

## DÜZENLİ POPULASYONU (DP) YÖNTEMİNİN KALİTELİ POPULASYON ÜRETME YETENEĞİNİN OLASILIKSAL ANALİZİ

Ali KARCI\*, Ahmet ARSLAN\*\*

\*Fırat Üniversitesi, Mühendislik Fakültesi, Bilgisayar Mühendisliği Bölümü,  
23119, ELAZIĞ

\*\* Selcuk Üniversitesi, Mühendislik-Mimarlık Fakültesi, Bilgisayar Mühendisliği Bölümü  
KONYA

### ÖZET

Genetik algoritmaların çalışması esnasında karşılaşılan iki tane problem vardır. Bunlar; genetik arama işleminin ıraksaması ve genetik aramanın yerel çözümde tikanıp kalmasıdır. Bir çok araştırmacı bu problemlerin üstesinden gelmek için genetik operatörlerin yeni varyasyonlarını tanımlamışlardır veya uygunluk fonksiyonu üzerinde değişiklik yapmışlardır. Bununla birlikte DP yönteminde ise temel amaç başlangıçta kaliteli bir populasyon elde etmek ve ondan sonra çözüm arama işlemine başlamaktır. Bu şekilde sözü geçen iki problemin üstesinden gelinmiştir. Bu çalışmanın amacı, DP yöntemi ile elde edilen başlangıç populasyonunun kaliteli bir populasyon olduğunu göstermektir. Bunun için probabilistik yöntemlere başvurulmaktadır.

**Anahtar Kelimeler:** Genetik Arama, Genetik Algoritmalar, DP Yöntemi.

## DÜZENLİ POPULASYONU (DP) YÖNTEMİNİN KALİTELİ POPULASYON ÜRETME YETENEĞİNİN OLASILIKSAL ANALİZİ

### ABSTRACT

There are two troubles of genetic algorithms during execution. These are divergence of genetic search and stopping of genetic search in local solution. A lot of researchers have manipulated with the genetic operators or fitness functions to overcome these problems. However, the basic goal of UP method is to obtain an initial population of good quality and then start searching process for solution and so, it is got rid of mentioned problems. The aim of this study is to point out that UP method generates an initial population of good quality. In order to indicate superiority of UP method, probabilistic methods will be used.

**Keywords:** Genetic Search, Genetic Algorithms, UP Method.

### 1. GİRİŞ

Çözümü genellikle belirsiz (non-deterministic) Turing makinelerle (NTM) yapılan problemlerin çoğuna genetik algoritmalar (GA) uygulanmaktadır. Çünkü, NTM tarafından çözülen problemlerin genelinde en iyi çözüm elde edilmiştir denilemez. En iyi çözüme yakın bir çözüm elde edilir denir ve bu problemlere de NP sınıfına ait problemler denir. Bu tür problemlerin çözümü yapılırken genel olarak bir durumdan birden fazla duruma geçiş vardır ve bu geçişlerin hepsinin göz önüne alındığı durumlarda elde edilecek algoritmanın karmaşıklığı eksponansiyel olarak artan bir fonksiyon olur. Bu durum istenmeyen bir durumdur. Bunun sonucunda GA, bir optimizasyon yöntemidir denilebilir.

Evrimsel hesaplama algoritmalarından olan GA, sağlam bir yöntem olduğundan dolayı az bilginin olduğu durumlarda veya sonucun bir optimizasyon işlemi olacağı ve herhangi bir kriterin uygulanmadığı durumlarda bu yönteme başvurulur. Örneğin, fonksiyon optimizasyonu (1), planlama (2), görme (3), makine öğrenmesi (4, 5),

örneklenmiş sinyallerin gecikme tahmini (6, 7), lineer adaptif filtrenin parametre tahmini (8, 9, 10), geniş uzay yapılarının model tasviri (11), lineer taşıma problemi (12), VLSI tasarımı için taban plan tasarımı (13), örüntü tanıma işlemleri (14, 15, 16, 17, 18, 19), ve benzeri işlemlerde GA kullanıla gelmiştir.

GA yönteminin iki tane dezavantajı vardır. Bunlardan biri GA çözüm arama işleminin ıraksaması ve diğeri de yerel çözümde tikanıp kalma problemleridir. Bu problemlerin üstesinden gelmek için çok farklı yöntemlere başvurulmuştur. Bunlar; durağanlık seçimi (stabilizing selection), yönsel seçimi (directional selection), orta değer içeren bireylerin elenmesi (disruptive selection), çok noktalı çaprazlama, çok noktalı mutasyon, genetik operatörlerin kodlanması, uygunluk fonksiyonu üzerinde işlem yapma gibi yöntemlere başvurulmuştur.

