

PARALEL GENETİK ALGORİTMALARDA FARKLILIK VE GEÇİRGENLİK

Nihat ADAR¹, *Gültekin KUVAT²

¹Eskişehir Osmangazi Üniversitesi, Mühendislik-Mimarlık Fakültesi, Bilgisayar Mühendisliği Bölümü, Eskişehir, nadar@ogu.edu.tr

²Dumlupınar Üniversitesi, Mühendislik Fakültesi, Bilgisayar Mühendisliği Bölümü, Kütahya, gultekin@dpu.edu.tr

Geliş Tarihi:28.11.2011 Kabul Tarihi:10.02.2012

ÖZET

Paralel genetik algoritmalar (PGA'lar) farklı bireylere sahip birden fazla alt popülasyon üzerinde genetik algoritma (GA) çalıştırarak arama yapan bir en iyileme algoritmasıdır. PGA'ların başarılı bir arama yapmasını etkileyen en önemli unsurlardan biri kullanılan göç yöntemidir. Göç yöntemleri, seçilen bireylerin hangi alt popülasyonlara gönderileceğini belirler. Göç eden birey, alt popülasyondaki arama kalitesini ve buna bağlı olarak algoritma başarısını etkiler. PGA'ların GA'lardan daha başarılı sonuçlar üretmesi, göç işleminin farklılığa olan katkısının bir sonucudur. Bu nedenle, tercih edilen göç yönteminin farklılığı arttıracak bir etkisinin olması istenir. Bu çalışmada, farklı göç yöntemleri için performans sonuçları ve farklılık değerleri verilmiş ve elde edilen sonuçlar karşılaştırılmıştır. Bunun yanında göç bireylerinin alt popülasyonlar arasında doğru ve etkin taşınması yeni bir kavram olarak geçirgenlik ile ifade edilmiştir. Farklı göç yöntemleri için geçirgenlik değerlendirmesi yapılmış ve geçirgenliğin algoritma performansına katkısı incelenmiştir.

Anahtar Kelimeler: *Paralel genetik algoritmalar, göç yöntemleri, farklılık, geçirgenlik*

DIVERSITY AND PERMEABILITY IN PARALLEL GENETIC ALGORITHMS

ABSTRACT

Parallel genetic algorithms (PGAs) are optimization algorithms that search by running genetic algorithm (GA) on more than one subpopulation with different individuals. One of the most important factors that affects successful search of PGAs is the migration method employed. Migration methods determine the subpopulations where selected individuals will migrate to. The migrating individual affects quality of the search at the subpopulation, and consequently the success of the algorithm. The reason that PGAs offer more successful results than GAs is the contribution of the migration process to diversity. Therefore, the preferred migration method should have an impact that increases the diversity. In this study, performance results and diversity values have been provided for different migration methods and the obtained results have been compared. Additionally, migration of individuals among subpopulations properly and effectively has been expressed by the permeability as a new concept. Permeability evaluation has been carried out for different migration methods and contribution of the permeability to performance of the algorithm has been investigated.

Keywords: *Parallel genetic algorithms, migration methods, diversity, permeability*

1. GİRİŞ

Genetik algoritmalarda (GA'larda) farklılık, arama yapılan uzaydaki bireylerin birbirine benzerlik durumu olarak ifade edilebilir. Birbirine çok benzeyen popülasyon bireyleri yeni bireyler üretemeyecek ve sonuç olarak arama yerel bir en iyie takılabilecektir. Bundan dolayı GA'larda daha iyi sonuçlar elde etmek için farklılığın yüksek olması gereklidir [1]. Paralel genetik algoritmalarda (PGA'larda) ise yeni bireyler göç işlemi ile alt popülasyona katılacağı için farklılık kendiliğinden oluşmaktadır. Birçok araştırmacı, farklılığın yüksek olmasını PGA'ların iyi sonuçlar üretmesinin sebebi olarak görmektedirler [2]. Ancak göç yöntemlerinin farklılık üzerindeki etkisi eşit değildir. Bu çalışmada göç yöntemlerinin alt popülasyonlardaki farklılığa etkileri incelenmiş ve algoritma performansları verilmiştir. Geçirgenlik, bu çalışmada ortaya konan yeni bir kavramdır. PGA'larda iyi sonuçlar üretilebilmesi, göç edecek bireylerin alt popülasyonlar arasında doğru ve etkin olarak aktarılmasına bağlıdır. Göç yöntemleri arasındaki başarı performansını etkileyen bu değerlendirme, farklı göç yöntemleri için geçirgenlik

analizi yapılarak incelenmiştir. Geçirgenlik incelenirken alt popülasyonlar bütün bir popülasyon gibi kabul edilerek farklılık analizi yapılmıştır. Bu analiz sonucunda, bireylerini etkin şekilde taşıyabilen göç yöntemlerinin daha düşük geçirgenlik değerleri ürettiği, dolayısıyla bireylerini daha iyi taşıdığı gösterilmiştir.

Çalışmanın devamında 2. bölümde bu çalışmada değerlendirmeye tabi tutulan göç yöntemleri verilmiş, 3. bölümde farklılık ve geçirgenlik kavramları açıklanmış, 4. bölümde farklılık ve geçirgenlik analizlerinin nasıl yapıldığı anlatılmış ve farklı şartlar için göç yöntemlerinden elde edilen farklılık, geçirgenlik ve performans sonuçları karşılaştırılmış, 5. bölümde ise yapılan çalışmalar sonrasında elde edilen sonuçlar sunulmuştur.

2. PGA'LARDA GÖÇ YÖNTEMLERİ

PGA'lar GA adımlarını içeren, bunun yanında eşzamanlı olarak çözüm uzayının farklı bölgelerinde arama yapabilen ve genellikle GA'lardan daha hızlı ve daha iyi sonuçlara ulaşabilen arama ve en iyileme yöntemleridir. PGA'ların başarılı sonuçlar üretmesindeki en önemli unsur olan göç işlemi, belli aralıklarla belirlenen sayıda bireyin bir alt popülasyondan diğerine taşınması olarak tanımlanır [3]. Göç işlemi, alt popülasyonlardaki bireylerin paylaşılması ile genel bir iyileştirme sağlamanın yanında en iyileme yöntemlerinin önemli bir problemi olan yerel en iyilere takılma riskini azaltmaktadır [4]. Göç işleminin başarısının diğer bir nedeni, iyi bireyleri diğer alt popülasyonlara göndererek bu bireylerin büyük popülasyon içerisinde GA operasyonları sonucu bozulma veya kaybolma ihtimalini düşürmesidir.

