



T.C.

SELÇUK ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ELİPSOİD TANIMA ÇEMBERLİ BİR YAPAY BAĞIŞIKLIK SİSTEMİ TASARIMI VE SINIFLAMA PROBLEMLERİNDEKİ PERFORMANS ANALİZİ

Cüneyt YÜCELBAŞ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Elektrik-Elektronik Mühendisliği
Anabilim Dalı

Ağustos-2012
KONYA
Her Hakkı Saklıdır

TEZ BİLDİRİMİ

Bu tezdeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edildiğini ve tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

DECLARATION PAGE

I hereby declare that all information in this document has been obtained and presented in accordance with academic rules and ethical conduct. I also declare that, as required by these rules and conduct, I have fully cited and referenced all material and results that are not original to this work.

Cüneyt YÜCELBAŞ

Tarih: 28.08.2012

ÖZET

YÜKSEK LİSANS

ELİPSOİD TANIMA ÇEMBERLİ BİR YAPAY BAĞIŞIKLIK SİSTEMİ TASARIMI VE SINIFLAMA PROBLEMLERİNDEKİ PERFORMANS ANALİZİ

Cüneyt YÜCELBAŞ

Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü
Elektrik-Elektronik Mühendisliği Anabilim Dalı

Danışman: Yrd. Doç. Dr. Seral ÖZŞEN

2012, 131 Sayfa

Jüri
Danışman Yrd. Doç. Dr. Seral ÖZŞEN
Doç. Dr. Salih GÜNEŞ
Yrd. Doç. Dr. Ömer Kaan BAYKAN

Bu çalışmada mühendislik ve diğer uygulama alanlarında karşılaşılan karmaşık problemlerin çözümü için iki yapay zeka sistemi geliştirilmiştir. Yapay zeka sistemlerinin bir alt dalı olan Yapay Bağışıklık Sistemleri (YBS) alanında geliştirilmiş olan sistemler, doğrusal olmayan problemlerin çözümünde kullanılmak üzere tasarlanmıştır. YBS alanında doğrusal olmayan problemlerin çözümünde kullanılan karmaşık sistemlerin var olmayışı, YBS sistemlerinin çoğu alanda iyi bilinen çözüm teknikleri arasında yer almasına engel olmuştur. Bu çalışmada tasarlanan sistemler ile iki farklı şekilde doğrusal olmayan sistem tasarımı gerçekleştirilerek YBS alanındaki bu eksikliğin giderilmesi hedeflenmiştir.

Geliştirilen ilk sistem klonsal seçme tabanlı elipsoidal yapay bağışıklık sistemi olup sistemin gerçek problemlerdeki performansını görmek ve literatürde yer alan diğer sistemlerle karşılaştırmak için, UCI veri tabanından alınan Statlog Heart Disease, BUPA Liver Disorder ve Pima Diabetes veri kümeleri üzerinde uygulanmıştır. Sistem Statlog Heart Disease veri kümesi için ortalama % 84.61, BUPA Liver Disorder veri seti için ortalama % 85.45 ve Pima Diabetes veri kümesi için ortalama % 79.97' lik sınıflama doğrulukları elde etmiştir.

Geliştirilen ikinci sistem ise klonsal seçme tabanlı elipsoid şekilli katmanlı-YBS sistemi olup sistemin gerçek problemlerdeki performansını görmek için, yine aynı şekilde İris, BUPA Liver Disorder, Statlog Heart Disease ve Pima Diabetes veri kümeleri üzerinde uygulanmıştır. Sistem İris veri kümesi için ortalama % 98.26, BUPA Liver Disorder veri seti için ortalama % 65.22, Statlog Heart Disease veri kümesi için ortalama % 78.66 ve Pima Diabetes veri seti için ortalama % 72.25' lik sınıflama doğrulukları elde edilmiştir. Geliştirilen bu sistem maksimum 200 saniyede eğitme işlemini tamamlamıştır. Yani çok kısa sürede sonuç alınabilmektedir.

Anahtar Kelimeler: Elipsoid şekilli tanıma alanları, örüntü tanıma, sınıflama, yapay bağışıklık sistemleri

ABSTRACT

MS THESIS

DESIGN OF AN ARTIFICIAL IMMUNE SYSTEM WITH ELLIPSOIDAL RECOGNITION BALLS AND PERFORMANCE ANALYSIS OF IT IN CLASSIFICATION PROBLEMS

Cüneyt YÜCELBAŞ

THE GRADUATE SCHOOL OF NATURAL AND APPLIED SCIENCE OF SELÇUK UNIVERSITY
THE DEGREE OF MASTER OF SCIENCE
IN ELECTRICAL AND ELECTRONICS ENGINEERING

Advisor: Asst. Prof. Dr. Seral ÖZŞEN

2012, 131 Pages

Jury
Advisor Asst. Prof. Dr. Seral ÖZŞEN
Assoc. Prof. Dr. Salih GÜNEŞ
Asst. Prof. Dr. Ömer Kaan BAYKAN

In this study, two Artificial Intelligence system were developed for the solution of complex problems in the engineering and other application areas. The systems developed in the Artificial Immune Systems (AIS) field which is a sub-branch of Artificial Intelligence, were designed to be used in nonlinear problems. The non-existence of complex systems in AIS that solve nonlinear problems has prevented AIS systems from being among the well-known solutions in most fields. The systems designed in this study aimed to compansate this deficiency by providing a nonlinear structure in two different ways.

The first of the developed systems is ellipsoidal artificial immune system based on clonal selection. The system was applied on the Statlog Heart Disease, BUPA Liver Disorders and Pima Diabetes datasets taken from the UCI database to see the performance of the developed system in real problems and to compare with other systems in the literature. The system obtained a classification accuracy of average 84.61% for Statlog Heart Disease dataset, a classification accuracy of average 85.45% for BUPA Liver Disorders dataset and a classification accuracy of average 79.97% for Pima Diabetes dataset.

The second of the developed systems is ellipsoid-shaped layer-AIS system based on clonal selection. In the same way, the system applied on the Iris, Statlog Heart Disease, BUPA Liver Disorders and Pima Diabetes datasets to see the performance of the developed system in real problems. The system obtained a classification accuracy of average 98.26% for Iris dataset, a classification accuracy of average 65.22% for BUPA Liver Disorders dataset, a classification accuracy of average 78.66% for Statlog Heart Disease dataset and a classification accuracy of average 72.25% for Pima Diabetes dataset. The training time of the developed system is completed maximum in 200 seconds. That is, the result can be taken in very short time.

Keywords: Artificial immune systems, classification, ellipsoid-shaped recognition areas, pattern recognition

ÖNSÖZ

Bu tez çalışmamın her safhasında değerli katkı ve fikirleri ile beni destekleyip yönlendiren, teşvik eden, daima en iyinin ve doğrunun olması için çalışan ve benim yetişmem için emeğini esirgemeyen danışman hocam Sayın Yrd.Doç.Dr. Seral ÖZŞEN'e sonsuz teşekkürlerimi ve saygılarımı sunuyorum. Çalışmalarımda manevi desteğini şahsımdan esirgemeyerek yardımcı olan çok değerli hocalarım Sayın Prof. Dr. Saadetdin HERDEM ve sayın Doç. Dr. Salih GÜNEŞ' e can-ı gönülden teşekkürü bir borç bilirim. Ayrıca mesai arkadaşlarıma ve diğer bölüm hocalarıma minnettarlığımı sunarım.

Tez çalışmam sırasında ve hayatımın her anında yardımlarını ve anlayışını esirgemeyerek bana sabırla destek veren çok sevdiğim eşim Şule YÜCELBAŞ' a ve bu günlere gelmemi borçlu olduğum rahmetli babam Enver YÜCELBAŞ, annem Fikriye YÜCELBAŞ' a en içten teşekkürlerimi, saygılarımı ve minnettarlığımı sunarım. Ayrıca manevi katkılarını her zaman hissettiğim ve yardımlarını hiç esirgemeyen kayınbabam Cahit DEVRİM ve kayınvalidem Naciye DEVRİM'e sonsuz teşekkürü bir borç bilirim.

Cüneyt YÜCELBAŞ
KONYA-2012

İÇİNDEKİLER

ÖZET ..... **iv**

ABSTRACT ..... **v**

ÖNSÖZ ..... **vi**

İÇİNDEKİLER ..... **vii**

SİMGELER VE KISALTMALAR ..... **ix**

1. GİRİŞ **1**

1.1. Tez Konusunun Tanıtılması 3
1.2. Tez Çalışmasının Amacı ve Önemi 4

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI **6**

3. BAĞIŞIKLIK SİSTEMİ **18**

3.1. Genel Bilgiler 18
3.2. Bağışıklık Sistemi Organları 18
3.3. Bağışıklık Sisteminin İşleyişi 20
3.4. Bağışıklık Sisteminin Özellikleri 23
3.4.1. Doğuştan gelen bağışıklık sistemi 25
3.4.2. Edinilmiş bağışıklık sistemi 27
3.5. Bağışıklık Belleği 29
3.5.1. Pasif bellek 30
3.5.2. Aktif bağışıklık ve bağışıklama (aşılama) 30
3.6. İnsan Bağışıklığının Bozuklukları 30
3.6.1. Bağışıklık yetmezlikleri 31
3.6.2. Kendine bağışıklık 31
3.6.3. Aşırı duyarlılık 31

4. YAPAY BAĞIŞIKLIK SİSTEMLERİ **33**

4.1. Şekil Uzayı 35
4.2. Antijen-Antikor Gösterimleri ve Duyarlılıkları 37
4.3. Yapay Bağışıklık Algoritmaları 37

5. MATERYAL VE YÖNTEM **41**

5.1. Elipsoid Tanıma Çemberlerinin YBS Sınıflama Algoritmasına Uyarlanması 41
5.1.1. Bu alanda yapılmış çalışmalar 41
5.1.2. Tanıma çemberleri ile ilgili matematiksel bilgiler 43
5.1.3. Geliştirilen sistem 50
5.2. Elipsoid Tanıma Alanlarının Kullanıldığı Katmanlı Bir YBS Tanıma Algoritmasının Geliştirilmesi 57

5.2.1. Tez çalışmasında geliştirilen elipsoid şekilli katmanlı-ybs sisteminin yapısı 58
5.3. Performans değerlendirme ölçütleri 66
5.3.1. İris veri kümesi 66
5.3.2. Statlog heart disease veri kümesi....68
5.3.3. Pima diabetes veri kümesi....70
5.3.4. BUPA liver disorders veri kümesi 71
5.3.5. Sınıflama doğruluğu....72
5.3.6. k-fold cross validation (k-kat (kez) çapraz doğrulama) 73

6. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA 75

6.1. Geliştirilen Klonsal Seçme Tabanlı Elipsoidal Yapay Bağışıklık Sisteminin Araştırma Sonuçları....76
6.2. Geliştirilen Klonsal Seçme Tabanlı Elipsoid Şekilli Katmanlı-YBS Sisteminin Araştırma Sonuçları....80

7. SONUÇLAR VE ÖNERİLER 93

7.1. Sonuçlar 93
7.2. Öneriler 94

KAYNAKLAR 95

EKLER 105

ÖZGEÇMİŞ....131

SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

C : Durum (Condition)

Cos : Cosinüs

$\vec{e}$: Birim vektör

$\Gamma()$: Gamma fonksiyonu

Sin : Sinüs

π : pi

θ : teta

V : İki boyutlu yarı eksenli elips denklemi

w : Elipsin merkezi

Ω_n : n-boyutlu birim kürenin hacmi

Λ : Yarı eksenli elipsin uzunluğu

Kısaltmalar

Ab : Antikor

Ag : Antijen

AI : Yapay zeka

AIS : Artificial immune system

AIRS : Artificial immune recognition system

APC : Antigen presenting cell

C : Sabit (constant)

CSA : Klonal seçme algoritması

CTL : Sitotoksik T-lenfosit

DNA : Deoksiribo nükleik asit

DVM : Destek vektör makinaları (SVM)

EA : Elipsoidal ART

EAM : Elipsoidal ARTMAP

EKG : Elektrokardiyografi

FAISC : Fuzzy artificial immune system clustering

Fold : kat

GA : Genetik algoritmalar

Ig : Immun globulin

IIS : Bilgi güvenlik sistemleri

MHC : Major histocompatibility complex

MILA : Multilevel Immune Learning Algorithm

MVE : Minimum hacimli elipsoid

NK : Natural killer

OO : Object oriented

TCR : T cell reseptor

TH : T hepler

TI : Thymus independent

TS : T supressor

UCI : University of California-Irvine

V : Değişken (Variable)

YBS : Yapay bağışıklık sistemi

YSA : Yapay sinir ağları (ANN)

WMN : Wireless mesh network

1. GİRİŞ

Deneme yanılma ile kendini geliştirme, zamanla daha iyiye gitme, gelecekte daha iyi seçimler yapmak için geçmiş kararları ve sonuçları hatırlama ve öğrenme yeteneği insan zekâsının temel özelliğidir. Bundan dolayı makine öğrenmesinde yapay zekâ araştırmalarının sayısı bu kadar fazladır. Makine öğrenmesi, karşılaşılan deneyimler sonucunda kendisini otomatik olarak geliştiren bilgisayar programlarının oluşturulması olarak ifade edilebilir (Özşen, 2008).

Daha karmaşık sistemleri tasarlarken doğal sistemlerdeki zekâ ve etkinlik, araştırmacıların yönünü biyolojik sistemlere çevirmiştir. Beyin fonksiyonlarının gözlemlenmesi ile ortaya çıkan basit sinir ağlarından genetik bilimine dayalı sistemlere, arı kolonilerinden karınca kolonilerindeki iletişime kadar uzanan bu modeller ile karmaşık problemlerin çözümlenmesinde oldukça başarılı sonuçlara ulaşılmıştır.

Yaşadığımız ortamda hastalığa sebep olucu bakteri, virüs, mantar gibi mikroorganizmalar bulunmaktadır. Bu hastalık yapıcı mikroorganizmalar vücudumuza girerse bir dirençle karşılaşırlar. Bunlara karşı bizde var olan koruma ve savunma özelliğine bağışıklık, bağışıklığı meydana getiren yapıların tümüne de bağışıklık sistemi denmektedir. Bağışıklık sistemi tüm bu koruma görevini yerine getirebilmek için kendi içerisindeki birimler ve vücudumuzdaki diğer sistemlerle etkileşim halindedir. Vücudumuzun bağışıklık sistemini uyaran ve organizma için yabancı olan tüm moleküller antijen olarak, sistemin mikrobik etkenlere karşı yaptığı savunmada görev yapan moleküller antikor olarak isimlendirilmektedir. Antijen vücuda ilk girdiğinde sistemin bu antijeni tanıyabilecek antikorları sürekli olarak yapabilmeyi öğrenmesi ve üretilen antikoru hazır olarak tutabilmesi yani hafızaya alabilmesi gerekmektedir. Bağışıklık sistemi doğuştan gelen ve sonradan kazanılan bağışıklık olmak üzere iki çeşittir. Doğuştan gelen bağışıklık, savunma hattının ilk aşaması olup vücudumuzu mikrobik etkenlere karşı spesifik olmayan yolla koruyan bağışıklık sistemidir. Sonradan kazanılan bağışıklık ise yapay olarak oluşan ve vücudun kendi savunma mekanizmalarıyla ya da dışarıdan alınan koruyucu maddelerle kazanılan bağışıklıktır. Bağışıklık sisteminin mikrobik etkenlere karşı etkili yanıt oluşturabilmesi için gerçekleştirdiği davranış ve savunma mekanizması sayesinde birçok karmaşık problemin çözümüne ışık tutmuştur. Vücudumuzdaki bağışıklık sisteminin karmaşık, dinamik ve hafıza gibi göze çarpan önemli özellikleri yapay zeka sistemleri üzerinde

çalışan araştırmacıların dikkatini çeken birkaç tanesidir. Son yıllardaki çalışmalara bakıldığında bilgisayar güvenliği, makine öğrenmesi, veri analizi gibi birçok çalışmada bağışıklık sisteminden esinlenilmiş ve başarılı sonuçlara ulaşılmıştır. Başarılı sonuçlar elde edebilmek için hangi hücre ve mekanizmaların ne şekilde modelleneceğinin uygulama alanlarına göre iyi tespit edilmesi gerekmektedir.

Bu tez çalışmasında sınıflama, kümeleme, örüntü tanıma ve makine öğrenme uygulamalarında kullanılmak üzere iki farklı Yapay Bağışıklık Sistemi (YBS) algoritması geliştirilmiştir. Geliştirilen ilk sistem, klonsal seçme tabanlı elipsoidal Yapay Bağışıklık Sistemidir. Tez çalışmasında tasarlanan ikinci sistem ise klonsal seçme tabanlı elipsoid şekilli katmanlı-YBS sistemidir. Geliştirilen bu iki sistem arasındaki fark ilk sistemin katmanlı bir yapıya sahip olmamasına karşın ikinci geliştirilen sistemin katmanlı bir yapıya sahip olmasıdır. Katmanlı yapı, sisteme sunulan veri seti içindeki tanınan verilerin bu kümeden silinmesi ile yeni bir veri setinin oluşturulması ve bu yeni veri setini sanki sisteme ilk defa başka bir veri sunuluyormuş gibi sunulması durumudur. Kümeden silinen verileri tanıyan antikorların tutulduğu yer ise katman olarak adlandırılmakta ve yeni veri seti için başka bir katman oluşturmaktadır. İlk sistemde ise bu şekilde bir katmanlı yapı söz konusu değildir. Her defasında tüm veriler sisteme verilmekte bu durum da eğitme sürelerinin uzun olmasına sebep olmaktadır. İkinci sistem ile eğitme sürelerindeki sıkıntı giderilmiş olacaktır.

Öne sürülen bu algoritmaların tanıtıldığı, parametre analizlerinin yapıldığı ve bazı standart veri kümelerindeki performanslarının değerlendirildiği bu tez çalışması, 7 ana bölümden oluşmaktadır.

Birinci bölümde bu tezde yapılan çalışmalar tanıtılıp genel bilgiler verilmiştir. İkinci bölümde ise, bu çalışma ile aynı kategoride sayılabilecek çalışmalar hakkında kısa bilgiler verilmiştir. Sonraki bölümde YBS' nin model aldığı doğal bağışıklık sistemi hakkında bilgeler verilmiştir. Dördüncü bölümde ise, yapay bağışıklık sistemlerinden bahsedilmiştir. Bir sonraki bölümde materyal ve yöntem başlığı altında geliştirilen sistemler hakkında bilgilerek verilerek matematiksel açıklamalara da yer verilmiştir. Altıncı bölümde ise geliştirilen sistemlerin bazı veri setleri üzerinde performans analizleri yapılmış ve ayrıntılı bir şekilde elde edilen araştırma sonuçları grafik ve tablolar halinde sunulmuştur. Bunun yanında elde edilen sonuçların yorumlanması ve geliştirilen sistemlerin bazı veri kümeleri için literatürdeki çalışmalarla karşılaştırılması ve tartışılması yine bu bölümde ele alınmıştır. Son

bölümde ise, elde edilen araştırma sonuçları genel olarak özetlenmiş ve bu alanda çalışan araştırmacılara bazı önerilede bulunulmuştur.

1.1. Tez Konusunun Tanıtılması

Tanıma, hafıza oluşumu, dağıtılmış mekanizma, hata toleransı gibi daha birçok özelliği bünyesinde barındıran bağışıklık sistemleri, yapay zekâ uygulamalarına elverişli bir model zemini oluşturarak YBS' ne temel hazırlamıştır. Bağışıklık sistemindeki pek çok özelliğin modellenmesi, birçok farklı alanda yeni YBS algoritmalarının oluşturulmasına yol açmıştır. Ortaya atılan YBS algoritmaları ile optimizasyon, robotik, hata tespiti gibi bazı alanlarda yüksek performanslar elde edilmiş ve edilmeye de devam edilmektedir. Araştırmacıların bu kategorideki YBS çalışmalarına yapabilecekleri katkılar iki şekilde gerçekleştirilebilir. Bunlardan birisi oluşturulmuş mevcut algoritmaların eksikliklerini tespit edip, bu eksiklikleri giderici öneriler sunarak sistemlerin performanslarını artırmaya çalışmaktır. Yapılabilecek diğer katkı şekli de yeni modellerin oluşturulması ile bağışıklık tabanlı yeni algoritmaların öne sürülmesidir.

Bu tez çalışmasında geliştirilen ilk sistem olan klonsal seçme tabanlı elipsoidal Yapay Bağışıklık Sistemi çalışmasında, şimdiye kadar geliştirilmiş olan YBS sistemlerindeki bu eksiklik üzerinde ciddiyetle durulmuş ve problem uzayında gerçekleştirilen etkileşim hesapları yapılarak etkili sonuçların elde edilmesi planlanmıştır. Bu bağlamda gerçekleştirilen sistemde bağışıklık sistemindeki klonsal seçme mekanizması modellenmiştir. Geliştirilen sistemin performans analizleri UCI makine öğrenme deposundan alınan kalp hastalığının teşhis edildiği Statlog Heart Disease, BUPA Liver Disorder ve Pima Diabetes veri setleri üzerinde yapılmış ve literatürdeki algoritmalar ile karşılaştırılması yapılmıştır. İkinci sistem ise klonsal seçme tabanlı elipsoid şekilli katmanlı-YBS sistemi çalışmasında performans analizleri İris, Statlog Heart Disease, BUPA Liver Disorder ve Pima Diabetes veri setleri üzerinde yapılmış ve ayrıntılı olarak grafiksel ve tablo halinde sonuçlar verilmiştir.

Bu tez çalışmasında geliştirilen sistemler ile literatürdeki çoğu çalışmada geliştirilen YBS sistemlerinde seçilen gösterim şekilleri çalışmaların ortak noktası olmuştur. Geliştirilen sistemlerde giriş verileri Anijen (Ag), sistem birimleri de Antikor (Ab) veya B hücresi olarak modellenmiştir. Sistemde öğrenmenin gerçekleşebilmesi için modellenen bu Ab ile Ag arasındaki etkileşim şekil uzayında hesaplanmaktadır. Bu

çalışmada Ab ile Ag arasındaki etkileşim hesabı olarak ilgili antijenin elipsoid şekilli antikorlardan hangisinin tanıma alanına girip girmediği hakkında karar veren bir hesap şekli kullanılmıştır. Bu şekilde geliştirilen sistemde ilk olarak bağışıklık sistemindeki humoral bağışıklık yanıtı modellenerek hafıza hücreleri oluşturulmuş ve geliştirilen test algoritması ile de hafıza hücrelerinin hangi durumda hangi cevabı üreteceği bulunmuştur.

1.2. Tez Çalışmasının Amacı ve Önemi

Doğal Bağışıklık sistemindeki birtakım hafıza, öğrenme ve bilgi saklama gibi mekanizmaların keşfedilmesi ve buna dayalı sistemlerin ortaya atılmasıyla gündeme gelen Yapay Bağışıklık Sistemleri (YBS), 1990'lı yıllardan beri çalışılmaya devam edilen aktif bir yapay zeka alanıdır. Sınıflama, optimizasyon, hata ayıklama, virüs tespiti, robotik,…vs. gibi pek çok alanda uygulamaları olan YBS alanında, özellikle sınıflama problemleri ile ilgili pek çok çalışma gerçekleştirilmiştir. Bu tez çalışmasının amacı, sınıflama problemlerinde kullanılmak üzere yeni bir YBS sistemi gerçekleştirilmesi ve bu YBS sisteminin bazı sınıflama problemlerindeki performansının analiz edilmesidir.

Şekil uzayında birbirine çok yakın fakat farklı sınıflara ait verilerin sınıflanmasında, kullanılacak olan sistem birimlerinin tanıma çemberinin şekli ve büyüklüğü sistemin performansını ciddi derecede etkilemektedir. YBS çalışmalarının başlangıcında çoğunluk tarafından kabul gören küresel tanıma çemberi kullanılmıştır. Fakat son yıllarda, değişik şekillerdeki (küresel, elipsoid, çok-boyutlu dikdörtgen) tanıma çemberleri de sistemlere dahil edilmiş ve performans analizleri gerçekleştirilmiştir. Buna göre problem tipine göre, farklı tanıma çemberlerinin avantaj sağlayabileceği vurgulanmıştır. Fakat, gerçekleştirilen çalışmalarda, tanıma çemberlerinin en uygun şekli ve büyüklüğü Genetik Algoritmalardan (GA) yararlanılarak bulunmuştur. Bu da, sisteme hız bakımından ekstra bir yük getirmektedir. Gerçekleştirilecek bu tez çalışmasında, küresel ve elipsoid tanıma çemberleri kullanılacak, fakat bu tanıma çemberlerinin en uygun şekli ve büyüklüğü, hata hesabına dayalı bir yöntemle gerçekleştirilecektir. Böylelikle daha hızlı bir eğitme sürecinin gerçekleşmesi sağlanacaktır. Eğitme verilerinin sayıca az olduğu sistemlerde kullanılan eğitme yönteminin hız bakımından çok önemi olmasa da, çok fazla eğitme verisinin bulunduğu problemlerde sistemin hızı da doğruluğu derecesinde önem taşımaktadır. Bu

bakımdan, özellikle uzaklık hesabına dayalı olan YBS sistemlerinde hız, ele alınması gereken bir diğer parametre olarak karşımıza çıkmaktadır.

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI

Vücudumuzu dışarıdan gelen yabancı maddelere ve mikroplara karşı koruyan, özelleşmiş hücreler ve organlardan meydana gelmiş olan bağışıklık sistemi, bünyemizde bulunan diğer sistemlerin fark edilerek keşfedildikleri tarihlere nazaran tıp bilimi için oldukça yeni bir alan olarak kabul görmektedir. Bağışıklık sisteminin biraz daha derinsel irdelenmesi 1983 yılında Nobel ödülüne layık görülen Japon araştırmacı Susumu Tonegawa tarafından 1976 senesinde yapılarak antikor molekülünün antijene olan özgüllüğünün bir genetik mevzu olduğunu ve antikor farklılığının B hücrelerinin DNA zinciri üzerinde yer alan gen düzenlemeleriyle meydana geldiği gösterilmiştir (Anonim, 2010). O zamandan günümüze kadar bağışıklık alanında yapılan buluşlar sayesinde sistemin işleyişindeki birçok bilinmeyen nokta aydınlığa kavuşmuştur. Bağışıklık biliminde (*immünoloji*) yapılan çalışmalara paralel olarak oluşturulmaya başlanan bağışıklık sistemi modelleri, sistemin işleyişini anlama açısından önemli derecede büyük katkılar sağlamışlardır.

Daha sonraları gelişmeye başlayan ve insandaki biyolojik sistemlerin işleyişini temel alan Yapay Zeka, insan gibi düşünen ve davranan makinelerin oluşturulması gibi hedeflere yönelik çalışmalarda kullanılmıştır. Yapay Bağışıklık Sistemlerinin ortaya çıkışının arkasındaki asıl nedenler, bağışıklık sistemindeki olayların aydınlatılmaya başlanması ve Yapay Zeka' ya duyulan ilginin artmasıdır.

Jerne (1973) tarafından ortaya atılan Bağışıklık Ağı Teorisi ve Bağışıklık Sistemindeki işleyişleri daha anlaşılabilir kılan Bağışıklık Sistemi Modelleri, Yapay Zeka üzerine çalışan araştırmacıların dikkatini çekmiş ve meydana getirilen yeni algoritma ve uygulamalarla YBS yavaş yavaş adından söz ettirmeye başlamıştır. Özellikle 2000' li yılların başlarından itibaren Yapay Zeka alanındaki araştırmacılar ilgisini Yapay Bağışıklık Sistemlerine yönelterek etkin ve yüksek performanslı yeni algoritmalar oluşturmaya başlamışlardır. Yapay Bağışıklık Sistemlerinin değişik uygulama alanlarına ve problemlere nasıl uygulandığı, bu konuda ne gibi yeni algoritmaların oluşturulduğu ve bunlara bağlı olarak etkili ve yüksek performanslı sonuçların alınması için ne gibi yöntem ve tekniklerin kullanıldığı ya da kullanılması gerektiği konularında çeşitli çalışmalar yapılmıştır.

De Castro ve Von Zuben (1999) "Artificial Immune Systems: Part I- Basic Theory and Aplications" adlı çalşmada, Yapay Bağışıklık Sistemlerinin uygulama alanları ile bu alanlarda oluşturulmuş sistemleri ele alan geniş bir çalışma yapılmıştır.

YBS alanında yapılan çalışmalarda kullanılan teknikler probleme bağlı olduğundan yapılan çalışmalarda belirli bir tekniğin bulunmamasından, bu çalışmada da standart bir yapının olmaması dikkat çekmiştir. Çalışmaların tamamında, her probleme ait ayrı bir gösterim şekli, ayrı bir öğrenme yöntemi ve ayrı bir hafıza mekanizması modellenmiştir.

De Castro ve Timmis (2003) "Artificial Immune Systems as a Novel Soft Computing Paradigm" adlı makalede, bağışıklık sisteminin temel özelliklerinden bahsedilerek YBS alanında o güne kadar yapılmış önemli çalışmalara değinilmiştir. Tanıtılan algoritmaların eksiklikleri anlatılarak ve bu eksikliklerin giderilmesi için yapılabilecek düzenlemeler özetlenmiştir.

Dasgupta ve Gonzales (2003) "Artificial Immune Systems (AIS) research in the last five years" adlı bildiride, Yapay Bağışıklık Sistemlerinin yumuşak hesaplama (*soft computing*) alanında son beş yıl içerisinde hak ettiği konuma geldiğini belirterek, literatürde bulunan bağışıklık şebeke teorisi, negatif seçim ve klonal seçim modellerinin özelliklerini, antijen-antikor bağlanma, dağıtık kontrol, kendi/kendisine ait olmayan ayrımı, gösterim sekli (0-1 dizileri, java nesneleri, gerçek değerli vektörler vb.) ve uygulama alanlarına göre (kümeleme, en iyileme, dinamik öğrenme vb.) sıralamıştır. Bu sınıflandırmada 1999-2003 yılları arasındaki yapılan çalışmaların büyük bölümü şebeke tabanlı YBS üzerine odaklandığı, klonal seçim algoritmasının ise örüntü tanımlama problemlerinde kullanıldığına değinilmiştir.

Dasgupta (1998) "An Overview of Artificial Immune Systems and Their Applications" adlı makalede, YBS' nin başarılı bir problem çözme yöntemi olmasını tanıma, değişim, öğrenme, hafıza, dağıtılmış algılama, kendi kendini düzenleyen eşik değer mekanizması, dinamik savunma, yaklaşık algılama özelliklerine bağlı olarak anlatmıştır. Yapay Bağışıklık Sistemlerinin bu özellikleri sayesinde bilgisayar ve ağ güvenliği, iş çizelgeleme problemleri, hata tespiti ve dinamik çevrelerdeki uygulamalarda kullanılan GA gibi yöntemlerden daha üstün olduğu vurgulanmıştır.

Şahan (2003) Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsünde hazırlamış olduğu "Neden Yapay Bağışıklık Sistemleri? Pmr Sisteminde Abnet ve YSA" adlı Yüksek Lisans Seminerinde, bağışıklık sistemi hakkında temel bilgiler verilerek Yapay Bağışıklık Sistemleri anlatılmıştır. Ayrıca Abnet ağı tanıtılarak Abnet' in performans analizinde kullanılan PMR sistemi ve kodlama hakkındaki bilgilere yer verilmiştir. Son olarak da bu ağa bazı kodlama verileri sunulmuş ve sonuçları analiz edilmiştir.

Özşen (2008) Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsünde hazırlamış olduğu "Biyomedikal Sınıflama Problemleri İçin Problem-Tabanlı Bir Yapay Bağışıklık Sisteminin Geliştirilmesi ve Biyomedikal Sınıflama Problemlerine Uygulanması" adlı Doktora Tezinde, Yapay Zeka Sistemlerinin bir alt dalı olan Yapay Bağışıklık Sistemleri (YBS) alanında geliştirilmiş olan sistemler, doğrusal olmayan problemlerin çözümünde kullanılmak üzere tasarlanmıştır. YBS alanında doğrusal olmayan problemlerin çözümünde kullanılan karmaşık sistemlerin var olmayışı, YBS sistemlerinin çoğu alanda iyi bilinen çözüm teknikleri arasında bulunmasına engel olmasına sebep olmuştur. Bu çalışmada tasarlanan sistemler ile iki farklı şekilde doğrusal olmayan sistem tasarımı gerçekleştirilerek YBS alanındaki bu eksikliğin giderilmesi hedeflenmiştir.

Ihsıda (1996) "The Immune System as a Self Identification Process: A Survey and a Proposal" adlı çalışmada, 1996 yılında gerçekleştirilen bağışıklık-tabanlı sistemlere özel ilk çalışma kurultayındaki çalışmaların ilk taramasını yayınlamıştır. Bu taramaya göre 33 çalışmadan bahsedilmiştir, ancak bunlardan 18 tanesi YBS alanına dahil edilebilir.

Dasgupta ve Attoh-Okine (1997) "Immunity-Based Systems: A Survey" adlı makalede, başka bir tarama yayınlamış ve taramaya göre de 30 tane çalışmanın içinden 18 tanesi YBS alanına dahil edilebilir nitelikte bulunmuştur.

De Castro ve Von Zuben (2000b) "Artificial Immune Systems: Part II- A Survey of Applications" adlı çalışmada, 2000' li yılların başlarında YBS alanını daha detaylı bir şekilde gözden geçiren bir teknik rapor hazırlanmıştır. Buna göre raporda yer alan 93 çalışmadan 83 tanesi YBS çalışması olarak kabul görebilir özelliktedir.

Tarakanov ve ark. (2000) "Immunocomputing of the Natural Plague Foci" adlı bildiride, Orta Asya' da görülen veba hastalığının zamansal dinamiklerini anlamak ve risk analizini geliştirmek maksadıyla YBS' den yararlanmışlardır.

Carter (2000) "The Immune System as a Model For Pattern Recognition and Classification" adlı makalede, Bağışıklık sisteminden esinlenerek Immunos-81 adı verilen sınıflama ve örüntü tanıma sistemini geliştirmiş ve geliştirdiği sistemde antijenleri, T ve B hücrelerini, klonları ve aminoasit kütüphanelerini modellemiştir.

Carvalho ve Freitas (2001) "An Immunological Algorithm for Discovering Small-Disjunct Rules in Data Mining" adlı çalışmada, veri madenciliğinde kullanılan ayrık-kuralların keşfinde kullanılmak üzere YBS ve karar ağacının bir karışımı olarak nitelendirilebilen bir bağışıklıksal algoritması geliştirmişlerdir.

Sun ve ark. (2003) "A Hierarchical Artificial Immune Architecture and Its Applications" adlı bildiride, bağışıklık sistemindeki APC, MHC, TH, B ve TS hücrelerini modelleyen hiyerarşik bir sistem geliştirmişlerdir. Her hücre tipinin bir katmanla ifade edildiği sistemde katmanda bulunan hücreler arasındaki ilişkiler ağırlıklarla ifade edilmiştir. Geliştirilen bu sistem yapay veri kümeleri üzerinde denenmiş ve sistemin veri kümelerini başarıyla sınıflayabildiği sonucuna varılmıştır.

Secker ve ark. (2003) "AISEC: an Artificial Immune System for E-mail Classification" adlı çalışmada, e-mail sınıflaması için kullanıcılara ilginç gelmeyen e-mail içeriklerinin zamanla değişebileceği gerçeğinden yola çıkarak sürekli öğrenme mekanizmasını esas alan bir yapay bağışıklık sistemi (AISEC) geliştirilmiştir. Çalışmada ayrıca gen kütüphanelerinden yararlanılarak geliştirilen sistemde tanıma ve test fazında uyarım için farklı eşik seviyesi kullanılmıştır.

