

T.C.
BİLECİK ŞEYH EDEBALI ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ
BİLGİSAYAR MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI

GENETİK ALGORİTMALARDA DOĞAL OLMAYAN SEÇİLİMİN ETKİLERİ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

ERKAN HÜSEYİN AKPINAR

TEZ DANIŞMANI
DR. ÖĞR. ÜYESİ SALİM CEYHAN

BİLECİK, 2023

10562480

T.C.
BİLECİK ŞEYH EDEBALI ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ
BİLGİSAYAR MÜHENDİSLİĞİ ANABİLİM DALI

GENETİK ALGORİTMALARDA DOĞAL OLMAYAN SEÇİLİMİN ETKİLERİ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

ERKAN HÜSEYİN AKPINAR

TEZ DANIŞMANI
DR. ÖĞR. ÜYESİ SALİM CEYHAN

BİLECİK, 2023

10562480

BEYAN

Genetik Algoritmalar da Doğal Olmayan Seçilimin Etkileri adlı yüksek lisans tezi hazırlık ve yazımı sırasında bilimsel araştırma ve etik kurallarına uyduğumu, başkalarının eserlerinden yararlandığım bölümlerde bilimsel kurallara uygun olarak atıfta bulunduğumu, kullandığım verilerde herhangi bir tahrifat yapmadığımı, tezin herhangi bir kısmının Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi veya başka bir üniversitede başka bir tez çalışması olarak sunulmadığımı, aksinin tespit edileceği muhtemel durumlarda doğabilecek her türlü hukuki sorumluluğu kabul ettiğimi ve vermiş olduğum bilgilerin doğru olduğunu beyan ederim.

Bu çalışmanın, Bilimsel Araştırma Projeleri (BAP), TÜBİTAK veya benzeri kuruluşlarca desteklenmesi durumunda; projenin ve destekleyen kurumun adı proje numarası ile birlikte, ETİK KURUL onayı alınması durumunda ise ETİK KURUL tarih karar ve sayı bilgilerinin beyan edilmesi gerekmektedir.			
DESTEK ALINMIŞTIR	<input type="checkbox"/>	DESTEK ALINMAMIŞTIR	<input checked="" type="checkbox"/>
Destek alındı ise;			
Destekleyen kurum;			
Desteğin Türü		Proje Numarası	
1- BAP (Bilimsel Araştırma Projesi)			
2- TÜBİTAK			
Diğer;.....			
ETİK KURUL onayı var ise;			
ETİK KURUL karar tarih/sayı:	/.....	

Öğrenci Adı ve Soyadı

Erkan Hüseyin AKPINAR

Tarih

.....

İmza

.....

ÖN SÖZ

Bu tez yeterlik çalışmasının yazılmasında, çalışmamı sahiplenerek takip eden danışmanım Sayın Dr. Öğr. Üyesi Salim CEYHAN'a değerli katkı ve emekleri için teşekkürlerimi ve saygılarımı sunarım.

Savunma sınavı sunumu sırasında çalışmamın son haline gelmesindeki değerli katkıları adına değerli jüri üyelerine ayrı ayrı teşekkürlerimi sunarım.

Son olarak bu günlere ulaşmamdaki emekleri adına değerli aileme teşekkür ederim.

Erkan Hüseyin AKPINAR

ÖZET

GENETİK ALGORİTMALARDA DOĞAL OLMAYAN SEÇİLİMİN ETKİLERİ

Genetik algoritma, çözümünde optimizasyon tekniklerine gerek duyulan problemlerde uzun yıllardır kullanılmakta olan sezgisel algoritmalarından biridir. Evrimsel süreçlerin simüle edilmesine dayanan bu algoritma, birbirinden farklı ideal çözüme ulaşma problemlerinde kullanılmış ve ürettikleri çözümler ile literatüre katkı sağlamıştır. Doğadaki seçim ve evrimsel süreci temel alan genetik algoritmalar, farklı popülasyon grupları üreterek ideal çözüm kümelerine ulaşmayı hedefler.

Genetik biliminde gen transferi ve genom düzenleme konuları son yıllarda popülerliğini arttıran çalışma alanlarındandır. Canlılar arası gen transferi için yeni tekniklerin geliştirilmesi, klasik doğal seçimden daha farklı seçeneklerin oluşmasının önünü açmıştır.

Bu çalışmada canlıların genetik yapısına bir başka canlıdan aktarım gerçekleştirilmesinin genetik algoritmalara uyarlanması ve bu işlemin algoritmanın çalışmasında ne gibi değişikliklere yol açacağına görülmesi hedeflenmiştir. Genetik algoritma uygulamalarının çalışma prensibi, iki bireyden çaprazlama yöntemi ile elde edilen gen parçacıklarının birleştirilmesi sonucunda iki yeni birey üretmektir. Çalışmada çaprazlama sürecine üçüncü bir bireyin dahil olması sonucunda oluşturulacak iki yeni bireyin klasik genetik algoritma süreçlerine devam etmesi temel alınmıştır. Üretilen yeni çaprazlama yönteminin klasik yöntem ile kıyaslanabilmesi amacıyla literatürde yaygın olarak kullanılan Sırt Çantası Problemi tercih edilmiştir. Klasik yöntem ve yeni yöntem başarıya ulaşma oranları ve çözüm üretme hızları bakımından karşılaştırılmış olup, karşılaştırma sonuçları tablo halinde sunulmuştur. Çalışmada elde edilen sonuçlar incelendiğinde önerilen yeni çaprazlama yönteminin klasik yöntemle kıyasla başarı oranının daha yüksek olduğu ve sonuca daha erken iterasyonlarda ulaştığı görülmüştür.

Anahtar Kelimeler: Genetik Algoritma, Seçim, Sırt Çantası Problemi, Optimizasyon, Çaprazlama.

ABSTRACT

EFFECTS OF UNNATURAL SELECTION ON GENETIC ALGORITHMS

The genetic algorithm is one of the heuristic algorithms that have been used for many years in problems where optimization techniques are needed in the solution. This algorithm, which is based on simulating evolutionary processes, has been used in different ideal solution problems and has contributed to the literature with the solutions they have produced. Genetic algorithms based on the selection and evolutionary process in nature aim to reach ideal solution sets by producing different population groups.

Gene transfer and genome editing in genetics are among the fields of study that have increased their popularity in recent years. The development of new techniques for gene transfer between living things has paved the way for alternatives other than classical natural selection.

In this study, it is aimed to adapt the transfer of the genetic structure of living things from another living thing to genetic algorithms and to see what kind of changes this process will cause in the operation of the algorithm. The working principle of genetic algorithm applications is to produce two new individuals as a result of combining the gene fragments obtained by the crossover method from two individuals. The study is based on the continuation of the classical genetic algorithm processes of two new individuals, which will be created as a result of the inclusion of a third individual in the crossover process. In order to compare the new crossover method produced with the classical method, the Knapsack Problem, which is widely used in the literature, was preferred. The classical method and the new method have been compared in terms of success rates and solution generation rates, and the comparison results have been presented in tabular form. When the results obtained in the study were examined, it was seen that the proposed new crossover method had a higher success rate compared to the classical method and reached the result in earlier iterations.

Keywords: Genetic Algorithm, Selection, Knapsack problem, Optimization, Crossover.

İÇİNDEKİLER

Sayfa No

ÖN SÖZ.....	i
ÖZET.....	ii
ABSTRACT.....	iii
TABLolar LİSTESİ.....	vi
ŞEKİLLER LİSTESİ.....	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR LİSTESİ.....	x
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Tezin Amacı.....	3
1.2. Literatür Araştırması.....	3
2. MATERYAL VE YÖNTEM.....	6
2.1. MATLAB Paket Programı.....	6
2.2. Sırt Çantası Problemi.....	6
2.2.1. Sıfır-Bir Sırt Çantası Problemi.....	7
2.2.2. Bir Boyutlu Sırt Çantası Problemi.....	8
2.2.3. Çok Boyutlu Sırt Çantası Problemi.....	8
2.2.4. Sınırlı Sırt Çantası Problemi.....	8
2.2.5. Sınırsız Sırt Çantası Problemi.....	9
2.2.6. Diğer Sırt Çantası Problemleri.....	9
2.3. Çaprazlama (Crossover) Operatörü.....	10
2.3.1. Tek Noktalı Çaprazlama (Single Point Crossover).....	10
2.3.2. Çift Noktalı Çaprazlama (Double Point Crossover).....	11
2.3.3. Çok Noktalı Çaprazlama (Multi Point Crossover).....	11
2.3.4. Tek Düzey Çaprazlama (Uniform Crossover).....	12
2.3.5. Diğer Çaprazlama Operatörleri.....	12
2.4. Genetik Algoritmalarda Doğal Olmayan Seçim Uygulaması.....	14
3. GENETİK ALGORİTMALAR.....	19
3.1. Genetik Algoritmalarla İlgili Temel Kavramlar.....	21
3.1.1. Gen.....	21
3.1.2. Kromozom.....	21
3.1.3. Popülasyon.....	21
3.1.4. Amaç Fonksiyonu.....	22
3.2. Genetik Algoritmada Kullanılan Operatörler.....	23

3.2.1. Seçim-Yeniden Üretim (Selection-Reproduction).....	23
3.2.1.1. Elitizm	23
3.2.1.2. Turnuva Seçimi	23
3.2.1.3. Rulet Çemberi Seçimi	24
3.2.1.4. Sıralı Seçim	25
3.2.1.5. Sabit Durum Seçimi	25
3.2.2. Mutasyon (Mutation)	26
3.2.3. Çaprazlama (Crossover)	26
3.3. Genetik Algoritmada Kullanılan Kontrol Parametreleri	27
3.3.1. Popülasyon Büyüklüğü	27
3.3.2. Mutasyon Oranı	28
3.3.3. Çaprazlama Oranı	28
3.3.4. Durma Kriteri	28
3.4. Genetik Algoritmanın Uygulama Alanları.....	28
3.4.1. Otomatik Programlama ve Bilgi Sistemleri.....	29
3.4.2. Mekanik Öğrenme	29
3.4.3. Finans ve Pazarlama	29
3.4.4. Rotalama Problemleri	29
3.4.5. Çizelgeleme Problemleri.....	30
3.4.6. Gezgin Satıcı Problemi	30
4. DOĞAL OLMAYAN SEÇİLİM VE GENOM DÜZENLEME.....	31
4.1. Doğal Seçilim.....	31
4.2. Doğal Olmayan Seçilim	32
4.3. Genom Düzenleme	33
4.3.1. ZFN (Çinko Parmak Nükleazlar).....	34
4.3.2. TALEN (Transkripsiyon Aktivatörü Benzeri Efektör Nükleazlar).....	35
4.3.3. CRISPR/Cas9 (Düzenli Aralıklı Kümelenmiş Kısa Palindromik Tekrarlar) .	36
5. BULGULAR.....	38
5.1. Çok Düşük Korelasyona Sahip Veri Seti Üzerinde Yapılan Çalışmanın Bulguları	38
5.2. Düşük Korelasyona Sahip Veri Seti Üzerinde Yapılan Çalışmanın Bulguları.....	41
5.3. Orta Korelasyona Sahip Veri Seti Üzerinde Yapılan Çalışmanın Bulguları.....	44
5.4. Yüksek Korelasyona Sahip Veri Seti Üzerinde Yapılan Çalışmanın Bulguları	47
5.5. Çok Yüksek Korelasyona Sahip Veri Seti Üzerinde Yapılan Çalışmanın Bulguları	50
6. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	54
KAYNAKÇA	56

TABLULAR LİSTESİ

	Sayfa No
Tablo 2.1. Farklı Korelasyonlar İçin Üretilmiş Veri Seti	16
Tablo 5.1. Korelasyon Değerleri	38
Tablo 5.2. Çok Düşük Korelasyona Sahip SÇP İçin Çalıştırma Sonuçları	39
Tablo 5.3. Düşük Korelasyona Sahip SÇP İçin Çalıştırma Sonuçları.....	42
Tablo 5.4. Orta Korelasyona Sahip SÇP İçin Çalıştırma Sonuçları	45
Tablo 5.5. Yüksek Korelasyona Sahip SÇP İçin Çalıştırma Sonuçları	48
Tablo 5.6. Çok Yüksek Korelasyona Sahip SÇP İçin Çalıştırma Sonuçları	51

ŞEKİLLER LİSTESİ

	Sayfa No
Şekil 2.1. Tek Noktalı Çaprazlama Örneği	11
Şekil 2.2. Çift Noktalı Çaprazlama Örneği	11
Şekil 2.3. Çok Noktalı Çaprazlama Örneği.....	12
Şekil 2.4. Tek Düzeye Çaprazlama Örneği.....	12
Şekil 2.5. Tersleme Çaprazlama Örneği	13
Şekil 2.6. Karıştırmalı Çaprazlama Örneği	13
Şekil 2.7. Yeni Geliştirilen Çaprazlama Yönteminin Kalıtsal Şeması	17
Şekil 3.1. Genetik Algoritma Akış Diyagramı.....	20
Şekil 3.2. Popülasyon, Kromozom ve Gen Gösterimi	22
Şekil 3.3. Turnuva Seçimi Yöntemi.....	24
Şekil 3.4. Rulet Çemberinde Bireylerin Yüzdesel Oranları	25
Şekil 3.5. Mutasyon Operatörü Örneği	26
Şekil 3.6. Çaprazlama Örneği	27
Şekil 4.1. DNA Tamir Mekanizmaları NHEJ ve HDR.....	33
Şekil 4.2. TALEN Genom Düzenleme Sisteminin Çalışma Mekanizması.....	35
Şekil 4.3. CRISPR Teknolojisinin Tarihi.....	37
Şekil 5.1. Çok Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilir En İyi Çözüme İlk Ulaştıkları İterasyonların Histogram Grafiği.....	40
Şekil 5.2. Çok Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşabildiği En İyi Çözümlerin İlk İterasyonlarının Histogram Grafiği	40
Şekil 5.3. Çok Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilir En İyi Çözüme Ulaştıkları İterasyonlar.....	40
Şekil 5.4. Çok Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Elde Ettiği En İyi Çözümler.....	41

Şekil 5.5. Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözümüne İlk Ulaştıkları İterasyonların Histogram Grafiği.....	42
Şekil 5.6. Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşabildiği En İyi Çözümlerin İlk İterasyonlarının Histogram Grafiği.....	43
Şekil 5.7. Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b).....	43
Şekil 5.8. Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Elde Ettiği En İyi Çözümler	44
Şekil 5.9. Orta Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözümüne İlk Ulaştıkları İterasyonların Histogram Grafiği.....	46
Şekil 5.10. Orta Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşabildiği En İyi Çözümlerin İlk İterasyonlarının Histogram Grafiği.....	46
Şekil 5.11. Orta Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözümüne Ulaştıkları İterasyonlar.....	46
Şekil 5.12. Orta Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Elde Ettiği En İyi Çözümler	47
Şekil 5.13. Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözümüne İlk Ulaştıkları İterasyonların Histogram Grafiği	49
Şekil 5.14. Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşabildiği En İyi Çözümlerin İlk İterasyonlarının Histogram Grafiği.....	49
Şekil 5.15. Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözümüne Ulaştıkları İterasyonlar	50
Şekil 5.16. Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Elde Ettiği En İyi Çözümler	50
Şekil 5.17. Çok Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözümüne İlk Ulaştıkları İterasyonların Histogram Grafiği.....	52
Şekil 5.18. Çok Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşabildiği En İyi Çözümlerin İlk İterasyonlarının Histogram Grafiği	52
Şekil 5.19. Çok Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözümüne Ulaştıkları İterasyonlar.....	53

Şekil 5.20. Çok Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Elde Ettiği En İyi Çözümler..... **53**

SİMGELER VE KISALTMALAR LİSTESİ

GA : Genetik Algoritma

SÇP : Sırt Çantası Problemi

GUI : Graphical User Interface

SLSCP : Sınırlı Sırt Çantası Problemi

HDR : Homology Directed Repair (Homoloji Yönlendirmeli Onarım)

NHEJ : Non-Homolog End-Joining (Homolog Olmayan Uç Bağlanması)

MAX : Maksimum

MIN : Minimum

PSO : Parçacık Sürü Optimizasyonu

PMX : Partially Matched Crossover (Parçalı Eşleme Çaprazlaması)

OX : Order Crossover (Sıralı Çaprazlama)

CX : Cycle Crossover (Devirli Çaprazlama)

LOX : Linear Order Crossover (Doğrusal Sıralı Çaprazlama)

DNA: Deoksiribonükleik Asit

Cas : CRISPR Bağımlı Protein

CRISPR : Düzenli Aralıklı Kümelenmiş Kısa Palindromik Tekrarlar

TALEN : Transkripsiyon Aktivatörü Benzeri Efektör Nükleazlar

ZFN : Çinko Parmak Nükleazı

TALE : Transkripsiyon Aktivatörü Benzeri Efektör

RNA : Ribonükleik Asit

1. GİRİŞ

Son yıllarda, genetik modifikasyon ve genom düzenleme teknolojisi üzerine yapılan arařtırmalar sonucunda bu kavramlar giderek daha popöler hale gelmişlerdir. Bu alandaki çalışmalarını yukarılara taşıyan çinko parmak nükleazlar (ZFN), transkripsiyon aktivatörü benzeri efektör nükleazları (TALEN) ve düzenli aralıklarla kümelenmiş kısa palindromik tekrarlar (CRISPR) gibi yeni nesil güçlü genom düzenleme araçları, Deoksiribonükleik Asit (DNA)'da hedeflenen bölgeye bağlanabilmekte ve bu sayede genom düzenlemede fark yaratmaktadırlar. ZFN ve TALEN teknolojileri bazı dezavantajlara sahip olsa da özellikle CRISPR/Cas9 teknolojisi, maliyet ve performans açısından kullanıcı beklentilerini karşılamış ve son yıllarda yaygın olarak kullanılan bir genom düzenleme aracı haline gelmiştir. CRISPR/Cas9 genom düzenleme teknolojisinde, CRISPR bağımlı protein (Cas9) endonükleazı yardımıyla genoma müdahale edilerek başka bir organizmadan alınan gerekli genom parçalarının hedef organizmaya aktarılması mümkün olmaktadır (Şenyar, 2020).

Evrim ve doğal seleksiyon kavramları dikkate alınarak geliştirilen, en başarılıyı aramayı hedefleyen genetik algoritmalar (GA); günümüzde farklı problemlerin çözümünde sıklıkla kullanılmaktadır. GA, hastalık tahmini, haritalama, yerleşim ve daha birçok farklı optimizasyon problemlerinde başarılı bir şekilde uygulanmaktadır. GA geliştirilirken ilk olarak çözümler aynı boyutlarda ikili sayı düzeninde vektörler şeklinde gösterilmektedir. Bu şekilde olası çözümlerin kodlanmasıyla elde edilen çözüm grubunun oluşturduğu popülasyondaki her elemanın uygunluk değeri hesaplanmaktadır. Güncelleme aşamasında ise gelecek kuşaklara iyi kalıtsal özelliklerin aktarılmasını sağlayacak bireyler seçilmektedir. Eski kuşaktan daha iyi kromozomlar oluşturmak için kullanılan çaprazlama yönteminde ise popülasyondan rastgele seçilen iki kromozomun karşılıklı çaprazlama işlemi gerçekleştirilir. Popülasyon içinde çeşitliliği sağlamak ve optimizasyon boyunca yerel tepe veya çukurlardan kaçınmak için ise mutasyon operatörleri kullanılmaktadır. Tüm bu işlemlerin sonunda meydana gelen yeni kuşak ise kendinden sonra gelecek olan kuşağın ebeveyni olmaktadır (Emel & Taşkın, 2002).

GA'larda kullanılan birçok operatör mevcuttur bunların en önemlisi çaprazlama operatörüdür. Bunun nedeni GA'nın performansını en çok çaprazlama operatörünün etkilemesidir (Ismkhan & Zamanifar, 2012). GA'ların ilk kullanılmaya başlandığı günden günümüze kadar, arařtırmacılar tarafından birçok çaprazlama yöntemi ortaya atılmıştır. Bunların en bilinenlerinin başında tek noktalı ve çift noktalı çaprazlama gelmektedir. Çaprazlama operatörünün GA içinde ne sıklıkla uygulanacağını gösteren parametre çaprazlama

olasılığıdır. Bu deęerin doęru belirlenmesi elde edilecek çözümlerin kalitesi açısından önem taşımaktadır (Javidi vd., 2015).

Bu tez çalışmasında; günümüzde genom düzenleme teknolojilerinde yaşanan gelişmeler doğrultusunda doğal seçilim süreçlerinin yeni bir aşamaya taşınması temel alınmıştır. Genetik bilimindeki bu gelişmelerin sezgisel algoritmaların önde gelen çeşitlerinden biri olan GA'lara ne gibi bir katkı sunabileceği üzerinde durulmuştur. Bu doğrultuda genom düzenleme araçlarının çalışma mantığı GA'lara uyarlanmaya çalışılmış ve yeni bir çaprazlama yöntemi geliştirilmiştir. Geliştirilen çaprazlama yöntemi normal haliyle kıyaslanmış ve elde edilen sonuçlar incelenmiştir.

Bu tez altı bölümden oluşmaktadır: Giriş bölümü olan birinci bölümde tezin motivasyonundan, içeriğinden ve amacından bahsedilmiş ve literatürdeki benzer çalışmalardan söz edilmiştir.

İkinci bölümde tezde kullanılan materyal ve yöntemler üzerinde durulmuştur. Çalışmanın gerçekleştirildiği MATLAB paket programı hakkında bilgi verilerek başlanan bu bölüme, üzerinde çalışılan problem türü olan Sırt Çantası Problemi (SCP) ve çeşitlerinden bahsedilerek devam edilmiştir. Sonrasında çaprazlama operatörü ve çeşitleri açıklanmıştır. Son olarak GA'larda doğal seçilim uygulamasının nasıl gerçekleştirildiğinden söz edilip kullanılan veri setleri hakkında bilgi verilmiştir.

Üçüncü bölümde GA'lar konusu ele alınmıştır ve GA'larla ilgili temel kavramlar açıklanmıştır. Bu kapsamda, gen, kromozom, popülasyon, amaç fonksiyonu gibi kavramlar hakkında bilgi verilmiştir. Ayrıca bu bölümde GA'larda kullanılan operatörler ve kontrol parametreleri detaylı bir şekilde açıklanmıştır. Son olarak GA'ların kullanım ve uygulama alanları üzerinde durulmuştur.

Dördüncü bölümde doğal ve doğal olmayan seçilim kavramları açıklanmıştır. Sonrasında genom düzenleme konusu ele alınmış, genom düzenleme araçlarından ZFN, TALEN ve CRISPR/Cas9 yöntemleri tanıtılmıştır.

Çalışmanın beşinci bölümünde, yeni oluşturulan çaprazlama yöntemi ve normal çift noktalı çaprazlama yönteminin beş farklı korelasyon altında karşılaştırılması sonucunda elde edilen bulgular paylaşılmıştır. Çok düşük, düşük, orta, yüksek ve çok yüksek korelasyona sahip veriler üzerinde iki çaprazlama yönteminin performansları kıyaslanmıştır. Kıyaslama sonrası ortaya çıkan grafikler, tablolar ve veriler bu bölümde sunulmuştur.

Çalışmanın altıncı bölümünde bulgular kısmında sunulan değerlerin yorumlanmasına geçilmiş ve çalışmanın sonucu anlatılmıştır. Son olarak gelecekte bu konuda yapılabilecek çalışma önerilerinde bulunulmuştur.

1.1. Tezin Amacı

Bu tez çalışmasının amacı, son yıllarda genetik biliminde yaşanan gelişmelerden yola çıkarak GA'ların performansına katkı sağlamaktır. Bu bağlamda yakın geçmişte genetik bilimini derinden etkilemiş genom düzenleme teknolojileri incelenmiş ve bu teknolojilerin çalışma mantıkları temel alınarak GA'nın ilgili operatöründe değişiklikler yapılmıştır.

Genom düzenleme araçlarının canlıların gen dizilimlerinin modifikasyonunda kullanılmasıyla yeni bir dönem başlamıştır. Bu araçların işlevlerinin artmasıyla eşey hücrelerinde dahi değişiklikler yapmak mümkün hale gelmiştir. Bu imkanlar neticesinde doğada kendiliğinden gerçekleşen seçilim süreçlerine etki edebilmenin önü açılmış ve doğal olmayan seçilim kavramı ortaya çıkmıştır.

Genetik biliminde gerçekleşen bu gelişmelerin, doğadaki kalıtsal süreçlerden esinlenerek üretilmiş olan GA'lara uyarlanması ele alındığı bu çalışmada, GA'nın çaprazlama operatörü üzerinde çalışmalar yapılmış ve yeni bir çaprazlama tekniği oluşturulmuştur. Yeni oluşturulan çaprazlama tekniği klasik çift noktalı çaprazlama operatörünün üzerinde değişiklikler yapılması sonucunda ortaya çıkmıştır. Oluşturulan yeni çaprazlama tekniğinin klasik çift noktalı çaprazlama tekniğiyle kıyaslanması amacıyla farklı korelasyonlarda veri setleri üretilmiştir. İki çaprazlama yöntemi beş farklı korelasyondaki veri seti ile SÇP'nin çözümü için kullanılmıştır. Bu sayede klasik çift noktalı çaprazlamadan daha verimli bir çaprazlama tekniği oluşturularak GA'nın hız ve başarı oranını iyileştirmek amaçlanmıştır.