PGA'larda en yaygın olarak kullanılan göç politikası halka göç metodudur (HGM). Alt popülasyonların halka şeklinde sıralanması ile oluşan yöntemin yaygın olmasının sebebi kolay uygulanması, düşük haberleşme maliyeti ve tüm mimariler üzerinde oluşturulabilmesidir. Halka modeli esas alınarak tek yönlü [5,6], çift yönlü [6,7,8] ve kendisinden bir ve iki alt popülasyon sonrasına göç gerçekleştirilen +1+2 yaklaşımı, kendisinden iki ve üç alt popülasyon sonrasına göç gerçekleştirilen +2+3 yaklaşımı [8] kullanılan yöntemlerdendir. Halka yapısına bağlı kalınarak yapılan göç işlemi literatürde basamak (stepping-stone) olarak da adlandırılmaktadır [3,9,10,11]. Bunun dışında göç işleminin rasgele seçilen bir alt popülasyona gerçekleştirildiği rasgele halka metodu [3,12] kullanılan yöntemlerdendir.

HGM dışında tüm alt popülasyonların birbirine bağlı olduğu tam-bağlı metot [6,7,13] kullanılan yöntemlerden bir diğeridir. Bu çalışmada tam bağlı metot kullanılarak yapılan göç yöntemi, tam bağlı göç metodu (TBGM) olarak isimlendirilmiştir. Bu metoda göre göç işlemi sırasında tüm alt popülasyonlar birbirleri arasında birey alışverişi yapmaktadırlar. Ancak bu yapı çok fazla bağlantı içerdiği için yüksek haberleşme maliyeti oluşturmaktadır. Bundan dolayı uygulamalardan çok teorik çalışmalarda kullanılmaktadır. Bunların dışında aşırı küp (hypercube) olarak bilinen diğer bir topolojik yapı mevcuttur [7,11]. Yaygın olarak kullanılan bu yaklaşımlar dışında, alt popülasyonların küp şeklinde yerleştirilerek göç yönünün özel olarak seçildiği uygulamalarda mevcuttur [14]. Bilinen ve çalışmalarda kullanılan bir diğer yapı toroidal yapıdır [15]. Ayrıca torus yapısı da kullanılan topolojik modellerden bir tanesidir [16].

PGA'ların GA'lara göre daha iyi sonuçlar üretmesini sağlayan ve PGA'ların önemli bir adımını oluşturan göç işlemi, genellikle kullanılan topolojik yapıya göre uygulanan bir işlemdir. Ancak, topolojik yapıya bağlı olarak yapılan göç, iyi bireylerin alt popülasyonlar arasında yayılmasını yavaşlatmakta, hatta bazen o bireye ihtiyacı olan alt popülasyona ulaşmasını engellemektedir. Bu durum alt popülasyonların iyi bireyleri en kısa adımda popülasyonuna katarak arama fazını bitirmeleri ve düzenleme fazında uzun süre kalmalarına engel olmaktadır. Bu nedenle, iyi bireylerin doğru alt popülasyonlara daha hızlı ulaşmasını sağlamak ve buna bağlı olarak daha iyi sonuçlar elde etmek yönlendirilmiş göç metotları ile gerçekleştirilebilir.

Yeni bir göç yöntemi olan Elit Göç Metodu (EGM) iyi bireyleri doğru alt popülasyonlara daha hızlı ulaştırılarak iyi sonuçları daha erken üretmeyi hedeflemektedir. EGM, alt popülasyonlar arasında iyilik değerlendirmesi yaparak iyi bireyin iyi alt popülasyona gitmesini sağlamaktadır. Her alt popülasyonun iyilik değerlendirmesi uyum değerleri ortalaması ile belirlenmektedir. Maksimizasyon probleminin çözüldüğü bir PGA uygulamasında yüksek uyum değerleri ortalamasına sahip bir alt popülasyonun aranan en iyi noktaya daha yakın bireylerden

oluştığı kabul edilerek daha fazla göç alması sağlanmaktadır. Böylece iyi bireylere sahip bir alt popülasyonun, diğer alt popülasyonların iyi bireyleri ile desteklenerek daha iyi sonuçlar üretilmesi hedeflenmektedir [17]. PGA'larda yöntemlerin performanslarını değerlendirmek için test fonksiyonları kullanılmaktadır. [17]'de sürekli, ayrılmaz, tek şekilli Rosenbrock (f_{Ros}), sürekli, ölçeklenebilir, çoklu biçimli Rastrigin (f_{Ras}) ve sürekli, tam konveks, tek şekilli Sphere (f_{Sph}) fonksiyonları [3,14,18] gerçek ortam testlerinde kullanılmıştır. Yapılan deneysel çalışmalarda alt popülasyon boyutları 80, 160, 640 ve 1000 alınarak ve

- Göç aralığı 20, göç oranı %10, gen sayısı 10,
- Göç aralığı 80, göç oranı %10, gen sayısı 10,
- Göç aralığı 80, göç oranı %20, gen sayısı 10,
- Göç aralığı 80, göç oranı %10, gen sayısı 20

kullanılarak EGM, HGM ve TBGM'nin performansları yüzde ifade ile karşılaştırılmıştır. Yapılan gerçek ortam testlerine göre EGM, [19,20]'de verilen karşılaştırmalarla da ortaya konduğu gibi HGM'den birçok durum için daha iyi sonuçlar üretmiştir. EGM'nin düşük göç aralığı ve yüksek göç oranlarında çok fazla gen değişimi gerçekleştiren TBGM'ye göre ise yeterince iyi sonuçlar üretmediği, ancak diğer durumlarda eşit ya da daha iyi sonuçlar ürettiği belirlenmiştir. TBGM'nin başarılı olduğu denemeler incelendiğinde göç aralığı ve göç oranı gibi haberleşme maliyetini arttıran etkenlerin yüksek olduğu parametreler görülmektedir. EGM iyi genleri hızlı bir biçimde iyi alt popülasyonlara taşıdığı için özellikle gen toplamanın zor olduğu düşük alt popülasyon boyutlarında iyi sonuçlar üretmektedir. Alt popülasyon boyutu büyüdüğünde ise genlerin çoğunluğu başlangıç popülasyonlarında bulunduğu için göç yöntemleri arasındaki farklılıklar azalmış ve HGM, EGM performansına yaklaşmıştır. Büyük alt popülasyon boyutlarında tüm yöntemlerin iterasyon adımları sonunda birbirine çok yakın sonuçlar ürettiği, yalnızca arama hızlarının değiştiği belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar değerlendirildiğinde EGM, üzerinde iyileştirme ve araştırmalar yapılabilecek yeni bir yöntem olarak ortaya konmuştur [17].