Geleneksel uygunluk fonksiyonu genellikle monotonik bir fonksiyondur, fakat Kuo ve Hwang yapmış oldukları çalışmada monotonik olmayan bir uygunluk fonksiyonu seçmiştir (20). Bu çalışmada kalitesi yüksek (uygunluk fonksiyon

değeri iyi) olan bireyler seçildiği gibi kalitesi düşük olan bireylerde seçilmektedir.

Genetik operatörlerin kodlandığı yöntemde, operatörler uzunluğu belirsiz bir şekilde ağaç olarak kodlanırlar (21). Bu tekniğin çalışması için operatörlerin kullanılacağı dilin popülasyonun esas değişkenliğini muhafaza etmelidir. Bu teknik, farklı operatör popülasyonu ekleme sonucunda değişiklik gösterir.

Başka bir yöntemde, popülasyonun uygunluk momentlerinin belirlenmesi ve bunun sonucunda toplumun durumu hakkında bir kanıya varmaktır (22). Başlangıç popülasyonun uygunluk momentlerini kullanarak herhangi bir jenerasyonun uygunluk momentleri belirlenebilir. Bu yöntem ile uygunluk momentlerinin dağılımı hakkında bir tahmin yapılabilmektedir ve bunun sonucunda genetik algoritmanın dinamiği kullanılmış olur.

Literatürdeki yöntemlerin hepsinde de genetik işleminin iraksama problemi ve yerel çözümde kalma problemi var olmaya devam etmektedir. Bunun yanında bu iki problemi ortadan kaldıran düzenli popülasyon (DP) yöntemi geliştirilmiştir (23, 24, 25). Bu yöntemde başlangıç popülasyonu tamamen gelişigüzel değildir. Kısmen gelişigüzellik özelliği varken, kısmen de matematiksel olarak türetilmiş bireyler vardır. Bundan dolayı bu yöntemin diğer yöntemlere olan üstünlüğü bu çalışmada ele alınmaktadır. Bu çalışmada DP yönteminin olasılıksal analizi yapılmaktadır ve bunun sonucunda bu yöntemin başarısı tartışılmaktadır.

Bu çalışmanın yapısı şu şekildedir. Bölüm 2' de DP yöntemini detayı verildikten sonra Bölüm 3'te bu yöntemin üstünlükleri üzerinde durulmaktadır. Bölüm 4 ise bu yöntemin uygulama sonuçları üç tane çok-modelli fonksiyon üzerinde verilmiştir. Son bölüm olan Bölüm 5' te ise bu çalışmanın özeti ve elde edilen sonuçlar hakkında kısa bilgi verilmektedir.

## 2. DP YÖNTEMİ

Karci ve diğerleri tarafında gerçekleştirilen yöntemde (23, 24, 25); bir adet kromozom (birey) gelişigüzel oluşturulur ve bu bireyin ikili tümleyenini olan ikinci bir birey oluşturulur. İlk birey ikiye bölünür ve bir sefer ilk parçasının ikili tümleyenini alınarak yeni bir birey elde edilir. İkinci parçanın ikili tümleyenini alınarak başka bir birey oluşturulur. Böylece gelişigüzel oluşturulan bir bireyden üç birey elde edilmiş olur. Örneğin;  $m$

tane gelişigüzel birey oluşturulduğunda  $4m$  bireylik bir popülasyon elde edilmiş olur.  $n$ , kromozom uzunluğu olmak üzere ilk seçilen birey  $\bar{x}$  ve  $\bar{y}, \bar{z}, \bar{t}$  türetilen bireyler olmak üzere;

$$\begin{aligned}\bar{x} &= (x_1, x_2, \dots, x_n) \\ \bar{y} &= (\bar{x}_1, \bar{x}_2, \dots, \bar{x}_n) \\ \bar{z} &= (\bar{x}_1, \bar{x}_2, \dots, \bar{x}_n, \frac{x_n}{2}, \frac{x_n}{2+1}, \dots, x_n) \\ \bar{t} &= (x_1, x_2, \dots, x_n, \frac{\bar{x}_n}{2}, \frac{\bar{x}_n}{2+1}, \dots, \bar{x}_n)\end{aligned}\quad (1)$$

şeklinde verilebilir. İndislerde görülen  $n/2$  ifadesinde bölme işleminin tam kısmı alınmıştır.

