

# Genetik Algoritmelerde Doğal Olmayan Gen Aktarım Tekniği Uygulaması

## Unnatural Gene Transfer Technique in Genetic Algorithms

Erkan Hüseyin Akpınar<sup>\*1</sup>, Salim Ceyhan<sup>2</sup>

\*: erkan.akpinar@bilecik.edu.tr, ORCID: 0000-0003-0080-4992

<sup>1</sup>: Lisansüstü Eğitim Enstitüsü/Mühendislik Fakültesi/Bilgisayar Mühendisliği, Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi, Bilecik, Türkiye

<sup>2</sup>: Lisansüstü Eğitim Enstitüsü/Mühendislik Fakültesi/Bilgisayar Mühendisliği, Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi, Bilecik, Türkiye

**Özet:** Genetik algoritmalar (GA) optimizasyon problemlerinin çözümünde uzun yıllardan beri kullanılan sezgisel algoritmalarından biridir. Geliştirilmeye başladığı yıllardan itibaren çok farklı optimizasyon problemlerinde kullanılmış ve başarılı sonuçlar elde edilmesine katkı sağlamıştır. Temelinde evrimsel süreçler ve doğadaki genetik çeşitlilikler doğrultusunda oluşan seçimleri temel alan GA, bu yapılardan simüle edilerek oluşturulmuştur. Son yıllarda genetik biliminde genom düzenleme ve gen aktarımı için CRISPR/Cas9 yöntemi gibi tekniklerin kullanılmasıyla klasik doğal seçimden daha farklı durumlar oluşmasının önü açılmıştır. Bu çalışma kapsamında canlıların genetik düzenlemelerindeki gelişmelerin genetik algoritmalara uyarlanması ile ne gibi farklılıkların oluşabileceğinin görülmesi amaçlanmıştır. Klasik GA uygulamalarında iki canlıdan crossover yöntemi ile alınan gen parçacıklarının birleştirilmesi sonucunda iki yeni canlı üretilmektedir. Çalışmada crossover sürecine üçüncü bir canlının dahil olması sonucunda oluşacak iki yeni canlının evrimsel sürece devam etmesi temel alınmıştır. Üretilen yeni GA yönteminde literatürde yaygın olarak kullanılan yerleşim problemlerinden biri olan Sırt çantası problemi (SCP) ele alınmıştır. Yeni yöntem ile klasik yöntem, hız ve başarıya ulaşma oranları cinsinden karşılaştırılmış ve sonuçlar tablo halinde verilmiştir. Elde edilen sonuçlara bakıldığında oluşturulan yeni yöntemin klasik yöntemle kıyasla daha erken iterasyon sayılarında sonuca ulaştığı ve daha yüksek başarı oranına sahip olduğu görülmüştür.

**Anahtar Kelimeler:** genetik algoritma, sırt çantası problemi, çaprazlama

**Abstract:** Genetic algorithms (GA) is one of the heuristic algorithms used for many years in solving optimization problems. Since its development, it has been used in many different optimization problems and has contributed to obtaining successful results. GA, which is based on evolutionary processes and selections in line with genetic variations in nature, was created by simulating these structures. In recent years, the use of techniques such as the CRISPR/Cas9 method for genome editing and gene transfer in genetics has paved the way for different situations than classical natural selection. In the light of these developments in the genetic arrangements of living things, it is aimed to see what kind of results will be achieved when the current gains in the field of genetics are adapted to genetic algorithms within the scope of this study. In classical GA applications, two new organisms are produced as a result of combining gene particles taken from two organisms by crossover method. Our study is based on the continuation of the evolutionary process of two new creatures that will be formed as a result of the inclusion of a third creature in the crossover process. Knapsack problem, which is one of the layout problems commonly used in the literature, is discussed in the new GA method

produced. The new method and the classical method were compared in terms of speed and success rates, and the results were given in a table. When the results obtained are examined, it is seen that the new method, which has been created, achieves results in earlier iteration numbers and has a higher success rate compared to the classical method.