Gu ve ark. (2000) "An Immunity-Based Security Layer Model" adlı bildiride, internet antijenleri olarak modelledikleri internet hackerları ve virüslerine karşı antikor katmanı olarak isimlendirdikleri bir tespit ve eleme sistemi geliştirilmiş ve bilgisayar güvenliği alanında sıkça faydalanılan negatif seçme algoritmasında dedektörler binary (0-1 şeklinde) oluşturulmuştur.

Skormin ve ark. (2001) "BASIS: A Biological Approach to system Information Security" adlı çalışmada, bilgisayar ağlarındaki bilginin korunmasında bilgi güvenlik sistemlerinin (IIS) öneminden bahsedilmiş ve çoklu etmenli bilgi güvenlik sistemlerinde bağışıklıktaki bazı metaforların kullanımı gösterilmiştir.

Ji ve Dasgupta (2004) "Real-Valued Negative Selection Algorithm With Variable-Sized Dedectors" adlı çalışmada, negatif seçme algoritmasında Gerçek-değerli ve değişken büyüklükte detektörler oluşturulmuştur. Detektörlerin değişken büyüklükte tanıma bölgelerine sahip olması ile doğrusal olmayan dağılım gösteren veri kümelerinde tanıma yüzdesinin artması sağlanmıştır. Negatif seçme algoritmasının başarı sağlayabilmesi için detektörlerin tespit yeteneğinin çok önemli olduğuna değinilmiştir.

Kim ve ark. (2005) "Cooperative Automated Worm Response and Dedection Immune Algorithm (CARDINAL) Inspired by T-cell Immunity and Tolerance" adlı bildiride, gerçek dünya problemlerinde bu mekanizmadan yararlanmak gayesiyle bilgisayar güvenliği algoritması olarak T-hücrelerinin modellendiği bir yapı geliştirilmiştir. T hücrelerinin bağışıklık sistemindeki işleyiş mekanizmaları hemen hemen aynı şekilde modellenmiş ve sistemlerinde özellikle T-hücresi çoğalması, T

hücresi farklılaşması, T hücresi modülasyonu ve etkileşimi gibi temel mekanizmalar üzerinde durulmuştur.

Bilgisayar güvenliği için YBS alanında denenen bir diğer sistem de doğumsal ve adaptif bağışıklık yanıtlarının hibrid bir şekilde kullanıldığı sistemdir. Tedesco ve ark. (2006) "Integrating Innate and Adaptive Immunity for Intrusion Detection" adlı bildiride, geliştirilen hibrid sistemle mevcut imza tabanı ile kaplanmış saldırılardaki yeni değişimleri içeren paketleri tespit etmek hedeflenmiş ve elde ettikleri ilk sonuçlarla sistemlerinin ümit vaat edici olduğu vurgulanmıştır.

Balachandran ve ark. (2007) "A General Framework for Evolving Multi-Shaped Detectors in Negative Selection" adlı çalışmada, detektörlerin kalitesinin artırılması maksadıyla çoklu-şekilli detektörlerin geliştirilmesi için genel bir çalışma yöntemi ortaya atılmıştır. Geliştirilen detektörler hiper-dikdörtgenler, hiper-küreler ve hiper-elipsler olabileceği gibi gerçek-değerli negatif seçme algoritmalarında rahatlıkla kullanılabileceği üzerinde durulmuştur.

Dasgupta ve ark. (2003) "MILA-Multilevel Immune Learning Algorithm" adlı çalışmada, aykırılık tespiti için çok seviyeli bir öğrenme algoritması tasarlanmıştır. MILA-Multilevel Immune Learning Algorithm adını verdikleri tanıma sistemleri başlangıç fazı, tanıma fazı, evrimsel faz ve yanıt fazı olmak üzere üç bölümden meydan gelmektedir.

Greensmith ve ark. (2005) "Introducing Dentric Cells as a Novel Immune-Inspired Algorithm For Anomaly Dedection" adlı bildiride, dentrit hücreleri kullanarak aykırılık tespiti için yeni bir bağışıklık algoritması oluşturulmuştur. Dentrit hücreler antijeni sunmasıyla, doğumsal ve adaptif bağışıklık arasında ciddi bir bağ kurarlar. T-hücresi bağışıklık yanıtlarını koordine etmesiyle bilinen dentrit hücreleri modelleyerek geliştirilen algoritmanın kontrol mekanizması kurulmuştur. Bu algoritma, hamming şekil uzayının kullanıldığı negatif seçme algoritmasındaki ölçeklendirme problemlerini ortadan kaldırmak amacıyla oluşturulmuştur.

Stibor ve ark. (2005) "A Comparative Study of Real-Valued Negative Selection to Statistical Anomaly Detection Techniques" adlı çalışmada, yapay bir veri kümesi üzerinde gerçek değerli negatif seçme algoritmasının sonlandırma davranışı incelenmiş ve bu algoritma ile gerçek-değerli pozitif seçme algoritmasını ve statiksel aykırılık tespiti algoritmaları karşılaştırılmıştır.

Optimizasyonun diğer bir türü de zamana bağlı optimizasyondur. Gaspar ve Collard (2000) "Two Models of Immunization For Time Dependent Optimization" adlı

makalede, zamana bağlı optimizasyon problemleri için yeni bir YBS algoritması geliştirilmiştir.

Freschi ve Repetto (2005) "Multiobjective Optimization by a Modified Artificial Immune System Algorithm" adlı bildiride, bağışıklık sistemi davranışına dayalı yeni birçok hedefli (*multiobjective*) optimizasyon algoritması ortaya atılmıştır. Geliştirilen algoritma da çok hedefli optimizasyon problemlerinde yaygın ve başarılı bir şekilde kullanılan NSGA2 ile karşılaştırılmıştır.

Chen ve Mahfouf (2006) "A Populastion Adaptive Based Immune Algorithm for Solving Multi-objective Optimization Problems" adlı bildiride, çok hedefli optimizasyon uygulamalarında kullanılmak üzere adaptif bir popülasyon tabanlı bağışıklık algoritması geliştirilmiştir. PAIA olarak isimlendirilen sistem algoritmalarında popülasyon ve klon boyutlarını adaptif yaparak hesaplama zamanının önemli ölçüde azaltılması sağlanmıştır.

De Castro ve Von Zuben (2000c) "An Evolutionary Immune Network for Data Clustering" adlı çalışmada, sisteme bir Antijen sunulduğunda antikor repertuarının dinamiklerini kontrol etmek için klonsal seçme mekanizması kullanılmıştır.

Timmis ve Neal (2001) "A Resource Limited Artificial Immune System" adlı çalışmada, danışmansız öğrenmenin gerçekleştiği bir YBS ağı geliştirilmiş ve geliştirilen ağda B hücreleri modelleenrek B hücreleri arasındaki bağlantılar sayesinde Antijenler sınıflanmış ve kümelenmiştir.

Watkins (2001) "AIRS: A Resource Limited Artificial Immune Classifier" adlı çalışmada, destekli öğrenmenin yer aldığı kaynak sınırlamalı bir yapay bağışıklık sistemi (AIRS) tasarlanmıştır. Bağışıklık sistemindeki kaynak için yarışma, klonsal seçme ve hafıza hücrelerinin saklanması gibi metaforlar kullanılmış ve AIRS' deki uzaklık ölçütü öklid uzaklık ölçütü olarak alınmıştır.

Garrett (2003) "A Paratope is not an Epitope: Implications for Immune Network Models and Clonal Selection" adlı bildiride, klonsal seçme ve bağışıklık ağı modellerinin uygulamaları için önemli bir noktaya dikkat çekilmiş ve antikorlar yüzeyindeki paratop ve epitopu aynı binary dizide modelleyerek ortaya atılan sistemde alternatif bir gösterim şekli oluşturulmuşur.

Hamaker ve Boggess (2004) "Non-Euclidean Distance Measures in AIRS, an Artificial Immune Classification System" adlı çalışmada, öklid uzaklık ölçütünün yerine Manhattan, Overlap, VDM, HEOM, HVDM ve DVDM uzaklık ölçütleri kullanılarak UCI veritabanından elde edilen Iris, Wisconsin breast cancer, heart ve Crx veri kümeleri

üzerinden bu ölçütlerin performanslarının karşılaştırmalı analizi yapılmıştır. YBS sistemlerinde gösterim şekli olarak şekil uzayı gösterimi seçilmiş ve sistemdeki birimlerin etkileşimlerini modellemek için genellikle uzaklık ölçütleri kullanılmıştır. Fakat uzaklık ölçütlerinde veriler arasındaki uzaklıklar hesaplanırken her özellik eşit oranda etkiye sahiptir.

Şahan ve ark. (2004) "A New Classifier Based on Attribute Weighted Artificial Immune System (AWAIS)" adlı makalede, uzaklık ölçütlerinde veriler arasındaki uzaklıklar hesaplanırken her özelliğin eşit oranda etkiye sahip olmasının getirebileceği dezavantajlara dikkat çekilmiş ve geliştirilen AWAIS algoritması ile özelliklerin ağırlıklandırma ile uzaklık hesabında kullanılmasını sağlanmıştır.

Şahan ve ark. (2005) "The Medical Applications of Attribute Weighted Artificial Immune System(AWAIS): Diagnosis of Heart and Diabetes Diseases" adlı makalede, Şahan ve ark. (2004) tarafından yapılan çalışmada geliştirilen AWAIS sisteminin biyomedikal sınıflama problemlerindeki performansı analiz edilmiştir. UCI veritabanından alınan Statlog kalp hastalığı verisi ve Pima diyabet hastalığı verileri kullanılmış ve her iki veri kümesi için sırasıyla %82.59 ve %75.87 sınıflama doğruluklarına ulaşılmıştır.

Cutello ve ark. (2005) "Clonal Selection Algorithms: A Comparative Case Study Using Effective Mutation Potentials" adlı bildiride, Klonsal seçme algoritmaları üzerine yapılan bir çalışma olup iki klonsal seçme algoritmasının CLONALG ve opt_IA' nın karşılaştırmalı analizi gerçekleştirilmiştir.

Polat ve ark. (2005) "Outdoor Image Classification Using Artificial Immune Recognition System (AIRS) with Performance Evaluation by Fuzzy Resource Allocation Mechanism" adlı çalışmada, AIRS' deki kaynak dağılımı mekanizması değiştirilerek bulanık mantık kurallarıyla yeni bir kaynak dağılımı mekanizması tanımlanmış ve bu sistemi de UCI veritabanından alınan outdoor görüntülerinin sınıflandırılmasında kullanmıştır. Fuzzy-AIRS ile %90 sınıflama performansına ulaşan yazarlar, bu sonucun AIRS' nin performansından hem sınıflama zamanı bakımından hem de sınıflama doğruluğu bakımından daha iyi olduğunu da vurgulamışlardır.

Polat ve ark. (2006) "A Novel Approach to Resource Allocation Mechanism in Artificial Immune Recognition System: Fuzzy Resource Allocation Mechanism and Application to Diagnosis of Atherosclerosis Disease" adlı bildiride, fuzzy-AIRS sistemi *atherosclerosis* hastalığının tespitinde kullanılmıştır. Doppler verilerinin kullanıldığı

sınıflama uygulamasında, fuzzy-AIRS sistemi ile %100 sınıflama doğruluğuna ulaşılmıştır.

Özşen ve ark. (2007) "A New Supervised Classification Algorithm in Artificial Immune Systems With Its Application to Carotid Artery Doppler Signals to Diagnose Atherosclerosis" adlı çalışmada, daha önce Şahan ve ark. (2004) tarafından geliştirilen AWAIS sistemi doppler verilerine uygulanarak *atherosclerosis* hastalığı teşhisinde kullanılmış ve %100 sınıflama doğruluğuna ulaşılmıştır.

Wilson ve Garrett (2004) "Modelling Immune Memory for Prediction and Computation" adlı bildiride, bağışıklıksal hafıza modellemesi gerçekleştirilmiştir. Bağışıklık teorisyenleri tarafından ortaya atılan hafıza hücresi modeli, kalıntı antijen modeli ve bağışıklık ağı modeli olmak üzere 3 hafıza mekanizması modellenmiş ve uygulama sonucunda bu modellerin birbirlerine göre avantaj ve dezavantajları yorumlanmıştır.

YBS algoritmalarının çoğu problemde ortaya çıkan eksikliklerinden bir tanesi sistemde modellenen antikorların tanıma çemberleridir. Genelde küre şeklinde seçilen tanıma çemberleri şekil uzayının etkin olmayan bir şekilde kapsanmasına yol açar. Hart (2005) "Not All Balls are Round: An Investigation of Alternative Recognition-Region Shapes" adlı çalışmada, yukarıda bahsedilen bu dezavantajı ortadan kaldırmak için alternatif şekilli tanıma çemberleri oluşturulmuştur.

Bentley ve ark. (2005) "Two Ways to Grow Tissue for Artificial Immune Systems" adlı çalışmada, bağıŞıklık sistemindeki bir diğer özelliği olan mikropların öncelikle dokudan geçmesi gerektiği özelliği modellenerek problem ve algoritma arasında bir geçiş ortamının oluşturulması hedeflenmiştir.

Bağışıklık sisteminde hafıza mekanizmasının nasıl oluştuğuna dair uzman kişiler tarafından değişik teoriler ortaya atılmıştır. Bunlar uzun ömürlü hafıza hücresi teorisi, gelişen hafıza teorisi, kalıntı antijen teorisi, bağışıklık ağı teorisi ve heterojen hafıza teorileri olarak bilinmektedir. Robbins ve Garrett (2005) "Evaluating Theories of Immunological Memory Using Large-Scale Simulations" adlı bildiride, bu teorilerden hafıza hücresi teorisi, gelişen hafıza teorisi ve kalıntı antijen teorisi bir simülasyon programında karşılaştırılmıştır.

Wu ve Liang (2005) "Self-regulating Method for Model Library Based Artificial Immune System" adlı çalışmada, model kütüphanesine bağlı olarak kendiliğinden düzenlenen bir algoritma ortaya atılmıştır. Geliştirilen algoritma, eğitme ve test

esnasında oluşan baskıya göre çoklu-YBS modellerini dinamik olarak düzenleyebilecek nitelikte olduğu görülmüştür.

Bersini (2006) "Immune System Modelling: The OO Way" adlı çalışmada, nesneye yönelik (OO-object oriented) teknolojilerin bağışıklık sistemi modellemesinde kullanımı sağlanmış ve bağışıklık sisteminin çalışması, gelişimi ve iletişiminde OO programlama dillerinden yararlanılmış ve modelleme sonuçlarına yer verilmiştir. Geliştirilen YBS sistemlerinde Antikor tanıma bölgeleri olarak genellikle küresel tanıma çemberleri seçilmiştir.

Stibor ve ark. (2006) "A Comparative Study of Real-Valued Negative Selection to Statistical Anomaly Detection Techniques" adlı çalışmada, YBS sistemlerinde Antikor tanıma bölgeleri olarak kullanılan hiper-küreler analiz edilmiştir.

Neal ve ark. (2006) "Don't Touch Me, I'm Fine: Robot Autonomy Using an Artificial Innate Immune System" adlı çalışmada, robotlarda hasar, potansiyel hasar ve parça bozulmasına karşı gösterilen düşük-seviyeli yanıtların entegrasyonu için bir model tanımlanmıştır. Tanımlanan model, bağışıklık sistemindeki iltihaplanma mekanizmasını temel alarak geliştirilmiş, simülasyonlar gerçekleştirilmiş ve elde edilen sonuçlar ile böyle bir yaklaşımın potansiyel yararları ortaya çıkarılmıştır.

King ve ark. (2001) "An Artificial Immune System Model for Intelligent Agents" adlı çalışmada, YBS alanında bir listeleme uygulaması gerçekleştirilerek bağışıklık sistemine dayalı olarak listeleme uygulamalarında kullanılacak zeki elemanlar için bir biyolojik temel tanımlanmıştır.

Bereta ve Burczyriski (2008) "Immune K-means and negative selection algorithms for data analysis" adlı çalışmada, yeni bir yapay bağışıklık algoritması olan K-means algoritmasından bahsedilmiştir. Bu yeni yaklaşım ve yeni yol ile hem öğretmenli hem de öğretmensiz öğrenme için çok etkili ve kararlı bir bağışıklık algoritması gerçekleştirilmektedir. Klonal seçme paradigması temelli olan K-means algoritması ile normal klonal seçme algoritmasının karşılaştırılması yapılarak negatif seçme paradigmasından da bahsedilmiştir.

Bezobrazov (2008) "Neural Networks And Artificial Immune Systems-Malware Detection Tool" adlı çalışmada, yapay bağışıklık sistemi metoduna dayanarak bilinmeyen bilgisayar virüslerini belirleme probleminin çözümü için bir yaklaşım sunulmuştur. Bu kapsamda bağışıklık dedektörleri tanımlanarak bunlar adhoc denen algoritma aracılığıyla eğitilmiş ve bilinen ve bilinmeyen kötü niyetli yazılımların her ikisini de sezmek için yetenekli hale getirmişlerdir.

Hone ve Van den Berg (2007) "Modelling a cytokine network" adlı çalışmada, bir yapay sitokin ağından yararlanarak bağışıklık hücreleri ile sitokinlerin etkileşimleri için dinamik bir soysal model üzerine yoğunlaşılmıştır. Bu bağlamda çalışma içinde sitokin ağları ve yapay sitokin ağlarına değinilmiştir.

Liu ve ark. (2007) "FAISC: a Fuzzy Artificial Immune System Clustering Algorithm" adlı çalışmada, yapay bağışıklık ağı ve Fuzzy sistem merkezli FAISC (Fuzzy Artificial Immune System Clustering) adlı bir kümeleme algoritması açıklanmıştır. Benchmark veri setindeki denemeler göstermiş ki, K-means' den daha iyi nitelikli sonuçlar saptanmıştır.

Dixon ve Hua Yu (2010) "Bioinformatics Data Mining Using Artificial Immune Systems and Neural Network" adlı çalışmada, yapay sinir ağları ve yapay bağışıklık sistemleri temelli algoritmalar biyoinformatik veri işleme için kullanılmıştır. Çok katmanlı ileri beslemeli bir sinir ağ modeli ve gerçek değerli negatif seçim algoritmasının üç farklı varyasyonu ele alınmış, test edilmiş ve bilgisayar simülasyonu aracılığıyla karşılaştırılmaştır. Sonuç olarak görülmüş ki, yapay bağışıklık sistemi algoritması, sadece normal ve kendi (self) verisi hazır, kullanılır olduğu zaman, avantajlı olmasına rağmen yapay sinir ağı modeli en iyi genel sonucu vermektedir.

Hedayat ve Moghadam (2011) "An Adaptive Artificial Immune Network Classifier With Independent Suppression Threshold" adlı çalışmada, suppression (baskı) eşik parametresinin otomatik ayarlaması için suppression eşiğinin yerine vektoryal suppression eşik parametresi takdim edilmiştir. Bu eşik parametresi her sınıf için sipesifik suppression eşiği ifade etmektedir. Bu kapsamda adaptif bir algoritma oluşturularak parametrenin değeri ayarlanmaya çalışılmıştır.

Wang ve ark. (2008) " A Complex Artificial Immune System and Its Immunity" adlı makalede, biyolojik bağışıklık sistemi merkezli yeni bir kompleks yapay bağışıklık sistemi sunulmuştur. Bu kapsamda, bağışıklık yanıtı mekanizması ve kompleks yapay bağışıklık sistem modelinden bahsedilerek bu modellerin simülasyonu yapılmıştır. Sonuç olarak, kompleks AIS' in model tanınmasında, modellerin doğru bir şekilde aktarılmasında, çevrilmesinde gayet avantajlı olduğu vurgulanmıştır.

Ulutas ve Konak (2011) "A review of clonal selection algorithm and its applications" adlı çalışmada, klonal seçme algoritmasının (CSA)' dan genel olarak bahsedilerek güçlü karakteristikler özetlenmiştir.

Dasgupta ve ark. (2010) "Recent Advances in Artificial Immune Systems: Models and Applications" adlı makalede, yapay bağışıklık sistemi alanındaki başlıca

önemli çalışmalar araştırılmıştır. Bu araştırma göstermiştir ki, son zamanlardaki araştırmalar 4 AIS algoritması merkezlidir. Çalışmada bunların, (1) negatif seçim algoritması, (2) yapay bağışıklık ağları, (3) klonsal seçme algoritması ve (4) tehlike teorisi ve dendritik hücre algoritması oldukları vurgulanmıştır.

Twycross ve Aickelin (2010) "Information fusion in the immune system" adlı çalışmada, insan bağışıklık sistemi aracılığıyla kullanılan biyolojik bilgi, füzyon mekanizmaları merkezli olduğuna değinilmiştir. Çalışma içinde ayrıca yapay bağışıklık sistemleri gibi bu mekanizmaların nasıl geçekleştirildiğinin ve insan bağışıklık sisteminde görülen biyolojik bilgi füzyon mekanizmalarının bazılarının bir özetinin sunulması amaçlanmıştır.

Agbinya ve Chaczko (2009) "Replicating Cytokines in Modelling Signal Exchange Between Nodes in Wireless Networks" adlı çalışmada, Wireless Mesh Networks (WMNs), yapay bağışıklık sistemleri ve sitokinlerden bahsedilmiştir. İnsan bağışıklık sistemindeki sitokinlerin görevini taklit ederek WMN' deki düğümler arasındaki tehlike sinyal değişimini modellemek için ortaya çıkan bir algı arz edilmiştir.

Qiao ve ark. (2006) "An Improved Artificial Immune Algorithm with a Dynamic Threshold" adlı çalışmada, dinamik bir eşik ile iyileştirilmiş, gelişmiş bir yapay bağışıklık algoritması sunulmuştur. Gerçek değerli kodlanmış yapay bağışıklık algoritmasındaki afinite fonksiyonu için hesaplama, ayarlanan dinamik eşik değeri ve antikorun uygunluğu göz önüne alınarak değiştirilmiş ve modife edilmiştir.

Anagnostopoulos ve Georgiopoulos (2001) "Ellipsoid ART and ARTMAP for Incremental Clustering and Classification" adlı çalışmada, elipsoidal ART (EA) ve elipsoidal ARTMAP (EAM) konu başlıklarından bahsedilmiştir. Probleme bağlı olarak, EA ve EAM' ın bulanık (fuzzy) eşdeğerlerine göre iyi sınıflandırıcılar olabilirliği sonucuna ulaşılmıştır.

Uçar ve ark. (2005) "A New Formulation for classification by Ellipsoids" adlı çalışmada, bir sınıftaki verileri kapsayan minimum hacimli elipsoidler bulunmuştur. Bu elipsoidleri bulmak için ise Hopfield Sinir Ağı kullanılmıştır.

Shioda ve Tunçel (2007) "Clustering via minimum volume ellipsoids" adlı çalışmada, elipsoidal şekiller ile veri kümeleri için k-ortalamalar (k-means) tekniğine karşı alternatif bir kümeleme tekniği olarak Minimum Hacimli Elipsoidler (MVE) kümelemesi öne sürülmüştür. Sonuç olarak MVE yaklaşımı data noktalarının özgün dağılımını yakalamada başarılı ve aynı zamanda k-ortalamalar algoritmasından çok daha fazla doğruluğa sahip olduğu görülmüştür.

Todd ve Yıldırım (2007) “On Khachiyan's algorithm for the computation of minimum-volume enclosing ellipsoids” adlı çalışmada, Minimum Hacimli Elipsoidler (MVE) kümelemesi üzerinde durularak mevcut Khachiyan algoritması değiştirilmiş ve değerlendirmeler ile aynı sonuçlar elde edilmiştir.

Lee ve Yoon (2005) “Adaptive classification with ellipsoidal regions for multidimensional pattern classification problems” adlı çalışmada, sürekli giriş değişkenleri ile çok boyutlu örüntü sınıflandırma problemleri için elipsoidal bölgelerde kullanılan uyarlanabilen bir sınıflama metodu sunulmuştur. Bu metod uyarlanabilir bir şekilde elipsoidal bölgeleri genişletir, döndürür, daraltır ve/veya hareket ettirir. Bu yöntemin performansı UCI makine öğrenme deposundan iyi bilinen sınıflandırma problemleri üzerinde değerlendirilmiştir. Değerlendirme sonucu göstermiş ki, önerilen bu yöntem bulanık kurallar, karar ağaçları veya sinir ağları gibi diğer sınıflama metodlarına göre daha az sayıda kural ile eşdeğer veya daha üstün bir performans ortaya koyabilir.

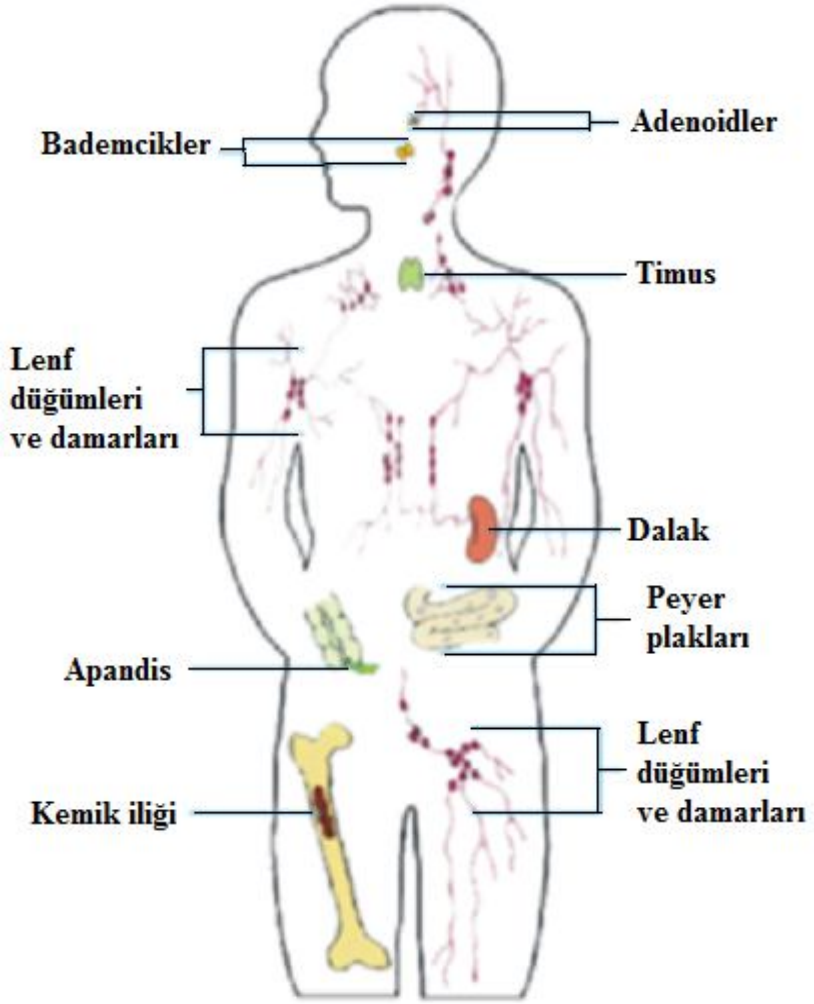
3. BAĞIŞIKLIK SİSTEMİ

3.1. Genel Bilgiler

Bağışıklık sistemi enfeksiyonlara neden olan bakteri, virüs, parazit ve küflere karşı vücudu korumak için birlikte çalışan hücre, doku ve organlardan oluşan dinamik bir ağ sistemidir. Patojenleri ve tümör hücrelerini tanıyıp onları yok ederek bir canlıdaki hastalıklara karşı koruma yapan işleyişlerin toplamı olarak da ifade edilebilir. Sistem, canlı vücudunda virüslerden parazitik solucanlara, vücuda giren ya da vücutla temas halinde bulunan her türlü yabancı maddeye karşı tarama yapıp onları canlının sağlıklı vücut hücrelerinden ve dokularından ayırt edebilmektedir. Bağışıklık sistemi, bir amino asidi farklı olan proteinler gibi çok benzer özellikteki maddeleri bile birbirinden ayırabilecek özelliğe sahiptir. Doğadaki tüm canlılar kendilerine göre yabancı olan doku, hücre ve moleküllere karşı bir savunma sistemine sahiptirler. Basit tek hücreli canlılardan olan bakterilerde bile kendilerini viral enfeksiyonlara karşı koruyan enzim sistemleri mevcuttur. Biz insanlarda ise çok daha karmaşık bir bağışıklık sistemi bulunmaktadır. Biyolojik bağışıklık sistemi, çeşitli, kendi içinde dağıtılmış, adaptif, karmaşık, hafızaya sahip bir sistemdir. İnsan gibi omurgalılardaki bağışıklık sistemleri mevcut işleyiş sırasında özel görevlere sahip birbirini etkileyen, seçilmiş proteinlerin, hücrelerin, organların ve dokuların bazı çeşitlerinden meydana gelmektedir. Omurgalıların sahip olduğu daha karmaşık olan bağışıklık sistemi zamanla antijenleri daha etkili tanımaya uyum sağlamıştır. Uyum süreci bağışıklık belleğini meydan getirmiş ve bu durum da antijenlerle ileriki karşılaşmalarda daha etkili koruma sağlamıştır. Bağışıklık sisteminin harekete geçmesi ve bağışıklık yanıtının oluşması antijenlerin solunum, deri ve sindirim sistemi gibi engelleri aşıp vücudumuza girmesiyle gerçekleşmektedir (Anonim, 2012).

3.2. Bağışıklık Sistemi Organları

Lenfoid dokulu organlar bağışıklık sisteminin organlarıdır. Bu organlar, birbirleriyle sürekli ilişki halinde olan birincil ve ikincil lenfoid organlar olarak iki grup halindedirler. Birincil lenfoid organlarda lenfositlerin üretimi yapılırken ikincil organlarda ise lenfositler antijenlerle ilk defa yüzleşirler (Anonim, 2012).



Şekil 3.1. Bağışıklık sistemi organları

Lenf bezleri, geniz eti olarak da bilinen, yutağın üst kısmında, burun boşluğunun arka tarafında bulunan lenfoid doku parçalarıdır. Bakteri ve virüs gibi enfektöz ajanları ve onların ürettiği antikorları yakalarlar.

Bademcikler, boğazda lenfositlerin toplandığı ve dışarıya açılan bir açıklıklık olan ağızda ilk engeli oluşturan küçük yapılardır. Lenf sıvısı, bademciklerin içerisinde bulunan lenf damarlarından boyun ve çene altı düğümlerine doğru akar. Bu esnada lenf damarlarının duvarlarından lenfositler salgılanır. Vücuda girebilen mikroplar, buradan salgılanan lenfositler tarafından yok edilirler.

Timus, göğsün üst bölümünde, tiroid bezinin altında yer alan ve olgunlaşmamış lenfositlerin kemik iliğinden çıkıp, olgunlaşma sürecine tabi tutuldukları vücut organıdır.

Lenf düğümleri, tüm vücuda yayılmış, B ve T hücrelerinin bulunduğu merkezler konumundadırlar. Vücudumuzda koltuk altı, kasık, çene altı, boyun, dirsek ve göğüs bölgelerinde bulunmaktadır.

Karaciğer, özellikle fetüsde olmak üzere bağışıklık etkin hücreleri içermektedir. T hücreleri ilk aşama olarak fetüs karaciğeri tarafından üretilirler.

Dalak, karın boşluğunun sol üst tarafında bulunan ve eski kırmızı kan hücrelerinin yıkımından sorumlu bir organdır. Tek çekirdekli fagositik sistemin merkezlerinden biri olup enfeksiyonlarla savaşmada yardımcı olan bir organdır.

Peyer plakları, ince bağırsağın ileum bölgesinde bulunan lenfoid dokuların yoğunlaştığı bölgelerdir. Bağırsak lümenindeki patojenlerin kontrol altında tutulmalarını sağlarlar.

Kemik iliği, bağışıklık sisteminin tüm hücrelerinin kökeni olan kök hücrelerin bulunduğu bir merkezdir.

Lenf, bağışıklık sisteminin hücre ve proteinlerini vücudun bir yerinden diğerine taşıyan bir çeşit dolaşım sistemi sıvısıdır (Anonim, 2012).

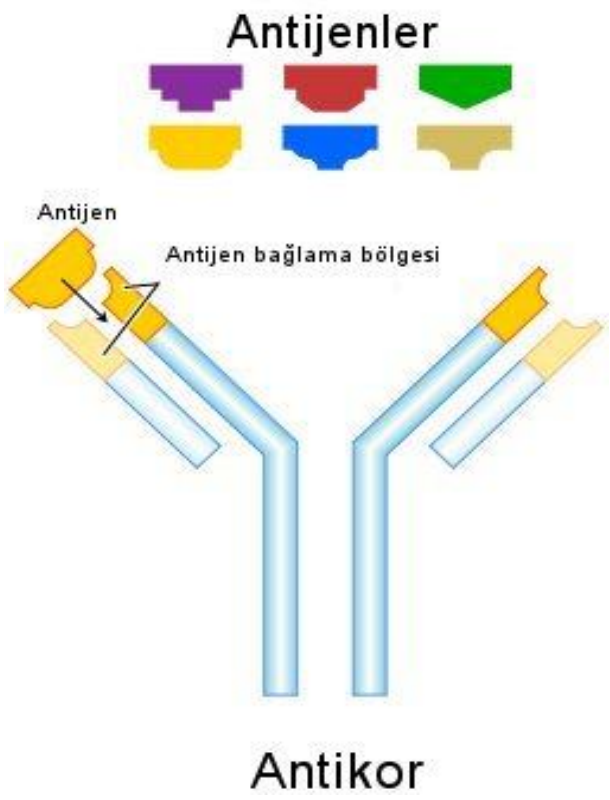
3.3. Bağışıklık Sisteminin İşleyişi

Vücudumuz oldukça farklı moleküllerden, hücrelerden ve dokulardan oluşan birçok savunma sistemi tarafından koruma altına alınmıştır. Canlıların bağışıklık sistemlerini uyaran ve canlı için kendinden olmayan yabancı tüm moleküllere "antijen" veya "immunojen" denir. Canlı, koruyucu elemanları sayesinde öncelikle yapısına yabancı olan antijenlerin vücuda girmesine engel olur. İlk engel olan deri, solunum ve sindirim sistemi gibi yüzey bariyerlerini herhangi bir antijen geçebilir ve canlıyla etkileşime girerse ikinci savunma sistemi hemen harekete geçer.

Yüzey bariyerlerini aşan yabancı bir madde karşısında, doğuştan gelen sistemin elemanlarından kemik iliği, timus, lenf bezleri ve dalak gibi özelleşmiş merkezlerde yer alan fagositler, makrofajlar, lenfositler gibi savunma hücreleri ve molekülleri devreye girerler. İlk basamakta öncü hücreler olan fagositler ve makrofajlar antijenleri yok etmeye çalışırlar. Kendinden olmayan yapıların vücut tarafından bu şekilde yok edilmeleri sürekli devam eden bir süreçtir ve vücuda girebilmiş birçok yabancı molekül bu şekilde yok edilir (Mayer, 2011a).

Vücudumuzdaki ikinci koruma sistemi de yabancı molekülü yok etmede başarılı olamazsa, edinilmiş bağışıklık sisteminin temel hücreleri olan B ve T lenfositleri aktif olurlar. Böylece oldukça karmaşık olan bir zincir sistemi başlatılır. Antijen varlığını haber alan T hücreleri, diğer savunma hücrelerini bunlara bağlı gelişen birçok biyokimyasal kaskadı tetiklerler (Mayer and Nyland, 2010).