1.2. Literatür Araştırması

Bugün, gen düzenleme teknolojileri sağlıktan beslenmeye, hayvanlarda uygulanabilirliğinden bitkilere geniş bir çalışma alanına sahiptir. Genetik bozukluklar ve kanser gibi pek çok hastalığın iyileştirilmesi için ışık olan gen tedavisinde son zamanlarda yaygın olarak kullanılan yöntemlerden biri, kümelenmiş düzenli aralıklı kısa palindromik tekrarlar olarak adlandırılan CRISPR yöntemidir. Samsunlu (Samsunlu, 2021) çalışmasında CRISPR/Cas9 tekniğinin kişilerin sağlıklarını iyileştirerek yaşam kalitelerini artırabileceğine değinmiş ve bu sebeple bu tekniğin önümüzdeki günlerde daha yoğun bir şekilde kullanılacağını vurgulamıştır. İnsanların hayatlarını olumsuz bir şekilde etkileyen ve yaygın bir

şekilde görülen işitme kaybı hastalıklarının önlenmesinde ve tedavi edilmesinde yine gen terapi yaklaşımları kullanılmaya başlanmıştır. Sensörinöral işitme kaybı ile ilgili gen tedavi tekniklerinin ele alındığı çalışmada gen tedavisinin önümüzdeki yıllarda işitme problemi yaşayan hastalar için oldukça etkili ve güvenli bir tedavi yöntemi olacağı vurgulanmaktadır (Kelleci, 2022).

Topçu ve Nasuhbeyoğlu tarafından temeli gen düzenleme teknolojilerine dayanan aşı çalışmalarının güvenliği, üretimi, karşılaşılan sorunlar gibi kavramlar koronavirüs hastalığı (Covid-19) çerçevesinde araştırılmıştır. Bu çalışmada gen düzenleme tekniklerinin gelişmesiyle güvenli ve verimli aşı üretiminde artış olacağı belirtilirken kişiye özgü aşı geliştirilmesinin bile gerçekleştirilebileceği öngörülmektedir (Topçu & Nasuhbeyoğlu, 2020).

Hastalıkların yanında insan hayatını olumsuz etkileyen durumlardan biri de artan nüfusun sebep olduğu hayvansal gıdalarda meydana gelen yetersizliktir. Bu noktada CRISPR/Cas9 tekniğinin hayvan ıslağından, hayvan yetiştiriciliğine kullanılarak hayvanlardan elde edilen verimin artırılabilmesi, dirençli ırkların yetiştirilmesiyle hayvanlarda meydana gelebilecek hastalıkların önüne geçilebilmesinin mümkün olduğu vurgulanmaktadır (Çıldır vd., 2018; Kader Esen vd., 2020). Yine hayvansal gıdalarda yetersizliğe sebep olan nüfus artışı, buna bağlı olarak tarımsal arazilerde meydana gelen azalmalar, iklim değişiklikleri, bitki üretimi için ciddi engeller oluşturmaktadır. Bu sorunun önüne geçebilmek için tekrar CRISPR/Cas9 temelli genom düzenleme tekniklerinden faydalanılmıştır (Baltacı & Arslan, 2020; Bölükbaş vd., 2022; Tufan, 2019).

GA'lar ile karmaşık problemler, kısa sürede ve en uygun şekilde çözülebilmektedir. Ermutaf (Ermutaf, 2019) tarafından GA kullanılarak geliştirilen, teslimat süresi veya elde edilecek kar göz önünde bulundurularak oluşturulan konteyner yükleme sistemi önerilmiştir. Bu sistem ile konteynerlere yüklenen ürünlerin mağazalara veya şirketlere dağıtımı için en iyi rotanın belirlenmesi de sağlanmaya çalışılmıştır.

GA'nın önemli adımlarından olan başlangıç popülasyonunu oluşturmak için kullanılan sözde rassal popülasyon oluşturma tekniği üzerinde N noktalı çaprazlama yönteminin etkisi Sanaç ve Karcı (Sanaç & Karcı, 2005) tarafından araştırılmıştır. Araştırma sonucunda sözde rassal başlangıç popülasyonu üzerinde N noktalı çaprazlama metodunun pozitif etkileri görülmüştür.

Altı farklı çaprazlama yönteminin iki boyutlu kesme-yerleştirme problemi üzerindeki etkisinin araştırıldığı çalışmada, en küçük kayıp değeri sıralamaya dayalı çaprazlama tekniği

kullanıldığında elde edilirken, bu kayıp deęerinin sırasıyla devirli aprazlama, doęrusal aprazlama, kısmi eşleřtirmeli aprazlama, dzenli aprazlama, Stefan Jakobs aprazlama tekniklerine doęru arttıęı gzlemlenmiřtir (Bingl & Ske, 2004).

Altan (Altan, 2013) doktora tezinde geleneksel GA alıřmalarında yer alan aprazlama teknikleri yerine yeni bir aprazlama yntemi nermiřtir. Geliřtirilen aprazlama yntemine gre kromozomlar eşleřirken onların benzerlik deęerleri hesaplanmış ve rassallıktan uzaklařılmıştır. nerilen metot GA'ların kullanıldıęı iki farklı problem tipinde uygulanmış ve yeni geliřtirilen teknięin geleneksel GA'ya gre daha olumlu sonular verdięi grlmüşür.

Yaman ve Yılmaz (Yaman & Yılmaz, 2010) alıřmalarında iki farklı aprazlama yntemini anten dizisi sentez problemi rneęi zerinde karřılařtırmışlardır. Arařtırmada tek noktalı aprazlama teknięinin ok noktalı aprazlama teknięine gre daha iyi sonular verdięini bulmuşlardır.

Farklı aprazlama operatrlerinin izelgeleme problemlerindeki etkisini belirlemek amacıyla gerekleřtirilen alıřmada altı ayrı aprazlama operatr kullanılmıştır. Pozisyona Dayalı aprazlama, Sıraya Dayalı aprazlama, Kısmi Planlı aprazlama, Dairesel aprazlama, Doęrusal Sıralı aprazlama ve Sıralı aprazlama tekniklerinin kullanıldıęı arařtırmada makine sayısının etkili aprazlama ynteminde belirleyici olduęu grlmüşür (Fıęlalı & Engin, 2002).

oklu-Ebeveyn aprazlama operatrlerinin karřılařtırılması, znitelik seimi problemi zerinde gerekleřtirilmiştir. Arařtırma sonucunda 5 ebeveynli oluřum tabanlı aprazlama operatrnn tek biimli temelli aprazlama, uygunluk temelli aprazlama ve diyagonal aprazlamaya gre daha iyi performans gsterdięi gzlemlenmiřtir (Ka, 2022).

2. MATERYAL VE YÖNTEM

Bu bölümde çalışmanın gerçekleştirildiği MATLAB programı, GA'nın uygulandığı problem türü olan SÇP ve gen aktarımını uyarlamak amacıyla üzerinde çalışılan GA operatörü çaprazlama açıklanmıştır. Son olarak yeni üretilen çaprazlama yöntemi üzerinde durulmuştur.

2.1. MATLAB Paket Programı

Bu çalışmada GA üzerinde geliştirmeler ve değişiklikler yapmak amaçlanmıştır. Program geliştirme ortamı olarak MATLAB paket programının 2019a sürümü tercih edilmiştir. Matrix Laboratory kelimelerinin kısaltılmasından elde edilen isme sahip MATLAB paket programı, özellikle dizi ve matris yapısına sahip problemlerin çözümüne uygun bir yapıya sahiptir.

Yüksek seviyeli bir programlama dili olan MATLAB algoritma geliştirmek, bilgiyi analiz etmek, bilgiyi görselleştirmek ve nümerik hesaplamalar yapmak için uygun bir ortam sunmaktadır. Sembolik ve sayısal hesaplamalarda kullanılabilmesi, gelişmiş çizim işlemlerine imkân sağlaması, C/C++ programlama dilleri ile tümleşik bir şekilde çalışabilmesi, içinde bulundurduğu çok sayıda araç kutusu yardımıyla birçok mühendislik ve bilimsel araştırma alanlarında kolaylıklar sağlaması sonucunda tüm dünyada yaygın olarak tercih edilen bir yazılım haline gelmiştir. Bilgisayar dünyasının en gelişmiş problem çözme araçlarından biri olarak tanımlanan MATLAB, çeşitli alanlardan araştırmacılar, akademisyenler ve öğrenciler tarafından sıklıkla tercih edilmektedir (Hanselman & Littlefield, 2005).

Sahip olduğu çok sayıda hazır fonksiyon ve grafiksel kullanıcı arayüzü olarak adlandırılan Graphical User Interface (GUI) uygulamaları sayesinde uzay çalışmalarından tıp çalışmalarına kadar uzanan geniş alan yelpazesine hizmet vermektedir (Görgülü & Bek, 2006).

2.2. Sırt Çantası Problemi

SÇP Dantzing'in öncülük ettiği 50'li yılların başındaki çalışmalardan bu yana üzerinde yoğun olarak çalışmalar yürütülen bir problem türüdür. Tam sayılı doğrusal programlama olarak adlandırılan optimizasyon problemleri içinde yer alır. Özellikle son yıllarda kuramsal problemler ve uygulamalı problemler üzerine çalışan araştırmacıların ilgisini çekmektedir (Saraç, 2007).

SÇP yapısal olarak incelendiğinde yöneylem araştırması olarak adlandırılmaktadır, matematiksel olarak bakıldığında ise kombinatoryal bir optimizasyon problemidir. Yöneylem araştırması belirli kısıtlar altında, belirli bir amaca yönelik en iyi çözümü bulmayı amaçlar.

Problemin yapısına göre en uygun çözüm maksimum (max) ya da minimum (min) değere yaklaşma şeklinde seyreder. Problemin karar değişkenleri yapısal olarak ikiye ayrılır bunlar; kesikli (kombinatorial) ve süreklidir. Karar değişkenlerinin kesikli bir yapıya sahip olabilmesinden dolayı SÇP kombinatorial bir optimizasyon problemi olarak tanımlanmaktadır (Yavuz, 2021).

SÇP ana hatlarıyla, belirli kapasitedeki bir sırt çantasına, çantanın kapasitesini aşmayacak şekilde en değerli eşyaları doldurma şeklinde özetlenebilir. Bir gezginin yolculuğa çıkmadan önce çantasına hangi eşyaları alması gerektiği üzerinden inceleyecek olursak hedefimiz en gerekli (değerli) eşyaları en çok fayda sağlayacağı şekilde sırt çantasına doldurmak olacaktır. Çanta doldurulurken el feneri, pusula gibi eşyalardan bir tane alınması yeterliyken, konserve yiyeceklerden birden çok sayıda alınması gerekeceği şeklinde senaryolarla karşılaşılabılır.

Günlük hayatımızda birçok problem SÇP şekline getirilerek çözüme ulaştırılmaktadır. Sermaye dağıtımı ve yönetimi, portföy dizaynı, kaynak paylaşımı, yatırım tercihleri gibi finansal alanlarda, mal yüklenmesi, taşıt paylaşımı ve yük dağılımları gibi endüstriyel alanlarda SÇP mimarisine gerek duyulmaktadır. Çalışılan her problemin kendine özgü bir yapısı olduğundan amaçlanan çözüm kümesine ulaşmak genellikle kolay değildir. Bundan dolayı üzerinde çalışılan probleme uygun ileri düzey algoritmalara gerek duyulmaktadır. Son yıllarda en çok tercih edilen problem çözüm yaklaşımı sezgisel algoritmalarlardır. SÇP çözümünde en çok karşılaşılan sezgisel algoritmaların başında GA'lar, parçacık sürü optimizasyonu (PSO), benzetilmiş tavlama ve karınca koloni optimizasyonu gelmektedir (Yaman, 2014).

SÇP içerdiği kısıtlar, karar değişkenlerinin yapısı, nesne seçimi, çanta adeti gibi değişkenlere bağlı olarak çeşitlere ayrılmıştır. Aşağıda başlıklar halinde SÇP çeşitlerine değinilmiştir.

2.2.1. Sıfır-Bir Sırt Çantası Problemi

Sırt Çantası Problemleri içinde en temel problem türü olan ve üzerinde en çok çalışma yapılan SÇP çeşididir. Bu tür SÇP'de 0 ve 1 rakamları bir nesnenin çantanın içinde bulunup bulunmayacağını gösterir. Eğer nesne çantaya alınacaksa 1 rakamı ile alınmayacaksa 0 rakamı ile belirtilir. Sıfır-Bir sırt çantasına ait formülasyon eşitlik 2.1'de belirtildiği gibidir. Formülde çantaya konulacak olan n adet nesne için x ve v değerlerinin çarpımı hesaplanarak sonuca ulaşılır. Bir nesnenin çantada olup olmayacağı x değeri ile belirtilir eğer çantada nesne yoksa x değeri 0 aksi durumda x değeri 1 olarak hesaplanır. Her bir nesne hesaplamaya dahil

olacağından i indisiyle nesnenin sırası gösterilmektedir. Çantaya alınacak olan nesnenin sağlayacağı fayda ise v değişkenine karşılık gelir. Her bir nesne için hesaplanan değerlerin toplamı bize o kombinasyonun sağlayacağı maksimum faydayı verir. Problemin amacı en iyi fayda değerine ulaşmaktır (Başkaya, 2005).

$$\sum_{i=1}^n v_i x_i \quad (2.1)$$

$$\sum_{i=1}^n w_i x_i \leq W, \quad x_i \in \{0,1\}, \quad \forall_i \in \{1, \dots, n\} \quad (2.2)$$

$$\min(\sum_{i=1}^n v_i (1 - x_i) + \alpha (\frac{\sum_{i=1}^n w_i x_i}{W} - 1, 0)) \quad (2.3)$$

Probleme ait bazı kısıtlar mevcuttur. Çantanın alabileceği en yüksek kapasite göz önünde bulundurularak çantaya nesne eklenmesi işlemi sürdürülür. 2.2 eşitlik numarası ile belirtilen kısıtlamadan da görüleceği üzere çantanın taşıyabileceği en yüksek değer W harfiyle belirtilmiştir. Diğer kısıtlar ise x değerinin 0 ile 1 olması ve n adet nesnenin tamamının dahil edileceği bir hesaplama yapılmasıdır. Belirlenen α değerine göre ihlal hassasiyeti belirlenerek toplam maliyet fonksiyonu eşitlik 2.3'teki gibi hesaplanır.

2.2.2. Bir Boyutlu Sırt Çantası Problemi

Sırt çantası problemleri içerdikleri kısıtlar bakımından ikiye ayrılır. Bunlar bir boyutlu ve çok boyutlu sırt çantası problemleridir. Problemden boyut kavramını belirtilen kısıtların sayısı belirler. Örneğin bir dağcı probleminde tek kısıt ağırlık olarak belirtilmişse bu problem bir boyutlu SÇP olarak ifade edilir (Berberler, 2009).

2.2.3. Çok Boyutlu Sırt Çantası Problemi

Bu tip SÇP'de, problemin kısıt sayısının birden fazla olması gerekir. Örnek olarak çantaya konulacak olan nesnenin ağırlığının yanı sıra kapladığı alanın da kısıt olarak belirlenmesi problemi bir boyutlu SÇP olmaktan çıkararak çok boyutlu SÇP haline getirecektir (Uygur, 2010).

2.2.4. Sınırlı Sırt Çantası Problemi

Sınırlı sırt çantası problemi (SLSÇP) genel yapısı itibariyle sıfır-bir sırt çantası problemine benzer yapıdadır. Fakat sıfır-bir sırt çantasında bir nesnenin çantaya alınıp alınmayacağına dikkat edilirken, SLSÇP'de alınacak olan nesnelerin belirli sınırlar dahilinde çantaya kaç adet konulacağına da formüle eklenmesi gerekir. Her nesneye ait özdeş kopyalarında probleme dahil olması ile karmaşık problemlerin uyarlanmasına uygun bir yapı elde edilir (Martello & Toth, 1990).

SLSCP’de kesin sonuç üreten ve ideal çözüme yaklařmaya çalıřan algoritmalar kullanılır. Problemin kesin bir çözüme ulařılması hedeflendiğinde Dinamik Programlama (DP) tercih edilir. Eđer hedeflenen yaklařık sonuçlar ise tercih edilebilecek yöntemler Dal-Kesme Algoritması, Dal-Sınır Algoritması ve Aęgözlü Yaklařım Algoritmasıdır (Martello & Toth, 1990).

2.2.5. Sınırsız Sırt Çantası Problemi

Sınırsız sırt çantası problemi, SLSCP’nin bir özel durum sonucunda farklılařmış halidir. SLSCP’de her nesneden birden fazla sayıda seçilip çantaya konulma durumu vardır. Fakat seçilen nesnelerin adet olarak bir üst sınırı bulunmaktadır. Sınırsız sırt çantası probleminde ise seçilecek nesnelerin adeti tamsayı olmak koşuluyla, herhangi bir üst sınır belirtilmeden sınırsız olarak kabul edilir (Martello & Toth, 1990).

2.2.6. Diđer Sırt Çantası Problemleri

SÇP üzerinde yıllarca yapılan çalıřmalar ve arařtırmalar neticesinde birçok SÇP çeřidi ortaya çıkmıřtır. Bunlardan en çok tercih edilenleri çok seçmeli sırt çantası problemi, çoklu sırt çantası problemi, karesel sırt çantası problemi, doęrusal olmayan sırt çantası problemi ve alt küme toplamı problemleridir.

Çok seçmeli sırt çantası probleminde her nesnenin belirli bir sayıda çeřidinin olduęu ve bu çeřitlerin arasından seçim yapılması durumu ele alınır. En büyük faydaya ulařmak üzere her nesneye ait topluluklardan optimal seçimler yapılarak çözüme ulařılır (Kellerer vd., 2003).

SÇP’de sırt çantası sayısının birden fazla olduęu senaryolar mevcuttur. Nesneler bir çanta yerine birden fazla sayıda çantaya konulabilmektedir. Bu tip problem türüne çoklu sırt çantası problemi adı verilmektedir. Nesnelerin konulduęu çantaların boyutlarının eřit olması ve farklı olmasına iliřkin olarak problemin çözümleri farklılık gösterebilmektedir (Martello & Toth, 1990).

Karesel sırt çantası probleminde çantaya konulacak olan nesnelerin birbirleriyle olan iliřkileri göz önüne alınır. Bu tip problemlerde çantaya konulan nesnelerin birlikte seçilmeleri durumunda oluřturacakları fayda miktarı farklılařmaktadır. Bu doęrultuda birlikte çantaya konulması en faydalı olacak seçimler yapılarak ideal bir çözüm üretilmektedir (Kellerer vd., 2003).

Doęrusal olmayan sırt çantası problemi, karar deęiřkenlerinin alabileceęi deęerlerin herhangi bir kısıt altında ele alındıęı problem çeřididir. Deęiřkenin kesikli veya sürekli olması,

ayrıştırılabilir ya da ayrıştırılamaz fonksiyonlar içermesi gibi durumlarda tercih edilmektedir (Saraç, 2007).

Bu bölümde literatürde diğerlerine oranla daha az karşılaşılan sırt çantası çeşitlerine değinilmiş olup bu problem çeşitleri kısaca ele alınmıştır. Her geçen gün yapılmakta olan yeni çalışmalar ve araştırmalar neticesinde farklı problem tipleri ortaya çıkmaya devam etmektedir.

2.3. Çaprazlama (Crossover) Operatörü

Ebeveynlerin bir araya gelerek eşleşmesi ve yeni bireyler ortaya çıkarması sürecine GA'larda çaprazlama operatörü adı verilir. Çaprazlama işlemi popülasyondaki bireylere ait genlerin yer değiştirmesini ve ortaya farklı bireylerin çıkmasını sağlar (Holland, 1992). Literatürde çok farklı çaprazlama türleri üzerinde durulmuştur. Çalışmanın bu kısmında aşağıda listelenen çaprazlama çeşitleri ele alınacaktır.

- Tek Noktalı Çaprazlama (Single Point Crossover)
- Çift Noktalı Çaprazlama (Double Point Crossover)
- Çok Noktalı Çaprazlama (Multi Point Crossover)
- Tek Düzey Çaprazlama (Uniform Crossover)
- Diğer Çaprazlama Operatörleri

2.3.1. Tek Noktalı Çaprazlama (Single Point Crossover)

GA'larda kullanılan çaprazlama operatörleri arasında en basit yapıda olanıdır. İlk olarak popülasyonu oluşturan tüm bireyler rastgele birbirleriyle eşleştirilir. Önceden belirlenmiş olan çaprazlama oranı dikkate alınarak çaprazlamaya alınacak çiftler belirlenir. Çaprazlamaya uğrayacak olan bireylerin gen uzunluğu n sayısı ile gösterilecek olursa 1 ile $n-1$ arasında rassal bir sayı üretilir. Üretilen bu sayı çaprazlama noktası olarak adlandırılır. İki bireyin çaprazlamaya alındığı işlemde çaprazlama noktasından sonra gelen bölümlerin yer değiştirilmesi sonucunda Şekil 2.1'de görüldüğü gibi iki yeni birey üretilir (Çetin, 2002).

Çaprazlamada üretilen bireyler ebeveynlerinden farklı olsalar da ebeveynlerinin özelliklerini korurlar. Eğer ebeveynler arasında yüksek uyum söz konusu ise yavruların ebeveynlerinden daha başarılı olması ihtimali yüksektir. Fakat tam aksi durum söz konusu ise düşük uyuma sahip yavrular meydana gelecektir. Çaprazlama olasılığı bu durumların önüne geçmek için kullanılmaktadır (Ağalday, 2018).

Ebeveyn 1	=	1101010101
Ebeveyn 2	=	0001011100
Yavru 1	=	1101011100
Yavru 2	=	0001010101

Şekil 2.1. Tek Noktalı Çaprazlama Örneği

2.3.2. Çift Noktalı Çaprazlama (Double Point Crossover)

Çift noktalı çaprazlama, tek noktalı çaprazlamanın gelişmiş hali olup çaprazlama noktası sayısı haricinde aynı yapıya sahiptir. Çift noktalı çaprazlamada 1 ile n-1 arasında 2 adet rastgele sayı seçilir ve bunlar çaprazlama noktaları olarak kabul edilir. Şekil 2.2’de görüldüğü üzere her bir ebeveyn belirlenen çaprazlama noktalarından bölünerek 3 parçaya ayrılır. İki çaprazlama noktasının arasında kalan parçaların yer değiştirilmesi neticesinde 2 yeni birey elde edilir (Kaya, 2006).

Ebeveyn 1	=	0101011100
Ebeveyn 2	=	1001110101
Yavru 1	=	0101110100
Yavru 2	=	1001011101

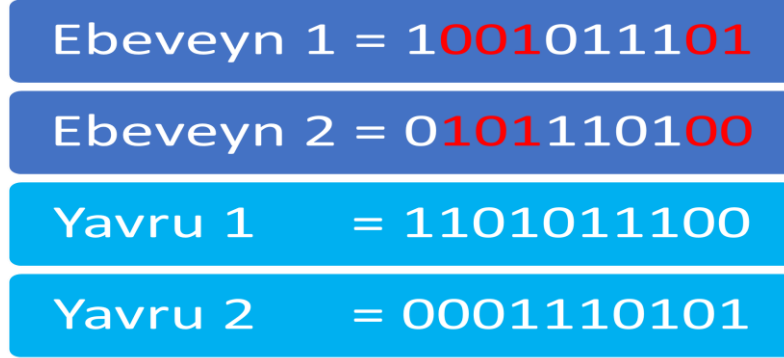
Şekil 2.2. Çift Noktalı Çaprazlama Örneği

2.3.3. Çok Noktalı Çaprazlama (Multi Point Crossover)

Çok noktalı çaprazlama yapı itibariyle çift noktalı çaprazlamanın geliştirilmiş bir çeşididir. Çift noktalı çaprazlamada 2 adet olan çaprazlama noktasının en fazla kromozomun içerdiği toplam gen sayısının bir eksiğine kadar artırılması ile elde edilen bir mimariye sahiptir. Belirlenen çaprazlama noktaları doğrultusunda kromozomların parçalanması ile başlayan süreç, parçacıkların bir sıra atlayacak şekilde yer değiştirilerek bir araya getirilmesi ile son bulur (Çetin, 2002). Bu sürece ait örnek Şekil 2.3’te verilmiştir.

Çok noktalı çaprazlamada klasik yöntem kromozom parçalarının bir sıra atlanarak yer değiştirmesi şeklinde olsa da farklı kombinasyonlar ile birey üretimi yapılmasının da bir

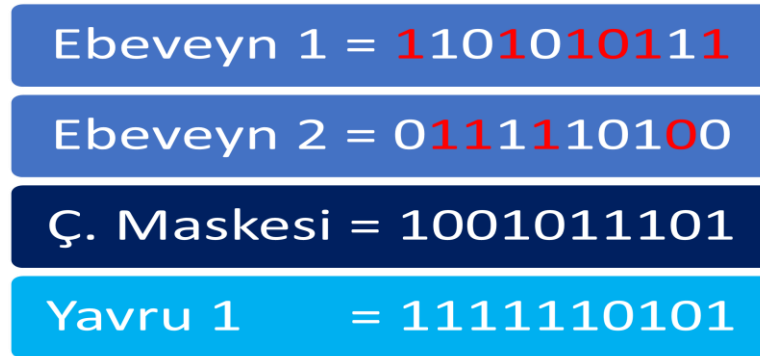
sakıncası bulunmamaktadır. Eğer kromozomun parça sayısı n adet ise n^2 kadar yeni birey elde edilebilir (Balın, 2010).