**Keywords:** *genetic algorithm, knapsack problem, crossover*

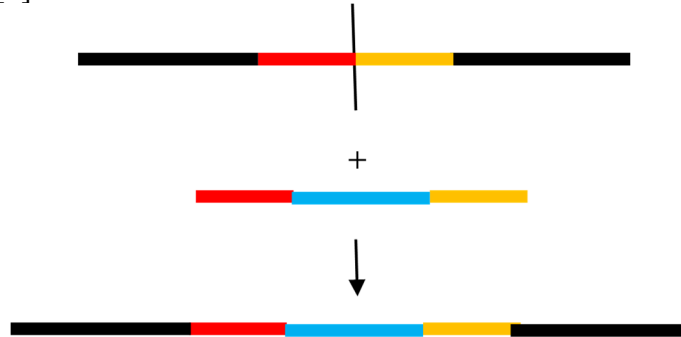
## I. GİRİŞ

Genetik algoritmalar (GA), biyolojideki evrim kavramından ve doğal seçimden esinlenerek geliştirilen rassal aramaya dayanan yöntemlerdir. Holland tarafından 1975 yılında bulunduğu tarihten günümüze kadar sıklıkla kullanılmaya devam edilmektedir. Genellikle optimizasyon problemlerinde kullanılan GA, en başarılı ya da en başarılı çözüme yakın bir çözüme ulaşmaktadır. İlk olarak doğrusal olmayan optimizasyon problemlerinde kullanılan GA, yerleşim ve çizelgeleme gibi kombinasyonlara ihtiyaç duyan optimizasyon problemlerine de başarılı bir şekilde uygulanmıştır [1].

Canlıların genetiğini değiştirme ve genom düzenleme teknolojileri ile ilgili çalışmalar son yıllarda popülerliği artan kavramlar haline gelmiştir. Günümüzde ZFN, TALEN ve CRISPR/Cas9 gibi yeni nesil güçlü genom düzenleme araçları bu alandaki çalışmaları ileri noktalara taşımaktadır. Özellikle CRISPR/Cas9 tekniği, maliyet ve performans bakımından kullanıcıların beklentilerini karşıladığı için son yıllarda sıklıkla kullanılan bir genom düzenleme aracı haline gelmiştir. CRISPR/Cas9 tekniğinde Cas9 endonükleazı sayesinde genom üzerinde müdahalelerde bulunabilmekte ve başka bir canlıdan alınan gerekli genom kısımlarının hedef canlıya aktarımı yapılabilmektedir [2].

Genom düzenleme işleminde, uygun nükleazlar ile müdahale edilmek istenen genomda çift zincir kırıkları (“double strand breaks”; DSBs) oluşturulur. Genomda istenilen kısım değişikliğe uğratılır ya da kesip çıkarılır ve yerine yeni genom parçacığı yerleştirilir [3].

Genom düzenlemesi amacıyla meganükleazlar kullanılabileceği gibi ZFN (“zinc finger nucleases”), TALEN (“transcription activator-like effector nucleases”) ve CRISPR (“clustered regularly interspaced short palindromic repeats”) yöntemleri de tercih edilebilmektedir. Dört yöntemde de işlem basamakları çok benzer olmasına rağmen uygulanan yaklaşımlar farklılık göstermektedir. İşlem basamaklarının ilk adımında DNA üzerinde her iki zincir için çift zincir kırıkları oluşturulur. Sonrasında hücre homoloji yönlendirmeli onarım (“homology-directed repair”; HDR) veya homolog olmayan uç bağlanması (“non-homologous end joining”; NHEJ) ile onarım işlemini gerçekleştirir. NHEJ yönteminde genellikle genin susturması sağlanırken, HDR yönteminde ise sorunlu genin sağlıklı olanla değiştirilmesi ya da genoma yeni bir genin eklenmesi sağlanır [4].