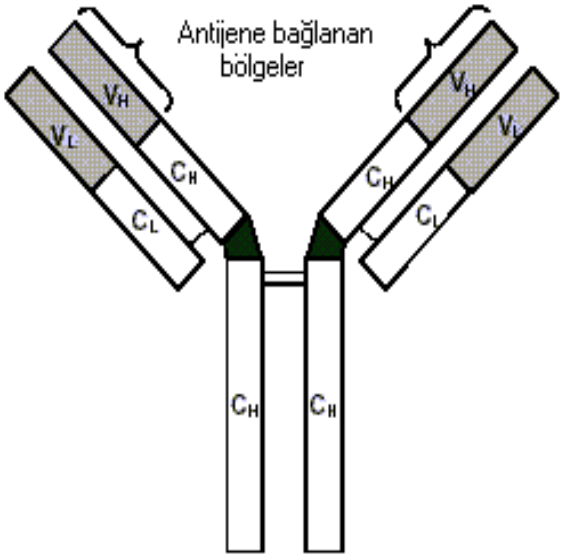
T hücrelerinin alt gruplarından biri olan öldürücü T hücreleri antijenleri yok etmeye çalışırken, edinilmiş sistemin bir diğer önemli hücreleri olan B hücreleri de bağışıklığın akıllı molekülleri olarak isimlendirilen antikorları (*immünglobülinler*) sentezlemeye başlarlar. Glikoprotein yapılı bu moleküller, anahtar-kilit uyumu şeklinde özgül antijenlere bağlanarak antijenleri ya etkisiz hale getirirler ya da kompleman sistemi ve diğer savunma hücrelerini harekete geçirerek antijenlerin yok edilmelerini sağlarlar (Anonim, 2012).



Şekil 3.2. Antijenlerin antikorlara bağlanması

Antikorların savunma sistemindeki rolü çok önemli olup Y şeklindedir ve ağır zincir ve hafif zincir olmak üzere 2 çift protein zincirinden meydana gelmişlerdir. Ağır ve hafif zincirler üzerinde, değişken (V/variable) ve sabit (C/constant) bölgeler bulunur. Değişken bölge, antijeni tanıyan kısmı oluşturmak üzere özelleşmiştir ve bir çift halinde

bulunur. Buradaki aminoasit dizilimlerindeki farklılıklar, farklı antijenlerin bağlanmasına imkan vermektedir (Mayer, 2011b). Antikorlar C (Constant) bölgelerine göre IgM, IgD, IgG, IgE ve IgA olmak üzere beş farklı sınıfa ayrılırlar. Antikorların efektör fonksiyonlarının çoğu ağır zincirlerinin C bölgeleri ile başlar. Efektör fonksiyonlarının başlayabilmesi için de V bölgelerinin Antijen reseptörlerine bağlanmaları gerekmektedir (Şahan, 2003).



Şekil 3.3. Antikorun yapısı

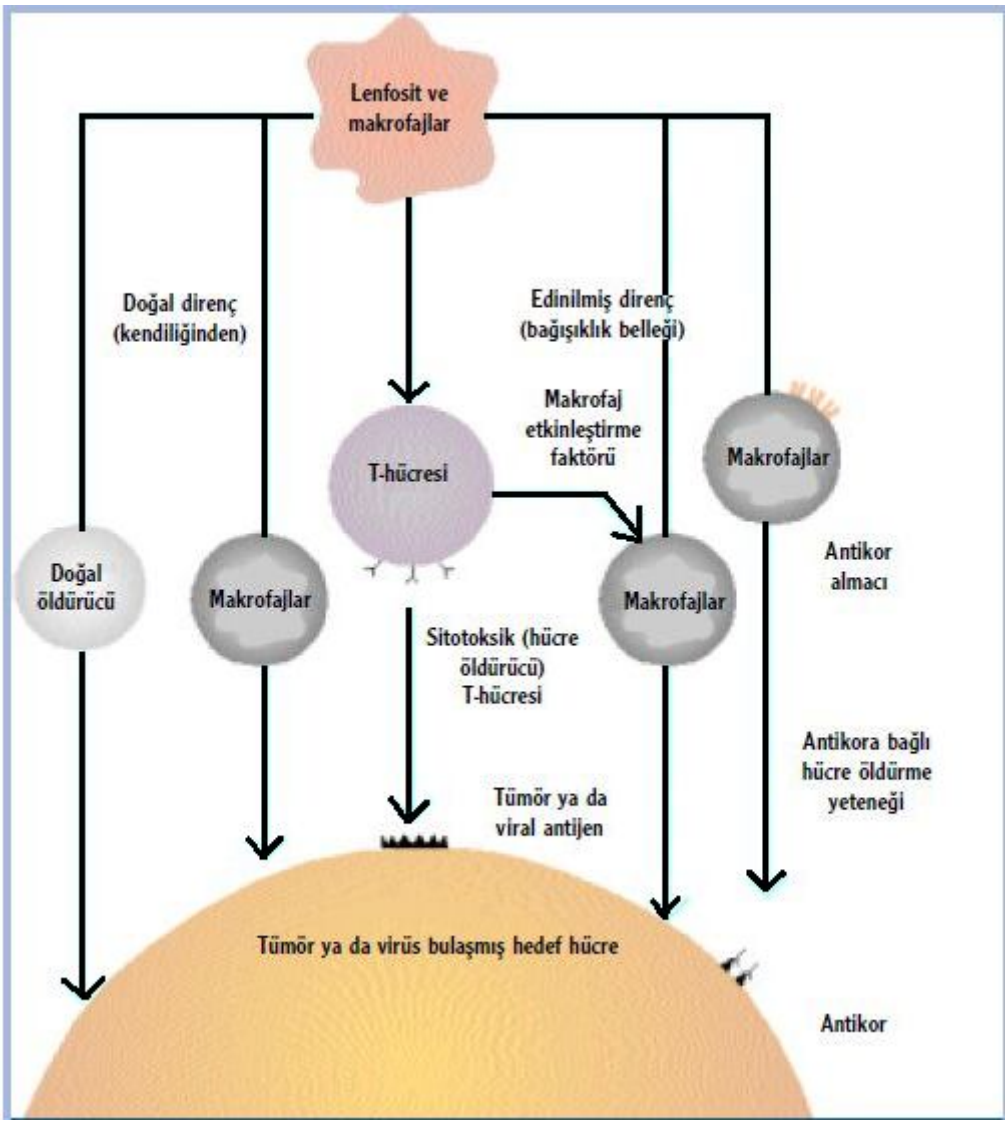
Antikor molekülünde ağır ve hafif zincirler, farklı DNA bölümlerinden meydana gelmiş genler tarafından kodlanır. Bu gen parçaları, her B hücresinde farklı olan zincirleri meydana getirecek genleri yapmak üzere, yeniden düzenlenir. Gen parçalarının düzenlenmesi değişkendir ve bu nedenle vücudun yapabildiği 100 milyon kadar farklı antikor, az sayıda gen parçası tarafından meydana getirilir. Yani bağışıklık sisteminin başarısının temeli, antikorların ağır ve hafif zincirlerindeki değişken bölgelerin, çok çeşitli sayıda üretilebilmesidir. Bu çeşitliliğin üretimi, çoğul genlerin varlığı, (vücut hücrelerini içeren) somatik mutasyonlar, somatik rekombinasyonlarla (kromozomlar arası gen değiş-tokuşuyla) sağlanmaktadır. Tüm bu olaylar B hücre gelişimi sırasında ortaya konur. Böylece B hücreleri, vücuda giren antijenleri durduracak antikorları, antijenik özelliklerine göre ayrı ayrı sentezleyabilir (Çırakoğlu, 2003).

3.4. Bağışıklık Sisteminin Özellikleri

Bağışıklık sistemi, gittikçe artarak özelleşen katmanlı savunmalarla canlıları enfeksiyonlardan koruma görevini yerine getirmektedir. En basitiyle; fiziksel engeller bakteri veya virüs gibi patojenlerin vücuda girmelerini engeller. Eğer bir patojen bu engellerden birini aşarsa, doğuştan gelen bağışıklık sistemi hemen devreye girer fakat özgül bir yanıt meydana getiremez (Litman ve ark., 2005). Patojenler doğuştan gelen yanıttan bazı durumlarda kaçabilirler. Omurgalılarda üçüncü bir koruma engeli olarak doğuştan gelen yanıtla etkinleştirilen edinilmiş bağışıklık sistemi gelişmiş durumdadır. Burada bağışıklık sistemi, bir enfeksiyon sırasında patojeni tanımasını geliştirecek cevaplara uyum sağlar. Bu gelişmiş yanıt, patojen ortadan kaldırıldıktan sonra da bir bağışıklık belleği şeklinde hatırlanır ve bu, aynı patojenle bir daha karşılaşıldığında daha hızlı ve güçlü bir yanıt verilmesini sağlar.

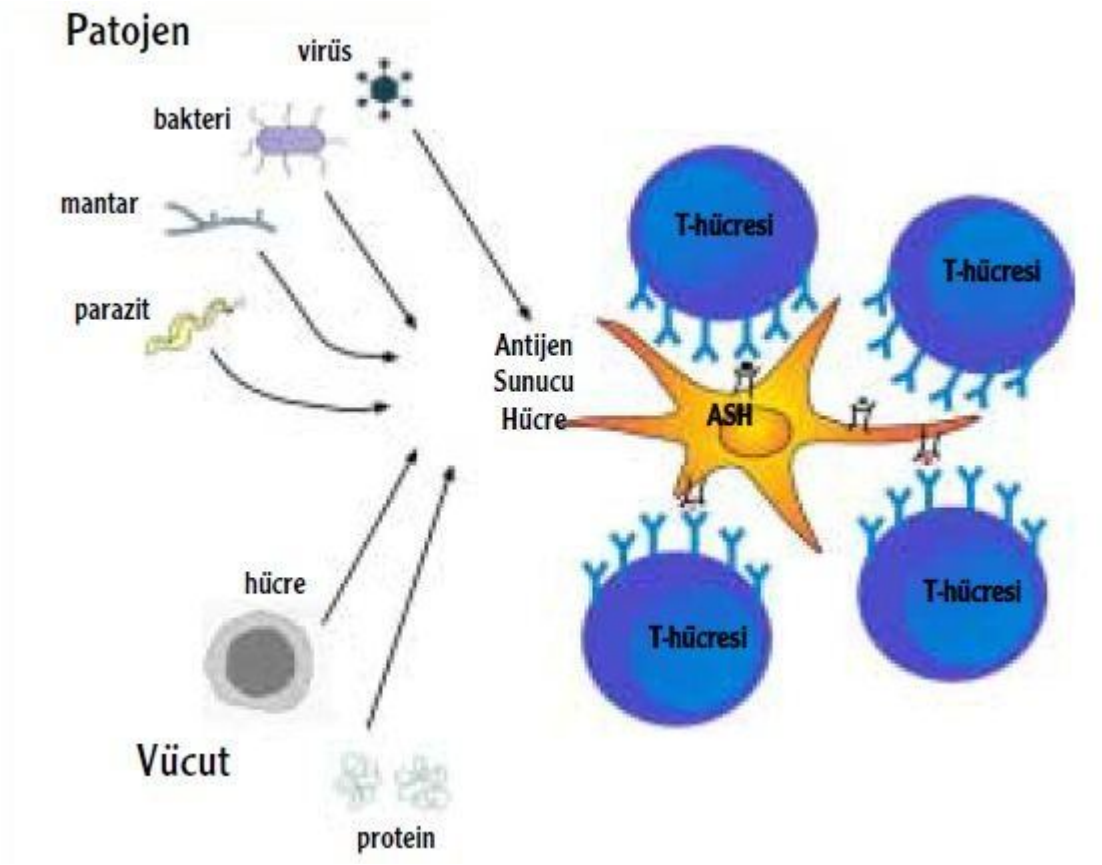
Mikroplara karşı bağışıklığın kazanılmasında iki temel bağışıklık mekanizması vücudumuzda rol alır. Bunlardan ilki doğuştan gelen bağışıklıktır ki kalıtsal öğeler içerir ve bunlar ilk savunma hattını meydana getirirler. Doğuştan gelen bağışıklıktan sonra Edinilmiş Bağışıklık devreye girer. Edinilmiş bağışıklık, değişik mikropsal ya da mikropsal olmayan Antijenler için spesifiktir. Belirli patojenleri hedef alacak özel antikorlar ve T hücreleri üreterek vücut belirli patojenlere karşı özel bir bağışıklık geliştirebilir. Bu tür bir bağışıklığın gelişmesi günler alabilir ve ilk saldırıyı önlemede pek etkili değildir, ama normalde daha sonraki enfeksiyonları önler ve uzun süreli enfeksiyonların temizlenmesine yardımcı olmaktadır (Anonim, 2012). Bu durum bize sistemde hafıza mekanizmasının varlığını göstermektedir. Edinilmiş bağışıklığın oluşumu için Antijen-spesifik lenfositler, lenfosit aktivasyonu için gerekli yardımcı hücreler ve Antijenleri yok etmek için efektör hücreler gereklidir (Şahan, 2003).

Vücuda giren Antijene karşı gösterilen bağışıklık yanıtı Antijenin yapısına göre hücresel ve humoral bağışıklık olmak üzere ikiye ayrılır (Abbas ve ark., 2000). Humoral bağışıklık, hücre dışı mikroplara karşı etkili olup bu tür bağışıklık yanıtında B hücreleri aktif durumdadır. Hücresel bağışıklık ise hücre içi mikroplara karşı etkin olup sadece T hücreleri görev almaktadır.



Şekil 3.4. Tümör ya da virüs bulaşmış hedef hücrelere karşı başlatılan bağışıklık hücrelerinin saldırıları (Çırakoğlu, 2003)

B ve T lenfositleri antijen reseptörleri ve fonksiyonları açısından farklıdırlar. Antijenler, Antikorlara ya da T lenfositlerinin Antijen reseptörlerine bağlanırlar. Antikorlara bağlanan Antijenler; şekerler, lipitler, karbonhidratlar, proteinler ve nükleik asitleri içeren biyolojik moleküllerdir. T hücresi reseptörleri ise sadece peptid antijenleri tanımaktadırlar. T ve B lenfositleri, antijen ile karşılaştıklarında efektör hücrelere dönüşürler ve bağışıklık cevabında rol oynarlar. B hücreleri, Antikor salgılayan plazma hücrelerine dönüşürken; T hücreleri de sitokin salgılayan $CD4^+$ yardımcı T hücresine ya da $CD8^+$ salgılayan CTL' lere dönüşürler (Abbas ve ark., 2000).

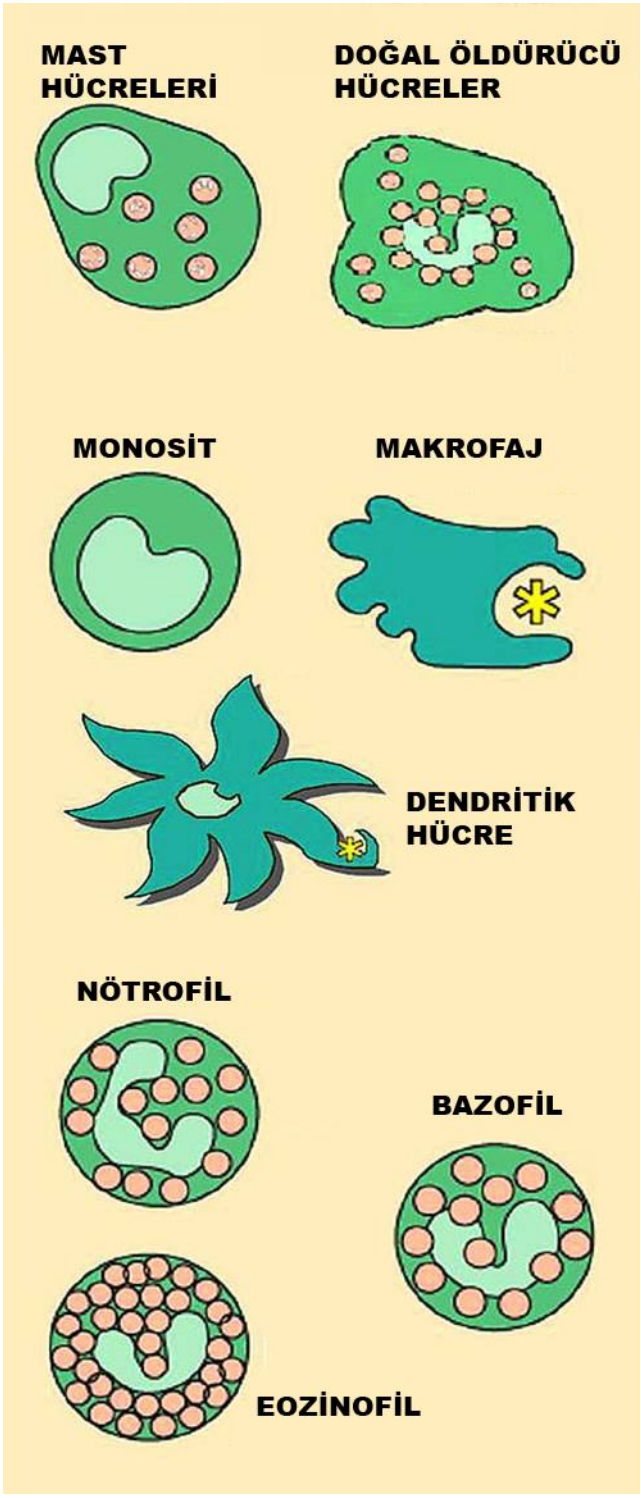


Şekil 3.5. Farklı antijenlere karşı dendritik hücre yanıtları (Çırakoğlu, 2003)

3.4.1. Doğuştan gelen bağışıklık sistemi

Yüzey engellerini aşıp bir canlıya başarıyla girebilen mikroorganizmalar doğuştan gelen bağışıklık sisteminin mekanizmaları ve hücreleriyle karşılaşırlar. Doğuştan olan yanıt genellikle mikroorganizmaların geniş gruplarında saklı olan bileşenleri tanıyan örnek tanıma reseptörlerince mikroplar tanımlandıklarında tetiklenir (Medzhitov, 2007). Sistem, bir patojen karşısında uzun süreli bağışıklık kazandırmaz. Doğuştan gelen bağışıklık sistemi, çoğu canlıda konağın korunmasında baskın olan sistemdir (Litman ve ark., 2005).

Doğuştan gelen bağışıklık sisteminin ikinci kolu olan Lökositler (beyaz kan hücreleri) tek hücreli canlılar gibi bağımsız davranabilirler. Doğuştan gelen lökositler; fagositleri, makrofajları, nötrofilleri, dendritik hücreleri, mast hücrelerini, eozinofilleri, bazofilleri ve doğal öldürücü hücreleri kapsar. Bu hücreler bütün patojenleri hatta büyük patojenleri bile tanımlar, yutarak ya da temasa geçerek onları yok ederler. Doğuştan gelen hücreler ayrıca edinilmiş bağışıklık sistemini etkinleştiren aracı moleküller olarak da önemli yere sahiptirler (Anonim, 2012).



Şekil 3.6. Doğuştan gelen bağışıklık sisteminin hücreleri

Fagositler doğuştan gelen hücresel bağışıklığın önemli biçimlerinden olan fagositler, patojenleri veya parçacıkları yutmalarından (fagosite etmelerinden) ya da yemelerinden dolayı böyle isimlendirilmişlerdir. Fagositler genellikle patojenleri arayarak vücutta dolaşırlar ve özelleşmiş bölgelere sitokinler tarafından çağırılabilirler.

Nötrofiller ve makrofajlar da vücutta saldırgan patojenleri takip eden fagositler grubundandır (Zen ve Parkos, 2003). Nötrofiller normalde dolaşım sisteminde bulunurlar ve fagositlerin en çok bulunan tipleri olup genellikle enfeksiyon bölgesine ilk ulaşan hücrelerdir. Makrofajlar ise, dokularda bulunan ve çok yönlü hücrelerdir, enzimler, kompleman proteinleri ve interlökin 1 gibi düzenleyici faktörleri kapsayan kimyasalların geniş çeşitliliğini üretirler. Makrofajlar ayrıca çöpçüler gibi de davranıp, etkin edinilmiş bağışıklık sisteminin antijen sunan hücrelerinin atıklarını veya vücudun parçalanmış hücreleri gibi döküntülerini de temizlerler (Anonim, 2012). Dendritik hücreler, dış çevreyle ilişkide bulunan dokularda bulunan fagositlerdir. Bu yüzden temel olarak deride, burunda, akciğerlerde, midede ve bağırsaklarda bulunurlar (Guermonprez ve ark., 2002). Mast hücreleri, bağ dokuda ve muköz membranlarda yerleşik olarak bulunurlar ve yangı yanıtını düzenlerler (Krishnaswamy ve ark., 2006). Bazofiller ve Eozinofiller nötrofillerle bağlantılı hücrelerdir. Bir patojence etkinleştirildiklerinde, parazitlere karşı savunmada ve (astım gibi) alerjik reaksiyonlarda önemli rolü olan histamini salarlar. Bu yüzden herhangi bir dokunun zarar görmesinin önlenmesinde önemli bir yere sahiptir (Kariyawasam ve Robinson, 2006). Doğal öldürücü hücreler (NK, Natural Killer), tümör hücreleri veya virüslerce enfekte edilmiş hücrelere saldırıp onları yok eden lökositlerdir (Middleton ve ark., 2002).

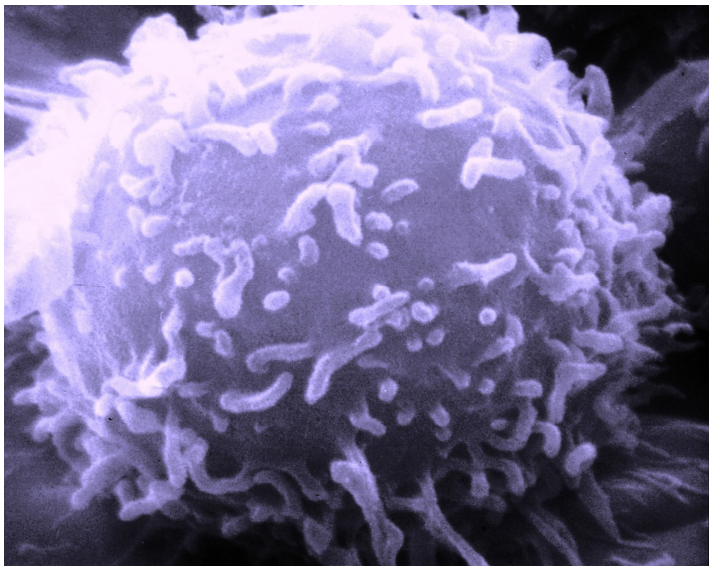
3.4.2. Edinilmiş bağışıklık sistemi

Edinilmiş bağışıklık sistemi, ilkel omurgasızlarda evrimleşmiş ve bağışıklık belleği gibi daha güçlü bir yanıtın verilmesine olanak sağlayan, her patojenin antijen imzasıyla hatırlandığı bir bağışıklık sistemidir. Edinilmiş bağışıklık yanıtı antijene özgüdür ve kendinden-olmayan antijenleri, "antijen sunumu" diye bilinen süreçte tanımayı gerektirir. Uygun yanıtların vücutta uygun şekilde kalması bellek hücreleriyle sağlanır. Eğer bir patojen vücuda tekrar girerse, bu bellek hücreleri sayesinde daha hızlı ve güçlü bir cevap alarak bu patojen yok edilir (Anonim, 2012).

3.4.2.1. Lenfositler

Edinilmiş bağışıklık sisteminin hücreleri lökositlerin özel tipleri lenfositler olarak ifade edilmektedir. Lenfositler, bağışıklık cevabını oluşturan asıl birimlerdir. lenfositlerin vücuttaki diğer hücrelerle (self hücreler) ve antijenlerle (nonself hücreler)

etkileşimi, yüzeylerinde bulunan reseptörler yardımıyla olmaktadır. Bu reseptörlerin değişiklik arz etmesi üç tip lenfositi meydana getirmektedir. Bunlar, T tipi lenfositler (T hücreleri), B tipi lenfositler (B hücreleri) ve NK (Natural Killer) hücrelerdir (Abbas ve ark., 2000).

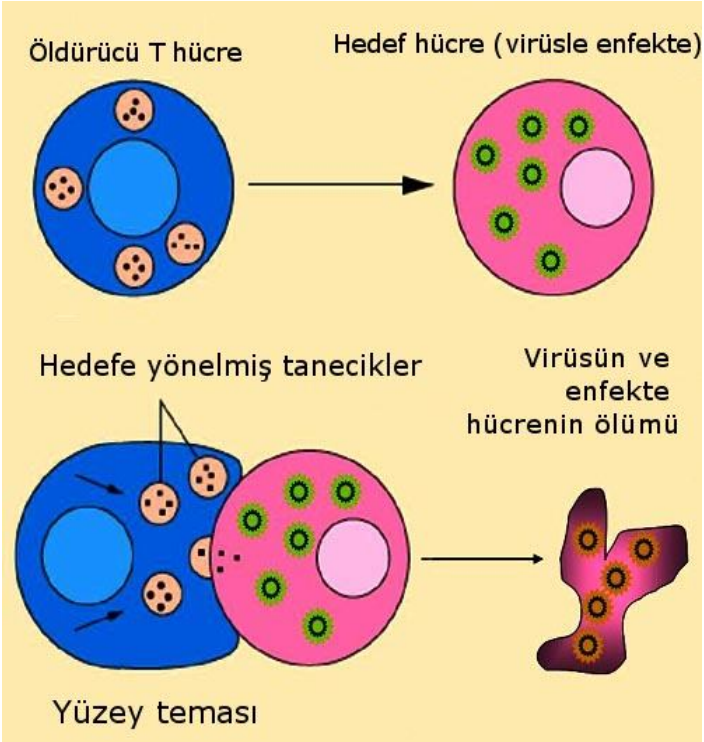


Şekil 3.7. Bir lenfositin SEM ile çekilmiş görüntüsü (Anonim, 2012)

T lenfositleri kanda dolaşan bütün lenfositlerin %80' ini meydana getirirler. Yardımcı ve öldürücü olmak üzere T lenfositlerin iki ana alt tipi vardır. Öldürücü T lenfositler sadece MHC sınıf I ile eşlenmiş molekülleri tanırken, yardımcı T lenfositler MHC sınıf II ile ilişkili molekülleri tanır (Abbas ve ark., 2000). Öldürücü T hücreleri virüslerle veya diğer patojenlerle enfekte olmuş ya da işlev göremeyen veya hasarlanmış hücreleri öldüren T hücrelerinin alt gruplarından biridir (Harty ve ark., 2000). Yardımcı T hücreleri doğuştan ve edinilmiş bağışıklık yanıtlarını düzenler ve belirli bir patojene vücudun bağışıklık yanıtı tiplerinden hangisinin verileceğine karar verirler (McHeyzer-Williams ve ark., 2006).

T tipi hücrelerin bir kısmı aktivatör, diğer bir kısmı da baskılayıcı olarak çalışmakta ve bu şekilde bağışıklık cevabının istenen seviyede olması sağlanmaktadır. Aktivatör T hücreleri yaydıkları kimyasal sinyaller aracılığı ile bağışıklık cevabını doğrudan meydana getirir ($CD8^+$ CTL -T- lenfositleri ile) ya da $CD4^+$ yardımcı T hücreleri ile oluşmasına katkıda bulunurlar. Baskılayıcı T hücreleri ise yine yaydıkları kimyasal sinyaller ile bağışıklık cevabını oluşturmakta olan T ve B hücrelerinin çalışmalarını frenleyen bir etki gösterirler. T lenfositlerinin yüzeylerindeki reseptörlere

TCR (T Cell Receptor) ve CD4, CD8 adı verilir. TCR, T lenfositlerinin Antijenik yapılara bağlanmasını sağlar. CD4, CD8 reseptörleri ise bağışıklık yanıtı esnasında gerçekleşen etkileşimlerde görev alan co-reseptörlerdir (ara reseptörler) (Şahan, 2003).



Şekil 3.8. Öldürücü T hücresi (Anonim, 2012)

B hücreleri aktive olduklarında plazma hücrelerine dönüşürler ve yüzeylerinde bulunan Immunoglobin moleküllerinden antikor salgılarlar. Salgıladıkları bu antikorlar antijenler ile birleşerek bir antijen-antikor kompleksi meydana getirirler. Bu kompleksin oluşması, çevreye bazı kimyasal sinyaller yayılmasını tetikler ve bu sinyalleri algılayan öldürücü hücreler bu kompleksi parçalayarak yok eder (Özşen, 2008).

3.5. Bağışıklık Belleği

B ve T hücreleri etkinleşip, kendilerini eşlemeye başladıklarında, ürünlerinin bazıları uzun yaşamlı bellek hücreleri haline gelmektedir. Bir canlının hayatı boyunca bu bellek hücreleri her özgül saldırıdaki patojeni hatırlayabilir ve eğer patojen tekrar saldırırsa daha güçlü bir yanıt verebilme özelliğine sahiptirler. Aktif ve pasif olmak üzere iki şekilde bağışıklık belleği görülebilir (Anonim, 2012).

3.5.1. Pasif bellek

Yeni doğanların mikroplarla daha önce tecrübesi olmamıştır ve enfeksiyonla zarar görmeleri mümkün durumdadır. Pasif bağışıklığın bazı tabakaları anne tarafından sağlanır. Gebelik sırasında, IgG olarak adlandırılan antikorların bir kısmı anneden bebeğe plasenta yoluyla geçer ve böylece bebekler annelerinki kadar aynı düzeyde antijen özgüllüğüne ve antikorların büyük kısmına sahip halde dünyaya gelirler (Saji ve ark., 1999).

Göğüs sütü ayrıca yeni doğanın sindirim sistemine de geçen antikorları içerir ve yeni doğan kendi antikorlarını sentezleyinceye kadar bebeği bakteriyel enfeksiyonlardan korur. Bu pasif bağışıklıktır çünkü fetüs aslında hiç bellek hücresi ya da antikor üretemez, onları sadece ödünç alır (Van de Perre, 2003).

Bu pasif bağışıklık genellikle birkaç gün ile birkaç ay arasında kısa sürelidir. Tıpta, koruyucu pasif bağışıklık ayrıca, bir canlıdan diğerine antikor zengini serum verilerek yapay olarak sağlanabilmektedir (Keller ve ark., 2000).

3.5.2. Aktif bağışıklık ve bağışıklama (aşılama)

Uzun süreli aktif bellek enfeksiyon sonrası B ve T hücrelerinin etkinleştirilmesine ihtiyaç duymaktadır. Aktif bağışıklık ayrıca yapay olarak aşılamayla da sağlanabilir. Aşılamanın (bağışıklama) arkasında yatan temel kural, patojenden gelen bir antijenle bağışıklık sistemini uyarmak ve bu patojen karşısında özgül bağışıklığı ev sahibinde hastalığa neden olmadan geliştirmektir. Bu önceden planlanmış bağışıklık yanıtı başarılıdır çünkü bağışıklık sisteminin doğal özgüllüğünü kullanmaktadır (Anonim, 2012).

3.6. İnsan Bağışıklığının Bozuklukları

Bağışıklık sistemi farkedilebilir ölçüde özgüllüğün, toplanmanın ve uyumun birleştirilmesi gibi etkileyici bir yapıya sahiptir. Ev sahibinin savunmasında hatalar meydana gelebilir ve bunlar bağışıklık yetmezlikleri, kendine bağışıklık ve aşırı duyarlılık olmak üzere üç kategori altında ele alınır (Anonim, 2012).

3.6.1. Bağışıklık yetmezlikleri

Bağışıklık yetmezliği, bağışıklık sisteminin bileşenlerinden biri ya da birkaçı inaktif duruma geldiğinde oluşur. Bağışıklık sisteminin patojenlere olan yanıtı genç ve yaşlıların her ikisinde de, 50' li yaşlarda belirgin olarak "bağışıklık yaşlılığıyla" ilişkili olarak azalır (Aw ve ark., 2007). Gelişmiş ülkelerde obezite, alkolizm ve yasal olmayan ilaçlar bağışıklık işlevlerinin zayıflamasına neden olan başlıca sebeplerdir. Bununla beraber iyi beslenmeme de gelişmiş ülkelerde bağışıklığı düşüren önemli nedenler arasındadır (Chandra, 1997). Protein fakiri beslenme hücre-aracılı bağışıklığının azalması, tamamlama etkinliği, fagositik işlevsellik, IgA antikor yoğunluğu değişimi ve sitokin üretimiyle ilişkilendirilir.

3.6.2. Kendine bağışıklık

Aşırı etkin bağışıklık yanıtları bağışıklık sisteminin işlevsizliğinin başka bir sonucunu; özellikle "kendine bağışık" yetmezlikleri kapsar. Burada bağışıklık sistemi kendinden ve kendinden olmayanı uygun şekilde ayırmakta hataya düşer ve vücudun kendi parçalarına saldırı gerçekleştirir. Normal şartlar altında bile bazı T hücreleri ve antikorlar kendinden olan peptidlerle tepkimeye girerler (Miller, 1993). Timus ya da kemik iliğinde özelleşmiş hücrelerin fonksiyonlarından biri, genç lenfositleri kendi antijenleriyle vücudun içinde üretip sunmak ve bu hücrelerin kendinden antijenleri, kendine bağışıklığı engelleyerek tercih etmesidir (Sproul ve ark., 2000).

3.6.3. Aşırı duyarlılık

Aşırı duyarlılık, vücudun kendi dokularına zarar veren bir bağışıklık tepkisidir. Aşırı duyarlılık reaksiyon zamanı ve uyarlandıkları karmaşık mekanizmalara göre 4 sınıfa ayrılır. Tip I aşırı duyarlılık, sık sık alerjiyle ilişkili olan reaksiyondur. Semptomlar orta düzey rahatsızlıktan ölüme kadar gidebilir. Tip I aşırı duyarlılığa mast hücrelerinden ve bazofillerden salınan IgE aracılık eder (Anonim, 2012). Tip II aşırı duyarlılık, antikorlar hastanın kendi hücrelerindeki antijenlere bağlanıp, onları yıkım için işaretlediklerinde oluşan bağışıklık yanıtıdır. Bu ayrıca antikor-bağımlı aşırı duyarlılık olarak isimlendirilir ve IgG ve IgM antikorları aracılık eder. Çeşitli dokularda

bulunan antijenlerin yapışmaları, kompleman proteinler ve IgG ve IgM antikorları gibi bağışıklık kompleksleri tip III aşırı duyarlılık reaksiyonlarını başlatır. Tip IV aşırı duyarlılık, hücre-aracılı ya da gecikmiş tip aşırı duyarlılık olarak da bilinmekte olup genellikle gelişmesi iki ya da üç gün süren aşırı duyarlılık tipidir. Type IV reaksiyonları bazı kendine bağışık ve enfeksiyonöz hastalıklarıyla ilişkilidir, fakat bunlardan başka kontakt dermatitis (zehirli sarmaşık) ile de ilişkili olabilir. Bu reaksiyonlara T hücreleri, monositler ve makrofajlar aracılık eder (Anonim, 2012).

