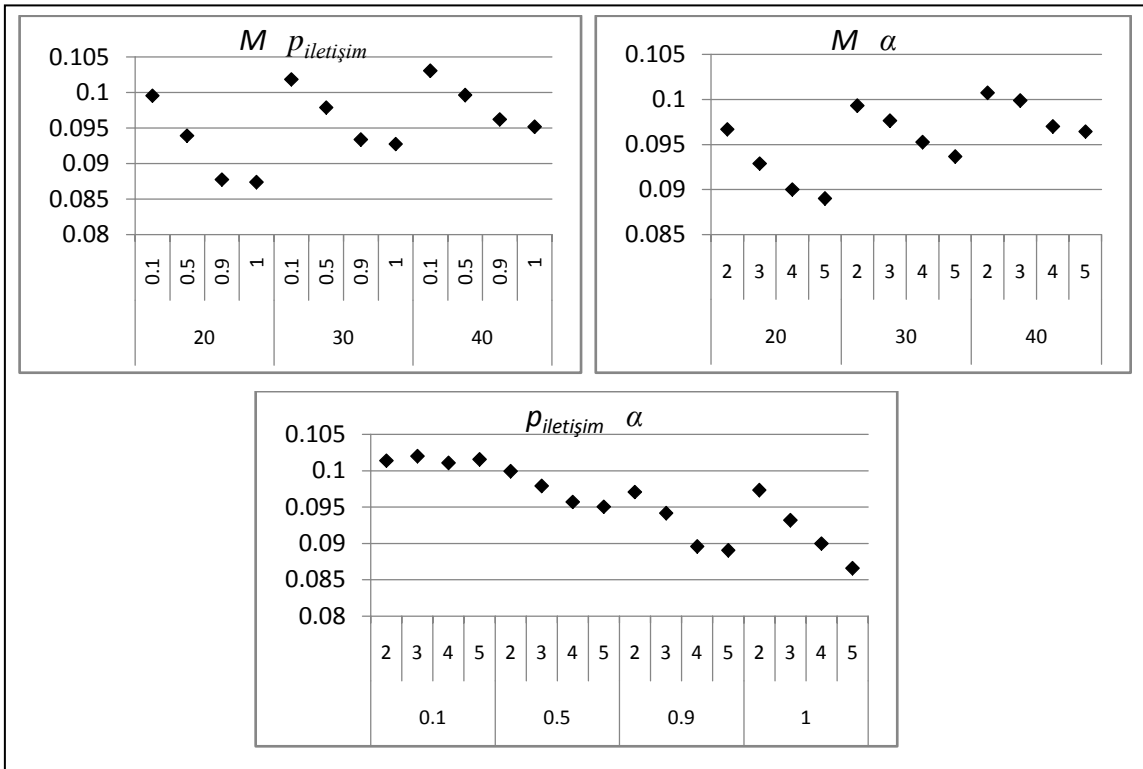
Tablo 5.11’de verilen varyans analizi sonuçlarına göre, üçlü etkileşim faktörü dışındaki tüm faktörlerin populasyonlar arası çeşitlilik üzerindeki etkileri istatistiksel olarak anlamlıdır. Faktörlerin ana etki grafikleri Şekil 5.20’de verilmiştir.



Şekil 5.20: Populasyonlar arası çeşitlilik için M , $p_{iletisim}$ ve α ana etki grafikleri

Şekil 5.20’de verilen ana etki grafikleri Şekil 5.17’de populasyonlar arası yakınsama hızı için verilen ana etki grafikleri ile birlikte incelendiğinde, M , $p_{iletisim}$ ve α parametrelerinin farklı düzeylerinin populasyonlar arası yakınsama hızına olan etkilerinin, ters yönlü olarak populasyonlar arası çeşitliliğe yansıdığı görülebilir. M ’in değeri arttıkça populasyonlar arası yakınsama hızı düşerken, populasyonlar arası çeşitlilik artmaktadır. Aynı ters ilişki, iletişim olasılığı ($p_{iletisim}$) ve maden populasyonu sayısı (α) parametreleri için de söz konusudur.

Faktörlerin ikili etkileşim grafikleri Şekil 5.21’de verilmiştir. Ana etki grafiklerinde populasyonlar arası yakınsama hızı ile populasyonlar arası çeşitlilik arasında gözlemlenen ters ilişkiyi, Şekil 5.21 ve Şekil 5.18’de verilen ikili etkileşim grafikleri arasında da gözlemlenmek mümkündür.



Şekil 5.21: Populasyonlar arası çeşitlilik için $M \times \alpha$, $p_{iletisim} \times \alpha$ ve $M \times p_{iletisim}$ ikili etkileşim grafikleri

Bu bölümde iletişim mekanizmasının parametrelerinin populasyonlar arası çeşitlilik üzerindeki etkileri analiz edilmiş ve istatistiksel olarak anlamlı bulunan etkilerin, iletişim operatörünün parametrelerinin populasyonlar arası yakınsama hızı üzerindeki etkileri ile açıklanabileceği görülmüştür. Populasyonlar arası yakınsama hızındaki artışların (düşüşlerin) populasyonlar arası çeşitlilik üzerinde düşüşe (artışa) neden olduğu görülmüştür. İzleyen bölümde iletişim operatörünün parametrelerinin elde edilen çözüm kaliteleri üzerindeki etkileri incelenerek, parametrelerin hangi düzeylerinin kullanılması gerektiği belirlenmiştir.

5.5.6.3. İletişim operatörünün parametrelerinin elde edilen çözüm kalitesi üzerindeki etkilerinin incelenmesi

Bu bölümde, iletişim operatörünün parametrelerinin farklı düzeylerinin elde edilen çözüm kaliteleri üzerindeki etkileri incelenmiştir. Elde edilen çözümlerin kaliteleri, elde edilen çözümlerin problemin en iyi çözümünden olan sapma oranları ile ölçülmüştür. Sapma oranları aşağıda verilen eşitlik kullanılarak hesaplanmıştır.

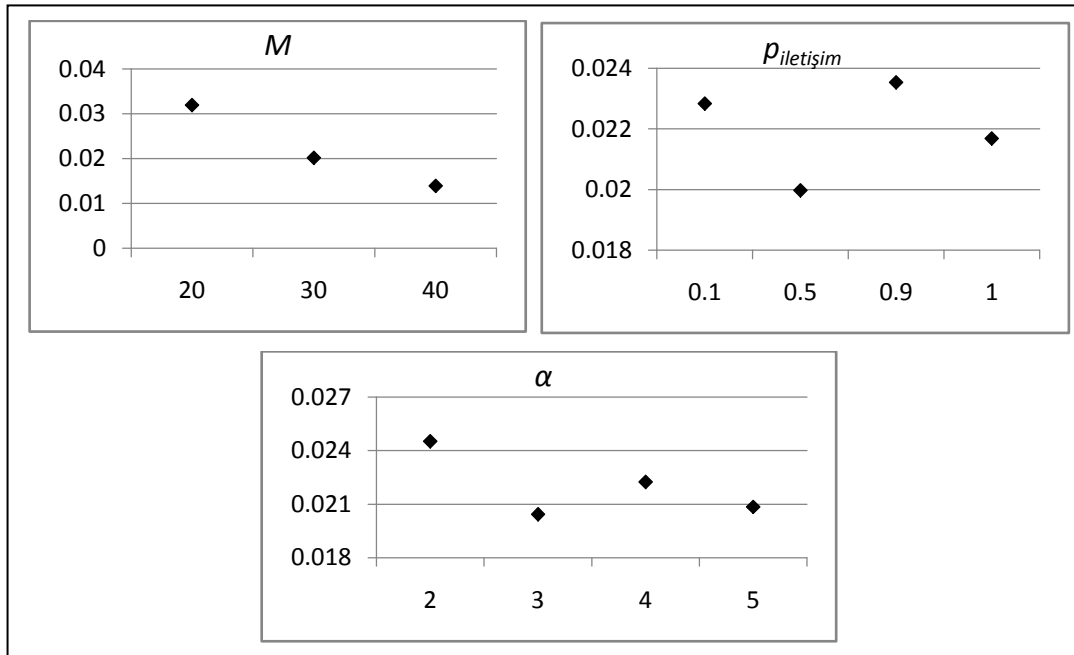
$$sapma = \frac{\text{bulunan çözüm} - \text{en iyi çözüm}}{\text{en iyi çözüm}} \times 100$$

Farklı test problemleri farklı zorluk derecelerine sahip olduklarından, test problemleri ayrı bir faktör olarak ele alınmış, böylece test problemlerinin farklı zorluk düzeylerinin en iyi çözümden olan sapma oranı üzerindeki etkisi arındırılmaya çalışılmıştır. Varyans analizi sonuçları Tablo 5.12’de verilmiştir.

Tablo 5.12’den de görüldüğü gibi çözüm kalitesi üzerinde en güçlü etkiye sahip faktör test problemleridir. Varyans analizi sonuçlarına göre etkisi istatistiksel olarak anlamlı bulunan diğer faktörler M , $p_{iletişim}$ ve α ana faktörleri, $p_{iletişim} \times \alpha$ ikili etkileşim faktörü ve $M \times p_{iletişim} \times \alpha$ üçlü etkileşim faktörüdür. İstatistiksel olarak etkisi anlamsız bulunan iki faktör ise $M \times p_{iletişim}$ ve $M \times \alpha$ ikili etkileşim faktörleridir. Faktörlerin ana etki grafikleri Şekil 5.22’de verilmiştir.

Tablo 5.12: İletişim operatörünün parametrelerinin elde edilen çözüm kalitesi üzerindeki etkilerine ilişkin varyans analizi sonuçları

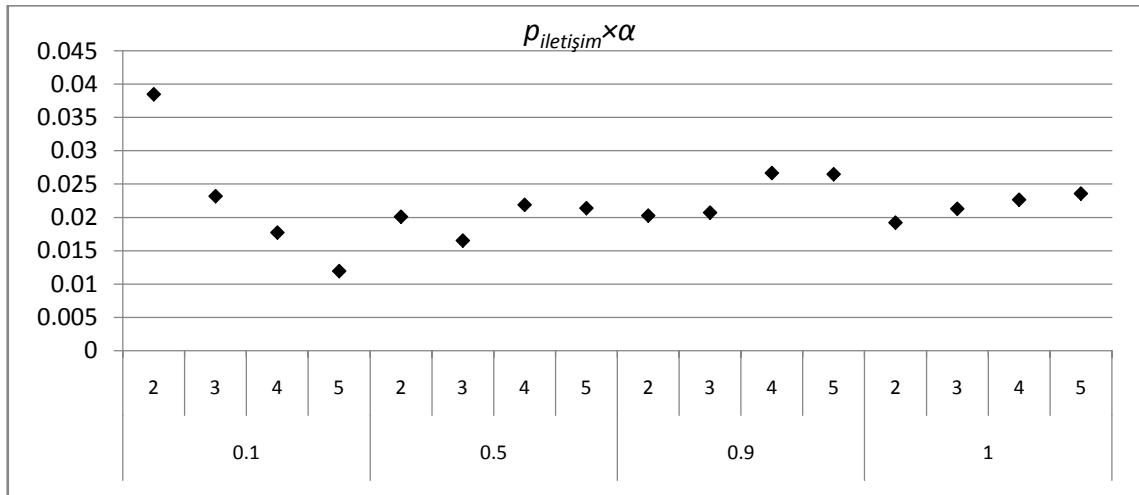
Değişkenlik kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalamaları	F değeri	Anlamlılık düzeyi (p)
<i>Problem</i>	70	87.98923	87.98923	1.25699	289.35	0
<i>M</i>	2	1.73672	1.73672	0.86836	199.89	0
<i>p_{iletişim}</i>	3	0.08077	0.08077	0.02692	6.2	0
α	3	0.07162	0.07162	0.02387	5.5	0.001
$M \times p_{iletişim}$	6	0.02076	0.02076	0.00346	0.8	0.573
$M \times \alpha$	6	0.02969	0.02969	0.00495	1.14	0.337
$p_{iletişim} \times \alpha$	9	0.78185	0.78185	0.08687	20	0
$M \times p_{iletişim} \times \alpha$	18	0.21184	0.21184	0.01177	2.71	0
Hata	20330	88.31775	88.31775	0.00434		
Toplam	20447	179.2402				