3. FARKLILIK VE GEÇİRGENLİK

3.1 Farklılık

GA'lar aynı anda arama uzayının birçok bölgesinde arama yapabilirler. Bu sayede, iyi bir çözüme kolayca ulaşarak başarılı sonuçlar üretebilirler. İyi bir arama için popülasyon içerisinde arama uzayının farklı bölgelerini yeterince temsil edebilen bireylere ihtiyaç vardır. Bunun yanında, iyi bireylerin seçilerek GA operasyonlarına tabi tutulmasını sağlayacak seçim baskısına gerek duyulur. Eğer seçim baskısı yeterince sağlanmazsa bu arama rasgele bir arama gibi davranır ve arama uzayının istenen bölgelerinde arama gerçekleştirmek zorlaşır [1]. Bu iki kavram arasındaki denge, GA'nın performansını belirler. Ancak, sürekli olarak aynı genleri taşıyan bireyler seçilir ise yeni nesiller üretildikçe popülasyon bireylerinin büyük çoğunluğu arama uzayında belli bir bölgeyi temsil eden genlerden oluşabilir. Bu durum, GA'nın başarısının sebebi olan eşzamanlı arama işlevine zarar verir. Popülasyon bireyleri, tamamen birbirine benzeşmeye başladığında arama uzayının farklı bir bölgesinde arama yapabilme şansı sadece mutasyon operatörünün sisteme katkısına bağlı olacaktır. Yerel en iyi noktalara takılmaya yol açan bu durum araştırmacılar tarafından istenmeyen bir sonuçtur.

Farklılık; arama yapılan test fonksiyonunun özellikleri, popülasyon boyutu, seçim yöntemi, mutasyon oranı ve göç politikası gibi birçok unsurdan etkilenir. Bu unsurlardan bir tanesi olan test fonksiyonlarının birçoğu için arama uzayının en iyi bölgesini belirlemek ve o bölgede arama yapmak popülasyon içerisindeki farklılığın düşmesine neden olur [1]. PGA'larda ise göç işlemi ile alt popülasyon içerisine yeni bireyler katılmaktadır. Yeni bireyler, alt popülasyon içerisinde bulunan bireylerden farklı oldukları için alt popülasyondaki farklılığı önemli ölçüde arttırmaktadır. PGA'ların iyi sonuçlar üretmesinin sebebi olarak büyük popülasyon içerisinde farklılığın yüksek olması gösterilmektedirler [2]. Bundan dolayı araştırmacılar, farklılığı arttırmak için değişik çözümler sunmaktadırlar [21,22,23,24,25].

GA'larda farklılık iki yöntemle belirlenmektedir. Bunlardan birincisi uyum değeri esas alınarak yapılan değerlendirmedir. Fenotip farklılık ölçüsü olarak adlandırılan bu kıyaslamada popülasyonun uyum değerleri ortalamasının en iyi ile farkı, en kötü ile farkı, popülasyon bireylerinin tümünün ortalama uyum değeri ile

farklarının ortalaması, popülasyon bireylerinin tümünün en iyi birey ile farklarının ortalaması gibi yaklaşımlar kullanılmaktadır [26]. Buradaki amaç, bireylerin uyum değeri ile ortalama ya da en iyi bireye ait uyum değerini kıyaslayarak popülasyon bireylerinin bir noktaya doğru yakınsadığını veya yakınsamadığını tespit etmektir. Bu kıyaslamalar ile aradaki farkların çok düşük çıkması durumunda, popülasyon bireylerinin arama uzayında belli bir bölgeyi temsil ettiği, buna bağlı olarak farklılığın düştüğü gösterilmektedir. Bunun dışında, en iyi uyum değerinin ortalama uyum değerine oranı kullanılan diğer bir yaklaşımdır. Sıfır ile bir arasında değerler alabilen bu orana göre sonuç sıfıra yakınsadığında popülasyondaki farklılığın kaybolduğu, bire yakınsadığında ise farklılığın yüksek olduğu ifade edilmektedir [26]. Uyum değeri temelli farklılık analizinin dezavantajı, üzerinde arama yapılan fonksiyona doğrudan bağımlı olmasıdır. Bu dezavantajdan dolayı kullanılan diğer kıyaslama yöntemi, gen özellikleri göz önünde bulundurularak yapılan değerlendirmedir. Ortalama uyum değerine en yakın veya en iyi uyum değerine sahip kromozomun popülasyon içerisindeki diğer kromozomlar ile gen yapısındaki farklılıkları Hamming Distance (HD) yöntemi kullanarak hesaplayan bu yaklaşım gen temelli farklılık ölçüsü olarak kabul edilmektedir [26]. Kullanılan diğer bir gen temelli farklılık analizi, kromozomları oluşturan bitler üzerinde gerçekleştirilen entropi hesaplamasıdır. Bu yaklaşımda bütün kromozomlara ait bit pozisyonlarındaki 0 ve 1'ler sırası ile sayılmakta, oran entropi ifadesinde kullanılarak kromozom boyunca elde edilen sonuç popülasyona ait farklılık olarak değerlendirilmektedir [5]. Bu yaklaşım, uyum değeri ve uyum fonksiyonundan tamamen bağımsız olduğu için farklı parametrelere sahip yapılara uyarlanması kolaydır.

Farklılığın önemli bir kavram olarak ortaya çıkması, araştırmacıları farklılığı kullanarak yeni yaklaşımlar geliştirmeye yöneltmiştir. Senkron ve asenkron PGA'ların farklılık analizi [5], mutasyon, çaprazlama ve göç oranı gibi parametrelerin belirlenmesinde farklılığın kullanımı [26], göç bireylerinin seçiminde farklılığın kullanımı [2] gibi birçok çalışmada farklılık kullanılmıştır.