4. YAPAY BAĞIŞIKLIK SİSTEMLERİ

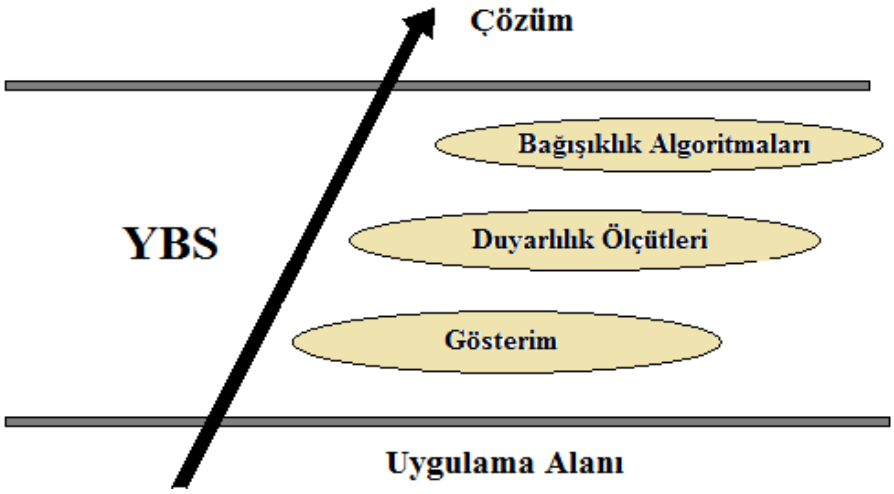
Son yıllarda canlılardaki biyolojik oluşumlardan ilham alınarak geliştirilen sistemler hakkında yapılan çalışmalarda önemli derecede artış olmuştur. Bu yapılan çalışmaların arasında Yapay Sinir Ağları (ANN), Evrimsel Hesaplama, Yapay Zeka (AI), Genetik Algoritmalar (GA) ve Yapay Bağışıklık Sistemleri (YBS) gibi çalışma alanları bulunmaktadır. Yapay Bağışıklık Sistemlerine temel teşkil eden mekanizma tanıma, hafıza oluşumu, dağıtılmış mekanizma, hata toleransı gibi birçok özelliğe sahip olan Bağışıklık Sistemleridir. Yapay Bağışıklık Sistemleri, Yapay Zeka yöntemlerinin bir dalı konumunda olup karmaşık problemlerin kısa sürede ve etkin bir şekilde çözülmesinde kullanılmak üzere birçok potansiyele sahip olması açısından etkili bir yöntem olarak görülmektedir. YBS, gelişimini doğal bağışıklık sistemindeki işleyişin anlaşılması için geliştirilen modellere borçludur. Bu modellerdeki mümkün problem çözme kapasitelerinin ve yeteneklerinin fark edilmesiyle YBS alanındaki çalışmalar 1980' li senelerde başlamıştır. 1990' lı yıllarda ise bu alanda yapılan çalışmalar hız kazanarak YBS algoritmaları kısmen de olsa pratik uygulamalara uyarlanmıştır. 2000' li yıllardan itibaren bu zamana kadar yapılmış ve gerçekleştirilmiş olan yeni sistemler sayesinde performans açısından bazı problemlerde diğer yöntemlere göre daha iyi sonuçların elde edilmesi ile bu alandaki çalışmaların önü iyice açılmıştır.

Yapay Bağışıklık Sistemlerinin kontrol, optimizasyon, robotik, sınıflama, Yapay Sinir Ağı yaklaşımları, kümeleme, anormallik tespiti, etmen tabanlı yaklaşımlar, öğrenme, örüntü tanıma, bilgisayar modelleri, veri madenciliği, güvenlik ve bilgi sistemleri, listeleme, sınıflama sistemleri, gen kütüphanelerinin gelişimi, self-tanıma işlemi gibi daha birçok uygulama alanı bulunmaktadır. Yani, diğer Yapay Zeka yöntemlerinin kullanıldığı çoğu alanda YBS' nin kullanılması mümkün olabilmektedir. Fakat bu uygulama alanları arasında en fazla payı sınıflama ve kümeleme algoritmaları, aykırılık tespiti, bilgisayar ve ağ güvenliği ile optimizasyon uygulamaları almaktadır. Şu bir gerçektir ki; YBS' nin diğer yöntemlere üstünlük sağlayabilmesi için mevcut yöntemlerde olmayan özellikler bulundurması ve bu sahip olduğu özellikler aracılığı ile söz konusu yöntemlerin yeterli olmadığı uygulamalarda farklı bir çözüm yolu olarak kendini göstermesi gerekmektedir.

Biyolojiden esinlenerek ortaya konulan diğer algoritmalarda olduğu gibi Yapay Bağışıklık Sistemlerinde de oluşum aşamasında aşağıdaki belirtilen soruların cevaplarına ihtiyaç duyulmaktadır (Şekil 4.1).

- Sistemi oluşturan birimler nasıl temsil edilecek?
- Sistem içindeki elemanların birbirleri ve çevre ile olan etkileşimlerini hesaplamak için nasıl bir mekanizma kullanılacaktır?
- Sistem dinamiğinin idare edilmesi için adaptasyon prosedürlerinin belirlenmesi. Yani sistem davranışı zamanla neye bağlı olarak değişikliğe uğrayacaktır?

Bir YBS tasarımında öncelikle sistemi meydana getiren elemanların bağışıklık sisteminin hangi birimlerinin modellenmesinden ortaya çıkacağı belirlenmelidir. Sonrasında bu birimlerin sistemdeki diğer birimlerle ve çevre ile olan etkileşimlerinin türü ve boyutunun hesaplanmasında kullanılacak bazı duyarlılık ölçütleri oluşturulmalı ya da kullanılmalıdır. Son olarak da sistem elemanlarının fonksiyonlarını belirleyen ve sistem birimlerinin hangi durumlarda nasıl davranması gerektiğini karakterize eden bir takım adaptasyon prosedürleri kullanılmalıdır (Şekil 4.1).



Şekil 4.1. YBS' nin katmanlı yapısı

Yapay Bağışıklık Sistemleri alanında oluşturulacak her sistemin temeli uygulama alanına dayanır. Uygulama alanının karakteristiğine uygun bir gösterim seçilmeli, duyarlılık ölçütleri de bu gösterimler baz alınarak oluşturulmalıdır. Gösterim şekli ve duyarlılık ölçütleri belli edildikten sonra ortaya çıkacak bağışıklık algoritmaları yukarıda da bahsedildiği gibi sistem birimlerinin fonksiyonlarını tespit eder.

Yapay Bağışıklık Sistemleri alanında, yukarıda bahsedilen işlemlerin her biri için çeşitli yöntemler geliştirilmiştir. Sistemi oluşturan birimlerin gösterimi için Perelson ve Oster' in 1979 yılında ortaya attıkları şekil-uzayı yaklaşımı, en çok kabul gören ve kullanılan yaklaşımdır (Perelson ve Oster, 1979). Antikor ve Antijen arasındaki etkileşimler de duyarlılık ölçütünün kullanılması aşamasında en çok tercih

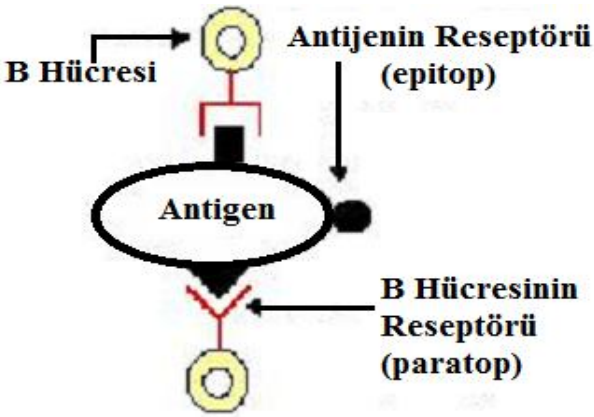
edilen modellemelerden birisidir. Bağışıklık algoritmalarının oluşturulması aşamasında da klonsal seçme algoritması (Ada ve Nossal 1987), negatif seçim algoritması, bağışıklık ağları, değişik uygulama alanları için oluşturulmuş ve oldukça çok kullanılan yöntemlerdir.

4.1. Şekil Uzayı

Antijenin tanınabilmesi için gerekli olan tüm hücrelerin oluşturduğu kümeye *bağışıklık repertuarı* denir. Bu repertuarın tam olması durumunda vücudumuz tüm Antijenlerden korunabilir. Vücutta herhangi bir Antijeni tanıyabilecek reseptör molekülerini oluşturacak protein genleri bulunmakta olup bu genlerin çeşitli sıralarda dizilimi ile doğada bulunan hemen hemen tüm Antijenler tanınabilmektedir. Yani, vücudumuzun bağışıklık repertuarı tamdır.

Şekil uzayı yaklaşımı, bağışıklık hücresi molekülleri ve antijenler arasındaki etkileşimleri niceliksel olarak modellemek için 1979 yılında Perelson ve Oster tarafından ortaya koyulmuştur (De Castro, Von Zuben 1999).

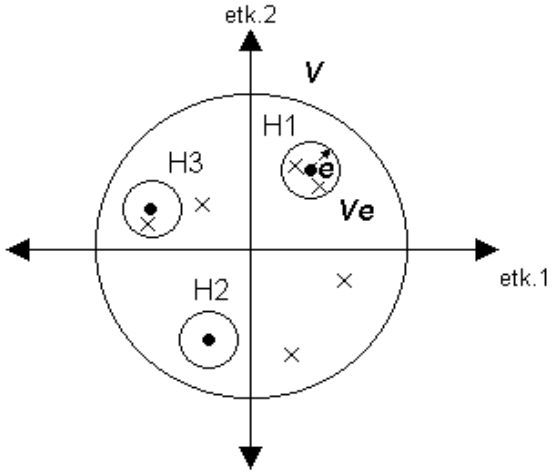
Bağışıklık sisteminde iki hücre arasındaki etkileşim sırasında birçok fizikokimyasal olay oluşur. Bağışıklıktaki bu iki hücre, N boyutlu bir şekil uzayında iki nokta olarak temsil edilir. Söz konusu N boyutlu şekil uzayında N tane eksen vardır ve her bir eksen, iki hücre arasında gerçekleşen fizikokimyasal etkileşimlerden birini ifade eder. Bağışıklık sisteminde bir etkileşimin gerçekleşmesinde tamamlayıcılık esas teşkil etmektedir. Örneğin, bir Antijenin epitopu (reseptörü) ile bir Antikorun paratopunun (reseptörü) şekilleri birbirlerini tamamlar nitelikte ise etkileşim en iyi durumdadır (Şekil 4.2) (Şahan, 2003).



Şekil 4.2. Antikor ile antijen arasındaki tamalayıcılık

Bağışıklıktaki tamamlayıcılık özelliği, şekil uzayında uzaklık kavramı ile modellenmiştir. Şekil uzayında bağışıklık sistemindeki iki hücreyi temsil eden iki nokta birbirinden ne kadar uzak ise bu iki hücre arasındaki tamamlayıcılık o kadar iyi anlamına gelmektedir.

Bağışıklık sisteminde B ve T lenfositlerinin Antijenik yapıları tanıyabilmeleri için bu Antijenik yapılardan gelen uyarımların belli bir eşik seviyesini aşmasına ihtiyaç duyulmaktadır. Bu özellik ise şekil uzayında tanıma çemberi (ya da tanıma topu) adı verilen modelleme ile tanımlanır. Şekil uzayında gösterilen her bir self hücrenin (B ve ya T hücresi) yarıçapı bir eşik seviyesi ile belirlenen bir tanıma çemberi vardır. Her bir self hücre sadece bu çemberin içinde kalan Antijenleri tanıyabilir. Şekil 4.3' de tanıma çemberi kavramı ve şekil uzayında repertuar tamlığı gösterilmektedir (Şahan, 2003).



Şekil 4.3. Tanıma çemberi kavramı ve repertuar tamlığı

Yukarıdaki şekilde üç tane self hücre ve Antijenler iki boyutlu bir şekil uzayında gösterilmişlerdir. Her bir hücrenin tanıma çemberi "*e*" eşik seviyesi ile belirlenen "*Ve"* çemberidir. Şekilde H1 tanıma çemberi içinde kalan iki Antijeni, H3 ise sadece bir Antijeni tanıyabilmektedir. H2' nin tanıma çemberinde herhangi bir Antijen olmadığı için H2 Antijen tanımamaktadır. Doğada mevcut olabilecek Antijen türleri, protein dizilimleri ile belirlendiği için belirli bir çeşitlilikte bulunabilirler. Şekil 4.3' deki iki boyutlu şekil uzayında bulunabilecek tüm Antijen türleri bir "*V"* hacmi ile tanımlanmıştır. Başka bir ifadeyle, bulunabilecek tüm Antijenler mutlaka bu hacim içerisinde gösterilirler. Yine aynı şekil uzayında bulunan her bir Antikorun bir "*Ve"* tanıma hacmi olduğuna göre, şekil uzayında "*V"* hacmi içerisinde tüm noktaları

kapsayacak biçimde bir Antikor populasyonu olduğunda bu Antikor populasyonu tüm Antijenleri tanıyabilir. Bu durumda bu Antikor populasyonunda repertuar tamlığı vardır denilebilir (Özşen, 2008).

4.2. Antijen-Antikor Gösterimleri ve Duyarlılıkları

Uzaklık ölçütü önceki bölümde şekil uzayı kavramında belirtildiği üzere Antijen-self hücre etkileşimlerinin derecelerinin belirlenmesi için bir ölçüt olarak kullanılır. Ortaya atılan modellerin çoğunda self hücre yerine Antikor kullanıldığı için bundan sonra anlatılacak etkileşimler Antijen-Antikor etkileşimleri olarak ifade edilecektir. Matematiksel olarak bir Antikor ya da Antijen molekülü, L boyutlu bir şekil uzayında bir nokta olarak gösterilir ki bu noktanın koordinatları da $m=<m_1, m_2, m_3, \ldots\ldots m_L>$ vektörü ile ifade edilir. Bu vektör ya da dizi içindeki her bir eleman, şekil uzayındaki bir eksene ait koordinat değeri olup Antikor-Antijen arasındaki fizikokimyasal etkileşimlerden birini gösterir. Antijen ile Antikor arasındaki uzaklıklar çeşitli hesap yöntemleri ile hesaplanabilir. Eğer Antijeni ve Antikoru simgeleyen vektörler gerçel değerli vektörler ise Öklid ya da Manhattan uzaklık ölçütleri kullanılabilir. Yapılmış çalışmalara bakıldığında uzaklık ölçütü olarak genellikle Öklid uzaklık ölçütü kullanılmıştır (De Castro ve Von Zuben, 1999).

Antikor : $Ab=<Ab_1, Ab_2, \ldots\ldots, Ab_L>$;

Antijen : $Ag=<Ag_1, Ag_2, \ldots\ldots, Ag_L>$;

Antikor ile Antijen arasındaki Öklid uzaklığı (De Castro ve Timmis, 2002):

$$D=\sqrt{\sum_{i=1}^{L}(Ab_i - Ag_i)^2} \tag{4.1}$$

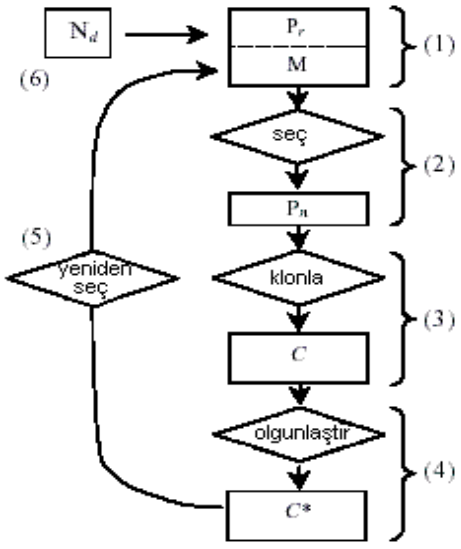
4.3. Yapay Bağışıklık Algoritmaları

Bir yapay bağışıklık sistemi tasarımında uygulama alanının yapısına uygun olarak seçilen gösterim şekli ve duyarlılık ölçütleri belirlendikten sonra sistemin çatısını oluşturacak olan bağışıklık mekanizmalarının modellendiği adaptasyon prosedürleri yani yapay bağışıklık algoritmaları meydana getirilmelidir. Literatürde geliştirilen bu

algoritmaları, uygulama alanlarına ve yapılarına göre kategorize etme imkanı bulunmaktadır.

Geliştirilen YBS algoritmaları 2 temel kategoride toplanmaktadırlar. Bunlar popülasyon tabanlı ve ağ tabanlı YBS algoritmalarıdır. Popülasyon tabanlı algoritmalar da kendi içerisinde Klonsal seçim tabanlı, Bone Marrow modelleri ve Negatif seçim tabanlı olmak üzere üç alt bölümden oluşmaktadır. Klonsal seçim tabanlı algoritmalar adaptif bağışıklık yanıtının Antijenleri nasıl yok edebildiğini modellemeye çalışmıştır. Modellenen mekanizma çoğunlukla duyarlılık olgunlaşması sistemidir. Özellikle optimizasyon problemlerinde kullanılan klonsal seçim tabanlı modellerden tanıma, fonksiyon yaklaşımı gibi uygulamalarda da yararlanılmaktadır. De Castro ve Von Zuben (2000a) yaptıkları çalışmada, duyarlılık olgunlaşmasındaki işlemleri baz alarak CLONALG isimli bir klonsal seçme algoritmasını oluşturarak bu algoritmayı karakter tanıma, optimizasyon gibi problemlere uygulayarak performansını analiz etmişlerdir. Klonal seçim algoritması sürekli değişen ortamlarda bilinmeyeni keşfetme problemlerinin çözümü için kullanılmaktadır. Klonsal seçim hem T hem de B hücreleri için geçerli olup sadece antijeni tanıyan hücrelerin çoğalması algoritmanın temel özelliği durumundadır.

Klonsal seçme algoritması iki esas temel üzerine oluşturulmuştur. Birincisi, sadece antijeni tanıyan hücreler çoğalma için seçilirler. İkincisi ise seçilen ve çoğalan hücreler duyarlılık olgunlaşması işlemine tabi tutularak, Antijene olan duyarlılıkları artırılır.



Şekil 4.4. Klonsal seçme algoritmasının blok diyagramı

Algoritmanın çalışması şekil 4.4' de görüldüğü gibidir:

1) Aday çözümlerden oluşan bir populasyon oluşturulur (P). Bu populasyon, hafıza hücreleri (M) ve geri kalan populasyondan (Pr) oluşur (P=Pr+M).
2) Duyarlılık ölçütüne bağlı olarak populasyondaki en iyi n tane eleman seçilerek Pn populasyonu oluşturulur.
3) Seçilen bu en iyi bireyler Antijene olan duyarlılıklarına bağlı olarak klonlanırlar (çoğalma). Duyarlılığı yüksek olan bireylerin oluşturacağı klon sayısı daha fazla, duyarlılığı düşük olan bireylerin klon sayısı ise daha az olacaktır. Böylelikle bir C klon seti oluşturulmuş olur.
4) Klonlardan oluşan C populasyonu bir hipermutasyon işlemine tabi tutulur. Hipermutasyon işleminde de duyarlık ile doğru orantı söz konusudur. Hipermutasyondan sonra oluşan set ise C^* populasyonu olarak isimlendirilir.
5) Klonlama ve hipermutasyondan sonra gelişmiş bireyleri populasyona eklemek için tekrar bir seçme işlemi yapılır ve M hafıza seti oluşturulur. Bu seçme işleminden sonra P populasyonundaki bazı hücrelerin yerlerini C^* setindeki bazı hücrelere bırakmaları mümkün olmaktadır.
6) Populasyonda çeşitliliği sağlamak amacıyla P populasyonundaki d tane birey yeni üretilen bireyler ile yer değiştirir. Düşük duyarlılıklı bireylerin yer değiştirme ihtimali daha fazladır.

Bone Marrow modelleri ise yapay bağışıklık sistemlerindeki bağışıklık hücreleri ile algılayıcılarının oluşturulmasından sorumlu modellerdir (Özşen, 2008).

Bağışıklık sisteminde bağışıklık hücrelerinin üretilmesindeki mekanizmaları modelleyen Bone Marrow modelleri repertuar oluşumunda sistem birimlerinin çeşitlendirilmesinde oldukça yaygın bir şekilde kullanılmaktadırlar. Popülasyon tabanlı algoritmalar arasında oldukça yoğun bir ilgi toplayan modelleme negatif seçim algoritması olmuştur. Bağışıklık sisteminin birimlerinin vücudun self hücrelerini dışarıdan gelen non-self hücrelerden ayırabilmesi bu modellerin esin kaynağıdır. Bu alanda pozitif seçim ve/veya negatif seçim adı altında birçok algoritma oluşturularak bu algoritmalar sergiledikleri performanslarla çoğu araştırmacının bu alt alanda yoğun bir şekilde çalışmasına katkı sağlamıştır. Ağ güvenliği, hata tespiti, virüs tespiti, bilgisayar güvenliği gibi birçok güncel problemlere seçim algoritmaları uygulanabilmektedir.

YBS alanında süregelen çalışmaların yürütüldüğü diğer kategori ise Ağ tabanlı sistemlerin oluşturulduğu gruptur. Bağışıklık sistemi oldukça karmaşık bir yapı sergiler

ve sahip olduğu dağıtılmış mekanizma bu karmaşık sistemdeki her bir birimin görevini net olarak tespit eder. Bu sayededir ki bağışıklık sistemi oldukça zor görünen çoğu görevi iş bölümü sayesinde icra edebilir. Dağıtılmış mekanizma, bağışıklık ağ modellerinin temel aldığı özelliktir. Bağışıklık ağ modellerinde sistem belirli görevleri yerine getirmekle sorumlu birçok elemandan meydana gelir. Bu birimlerin yoğunlukları, ağ içerisindeki yerleşimleri, birbirleri ile olan etkileşimleri, zaman içerisindeki değişimleri ağın yapısını, dinamiklerini ve metadinamiklerini belli etmektedir.

Ağ tabanlı YBS algoritmaları sürekli modeller ve ayrık modeller olarak kendi içerisinde iki ana gruba ayırabiliriz. Sürekli modeller diferansiyel denklemlere dayalıdırlar ve otomatik navigasyon, optimizasyon ve otomatik kontrol gibi bir çok karmaşık problemlere uygulanarak oldukça iyi sonuçlara ulaşılmıştır. Bu modellerde sistem birimlerinin zaman içerisindeki konsantrasyonları, birbirleri ile olan etkileşimleri, uygun diferansiyel denklemlerle modellenmeye çalışılmıştır. Ağ tabanlı YBS algoritmalarından sürekli modeller sıradan diferansiyel denklemlere dayalıdırlar ve temelde Bağışıklık Sisteminin simülasyonu amacıyla oluşturulmuşlardır. Ayrık modeller ise fark denklemleri ve ağın davranışını oluşturan iteratif adaptasyon prosedürlerine dayalıdırlar. Yapay bağışıklık sistemleri adı altında geliştirilen bu modeller ise problem çözme amaçlı olarak ortaya konmuşlardır. Ayrık ağ modelleri sadece sistem birimlerinin sayısı bağlamında değil aynı zamanda bu birimlerin yapıları bakımından da adaptiflik özelliği taşırlar. Başka bir ifade ile ayrık ağ modellerindeki hücreler ve moleküller sayı olarak artıp azalabildikleri gibi duyarlılıklarını artırmak için şekil uzayındaki şekillerini de değiştirebilirler. Ayrık ağ modellerinin uygulandığı problem spektrumu oldukça geniş olup örüntü tanıma, sınıflama, veri sıkıştırma gibi uygulamalardan robotik, optimizasyon, kontrol gibi uygulama alanlarına uzanabilmektedir. Ayrık ağ modellerin hemen hepsinde şekil uzayı gösterimi kullanılmıştır (Özşen, 2008).

5. MATERYAL VE YÖNTEM

5.1. Elipsoid Tanıma Çemberlerinin YBS Sınıflama Algoritmasına Uyarlanması

Yapay bağışıklık sistemlerindeki tanıma bölgelerinin farklı şekillerde kullanılması yeni bir konu olmamakla birlikte şimdiye kadar bu alanda birkaç çalışma dışında küresel şekilli tanıma bölgeleri kullanılmış, elipsoid tanıma çemberlerinin YBS sınıflama algoritmasına uygulandığı çalışma sayısı oldukça az sayıdadır.

5.1.1. Bu alanda yapılmış çalışmalar

Farklı algoritmaların kullanıldığı bazı çalışmalar kümeleme ve sınıflama problemlerinde bu konudan yani elipsoid tanıma çemberlerinden yararlanmışlardır. Yapılan çalışmalardan bazılar şu şekildedir:

Uçar ve ark. (2005) "A new Formulation for Classification by Ellipsoids" adlı çalışmada, en uygun ayırma problemleri için yeni bir formül önermişlerdir. Önerilen bu formül, bir sınıfa ait olan noktaları kapsayan minimum hacimli elipsoidi bulma temellidir. Çalışmada denetimli makine öğrenme problemleri için optimizasyon temelli yaklaşımlardan biri olan Destek Vektör Makinalarından (DVM-Support Vector Machine, SVM) ve onun sınırlamalarından bahsedilmiştir. İkili sınıflama için birçok metot mevcut olup DVM de bunlardan biridir. Çalışmanın temelinde, bir elipsoidi temel aracı olarak kullanma vardır. Ellerindeki mevcut optimizasyon problemini çözmek için iki tane Hopfield sinir ağı oluşturulmuştur. Önerilen formüle göre her sınıf bir elipsoid ile temsil edilmiş, sunulan formülün nasıl çalıştığını görmek için İris data seti kullanılmış ve yüksek oranda test ve eğitme doğruluğuna ulaşılmıştır.

Lee ve Yoon (2005)' a ait "Adaptive classification with elipsoidal regions for multidimensional pattern classification problems" adlı başka bir çalışmada ise sürekli giriş değişkenleri ile çok boyutlu örüntü sınıflandırma problemleri için elipsoidal bölgelerde kullanılan uyarlanabilen bir sınıflama metodu sunulmuştur. Bu metot sayesinde elipsoidal bölgeler uyarlanabilir şekilde genişletilmiş, döndürülmüş, daraltılmış ve/veya hareket ettirilmiştir. Oluşturulan yöntemin performansı (UCI Machine Learning Repository) UCI Makine Öğrenme Deposundan wine, glass ve ionosphare gibi iyi bilinen sınıflandırma problemleri üzerinde değerlendirilmiştir. Wine datası üzerindeki performans değerlendirmesinde Genetik algoritmalar ile %99.5,

bulanık kurallar ile %98.5, bulanık genetik algoritmalar ile %94.0, C4.5 sınıflama metodu ile %98.9 ve bu çalışma ile de %98.9 sınıflama doğruluğuna ulaşılmıştır. Aynı şekilde glass datası için performans değerlendirmeleri yapıldığında; IR sınıflama yöntemi ile %53.8, C4.5 ile %63.2, bulanık kurallar ile %64.4, sinir ağları ile %60.8 ve bu çalışma ile %66.1 sınıflama doğruluğu elde edilmiştir. Çalışmadaki son veri olan Ionosphare datası için performans değerlendirmesi yapılmış ve C4.5 ile %88.9, bulanık kanallar ile %89.6, bulanık genetik algoritmalar ile %86.9, sinir ağları ile %90 ve bu çalışma sayesinde de %90.6 sınıflama doğruluğu elde edilmiştir. Değerlendirme sonuçları göstermiş ki, önerilen bu yöntem bulanık kurallar, karar ağaçları veya sinir ağları gibi diğer sınıflama metodlarına göre daha az sayıda kural ile eşdeğer veya daha üstün bir performans ortaya koyabilir.

Shioda ve Tunçel (2007) "Clustering via minimum volume ellipsoids" adlı bir diğer çalışmada elipsoidal şekiller ile veri kümeleri için k-ortalamalar (k-means) metoduna karşı alternatif bir kümeleme yöntemi olarak Minimum Hacimli Elipsoidler (MVE) kümelemesini öne sürmüşlerdir. Çeşitli datalar üzerinde bu yöntem denenmiş ve sonuçlar olarak MVE yaklaşımı data noktalarının özgün dağılımını yakalamada başarılı ve aynı zamanda k-ortalamalar algoritmasından çok daha fazla doğruluğa sahip olduğu görülmüştür.

"On Khachiyan's algorithm for the computation of minimum volume enclosing ellipsoids" adlı çalışmada da Minimum Hacimli Elipsoidler (MVE) kümelemesi üzerinde durularak mevcut Khachiyan algoritması değiştirilmiş ve değerlendirmeler ile aynı sonuçlar elde edilmiştir (Todd ve Yıldırım, 2007).

Lee ve ark. (2006) genetik algoritmaları kullanan hibrit bir sınıflama metodu ve sürekli özellikleri ile çok boyutlu bir örüntü sınıflandırma problemleri için elips bölgelerin adaptif (uyarlanabilir) işlemlerini sunmuşlardır.

"An Evolutionary Algorithm to Generate Hyper-Ellipsoid, detectors for Negative Selection" adlı çalışma ise, bir yapay bağışıklık sistemi içerisinde bir negatif seçim problemindeki kullanım dedektörleri (denetçileri) gibi hiper kürelerin bir gelişimi olarak hiperelipsoidler sunulmuştur (Shapiro ve ark., 2005). Değerlendirme aşamasında İris veri seti kullanılarak hem elipsoid şekilli hem de küresel şekilli performans analizleri yapılmıştır. Sonuç olarak elipsoid şekilli tanıma alanlarının küresel şekillilerden çok daha iyi performansa sahip olduğu ve tüm veriyi tanıyabilecek toplam elipsoid ve küre sayısına bakıldığında da önemli derecede fark olduğu görülmektedir.

5.1.2. Tanıma çemberleri ile ilgili matematiksel bilgiler

Bu bölümde başlıca kullanılan tanıma çemberlerinden olan daire ve özellikle elipsden bahsedilecektir. Bu tanıma şekillerine normal olanlarından farklı olarak geometrik anlamda esneklik ve çeşitlilik eklenmesi ile daha etkin ve üstün şekilde kullanılması sağlanmıştır. Burada esneklik, dedektörün daha doğru bir şekilde ilgili alanda uygun sınırların sağlanması anlamına gelmektedir. Çeşitlilik ise, dedektör setini en iyi şekilde problem uzayına adapte etmek ve problem uzayı için en iyi dedektör türlerini oluşturmak anlamına gelmektedir.

5.1.2.1. Daire (küre) şekilli tanıma çemberi

Sistemde modellenecek olan birimin (genellikle Antikor veya dedektör) gösterimi (x_1, x_2, x_3,……, x_n) şeklindeki n-boyutlu bir özellik vektörü ile ifade edilir.

Gerçek değerli Ab, d=(C, r_d) olarak ifade edilmektedir. Buradaki C=(C_1, C_2,…, C_n) ifadesi çok boyutlu noktanın merkezini temsil etmektedir. r_d ise dedektör için değişken parametredir ve ayrıca dairenin (kürenin) yarıçapını göstermektedir.

Bir kürenin hacmi ise denklem 5.1' deki geometrik formül ile verilir (Balachandran, 2005).

$$Hacim = \frac{\left(\frac{\pi}{2}\right)^k (2R)^n}{n!!} \tag{5.1}$$

Burada n boyut sayısını, R koşulları ve k ise boyut sayısına bağlı bir parametreyi ifade etmektedir. n=çift bir sayı olduğu zaman k=n/2, n=tek bir sayı olduğu zaman ise k=(n-1)/2 olmaktadır.

Var olan bir noktanın bir kürenin içine dahil olup olmadığını test etmek için Minkowski uzaklık ölçüm yöntemi kullanılır. Bu yöntem bir p noktasının sahip olduğu x ve y noktaları arasındaki uzaklığı (D) ölçmek için kullanılır ve aşağıdaki denklem 5.2 ile ifade edilir (Balachandran, 2005).

$$D(x,y) = \left(\sum |x_i - y_i|^{\lambda}\right)^{\frac{1}{\lambda}} \tag{5.2}$$

Burada x={x_0, x_1, x_2, ….., x_{N-1}} ve y={y_0, y_1, y_2,….., y_{N-1}} şeklindedir. Denklem 5.2' de gösterilen λ=2 için Minkowski uzaklığı, Öklid uzaklığına eşit olmaktadır. Öklid uzaklığı bölüm 4.2' de ifade edilmiştir.

5.1.2.2. Elipsoid şekilli tanıma çemberi

Bu kısımda ise asıl konum olan elipsoid şekilli tanıma çemberinden ve bunun matematiksel ifadelerinden ayrıntıları ile birlikte anlatılacaktır.

Bu elipsoid şekilli tanıma çemberinin genel denklemi e={x: $x^T \sum x = 1$} gibidir. Burada $\sum$ orijini yaklaşık olarak simetrik ve pozitif tanımlıdır. Aşağıdaki denklem 5.3' de n-boyutlu bir elipsoidin formülasyonu verilmiştir (Balachandran, 2005).

$$(x-w)^T \sum (x-w) = 1 \tag{5.3}$$

Denklem 5.3' de gösterilen w elipsoidin merkezini temsil eden nx1 boyutunda bir vektörü ve $\sum$ nxn boyutunda pozitif tanımlı gerçek bir simetrik matrisi ifade etmektedir. Buradaki $\sum$ aşağıdaki biçimde gösterildiği gibi ayrıştırılabilir.

$$\sum = V \Lambda V^T \tag{5.4}$$

Denklem 5.4' deki V sütunları $\sum$ matrisinin ortonormal (birim boylu) özvektörleri olan nxn boyutunda bir matristir. Λ ise girişleri V matrisindeki özvektörler ile ilişkili özdeğerler olan nxn boyutundaki diyagonal (köşegen, çapraz) bir matristir.

Klasik 2-boyutlu elips aşağıdaki gibi gösterilebilir (Balachandran, 2005).

$$\frac{(x-x_0)^2}{a^2} + \frac{(y-y_0)^2}{b^2} = 1 \tag{5.5}$$

Denklem 5.5' de gösterilen x_0 ve y_0 elipsin merkezini, a ve b ise sırasıyla x ve y eksenlerinin uzunluklarını ifade etmektedir. Bu durum denklem 5.3 açısından aşağıdaki gibi tanımlanabilir (Balachandran, 2005).

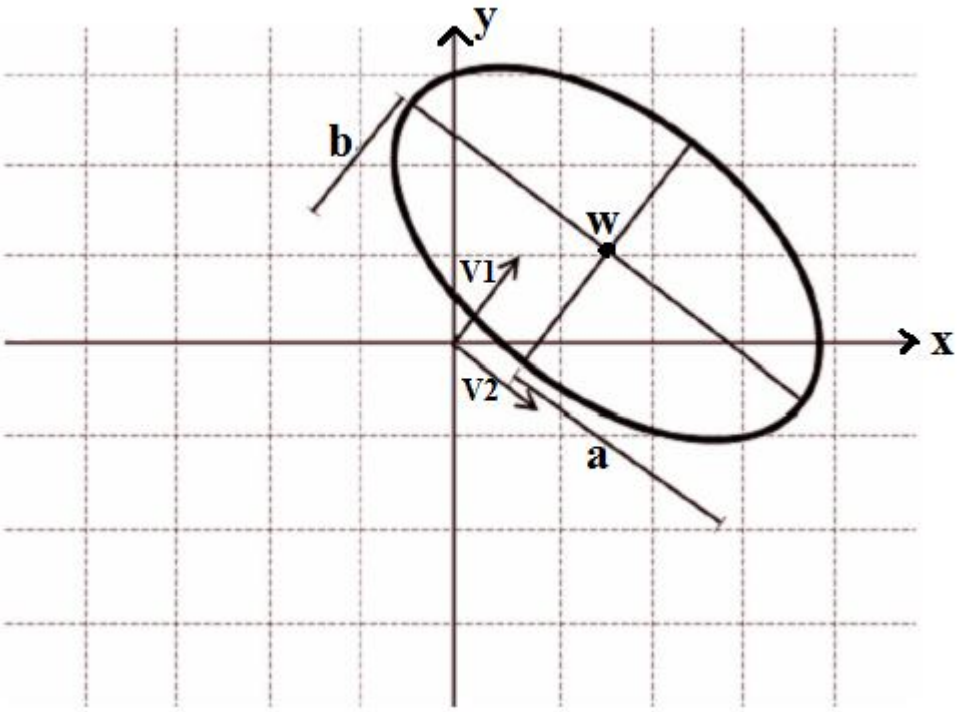
$$x = \begin{bmatrix} x \\ y \end{bmatrix} \quad , \quad \Lambda = \begin{bmatrix} \frac{1}{a^2} & 0 \\ 0 & \frac{1}{b^2} \end{bmatrix} \quad , \quad w = \begin{bmatrix} x_0 \\ y_0 \end{bmatrix} \quad , \quad V = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Bu gösterimleri denklem 5.3 ve 5.4' e yansıtırsak;

$$\left(\begin{bmatrix} x \\ y \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} x_0 \\ y_0 \end{bmatrix} \right)^T \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{a^2} & 0 \\ 0 & \frac{1}{b^2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix}^T \left(\begin{bmatrix} x \\ y \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} x_0 \\ y_0 \end{bmatrix} \right) = 1$$

$$\sum = V \Lambda V^T = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{a^2} & 0 \\ 0 & \frac{1}{b^2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix}^T \quad \text{şeklinde olur.}$$

V matrisinin sütunları sırasıyla x ve y yarı eksenlerinin oryantasyonlarıdır (yön belirleme, yönlendirme değerleridir). Bu durumda V, x ve y koordinat eksenleri boyunca yönlendirilen (oriented) yarı-eksenlerin olduğu 2-boyutlu elips denklemini ifade eder. Λ ise yarı-eksenli elipsin uzunluğunu ifade etmektedir (Balachandran, 2005).