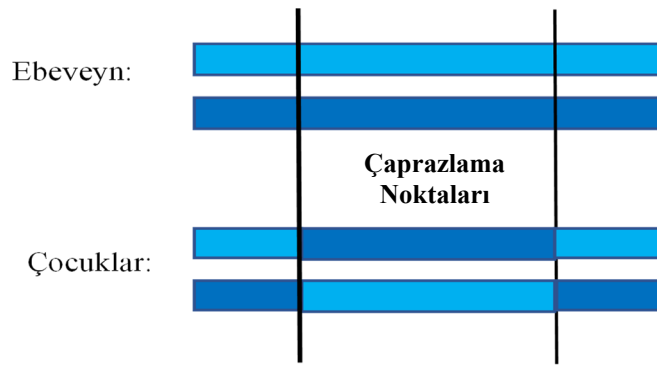
Şekil 1. Genom düzenleme, homoloji yönlendirmeli onarım (HDR).

Bu çalışmada GA’da genom düzenlemede kullanılan HDR yönteminde olduğu gibi genoma yeni bir genin eklenmesi amaçlanmıştır. Bu nedenle yeni gen parçacığının hangi aşamada

eklenmesi gerektiği üzerine çalışılmış ve çaprazlama aşamasında ilave gen aktarımı yapılmasına karar verilmiştir. Bu şekilde yeni bir çaprazlama metodu oluşturulmuş ve klasik çaprazlama ile sonuçları karşılaştırılmıştır.

## II. MATERYAL VE YÖNTEM

GA üzerine yürütülen bu çalışmada genomlara ilave gen ekleme üzerine çalışılmıştır. Bu nedenle genetik algoritmanın çalışma adımları incelenmiş olup gen ilavesi için en uygun kısım olarak çaprazlama aşaması tercih edilmiştir. Çaprazlama iki ebeveynin üreyerek yavru oluşturma sürecidir. Çaprazlama sayesinde popülasyona daha iyi bireyler eklenerek popülasyonun zenginleştirilmesi amaçlanır [5]. Problemin yapısına göre tercih edilen çaprazlama yöntemi değişiklik göstermektedir sıkça kullanılan çaprazlama çeşitleri tek noktalı, çift noktalı ve üniform çaprazlama yöntemidir [6]. Tek noktalı çaprazlamada kromozomlar tek noktadan kesilip çaprazlanırken, çift noktalı çaprazlamada iki noktadan kesilmekte ve kesilen parçalar çaprazlanmaktadır [7].



Şekil 2. Çift noktalı çaprazlama

Çalışmada çift noktalı çaprazlama yöntemi seçilerek çalışılmıştır. Klasik bir GA'da çift noktalı çaprazlama aşamasında çaprazlama için iki birey seçilir ve bu iki birey iki farklı noktadan kesilip oluşan parçalardan iki yeni yavru üretilir. Geliştirilen yeni yöntemde iki kromozomun yanı sıra başka bir kromozom daha çaprazlama aşamasına eklenmiş ve bunun sonucunda üç ebeveynen çift noktalı çaprazlama yöntemi ile kesilen parçalardan oluşan kombinasyonlar havuzda toplanmıştır. Oluşturulan kombinasyonlardan maliyet fonksiyonuna en uzak iki birey seçilip yeni yavru oluşturma süreci tamamlanmıştır.

GA'ların çok farklı problem türlerinde kullanıldığı bilinmektedir. Gezgin satıcı problemi, vezir yerleşimi problemi ve sırt çantası problemi GA'larda sıklıkla tercih edilen problem çeşitlerindedir. Bu çalışmada da basitliği ve işlevselliği nedeniyle en çok tercih edilen problemlerden biri olan sırt çantası problemi üzerinde çalışılmıştır. Sırt çantası problemi sınırlı büyüklükte olan bir çantaya en değerli eşyaları sığdırma mantığına dayanan bir problemdir. Problemin amacı çanta kapasitesini aşmayacak şekilde çantayı dolduracak kombinasyonları üretmek üzerine kuruludur. Çantaya alınacak eşyalar 1 sayısı ile kodlanırken alınmayan eşyalar ise 0 sayısı ile kodlanır ve bu şekilde bir sayı dizisi üretilir [8]. GA'da bu sayı dizileri kromozom olarak kodlanır ve maliyet fonksiyonu doğrultusunda seleksiyona uğrar.