$c_0 = (p_1, p_2, p_3)$  burada  $c_0$  kromozomunun parçası  $p_i$ ' dir ve  $1 \leq i \leq 3$ .

$$\begin{aligned}c_1 &= (p_1, p_2, \bar{p}_3) \\ c_2 &= (p_1, \bar{p}_2, p_3) \\ c_3 &= (p_1, \bar{p}_2, \bar{p}_3) \\ c_4 &= (\bar{p}_1, p_2, p_3) \\ c_5 &= (\bar{p}_1, p_2, \bar{p}_3) \\ c_6 &= (\bar{p}_1, \bar{p}_2, p_3) \\ c_7 &= (\bar{p}_1, \bar{p}_2, \bar{p}_3)\end{aligned}\quad (2)$$

Eğer gelişigüzel oluşturulan kromozom dört eşit uzunluklu parçaya bölündüğünde aşağıdaki kromozomlar elde edilir.

$c_0 = (p_1, p_2, p_3, p_4)$  burada  $c_0$  kromozomunun parçası  $p_i$ ' dir ve  $1 \leq i \leq 4$ .

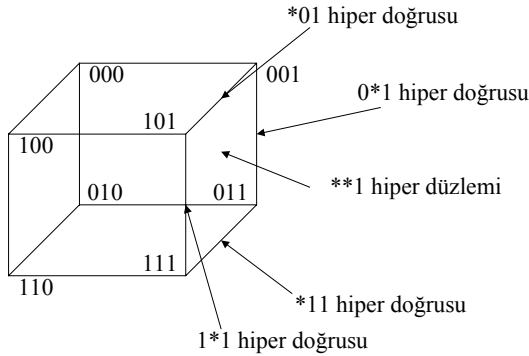
$$\begin{aligned}c_1 &= (p_1, p_2, p_3, \bar{p}_4) \\ c_2 &= (p_1, p_2, \bar{p}_3, p_4) \\ c_3 &= (p_1, p_2, \bar{p}_3, \bar{p}_4) \\ c_4 &= (p_1, \bar{p}_2, p_3, p_4) \\ c_5 &= (p_1, \bar{p}_2, p_3, \bar{p}_4) \\ c_6 &= (p_1, \bar{p}_2, \bar{p}_3, p_4) \\ c_7 &= (p_1, \bar{p}_2, \bar{p}_3, \bar{p}_4) \\ c_8 &= (\bar{p}_1, p_2, p_3, p_4) \\ c_9 &= (\bar{p}_1, p_2, p_3, \bar{p}_4) \\ c_{10} &= (\bar{p}_1, p_2, \bar{p}_3, p_4) \\ c_{11} &= (\bar{p}_1, p_2, \bar{p}_3, \bar{p}_4) \\ c_{12} &= (\bar{p}_1, \bar{p}_2, p_3, p_4) \\ c_{13} &= (\bar{p}_1, \bar{p}_2, p_3, \bar{p}_4)\end{aligned}$$

$$\begin{aligned} c_{14} &= (\bar{p}_1, \bar{p}_2, \bar{p}_3, p_4) \\ c_{15} &= (\bar{p}_1, \bar{p}_2, \bar{p}_3, \bar{p}_5) \end{aligned} \quad (3)$$

Bir kromozomunun bölme işlemi genelleştirilebilir. Kromozom yukarıda anlatılan yöntemle göre ikiye bölünür ve bu kromozomdan üç tane farklı kromozom elde edilir. Gelişigüzel olarak üretilen (oluşturulan) kromozom üç parçaya bölünür ve parça numarası tek veya çift olanların tümleyeni alınır. Bu şekilde işleme devam edilerek eğer kromozomu bölme işlemi  $r$  adımdan oluşuyorsa, gelişigüzel oluşturulan kromozomdan kendisi de dahil olmak üzere  $2^r$  kromozom elde edilir. Bu kromozomların özelliği genel olarak ilk seçilen kromozom ile ilişkili olmalarıdır.

### 3. DP YÖNTEMİNİN OLASILIKSAL ANALİZİ

Vurgulanması gereken önemli bir nokta vardır; o da DP yönteminin her kodlama türü için çalışmayacağıdır. İkili tabandaki kodlama veya onluk tabandaki kodlamalarda bu yöntem çalışır.