Şekil 5.1. Tanımlanan değişkenler ile döndürülmüş bir elipsin grafiksel gösterimi

$$V = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix}$$

V matrisinin *i*. sütunu *i*. boyuttaki elipsoidin oryantasyonu anlamına gelmektedir. Bunun yanısıra, Λ matrisinin köşegenlerinin terslerinin karekökü yarı-eksen uzunluklarını vermektedir. *i*. yarı-eksenin l_i uzunluğu aşağıdaki denklem 5.6 ile tanımlanmıştır.

$$\ell_i = \frac{1}{\sqrt{\Lambda_{i,i}}} \tag{5.6}$$

Burada, l_i *i*. yarı-eksenin uzunluğudur. Denklem 5.6' de Λ matrisinde ilgili yerleri yerine yazıp çözümlersek;

$\Lambda = \begin{bmatrix} \frac{1}{a^2} & 0 \\ 0 & \frac{1}{b^2} \end{bmatrix}$ matrisi daha önce verilmişti.

x ekseni için; $\ell_1 = \frac{1}{\sqrt{\Lambda_{1,1}}} = \frac{1}{\sqrt{\frac{1}{a^2}}} = a$

y ekseni için; $\ell_2 = \frac{1}{\sqrt{\Lambda_{2,2}}} = \frac{1}{\sqrt{\frac{1}{b^2}}} = b$ değerleri elde edilir.

Bir yarı-eksenin yönü (oryantasyonu) elipsoidin gerçek yarı-eksenine paralel bir vektördür. Yarı-eksenlerin yönleri (oryantasyonları) V matrisinin sütunlarıdır. Λ matrisi yarı-eksenlerin uzunluklarını tanımlandığı için, V matrisinin sütunları 1 uzunluk değerine sahip olsunlar diye normalize edilmiştir. Bir elipsoidin yarı-eksenlerinin tamamı birbirine dik ve oryantasyonları (yönleri)' nin uzunlukları 1 olduğundan, V matrisi ortonormal (birim boylu)' dir. V matrisinin *i*. sütunu, uzunluğu l_i olan *i*. yarı eksenin oryantasyonudur (yönüdür). Sonuç olarak kısaca yorumlarsak, yarı-eksenlerin yönlerinin (oryantasyonların) değişmesi elipsoidin dönmesi anlamına gelmektedir.

Burada kısa bir tanımlama yapacak olursak, M kümesindeki vektörler ikişer ikişer birbirine dik ise M kümesine ortogonaldır denir.

Eğer M kümesindeki vektörlerin her birinin uzunluğu da 1 ise M kümesine ortonormaldir denir.

Örneğin; u, v ve w vektörleri olsun ve M={u, v, w} olsun. M kümesinin ortogonal(dikey, birbirine dik) olduğunu ispatlamak için;

<u, v>=0

<u, w>=0

<v, w>=0 olmalıdır.

Elimizdeki verileri ortogonalleştirip, bu vektörleri ortonormal kümesini elde etmek için Gram-Schmidt ortonormalizasyon yöntemi kullanılır (Balachandran, 2005). Bu yöntemden bahsetmeden önce kısa matematiksel hatırlatmalar yapmakta fayda olacaktır.

- İki boyutlu uzayda vektör uzunluğu;

$$|V| = \sqrt{x^2 + y^2} \tag{5.7}$$

- $\overrightarrow{OA}$ = [a_1 a_2 ….. a_n] ise ;

$$\left\|\overrightarrow{OA}\right\| = \sqrt{{a_1}^2 + {a_2}^2 + ... + {a_n}^2} \tag{5.8}$$

- x yönündeki birim vektör ($\vec{e}$) için $\vec{x}$ = (x_1, x_2, …, x_n) vektörü olsun;

$$\vec{e} = \frac{1}{\left\|\vec{x}\right\|}.\vec{x} = \left(\frac{x_1}{\left\|\vec{x}\right\|}, \frac{x_2}{\left\|\vec{x}\right\|}, ..., \frac{x_n}{\left\|\vec{x}\right\|} \right) \tag{5.9}$$

- u= (u_1, u_2, …., u_n) ve v= (v_1, v_2, …., v_n) iki vektör olsun. Bu iki vektörün çarpımı;

$$\langle u, v \rangle = \sum_{i=1}^{n} u_i v_i \tag{5.10}$$

- İki vektör arasındaki açı ise;

$$Cos\theta = \frac{\langle u, v \rangle}{\|u\|\|v\|} \tag{5.11}$$

Olacak şekilde $0 \leq \theta \leq \pi$ sayısı olarak tanımlanır. Burada belirtmek gerekir ki; cos θ reel bir sayı olup tüm θ açıları için $-1 \leq \cos\theta \leq 1$'dir.

$\{x_1, x_2, \ldots, x_n\}$ şeklinde bağımsız bir vektör ve $\{y_1, y_2, \ldots, y_n\}$ şeklinde ortogonal vektörlerin belirleneceği vektör olsun.

$$\begin{aligned}
y_1 &= x_1 \\
y_2 &= x_2 - \frac{\langle x_2, y_1 \rangle}{\langle y_1, y_1 \rangle} y_1 \\
y_3 &= x_3 - \frac{\langle x_3, y_2 \rangle}{\langle y_2, y_2 \rangle} y_2 - \frac{\langle x_3, y_1 \rangle}{\langle y_2, y_1 \rangle} y_1 \\
&\vdots \\
y_k &= x_k - \sum_{y=1}^{k-1} \frac{\langle x_k, y_i \rangle}{\langle y_i, y_i \rangle} y_i
\end{aligned} \tag{5.12}$$

$\{y_1, y_2, \ldots, y_n\}$ ortogonal vektörünü belirledikten sonra $\{z_1, z_2, \ldots, z_n\}$ ortonormal vektörünü elde etmek için her vektör onun uzunluğuna bölünür. Bu durum denklem 5.13 ile gösterilmiştir.

$$z_i = \frac{y_i}{\|y_i\|} \tag{5.13}$$

Bu yöntemi sayısal ifadelerin olduğu bir örnekle somutlaştırırsak; elimizde $v_1 = (1, 3, -1)$, $v_2 = (3, -1, 1)$ ve $v_3 = (1, 2, 1)$ vektörleri olsun, bunları ortogonalleştirip, bu vektörlerin ortonormal kümesini elde edelim.

$u_1 = v_1 = (1, 3, -1)$

$$u_2 = v_2 - \frac{\langle v_2, u_1 \rangle}{\langle u_1, u_1 \rangle} u_1 = \left(\frac{34}{11}, \frac{-8}{11}, \frac{10}{11} \right)$$

$$u_3 = v_3 - \frac{\langle v_3, u_2 \rangle}{\langle u_2, u_2 \rangle} u_2 - \frac{\langle v_3, u_1 \rangle}{\langle u_1, u_1 \rangle} u_1 = \left(\frac{-4}{15}, \frac{8}{15}, \frac{4}{3} \right)$$

$M = \{u_1, u_2, u_3\}$ kümesi ortogonal bir kümedir.

$e_1 = \frac{u_1}{\|u_1\|}$, $e_2 = \frac{u_2}{\|u_2\|}$, $e_3 = \frac{u_3}{\|u_3\|}$ olmak üzere S={e_1, e_2, e_3} kümesi ortonormal bir küme olarak elde edilmiş olur.

n-boyutlu bir elipsoidin hacmi ise aşağıdaki denklem 5.14 ile hesaplanmaktadır.

$$Hacim = \Omega_n \prod_{i=1}^{n} \frac{1}{\sqrt{\Lambda_{i,i}}} \tag{5.14}$$

Denklem 5.15' de Ω_n, n-boyutlu birim kürenin hacmini ifade eder. n-boyutlu bir birim kürenin hacmi ise aşağıdaki gibidir.

$$\Omega_n = \frac{\pi^{n/2}}{\Gamma\left(1+\frac{1}{2}n\right)} \tag{5.15}$$

Denklem 5.15' de $\Gamma()$ Gamma fonksiyonudur.

- $x\Gamma(x) = \Gamma(x+1)$, x>0 için
- $\Gamma(n+1) = n!$, n=0,1, 2,…… için
- $\Gamma\left(\frac{1}{2}\right) = \sqrt{\pi}$
- $\Gamma(x+1) \sim \sqrt{2\pi}.x\left(\frac{x}{e}\right)^x$, x$\rightarrow\infty$ için

Bir negatif seçim algoritması bir dedektörün bir noktaya uyup uymadığını (eşleyip, eşlemediğini) belirleyebilmesine ihtiyaç duyar. Eğer dedektör bir elipsoid ise, ve eğer bir nokta dedektör tarafından temsil edilen elipsoidin içerisinde ise o dedektör ilgili noktaya uymaktadır, eşlemektedir denir. Karesi alınmış Mahalanobis uzaklığı, n-boyutlu bir noktanın elipsoidin içerisinde olup olmadığını belirlemek için kullanılır ve aşağıdaki denklem ile ifade edilir.

$$\left(x-w\right)^T \Sigma(x-w) < 1 \tag{5.16}$$

Denklem 5.16' daki şart sağlandığı zaman p noktası elipsoidin içerisindedir anlamına gelmektedir.

Elipsoid ile ilgili özel operatörlerden olan ilgili elipsoidin yarı-eksenlerinin yönünün değiştirilmesi önemlidir. Bir işlemi gerçekleştirmek için elipsoidlerde bir yön mutasyonu operatörüne ihriyaç duyulur. Yön mutasyonuna ilerleyen bölümlerde yer verilecektir. Bu kısımda kısa bir giriş yapılacaktır.

- V matrisinin sütun vektörleri olan S_i ve S_j, ($0 \leq i, j \leq n$) rastgele serilmiş olan iki tane yarı-eksenin vektörleridir.
- Bir η düzlemi S_i ve S_j' nin lineer kombinasyonu ile tanımlanır.
- S_i ve S_j, η düzlemindeki mutasyondan sonra bile birbirlerine ortogonaldir.
- Θ Gauss dağılımından serilmiş gerçek bir değerdir.($\mu=0$, $\sigma=\pi/2$)
- S_i ve S_j vektörlerinin özgün mutasyon bileşenleri aşağıdaki denklem 5.17' deki gibi hesaplanır (Balachandran, 2005).

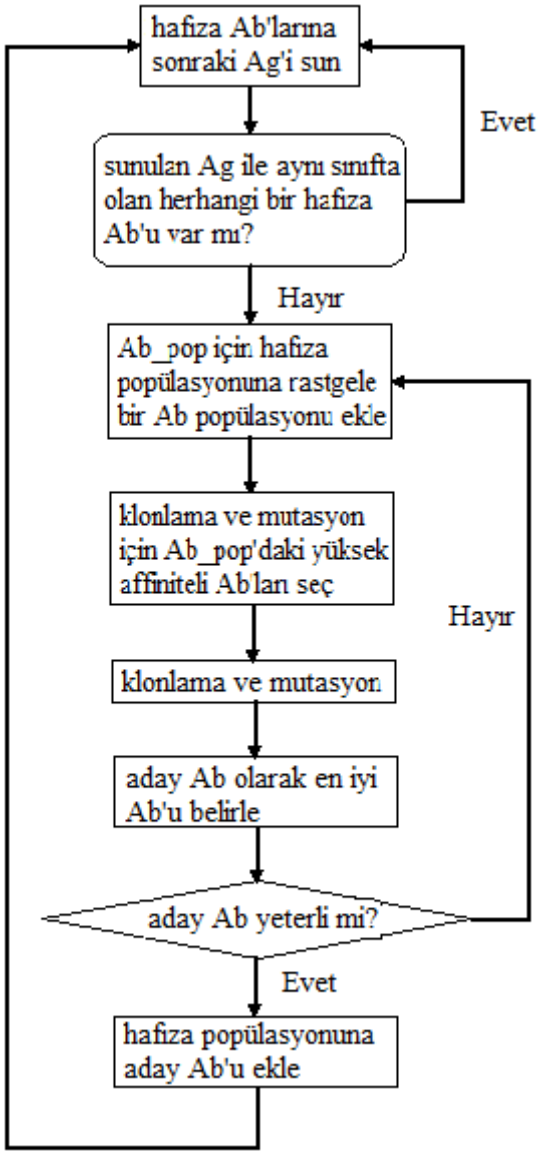
$$S_i'^{i} = S_i^{i} Cos\theta + S_j^{\ i} Sin\theta \qquad S_j'^{j} = -S_i^{i} Sin\theta + S_j^{\ i} Cos\theta$$

$$S_i'^{j} = S_i^{j} Cos\theta + S_j^{\ i} Sin\theta \qquad S_j'^{j} = -S_i^{j} Sin\theta + S_j^{\ j} Cos\theta \qquad (5.17)$$

5.1.3. Geliştirilen sistem

T ve B hücreleri bağışıklık sisteminin ana efektörleridir (etkileyicileridir). T hücreleri bağışıklık tepkisinin oluşumunda önemli rollere sahip olmalarına rağmen genellikle B-hücreleri veya B-hücrelerinden salgılanan proteinler yani Antikorlar (Abs) yapay bağışıklık sistemi alanındaki çalışmanın birçok yerinde kullanılırlar. Çünkü, bellek oluşum sürecinin büyük bir bölümü B-hücreleri veya antikorlar (Abs) tarafından yürütülüyor olmasındandır.

Bu tez çalışmasında antikorlar (Abs), antijenler (Ags) olarak isimlendirilerek sunulan girdi birimlerini tanıyıp tespit etmek için sistem birimleri olarak modellenmiştir. Hafıza antikorlarının oluşumu elipsoidal tanıma bölgeleri ile kullanılmış standart bir klonsal seçme algoritması şeklinde gerçekleştirilmiştir. Sistemin blok şeması şekil 5.2' de görülmektedir.



Şekil 5.2. Geliştirilen klonsal seçme tabanlı AIS' in akış diagramı

Şekil 5.2' de görülen prosedürdeki ilk adım olarak girişte sunulan antijeni (Ag) tanıyan aynı sınıf hafıza antikorunun olup olmadığına bakılır, yani ilgili antikorun elipsoidal bölgesi sunulan antijeni içerip içermediğine bakılır. Kısaca belirtmek gerekirse, sunulan antijen, hafızadaki antikorların herhangi birisi tarafından tanınıyor mu şeklinde kontrol edilir. Eğer sunulan antijen, hafıza antikorları tarafından tanınmışsa bir sonraki antijen için ilk adım tekrarlanır. Şayet, sunulan antijen hafızadaki hiçbir antikor tarafından tanınamamışsa, sonraki süreç olan, yeni bir elipsoidal antikor oluşma işlemi başlatılır. Tekrarlayan bu işlemin ilk aşaması olarak antikor popülasyonundaki (nüfusundaki) (Ab-pop) her antikorun uygunluk (fitness) hesabının yapılmasıdır. Bir antikorun uygunluğu [-1 1] aralığında konumlanır ve aşağıdaki ifade ile hesaplanır.

eğer $(Ag\text{-}Ab.\mathbf{w})^{T}*Ab.\mathbf{V}*Ab.\mathbf{\Lambda}*Ab.\mathbf{V}^{T}*(Ag\text{-}Ab.\mathbf{w})\geq 1$ ise

uygunluk(Ab)= -1;

değil ise;

$$Uygunluk(Ab)=\frac{doğru_{Ag}-yanlış_{Ag}}{doğru_{Ag}+yanlış_{Ag}} \tag{5.18}$$

son

Denklem 5.18' deki $doğru_{Ag}$ ifadesi ile ilgili antikorun tanıma bölgesindeki tüm giriş dataları arasındaki aynı sınıf antijenlerin sayısıdır. Aynı denklemdeki $yanlış_{Ag}$ ifadesi ise ilgili antikorun tanıma bölgesindeki tüm giriş dataları arasındaki farklı sınıf antijenlerin sayısıdır. Antikorlar uygunluk değerlerine göre düzenlendikten sonra en yüksek uygunluk değerlerine sahip Antikorların bir dizisi klonlama ve mutasyon işlemleri için seçilir. Klonlama basitçe antikorun, kullanıcı tarafından belirlenen sayı kadar birçok kez kopyalanmasıdır. Ama mutasyon ise standart klonsal seçme algoritmasından daha karmaşık bir işleme sahiptir. Bu mutasyon prosedürün detayları tezin ilerleyen kısımlarında alt başlık olarak verilecektir. Mutasyon işleminden sonra, tekrardan mutasyona uğratılmış popülasyondaki antikorların uygunluk değerleri belirlenir ve en yüksek uygunluk değerine sahip antikor, aday_Ab olarak alınır. Eğer aday antikorun uygunluk değeri 1 ise, ki bu antikorun kapsadığı antijenler ile sunulan yeni antijenin aynı sınıfta olduğunu gösterir, iterasyonlar durdurulur ve sonraki Ag aynı işlemler için sisteme girdi datası olarak verilir. Aksi halde, iç döngüdeki aynı işlemler uygunluk değeri 1 olan bir antikor bulunana kadar devam eder. Uygunluk değeri 1 olan antikor bulunamaz ise sisteme verilen ilgili Ag kendisine en yakın elipsoid tanıma bölgesine sahip antikora dahil edilir.

Buradaki aday antikorun seçme işleminde, uygunluk değeri 1 olan birçok antikorun olduğu bazı durumlar meydana gelebilir. Bu durumda bu antikorların yani uygunluk değerleri 1 olan antikorların hacimleri denklem 5.14 ve denklem 5.15 üzerinden hesaplanır ve minimum hacimli antikor, aday antikor olarak seçilir.

Burada vurgulanması gereken bir diğer nokta ise her iterasyonda rastgele antikorların eklenmesidir. Bu olay algoritma için arama uzayındaki çeşitliliği sağlamak için yapılır. Böylelikle birçok çeşitli antikor içinden ilgili antijeni tanıyan antikorların çıkması ihtimalini güçlendirecektir. Rastgele antikor oluşum sürecinde denklem 5.3 ve

denklem 5.4' deki w, V ve n değerleri rastgele bir şekilde oluşturulur. Ama, tanımlanan V matrisinin ortonormal matris olması gerekmektedir. Rastgele bir şekilde üretilen matristen ortonormal bir V matrisi elde etmek için daha önceki bölümlerde anlatılan Gram-Schmidt otonormalizasyon tekniği kullanılır.

5.1.3.1. Mutasyon prosedürü (yöntemi)

Küre şekilli tanıma bölgelerini kullanan birçok YBS algoritmalarında mutasyon işlemi bu tanıma bölgesinin genişletilmesi veya daraltılması yoluyla yapılır. Genel olarak, hiper-mutasyon olarak adlandırılan bir işlem iyi antikorlar için daha düşük seviyeli mutasyon ve kötü antikorlar için daha yüksek seviyeli mutasyon işlemleri sağlayarak yapılır. Burada iyi Ab, kötü Ab, düşük ve yüksek seviyeli mutasyon işlemlerinin ne anlama geldiğini açıklamakta fayda olacaktır. İyi antikor derken, uygunluk değeri 1' e yakın olan antikor demektir ki bu antikorun çok fazla sayıda özelliğinin değiştirilmesine gerek yoktur. Çok fazla sayıda özellik değişikliğine ihtiyaç duyulmadığı zamanlarda daha düşük seviyeli mutasyon işlemi kullanılır. Aynı şekilde kötü antikor ise, uygunluk değeri 1' den uzak olan antikor demektir ki bu tip antikorların çok fazla sayıda özelliğinin değiştirilmesi gerekmektedir. Çok fazla sayıda özellik değişikliği gerektiğinde ise daha yüksek seviyeli mutasyon işlemi kullanılır. Bu şekilde iyi antikorların az, kötü antikorların ise çok sayıda özelliğinin değişmesi sağlanmış olur. Bu işlemin gerçekleştirilmesi küre şekilli tanıma bölgeleri için oldukça basittir fakat elipsoid şekilli tanıma bölgesini etkileyen önemli parametreler vardır. Bunlar, o elipsoidin merkezi, her boyuttaki uzunluğu ve elipsoidin yönüdür. Bundan dolayı, bir elipsoidin tanıma bölgesindeki değişikliği yukarıda bahsedilen parametrelerden bir veya daha fazlasının değişmesi anlamına gelmektedir. Çalışmanın mutasyon prosedüründe bir antikor üç çeşit mutasyon işleminden herhangi birisine uğrayabilir. Bu üç çeşit mutasyon işlemi, merkez mutasyonu, uzunluk mutasyonu ve yön mutasyonudur.

a. Merkez mutasyonu

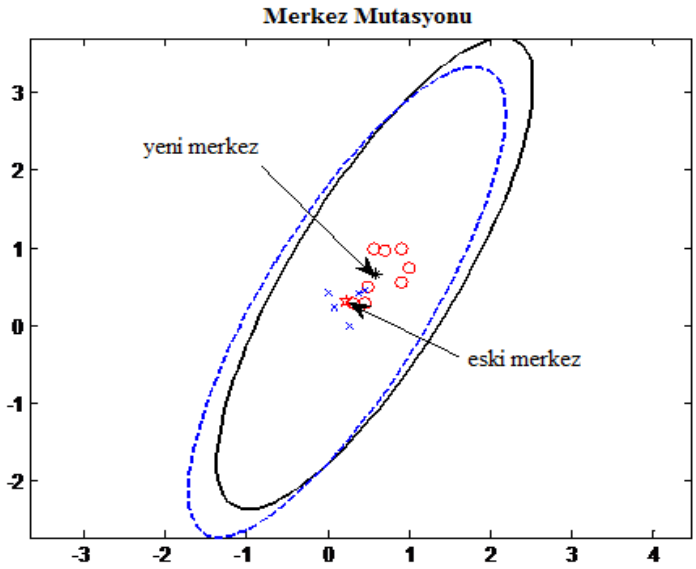
Mutasyonun bu çeşidinde bir antikor merkezinin değiştirilmesi sayesinde giriş uzayındaki konumunu değiştirir. Kısaca, ilgili antikorun merkez bileşenleri değiştirilir. Mutasyona uğratılacak antikorun merkez noktalarının yeni değerleri antikorun tanıma

bölgelerindeki aynı sınıf antijenlerin ortalama değerleri ile belirlenir. Bunu gösterecek olursak, $w=\{w_1, w_2, \ldots, w_n\}$ n-boyutlu uzaydaki bir antikorun merkez noktasının bir vektörü olsun ve $Ag_1, Ag_2, \ldots, Ag_N$ antijenleri sunulan antijen ile aynı sınıfa sahip olan antikorun tanıma bölgesindeki nx1 boyutunda vektörler olsun. Bunlara göre, yeni merkezin belirlenmesi için aşağıdaki denklem 5.19 ifadesinden yararlanılır.

$$w_i = \frac{1}{N}\sum_{k=1}^{N} Ag_{k,i} \qquad i:\{1,2,...,n\} \tag{5.19}$$

Burada w_i, Antikorun i.ci boyuttaki konumunu gösterir. $Ag_{k,i}$ ise söz konusu Antikorun tanıma çemberi içinde kalan *k*.cı Antijenin *i*.ci boyuttaki özelliğini ifade eder.

Şekil 5.3' de merkez mutasyonunun bir örneği gösterilmiştir.



Şekil 5.3. Merkez mutasyonun bir örneği

Şekildeki Ab' un sınıfı ile aynı sınıftaki Ag' ler dairesel şekiller ile gösterilmiştir. Kesik çizgili elipsoid, elipsoidin ilk yeridir ve mutasyon işlemi ile bu elipsoid 2.sınıf dataların ortalamasına doğru hareket etmektedir.

b. Uzunluk mutasyonu

Elipsoidlerin uzunlukları ile ilgili bilgi Λ matrisinin köşegenlerinde tutulmaktadır. Bu yüzden, bir eksenin uzunluğunun artması demek Λ matrisinin

köşegenlerindeki ilgili değerin azalması anlamına gelmektedir. Bu çalışmada, uzunluk mutasyon işlemi uygun uzunluk değerinin iteratif bir şekilde uzunluğun artırılması veya azaltılması ile, önceki çalışmalardan farklı olarak algoritmik bir şekilde yapılmıştır. Bu uzunluğu araştırma işlemi aşağıda verildiği gibi gerçeklenmiştir.

(1) n-boyutlu uzaydaki *i*. eksenin uzunluğu için

(1.1) Antikorun başlangıç uzunluğu ve uygunluk değeri sırasıyla $\ell_{başla}$ ve eski_uygun olarak saklanır.

(1.2) Aşağıdaki denklem 5.20 ile *i*. eksenin uzunluğu arttırılır.

$$\ell_i^{yeni} = \ell_i^{eski} + b * \ell_i^{eski} \tag{5.20}$$

Burada ℓ_i^{yeni} ve ℓ_i^{eski} *i*. eksenin yeni ve eski değerleridir. b ise [0-1] aralığından rastgele seçilmiş bir parametredir. Antikorun *i*. eksenindeki yeni uzunluk değeri ile ilgili antikorun yeni uygunluk değeri yeni_uygun olarak hesaplanır.

(1.3) Eğer yeni_uygun<eski_uygun ise uzunluk arttırma işlemi durdurulur ve bir önceki uzunluk değeri alınır. Bunun dışında, eski_uygun=yeni_uygun ise adım (1.2)' ye geri dönülür ve aynı işlemler tekrarlanır.

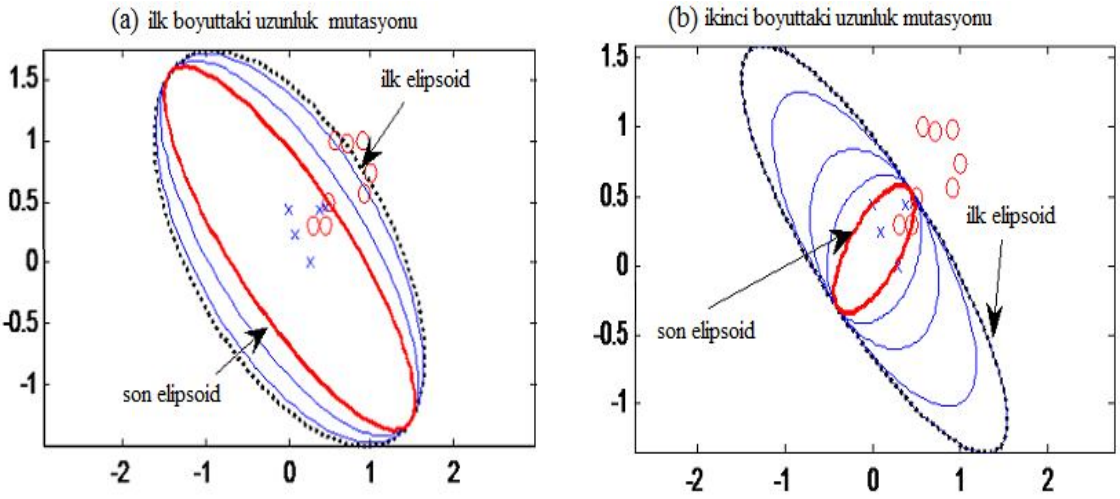
(1.4) Başlangıç uzunluk ve eski uygunluk değeri tekrar alınır ($\ell_i^{eski} = \ell_{başla}$). Ama bu kez aşağıdaki denklem 5.21 ile *i*. eksenin uzunluğu azaltılır.

$$\ell_i^{yeni} = \ell_i^{eski} - b * \ell_i^{eski} \tag{5.21}$$

(1.5) İlgili antikorun i. eksenindeki yeni uzunluk değeri ile antikorun yeni uygunluk değerini yeni_uygun olarak hesaplanır. Eğer yeni_uygun<eski_uygun ise uzunluk azaltma işlemi durdurulur ve bir önceki uzunluk değerini alınır. Bunun dışında eski_uygun=yeni_uygun ise adım (1.4)' e geri dönülür ve aynı işlemler tekrarlanır.

(2) Yukarıdaki uzunluk artışı ve azalışı işlemlerinden sonra uygunluk değeri en yüksek olan en iyi uzunluk değeri alınır.

Şekil 5.4' de ise uzunlukların azaltılması ile iki boyutlu bir uzayın her yönünde en iyi elipsoidleri bulmak için araştırma işlemi sunulmuştur.



Şekil 5.4. iki boyutlu uzayda her yönde uzunluk mutasyonları azaltılması

c. Yön mutasyonu

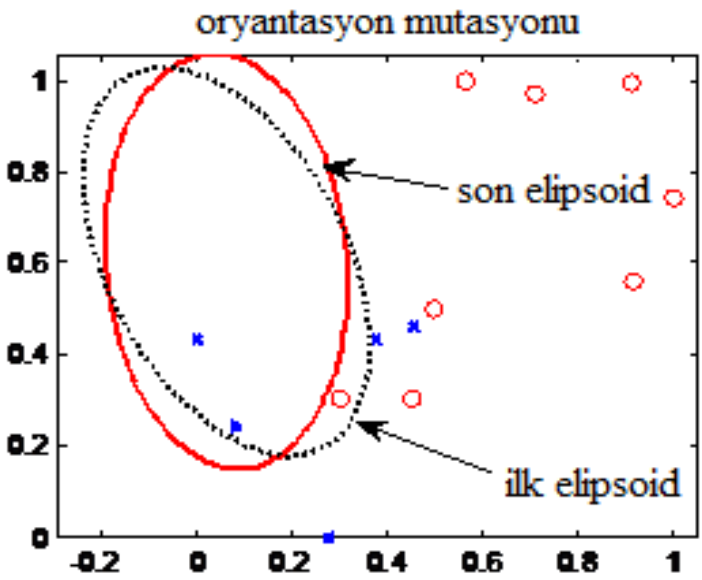
Antikorların karşılaşabilecekleri son mutasyon tipi oryantasyon (yön) mutasyonudur. Shapiro (2005)' deki çalışmasında belirttiği gibi V matrisindeki her vektörün değişikliğe ihtiyacı yoktur. Çünkü V matrisindeki vektörler ortonormaldir. V matrisinden rastgele seçilen iki vektörün değiştirilmesi ve döndürülmesi elipsoidi döndürmek için yeterli olacaktır. Shapiro (2005)' nun çalışmasında vermiş olduğu matematiksel kanıtı ve bir elipsoidin yön mutasyonu, çalışmada aşağıda verildiği gibi gerekli prosedürler kullanılarak yapılır.

- S_1 ve S_2 gibi V matrisinden rastgele bir şekilde iki vektör seçilir.
- Ortalaması $\mu=0$ ve standart sapması $\sigma=\pi/2$ radyan olan bir Gauss dağılımından küçük bir θ açısı seçilir. Mutasyona uğramış vektörler S_1^m ve S_2^m olarak belirlenir (Shapiro, 2005).

$$S_1^m = \cos(\theta)\, S_1 + \sin(\theta)\, S_2 \quad (5.22)$$

$$S_2^m = -\sin(\theta)\, S_1 + \cos(\theta)\, S_2 \quad (5.23)$$

Şekil 5.5' de ise başarıyla sonuçlanmış oryantasyon mutasyonunun bir örneği gösterilmektedir.



Şekil 5.5. Oryantasyon (yön) mutasyonunun bir örneği

5.2. Elipsoid Tanıma Alanlarının Kullanıldığı Katmanlı Bir YBS Tanıma Algoritmasının Geliştirilmesi

Şu bilinen bir gerçektir ki, bağışıklık sistemi karmaşık ve kolektif bir yapıya sahiptir. Bağışıklık sisteminin asıl amacı, vücudun sağlıklı halinin devamlılığını sağlamaktır. Bu amaç için sinir sistemi ve endokrin sistemi gibi diğer sistemlerle ortak bir şekilde çalışan doku, hücre ve salgılarla birebir etkileşim içerisindedir. Bağışıklık sisteminin işleyişinde sinir sisteminde olduğu gibi tek tip bir veri alışverişi söz konusu değildir. Ayrıca bağışıklık sisteminde görev alan hücreler de tek tip bir hücre tipinden meydana gelmemektedir. Değişik zamanlarda değişik fonksiyonları gerçekleştiren hücre tipleri olduğu gibi, değişik sinyallerin karşılığında değişik tipte hareket eden aynı tip hücreler de bağışıklık sisteminin temel unsurları içinde yer alır. Bağışıklık sisteminin işleyişi tek bir mekanizmaya bağlı kalmaktan çok, vücuttaki tehdidin büyüklüğüne göre rol oynayan aşamalı bir savunma sistemine bağlıdır. Vücuda giren mikrobun miktarı ve tehlikesi önem arz ettiği kadar vücuda giriş yeri de bağışıklık sisteminde savunmayı üstlenecek mekanizmayı etkiler. Bu özellikler bağışıklık sisteminin karmaşıklığını gösteren sadece birkaç örnektir.

Bağışıklık sistemindeki bu karmaşıklık, bağışıklık sisteminin problem çözümünde komple bir sistem olarak modellenmesini zorlaştırmış ve bunun yerine problemin yapısına uygun olarak bağışıklık sistemindeki mekanizmalar bir problem çözme aracı olarak kullanılmıştır. Örneğin, örüntü tanıma problemlerinde bağışıklık

sistemindeki humoral bağışıklık yanıtı, klonsal seçme ve negatif seçme mekanizmalarından yararlanılmış ve farklı sonuçlara ulaşılmıştır. Diğer taraftan seçilen mekanizmaların çeşitliliğinin yanı sıra bu mekanizmalarda yararlanılan hücre tiplerinin çeşitliliği ile ne şekilde modelleneceği konusunda da tek bir seçenek bulunmamaktadır. Bir mekanizmayı modelleyen bir sistemde sadece B hücreleri modellenirken başka bir sistemde bunların yanı sıra T hücreleri de modellenebilmektedir. Bu durum da değişik performanslar elde eden, probleme dayalı sistemlerin geliştirilmesine sebebiyet verir.

Bağışıklık sisteminin birçok uygulama alanındaki problemlerin çözümüne uygun mekanizmalar barındırdığı bilinmektedir. Ancak bu noktada uygulama yapılacak alanda böyle bir potansiyelin diğer metodlara göre üstünlüğünün olup olmadığının sorgulanması gerekir. Bağışıklık sisteminin söz konusu uygulama alanında, diğer yöntemlerde var olmayan bir özellik ya da yenilik içermesi esastır, ancak bu şekilde geliştirilen YBS sistemleri diğer yöntemlere göre avantajlı konuma geçer.