3.2 Geçirgenlik

PGA'ların GA'lardan daha iyi sonuçlar üretmesini sağlayan temel adım göç işlemidir. Birçok araştırmacı tarafından ortaya konan bu değerlendirme daha iyi sonuçlara ulaşmayı hedefleyen çalışmalar için temel oluşturmuştur. Göç oranı, aralığı, göç bireylerinin seçimi, topoloji gibi birçok çalışmanın yanında hedef alt popülasyonun belirlendiği göç yöntemi üzerinde çalışılan konular arasındadır. Algoritma performansını doğrudan etkileyen bir parametre olan göç yöntemi göç bireylerinin gönderileceği hedef alt popülasyonu belirler. Göç bireyleri, hedef alt popülasyonda farklılığı arttıracak, dolayısıyla arama uzayında farklı bölgeleri temsil eden bireyler bulunacağı için daha iyi sonuçlar üretilmesini sağlayacaktır. Göç bireylerinin getirdiği bu avantajların bütün alt popülasyonlar tarafından kullanılabilmesi bireylerin doğru ve etkin taşınmasına bağlıdır. Yapılan çalışmanın bu kısmında göç bireylerinin alt popülasyonlar arasında doğru ve etkin taşınması geçirgenlik kavramı ile ifade edilmiştir. Bu çalışmada ortaya konan yeni bir kavram olan geçirgenlik, alt popülasyonların bütün bir popülasyon gibi incelenerek bireyler arasında farklılık analizi ile hesaplanmıştır. Geçirgenlik tüm alt popülasyonlardaki bireylerin birlikte değerlendirilmesi ile elde edildiği için genlerin büyük popülasyon içerisinde doğru olarak yayılıp yayılmadığını, dolayısıyla gen değişiminin kalitesini yorumlamada kullandığımız bir yaklaşımdır. Geçirgenliğin sağlandığı durumlarda düşük geçirgenlik değerleri, yeterince sağlanmadığında ise yüksek geçirgenlik değerleri elde edilir. Genlerin doğru olarak yayılması iyi bir çözüme daha hızlı yakınsamayı sağlayacağı için geçirgenliğin minimum değerler alması istenen durumdur. Göç başarılı bir şekilde gerçekleşmiyor ise geçirgenlik değeri minimuma yaklaşmaz. Bu durumda alt popülasyonlar yerel en iyi noktalara takılarak iyi sonuçlar üretemezler. Yapılan çalışmalarda göç yöntemlerinin performans, farklılık ve geçirgenlik sonuçları değerlendirilerek verilmiştir.

4. GÖÇ YÖNTEMLERİNİN FARKLILIK VE GEÇİRGENLİK ANALİZİ

Çalışmanın bu kısmında göç yöntemlerinin farklılık ve geçirgenlik analizlerinde kullanılan yaklaşım detaylı olarak anlatılacak ve sonuçlar verilecektir. Deneysel çalışmalarda kullanılan farklılık analiz yöntemi, alt popülasyon içerisindeki kromozomların bit noktalarındaki 0 ve 1'leri sayarak farklılığı hesaplayan entropi yaklaşımıdır. Şekil 1'de PGA içerisinde bulunan alt popülasyonlar ve bunlara ait bireylerin gen dağılımları temsili olarak verilmektedir. Bu şekilde, i bit pozisyonunu, l kromozom uzunluğunu ve n alt popülasyondaki birey sayısını ifade etmektedir. İkili kodlama kullanılarak oluşturulmuş alt popülasyonlar üzerinde denklem 1 kullanılarak 0 ve 1'ler sayılmakta ve i . bit pozisyonundaki 0 ve 1'lerin oranları belirlenmektedir. l ifadesinin

kromozom uzunluğunu temsil ettiği denklem 2’de tüm bit pozisyonlarındaki 0 ve 1 oranları kullanılarak k . alt popülasyona ait farklılık değeri belirlenmektedir. Alt popülasyonlara ait farklılık değerlerinin denklem 3’deki gibi ortalaması alınarak genel bir farklılık değeri hesaplanmaktadır.

Denklem 1, i . bit pozisyonundaki 0 ve 1’lerin oranını hesaplamaya yarayan ifadedir. $c_i^k(r,t)$, k . alt popülasyona ait r . popülasyon bireyinin i . bit pozisyonundaki üyenin değerine göre t ye eşit ise 1, değil ise 0 değerlerini almaktadır. $P_i^k(t)$, $c_i^k(r,t)$ değerlerinin toplanarak n ile oranlanması ile elde edilir ve i . bit pozisyonundaki t değerlerin oranını vermektedir.

$$P_i^k(t) = \frac{1}{n} \sum_{r=1}^n c_i^k(r,t)$$

$$c_i^k(r,t) = \begin{cases} 1, & \begin{array}{l} k. \text{ alt popülasyonda, } r. \text{ popülasyon bireyine ait} \\ i. \text{ bit pozisyonundaki değer } t \text{ değerine eşitse, } t \in (0,1) \end{array} \\ 0, & \text{değil ise,} \end{cases} \quad (1)$$

	1	2	3	i	$l-2$	$l-1$	l	
Alt popülasyon 1	1	0	1	1	0	0	1	1
	0	0	0	0	1	1	0	2
	1	1	1	0	0	1	1	3
	⋮	⋮	⋮		⋮		⋮	⋮	⋮	⋮
	0	0	0	1	0	1	0	r
	⋮	⋮	⋮		⋮		⋮	⋮	⋮	⋮
	1	0	1	1	1	1	0	$n-2$
	0	1	1	1	1	0	1	$n-1$
	0	1	0	0	0	0	1	n
Alt popülasyon 2	0	1	1	1	0	1	1	1
	1	0	0	0	0	1	1	2
	0	0	0	1	0	0	0	3
	⋮	⋮	⋮		⋮		⋮	⋮	⋮	⋮
	0	1	0	1	1	1	0	r
	⋮	⋮	⋮		⋮		⋮	⋮	⋮	⋮
	0	1	0	0	0	0	1	$n-2$
	1	1	1	0	1	0	1	$n-1$
	1	0	0	1	1	1	0	n
Alt popülasyon p	0	1	1	0	1	1	0	1
	1	1	1	1	0	1	0	2
	0	1	0	1	1	0	0	3
	⋮	⋮	⋮		⋮		⋮	⋮	⋮	⋮
	1	0	1	0	0	1	1	r
	⋮	⋮	⋮		⋮		⋮	⋮	⋮	⋮
	1	0	0	1	0	0	0	$n-2$
	1	1	0	0	1	1	1	$n-1$
	1	1	1	1	0	1	0	n

Şekil 1. Alt popülasyon yapısı

Denklem 2’de verilen $H^k [P(t)]$ [5], k . alt popülasyona ait i . bit pozisyonlarındaki 0 ve 1’lerin oranının kullanılarak entropi değerinin hesaplandığı ifadedir.