Şekil 5.22: Elde edilen çözüm kaliteleri için M , $p_{iletişim}$ ve α ana etki grafikleri

Ana etki grafiklerinde, popülasyon sayısı (M) arttıkça elde edilen çözüm kalitelerinin iyileştiği görülmektedir. Bunun nedeni, M 'in değerinin artmasına bağlı

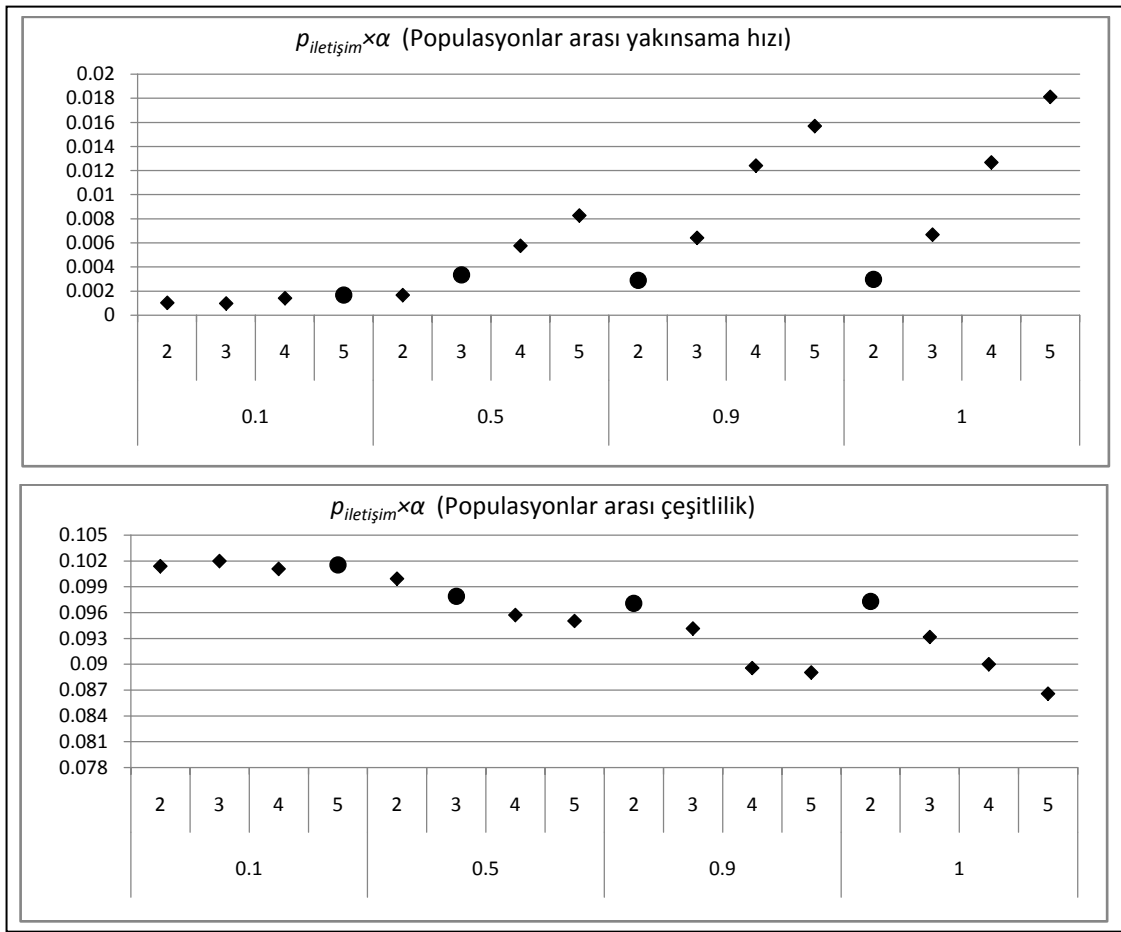
olarak populasyonlar arası yakınsama hızındaki düşüşün ve populasyonlar arası çeşitlilikteki artışın, elde edilen çözüm kaliteleri üzerinde olumlu bir etkiye sahip olmasıdır. Şekil 5.22’de $p_{iletişim} = 0.5$ için ÇPPGANın ortalamada daha iyi çözümler verdiği görülmektedir. Benzer şekilde $\alpha = 3$ için, elde edilen çözümleri ortalaması daha iyidir. Ancak $p_{iletişim} \times \alpha$ ikili etkileşim ve $M \times p_{iletişim} \times \alpha$ üçlü etkileşim faktörlerinin etkileri istatistiksel olarak anlamlı bulunduğundan, iletişim mekanizmasının parametrelerinin değerlerini belirlemeden önce bu grafiklerin de incelenmesi gerekmektedir.



Şekil 5.23: Elde edilen çözüm kaliteleri için $p_{iletişim} \times \alpha$ ikili etkileşim grafiği

$p_{iletişim} \times \alpha$ ikili etkileşim grafiği Şekil 5.23’de verilmiştir. Geliştirilen iletişim operatörü için $p_{iletişim}$ ve α parametreleri gerçekleştirilecek olan iletişim miktarının bir ölçüsüdür. Bu bağlamda, Şekil 5.23’de dikkat çeken ilk nokta iletişim miktarının belirli bir düzeyin altına inmesi ve çıkmasıyla elde edilen çözüm kalitelerinin bozulmasıdır. İletişim miktarı gereğinden az olduğunda iletişim operatörü farklı populasyonlardan elde edilen farklı yapı taşlarını birleştirmede yetersiz kalmaktadır ve ÇPPGANın performansı düşmektedir. İletişim miktarı gereğinden fazla olduğunda ise, populasyonlar arası yakınsama hızı artmakta ve buna bağlı olarak elde edilen bazı yapı taşları henüz değerlendirilemeden kaybedilmektedir.

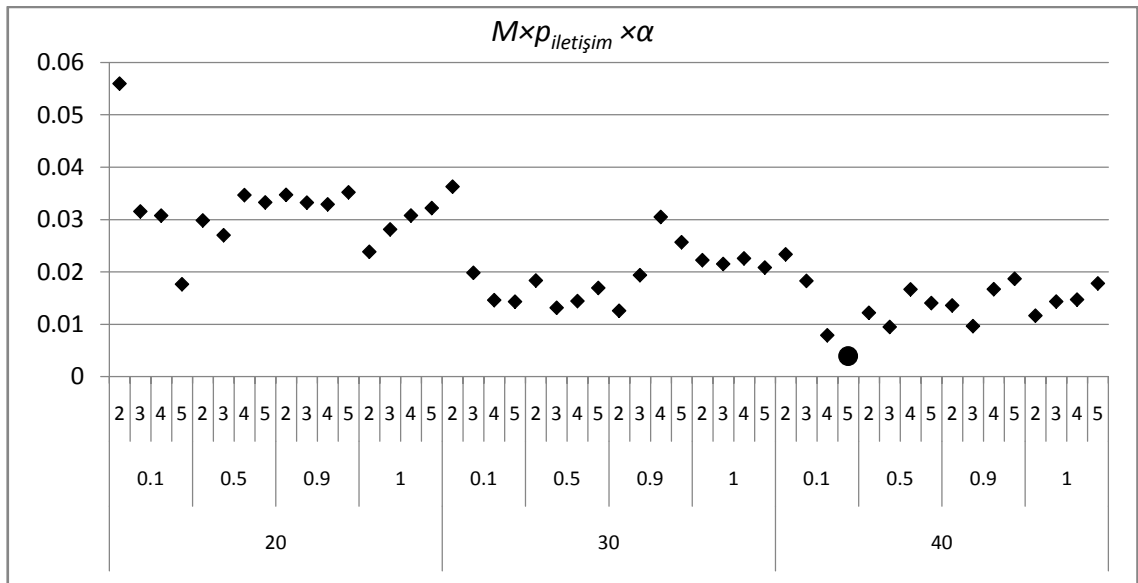
$p_{iletisim} \times \alpha$ ikili etkileşim grafiğinde, $p_{iletisim} = 0.1$ için $\alpha = 5$, $p_{iletisim} = 0.5$ için $\alpha = 3$, $p_{iletisim} = 0.9$ ve $p_{iletisim} = 1.0$ için $\alpha = 2$ düzeylerinde daha iyi çözümlerin elde edildiği görülmektedir. Şekil 5.23’de verilen $p_{iletisim} \times \alpha$ ikili etkileşim grafiğinde iletişim olasılığının her bir düzeyi için elde edilen en düşük sapma oranları, Şekil 5.24’de populasyonlar arası yakınsama hızı ve populasyonlar arası çeşitlilik grafiklerinde işaretlenmiştir.



Şekil 5.24: Populasyonlar arası yakınsama hızı ve populasyonlar arası çeşitlilik için $p_{iletisim} \times \alpha$ ikili etkileşim grafikleri üzerinde $p_{iletisim}$ 'in her bir düzeyinde en iyi çözüm kalitesinin elde edildiği noktalar

Şekil 5.24’den de görüldüğü gibi iletişim olasılığının farklı düzeylerinde, populasyonlar arası çeşitlilik ile populasyonlar arası yakınsama hızı arasında farklı yöntemlerle denge kurulmuştur. Farklı denge noktalarında elde edilen farklı çözüm

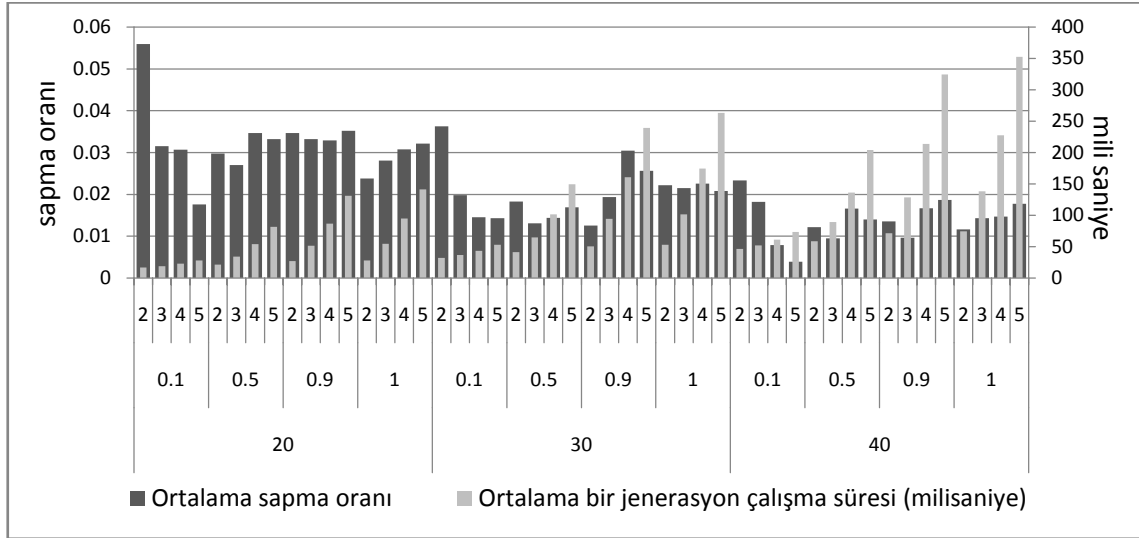
kalitelerinin sebebi, populasyonlar arası dengenin kuruluş yönteminden kaynaklanmaktadır. Örneğin $p_{iletişim} = 0.1$ ve $\alpha = 5$ düzeyleri kullanıldığında, iletişim seyrek yapılmakta, havuz zengin tutularak iletişim operatörünün daha fazla yapı taşı arasından seçim yapması sağlanmakta ve aç gözlü GAya aktarılan yapı taşlarını populasyon içinde değerlendirebilmesi için daha fazla vakit tanınmaktadır. $p_{iletişim} = 1.0$ ve $\alpha = 2$ düzeyleri kullanıldığında ise, sürekli iletişim yapılmakta, iletişim operatörü daha az sayıda yapı taşını içeren bir havuzdan faydalanmakta ve aç gözlü GAya aktarılan yapı taşlarını değerlendirebilmesi için daha az vakit tanınmaktadır. Dolayısıyla populasyonlar arası yakınsama hızı ve çeşitlilik arasında farklı $p_{iletişim}$ ve α düzeyleri için kurulmuş farklı dengeler, populasyonların birbirlerine yakınsarken izleyecekleri farklı yollara karşılık gelmektedir.