Şekil 2.3. Çok Noktalı Çaprazlama Örneği

2.3.4. Tek Düzeye Çaprazlama (Uniform Crossover)

Tek düze çaprazlama, çaprazlama noktaları yerine çaprazlama maskesi kullanılan bir çaprazlama operatörü çeşididir. Bu özelliğiyle diğer çaprazlama türlerinden ayrılmaktadır. Çaprazlama işlemine başlamadan önce 1 ile 0'lardan rastgele bir çaprazlama maskesi oluşturulur. Çaprazlama maskesinde bulunan 0 ile 1'ler bir kromozoma eşlenir. Eğer gen hanesine karşılık gelen maske değeri 0 ise 0'a karşılık gelen kromozomdan, 1 ise 1'e karşılık gelen kromozomdan ilgili gen alınır. Şekil 2.4'te görüldüğü gibi seçilen genler sıralı bir dizi haline getirilerek yeni birey elde edilmiş olur (Odetayo, 1995).



Şekil 2.4. Tek Düzeye Çaprazlama Örneği

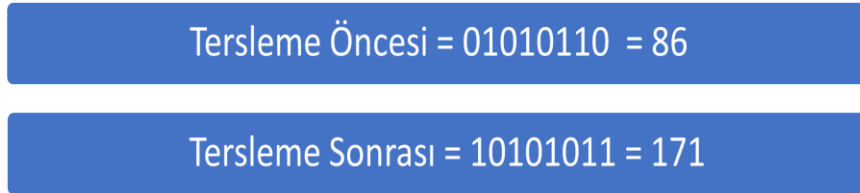
2.3.5. Diğer Çaprazlama Operatörleri

Tek noktalı çaprazlama, çift noktalı çaprazlama, çok noktalı çaprazlama ve tek düze çaprazlama en çok tercih edilen çaprazlama operatörleri olsalar da günümüzde çeşitli problemlere çözüm üretmek amacıyla birbirinden farklı çok sayıda çaprazlama operatörü

geliştirilmiştir. Bu çeşitlilikten kaynaklanan esneklikler GA'ları çekici kılmaktadır (Yeniay, 1999).

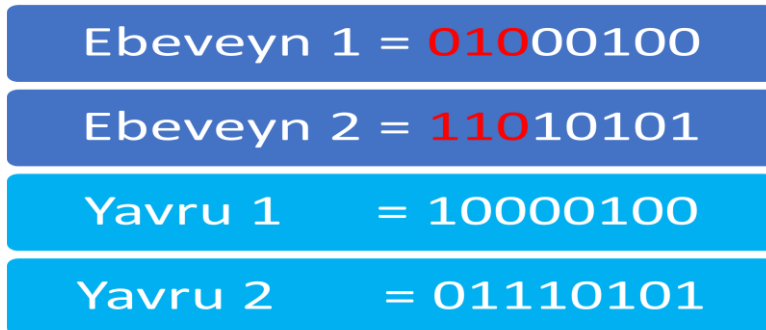
Tersleme, karıştırmalı çaprazlama, aritmetik çaprazlama, Parçalı Eşleme Çaprazlaması (PMX), Sıralı Çaprazlama (OX), Devirli Çaprazlama (CX), Doğrusal Sıralı Çaprazlama (LOX) gibi çaprazlama operatörü çeşitleri bulunmaktadır. Bu bölümde bu çaprazlama çeşitleri üzerinde kısaca durulacaktır.

Çaprazlama çeşitlerinden biri olan tersleme, kromozoma ait gen diziliminin soldan sağa okunacağı yerde sağdan sola doğru okunması sonucunda yeni kromozom elde edilen bir operatördür. GA'da problem tasarımı yapılırken 0 ile 1'lerden oluşan kromozom dizilimleri başka bir tabanda bir değere karşılık gelebilmektedir. Tersleme işlemi uygulandığında kromozomların yön değiştirmesi ile 0 ile 1'lerin diziliminin karşılık geldiği değer değişeceğinden Şekil 2.5'teki gibi farklı bir sayı elde edilmiş olacaktır (Şen, 2004).



Şekil 2.5. Tersleme Çaprazlama Örneği

Bir diğer çaprazlama çeşidi olan karıştırmalı çaprazlama tek noktalı çaprazlamaya benzer bir şekilde çalışır. Burada farklı olan kısım şu şekildedir; bir çaprazlama noktası belirlendikten sonra iki parçaya ayrılan kromozomların ikinci kısımlarına dokunulmazken, ilk kısımlarındaki değerler rastgele üretilen değerler ile yer değiştirilir. Böylece Şekil 2.6'da görüldüğü gibi başlangıç kısımları tamamen farklılaşmış olan yeni kromozomlar üretilmiş olur (Şen, 2004).



Şekil 2.6. Karıştırmalı Çaprazlama Örneği

Aritmetik çaprazlama ebeveyn olarak belirlenen kromozomlardan çeşitli aritmetik işlemler uygulanması sonucunda yeni kromozomlar üretme işlemidir. Bu aritmetik işlemlere mantıksal ve, veya işlemleri örnek verilebilir (Nabiyev, 2005).

PMX araç rotalama ve gezgin satıcı problemlerinde tercih edilen sıra temelli bir çaprazlama yöntemidir. Bu çaprazlama yönteminde iki adet ebeveyninden bir adet yeni birey üretilmesi söz konusudur. Ebeveynlerden herhangi birine ait bir alt dizi rastgele seçilerek üretilecek olan bireyin aynı konumuna kopyalanır. Geriye kalan kısımlar ise boşta kalan kullanılmamış değerler ile doldurulur (Emel & Taşkın, 2002).

Bir diğer çaprazlama yöntemi olan OX ilk olarak 80'li yıllarda gezgin satıcı problemi için önerilmiş olup sonrasında Oliver ve arkadaşları tarafından geliştirilmiştir. OX yönteminde amaç iki ebeveyn dizisinden birine ait sırayı koruyup diğer ebeveyninden bir alt dizi seçerek birey oluşturmaktır. CX yöntemi de tıpkı OX gibi Oliver isimli araştırmacı tarafından geliştirilmiş olup sıra temelli bir çaprazlama yöntemidir. Bu yöntemin tek farkı birey dizilere ait her bir konumun sırayla birinci ve ikinci ebeveyne ait dizilerden gelmesidir (Emel & Taşkın, 2002).

Bu bölümde değinilecek olan son çaprazlama yöntemi olan LOX 1991 yılında Bouffouix ve Falkenauer tarafından geliştirilmiştir. Çalışma prensibi çift noktalı çaprazlama yöntemi şeklinde olup ebeveynlerin her birini 3 parçaya böler. İş çizelgeleme problemlerini çözmeyi amaçlayan bu yöntemde yeni bireyi üretecek olan iki ebeveyne ait dizi sırasını korumak amaçlanır (Emel & Taşkın, 2002).

2.4. Genetik Algoritmalarda Doğal Olmayan Seçilim Uygulaması

Doğal seçim kavramı Darwin tarafından kaleme alınan Türlerin Kökeni isimli kitapta yer alan dört önermenin mantıksal sonucu olarak ortaya çıkmıştır. Popülasyonların üreme sürecini araştıran Darwin dört adet önermede bulunmuştur.

- Popülasyonu oluşturan bireylerin karakter, renk, vücut büyüklüğü gibi açılardan birbirinden farklı oldukları,
- Bireylerin sahip oldukları karakteristik özelliklerin en az bir dereceye kadar kalıtsal olduğu,
- Popülasyondaki bireylerin üreme ve hayatta kalma açısından (uyum gücü) farklılıklar gösterdikleri,
- Bireylerin uyum gücü değerlerinin ilgili kalıtılabilir karakterle ilişkili olduğu önermelerini yapmıştır.

Bu dört önerme sonucunda popülasyonda ilgili karakter özelliklerine sahip bireylerin sayısında artış gerçekleşecek ve popülasyon ilgili karakter özelliği açısından evrimleşecektir. Bu sürece doğal seçilim adı verilir (Gür, 2016).

Günümüzde teknoloji ve gen bilimi alanında ilerlemeler katedilmesi sonucunda canlıların genom haritalarında değişiklik yapılmasına olanak sağlanmıştır. Bu işlem için çeşitli araçlar ve kitler geliştirilmiş ve bu şekilde bireylerin gen haritalarına müdahale edilebilir hale gelmiştir. Bireylerin genom haritalarının dışarıdan müdahale sonucunda değiştirilebiliyor olması doğal seçilim sürecinin doğallığının kaybolduğu doğal olmayan seçilim senaryolarının önünü açmıştır.

Genom düzenleme araçları sayesinde canlıların genom dizilimlerinde zincir kırıkları oluşturarak başka bir canlıya ait gen parçacıklarının bu bölgelere nakli gerçekleştirilmektedir. Bu bilimsel gelişmeden faydalanarak bilgisayar bilimlerine katkı sağlamayı amaçlayan bu çalışmada evrimsel algoritmalar konusu üzerinde durulmuştur. Evrimsel algoritmaların tercih edilmesinin nedeni genetik bilimindeki birçok konu başlığını içinde barındırması ve kalıtım ile ilgili süreçlerden simüle ediliyor olmasıdır.

Çalışmada evrimsel algoritmalarından olan GA'lar üzerinde çalışılmıştır. Seçilim konusunun GA'lardaki karşılığı olan çaprazlama aşaması üzerinde doğal olmayan seçilime benzer bir senaryo gerçekleştirerek yeni bir çaprazlama yöntemi oluşturulmuştur. Doğal olmayan seçilimde yabancı bir canlıdan gen parçacığı nakli yapılması GA'ların çaprazlama bölümüne uyarlanmıştır. Bu sayede GA'larda klasik çaprazlama aşamasında iki bireyden alınan kromozom parçalarının yeni bireyleri oluşturması söz konusu iken yeni geliştirilen yöntemde üç bireyden alınan parçacıklar yeni bireyleri oluşturmaktadır. Klasik yöntemde iki ebeveynden iki birey oluşturulurken, yeni yöntemde üç ebeveynden iki birey oluşturulmaktadır. Yeni oluşturulan çaprazlama yöntemi ile üreme aşamasına dışarıdan başka bir canlının kromozom parçası aktarılmıştır. Bunun sonucunda oluşan yeni bireylerin daha fazla çeşitlilik içereceği düşünülerek GA'ların hız ve başarımları açısından iyileştirilmesi amaçlanmıştır.

GA'lar gezgin satıcı, vezir yerleşimi, sırt çantası gibi birçok problemin çözümünde kullanılmaktadır. Bu çalışmada, çözümünde GA'lardan sıkça yararlanan SÇP tercih edilmiştir. SÇP'de belirli bir kapasiteye sahip çantaya çeşitli özellik ve ağırlıktaki nesnelere yerleştirmek amaçlanır. Bu amaçla elli nesnenin sınırlı tek bir çantaya doldurulması senaryosu elli bireyden oluşan popülasyona sahip bir GA ile çözülmeye çalışılmıştır. SÇP klasik iki noktalı çaprazlama yöntemi ve yeni üretilen çaprazlama yöntemine sahip GA tarafından çözümlenerek iki çaprazlama yönteminin birbirine olan performans farklılıkları incelenmiştir. Farklı çaprazlama tasarımına sahip olup geri kalan bölümleriyle aynı olan iki GA'nın

performansının tam anlamıyla ölçülmesi amacıyla çok düşükten çok yükseğe doğru beş farklı korelasyondaki veriler üzerinde çalışmalar yapılmıştır. Korelasyonlar için üretilmiş veri seti Tablo 2.1’de sunulmuştur.

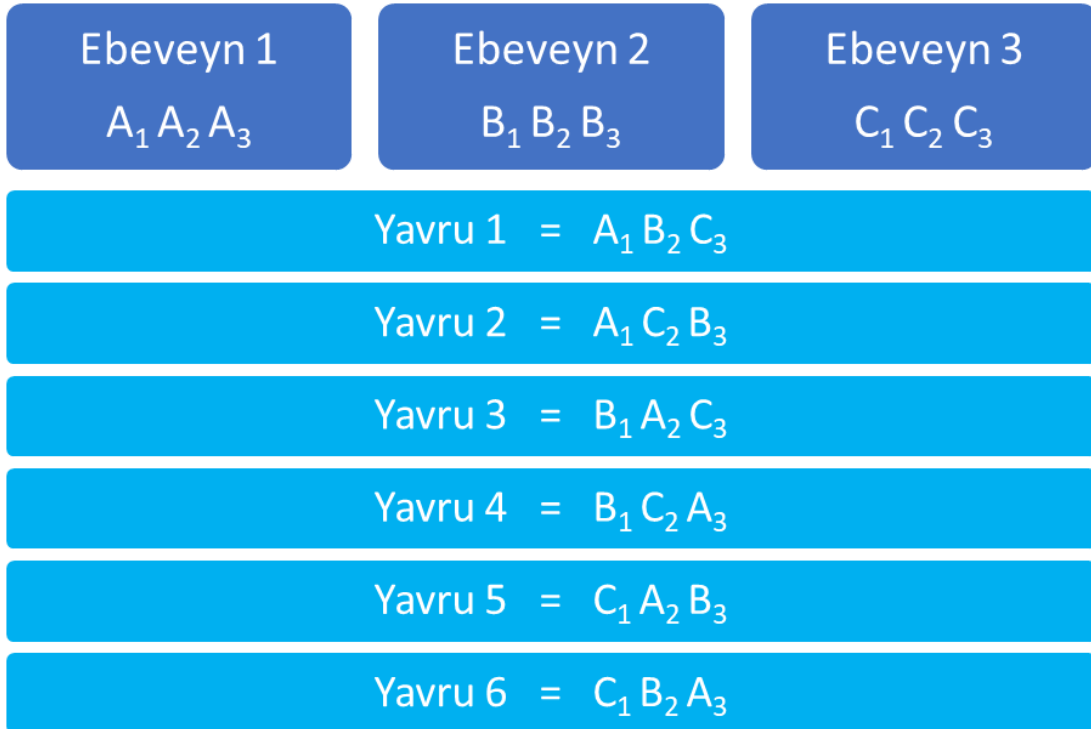
Tablo 2.1. Farklı Korelasyonlar İçin Üretilmiş Veri Seti

Çok Düşük Korelasyon	Ağırlık	718, 833, 524, 487, 201, 191, 697, 345, 756, 163, 361, 558, 823, 444, 197, 776, 687, 245, 417, 372, 544, 504, 628, 710, 420, 695, 647, 186, 675, 487, 324, 398, 782, 232, 575, 771, 195, 324, 287, 721, 305, 433, 803, 281, 575, 253, 141, 705, 874, 713
	Değer	29, 86, 79, 80, 37, 89, 63, 62, 27, 81, 42, 12, 45, 28, 61, 83, 58, 43, 29, 61, 43, 81, 75, 10, 21, 88, 63, 15, 64, 65, 20, 25, 20, 21, 84, 11, 14, 11, 10, 49, 39, 27, 15, 87, 48, 80, 52, 62, 77, 14
Düşük Korelasyon	Ağırlık	752, 825, 201, 831, 606, 178, 323, 538, 866, 872, 226, 877, 866, 488, 741, 213, 437, 833, 734, 868, 625, 128, 780, 848, 643, 706, 695, 414, 625, 237, 665, 125, 321, 136, 177, 759, 656, 353, 861, 127, 451, 405, 713, 736, 249, 492, 456, 617, 668, 704
	Değer	32, 65, 63, 23, 19, 50, 87, 37, 57, 28, 70, 30, 50, 66, 82, 87, 54, 21, 22, 30, 78, 30, 75, 29, 85, 38, 25, 30, 59, 48, 38, 77, 57, 54, 84, 33, 71, 71, 40, 55, 16, 14, 52, 73, 85, 20, 56, 48, 10, 37
Orta Korelasyon	Ağırlık	756, 480, 890, 594, 423, 420, 488, 147, 863, 609, 668, 849, 839, 761, 160, 155, 683, 497, 809, 138, 785, 497, 723, 625, 838, 653, 187, 745, 477, 242, 891, 334, 306, 677, 426, 138, 559, 226, 693, 711, 509, 885, 301, 172, 603, 184, 583, 320, 406, 167
	Değer	84, 25, 80, 75, 72, 12, 30, 21, 33, 20, 83, 92, 21, 40, 20, 11, 84, 15, 36, 35, 90, 68, 90, 11, 70, 34, 28, 76, 41, 23, 46, 33, 24, 51, 34, 27, 35, 31, 46, 56, 19, 79, 26, 18, 85, 48, 89, 21, 55, 62
Yüksek Korelasyon	Ağırlık	302, 854, 684, 654, 804, 778, 570, 422, 771, 778, 242, 568, 690, 263, 274, 883, 362, 508, 664, 756, 834, 601, 703, 231, 524, 878, 326, 796, 205, 892, 236, 710, 286, 703, 252, 698, 896, 132, 558, 126, 156, 434, 780, 116, 561, 487, 510, 641, 321, 160
	Değer	38, 84, 68, 66, 81, 75, 51, 48, 72, 78, 24, 55, 63, 20, 27, 87, 34, 65, 70, 82, 91, 58, 79, 39, 53, 61, 42, 63, 46, 84, 51, 60, 33, 60, 25, 85, 92, 53, 60, 15, 24, 43, 74, 59, 68, 55, 69, 85, 33, 91
Çok Yüksek Korelasyon	Ağırlık	661, 100, 390, 510, 592, 876, 565, 277, 531, 447, 571, 240, 390, 143, 382, 538, 153, 350, 150, 492, 157, 275, 807, 315, 574, 884, 303, 421, 820, 639, 371, 632, 796, 400, 467, 802, 178, 768, 880, 893, 351, 862, 234, 578, 801, 340, 407, 561, 279, 208
	Değer	63, 16, 36, 52, 59, 89, 56, 24, 51, 43, 53, 21, 30, 14, 34, 51, 18, 33, 17, 48, 14, 20, 89, 39, 53, 82, 30, 43, 80, 69, 38, 69, 75, 43, 49, 89, 13, 76, 82, 84, 30, 80, 21, 53, 84, 33, 47, 58, 24, 21

SCP’de nesnelerin ağırlıkları ve değerleri baştan verilmek zorundadır. Bu nedenle çalışmada kullanılan beş farklı korelasyon için MATLAB paket programına ait hazır fonksiyon

yardımları ile rastgele beş veri seti oluşturulmuştur. Nesnelerin ağırlıkları ve değerleri arasında çok düşük, düşük, orta, yüksek ve çok yüksek korelasyon olma durumlarındaki performans farklılıkları gözlenmiştir.

Çalışmada elli bireyden oluşan bir popülasyona sahip GA üzerinde çalışılmıştır. Çaprazlama çeşitleri üzerinde yapılan araştırmalar neticesinde üç ebeveynden gen aktarımına uygun mimari olarak çift noktalı çaprazlama yöntemi tercih edilmiştir. Klasik çift noktalı çaprazlama yönteminde popülasyondan turnuva yöntemi ile iki ebeveyn belirlenmiş ve belirlenen ebeveynlerden iki adet birey üretimi gerçekleştirilmiştir. Yeni geliştirilen çaprazlama yöntemi de iki noktalı çaprazlama yöntemini kullanmaktadır. Fakat iki ebeveyn yerine üç adet ebeveyn popülasyon içerisinde turnuva yöntemi ile belirlenmekte ve her bir ebeveyn üçer parçaya ayrılmaktadır. Belirlenen iki adet çaprazlama noktasının kromozomu asimetrik bölünebilirliği olduğundan birey oluşturma işlemi her basamak için o basamağa ait bir parça denk gelecek şekilde tasarlanmalıdır. Bundan dolayı üretilen yavrunun ilk parçası bir numaralı parçalar arasından, ikinci parçası iki numaralı parçalar arasından ve üçüncü parçası üç numaralı parçalar arasından seçilmelidir. Yeni geliştirilen çaprazlama yönteminde birey üretim aşamasında dikkat edilecek bir diğer nokta her yavrunun üç farklı kromozomu içerecek şekilde oluşmasıdır. Tüm bu şartlar altında yeni çaprazlama yönteminde üç ebeveynden üretilebilecek birey sayısı altıdır. Bu nedenle algoritmada ilk olarak Şekil 2.7’de görüldüğü gibi üç ebeveynden altı adet birey üretilmiştir.



Şekil 2.7. Yeni Geliştirilen Çaprazlama Yönteminin Kalıtımsal Şeması

Yeni geliştirilen çaprazlama yönteminde amaç üç ebeveynden iki yeni birey üretmek olduğu için üretilen altı birey arasından seçim yapmak gerekmektedir. Yapılan farklı seçim denemeleri sonucunda en uygun tasarımın maliyet fonksiyonuna en uzak iki yavrunun seçilmesi olduğu görülmüştür. Bunun nedeni çaprazlamaya seçilen bireylerin turnuva yöntemi ile belirlenmesi sonucu çözümlerin erken yakınlaşma sürecine girmesidir. Altı birey arasından yapılan bu seçim anti-elitist bir yapıya karşılık gelmektedir. Bu tasarımla geliştirilen yeni çaprazlama yöntemi klasik çift noktalı çaprazlama yöntemi ile farklı açılardan karşılaştırılmış ve ilgili veriler bulgular bölümünde paylaşılmıştır.

3. GENETİK ALGORİTMALAR

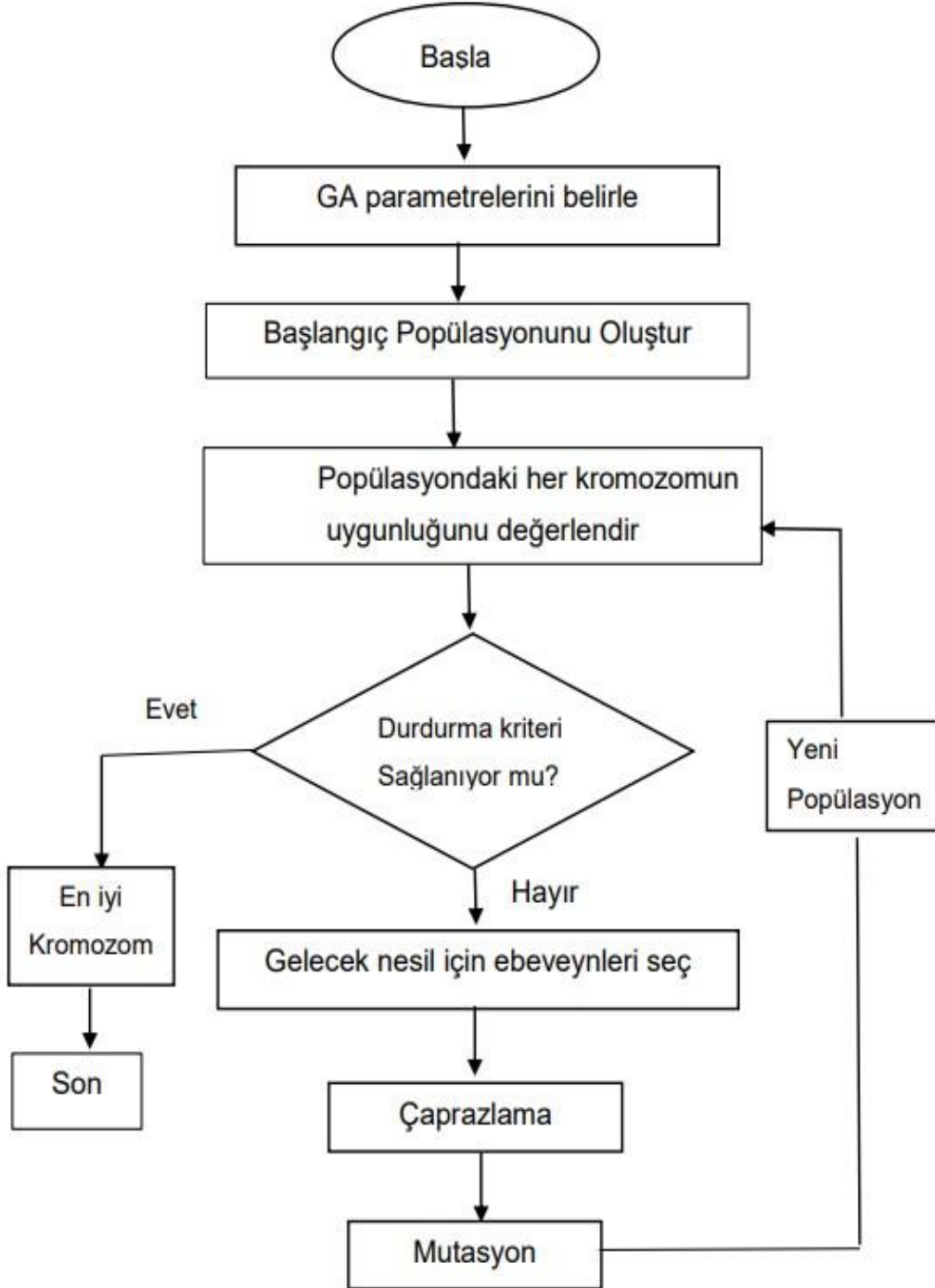
Michigan Üniversitesinde bilgisayar bilimleri uzmanı olan John Holland, doğadaki adaptasyonun bilgisayar bilimine uyarlanması üzerine yaptığı çalışmalar sonucunda 1975 yılında “Adaptation in Natural and Artificial Systems” isminde bir kitap kaleme almıştır. Holland söz konusu bu kitabında doğa temelli bir algoritma geliştirdiğini açıklamaktadır. Bu geliştirilen tekniğin ismi GA olarak belirlenmiştir. Belirlenen bu ismin ilk kelimesi biyolojiden, ikinci kelimesi ise bilgisayar biliminden alınmıştır (Holland, 1992).

