



T.C.
Uludağ Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü

**GENETİK ALGORİTMADA
ÇAPRAZLAMA OPERATÖRÜ
İÇİN BİR BENZERLİK ÖLÇÜTÜ
GELİŞTİRİLMESİ**

Doktora Tezi

**GENETİK ALGORİTMADA ÇAPRAZLAMA
OPERATÖRÜ İÇİN BİR BENZERLİK ÖLÇÜTÜ
GELİŞTİRİLMESİ**

Alper ALTAN



T.C.

ULUDAĞ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**GENETİK ALGORİTMADA ÇAPRAZLAMA OPERATÖRÜ İÇİN BİR
BENZERLİK ÖLÇÜTÜ GELİŞTİRİLMESİ**

Alper ALTAN

Prof. Dr. H. Cenk ÖZMUTLU
(Danışman)

DOKTORA TEZİ
ENDÜSTRİ MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI

BURSA – 2013
Her Hakkı Saklıdır

TEZ ONAYI

Alper ALTAN tarafından hazırlanan ‘‘Genetik Algoritmada aprazlama Operatörü İin Bir Benzerlik Ölütü Geliştirilmesi’’ adlı tez alışması aşığıdaki jüri tarafından oy birliğı ile Uludağı Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Endüstri Mühendisliğı Anabilim Dalı’nda **DOKTORA TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Danışman :Prof. Dr. H. Cenk ÖZMUTLU

Başkan :	Prof. Dr. Erdal EMEL Uludağı Ü. Müh. Fakültesi, Endüstri Müh. Anabilim Dalı	İmza
Üye :	Prof. Dr. H. Cenk ÖZMUTLU Uludağı Ü. Müh. Fakültesi, Endüstri Müh. Anabilim Dalı	İmza
Üye :	Prof. Dr. Serpil EROL Gazi Ü. Müh. Fak., Endüstri Müh. Anabilim Dalı	İmza
Üye :	Do. Dr. Ufuk CEBECİ İTÜ İşletme Fak., Endüstri Müh. Anabilim Dalı	İmza
Üye :	Yrd. Do. Dr. Mehmet AKANSEL Uludağı Ü. Müh. Fakültesi, Endüstri Müh. Anabilim Dalı	İmza

Yukarıdaki sonucu onaylarım

Prof. Dr. Ali Osman DEMİR

Enstitü Müdürü

../../....(Tarih)

U.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü, tez yazım kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez çalışmada;

- tez içindeki bütün bilgi ve belgeleri akademik kurallar çerçevesinde elde ettiğimi,
- görsel, işitsel ve yazılı tüm bilgi ve sonuçları bilimsel ahlak kurallarına uygun olarak sunduğumu,
- başkalarının eserlerinden yararlanılması durumunda ilgili eserlere bilimsel normlara uygun olarak atıfta bulunduğumu,
- atıfta bulunduğum eserlerin tümünü kaynak olarak gösterdiğimi,
- kullanılan verilerde herhangi bir tahrifat yapmadığımı,
- ve bu tezin herhangi bir bölümünü bu üniversite veya başka bir üniversitede başka bir tez çalışması olarak sunmadığımı

beyan ederim.

20/11/2013
Alper ALTAN

ÖZET

Doktora Tezi

GENETİK ALGORİTMADA ÇAPRAZLAMA OPERATÖRÜ İÇİN BİR BENZERLİK ÖLÇÜTÜ GELİŞTİRİLMESİ

Alper ALTAN

Uludağ Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Endüstri Mühendisliği Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. H. Cenk ÖZMUTLU

Genetik algoritmalar, birçok çözülmesi ve/veya modellenmesi zor olan problemde iyi çözümler bulmak için sıklıkla kullanılan yaygın bir yöntemdir. Bu yöntemin en önemli aşamalarından bir tanesi çaprazlama aşamasıdır. Bu aşamada hangi kromozomların hangi kromozomlar ile çaprazlanacağı geleneksel genetik algoritma uygulamalarında rassal olarak belirlenmekte ve çeşitli çaprazlama kurallarına göre çaprazlama yapılmaktadır. Bu çalışmada eşleşmek için seçilen kromozomların hangisinin hangi kromozom ile eşleşeceği kararını, rassallıktan çıkararak, kromozomların benzerlik değerlerinin hesaplanması ile belirli kurallar çerçevesinde yapılması gerçekleştirilmiştir. Bu amaca yönelik olarak yeni bir benzerlik ölçütü tanımlanmıştır. Yeni benzerlik ölçütü tanımlanırken, bilgi teknolojileri alanında sıklıkla içerik benzerliğini tespit etmek için kullanılan ve sadece elemanları değil de onların sıralamalarını da dikkate alan ölçütlerden esinlenilmiştir. Geliştirilen metod genetik algoritmaların yaygın olarak kullanıldığı iki problem tipi için test edilmiş ve sonuçları sunulmuştur. Analizler sonucu test edilen iki problem için de, yeni geliştirilen benzerlik ölçütü kullanılarak yürütülen algoritmanın, standart genetik algoritma metoduna göre daha iyi sonuç verdiği tespit edilmiştir.

Anahtar Kelimeler: Genetik algoritmalar, benzerlik ölçütleri, çaprazlama

2013, xi + 80 sayfa

ABSTRACT

PhD Thesis

DEVELOPMENT A SIMILARITY MEASURE FOR CROSSOVER OPERATOR IN GENETIC ALGORITHM

Alper ALTAN

Uludağ University

Graduate School of Natural and Applied Sciences

Department of Industrial Engineering

Supervisor: Prof. Dr. H. Cenk ÖZMUTLU

Genetic algorithm is a powerful tool that has been successfully applied to many real world and academic optimization problems and the crossover process is the most important operation of a GA. This paper presents an add-on that helps to improve solution of the GA. The method based on the modification of selection process of chromosomes for crossover by using similarity of the individuals in the population according to a pre-defined method, but not randomly as usual. A new similarity measure is defined to calculate chromosome similarities. The calculation of the similarities of chromosomes is similar to the approach in information technologies in which the comparison of two texts depends on not only the similarity of words or phrases, but also their order. The improved method is tested for two common problems. The average results are better than the regular GA solutions for tested problems.

Keywords: Genetic algorithm, similarity measure, crossover

2013, xi + 80 pages.

TEŐEKKÜR

Çalıőmalarım boyunca deęerli yardım ve katkılarıyla beni yönlendiren, desteęini esirgemeyen tez danıőmanım Prof. Dr. H. Cenk ÖZMUTLU'ya, doktora çalıőmam boyunca beni destekleyen TÜBİTAK'a, yine kıymetli tecrübelerinden faydalandığım tez danıőma komitemde yer alan Prof. Dr. Erdal EMEL ve Prof. Dr. S. İlker BİRİL'e, ayrıca bugüne kadar maddi ve manevi desteklerini esirgemeyen annem ve babam ve onlara ayırmam gereken zamanlarından fedakârlık eden eőim ve oęluma teőekkürü bir borç bilirim.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT	ii
TEŞEKKÜR.....	iii
KISALTMALAR DİZİNİ.....	viii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	ix
ÇİZELGELER DİZİNİ	x
1. GİRİŞ	1
2. GENETİK ALGORİTMA VE KAVRAMSAL BİLGİLER	4
2.1. Genetik Algoritma Tanımı	4
2.2. Genetik Algoritmanın Temel Kavramları	4
2.2.1. Kromozom.....	5
2.2.2. Gen	6
2.2.3. Toplum büyüklüğü	6
2.2.4. Uygunluk değeri.....	7
2.2.5. Çaprazlama.....	8
2.2.6. Mutasyon.....	8
2.2.7. Sonlandırma koşulu.....	9
2.2.8. Genetik algoritma modeli.....	9
3. KAYNAK ARAŞTIRMASI	11
4. GELİŞTİRİLEN GENETİK ALGORİTMA MODELİ.....	17
4.1. Arka Plan.....	17
4.2. Model	18
4.3. Benzerlik Ölçütleri	19
4.3.1. Kosinüs benzerlik ölçütü.....	19
4.3.2. Jaccard benzerlik ölçütü	20
4.3.3. Yeni tanımlanan benzerlik ölçütü	21
4.4. Çaprazlama Operatörleri	22

4.4.1. Kısmi planlı çaprazlama – PMX	22
4.4.2. Sıraya dayalı çaprazlama – OBX	23
4.4.3. Sıralı çaprazlama – OX	23
4.4.4. Küme bölünme çaprazlama yöntemi – SPX	24
5. ÖNERİLEN GENETİK ALGORİTMA UYARLAMASI İLE GEZGİN SATICI PROBLEMİNİN ÇÖZÜMÜ	25
5.1. Problem Tanımı.....	25
5.2. Kromozom Tanımı	26
5.3. Çaprazlama Yöntemi.....	27
5.4. Mutasyon Yöntemi.....	27
5.5. Standart Genetik Algoritma Adımları ve Uygulanacak Modifikasyon.....	28
5.6. Deney Seti	30
5.7. Deneyleerin sonuçları ve karşılaştırmalar	30
5.7.1. Rota gösterimli kromozomların benzerliğine göre yapılan çalışmalar	31
5.7.1.1. Rota gösterimli kromozomların kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları	31
5.7.1.2. Rota gösterimli kromozomların kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en az benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları	32
5.7.1.3. Rota gösterimli kromozomların kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak çaprazlandığı deneyleerin sonuçları ile ilgili yorumlar.....	34
5.7.2. Genlerin sıralanmalarının benzerliğine göre yapılan deneyleer	35
5.7.2.1.Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları	37
5.7.2.2.Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en az benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları	38
5.7.2.3.Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak en benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları	39
5.7.2.4.Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak en az benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları	40
5.7.2.5.Genlerin sıralanmalarının benzerliğine göre yapılan deney sonuçları ile ilgili yorumlar	41

5.7.3.	Belirli sayıda iterasyona kadar / iterasyondan sonra genlerin sıralanmalarının benzerliğine göre yapılan deneyler	42
5.7.3.1.	Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak ilk 200 iterasyon benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları	42
5.7.3.2.	Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak 200 iterasyon az benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları	43
5.7.3.3.	Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak 200 iterasyon benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları.....	44
5.7.3.4.	Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak 200 iterasyon az benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları.....	45
5.8.	Yeni Benzerlik Tanımına Göre Yapılan Deneyler	46
5.8.1.	Yeni benzerlik tanımına göre benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları	47
5.8.2.	Yeni benzerlik tanımına göre az benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları	49
5.8.3.	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak bir problem üzerinde değişik uygulama örnekleri	51
5.8.4.	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak bir problem üzerinde farklı senaryoların en iyi çözümlerinin karşılaştırılması	53
6.	ÖNERİLEN GENETİK ALGORİTMA UYARLAMASI İLE ATÖLYE ÇİZELGELEME PROBLEMİNİN ÇÖZÜMÜ	55
6.1.	Problemin Tanımı	55
6.2.	Kromozom Tanımı	56
6.3.	Çaprazlama Yöntemi	57
6.4.	Mutasyon Yöntemi	58
6.5.	Standart Genetik Algoritma Adımları ve Uygulanacak Modifikasyon	58
6.6.	Deney Seti.....	61
6.7.	Deneylerin Sonuçları ve Karşılaştırmalar	61
6.7.1.	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları	61
6.7.2.	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak az benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları	63
7.	SONUÇLAR	66

KAYNAKLAR	69
EK 1 – ATÖLYE ÇİZELGELEME PROBLEMİ İÇİN ÖRNEK MATLAB KODLARI...	77
ÖZGEÇMİŞ	80

KISALTMALAR DİZİNİ

Kısaltmalar	Açıklama
GA	Genetik algoritma
GSP	Gezgin satıcı problemi
OBX	Operatörleri sıraya dayalı çaprazlama
OX	Sıralı çaprazlama
PMX	Kısmi planlı çaprazlama
SPX	Küme bölünme çaprazlama
PBX	Pozisyona dayalı çaprazlama
HX	Sezgisel çaprazlama
ERX	Kenar kombinasyonu çaprazlama
SMX	Sıralı eşleştirme çaprazlama
MPX	Maksimum koruyucu çaprazlama
APX	Alternatif pozisyon çaprazlama
IX	Kesişim çaprazlama
UX	Birleşim çaprazlama

ŞEKİLLER DİZİNİ

	Sayfa
Şekil 2.1 Standart genetik algoritma modeli	9
Şekil 4.1 Standart GA adımlar ve önerilen modifikasyon	19
Şekil 4.2 Kosinüs Benzerliği.....	20
Şekil 4.3 PMX Çaprazlama operatörü adımları	23
Şekil 4.4 OBX çaprazlama yöntemi.....	23
Şekil 4.5 OX çaprazlama yöntemi	24
Şekil 4.6 SPX çaprazlama yöntemi.....	24
Şekil 5.1 Eil76 problemi şehir lokasyonları ve bir örnek çözüm.....	26
Şekil 5.2 Mutasyon yöntemi	27
Şekil 5.3 Standart GA ve önerilen modifikasyon	29
Şekil 5.4 Genlerin sıralamasına göre benzerlik hesaplama matrisi.....	36
Şekil 6.1 Örnek kromozom için çözüm şeması.....	57
Şekil 6.2 Genetik algoritma için önerilen modifikasyon	59

ÇİZELGELER DİZİNİ

Sayfa

Çizelge 3.1 Çaprazlama ve mutasyon operatörleri (Larrañaga ve ark. 1999).....	13
Çizelge 3.2 GA ile çizelgeleme problem çözüm çalışmaları (Gonçalves ve ark. 2002).....	14
Çizelge 5.1 GSP deneyleri için seçilen problem listesi.....	30
Çizelge 5.2 Standart GA'ya göre deney sonuçları	31
Çizelge 5.3 Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en benzer kromozomların çaprazlandığı deney sonuçları.....	33
Çizelge 5.4 Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en az benzer kromozomların çaprazlandığı deney sonuçları	34
Çizelge 5.5 Genlerin sıralamasına göre kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en benzer kromozomların çaprazlandığı deney sonuçları	37
Çizelge 5.6 Genlerin sıralamasına göre kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en az benzer kromozomların çaprazlandığı deney sonuçları	39
Çizelge 5.7 Genlerin sıralamasına göre Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak en benzer kromozomların çaprazlandığı deney sonuçları	40
Çizelge 5.8 Genlerin sıralamasına göre Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak en az benzer kromozomların çaprazlandığı deney sonuçları	41
Çizelge 5.9 Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak ilk 200 iterasyon benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları	43
Çizelge 5.10 Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak ilk 200 iterasyon en az benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları	44
Çizelge 5.11 Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak ilk 200 iterasyon en benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları	44
Çizelge 5.12 Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak ilk 200 iterasyon en az benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları	45
Çizelge 5.13 Yeni benzerlik tanımına göre benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları	48
Çizelge 5.14 Ortalama değerlerdeki iyileşme yüzdeleri	49

Çizelge 5.15 Yeni benzerlik tanımına göre az benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları.....	50
Çizelge 5.16 Ortalama değerlerdeki iyileşme yüzdeleri	50
Çizelge 5.17 Deney yapılan senaryolar ile ilgili açıklamalar	51
Çizelge 5.18 Çeşitli senaryolara göre yapılan deneylerin sonuçları	53
Çizelge 5.19 10'lu grupların en iyi çözümlerinin karşılaştırılması.....	54
Çizelge 6.1 İşlerin işlem göreceği makine sırlaması.....	57
Çizelge 6.2 Atölye çizelgeleme problem için deney yapılacak problemler.....	61
Çizelge 6.3 Atölye çizelgeleme problemleri standart GA çözümleri	62
Çizelge 6.4 Atölye çizelgeleme problem için benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları	63
Çizelge 6.5 Ortalama değerlerdeki iyileşme yüzdeleri	63
Çizelge 6.6 Atölye çizelgeleme problem için az benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları.....	64
Çizelge 6.7 Ortalama değerlerdeki iyileşme yüzdeleri	64

1. GİRİŞ

Gelişen teknoloji, iletişim altyapısı ve lojistik olanaklarının artması ile birlikte, gerçek hayatta karşılaşılan problemler de karmaşıklaşmaya devam etmektedir. Özellikle problemler içerisinde şehir sayısı, makine sayısı, araç sayısı vb. parametrelerin yüksek değerler alması ile problem boyutlarının büyümesi karmaşık problemlerin çözümünde geleneksel yöntemlerin yetersiz kalmasına sebep olmaktadır. Bu bağlamda sezgisel çözüm tekniklerinin de önemi hızla artmış ve bu metotlarda geliştirme arayışlarını gündeme getirmiştir. Evrimsel hesaplama teknikleri, bu arayışların sonucu olarak ortaya çıkan tekniklerdir ve en yaygın olarak kullanılan evrimsel hesaplama tekniği genetik algoritmalarıdır. Doğada süregelen eşleşme, mutasyon, çevreye uyumu daha iyi olanların hayatta kalması ve çoğalması gibi süreçler genetik algoritmalarda 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 (Koç, 2007). Genetik algoritmalar polinom zamanda çözümü mümkün olmayan birçok problem için, en iyi çözüme yaklaşık çözüm bulmak için kullanılan sezgisel bir yöntemdir. Birçok alanda kullanılmaya başlayan GAlar özellikle mühendislik hesaplamaları, finans ve lojistik problemlerinde faydalı sonuçlar vermiştir. Optimizasyon problemlerinde yaygın olarak kullanılan GAlar, sayısal ve kombinasyonel optimizasyon problemlerinde kullanılmıştır. Gezgin satıcı problemi, çizelgeleme problemleri, devre dizaynı, ses ve görüntü kalitesi optimizasyonu problemleri GAların kullanıldığı optimizasyon problemlerine örnek olarak gösterilebilir. Bunun yanı sıra makine ve robotların öğrenmesi çalışmalarında, özellikle sınıflama, tahmin etme amacıyla GAlar kullanılmaktadır. Mühendislik problemlerinde olduğu kadar ekonomik modellerde de başarılı sonuçlar veren yöntem pazar analizleri ve teklif stratejileri belirlemede de kullanılmaktadır.

Bu kadar yaygın kullanımı olan bu yöntem ile ilgili yapılan bazı çalışmalar daha etkin genetik algoritma tasarımları üzerine yoğunlaşırken, bazı çalışmalar genetik algoritmaların farklı uygulama alanlarında kullanımı üzerine odaklanmıştır. Bu çalışma kapsamında yapılan araştırmalar da yönteme adapte edilecek bir eklenti ile yöntemin daha iyi sonuç vermesini sağlamaya yöneliktir. GA yönteminin herhangi bir aşamasını iyileştirmenin hem en iyi sonuca daha fazla yaklaşmak hem de daha hızlı çözüme ulaşmak açısından fayda sağlayacağı aşikârdır. Yönteme adapte edilen eklenti benzerlik ölçütü kullanılmasını öngörmektedir.

Benzerlik kavramı hemen hemen her bilimsel alanda kullanılan temel ve önemli bir kavramdır. Örneğin, matematik, geometri ve trigonometri alanlarında kullanılmakta, semantik gibi alanlarda topolojik yöntemler ile uygulamaları bulunmaktadır. Sınıflama ve gruplama problemlerinde, yönetim, tıp ve meteorolojide uygulamaları bulunan bulanık küme teorisinde, moleküler biyoloji alanında önemli bir sorun olan protein çiftlerinin sekans benzerliği ölçmekte kullanılmaktadır. Benzerlik ölçütü kavramı adından da anlaşılacağı üzere iki farklı nesne arasındaki benzer yönleri sayısal olarak ifade etmeye yarayan bir göstergedir. Matematiksel olarak uzaklık, iki nesnenin ne kadar ayrı olduğunun nicel derecesi olarak tanımlanır. Metrik özellikleri sağlayan uzaklık ölçütleri basitçe metrik olarak adlandırılırken, diğer metrik olmayan uzaklık ölçütleri sapma olarak adlandırılmaktadır. Benzerlik ölçütleri ise benzerlik katsayıları olarak adlandırılmakta ve bu sapmaların az olduğu durumlarda yüksek değerler almaktadır.

Son yıllarda internet kullanımının yaygınlaşması ve milyonlarca internet sayfasının yapılması, bu sayfalarda arama kabiliyetlerinin de gelişmesi ihtiyacını doğurmuştur. Bu bağlamda arama motorlarının önemi de artmış ve özellikle internet sayfalarında hızlı bir şekilde içerik arama, karşılaştırma yapma gibi gereksinimler ortaya çıkmıştır. Bu noktada aranan kelimeler ile internet sayfalarının uyumu, benzer internet sayfalarının gruplanması gibi birçok işlemde benzerlik kavramı kullanılmaktadır. Özellikle aranan kelime grubunun internet sayfası ile uyumu noktasında sadece kelimelerin o sayfada geçmesi değil aynı zamanda aranan sıra ile geçmesi de aranan sonuca daha hızlı ulaşılabilmesi açısından önemlidir. Sayısal olarak ifade etmenin çok zor olacağı iki internet sayfasının

karşılaştırılması içinde geçen harflere ve kelimeler göre yapılması anlamsız sonuçlar ortaya çıkarabilmektedir. Kelimelerin birbiri ardına sıralamalarını içerecek şekilde doğru tanımlanmış benzerlik ölçütleri kullanılarak bu karşılaştırmalar yapılabilmekte ve kısa süre içerisinde iyi sonuçlar elde edilmektedir. İki internet sayfası, kelime sıralamaları dikkate alınarak karşılaştırılıp, birbirine olan benzerlikleri ifade edilebiliyorsa, bu tez kapsamında yapılacak çalışmalarda da genetik algoritma metodunda kromozomların benzerliklerinin tanımlanması ve bu benzerlik değerlerine göre bazı kurallar çerçevesinde algoritma adımlarına müdahale edilmesi planlanmıştır.

Bu çalışmanın amacı, bir çok zor problemin çözümünde yaygın olarak kullanılan bir metot olan genetik algoritmalar metoduna bir eklenti yaparak metodun geliştirilmesini sağlamaktır. Algoritmada yapılacak modifikasyon ile daha iyi çözümlere ulaşılması hedeflenmektedir. Bu amaçla hazırlanan tez çalışması kapsamında ikinci bölümde genetik algoritmalar ile ilgili kısaca teorik bilgi ve tanımlamalara yer verilmiştir. Genel olarak genetik algoritmalar metodunu geliştirmeye yönelik hazırlanmış çalışmalar, özel olarak da genetik algoritmalarda hangi kromozomun hangi kromozom ile eşleşeceği konusunda daha önce yapılan çalışmalar, bunun yanı sıra benzerlik ölçütlerinin genel kullanımı ve genetik algoritmalarda kullanımı ile ilgili yapılmış çalışmalar üçüncü bölümde açıklanmaktadır. Geliştirilen modelin anlatıldığı dördüncü bölümde, çalışmanın arka planı, önerilen modelin adımları, kullanılan benzerlik ölçütleri ve çaprazlama operatörleri açıklanmıştır. Önerilen modelin test edilmesi ve sonuçların analiz edilebilmesi için, çözümlerinde genetik algoritma yönteminin yaygın olarak kullanıldığı iki örnek problem seçilmiştir. Bu problemlerden gezgin satıcı problemi ile ilgili yapılan çalışmalar, örnek problem seti, farklı senaryo uygulamaları ve bunların sonuçları beşinci bölümde aktarılmaktadır. Altıncı bölümde de atölye çizelgeleme problemi için yapılan tanımlamalar, deney seti ve deney sonuçları sunulmuştur. Yedinci ve son bölümde tez kapsamında yapılan çalışma sonucu ulaşılan bilgiler ve çalışmayı geliştirmek için gelecekte neler yapılabileceği belirtilmiştir.

2. GENETİK ALGORİTMA VE KAVRAMSAL BİLGİLER

Çalışmanın bu bölümünde genetik algoritmaların tanımı ve temel kavramları, biyolojik anlamı, GA'nın çözüm aşamaları ve GA ile çözülen bazı problemler açıklanmaktadır.

2.1. Genetik Algoritma Tanımı?

Genetik algoritma (GA), biyolojik doğal yaşam sürecine göre modellenmiş ve en iyinin hayatta kalması prensibine dayanan bir sezgisel problem çözme yöntemidir. “Genetik algoritma” ifadesi ilk defa Bagley'in (1967) doktora çalışmasında kullanılmış, Holland (1975) GAların teorik bulgularını literatüre kazandırmış ve aynı yıl içerisinde yapılan De Jong'un (1975) çalışmasında, GAların en iyileme amaçlı olarak kullanılabilceği çeşitli deneyler üzerinde gösterilmiştir.

GA, deterministik yöntemlerle çözümü zor veya imkânsız olan problemlerin, evrimsel aşamalardan geçirilerek çözümlenmesini sağlayan bir yöntemdir. Karmaşık, kısıt sayısı fazla, amaç fonksiyonu kurulamayan ve kesin çözüm yöntemi olmayan ve/veya Np-zor problemlerde, GA yöntemiyle kabul edilebilir sürede, kabul edilebilir derecede iyi sonuç verecek şekilde, kesin çözüm olmasa bile yaklaşık bir çözümü kısa sürede bulmak amaçlanmaktadır.