YBS sistemlerindeki bir diğer önemli nokta ise yapılan çalışmalarda seçilen gösterim şekilleridir. Bir modelin geliştirilmesinde en önemli noktalardan biri, model alınan birimlerin sistemde ne şekilde modelleneceğinin belirlenmesidir. Geliştirilen YBS sistemlerinin çoğunda olduğu gibi bu tez çalışmasında da B hücreleri ya da Antikorlar sistem birimleri olarak modellenmiştir. Bu modellemelerde gösterim şekilleri olarak çoğunlukla şekil-uzayı yöntemi (Perelson ve Oster, 1979) kullanılmıştır. Şekil-uzayı yöntemi ve buna bağlı olarak bağışıklık sistemi birimlerinin modellenmesi, geliştirilen sistemlerin bazı dezavantajlardan kurtulamamasına sebep olmaktadır. Bu noktada alternatif gösterim şekilleri seçilmeli ve sistem birimleri arasındaki etkileşimler de alternatif yöntemlerle hesaplanmalıdır.

Yukarıda belirtilen noktalar göz önünde tutularak YBS alanında kayda değer başarıların sağlanabilmesi için bu tez çalışmasında daha önceden kullanılan YBS algoritmalarından farklı olarak Elipsoid şekilli tanıma alanlarının kullanıldığı katmanlı bir YBS tanıma algoritmasının geliştirilmesine çalışılmış ve başarılı sonuçlar elde edilmiştir.

5.2.1. Tez çalışmasında geliştirilen elipsoid şekilli katmanlı-ybs sisteminin yapısı

Geliştirilen Elipsoid şekilli katmanlı-YBS sisteminde bağışıklık sistemindeki klonsal seçme mekanizması modellenmiş ve buna dayalı olarak hesaplanacak kendi içerisinde maksimum homojenitiye sahip yani aynı sınıftaki antijenlerin bulunduğu

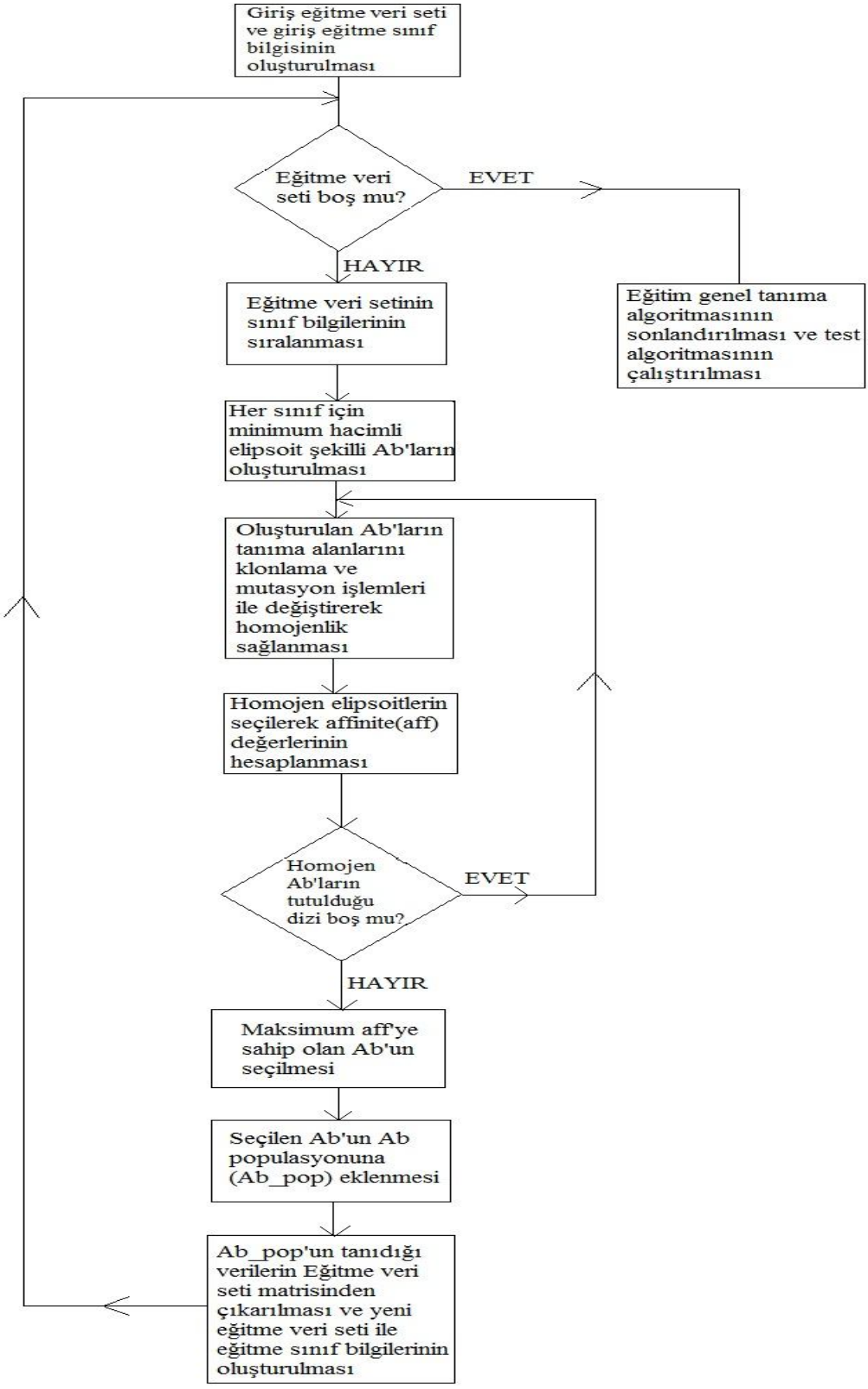
minimum hacimli elipsoidlerin oluşturulduğu ve her adımda, katmanda tanınan ve yok edilen antijenlerin silinip geriye kalan antijenlerin yeni giriş verileri olarak ele alındığı böylelikle de zaman konusunda hız kazanmış bir sınıflama sistemi tasarlanmıştır. Tasarlanan sistemin akış şeması şekil 5.6' da görülmektedir. Şekilden de anlaşılacağı üzere, sistem bilinen bir YBS algoritması olup bağışıklık sistemindeki temel klonsal seçme mekanizması modellenerek katmanlı bir yapı oluşturulmuştur. Sistemde giriş verileri antijenleri (Ag), sistem birimleri de antikorları (Ab) temsil etmektedir. Yani elipsoid şekilli tanıma alanları antikorları temsil etmektedir. Sunulan her antijene (Ag) yani giriş verisine karşılık sistemde o antijeni en iyi tanıyan bir hafıza antikoru üretilir. Ya da hafızada mevcut olan antikorlardan biri bu giriş verisini tanımaktadır. Eğer yeni bir hafıza antikoru üretilmiş ise bu yeni hafıza antikorunun sınıfı, sunulan antijenin sınıfı olur. Sistemde giriş verileri olarak modellenen antijenler L adet özellikten oluşan vektörler olarak modellenmektedir:

$Ag= [özellik_1 , özellik_2 , \ldots\ldots\ldots\ldots, özellik_L]^T$,

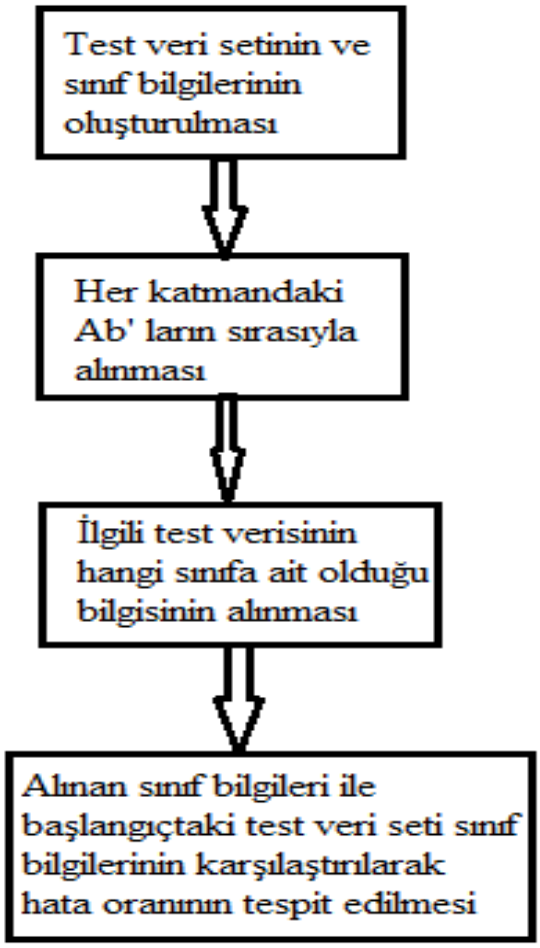
Sistem birimleri olarak modellenen antikorlar ise yine L boyutlu vektörlerden meydana gelmektedir.

$Ab= [ab_özellik_1 , ab_özellik_2 , \ldots\ldots\ldots , ab_özellik_L]^T$.

Sistemde antijenler ile antikorlar arasındaki etkileşimler sonucunda elipsoid şekilli antikorlar oluşturularak merkez, uzunluk ve oryantasyon mutasyonu işlemleri ile değiştirilen bu antikorların kapsadığı antijenler sayesinde maksimum homojenitiye sahip olması sağlanmıştır.



Şekil 5.6. Geliştirilen elipsoid şekilli katmanlı-YBS sisteminin akış şeması



Şekil 5.7. Geliştirilen elipsoid şekilli katmanlı-YBS sisteminin test edilmesi için oluşturulan akış şeması

Şekil 5.6' deki algoritmanın başlangıcında öncelikle giriş eğitme veri seti ile bunların sınıf bilgileri oluşturulur. Ayrıca bir klon sayısı belirtilir. Diğer adımda eğitme veri setinin boş olup olmadığı kontrol edilir. Kontrol edilmesinin sebebi, algoritmanın her iterasyonunda antikorlar tarafından doğru bir şekilde tanınan antijenlerin yani eğitme veri setindeki dataların bu veri setinden çıkarılması ve bu işlemin eğitme veri seti tamamen boş oluncaya kadar devam edecek olmasıdır. Eğer eğitme veri seti boş değilse, buradaki dataların sayısı ve özellik sayısı bilgileri alınır. Daha sonra veriler sınıflarına göre sıralanır. Sonraki adımda ise her sınıf için minimum hacimli elipsoidler oluşturulur. Oluşturulan bu elipsoidler Ab_pop olarak adlandırılan antikor popülasyonunu ifade etmektedir. Diğer basamakta ise Ab_pop'taki antikorların tanıma alanları klonlama ve mutasyon işlemleri ile değiştirilerek kendi içlerinde homojen olması sağlanmaya çalışılır. Bu aşamada ilgili antikor merkez, uzunluk ve yön olmak üzere üç çeşit mutasyon işlemine tabi tutulacağı için başlangıçtaki klonlama sayısı üçe bölünür ve her bir mutasyon adımı bu bölüm sonucu kadar tekrar edilerek Ab çeşitliliği

sağlanmış olur. Her mutasyon adımında farklı merkez, uzunluk ve oryantasyon bilgilerine sahip antikorlar mut_pop adında farklı bir populasyonda tutulur. Sonraki adımda ise, mut_pop' un içindeki aday antikorlardan homojen durumdaki elipsoidler seçilir ve affinite (aff) değerleri hesaplanır. Bu adımda ilgili giriş verisinin Ab elipsoidinin içinde olup olmadığı kontrolü yapılır ve bu Ab'un tanıma sınırına giren verilerin farklı sınıfta olup olmamasına göre homojenite durumu belirlenir. Homojenlik durumunu bir örnekle açıklamak gerekirse, 1. katmandaki bir antikorun tanıma alanına giren 5 tane antijenin sınıf bilgileri=[1 1 1 1 1], başka bir antikorun tanıma alanına giren bir başka 5 tane antijenin sınıf bilgileri=[1 1 2 1 2] olduğu varsayılsın. Bu sınıf bilgilerine göre birinci durumdaki antikor homojen iken ikinci durumdaki antikor ise homojen durumda değildir. Buna göre eğer homojenlik durumu yok ise klonlama ve mutasyon işlemlerine geri dönülerek aynı adımlar tekrarlanır. Homojenlik durumu mevcut ise, maksimum affinitiye sahip Ab, Ab popülasyonuna dahil edilir. Son adım olarak da, Ab_pop' un içerisindeki Ab'ların tanıdığı veriler giriş eğitme veri setinden çıkartılarak yeni bir giriş eğitme veri seti ile yeni sınıf bilgileri oluşturulup aynı işlemler için birinci adıma dönülür. Bu işlemler giriş veri seti tamamen boş olup her veri elipsoid şekilli bir Ab tarafından tanınıncaya kadar devam eder. Eğitim veri setinde işlem yapılacak herhangi bir veri kalmadığında program sonlandırılarak gerekli Ab ve sınıf bilgileri Mem_pop adlı değişkende saklanır. Bu Mem_pop değişkeni programımızın test aşamasında kullanılacaktır. Temel olarak yukarıdaki işlemlerin gerçekleştirildiği sistemin algoritmik yapısı şu şekildedir:

Notasyon:

Girişler

input_data: feat x data_num boyutunda giriş eğitme veri matrisi(data_num: Veri(Ag) sayısı, feat: özellik sayısı)

input_class: Giriş eğitme verilerinin sınıf bilgileri

cl_num: Giriş eğitme verilerinin sınıf bilgilerinin maksimum sınıf bilgisi

veri_num: Her sınıftaki verilerin sayısı

class: Verilerin sınıflarına göre sıralanmış hali

Ab_pop: Antikorların tutulduğu değişken

cl_Ab_pop: Ab_pop tutulan Ab'ların sınıf bilgileri

clon_num: Klonlama sayısı

katman: Katman sayısının tutulduğu değişken

mut_num: Mutasyona uğratılacak Ab sayısı

Ab: Elipsoid şekilli Antikor

x: Data setteki işlem yapılacak antijen(Ag)

homogen_Ab: Homojen durumdaki antikorların tutulduğu değişken

aff: Affinite değeri

mut_Ab: Mutasyona uğratılacak Antikor

L: İlgili antikorun uzunluk bilgileri

w: İlgili antikorun merkez bilgileri

V: İlgili antikorun oryantasyon bilgileri

dur: durdurma kriteri

prev_aff: bir önceki affinite değerinin tutulduğu değişken

dataset_new: iterasyonlar sonucunda oluşturulan yeni giriş veri seti

class_new: iterasyonlar sonucunda oluşturulan yeni giriş sınıf bilgileri

Çıkışlar

mut_pop: mutasyona uğratılan antikorların populasyonu

Mem_pop: hafızaya alınan elipsoid şekilli antikorların tutulduğu değişken

Algoritma

(1) Eğitme için giriş veri setini (data_num x feat) ve sınıf bilgilerini (1 x data_num) oluştur

(2) Klonlama sayısını ve başlangıç katman sayısını belirt

(3) Giriş veri seti boş oluncaya kadar algoritmayı çalıştır

(3.1) Giriş veri setinin veri sayısı ile özellik sayısı bilgilerini al

(3.2) Maksimum sınıf bilgisini belirleyerek al

(3.3) Her sınıfdaki verilerin sayısını al

(3.4) Verileri sınıflarına göre sırala

(3.5) Her sınıf için minimum hacimli elipsoid oluştur

(3.5.1) Her sınıf için bulduğu minimum hacimli elipsoidleri Ab_pop isimli değişkende sakla

(3.6) Oluşturulan elipsoid şekilli antikorların tanıma alanlarını değiştirerek kendi içlerinde homojenliği sağla

(3.6.1) İlgili elipsoid şekilli antikoru al

(3.6.2) Klonlama sayısının 1/3' ünü uzunluk (tanıma alanının genişletilip daraltılması), 1/3' ünü merkez ve 1/3' ünü de oryantasyon mutasyonu işlemleri için ayır

(3.6.3) Durdurma kriteri olarak dur=0 belirle ve maksimum affinite değeri 1 oluncaya kadar ya da maksimum affinite değeri bir önceki affinite değerinden küçük oluncaya kadar sıradaki işlemleri gerçekleştir

(3.6.3.1) Uzunluk mutasyonu işlemleri için ilgili antikorun uzunluk bilgilerini al, rastgele bir şekilde yeni uzunluk değerleri belirle ve bu yeni uzunluk değerlerine sahip Ab' u mut_pop değişkenine at. Bu işlemleri clon_num/3 kez tekrarla

(3.6.3.2) Merkez mutasyonu işlemleri için ilgili antikorun merkez bilgilerini al, rastgele bir şekilde yeni merkez değerleri belirle ve bu yeni merkez değerlerine sahip Ab' u mut_pop değişkenine ekle. Bu işlemleri clon_num/3 kez tekrarla

(3.6.3.3) Oryantasyon mutasyonu işlemleri için ilgili antikorun oryantayon (yön) bilgilerini al, 0-π arasında rastgele bir açı seçerek yön değerlerini belirle ve bu yeni oryantasyon değerlerine sahip Ab' u mut_pop' a ekle. Bu işlemleri clon_num/3 kez tekrarla

(3.6.3.4) mut_pop' un içinden homojen durumda olan elipsoidleri seç ve affinite değerlerini hesapla

(3.6.3.4.1) Giriş veri setindeki dataları sırasıyla al ve bu verinin ilgili Ab elipsoidinin içinde olup olmadığını kontrol et. Eğer içinde ise bu tanıma çemberine giren verinin diğerlerinin sınıf bilgileri ile aynı olup olmadığını kontrol et. Aynı değil ise homojenite değişkenini değiştir. Eğer ilgili elipsoid homojen yapıya sahipse affinite hesapla. Bu antikoru da homojen olan Ab' ların tutulduğu (homojen_Ab) değişkenine ekle

(3.6.3.5) Maksimum affinite değerine sahip olan Ab' u seç

(3.6.3.5.1) homogen_Ab değişkenini boş mu diye kontrol et. Eğer boş ise mut_pop' u yeniden oluştur. Boş değil ise hesaplanan aff değerlerinin içinden maksimum olanını al ve bu değerin 1' e eşit olup olmadığına bak. Eğer 1' e eşit

ise durdurma kriteri olan dur' u 1 yap. Eşit değil ise bu maksimum aff değerinin önceki aff değerinden küçük olup olmadığına bak. Küçük ise dur=1 yap. Küçük değilse maxaff ile prev_aff eşitliğine bak. En son döngü sonunda prev_aff değerine maxaff' i at

(3.6.4) Döngü sonunda seçilen birinci Ab' u ve sınıf bilgisini Mem_pop değişkenine ekle. Ayrıca bir sonraki katman için işlemler yapılacağından katman değerini bir arttır

(3.7) Ab_pop' un içerisindeki Ab' ların tanıdığı verileri input_data matrisinden çıkararak yeni dataset ve sınıf bilgileri oluşturarak bunları sırasıyla input_data ve input_class değişkenlerine ata

(3.8) Adım 3' e giderek aynı işlemleri tekrarla

Bu eğitme işlemi ile algoritma her katman için hafıza antikorlarını ve bu antikorların ait oldukları sınıfları çıkış olarak üretir. Algoritmaya herhangi bir anda sunulan bir giriş datasının (Ag) sınıflandırılması, test aşamasında bu hafıza antikorları sayesinde gerçekleşir.

Şekil 5.7' deki algoritmada ilk olarak test verisi olarak oluşturulan veri setinin orijinal sınıf bilgileri bir değişkende tutulur. İkinci aşama olarak, daha önceden elde edilen katmanlardaki hafıza antikorları sırasıyla alınarak sisteme verilen ilgili test verisinin hangi sınıfa ait olduğu bilgisi elde edilir. Son olarak ise bu elde edilen sınıf bilgileri ile başlangıçta alınan orijinal sınıf bilgilerinin karşılaştırılması yapılarak hata oranı tespit edilmiş olur. Tüm bu işlemlerin gerçekleştirildiği sistemin algoritmik yapısı kullanılarak test verileri ile sınıflama işlemi de şu şekilde yapılır:

(1) Herhangi bir Ag_t test antijeni için ($t=1,2,..,N_t$; N_t: test verisi sayısı)

(1.1) İşlem yapılacak katmandaki antikorları ve bunların sınıf bilgilerini al

(1.2) İlgili Ab' un L, w ve V bilgilerini al

(1.3) Test giriş verisinin Ab' un alanına girip girmediğini kontrol et

(1.4) Eğer giriyorsa ilgili test verisinin hangi sınıfa dahil olduğu bilgisini al ve sonraki test verisi için aynı işlemleri tekrarla

(2) Tüm giriş test verileri bittikten sonra test verilerinin başlangıçtaki sınıf bilgileri ile işlemler sonucu belirlenen sınıf bilgilerini karşılaştır. Eşit ise sonraki test verisine geç. Eşit değil ise hata değerini bir arttır ve sonraki test verisi için aynı işlemi tekrarla

Tez çalışmasının daha önceki bölümlerinde anlatılan algoritmaya ait sınıflama doğruluğu da test işlemi sonucunda belirlenen bu sınıflar kullanılarak denklem 5.24 ve denklem 5.25' deki gibi hesaplanır.

5.3. Performans değerlendirme ölçütleri

Tez çalışmasında geliştirilen algoritmaların gerçel dünya problemlerindeki performanslarının değerlendirilmesi ve geçmiş çalışmalarda yaygın olarak kullanılan diğer yöntemler ile karşılaştırılması amacıyla UCI Makine Öğrenme deposundan alınan 4 sınıflama problemine uygulanmıştır. Bunlar; İris, Statlog Heart Disease, Pima Diabetes ve BUPA Liver Disorders sınıflama problemleridir.

5.3.1. İris veri kümesi

Bu tez çalışmasında geliştirilen algoritmaların gerçel dünya problemlerindeki performanslarını tahmin etmek ve algoritmaları daha önce yapılan çalışmalar ile karşılaştırmak amacıyla yararlanılan veri setlerinden biri de UCI veri tabanından alınan iris veri setidir.

İris veri kümesi, geliştirilen sistemleri literatürdeki diğer sistemlerle karşılaştırmak amacıyla yaygın olarak kullanılan veri kümeleri arasında bulunmaktadır. Bu veri seti, iris çiçeğinin yaprak tipine göre değişik iris çiçeği sınıflarına ait verilerden oluşmaktadır. Kümede toplam olarak 150 veri bulunmak üzere farklı üç sınıfın her birindeki 50' şer veri, toplam veri kümesini meydana getirmektedir. Söz konusu sınıflar bahsedilen iris çiçeğinin türünü belirtmekte olup bunlar, İris Setosa, İris Versicolour ve İris Virginica olarak sıralanabilir. Her bir veri toplam 4 özelliğe sahip olup bu özellikler sırasıyla aşağıda belirtilmiştir.

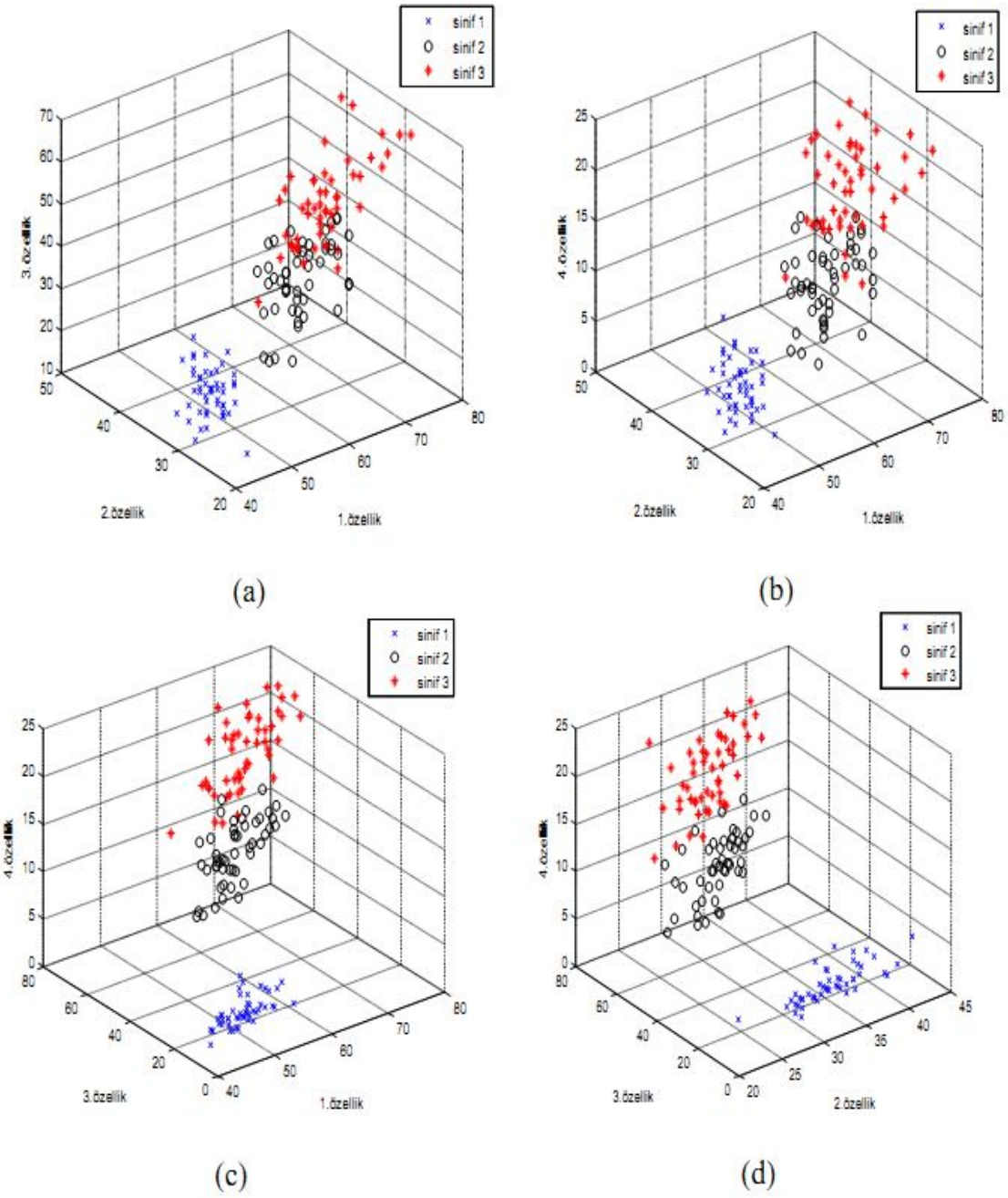
- 1. özellik, çanak yaprağı uzunluğu (cm)
- 2. özellik, çanak yaprağı genişliği (cm)
- 3. özellik, çiçek yaprağı uzunluğu (cm)
- 4. özellik, çiçek yaprağı genişliği (cm)

Bu özelliklerin sahip olduğu maksimum ve minimum değerleri ile ortalama ve standart sapma değerleri ise aşağıda belirtilmiştir.

Çizelge 5.1. İris veri setinin sahip olduğu özellik değerleri

Özellikler	Maksimum Değer	Minimum Değer	Ortalama Değer	Standart Sapma
1. Özellik	7.9	4.3	5.84	0.83
2. Özellik	4.4	2.0	3.05	0.43
3. Özellik	6.9	1.0	3.76	1.76
4. Özellik	2.5	0.1	1.20	0.76

İris veri kümesinde toplam 4 özellik bulunduğu için bu veri kümesini 4 özellikli olarak görselleştirmek mümkün olmamaktadır. Ancak, aşağıdaki şekil 4.3' de veri setinin özellikleri üçerli kombinasyonlarda bir araya getirilerek kümedeki sınıflar görsel hale getirilmiştir. Şekil 5.8' den de anlaşılacağı gibi 1. Sınıfa ait veriler her türlü özellik kombinasyonunda diğer iki sınıftan kolaylıkla ayırt edilebilir özelliktedir. Fakat, ikinci ve üçüncü sınıfa ait veriler a ve b' deki özellik kombinasyonlarında birbirlerinin içine karışmış şekildedir. Bu durum da iris veri kümesindeki sınıfların doğrusal karar çizgilerini ya da düzlemleri ile ayırt edilebilmesini zorlaştırmaktadır. Bundan dolayı iris veri kümesindeki verilerin sınıflandırılması da doğrusal olmayan bir sınıflama problemi olarak ortaya çıkmaktadır.



Şekil 5.8. (a) 1., 2. ve 3. özelliklerin olduğu iris veri kümesi, (b) 1., 2. ve 4. özelliklerin olduğu iris veri kümesi, (c) 1., 3. ve 4. özelliklerin olduğu iris veri kümesi, (d) 2., 3. ve 4. özelliklerin olduğu iris veri kümesi

5.3.2. Statlog heart disease veri kümesi

Tez çalışmasında geliştirilen algoritmaların hem gerçel dünya problemlerindeki performansını tahmin etmek hem de bu algoritmaları literatürde geliştirilmiş olan diğer yöntemlerle karşılaştırmak için kullanılan veri setlerinden bir diğeri de UCI veri

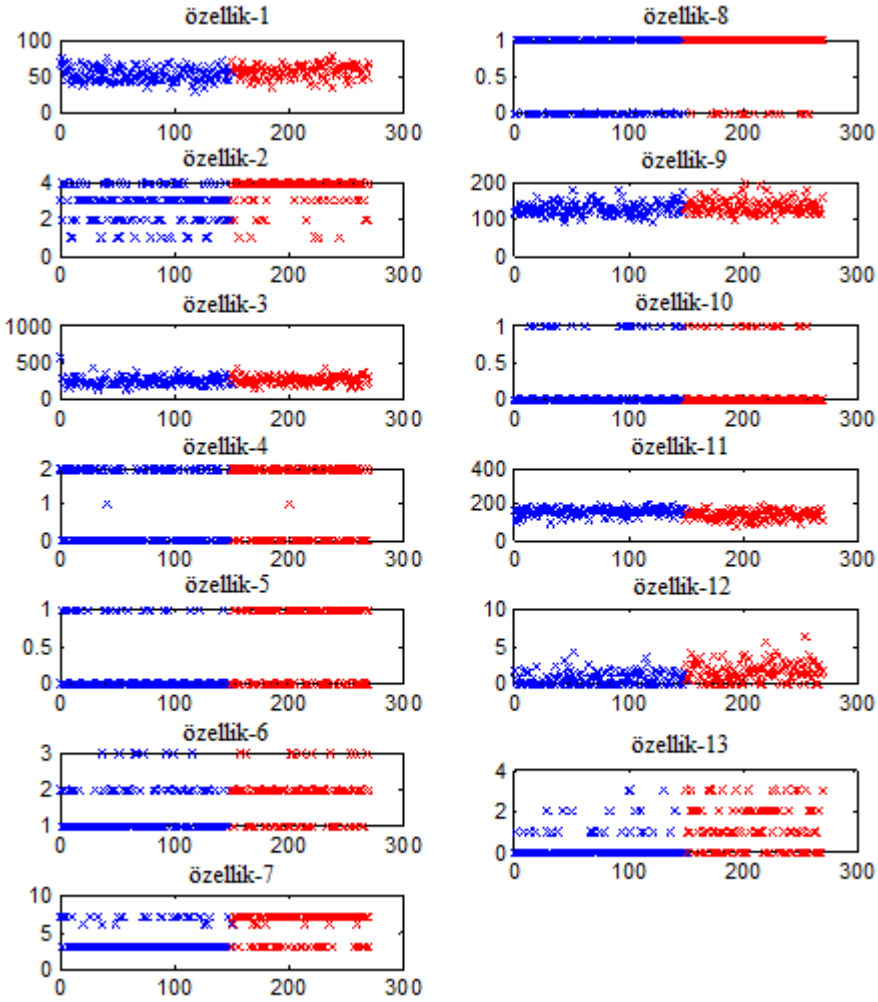
tabanından alınan ve yine doğrusal olmayan bir yapıya sahip olan Statlog Heart Disease veri kümesidir.

Bu veri kümesi, kalp rahatsızlığı olan hastalardan ve sağlıklı kişilerden alınan toplam 270 adet veriden meydana gelmektedir. Bu verilerin 150 tanesi hastalara ait, geriye kalan 120 adedi ise sağlıklı bireylere aittir. Her veri aşağıda listelenen 13 özellikten oluşmakta ve sınıf bilgileri de veri dizilerinin 14. özelliği olarak 1 ve 2 şeklinde yani hastalığın yokluğu 1, varlığı ise 2 olarak tutulmaktadır.

Verilerin sahip oldukları özellikler;

1. Yaş bilgisi (tamsayı).
2. Cinsiyet bilgisi (iki değer: 0 ve 1).
3. Göğüs ağrısı tipi (toplam dört değer: 1, 2, 3 ve 4).
4. Dinlenme halinde kan basıncı (maksimum=200, minimum=94).
5. Serum kolestrol (mg/dl) (maksimum=564, minimum=126).
6. Açlık kan şekeri (iki değer: 0 ve 1).
7. Dinlenme halinde elektrokardiyografi (EKG) sonuçları (toplam üç değer: 0,1 ve 2).
8. Ulaşılan maksimum kalp atış oranı (maksimum=202, minimum=71).
9. Egzersizin neden olduğu anjin (iki değer: 0 ve 1).
10. Oldpeak: ST (maksimum=6.2 , minimum=0).
11. Peak egzersizin ST parçasının eğimi (toplam 3 değer: 1,2 ve 3).
12. Flourosopy ile boyanmış ana damarların sayısı (toplam 4 değer: 0,1,2 ve 3).
13. Thal; 3=normal; 6=fixeddefect; 7=reversabledefect (toplam 3 değer).
14. Sınıf bilgisi (toplam iki değer: 1 ve 2).

olarak listelenebilir.



Şekil 5.9. Statlog heart disease veri kümesi için sağlıklı ve sağlıksız veriler üzerindeki özellik değerlerinin dağılımı

5.3.3. Pima diabetes veri kümesi

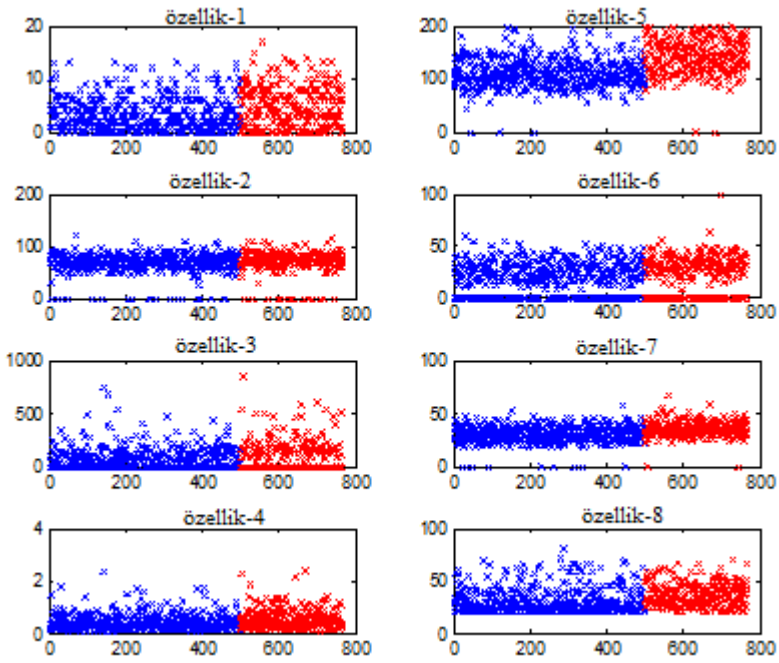
Bu tez çalışmasında geliştirilen algoritmaların gerçel dünya problemlerindeki performanslarını tahmin etmek ve algoritmaları literatürde geliştirilmiş olan metodlarla karşılaştırmak maksadıyla kullanılan veri kümelerinden bir başkası da UCI veri tabanından alınan Pima Diabetes veri kümesidir.