GA’lar doğadaki evrimsel süreci esas alan stokastik algoritmalarlardır. Biyolojik evrimin gerçekleşmesindeki iki önemli adım olan doğal seçilimi ve uyumlu olanın hayatta kalmasını temel alır. Doğada beslenme, eş bulma, barınma gibi ihtiyaçların giderilmesindeki zorluklar ve kaynaklardaki kısıtlılıklar canlıları birbirleriyle mücadele etmeye mecbur kılar. Bu mücadeleler sonucunda adaptasyonu yüksek ve uygun olan bireyler zayıf bireylere üstünlük kurar. Adaptasyonu yüksek olan bireyler hayatta kalıp üreme açısından avantajlı hale gelirken düşük adaptasyonlu bireylerde durum farklıdır. Düşük adaptasyon değerine sahip olan bireyler doğaya uyum sağlayamadığından dolayı az birey üretecek ya da hiç üreyemeyecektir. Bu sistem sayesinde adaptasyonu yüksek olan bireylerin genleri bir sonraki nesle aktarılmakta ve doğaya daha uyumlu bireyler ortaya çıkmaktadır (Çetin, 2002).

GA’larda üretilen her birey bir çözüme karşılık gelmektedir ve üretilen bireylerin tamamı arama uzayından oluşturulmaktadır. Üretilen bireyler kromozom olarak adlandırılmakta olup dizi ya da matris formunda bulunmaktadır. GA’ların çalışma süresi boyunca yeni nesiller üretilmekte, üretilen her bir birey bir çözüme karşılık gelmektedir. Algoritmanın temel amacı çözümlerin amaca yakınsamasıdır. Bu nedenle GA’lar bir amaç fonksiyonu hedef alınarak çalıştırılır. Amaç fonksiyonları minimizasyon, maksimizasyon gibi odak noktaları üzerine oluşturulur. Eğer amaç fonksiyonu minimizasyon odaklı çalışıyor ise düşük değere sahip kromozomlar daha önemli hale gelir. Amaç fonksiyonu maksimizasyon odaklı çalışıyor ise bu sefer yüksek değere sahip kromozomların hayatta kalması amaçlanır (Gülmez, 2023).

Genel perspektiften bakıldığında GA’ların çalışma mantığı; kromozomlardan oluşan bir popülasyon oluşturmak ve bu popülasyona mutasyon, çaprazlama ve seçim operatörlerini uygulamak olarak özetlenebilir. Bu operatörlerden yararlanarak mevcut popülasyondaki kromozomlar ebeveyn olarak kabul edilmekte ve bunlardan yavru kromozom olarak adlandırılan yeni bireyler üretilmektedir (Taştan & Eker, 2020). GA’lar kullanılan operatörler yardımıyla belirlenen iterasyon adeti kadar ya da durdurma kriterine kadar yeni nesiller

üretmeye devam eder. Art arda üretme adımlarının tekrarlanması sonucunda nihai bir çözüme ulaşılır ve ulaşılan son çözüm en iyi çözüm olarak kabul edilir (Yurtsal vd., 2019). GA'nın çalışma mantığı Şekil 3.1'de bulunan akış diyagramında görülmektedir.



Şekil 3.1. Genetik Algoritma Akış Diyagramı

Kaynak: (Pulat & Kocakoç, 2019).

3.1. Genetik Algoritmalarla İlgili Temel Kavramlar

GA'lerden yararlanarak bir probleme çözüm getirmek için üzerinde çalışılan problemi GA'nın temel kavramlarına uyarlamak gerekir. Üzerinde çalışılan problem gen, kromozom, popülasyon olarak dönüştürülür ve problemin çözüme ulaşması için bir amaç fonksiyonu belirlenir. Aşağıda GA'larda kullanılan bu temel kavramlara değinilmiştir.

3.1.1. Gen

Kalıtsal özellikleri taşıyan parçacıklara verilen isim olan gen, GA'larda her bir karar değişkeninin sayısal değer ile gösterimine karşılık gelmektedir. Problemden kaç adet karar değişkeni var ise o kadar gen vardır. Çünkü karar değişkenlerinin her biri rakam türünden gen olarak gösterilmektedir. GA yapısı tasarlanırken her genin hangi karar değişkenine karşılık geldiği bilinmelidir (Soyaslan, 2010).

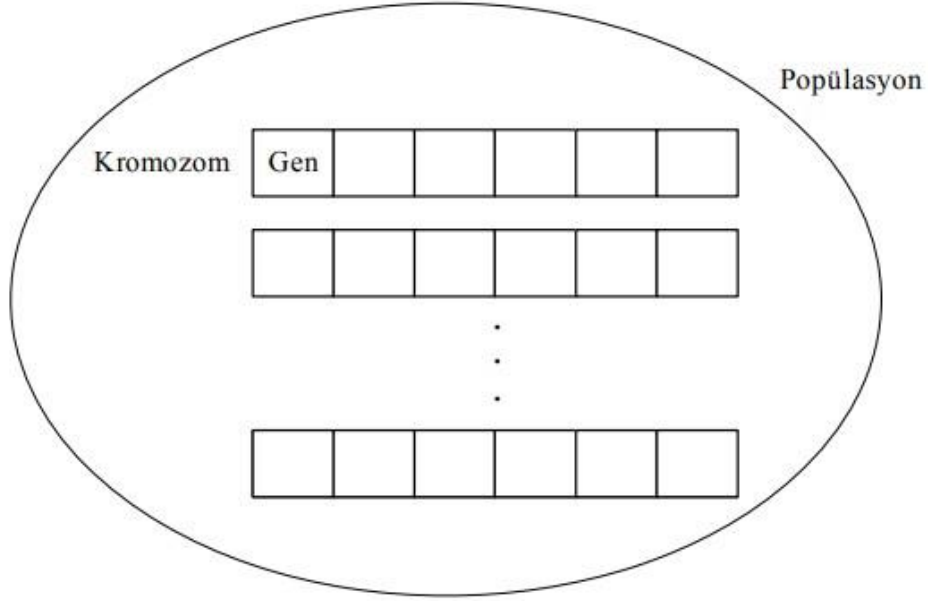
Genler içerdiği bilgi bakımından ikilik tabanda kodlanabildiği gibi onluk taban ve onaltılık tabanda da kodlanabilmektedir. Genin nasıl bir içerikte kodlanacağı problemin türü ve çözüm için yazılan programa göre değişiklik göstermektedir (Duman, 2007).

3.1.2. Kromozom

Bir ya da daha fazla sayıda genin bir araya gelmesiyle oluşan yapıya kromozom ismi verilir (Balın, 2010). Kromozomlar GA içerisinde birey olarak adlandırılabilir. Her birey problem için bir çözüme karşılık gelmektedir. Problemin çözümü aşamasında popülasyon içerisinde kromozomların bir kısmı yaşamını yitirmekte, yerlerine yeni kromozomlar üretilmekte ve çözüme yakınsamaya çalışılmaktadır.

3.1.3. Popülasyon

Popülasyon kromozomların yani bir diğer ismiyle bireylerin bir araya gelmesiyle oluşan yapıdır. Popülasyon GA'da çözümler kümesi anlamı taşımaktadır. En uygun çözüm kümesine ulaşana kadar popülasyondan bazı bireyler atılmakta ve yerlerine yeni bireyler eklenmektedir. Popülasyondaki toplam kromozom adeti genellikle sabit olarak tercih edilmektedir. Popülasyonu oluşturan bireylerin en fazla kaç adet olması gerektiğine dair bir üst sınır bulunmamaktadır. Bu yüzden sınır olarak programcının çözüm için uygun gördüğü bir en üst sınır belirlenebilir. Üst sınır belirlenirken dikkat edilmesi gereken nokta popülasyondaki birey sayısı arttıkça çözüme daha hızlı ulaşılabileceğidir (Şeker, 2007). Örnek bir popülasyon ve onu oluşturan birey ve genler aşağıdaki şekilde görülmektedir.



Şekil 3.2. Popülasyon, Kromozom ve Gen Gösterimi

Kaynak: (Çınar, 2007).

3.1.4. Amaç Fonksiyonu

Amaç fonksiyonu bir diğer ismiyle uygunluk fonksiyonu problemin çözüm hedefinin belirlenmesi amacıyla oluşturulur. Amaç fonksiyonu temel alınarak bireylerin çözüme ulaşma kalitesi kontrol edilir ve bunun sonucunda bir sonraki iterasyonda hayatta kalacak bireyler belirlenir (Akpınar, 2009).

Bir problemin çözümü için GA tasarımı yapmak bazı durumlar altında karmaşık bir işlem olabilmektedir. Bunun en önemli nedenlerinden biri giriş parametrelerinin dikkatli seçilmemesidir. Giriş parametrelerinin sayısının çok olması iyi bir sonuca ulaşılmasını engelleyebildiği için tercih edilmekten kaçınılmalıdır. Doğru parametrelerin seçimi tecrübeye ve gözlem yeteneğine bağlıdır bu nedenle denemeler yaparak GA için en işlevsel giriş parametreleri belirlenmelidir (Ağalday, 2018). Örneğin bilgisayarların performansları alanında bir çalışma yaparken bilgisayarın rengini giriş parametrelerinden biri olarak tercih edersek çözüme herhangi bir fayda sağlamayacağı gibi programımızın daha yavaş çalışmasına ve karmaşıklaşmasına sebep olabilecektir.

Problemin yapısına uygun olarak her kromozoma karşılık bir uygunluk değeri belirlenir. Bunun için N adet kromozomdan oluşan bir popülasyon için N adet uygunluk değerinin tutulması gerekmektedir. Uygunluk değerlerine göre bir sonraki nesile aktarılacak için yapılan birey seçimi GA'nın kalitesini etkileyen önemli faktörlerdendir (Turfan, 2014).

3.2. Genetik Algoritmada Kullanılan Operatörler

GA'larda mevcut popülasyon üzerinde uygulanan işlemlere genetik operatörler adı verilir. Bu operatörlerin amacı daha iyi nesillere ulaşmak ve algoritmanın tekdüzeleşmesinin önüne geçmektir. Kullanılan operatörler programdan programa farklılık gösterse de standart olarak kullanılan 3 temel operatör bulunmaktadır. Bu 3 temel operatör şunlardır (Öznur & Korukoğlu, 2003):

- Seçim-Yeniden Üretim (Selection-Reproduction)
- Mutasyon (Mutation)
- Çaprazlama (Crossover)

3.2.1. Seçim-Yeniden Üretim (Selection-Reproduction)

GA'larda seçim, amaç fonksiyonuna göre hesaplanan bireysel uygunluk değerleri baz alınarak, sonraki nesle daha iyi çözümler üretilmesi aşamasıdır. Bireyler uygunluk fonksiyonlarına göre güncellemeye alınır ya da yok edilerek sistemden çıkarılır. Güncelleme aşamasında uygunluk değeri yüksel olan bireyler eşleştirilir bu sayede gelecek nesillerin hayatta kalma ihtimali arttırılmış olur. GA'da seçim operatörleri büyük öneme sahiptir. Başlıca seçim operatörleri elitizm, turnuva, rulet çemberi, sıralı ve sabit durum seçimidir (Karaköse, 2022).

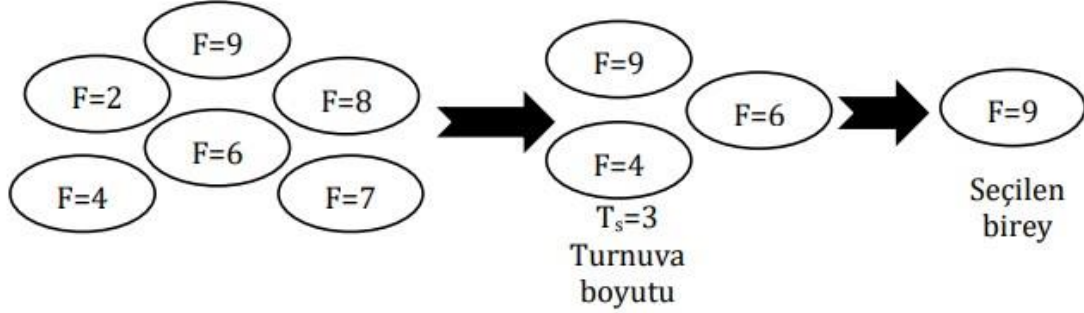
3.2.1.1. Elitizm

Elitizm bir diğer adıyla seçkinlik GA'da bireylerin uygunluk değerleri belirlendikten sonra uygunluk değeri en yüksek bireylerin fazladan hiçbir işleme maruz kalmadan, doğrudan sonraki nesillere aktarılmasıdır. Uygunluk değeri bakımından zayıf olan bireyler ise popülasyondan atılmaktadır. Elit bireylerin sayısının fazla tutulması algoritmanın tekdüzeleşmesine yol açacak ve çözümlerin belirli bir aşamada çeşitlenememesine sebep olacaktır. Tam aksi senaryoda ise elit bireyler az olacağından çözüm havuzu fazlaca geniş olacak ve çözüme ulaşmak uzun ve zor olacaktır. Bu sebeple elitizm uygulanırken ideal bir oran tutturulması algoritmanın çözüme ulaşması açısından önem taşımaktadır (Ağalday, 2018).

3.2.1.2. Turnuva Seçimi

En popüler seçim yöntemi olan turnuva seçimi yöntemi (Şekil 3.3), GA'da kötü uygunluk değerine sahip bireylerin algoritmaya etkisini azaltmaya yönelik geliştirilen bir yöntemdir. Turnuva seçimini uygulamak için öncelikle popülasyon arasında rastgele N sayıda birey seçilir. Seçilen bu bireylerin toplam sayısı turnuva genişliği olarak adlandırılır. Turnuva genişliği genellikle 3 olarak tercih edilmektedir. Seçilen bireylerden bir turnuva oluşturulur.

Turnuva sonucunda belirlenen şartlara göre en iyi kabul edilen birey seçilir ve yeni popülasyona eklenir. Bu işlem ihtiyaç duyulan birey adeti kadar tekrarlanır. Turnuva genişliğinin büyük tutulması seçiciliğin artmasına neden olmaktadır (Pulat & Kocakoç, 2019).



Şekil 3.3. Turnuva Seçimi Yöntemi

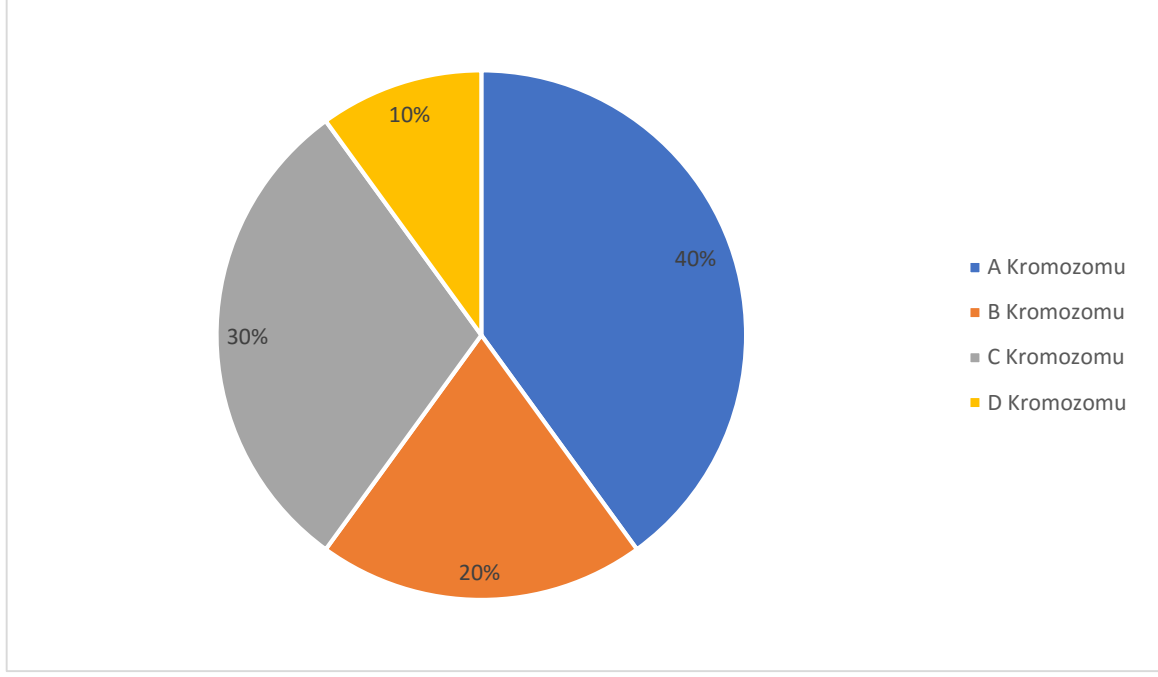
Kaynak: (Razali & Geraghty, 2011).

Çaprazlama sürecine başlamak için genellikle iki adet turnuva gerçekleştirilir. İki turnuvanın kazananı ebeveyn olarak kabul edilip çaprazlama işlemine alınır. Turnuva yönteminin avantajı popülasyonun bir kısmından daha iyi olan bireylerin tercih edilmesidir. Bu sayede kötü uygunluk değerine sahip bireylerin popülasyonun genetik yapısını olumsuz etkilemesinin önüne geçilir (Ağalday, 2018).

3.2.1.3. Rulet Çemberi Seçimi

İlk olarak Holland tarafından ortaya atılan bu yöntemde popülasyonda bulunan her bir bireyin seçilme olasılığı hesaplanır. Hesaplanan bu olasılıklar bir tabloda saklanır. Tabloda bulunan bu değerler biri diğerine eklenerek ilerler. Eklenerek ilerleyen bu değerler belirli bir noktaya ulaştığında bu sayıya ulaşan birey seçilmiş olur. Bu süreç popülasyonda bulunan birey sayısı kadar tekrarlanır. Bir çemberin bireylerin uyum değerlerinin oranlarına göre dilimlenmesi ve çevrildiğinde elde edilen sonuçların tercih edilmesi nedeniyle rulet çemberi ismi tercih edilmiştir (Ağalday, 2018).

Bu yöntem uygulanırken öncelikle popülasyondaki tüm bireylerin uygunluk değerleri bulunur. Kromozomlar teker teker kümülatif toplam değerine bölünerek seçim ihtimalleri yüzdesel bazda hesaplanır. Örneğin A, B, C, D olarak adlandırılan 4 kromozomun sırasıyla uygunluk değerleri 4, 2, 3 ve 1 olduğu kabul edilirse bu kromozomlara ait yüzdesel seçim ihtimalleri Şekil 3.4'teki gibi olacaktır.



Şekil 3.4. Rulet Çemberinde Bireylerin Yüzdesel Oranları

Yüzdesel oranlar hesaplandıktan sonra rulet çemberi için sayı üretilmeye başlanır. Bu aşamada 0 ile 1 arasında rastgele sayılar üretilir. Rastgele üretilen sayılar kümülatif toplamda hangi dilime denk geliyorsa o dilimde bulunan kromozom seçilir. Bu şekilde ebeveyn belirlemede rulet çemberi yönteminden yararlanılmaktadır.

3.2.1.4. Sıralı Seçim

Sıralı seçim yönteminde ilk olarak kromozomların her birinin uygunluk değeri hesaplanır. Uygunluk değeri hesaplanan kromozomlar en kötü uygunluk değerine sahip olandan en iyi uygunluk değerine sahip olana doğru sıralanır. Kromozom değeri en kötü olan 0 en iyi olan popülasyon toplam değeri olarak belirlenir. Kromozomların seçilme ihtimali artan bir fonksiyon halinde ele alınır. Sıralı seçim yöntemi çeşitliliği sağlamada rulet çemberi yöntemine göre iyi sonuçlara ulaşabildiğinden dolayı rulet çemberine kıyasla daha çok tercih edilir (Özbilen, 2006).

3.2.1.5. Sabit Durum Seçimi

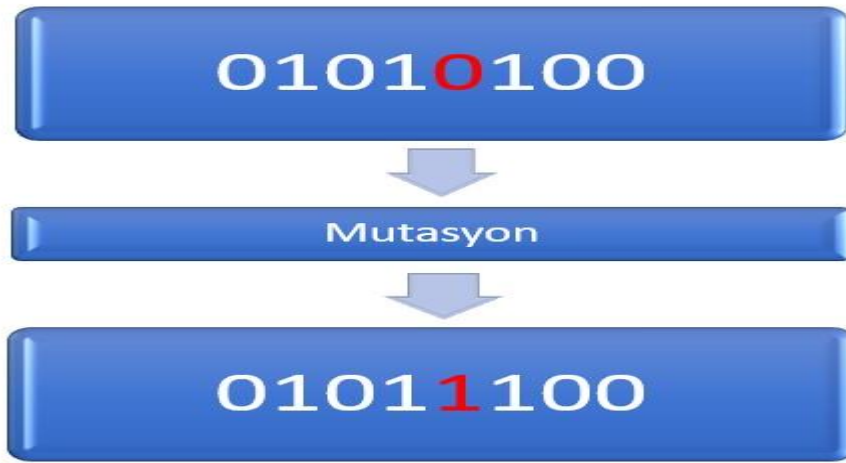
Sabit durum seçimi özel bir ebeveyn seçim yöntemi değildir. Bu seçim yönteminin ana fikri popülasyonu oluşturan bireylerin büyük bir kısmının doğrudan sonraki nesle aktarılmasıdır. Sabit durum seçiminin çalışma prensibi şu şekilde açıklanabilir. Öncelikle uygunluk değeri yüksek olan bireyler belirlenir ve bu bireyler üreme sürecine alınır. Güncelleme sonucu oluşturulan yeni bireyler düşük uygunluk değerine sahip bireylerin yerine

yeni nesle aktarılır. Söz konusu düşük uygunluk değerli bireyler yok edilir. Popülasyonun geri kalan bireyleri doğrudan yeni nesle aktarılır. Bu süreç her nesilde tekrar ettirilerek çözüme ulaşmaya çalışılır (Kalaycı, 2006).

3.2.2. Mutasyon (Mutation)

GA kullanılarak oluşturulan bir yapı bir süre sonra fazlaca yakınsamaya başlar. Yakınsamanın çok hızlı gerçekleşmesi ideal çözüm kümelerinin üretilmelerine engel olur. GA'da bunu engellemek için genetik biliminde sıkça karşılaşılan mutasyon kavramından yararlanılmıştır. Bu sayede tıpkı doğadaki canlılarda görüldüğü üzere bireyler belirlenen bir oran kadar değişime uğratılır. Bu şekilde gen havuzunun tekdüzeleşmesinin önüne geçilir. Mutasyon GA'lar için en gerekli operatörlerdendir fakat mutasyonun yüksek oranda olması çözüme ulaşılmasında çok fazla osilasyona sebep olur (Gülmez, 2023).

Mutasyonun kullanımı şu şekilde açıklanabilir. Popülasyonu oluşturan bireylerin sahip olduğu genlerden bir veya birkaçının değişime uğraması sonucunda bireyin gen yapısının farklılaşmasıdır. Bu şekilde birey artık başka bir çözüme karşılık gelecektir (Şekil 3.5).

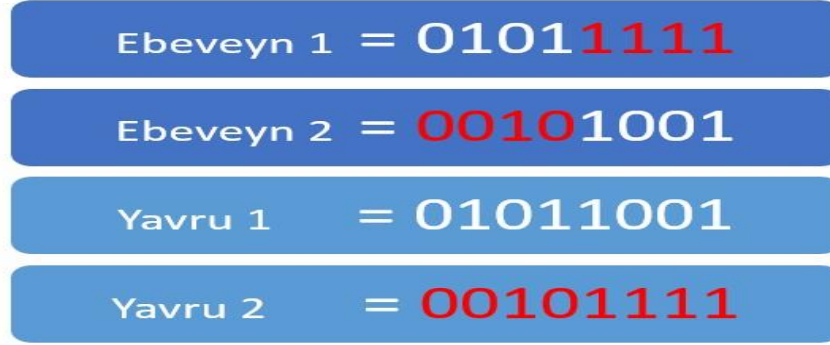


Şekil 3.5. Mutasyon Operatörü Örneği

3.2.3. Çaprazlama (Crossover)

GA'larda çaprazlama operatörü üreme aşamasına karşılık gelir. Popülasyon içerisinden ebeveyn seçimleri yapıldıktan sonra ebeveyn rastgele bir şekilde ikişer ikişer eşleştirilir. Eşleşen iki bireyin belirli kısımları yer değiştirilerek Şekil 3.6'da görüldüğü gibi yeni bir birey oluştururlar. Bu işleme çaprazlama adı verilir. En basit çaprazlama yöntemi rastgele bir nokta belirlenip bu noktadan itibaren olan kısımların yer değiştirmesi ile yapılan çaprazlama işlemidir. GA'ların gösterdiği başarıda çaprazlamanın rolü büyüktür (Zhou & Gen, 1997).

GA tasarlanırken öncelikle bir çaprazlama oranı belirlenir. Çaprazlama oranı her yeni nesilde üretime katılan ebeveyn sayısının popülasyona oranıdır. Her yeni jenerasyonda çaprazlamaya uğrayacak birey sayısını bu oran belirler. Çaprazlama oranının yüksek tutulması çözüm havuzunun çeşitliliğinin artmasını sağlar fakat oranın çok yüksek olması daha geniş çözüm alanının işleme alınması anlamına geleceğinden zaman kaybına neden olacaktır.



Şekil 3.6. Çaprazlama Örneği

3.3. Genetik Algoritmada Kullanılan Kontrol Parametreleri

GA'lar tasarlanırken operatörlerin, çalışma oranının ve operatörlerin değerlerinin belirlenmesi gerekir. Bu parametrelerin genel adı kontrol parametreleridir. Kontrol parametrelerinin doğru belirlenmesi GA'nın çalışma hızı ve başarısını doğrudan etkilemektedir. GA'da sıkça kullanılan kontrol parametreleri şunlardır;

- Popülasyon Büyüklüğü
- Mutasyon Oranı
- Çaprazlama Oranı
- Durma Kriteri

3.3.1. Popülasyon Büyüklüğü

Problemin yapısına göre bir popülasyon sayısı belirlenir. Bu şekilde popülasyonda kaç tane kromozom bulunacağı kararlaştırılmış olur. Kromozom diziliminin uzun olduğu durumlarda popülasyon büyüklüğünün yüksek tutulması çözüme ulaşmayı güçleştirir. Popülasyonun yeterince büyük olmaması arama havuzunun dar olmasına sebep olur ve başarıyı düşürür. Bu nedenle problemin yapısına uygun bir popülasyon büyüklüğü belirlemek aramanın kalitesini arttırmak için önem taşımaktadır (Engin, 2001).