$$H^k [P(t)] = -\frac{1}{l} \sum_{i=1}^l \left(P_i^k(0) \times \log_2 P_i^k(0) + P_i^k(1) \times \log_2 P_i^k(1) \right) \quad (2)$$

Denklem 3’de verilen ifade, alt popülasyonlarda bağımsız olarak hesaplanan farklılık değerlerinin ortalamaları alınarak tüm bireyler arasındaki farklılık (F) değerinin hesaplanmasını sağlamaktadır. Denklem 3 ve 4’de p alt popülasyon sayısını ifade etmektedir.

$$F = \frac{1}{p} \sum_{k=1}^p H^k \quad (3)$$

PGA’larda geçirgenlik hesaplanmak istendiğinde ise alt popülasyonlar bütün bir popülasyon gibi incelenerek farklılık analizi yapılmaktadır. Öncelikle denklem 1 aynen uygulanarak alt popülasyonlar içerisinde i . bit pozisyonunda bulunan 0 ve 1’lerin oranları belirlenmektedir. Daha sonraki adımda ise aşağıda verilen denklem 4 uygulanarak bütün popülasyon düşünüldüğünde i . bit pozisyonunda bulunan 0 ve 1’lerin oranları hesaplanmaktadır.

$$WP_i(t) = \frac{1}{p} \sum_{k=1}^p P_i^k(t) \quad t \in (0,1) \quad (4)$$

Aşağıda verilen denklem 5’de, denklem 4 kullanılarak elde edilen i . bit pozisyonundaki 0 ve 1 oranları kullanılarak geçirgenlik (G) elde edilmiştir.

$$G = -\frac{1}{l} \sum_{i=1}^l \left(WP_i(0) \times \log_2 WP_i(0) + WP_i(1) \times \log_2 WP_i(1) \right) \quad (5)$$

Göç yöntemleri için yapılan F ve G analizlerinde yukarıda belirtilen yaklaşımların kullanılmasının nedeni, arama yapılan fonksiyondan ve uyum değerinden bağımsız olması, doğrudan gen hareketlerini temel alarak değerlendirme yapmasıdır. Yapılan gerçek ortam testleri ile göç yöntemlerinin F ve G sonuçları elde edilmiş, bu sonuçların algoritma performansı üzerindeki etkilerinin analizi yapılmıştır. Yapılan testlerde, 160, 640 ve 1000 alt popülasyon boyutları kullanılmıştır. Gen sayısı 10 alınarak yapılan denemelerde, göç oranı %10, göç aralığı ise 80 olarak alınmıştır. Denklem 6’da verilen Rastrigin (f_{Ras}) fonksiyonunu [3,14,18] maksimize etmeyi hedefleyen deneylerde 10 bağımsız denemeden elde edilen EGM, HGM, TBGM ve seri genetik algoritma (sGA) için performans, F ve G sonuçları verilmektedir. 1200 iterasyon noktasında aramanın yapıldığı yöntemlere ait F ve G değerleri göç noktalarında hesaplanan değerlerdir.

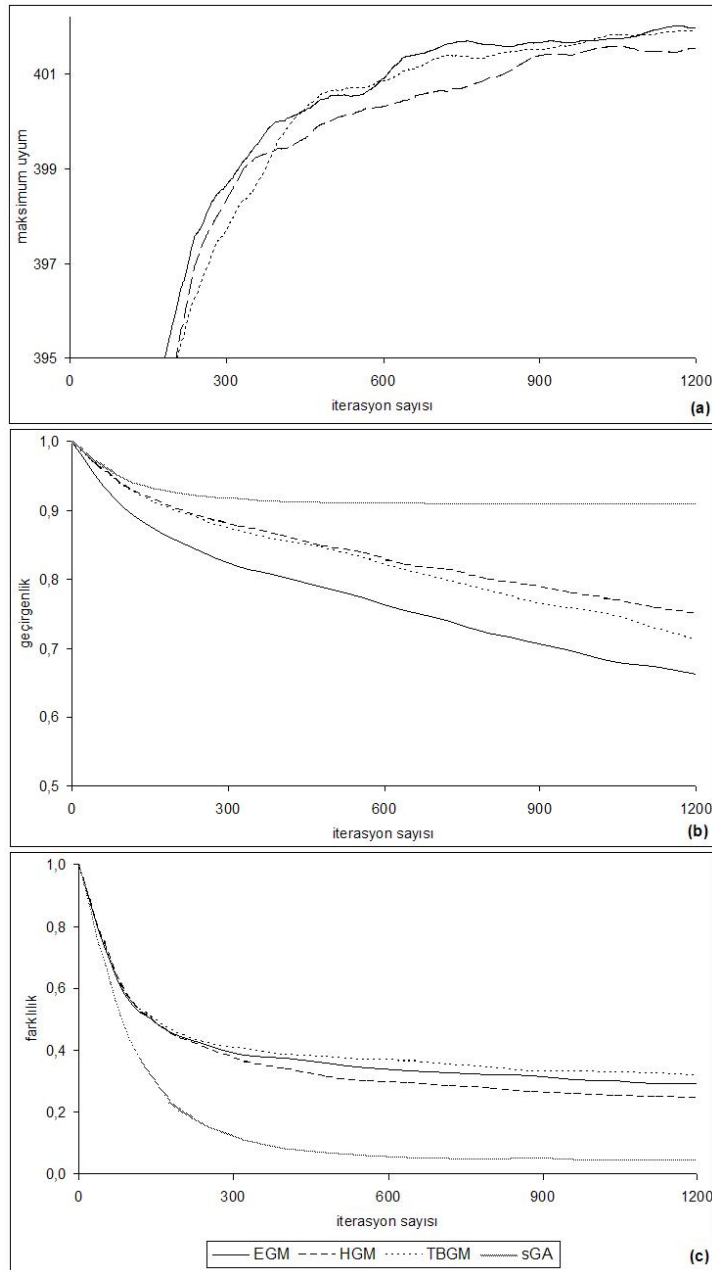
$$f_{Ras}(x_i |_{i=1...n}) = a \cdot n + \sum_{i=1}^n \left[x_i^2 - a \cdot \cos(\omega \cdot x_i) \right] \quad (6)$$