Şekil 1. Üç boyutlu hiper uzayı.

DP yönteminde gelişigüzel oluşturulan birey 101 ise, bu birey başlangıç populasyonunda yer alırken, 010 bireyi de başlangıç populasyonunda yer alır. 010 bireyi 101 bireyin antipodal noktasıdır. Bunun anlamı çözüm uzayında en uzak iki noktada (Hamming uzaklığı) en az birer birey bulunur demektir. Bu şekilde genetik arama işlemi gerçekleşirken, çözüme ulaşmak daha az adımda gerçekleşecektir. Çünkü alınması gereken en kötü yol diğer yöntemlerde alınması gereken en kötü yolun yarısı uzunluktadır. Örneğin, 101 bireyi \*0\* hiper düzleminde yer alırken bu düzlemin antipodal düzlemi olan \*1\* hiper düzleminde 010 bireyi yer alır. DP yönteminde bireylerin belli bir matematiksel yapıda çözüm uzayına dağıtılması, genetik arama işleminin ıraksamasını engellediği gibi yerel çözümde kalma problemini de

gidermektedir. Bu yöntemin olasılıksal hesapları da gelişigüzel oluşturulan başlangıç populasyonu yöntemlerinden daha iyi olduğu verilecek olan gerekçe ışığında aşikardır. DP yöntemine göre başlangıç populasyonu üretilirken, gelişigüzel üretilen bireylerin dağılımı üniform bir dağılıma sahipken, bu bireyler ile bu bireylerden üretilen bireylerin oluşturduğu populasyon binom dağılım özelliği göstermektedir.

DP yönteminin olasılıksal analizinin yapılabilmesi için bazı terimlerin verilmesi gerekir.

$N$ : Populasyondaki birey sayısı

$n$ : bireyin bit uzunluğu

$P(i)$ :  $i$ . bireyin oluşma olasılığı

$\mu$ : Populasyonun başlangıç beklenen değeri

$\sigma$ : Populasyonun standart sapma değeri

Olasılıksal hesaplamalara geçmeden önce DP yönteminde elde edilen başlangıç populasyonundaki bireylerden en az birinin çözüm olduğu bölgede olduğu aşikardır, çünkü gelişigüzel oluşturulan bireyin tümleyeni alındığında, bu iki bireyden en az biri çözüm bölgesinde olur. Eğer gelişigüzel üretilen bir birey dört parçaya bölünerek populasyon üretilcekse, (3)' te üretilen populas-yonda ( $r=4$  için) görüldüğü gibi

$$\begin{aligned} c_0 + c_{15} \\ &= c_1 + c_{14} \\ &= c_2 + c_{13} \\ &= c_3 + c_{12} \\ &= c_4 + c_{11} \\ &= c_5 + c_{10} \\ &= c_6 + c_9 \\ &= c_7 + c_8 \\ &= 2^n - 1 \end{aligned}$$

ilişkisi vardır (kromozomların arasında görüle '+' işlemi aritmetik toplama işlemidir). Bu bilgilerden sonra üretilen populasyonun olasılık hesapları aşağıdaki gibi olur (üniform dağılım özelliği);

$$P(c_0) = \frac{1}{2^n}$$

olur ve  $c_0$  bireyi gelişigüzel üretildikten sonra  $c_1, \dots, c_{15}$  bireylerinin ne oldukları kesindir. Bundan dolayı

$$1 \leq i \leq 15 \text{ için } P(c_i | c_0) = 1$$

olur ve  $P(c_i | c_0)$  olasılığı  $c_0$  bireyin oluşturulma olayı oluştuktan sonra  $c_i$  bireyin oluşturulma olayı

nın meydana gelme olasılığıdır (şartlı olasılık). Buradan,

$$1 \leq i \leq 15 \text{ için } P(c_i \cap c_0) = \frac{1}{2^n}$$

eşitliği elde edilir. DP yönteminde bir bireyin gelişigüzel olarak üretilme olasılığının dağılımı üniform bir yapıdadır.  $P(c_i)$ ,  $1 \leq i \leq 15$ , olasılığının hesaplamak için  $c_0$  bireyinin üretilme durumu göz önüne alındığı zaman  $P(c_i)$  için alt sınır  $P(c_i) \geq P(c_0)$  olur. Bunun anlamı

$$1 \leq i \leq 15 \text{ için } P(C_i, 0) \geq \frac{1}{2^n}$$

tür. Buradan  $r$  parçaya bölme işlemi için  $2^r - 1$  tane birey gelişigüzel üretilen bir bireyden üretilir. Bu durumda  $1 \leq i \leq 15$  için  $P(c_i)$  olasılık değeri  $1/2^r$  olur.  $C = \{c_0, c_1, \dots, c_{15}\}$  olmak üzere  $C$  kümesinin ortalama değeri (beklenen değeri -  $\mu(C)$ ) hesaplanabilir.