Çalışma Matlab programı ile geliştirilmiş olup, GA kullanılarak sırt çantası problemi klasik ve yeni üretilen yöntem ile çözülmüştür. Elde edilen sonuçlar bulgular bölümünde incelenmiştir.

## III. BULGULAR

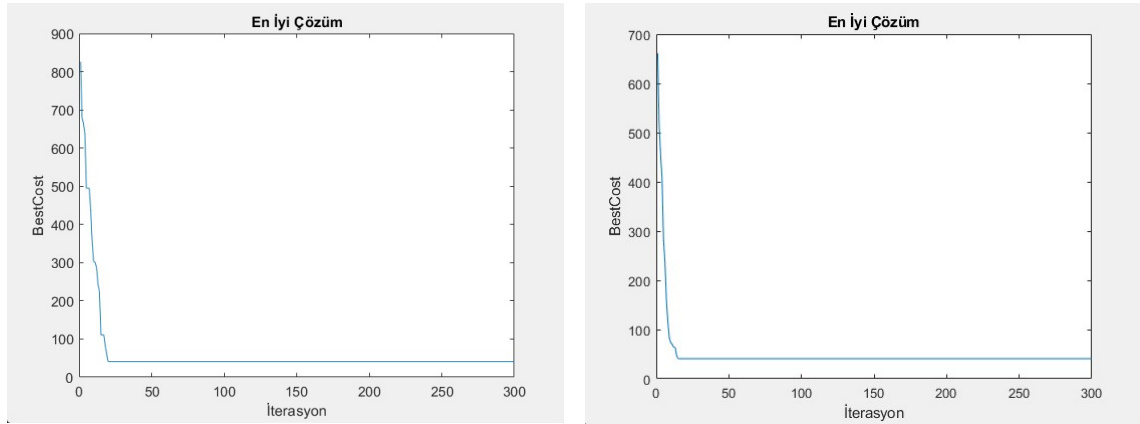
Matlab ortamında yürütülen çalışmada sırt çantası problemi üzerinde çalışılmıştır. Sırt çantasının doluluk oranı 0,90 olarak seçilmiş olup eşyaların değerleri ve ağırlıkları arasındaki

korelasyon -0,3524 olarak uygulanmıştır. Klasik çift noktali çaprazlama yöntemi ve yeni oluşturulan çift noktali çaprazlama yöntemi 50 bireyden oluşan popülasyon üzerinde denenmiştir. Mutasyon oranı kromozomu oluşturan her gene 0,05 olarak uygulanmıştır.