Şekil 5.25: Elde edilen çözüm kaliteleri için $M \times p_{iletişim} \times \alpha$ üçlü etkileşim grafiği

Faktörlerin üçlü etkileşim grafiği Şekil 5.25'de verilmiştir. Şekil 5.25'den de görüldüğü gibi en kötü ortalama çözüm kaliteleri $p_{iletişim} = 0.1$ ve $\alpha = 2$ düzeylerinde elde edilmiştir. İletişim olasılığının ve maden populasyonu sayısının bu düzeyleri, iletişimin en az gerçekleştirildiği düzeylerdir. Bu düzeyler için ÇPPGANın performansının kötü olması, iletişimin önemini göstermektedir. Ayrıca, Şekil 5.23'de en kaliteli çözümleri veren $p_{iletişim} = 0.1$ ve $\alpha = 5$ düzeyleri, Şekil 5.25'de de $M = 40$

düzeyi ile birlikte en kaliteli çözümleri vermiştir. Ancak elde edilen çözüm kalitelerinin yanı sıra, bu parametrelerin işlem süresi üzerindeki etkileri de önemlidir. İletişim operatörünün parametrelerinin üçlü kombinasyonlarından elde edilen ortalama sapma oranları ile ortalama bir jenerasyon çalışma süreleri Şekil 5.26’da karşılaştırılmıştır.



Şekil 5.26: İletişim operatörünün parametrelerinin çözüm kalitesi ve işlem süresi üzerindeki etkileri

Şekil 5.26’da popülasyon sayısı arttıkça işlem süresinin de arttığı açıkça görülmektedir. En iyi ortalama sapma oranını veren $M = 40$, $p_{iletişim} = 0.1$ ve $\alpha = 5$ düzeyinde işlem süresi kabul edilebilir düzeydedir. Sonuç olarak iletişim operatörünün parametreleri için belirlenen düzeyler Tablo 5.13’de verilmiştir.

Tablo 5.13: İletişim operatörünün parametrelerinin belirlenen düzeyleri

Parametreler	Belirlenen düzeyleri
Topolojinin yapısı	Dinamik
Yapı taşı derecesi eşiği ($o_{eşik}$)	4
Yapı taşı seçme olasılığı ($p_{yapı\ taşı}$)	0.3
Yapı taşı filtreleme olasılığı (p_{filtre})	0.5
Popülasyon sayısı (M)	40
Maden popülasyonu sayısı (α)	5
İletişim olasılığı ($p_{iletişim}$)	0.1

İzleyen bölümde, iletişim operatörünün Tablo 5.13’de verilen parametre düzeyleri kullanılarak elde edilen ÇPPGA performansı, literatürde göz önüne alınan test problemleri için raporlanmış çeşitli sonuçlar ile karşılaştırılmıştır.

BÖLÜM 6

GELİŞTİRİLEN ÇOK POPULASYONLU PARALEL GENETİK ALGORİTMANIN PERFORMANSININ İNCELENMESİ

Geliştirilen ÇPPGANın performansını incelemek için, aç gözlü GA için Tablo 5.6'da ve iletişim operatörü için Tablo 5.13'de verilen parametre değerleri kullanılmıştır. ÇPPGA Bölüm 2.1'de verilen 71 test probleminin her biri için beş kez çalıştırılmıştır. Her bir çalıştırmada ÇPPGA için farklı bir rassal sayı dizisi kullanılmıştır. ÇPPGA için iki durma kriteri kullanılmıştır: en fazla jenerasyon sayısı 5000 veya problemin en iyi çözümünün bulunması. Test problemlerinin en iyi çözümleri bilindiğinden, ÇPPGANın en iyi çözümü bulduğu anda durması sağlanmıştır. Eğer problemin en iyi çözümü bulunamazsa, ÇPPGANın en fazla 5000 jenerasyon çalışmasına izin verilmiştir. Gerçekleştirilen deneylerde, ÇPPGANın bulabildiği en kaliteli çözümü bulmak için harcadığı zaman ve elde edilen çözümün problemin en iyi çözümünden olan sapma oranı verileri toplanmıştır. Sapma oranları Denklem 6.1 kullanılarak hesaplanmıştır.

$$sapma\ oranı = \frac{bulunan\ çözüm - en\ iyi\ çözüm}{en\ iyi\ çözüm} \times 100 \quad 6.1$$

Çok populasyonlu yapının ÇPPGANın performansına olan katkısını göstermek amacıyla, aç gözlü GAnın çok populasyonlu yapı yerine bir tek büyük populasyon üzerinde çalışması (GAtékPop) durumunda elde edilen çözümler, ÇPPGA kullanılarak elde edilen çözümler ile SGSP için Tablo 6.1'de ve AGSP için Tablo 6.2'de karşılaştırılmıştır. GAtékPop için populasyon büyüklüğü $m = 400$ ve turnuva büyüklüğü $t = 10$ kullanılmıştır. GAtékPop için kullanılan diğer parametrelerin değerleri Tablo 5.6'da verilen parametre değerleri ile aynıdır.

Tablo 6.1: ÇPPGA ile SGSP için elde edilen çözümlerin bir tek büyük popülasyon kullanılması durumunda elde edilen çözümler ile karşılaştırılması

Problem	N	ÇPPGA				GAtékPop			
		Min	Maks	Ort	Süre (sn.)	Min	Maks	Ort	Süre (sn.)
ulysses16	16	0	0	0	0.099	0	0	0	0.324
gr17	17	0	0	0	0.047	0	0	0	0.024
gr21	21	0	0	0	0.099	0	0	0	0.040
ulysses22	22	0	0	0	0.219	0	0	0	0.042
gr24	24	0	0	0	0.219	0	0	0	0.072
fri26	26	0	0	0	0.125	0	0	0	0.034
bayg29	29	0	0	0	0.333	0	0	0	0.090
bays29	29	0	0	0	0.552	0	0	0	1.885
swiss42	42	0	0	0	0.458	0	0	0	0.148
att48	48	0	0	0	1.214	0	0.235	0.094	0.270
gr48	48	0	0	0	1.443	0	0	0	27.862
hk48	48	0	0	0	0.714	0	0	0	7.060
eil51	51	0	0	0	2.922	0.235	0.235	0.235	0.535
berlin52	52	0	0	0	0.870	0	0	0	0.194
brazil58	58	0	0	0	1.688	0	0	0	1.011
st70	70	0	0	0	3.219	0	0.741	0.267	7.028
eil76	76	0	0	0	8.151	0	1.487	0.372	53.072
pr76	76	0	0	0	3.391	0	0.856	0.331	32.603
gr96	96	0	0	0	5.594	0	0.205	0.041	37.588
rat99	99	0	0	0	8.828	0	0.083	0.033	10.559
kroA100	100	0	0	0	4.339	0	0	0	13.393
kroB100	100	0	0	0	37.349	0	0.434	0.226	7.246
kroC100	100	0	0	0	3.896	0	0	0	59.510
kroD100	100	0	0	0	15.198	0	0	0	79.162
rd100	100	0	0	0	19.719	0	0.607	0.121	55.560
eil101	101	0	0	0	19.260	0	0.159	0.032	42.509
lin105	105	0	0	0	5.469	0	0	0	2.940
pr107	107	0	0	0	4.609	0	0.404	0.119	76.322
gr120	120	0	0.202	0.067	133.479	0.202	0.317	0.259	119.680
bier127	127	0	0	0	43.240	0.366	0.868	0.551	38.674
ch130	130	0	0	0	42.104	0.229	1.244	0.799	218.011
pr136	136	0	0	0	30.719	0	1.094	0.422	219.494
gr137	137	0	0	0	16.495	0.182	1.025	0.517	16.277
pr144	144	0	0	0	11.182	0	0.386	0.095	11.106
ch150	150	0	0.077	0.026	62.776	0.322	1.700	0.873	29.613
kroA150	150	0	0	0	28.370	0.004	0.550	0.248	260.777
kroB150	150	0	0.008	0.003	46.464	0.008	0.077	0.021	79.937
pr152	152	0	0	0	13.375	0	0.269	0.181	89.334
si175	175	0	0	0	243.198	0.033	0.210	0.099	220.834
brg180	180	0	0.513	0.342	110.255	0	0	0	0.931
rat195	195	0	0.086	0.057	312.781	0.430	1.378	0.723	503.937
d198	198	0	0	0	423.094	0	0.406	0.186	661.427
kroA200	200	0	0	0	70.911	0.208	0.879	0.520	303.030
gr202	202	0	0.002	0.002	1070.036	0	1.424	0.690	302.655
tsp225	225	0	0.740	0.340	1638.833	0.740	0.995	0.842	2114.839
pr226	226	0	0	0	31.057	0	0.525	0.125	93.775
pr264	264	0	0	0	53.844	0	2.131	0.752	22.939
a280	280	0	0	0	114.750	0	2.482	0.814	1063.557
pr299	299	0	0	0	281.932	0	1.017	0.451	856.680

Min: Elde edilen en az sapma oranı; **Maks:** Elde edilen en yüksek sapma oranı; **Ort:** Ortalama sapma oranı; **Süre:** En düşük sapma oranını elde edebilmek için harcanan ortalama süre

Tablo 6.2: ÇPPGA ile AGSP için elde edilen çözümlerin bir tek büyük popülasyon kullanılması durumunda elde edilen çözümler ile karşılaştırılması

Problem	N	ÇPPGA				GAtekPop			
		Min	Maks	Ort	Süre (sn.)	Min	Maks	Ort	Süre (sn.)
ftv33	34	0	0	0	0.370	0	0	0	1.110
ftv35	36	0	0	0	0.766	0	0.136	0.027	25.280
ftv38	39	0	0	0	1.208	0	0.131	0.078	76.416
p43	43	0	0	0	1.167	0	0.018	0.004	36.408
ftv44	45	0	0	0	1.745	0	1.922	0.645	1.460
ftv47	48	0	0	0	5.589	0	0	0	18.789
ry48p	48	0	0	0	23.667	0	0.506	0.212	7.977
ft53	53	0	0	0	3.474	0	4.475	1.573	2.518
ftv55	56	0	0	0	4.099	0	0.062	0.012	55.976
ftv64	65	0	0	0	4.547	0	0	0	88.295
ft70	70	0	0	0	148.609	0.579	1.337	0.823	29.090
ftv70	71	0	0	0	6.568	0.205	0.821	0.379	18.553
ftv90	91	0	0	0	26.599	0.127	0.507	0.355	48.400
kro124p	100	0	0	0	142.932	0.030	0.974	0.219	25.645
ftv100	101	0	0.112	0.037	210.021	0	0.447	0.201	46.751
ftv110	111	0	0	0	169.016	0.102	0.306	0.184	36.931
ftv120	121	0	0	0	51.219	0.277	0.369	0.295	200.887
ftv130	131	0	0.087	0.029	149.245	0.087	0.260	0.156	226.079
ftv140	141	0	0	0	153.031	0.248	2.314	0.719	54.747
ftv150	151	0	0	0	51.380	0.306	3.562	2.528	190.820
ftv160	161	0	0	0	73.161	0.596	3.504	1.774	240.898
ftv170	171	0	0	0	58.417	0.327	2.904	1.220	186.084

Min: Elde edilen en az sapma oranı; **Maks:** Elde edilen en yüksek sapma oranı; **Ort:** Ortalama sapma oranı; **Süre:** En düşük sapma oranını elde edebilmek için harcanan ortalama süre

ÇPPGA ve GAtekPop'un üzerinde çalıştığı toplam kromozom sayısı eşittir (400 kromozom). Bu nedenle Tablo 6.1 ve Tablo 6.2'de verilen sonuçlar, ÇPPGA ile elde edilen başarılı çözümlerin sadece kromozom sayısına bağımlı olmadığını, çok popülasyonlu yapının ve geliştirilen iletişim operatörünün elde edilen çözüm kaliteleri üzerinde etkili olduğunu göstermektedir. Tablo 6.1 ve Tablo 6.2'de GAtekPop için verilmiş olan işlem süreleri incelendiğinde, bazı test problemlerinde işlem süresinin düşük olmasına karşın elde edilen çözümlerin daha kötü olduğu görülmektedir. Örneğin Tablo 6.2'de kro124p test problemi için bu durum görülebilir. GAtekPop için işlem süresinin düşük olmasına karşın elde edilen çözüm kalitesinin daha kötü olması, GAtekPop'un bir yerel en iyi çözüme yakınsadığı ve bu yerel en iyi çözümden kurtulamadığı anlamına gelmektedir. Geliştirilen aç gözlü GAnın düğümlerin belirli bir komşuluğunda arama yapmaya özen gösterdiği göz önüne alındığında, bu durum beklenen bir durumdur.