$$a = 10, \quad \omega = 2\pi$$

$$-5.12 \leq x_i \leq 5.12$$

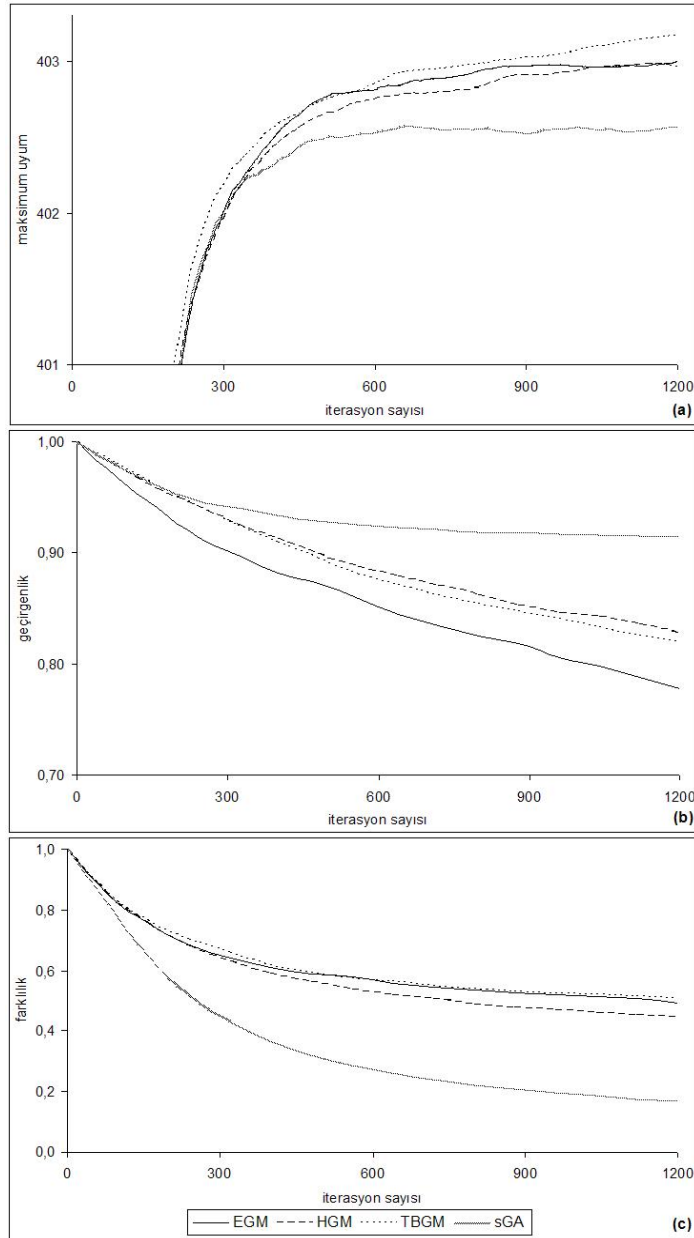
Şekil 2’de alt popülasyon boyutu 160 için elde edilen sonuçlar verilmektedir. Bu sonuçlara göre EGM, tüm noktalarda HGM’den daha iyi sonuçlar üretirken TBGM’den çoğunlukla daha iyi davranmıştır. sGA ise en kötü sonuçları üreterek grafiğin dışında kalmıştır. Geçirgenliğin verildiği grafikler (b) incelendiğinde en iyi

geçirgenliğin EGM tarafından üretildiği, diğer göç yöntemlerinin ise geçirgenliği yeteri kadar sağlayamadığı açıkça görülmektedir. Farklılığın algoritma performansını doğrudan etkileyen bir faktör olduğu daha önce ifade edilmişti. Farklılık grafikleri (c) incelendiğinde TBGM'nin en iyi farklılık değerleri ürettiği, EGM'nin ise TBGM'ye yakın, HGM'den ise çok daha iyi farklılık sonuçları ürettiği görülmektedir. İyi bir farklılık değeri ve başarılı geçirgenlik doğrudan EGM'nin performans sonuçlarına yansımış ve daha iyi sonuçlar üretmesini sağlamıştır. sGA incelendiğinde ise en kötü geçirgenlik ve farklılık sonuçları ürettiği açıkça görülmektedir. Bundan dolayı en başarısız arama bu yöntem ile yapılmıştır.



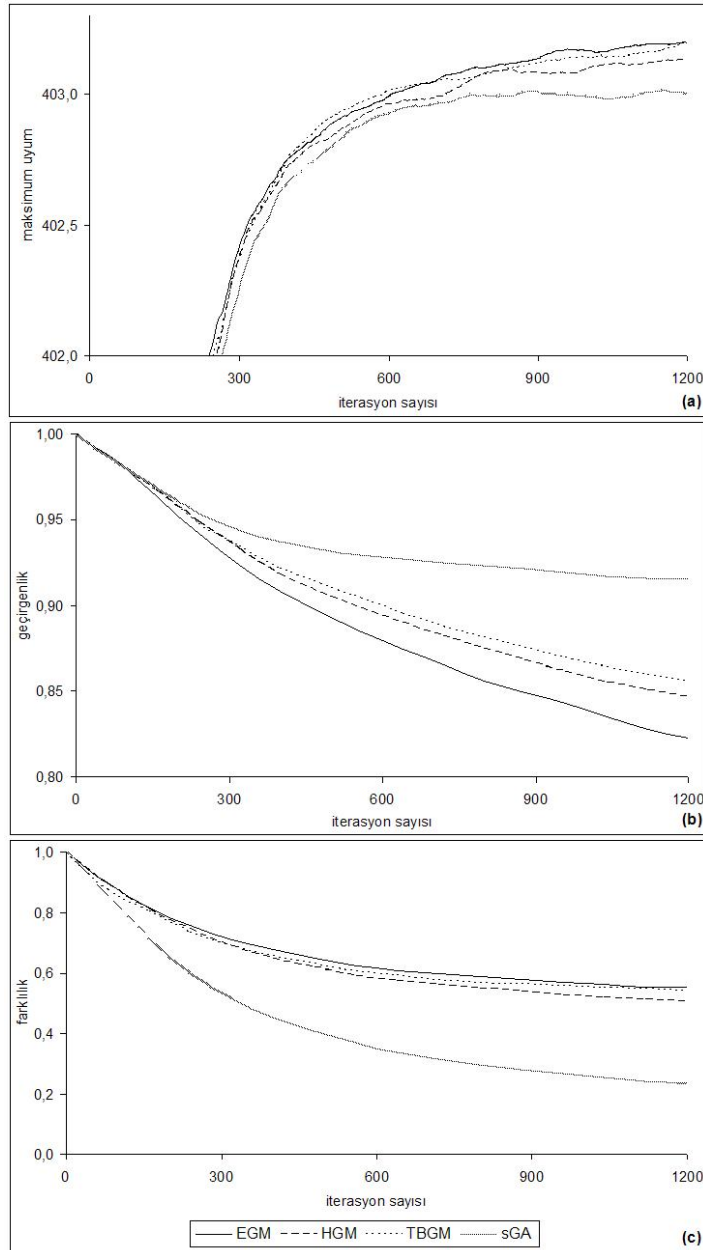
Şekil 2. Alt popülasyon boyutu 160 için (a) maksimum uyum (b) geçirgenlik (c) farklılık grafikleri