GA en iyi çözümü, doğal seleksiyon ve doğal genetik aşamalara benzetim yapılmış stokastik bir arama yöntemi ile bulmaktadır. Algoritma, kromozom adı verilen ve rastgele çözüm kümelerinden oluşan bir toplum ile başlar. Başlangıç toplumu daha sonraki üremelerde elde edilen başarılı kromozomlar ile sürekli değişime uğramakta ve gelişmektedir (Huang ve ark. 2005). GA'larda değişim, problemin çözüm alternatiflerini artırmak açısından önemlidir. Böylece çözüm uzayı genişletilerek, amaçlanan en iyi çözümü bulma olasılığı artırılmaktadır.

2.2. Genetik Algoritmanın Temel Kavramları

Genetik algoritma yönteminde kullanılan terimlerin birçoğu genetik bilim dalından esinlenmiştir. 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 kromozomdan oluşur. Kromozomlar ise belirli sayıda genden oluşurlar. Genler DNA'nın fonksiyonel yapılarıdır ve her biri belirli bir proteini kodlar. Yani genler göz rengi, saç şekli gibi belirli özellikleri kodlayan yapılardır. Bir özelliğin kromozom tarafından kodlanmış haline genotip, bu özelliğe ise fenotip denilmektedir. Canlılar ürediklerinde ortaya çıkan yavruların kromozomları ebeveynlerinin kromozomlarının bir karışımıdır. Dolayısıyla yavruların kromozomlarının bir kısmı anneden bir kısmı da babadan gelmektedir. Bu işleme çaprazlama adı verilir. Ayrıca doğada meydana gelen bazı etkiler veya genetik süreçteki çeşitli hatalar nedeniyle kromozom üzerinde yer alan bazı genlerde değişiklikler meydana gelmektedir. Genlerdeki bu değişim ise mutasyon olarak adlandırılmaktadır.

Genetik algoritmaların tüm bilim dünyasında kabul görmüş kesin bir tanımı olmamakla birlikte, kromozom popülasyonları, uygunluk fonksiyonu, yeni birey türetmek için çaprazlama ve mutasyon kavramları genel kabul görmüş unsurlardır.

2.2.1. Kromozom

Genetik algoritma modellerinde her bir çözümü matematiksel olarak ifade edebilmek için kromozomlar tanımlanmaktadır. Her kromozom, temsil ettiği çözüme ait bilgileri içermekte ve bilgiler bir dizi halinde kodlanmaktadır. Kromozom üzerinde yer alacak bilgiler; GA'nın, çözüm uzayında en iyi çözümü araması için gerekli olan bilgilerin tümünü içerecek şekilde tasarlanmalıdır (Mori ve Tseng 1997). Bu şekilde genetik işlemler ile daha başarılı sonuçları elde etmek mümkün olmaktadır.

Kromozom üzerinde saklanacak bilgilerin anlam bütünlüğü açısından, kodlamanın önceden belirlenen bir sisteme göre yapılması gerekmektedir. Kromozom kodlamasının, algoritmanın ilk uygulamalarında, ikili sayı sistemine göre yapıldığı gözlemlenmektedir. İkili sayı sisteminde hazırlanan bir kromozomda, her bir bit, çözümün bir karakteristiğini temsil etmekte ve bilgisayar tarafından daha rahat ve hızlı bir şekilde işleme tabii tutulmaktadır (Chan ve ark. 2005). Karar değişkenlerinin tamsayı ya da reel olduğu

problemlerde, ikili sistemde kodlanan kromozomlardan oluşan bir alt dizi, çözümün bir karakteristiğini temsil etmektedir.

Örneğin; $f(x) = x^2 - 4x - 7$ fonksiyonunu, $x \in [0,63]$ aralığında en büyükmeye çalışan bir problemde, x 'in alabileceği 0 ile 63 arasındaki bütün değerler birer kromozom olarak tanımlanabilir. Bu değerler 2'li sayma sistemine göre gösterilirse 0 ve 1 rakamlarından oluşan 6 haneli bir dizi oluşacaktır.

[1 0 0 0 0 0] kromozomu $x=32$ 'yi

[1 0 1 0 1 0] kromozomu $x= 42$ 'yi

[1 1 0 0 0 0] kromozomu ise $x=48$ değerini ifade etmektedir.

Kromozomların kodlanması, genellikle ikili sayı sistemi temel alınarak yapılırsa da, tamsayı ve reel sayılar da kullanılmaktadır (Mitchell 1999). Özellikle, karar değişkeni sayısı fazla ve değişkenin ikili sistemdeki karşılığı uzun olan problemlerde onlu sistemde yapılan kodlama tercih edilmektedir.

2.2.2. Gen

Gen, bir bireyin kalıtsal özelliklerinden herhangi birini taşıyan parçadır ve her gen özel kromozomların belli konumunda bulunan dizilerden/değerlerden oluşmaktadır. Kromozom üzerinde, belli bir konumda bulunan genler, sıralamaları da dikkate alınarak temsil edilen değişkenin değerini ifade etmektedir. Her bir karar değişkeninin sayısal değeri, bir gen grubu tarafından temsil edilir. Genlerin bir dizi halinde sıralanması ile ortaya çıkan kromozomda, problemdeki karar değişkeni veya değişkenleri bir arada bir dizi halinde bulunmaktadır.

2.2.3. Toplum büyüklüğü

Toplum büyüklüğü, toplumdaki birey (kromozom) sayısını belirtir. Toplum büyüklüğünün seçimi algoritmanın performansını etkilemektedir. Gereğinden küçük seçilen bir toplum büyüklüğü, algoritmanın dar bir çözüm uzayında uygulanmasını ve problemin çözümüne ulaşamama ihtimalini artıracaktır. Gereğinden büyük seçilen bir toplum büyüklüğü ise,

algoritmanın anlamlı sonuçlara geç ulaşmasına ve yavaş çalışmasına neden olacaktır (Goldberg 1992). Büyük toplumda çözüm uzayı daha iyi örneklenebileceğinden arama daha etkin yapılırken, arama süresi uzayacaktır fakat gereğinden fazla büyük seçilen toplumların kullanılmasının yararlı olmadığı bazı çalışmalarda gözlemlenmiştir.

2.2.4. Uygunluk değeri

Problemin amaç fonksiyonu ile GA yönteminin eşleştirebilmesi için tanımlanan dönüşüm fonksiyonuna uygunluk fonksiyonu adı verilmektedir. Toplumdaki bireylerin bir sonraki nesle aktarılması ve yeni nesil için yavruların türetilmesi, belirlenen uygunluk fonksiyonuna göre uygunluk değerinin hesaplanması sonucu yapılmaktadır. Algoritmanın her iterasyonunda, yani her yeni nesil tanımlama aşamasında bireylerin uygunluk değerleri hesaplanır ve bu değerlere göre çaprazlamaya girecek bireyler, yeni nesle doğrudan aktarılacak bireyler ve bazı durumlarda mutasyona uğrayacak bireyler belirlenebilir. Uygunluk değeri en yüksek olan kromozomlar, problemin çözümü için en iyi sonucu veren kromozomlardır. Bu sebeple, uygunluk değeri yüksek bireylerin öncelikli seçileceği bir yöntem ile yeni toplumun oluşturulması, GA'nın gücünü oluşturan başlıca faktörlerden biridir.

Literatürde, uygunluk değerlerine göre seçilecek bireyleri belirlemek için geliştirilmiş birçok yöntem bulunmaktadır. Rulet çarkı ve turnuva seçim yöntemleri en yaygın kullanılan yöntemler olarak göze çarpmakla birlikte, elitist strateji kullanılarak öncelikle uygunluk değeri yüksek olan belirli sayıda bireyin yeni nesile doğrudan aktarılması da sıklıkla uygulanan bir yöntemdir.

Rulet çarkı yönteminde, toplumdaki tüm bireylerin uygunluk değerleri hesaplanmakta ve bireylerin uygunluk değerleri toplanmaktadır. Her bireyin uygunluk değeri, bu toplama bölünerek, o bireyin seçilme olasılığı hesaplanmaktadır. Böylelikle uygunluk değeri yüksek olan bireylerin seçilme olasılıkları da yüksek olacaktır.

Turnuva seçim yönteminde, önce toplumu oluşturan kromozomlar belirli kriterlere göre gruplandırılmakta, daha sonra, grup içindeki kromozomlar kıyaslanarak aralarında

uygunluk değeri yüksek olan bir/birkaç kromozom yeni topluma aktarılmak üzere seçilmektedir. Böylece oluşturulan yeni toplum, bir önceki toplumun zayıf bireylerinden arındırılmaya çalışılmaktadır.

2.2.5. Çaprazlama

Çaprazlama, uygunluk değerlerine göre seçilen bireyler arasında gen alışverişinde bulunulmasını ifade eder. Mevcut gen havuzunun potansiyelini arttırmak için, bir önceki nesilden daha iyi nitelikler içeren yeni bireyler elde edebilmek için çaprazlama operatörü kullanılır. Nasıl ki bir çocuk bazı özelliklerini anneden, bazılarını da babadan alarak farklı bir birey olarak dünyaya gelmektedir; aynı şekilde çaprazlama için seçilen bireyler de belirli metotlara göre eşleştirilerek, yeni yavru bireylerin ortaya çıkmasını sağlamaktadır.

Çaprazlama işlemi, toplumda bulunan kromozomların belirli bir oranına uygulanmaktadır. Çaprazlama oranı olarak adlandırılan bu oran, algoritmanın başında ya da her yeni toplumu oluşturmadan önce belirlenebilmektedir. Böylece seçilen ebeveyn kromozomlar, çaprazlama oranı ölçüsünde yeni bireyler oluşturmak üzere çaprazlanırlar.

Problem tipine ve kromozom yapısına göre literatürde kullanılmış bir çok çaprazlama yöntemi bulunmaktadır. Bunların en basitleri tek nokta, iki nokta, çok nokta çaprazlama operatörleridir. Bunun yanı sıra ağ modelleri problemlerinde pozisyona dayalı çaprazlama (position based crossover – PBX), sıraya dayalı çaprazlama (order based crossover – OBX), kısmi planlı çaprazlama (partially mapped crossover – PMX), çevrim çaprazlama (cycle crossover - CX), sıralı çaprazlama (ordered crossover - OX) gibi birçok çaprazlama yöntemi geliştirilmiştir.

2.2.6. Mutasyon

Mutasyon, belirlenmiş bir ihtimal dahilinde yeni türetilmiş olan bireylerde yapılan küçük çaplı farklılaşmalarlardır. Çaprazlama işlemi takip eden bir işlemdir ve bir bireyde rastgele değişimi sağlayarak yeni birey oluşmasına olanak verir. Bu aşama doğal mutasyon sürecinde olduğu gibi nesillerin farklılaşmasında önemli bir etkidir. Literatürde kullanılan bazı mutasyon operatörleri kromozomun rastgele seçilmiş belirli elemanlarında yer

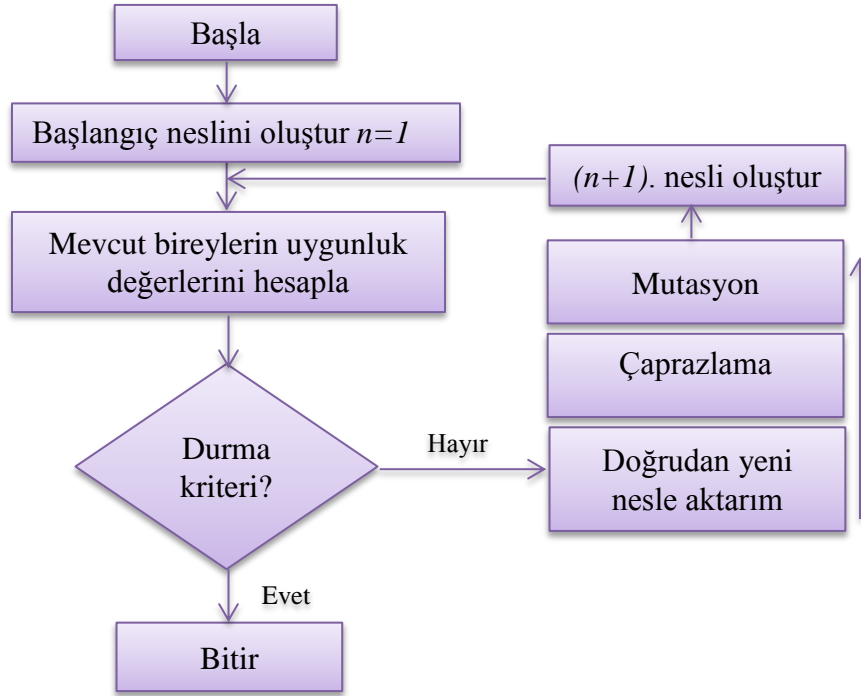
değiştirme, ters çevirme, kaydırma vb. olarak karşımıza çıkmaktadır. Çaprazlanmış bireylerin mutasyona uğrama ihtimali dikkatlice belirlenmelidir.

2.2.7. Sonlandırma koşulu

Bir GA probleminde iterasyonların kaç kez tekrarlanacağı, bir başka deyişle ne kadar yeni nesil oluşturulacağı, problemde tanımlanan sonlandırma koşulu ile ilişkilidir. Önceden algoritmanın sonlandırılacağı iterasyonu belirlemek bir yöntem olabileceği gibi, ardarda belirli sayıda iterasyon çözümde iyileşme olmaması durumunda algoritmanın sonlandırılması da alternatif bir yöntemdir.

2.2.8. Genetik algoritma modeli

GA; seçim, çaprazlama ve mutasyon operatörlerini başlangıç toplumu üzerinde kullanmaya başlayarak, her jenerasyonda yeni bir toplum elde etmek yoluyla bir problemin en iyi çözümünü bulmayı amaçlamaktadır. En basit hali ile bir GA modelinin akış şeması Şekil 2.1’de gösterilmiştir.



Şekil 2.1 Standart genetik algoritma modeli

Öncelikle algoritma içerisinde kullanılacak parametreler ve başlangıç toplumu belirlenmelidir. Daha sonra her iterasyonda sırasıyla mevcut toplumdaki bireylerin uygunluk değerlerinin hesaplanması, direkt aktarılacak ve çaprazlamaya girecek bireylerin seçilmesi, çaprazlama ve mutasyon işlemlerinin tamamlanması ve yeni toplumun bu şekilde oluşturulması aşamaları tamamlanmaktadır. Durma kriteri sağlandığında algoritma durdurulmakta ve o toplumdaki uygunluk değeri en iyi olan birey algoritmanın önerdiği çözüm olarak belirlenmektedir. Bu süreçte GA modelinin başarısı; kromozomların nasıl kodlanacağına, toplum büyüklüğüne, seçim, çaprazlama ve mutasyon operatörlerinin metotlarına ve olasılıklarına, sonlandırma koşuluna göre değişiklik gösterebilmektedir.

3. KAYNAK ARAŞTIRMASI

Matematiksel olarak çözümlenmesi zor ve modeli karmaşık olan problemleri hızlı ve en iyi çözüme yakın olarak çözebilen genetik algoritma yöntemi birçok problem tipine uygulanmış ve çözümünü hızlandırmak ve iyileştirmek için, yöntem birçok farklı yaklaşım ile desteklenmiştir. Burada karşılaşılan en büyük zorluk problemin genetik algoritma modeli olarak ifade edilmesidir. Bu zorluk genetik algoritmayı probleme göre adapte etme veya problemi genetik algoritma yapısına adapte etme yoluyla aşılmaya çalışılmıştır.

Literatürde Holland (1975) ile başlayan GA yöntemi ile ilgili birçok çalışma yapılmıştır. Bu çalışmaların birçoğu GA yönteminin bazı problemlerde uygulaması ve problem çözümünü geliştiren farklı yaklaşımlar sunulması şeklindedir. Bir kısım çalışmalarda ise özellikle çaprazlama ve mutasyon işlemlerinin farklı yöntemlerle yapılması ile GA yöntemine genel bir iyileşme sağlanması planlanmıştır. Bu tez kapsamında yapılan çalışmada problem türünden bağımsız olarak GA yöntemi üzerinde bir eklenti yapılarak GA ile çözülebilen bütün problemlere uygulanabilecek bir modifikasyon önerisi sunulmaktadır. Bu bağlamda konu ile ilgili kaynak araştırması öncelikle GA yönteminde çaprazlama aşamasına müdahale eden çalışmaları kapsayacak, bunun akabinde de çalışma kapsamında test için kullanılan iki problem tipi, gezgin satıcı problemi ve atölye çizelgeleme problemi, için GA ile yapılan çalışmalar hakkında kısaca bilgi verilecektir.

Omar ve Younis (2009), GA yönteminde en önemli operasyonun çaprazlama olduğunu vurgulamıştır. Bunun sebebi olarak bireyler arası karakter özelliklerinin yeni nesile aktarılması aşamasının çaprazlama sayesinde olduğu belirtilmiştir ve ters değişmeli çaprazlama operatörünü geliştirmiştir. Çaprazlama aşamasında yapılabilecek bir iyileşme metodun da gelişmesine fayda sağlayacaktır.

Karcı ve Sanaç (2004) bal arısı çaprazlama yöntemi kullanarak yeni bir çaprazlama çeşidi önermişlerdir. Buna göre nesil içindeki en yüksek uygunluk değerine sahip kromozom seçilmekte ve bu kromozom seçilen diğer kromozomlar ile eşleştirilmektedir. Bu süreç her yeni nesil türetilirken aynı şekilde devam ettirilmektedir. Kromozom seçimini rassallıktan

çıkarak deterministik bir yapıya dönüştüren bu yöntem ile çeşitli fonksiyonların optimum çözümü test edilmiş ve optimum değere yakınlık açısından rassal çaprazlamaya göre daha iyi sonuçlar elde edilmiştir. Bu tez çalışması kapsamında da kromozom seçimi rassallıktan kurtarılarak belirli bir kural çerçevesinde yapılmaktadır.

Genetik algoritmaların gezgin satıcı problemi için de geliştirilmiş farklı uygulamaları 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 ve ark., 1991; Bui ve Moon 1994; Gorges-Schleuter, 1997; Merz ve Freisleben 1997; Choi ve ark. 2003), bazı çalışmalar ise yerel arama tekniklerini çaprazlama veya mutasyon operatörlerinin içine entegre ederek kullanmaktadır (Grefenstette, 1987; Jog ve ark. 1989; Katayama ve ark. 2000; Ray ve ark. 2004).

Genetik algoritma metodunun performansını geliştirmek amacıyla çaprazlama ve mutasyon operatörleri üzerine yapılan çalışmalar (Larrañaga ve ark. 1999) Çizelge 3.1'de gösterilmiştir. Literatürde genetik algoritma yönteminin daha etkin hale getirilmesi için yapılmış çalışmalar çaprazlama sürecine yoğunlaşmış ve özellikle çaprazlama metodunun değiştirilmesi ile sağlanmaya çalışılmıştır.

Genetik algoritmaların çizelgeleme problemine ilk adaptasyonu, Davis (1985) tarafından yapılmıştır. Cheng (1999) ve arkadaşları genetik algoritma yöntemini kullanan çizelgeleme problemi çözümleri ile ilgili kapsamlı iki derleme çalışması hazırlamışlardır bunların ikincisinde özellikle hibrid yaklaşımlara yer verilmiştir. Klasik genetik algoritma yönteminin iyi çözümlere yaklaşmakta bazı durumlarda yetersiz olduğunu ve bu yüzden birçok yeni metodun bu yöneme entegre edilmeye çalışıldığı vurgulanmıştır. Çalışmada çaprazlama ve mutasyon işlemine önerilen çeşitli yeni yaklaşımların yanı sıra hibrid

genetik algoritmalar başlığı altında genetik algoritma ile yerel arama algoritmasının, Giffler Thompson algoritmasının ve kayan darboğazlı sezgisel algoritmasının birleştirildiği hibrid algoritmalar anlatılmıştır

Çizelge 3.1 Çaprazlama ve mutasyon operatörleri (Larrañaga ve ark. 1999)

Operatör	Yazar ve yıl
PMX - Kısmi planlı çaprazlama	Goldberg ve Lingle, 1985
OX – Sıralı çaprazlama	Davis, 1985
OBX – Sıraya dayalı çaprazlama	Syswerda, 1991
PBX – Pozisyona dayalı çaprazlama	Syswerda, 1991
HX - Sezgisel çaprazlama	Grefenstette, 1987
ERX – Kenar kombinasyonu çaprazlama	Whitley ve ark. 1989
SMX – Sıralı eşleştirme çaprazlama	Brady, 1985
MPX – Maksimum koruyucu çaprazlama	Mühlenbein ve ark. 1989
APX – Alternatif pozisyon çaprazlama	Mühlenbein, 1989
IX – Kesişim Çaprazlama	Fox ve Mc Mahon. 1987
UX – Birleşim Çaprazlama	Fox ve Mc Mahon. 1987
Yer değiştirme mutasyon	Michalewicz, 1992
Yer değiştirme mutasyon	Banzhaf, 1990
Ekleme mutasyon	Fogel, 1988
Basit evirtim mutasyon	Holland, 1975
Evirtim mutasyon	Fogel, 1990

Gonçalves ve arkadaşları (2002) çalışmalarında klasik rassal çaprazlama yerine yeni nesli oluştururken mevcut neslin belirli sayıda en iyi bireylerini, bu bireylerle bütün bireylerin çaprazlamalarıyla oluşan yeni bireyleri ve tamamen rassal olarak seçilmiş bir kısım bireyleri dikkate almışlardır ve iş çizelgeleme problemine hibrid bir genetik algoritma metodu önermişlerdir. Literatürden alınan örnekler ile karşılaştırmalar yapılmış ve bir metot hariç hepsinde daha iyi sonuca ulaşılmıştır. Gonçalves ve arkadaşlarının (2002)

metotlarını karşılaştırmak için kullandıkları 15*15 problemi çeşitli meta-sezgisel yöntemler ile çözen kişiler ve çözüme metotları Çizelge 3.2’de gösterildiği gibi sınıflandırılmıştır.

Çizelge 3.2 GA ile çizelgeleme problem çözüm çalışmaları (Gonçalves ve ark. 2002)

Genetik algoritmalar ile çözümler	<ul style="list-style-type: none">• Storer(1992) ve arkadaşları• Aarts(1994) ve arkadaşları• Croce(1995) ve arkadaşları• Dorndorf(1995) ve arkadaşları• Gonçalves ve Beirão(1999)
Greedy algoritmalar ile çözümler	<ul style="list-style-type: none">• Binato(2002) ve arkadaşları• Aiex(2001) ve arkadaşları
Hibrid genetik metodu ile çözümler	<ul style="list-style-type: none">• Wang ve Zheng (2001)

İnternet kullanımının yaygınlaşması ile birlikte doğrudan sayısal olarak ifade edilemeyen ve yapısal olmayan verilerin miktarı artmaktadır. Ekonomide kullanılabilecek bilgilerinin % 85'inden fazlası yapısal olmayan verilerden oluşmakta ve bu verilerin kullanılmadığı veri analizleri tam manasıyla yeterli sonuç vermemektedir (Grobelnik, 2012). Bu bağlamda metin analizleri için geometrik altyapısı olan benzerlik kavramı kullanılmaya başlamış ve kullanım alanına göre yeni yöntemler geliştirilmiştir. Bu tez çalışması kapsamında yapılan çalışmalarda metin analizleri için yaygın olarak kullanımı olan benzerlik kavramının, genetik algoritma yöntemi içinde kromozom benzerliği için kullanılabileceği öngörülmüş ve buna istinaden benzerlik tanımlamaları yapılmıştır. Bu sebeple benzerlik kavramının metin analizi ve bilgi teknolojileri alanında kullanımı ile ilgili kısa kaynak araştırması yapılmıştır.

Benzerlik kavramının bilgi teknolojileri alanında kullanımı ile ilgili literatüre bakıldığında metin içinde bilgi sorgulama, metin sınıflandırma, kelime anlam ayrımı, otomatik çeviri ve metin özetleme kavramları ön plana çıkmaktadır. Kelimelerin anlamsal benzerliği ile ilgili Lesk (1986), Wu ve Palmer (1994), Leacock ve Chodorow (1998) çeşitli tanımlamalarda bulunmuştur. Bu çalışmalarda metin içinde aynı kelimelerin ne kadar geçtiği ve aynı

kelimelerin ne kadar tekrar ettiği sayısal olarak hesaplanmış ve bu şekilde benzerlik değeri ortaya çıkarılmıştır. Resnik (1995), Lin (1998) ve Jiang ve Conrath (1997) ise bütünsel bir bakış açısı ile metinlerin karşılaştırılması konusunu incelemişlerdir. Özmutlu ve ark. (2004) internet arama motorlarının internet sayfalarına girmek için en yaygın kullanılan yol olduğunu vurgulamış ve bu arama esnasında aranan kelimelerin, arama motoru veri tabanından seçilmesi ile ilgili çalışmalar yapmıştır.