Bu veri kümesi, şeker hastalığı olan hastalardan ve sağlıklı bireylerden alınan toplam 768 tane örnek içermektedir. Bu verilerin 500 tanesi diyabet hastalığına sahip olmayan kişilere ait iken arda kalan 268 tane veri ise diyabet hastalığına sahip olan bireylere aittir. Her veri 8 özellikten oluşmakta ve sınıf bilgisi de veri dizilerinin 9. özelliği olarak sağlıklı kişiler için 0, hasta olan kişiler için 1 olmak üzere 0-1 şeklinde saklanmaktadır.

Verilerin sahip oldukları özellikler;

1. Hamile kalınma sayısı
2. İki saatlik bir oral glukoz tolerans testinde plazma glukozkonsantrasyonu
3. Diyastolik kan basıncı (mm Hg)
4. Triseps (kol kası) deri kıvrım kalınlığı (mm)
5. İki saatlik serum insülini (mm U/ml)
6. Vücut kitle indeksi (kg olarak ağırlık/(metre olarak yükseklik)^2)
7. Diyabet soyağacı fonksiyonu
8. Yaş (yıl olarak, tamsayı)
9. Sınıf bilgisi (0 ve 1)

olarak listelebilir.



Şekil 5.10. PimaDiabetes veri kümesi için sağlıklı ve sağlıksız veriler üzerindeki özellik değerlerinin dağılımı

5.3.4. BUPA liver disorders veri kümesi

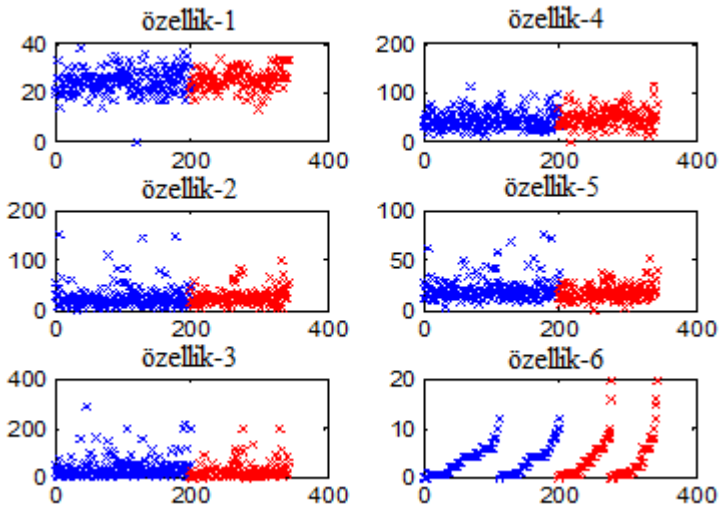
Tez çalışmasında geliştirilen algoritmaların hem gerçek problemlerdeki performansını tahmin etmek hem de bu sistemleri literatürde geliştirilmiş olan diğer sistemlerle karşılaştırmak için kullanılan veri setlerinden sonuncusu doğrusal olmayan bir yapıya sahip olan BUPA Liver Disorders veri kümesidir.

Bu veri kümesi karaciğer bozukluğu olan hastalardan ve sağlıklı kişilerden alınan toplam 345 tane örnek içermektedir. Her örnek, evli olmayan bir erkekten alınmıştır. Bu verilerin 200 tanesi karaciğer bozukluğu olmayan sağlıklı kişilerden alınmış iken geriye kalan 145 tane veri ise karaciğer bozukluğuna sahip hasta bireylerden alınmıştır. Her veri 6 özellikten oluşmakta ve toplanan bu data örneklerinin ilk 5 tanesi kan testinin sonuçları iken son özellik günlük alkol tüketimini içermektedir.

Verilerin sahip oldukları özellikler;

1. mcv: ortalama eritrosit hacmi
2. alkphos: alkalin fosfataz
3. sgpt: alaminaminotransferaz
4. sgot: aspartataminotransferaz
5. gammagt: gamma-glutamiltransferaz
6. içecekler: Günde içilen alkollü içeceklerin yarım litre eşdeğer sayısı

olarak listelenebilir.



Şekil 5.11. BUPA LiverDisorders veri kümesi için sağlıklı ve sağlıksız veriler üzerindeki özellik değerlerinin dağılımı

5.3.5. Sınıflama doğruluğu

Oluşturulan sistemde eğitim algoritması eğitme aşamasından sonra çıktı olarak oluşturulan hafıza antikorlarını ve bu antikorların sınıf bilgisini verir. Test aşamasındaki sınıflamada bu çıktılar aşağıda gösterildiği gibi test antijenlerin sınıflarının belirlenmesi için kullanılır.

(1) Her test antijeni için (Ag_t t: 1,2,3,….).

(1.1) Sunulan antijeni kapsayan hafıza antikorları bulunur. (Eğer yoksa, antijen t' ye en yakın merkezi olan elipsoid bulunur.) Bu antikorlar arasından, sunulan antijen t' ye en yakın merkezi olanın bir tanesi bulunur.

(1.2) $Ag_t \rightarrow s_test(t)$ ' nin sınıfı gibi adım (1.1)' de bulunan hafıza antikorunun sınıfı belirlenir.

Test sınıflama işlemi ile, her antijenin sınıfı s_test olarak belirlenir. Algoritmanın sınıflama doğruluğu aşağıdaki denklem 5.24 ve 5.25 ile hesaplanır.

$$Sınıflama_doğruluğu = \sum_{i=1}^{N_t} \frac{doğru_s(i)}{N_t} \tag{5.24}$$

$$doğru_s(i) = \begin{cases} 1 \rightarrow & s_test(i) = s(i) \\ 0 \rightarrow & diğer \end{cases} \tag{5.25}$$

Burada;

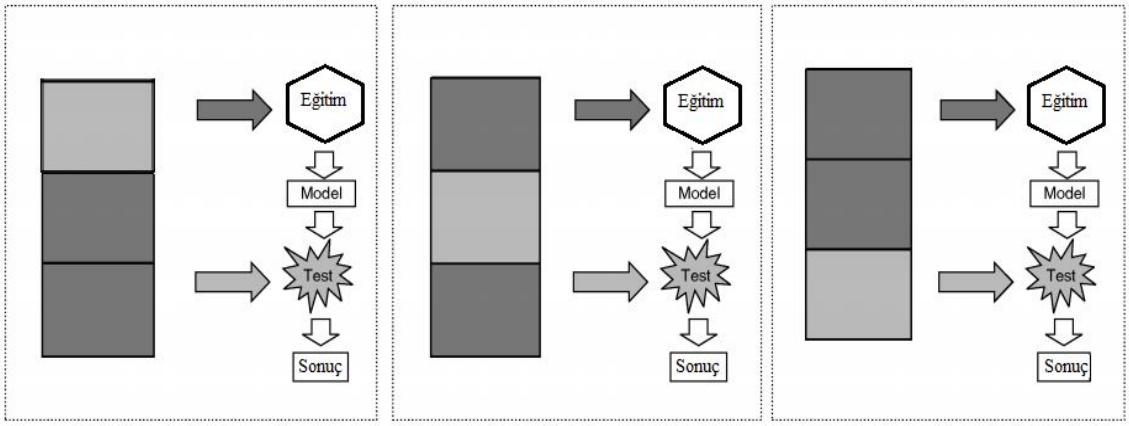
s_test(i): Ag_t test antijeninin algoritma tarafından belirlenen sınıfı,

N_t: Test setindeki toplam veri (antijen) sayısı,

doğru_s(i): Ag_i test antijeninin gerçek sınıfıdır.

5.3.6. k-fold cross validation (k-kat (kez) çapraz doğrulama)

Test sonuçlarının daha çok değerli ve faydalı olması için araştırmacılar arasında k-kat (fold) çapraz doğrulama yaygın olarak kullanılır. Kohavi' nin (1995) çalışmasında belirtildiği gibi eğitimin rastgele örneklenmesi ile ilgili yanılgı, önyargı bu yöntem ile en aza indirilir. Çünkü eğitim ve test verileri çapraz olarak değişmekte yani aynı veri içerisinde farklı kombinasyonlar şeklinde oluşmuş eğitim ve test verileri kullanılmış olur.



Şekil 5.12. Üç-kat çapraz doğrulama prosedürü

Bu yöntemde, tüm veri k sayısı kadar birbirini dışlayan ve yaklaşık olarak eşit büyüklükteki alt kümelere bölünür. Bu sınıflama algoritması k defa eğitilir ve test edilir. Her defasında katlardan bir tanesi test datası olarak alınır ve geriye kalan katlar ise eğitim datasını oluşturmak için eklenir. Böylece her eğitim-test konfigürasyonu için k tane farklı test sonucu bulunmuş olur. Kohavi' nin (1995) çalışmasına göre bu sonuçların ortalaması algoritmanın test doğruluğunu vermektedir. Kısaca özetlemek gerekirse; örneğin k=3 için k-kez çapraz doğrulama yöntemi bir veri kümesine uygulandığında, bu veri kümesi yaklaşık olarak 3 eşit parçaya bölünecek ve bu üç parçanın k-1 tanesi yani 3-1=2 bölümü eğitim datası için, geri kalan bir tek bölümü ise test datası için ayrılıp bu işlem 3 kez tekrar edilecektir. Her bir tekrarda eğitim veri seti için farklı iki bölüm alınacak geri kalan tek bölüm ise aynı şekilde test verisi olarak kullanılacaktır. Tüm bu işlemler üç kez tekrar edildikten sonra her tekrar sonucunda elde edilen sonuç değerleri toplanıp üçe bölünerek ortalama sınıflama doğruluğu elde edilmiş olacaktır. Bu durum yukarıdaki şekil 5.12' de gösterilmiştir.

6. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA

Bu tez çalışmasında geliştirilen sistemin performans analizleri UCI makine öğrenme deposundan alınan İris, Statlog Heart Disease, BUPA Liver Disorder ve Pima Diabetes veri setleri üzerinde yapılmıştır. Üzerinde çalışılan veri kümelerinde yapılan uygulamalarda öncelikle ilgili veri setinin eğitme ve test verilerine ayırım işlemi ele alınmıştır. Bu ayırım işleminde daha önceki bölümlerde anlatılan ve araştırmacılar arasında daha güvenilir olması için kullanılan k-fold çapraz doğrulama metodu kullanılmıştır. Bu metod önceden anlatıldığı için burada tekrar anlatılmasına gerek duyulmamıştır. Bahsedilen bu veri setleri ilk olarak geliştirilen klonsal seçme tabanlı elipsoidal yapay bağışıklık sistemi üzerinde performans analizleri yapılmış ve sonuçları aşağıda paylaşılmıştır. Daha sonra aynı veri setlerinin geliştirilen klonsal seçme tabanlı elipsoid tanıma alanlarının kullanıldığı katmanlı bir YBS tanıma sistemi üzerinde aynı şekilde performans analizleri yapılmıştır. Bu tez çalışmasında geliştirilen elipsoid şekilli katmanlı-YBS sistemi aracılığı ile alınan analiz sonuçları da aynı şekilde ilerleyen kısımlarda verilmiştir. Geliştirilen bu ilk sistem ile ikinci sistem arasındaki fark, ikinci olarak geliştirilen sistemin katmanlı bir yapıya sahip olmasıdır. Yani sisteme sunulan veriler arasından tanınan dataların veri setinden çıkarılması sonucunda yeni bir set oluşturulmakta ve bu yeni veri kümesi sanki sisteme ilk defa sunuluyormuş gibi sunularak hiç veri kalmayıncaya kadar algoritmanın çalıştırıldığı ve aynı zamanda her yeni bir veri seti oluşumundan önce tanınan ve kümeden silinen dataları tanıyan antikorların tutulduğu katmanlar oluşturulmuştur. Diğer ilk sistemde ise bu şekilde bir katmanlı yapı söz konusu değildir.

Bu bölümde ilk olarak geliştirilen sistemlerden klonsal seçme tabanlı elipsoidal YBS sisteminin İris dışındaki diğer gerçek problemlerdeki uygulama sonuçlarına yer verilecektir.

Tez çalışmasının bu kısmında ikinci olarak ise geliştirilen klonsal seçme tabanlı elipsoid şekilli katmanlı-YBS sisteminin İris ile birlikte diğer bahsedilen gerçek problemlerdeki parametre analizleri ve uygulama sonuçlarına yer verilecektir.

6.1. Geliştirilen Klonsal Seçme Tabanlı Elipsoidal Yapay Bağışıklık Sisteminin Araştırma Sonuçları

Çalışmada geliştirilen bu sistemin performans sonuçlarının elde edilmesinde UCI makine öğrenme deposundan alınan Pima Diabetes, BUPA Liver Disorder ve Statlog Heart Disease sınıflama problemlerinden yararlanılmıştır. Bu veri setlerinin ayrıntılı özellikleri bölüm 5.3' de anlatılmıştır.

İlk kullanılan veri seti Pima Diabetes veri kümesidir. Bu data seti bilindiği üzere 268 tane sağlıksız ve 500 tane de sağlıklı olmak üzere toplam 768 bireyden alınmış veriler olup her verinin 8 özellik barındırdığı bir veri kümesidir. Özelliklerin dağılımına baktığımızda bu sınıflama probleminin çözümünün ve ayırtedilebilirliğinin zor olduğu anlaşılmaktadır. Veri seti 5 kata ayrılarak 5-fold çapraz doğrulama metodu uygulanmıştır. Her defasında 5 katın 1 katı test için geriye kalan 4 katı ise eğitim datası için ayrılarak eğitim ve test aşamaları 5 kez çalıştırılmıştır. En sonunda her çalıştırmada alınan sınıflama doğruluk sonuçları toplanarak 5' e bölünmüş ve böylece ortalama bir sınıflama doğruluğu elde edilmiştir. Uygulama sonuçları da aşağıdaki çizelge 6.1' de gösterilmiştir.

Çizelge 6.1. Pima diabetes data seti için elde edilen test sınıflama sonuçları

Fold sayısı	Eğitim data boyutu	Test data boyutu	Eğitim süresi (dakika)	Hafıza antikor sayısı	Test doğruluğu (%)
1	615	153	123	123	76.54
2	615	153	121	118	80.21
3	615	153	125	133	79.01
4	615	153	132	146	82.32
5	612	156	119	114	81.77
Ortalama			**124**	**127.2**	**79.97**

Çizelge 6.1' e baktığımızda Pima diabetes data seti fold sayısı olan 5' e bölünmüş ve her katta beç parçadan dördü yani 615 adet veri eğitim için, diğer bir parçası yani 153 adet veri ise test datası olarak ayrılmıştır. Fold 5' deki eğitim ve test verilerinin boyutları diğer foldlara göre değişiklik göstermiştir. Bunun sebebi Pima veri kümesindeki toplam data sayısı 5' e kalansız olarak bölünemediği için kalan verilerin en son folda eklenmiş olmasıdır. Her kat için sırasıyla eğitme sürelerine baktığımızda 123, 121, 125, 132, 119 dakika sürmüş ve bunun sonucunda da her fold için sırasıyla 123, 118, 133, 146, 114 adet hafıza antikoru oluşmuştur. Her fold için elde edilen test

doğruluk oranları ise sırasıyla %76.54, %80.21, %79.01, %82.32, %81.77 değerleri elde edilmiştir. Bu doğruluk değerleri toplanarak 5' e bölünmüş ve ortalama bir test doğruluk oranı olarak %79.97 değeri elde edilmiştir. Sonuç olarak toplam verilerin %20.03' ü hatalı olarak sınıflanmıştır. Bu oran sistemimizin bu veri seti için başarılı ve verimli bir şekilde çalıştığının göstergesi niteliğindedir.

Aşağıdaki çizelge 6.2' de ise elde edilen bu sonuçların diğer araştırmacılar tarafından geliştirilen sistemlerden alınan sonuçlar ile karşılaştırılması yapılmıştır.

Çizelge 6.2. Pima diabetes dataseti için elde edilen sonuçların literatürdeki çalışmalar ile karşılaştırılması

Metod	Doğruluk (%)
Elipsoidal-YBS (Bu çalışma)	**79.97±2.32**
Kernel-based fuzzy clustering (Graves ve Pedrycz, 2010)	71.50±0.1
Fuzzy-MSFA with λ=5 (Chatzis, 2010)	75.30
Statlog project (Michie ve ark., 1994)	78.00
Generative mixture model (Chatzis ve Tsechpenakis, 2012)	74.49
MLP-Conjugate Gradient (Augastaa ve Kathirvalavakumar, 2012)	74.00
Impr.Swarm Opt. Functional Link ANN (ISO-FLANN) (Dehuria ve ark., 2012)	79.63
Coordinate descent margin based-twin SVM (Shao ve Deng, 2012)	75.72±5.84
Fast global k-means algorithm (Minga ve Kionga, 2011)	71.24
Hybrid model of ANN and Multiple Linear Regression (Khashei ve ark., 2012)	81.9
Clustered Hybrid MLP (Isa ve Mamat, 2011)	80.59±2.22
Simulated annealing and subtractive clustering based fuzzy classifier (Torun ve Tohumoğlu, 2011)	78.78±3.79
PSOPRO (Particle swarm optimization for PROAFT) (Al-Obeidat ve ark., 2011)	77.47
AINE based artificial immune classifier (Chang ve Yeh, 2012)	74.9
Fully complex valued RBF (Savitha ve ark., 2012)	78.53
eClass (Lekkas ve Mikhailov, 2010)	79.37
Inverted Hierarchical Neuro-Fuzzy BSP System (Goncalves ve ark., 2006)	78.26
Extreme Learning Machine-ELM (Helmy ve Rasheed, 2009)	79.61

Çizelge 6.2' den de anlaşılacağı gibi alınan sonuçlar, yapılmış birkaç çalışmanın elde ettiği doğruluk oranlarından düşük olsa da diğer çalışmalardaki sonuçlara göre daha iyi bir sınıflama doğruluğuna sahiptir.

İkinci olarak kullanılan veri seti ise BUPA Liver Disorder veri kümesidir. Bu veri seti ise 200 sağlıklı ve 145 sağlıksız bireylerden alınmış toplam 345 datadan meydana gelmekte ve her data da 6 özelliği bünyesinde barındırmaktadır. Bu veri seti 3 kata ayrılarak 3-fold çapraz doğrulama metodu uygulanmıştır. Her defasında 3 katın 1 katı test için geriye kalan 2 katı ise eğitim datası için ayrılarak eğitim ve test aşamaları çalıştırılmıştır. En sonunda her çalıştırmada alınan sınıflama doğruluk sonuçları toplanarak 3' e bölünmüş ve böylece ortalama bir sınıflama doğruluğu elde edilmiştir. Uygulama sonuçları da aşağıdaki çizelge 6.3' de gösterilmiştir.

Çizelge 6.3. BUPA liver disorders dataseti için elde edilen test sınıflama sonuçları

Fold sayısı	**Eğitim data boyutu**	**Test data boyutu**	**Eğitim süresi (dakika)**	**Hafıza antikor sayısı**	**Test doğruluğu (%)**
1	230	115	79	34	83.91
2	230	115	76	32	86.14
3	230	115	65	26	86.30
Ortalama			**73.33**	**30.66**	**85.45**

Çizelge 6.3' e baktığımızda BUPA liver disorders data seti fold sayısı olan 3' e bölünmüş ve her katta 3 parçadan ikisi yani 230 adet veri eğitim için, diğer bir parçası yani 115 adet veri ise test datası olarak ayrılmıştır. Her kat için sırasıyla eğitme sürelerine baktığımızda 79, 76 ve 65 dakika sürmüş ve bunun sonucunda da her fold için sırasıyla 34, 32 ve 26 adet hafıza antikoru oluşmuştur. Her fold için elde edilen test doğruluk oranları ise sırasıyla %83.91, %86.14 ve %86.30 değerleri elde edilmiştir. Bu doğruluk değerleri toplanarak 3' e bölündü ve ortalama bir test doğruluk oranı olarak %85.45 değeri elde edildi. Sonuç olarak toplam verilerin %14.55' i hatalı olarak sınıflanmıştır.

Aşağıdaki çizelge 6.4' de ise elde edilen bu sonuçların diğer araştırmacılar tarafından geliştirilen sistemlerden alınan sonuçlar ile karşılaştırılması yapılmıştır.

Çizelge 6.4. BUPA liver disorders dataseti için elde edilen sonuçların literatürdeki çalışmalar ile karşılaştırılması

Metod	Doğruluk (%)
Elipsoidal-YBS (Bu Çalışma)	**85.45±1.34**
Reduced SVMs (Lee ve Mangasarian, 2001a;2001b)	74.9
FAIRS (Polat ve ark., 2007)	83.4
Impr.Swarm Opt. Functional Link ANN (ISO-FLANN) (Dehuria ve ark., 2012)	76.80
Coordinate descent margin based-twin SVM (Shao ve Deng, 2012)	72.80±5.31
Simulated annealing and subtractive clustering based fuzzy classifier (Torun ve Tohumoğlu, 2011)	74.13±12.7
PSOPRO (Particle swarm optimization for PROAFT) (Al-Obeidat ve ark., 2011)	69.31
Fully complex valued RBF (Savitha ve ark., 2012)	74.6
Inverted Hierarchical Neuro-Fuzzy BSP System (Lekkas ve Mikhailov, 2010)	73.33
CBR-PSO (Case Based Reasoning- Particle Swarm Optimization) (Lin ve Chang, 2010)	78.18

Çizelge 6.4' den de anlaşılacağı gibi alınan sonuçlar, yapılmış diğer çalışmalardaki sonuçlara göre iyi bir sınıflama doğruluğuna sahiptir.

Son olarak kullanılan veri seti ise Statlog heart disease veri kümesidir. Bu veri seti ise 150 sağlıklı ve 120 sağlıksız bireylerden alınmış toplam 270 datadan meydana gelmekte ve her data da 13 özelliği bünyesinde barındırmaktadır. Bu veri seti yine aynı şekilde 3 kata ayrılarak 3-fold çapraz doğrulama metodu uygulandı. Her defasında 3 katın 1 katı test için geriye kalan 2 katı ise eğitim datası için ayrılarak eğitim ve test aşamaları çalıştırıldı. En sonunda her çalıştırmada alınan sınıflama doğruluk sonuçları toplanarak 3' e bölündü ve böylece ortalama bir sınıflama doğruluğu elde edildi. Uygulama sonuçları da aşağıdaki çizelge 6.5' de gösterilmiştir.

Çizelge 6.5. Statlog heart disease dataseti için elde edilen test sınıflama sonuçları

Fold sayısı	**Eğitim data boyutu**	**Test data boyutu**	**Eğitim süresi (dakika)**	**Hafıza antikor sayısı**	**Test doğruluğu (%)**
1	180	90	32	15	81.12
2	180	90	45	21	87.47
3	180	90	36	17	85.24
Ortalama			**37.16**	**17.66**	**84.61**

Çizelge 6.5' e baktığımızda Statlog heart disease data seti fold sayısı olan 3' e bölünmüş ve her katta 3 parçadan ikisi yani 180 adet veri eğitim için, diğer bir parçası yani 90 adet veri ise test datası olarak ayrılmıştır. Her kat için sırasıyla eğitme sürelerine baktığımızda 32, 45 ve 36 dakika sürmüş ve bunun sonucunda da her fold için sırasıyla 15, 21 ve 17 adet hafıza antikoru oluşmuştur. Her fold için elde edilen test doğruluk oranları ise sırasıyla %81.12, %87.47 ve %85.24 değerleri elde edilmiştir. Bu doğruluk değerleri toplanarak 3' e bölündü ve ortalama bir test doğruluk oranı olarak %84.61 değeri elde edildi. Sonuç olarak toplam verilerin %15.39' u hatalı olarak sınıflanmıştır. Bu oran sistemimizin bu veri seti için başarılı ve verimli bir şekilde çalıştığının göstergesi niteliğindedir.

Aşağıdaki çizelge 6.6' da ise elde edilen bu sonuçların diğer araştırmacılar tarafından geliştirilen sistemlerden alınan sonuçlar ile karşılaştırılması yapılmıştır.

Çizelge 6.6. Statlog heart disease dataseti için elde edilen sonuçların literatürdeki çalışmalar ile karşılaştırılması

Metod	Doğruluk (%)
Elipsoidal-YBS (Bu Çalışma)	**84.61±3.22**
AWAIS (Özşen ve Güneş, 2009)	87.4
Coordinate descent margin based-twin SVM (Shao ve Deng, 2012)	84.44±6.80
Simulated annealing and subtractive clustering based fuzzy classifier (Torun ve Tohumoğlu, 2011)	81.11±5.91
PSOPRO (Particle swarm optimization for PROAFT) (Al-Obeidat ve ark., 2011)	84.27
Extreme Learning Machine-ELM (Helmy ve Rasheed, 2009)	88.44
Full-Set (Jiang ve Wang, 2010)	75.00
MOGA k-clustering (Dutta ve ark., 2012)	78.70
Different approaches in Statlog Project (Heart, 2008)	76.7

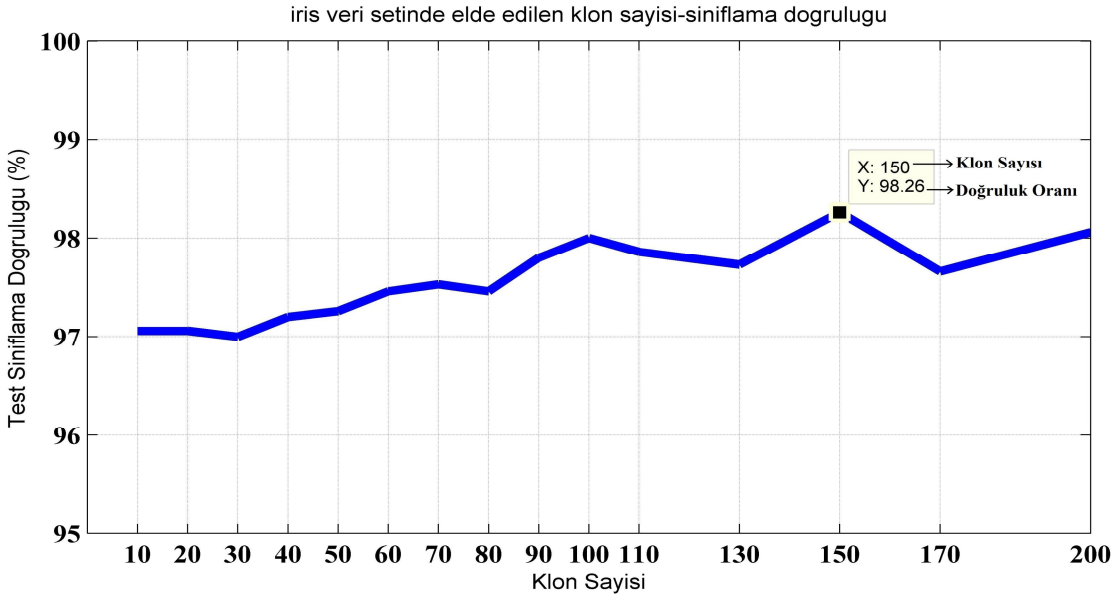
Çizelge 6.6' dan de anlaşılacağı gibi alınan sonuçlar, yapılmış diğer çalışmalardaki sonuçlar kadar iyi bir sınıflama doğruluğuna sahiptir.

6.2. Geliştirilen Klonsal Seçme Tabanlı Elipsoid Şekilli Katmanlı-YBS Sisteminin Araştırma Sonuçları

Çalışmada geliştirilen bu sistemin performans sonuçlarının elde edilmesinde UCI makine öğrenme deposundan alınan İris, BUPA Liver Disorder, Statlog Heart

Disease ve Pima Diabetes sınıflama problemlerinden yararlanılmıştır. Bu veri setlerinin ayrıntılı özellikleri bölüm 5.3' de anlatılmıştır.

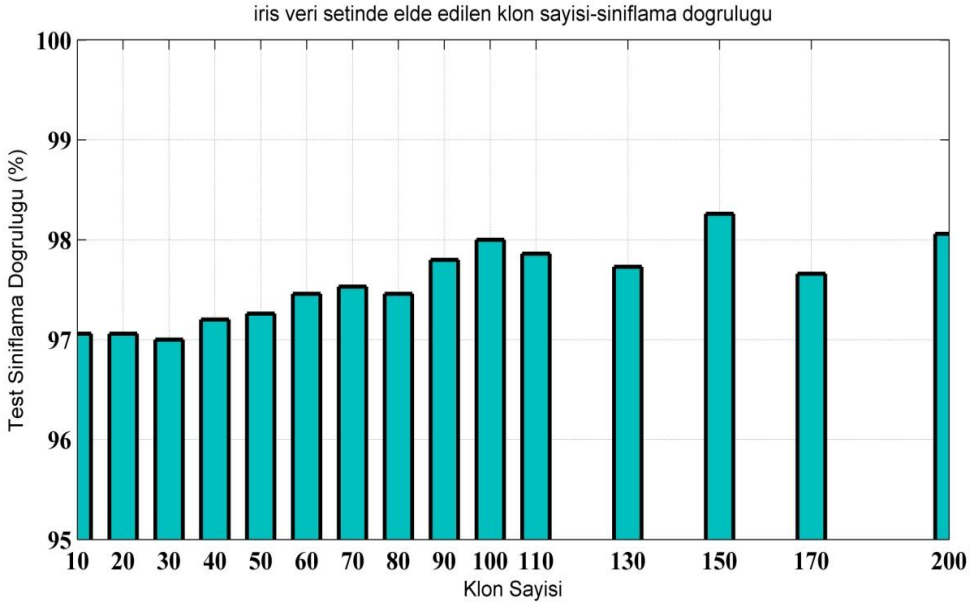
İlk kullanılan veri seti İris veri kümesidir. Veri seti 5 kata ayrılarak 5-fold çapraz doğrulama metodu uygulanmıştır. Ayrıca elde edilen sonuçlar, sistemin 10 kere çalıştırılması sonucunda elde edilmiştir. Her defasında 5 katın 1 katı test için geriye kalan 4 katı ise eğitim datası için ayrılarak eğitim ve test aşamaları 10 kez çalıştırıldı. En sonunda her çalıştırmada alınan sınıflama doğruluk sonuçları toplanarak 10' a bölündü ve böylece ortalama bir test sınıflama doğruluğu elde edildi. Ortalama test doğruluk oranından başka ortalama antikor sayısı, ortalama katman sayısı ve ortalama eğitme süreleri de tespit edilen diğer sonuçlardır. Uygulama sonuçlarının ortalama değerleri çizelge 6.7' de ve ayrıntılı olarak elde edilen sonuçlar ise ek-1' de verilmiştir. Çizelge 6.7' de verilen değerlerin hepsi 5-fold çapraz doğrulama metodu ile 10 kere çalıştırılma sonucunda ulaşılan ortalama değerlerdir. İris veri seti ile birlikte diğer tüm veri kümelerinde klon sayısı değiştirilerek ve aynı işlemler tekrar edilerek performans analiz sonuçlarına ulaşıldı. Bu veri seti için klon sayısı 10 ile 200 arasında değiştirilerek test sınıflama doğrulukları ile birlikte diğer değerler de not edildi.



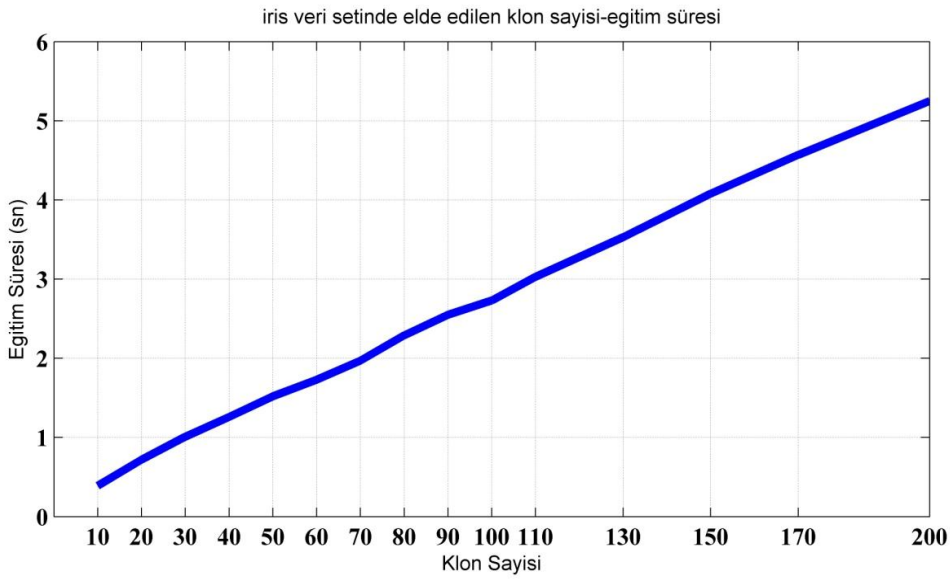
Şekil 6.1. İRİS veri setinden elde edilen klon sayısı- test sınıflama doğruluğu ilişkisi

Şekil 6.1' de İris veri kümesinden elde edilen klon sayısındaki değişime göre ulaşılan test sınıflama doğruluk değerleri görülmektedir. Şekilden de anlaşılacağı gibi iris veri kümesi için klon sayısı 150 iken %98.26 test sınıflama doğruluğu ile en yüksek değer elde edildi. Mevcut grafiğe şekil 6.2' deki gibi bir de başka şekilde bakacak

olursak, klon sayısına göre elde edilen doğruluk oranlarındaki değişim biraz daha anlaşılır olmaktadır. Buna göre klon sayısı 100 olana kadar sınıflama doğruluğu genel olarak bir artış göstermiş, fakat 100' den sonra salınımlı bir değişim göstermiştir.



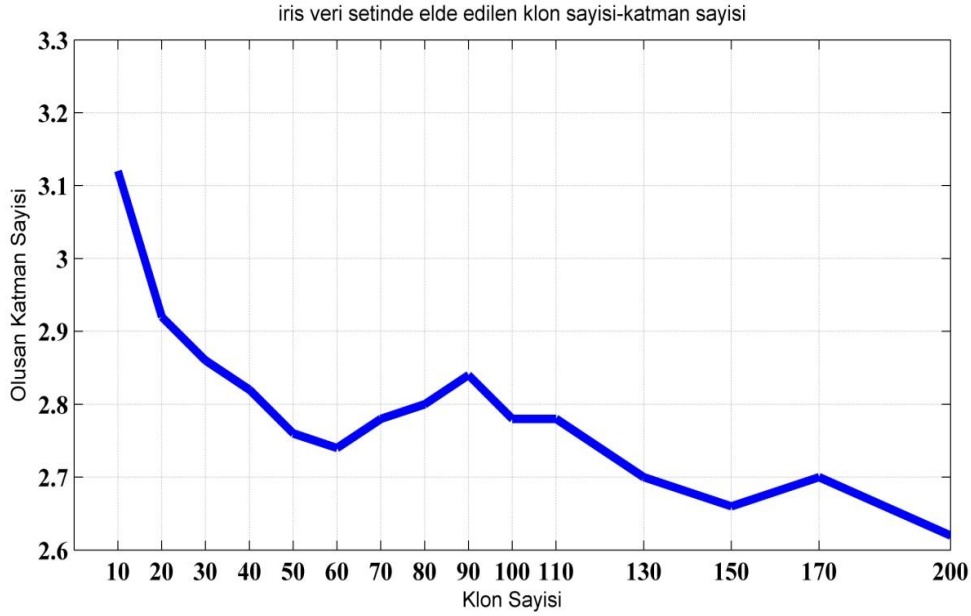
Şekil 6.2. İRİS veri setinden elde edilen klon sayısı- test sınıflama doğruluğu ilişkisi



Şekil 6.3. İRİS veri setinden elde edilen klon sayısı- eğitim süresi ilişkisi

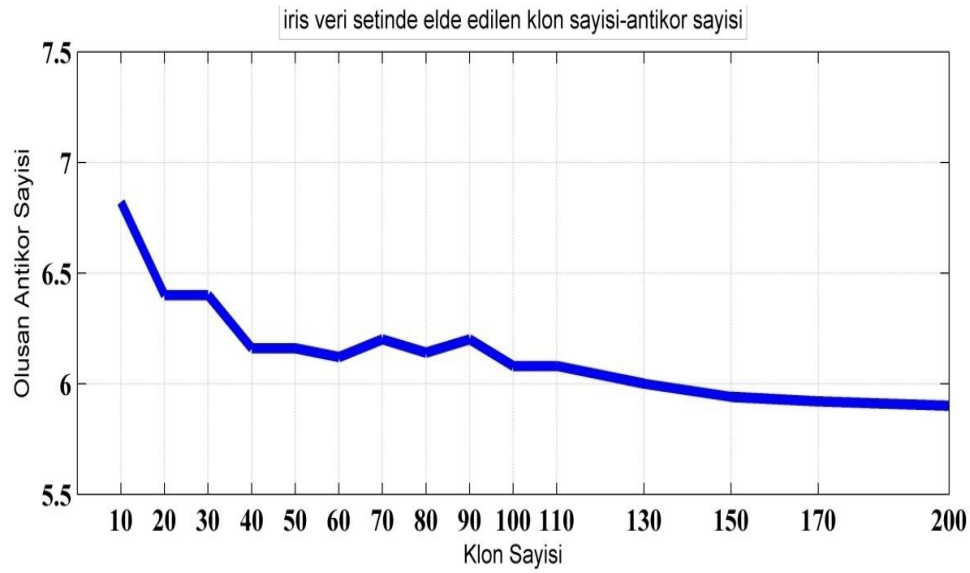
Şekil 6.3' de ise İris veri kümesinden elde edilen klon sayısındaki değişime göre ulaşılan saniye cinsinden eğitme süreleri görülmektedir. Şekilden de anlaşılacağı üzere bu veri seti için klon sayısındaki doğrusal artış aynı şekilde eğitme süresinin de lineer

bir şekilde artmasına neden oldu. Klon sayısı ne kadar yüksek olursa, sistemin her bir Ab klonu için harcayacağı süre nedeniyle eğitme süresi de o kadar yüksek olmaktadır.