$$\begin{aligned} \mu(C) &= \sum_{i=0}^{15} c_i \cdot P(c_i) \\ &\geq \frac{1}{2^r} ((c_0 + c_{15}) + (c_1 + c_{14}) + (c_2 + c_{13}) + (c_3 + c_{12}) + \\ &\quad (c_4 + c_{11}) + (c_5 + c_{10}) + (c_6 + c_9) + (c_7 + c_8)) \\ &= \frac{1}{2^r} \cdot 2^{r-1} \cdot (2^n - 1) \\ &= \frac{2^n - 1}{2} \end{aligned}$$

olur. Bu değer sadece bir tane gelişigüzel üretilen birey için bulunmuştur. Gelişigüzel oluşturulan birey sayısı  $N$  tane eleman içeren bir populasyon için  $N/2^r$  olur. Toplam populasyon için  $\mu(C)$  değeri  $N/2^r$  ile çarpılıp tekrar bu değere bölüneceği için aynı sonuç elde edilir. Buradan  $\mu = \mu(C)$  olduğu elde edilmiş olur.

Bu populasyonun varyansı ve standart sapmasını hesaplamak için  $C$  kümesinden faydalanılacaktır. İlk olarak  $C$  kümesinin varyansının  $\sigma^2(C)$ - hesaplanması gerekir

$$\sigma^2(C) = \sum_{i=0}^{15} (c_i - \mu(C))^2$$

$1 \leq i \leq 7$  ve  $8 \leq j \leq 15$  için her farklı (i,j) çifti için (her i ve j değeri sadece bir kez kullanılarak)

$$(c_i - \mu(C)) = -(c_j - \mu(C))$$

olduğundan

$$\sigma^2(C) = 2 \sum_{i=0}^7 (c_i - \mu(C))^2$$

olur. Buradan farkların karesi alındığından dolayı elde edilecek olan sonucun karekökü alınıp standart sapma olan  $\sigma(C)$  değeri elde edildiğinde

$$\mu(C) > \sigma(C)$$

olur. Buradan değişim katsayısının

$$\frac{\sigma(C)}{\mu(C)} < 1$$

olduğu görülür. Bunun anlamı hızlı yayılan bir topluluk değildir. Bu populasyonun düzgün olup olmadığını anlamak için 3. momente göz atılabilir.

$$\sigma^3(C) = \sum_{i=0}^{15} (C_i - \mu(C))^3$$

$\sigma^3(C)$  değerini hesaplamak için  $1 \leq i \leq 7$  ve  $8 \leq j \leq 15$  ve her farklı (i,j) çifti için  $(C_i - \mu(C)) = -(C_j - \mu(C))$  olduğundan dolayı (her i ve j değeri sadece bir kez kullanılarak)

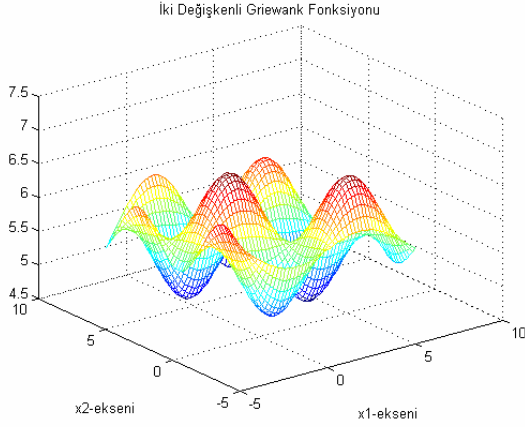
$$\sigma^3(C) = 0$$

olur. Buradan çarpıklık katsayısı da sıfır olarak bulunur. Bunun anlamı elde edilen populasyon beklenen değer etrafında düzgün bir şekilde dağılmış demektir.