Jun ve Houkuan (2002) dokümanların içinde geçen kelimeleri vektörler olarak ifade etmiş ve vektörler arası açının kosinüs değerlerini alarak doküman benzerliklerini tanımlamıştır. Donald ve ark. (2007) metinler arası benzerliği tanımlayabilmek için bir dizi benzerlik ölçütünü incelemiştir. Sahami ve Heilman (2006) kosinüs benzerlik ölçütünün iyi sonuç vermediği kısa metinlerin yada doğrudan kelime eşleşmesi olmayan metinlerin karşılaştırması için yeni benzerlik ölçütleri önermiş, Yih ve Meek (2007)'de bu önerilen metodun üzerinde iyileştirmeler yaparak daha etkin çalışmasını sağlamıştır.

Hazırlanan çalışmaların bir kısmında da n-gram tekniği kullanılmaktadır. N-gram metin tahmin veya eşleştirme yapılırken önceki n-1 kelimeye veya harfe bakarak, sıradaki kelimeyi veya harfi tahmin etmeye yarayan bir yöntemdir. Tanımdan da anlaşılacağı üzere gerçekleştirilen modelde, önceki 1 veriye bakılarak 2. kelime kestiriliyorsa, modelin adı 2-gram olmaktadır. Söz konusu n sayısı büyüdükçe, daha kararlı bir model ortaya çıkmakta; fakat modelin hem oluşturulması hem de kullanılması aşamasında işlem yoğunluğu artmaktadır. Bu yöntemde harf veya kelime sıralamalarının önemli olması ve bu sıralamalara göre sonraki verinin tahmin ediliyor olması, yine sıralamaların önemli olduğu genetik algoritmalarda kullanılan kromozom yapısını çağrıştırmaktadır. Bu bağlamda n-gram tekniği ile ilgili literatür incelenmiştir. William ve ark. (1994) metinleri kategorize etmek için n-gram yöntemini ilk kullananlardandır. Çalışmalarında metin sıralamalarını dikkate alarak aralarda yapılan hataları benzerlik ile yüksek doğruluk yüzdesi ile tahmin etmişlerdir. Furnkranz (1998) benzer bir çalışma ile kelime sıralamalarını n-gram yöntemi ile incelemiş ve n-gram yönteminin metin sınıflamaya etkisini değerlendirmiştir.

Bu yaklaşım bu tez çalışması kapsamında özellikle kromozomların doğrudan benzerliklerinin iyi sonuçlar vermediği durumda, kromozom sıralamalarının dikkate alınarak yeni bir dizi oluşturulması senaryosunda kullanılmıştır.

4. GELİŞTİRİLEN GENETİK ALGORİTMA MODELİ

Çalışmanın bu bölümünde standart genetik algoritma modeli üzerinde yapılacak revizyon ve modelin geliştirilmesi için yapılan çalışmalar açıklanmaktadır.

4.1. Arka Plan

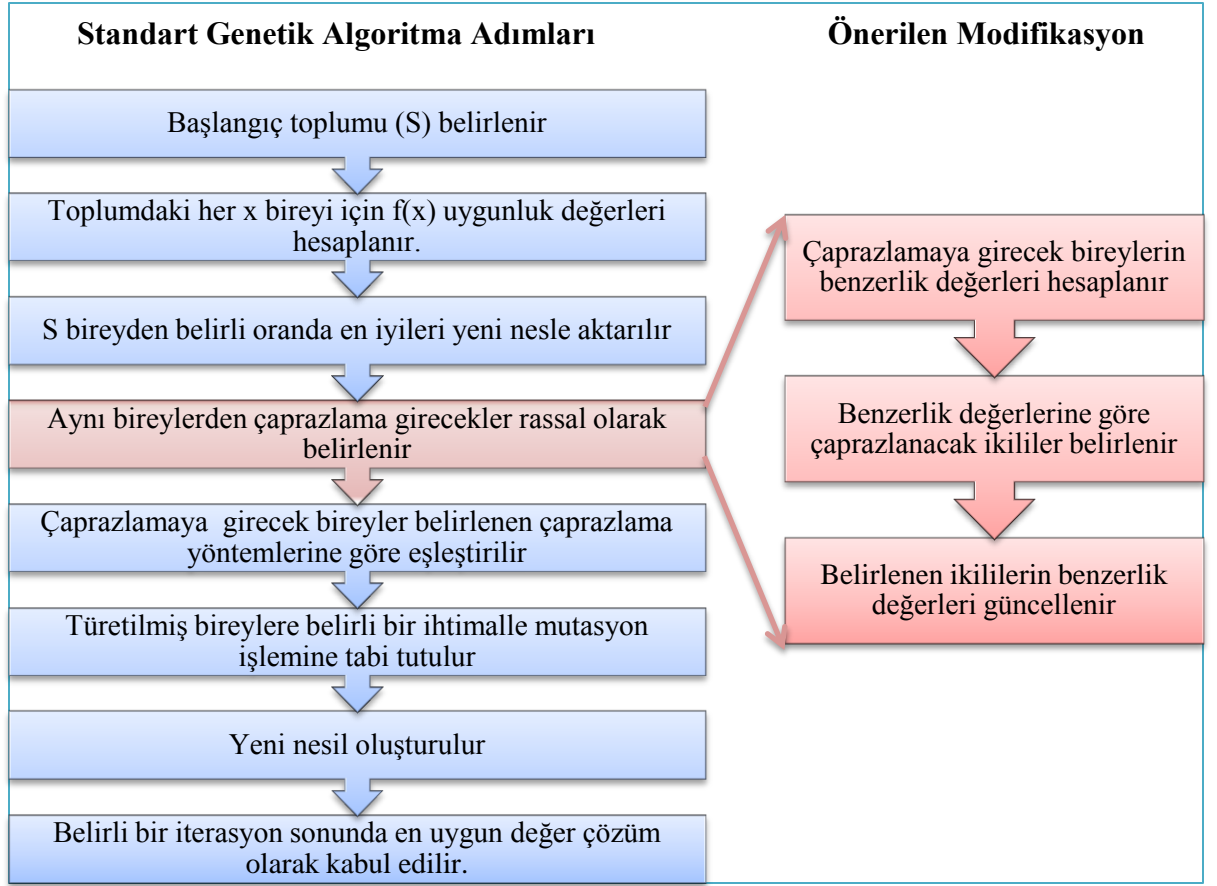
Genetik algoritma yöntemi biyolojik doğal seleksiyon sürecinin problem çözüm tekniği olarak geliştirilmesi ve benzer adımların uyarlanması ile elde edilmiştir. Bu bağlamda modelin temelinde bir toplum, bu toplumdaki problem amacına göre en uygun olanların seçimi ve bu seçilen bireylerden çaprazlama ve mutasyon ile türetilen yeni bireylerle birlikte amaç fonksiyonunun değerinin iyileştirilmesi amaçlanmaktadır. Süreç incelendiğinde seçim, çaprazlama ve mutasyon temel aşamalarını oluşturmaktadır. Seçim metotları, çaprazlama ve mutasyon yöntemleri üzerine birçok akademik araştırma yapılmıştır. Özellikle çaprazlamaya girecek bireylerin seçimi önemli bir karar noktasıdır ve genel olarak rassallığa dayanmaktadır. Bu çalışma kapsamında geliştirilen metodoloji de ise çaprazlamaya girecek bireylerin seçiminin rassallık yerine benzerlik ölçütleri temelli bir yaklaşıma göre belirli kurallara bağlanarak yapılması amaçlanmıştır.

Benzerlik birçok bilimsel alanda kullanılan önemli bir kavramdır. Özellikle geometri ve trigonometri alanlarında yaygınca kullanılmasının yanı sıra, metin karşılaştırma, grafik teorisi, kümelenme, tıp ve meteoroloji gibi alanlarda uygulamaları bulunmaktadır. Son yıllarda internet kullanımının yaygınlaşması ve milyonlarca internet sayfasının yapılması, bu sayfalarda arama kabiliyetlerinin de gelişmesi ihtiyacını doğurmuştur. Bu noktada aranan kelimeler ile internet sayfalarının uyumu, benzer internet sayfalarının gruplanması gibi birçok işlemde benzerlik kavramı kullanılmaktadır. Özellikle aranan kelime grubunun internet sayfası ile uyumu noktasında sadece kelimelerin o sayfada geçmesi değil aynı zamanda aranan sıra ile geçmesi de aranan sonuca daha hızlı ulaşılabilmesi açısından önemlidir. Bu noktadan yola çıkarak kromozomların benzerliğinin hesaplanabileceği ve bu hesaplanan değerlere göre genetik algoritma yöntemine bir eklenti yaparak yöntemin daha iyi sonuç vermesi sağlanabileceği düşünülmüştür. Algoritmanın daha hızlı yakınsaması için birbirine benzer kromozomların çaprazlanması, artık gelişme olmadığı durumlarda da

birbirine benzemeyen kromozomların çaprazlanması ile gelişmenin sağlanması genetik algoritma yönteminin iyileştirilmesi planlanmıştır. Çaprazlama aşamasında yapılacak bu müdahalede genlerin benzerlik ilişkilerinin kullanılmasının algoritmanın başlangıç iterasyonlarında hızlı yakınsamayı, son iterasyonlarda ise aynı çözümleri tekrarlamaktan kurtarmayı sağlaması öngörülmektedir. Üzerinde çalışılan problem tipine ve kromozom yapısına göre hem kullanılacak benzerlik ölçme yöntemi hem de çaprazlama aşamasına müdahale kuralı tanımlanmalıdır. İki kromozomun vektör olarak doğrudan benzerliği, sıralamaları dikkate alarak hesaplanacak benzerlik değerleri örnek problemler ile test edilecektir.

4.2. Model

Geliştirilen modelin çalışma mekanizması, standart genetik algoritma adımlarında rassal olarak belirlenen; hangi kromozom çiftinin çaprazlamaya gireceği kararının, kromozomlar arası ikili benzerliklerin hesaplanması ve bunun sonucuna göre belirlenmesi şeklinde açıklanabilir. Şekil 4.1’de bu çalışma kapsamında karşılaştırmalar için kullanılacak olan standart genetik algoritma modeli ve modele yapılan uyarılama gösterilmiştir. Standart bir genetik algoritma modeli başlangıç toplumunun belirlenmesi ile başlar. Toplumdaki her birey için uygunluk değerleri hesaplanır ve amaç fonksiyonuna göre en iyi sonuç veren birey geçici çözüm olarak saklanır. Bundan sonra durdurma kriteri sağlanana kadar; yeni nesil oluşturmak için kullanılacak bireyler seçilir. Bu aşamada hangi kromozom ikilisinin çaprazlamaya tabi tutulacağı rassal olarak belirlenir. Çaprazlama sonrası mutasyon işlemi yapılarak yeni toplum oluşturulur ve tekrar uygunluk değerleri hesaplama aşamasına dönülür. Önerilen modelde çaprazlamaya girecek bireylerin seçimi aşamasının belirli koşullarda rassal olarak değil de kromozomların ikili benzerliklerinin hesaplanması sonucu çıkacak değerlere göre yapılması öngörülmektedir. Hangi koşullarda bu müdahalenin yapılacağı ile ilgili birçok senaryo çalışılmıştır. Her iterasyonda benzerlerin/benzer olmayanların çaprazlanması, belirli iterasyona kadar benzerlerin/benzer olmayanların çaprazlanması, belirli iterasyondan sonra benzerlerin/benzer olmayanların çaprazlanması, belirli iterasyon çözümde iyileşme olmaması durumunda belirli iterasyona benzerlerin/benzer olmayanların çaprazlanması çalışma yapılan senaryolardan bazılarıdır.



Şekil 4.1 Standart GA adımlar ve önerilen modifikasyon

Önerilen modifikasyonun temeli çaprazlamaya girecek ikililerin rassallık yerine benzerlik ilişkilerine dayanarak belirlenmesi olarak tanımlansa da ayrıca problem tipine göre benzerlik kavramının tanımlanması ve bu modifikasyonun hangi durumlarda çalışacağı çeşitli örnek uygulamalar ile test edilmiştir.

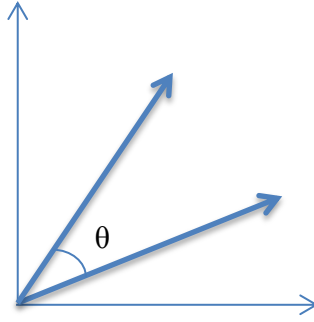
4.3. Benzerlik Ölçütleri

Çalışma kapsamında test edilecek problemler için benzerlik ölçütü olarak kullanılacak olan yöntemler Kosinüs, Jaccard ve bu çalışma kapsamında yeni tanımlanan bir benzerlik ölçme yöntemidir.

4.3.1. Kosinüs benzerlik ölçütü

Kosinüs benzerlik ölçütü; iki vektör arasındaki açının kosinüs değeri hesaplanarak vektörlerin benzerliğini ifade eden bir yöntemdir. Vektör boyutundan etkilenmemesi,

kosinüs benzerliğinin güçlü bir özelliğidir. Vektörlerin skaler çarpımlarının, genliklerine bölünmesiyle iki vektör arasındaki açı elde edilir. Şekil 4.2’de Kosinüs Benzerliğinin iki boyutta geometrik ifadesi görülmektedir. İki vektör arasındaki açı ne kadar 0’a yaklaşırsa, açının kosinüs değeri 1’e yaklaşacak ve iki vektörün birbirlerine olan benzerlikleri de artacaktır.



Şekil 4.2 Kosinüs Benzerliği

x_i ve y_i sırasıyla x ve y vektörünün elemanları olmak üzere; Benzerlik($Birey_x$, $Birey_y$)

$$\cos(\theta) = \frac{x \cdot y}{\|x\| \|y\|} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i \times y_i}{\sqrt{\sum_{i=1}^n x_i^2} \times \sqrt{\sum_{i=1}^n y_i^2}} \quad \text{olarak tanımlanmaktadır.}$$

4.3.2. Jaccard benzerlik ölçütü

Benzerliği hesaplanacak olan vektörlerin bütün elemanları 1 ve 0’lardan oluştuğu durumlarda, Jaccard benzerlik ölçütü kullanılabilir. Bu ölçüt iki bireyin paylaşılan parçalarının, bu bireylerin tüm parçalarına oranı olarak tanımlanabilir. Formül daha basit bir ifadeyle, iki vektörün kesişen elemanlarının, bütün elemanlarına oranı olarak ifade edilebilir. x_i ve y_i sırasıyla x ve y vektörünün elemanları olmak üzere

a: $x_i = y_i = 1$ olan, yani her iki vektörde de 1 değerini alan elemanların sayısı

b: $x_i = 1, y_i = 0$ olan, yani x vektöründe 1, y vektöründe 0 olan elemanların sayısı

c: $x_i = 0, y_i = 1$ olan yani x vektöründe 0, y vektöründe 1 olan elemanların sayısı

olmak üzere Jaccard benzerlik ölçütü

$$Jaccard(x,y) = a / (a+b+c) \text{ olarak tanımlanmaktadır.}$$

Bu ölçüt problemin yapısına göre kromozomların sadece 0 ve 1'lerden oluşturulabildiği durumlarda kullanılacaktır.

4.3.3. Yeni tanımlanan benzerlik ölçütü

Kosinüs ve Jaccard ölçütleri ile deneyler yapıldıktan sonra, kromozomların benzerliğini daha anlamlı kılacak bir benzerlik hesaplama yöntemi geliştirilmeye karar verilmiştir. Bu geliştirilen yöntem kromozom içindeki genlerin sıralamalarının birbirlerine yakınlığını baz alan ve bu yakınlığı karesel fark toplamları ile hesaplayan bir metottur.

Bu benzerlik ölçütüne göre iki kromozom arası benzerliği hesaplamak için kullanılan yöntemin adımları bir gezgin satıcı problemi örneği için aşağıda listelenmiştir.

Adım 1 Her kromozomun her bir düğümünün kaçınıcı sırada ziyaret edildiğini gösteren yeni bir dönüştürülmüş kromozom oluştur

Mesela kromozom 1 – 4 – 2 – 5 – 3 ise bunun dönüştürülmüş kromozomu 1- 3- 5-2-4 şeklinde olacaktır. 1. düğüm 1. sırada, 2. düğüm 3. sırada, 3. düğüm 5. sırada... ziyaret edilmektedir.

Adım 2 Bu şekilde bütün kromozomların dönüştürülmüş kromozomları oluşturulduktan sonra, iki kromozom arasında her düğüm için farkların karesi alınıp toplanarak fark değeri oluşturulur.

Mesela 1. dönüştürülmüş kromozom 1-3-5-2-4 ve 2. dönüştürülmüş kromozom 1-2-4-5-3 olduğu durumda fark değeri $(1-1)^2+(3-2)^2+(5-4)^2+(2-5)^2+(4-3)^2$ olacaktır. Bu durumda 1-4-2-5-3 ile 1-2-5-3-4 kromozomları arasında ki benzerlik değeri 12 olacaktır.

Adım 3 Bu fark değerinin büyük olması iki kromozomun daha az benzer olduğunu, fark değerinin küçük olması ise kromozomlar arası benzerliğin fazla olduğunu göstermektedir.

Yapılacak uygulamalarda yeni geliştirilen benzerlik hesaplama yöntemi, problemin tipine göre revize edilerek uygulanmıştır.

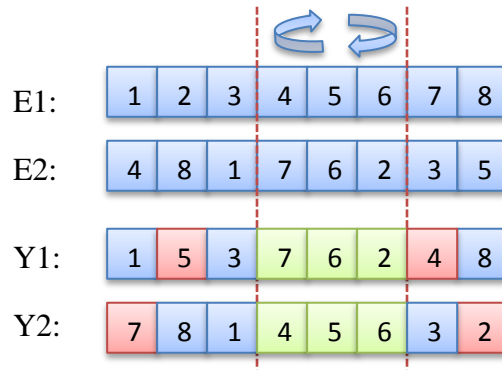
4.4. Çaprazlama Operatörleri

Belirlenen kromozom yapısına göre bir çaprazlama yöntemi seçilmesi, problemin çözümü açısından ve her çaprazlamada çözüm uygunluğunun sağlanabilmesi açısından önemlidir. Çalışma kapsamında kullanılan çaprazlama operatörleri sıraya dayalı çaprazlama (order based crossover – OBX), kısmi planlı çaprazlama (partially mapped crossover – PMX), sıralı çaprazlama (ordered crossover - OX) ve Küme Bölünme (SPX – set partition crossover) olarak belirlenmiştir. Gezgin satıcı probleminin çözümü için yapılan çalışmalarda PMX, OBX ve OX çaprazlama metodu, çizelgeleme probleminin çözümü için yapılan çalışmalarda SPX çaprazlama yöntemi kullanılmıştır.

4.4.1. Kısmi planlı çaprazlama – PMX

PMX operatörü Goldberg and Lingle (1985) tarafından geliştirilmiştir. Düğümler arasındaki sıra ilişkisinin ebeveynlerden yavrulara geçmesini sağlayan bir çaprazlama operatörüdür. Bu yöntemde öncelikle kromozom içerisinde rassal olarak bir aralık belirlenmektedir. İki yavru üretmek için öncelikle bu aralıkta yer alan elemanların yeri karşılıklı olarak değiştirilmektedir. Daha sonra eksik kalan elemanlar, ebeveynlerin kesim aralığı dışındaki elemanlarından aynı sıra ile kopyalanır. Bu durumda tekrar eden elemanlar olması ihtimali vardır. O zaman tekrar eden eleman yerine, kesilen aralıkta bu elemana diğer ebeveynde karşılık gelen eleman yazılarak yeni bireylerin türetilmesi tamamlanır. Aşağıdaki örnekte bu çaprazlama operatörünün nasıl çalıştığı açıklanmıştır. Çaprazlama için seçilen ebeveynler $E1 = [1 2 3 4 5 6 7 8]$ ve $E2 = [4 8 1 7 6 2 3 5]$ olmak üzere $E1$ ve $E2$ 'den PMX operatörü kullanarak $Y1$ ve $Y2$ yavruları türetilmesi Şekil 4.3'de gösterilmiştir.

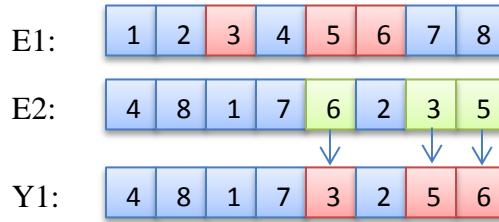
4. ve 6. elemanların dahil olduğu kesit iki ebeveyn arasında yer değiştirmiştir. Bu kesit içinde olmayan elemanlar yerinde kalmıştır. Kesit içinde yer alan elemanlar ise ($Y1$ 'de 5 ve 4, $Y2$ 'de 7 ve 2) diğer eşteki karşılığı alınarak iki yavru oluşturulmuştur.



Şekil 4.3 PMX Çaprazlama operatörü adımları

4.4.2. Sıraya dayalı çaprazlama – OBX

OBX çaprazlama operatörü Syswerda (1991) tarafından geliştirilmiştir. Bu yöntemde ilk olarak iki ebeveynden birisi üzerinde rassal olarak çeşitli genler seçilir. Bu genler yavru üzerinde aynı sıra ile fakat diğer ebeveynde bu genlerin buldukları pozisyonlarda olacak şekilde yerleştirilir. Daha sonra diğer ebeveynin yerleştirilen elemanlardan farklı genleri yavru kromozoma aynı sıra ile yerleştirilir. Böylece yeni bir yavru oluşturulur. Benzer şekilde ebeveynlerin yer değiştirmesi ile ikinci yavru oluşturulur. Şekil 4.4’de örnek bir çaprazlama gösterilmiştir.

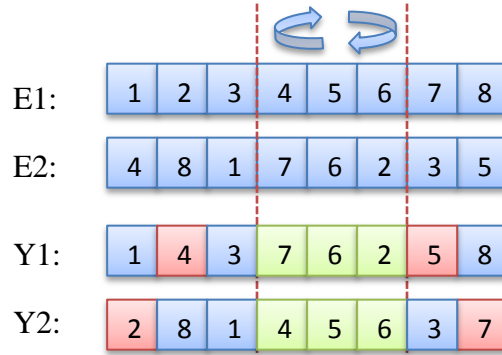


Şekil 4.4 OBX çaprazlama yöntemi

4.4.3. Sıralı çaprazlama – OX

Bu yöntem, Davis, Goldberg ve Lingle tarafından geliştirilmiştir (Goldberg, 1989). Bu yöntemde öncelikle kromozom içerisinde rassal olarak bir aralık belirlenmektedir. İki yavru üretmek için öncelikle bu aralıkta yer alan elemanların yeri karşılıklı olarak değiştirilmektedir. Seçilen aralık dışında yer alan genler içerisinde tekrarlı genler oluşursa bunlar yerine sıra ile soldan sağa doğru kromozomda bulunmayan genler yazılır. Çaprazlama için seçilen ebeveynler $E1 = [1\ 2\ 3\ 4\ 5\ 6\ 7\ 8]$ ve $E2 = [4\ 8\ 1\ 7\ 6\ 2\ 3\ 5]$ olmak

üzere E1 ve E2 'den OX operatörü kullanarak Y1 ve Y2 yavruları türetilmesi Şekil 4.5'de gösterilmiştir.



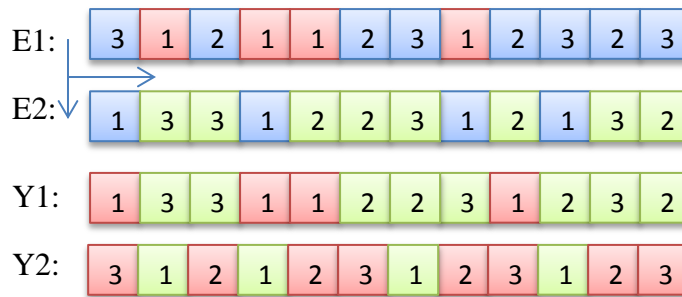
Şekil 4.5 OX çaprazlama yöntemi

4.4.4. Küme bölünme çaprazlama yöntemi – SPX

G. Shi (1997)'nin çalışmasında kullandığı Küme Bölünme (SPX : Set-partition) çaprazlama yöntemi çizelgeleme problemleri için yaygın kullanılan bir yöntemdir. Bu yöntemde göre iki ebeveyn kromozomdan iki yavru kromozomun türetilmesi için öncelikle işler $\{1,2,\dots,n\}$ J_1 ve J_2 olarak iki ayrı boş olmayan alt küme ayrılır.