Geliştirilen ÇPPGANın performansını literatürde yer alan GSP için önerilmiş GA yaklaşımları ile karşılaştırmak için, başarılı sonuçların raporlandığı on adet GA çalışması göz önüne alınmıştır (Bui and Moon, 1994; Freisleben and Merz, 1996; Merz and Freisleben, 1997; Gorges-Schleuter, 1997; He, et al., 1999; Katayama, et al., 2000; Jayalakshmi, et al., 2001; Choi, et al., 2003; Ray, et al., 2004; Xing, et al., 2007). Bu çalışmalarda yer alan GA yaklaşımlarının tamamı, çeşitli yerel arama tekniklerini çeşitli yöntemlerle GAYa entegre etmek yoluyla çalışmaktadır. Bui and Moon (1994), çaprazlama operatörü sonrasında modifiye edilmiş Lin-Kernighan yerel arama tekniğini kullanarak, her bir kromozomun bir yerel en iyi çözüme yakınsamasını sağlamıştır. Freisleben and Merz (1996), her çaprazlama ve mutasyon operatörünün ardından SGSP için Lin-Kernighan, AGSP için 3-opt yerel arama tekniklerini kullanarak her bir kromozomun bir yerel en iyi çözüme yakınsamasını sağlamıştır. Merz and Freisleben (1997) ise Freisleben and Merz (1996)'da önerilen GANın veri yapılarını değiştirerek daha hızlı çalışmasını sağlamış, çaprazlama ve mutasyon operatörleri sonrasında SGSP için Lin-Kernighan, AGSP için 3-opt ve 4-opt yerel arama tekniklerini kullanmışlardır. Georges-Schleuter (1997), çaprazlama ve mutasyon operatörleri sonrasında SGSP için 2-opt ve AGSP için 3-opt yerel arama tekniklerini kullanmıştır. He, et al., (1999)'un önerdiği yaklaşım, bir olasılık vektörü üzerinde çalışmaktadır. Bu vektörde her bir pozisyonda yer alabilecek düğüm olasılıkları tutulmaktadır. Daha sonra bu olasılık vektörü kullanılarak çeşitli turlar oluşturulmakta ve bu turlar üzerinde yerel arama yapıldıktan sonra (SGSP: 2-opt, AGSP: 3-opt) elde edilen en iyi tur kullanılarak olasılık vektörü güncellenmektedir. Katayama, et al., (2000) ise, mutasyon operatörü yerine stokastik 2-opt yerel arama tekniğini kullanmıştır. Stokastik 2-opt yerel arama tekniği, seçilen bir kromozom üzerinde yerel arama yapmakta ve gerçekleştirilen arama esnasında kromozomun uygunluk değerinin düşmesine belirli bir olasılıkla izin verilmektedir. Jayalakshmi, et al.,(2001) başlangıç popülasyonu en az maliyetli araya ekleme tekniğini kullanarak oluşturmuştur. Daha sonra çaprazlama öncesi bir ve çaprazlama sonrası iki yerel arama tekniği kullanmıştır. Bu yerel arama tekniklerinden birisi kromozom üzerindeki tüm genleri sırayla birer birer kromozomdan çıkartıp, belirli bir komşuluğundaki genlerin yanına en az maliyetli bir şekilde yerleştirilmesi yoluyla çalışmaktadır. Bölüm 5.3.6.1'de tanıtılmış olan *mutasyon operatörü-1*'in mutasyon olasılığının $p_{m1} = 1$ olması durumu bu yerel arama tekniğine karşılık gelmektedir.

Jayalakshmi, et al., (2001)'in kullandığı ikinci yerel arama tekniği ise kromozom üzerinde iki nokta seçip, bu iki nokta arasında kalan genlerin mümkün en iyi şekilde sıralandığı sırayı bulmak için sayımlama yapmaktadır. Choi, et al., (2003) ise başlangıç popülasyonu alt tur engelleme kısıtlarının gevşetilmesi yoluyla elde edilen atama probleminin en iyi çözümü ile oluşturmuştur. Bu yaklaşımda her kromozomun alt turları oluşturmasına izin verilmiştir. Daha sonra bu alt turlar, Karp'ın (1979) yamalama algoritması (patching algorithm) kullanılarak tekrar birleştirilmiştir. Ray, et al., (2004) ise kromozom üzerinde bir geni rassal olarak seçip, bu genin yerine gelebilecek en uygun geni belirleyip, bu iki genin yerlerini değiştirmek yoluyla çalışan bir yerel arama tekniği kullanmıştır. Xing, et al., (2007) üç yerel arama tekniği kullanmıştır. Bunlardan ilki bir kromozom üzerindeki tüm genleri silip, en az maliyetli araya ekleme kuralına göre genleri tekrar kromozoma yerleştirmek yoluyla çalışmaktadır. İkinci yerel arama tekniği kromozom üzerinde iki pozisyon seçip, bu iki pozisyon arasındaki genlerin pozisyonlarını rassal olarak karıştırıp, elde edilen çeşitli rassal sıralamalardan en iyisini seçmek yoluyla çalışmaktadır. Üçüncü yerel arama tekniği ise Jayalakshmi, et al.,(2001)'in kullandığı ikinci yerel arama tekniği ile aynı şekilde çalışmaktadır. Literatürde yer alan bu çalışmalar, yorumlarda kolaylık sağlaması amacıyla Tablo 6.3'de GA1-GA10 olarak isimlendirilmiştir.

Tablo 6.3: Karşılaştırma amaçlı kullanılan çalışmalar

Karşılaştırma amaçlı kullanılan çalışmalar	Kısaltma
Bui and Moon (1994)	GA1
Freisleben and Merz (1996)	GA2
Merz and Freisleben (1997)	GA3
Gorges-Schleuter, (1997)	GA4
He, et al. (1999)	GA5
Katayama, et al. (2000)	GA6
Jayalakshmi, et al. (2001)	GA7
Choi, et al. (2003)	GA8
Ray, et al. (2004)	GA9
Xing, et al. (2007)	GA10

Bu tez kapsamında kullanılan test problemleri üzerinde, CPPGA ile elde edilen çözümler ile Tablo 6.3'de verilen çalışmalarda raporlanmış çözümler, SGSP için Tablo 6.4'de ve AGSP için Tablo 6.5'de karşılaştırılmıştır.

Tablo 6.4: ÇPPGA'nın performansının SGSP için literatürde yer alan çalışmalar ile karşılaştırılması

Problem	N	ÇPPGA				Ortalama sapma oranları							
		Min	Maks	Ort	Süre (sn.)	GA1	GA2	GA3	GA4	GA5	GA6	GA7	GA9
ulysses16	16	0	0	0	0.099								
gr17	17	0	0	0	0.047								
gr21	21	0	0	0	0.099								
ulysses22	22	0	0	0	0.219								
gr24	24	0	0	0	0.219								0
fri26	26	0	0	0	0.125								
bayg29	29	0	0	0	0.333								0
bays29	29	0	0	0	0.552								
swiss42	42	0	0	0	0.458								
att48	48	0	0	0	1.214							0	
gr48	48	0	0	0	1.443								
hk48	48	0	0	0	0.714								
eil51	51	0	0	0	2.922		0			0.704	0.28	0	
berlin52	52	0	0	0	0.870							0	
brazil58	58	0	0	0	1.688								
st70	70	0	0	0	3.219								1.481
eil76	76	0	0	0	8.151					0		0	
pr76	76	0	0	0	3.391						0		
gr96	96	0	0	0	5.594								
rat99	99	0	0	0	8.828								0
kroA100	100	0	0	0	4.339	0	0			0	0	0	1.043
kroB100	100	0	0	0	37.349								0
kroC100	100	0	0	0	3.896								0
kroD100	100	0	0	0	15.198							0.07	
rd100	100	0	0	0	19.719						0.15		
eil101	101	0	0	0	19.260							0	
lin105	105	0	0	0	5.469	0					0		
pr107	107	0	0	0	4.609						0.16		
gr120	120	0	0.202	0.067	133.479								
bier127	127	0	0	0	43.240							0	
ch130	130	0	0	0	42.104								
pr136	136	0	0	0	30.719								
gr137	137	0	0	0	16.495								
pr144	144	0	0	0	11.182								
ch150	150	0	0.077	0.026	62.776								
kroA150	150	0	0	0	28.370								
kroB150	150	0	0.008	0.003	46.464								
pr152	152	0	0	0	13.375								
si175	175	0	0	0	243.198								
brg180	180	0	0.513	0.342	110.255								
rat195	195	0	0.086	0.057	312.781								
d198	198	0	0	0	423.094		0	0	0	0.824		0.05	
kroA200	200	0	0	0	70.911	0.02							0
gr202	202	0	0.002	0.002	1070.036								
tsp225	225	0	0.740	0.340	1638.833								
pr226	226	0	0	0	31.057						0.03		
pr264	264	0	0	0	53.844								
a280	280	0	0	0	114.750								
pr299	299	0	0	0	281.932						0.64		

Min: Elde edilen en az sapma oranı; **Maks:** Elde edilen en yüksek sapma oranı; **Ort:** Ortalama sapma oranı; **Süre:** En düşük sapma oranını elde edebilmek için harcanan ortalama süre

Tablo 6.5: ÇPPGANın performansının AGSP için literatürde yer alan çalışmalar ile karşılaştırılması

Problem	N	ÇPPGA				Ortalama sapma oranları					
		Min	Maks	Ort	Süre (sn.)	GA2	GA3	GA4	GA5	GA8	GA10
ftv33	34	0	0	0	0.370					0	
ftv35	36	0	0	0	0.766					0.136	0
ftv38	39	0	0	0	1.208					0.131	
p43	43	0	0	0	1.167	0	0	0	0.142	0	0
ftv44	45	0	0	0	1.745					1.302	
ftv47	48	0	0	0	5.589					0	0
ry48p	48	0	0	0	23.667	0.12	0.2	0	0	0.333	0
ft53	53	0	0	0	3.474					0	0
ftv55	56	0	0	0	4.099					0	0
ftv64	65	0	0	0	4.547					0	0.009
ft70	70	0	0	0	148.609	0.03	0	0	0	0.214	
ftv70	71	0	0	0	6.568					0	0
ftv90	91	0	0	0	26.599					0	
kro124p	100	0	0	0	142.932	0.01	0	0	0	0.524	0.011
ftv100	101	0	0.112	0.037	210.021					0	
ftv110	111	0	0	0	169.016					0.545	
ftv120	121	0	0	0	51.219					0.292	
ftv130	131	0	0.087	0.029	149.245					0.592	
ftv140	141	0	0	0	153.031					0.317	
ftv150	151	0	0	0	51.380					0.549	
ftv160	161	0	0	0	73.161					0.124	
ftv170	171	0	0	0	58.417	0.4	0.26	0	0.544	0.218	0

Min: Elde edilen en az sapma oranı; **Maks:** Elde edilen en yüksek sapma oranı; **Ort:** Ortalama sapma oranı; **Süre:** En düşük sapma oranını elde edebilmek için harcanan ortalama süre

Tablo 6.4’de SGSP için yapılan karşılaştırmalar incelendiğinde, ÇPPGANın performansının GA1, GA5, GA6, GA7 ve GA9’dan daha iyi olduğunu söylemek mümkündür. Geriye kalan çalışmalar (GA2, GA3 ve GA4) ile ÇPPGANın performansı göz önüne alınan test problemleri üzerinde aynıdır. Bu üç çalışmanın ortak yönü SGSP için başarılı sonuçlar veren Lin-Kernighan veya 2-opt yerel arama tekniklerini yoğun bir şekilde kullanmalarındır. Nitekim her üç çalışmada daha büyük boyutlu SGSP problemleri için de başarılı sonuçlar raporlanmıştır.