3.3.2. Mutasyon Oranı

GA'larda mutasyon oranı, mutasyonun genlere hangi sıklıkla uygulanacağını belirler. Eğer bir birey mutasyona uğrarsa bir miktar değişmiş ve sonuç olarak yeni bir bireye dönüşmüş olacaktır. Mutasyon hiç uygulanmazsa bireyler tamamen aynı kalacak ve üremeye devam edecektir fakat çözüm alanı çok hızlı bir şekilde daralacağından performans düşecektir. Aksi durumda mutasyon oranı çok yüksek tutulursa bireyler çok fazla değişime uğrayacak ve çözüme osilasyon yaparak yaklaşacaktır. Bu nedenlerden dolayı mutasyon oranının iyi belirlenmesi performans açısından önem taşımaktadır (Soyaslan, 2010).

3.3.3. Çaprazlama Oranı

Popülasyonda bulunan bireyler üzerinde çaprazlamanın hangi miktarda yapılacağını önceden belirlenmesi gerekir. Bu belirlenen miktara çaprazlama oranı denilmektedir. Çaprazlama işlemi gerçekleştirilmezse yeni ve farklı bireyler üretilmeyecektir. Tüm bireyler çaprazlamaya maruz kalırsa bu sefer de çözüm kümesinden uzaklaşma ve mevcut iyi çözümlerin kaybolması sorunu ortaya çıkabilmektedir. Tüm bunlar göz önünde bulundurularak probleme uygun bir çaprazlama oranı belirlemek GA'nın performansı açısından önem taşımaktadır (Soyaslan, 2010).

3.3.4. Durma Kriteri

GA'lar her seferinde en iyi çözüme ulaşamayabilirler. Genellikle birçok kez çalıştıktan sonra ideal çözüme ulaşmaktadırlar. Bu nedenle algoritmanın en fazla ne kadar çalışacağını veya ne zaman duracağını önceden belirlenmesi gerekmektedir. Bunu sağlamak için belirli bir iterasyon sayısı ya da algoritmanın bulduğu en iyi sonucun sabit bir değere ulaşması sınır olarak belirlenebilir. Program belirtilen kritere ulaştığında sona erecek ve bu çalışma süresince elde ettiği en iyi çözüm kümesini çıktı olarak sunacaktır. Durma kriterinin gerekenden erken bir iterasyon olarak belirlenmesi çözüme ulaşmayı zorlaştırırken, gereğinden fazla verilmesi ise programın gereksiz şekilde çalışmasına ve zaman kaybına neden olabilmektedir. Bu nedenle problemin yapısı için en ideal durma kriterinin belirlenmesi programın performansı bakımından önem taşımaktadır. (Akpınar, 2009).

3.4. Genetik Algoritmanın Uygulama Alanları

GA'lar günümüzde birçok alanda sağladığı çözüm olanakları ile karşımıza çıkmakta ve çeşitli sektörlerde kritik problemlerin çözümünde anahtar rol oynamaktadır. GA'ların kullanıldığı başlıca alanlar şunlardır:

3.4.1. Otomatik Programlama ve Bilgi Sistemleri

GA'lar özel tanımlanmış görevleri yerine getirecek bilgisayar programlarının geliştirilmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır. Bunun dışında bilgisayar çiplerinin tasarımı, ağ çizelgeleme gibi hesaplama gerektiren yapıların oluşturulmasında kullanılabilir (Elmas, 2007).

Bilgisayar ağlarının tasarlanmasında GA'lardan yararlanılabilmektedir. Ağın güvenlik parametrelerinin optimize edilmesi için birden çok amaç fonksiyonu kullanılabilir. GA'ların ağ tasarımında kullanılması maliyetlerin azaltılmasında ve tasarım sürelerinin kısaltılmasında önemli katkılar sağlamıştır (Balın, 2010).

3.4.2. Mekanik Öğrenme

GA'nın mekanik öğrenme alanında kullanımının önemli bir örneği sınıflama sistemleridir. Sınıflama sistemlerinde kural bulma mekanizması olarak kullanılır. Belirli bir dizi kuralı temel alan mekanik öğrenme sistemi sınıflama, üretim, kural ve mesaj sistemlerinde kullanılabilir. Proteinin yapısal analizinde ve sinir ağlarında da mekanik öğrenme kullanılmaktadır (Elmas, 2007).

3.4.3. Finans ve Pazarlama

GA'lar finans sektöründe sıklıkla tercih edilen yapılardır bunun nedeni finans modelleme işleminde kullanılmak için uygun yapıda olmalarıdır. Hisse senedi fiyatlarındaki değişim, uluslararası sermaye dağılımı ve kaynak tahsisi gibi konular için geliştirilen stratejilerde GA'lardan yararlanılmaktadır. GA'dan yararlanarak veri yığınlarından modeller oluşturulabilir. Veri madenciliği işlemlerinde yaygınca kullanıldığından tüketiciyi ve pazarı analiz ederek güvenli kararlar alınmasına yardımcı olur. Bu sayede karlılık, verimlilik ve müşteri memnuniyeti konularında işletmelere kolaylıklar sağlar (Turfan, 2014).

3.4.4. Rotalama Problemleri

Araç rotalama problemleri yapı olarak birleşik optimizasyon problemi olarak sınıflandırılmaktadır. Araç rotalama probleminin işleyişi genel olarak müşteri talebine tek bir depodan araç tahsis edilmesi şeklindedir. Depodan ayrılan araçlar müşterinin ihtiyacını karşıladıktan sonra tekrar depoya dönmektedir. Araçların kapasite ve max gidebileceği mesafe sınırı bulunmaktadır. Her bir müşteriye en fazla bir araç hizmet verecek şekilde bir tasarım yapılmaktadır. Rotalama probleminde belirlenen kısıtlamalar göz önünde bulundurularak en düşük toplam maliyete ulaşmak hedeflenmektedir (Emel & Taşkın, 2002).

3.4.5. Çizelgeleme Problemleri

Çizelgeleme problemlerinde GA'nın kullanıldığı ilk çalışma 1985 yılında Davis tarafından yapılmıştır. Liepens ve çalışma arkadaşları 1987 yılında işlem tarihleri ve teslim süreleri bulunan bir çizelgeleme çalışması yürütmüşlerdir. Gupta ve çalışma arkadaşları 1993'te akış zamanını minimize etmeyi hedefleyen tek makine modeli üzerine çalışmalarını yayınlamıştır. Gecikme ve sarkma cezalarının sisteme katılmasını amaçlayan modeli de Kim ve Lee 1995'te geliştirmişlerdir (Emel & Taşkın, 2002).

GA'lar çizelgeleme problemlerinde genellikle optimale yakın bir çözüm bulmuşlardır. Çözüm bulma süreleri bakımından kıyaslandığında diğer çözüm yöntemlerine kıyasla daha başarılı oldukları görülmektedir (Emel & Taşkın, 2002).

3.4.6. Gezgin Satıcı Problemi

GA'ların bir diğer kullanım alanı da birleşik optimizasyon problemlerinin en bilinenlerinden biri olan gezgin satıcı problemidir. Gezgin satıcı probleminin amacı katedilecek olan toplam mesafeyi en aza indirmektir. Taşıtın dolaşımı, devrenin tasarımı veya postanın dağıtımını gibi konularda hangi rotaların tercih edilmesinin yolu en aza indireceğinin bulunması amaçlanır. Örnek olarak bir satış görevlisinin uğraması gereken n tane şehir var ise denenebilecek max rota sayısı $(n-1)!$ 'dir. Tüm mümkün çözüm yollarının denenmesi ve en kısa yolun bulunması için GA'lardan yararlanılır. Kısıtlamalar ve şehir sayısı arttıkça denenmesi gereken kombinasyonlar üstel olarak artmaktadır. GA'lar kombinasyonel problemlerde diğer algoritmalara kıyasla daha kısa sürede çözüm bulduğundan gezgin satıcı probleminde de başarılı çözümler sunmaktadır (Engin, 2001).

4. DOĞAL OLMAYAN SEÇİLİM VE GENOM DÜZENLEME

4.1. Doğal Seçilim

Charles Robert Darwin 1842 ve 1844 yılları arasında ilk taslağını yazdığı “Türleri Kökeni Üzerine” kitabını 24 Kasım 1859 yılında yayımlamıştır. Canlıların çeşitliliği üzerine kaleme aldığı bu kitapta bahsi geçen iki temel kuram vardır. Bunlar değişerek türeme ve doğal seçilimdir. Kitapta canlıların arasındaki farklılıkları ve benzerlikleri açıklamak için kullandığı bu iki kuram kitabın yayımlandığı ilk günden itibaren ilgi ve tartışma konusu olmuştur (Gür, 2016).

Doğal seçilim basit tanımıyla popülasyonu oluşturan canlılardaki kalıtsal karakter farklılıklarının oranının sürekli değişmesini ele alır. Bu değişimin sebebini ise popülasyondaki canlıların üreme ve hayatta kalma başarılarının farklılık göstermesi ile açıklar. Bu farklılaşmaların uyum evrimiyle sonuçlandığını öne sürer (Gür, 2016).

Doğal seçilimin etkinliği popülasyonu oluşturan bireyler arasında genetik farklılıkların olmasına bağlıdır. Bu genetik farklılıklar üreme hücrelerinde rastgele oluşan mutasyonların bir sonraki nesle aktarılmasından meydana gelmektedir. Yeni bireylere aktarılan bu mutasyonlar bazı durumlarda birkaç nesil ile sınırlı olurken bazen de nesiller boyunca devam edebilmektedir. Popülasyonların arasındaki farklılaşmalar belirlenirken popülasyona sabitlenen bu mutasyonlar temel alınmaktadır (Brisson, 2018).

Canlılar üreme kabiliyeti ile birebir kopyalarını üretmemektedirler. Üreme sonucunda ortaya çıkan yavrular birbirlerinden ve ebeveynlerinden farklıdır. Aynı ebeveyne sahip yavruların birbirinden farklı olmaları rastlantısal genetik mutasyon şeklinde adlandırılan hatalı kopyalama ya da dış etkenler ile açıklanır. Doğal seçilim genetik malzemenin yapısındaki bu değişimler üzerinde işe yarar. Eğer aynı ebeveynden olma iki yavrudan birincisinin sahip olduğu nitelik ona daha fazla yaşam fırsatı tanıyorsa birinci yavrunun ikinci yavruya göre hayatta kalma şansı daha yüksektir. Yavru ortama ne kadar çok uyum sağlarsa hayatta kalma şansı o kadar yüksek olur. Bu durum doğal seçilimin temel mantığını oluşturmaktadır (Parlak vd., 2018).

Doğal seçilime örnek olarak güvelerin sanayi devrimi sürecinde yaşadıkları değişimler gösterilebilir. İngiltere’de sanayi devriminin etkisiyle gaz salınımında büyük artışlar meydana gelmiştir. Bundan kaynaklı olarak açık renkli likenlerin azalması ağaçların dış kabuklarının koyu renkli olmasına yol açmıştır. Sanayi devrimine kadar alınan numunelerde beyaz güve sayısı popülasyonun çoğunu oluştururken ağaç kabuğu renklerinin değişimiyle koyu renkli

güveler popülasyonda baskın hale gelmiştir. Bunun sebebi ağaçların üzerinde daha iyi kamufle olmalarının onlara sağladığı yaşam avantajıdır. Açık renkli güveler koyu renkli ağaçlar üzerinde gizlenmeyi başaramadıklarından popülasyondaki baskınlığını yitirmişlerdir (Cook vd., 2012).

4.2. Doğal Olmayan Seçilim

İnsanların yerleşik hayata geçmeye başlamasıyla hayvan evcilleştirme dönemi başlamıştır. Hayvanların evcilleştirme amacıyla doğal yaşam alanından uzaklaşması ve yeni bir çevreye adapte olması üzerlerindeki doğal seçilim baskısını azaltmıştır. Hayvanların doğal ortamları yerine kendilerine sunulan barınaklarda yaşamaya başlamaları ve insanların onlardan beklentileri bilinçsiz bir yapay seleksiyona neden olmuştur (Mignon-Grasteau vd., 2005).

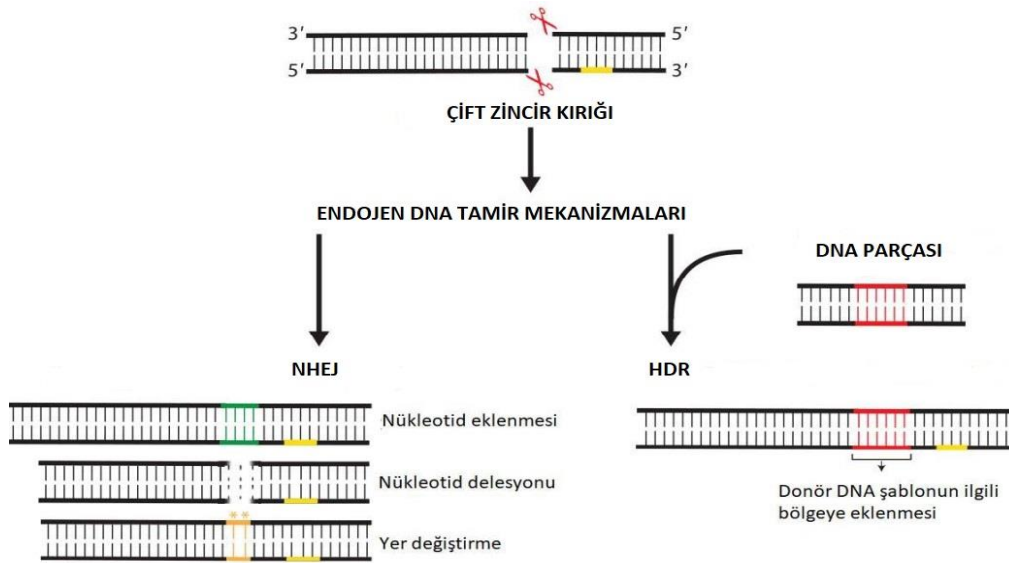
Hayvanların gerçek ortamlarından izole edilmesi eski ortamına uyum sağlamasına yarayan birçok gen bölgesinin işlevini yitirmesi ile sonuçlanmıştır. Hayvanların gen bölgelerinin işlevlerini yitirmesi insanlar tarafından bilinçli bir şekilde gerçekleştirilmemiş mevcut şartlar altında kendiliğinden meydana gelmiştir (Zohary vd., 1998). İnsanlar tarım faaliyetlerine başladıktan sonra hayvanların evcilleştirilmesi önem kazanmıştır. Gıda, ham madde, fizik gücü yararlarına göre hayvanlar ıslah sürecine alınmışlardır. Bu süreçte hayvanlar davranışsal özellikleri, fiziksel özellikleri gibi konular göz önünde bulundurularak damızlık olarak belirlenmekte ve üreme avantajına sahip olmaktadır. Bu durum sonucunda insanların yönettiği popülasyonlarda üretim faaliyetlerine etkili gen frekanslarında artışlar meydana gelmiştir (Alter, 2007). Popülasyonların bilinçsiz ve sistematik yapay seçime maruz kalması sonucunda doğal ortamlarında bulunan aynı türlerle olan genetik farklılıkları artmış bunun sonucunda yeni çiftlik hayvanı ırklarının oluşması süreci başlamıştır. Yaban ve çiftlik hayvanları arasında oluşan bu farklılıklar genomda seleksiyon izleri bırakmaktadır. Bu izlerden yola çıkarak istatistiksel yöntemler ve moleküler genetik veriler yardımıyla seleksiyon süreçleri hakkında bilgi alınmaktadır (Teletchea, 2019).

Genetik mühendisliği ve biyoteknoloji alanındaki gelişmeler insanların canlıların genomlarını belirli ölçüde anlamalarına olanak sağlamıştır. Bu gelişmelerin ardından sıradaki konu genom düzenleme araçları geliştirmek olmuştur. Genom düzenleme araçlarının üretilmeye başlamasıyla insanların evrimsel süreçlere bilinçli müdahale etmelerinin yolu açılmıştır. Bu sayede insanlar artık bilinçli şekilde seçim süreçlerine yön verecek gücü elde ederek doğal olmayan seçilim sürecine yeni bir aşama kazandırmışlardır. 2010'lu yılların başında genom düzenleme araçlarının gelişim göstermesi sonucunda CRISPR/Cas9 gibi araçlar popüler hale gelmiştir. Bu araçlar yardımıyla canlıların DNA'larında kesikler oluşturmanın ve dolayısıyla değişiklik yapabilmenin önü açılmıştır. Yıllardır üzerinde çalışılan bu araçlar yakın

geçmişte ucuz ve işlevsel hale gelmiştir. Ucuz ve işlevsel olmaları bu araçların birçok araştırmacı tarafından tercih edilmesine ve genom düzenleme çalışmalarının hız kazanmasına imkân sağlamıştır. Genom düzenleme sayesinde eşey hücreleri üzerinde değişiklik yapmak mümkün hale gelmiş ve belli antropojenik özelliklerin yavrular tarafından miras alınmasına olanak sağlanmıştır. Canlıların genotip ve fenotiplerine müdahale etme, popülasyondaki cinsiyet oranlarını yönetme, nesli tükenmiş ırkların geri getirilmesine yardımcı olma hatta istenilen ırkların ve özelliklerin ortadan kaldırılmasına kadar birçok konuda genom düzenlemeden yararlanılabilir. CRISPR/Cas9 aracından yararlanarak belirli DNA dizisini yavrulara aktarabilir ve sonraki nesillerde o gen frekansının yayılma sıklığını büyük ölçüde arttırabiliriz. Bu sayede baskın genlerin çevresel adaptasyona bağlı kalmayıp bilinçli seçime göre değişim göstermelerini sağlayabiliriz. Bu gelişmeler yıllardır varlık gösteren bilinçsiz doğal olmayan seçim işlemlerinin artık bilinçli hale gelmesine ve bu kavramın öneminin artmasına yol açmıştır (Jennings, 2016).

4.3. Genom Düzenleme

Genom düzenleme teknolojisi canlıların hedef genom diziliminde istenen genetik işlemlerin gerçekleştirilmesi için kullanılır. Organizma üzerinde belirlenen noktalardaki nükleotidleri nükleazlar ile değiştirme şeklinde faaliyet gösterir. Nükleazlardan yararlanarak hedef noktada çift zincir kırığı oluşturulur. Oluşturulan kırıkların tamiri esnasında hedef noktaya rastgele nükleotidlerin girmesine ya da çıkmasına neden olan Homology Directed Repair (HDR) veya Non-Homolog End-Joining (NHEJ) mekanizmaları kullanılır (Şekil 4.1).



Şekil 4.1. DNA Tamir Mekanizmaları NHEJ ve HDR

Kaynak: (Ural, 2021).

1995 yılında ilk olarak ZFN'nin bulunmasıyla genom düzenleme araçları kullanılmaya başlanmıştır. Sonrasında ikinci genom düzenleme aracı olan TALEN 2011 yılında keşfedilmiştir. 2012 yılına gelindiğinde ise son genom düzenleme aracı olarak CRISPR kullanıma sunulmuştur (Kanat, 2020).

4.3.1. ZFN (Çinko Parmak Nükleazlar)

ZFN'ler hedefe bağlı genom düzenleme araçlarının ilkidir. İki bölümden meydana gelmektedir. Bunlar DNA bağlanma bölgesi ve nükleaz kesme bölgesidir. Yapısal olarak bakıldığında ZFN'lerin protein bölümü olan çinko parmak DNA'da çift zincire alt ve üstten özel olarak bağlanan bir mimaridedir. Tüm çinko parmak protein birimleri 30 aminoasitten oluşmaktadır ve çinko atomu bu aminoasitlere bağlanmaktadır. Aminoasitler katlanarak proteinlerin yapılarını oluşturmakta ve proteinlere fonksiyonellik kazandırmaktadırlar. Çinko parmak proteinlerini meydana getiren aminoasitler DNA ile spesifik etkileşim kurmaktadır. Farklı dizilere özgü ZFN'ler proteinlerin DNA ile bağlanan bölümlerindeki aminoasitlerin ilgili diziyeye göre değiştirilip tasarlanması sonucu oluşmaktadır (Samanta vd., 2016).

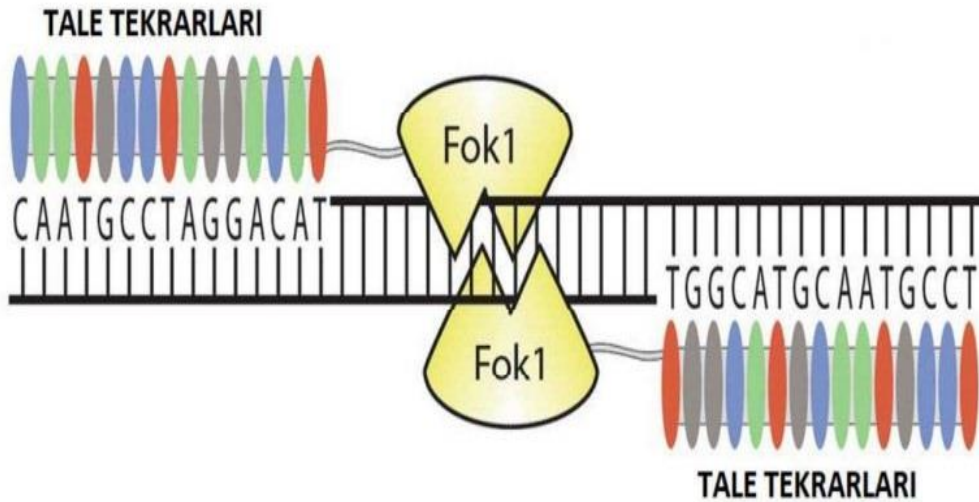
Çinko parmak proteinlerinden her biri DNA'da bir adet nükleotidi tanımaktadır bu şekilde 18-24 baz çifti büyüklüğünde bir tanıma alanı oluşturulur bu sayede memeli genomunda istenmedik etki probleminin büyük oranda önüne geçilmesi sağlanmaktadır (Voytas, 2013). Çinko parmak nükleazlarda kesim domainini FokI isimli endonükleaz oluşturmaktadır. FokI flavobacterium okeanoites bakterisinden izole edilmiştir. Çinko parmak proteinlerinin her birinin amino ucunda bir çinko parmak proteini bulunmaktadır, karboksi ucundaysa FokI enzimi yer almaktadır. FokI endonükleaz dimerize olarak çift zincir kırığı oluşturabilmektedir. FokI endonükleazının DNA'daki kesilmesi sonucu meydana gelen çift zincir kırığı hücrede tamir yollarını uyarmaktadır. Bu kırık HDR veya NHEJ yoluyla tamir edilmeye çalışılır. HDR ile genoma entegrasyon işlemi gerçekleştirilirken, NHEJ yardımı ile gen nakavtları oluşturulur (Gaj vd., 2013).

ZFN hedeflenen alanın dışında kalan bölümlerde mutasyonları arttırması, fazlaca endonükleaz enzimine gereksinim duyması ve bundan dolayı yüksek maliyete sahip olmasından dolayı diğer genom düzenleme teknolojilerine oranla daha az tercih edilmektedir. Sınırlı sayıda hedef bölgeye sahip olması ve her bölge için yeni çinko parmak nükleazların üretilmesinin gerekmesi bu teknolojinin göz ardı edilemeyecek dezavantajlarından (Karaca, 2018).

4.3.2. TALEN (Transkripsiyon Aktivatörü Benzeri Etkör Nükleazlar)

Transkripsiyon aktivatörü benzeri etkör nükleaz (TALEN) 2011 yılında, ZFN'den sonra keşfedilmiş olan bir genom düzenleme nükleaz çeşididir. TALEN, farklı hücre türleri ve organizmaların DNA dizisinde hedeflenen herhangi bir bölgenin değiştirilmesi amacıyla kullanılmaktadır. ZFN'ye alternatif olması amacıyla üretilmiştir. TALEN kolayca organize edilebilen bir DNA kesim bölgesi ve bağlama alanı içermektedir (Joung & Sander, 2013). Yapı olarak ZFN'ye benzeyen TALEN kesim domaini Fok1 nükleazdan ve proteinden meydana gelen bir bağlama domaini olan transkripsiyon aktivatörü benzeri etkörlerden (TALE) oluşmaktadır. TALE xanthomonas bakterilerinden keşfedilmiş olan bir bitkisel patojendir. Bu bakteri çeşidi bitki hücrelerinde yer alan bazı genlerin transkripsiyonunu değiştirmektedir (Boch vd., 2009).

ZFN'de olduğu gibi TALEN'lerde de Fok1 enziminin fonksiyonel olabilmesi amacıyla TALE proteinlerinin dimerize olması gerekmektedir. TALEN'ler her protein birimi için DNA sekansında bir nükleotidi tanımaktadır. Bu protein birimler DNA'ya alt ve üstten bağlandıktan sonra Fok1 enzime 14-18 baz çiftlik bir kesim bölgesi bırakmaktadır. Kesim işleminin ardından DNA üzerinde Şekil 4.2'de görüldüğü gibi çift zincir kırığı oluşmaktadır. TALE proteinleri hedeflenen sekansa göre yeniden programlanabilmektedir. Fakat TALE proteinlerinde tekrar eden sekansların birbirine çok benzer olması tasarım kısmında çeşitli problemlere neden olmaktadır (Kaldırım, 2022).