Sonrasında J_1 de ki elemanları 1. ebeveynden, J_2 de ki elemanları 2. ebeveynden alarak, yukarıdan aşağı ve soldan sağa sıralama yapılarak yeni birey türetilir. J_1 ve J_2 nin elemanları değiştirilerek aynı işlemler tekrarlanınca da 2. yavru birey oluşturulur. Şekil 4.6'da $[3\ 1\ 2\ 1\ 1\ 2\ 3\ 1\ 2\ 3\ 2\ 3]$ ve $[1\ 3\ 3\ 1\ 2\ 2\ 3\ 1\ 2\ 1\ 3\ 2]$ kromozomlarından yeni bireylerin türetilmesi gösterilmiştir.

$J_1=\{1\}$, $J_2=\{2,3\}$ olmak üzere



Şekil 4.6 SPX çaprazlama yöntemi

5. ÖNERİLEN GENETİK ALGORİTMA UYARLAMASI İLE GEZGİN SATICI PROBLEMİNİN ÇÖZÜMÜ

Bu bölümde; çalışma kapsamında genetik algoritma yöntemi için önerilen uyarlamanın gezgin satıcı problemi üzerinde yapılan deneylerine ve sonuçlarına yer verilmektedir.

5.1. Problem Tanımı

Gezgin Satıcı Problemi belirlenen şehirler listesinden birinden başlayarak, listedeki tüm şehirleri sadece bir kez ziyaret edip, tekrar başladığı şehre dönen bir satıcı için en kısa turun belirlenmesi problemidir. Problemin ağ yapısında her bir düğüm bir şehri ve her bir ark da iki şehir arasındaki yolu temsil etmektedir. Problemin geniş bir uygulama alanına sahip olmasının yanı sıra, NP-Zor problemler sınıfında yer alması ilgi odağı oluşunun diğer bir nedenidir. Problemin matematiksel modeli tam sayı değişkenler kullanılarak aşağıdaki şekilde tanımlanabilir.

n : satıcının dolaşacağı şehir sayısı (0. ve n. şehir başlangıç şehri)

c_{ij} : i şehirden j şehrine olan uzaklık ($i, j = 0, 1, 2, \dots, n$)

$x_{ij} : \begin{cases} 1 & \text{eğer } i \text{ şehirden } j \text{ şehrine gidiliyorsa} \\ 0 & \text{aksi durumda} \end{cases} \quad (i, j = 0, 1, 2, \dots, n)$

u_i : yapay değişken ($i = 0, 1, 2, \dots, n$) olmak üzere gezgin satıcı problemi

$$\min \sum_{i=0}^n \sum_{j \neq i, j=0}^n c_{ij} x_{ij} \quad (1)$$

$$\sum_{i=0, i \neq j}^n x_{ij} = 1, \quad j = 0, 1, 2, \dots, n \quad (2)$$

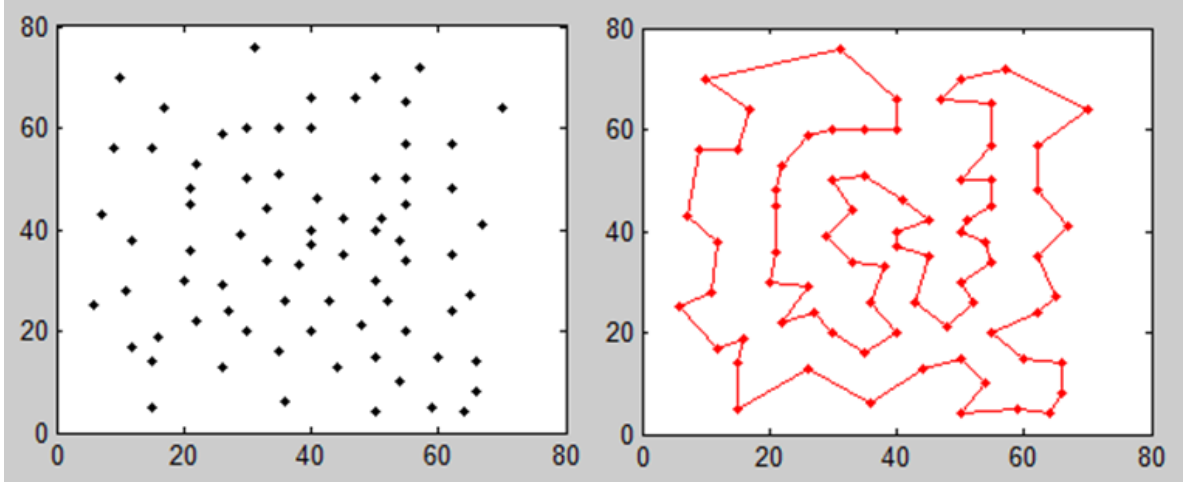
$$\sum_{j=0, j \neq i}^n x_{ij} = 1, \quad i = 0, 1, 2, \dots, n \quad (3)$$

$$u_i - u_j + n x_{ij} \leq n - 1, \quad 1 \leq i \neq j \leq n \quad (4)$$

$$x_{ij} = [0, 1], \quad i, j = 0, 1, 2, \dots, n \quad (5)$$

şeklinde tanımlanmaktadır. Amaç fonksiyonu (1) satıcının bir şehirden başlayıp bütün şehirlere birer kez uğradıktan sonra tekrar başlangıç şehrine dönmesi için kat etmesi gereken mesafeyi en küçükmeye çalışmaktadır. (2) numaralı kısıt her bir şehre sadece bir şehirden gelinmesini (3) numaralı kısıt ise her bir şehirden sadece bir şehre gidilmesini garanti altına almaktadır. Güzergâh içerisinde alt turlar olmamasını sağlamak amacıyla (4)

numaralı kısıt kullanılmaktadır. (5) numaralı kısıt ise deęişkenlerin tamsayı ve sıfırdan büyük olma şartını sağlamaktadır. Şekil 5.1’de gezgin satıcı problemi kütüphanesinden (TSPLIB) alınmış Eil76 problemi için şehir lokasyonları ve bir örnek çözüm gösterilmektedir.



Şekil 5.1 Eil76 problemi şehir lokasyonları ve bir örnek çözüm

Gezgin satıcı probleminin çözümü için kullanılan yöntemlerden bir tanesi de genetik algoritma yöntemi olmasına rağmen daha iyi çalışan algoritmalar literatürde bulunmaktadır. Bu çalışma kapsamında GSP problemi için iyi bir çözüm yöntemi değil, genetik algoritma metodu için çözümde iyileşme sağlayacak bir eklenti yapılması amaçlandığı için problemin standart bir GA ile çözülmesi ile diğer parametreleri aynı kalmak koşulu ile eklenti yapılmış GA ile çözümü karşılaştırılacaktır.

5.2. Kromozom Tanımı

Uygun bir kromozom yapısının belirlenmesi, algoritmanın başarılı bir şekilde çalışması açısından önem arz etmektedir. En sık kullanılan yöntemler ikili kodlama ve rota genetik(permutasyon) gösterimdir. İkili kodlamada her kromozom 1 ve 0'lardan oluşan bir karakter dizisi şeklinde ifade edilmekte, rota gösterimde ise her kromozom, ilgili karakterin sıralamadaki pozisyonunu belirten sayılardan oluşan bir dizi ile ifade edilmektedir. Rota genetik gösteriminde N düğümlü bir GSP için kromozom, N tane genden oluşur. Her bir

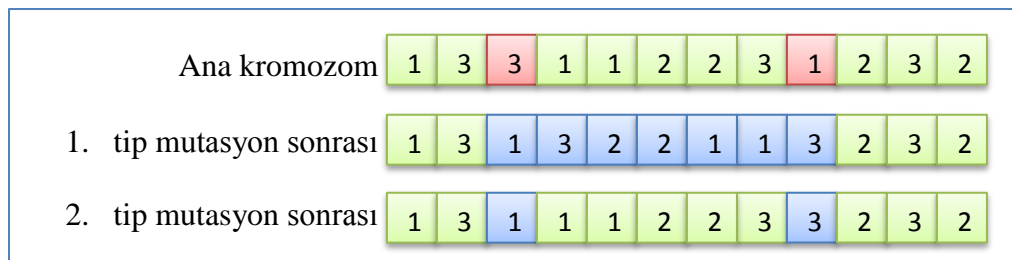
gen ise 1'den N'e kadar olan tamsayı değerlerin tamamını alabilir. Böylece altı düğünden oluşan bir GSP için (1 - 4 - 3 - 2 - 6 - 5 - 1) turu (143265) kromozomu yoluyla gösterilmektedir.

5.3. Çaprazlama Yöntemi

Bu çalışma kapsamında gezgin satıcı probleminin çözümü için yapılan analizlerde kısmi planlı çaprazlama PMX, sıraya dayalı çaprazlama OBX ve sıralı çaprazlama OX çaprazlama metotları kullanılmaktadır. Kromozomları bir vektör olarak tanımlayıp benzerliklerinin hesaplandığı problemlerde PMX ve OBX metodu, genlerin sıralamalarını dikkate alacak şekilde yeni tanımlanan kromozomların benzerliği için de OX metodu kullanılmaktadır.

5.4. Mutasyon Yöntemi

Kromozomlarda farklılaşma sağlamak amacıyla uygulanan mutasyon işlemi, kromozomu rassal olarak değiştirebilmesi açısından önemli bir etkiye sahiptir. Çaprazlama ile türetilmiş ve mutasyon oranı dâhilinde mutasyona girecek olan bireylere iki farklı mutasyon yöntemi uygulanmaktadır. Bunlardan bir tanesi kromozom içinde rastgele seçilen iki nokta arasındaki genlerin sırasıyla yer değiştirmesi, ikincisi ise sadece seçilen iki genin yer değiştirmesi olarak belirlenmiştir. Rassal sayılar 3 ve 9 olmak üzere [1 3 3 1 1 2 2 3 1 2 3 2] kromozomunun her iki mutasyon yöntemi sonrası hali Şekil 5.2'de gösterilmiştir.



Şekil 5.2 Mutasyon yöntemi

GSP'nin hem standart hem de önerilen eklenti ile çözümlerinin tutarlı bir şekilde karşılaştırılabilmesi için aynı karşılaştırma yapılan deney sonuçları aynı çaprazlama ve mutasyon yöntemi kullanılarak hesaplanmaktadır.

5.5. Standart Genetik Algoritma Adımları ve Uygulanacak Modifikasyon

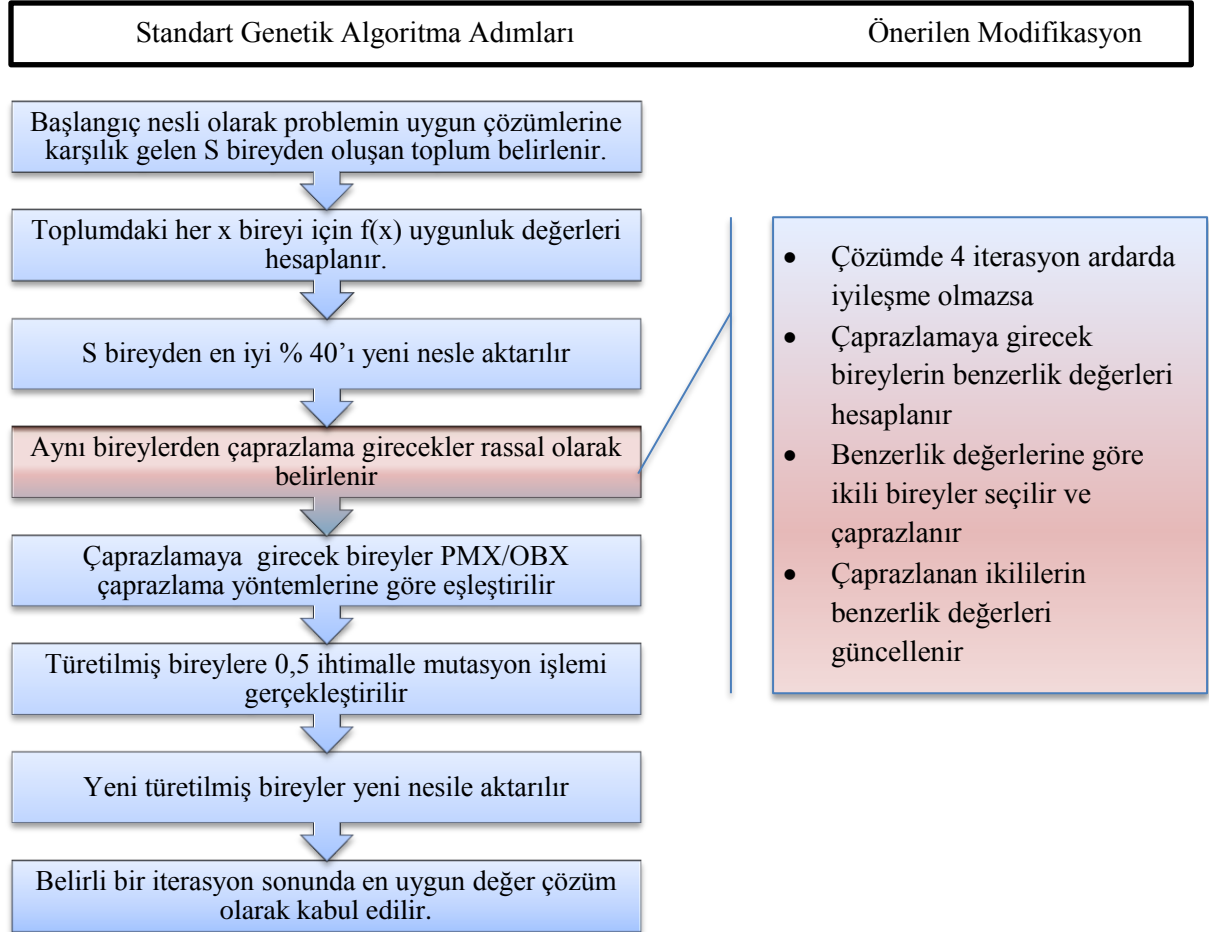
Benzerlik ölçütü ile ilgili yapılan deneylerin sonucu çıkan değerleri karşılaştırmak amacıyla öncelikle standart genetik algoritma adımlarına göre gezgin satıcı problemi çözülecektir. Bütün çalışmalar yapılırken karşılaştırmaların sağlıklı yapılabilmesi için aynı rassal sayılar kullanılacak ve çaprazlama aşamasındaki müdahaleden başka hiçbir parametre değiştirilmeyecektir.

Problemi çözmek için uygulanacak standart genetik algoritma adımları aşağıda sıralanmıştır:

- i. Başlangıç nesli olarak problemin uygun çözümlerine karşılık gelen S bireyden oluşan toplum belirlenir.
- ii. Toplumdaki her x bireyi için $f(x)$ uygunluk değerleri hesaplanır.
- iii. S bireyden en iyi % 40'ı yeni nesle aktarılır
- iv. Çaprazlamaya girecek bireyler rassal olarak belirlenir
- v. Çaprazlamaya girecek bireyler OBX, PMX veya OX çaprazlama yöntemine göre eşleştirilir
- vi. Türetilmiş bireyler 0,5 olasılıkla mutasyon işlemine tabi tutulur
- vii. Yeni nesil oluşturulur ve “*i*” adımına dönülür
- viii. Belirli bir iterasyon sonunda belirlenmiş olan en uygun değer çözüm olarak kabul edilir.

Genetik algoritma standart modelinin iv. adımında çaprazlamaya girecek bireyler rassal olarak seçilmekteydi. Bunun yerine bir benzerlik ölçütü kullanarak bireyler arası benzerlik değerlerinin hesaplanması ve bu hesaplanan değerlere göre çaprazlama yapılacak bireylerin seçim sırasının belirlenmesiyle çaprazlama aşamasına müdahale edilmiş olacaktır. Bu aşamada benzerlik değeri yüksek veya düşük olan bireyler öncelikli olarak çaprazlanacağı gibi farklı kurallar tanımlanarak çaprazlama sıralamasının tanımlanması mümkündür. Şekil 5.3’de iki metodun akışı karşılaştırmalı olarak gösterilmiştir. Önerilen modifikasyona göre; öncelikle kromozomların rota gösterimine göre tanımlandığı alternatifin, kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en benzerlerin ve en benzer olmayanların öncelikle çaprazlandığı durumlar incelenmiştir. Bundan sonra genlerin sıralamalarına göre tanımlanan

kromozomların, kosinüs ve Jaccard benzerlik ölçütlerine göre en benzerlerin ve en benzer olmayanların öncelikle çaprazlandığı durumlar incelenmiştir.



Şekil 5.3 Standart GA ve önerilen modifikasyon

Bunun akabinde yine aynı şartlar dâhilinde belirli bir iterasyona kadar/iterasyondan sonra en benzerlerin ve en benzer olmayanların öncelikle çaprazlandığı durumlar incelenmiştir. kosinüs ve Jaccard benzerlik ölçütlerinden farklı yeni bir benzerlik ölçütü tanımlanmış ve bu ölçüte göre en benzerlerin ve en benzer olmayanların öncelikle çaprazlandığı durumların yanı sıra farklı senaryo örnekleri de incelenmiştir.

5.6. Deney Seti

Uygulama yapılan problem ile ilgili literatür çalışmaları ve araştırmaların sonucu gezgin satıcı problemi kütüphanesi (TSPLIB) adlı örnek problem veri tabanının kullanılmasına karar verilmiştir. Bu problemler içerisinde rassal olarak seçilen ve Çizelge 5.1’de listelenen problemler yapılacak çalışmalarda yöntemleri karşılaştırmak amacıyla kullanılmıştır. Her farklı senaryo için öncelikle 5 problem üzerinden sonuçlar hesaplanmış, iyi sonuç veren senaryolar için diğer 5 problem için de çalışmalar yapılmış ve sonuçlar sunulmuştur.

Çizelge 5.1 GSP deneyleri için seçilen problem listesi

Problem	Şehir Sayısı
Lin105	105
Gil262	262
St70	70
Eil76	76
Ch130	130
KroA150	150
Rd100	100
Rat99	99
Att48	48
D198	198

5.7. Deneylerin sonuçları ve karşılaştırmalar

Standart genetik algoritma metoduna göre deney setinde belirlenen problemlerin çözümü yapılmış ve Çizelge 5.2’de PMX ve OBX çaprazlama operatörlerine göre hesaplanmış deney sonuçları gösterilmiştir. Çizelgede her bir problem için çaprazlama metoduna göre yapılan 30 adet deney sonucunun ortalama değeri, standart sapma değeri ve bulunan en iyi çözüm değeri(min sütunu altında) gösterilmiştir. Her bir deney için belirlenen rassal sayılar, diğer senaryolarda da aynı sıra ile kullanılmaktadır. Bu şekilde karşılaştırmaların daha anlamlı yapılabilmesi sağlanmıştır.

Çizelge 5.2 Standart GA'ya göre deney sonuçları

Problem	Senaryo	Ortalama	Std Sapma	min	
lin105	Standart Genetik Algoritma	16.614	332	16.142	
Gil262		5.735	218	5.382	
st70		739	21	705	
eil76		599	14	578	
ch130		7.682	246	7.351	
KroA150		36.581	1.268	35.089	
rd100		PMX çaprazlama operatörü	9.193	312	8.462
rat99			1.386	31	1.332
bier127			140.126	4.633	133.991
att48			35.418	666	34.563
d198	2.257.898.664		85.645.236	2.111.695.086	
lin105	Standart Genetik Algoritma	16.631	334	16.113	
Gil262		5.742	215	5.374	
st70		741	22	707	
eil76		605	15	580	
ch130		7.691	248	7.339	
KroA150		36.512	1.273	35.022	
rd100		OBX çaprazlama operatörü	9.203	314	8.449
rat99			1.388	32	1.332
bier127			140.266	4.648	133.729
att48			35.454	669	34.498
d198	2.260.138.643		85.899.126	2.107.509.370	

5.7.1. Rota gösterimli kromozomların benzerliğine göre yapılan çalışmalar

Çaprazlamaya girecek bireylerin seçiminde farklı benzerlik ölçütleri kullanılarak çeşitli kurallara göre deneyler yapılması planlanmıştır. Bu başlık altında rota gösterimine göre tanımlanan kromozomların kosinüs benzerlik ölçütüne göre çaprazlama aşamasında en benzerlerin çaprazlandığı ve en az benzerlerin çaprazlandığı senaryolar, OBX ve PMX çaprazlama operatörleri kullanılarak çalıştırılmış ve standart GA ile karşılaştırılmıştır.

5.7.1.1. Rota gösterimli kromozomların kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları

Genetik algoritma standart modelinin iv. adımında bireyler rassal olarak seçilmekteydi. Bunun yerine kosinüs benzerlik ölçütü kullanarak bireyler arası benzerlik değerlerinin hesaplanması ve bu hesaplanan değerlere göre seçim sırasının belirlenmesiyle çaprazlama

aşamasına müdahale edilmiş olacaktır. Öncelikle, yeni nesli türetmek için önceden belirlenmiş bireylerin her ikili kombinasyonu için benzerlik değeri;

$$\text{Benzerlik (Birey } x, \text{ Birey } y) = \cos(\theta) = \frac{x \cdot y}{\|x\| \|y\|}$$

formülüne göre hesaplanmaktadır. Burada x ve y ; kromozomları tanımlayan vektörler olarak varsayılmakta ve işlemler buna göre yapılmaktadır.

Benzerlik değerleri hesaplandıktan sonra sıralama yapılmakta ve öncelikle benzerlik değeri en yüksek olan ikili çaprazlanmaktadır. Bu çaprazlama sonucu çıkan birey %50 ihtimalle mutasyona uğradıktan sonra yeni nesle aktarılmaktadır. Bu süreç ihtiyaç olan bütün yeni bireyler türetilene kadar devam etmektedir. Aynı ikililerin tekrar çaprazlamaya girmemesi için, her çaprazlama sonrası, o çaprazlamaya giren ikililerin benzerlik değerleri sıfıra eşitlenmekte ve iterasyonlara bu şekilde devam edilmektedir.

Belirlenen örnek problemler için deneyler yapılmış ve elde edilen sonuçların ortalama değeri, standart sapma değeri ve bulunan en iyi çözüm değeri (min sütunu altında) Çizelge 5.3’de listelenmiştir.

Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en benzerlerin öncelikle çaprazlandığı durum, PMX ve OBX çaprazlama operatörlerinin her ikisi için de standart genetik algoritma sonuçlarına göre iyi sonuç vermemiştir. Bu sebeple sadece beş örnek problem sonuçları listelenmiş, diğer örnek problemler için deneyler yapılmamıştır.

5.7.1.2. Rota gösterimli kromozomların kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en az benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları

Yeni nesli türetmek için kullanılacak olan bireylerin her ikili kombinasyonu için benzerlik değeri; kosinüs benzerlik ölçütüne göre hesaplandıktan sonra sıralama yapılmakta ve öncelikle benzerlik değeri en düşük olan ikili çaprazlanmaktadır. Bu çaprazlama sonucu çıkan birey %50 ihtimalle mutasyona uğradıktan sonra yeni nesle aktarılmaktadır. Bu süreç

ihtiyaç olan bütün yeni bireyler türetilene kadar devam etmektedir. Aynı ikililerin tekrar çaprazlamaya girmemesi için, her çaprazlama sonrası, o çaprazlamaya giren ikililerin benzerlik değerleri 1'e eşitlenmekte ve iterasyonlara bu şekilde devam edilmektedir. Belirlenen örnek problemler için deneyler yapılmış ve elde edilen sonuçların ortalama değeri, standart sapma değeri ve bulunan en iyi çözüm değeri (min sütunu altında) Çizelge 5.4'de gösterilmiştir.

Çizelge 5.3 Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en benzer kromozomların çaprazlandığı deney sonuçları

	Standart Genetik Algoritma			Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak modifiye edilmiş algoritma (PMX)		
	Ortalama	Std Sapma	min	Ortalama	Std Sapma	min
lin105	16.614	332	16.142	16.742	370	16.276
gil262	5.735	218	5.382	5.823	242	5.441
st70	739	21	705	786	18	712
eil76	599	14	578	614	13	597
ch130	7.682	246	7.351	7.917	241	7.386
	Standart Genetik Algoritma			Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak modifiye edilmiş algoritma (OBX)		
	Ortalama	Std Sapma	min	Ortalama	Std Sapma	Min
lin105	16.631	334	16.113	16.768	364	16.243
gil262	5.742	215	5.374	5.849	251	5.475
st70	741	22	707	791	18	718
eil76	605	15	580	619	13	601
ch130	7.691	248	7.339	7.883	249	7.421

Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en az benzerlerin öncelikle çaprazlandığı durum, standart genetik algoritma sonuçlarına göre sadece bir problemde iyi sonuç vermiştir, bununla birlikte en iyi çözümlere bakıldığında da iki problemde standart algoritmadan daha iyi çözüm bulunmuştur. Bu yöntem sonucu hesaplanan değerler öncelikle benzerlerin

çaprazlandığı duruma göre iyi sonuç vermesine karşın standart algoritmaya göre iyi sonuç vermemektedir. Bu sebeple diğer örnek problemler için deneyler yapılmamıştır.