Gelişigüzel başlangıç populasyonu üretme yönteminde hiper uzayda bu kadar düzgün dağılmış bir başlangıç populasyonu elde etme olasılığı sıfır değilse de çok küçük bir değerdir. Bundan dolayı genetik arama hem çok zaman alırken hem de daha önce bahsi geçen iki problemten (ıraksama ve yerel çözümde kalma) kaçınılamaz. Fakat UDIP yöntemi çok düzgün bir başlangıç populasyonu elde ettiğinden dolayı hem bu iki problemten kaçınılmış olur ve hem de daha kısa zamanda çözüme ulaşılır.

#### 4. UYGULAMA SONUÇLARI

Önerilen DP yönteminin gelişigüzel başlangıç populasyonu üretme yönteminin daha iyi bir yöntem olduğu çok-modelli üç tane fonksiyon üzerinde yapılan uygulamalarla gösterildi. İlk olarak bu çok-modelli fonksiyonların tanımlarının verilmesi gerekmektedir.



Şekil 2. İki değişkenli Griewank fonksiyonu.

Griewank fonksiyon (iki değişkenli şekli Şekil 2)

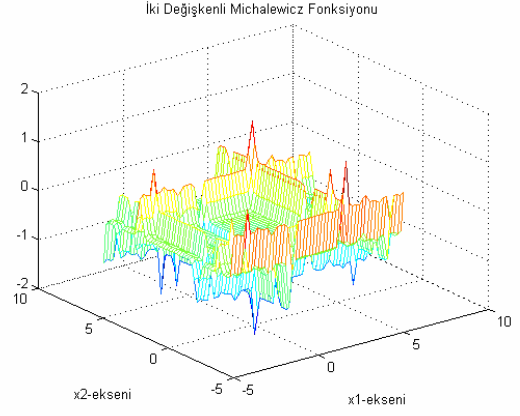
$$f(x_1, x_2, x_3, x_4) = \frac{1}{4000}((x_1 - 100)^2 + (x_2 - 100)^2 + (x_3 - 100)^2 + (x_4 - 100)^2) - \cos(x_1 - 100) \cos\left(\frac{x_2 - 100}{\sqrt{2}}\right) \cos\left(\frac{x_3 - 100}{\sqrt{3}}\right) \cos\left(\frac{x_4 - 100}{2}\right) + 1$$

Griewank fonksiyonun  $x_1, x_2, x_3, x_4 \in (-6.0, 6.0)$  aralığında maksimum noktası düzenli ve gelişigüzel populasyon ile elde edilmiştir. Gelişigüzel populasyon ile elde edilen maksimum noktası  $(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = (-3.8275, -2.0, -3.8275, -1.0)$  şeklinde olup bu noktadaki fonksiyon değeri 11.4633 şeklindedir ve DP ile bulunan maksimum nokta ise  $(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = (-3.6235, -2.0, -3.749, -10)$  şeklinde olup bu noktada elde edilen fonksiyon değeri 11.4687 şeklindedir.

Michalewicz fonksiyonu (iki değişkenli şekli Şekil 3)

$$f(x_1, x_2, x_3, x_4) = \sin(x_1) \sin^{20}\left(\frac{x_1^2}{\pi}\right) + \sin(x_2) \sin^{20}\left(\frac{2x_2^2}{\pi}\right) + \sin(x_3) \sin^{20}\left(\frac{3x_3^2}{\pi}\right) + \sin(x_4) \sin^{20}\left(\frac{4x_4^2}{\pi}\right)$$

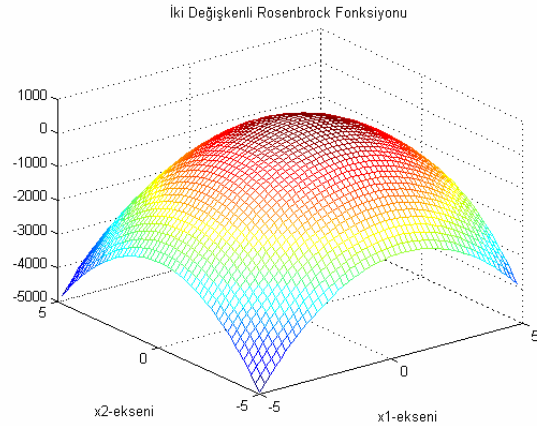
Michalewicz fonksiyonun  $x_1, x_2, x_3, x_4 \in (-6.0, 6.0)$  aralığında maksimum noktası düzenli ve gelişigüzel populasyon ile elde edilmiştir. Gelişigüzel populasyon ile elde edilen maksimum noktası  $(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = (-2.2196, -1.5725, -5.2863, -1.9294)$  şeklinde olup bu noktadaki fonksiyon değeri 3.562 şeklindedir ve DP ile bulunan maksimum nokta ise  $(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = (4.949, -1.549, 4.9804, 4.8431)$  şeklinde olup bu noktada elde edilen fonksiyon değeri 3.7347 şeklindedir.