Şekil 4.2. TALEN Genom Düzenleme Sisteminin Çalışma Mekanizması

Kaynak: (Malzahn vd., 2017).

ZFN'lerde karşılaşılan toksisite problemi TALEN yöntemi ile giderilmiştir. TALEN'lerin özellikle insan hücrelerinde çok az miktarda toksisite göstermesi araştırmacıların ilgisini çekmiştir. Fakat CRISPR/Cas teknolojisinin keşfinden sonra ilgi bu yeni protein grubuna dönmüştür. TALEN teknolojisi CRISPR teknolojisine kıyasla maliyet ve kolay elde edilebilme gibi dezavantajlara sahiptir. Ancak hedef lokustaki yüksek spesifitesinden dolayı birçok araştırmacı tarafından kullanılmaya devam etmektedir. Günümüzde farklı TALEN mimarilerinin geliştirilmesine yönelik çalışmalar devam etmektedir. Bu çalışmalar farklı bakteri türlerinden doğal TALE proteinleri elde ederek TALEN'lerin etkinliğinin artırılmasına yöneliktir (Petolino, 2015).

4.3.3. CRISPR/Cas9 (Düzenli Aralıklı Kümelenmiş Kısa Palindromik Tekrarlar)

Genom düzenleme aracı olan CRISPR-Cas9 sistemi, genetik modifikasyonlar gerçekleştirilebilmek amacıyla ZFN ve TALEN'e alternatif olarak geliştirilmiştir. Memeli hücrelerinde etkili bir şekilde kullanılması nedeniyle son yılların en popüler genom düzenleme aracı olarak görülmektedir. CRISPR-Cas9 sistemi önceki stratejilerin aksine DNA bağlayıcı proteinlere dayalı değildir. Sadece rehber Ribonükleik Asit (RNA)'sında değişiklik yaparak hedef bölgeyi modifiye etmek için programlanabilir. Kullanılan Cas9 proteini ile genom düzenleme araçlarının önemli adımlarından biri olan DNA'da kırık oluşturma işlemini gerçekleştirmektedir (Jinek vd., 2012). Cas proteinleri, adaptif bir bağışıklık sistemi yanıtı oluşturmak amacıyla işgal edilmiş olan hedef nükleik asidi bölmektedir. Bu sayede, kesme işleminin yapıldığı yerden DNA içine eklemeler ya da çıkarmalar yapılabilmesini mümkün kılmaktadırlar (Chen vd., 2018).

CRISPR 1987 yılında, Escherichia coli'nin geninde tuhaf bir DNA paterninin farkına varılmasıyla keşfedilmiştir. Söz konusu gen, yaklaşık 30 baz çift palindromik DNA tekrarlarından oluşmaktadır. Sonrasında yapılan araştırmalarda bu tekrarların birçok bakterilerde yaygın olarak bulunduğu gözlemlenmiştir. Prokaryotlarda bu yapının, bakteriyofajlar ve plazmitler gibi hareket halindeki genetik öğelere karşı koruma sağlamak amacıyla doğal olarak geliştiği fark edilmiştir (Xu vd., 2021). 2002 yılında yürütülen bir çalışmada CRISPR yapısına bitişik genler tespit edilmiş ve bu genler Cas olarak adlandırılmıştır. Sonrasında 2005 yılında yürütülen çalışmalarda CRISPR aralayıcı sekanslarının bakteriyofajdan köken aldığı fark edilmiştir. 2007 yılına gelindiğinde ise CRISPR sekanslarının bakteri ve virüslerden kaynaklanan enfeksiyonlara karşı korunmak için meydana gelen bir bağışıklık sistemi parçası olduğu hipotezi kanıtlanmıştır. 2012 yılında hedef genom bölgelerine karşı Cas9 nükleazını aktif eden bir rehber RNA üretilmiştir. Memeli genomları

üzerinde CRISPR sisteminin kullanılması üzerine çalışmalara ise 2013 yılında başlamıştır (Yeşilbostan, 2020). 2015 yılından itibaren yaygın olarak kullanılmaya başlayan CRISPR/Cas9 sistemleri, 2020 yılında Nobel Kimya ödülünü almıştır. CRISPR teknolojisinin tarihçesi Şekil 4.3'te verilmiştir.



Şekil 4.3. CRISPR Teknolojisinin Tarihi

Kaynak: (Topçu, 2021).

Yüksek verimlilik ile çalışan, hassas genom değişikliklerini yürütmek için müthiş bir kapasiteye sahip olan CRISPR teknolojisi, bu özelliklerinin yanı sıra sıradan laboratuvarlarda uygulanabilecek kadar kolay bir teknoloji olması ile son yıllarda popüler yeni bir genom düzenleme aracı olarak dikkat çekmektedir. Üçüncü nesil genom düzenleme araçlarından ZFN ve TALEN'le kıyaslandığında daha basit, daha kolay, daha güçlü ve daha verimli bir teknik olarak ön plana çıkmaktadır (Fernández vd., 2017).

5. BULGULAR

GA'lar üzerinde yapılan bu çalışmada yeni bir çaprazlama yöntemi oluşturulmuş olup, oluşturulan bu yöntemin standart GA çaprazlama operatörüne kıyasla nasıl sonuç verdiğinin görülmesi amaçlanmıştır. Çalışma MATLAB paket programı yardımı ile MATLAB ortamında gerçekleştirilmiştir. Çözüm konusu olarak literatürde GA'larla çözümüne sıkça rastlanan SÇP üzerinde çalışılmıştır. Sırt çantası doluluk oranı 0,90 olarak belirlenmiştir. Çalışma 5 farklı korelasyona sahip 50 kişilik popülasyon üzerinde yapılmıştır. Her grup için program 100 kez çalıştırılmış olup her bir çalışma içinde 300 iterasyon değeri sabit tutulmuştur. Çaprazlama çeşidi olarak iki noktalı çaprazlama seçilmiş ve çaprazlama oranı 0,80 olarak belirlenmiştir. Mutasyon değeri literatürdeki benzer çalışmalarda sıkça tercih edildiğinden dolayı 0,05 olarak tutularak değerlerin fazlaca farklılaşmasının önüne geçilmiştir. Çalışmada kullanılan veri setlerine ait korelasyon çeşitleri ve değerleri Tablo 5.1'de verilmiştir.

Tablo 5.1. Korelasyon Değerleri

	Korelasyon Değeri
Çok Düşük Korelasyon	0,0635
Düşük Korelasyon	-0,3524
Orta Korelasyon	0,5262
Yüksek Korelasyon	0,7593
Çok Yüksek Korelasyon	0,9840

Farklı korelasyon değerlerine sahip veri setleri üzerinde yapılan çalışmalar ve bu çalışmalarda elde edilen bulgular başlıklar halinde aşağıda anlatılmıştır.

5.1. Çok Düşük Korelasyona Sahip Veri Seti Üzerinde Yapılan Çalışmanın Bulguları

SÇP üzerinde gerçekleştirilen bu çalışmada, çantadaki nesnelere ağırlıkları ve değerleri arasında çok düşük korelasyon olması durumunun denenmesi sonucunda elde edilen değerler Tablo 5.2'de verilmiştir.

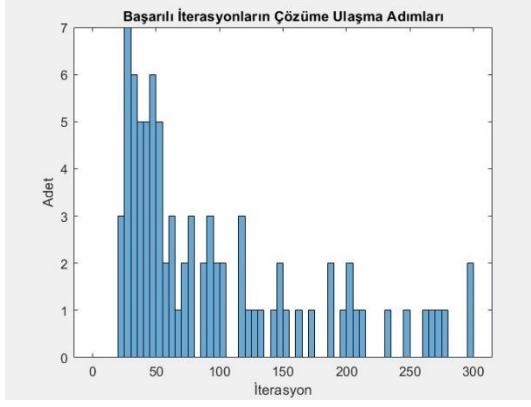
Tablo 5.2. Çok Düşük Korelasyona Sahip SÇP İçin Çalıştırma Sonuçları

	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
Çaprazlama Oranı	0,8	0,8
Verilerin Korelasyonu	0,0635	0,0635
Başarılı Sonuç Sayısı	84	93
Sonuca En Erken Ulaşılan İterasyon	20	15
En İyi Çözümlerin Standart Sapması	1,6308	1,0078
En İyi Çözümlerin Ortalaması	41,53	41,09
İterasyonların Çözüme Ulaşma Ortalaması	89,62	62,27

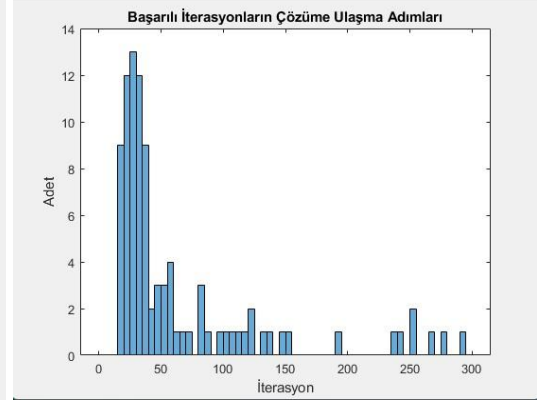
Tablo 5.2’de görüldüğü üzere çalışmada popülasyon büyüklüğü olarak 50 değeri seçilmiş, 100 kez çalıştırılmış ve her çalışmada 300 iterasyon gerçekleştirilmiştir. Veriler arasında çok düşük korelasyon olması amaçlanarak rastgele veri üretimi yapılmış ve korelasyon oranı 0,0635 olarak belirlenmiştir.

Yapılan çalışmada elde edilen verilere bakıldığında, klasik yöntemde göre yapılan çözümde 100 çalıştırmada 84 başarılı sonuca ulaşıldığı görülürken yeni yöntemde göre yapılan çalışmada 100 çalıştırmadan 93’ünde başarılı sonuca ulaşıldığı görülmektedir.

Klasik yöntemde 100 kez çalıştırma sonucunda her bir çalıştırmada en erken nihai çözüme ulaşılan iterasyon değerleri kayıt altına alınmış olup bu değerlerden en düşüğü 20 olarak tespit edilmiştir. Yeni yöntemde tüm çalıştırmalar sonucunda en erken çözüme ulaşılan iterasyon 15’tir. Her iki yöntemde de ulaşılabilecek en iyi çözüme ulaşılan ilk iterasyon değerleri Şekil 5.1’de, algoritmanın elde ettiği en iyi çözümlerin ilk ulaşıldığı iterasyon değerleri Şekil 5.2’de histogram grafik türünden verilmiştir. Ulaşılabilecek en iyi çözümün elde edildiği iterasyonlara ait süreçler Şekil 5.3’te sunulmuştur.

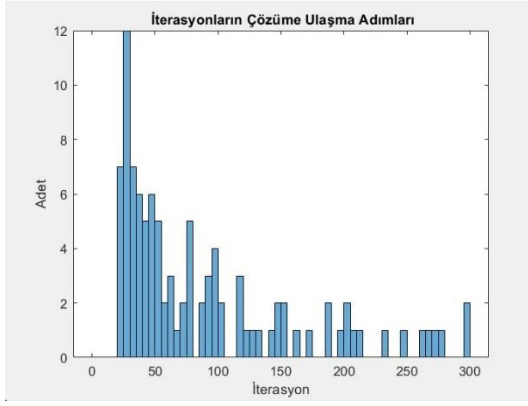


a)

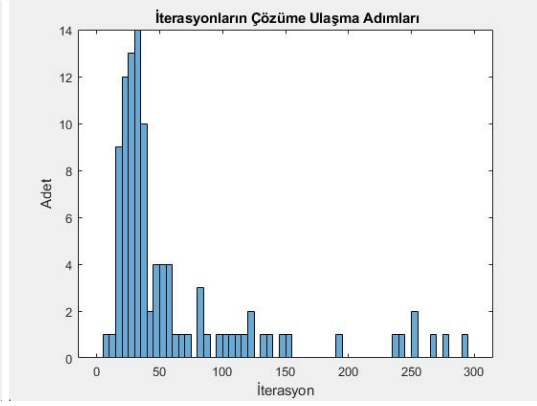


b)

Şekil 5.1. Çok Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilir En İyi Çözüm İlk Ulaştıkları İterasyonların Histogram Grafiği

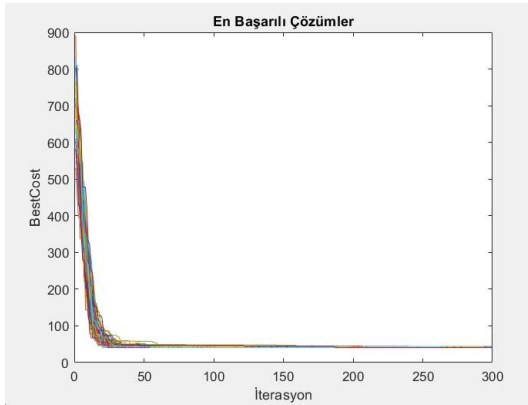


a)

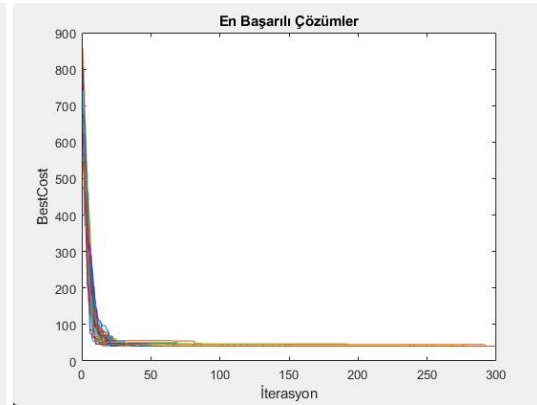


b)

Şekil 5.2. Çok Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşabildiği En İyi Çözümlerin İlk İterasyonlarının Histogram Grafiği

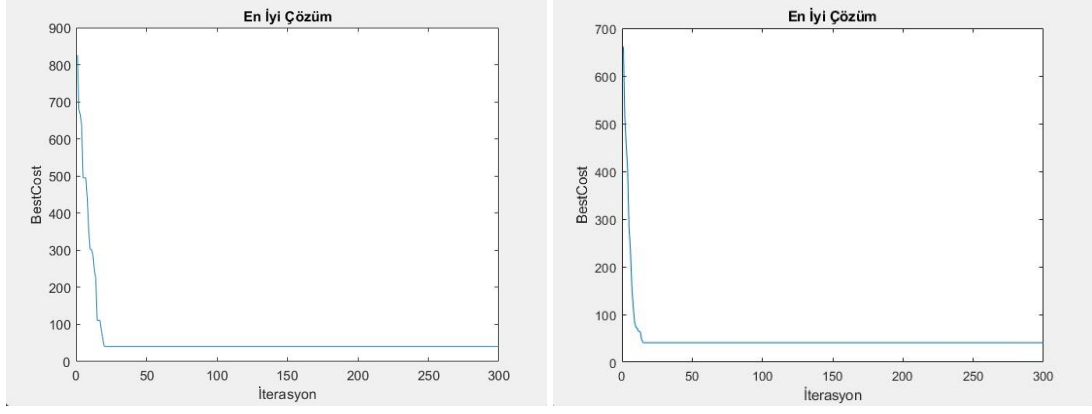


a)



b)

Şekil 5.3. Çok Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilir En İyi Çözüm Ulaştıkları İterasyonlar



a)

b)

Şekil 5.4. Çok Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Elde Ettiği En İyi Çözümler

Klasik yöntemde en iyi çözümlerin ortalaması 41,53 ve standart sapması 1,6308 olarak bulunmuştur. Yeni yöntemde ise en iyi çözümlerin ortalaması 41,09 ve en iyi çözümlerin standart sapması 1,0078'tir. Her iki yöntem için elde edilen en iyi çözümler Şekil 5.4'te sunulmuştur.

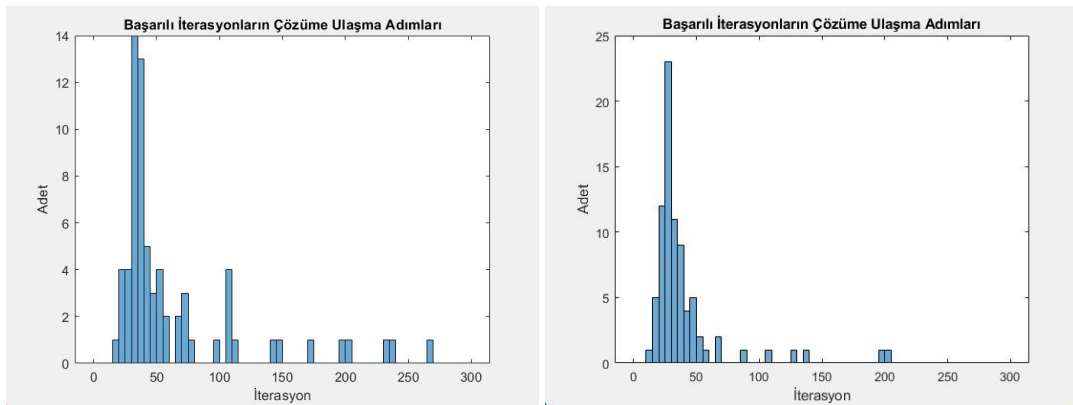
5.2. Düşük Korelasyona Sahip Veri Seti Üzerinde Yapılan Çalışmanın Bulguları

Çalışmanın bu aşamasında, çantadaki nesnelerin ağırlıkları ve değerleri arasında düşük korelasyon olması durumu üzerinde çalışmıştır. Tablo 5.3'te görüldüğü üzere çalışmada popülasyon büyüklüğü olarak 50 değeri seçilmiş, 100 kez çalıştırılmış ve her çalışmada 300 iterasyon gerçekleştirilmiştir. Veriler arasında düşük korelasyon olması amaçlanarak rastgele veri üretimi yapılmış ve korelasyon oranı -0,3524 olarak belirlenmiştir.

Tablo 5.3. Düşük Korelasyona Sahip SÇP İçin Çalıştırma Sonuçları

	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
Çaprazlama 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

Düşük korelasyona sahip veriler üzerinde yapılan çalışma sonucunda elde edilen veriler incelendiğinde, klasik yöntemle göre yapılan çalışmada 100 çalıştırmada 70 başarılı sonuca ulaşıldığı görülürken yeni yöntemle göre yapılan çalışmada 100 çalıştırmadan 81’inde başarılı sonuca ulaşıldığı görülmektedir.

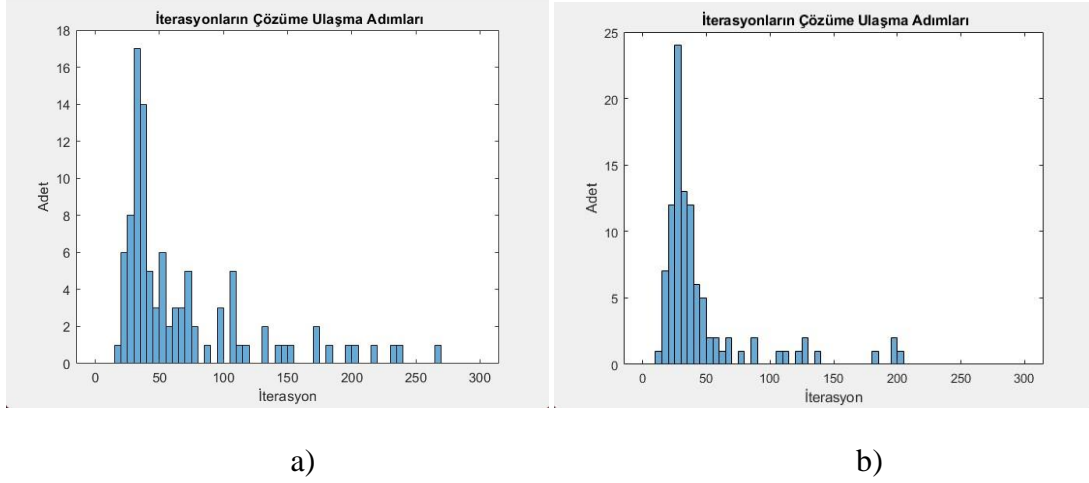


a)

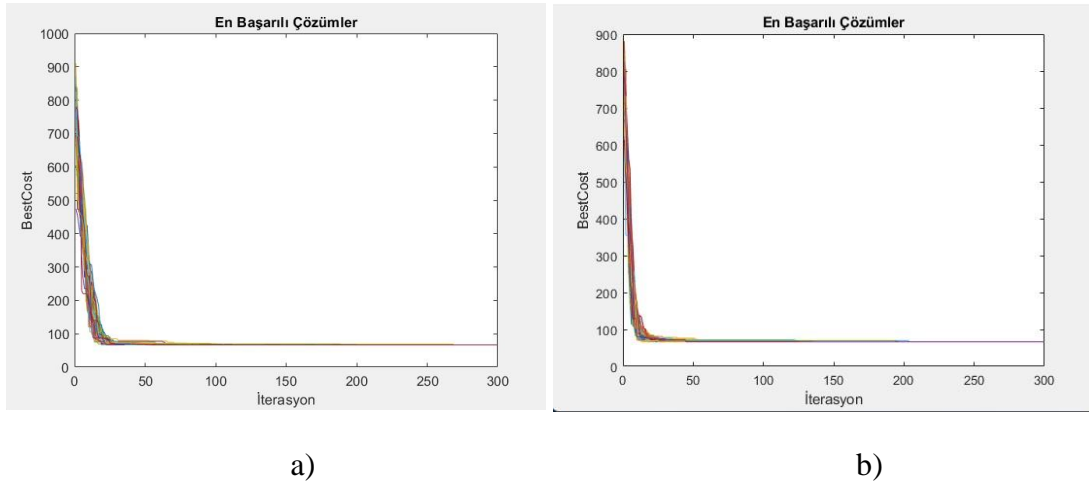
b)

Şekil 5.5. Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözüme İlk Ulaştıkları İterasyonların Histogram Grafiği

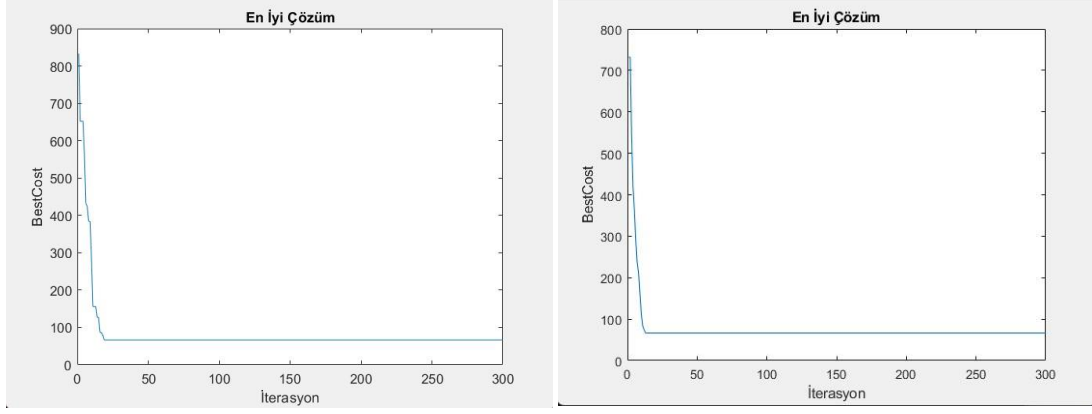
Klasik yöntemde 100 kez çalıştırma sonucunda her bir çalıştırmada en erken nihai çözüme ulaşılan iterasyon değerleri kayıt altına alınmış olup bu değerlerden en düşüğü 19 olarak tespit edilmiştir. Yeni yöntem kullanıldığında tüm çalıştırmalar sonucunda en erken çözüme ulaşılan iterasyon 13'tür. Her iki yöntemde de ulaşılabilecek en iyi çözüme ulaşılan ilk iterasyon değerleri Şekil 5.5'te, algoritmanın elde ettiği en iyi çözümlerin ilk ulaşıldığı iterasyon değerleri Şekil 5.6'da histogram grafik türünden verilmiştir. Ulaşılabilecek en iyi çözümün elde edildiği iterasyonlara ait süreçler Şekil 5.7'de sunulmuştur.



Şekil 5.6. Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabildiği En İyi Çözümlerin İlk İterasyonlarının Histogram Grafiği



Şekil 5.7. Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözüme Ulaştıkları İterasyonlar



a)

b)

Şekil 5.8. Düşük Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Elde Ettiği En İyi Çözümler

Klasik yöntemde en iyi çözümlerin ortalaması 66,82 ve standart sapması 0,3797 olarak bulunmuştur. Yeni yöntemde ise en iyi çözümlerin ortalaması 66,72 ve en iyi çözümlerin standart sapması 0,2681'dir. Her iki yöntem için elde edilen en iyi çözümler Şekil 5.4'te sunulmuştur.

5.3. Orta Korelasyona Sahip Veri Seti Üzerinde Yapılan Çalışmanın Bulguları

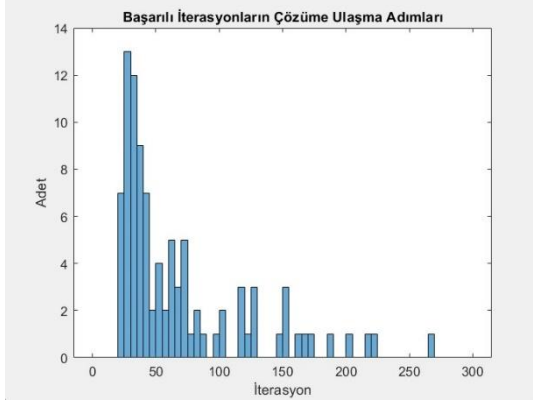
Çantadaki nesnelerin ağırlıkları ve değerleri arasında orta korelasyon olması durumunun test edildiği bu çalışmada popülasyon büyüklüğü olarak 50 değeri seçilmiş, 100 kez çalıştırılmıştır. Her çalışma 300 iterasyondan oluşmaktadır. Veriler arasında orta korelasyon olması amaçlanarak rastgele veri üretimi yapılmış ve korelasyon oranı 0,5262 olarak belirlenmiştir. Bu seçimler neticesinde SÇP üzerinde uygulanan bu çalışmadan elde edilen değerler Tablo 5.4'te verilmiştir.