Çizelge 5.4 Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en az benzer kromozomların çaprazlandığı deney sonuçları

	Standart Genetik Algoritma			Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak modifiye edilmiş algoritma (PMX)		
	Ortalama	Std Sapma	min	Ortalama	Std Sapma	min
lin105	16.614	332	16.142	16.726	368	16.214
gil262	5.735	218	5.382	5.842	226	5.463
st70	739	21	705	764	17	719
eil76	599	14	578	611	14	592
ch130	7.682	246	7.351	7.878	237	7.371
	Standart Genetik Algoritma			Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak modifiye edilmiş algoritma (OBX)		
	Ortalama	Std Sapma	min	Ortalama	Std Sapma	min
lin105	16.631	334	16.113	16.658	351	16.154
gil262	5.742	215	5374	5.765	223	5.419
st70	741	22	707	772	17	714
eil76	605	15	580	599	13	576
ch130	7.691	248	7.339	7.741	226	7.311

5.7.1.3. Rota gösterimli kromozomların kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak çaprazlandığı deneylerin sonuçları ile ilgili yorumlar

Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en benzerlerin ve en az benzerlerin öncelikle çaprazlandığı durumlarda, benzerlik hesaplanırken doğrudan kromozomu oluşturan rakamlar dikkate alınmıştır. Hâlbuki bu rakamların sıralama belirtmekten başka bir anlamı yoktur fakat cebirsel işlemlerde bu sayıların değerleri önem kazanmaktadır. Bu sebeple çaprazlama aşamasına yapılan müdahalede hesaplanan benzerlik değerlerinin gerçekten o iki kromozom arasındaki benzerliği ifade etmediği ve bu sebepten deneylerin standart yöntemle göre iyi sonuç vermediği düşünülmektedir. Bundan sonra yapılacak çalışmalarda

kromozomları oluşturan genlerin doğrudan benzerliği değil de bu genlerin sıralanmalarının dikkate alınacağı benzerlik kavramı tanımlanacaktır.

5.7.2. Genlerin sıralanmalarının benzerliğine göre yapılan deneyler

Deneyler yapılırken, kromozomların doğrudan benzerliği dikkate alındığında tatmin edici sonuçlar elde edilemediği için genlerin sıralamasını esas alacak bir benzerlik hesaplama yöntemi önerilmiştir. Bu yöntemde göre benzerlik değerlerini hesaplamak için, öncelikle bütün kromozomlar için aşağıdaki formülasyona göre yeni diziler oluşturulacak ve benzerlik değerleri yeni diziler üzerinden hesaplanacaktır. Bu hesaplanan değerler kromozomların çaprazlama sıralamasını belirlemede kullanılacak ve yeni nesil türetilecektir.

Her kromozom ikilisinin, her i ve j noktaları için her iki kromozomda da i 'den j 'ye bağlantı durumu olması benzerlik değerlerini arttıracak, her iki kromozomda da i 'den j 'ye bağlantı olmaması yine benzerlik değerini arttıracaktır. Fakat bir kromozomda i 'den j 'ye bağlantı olup diğerinde olmaması benzerlik değerini düşürecektir.

Algoritmanın iv. adımında benzerliği hesaplamadan önce yeni nesle aktarılacak kromozomlar (S) için A matrisi oluşturulur.

S : Yeni nesle aktarılacak kromozomlar,

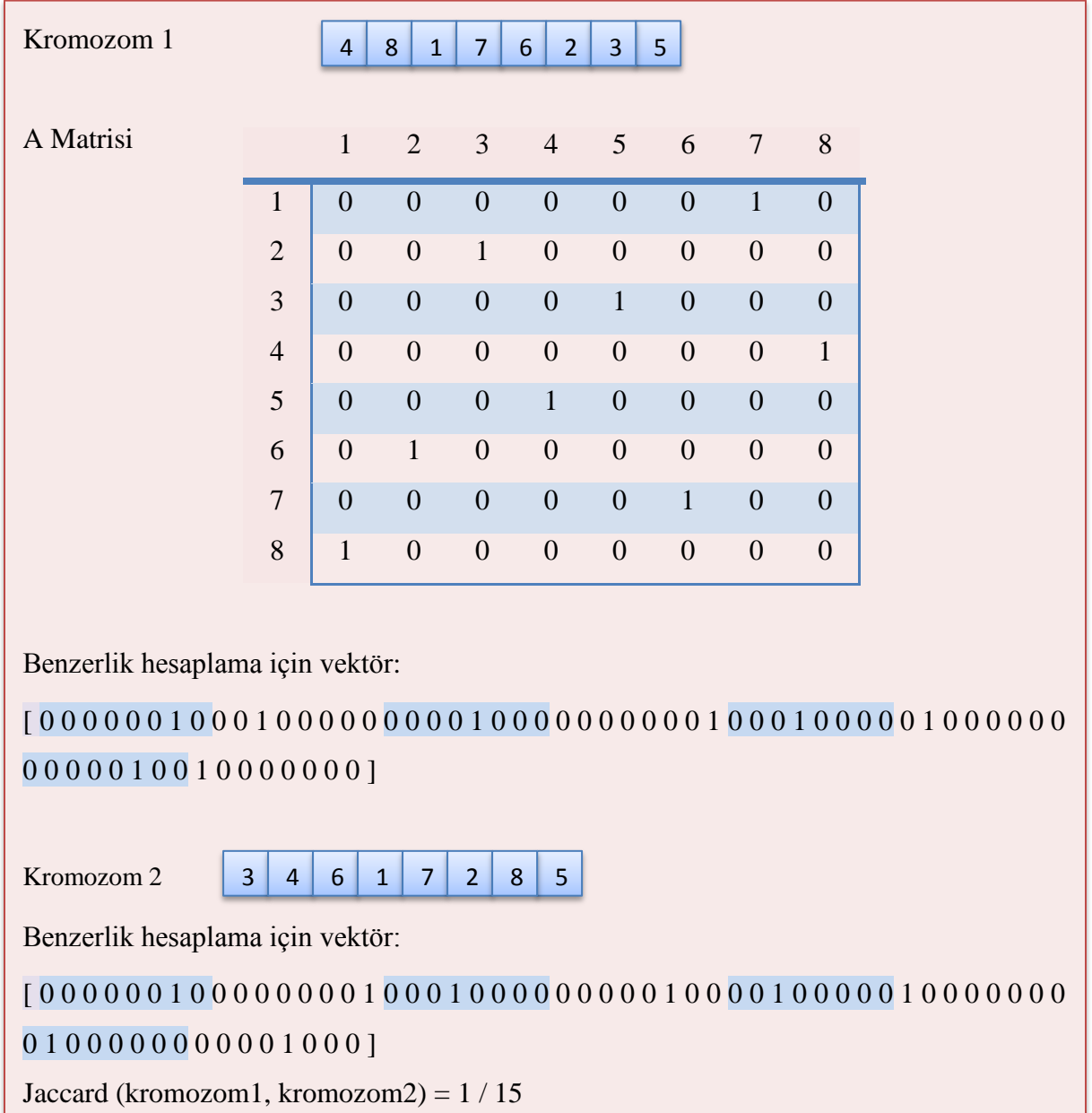
n : Kromozomların uzunluğu (gen sayısı) olmak üzere;

$$\forall p \in (S), \forall i, j \in (1, n) \text{ için } A_p(i, j) = \begin{cases} 1, & \text{eğer } i' \text{den } j' \text{ye bağlantı varsa} \\ 0, & \text{yoksa} \end{cases}$$

A matrisleri bu formülasyona göre hesaplandıktan sonra, matris satırları yan yana getirilerek yeni bir vektör oluşturulmaktadır. Bunun sonucunda kromozomlar arası benzerlik değeri doğrudan kendi benzerliklerine göre değil de o kromozomlardan türetilmiş yeni vektörlerin benzerliklerine göre hesaplanmakta ve çaprazlama aşamasında bu benzerlik değerleri dikkate alınmaktadır. Şekil 5.4'de bir kromozomdan oluşturulan A matrisi ve benzerlik hesaplamada kullanılacak vektör gösterilmiştir.

Bu yöntemde göre kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak deneyler yapılabileceği gibi, diziler sadece 0 ve 1 rakamlarından oluştuğu için Jaccard ölçütüne göre de deneyler

yapılabilecektir. Ayrıca gen sıralamaların dikkate alınması sebebiyle bu kapsamda yapılan deneylerde çaprazlama operatörü olarak da OX - sıralı çaprazlama yöntemi kullanılacaktır.



Şekil 5.4 Genlerin sıralamasına göre benzerlik hesaplama matrisi

5.7.2.1. Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları

Kromozomlardan oluşturulmuş A matrislerinin satırlarından oluşan vektörlerin kosinüs benzerlik ölçütüne göre hesaplanan benzerlik değerlerine göre çaprazlamaların yapılacağı ve öncelikle en benzerlerin çaprazlanacağı bu senaryoda, öncelikle çaprazlamaya girecek bireyler için A matrisleri ve bu matrisin satırlarından oluşan vektör oluşturulmuştur. Bu vektörlerin benzerlikleri kosinüs benzerlik ölçütü hesaplama yöntemine göre hesaplanmıştır.

Benzerlik değerleri hesaplandıktan sonra sıralama yapılmış ve öncelikle benzerlik değeri en yüksek olan ikiliyi türeten kromozomlar çaprazlanmıştır. Bu çaprazlama sonucu çıkan birey %50 ihtimalle mutasyona uğradıktan sonra yeni nesle aktarılmıştır. Bu süreç ihtiyaç olan bütün yeni bireyler türetilene kadar devam etmektedir. Aynı ikililerin tekrar çaprazlamaya girmemesi için, her çaprazlama sonrası, o çaprazlamaya giren ikililerin benzerlik değerleri sıfıra eşitlenmiş ve iterasyonlara bu şekilde devam edilmiştir. Ayrıca gen sıralamaların dikkate alınması sebebiyle bu kapsamda yapılan deneylerde çaprazlama operatörü olarak da OX - sıralı çaprazlama yöntemi kullanılmıştır.

Belirlenen örnek problemler için deneyler yapılmış ve elde edilen sonuçlar Çizelge 5.5’de listelenmiştir.

Çizelge 5.5 Genlerin sıralamasına göre kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en benzer kromozomların çaprazlandığı deney sonuçları

	Standart genetik algoritma			Sıralamalara göre kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak modifiye edilmiş algoritma		
	Ortalama	Std Sapma	min	Ortalama	Std Sapma	min
lin105	16.479	328	15.997	16.498	365	16.008
gil262	5.687	215	5.333	5.709	238	5.376
st70	730	21	698	752	18	710
eil76	596	14	572	595	13	573
ch130	7.618	243	7.284	7.720	221	7.324

Genlerin sıralamalarını dikkate alarak hesaplanan kosinüs benzerlik ölçütü değerleri kullanılarak en benzer kromozomların öncelikle çaprazlandığı durum, kromozomların doğrudan benzerliklerinin hesaplandığı duruma göre daha iyi sonuç vermesine karşın, standart genetik algoritma sonuçlarına göre iyi sonuç vermemiştir. Bu sebeple diğer örnek problemler için deneyler yapılmamıştır.

5.7.2.2.Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en az benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları

Kromozomlardan oluşturulmuş A matrislerinin satırlarından oluşan vektörlerin kosinüs benzerlik ölçütüne göre hesaplanan benzerlik değerlerine göre çaprazlamaların yapılacağı ve öncelikle en az benzerlerin çaprazlanacağı bu senaryoda, öncelikle çaprazlamaya girecek bireyler için A matrisleri ve bu matrisin satırlarından oluşan vektör oluşturulmuştur. Bu vektörlerin benzerlikleri kosinüs benzerlik ölçütü hesaplama yöntemine göre hesaplanmıştır.

Benzerlik değerleri hesaplandıktan sonra sıralama yapılmış ve öncelikle benzerlik değeri en düşük olan ikiliyi türeten kromozomlar çaprazlanmıştır. Bu çaprazlama sonucu çıkan birey %50 ihtimalle mutasyona uğradıktan sonra yeni nesle aktarılmıştır. Bu süreç ihtiyaç olan bütün yeni bireyler türetilene kadar devam etmektedir. Aynı ikililerin tekrar çaprazlamaya girmemesi için, her çaprazlama sonrası, o çaprazlamaya giren ikililerin benzerlik değerleri bire eşitlenmiş ve iterasyonlara bu şekilde devam edilmiştir.

Belirlenen örnek problemler için deneyler yapılmış ve elde edilen sonuçların ortalama değeri, standart sapma değeri ve bulunan en iyi çözüm değeri (min sütunu altında) Çizelge 5.6'da listelenmiştir.

Genlerin sıralamalarını dikkate alarak hesaplanan kosinüs benzerlik ölçütü değerleri kullanılarak en az benzer kromozomların öncelikle çaprazlandığı durum, kromozomların doğrudan benzerliklerinin hesaplandığı duruma göre daha iyi sonuç vermiştir. Standart

genetik algoritma sonuçlarına göre iki problemde az da olsa iyi sonuç verdiği tespit edilmiştir. Fakat bu iki problemde iyi sonuç vermesi yeterli bulunmamıştır.

Çizelge 5.6 Genlerin sıralamasına göre kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en az benzer kromozomların çaprazlandığı deney sonuçları

	Standart genetik algoritma			Sıralamalara göre kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak modifiye edilmiş algoritma		
	Ortalama	Std Sapma	min	Ortalama	Std Sapma	min
lin105	16.479	328	15.997	16.484	351	16.012
gil262	5.687	215	5.333	5.685	218	5.337
st70	730	21	698	734	18	703
eil76	596	14	572	592	12	572
ch130	7.618	243	7.284	7.652	217	7.302

5.7.2.3. Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak en benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları

Kromozomlardan oluşturulmuş A matrisi 0 ve 1 rakamlarından oluştuğu için kosinüs benzerlik ölçütünün yanı sıra Jaccard ölçütünün de kullanılması ve sonuçlarının analiz edilmesi farklı bir senaryo olarak ele alınmaktadır.

Kromozomlardan oluşturulmuş A matrisleri kullanılarak ve Jaccard benzerlik ölçütüne göre hesaplanan benzerlik değerlerine göre çaprazlamaların yapılacağı ve öncelikle en benzerlerin çaprazlanacağı bu senaryoda ilk olarak aşağıdaki formülasyona göre benzerlik değerleri hesaplanmıştır.

$a: \forall i, j \in (1, n) \text{ için } x_{ij} = y_{ij} = 1 \text{ olan genlerin sayısı}$

$b: \forall i, j \in (1, n) \text{ için } x_{ij} = 1, y_{ij} = 0 \text{ olan genlerin sayısı}$

$c: \forall i, j \in (1, n) \text{ için } x_{ij} = 0, y_{ij} = 1 \text{ olan genlerin sayısı olmak üzere;}$

Benzerlik (Kromozom_x, Kromozom_y) = $\frac{a}{a+b+c}$ olarak tanımlanmaktadır.

Benzerlik deęerleri hesaplandıktan sonra sıralama yapılmakta ve öncelikle benzerlik deęeri en yüksek olan ikiliyi türeten kromozomlar aprazlanmaktadır. Bu aprazlama sonucu ıkan birey %50 ihtimalle mutasyona uęradıktan sonra yeni nesle aktarılmaktadır. Bu süreç ihtiyaç olan bütün yeni bireyler türetilene kadar devam etmektedir. Aynı ikililerin tekrar aprazlamaya girmemesi için, her aprazlama sonrası, o aprazlamaya giren ikililerin benzerlik deęerleri sıfıra eşitlenmekte ve iterasyonlara bu şekilde devam edilmektedir. Belirlenen örnek problemler için deneyler yapılmıř ve elde edilen sonuçlar izelge 5.7’de listelenmiřtir.

izelge 5.7 Genlerin sıralamasına göre Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak en benzer kromozomların aprazlandıęı deney sonuçları

	Standart genetik algoritma			Sıralamalara göre Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak modifiye edilmiř algoritma		
	Ortalama	Std Sapma	min	Ortalama	Std Sapma	min
lin105	16.479	328	15.997	16.491	331	15.974
gil262	5.687	215	5.333	5.732	216	5.347
st70	730	21	698	739	23	724
eil76	596	14	572	597	15	575
ch130	7.618	243	7.284	7.630	247	7.289

Genlerin sıralamalarını dikkate alarak ve Jaccard ölçütüne göre hesaplanan benzerlik deęerlerine göre öncelikle en benzer kromozomların aprazlandıęı durum, standart genetik algoritma sonuçlarına göre iyi sonuç vermemiřtir. Bu sebeple dięer örnek problemler için deneyler yapılmamıřtır.

5.7.2.4. Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak en az benzerlerin aprazlandıęı deney sonuçları

Benzerlik deęerleri Jaccard ölçütüne göre hesaplandıktan sonra sıralama yapılmakta ve öncelikle benzerlik deęeri en düşük olan ikiliyi türeten kromozomlar aprazlanmaktadır. Bu aprazlama sonucu ıkan birey %50 ihtimalle mutasyona uęradıktan sonra yeni nesle aktarılmaktadır. Bu süreç ihtiyaç olan bütün yeni bireyler türetilene kadar devam

etmektedir. Aynı ikililerin tekrar çaprazlamaya girmemesi için, her çaprazlama sonrası, o çaprazlamaya giren ikililerin benzerlik değerleri bire eşitlenmekte ve iterasyonlara bu şekilde devam edilmektedir.

Belirlenen örnek problemler için deneyler yapılmış ve elde edilen sonuçların ortalama değeri, standart sapma değeri ve bulunan en iyi çözüm değeri (min sütunu altında) Çizelge 5.8’de listelenmiştir.

Çizelge 5.8 Genlerin sıralamasına göre Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak en az benzer kromozomların çaprazlandığı deney sonuçları

	Standart genetik algoritma			Sıralamalara göre Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak modifiye edilmiş algoritma		
	Ortalama	Std Sapma	min	Ortalama	Std Sapma	min
lin105	16.479	328	15.997	16.495	325	16.008
gil262	5.687	215	5.333	5.718	218	5.376
st70	730	21	698	734	20	721
eil76	596	14	572	597	12	570
ch130	7.618	243	7.284	7.621	240	7.295

Genlerin sıralamalarını dikkate alarak ve Jaccard ölçütüne göre hesaplanan benzerlik değerlerine göre öncelikle en az benzer kromozomların çaprazlandığı durum, standart genetik algoritma sonuçlarına göre iyi sonuç vermemiştir. Bu sebeple diğer örnek problemler için deneyler yapılmamıştır.

5.7.2.5. Genlerin sıralanmalarının benzerliğine göre yapılan deney sonuçları ile ilgili yorumlar

Jaccard ve kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak en benzerlerin ve en az benzerlerin öncelikle çaprazlandığı durumlarda, benzerlik hesaplanırken doğrudan kromozomu oluşturan dizilerin benzerliği yerine, genlerin sıralamasını esas alacak bir benzerlik hesaplama yöntemi önerilmiştir. Bu yöntemle göre benzerlik değerlerini hesaplamak için,

öncelikle bütün kromozomlar içerisinde genlerin birbirini takip etmesine göre yeni diziler oluşturulmuş ve benzerlik hesaplamaları buna göre yapılmıştır. Ayrıca deneyler sadece kosinüs benzerlik ölçütü ile değil aynı zamanda dizi elemanları sadece 0 ve 1 rakamlarından oluştuğu için Jaccard ölçütü kullanılarak da tekrarlanmıştır. Deneylerin sonuçları incelendiğinde standart genetik algoritma sonuçlarına göre bazı problemlerde iyi sonuçlar vermesine karşın, bütün deneyler göz önünde bulundurulduğunda kayda değer bir iyileşme sağlanamadığı anlaşılmıştır.

5.7.3. Belirli sayıda iterasyona kadar / iterasyondan sonra genlerin sıralanmalarının benzerliğine göre yapılan deneyler

Sürekli en benzer veya en az benzerlerin çaprazlandığı senaryolar incelendiğinde, algoritmanın lokal çözümlere odaklandığı düşünülmekte ve belirli iterasyona kadar öncelikle benzer/az benzer ve bu iterasyondan sonra standart algoritmaya göre kromozomların çaprazlanması deneylerinin yapılması planlanmaktadır. Örnek problemler üzerinde yapılan çalışmalarda bu problem türü için değişikliğin yapılacağı iterasyon 200. iterasyon olarak belirlenmiştir. Bu şekilde farklı kombinasyonlar deneyerek hem sonuçlar karşılaştırılacak hem de algoritmanın değişim yapılan adımdan önceki ve sonraki eğiliminde farklılık olup olmadığı tespit edilebilecektir. Bu bölümde yapılan bütün deneylerde, genlerin sıralamalarının benzerliği dikkate alınarak benzerlik değerleri hesaplanmaktadır.

5.7.3.1. Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak ilk 200 iterasyon benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları

Bu deneyde algoritmanın ilk 200 iterasyonunda çaprazlamaya girecek bireyler kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak hesaplanan benzerlik değerlerine göre, öncelikle en benzerler eşleşecek şekilde çaprazlanmaktadır. 201. iterasyondan itibaren çaprazlamaya girecek kromozomlar standart genetik algoritma metoduna uygun olarak rassal olarak seçilmektedir. Bu yöntemle göre yapılmış deney sonuçları Çizelge 5.9'da gösterilmiştir.

Deney sonuçları incelendiğinde iki problem için standart genetik algoritma sonuçlarına göre daha iyi sonuçlar elde edildiği, diğer problemler için de ortalama değerlere yakın

sonular elde edildiđi tespit edilmiřtir. Daha iyi sonu veren problemler ortalama binde 5 daha iyi sonu vermektedir.

izelge 5.9 Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak ilk 200 iterasyon benzerlerin aprazlandığı deney sonuları

	Standart genetik algoritma			Sıralamalara göre kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak modifiye edilmiş algoritma (ilk 200 iterasyon için)		
	Ortalama	Std Sapma	min	Ortalama	Std Sapma	min
lin105	16.479	328	15.997	16.481	325	16.024
gil262	5.687	215	5.333	5.693	218	5.328
st70	730	21	698	728	20	698
eil76	596	14	572	594	11	575
ch130	7.618	243	7.284	7.627	246	7.281

5.7.3.2.Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak 200 iterasyon az benzerlerin aprazlandığı deney sonuları

Bu deneyde algoritmanın ilk 200 iterasyonunda aprazlamaya girecek bireyler kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak hesaplanan benzerlik deđerlerine göre, öncelikle en az benzerler eşleşecek şekilde aprazlanmaktadır. 201. iterasyondan itibaren aprazlamaya girecek kromozomlar standart genetik algoritma metoduna uygun olarak rassal olarak seçilmektedir. Belirlenen örnek problemler için deneyler yapılmış ve elde edilen sonuların ortalama deđeri, standart sapma deđeri ve bulunan en iyi özüm deđeri (min sütunu altında) izelge 5.10’da gösterilmiştir.

Deney sonuları incelendiđinde bütün problem için standart genetik algoritma sonularına göre daha başarısız sonular elde edildiđi tespit edilmiřtir. Özellikle ilk iterasyonlarda en az benzerlerin aprazlanmasının optimum özümünden uzaklaşılmasına sebep olduđu söylenebilir.

Çizelge 5.10 Kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak ilk 200 iterasyon en az benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları

	Standart genetik algoritma			Sıralamalara göre kosinüs benzerlik ölçütü kullanılarak modifiye edilmiş algoritma (ilk 200 iterasyon için)		
	Ortalama	Std Sapma	min	Ortalama	Std Sapma	min
lin105	16.479	328	15.997	16.968	356	16.418
gil262	5.687	215	5.333	5.871	240	5.616
st70	730	21	698	742	23	709
eil76	596	14	572	628	18	604
ch130	7.618	243	7.284	7.664	263	7.317

5.7.3.3. Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak 200 iterasyon benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları

Bu deneyde algoritmanın ilk 200 iterasyonunda çaprazlamaya girecek bireyler Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak hesaplanan benzerlik değerlerine göre, öncelikle en benzerler eşleşecek şekilde çaprazlanmaktadır. 201. iterasyondan itibaren çaprazlamaya girecek kromozomlar standart genetik algoritma metoduna uygun olarak rassal olarak seçilmektedir. Belirlenen örnek problemler için deneyler yapılmış ve elde edilen sonuçların ortalama değeri, standart sapma değeri ve bulunan en iyi çözüm değeri (min sütunu altında) Çizelge 5.11’de gösterilmiştir.

Çizelge 5.11 Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak ilk 200 iterasyon en benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları

	Standart genetik algoritma			Sıralamalara göre Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak modifiye edilmiş algoritma (ilk 200 iterasyon için)		
	Ortalama	Std Sapma	min	Ortalama	Std Sapma	min
lin105	16.479	328	15.997	16.784	312	16.324
gil262	5.687	215	5.333	5.814	216	5.527
st70	730	21	698	736	22	706
eil76	596	14	572	607	18	594
ch130	7.618	243	7.284	7.684	260	7.304

Deney sonuçları incelendiğinde bütün problem için standart genetik algoritma sonuçlarına göre daha başarısız sonuçlar elde edildiği tespit edilmiştir.