Şekil 3. İki değişkenli Michalewicz fonksiyonu.

Rosenbrock fonksiyonu (iki değişkenli şekli Şekil 4)

$$f(x_1, x_2, x_3, x_4) = 100(x_2 - x_1^2)^2 + (1 - x_1)^2 + 100(x_3 - x_2^2)^2 + (1 - x_2)^2 + 100(x_4 - x_3^2)^2 + (1 - x_3)^2 + 100(6 - x_4)^2 + (1 - x_4)^2$$



Şekil 4. İki değişkenli Rosenbrock fonksiyonu.

Rosenbrock fonksiyonu için elde edilen maksimum nokta aşağıdaki gibidir.

$r=3$  için  $(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = (0.1255, 0.502, 0.3922, 0.5059)$  ve  $f(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = 673.8848$ .

$r=4$  için  $(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = (0.0, 0.502, 0.502, 0.502)$  ve  $f(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = 676.743$ .

$r=5$  için  $(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = (-0.1255, 0.498, 0.5294, 0.498)$  ve  $f(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = 675.3301$ .

ve gelişigüzel populasyon sonucu

$(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = (-0.0314, 0.4196, 0.4706, 0.2471)$  ve  $f(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = 670.0186$ .

Bu fonksiyonun verilen değişken tanım aralığında teorik maksimum değeri 676.6984 olup bu değere

$$(x_1^*, x_2^*, x_3^*, x_4^*) = \left( \frac{1}{101}, \frac{51}{101}, \frac{51}{101}, \frac{51}{101} \right)$$

noktasında ulaşmaktadır.

## 5. SONUÇ

DP yöntemi ile gelişigüzel populasyon üretme yönteminin özellikleri aşağıdaki gibi özetlenebilir.

### Gelişigüzel Başlangıç Populasyonu Üretim Yöntemi

- 1- Başlangıç populasyonu kaliteli değildir.
- 2- Iraksama ve yerel çözümde kalma problemleri vardır.
- 3- Her türlü genetik operatör kullanılabilir.
- 4- Daha uzun zamanda çözüme ulaşılır (iraksama olmazsa).
- 5- Elde edilen çözümün kaliteli olduğu garanti edilemez.

### DP Yöntemi

- 1- Başlangıç populasyonu kalitelidir.
- 2- Iraksama ve yerel çözümde kalma problemleri yoktur.
- 3- Her türlü genetik operatör kullanılabilir.
- 4- Daha kısa zamanda çözüme ulaşılır.
- 5- Elde edilen çözüm en iyi çözüm veya en iyi çözüme yakın bir çözümdür. Bunun anlamı kaliteli bir çözümün elde edileceği garantidir.
- 6- Elde edilen başlangıç populasyonun çarpıklık katsayısının sıfır olması bu populasyonun kromozom uzayına düzgün bir şekilde dağıtıldığı anlamına gelir.