**TABLO I. YENİ ÜRETİLEN CROSSOVER YÖNTEMİNİN ESKİSİYLE KARŞILAŞTIRILMASI**

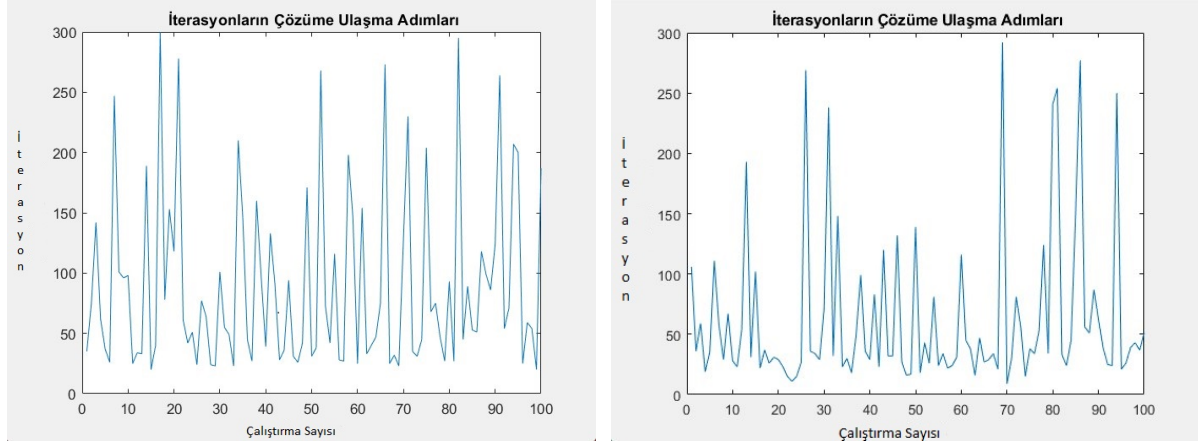
	Klasik Çaprazlama Yöntemi (2 Birey)	Yeni Çaprazlama Yöntemi (3 Birey)
Popülasyon Büyüklüğü	50	50
Çalıştırma Sayısı	100	100
İterasyon Sayısı	300	300
Sırt Çantası Doluluk Oranı	0,90	0,90
Mutasyon Oranı (Her gen için)	0,05	0,05
Crossover Oranı	0,8	0,8
Verilerin Korelasyonu	-0,3524	-0,3524
Başarılı Sonuç Sayısı	70	81
Sonuca En Erken Ulaşılan İterasyon	19	13
En İyi Çözümlerin Standart Sapması	0,3797	0,2681
En İyi Çözümlerin Ortalaması	66,82	66,72
İterasyonların Çözüme Ulaşma Ortalaması	68,17	45,48

İki farklı yöntemin verimliliği farklı açılardan karşılaştırılmıştır. Klasik yöntemde 100 çalıştırmanın 70'inde başarılı sonuçlara ulaşılırken yeni yöntemde başarılı sonuç sayısının 81'e ulaştığı görülmüştür.



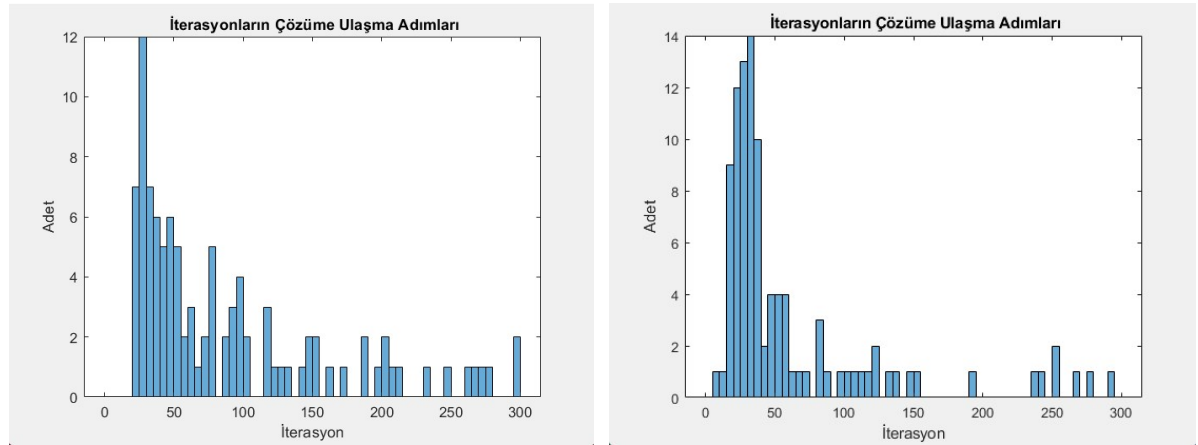
**Şekil 3.** Çözüme en erken ulaşılan iterasyonlar (Klasik yöntem solda, Yeni yöntem sağda)

Tüm çalıştırmalar sonucunda en iyi çözüme en erken ulaşılan iterasyon klasik yöntemde 19 iken yeni yöntemde 13 olarak bulunmuştur.