5.7.3.4. Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak 200 iterasyon az benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları

Bu deneyde algoritmanın ilk 200 iterasyonunda çaprazlamaya girecek bireyler Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak hesaplanan benzerlik değerlerine göre, öncelikle en az benzerler eşleşecek şekilde çaprazlanmaktadır. 201. iterasyondan itibaren çaprazlamaya girecek kromozomlar standart genetik algoritma metoduna uygun olarak rassal olarak seçilmektedir. Belirlenen örnek problemler için deneyler yapılmış ve elde edilen sonuçların ortalama değeri, standart sapma değeri ve bulunan en iyi çözüm değeri (min sütunu altında)

Çizelge 5.12’de gösterilmiştir.

Çizelge 5.12 Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak ilk 200 iterasyon en az benzerlerin çaprazlandığı deney sonuçları

	Standart genetik algoritma			Sıralamalara göre Jaccard benzerlik ölçütü kullanılarak modifiye edilmiş algoritma (ilk 200 iterasyon için)		
	Ortalama	Std Sapma	min	Ortalama	Std Sapma	min
lin105	16.479	328	15.997	16.810	348	16.342
gil262	5.687	215	5.333	5.764	228	5.546
st70	730	21	698	746	21	712
eil76	596	14	572	618	17	608
ch130	7.618	243	7.284	7.712	278	7.342

Deney sonuçları incelendiğinde bütün problem için standart genetik algoritma sonuçlarına göre daha başarısız sonuçlar elde edildiği tespit edilmiştir.

5.8. Yeni Benzerlik Tanımına Göre Yapılan Deneyler

Benzerlik kavramını daha anlamlı kılabilmek için yeni bir benzerlik ölçütü geliştirilmiş ve bu ölçüte göre çaprazlama sürecine müdahalede bulunarak iyileştirme sağlanması amaçlanmıştır.

Yeni benzerlik ölçütünü hesaplamak için kullanılan yöntemin adımları aşağıda listelenmiştir.

- Adım 1. Her kromozomun her bir düğümünün kaçınıcı sırada ziyaret edildiğini gösteren yeni bir dönüştürülmüş kromozom oluşturulur.
Mesela kromozom 1 – 4 – 2 – 5 – 3 ise bunun dönüştürülmüş kromozomu 1- 3- 5-2-4 şeklinde olacaktır. 1. düğüm 1. sırada, 2. düğüm 3. sırada, 3. düğüm 5. sırada... ziyaret edilmektedir.
- Adım 2. Bu şekilde bütün kromozomların dönüştürülmüş kromozomları oluşturulduktan sonra, iki kromozom arasında her düğüm için farkların karesi alınıp toplanarak fark değeri oluşturulur.
Mesela 1. dönüştürülmüş kromozom 1-3-5-2-4 ve 2. dönüştürülmüş kromozom 1-2-4-5-3 olduğu durumda fark değeri $(1-1)^2+(3-2)^2+(5-4)^2+(2-5)^2+(4-3)^2$ olacaktır. Bu durumda 1-4-2-5-3 ile 1-2-5-3-4 kromozomları arasında ki benzerlik değeri 12 olacaktır.
- Adım 3. Bu fark değerinin büyük olması iki kromozomun daha az benzer olduğunu, fark değerinin küçük olması ise kromozomlar arası benzerliğin fazla olduğunu göstermektedir.

Yeni benzerlik ölçütü kullanılarak çaprazlama aşamasında birbirine benzerlerin çaprazlanması, az benzer olanların çaprazlanması, belirli bir iterasyona kadar benzerlerin veya az benzerlerin çaprazlanıp sonra rassal devam edilmesi gibi birçok alternatif senaryo üzerinde denemeler yapılmıştır. Bu denemeler sonucunda algoritmaya zaman açısından en az yük getirerek müdahale edebilmek amacıyla; rassal olarak çalışan algoritma eğer üst üste dört iterasyon iyileşme sağlamazsa beşinci adımda birbirine en benzer veya en az benzer kromozomların seçilerek çaprazlama yapması senaryosu deneylerde kullanılmıştır.

Bu yönteme göre uygulanan algoritmanın adımları aşağıda gösterilmiştir.

- i.* Başlangıç nesli olarak problemin uygun çözümlerine karşılık gelen S bireyden oluşan toplum belirlenir.
- ii.* Toplumdaki her x bireyi için $f(x)$ uygunluk değerleri hesaplanır.
- iii.* S bireyden en iyi % 40'ı yeni nesle aktarılır
- iv.*
 - i.* Son dört iterasyonda en uygun çözümde gelişme olmuşsa aynı bireylerden çaprazlamaya girecekler rassal olarak belirlenir
 - ii.* Eğer dört iterasyondur en uygun çözüm gelişmiyorsa bireylerin benzerlik değerleri hesaplanır ve en benzer/en az benzer olanlar sırasıyla çaprazlamaya sokulur
- v.* Çaprazlamaya girecek bireyler OX çaprazlama yöntemine göre eşleştirilir
- vi.* Türetilmiş bireylere 0,5 ihtimalle mutasyon işlemi gerçekleştirilir
- vii.* Yeni türetilmiş bireyler, aktarılan bireyler ile birlikte yeni nesil olarak kabul edilir
- viii.* Belirli bir iterasyon sonunda en uygun değer çözüm olarak kabul edilir.

Bu algoritmayı test etmek için bu problem tipi için yapılan çalışmalarda kullanılan deney setinden seçilen örnek problemler kullanılmıştır (TSPLIB). Test işleminin daha sağlıklı olması için rassal sayı türetme işleminde aynı başlangıç değeri kullanılarak aynı rassal sayılar türetilmiş ve bu şekilde hem başlangıç çözümlerinin aynı olması hem de çaprazlamaya müdahale edilen noktaya kadar aynı seçimlerin yapılması sağlanmıştır.

5.8.1. Yeni benzerlik tanımına göre benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları

Yeni nesli türetmek için öncelikle standart genetik algoritma adımları takip edilerek çözümler elde edilmektedir. Üst üste dört iterasyon çözümde iyileşme olmazsa; bireylerin her ikili kombinasyonu için benzerlik değeri, dönüştürülmüş kromozomların karesel farkları toplanarak hesaplanmakta, sıralama yapılmakta ve öncelikle karesel fark toplamları en düşük yani benzerlik değeri en yüksek olan ikili çaprazlanmaktadır. Bu çaprazlama sonucu çıkan birey %50 ihtimalle mutasyona uğradıktan sonra yeni nesle aktarılmaktadır. Bu süreç ihtiyaç olan bütün yeni bireyler türetilene kadar devam etmektedir. Aynı ikililerin

tekrar çaprazlamaya girmemesi için, her çaprazlama sonrası, o çaprazlamaya giren ikililerin karesel fark toplamları yüksek bir değere eşitlenmekte ve iterasyonlara bu şekilde devam edilmektedir.

Belirlenen örnek problemler için deneyler yapılmış ve elde edilen sonuçlar Çizelge 5.13’de listelenmiştir. Öncelikle deney yapılan beş örnek problem incelendiğinde, dört problemin standart algoritmaya göre daha iyi sonuç verdiği tespit edilmiştir. Çalışmayı genişletmek amacıyla diğer örnek problemler içinde deneyler yapılmış ve sonuçlar tabloya eklenmiştir. İki yöntem ile çözülen problemlerin ortalama değerleri arasında yapılan t testi sonucuna göre t değeri 0,173 olarak hesaplanmıştır. Yapılan deneylere göz atıldığında on problemin sekizinde yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer olanların çaprazlandığı algoritma, standart algoritmaya göre daha iyi sonuç vermiştir.

Çizelge 5.14’de ortalama değerlerdeki iyileşme yüzdeleri verilmiştir.

Çizelge 5.13 Yeni benzerlik tanımına göre benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları

	Standart genetik algoritma			Yeni benzerlik tanımına göre benzer olanların çaprazlandığı algoritma		
	Ortalama	Std Sapma	min	Ortalama	Std Sapma	min
lin105	16.479	328	15.997	16.221	642	14.994
gil262	5.687	215	5.333	5.658	168	5.352
st70	730	21	698	737	13	721
eil76	596	14	572	596	8	586
ch130	7.618	243	7.284	7.552	131	7.409
KroA150	36.288	1.253	34.775	35.709	1.248	33.940
rd100	9.117	308	8.386	8.946	223	8.676
rat99	1.372	31	1.319	1.387	34	1.335
att48	35.134	658	34.254	34.781	709	33.748

d198	2.239.978.830	84.629.680	2.092.859.351	2.233.588.191	51.040.103	2.184.690.816
-------------	---------------	------------	---------------	---------------	------------	---------------

Çizelge 5.14 Ortalama değerlerdeki iyileşme yüzdeleri

	lin105	gil262	st70	eil76	ch130	KroA150	rd100	rat99	att48	d198
İyileşme oranı (%)	1,59	0,51	-0,95	0,03	0,87	1,62	1,91	-1,08	1,01	0,29

On problemin ortalama değerlerindeki iyileşme değerlerinin ortalaması %0,6, iyi sonuç vermeyen iki problem hariç ortalama değerlerindeki iyileşme değerlerinin ortalaması ise % 0,98 olarak hesaplanmıştır. Lin105, KroA150, rd100 ve att48 problemlerinde %1'dan daha iyi sonuç elde edilmiştir. Ayrıca on problemin yedisinde yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer olanların çaprazlandığı algoritma sonucu bulunan çözümlerin standart sapması daha düşüktür.

5.8.2. Yeni benzerlik tanımına göre az benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları

Bir önceki senaryoda olduğu gibi, yeni nesli türetmek için öncelikle standart genetik algoritma adımları takip edilerek çözümler elde edilmektedir. Üst üste dört iterasyon çözümde iyileşme olmazsa; bireylerin her ikili kombinasyonu için benzerlik değeri, dönüştürülmüş kromozomların karesel farkları toplanarak hesaplanmakta, sıralama yapılmakta ve öncelikle karesel fark toplamları en yüksek olan yani benzerlik değeri en düşük olan ikili çaprazlanmaktadır. Bu çaprazlama sonucu çıkan birey %50 ihtimalle mutasyona uğradıktan sonra yeni nesle aktarılmaktadır. Bu süreç ihtiyaç olan bütün yeni bireyler türetilene kadar devam etmektedir. Aynı ikililerin tekrar çaprazlamaya girmemesi için, her çaprazlama sonrası, o çaprazlamaya giren ikililerin karesel fark toplamları sıfır değerine eşitlenmekte ve iterasyonlara bu şekilde devam edilmektedir.

Belirlenen örnek problemler için deneyler yapılmış ve elde edilen sonuçlar Çizelge 5.15'de listelenmiştir. Öncelikle deney yapılan beş örnek problem incelendiğinde, uygulamanın beş

problemlerde de standart algoritmaya göre daha iyi sonuç verdiği tespit edilmiştir. Çalışmayı genişletmek amacıyla diğer örnek problemler içinde deneyler yapılmış ve sonuçlar tabloya eklenmiştir.

Çizelge 5.15’den de görüleceği üzere yapılan on deneyden dokuz tanesinde dönüştürülmüş yeni benzerlik tanımı kullanılarak az benzer olanların çaprazlandığı algoritma daha iyi sonuç vermiştir. Çizelge 5.16’da da ortalama değerlerdeki iyileşmelerin ortalaması gösterilmiştir. İki yöntem ile çözülen problemlerin ortalama değerleri arasında yapılan t testi sonucuna göre t değeri 0,17 olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 5.15 Yeni benzerlik tanımına göre az benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları

	Standart genetik algoritma			Yeni benzerlik tanımı kullanılarak az benzer olanların çaprazlandığı algoritma		
	Ortalama	Std Sapma	min	Ortalama	Std Sapma	min
lin105	16.479	328	15.997	16.181	478	15.478
gil262	5.687	215	5.333	5.628	173	5.261
st70	730	21	698	723	25	691
eil76	596	14	572	590	18	562
ch130	7.618	243	7.284	7.507	238	7.130
KroA150	36.288	1.253	34.775	35.284	1.273	33.801
rd100	9.117	308	8.386	9.067	283	8.633
rat99	1.372	31	1.319	1.380	31	1.318
att48	35.134	658	34.254	35.101	484	34.160
d198	2.239.978.830	84.629.680	2.092.859.351	2.230.345.826	70.573.084	2.109.013.720

Çizelge 5.16 Ortalama değerlerdeki iyileşme yüzdeleri

	lin105	gil262	st70	eil76	ch130	KroA150	rd100	rat99	att48	d198
İyileşme oranı (%)	1,84	1,05	0,97	1,02	1,48	2,85	0,55	-0,58	0,09	0,43

On problemin ortalama deęerlerindeki iyileşme deęerlerinin ortalaması %0,97, iyi sonuç vermeyen bir problem hariç ortalama deęerlerindeki iyileşme deęerlerinin ortalaması ise % 1,14 olarak hesaplanmıştır. KroA150 probleminde iyileşme ortalaması %2,85 deęerine kadar çıkmış, beş problemde de %1'in üzerinde iyileşme elde edilmiştir.

Yeni benzerlik tanımına göre öncelikle az benzer olanların çaprazlandığı algoritma, benzer olanların çaprazlandığı algoritmaya göre de iyi sonuçlar vermiştir. Standart algoritmada üst üste dört iterasyon iyileşme olmaması durumunda en az benzerlerin çaprazlanması algoritmayı tekrarlardan kurtarmakta ve farklı çözüm alternatiflerine ulaşmasında faydalı olmaktadır.

5.8.3. Yeni benzerlik tanımı kullanılarak bir problem üzerinde deęişik uygulama örnekleri

Yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer ve az benzer olanların çaprazlandığı algoritmalar, standart algoritmaya göre iyi sonuç vermesi sebebiyle, aynı altyapıyı kullanarak farklı senaryolar üzerinde tek problem ile deneyler yapılmıştır. Özellikle belirli bir iterasyona kadar benzer veya az benzerlerin çaprazlanması, sonrasında yine benzer, az benzer veya standart GA ile devam ettirilen durumlar incelenmiştir. Yapılan bütün deneyler lin105 problemi kullanılarak yapılmıştır. Deney yapılan senaryolar ile ilgili açıklamalar Çizelge 5.17 'de, deney sonuçları ise Çizelge 5.18'de sunulmuştur. Burada yapılan çalışmaların yanısıra öncelikle standart, sonrasında benzer/az benzer, öncelikle benzer sonrasında az benzer/standart ve öncelikle az benzer sonrasında benzer/standart senaryoları ile de örnek çalışmalar yapılmış fakat kayda deęer bir iyileşme sağlanamamıştır.

Çizelge 5.17 Deney yapılan senaryolar ile ilgili açıklamalar

Problem	Senaryo	Açıklama
lin105	Standart GA	Standart genetik algoritma adımları uygulanmıştır
	Az Benzer	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak az benzer olanların çaprazlandığı algoritma uygulanmıştır
	Benzer	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer olanların çaprazlandığı algoritma uygulanmıştır

Problem	Senaryo	Açıklama
	İlk 200 benzer, sonra az benzer	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak 200. iterasyona kadar benzer sonrasında az benzer olanların çaprazlandığı algoritma uygulanmıştır
	İlk 200 az benzer, sonra benzer	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak 200. iterasyona kadar az benzer sonrasında benzer olanların çaprazlandığı algoritma uygulanmıştır”
	İlk 10 sürekli benzer, sonra standart	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak ilk 10 iterasyonda sürekli benzer olanların çaprazlandığı algoritma sonrasında standart GA uygulanmıştır
	İlk 30 sürekli benzer, sonra standart	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak ilk 30 iterasyonda sürekli benzer olanların çaprazlandığı algoritma sonrasında standart GA uygulanmıştır
	İlk 50 sürekli benzer, sonra standart	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak ilk 50 iterasyonda sürekli benzer olanların çaprazlandığı algoritma sonrasında standart GA uygulanmıştır
	İlk 80 sürekli benzer, sonra standart	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak ilk 80 iterasyonda sürekli benzer olanların çaprazlandığı algoritma sonrasında standart GA uygulanmıştır
	İlk 10 sürekli az benzer, sonra standart	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak ilk 10 iterasyonda sürekli az benzer olanların çaprazlandığı algoritma sonrasında standart GA uygulanmıştır
	İlk 30 sürekli az benzer, sonra standart	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak ilk 30 iterasyonda sürekli az benzer olanların çaprazlandığı algoritma sonrasında standart GA uygulanmıştır
	İlk 50 sürekli az benzer, sonra standart	Yeni benzerlik tanımı kullanılarak ilk 50 iterasyonda sürekli az benzer olanların çaprazlandığı algoritma sonrasında standart GA uygulanmıştır

Çizelge 5.18’den de görülebileceği gibi denenen senaryolardan özellikle ilk 10 iterasyonda sürekli az benzer kromozomların eşleştirildiği, sonrasında standart genetik algoritma adımlarının uygulandığı durumda standart genetik algoritma sonucuna göre %2,39 oranında bir iyileşme elde edilmiştir. İlk 200 iterasyon az benzer sonrasında benzer kromozomların çaprazlandığı durumda iyileşme olmamış, aksine %2,42 oranında kötü sonuç ortaya çıkmıştır. İlk iterasyonlarda birbirine benzemeyen kromozomların eşleştirilmesi çözümden uzaklaşmaya sebep olmuştur.

Farklı senaryolar kullanılarak yapılan deneylerin sonucu Çizelge 5.18’de gösterilmiştir.

Çizelge 5.18 Çeşitli senaryolara göre yapılan deneylerin sonuçları

Problem	Senaryo	Sonuç	İyileşme yüzdesi
lin105	Standart GA	16.479	-
	Az Benzer	16.181	1,81%
	Benzer	16.221	1,57%
	İlk 200 benzer, sonra az benzer	16.353	0,77%
	İlk 200 az benzer, sonra benzer	16.878	-2,42%
	İlk 10 sürekli benzer, sonra standart	16.288	1,16%
	İlk 30 sürekli benzer, sonra standart	16.559	-0,49%
	İlk 50 sürekli benzer, sonra standart	16.371	0,66%
	İlk 80 sürekli benzer, sonra standart	16.251	1,38%
	İlk 10 sürekli az benzer, sonra standart	16.085	2,39%
	İlk 30 sürekli az benzer, sonra standart	16.235	1,48%
	İlk 50 sürekli az benzer, sonra standart	16.450	0,18%

5.8.4. Yeni benzerlik tanımı kullanılarak bir problem üzerinde farklı senaryoların en iyi çözümlerinin karşılaştırılması

Bu çalışmada; daha önce de örnek olarak kullanılan lin105 problemi için, standart genetik algoritma, yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer ve az benzer olanların çaprazlandığı algoritmalarda yapılan deney sayısı arttırılmış ve her 10’lu deney grubunun içindeki en iyi (bu problem için en küçük) çözümler karşılaştırılmıştır. Toplamda 100 deney yapılmış olup, her 10’lu grubun içindeki en iyi çözümler Çizelge 5.19 ‘da listelenmiştir.

Çizelge 5.19 10'lu grupların en iyi çözümlerinin karşılaştırılması

Problem	Deney	Standart GA	Benzer	Az Benzer	% iyileşme (benzer)	% iyileşme (az benzer)
lin105	Deney 1-10	15.998	15.478	14.994	%3,2	%6,3
	Deney 11-20	15.970	15.218	15.278	%4,7	%4,3
	Deney 21-30	15.964	15.746	15.444	%1,4	%3,3
	Deney 31-40	15.874	15.189	15.603	%4,3	%1,7
	Deney 41-50	15.486	16.010	15.276	-%3,4	%1,4
	Deney 51-60	16.206	15.213	15.111	%6,1	%6,8
	Deney 61-70	15.891	15.487	15.191	%2,5	%4,4
	Deney 71-80	15.764	15.245	15.172	%3,3	%3,8
	Deney 81-90	15.600	15.473	15.623	%0,8	-%0,2
	Deney 91-100	15.662	15.289	15.173	%2,4	%3,1
	Ortalama	15.841	15.435	15.286	%2,6	%3,5

Yapılan her 10'lu deneyin en iyi çözümleri alınarak yapılan karşılaştırma neticesinde %6'yı geçen iyileşmelerin olduğu gruplar tespit edilmiştir. Hem öncelikle benzer kromozomların çaprazlandığı durumda hem de az benzer kromozomların çaprazlandığı durumda sadece birer 10'lu grup sonucu standart GA'ya göre iyi sonuç vermemiştir. Sonuçların ortalamasına incelendiğinde öncelikle benzer kromozomların çaprazlandığı durum standart GA'ya göre % 2,6 daha iyi sonuç vermiş, öncelikle az benzer kromozomların çaprazlandığı durum ise standart GA'ya göre %3,5 daha iyi sonuç vermiştir.

6. ÖNERİLEN GENETİK ALGORİTMA UYARLAMASI İLE ATÖLYE ÇİZELGELEME PROBLEMİNİN ÇÖZÜMÜ

Çalışma kapsamında genetik algoritma metoduna yapılan eklenti ile, algoritmanın daha etkin çalışması sağlanması amaçlanmaktadır. Bu etkiyi gösterebilmek için algoritmanın yaygın olarak kullanıldığı gezgin satıcı probleminde deneyler yapılmış ve sonuçları gösterilmiştir. Çalışmanın bu bölümünde ise yine genetik algoritma metodunun en sık uygulandığı problemlerden olan atölye çizelgeleme problemi için, önerilen uyarlama test edilecek ve deney sonuçları sunulacaktır.

6.1. Problemin Tanımı

Atölye çizelgeleme problemi en yaygın ve zor optimizasyon problemlerinden biridir. Bu problem üzerinde birçok araştırma yapılmasına karşın polinom zamanda en iyi çözümü bulabilen bir algoritma geliştirilememiştir. Ancak, çeşitli yöntemler kullanılarak en iyi çözüme yaklaşılmaktadır. Bu yöntemlerden en çok tercih edileni genetik algoritmalar olmuştur.

Bu uygulamada incelenecek olan atölye çizelgeleme probleminde çeşitli işler ve bu işlerin operasyonlarının yapıldığı çeşitli makineler bulunmaktadır. Her makine aynı anda sadece bir operasyonu yapabilmekte, bu operasyonun bitiminden itibaren çizelgelenecek bir sonraki operasyona geçebilmekte ve bir operasyona ara verilememektedir. Ayrıca her işin operasyonlarının belirli bir öncelik sırasına göre yapılması gerekmektedir. Problemin amacı ise bütün işlerin bitirildiği, yani en son operasyonun tamamlandığı zamanı minimize etmektir.

Problemi matematiksel olarak ifade edebilmek için; $J = \{1,2, \dots, n\}$ işlerin listesi, $M = \{1,2, \dots, m\}$ makine listesi ve $O = \{1,2, \dots, n \times m + 1\}$ çizelgelenecek operasyonların listesi olarak tanımlanmaktadır. Her bir j operasyonu ancak onun öncül operasyonları olan P_j operasyonları tamamlandığı zaman çizelgelenebilmektedir. T_j j . operasyonun süresini, F_j j . operasyonun tamamlanma zamanını ve $A(t)$, t anında süren operasyonların listesini göstermektedir (Gonçalves ve ark. 2002). Eğer j . operasyonun m makinesinde işlem

görecek ise, $e_{jm}=1$ değilse $e_{jm}=0$ olmak üzere atölye çizelgeleme problemi şu şekilde gösterilebilmektedir.

$$\text{en küçük } F_{n \times m + 1} \quad (1)$$

$$F_k \leq F_j - T_j, \quad j = 1, 2, \dots, n \times m + 1; k \in P_j \quad (2)$$

$$\sum_{j \in A(t)} e_{jm} \leq 1, \quad m \in M; \quad t \geq 0 \quad (3)$$

$$F_j \geq 0, \quad j = 1, 2, \dots, n \times m + 1 \quad (4)$$

Amaç fonksiyonu (1) en son operasyonun tamamlanma zamanını en küçüklemeye çalışmaktadır. (2) numaralı kısıt operasyonlar arası öncelikler şartlarını sağlamaktadır. (3) numaralı kısıt bir makinenin aynı anda sadece bir operasyonu yapabilmesini sağlamaktadır. Operasyon bitiş zamanlarının pozitif olmasını da (4) numaralı kısıt garanti altına almaktadır.