Alt popülasyon boyutu 640 için elde edilen sonuçlar Şekil 3’de verilmektedir. Maksimum uyum (a) grafiklerine göre TBGM, EGM’den daha iyi bir arama ile daha iyi sonuçlar üretirken EGM, HGM’den daha iyi sonuçlar üretmiştir. Geçirgenlik grafiğinde (b) ise EGM en iyi davranışı sergilerken TBGM ve HGM yakın davranmışlardır. Farklılık (c) analizinde TBGM, EGM’ye yakın ve bazı noktalarda daha iyi davranmıştır. HGM ise farklılığı kaybetmiş bir davranış sergilemektedir. Elde edilen sonuçlar bütün olarak değerlendirildiğinde TBGM’nin (a)’daki başarısı ile (c)’de verilen farklılığın doğrudan ilişkili olduğu söylenebilir. sGA incelendiğinde ise yine en kötü geçirgenlik ve farklılık sonuçları ürettiği bunun sonucunda da en kötü maksimum uyum değeri bulunduğu görülmektedir.



Şekil 3. Alt popülasyon boyutu 640 için (a) maksimum uyum (b) geçirgenlik (c) farklılık grafikleri

Çalışmanın diğer bir aşamasını oluşturan alt popülasyon boyutu 1000 için elde edilmiş sonuçlar Şekil 4’de gösterilmektedir. Şekil 4 (a)’da alt popülasyon boyutu büyüdükçe yöntemlerin birbirine daha yakın davrandığı görülmektedir. Bunun nedeni, büyük popülasyon boyutlarında, arama uzayının farklı bölgelerini temsil edebilen bireylerin olma ihtimalinin daha yüksek olmasıdır. Buna rağmen EGM, birçok noktada diğer yöntemlerden daha iyi davranmıştır. Geçirgenlik (b) ve farklılık (c) analizlerinde ise EGM iyi sonuçlar üretmiştir. Şekil 4 (b) incelendiğinde EGM’nin göç bireylerini taşımada başarılı olduğu görülmektedir. Şekil 4 (c)’de ise EGM’de HGM’den tüm noktalarda, TBGM’den ise birçok noktada daha başarılı farklılık sonuçları üretildiği gösterilmiştir.



Şekil 4. Alt popülasyon boyutu 1000 için (a) maksimum uyum (b) geçirgenlik (c) farklılık grafikleri

Tüm alt popülasyon boyutları için sGA'ya ait farklılık ve geçirgenlik sonuçları incelendiğinde her zaman en büyük geçirgenlik ve en küçük farklılık değeri sonuçlarının elde edildiği görülmektedir. Farklılık değerinin en küçük, geçirgenlik değerinin en büyük çıkmasının nedeni ise alt popülasyonlara dışarıdan göç gerçekleşmemesidir. Bu nedenle sGA'nın her zaman en kötü algoritma performansını ürettiği görülmektedir. Elde edilen bu sonuçlara göre; alt popülasyonlar içindeki farklılık değerinin yüksek ve alt popülasyonlar arasındaki geçirgenlik değerlerinin düşük olması başarılı bir arama ve algoritma performansı için gerekli olduğu açıkça görülmektedir.

Yapılan analizlerde farklılığın arama sonuçları ile doğrudan ilgili olduğu gösterilmektedir. EGM, iyi bireyleri iyi alt popülasyonlara göndererek iyi sonuçlar üretilmesini sağlayan bir yöntemdir. Bu yaklaşıma rağmen farklılığı diğer yöntemler kadar sağladığı gösterilmiştir. Göç bireylerinin taşınmasını analiz eden geçirgenlik değeri için ise EGM en iyi sonuçlar üreten yöntemdir. Alt popülasyon boyutu 160 alındığında EGM iyi bir geçirgenlik ve TBGM'ye çok yakın farklılık sonuçları üreterek en iyi davranış gösteren yöntem olmuştur. Bunun yanında alt popülasyon boyutu 640 iken TBGM, EGM'den daha iyi farklılık üretmiş ve daha başarılı sonuçlar yakalamıştır. Bu denemede EGM'nin iyi geçirgenlik ve farklılık sonuçları üretmesine rağmen yeterince iyi performans gösterememesinin nedeni, alt popülasyon boyutunun büyümesi ile hedef alt popülasyonların kendi başına yeterli arama yapabilmesi ve iyi alt popülasyonların sürekli değişim göstererek göç için seçilecek alt popülasyonun sıklıkla değişmesidir. Bu sonuçlar, farklılık ve geçirgenliğin, algoritma başarısını doğrudan etkileyen faktörler olduğunu açıkça göstermektedir.

5. SONUÇLAR VE TARTIŞMA

İyi sonuçlar üretebilen bir göç yöntemi, göç bireylerini hedef alt popülasyonlara doğru ve etkin biçimde taşımalıdır. Göç yöntemleri arasında bu değerlendirmeyi yapabilmek için yeni bir yaklaşım olan geçirgenlik kavramı ortaya konmuştur. Bu kavram ile alt popülasyonlar büyük bir popülasyon gibi değerlendirilmiş ve entropi ifadesi temel alınarak göç bireylerinin hedef alt popülasyonlardaki durumu incelenmiştir. GA'ların yerel en iyi noktalara takılmaması, daha iyi sonuçlar üretebilmesi ve arama uzayının tüm bölgelerinin doğru olarak aranabilmesi için gerekli olan farklılık, bu çalışmada incelenen diğer bir kavramdır. Yapılan çalışmalarda entropi yaklaşımı kullanılarak alt popülasyonlardaki bireylerin farklılık değerleri bulunmuş, elde edilen yerel farklılık değerlerinin ortalamaları kullanılarak genel bir farklılık ifadesi ortaya konmuştur. Bu iki kavram farklı göç yöntemleri için hesaplanarak algoritma performansına olan etkileri incelenmiştir. Bu inceleme sonucunda EGM'nin geçirgenliği diğer yöntemlere göre daha başarılı, farklılığı da diğer yöntemler kadar sağladığı ve buna bağlı olarak iyi sonuçlar üretebildiği gözlenmiştir. EGM, geçirgenlikte ve farklılık oluşturmada başarılı olması sayesinde HGM'den çok daha iyi, TBGM ile yakın sonuçlar üretebilmektedir.