## KAYNAKLAR

- 1 DeJong, K.A., "An Analysis of the Behaviour of a Class of Genetic Adaptive Systems", doktora tezi, Univ. Mich. Ann Arbor, MI, 1975.
- 2 Cleveland, G.A.; Smith, S.F., "Using Genetic Algorithms to Schedule Flow Shop Releases", Proc, 3<sup>rd</sup> Int. Conf. on Genetic Algorithms, San Mateo, CA: Morgan Kaufmann, 160-169, 1989.
- 3 Bhanu, B.; Lee, S.; Ming, J., "Self-optimizing Image Segmentation System Using a Genetic Algorithm", Proc. Fourth Int. Conf. on Genetic Algorithms, San Mateo, CA: Morgan Kaufmann, 362-369, 1991.
- 4 DeJong, K.A., "Learning with Genetic Algorithm: An Overview", Machine Learning, 3, 121-138, 1988.
- 5 Dorigo, M.; Schnepf, U., "Genetic-based Machine Learning and Behaviour-based Robotics: A New Synthesis", IEEE Trans. on Syst., Man, Cybern., 23, 141-154, 1993.
- 6 Widrow, B.; Sterns, S.P., "Adaptive Signal Processing", Englewood Cliffs, NJ: Prentice-Hall, 1985.
- 7 Etter, D.M.; Masukawa, M.M., "A Comparison of Algorithms for Adaptive Estimation of the Time Delay Between Sampled Signals", Proc. IEEE Int. Conf. ASSP. 1253-1256, 1981.
- 8 Etter, D.M.; Hicks, M.J.; Cho, K.H., "Recursive Adaptive Filter Design Using an Adaptive Genetic Algorithm", Proc. IEEE Int. Conf. ASSP. 635-638, 1982.
- 9 Yao, L.; Sethares, W. A., "Nonlinear Parameter Estimation via the Genetic Algorithm", IEEE Trans. on Signal Processing, 42, 927-935, 1994.
- 10 Potts, J.C.; Giddens, T.D.; Yadav S. B., "The Development and Evaluation of an Improved Genetic Algorithm Based on Migration and Artificial Selection", IEEE Trans. on Syst., Man, Cybern. 24, 73-86, 1994.
- 11 Yao, L.; Sethares, W.A.; Kammer, D.C., "Sensor Placement for on-orbit Modal Identification of Large Space Structure via a Genetic Algorithm", Proc. IEEE Int. Conf. System Engr., Kobe, Japan, 332-335, 1992.
- 12 Vignaux, G.A.; Michalewicz, Z., "A Genetic Algorithm for the Linear Transportation Problem", IEEE Trans. on Syst., Man, Cybern., 21, 445-452, 1991.
- 13 Cohoon, J.P.; Hegde, S.U.; Martin, W.N.; Richards, D.S., "Distributed Genetic Algorithm for the Floorplan Design Problem", IEEE Trans. on Computer-Aided Design, 10, 483-491, 1991.
- 14 Englander, A.C., "Machine Learning of Visual Recognition Using Genetic Algorithms", Proc. Ann. Int. Conf. Genetic Algorithms and Their Applications, 197-201, 1985.
- 15 Wilson, S.W., "Adaptive Cortical Pattern Recognition", Proc. An Int. Conf. Genetic

- Algorithms and Their Applications, pp.188-196, 1985.
- 16 Ankenbrandt, C.; Buckles, B.; Petry, F., "Scene Recognition Using Genetic Algorithms with Semantic Nets", Pattern Recognition Lett. 11, 285-293, 1990.
- 17 Siedlecki, W.; Sklanski, J., "Constrained Genetic Optimization via Dynamic Reward-Penalty Balancing and its Use in Pattern Recognition", Proc. 3<sup>rd</sup> Int. Conf. Genetic Algorithms, 141-150, 1989.
- 18 Brill, F.Z.; Brown, D.E.; Martin, W.N., "Fast Genetic Selection of Features for Neural Network Classifiers", IEEE Trans. on Neural Networks, 3, 1992.
- 19 Kristinsson, K.; Dumont, G.A., "System Identification and Control Using Genetic Algorithms", IEEE Trans. on Syst., Man, Cybern., 5, 1033-1046, 1992.
- 20 Kuo, T.; Hwang, S.-Y., "A Genetic with Disruptive Selection", IEEE Trans. on Syst., Man, Cybern., 26, 1996.
- 21 Edmonds, B., "Meta-Genetic Programming: Co-evolving the Operators of Variation", Turkish J. of Elec. Eng., 9, 13-29, 2001.
- 22 Srinivas, M.; Patnaik, L.M., "Genetic Search: Analysis Using Fitness Moments", IEEE Trans. on knowledge and data engineering, 8, 1996.
- 23 Karcı, A.; Çınar, A.; Ergen, B., "Genetik Algoritma Kullanılarak Minimum Düğüm Kapsama Probleminin Çözümü", Elektrik-Elektronik, Bilgisayar Mühendisliği 8. Ulusal Kongresi, Gaziantep, Türkiye, 20-23, 1999.
- 24 Karcı, A.; Çınar, A., "Comparison of Uniform Distributed Initial Population Method and Random Initial Population Method in Genetic Search", The 15<sup>th</sup> International Symposium on Computer and Information Sciences, Istanbul, Turkey, 159-166, 2000.
- 25 Karcı, A.; Arslan, A., "Bidirectional Evolutionary Heuristic for the Minimum Vertex-Cover Problem", Journal of Computer and Electrical Engineering, kabul edild