6.2. Kromozom Tanımı

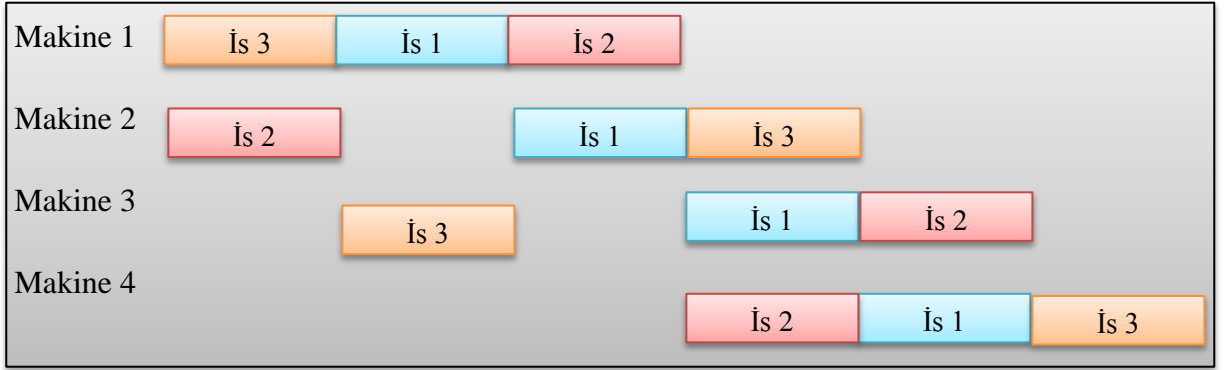
Uygun bir kromozom yapısının belirlenmesi, algoritmanın başarılı bir şekilde çalışması açısından önem arz etmektedir. Cheng ve arkadaşları (1999) atölye çizelgeleme problemlerinde kullanılan kromozom yapıları ile ilgili derleme yapmış ve operasyon bazlı bir yöntemi de açıklamıştır. Bu yönteme göre n iş ve m makine olmak üzere her işin m kez operasyonu gerçekleşecektir. Dolayısıyla her iş numarası kromozom içinde m kez tekrar edecektir. Kromozom soldan sağa doğru tarandığında, bir iş numarasının k . kez tekrar etmesi, o işin k . operasyonunun sıralaması anlamına gelmektedir. Mesela 3 işin, 4 makede çizelgelenmesi gereken bir problem için [3 1 2 1 1 2 3 1 2 3 2 3] kromozomu bir çizelgeyi temsil etmektedir. Her 3 işin 4 operasyonunu göstermek üzere her iş numarası 4 kez tekrar etmektedir. Kromozomun 1. sırasındaki eleman; 3. numaralı işin 1. operasyonunun ilk sırada yapılacağını göstermektedir. Kromozomun 2. sırasındaki eleman; 1. numaralı işin 1. operasyonunun 2. öncelikte yapılacağını göstermektedir. Sıralama bu şekilde belirlendikten sonra makinelerin doluluğuna göre paralel operasyonlarda olabilecektir. Bu kromozomun dizilişine göre belirlenen sıralamanın en önemli avantajı, her kromozomda uygun bir çözümü garanti etmesidir.

İşlerin makinelerde işlenme sıralamasının Çizelge 6.1’de gösterildiği ve işlem sürelerinin sabit 1 birim alındığı bir problem için [3 1 2 1 1 2 3 1 2 3 2 3] kodlu kromozomun temsil ettiği çözüm

Şekil 6.1’de gösterilmiştir.

Çizelge 6.1 İşlerin işlem göreceği makine sıralaması

Makineler				
İş 1	1	2	3	4
İş 2	2	1	4	3
İş 3	1	3	2	4



Şekil 6.1 Örnek kromozom için çözüm şeması

6.3. Çaprazlama Yöntemi

Belirlenen kromozom yapısına göre bir çaprazlama yöntemi seçilmesi, problemin çözümü açısından ve her çaprazlamada çözüm uygunluğunun sağlanabilmesi açısından önemlidir. Bu bağlamda G. Shi (1997)’nin çalışmasında kullandığı Küme Bölünme (SPX : Set-partition) çaprazlama yöntemi kullanılmıştır. Bu yöntemde iki ebeveyn kromozomdan iki yavru kromozomun türetilmesi için öncelikle işler $\{1,2,\dots,n\}$ J_1 ve J_2 olarak iki ayrı boş olmayan alt kümeye ayrılmaktadır. Sonrasında J_1 de ki elemanları 1. ebeveynden, J_2 de ki elemanları 2. ebeveynden alarak, yukarıdan aşağı ve soldan sağa sıralama yapılarak yeni

birey türetilir. Ebeveynlerin yeri değiştirilerek aynı işlemler tekrarlanınca da 2. birey oluşturulur.

6.4. Mutasyon Yöntemi

Kromozomlarda farklılaşma sağlamak amacıyla uygulanan mutasyon işlemi, kromozomu rassal olarak değiştirebilmesi açısından önemli bir etkiye sahiptir. Mutasyona girecek olan bireylere iki farklı mutasyon yöntemi uygulanmaktadır. Bunlardan bir tanesi kromozom içinde rastgele seçilen iki nokta arasındaki genlerin sırasıyla yer değiştirmesi, ikincisi ise sadece seçilen iki genin yer değiştirmesi olarak belirlenmiştir. Rassal sayılar 3 ve 9 olmak üzere

- [1 3 3 1 1 2 2 3 1 2 3 2] kromozomu mutasyondan sonra [1 3 1 3 2 2 1 1 3 2 3 2] kromozomuna dönüşmektedir.
- [3 1 2 1 2 3 1 2 3 1 2 3] kromozomu mutasyondan sonra [3 1 3 1 2 3 1 2 2 1 2 3] kromozomuna dönüşmektedir.

6.5. Standart Genetik Algoritma Adımları ve Uygulanacak Modifikasyon

Benzerlik ölçütü ile ilgili yapılan deneylerin sonucu çıkan değerleri karşılaştırmak amacıyla standart genetik algoritma adımlarına göre atölye çizelgeleme problemi çözülecektir. Bütün çalışmalarda karşılaştırmaların sağlıklı yapılabilmesi için aynı rassal sayılar kullanılacak ve çaprazlama aşamasındaki müdahaleden başka hiçbir parametre değiştirilmeyecektir.

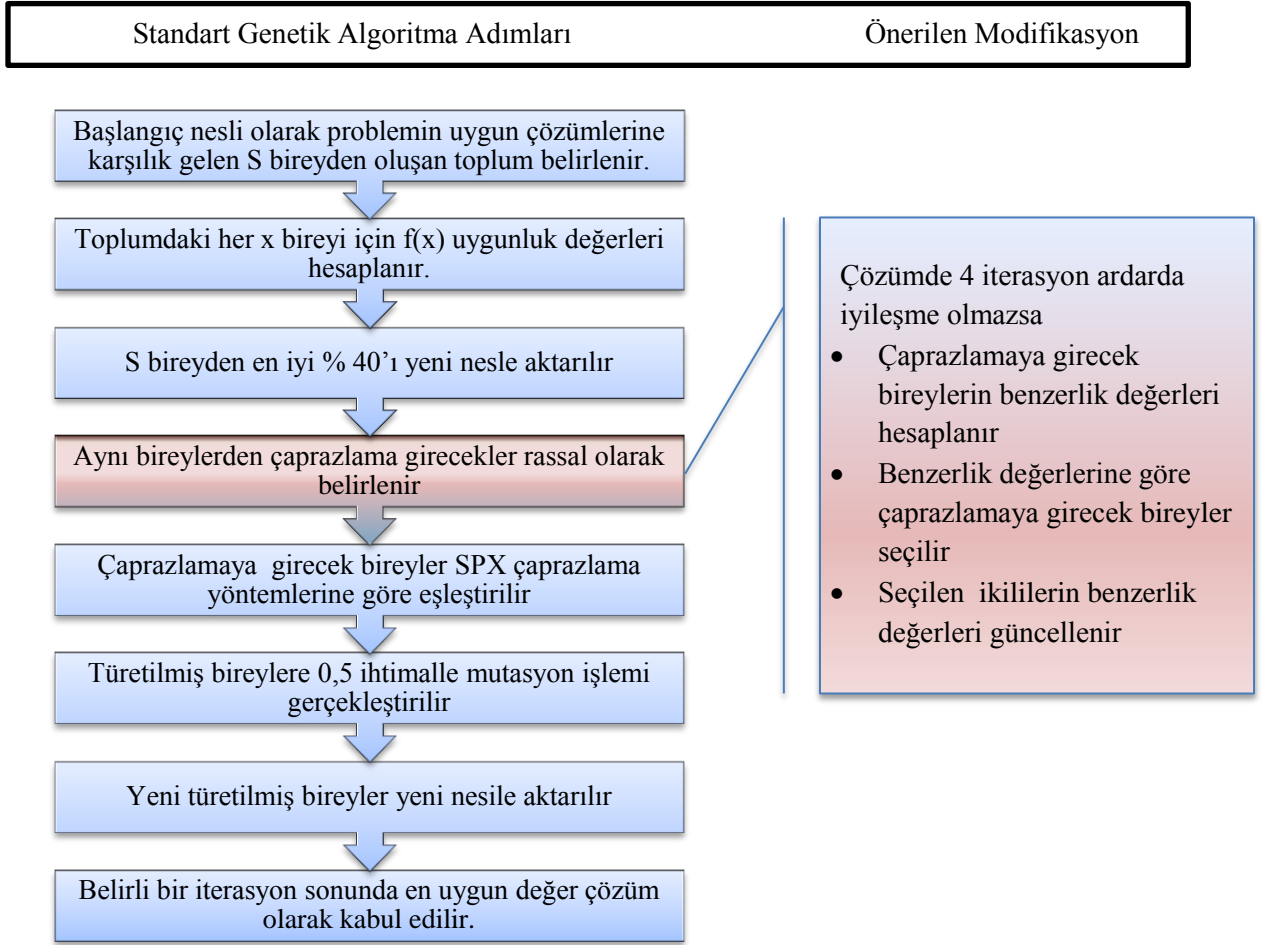
Problemi çözmek için uygulanacak adımlar aşağıda sıralanmıştır:

- i. Başlangıç nesli olarak problemin uygun çözümlerine karşılık gelen S bireyden oluşan toplum belirlenir.
- ii. Toplumdaki her x bireyi için $f(x)$ uygunluk değerleri hesaplanır.
- iii. S bireyden en iyi % 40'ı yeni nesle aktarılır
- iv. Aynı bireylerden çaprazlama girecekler rassal olarak belirlenir
- v. Çaprazlamaya girecek bireyler Küme Bölünme (SPX) çaprazlama yöntemlerine göre eşleştirilir
- vi. Türetilmiş bireylere 0,5 ihtimalle mutasyon işlemi gerçekleştirilir

vii. Yeni türetilmiş bireylerin yeni nesile aktarılır

viii. Belirli bir iterasyon sonunda en uygun değer çözüm olarak kabul edilir.

Genetik algoritma standart modelinin iv. adımında çaprazlamaya girecek bireyler rassal olarak seçilmekteydi. Bunun yerine bir benzerlik ölçütü kullanarak bireyler arası benzerlik değerlerinin hesaplanması ve bu hesaplanan değerlere göre çaprazlama yapılacak bireylerin seçim sırasının belirlenmesiyle çaprazlama aşamasına müdahale edilmiş olacaktır. Bu aşamada benzerlik değeri yüksek veya düşük olan bireyler öncelikli olarak çaprazlanacağı gibi farklı kurallar tanımlanarak çaprazlama sıralamasının tanımlanması mümkündür. Şekil 6.2’de iki metodun akışı karşılaştırmalı olarak gösterilmiştir.



Şekil 6.2 Genetik algoritma için önerilen modifikasyon

Bölüm 5’de gezgin satıcı problemi uygulamaları yapılırken tanımlanan yeni benzerlik ölçütü kavramı, atölye çizelgeleme probleminin yapısı ve kromozom tanımlama sistematığıne göre revize edilmiştir. Benzerlik değerini hesaplamak için kromozomda her bir elemanın kaçınıcı sırada olduğunu gösteren yeni bir dizi tanımlanmıştır. Aynı elemanlardan tekrarlar olduğu için dizi oluşturulurken ilgili elemanın birden fazla sıra numarası olmaktadır.

Yeni benzerlik ölçütünü hesaplamak için kullanılan yöntemin adımları aşağıda listelenmiştir.

1. Her kromozomun her bir düğümünün kaçınıcı sırada ziyaret edildiğini gösteren yeni bir dönüştürülmüş dizi oluşturulur.
2. Bu şekilde bütün kromozomların dönüştürülmüş dizileri oluşturulduktan sonra, iki kromozom arasında her düğüm için ikili farkların karesi alınıp toplanarak fark değeri oluşturulur.
3. Bu fark değerinin büyük olması iki kromozomun daha az benzer olduğunu, fark değerinin küçük olması ise kromozomlar arası benzerliğin fazla olduğunu göstermektedir.

Mesela kromozom 1 – 2 – 3 – 1 – 1 – 2 – 3 – 3 – 2 ise bunun dönüştürülmüş dizisini hesaplamak için öncelikle 1 geninin sıra numaraları, sonra 2 geninin sıra numaraları ve son olarak da 3 geninin sıra numaraları alınarak yeni bir dizi oluşturulacaktır. Bu şekilde oluşturulan yeni dizi 1 – 4 – 5 – 2 – 6 – 9 – 3 – 7 – 8 şeklindedir. Bu kromozom ile benzerliği hesaplanacak olan ikinci kromozom 1 – 3 – 2 – 1 – 2 – 1 – 3 – 2 – 3 olduğu durumda, ikinci kromozomun dönüştürülmüş dizisi 1 – 4 – 6 – 3 – 5 – 8 – 2 – 7 – 9 olacaktır. Bu durumda iki kromozomun benzerliği ikili farkların karesi alınarak şu şekilde hesaplanmaktadır. $(1-1)^2+(4-4)^2+(5-6)^2+(2-3)^2+(6-5)^2+(9-8)^2+(3-2)^2+(7-7)^2+(8-9)^2=6$

Bu şekilde hesaplanan benzerlik değerlerine göre ardarda 4 kez çözümde iyileşme olmadığı durumlarda, hem en benzerlerin öncelikle çaprazlandığı, hem de en az benzerlerin öncelikle çaprazlandığı senaryolar için örnek problemler üzerinde deneyler yapılmıştır.

6.6. Deney Seti

Uygulama yapılan problem ile ilgili literatür çalışmaları ve arařtırmaların sonucu örnek problem veri tabanında bulunan ve çeřitli makalelerde kullanılmıř ve Çizelge 6.2’de listelenmiř olan problemler yapılacak çalışmalarda yöntemleri karşılařtırmak amacıyla kullanılmıřtır.

Çizelge 6.2 Atölye çizelgeleme problem için deney yapılacak problemler

Problem adı	Açıklama	Makine Sayısı	İř Sayısı
FT06	Fisher ve Thompson	6	6
FT 10	Fisher ve Thompson	10	10
LA 16	Lawrence	10	10
LA 17	Lawrence	10	10
LA 18	Lawrence	10	10
LA 36	Lawrence	15	15
LA 37	Lawrence	15	15
YN 01	Yamada ve Nakano	20	20
YN 02	Yamada ve Nakano	20	20
YN 03	Yamada ve Nakano	20	20
YN 04	Yamada ve Nakano	20	20

6.7. Deneylerin Sonuçları ve Karşılařtırmalar

Deneyler öncelikle standart genetik algoritma adımları uygulanarak tamamlanmıřtır. Her bir deney için rassal sayılar üretilirken bařlangıç deęerleri verilerek, önerilen modifikasyonda da aynı bařlangıç deęeri ile rassal sayılar üretilmesi saęlanmışır. Yapılan deneyler neticesinde örnek problemlerin standart genetik algoritma adımları uygulanarak elde edilmiř sonuçları Çizelge 6.3’de gösterilmiřtir.

6.7.1. Yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer olanların çaprazlandıęı deney sonuçları

Yeni nesli üretmek için öncelikle standart genetik algoritma adımları takip edilerek çözümler elde edilmektedir. Üst üste dört iterasyon çözümde iyileřme olmazsa; bireylerin her ikili kombinasyonu için benzerlik deęeri, kromozomlardan elde edilen dönüřtürölmüř dizilerin ikili karesel farkları toplanarak hesaplanmakta, sıralama yapılmakta ve öncelikle

karesel fark toplamları en düşük yani benzerlik değeri en yüksek olan ikili çaprazlanmaktadır. Bu çaprazlama sonucu çıkan birey %50 ihtimalle mutasyona uğradıktan sonra yeni nesle aktarılmaktadır.

Çizelge 6.3 Atölye çizelgeleme problemleri standart GA çözümleri

Problem	Senaryo	Ortalama	Minimum	Std Sapma
FT06		56,30	55	1,70
FT 10		1.040,00	999	28,05
LA 16		1.014,80	979	26,32
LA 17		820,70	792	13,79
LA 18		892,80	859	19,99
LA 36	Standart Genetik Algoritma	1.479,10	1.457	23,48
LA 37		1.654,00	1.559	57,04
YN 01		1.454,10	1.421	26,52
YN 02		1.134,40	1.087	27,52
YN 03		1.166,40	1.117	37,76
YN 04		1.158,20	1.114	26,17

Bu süreç ihtiyaç olan bütün yeni bireyler türetilene kadar devam etmektedir. Aynı ikililerin tekrar çaprazlamaya girmemesi için, her çaprazlama sonrası, o çaprazlamaya giren ikililerin karesel fark toplamları yüksek bir değere eşitlenmekte ve iterasyonlara bu şekilde devam edilmektedir.

Belirlenen örnek problemler için deneyler yapılmış ve standart genetik algoritma ve yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer olanların çaprazlandığı algoritma için elde edilen sonuçlar Çizelge 6.4’de listelenmiştir.

Çizelge 6.4’den de görüleceği üzere yapılan deneyler neticesinde LA18 problemi hariç, yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer olanların çaprazlandığı algoritma daha iyi sonuçlar vermiştir. Çizelge 6.5’de de ortalama değerlerdeki iyileşmelerin ortalaması gösterilmiştir.

Bütün problemlerin ortalama değerlerindeki iyileşme değerlerinin ortalaması %0,55, iyi sonuç vermeyen bir problem hariç ortalama değerlerindeki iyileşme değerlerinin ortalaması ise % 0,63 olarak hesaplanmıştır. FT06 probleminde iyileşme ortalaması %1,95 değerine kadar çıkmıştır. İki yöntem ile çözülen problemlerin ortalama değerleri arasında yapılan t

testi sonucuna göre t değeri 0,0035687 olarak hesaplanmış ve % 95 güven aralığında yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer olanların çaprazlandığı algoritmanın daha iyi sonuç verdiği tespit edilmiştir.

Çizelge 6.4 Atölye çizelgeleme problem için benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları

Problem	Standart genetik algoritma			Yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer olanların çaprazlandığı algoritma		
	Ortalama	En küçük değer	Standart sapma	Ortalama	En küçük değer	Standart sapma
FT06	56,30	55	1,70	55,20	55	0,63
FT 10	1.040,00	999	28,05	1.036,80	990	22,07
LA 16	1.014,80	979	26,32	1.010,60	979	21,21
LA 17	820,70	792	13,79	818,40	793	14,96
LA 18	892,80	859	19,99	895,30	852	14,45
LA 36	1.479,10	1.457	23,48	1.474,30	1.439	24,64
LA 37	1.654,00	1.559	57,04	1.637,90	1.559	48,59
YN 01	1.454,10	1.421	26,52	1.449,80	1.395	37,85
YN 02	1.134,40	1.087	27,52	1.130,40	1.105	18,73
YN 03	1.166,40	1.117	37,76	1.155,90	1.116	37,61
YN 04	1.158,20	1.114	26,17	1.147,50	1.103	26,35

Çizelge 6.5 Ortalama değerlerdeki iyileşme yüzdeleri

FT06	FT10	LA16	LA17	LA18	LA36	LA37	YN01	YN02	YN03	YN04
1,95%	0,31%	0,41%	0,28%	-0,28%	0,32%	0,97%	0,30%	0,35%	0,90%	0,92%

6.7.2. Yeni benzerlik tanımı kullanılarak az benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları

Yeni nesli türetmek için öncelikle standart genetik algoritma adımları takip edilerek çözümler elde edilmektedir. Üst üste dört iterasyon çözümde iyileşme olmazsa; bireylerin her ikili kombinasyonu için benzerlik değeri, kromozomlardan elde edilen dönüştürülmüş dizilerin ikili karesel farkları toplanarak hesaplanmakta, sıralama yapılmakta ve öncelikle

karesel fark toplamları en yüksek yani benzerlik değeri en düşük olan ikili çaprazlanmaktadır. Bu çaprazlama sonucu çıkan birey %50 ihtimalle mutasyona uğradıktan sonra yeni nesle aktarılmaktadır. Bu süreç ihtiyaç olan bütün yeni bireyler türetilene kadar devam etmektedir. Aynı ikililerin tekrar çaprazlamaya girmemesi için, her çaprazlama sonrası, o çaprazlamaya giren ikililerin karesel fark toplamları düşük bir değere eşitlenmekte ve iterasyonlara bu şekilde devam edilmektedir. Belirlenen örnek problemler için deneyler yapılmış ve elde edilen sonuçlar Çizelge 6.6’da listelenmiştir

Çizelge 6.6 Atölye çizelgeleme problem için az benzer olanların çaprazlandığı deney sonuçları

Problem	Standart genetik algoritma			Yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer olanların çaprazlandığı algoritma		
	Ortalama	En küçük değer	Standart sapma	Ortalama	En küçük değer	Standart sapma
FT06	56,30	55	1,70	55,40	55	1,26
FT 10	1.040,00	999	28,05	1.039,50	1.000	22,68
LA 16	1.014,80	979	26,32	1.008,50	981	26,24
LA 17	820,70	792	13,79	817,90	793	12,43
LA 18	892,80	859	19,99	892,40	859	24,39
LA 36	1.479,10	1.457	23,48	1.460,40	1.437	23,99
LA 37	1.654,00	1.559	57,04	1.640,10	1.562	48,65
YN 01	1.454,10	1.421	26,52	1.449,70	1.431	13,13
YN 02	1.134,40	1.087	27,52	1.128,70	1.055	36,95
YN 03	1.166,40	1.117	37,76	1.161,60	1.108	37,11
YN 04	1.158,20	1.114	26,17	1.151,80	1.104	23,16

Yapılan deneyler neticesinde test edilen bütün örnek problemlerde benzerlik ölçütü kullanılarak az benzer kromozomların çaprazlandığı yöntem daha iyi sonuçlar vermiştir.

Çizelge 6.7 Ortalama değerlerdeki iyileşme yüzdeleri

FT06	FT 10	LA 16	LA 17	LA 18	LA 36	LA 37	YN 01	YN 02	YN 03	YN 04
1,60%	0,05%	0,62%	0,34%	0,04%	1,26%	0,84%	0,30%	0,50%	0,41%	0,55%

Çizelge 6.7’de örnek problemler için yapılan deneyler sonucu çıkan ortalama değerlerdeki iyileşme yüzdeleri gösterilmiştir. On bir problemin ortalama değerlerindeki iyileşme değerlerinin ortalaması %0,59 olarak hesaplanmıştır. FT06 probleminde iyileşme ortalaması %1,60, LA36 probleminde iyileşme ortalaması %1,26 olarak tespit edilmiştir. İki yöntem ile çözülen problemlerin ortalama değerleri arasında yapılan t testi sonucuna göre t değeri 0,003311912 olarak hesaplanmış ve % 95 güven aralığında yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer olanların çaprazlandığı algoritmanın daha iyi sonuç verdiği tespit edilmiştir.

Karmaşık olmayan bir atölye çizelgeleme problemi için yapılan deneyler neticesinde genetik algoritma yönteminin çaprazlama aşamasında, bazı kurallar çerçevesinde kromozomların ikili benzerliklerinin dikkate alınarak çaprazlamanın yapıldığı durumlarda hem benzer kromozomların, hem az benzer kromozomların öncelikli çaprazlandığı durum, standart genetik algoritma metoduna göre iyi sonuç vermiştir.