Tablo 5.4. Orta Korelasyona Sahip SÇP İçin Çalıştırma Sonuçları

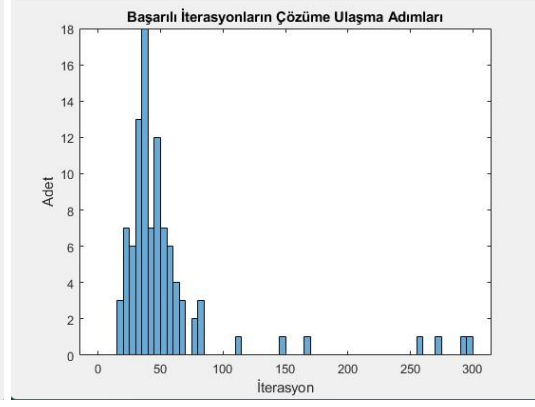
	Klasik Çaprazlama Yöntemi (2 Birey)	Yeni Çaprazlama Yöntemi (3 Birey)
Popülasyon Büyüklüğü	50	50
Çalıştırma Sayısı	100	100
İterasyon Sayısı	300	300
Sırt Çantası Doluluk Oranı	0,90	0,90
Mutasyon Oranı (Her gen için)	0,05	0,05
Çaprazlama Oranı	0,8	0,8
Verilerin Korelasyonu	0,5262	0,5262
Başarılı Sonuç Sayısı	95	98
Sonuca En Erken Ulaşılan İterasyon	20	16
En İyi Çözümlerin Standart Sapması	0,3029	0,0356
En İyi Çözümlerin Ortalaması	64,04	64
İterasyonların Çözüme Ulaşma Ortalaması	71,25	54,73

Çalışmada elde edilen verilere bakıldığında, klasik yöntem tercih edilerek yapılan çözümde 100 çalıştırmada 95 başarılı sonuca ulaşıldığı görülmektedir. Yeni yöntem tercih edilerek yapılan çalışmada 100 çalıştırmadan 98’inde başarılı sonuca ulaşılmıştır.

Klasik yöntem kullanılarak 100 kez çalıştırma işlemi gerçekleştirilmiş, her bir çalıştırmada en erken en başarılı çözüme ulaşılan iterasyon değerleri kayıt altına alınmış ve bu değerlerden en düşüğü 20 olarak tespit edilmiştir. Yeni yöntem kullanılarak yapılan tüm çalıştırmalar sonucunda en erken hedef çözüme ulaşılan iterasyon 16’dır. Her iki yöntemde de ulaşılabilecek en iyi çözüme ulaşılan ilk iterasyon değerleri Şekil 5.9’da, algoritmanın elde ettiği en iyi çözümlerin ilk ulaşıldığı iterasyon değerleri Şekil 5.10’da histogram grafik türünden verilmiştir. Ulaşılabilecek en iyi çözümün elde edildiği iterasyonlara ait süreçler Şekil 5.11’de sunulmuştur.

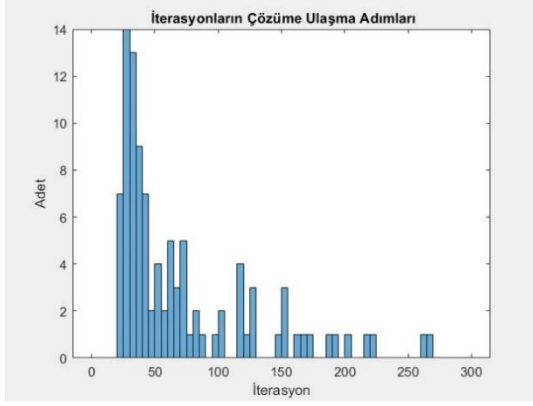


a)

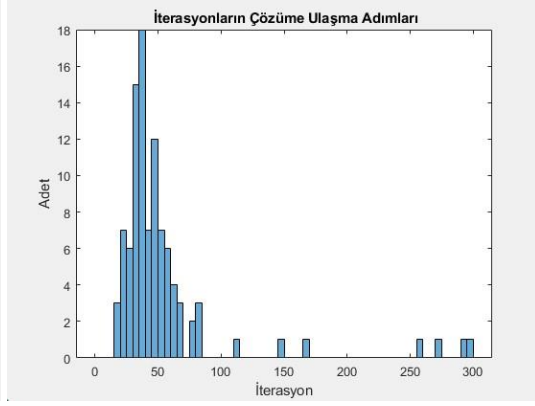


b)

Şekil 5.9. Orta Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözüm İlk Ulaştıkları İterasyonların Histogram Grafiği

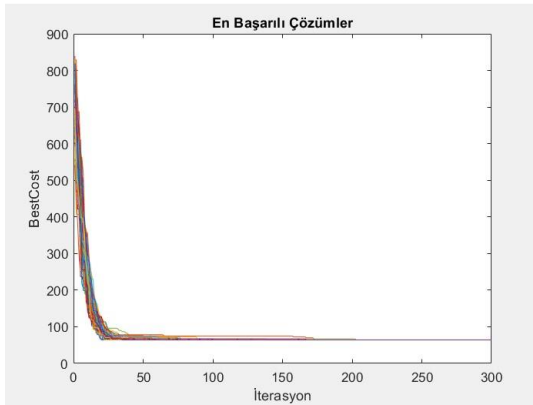


a)

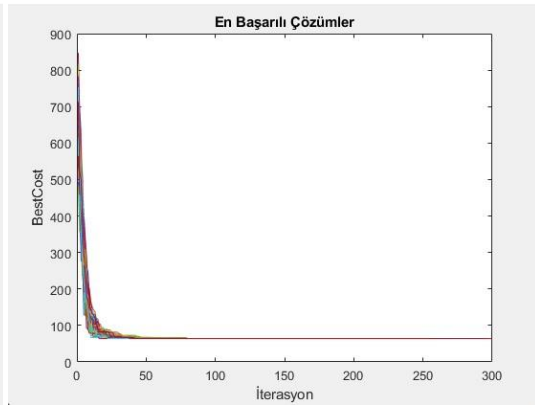


b)

Şekil 5.10. Orta Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşabildiği En İyi Çözümlerin İlk İterasyonlarının Histogram Grafiği

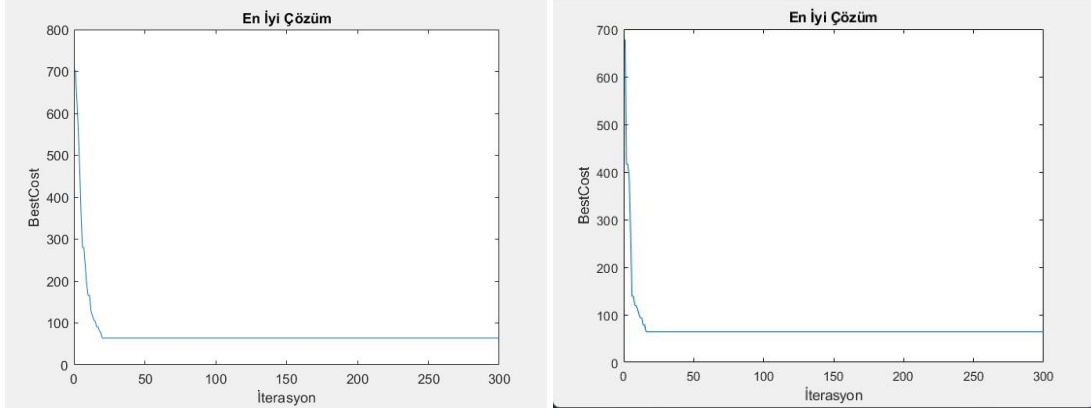


a)



b)

Şekil 5.11. Orta Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözüm Ulaştıkları İterasyonlar



a)

b)

Şekil 5.12. Orta Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Elde Ettiği En İyi Çözümler

Orta korelasyon ilişkisine sahip olan veri seti üzerinde klasik yöntem tercih edildiğinde en iyi çözüm değerlerinin ortalaması 64,04 ve standart sapması 0,3029 olarak bulunmuştur. Yeni yöntemde ise en iyi çözümlerin ortalaması 64'tür ve en iyi çözümlerin standart sapması 0,0356'dır. Her iki yöntem için elde edilen en iyi çözümler Şekil 5.12'de sunulmuştur.

5.4. Yüksek Korelasyona Sahip Veri Seti Üzerinde Yapılan Çalışmanın Bulguları

Bu kısımda SÇP'de çantadaki nesnelerin ağırlıkları ve değerleri arasında yüksek korelasyon olması durumu üzerinde çalışmış olup bu çalışma sonucunda elde edilen değerler Tablo 5.5'te verilmiştir.

Tablo 5.5. Yüksek Korelasyona Sahip SÇP İçin Çalıştırma Sonuçları

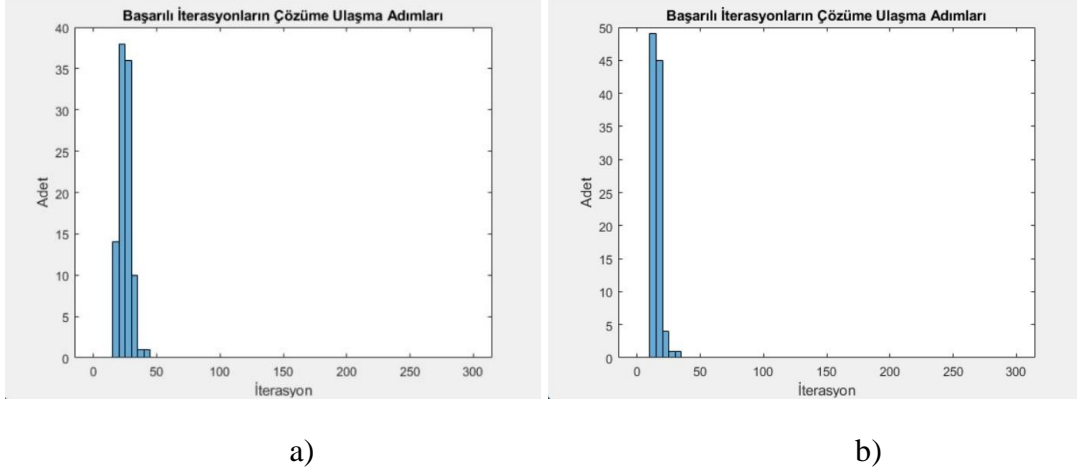
	Klasik Çaprazlama Yöntemi (2 Birey)	Yeni Çaprazlama Yöntemi (3 Birey)
Popülasyon Büyüklüğü	50	50
Çalıştırma Sayısı	100	100
İterasyon Sayısı	300	300
Sırt Çantası Doluluk Oranı	0,90	0,90
Mutasyon Oranı (Her gen için)	0,05	0,05
Çaprazlama Oranı	0,8	0,8
Verilerin Korelasyonu	0,7593	0,7593
Başarılı Sonuç Sayısı	100	100
Sonuca En Erken Ulaşılan İterasyon	15	11
En İyi Çözümlerin Standart Sapması	0	0
En İyi Çözümlerin Ortalaması	105,88	105,88
İterasyonların Çözüme Ulaşma Ortalaması	24,63	15,10

Tabloda açıkça belirtildiği üzere çalışmanın popülasyon büyüklüğü 50 olarak seçilmiş, 100 kez çalıştırılmış ve her bir çalışmada 300 iterasyon gerçekleştirilmiştir. Yüksek korelasyona sahip veri seti oluşturma amaçlanarak rastgele veri üretimi yapılmış ve bunun sonucunda korelasyon oranı 0,7593 olan bir veri seti oluşturulmuştur.

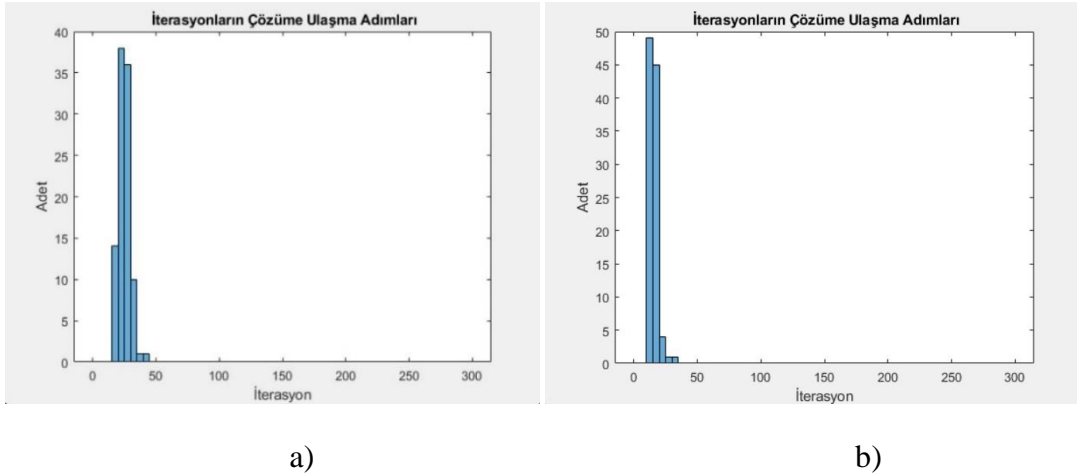
Çalışmada elde edilen veriler dikkate alındığında, klasik yöntemle göre yapılan çözümde 100 çalıştırmada 100 başarılı sonuca ulaşıldığı görülmektedir. Yeni yöntemle göre yapılan çalışmada da aynı klasik yöntemde olduğu gibi 100 çalıştırmadan 100'ünde başarılı sonuca ulaşıldığı görülmektedir.

Klasik yöntem kullanılarak 100 kere çalıştırma sonucunda her bir çalıştırmada en erken hedef çözüme ulaşılan iterasyon değerleri kayıt altına alınmıştır ve bu değerlerden en düşüğü 15 olarak tespit edilmiştir. Yeni yöntemde ise tüm çalıştırmalar sonucunda en erken hedef çözüme ulaşılan iterasyon 11'dir. Her iki yöntemde de ulaşılabilecek en iyi çözüme ulaşılan ilk iterasyon değerleri Şekil 5.13'te, algoritmanın elde ettiği en iyi çözümlerin ilk ulaşıldığı

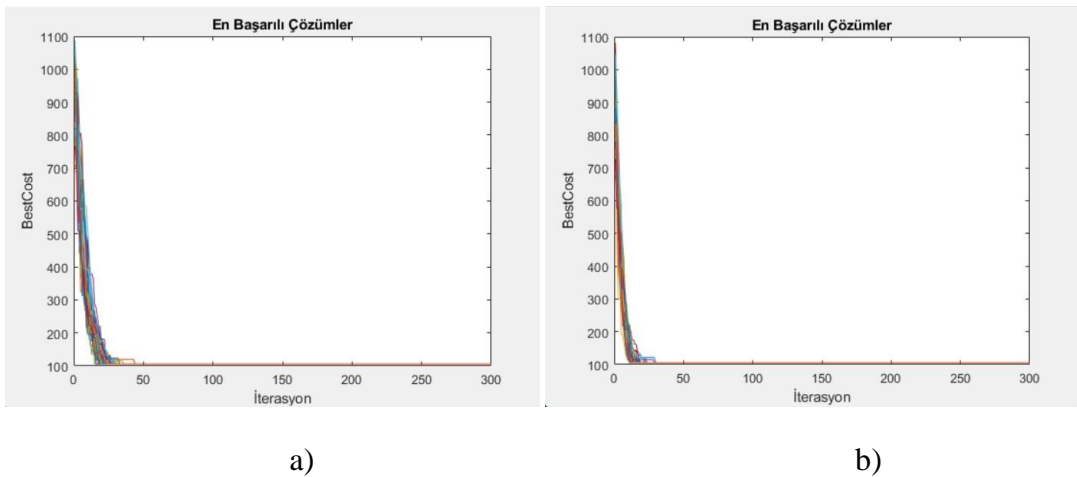
iterasyon değerleri Şekil 5.14'te histogram grafik türünden verilmiştir. Ulaşılabilecek en iyi çözümün elde edildiği iterasyonlara ait süreçler Şekil 5.15'te sunulmuştur.



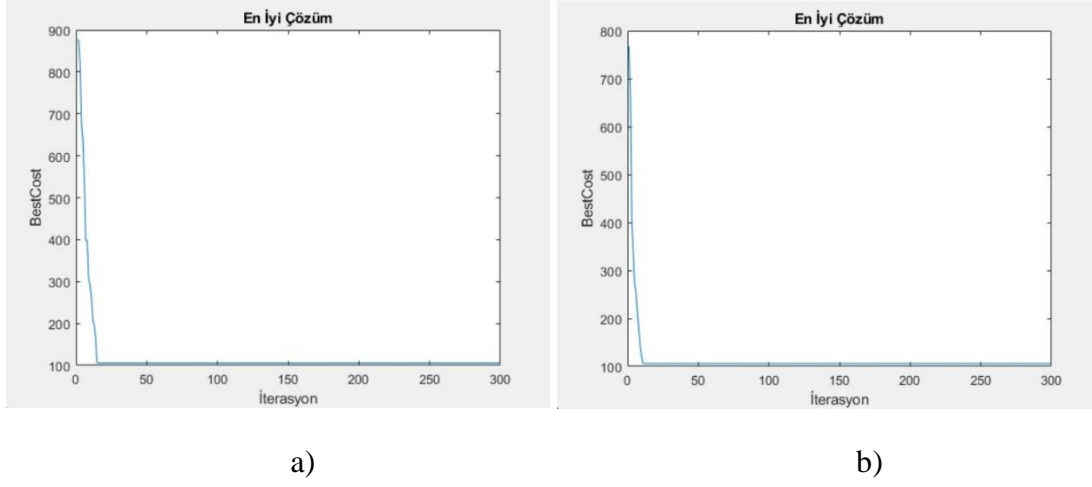
Şekil 5.13. Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözüm İlk Ulaştıkları İterasyonların Histogram Grafiği



Şekil 5.14. Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşabildiği En İyi Çözümlerin İlk İterasyonlarının Histogram Grafiği



Şekil 5.15. Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözüme Ulaştıkları İterasyonlar



Şekil 5.16. Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Elde Ettiği En İyi Çözümler

Klasik yöntemden yararlanarak yapılan çalışmada ulaşılan en iyi çözümlerin ortalaması 105,88 ve standart sapması 0 olarak bulunmuştur. Yeni yöntem kullanıldığında da klasik yöntemle aynı şekilde en iyi çözümlerin ortalaması 105,88 ve en iyi çözümlerin standart sapması 0 olduğu görülmektedir. Her iki yöntem için elde edilen en iyi çözümler Şekil 5.16'da sunulmuştur.

5.5. Çok Yüksek Korelasyona Sahip Veri Seti Üzerinde Yapılan Çalışmanın Bulguları

Bu bölümde çantadaki nesnelerin ağırlıkları ve değerleri arasında çok yüksek korelasyon olması durumunun SÇP üzerinde denenmesi ele alınmış olup çalışma sonucunda elde edilen değerler Tablo 5.6'da verilmiştir.

Tablo 5.6. Çok Yüksek Korelasyona Sahip SÇP İçin Çalıştırma Sonuçları

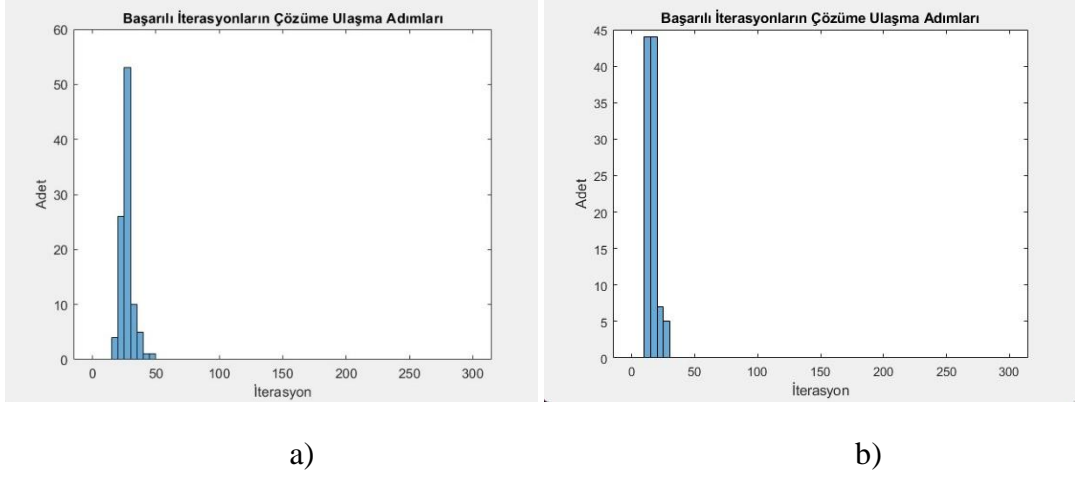
	Klasik Çaprazlama Yöntemi (2 Birey)	Yeni Çaprazlama Yöntemi (3 Birey)
Popülasyon Büyüklüğü	50	50
Çalıştırma Sayısı	100	100
İterasyon Sayısı	300	300
Sırt Çantası Doluluk Oranı	0,90	0,90
Mutasyon Oranı (Her gen için)	0,05	0,05
Çaprazlama Oranı	0,8	0,8
Verilerin Korelasyonu	0,9840	0,9840
Başarılı Sonuç Sayısı	100	100
Sonuca En Erken Ulaşılan İterasyon	17	10
En İyi Çözümlerin Standart Sapması	0	0
En İyi Çözümlerin Ortalaması	105,91	105,91
İterasyonların Çözüme Ulaşma Ortalaması	26,73	15,70

Yukarıdaki tablodan anlaşıldığı üzere çalışmada popülasyon büyüklüğü olarak 50 değeri seçilmiş, 100 kez çalıştırılmıştır. Her çalışmada 300 iterasyon değerine ulaşılmıştır. Veriler arasında çok yüksek korelasyon olması amaçlanarak rastgele veri üretimi yapılmıştır. Oluşturulan veri setinin korelasyon oranı 0,9840 olarak hesaplanmıştır.

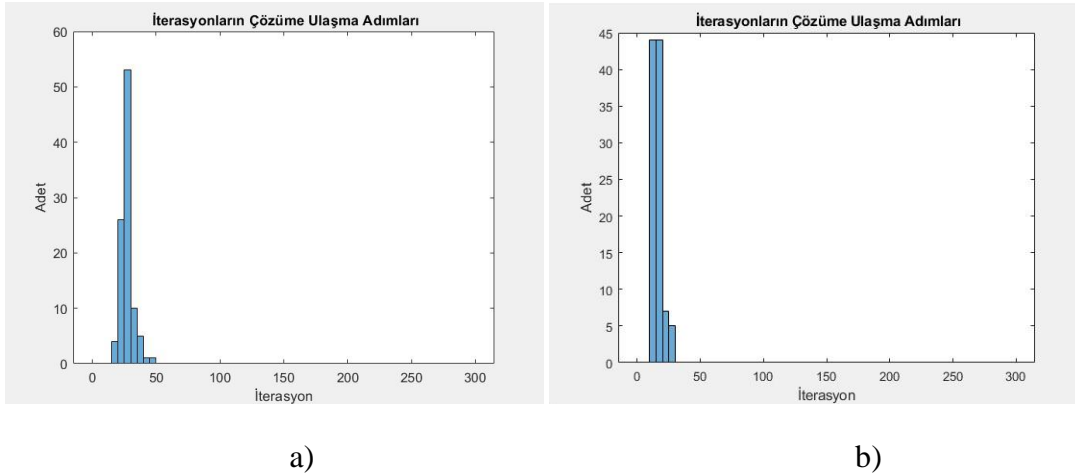
Yapılan çalışmada elde edilen verilere bakıldığında, hem klasik yönteme göre yapılan çözümde hem de yeni yönteme göre yapılan çözümde 100 çalıştırmanın tamamında başarılı sonuca ulaştığı görülmektedir.

Klasik yöntem ile 100 kez çalıştırma işlemi sonucunda her bir çalıştırmada en erken iterasyonda en iyi çözüme ulaşılan iterasyon değerleri kayıt altına alınmış olup bu değerlerden en düşüğü 17 olarak tespit edilmiştir. Yeni yöntemde tüm çalıştırmalar sonucunda en erken en başarılı çözüme ulaşılan iterasyon 10'uncu iterasyondur. Her iki yöntemde de ulaşılabilecek en iyi çözüme ulaşılan ilk iterasyon değerleri Şekil 5.17'de, algoritmanın elde ettiği en iyi çözümlerin ilk ulaşıldığı iterasyon değerleri Şekil 5.18'de histogram grafik türünden

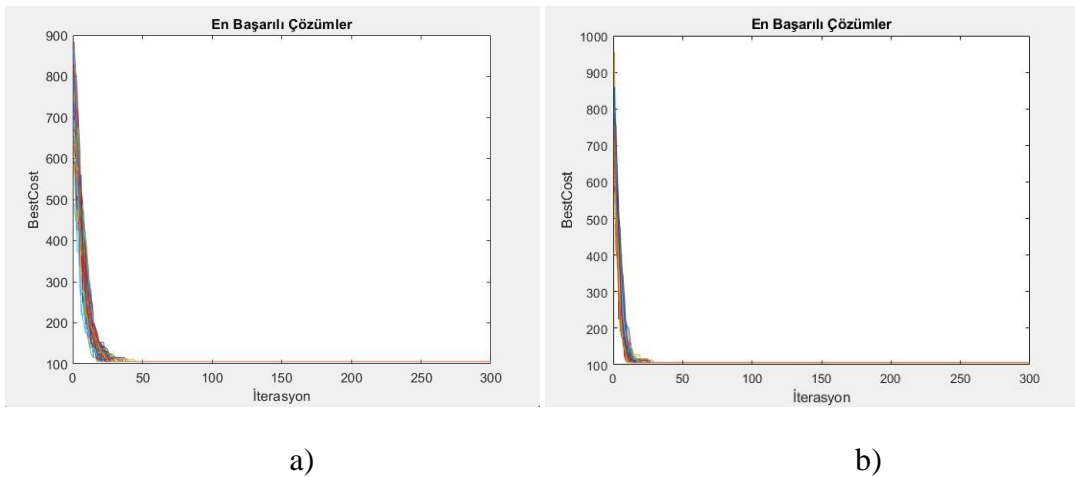
verilmiştir. Ulaşılabilecek en iyi çözümün elde edildiği iterasyonlara ait süreçler Şekil 5.19’da sunulmuştur.