Tablo 6.5’de AGSP için ortalama performanslar karşılaştırıldığında ÇPPGA’dan daha iyi olan tek sonuç, GA8’de ftv100 test problemi için elde edilmiş sonuçtur. Diğer tüm test problemleri üzerinde ÇPPGANın AGSP üzerindeki performansı diğer çalışmalarda raporlanmış sonuçlara eşit veya daha iyidir. GA2, GA3 ve GA4’de SGSP üzerinde daha büyük boyutlu test problemleri için de başarılı sonuçlar raporlanmışken, AGSP için raporlanmış sonuçlar Tablo 6.5’de verilen 5 test problemi ile sınırlı

kalmıştır. Tablo 6.5'den de görülebileceği gibi, ÇPPGANın AGSP üzerindeki performansının GA2 ve GA3'den daha iyi olduğunu söylemek mümkündür. GA4 için raporlanmış sonuçlar ise ÇPPGA ile elde edilen sonuçlar ile aynıdır. ÇPPGANın Tablo 6.5'de bütün test problemleri için ortalama performansı göz önüne alındığında, ÇPPGANın GA4 yaklaşımı dışındaki tüm yaklaşımlardan daha iyi performans gösterdiği, GA4 ile eşit performans gösterdiğini söylemek mümkündür. Literatürde SGSP ve AGSPnin her ikisi için sonuçların raporlandığı çalışmalarda SGSP için farklı bir yerel arama tekniği, AGSP için farklı bir yerel arama tekniği kullanılmaktadır. ÇPPGANın hem SGSP hem de AGSP için aynı yaklaşımı kullanarak yüksek performans göstermesi, geliştirilen ÇPPGANın gürbüz (robust) olduğunu göstermektedir. Nitekim, geliştirilen ÇPPGA yaklaşımının bir ön ürünü olan Kapanoğlu and Koç (2006)'da bir gerçek hayat çizelgeleme problemi için de kaliteli çözümler elde edilmiştir.

Tablo 6.4 ve Tablo 6.5'de ÇPPGA ile literatürde yer alan diğer çalışmaların performansları çalışma süreleri bakımından karşılaştırılmamıştır. Bunun nedeni bir algoritmanın çalışma süresinin kullanılan bilgisayar donanımına, işlemci sayısına ve sürenin hesaplanış biçimine göre farklılık göstermesinden kaynaklanmaktadır. Tablo 6.4 ve Tablo 6.5'de ÇPPGA için verilen işlem süreleri, Intel Pentium M 1.80 GHz işlemciye ve 1GB belleğe sahip bir bilgisayar üzerinde elde edilmiş sürelerdir. Problemlerin boyutları ile işlem süreleri birlikte göz önüne alındığında, Tablo 6.4 ve Tablo 6.5'de ÇPPGA için verilen işlem sürelerinin makul süreler oldukları söylenebilir.

BÖLÜM 7

SONUÇ

Bu tezde gezgin satıcı problemi için yeni bir çok popülasyonlu paralel genetik algoritma yaklaşımı tasarlanmış, geliştirilmiş ve analiz edilmiştir. İlk olarak gezgin satıcı probleminin yapı taşı özellikleri incelenmiş ve yapı taşı özelliklerini daha iyi açıklayabilecek *e*-şema ismi verilen yeni bir şema yapısı önerilmiştir. Geliştirilen çok popülasyonlu yaklaşım *e*-şemalar üzerinde çalışmaktadır. Temel mantık *e*-şemaların belirlenmesi, birleştirilmesi ve yeni *e*-şemaların belirlenmesi üzerine kuruludur.

Geliştirilen çok popülasyonlu paralel genetik algoritma iki önemli bileşenden oluşmaktadır: her bir popülasyonda çalışan bir aç gözlü genetik algoritma ve iletişim operatörü. Geliştirilen aç gözlü genetik algoritma, farklı popülasyonlarda farklı yerel en iyi çözümlere hızlı bir şekilde yakınsayabilmektedir. Yerel en iyi çözümlerin yapı taşı bakımından zengin oldukları varsayımı altında, aç gözlü genetik algoritma farklı popülasyonlarda farklı yerel en iyi çözümleri keşfetmek yoluyla, farklı yapı taşlarını keşfetmektedir. İletişim operatörü ise, farklı popülasyonlardan elde edilen farklı yapı taşlarının popülasyonlar arası aktarılması yoluyla, yapı taşlarının adım adım birleştirilmesini sağlamaktadır. Her iki bileşen de, çalışma yöntemleri bakımından önemli yenilikler getirmektedir.

Aç gözlü genetik algoritma, gezgin satıcı probleminin düğümleri arasındaki en yakın komşuluk ilişkisinden hareketle belirlenmiş bir komşuluk derecesi olasılık fonksiyonundan faydalanmaktadır. Komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu, bir düğümden sonra ziyaret edilecek olan düğümün belirli bir komşuluk derecesi içerisinde yer almasını ve yakın komşuluk derecelerinin kullanılma sıklıklarının uzak komşuluk derecelerinin kullanılma sıklıklarına göre daha fazla olmasını sağlamaktadır. Ayrıca aç gözlü genetik algoritma için iki adet aç gözlü mutasyon operatörü geliştirilmiştir. Geliştirilen mutasyon operatörleri, her bir kromozomun kaliteli çözümleri kodlayan yakın komşuluklarında örnekleme yapabilecek şekilde geliştirilmiştir. Komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu ve aç gözlü mutasyon operatörleri sayesinde, aç gözlü genetik algoritmanın farklı popülasyonlarda farklı yerel en iyi çözümlere yakınsaması

sağlanmıştır. Her bir populasyonda kromozomlar arasında yapı taşı paylaşımının daha etkin bir şekilde yerine getirilebilmesi için, OX3 ismi verilen yeni bir çaprazlama operatörü geliştirilmiştir. OX3 çaprazlama operatörü literatürde yaygın olarak kullanılan sekiz çaprazlama operatörü ile karşılaştırılmış ve OX3 çaprazlama operatörünün daha iyi performans gösterdiği görülmüştür. Aç gözlü genetik algoritmanın genetik operatörleri, iletişim operatörü tarafından aktarılan yapı taşlarının belirli bir süre boyunca korunmasını sağlamak için yapı taşı koruma mekanizmasına sahiptir. Böylece, iletişim operatörü tarafından aktarılan yapı taşlarının populasyon içinde değerlendirilmesi ve diğer yapı taşlarıyla uygun bir şekilde birleştirilebilmesi için aç gözlü genetik algoritmaya zaman kazandırılmaktadır. Aç gözlü genetik algoritmanın kullandığı parametrelerin uygun düzeylerinin belirlenmesi için, ilgili parametrelerin çeşitli düzeyleri için tam faktöriyel deney tasarımı uygulanmış ve parametrelerin uygun düzeyleri belirlenmiştir.

Geliştirilen iletişim operatörü, literatürde yer alan iletişim operatörlerinden farklı olarak bir yapı taşı havuzu aracılığıyla populasyonlar arası iletişimi gerçekleştirmektedir. Yapı taşı havuzları geliştirilen iletişim operatörünün iletişim topolojisinin bir parçasını oluşturmaktadır. Her bir populasyonun kendi yapı taşı havuzu mevcuttur ve yapı taşı havuzları diğer populasyonlardan elde edilen yapı taşları ile doldurulmaktadır. İletişim operatörü, yapı taşı havuzunda yer alan yapı taşlarından populasyondaki yapı taşlarına en fazla uyanını populusyona aktarmak yoluyla çalışmaktadır. Yapı taşı havuzları, yapı taşı belirleme algoritması kullanılarak doldurulmaktadır. Yapı taşı belirleme algoritması ise en az iki populasyondan hareketle *e*-şemaları belirlemek yoluyla yapı taşı havuzlarını doldurmaktadır. İletişim operatörü yapı taşı havuzunda yer alan yapı taşlarını, yapı taşlarının uygunluk değerlerine göre değil bir kromozoma gösterdikleri uyum miktarlarına göre değerlendirmektedir. Bu nedenle iletişim operatörü uygunluk değeri düşük ancak uyum miktarı yüksek yapı taşlarının da populasyonlar arası aktarılmasını sağlamaktadır. İletişim operatörünün uyum miktarı yüksek yapı taşlarını birleştirmek yoluyla yapı taşlarının çoğalmasını sağladığı Teorem 1 altında matematiksel olarak gösterilmiş ve ispatlanmıştır.

Geliştirilen çok popülasyonlu paralel genetik algoritma yaklaşımının performansı üzerinde etkili olan üç önemli faktör vardır: yapı taşlarının yayılma hızı, popülasyonlar arası yakınsama hızı ve popülasyonlar arası çeşitlilik. Yapı taşlarının yayılma hızı diğer iki faktör üzerinde doğrudan etkilidir. Geliştirilen çok popülasyonlu paralel genetik algoritma yaklaşımının performansının yüksek olabilmesi için, popülasyonlar arası yakınsama hızı ile popülasyonlar arası çeşitlilik arasında uygun bir denge kurulması gerekmektedir. Bu dengenin, yapı taşlarının yayılma hızı için uygun bir düzeyin belirlenebilmesi yoluyla kurulabileceği gösterilmiştir. Ayrıca yapı taşlarının yayılma hızının iletişim operatörünün parametrelerine bağlı bir fonksiyon aracılığıyla belirlenebileceği gösterilmiştir. İletişim operatörünün parametrelerinin uygun düzeylerinin belirlenebilmesi ve yapı taşı yayılma hızı fonksiyonunun tutarlılığının deneysel olarak görülmesi amacıyla, iletişim operatörünün çeşitli parametrelerinin çeşitli düzeyleri için tam faktöriyel deney tasarımı uygulanmıştır. Gerçekleştirilen analizlerde, iletişim operatörünün parametrelerinin farklı düzeylerinin popülasyonlar arası yakınsama hızı, popülasyonlar arası çeşitlilik ve elde edilen çözüm kalitesi üzerindeki etkileri incelenmiştir. Analizlerin sonucunda yapı taşı yayılma hızı fonksiyonunun, iletişim parametrelerinin farklı düzeyleri için gerçekleşen farklı popülasyonlar arası yakınsama hızlarını açıklayabildiği görülmüştür. Ayrıca, popülasyonlar arası çeşitlilik miktarının popülasyonlar arası yakınsama hızı ile ters orantılı olduğu görülmüştür. İletişim operatörünün parametrelerinin farklı düzeyleri için elde edilen çözüm kaliteleri arasındaki farklılığın, popülasyonlar arası yakınsama hızı ve çeşitlilik arasında kurulan dengeye ve bu dengenin kuruluş biçimine bağlı olduğu görülmüştür. Gerçekleştirilen analizlerin sonuçlarına dayanarak, iletişim operatörünün parametrelerinin uygun düzeyleri belirlenmiştir.