7. SONUÇLAR

Globalleşen dünya ile birlikte reel hayatta karşılaşılan problemlerin de boyutları büyümekte özellikle lojistik ve internet ile ilgili problemler de değişken sayıları artmaktadır. Polinom zamanda en iyi çözüme ulaşmanın mümkün olmadığı bu tarz problem türlerinde sezgisel yöntemlerin kullanılması yaygın bir şekilde tercih edilmektedir. Kullanılan sezgisel yöntemlerden birçok problem türü için kabul edilebilir sonuçlar verdiği tespit edilen genetik algoritmalar yöntemi, biyolojik doğal yaşam sürecine göre modellenmiş ve en iyinin hayatta kalması prensibine dayanan bir sezgisel problem çözme yöntemidir. Problemlerdeki değişkenlerin kromozom olarak tanımlandığı bu yöntemde kromozom seçimi, çaprazlama ve mutasyon aşamaları bulunmaktadır. Bireyler arası özelliklerin geçişlerinin sağlandığı aşama olan çaprazlama aşaması algoritmanın en önemli süreçlerinden bir tanesidir. Tez çalışması kapsamında çaprazlama sürecine yapılacak modifikasyonlar ile algoritmanın daha iyi çalışması amaçlanmıştır. Bu amaca ulaşmak için kromozomlar arası benzerliğin sayısal olarak ifade edilmesi ve bu değerlere göre bazı kurallar tanımlanması yapılmıştır. Benzerlik kavramı hemen hemen her bilimsel alanda kullanılan temel ve önemli bir kavramdır. Örneğin, matematik, geometri ve trigonometri alanlarında kullanılmakta, semantik gibi alanlarda topolojik yöntemler ile uygulamaları bulunmaktadır. Son yıllarda internet kullanımının yaygınlaşması ve milyonlarca internet sayfasının yapılması, bu sayfalarda arama kabiliyetlerinin de gelişmesi ihtiyacını doğurmuştur. Bu bağlamda arama motorlarının önemi de artmış ve özellikle internet sayfalarında hızlı bir şekilde içerik arama, karşılaştırma yapma gibi gereksinimler ortaya çıkmıştır. Bu noktada aranan kelimeler ile internet sayfalarının uyumu, benzer internet sayfalarının gruplanması gibi birçok işlemde benzerlik kavramı kullanılmaktadır. Özellikle aranan kelime grubunun internet sayfası ile uyumu noktasında sadece kelimelerin o sayfada geçmesi değil aynı zamanda aranan sıra ile geçmesi de aranan sonuca daha hızlı ulaşılabilmesi açısından önemlidir. Sayısal olarak ifade etmenin çok zor olacağı iki internet sayfasının karşılaştırılması içinde geçen harflere ve kelimeler göre yapılması anlamsız sonuçlar ortaya çıkarabilmektedir. Kelimelerin birbiri ardına sıralamalarını içerecek şekilde doğru tanımlanmış benzerlik ölçütleri kullanılarak bu karşılaştırmalar yapılabilmekte ve

kısa süre içerisinde iyi sonuçlar elde edilmektedir. İki internet sayfası, kelime sıralamaları dikkate alınarak karşılaştırılıp, birbirine olan benzerlikleri ifade edilebiliyorsa, bu tez kapsamında yapılan çalışmalarda da genetik algoritma metodunda kromozomların benzerliklerinin tanımlanması ve bu benzerlik değerlerine göre bazı kurallar çerçevesinde algoritma adımlarına müdahale edilmiştir.

Standart genetik algoritma adımlarında rassal olarak tespit edilen çaprazlamaya girecek olan kromozomlar, bu çalışma kapsamında önerilen metoda göre kromozomların ikili benzerliklerine göre çaprazlamaya işlemine tabi tutulmuştur. İki örnek problem üzerinde test edilen farklı senaryolardan bir kısmı standart GA metodu sonuçlarına göre iyi sonuç vermemesine karşın, yeni tanımlanan benzerlik kavramı kullanılarak ve tekrar eden iterasyonlarda iyileşme olmaması durumunda devreye giren senaryo her iki problem tipi içinde standart GA metoduna göre iyi sonuç vermiştir.

Gezgin satıcı problemi için yapılan deneylerin sonuçları incelendiğinde test edilen on örnek problemin sekizinde yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer olanların çaprazlandığı algoritma, standart algoritmaya göre daha iyi sonuç vermiştir.

On problemin ortalama değerlerindeki iyileşme değerlerinin ortalaması %0,6, iyi sonuç vermeyen iki problem hariç ortalama değerlerindeki iyileşme değerlerinin ortalaması ise % 0,98 olarak hesaplanmıştır. Dört örnek problemde %1'den daha iyi sonuç elde edilmiştir. Ayrıca on problemin yedisinde yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer olanların çaprazlandığı algoritma sonucu bulunan çözümlerin standart sapması daha düşüktür.

Gezgin satıcı problemi için yapılan deneylerin sonucuna göre on örnek problemin dokuz tanesinde yeni benzerlik tanımı kullanılarak en az benzer olanların belirli kurallar çerçevesinde çaprazlandığı algoritma daha iyi sonuç vermiştir.

On problemin ortalama değerlerindeki iyileşme değerlerinin ortalaması %0,97, iyi sonuç vermeyen bir problem hariç ortalama değerlerindeki iyileşme değerlerinin ortalaması ise % 1,14 olarak hesaplanmıştır. Bir problemin iyileşme ortalaması %2,85 değerine kadar çıkmış, beş problemde de %1'in üzerinde iyileşme elde edilmiştir.

Atölye çizelgeleme problemi için yapılan deneyler neticesinde bir problem hariç, yeni benzerlik tanımı kullanılarak benzer olanların çaprazlandığı algoritma daha iyi sonuçlar vermiştir. Bütün problemlerin ortalama değerlerindeki iyileşme değerlerinin ortalaması %0,55, iyi sonuç vermeyen bir problem hariç ortalama değerlerindeki iyileşme değerlerinin ortalaması ise % 0,63 olarak hesaplanmıştır. Bir problemin de iyileşme ortalaması %1,95 değerine kadar çıkmıştır.

Yapılan deneyler neticesinde bütün örnek problemlerde, yeni benzerlik tanımı kullanılarak az benzer olanların çaprazlandığı algoritma daha iyi sonuçlar vermiştir. On bir problemin ortalama değerlerindeki iyileşme değerlerinin ortalaması %0,59 olarak hesaplanmıştır. İki örnek problemin iyileşme ortalaması sırasıyla %1,60 ve %1,26 olarak tespit edilmiştir.

Yapılan çalışma kapsamında iki problem tipi için test edilen ve iyi sonuçlar verdiği tespit edilen yöntem problem tipinden bağımsız olarak bütün genetik algoritma yöntemi ile çözülebilen problemlerde uygulanabilecek, genetik algoritma metodunu geliştirmeye yönelik bir yöntemdir. Bu sebeple genetik algoritma yöntemi ile çözülen farklı problem türleri için de yöntemin uygulaması bundan sonra yapılabilecek çalışmaların başında gelmektedir. Özellikle problemin zorlaştığı durumlarda yöntemin daha iyi performans göstereceği tahmin edilmektedir.

Bilgi teknolojileri alanında sıklıkla kullanılan benzerlik ölçütü kavramını kullanarak sayısal olarak ifade edilemeyen kavramların benzerliklerinin hesaplanması ve algoritmanın bu değerlere göre bir kurala bağlanması yönteminin; genetik algoritma yönteminin yanı sıra tabu arama tekniğinde de başarılı sonuçlar vereceği tahmin edilmektedir. Özellikle tabu listesinde tutulan, tabu listesine giren veya tabu listesinden çıkan çözümlerin benzerlik değerlerinin hesaplanması ve listeye girme ve çıkma kararının bu benzerlik değerleri de dikkate alınarak verilmesi tabu arama tekniğinin daha iyi performans göstermesini sağlayabilecektir.

KAYNAKLAR

(1) Kitap

Holland, J. H.,1975. *Adaptation in natural and artificial systems*, MIT Press.

Michalewicz, Z. 1992. *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*. Berlin Heidelberg: Springer Verlag.

Mitchell, M. 1999. *An Introduction to Genetic Algorithms*, Massachusetts Institute of Technology, USA, 67pp.

Syswerda, G. 1991. Schedule Optimization Using Genetic Algorithms. In Davis, L. (ed.) *Handbook of Genetic Algorithms*, 332–349. New York: Van Nostrand Reinhold.

(2) Kitap bölümü

(3) Dergi makaleleri

Banzhaf, W. 1990. The “Molecular” Traveling Salesman. *Biological Cybernetics* 64: 7–14.

Brady, R.M. 1985. Optimization Strategies Gleaned from Biological Evolution. *Nature* 317:804–806.

Binato, S., Hery, W.J., Loewenstern, D.M., Resende, M.G.C. 2002. A GRASP for Job Shop Scheduling. *In: Essays and Surveys in Metaheuristics*, Ribeiro, Celso C., Hansen, Pierre (Eds.), Kluwer Academic Publishers.

Chan, Felix S., Chung T., Wadhwa, S., 2005. “A hybrid genetic algorithm for production and distribution”, *The International Journal of Management Science*, 33:345-555.

Cheng, R., Gen, M., Tsujimura, Y. 1999. A tutorial survey of job-shop scheduling problems using genetic algorithms, part II: hybrid genetic search strategies, *Computers & Industrial Engineering*, Vol. 36, pp. 343-364.

Choi, I., Kim, S., Kim, H., 2003. A genetic algorithm with a mixed region search for the asymmetric traveling salesman problem, *Computers and Operations Research*, 30, 773-786.

Croce, F. D., Tadei, R., Volta, G., 1995. “A genetic algorithm for the job shop problem” *Computational Operations Research*, vol. 22, pp. 15-24.

Dorndorf, U., Pesch, E. 1995. Evolution Based Learning in a Job Shop Environment, *Computers and Operations Research*, Vol. 22, pp. 25-40.

Fogel, D. B. 1988. An Evolutionary Approach to the Traveling Salesman Problem. *Biological Cybernetics* **60**: 139–144.

Goldberg, D. E., 1992. ”Sizing populations for serial and parallel genetic algorithms”, *IEEE Computer Society Press, Technology Series*, ss.20-29.

Gonçalves, J.F. Beirão, N.C., 1999. Um Algoritmo Genético Baseado em Chaves Aleatórias para Sequenciamento de Operações. *Revista Associação Portuguesa de Desenvolvimento e Investigação Operacional*, Vol. 19, pp. 123-137

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.

Huang, George D., Zhang X. Y. ve Liang, L., 2005. “Towards integrated optimal configuration of platform products, manufacturing processes and supply chains”, *Journal of Operations Management*, Vol.23, No. 3-4, April, 267-290.

Katayama, K., Sakamoto, H., Narihisa, H., 2000. The efficiency of hybrid mutation genetic algorithm for the travelling salesman problem, *Mathematical and Computer Modeling*, 31, 197-203.

Larrañaga, P., Kuijpers, C. M. H., Murga, , R.H., Inza, I., Dizdarevic, , S., 1999. Genetic Algorithms for the Travelling Salesman Problem: A Review of Representations and Operators, *Artificial Intelligence Review*

Leacock, C., Chodorow, M. 1998. Combining local context and WordNet sense similarity for word sense identification. In *WordNet, An Electronic Lexical Database*. The MIT Press.

Mori M. ve Tseng C.C., 1997. “Theory and Methodology: A genetic algorithm for multi-mode resource constrained project scheduling problem”, *European Journal of Operational Research*, 100: 134-141.

Omar M. Sallabi, Younis el-Haddad, 2009. An Improved Genetic Algorithm to Solve the Traveling Salesman Problem, *World Academy of Science, Engineering and Technology*, 28.

Ozmutlu, S., Ozmutlu, H. C., Spink, A. 2004. A day in the life of Web searching: an exploratory study, *Information Processing and Management*, 40(2), 319–345.

Shi, G., 1997. A genetic algorithm applied to a classic job-shop scheduling problem *International Journal of System Science*, vol. 28, no. 1, pp. 25-32.

Ulder, N., Pesch, E., Laarhoven, P., Bandelt, H., Aarts, E., 1991, Improving TSP Exchange Heuristics By Population Genetics, *Parallel Problem Solving from Nature*, Springer Verlag, 109-116.

Wang, L. Zheng, D. 2001. An effective hybrid optimisation strategy for job-shop scheduling problems, *Computers & Operations Research*, Vol. 28, pp. 585-596.

(4) **Bildiriler**

Aarts, E. H. L.1994. Constraint satisfaction for multiple capacitated job shop scheduling, W P M Nuijten, E H L Venue: Proc. 11th European Conference on Artificial Intelligence.

Bui, N., Moon, B. 1994, A new genetic approach for the traveling salesman problem, Proceedings of the First IEEE Conference on Evolutionary Computation, 7-12.

Davis, L. 1985. Job shop scheduling with genetic algorithms. Proceedings of the International Conference on Genetic Algorithms and their Applications, Hillsdale: Lawrence Erlbaum, pp. 136–149.

Donald, M., Dumais, S., Meek, C. 2007. Similarity Measures for Short Segments of Text, Proceedings of the 29th European conference on IR research, pp. 16-27 2007

Fogel, D. B. 1990. A Parallel Processing Approach to a Multiple Traveling Salesman Problem Using Evolutionary Programming. In Canter, L. (ed.) Proceedings on the Fourth Annual Parallel Processing Symposium, 318–326. Fullerton, CA.

Fox, M. S., McMahon, M. B. 1987. Genetic Operators for Sequencing Problems. In Rawlings, G. (ed.) Foundations of Genetic Algorithms: First Workshop on the Foundations of Genetic Algorithms and Classifier Systems, 284–300. Los Altos, CA: Morgan Kaufmann Publishers.

Furnkranz, J. 1998. A Study Using-gram Features for Text Categorization, Austrian Research Institute for Artificial Intelligence Schottengasse 3, A-1010 Wien, Austria

Goldberg, D. E., Lingle, R. 1985. Alleles, Loci and the TSP. In Grefenstette, J. J. (ed.) Proceedings of the First International Conference on Genetic Algorithms and Their Applications, 154–159. Hillsdale, New Jersey: Lawrence Erlbaum.

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. 1987. Genetic Algorithms and Their Applications: Proceedings of the Second International Conference. Hillsdale, New Jersey: Lawrence Erlbaum.

Jiang, J., Conrath, D. 1997. Semantic similarity based on corpus statistics and lexical taxonomy. In Proceedings of the International Conference on Research in Computational Linguistics.

Jog, P., Suh, Y., Gucht, D. 1989. The Effects of Population Size Heuristic Crossover and Local Improvement on a Genetic Algorithm for the Traveling Salesman Problem, Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, 110-115.

Karçı, A., Sanaç, P. 2004. Genetik Algoritmalarında Yeni Bir Çaprazlama Yöntemi : Bal Arısı Çaprazlama , YA-EM'2004 , Adana.

Lesk, M. 1986. Automatic sense disambiguation using machine readable dictionaries: How to tell a pine cone from an ice cream cone. In Proceedings of the SIGDOC Conference.

Lin, D. 1998. An information-theoretic definition of similarity. In Proceedings of the International Conf. on Machine Learning.

Merz, P., 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.

Mühlenbein, H. 1989. Parallel Genetic Algorithms, Population Genetics and Combinatorial Optimization. In Schaffer, J. (ed.) Proceedings on the Third International Conference on Genetic Algorithms, 416–421. Los Altos, CA: Morgan Kaufmann Publishers.

Mühlenbein, H., Kindermann, J. 1989. The Dynamics of Evolution and Learning – Towards Genetic Neural Networks. In Pfeiffer, J. (ed.) Connectionism in Perspectives.

Ray, S., Bandyopadhyay, S., Pal, K. 2004. New operators of genetic algorithms for traveling salesman problem, Proceedings of the 17th International Conference on Pattern Recognition, IEEE Computer Society, 2, 497-500.

Resnik, P. 1995. Using information content to evaluate semantic similarity. In Proceedings of the 14th International Joint Conference on Artificial Intelligence.

Sahami, M., Heilman, T. 2006. A web-based kernel function for measuring the similarity of short text snippets. International World Wide Web Conference.

Storer, R., Wu, S. 1992. Genetic Algorithms in Problem Space for Sequencing Problems, Proceedings of a Joint US-German Conference on Operations Research in Production Planning and Control.

Yih, W., Meek, C. 2007. Improving Similarity Measures for Short Segments of Text, Microsoft Research One Microsoft Way, Redmond, WA 98052, USA.

Whitley, D., Starkweather, T. D'Ann F. 1989. Scheduling Problems and Travelling Salesman: The Genetic Edge Recombination Operator. In Schaffer, J. (ed.) Proceedings on the Third International Conference on Genetic Algorithms, 133–140. Los Altos, CA: Morgan Kaufmann Publishers.

William, B., Cavnar, J., Trenkle, M. 1994. "N-gram-based Text Categorization." In: Proceedings of SDAIR-94, 3rd Annual Symposium on Document Analysis and Information Retrieval.

Wu, Z., Palmer, M. 1994. Verb semantics and lexical selection. In Proceedings of the Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics.

(5) Tezler

Bagley, J. D., 1967. The behavior of adaptive systems which employ genetic and correlation algorithms, *PhD thesis*, University of Michigan.

De Jong, K. A., 1975. An analysis of the behavior of a class of genetic adaptive systems Dissertation Abstracts International, *PhD thesis*, University of Michigan.

Koç, İ. O., 2007. Gezin Satıcı Problemi için Çok Popülasyonu Paralel Bir Genetik Algoritma Tasarımı, Geliştirilmesi ve Analizi, *Doktora tezi*, Eskişehir Osmangazi Üniversitesi.

(6) Raporlar

Aiex, R.M., Binato S., Resende, M.G.C. 2001. Parallel GRASP with Path-Relinking for Job Shop Scheduling, AT&T Labs Research Technical Report, USA. To appear in Parallel Computing.

Gonçalves, J. F., Mendes, J., Resende, M., 2002. A hybrid genetic algorithm for the job shop scheduling problem. AT&T Labs Research Technical Report TD-5EAL6J.

(7) Web ortamından elde edilen kaynaklar

Grobelnik M., Mladenic D. 2012. “Text-mining Tutorial”, J. Stefan Institute, Slovenia
http://eprints.pascal-network.org/archive/00000017/01/Tutorial_Marko.pdf

Anonim, 2012. TSPLIB (Traveling Salesman Library) <http://www.iwr.uni-heidelberg.de/groups/comopt/software/TSPLIB95/tsp/>

EK 1 – ATÖLYE ÇİZELGELEME PROBLEMİ İÇİN ÖRNEK MATLAB KODLARI

```
function varargout = tsp_ga(xy,dmat,pop_size,num_iter,show_prog,show_res)
nargs = 6;
bas= now;
for k = nargin:nargs-1
    switch k
        case 0
            ismak = [
21 55 71 98 12 34 16 21 53 26 52 95 31 42 39
54 83 77 64 34 79 43 55 77 19 37 79 92 62 66
83 77 87 38 60 98 93 17 41 44 69 49 24 87 25
77 96 28 7 95 35 35 76 9 95 43 75 61 10 79
87 28 50 59 46 45 9 43 52 27 91 41 16 59 39
20 71 78 66 14 8 42 28 54 33 89 26 37 33 43
69 96 17 69 45 31 78 20 27 87 74 84 76 94 81
58 90 76 81 23 28 18 32 86 99 97 24 45 72 25
27 46 67 27 19 80 17 48 62 12 28 98 42 48 50
37 80 75 55 50 94 14 41 72 50 61 79 98 18 63
65 96 47 75 69 58 33 71 22 32 57 79 14 31 60
34 47 58 51 62 44 8 17 97 29 15 66 40 44 38
50 57 61 20 85 90 58 63 84 39 87 21 56 32 57
84 45 15 41 18 82 29 70 67 30 50 23 20 21 38
37 81 61 57 57 52 74 62 30 52 38 68 54 54 16];
            suremak=[
21 55 71 98 12 34 16 21 53 26 52 95 31 42 39
54 83 77 64 34 79 43 55 77 19 37 79 92 62 66
83 77 87 38 60 98 93 17 41 44 69 49 24 87 25
77 96 28 7 95 35 35 76 9 95 43 75 61 10 79
87 28 50 59 46 45 9 43 52 27 91 41 16 59 39
20 71 78 66 14 8 42 28 54 33 89 26 37 33 43
69 96 17 69 45 31 78 20 27 87 74 84 76 94 81
58 90 76 81 23 28 18 32 86 99 97 24 45 72 25
27 46 67 27 19 80 17 48 62 12 28 98 42 48 50
37 80 75 55 50 94 14 41 72 50 61 79 98 18 63
65 96 47 75 69 58 33 71 22 32 57 79 14 31 60
34 47 58 51 62 44 8 17 97 29 15 66 40 44 38
50 57 61 20 85 90 58 63 84 39 87 21 56 32 57
84 45 15 41 18 82 29 70 67 30 50 23 20 21 38
37 81 61 57 57 52 74 62 30 52 38 68 54 54 16];
        case 1
            n = size(ismak,1);
        case 2
            pop_size = 100;
            crossover_rate = 0.40;
            mutasyon_oran =0.5;
        case 3
            num_iter = 200;
        case 4
            show_prog = 0;
        case 5
            show_res = 0;
        otherwise
```

```

    end
end
gecici=[];
for deney =1:30
    rand('seed',10*deney+1234);
    pop = zeros(pop_size,n*n);
    for k = 1:pop_size
        pop(k,:) = mod(randperm(n*n),n)+1
    end
    global_min = Inf;
    total_dist = zeros(1,pop_size);
    dist_history = zeros(1,num_iter);
    tmp_pop = zeros(6,n*n);
    new_pop = zeros(pop_size,n*n);
    if show_prog
        pfig = figure('Name','TSP_GA | Current Best
Solution','Numbertitle','off');
    end
    for iter = 1:num_iter
        for i=1:pop_size
            Job=zeros(1,n);
            Mac=zeros(1,n);
            ind=ones(1,n);
            makind=ones(1,n);
            for k=1:n*n
                Job(pop(i,k)) = max(Job(pop(i,k)),
Mac(ismak(pop(i,k),ind(pop(i,k))))+ suremak(pop(i,k),ind(pop(i,k)));
                Mac(ismak(pop(i,k),ind(pop(i,k)))) = Job(pop(i,k));
                makind(ismak(pop(i,k),ind(pop(i,k)))=makind(ismak(pop(i,k),ind(pop(i,k)
)))+1;
                ind(pop(i,k))=ind(pop(i,k))+1;
            end
            Makespan(i) = max(Job);
        end
        [min_dist,index] = min(Makespan);
        dist_history(iter) = min_dist;
        if min_dist < global_min
            global_min = min_dist;
            opt_rte = pop(index,:);
        end
        rand_pair = randperm(pop_size);
        genes= pop(rand_pair,:);
        dists=Makespan(rand_pair);
        tam=[genes dists'];
        sirali_tam = sortrows(tam,n*n+1);
        direkt_aktar= ceil((1-crossover_rate)*pop_size);
        new_pop(1:direkt_aktar,:)= sirali_tam(1:direkt_aktar,1:n*n);
        for p = direkt_aktar+1:2:pop_size
            if iter>=5 & dist_history(iter)==dist_history(iter-
4) & yontem~=2;
                else
                    yontem=1;
                end
            switch yontem

```

```

case 1
    ins_pts = sort(ceil((direkt_aktar)*rand(1,2)));
    gen1 = ins_pts(1);
    gen2 = ins_pts(2);

case 2
    for k=1:direkt_aktar
        terspop(k,:)=tersgosterimjssp(new_pop(k,:));
    end
    benzerlik=zeros(direkt_aktar,direkt_aktar);
    for ngi=1:1:direkt_aktar
        for ngj=ngi+1:1:direkt_aktar
            fark=terspop(ngi,:)-terspop(ngj,:);
            hata=fark.*fark;
            benzerlik(ngi,ngj)=sum(hata);
        end
    end
    [sss,indeks01]=max(max(benzerlik));
    [sss,indeks02]=max(benzerlik(:,indeks01));
    benzerlik(indeks02,indeks01)=0;
    gen1 = indeks01;
    gen2 = indeks02;
case 3
    for k=1:direkt_aktar
        terspop(k,:)=tersgosterimjssp(new_pop(k,:));
    end
    benzerlik=inf(direkt_aktar,direkt_aktar);
    for ngi=1:1:direkt_aktar
        for ngj=ngi+1:1:direkt_aktar
            fark=terspop(ngi,:)-terspop(ngj,:);
            hata=fark.*fark;
            benzerlik(ngi,ngj)=sum(hata);
        end
    end
    [sss,indeks01]=min(min(benzerlik));
    [sss,indeks02]=min(benzerlik(:,indeks01));
    benzerlik(indeks02,indeks01)=inf;
    gen1 = indeks01;
    gen2 = indeks02;
end
    yavrular= spxcaprazlama(tmp_pop,n);
    if rand(1)< mutasyon_oran
        yavrular=mutasyonjssp(yavrular,n);
    end
    new_pop(p,:)=yavrular(1,:);
    new_pop(p+1,:)=yavrular(2,:);
end
pop = new_pop;
end
best_sol(deney)=global_min;
iter_sayisi(deney)=iter;
end
sure=now-bas;

```

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı :Alper ALTAN

Doğum Yeri ve Tarihi :Yozgat - 1981

Yabancı Dili :İngilizce

Eğitim Durumu (Kurum ve Yıl)

Lisans :İstanbul Teknik Üniversitesi, 2003

Yüksek Lisans :Koç Üniversitesi, 2005

Çalıştığı Kurum/Kurumlar ve Yıl :

IFS Türkiye, 2004-2006

Grammer AŞ, 2006-2010

Bursa Eskişehir Bilecik Kalkınma Ajansı, 2010-devam

İletişim (e-posta) :alperaltan@yahoo.com

Yayımları:

Aksoy, A., Altan, A., 2013, The Integrated Locomotive Assignment and Crew Scheduling Problem, International Journal of Computational Engineering Research