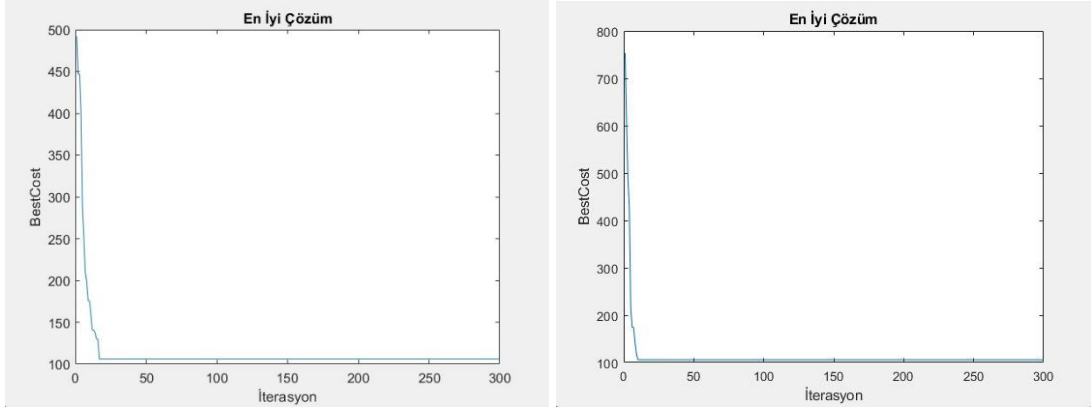
Şekil 5.17. Çok Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözüm İlk Ulaştıkları İterasyonların Histogram Grafiği



Şekil 5.18. Çok Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşabildiği En İyi Çözümlerin İlk İterasyonlarının Histogram Grafiği



Şekil 5.19. Çok Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Ulaşılabilecek En İyi Çözüme Ulaştıkları İterasyonlar



a)

b)

Şekil 5.20. Çok Yüksek Korelasyonda Klasik Yöntem (a) ile Yeni Yöntemin (b) Elde Ettiği En İyi Çözümler

Klasik yöntem kullanıldığında elde edilen en iyi çözümlerin ortalaması 105,91 ve standart sapması 0 olarak bulunmuştur. Yeni yöntemde de klasik yöntemde olduğu gibi ulaşılan en iyi çözümlerin ortalaması 105,91 ve standart sapması 0 olduğu sonucuna ulaşılmıştır. Her iki yöntem için elde edilen en iyi çözümler Şekil 5.20’de sunulmuştur.

6. SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu tez çalışmasında doğal seçim ve evrimsel süreçleri temel alan, bulunduğu yıldan bu yana optimizasyon problemlerinin çözümünde literatüre katkı sağlamış olan GA'ların, genetik bilimindeki gelişmelerden yararlanarak iyileştirilmesi amaçlanmıştır. Özellikle son yıllarda, genetik alanında genom düzenleme araçlarının işlevsel hale gelmesi yeni çalışma alanları üretmiştir. Genom düzenleme araçları sayesinde doğada kendiliğinden gerçekleşen, dışarıdan bilinçli müdahale edilemeyen doğal seçim süreci artık müdahaleye açık hale gelmiştir. ZFN, TALEN, CRISPR/Cas9 gibi genom düzenleme araçlarını kullanarak canlıların gen dizilimlerinde kesikler oluşturup, oluşturulan kesiklere yeni gen parçacıklarının nakledilmesi mümkün hale gelmiştir.

Çalışmada genom düzenleme araçlarının uygulama mantığı temel alınarak GA'lar üzerinde çalışılmıştır. GA'ların, gen dizilimleri üzerinde işlem yapılan bölümü olan çaprazlama operatöründe değişiklikler yaparak farklı bir çaprazlama yöntemi oluşturulmuştur. Genom düzenleme araçlarının, eşey hücresinin mevcut gen dizilimine bir başka canlıdan gen parçacığı nakledebilmesi özelliği, bu çalışmada GA'nın çaprazlama aşamasına üçüncü bir canlıdan gen parçası aktarımı olarak uyarlanmıştır. Bu şekilde oluşturulan yeni çaprazlama yöntemi klasik çift noktalı çaprazlama yöntemi ile karşılaştırılmıştır.

Yeni oluşturulan çaprazlama yöntemi ile klasik çift noktalı çaprazlama yöntemini karşılaştırmak amacıyla beş farklı korelasyonda veri seti kullanılmıştır. Çok düşük, düşük, orta, yüksek ve çok yüksek korelasyona sahip veriler üzerinde yapılan karşılaştırmalarda çaprazlama yöntemleri hız ve başarı oranları bakımından incelenmiştir. Karşılaştırma 50 bireyden oluşan popülasyona sahip bir GA'nın 100 kez çalıştırılması ile gerçekleştirilmiştir.

Çok düşük korelasyona sahip veriler üzerinde yapılan çalışmada klasik çaprazlama yönteminin %84, yeni çaprazlama yönteminin ise %93 başarı oranına ulaştığı görülmüştür. Başarılı çözüme ulaşılan iterasyon değerlerinin ortalamaları incelendiğinde, yeni yöntemin diğerine kıyasla %30 daha erken iterasyon ortalamasıyla başarılı sonuçlar elde ettiği gözlenmiştir.

Aralarında düşük korelasyon bulunan veriler ile yapılan çalışmada klasik çaprazlama yönteminin %70, yeni çaprazlama yönteminin ise %81 başarı oranına ulaştığı görülmüştür. Başarılı çözüme ulaşılan iterasyon değerlerinin ortalamalarına bakıldığında yeni yöntemin diğerine kıyasla %34 daha erken iterasyon ortalamasıyla başarılı sonuçlar elde ettiği gözlenmiştir.

Orta korelasyona sahip veriler üzerinde yapılan çalışmada klasik çaprazlama yönteminin %95, yeni çaprazlama yönteminin ise %98 başarı oranına ulaştığı görülmüştür. Başarılı çözüme ulaşılan iterasyon değerlerinin ortalamaları incelendiğinde yeni yöntemin diğerine kıyasla %24 daha erken iterasyon ortalamasıyla başarılı sonuçlar elde ettiği gözlenmiştir.

Yüksek ve çok yüksek korelasyona sahip veriler üzerinde yapılan çalışmalarda, her iki yöntemin de %100 başarı oranına ulaştıkları görülmüştür. Yüksek korelasyona sahip veriler üzerinde yapılan çalışmada başarılı çözüme ulaşılan iterasyon değerlerinin ortalamaları incelendiğinde yeni yöntemin diğerine kıyasla %37 daha erken iterasyon ortalamasıyla başarılı sonuçlar elde ettiği gözlenmiştir. Çok yüksek korelasyona sahip veriler üzerinde yapılan çalışmada ise bu oranın %42 olduğu sonucuna varılmıştır.

İleriki çalışmalarda, çaprazlama sürecinde ilave olarak bir yerine daha fazla sayıda bireyden gen parçacığı alınıp, bu çalışmada 3 olarak belirlenen ebeveyn sayısı artırılabilir. Ebeveyn sayısının artması durumunda her artış değerine ait performanslar karşılaştırılarak en iyi performansa ulaşan ideal ebeveyn sayısı araştırılabilir. Bu çalışmada çift noktalı çaprazlama yöntemi tercih edilmiştir ve SÇP üzerinde çalışılmıştır. Gelecek çalışmalarda farklı çaprazlama yöntemleri farklı problem tipleri üzerinde denenebilir. Bu denemeler sonucunda elde edilecek performans değerlerinin birbirleriyle kıyaslanabileceği düşünülmektedir.

KAYNAKÇA

- Ağalday, M. F.** (2018). *Genetik Algoritma İle Merkezi Sınavlarda Tek ve Çok Boyutlu Yakınlığa Göre En İyi Oturum Planının Oluşturulması*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Fatih Sultan Mehmet Vakıf Üniversitesi, Mühendislik ve Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul.
- Akpınar, F.** (2009). *Yerleştirme Rotalama Problemi İçin Bir Genetik Algoritma*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). İstanbul Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul.
- Altan, A.** (2013). *Genetik Algoritmada Çaprazlama Operatörü İçin Bir Benzerlik Ölçütü Geliştirilmesi*. (Yayınlanmamış Doktora Tezi). Bursa Uludağ Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bursa.
- Alter, S. G.** (2007). Darwin's Artificial Selection Analogy and The Generic Character of "Phyletic" Evolution. *History and Philosophy of The Life Sciences*, 29, 57-81.
- Balın, A.** (2010). *Genetik Algoritma ile Hat Dengeleme*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Yıldız Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul.
- Baltacı, A. M., & Arslan, M.** (2020). Bitki Islahında CRISPR/Cas9 Uygulamaları. *Erciyes Tarım ve Hayvan Bilimleri Dergisi*, 3(2), 32-40.
- Başkaya, Z.** (2005). Tamsayı Programlama Algoritmaları ve Bilgisayar Uygulamalı Problem Çözümleri. Ekin Kitabevi.
- Berberler, M. E.** (2009). *Sırt Çantası Problem Türleri ve Uygulamaları*. (Yayınlanmamış Doktora Tezi). Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İzmir.
- Bingül, Z., & Söke, A.** (2004). Genetik Algoritmaların Farklı Çaprazlama Teknikleriyle İki Boyutlu Kesme Problemlerine Uygulanışı. *Politeknik Dergisi*, 7(1), 1-11.
- Boch, J., Scholze, H., Schornack, S., Landgraf, A., Hahn, S., Kay, S., Lahaye, T., Nickstadt, A., & Bonas, U.** (2009). Breaking the Code of DNA Binding Specificity of TAL-Type III Effectors. *Science*, 326(5959), 1509-1512.
- Bölükbaş, A., & Gücükoğlu, A.** (2022). CRISPR/Cas9 Teknolojisi ve Gıda Alanında Kullanımı. *Frontiers in Life Sciences and Related Technologies*, 3(1), 36-42.
- Brisson, D.** (2018). Negative Frequency-Dependent Selection is Frequently Confounding. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 6, 1-9.

- Chen, S., Yu, X., & Guo, D.** (2018). CRISPR-Cas Targeting of Host Genes as an Antiviral Strategy. *Viruses*, 10(1), 40.
- Cook, L. M., Grant, B. S., Saccheri, I. J., & Mallet, J. J.** (2012). Selective Bird Predation on The Peppered Moth: The Last Experiment of Michael Majerus. *Biology Letters*. 8(4), 609-612.
- Çetin, N.** (2002). *Genetik Algoritma*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Yıldız Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul.
- Çıldır, Ö. Ş., & Özmen, Ö.** (2018). Çiftlik Hayvanlarında CRISPR/Cas9 Uygulamaları. *Selcuk Journal of Agriculture and Food Sciences*, 32(3), 559-566.
- Çınar, D.** (2007). Hidroelektrik Enerji Üretimini Hibrid Bir Model ile Tahmini. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). İstanbul Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul.
- Duman, C.** (2007). *Genetik Algoritma ile Tesis Yerleşimi Tasarımı ve Bir Uygulama*. (Yüksek Lisans Tezi). Yıldız Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul.
- Elmas, Ç.** (2007). *Yapay Zeka Uygulamaları*, Seçkin Yayıncılık.
- Emel, G. G., & Taşkın, Ç.** (2002). Genetik Algoritmalar ve Uygulama Alanları. *Uludağ Üniversitesi İktisadi ve İdari Bilimler Fakültesi Dergisi*, 21(1), 129-152.
- Engin, O.** (2001). *Akış Tipi Çizelgeleme Problemlerinin Genetik Algoritma ile Çözüm Performansının Artırılmasında Parametre Optimizasyonu*. (Yayınlanmamış Doktora Tezi). İstanbul Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul.
- Ermutaf, E. G.** (2019). *Çok Amaçlı Konteyner Yükleme ve Araç Rotalama Problemlerinin Çözümü İçin Genetik Algoritma Yaklaşımı: Porselen Sektöründe Karar Destek Sistemi Önerisi*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Dumlupınar Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Kütahya.
- Fernández, A., Josa, S., & Montoliu, L.** (2017). A History of Genome Editing in Mammals. *Mammalian Genome*, 28(7-8), 237-246.
- Fiğlalı, A., & Engin, O.** (2002). Akış Tipi Çizelgeleme Problemlerinin Genetik Algoritma Yardımı İle Çözümünde Uygun Çaprazlama Operatörünün Belirlenmesi. *Doğuş Üniversitesi Dergisi*, 6, 27-35.
- Gaj, T., Gersbach, C. A., & Barbas, C. F.** (2013). ZFN, TALEN, and CRISPR/Cas-based

- Methods For Genome Engineering. *Trends Biotechnol.* 31(7), 397-405.
- Görgülü, Ö., Şahinler, S., Bek, Y.** (2006). Bulanık Mantık Uygulamalarının MATLAB Aracılığıyla Çözümlemesi. *IX. Ulusal Biyoistatistik Kongresi*, s. 1-10.
- Gülmez, B.** (2023). Market Zinciri Ürün Dağıtım Probleminin Farklı Genetik Algoritma Versiyonları İle Çözümü ve Karşılaştırması. *OKU Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 6(1), 180-196.
- Gür, H.** (2016). Doğal Seçilim Yoluyla Evrim, Güncel Bir Örnek Alaca Baykuş. Evrimin Işığında, Editörler: Akış I., Altınışık N.E. Yazılama Yayınevi, İstanbul. s. 197-206.
- Hanselman, D. C., & Littlefield, B.** (2005). *Mastering MATLAB 7*. Pearson Education.
- Holland, J. H.** (1992). *Adaptation in Natural and Artificial Systems: An Introductory Analysis With Applications to Biology, Control, and Artificial Intelligence*, The MIT Press.
- Ismkhan, H., & Zamanifar, K.** (2012). Developing Improved Greedy Crossover to Solve Symmetric Traveling Salesman Problem. *International Journal of Computer Science*, 9 (4).
- Javidi, M. M., Fard, R. H., & JAMPOUR, M.** (2015). Research in Random Parameters of Genetic Algorithm and Its Application on TSP and Optimization Problems. *Walailak Journal of Science Technology*, 12(1), 27-34.
- Jennings, B.** (2016). Unnatural Selection. *Minding Nat*, 9(1), 1-9.
- Jinek, M., Chylinski, K., Fonfara, I., Hauer, M., Doudna, J. A., & Charpentier, E.** (2012). A Programmable Dual-RNA-Guided DNA Endonuclease in Adaptive Bacterial Immunity. *Science*, 337(6096), 816-821.
- Joung, J. K., & Sander, J. D.** (2013). TALENs: A Widely Applicable Technology For Targeted Genome Editing. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 14(1), 49-55.
- Kader Esen, V., Cemal, İ., & Elmacı, C.** (2020). Genom Düzenleme Teknikleri ve Hayvan Islahında Kullanılabilirliği. *Hayvan Bilimi ve Ürünleri Dergisi*, 3(2), 189-209.
- Kalaycı, T. E.** (2006). *Yapay Zeka Teknikleri Kullanan Üç Boyutlu Grafik Yazılımları İçin "Extensible 3D" (X3D) ile Bir Altyapı Oluşturulması ve Gerçekleştirimi*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İzmir.
- Kaldırım, B.** (2022). *CRISPR/CAS9 Genom Düzenleme Aracı Kullanarak TGFBI Geninde R124H Mutasyonu Oluşturmaya Yönelik gRNA ve Donör DNA Tasarlama ve DH5ALFA*

- Vektörüne Klonlama*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Selçuk Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Konya.
- Kanat, F. D.** (2020). *CRISPR/Cas9 Sistemi ile BCR/ABL Gen Füzyonunun in Vitro Kalitatif Analizi*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Başkent Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- Kanç, N.** (2022). *Öz nitelik Seçimi İçin Çoklu-Ebeveyn Çaprazlama Operatörlerinin Karşılaştırılması*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Fatih Sultan Mehmet Vakıf Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, İstanbul.
- Karaca, M.** (2018). Yeni Nesil Bitki Islahı Yöntemleri (Moleküler Bitki Islahı) Bazı Avantaj & Dezavantajları. *Tarım Bilimleri Araştırma Dergisi*, 11(1), 39-49.
- Karaköse, E.** (2022). Sürü İnsansız Hava Araçlarının Görev Paylaşımı için Genetik Algoritma Tabanlı Bir Yaklaşım. *Fırat Üniv. Müh. Bil. Bil. Dergisi*, 34(1), 351-360.
- Kaya, İ.** (2006). Çok Aşamalı Proseslerde Örnek Hacminin Belirlenmesi Üzerine Bir Model ve Genetik Algoritmalar Yardımıyla Çözüm Önerisi. *Selçuk Üniversitesi Sosyal Bilimler Enstitüsü Dergisi*, 15, 435-457.
- Kelleci, K. (2022). Sensörinöral İşitme Kaybında Gen Terapi Yaklaşımları. *Journal of Medical Sciences*, 3(1) 22-33.
- Kellerer, H., Pferschy, U., & Pisinger, D.** (2003). *Knapsack Problems*. Springer.
- Malzahn, A., Lowder, L., & Qi, Y.** (2017). Plant Genome Editing with TALEN and CRISPR. *Cell and Bioscience*, 7(1), 1-18.
- Martello, S., & Toth, P.** (1990). *Knapsack Problems: Algorithms and Computer Implementations*. John Wiley & Sons Inc.
- Mignon-Grasteau, S., Boissy, A., Bouix, J., Faure, J.-M., Fisher, A. D., Hinch, G. N., Jensen, P., Le Neindre, P., Mormede, P., & Prunet, P.** (2005). Genetics of Adaptation and Domestication in Livestock. *Livestock Production Science*, 93(1), 3-14.
- Nabiyev, V. V.** (2005). *Yapay Zeka: Problemler-Yöntemler-Algoritmalar*. Seçkin Yayıncılık.
- Odetayo, M. O. J. E. S.** (1995). Knowledge Acquisition and Adaptation: A Genetic Approach. *Expert Systems*, 12(1), 3-13.
- Özbilen, A.** (2006). *Genetik Algoritma İle İletişim Ağlarında Yönlendirme Optimizasyonu*. (Yüksek Lisans Tezi), Gazi Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.

- Öznur, İ., & Korukoğlu, S.** (2003). Genetik Algoritma Yaklaşımı ve Yöneylem Araştırmasında Bir Uygulama. *Yönetim ve Ekonomi*, 10(2), 191-208.
- Parlak, G., Van Den Brink, G., Jeroen, D. R., & Van Woudenberg, R. J. K.** (2018). Evrim Teorisinin Epistemik Statüsü. *Kader*. 16(2), 537-563.
- Petolino, J. F.** (2015). Genome Editing in Plants via Designed Zinc Finger Nucleases. *In Vitro Cellular Developmental Biology-Plant*, 51, 1-8.
- Pulat, M., & Deveci Kocakoç, İ.** (2019). Gezgin Satıcı Probleminin Genetik Algoritmalar Kullanarak Çözümünde Çaprazlama Operatörlerinin Örnek Olaylar Bazlı İncelenmesi. *İzmir İktisat Dergisi*, 34(2), 225-243.
- Razali, N. M., & Geraghty, J.** (2011). Genetic Algorithm Performance With Different Selection Strategies in Solving TSP. *Proceedings of The World Congress on Engineering*.
- Samanta, M. K., Dey, A., & Gayen, S.** (2016). CRISPR/Cas9: An Advanced Tool for Editing Plant Genomes. *Transgenic Res*, 25, 561-573.
- Samsunlu, E. T.** (2021). Gen Terapisinde CRISPR-Cas9. *Celal Bayar Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 8(3), 574-580.
- Sanaç, P., & Karci, A.** (2005). Genetik Algoritmalarda Tek ve Çok Noktalı Çaprazlamanın Sözde Rassal Populasyonlara Etkisi.
- Saraç, T.** (2007). *Genelleştirilmiş Karesel Çoklu Sırt Çantası Problemi İçin Melez Bir Çözüm Yaklaşımı*. (Yayınlanmamış Doktora Tezi). Eskişehir Osmangazi Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Eskişehir.
- Soyaslan, G.** (2010). *Genetik Algoritmalarda Atama Problemi ve Buna Yönelik Bir Uygulama*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Yıldız Teknik Üniversitesi, Sosyal Bilimler Enstitüsü, İstanbul.
- Şeker, Ş.** (2007). *Araç Rotalama Problemleri ve Zaman Pencere Stokastik Araç Rotalama Problemine Genetik Algoritma Yaklaşımı*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Yıldız Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul.
- Şen, Z.** (2004). *Genetik Algoritmalar ve En İyileme Yöntemleri*. Su Vakfı Yayınları.
- Şenyer, A.** (2020). CRISPR/Cas9 Sistemi Kullanılarak Tütün (*Nicotiana Tabacum*) Bitkisinde DEK1 Geninin Susturulması. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Samsun.

- Taştan, S., & Suvay Eker, H.** (2020). Genetik Algoritma ile Sınav Çizelgeleme. *Sivas Cumhuriyet Üniversitesi İktisadi ve İdari Bilimler Dergisi*, 21(2), 47-68.
- Teletchea, F.** (2019). *Animal Domestication: A brief overview*. IntechOpen.
- Topçu, İ., Duran T.** (2021). Gen Düzenleme Teknolojileri Tarihi. Topçu İ (Ed.) *Genetik Müdahale ve Etik Tartışmalar*. 1. Baskı. Ankara: Türkiye Klinikleri, s. 5-13.
- Topçu, İ., & Nasuhbeyoğlu, N.** (2020). Gen düzenleme teknolojileri bağlamında COVID-19 aşı çalışmaları ve etik sorunlar. *Anatolian Clinic the Journal of Medical Sciences*, 25(3), 274-284.
- Tufan, F., & Keleş, E. N.** (2019). Genom Düzenleme Teknolojileri ve Bitkilerdeki Uygulamaları. *Haliç Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi*, 2(1), 113-133.
- Turfan, D.** (2014). *Tabakalı Rastgele Örneklemede Örneklem Büyüklüklerinin Genetik Algoritma İle Belirlenmesi*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Hacettepe Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- Ural, B. N.** (2021). *Farklı Ayçiçeği Genotiplerinde CRISPR/Cas9 Metodu Kullanılarak Oleik Asit Miktarı Değiştirme Çalışmaları*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Gebze Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Gebze.
- Uygur, A.** (2010). *Sırt Çantası Problemlerinin Çözüm Yöntemleri ve Bir Uygulaması*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İzmir.
- Voytas, D. F.** (2013). Plant Genome Engineering with Sequence-Specific Nucleases. *Annual Review of Plant Biology*, 64, 327-350.
- Xu, X., Liu, C., Wang, Y., Koivisto, O., Zhou, J., Shu, Y., & Zhang, H.** (2021). Nanotechnology-Based Delivery of CRISPR/Cas9 for Cancer Treatment. *Advanced Drug Delivery Reviews*, 176, 1-31.
- Yaman, F., & Yılmaz, A. E. J. E. M. D.** (2010). Genetik Algoritmada Tek ve Çok Noktalı Çaprazlama Tekniklerinin Doğrusal Anten Dizisi Sentez Probleminde İncelenmesi.
- Yaman, I.** (2014). *Portföy Optimizasyonunda Değiştirilmiş Parçacık Sürü Optimizasyonu Yaklaşımı*. (Yayınlanmamış Yüksek Lisans Tezi). Hacettepe Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- Yavuz, İ. B.** (2021). *Küme Birleşimli Sırt Çantası Probleminin Adaptif Yapay Arı Kolonisi Algoritması ile Çözümü*. (Yüksek Lisans Tezi). Karabük Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim

Enstitüsü, Karabük.

Yeniay, Ö. (1999). *Taguchi Deney Tasarımı Problemlerine Genetik Algoritma Yaklaşımı*. (Yayınlanmamış Doktora Tezi). Hacettepe Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.

Yeşilbostan, S. (2020). *Fare Spermatogonyal Kök Hücrelerinde CRISPR/Cas9 ile Hedefli Genom Düzenleme*. (Yayınlanmamış Doktora Tezi). Ankara Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Ankara.

Yurtsal, A., Kaynar, O. (2019). Ders Programı Çizelgeleme Probleminin Genetik Algoritma ile Optimizasyonu. *Bilişim Sistemleri ve Yönetim Araştırmaları Dergisi*, 1(1), 9-14.

Zhou, G., & Gen, M. (1997). A Note on Genetic Algorithms for Degree- Constrained Spanning Tree Problems. *Networks an International Journals*, 30(2), 91-95.

Zohary, D., Tchernov, E., & Horwitz, L. K. (1998). The Role of Unconscious Selection in The Domestication of Sheep and Goats. *Journal of Zoology*, 245(2), 129-135.