Geliştirilen çok popülasyonlu paralel genetik algoritma yaklaşımının performansını incelemek için, çok popülasyonlu paralel genetik algoritma, belirlenen parametre düzeyleri kullanılarak göz önüne alınan 71 test probleminin her biri için toplam beş kez çalıştırılmıştır. Her çalıştırmada geliştirilen algoritmanın farklı bir rassal sayı dizisini kullanması sağlanmıştır. Elde edilen çözüm kaliteleri ilk olarak, çok popülasyonlu yapı yerine bir tek büyük popülasyonlu yapı kullanıldığında elde edilen çözüm kaliteleri ile karşılaştırılmıştır. Çok popülasyonlu paralel genetik algoritma

yaklaşımı ile elde edilen çözüm kalitelerinin, bir tek büyük populasyon kullanıldığında elde edilen çözüm kalitelerinden daha iyi olduğu görülmüştür. Bir tek büyük populasyon kullanıldığında, bir çok test problemi için aç gözlü genetik algoritmanın yerel en iyi çözümlere hızla yakınsadığı ve bu yerel en iyi çözümlerden kurtulamadığı görülmüştür. İkinci olarak, geliştirilen çok populasyonlu paralel genetik algoritmayla elde edilen çözümler, literatürde önerilmiş farklı genetik algoritma yaklaşımları için raporlanmış çözümlerle karşılaştırılmıştır. Geliştirilen çok populasyonlu paralel genetik algoritmanın performansının literatürde önerilmiş bir çok genetik algoritma yaklaşımından daha iyi olduğu ve bazı genetik algoritma yaklaşımları ile benzer performans gösterdiği görülmüştür. Geliştirilen yaklaşımın performansı, özellikle asimetrik gezgin satıcı problemleri üzerinde literatürde önerilmiş yaklaşımların büyük çoğunluğundan daha iyidir. Geliştirilen yaklaşımın hem simetrik hem de asimetrik gezgin satıcı problemleri üzerinde göstermiş olduğu yüksek performans, geliştirilen yaklaşımın gürbüz olduğunu göstermektedir. Bu bağlamda, bir çok gerçek hayat probleminin simetrik ve asimetrik gezgin satıcı problemleriyle benzer özellikler taşıdığı göz önüne alındığında, geliştirilen yaklaşımın geniş bir uygulama alanına sahip olduğunu söylemek mümkündür.

Her ne kadar bu tezde geliştirilen çok populasyonlu genetik algoritma yaklaşımında rota genetik gösterimi kullanılarak gezgin satıcı problemi üzerinde tasarım ve analizler gerçekleştirilmiş olsa da, geliştirilen yaklaşımın farklı genetik gösterimler için veya farklı yapı taşı özelliklerine sahip problemler için uygulanması da mümkündür. Geliştirilen yaklaşım temel olarak yapı taşlarının belirlenmesi ve birleştirilmesi için yeni bir altyapı sunmaktadır. Ele alınan problemin yapı taşı özelliklerine bağlı olarak, geliştirilen yaklaşımın yapı taşı belirleme algoritması üzerinde uygun değişiklikler yapıldığında, geliştirilen yaklaşımın farklı problemler üzerinde de etkin bir şekilde çalışması sağlanabilir. Özellikle genlerin kromozom üzerindeki pozisyonlarının önemli olduğu atama ve sürekli veya kesikli fonksiyon en iyileme problemlerinde, iletişim operatörünün yapı taşı havuzlarını doldurması ve yapı taşlarını aktarması safhalarındaki işlem yükü büyük ölçüde azalacaktır.

Geliştirilen yaklaşımda yapı taşlarının hızlı bir şekilde belirlenebilirliği bir komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu aracılığıyla sağlanmaktadır. Komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu probleme özel bilgiyi genetik algoritmanın kullanılmasını sağlamaktadır. Bu bağlamda geliştirilen yaklaşım literatürde yer alan yaklaşımlardan farklı olarak, probleme özel bilginin yerel arama teknikleri ile genetik algoritmaya dahil edilmesi yerine, bir komşuluk derecesi olasılık fonksiyonu aracılığıyla genetik algoritmaya dahil etmektedir. Eldeki probleme ilişkin önceden sahip olunan bilgilerin komşuluk derecesi olasılık fonksiyonuna yansıtılması ve böylelikle genetik algoritmanın probleme özel bilgiyi etkin bir şekilde kullanması sağlanabilmektedir. Özellikle gerçek hayat çizelgeleme problemlerinde, komşuluk derecesi olasılık fonksiyonunun probleme özel bilgileri içermesi durumunda, elde edilen çözüm kalitelerinde ve çözümlerin elde edilme sürelerinde önemli gelişmeler sağlanabilecektir. Geliştirilen çok popülasyonlu paralel genetik algoritmanın farklı yapı taşı özelliklerine sahip farklı problem çevrelerine uygulanması, gelecekte üzerinde çalışılması planlanan konulardır.