Şekil 4. Her çalıştırmada en başarılı çözüme ulaşılan iterasyonların karşılaştırması (Klasik yöntem solda, Yeni yöntem sağda)

İki yöntemin çözüme ulaştığı iterasyonların ortalamaları karşılaştırıldığında klasik yöntemde 68,17 sonucuna ulaşılırken yeni yöntemde 45,48 olduğu görülmüştür.



Şekil 5. Her çalıştırmada en başarılı çözüme ulaşılan iterasyon değerlerinin histogram grafik ile gösterimi (Klasik yöntem solda, Yeni yöntem sağda)

## SONUÇ

Günümüz teknolojisinde genetik biliminde ulaşılan yeniliklerin genetik algoritmalara uyarlanması hedef alan çalışmanın çaprazlama bölümünde, yeni oluşacak olan bireylere ilave gen eklemenin genetik algoritmanın klasik çalışma stiline göre nasıl performans farklılıkları göstereceği incelenmiştir. Yeni çaprazlama yöntemi ile eski yöntem 50 popülasyonlu bir örnek için 100 kez çalıştırılıp başarı oranları ve hız bakımından kıyaslanmıştır. Elde edilen sonuçlara bakıldığında klasik çaprazlama yöntemi %70 başarı oranına sahip iken yeni yöntemin başarı oranının %81 olduğu görülmüştür. Aynı zamanda iterasyonların çözüme ulaşma sayılarının ortalamasına bakıldığında yeni yöntemin başarılı sonuçlara klasik yöntemden yaklaşık %34 oranında daha erken iterasyonlarda ulaştığı sonucuna varılmıştır.

*Bu çalışma Erkan Hüseyin Akpınar'ın, Dr.Öğr.Üyesi Salim CEYHAN danışmanlığında yürütülen yüksek lisans tezinden üretilmiştir.*

KAYNAKLAR

- [1] T. Saraç, “Genelleştirilmiş karesel çoklu sırt çantası problemi için melez bir çözüm yaklaşımı,” MS thesis, ESOGÜ, Fen Bilimleri Enstitüsü, 2007.
- [2] A. Şenyer, “Crispr/Cas9 sistemi kullanılarak tütün (*Nicotiana tabacum*) bitkisinde DEK1 geninin susturulması,” MS thesis, Fen Bilimleri Enstitüsü, 2020.
- [3] F. Tufan, “Genom düzenleme teknolojileri ve bitkilerdeki uygulamaları,” Haliç Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi 2.1 (2019): 113-133.
- [4] H. Puchta, “The repair of double-strand breaks in plants: mechanisms and consequences for genome evolution,” *Journal of experimental botany* 56.409 (2005): 1-14.
- [5] Z. Michalewicz, “Genetic Algorithms+ Data Structures= Evolution Programs. Springer-Verlag, 1999.” Google Scholar Google Scholar Digital Library Digital Library (1999).
- [6] Ö. İşçi ve S. Korukoğlu, “Genetik algoritma yaklaşımı ve yöneylem araştırmasında bir uygulama,” *Yönetim ve Ekonomi Dergisi* 10.2 (2003): 191-208.
- [7] O. Engin ve A. Fığlalı, “Genetik Algoritmalarla akış tipi çizelgelemede üreme yöntemi optimizasyonu,” *İTÜDERGİSİ/d* 1.1 (2010).
- [8] F. Bulut ve F. İNCE, “Tam Sayı Programlamada Açgözlü ve Sezgisel Aramalar ile 0/1 Sırt Çantası Problemine Yeni Bir Bakış,” *Karaelmas Fen ve Mühendislik Dergisi* 8.1 (2018): 89-98.