Bu çalışmada farklılık ve geçirgenliğin belirlendiği metot sayesinde göç yöntemlerinin uyum değeri ve uyum fonksiyonundan tamamen bağımsız olarak arama ve düzenleme fazlarında alt popülasyonları nasıl biçimlendirdiği gösterilmiştir. Buna göre farklılık ve geçirgenlik kavramları ve bulunan en iyi bireyler kullanılarak PGA'larda göç yöntemleri karşılaştırılabilir.

KAYNAKLAR

- [1] M. Lozano, F. Herrera and J.R. Cano, "Replacement strategies to preserve useful diversity in steady-state genetic algorithms", *Information Sciences* 178, 4421-4433 (2008).
- [2] J. Denzinger and J. Kidney, "Improving migration by diversity", *The 2003 Congress on Evolutionary Computation, CEC'03*, vol. 1, 700- 707 (2003).
- [3] T. Hiroyasu, M. Miki and M. Negami, "Distributed genetic algorithms with randomized migration rate", *IEEE Proc. of Systems, Man and Cybernetics Conference (SMC'99)*, vol. 1, 689-694 (1999).

- [4] M. Rebaudengo and M.S. Reorda, "An experimental analysis of effects of migration in parallel genetic algorithms", EWPDP93:IEEE/Euromicro Workshop on Parallel and Distributed Processing, Gran Canaria (E), Gennaio, 232-238 (1992).
- [5] E. Alba and J.M. Troya, "Analyzing synchronous and asynchronous parallel distributed genetic algorithms", Future Generation Computer Systems 17, 451-465 (2001).
- [6] E. Cantú-Paz, "Markov chain models of parallel genetic algorithms", IEEE Transactions of Evolutionary Computation, Vol. 4, No. 3, 216-226 (2000).
- [7] E. Cantú-Paz, "Migration policies, selection pressure, and parallel evolutionary algorithms", In Brave, S., Wu, A. (Eds.) Late Breaking Papers at the Genetic and Evolutionary Computation Conference. Orlando, FL (1999).
- [8] E. Cantú-Paz, "Topologies, migration rates, and multi-population parallel genetic algorithms", GECCO-99:Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference, San Francisco, CA: Morgan Kaufmann, 91-98 (1999).
- [9] M. Nowostawski and R. Poli, "Parallel genetic algorithm taxonomy", Proceedings of Third International Conference on Knowledge-based Intelligent Information Engineering Systems KES'99 (1999).
- [10] P.D. Surry and N.J. Radcliffe, "RPL2: A language and parallel framework for evolutionary computing", Springer-Verlag LNCS 866, 628-637 (1994).
- [11] E. Alba and J.M. Troya, "A survey of parallel distributed genetic algorithms", Complexity 4, 31-52 (1999).
- [12] Y. Maeda, M. Ishita and O. Li, "Fuzzy adaptive search method for parallel genetic algorithm with island combination process", International Journal of Approximate Reasoning 41, 59-73 (2006).
- [13] J. Berntsson and M. Tang, "A convergence model for asynchronous parallel genetic algorithms", The 2003 Congress on Evolutionary Computation, CEC'03, Vol. 4, 2627- 2634 (2003).
- [14] E. Alba, F Luna., A.J. Nebro and J.M. Troya, "Parallel heterogeneous genetic algorithms for continuous optimization", Parallel Computing 30, 699-719 (2004).
- [15] S. Janson, E. Alba, B. Dorronsoro and M. Middendorf, "Hierarchical cellular genetic algorithm", EvoCOP 2006, LNCS 3906, 111-122 (2006).
- [16] T. Matsumura and J.Okech, "Effects of chromosome migration on a parallel and distributed genetic algorithm", Third International Symposium on Parallel Architectures, Algorithms and Networks, (I-SPAN'97), 357-361 (1997).
- [17] G. Kuvat, "Paralel Genetik Algoritmelerde Göç Yöntemleri ve Göç Parametrelerinin Dinamik Olarak Belirlenmesi", Doktora Tezi, Eskişehir Osmangazi Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü (2009).
- [18] S. Oh, C.T. Kim and J. Lee, "Balancing the selection pressures and migration schemes in parallel genetic algorithms for planning multiple paths", Proceedings of the 2001 IEEE International Conference on Robotics & Automation, Seoul, Korea, May 21-26, 3314-3319 (2001).
- [19] G. Kuvat, N. Adar, S. Canbek ve E. Seke, "Hızlı yakınsayan göç yönteminin farklı test fonksiyonları için incelenmesi", 12. Elektrik, Elektronik, Bilgisayar, Biyomedikal Mühendisliği Ulusal Kongresi ve Sergisi, 313-316 (2007).
- [20] G. Kuvat, N. Adar, S. Canbek ve E. Seke, "Göç yöntemleri, göç oranı ve paralel genetik algoritmalar", ASYU 2008 - Akıllı Sistemlerde Yenilikler ve Uygulamaları Sempozyumu, 138-142 (2008).
- [21] E. Alba and J.M. Troya, "Improving flexibility and efficiency by adding parallelism to genetic algorithms", Statistics and Computing 12, 91-114 (2002).
- [22] J. Gu, X. Gu and C. Cuiwen, "A novel parallel quantum genetic algorithm for stochastic job shop scheduling", Journal of Mathematical and Applications (accepted manuscript) (2008).

- [23] J. Choi, S. Oh and W. Pedrycz, "Identification of fuzzy relation models using hierarchical fair competition-based parallel genetic algorithms and information granulation", *Applied Mathematical Modeling* (in press) (2008).
- [24] J. Choi, S. Oh and W. Pedrycz, "Structural and parametric design of fuzzy inference systems using hierarchical fair competition-based parallel genetic algorithms and information granulation", *International Journal of Approximate Reasoning* 49, 631-648 (2008).
- [25] L. Singh and S. Kumar, "Migration based parallel differential evolution learning in asymmetric subsethood product fuzzy neural inference system: a simulation study", *IEEE Congress on Evolutionary Computation* (2007).
- [26] Q. Li and Y. Maeda, "Distributed adaptive search method for genetic algorithm controlled by fuzzy reasoning", *IEEE International Conference on Fuzzy Systems*, 2022-2027 (2008).