KAYNAKLAR DİZİNİ

- Ahuja, R. K., and Orlin, J. B.,1997, Developing fitter genetic algorithms, *INFORMS Journal on Computing*, 9 (3), 251-253.
- Applegate, D., Cook, W., and Rohe, A., 1999, Chained Lin-Kernighan for large traveling salesman problems, *Research Institute for Discrete Mathematics Rep. No. 99887: Bonn University.*
- Back, T., 1995, Generalized convergence models for tournament and (M,h) selection. In L. Eschelmann (Ed.), *Proceedings of the Sixth International Conference on Genetic Algorithms*, San Francisco: Morgan Kaufmann Publishers, 2-8.
- Bagley, J. D.,1967, The behavior of adaptive systems which employ genetic and correlation algorithms, PhD thesis, University of Michigan.
- Baluja, S., 1992, A massively distributed parallel genetic algorithm (mdpGA), Tech. Rep. No. CMU-CS-92-196R, Pittsburgh, PA, Carnegie Mellon University.
- Banzhaf, W., 1990, The “molecular” traveling salesman, *Biological Cybernetics*, 64, 7-14.
- Bean, J. C.,1994, Genetic algorithms and random keys for sequencing and optimization. *ORSA Journal on Computing*, 6, 154-160.
- Beasley, D., Bull, D. R., and Martin, R. R.,1993a, Reducing epistasis in combinatorial problems by expensive coding, In S. Forrest (Ed.), *Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms*, San Mateo, CA: Morgan Kaufmann Publishers, 400-407.
- Beasley, D., Bull, D. R., and Martin, R. R.,1993b, An Overview of Genetic Algorithms: Part I, Fundamentals, *University Computing*, 15 (2), 58-69.
- Beasley, D., Bull, D. R., and Martin, R. R.,1993c, An overview of genetic algorithms:Part 2, research topics, *University Computing*, 15 (4), 170-181.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Bethke, A. D., 1976, Comparison of genetic algorithms and gradient-based optimizers on parallel processors: efficiency of use of processing capacity, Tech. Rep. No. 197, Ann Arbor, MI, University of Michigan.
- Bland, R. E., and Shallcross, D. F., 1987, Large traveling salesman problem arising from experiments in x-ray crystallography: a preliminary report on computation, Tech. Rep. No. 730, Cornell University, Ithaca, New York.
- Bossert, W., 1967, Mathematical optimization: are there abstract limits on natural selection?, In Moorehead, P. S., and Kaplan, M. M. (Eds.), *Mathematical Challenges to the Neo-Darwinian Interpretation of Evolution*, 35-46.
- Brady, R. M., 1985, Optimization strategies gleaned from biological evolution, *Nature*, 317, 804-806.
- Brindle, A., 1981, Genetic algorithms for function optimization, PhD thesis, University of Alberta, Edmonton, Canada.
- Bui, T. N., and Moon, B. R., 1994, A new genetic approach for the traveling salesman problem, *Proceedings of the First IEEE Conference on Evolutionary Computation*, 7-12.
- Burkard, R. E., Deineko, V. G., Dal, R. V., Van Der Veen, J. A., and Woeginger, G. J., 1998, Well-solvable special cases of the traveling salesman problem: a survey, *SIAM Review*, 40 (3), 496-546.
- Cantu-Paz, E., 2000, *Efficient and accurate parallel genetic algorithms*, Kluwer Academic Publishers.
- Chang, P., Wang, Y., and Liu, C., 2005, New operators for faster convergence and better solution quality in modified genetic algorithm, *Lecture Notes in Computer Science*, 3611, 983-991.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Chang, P., Chen, S., and Liu, C., 2007, Sub-population genetic algorithm with mining gene structures for multiobjective flowshop scheduling problems, *Expert Systems with Applications: An International Journal*, 33 (3), 762-771.
- Chauny, F., Haurie, A., Loulou, R., and Wagneur, E., 1987, Sequencing punch operations in an FMS: a three-dimensional space filling curve approach, *INFOR*, 25 (1), 25-45.
- Chen, Y., and Zhang, P., 2006, Optimized annealing of traveling salesman problem from the nth-nearest-neighbor distribution, *Physica A*, 371, 627-632.
- Chen, Y., Yu, T., Sastry, K., and Goldberg, D. E., 2007, A survey of linkage learning techniques in genetic and evolutionary algorithms, Rep. No. NCL-TR-2007009: Natural Computing Laboratory (NCLab), National Chiao Tung University.
- Choi, I., Kim, S., and Kim, H., 2003, A genetic algorithm with a mixed region search for the asymmetric traveling salesman problem, *Computers and Operations Research*, 30, 773-786.
- Cohon, J. P., Hegde, S. U., Martin, W. N., and Richards, D., 1987, Punctuated equilibria: a parallel genetic algorithm, In J. J. Grefenstette (Ed.), *Genetic Algorithms and Their Applications: Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms*, Lawrence Erlbaum Associates, 148-154.
- Cohon, J. P., Martin, W. N., and Richards, D., 1991, Genetic algorithms and punctuated equilibria in VLSI, In Schwefel, H-P., Manner, R. (Eds.), *Parallel Problem Solving from Nature*, Springer Verlag, 134-144.
- Cook, W. J., Cunningham, W. H., Pulleyblank, W. R., and Schrijver, A., 1998, *Combinatorial optimization*, New York: John Wiley and Sons.
- Davis, L., 1985, Applying adaptive algorithms to epistatic domains, In A. K. Joshi (Ed.), *Proceedings of the 9th International Joint Conference on Artificial Intelligence*, Morgan Kaufmann Publishers, 234-243.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- De Jong, K. A.,1975, An analysis of the behavior of a class of genetic adaptive systems, PhD thesis, University of Michigan.
- Drigo, M., Maniezzo, V., and Colomi, A.,1996, The ant system: Optimization by a colony of cooperating agents, *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics - Part B*, 26, 29-41.
- Elredge, N., and Gould, S., 1972, Punctuated equilibria: an alternative to phyletic gradualism, In Schopf, T. J. M. (Ed.), *Models in Paleobiology*, 82-115.
- Eshelman, L.J., Schaffer, J.D., and Caruana, R.A., 1989, Biases in the crossover landscape. In J. D. Schaffer (Ed.), *Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms*, Morgan Kaufmann Publishers, Inc,10-19.
- Fogarty, T.C., and Huang, R., 1991, Implementing the genetic algorithm on transputer based parallel processing systems, In Schwefel, H-P., Manner, R. (Eds.), *Parallel Problem Solving from Nature*, Springer Verlag, 145-149.
- Fox, M. S., and McMohan, M. B.,1987, Genetic operators for sequencing problems. In G. J. E. Rawlins (Ed.), *Foundations of Genetic Algorithms: First Workshop on the Foundations of Genetic Algorithms and Classifier Systems*, Los Altos: Morgan Kaufmann Publishers, 284-300.
- Frantz, D.R., 1972, Non-linearities in genetic adaptive search, PhD thesis, University of Michigan.
- Freisleben, B., and Merz, P.,1996, New genetic local search operators for the traveling salesman problem, *Lecture Notes in Computer Science*, 1141, 890-900.
- Gendreau, M., Hertz, A., and Laporte, G.,1992, New insertion and postoptimization procedures for the traveling salesman problem, *Operations Research*, 40 (6), 1086-1094.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Gigure, P., and Goldberg, D.E., 1998, Population sizing for optimum sampling with genetic algorithms: A case study of the Onemax problem, In Koza, J.R., Banzhaf, W., Chellapilla, K., Deb, K., Dorigo, M., Fogel, D.B., Garzon, M.H., Goldberg, D.E., Iba, H., and Riolo, R., (Eds.), Genetic Programming 1998.
- Gilmore, P. C., and Gomory, R. E.,1969, Sequencing a one state-variable machine: a solvable case of the traveling salesman problem, Operations Research, 12, 655-679.
- Gilmore, P. C., Lawler, E. L., and Shmoys, D. B.,1985, Well-solved special cases. In E. L. Lawler, J. K. Lenstra, A. H. Rinnooy Kan, and D. B. Shmoys (Eds.), The Traveling Salesman Problem: A Guided Tour of Combinatorial Optimization, John Wiley and Sons, 87-144.
- Glover, F.,1986, Future paths for integer programming and links to artificial intelligence, Computers and Operations Research, 5, 533-549.
- Goldberg, D. E., and Lingle, R.,1985, Alleles, loci, and the traveling salesman problem. In J. J. Grefenstette (Ed.), Proceedings of an International Conference on Genetic Algorithms and Their Applications, Hillsdale, NJ: Lawrence Erlbaum Associates, 154-159.
- Goldberg, D. E.,1989a, Genetic algorithms in search, optimization and machine learning, Addison-Wesley Publishing Company, Inc.
- Goldberg, D. E., Korb, B., and Deb, K., 1989b, Messy genetic algorithms, motivation, analysis, and first results, Complex Systems, 3(5), 493-530.
- Goldberg, D.E., 1989c, Sizing populations for serial and parallel genetic algorithms, In J. D. Schaffer (Ed.), Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, Inc, 70-79.
- Goldberg, D. E.,1999, The race, the hurdle, and the sweet spot: Lessons from genetic algorithms for the automation of design innovation and creativity, In P. Bentley (Ed.), Evolutionary Design by Computers. San Mateo, CA: Morgan Kaufmann Publishers, 105-118.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Goodman, E. D., Averill, R. C., Punch, W. F., and Eby, D. J., 1997, Parallel genetic algorithms in the optimization of composite structures (GARAGe 97-05-02), East Lansing, MI, Michigan State University.
- Gorges-Schleuter, M., 1997, Asparagos96 and the traveling salesman problem, In T. Back (Ed.), Proceedings of the Fourth International Conference on Evolutionary Computation, Piscataway, NJ: IEEE Press, 171-174.
- Grefenstette, J. J., 1981, Parallel adaptive algorithms for function optimization. Tech. Rep. No. CS-81-19, Vanderbilt University, Computer Science Department, Nashville, TN.
- Grefenstette, J. J., Gopal, R., Rosmaita, B. J., and Van Gucht, D., 1985, Genetic algorithms for the traveling salesman problem, In J. J. Grefenstette (Ed.), Proceedings of an International Conference on Genetic Algorithms and Their Applications, Hillsdale, NJ: Lawrence Erlbaum Associates, 160-168.
- Grefenstette, J. J., 1987, Incorporating problem specific knowledge into genetic algorithms, In L. Davis (Ed.), Genetic Algorithms and Simulated Annealing, Los Altos: Morgan Kaufmann, 42-60.
- Grefenstette, J. J., 1995, Robot learning with parallel genetic algorithms on networked computers, In Oren, T., and Birta, L. (Eds.), Proceedings of the 1995 Summer Computer Simulation Conference, 352-357.
- Grosso, P. B., 1985, Computer simulations of genetic adaptation: Parallel sub-component interaction in a multilocus model, PhD thesis, The University of Michigan.
- Grötschel, M., Jünger, M., and Reinelt, G., 1989, Via minimization with pin preassignments and layer preference, *Angewandte Mathematik und Mechanik*, 69 (11), 393-399.
- Harik, G. R., 1997, Learning gene linkage to efficiently solve problems of bounded difficulty using genetic algorithms, PhD thesis, University of Michigan.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Hoffman, A. J., and Wolfe, P.,1985, History. In E. L. Lawler, J. K. Lenstra, A. H. Rinnooy Kan, and D. B. Shmoys (Eds.), *The traveling salesman problem: A guided tour of combinatorial optimization*, John Wiley and Sons, 1-16.
- Holland, J. H.,1975, *Adaptation in natural and artificial systems*, MIT Press.
- Jayalakshmi, G. A., Sathiamoorthy, S., and Rajaram, R.,2001, A hybrid genetic algorithm - a new approach to solve traveling salesman problem, *International Journal of Computational Engineering Science*, 2, 339-355.
- Jog, P., Suh, J. Y., and Van Gucht, D.,1989, The Effects of Population Size Heuristic Crossover and Local Improvement on a Genetic Algorithm for the Traveling Salesman Problem, In D. J. Schaffer (Ed.), *Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, Morgan Kaufmann Publishers, 110-115.
- Johnson, D. S., and Papadimitriou, C. H.,1985, Computational complexity. In E. L. Lawler, J. K. Lenstra, A. G. Rinnooy Kan, and D. B. Shmoys (Eds.), *The traveling salesman problem: A guided tour of combinatorial optimization*, John Wiley and Sons, 37-86.
- Johnson, D. S., and McGeoch, L. A.,1997, The traveling salesman problem: a case study in local optimization, In E. A. Arts, and J. K. Lenstra (Eds.), *Local Search in Combinatorial Optimization*, New York: John Wiley and Sons, 215-310.
- Kapanoglu, M., 1997, *Genetics-based concurrent planning and scheduling for flexible and modular manufacturing systems*. Ph.D. Dissertation, Department of Industrial and Management Systems Engineering, College of Engineering, University of South Florida, Tampa, Florida.
- Kapanoglu, M., Miller, W.A., and Sunol, A.K., 2001, Concurrent planning and scheduling of flexible manufacturing systems by using parallel genetic algorithms, In *Proceedings of the ICC&IE/IEMS, 2001 Joint Meeting*, Cocoa Beach, Florida, 780-785.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Kapanoglu, M., Koc, I. O., Kara, İ., and Aktürk, M. S., 2005, Multi-population genetic algorithm using a new genetic representation for the Euclidean traveling salesman problem, In Durmusoglu, M. B., and Kahraman, C. (Eds.), Proceedings of the 35th International Conference on Computers & Industrial Engineering, Vol.1, 1047-1052.
- Kapanoglu, M., and Koc, I. O., 2006, A Multi-population Parallel Genetic Algorithm for Highly Constrained Continuous Galvanizing Line Scheduling, Lecture Notes in Computer Science, 4030, 28-41.
- Kara, İ., 2000, Olasılık, Bilim Teknik Yayınevi.
- Katayama, K., Sakamoto, H., and Narihisa, H., 2000, The efficiency of hybrid mutation genetic algorithm for the travelling salesman problem, Mathematical and Computer Modelling, 31, 197-203.
- Kirkpatrick, S., Gelatt, C. D., and Vecchi, M. P., 1983, Optimization by simulated annealing, Science, 220, 976-986.
- Laporte, G., Nobert, Y., and Desrochers, M., 1985, Optimal routing under capacity and distance restrictions, Operations Research, 33 (5), 1050-1073.
- Larranaga, P., Kuijpers, C. M. H., Murga, R. H., Inza, I., and Dizdarevic, S., 1999, Genetic algorithms for the traveling salesman problem: A review of representations and operators. Artificial Intelligence Review, 13, 129-170.
- Larranaga, P., 2002, A review on estimation of distribution algorithms, In Larranaga, P., Lozano, J. A., (Eds.), Estimation of Distribution Algorithms: A New Tool for Evolutionary Computation, 57-100.
- Lenstra, J. K., 1974, Clustering a data array and the traveling salesman problem. Operations Research, 22 (2), 413-414.
- Lin, S., and Kernighan, B. W., 1973, An effective heuristic algorithm for the traveling salesman problem, Operations Research, 21 (2), 498-516.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Lin, S., Punch , W. F., and Goodman, E., 1994, Coarse-grain parallel genetic algorithms: categorization and new approach, In Sixth IEEE Symposium on Parallel and Distributed Processing, Los Alamitos, CA: IEEE Computer Society Press.
- Madsen, O. B.,1988, Application of traveling salesman routines to solve pattern-allocation problems in the glass industry, *Journal of the Operational Research Society*, 39 (3), 249-256.
- Mak, K. T., and Morton, A. J.,1993, A modified Lin-Kernighan traveling salesman heuristic, *Operations Research Letters*, 13, 127-132.
- Manderick, B., and Spiessens, P.,1989, Fine grained parallel genetic algorithms, In J. D. Schaffer (Ed.), *Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms*, Morgan Kaufmann Publishers, Inc, 428-433.
- Martin, O.C., and Otto, S.W., 1996, Combining Simulated Annealing with Local Search Heuristic, *Annals of Operations Research*, 63, 57-75.
- Merz, P., and Freisleben, B.,1997, Genetic local search for the TSP: new results, In T. Back, Z. Michalewicz, and X. Yao (Ed.), *Proceedings of the 1997 IEEE International Conference on Evolutionary Computation*, IEEE Press, 159-164.
- Michalewicz, Z., 1992, Genetic algorithms + data structures = evolutionary programs, Springer Verlag, Berlin Heidelberg.
- Miller, B. L., and Goldberg, D. E.,1996, Genetic Algorithms, Selection Schemes and the Varying Effects of Noise, *Evolutionary Computation*, 4 (2), 113-131.
- Moscato, P.,1989, On evolution, search, optimization, genetic algorithms and martial arts: Towards memetic algorithms, C3P Report 826: Caltech Concurrent Computation Program, California, USA.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Munetemo, M., Takai, Y., and Sato, Y., 1993, An efficient migration scheme for subpopulation-based asynchronously parallel genetic algorithms, In Forrest, S. (Ed.), Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, 649-649.
- Mühlenbein, H., Georges-Schleuter, M., and Kramer, O., 1988, Evolution algorithms in combinatorial optimization, Parallel Computing, 7, 65-85.
- Mühlenbein, H., 1991, Evolution in time and space - The parallel genetic algorithm, In G. J. E. Rawlins (Ed.), Foundations of Genetic Algorithms, San Mateo, CA: Morgan Kaufmann Publishers, 316-337.
- Mühlenbein, H., and Paaß, G., 1996 . From recombination of the genes to the estimation of distributions i. binary parameters, Parallel Problem Solving from Nature, PPSN IV, 178-187.
- Neto, D. E., 1999, Efficient cluster compensation for Lin-Kernighan heuristic, PhD thesis, University of Toronto.
- Oliver, I. M., Smith, D. J., and Holland, J. R., 1987, A study of permutation crossover operators on the traveling salesman problem, In J. J. Grefenstette (Ed.), Genetic Algorithms and Their Applications: Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms, Lawrence Erlbaum Associates, 224-230.
- Papadimitriou, C. H., 1977, Euclidean TSP is NP-complete, Theoretical Computer Science, 4, 237-244.
- Papadimitriou, C. H., and Steiglitz, K., 1982, Combinatorial optimization: algorithms and complexity, Englewood Cliffs, New Jersey: Prentice Hall, Inc.
- Paredis, J., 1995, The symbiotic evolution of solutions and their representations, In L. Eschelman (Ed.), Proceedings of the Sixth International Conference on Genetic Algorithms, San Francisco: Morgan Kaufmann Publishers, 359-365.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Pettey, C. C., 1997, Population structures: diffusion (cellular) models. In Back, T., Fogel, D.,B., and Michalewicz, Z. (Eds.), Handbook of Evolutionary Computation, Bristol and New York: Institute of Physics Publishing and Oxford University Press, C6.4:1-C6.4:6.
- Ratliff, H. D., and Rosenthal, A. S.,1981, Order-picking in a rectangular warehouse: a solvable case for the traveling salesman problem, PDRC Report Series No. 81-10, Georgia Institute of Technology, Atlanta, Georgia.
- Ray, S. S., Bandyopadhyay, S., and Pal, S. K.,2004, New operators of genetic algorithms for traveling salesman problem, In J. Kittler, M. Petrou, and M. S. Nixon (Ed.), Proceedings of the 17th International Conference on Pattern Recognition, IEEE Computer Society, 2, 497-500.
- Reinelt, G.,1994, The traveling salesman: Computational solutions for TSP applications, Berlin: Springer Verlag.
- Rothe, G.,1988, Two solvable cases of the traveling salesman problem, PhD thesis, Graz Technical University.
- Rudolph, G., 1991, Global optimization by means of distributed evolution strategies, In Schwefel, H-P., Manner, R. (Eds.), Parallel Problem Solving from Nature, Springer Verlag, 209-213.
- Sinha, A., and Goldberg, D.E., 2003, A survey of hybrid genetic and evolutionary algorithms, IlliGAL Rep. No. 2003004, Illinois Genetic Algorithms Laboratory, Department of General Engineering, University of Illinois.
- Smith, J., and Fogarty, T. C., 1996, Recombination strategy adaptation via evolution of gene linkage, Proceedings of the 1996 IEEE International Conference on Evolutionary Computation, 826-831.
- Starkweather, T., Whitley, D., and Mathias, K., 1991, Optimization using distributed genetic algorithms, In Schwefel, H-P., Manner, R. (Eds.), Parallel Problem Solving from Nature, Springer Verlag, 176-185.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Syswerda, G.,1989, Uniform crossoverin genetic algorithms. In J. Schaffer (Ed.), Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms, Los Altos: Morgan Kaufmann Publishers, 2-9.
- Syswerda, G.,1991, Schedule optimization using genetic algorithms, In L. Davis (Ed.), Handbook of Genetic Algorithms, New York: Van Nostrand Reinhold, 332-349.
- Thierens, D.,1997, Selection Schemes, Elitist Recombination and Selection Intensity, In T. Back (Ed.), Proceedings of the Seventh International Conference on Genetic Algorithms, San Francisco, 152-159.
- TSPLIB, <http://www.iwr.uni-heidelberg.de/groups/comopt/software/TSPLIB95/>
- Tsutsui S., and Fujimoto, Y., 1994, Extended forking genetic algorithm for order representation (o-fGA), In Proceedings of the First IEEE International Conference on Evolutionary Computation (ICEC'94),Vol. 1, 170-175.
- Ulder, N.L.J, Pesch, E., van Laarhoven, P.J.M., Bandelt, H.J., and Aarts, E.H.L, 1991, Improving tsp exchange heuristics by population genetics, In Maenner, R., and Schwefel, H.P. (Eds.), Parallel Problem Solving from Nature, Springer Verlag, 109-116.
- Whitley, D.,1989, The genitor algorithm and selection pressure, In J. D. Schaffer (Ed.), Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms Morgan Kaufmann Publishers, 116-121.
- Whitley, D., Starkweather, T., and Shaner, D.,1991, The traveling salesman and sequence scheduling: quality solutions using genetic edge recombination, In L. Davis (Ed.), Handbook of Genetic Algorithms, New York: Van Nostrand Reinhold, 350-372.
- Whitley, D., 1993, Cellular genetic algorithms, In S. Forrest (Ed.), Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, San Mateo, CA: Morgan Kaufmann Publishers, 658-658.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

Whitley, D., Rana, S., and Heckendorn, R. B., 1999, Exploiting separability in search: The island model genetic algorithm, *Journal of Computing and Information Technology*, 7(1), 33-47.

Xu, B., Guan, Y., Chen, Z., and Leung, K.R.P.H, 2002, Parallel genetic algorithms with schema migration, In *Proceedings of the 26th International Computer Software and Applications Conference on Prolonging Software Life: Development and Redevelopment*, 879 - 886.

EKLER

Ek.1. Test problemleri

Ek.2. İletişim operatörünün parametrelerinin farklı düzeyleri için deney sonuçları

Ek.1. Test problemleri

Bu tez kapsamında gerçekleştirilen analizlerde kullanılmak üzere TSPLIB’de yer alan toplam 71 test problemi göz önüne alınmıştır. Test problemlerinin tamamının en iyi çözümü bilinmektedir (TSPLIB). Göz önüne alınan 71 test probleminin düğüm sayıları, tipleri ve en iyi çözümleri Tablo 9.1’de verilmiştir.

Tablo 9.1: Test problemleri

Problem	Düğüm sayısı	Problem tipi	En iyi çözümü	Problem	Düğüm sayısı	Problem tipi	En iyi çözümü
ftv33	34	AGSP	1473	brazil58	58	SGSP	25395
ftv35	36	AGSP	1530	st70	70	SGSP	675
ftv38	39	AGSP	1613	eil76	76	SGSP	538
p43	43	AGSP	5620	pr76	76	SGSP	108159
ftv44	45	AGSP	1776	gr96	96	SGSP	55209
ftv47	48	AGSP	1608	rat99	99	SGSP	2720
ry48p	48	AGSP	14422	kroA100	100	SGSP	21282
ft53	53	AGSP	38673	kroB100	100	SGSP	22141
ftv55	56	AGSP	1839	kroC100	100	SGSP	20749
ftv64	65	AGSP	1950	kroD100	100	SGSP	22068
ft70	70	AGSP	1788	rd100	100	SGSP	14422
ftv70	71	AGSP	1579	eil101	101	SGSP	629
ftv90	91	AGSP	2378	lin105	105	SGSP	5620
kro124p	100	AGSP	36230	pr107	107	SGSP	59030
ftv100	101	AGSP	1958	gr120	120	SGSP	6942
ftv110	111	AGSP	2166	bier127	127	SGSP	39
ftv120	121	AGSP	2307	ch130	130	SGSP	6110
ftv130	131	AGSP	2420	pr136	136	SGSP	96772
ftv140	141	AGSP	2611	gr137	137	SGSP	69853
ftv150	151	AGSP	2683	pr144	144	SGSP	58537
ftv160	161	AGSP	2755	ch150	150	SGSP	6528
ftv170	171	AGSP	1286	kroA150	150	SGSP	26524
ulysses16	16	SGSP	6859	kroB150	150	SGSP	29437
gr17	17	SGSP	2085	pr152	152	SGSP	73682
gr21	21	SGSP	134602	si175	175	SGSP	21407
ulysses22	22	SGSP	7013	brg180	180	SGSP	1950
gr24	24	SGSP	1272	rat195	195	SGSP	108159
fri26	26	SGSP	6905	d198	198	SGSP	15780
bayg29	29	SGSP	1610	kroA200	200	SGSP	29368
bays29	29	SGSP	2020	gr202	202	SGSP	40160
swiss42	42	SGSP	126643	tsp225	225	SGSP	42080
att48	48	SGSP	10628	pr226	226	SGSP	80369
gr48	48	SGSP	5046	pr264	264	SGSP	49135
hk48	48	SGSP	36230	a280	280	SGSP	2579
eil51	51	SGSP	426	pr299	299	SGSP	48191
berlin52	52	SGSP	7542				

Ek.2. İletişim operatörünün parametrelerinin farklı düzeyleri için deney sonuçları

Tablo 9.2. $M = 20$ için iletişim operatörünün diğer parametrelerinin farklı düzeylerinde elde edilen sonuçlar

M	$\rho_{iletişim}$	α	A	B	C	D
20	0.1	2	0.0559	0.0203	16.6405	19.7605
		3	0.0315	0.0216	19.0218	58.4091
		4	0.0307	0.0304	22.8165	116.6748
		5	0.0176	0.0332	28.0900	195.5942
		Ortalama	0.0339	0.0264	21.6422	97.6096
	0.5	2	0.0298	0.0388	21.4971	19.1098
		3	0.0270	0.0809	34.0608	56.2546
		4	0.0346	0.1410	54.0976	107.6495
		5	0.0332	0.2091	81.7332	179.1145
		Ortalama	0.0312	0.1174	47.8472	90.5321
	0.9	2	0.0347	0.0736	26.8394	18.4458
		3	0.0332	0.1628	51.3005	52.1688
		4	0.0329	0.3189	86.7647	101.5812
		5	0.0352	0.4016	131.2106	162.8161
		Ortalama	0.0340	0.2393	74.0288	83.7530
	1	2	0.0238	0.0742	28.0481	18.6114
		3	0.0281	0.1778	54.4892	51.4950
		4	0.0307	0.3388	95.0621	100.8707
		5	0.0322	0.4261	141.4938	160.7865
		Ortalama	0.0287	0.2543	79.7733	82.9409
Ortalama		0.0319	0.1593	55.8229	88.7089	

A: Ortalama sapma miktarı; B: Ortalama yeniden başlatma sayısı;
C: Ortalama bir jenerasyon çalışma süresi; D: Ortalama yapı taşı havuzu büyüklükleri

Tablo 9.3. $M = 30$ için iletişim operatörünün diğer parametrelerinin farklı düzeylerinde elde edilen sonuçlar

M	$\rho_{iletişim}$	α	A	B	C	D
30	0.1	2	0.0363	0.0350	32.3139	20.0064
		3	0.0198	0.0287	36.7317	60.5982
		4	0.0146	0.0463	43.6032	120.9643
		5	0.0143	0.0529	52.9173	201.3855
		Ortalama	0.0212	0.0407	41.3915	100.7386
	0.5	2	0.0183	0.0451	41.3963	19.9338
		3	0.0131	0.1087	64.8068	57.8404
		4	0.0144	0.1613	101.5158	116.3151
		5	0.0169	0.2220	149.3395	188.2595
		Ortalama	0.0157	0.1343	89.2646	95.5872
	0.9	2	0.0126	0.0809	50.6773	19.0942
		3	0.0193	0.1699	94.5438	56.8839
		4	0.0305	0.3692	160.7294	106.7420
		5	0.0256	0.4552	239.4968	178.4564
		Ortalama	0.0220	0.2688	136.3618	90.2941
	1	2	0.0222	0.0925	53.1812	19.1843
		3	0.0215	0.1838	101.5776	56.3195
		4	0.0226	0.3576	174.7259	109.3735
		5	0.0208	0.5286	263.1102	172.9446
		Ortalama	0.0218	0.2906	148.1487	89.4555
Ortalama		0.0202	0.1836	103.7917	94.0189	

A: Ortalama sapma miktarı; B: Ortalama yeniden başlatma sayısı;
C: Ortalama bir jenerasyon çalışma süresi; D: Ortalama yapı taşı havuzu büyüklükleri

Tablo 9.4. $M = 40$ için iletişim operatörünün diğer parametrelerinin farklı düzeylerinde elde edilen sonuçlar

M	$\rho_{iletişim}$	α	A	B	C	D
40	0.1	2	0.0233	0.0408	46.4710	20.0809
		3	0.0182	0.0401	52.2178	61.6930
		4	0.0079	0.0520	61.4008	121.3192
		5	0.0039	0.0675	73.5895	203.8574
		Ortalama	0.0133	0.0501	58.4198	101.7376
	0.5	2	0.0122	0.0679	58.7648	20.0258
		3	0.0095	0.1036	89.3804	59.9941
		4	0.0166	0.2061	136.1744	117.7384
		5	0.0140	0.2945	204.1907	195.9169
		Ortalama	0.0131	0.1680	122.1276	98.4188
	0.9	2	0.0136	0.0987	71.4965	19.6837
		3	0.0096	0.2311	128.5464	58.2241
		4	0.0167	0.3819	213.9130	111.9155
		5	0.0187	0.5010	324.7233	190.0565
		Ortalama	0.0146	0.3032	184.6698	94.9699
	1	2	0.0116	0.0933	74.4168	19.6778
		3	0.0143	0.2150	138.1981	57.4799
		4	0.0147	0.3900	227.6619	112.4392
		5	0.0178	0.6487	352.3831	181.9457
		Ortalama	0.0146	0.3367	198.1650	92.8857
Ortalama		0.0139	0.2145	140.8455	97.0030	

A: Ortalama sapma miktarı; B: Ortalama yeniden başlatma sayısı;
C: Ortalama bir jenerasyon çalışma süresi; D: Ortalama yapı taşı havuzu büyüklükleri

ÖZGEÇMİŞ

İlker Ozan Koç 11 Mayıs 1976 tarihinde Tokat'ta doğmuştur. Lisans öğrenimine 1994 yılında Eskişehir Osmangazi Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi İstatistik Bölümünde başlamış ve 1998 yılında mezun olmuştur. Yüksek lisans öğrenimini 2001 yılında aynı üniversitenin İstatistik Anabilim Dalı, Yöneylem Araştırması Bilim Dalında “*Doğrusal Olmayan Regresyon Modellerinin Parametrelerinin Genetik Algoritmayla Tahmin Edilmesi*” başlıklı teziyle tamamlamıştır. İş hayatına 2000 yılında Mustafa Kemal Üniversitesi, İktisadi ve İdari Bilimler Fakültesi, İşletme Bölümünde başlamıştır. 2001 yılında Eskişehir Osmangazi Üniversitesi, Mühendislik ve Mimarlık Fakültesi, Endüstri Mühendisliği Bölümüne doktora öğrenimini yapmak üzere görevlendirilmiştir ve halen aynı bölümde akademik çalışmalarına devam etmektedir. İlker Ozan Koç evli ve bir çocuk babasıdır.