Şekil 6.4. İRİS veri setinden elde edilen klon sayısı- oluşan katman sayısı ilişkisi

Şekil 6.4' de ise İris veri kümesinden elde edilen klon sayısındaki değişime göre oluşan katman sayısı görülmektedir. Şekilden de anlaşılacağı gibi bu veri seti için klon sayısındaki doğrusal artış katman sayısında düşüşe sebep oldu. Bunun nedeni klon sayısının artması ile çeşitlilik artmış ve buna bağlı olarak da daha az sayıda katman ile en iyi homojenitiye sahip antikorların oluşmuş olmasıdır.



Şekil 6.5. İRİS veri setinden elde edilen klon sayısı- oluşan antikor sayısı ilişkisi

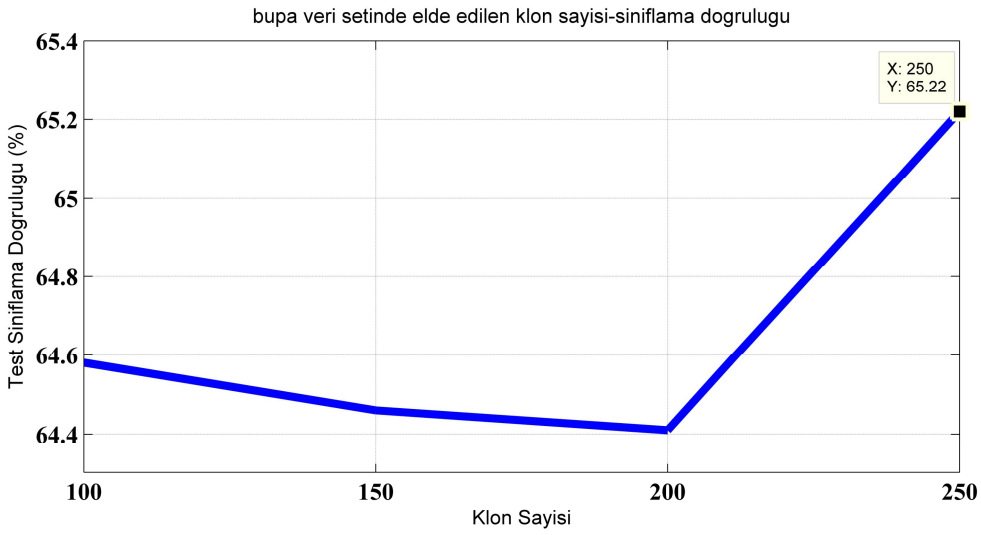
Şekil 6.5’ de ise İris veri kümesinden elde edilen klon sayısındaki değişime göre oluşan antikor sayısı görülmektedir. Şekilden de anlaşılacağı gibi bu veri seti için klon sayısındaki doğrusal artış antikor sayısında düşüşe sebep oldu. Bunun nedeni klon sayısının artması ile çeşitlilik artmış ve buna bağlı olarak da daha az sayıda katman ile en iyi homojenitiye sahip antikorların oluşmuş olmasıdır.

Çizelge 6.7’ de genel itibariyle tüm klon sayıları için elde edilmiş ortalama uygulama sonuçları ile birlikte standart sapma değerleri de verildi. Çizelgeye göre en iyi ortalama test sınıflama doğruluk değeri klon sayısı 150 seçildiğinde %98.26 ± 0.46 sonucu elde edildi. En az ortalama antikor sayısı ise klon sayısı 200 iken 5.9 ± 0.25, en az ortalama katman sayısı klon sayısı 200 seçildiğinde 2.62 ± 0.22 ve saniye cinsinden en kısa eğitme süresi ise klon sayısı 10 iken 0.39 ± 0.03 sonuçlarına ulaşıldı.

Çizelge 6.7. İRİS veri seti uygulama sonuçları

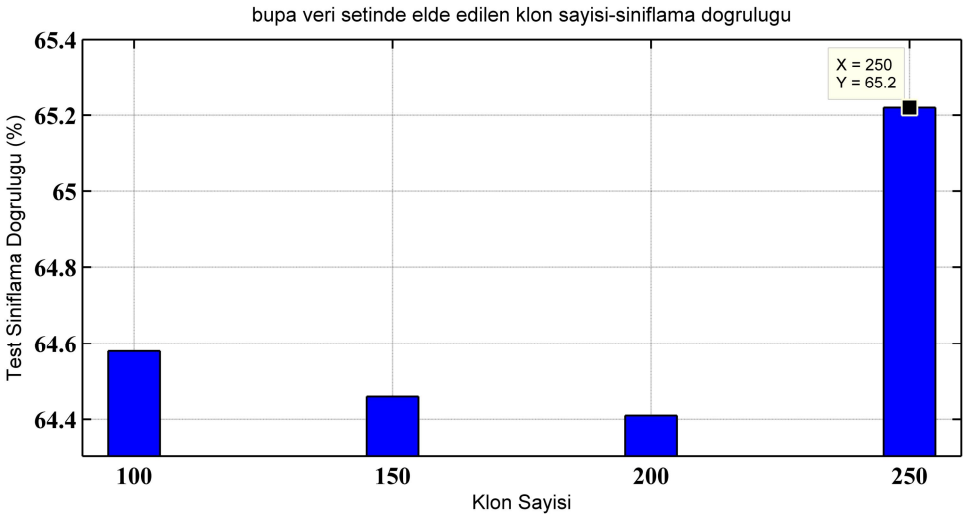
Klon Sayısı	Ortalama Test Sınıflama Doğruluğu (%)	Ortalama Antikor Sayısı	Ortalama Katman Sayısı	Ortalama Eğitme Süresi (saniye)
10	97.06 ± 0.78	6.82 ± 0.38	3.12 ± 0.16	0.39 ± 0.03
20	97.06 ± 0.56	6.4 ± 0.37	2.92 ± 0.23	0.72 ± 0.03
30	97 ± 0.56	6.4 ± 0.31	2.86 ± 0.16	1.01 ± 0.04
40	97.2 ± 0.68	6.16 ± 0.47	2.82 ± 0.23	1.26 ± 0.07
50	97.26 ± 0.66	6.16 ± 0.36	2.76 ± 0.22	1.52 ± 0.08
60	97.46 ± 0.52	6.12 ± 0.26	2.74 ± 0.18	1.73 ± 0.05
70	97.53 ± 0.54	6.2 ± 0.26	2.78 ± 0.14	1.97 ± 0.06
80	97.46 ± 0.68	6.14 ± 0.36	2.8 ± 0.24	2.29 ± 0.10
90	97.8 ± 0.44	6.2 ± 0.35	2.84 ± 0.18	2.55 ± 0.13
100	98 ± 0.44	6.08 ± 0.28	2.78 ± 0.19	2.73 ± 0.09
110	97.86 ± 0.28	6.08 ± 0.32	2.78 ± 0.22	3.03 ± 0.12
130	97.73 ± 0.56	6 ± 0.18	2.7 ± 0.10	3.53 ± 0.11
150	98.26 ± 0.46	5.94 ± 0.26	2.66 ± 0.16	4.08 ± 0.21
170	97.66 ± 0.35	5.92 ± 0.16	2.7 ± 0.10	4.57 ± 0.22
200	98.06 ± 0.37	5.9 ± 0.25	2.62 ± 0.22	5.25 ± 0.22

İkinci olarak kullanılan veri seti ise BUPA Liver Disorders veri kümesidir. Veri seti 3 kata ayrılarak 3-fold çapraz doğrulama metodu uygulandı. Eğitim ve test aşamaları 5 kez çalıştırıldı. En sonunda her çalıştırmada alınan sınıflama doğruluk sonuçları toplanarak 5' e bölündü ve böylece ortalama bir test sınıflama doğruluğu elde edildi. Ortalama test doğruluk oranından başka ortalama antikor sayısı, ortalama katman sayısı ve ortalama eğitme süreleri de tespit edilen diğer sonuçlardır. Uygulama sonuçlarının ortalama değerleri çizelge 6.8' de ve ayrıntılı olarak elde edilen sonuçlar ise ek-2' de verilmiştir. Çizelge 6.8' de verilen değerlerin hepsi 3-fold çapraz doğrulama metodu ile 5 kere çalıştırılma sonucunda ulaşılan ortalama değerlerdir. Bu veri seti için klon sayısı 100, 150, 200 ve 250 seçilerek test sınıflama doğrulukları ile birlikte diğer değerler de not edildi. Bu veri seti için klon sayısı değiştikçe yani daha çok arttıkça ortalama test doğruluk oranı değişmediği için diğer klon sayıları için program çalıştırılmadı.

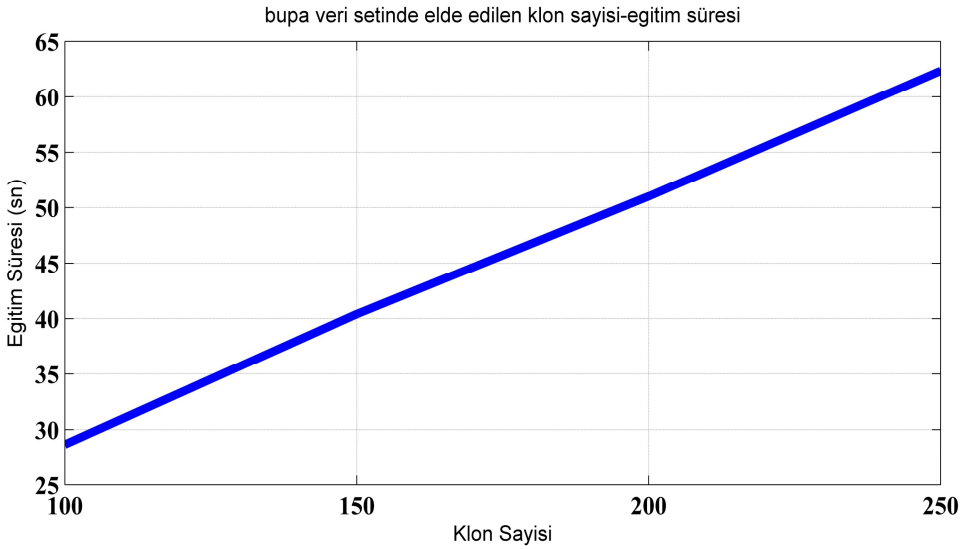


Şekil 6.6. BUPA liver disorders veri setinden elde edilen klon sayısı- test sınıflama doğruluğu ilişkisi

Şekil 6.6' da BUPA veri kümesinden elde edilen klon sayısındaki değişime göre ulaşılan test sınıflama doğruluk değerleri görülmektedir. Şekilden de anlaşılacağı gibi BUPA veri kümesi için klon sayısı 250 iken %65.22 test sınıflama doğruluğu ile en yüksek değer elde edildi. Mevcut grafiğe şekil 6.7' deki gibi bir de başka şekilde bakacak olursak, klon sayısına göre elde edilen doğruluk oranlarındaki değişim biraz daha anlaşılır olmaktadır.

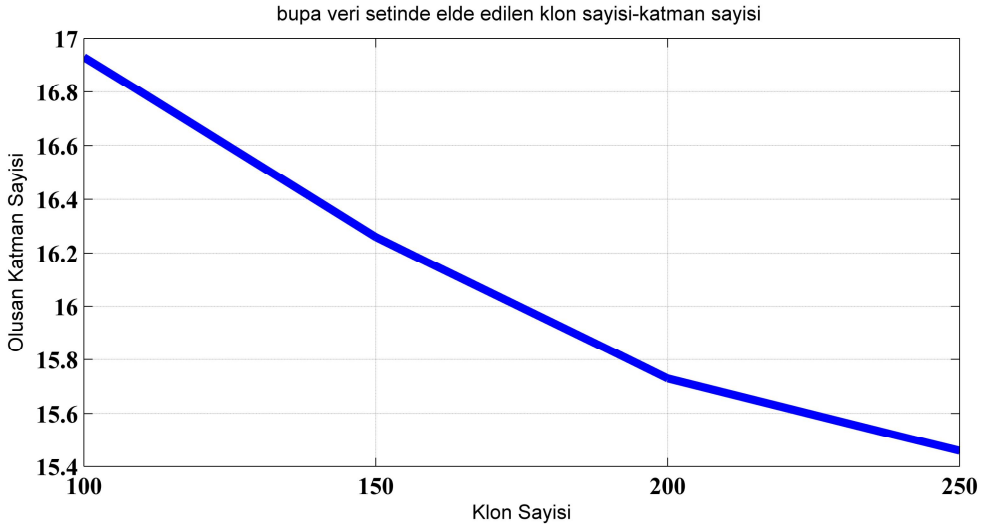


Şekil 6.7. BUPA liver disorders veri setinden elde edilen klon sayısı- test sınıflama doğruluğu ilişkisi



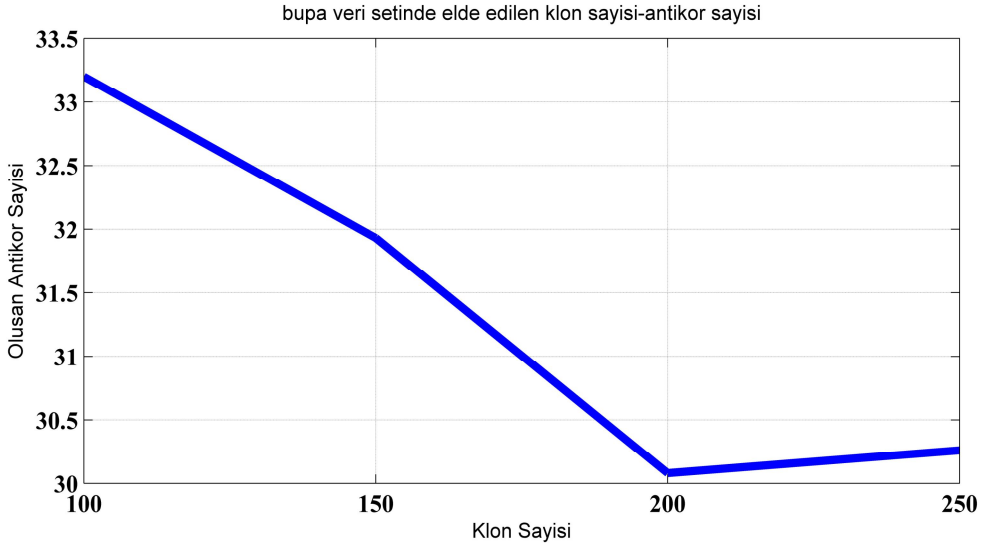
Şekil 6.8. BUPA liver disorders veri setinden elde edilen klon sayısı- eğitme süresi ilişkisi

Şekil 6.8' de ise BUPA veri kümesinden elde edilen klon sayısındaki değişime göre ulaşılan saniye cinsinden eğitme süreleri görülmektedir. Şekilden de anlaşılacağı üzere bu veri seti için klon sayısındaki doğrusal artış aynı şekilde eğitme süresinin de lineer bir şekilde artmasına neden oldu.



Şekil 6.9. BUPA liver disorders veri setinden elde edilen klon sayısı- oluşan katman sayısı ilişkisi

Şekil 6.9' de ise BUPA veri kümesinden elde edilen klon sayısındaki değişime göre oluşan katman sayısı görülmektedir. Şekilden de anlaşılacağı gibi bu veri seti için klon sayısındaki doğrusal artış katman sayısında düşüşe sebep oldu.



Şekil 6.10. BUPA liver disorders veri setinden elde edilen klon sayısı- oluşan antikor sayısı ilişkisi

Şekil 6.10' de ise BUPA veri kümesinden elde edilen klon sayısındaki değişime göre oluşan antikor sayısı görülmektedir. Şekilden de anlaşılacağı gibi bu veri seti için klon sayısındaki doğrusal artış antikor sayısında düşüşe sebep oldu.

Çizelge 6.8. BUPA liver disorders veri seti uygulama sonuçları

Klon Sayısı	Ortalama Test Sınıflama Doğruluğu (%)	Ortalama Antikor Sayısı	Ortalama Katman Sayısı	Ortalama Eğitme Süresi (saniye)
100	64.58 ± 0.66	33.2 ± 2.51	16.93 ± 1.34	28.67 ± 1.7
150	64.46 ± 1.05	31.93 ± 0.64	16.26 ± 0.43	40.41 ± 1.37
200	64.41 ± 1.16	30.08 ± 1.21	15.73 ± 0.59	51.02 ± 1.16
250	65.22 ± 0.95	30.26 ± 1.03	15.46 ± 0.55	62.34 ± 3.1

Çizelge 6.8' de genel itibariyle tüm klon sayıları için elde edilmiş ortalama uygulama sonuçları ile birlikte standart sapma değerleri de verildi. Çizelgeye göre en iyi ortalama test sınıflama doğruluk değeri klon sayısı 250 seçildiğinde % 65.22 ± 0.95 sonucu elde edildi. En az ortalama antikor sayısı ise klon sayısı 200 iken 30.08 ± 1.21, en az ortalama katman sayısı klon sayısı 250 seçildiğinde 15.46 ± 0.55 ve saniye cinsinden en kısa eğitme süresi ise klon sayısı 100 iken 28.67 ± 1.7 sonuçlarına ulaşıldı.

Üçüncü olarak kullanılan bir diğer veri seti de Statlog Heart Disease veri kümesidir. Veri setine 3-fold çapraz doğrulama metodu uygulandı. Eğitim ve test aşamaları 5 kez çalıştırıldı. En sonunda her çalıştırmada alınan sınıflama doğruluk sonuçları toplanarak 5' e bölündü ve böylece ortalama bir test sınıflama doğruluğu elde edildi. Ortalama test doğruluk oranından başka ortalama antikor sayısı, ortalama katman sayısı ve ortalama eğitme süreleri de tespit edilen diğer sonuçlardır. Uygulama sonuçlarının ortalama değerleri çizelge 6.9' da ve ayrıntılı olarak elde edilen sonuçlar ise ek-3' de verilmiştir. Çizelge 6.9' da verilen değerlerin hepsi 3-fold çapraz doğrulama metodu ile 5 kere çalıştırılma sonucunda ulaşılan ortalama değerlerdir. Bu veri seti için klon sayısı 100, 150 ve 200 seçilerek test sınıflama doğrulukları ile birlikte diğer değerler de not edildi. Bu veri seti için klon sayısı değiştikçe yani daha çok arttıkça ortalama test doğruluk oranı değişmediği için diğer klon sayıları için program çalıştırılmadı.

Çizelge 6.9. Statlog heart disease veri seti uygulama sonuçları

Klon Sayısı	Ortalama Test Sınıflama Doğruluğu (%)	Ortalama Antikor Sayısı	Ortalama Katman Sayısı	Ortalama Eğitme Süresi (saniye)
100	78.66 ± 0.82	10.26 ± 0.76	5.4 ± 0.49	12.89 ± 1.18
150	77.20 ± 0.72	9.4 ± 0.43	4.8 ± 0.18	17.74 ± 0.72
200	78.08 ± 0.71	9.4 ± 0.36	4.93 ± 0.27	23.00 ± 0.54

Çizelge 6.9' da genel itibariyle tüm klon sayıları için elde edilmiş ortalama uygulama sonuçları ile birlikte standart sapma değerleri de verildi. Çizelgeye göre en iyi ortalama test sınıflama doğruluk değeri klon sayısı 100 seçildiğinde %78.66 ± 0.82 sonucu elde edildi. En az ortalama antikor sayısı ise klon sayısı 200 iken 9.4 ± 0.36, en az ortalama katman sayısı klon sayısı 150 seçildiğinde 4.8 ± 0.18 ve saniye cinsinden en kısa eğitme süresi ise klon sayısı 100 iken 12.89 ± 1.18 sonuçlarına ulaşıldı.

Son olarak kullanılan veri seti ise Pima Diabetes veri kümesidir. Veri setine 5-fold çapraz doğrulama metodu uygulandı. Eğitim ve test aşamaları 5 kez çalıştırıldı. En sonunda her çalıştırmada alınan sınıflama doğruluk sonuçları toplanarak 5' e bölündü ve böylece ortalama bir test sınıflama doğruluğu elde edildi. Ortalama test doğruluk oranından başka ortalama antikor sayısı, ortalama katman sayısı ve ortalama eğitme süreleri de tespit edilen diğer sonuçlardır. Uygulama sonuçlarının ortalama değerleri çizelge 6.10' da ve ayrıntılı olarak elde edilen sonuçlar ise ek-4' de verilmiştir. Çizelge 6.10' da verilen değerlerin hepsi 5-fold çapraz doğrulama metodu ile 5 kere çalıştırılma sonucunda ulaşılan ortalama değerlerdir. Bu veri seti için klon sayısı 100, 150 ve 200 seçilerek test sınıflama doğrulukları ile birlikte diğer değerler de not edildi. Bu veri seti için klon sayısı değiştikçe yani daha çok arttıkça ortalama test doğruluk oranı değişmediği için diğer klon sayıları için program çalıştırılmadı.

Çizelge 6.10. Pima diabetes veri seti uygulama sonuçları

Klon Sayısı	Ortalama Test Sınıflama Doğruluğu (%)	Ortalama Antikor Sayısı	Ortalama Katman Sayısı	Ortalama Eğitme Süresi (saniye)
100	72.25 ± 0.80	64.08 ± 3.17	32.28 ± 1.56	116.54 ± 0.49
150	71.28 ± 0.39	60.52 ± 1.60	30.4 ± 0.78	160.79 ± 5.59
200	71.22 ± 0.34	57.84 ± 3.51	29.12 ± 1.67	200.79 ± 5.15

Çizelge 6.10' da genel itibariyle tüm klon sayıları için elde edilmiş ortalama uygulama sonuçları ile birlikte standart sapma değerleri de verildi. Çizelgeye göre en iyi ortalama test sınıflama doğruluk değeri klon sayısı 100 seçildiğinde %72.25 ± 0.80 sonucu elde edildi. En az ortalama antikor sayısı ise klon sayısı 200 iken 57.84 ± 3.51, en az ortalama katman sayısı klon sayısı 200 seçildiğinde 29.12 ± 1.67 ve saniye cinsinden en kısa eğitme süresi ise klon sayısı 100 iken 116.54 ± 0.49 sonuçlarına ulaşıldı.

Tüm bu uygulama yapılan veri setlerinden elde edilen sonuçlara baktığımızda oluşturulan katmanlı-YBS yapının şekil uzayına çok bağlı bir sistem olduğu anlaşıldı. Buna rağmen tüm veri setleri için ortalama eğitme süreleri çok iyi durumda olup geliştirilen ilk sisteme göre büyük avantaja sahiptir. Ayrıca katmanlı-YBS sistemi sayesinde her bir data en uygun katmanda sınıflanmış oldu. Ortalama test sınıflama doğruluk oranlarının bazı veri kümelerinde düşük çıkmasının sebebi, hiçbir katmandaki antikorların tanıma alanlarına dahil olamayan verilerin katmanlar içerisindeki antikorlardan kendisine en yakın olanına dahil edilmiş olmasıdır.

Aşağıdaki çizelgelerde ise geliştirilen katmanlı elipsoidal-YBS' nin BUPA liver disorders, Satatlog heart disease ve Pima diabetes problemlerine uygulanması ile elde edilen sonuçların diğer araştırmacılar tarafından geliştirilen sistemlerden alınan sonuçlarla karşılaştırılması yapılmıştır.

Çizelge 6.11. BUPA liver disorders dataseti için elde edilen sonuçların literatürdeki çalışmalar ile karşılaştırılması

Metod	Doğruluk (%)
Katmanlı Elipsoidal-YBS (Bu Çalışma)	**65.22 ± 0.95**
Reduced SVMs (Lee ve Mangasarian, 2001a;2001b)	74.9
FAIRS (Polat ve ark., 2007)	83.4
Impr.Swarm Opt. Functional Link ANN (ISO-FLANN) (Dehuria ve ark., 2012)	76.80
Coordinate descent margin based-twin SVM (Shao ve Deng, 2012)	72.80±5.31
Simulated annealing and subtractive clustering based fuzzy classifier (Torun ve Tohumoğlu, 2011)	74.13±12.7
PSOPRO (Particle swarm optimization for PROAFT) (Al-Obeidat ve ark., 2011)	69.31
Fully complex valued RBF (Savitha ve ark., 2012)	74.6
Inverted Hierarchical Neuro-Fuzzy BSP System (Lekkas ve Mikhailov, 2010)	73.33
CBR-PSO (Case Based Reasoning- Particle Swarm Optimization) (Lin ve Chang, 2010)	78.18

Çizelge 6.11' de de görüldüğü gibi katmanlı elipsoidal-YBS sisteminin uygulama sonuçları, diğer çalışmalardaki sonuçlara göre daha düşük seviyededir. Bu sebeple mevcut sistemin BUPA veri kümesine uygulanması uygun değildir.

Çizelge 6.12. Statlog heart disease dataseti için elde edilen sonuçların literatürdeki çalışmalar ile karşılaştırılması

Metod	Doğruluk (%)
Katmanlı Elipsoidal-YBS (Bu Çalışma)	**78.66 ± 0.82**
AWAIS (Özşen ve Güneş, 2009)	87.4
Coordinate descent margin based-twin SVM (Shao ve Deng, 2012)	84.44±6.80
Simulated annealing and subtractive clustering based fuzzy classifier (Torun ve Tohumoğlu, 2011)	81.11±5.91
PSOPRO (Particle swarm optimization for PROAFT) (Al-Obeidat ve ark., 2011)	84.27
Extreme Learning Machine-ELM (Helmy ve Rasheed, 2009)	88.44
Full-Set (Jiang ve Wang, 2010)	75.00
MOGA k-clustering (Dutta ve ark., 2012)	78.70
Different approaches in Statlog Project (Heart, 2008)	76.7

Çizelge 6.12' ye bakıldığında, katmanlı elipsoidal-YBS sisteminden elde edilen uygulama sonuçları, yapılmış birkaç çalışmanın elde ettiği doğruluk oranlarından düşük olsa da diğer çalışmalardaki sonuçlara göre daha iyi bir sınıflama doğruluğuna sahiptir.

Çizelge 6.13. Pima diabetes dataseti için elde edilen sonuçların literatürdeki çalışmalar ile karşılaştırılması

Metod	Doğruluk (%)
Katmanlı Elipsoidal-YBS (Bu çalışma)	**72.25 ± 0.80**
Kernel-based fuzzy clustering (Graves ve Pedrycz, 2010)	71.50±0.1
Fuzzy-MSFA with λ=5 (Chatzis, 2010)	75.30
Statlog project (Michie ve ark., 1994)	78.00
Generative mixture model (Chatzis ve Tsechpenakis, 2012)	74.49
MLP-Conjugate Gradient (Augastaa ve Kathirvalavakumar, 2012)	74.00
Impr.Swarm Opt. Functional Link ANN (ISO-FLANN) (Dehuria ve ark., 2012)	79.63
Coordinate descent margin based-twin SVM (Shao ve Deng, 2012)	75.72±5.84
Fast global k-means algorithm (Minga ve Kionga, 2011)	71.24
Hybrid model of ANN and Multiple Linear Regression (Khashei ve ark., 2012)	81.9
Clustered Hybrid MLP (Isa ve Mamat, 2011)	80.59±2.22
Simulated annealing and subtractive clustering based fuzzy classifier (Torun ve Tohumoğlu, 2011)	78.78±3.79
PSOPRO (Particle swarm optimization for PROAFT) (Al-Obeidat ve ark., 2011)	77.47
AINE based artificial immune classifier (Chang ve Yeh, 2012)	74.9
Fully complex valued RBF (Savitha ve ark., 2012)	78.53
*e*Class (Lekkas ve Mikhailov, 2010)	79.37
Inverted Hierarchical Neuro-Fuzzy BSP System (Goncalves ve ark., 2006)	78.26
Extreme Learning Machine-ELM (Helmy ve Rasheed, 2009)	79.61

Çizelge 6.13' den anlaşılacağı üzere, bu tez çalışmasında geliştirilen katmanlı elipsoidal-YBS sisteminden elde edilen doğruluk oranı, literatürdeki çalışmalarda ulaşılan çoğu sonuçdan daha düşük seviyede olmasına rağmen diğer bazı çalışmalara göre geliştirilen algoritmanın daha iyi bir performansa sahip olduğu görülmektedir.

7. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

7.1. Sonuçlar

Yapay bağışıklık sisteminde yaşanan gelişmeler iki farklı alanda ama birbirleri ile ilişkili bir şekilde devam etmektedir. Bu alanlardan ilki yeni algoritmalar ve modeller sunularak araştırmacıların dikkatini çekmeyi başaran bu çalışma alanının geliştirilmesini sağlamaktır. Diğeri ise mevcut modelleri ve algoritmaları kullanarak gerçek hayattaki sorunlara uygulayıp kullanabilirliği artırmaktır. Bu tez çalışması da bahsedilen her iki alanda da yerini almıştır. Amacı daha verimli ve yüksek performans ile sonuçlara ulaşılabilen bir sistemin oluşturulmasıdır. Bunu gerçeklemek için ise, klonsal seçme tabanlı elipsoidal yapay bağışıklık sistemi ve klonsal seçme tabanlı elipsoid şekilli katmanlı-YBS sistemi olmak üzere iki sistem geliştirilmiştir.

Elde edilen tüm bu çalışmaları bilgisayar ortamında görmek ve geliştirilen sistemlerin uygunluğu ile performans analizlerini yaparak sonuçları elde edebilmek için MATLAB yazılım programı kullanılmıştır. Geliştirilen ilk sistem için ulaşılan sonuçlara baktığımızda Pima diabetes data seti için ortalama test doğruluğu %79.97 sonucuna yaklaşık 125 dakikada ulaşılmıştır. Aynı veri seti için geliştirilen ikinci sistemi kullandığımızda ise ortalama test doğruluğu olarak %72.25 sonucuna yaklaşık 120 saniyede yani 2 dakika gibi kısa bir sürede ulaşmıştır. Ortalama test doğruluk oranı olarak ilk sistem daha avantajlı olmasına karşın bu sonuca ulaşmak için geçen süre açısından ikinci sistem araştırmacıların tam da istediği bir sistem olarak kendini göstermektedir. Aynı şekilde geliştirilen ilk sistem ile BUPA Liver Disorders ve Statlog Heart Disease veri setleri için sırasıyla ortalama test doğruluk oranları %85.45 ve %84.61 sonuçları elde edilmiş ve geçen süre ise sırasıyla 65 ve 36 dakikadır. Aynı veri setleri için ikinci sistemdeki elde edilen değerlere bakıldığında, BUPA Liver Disorders için %65.22 ve Statlog Heart Disease için ise %78.66 sonuçları elde edilmiştir. Geçen süreler ise sırasıyla 62.34 saniye ve 12.89 saniye olmuştur. Ayrıca ikinci geliştirilen sistem İris veri kümesine uygulanmış ve ortalama doğruluk oranı olarak %98.26 sonucu yaklaşık 4 saniye olarak belirlenmiştir ki bu süre dikkat çekici kısa bir süredir.

Geliştirilen her iki sistem için elde edilen sonuçlara bakıldığında ilk sistemin ortalama sınıflama doğruluk oranı, ikinci sistemin ise eğitme verilerini eğitmek için geçen süre açısından verimli ve performansı yüksek sistemler olduğu ispatlanmış oldu.

7.2. Öneriler

Oluşturulan iki sistem arasındaki tek fark ikinci geliştirilen sistemin katmanlı bir yapıya sahip olmasıdır. Her iki sistem de şekil uzayına bağlı bir yapıyla tasarlanmıştır. Bu durumun dezavantajı olduğu gibi avantajları daha ağır basmaktadır. Katmanlı sistemin göze çarpan en önemli ve aynı zamanda araştırmacıların dikkatini bu çalışmaya çekmesine sebep olması düşünülen özelliği tüm veri setlerindeki eğitme süresi için harcanan zamanın saniyeler ile ifade edilebiliyor olmasıdır. Geliştirilen katmanlı-YBS sisteminin üzerinde çalışıldığında daha iyi doğruluk oranları elde edilmesinin sağlanması ile literatürde önemli bir yere sahip olacağı düşünülmektedir. Bu iyileştirme çalışmaları yapılırken klonlama sayısı dikkate alınması gereken önemli bir unsurdur. Ayrıca gerçel dünya problemlerindeki veriler içerisinden o veri setine aykırı bazı dataların çıkarılması daha iyi performans sonuçlarının elde edilmesine olanak veren bir başka etkendir.

KAYNAKLAR

Abbas, A. K., Lichtman, A. H. and Pober, J. S., 2000, Celluar and Molecular Immunology, *W. B. Sounders Com.*, United States of America, 54-229.

Ada, G.L. and Nossal, G.J. V., 1987, The Clonal Selection Theory, Scientific American, 257 (2), 50-57.

Agbinya, J.I. and Chaczko, Z., 2009, Replicating Cytokines in Modelling Signal Exchange between Nodes in Wireless Mesh Networks, *Proceedings of the International MultiConference of Engineers and Computer Scientists 2009-IMECS,* Hong Kong, 1, 4.

Al-Obeidat, F., Belacela, N., Carretero, J.A. and Mahanti, P., 2011, An evolutionary framework using particle swarm optimization for classification method PROAFTN, *Applied Soft Computing*, 11-8, 4971–4980.

Anagnostopoulos, G. C. and Georgiopoulos, M., 2001, Ellipsoid ART and ARTMAP for Incremental Clustering and Classification, *in 2001 Proc. IJCNN'01 Conf.*, 1221-1226.

Anonim, 2012, *Bağışıklık sistemi* [online], http://tr.wikipedia.org/wiki/Ba%C4%9F%C4%B1%C5%9F%C4%B1kl%C4%B1k_sistemi [Ziyaret Tarihi: 27 Şubat 2012].

Anonim, 2010, *Immunoloji* [online], web.inonu.edu.tr/~iozerol/rdurmaz/immunoloji01.ppt [Ziyaret Tarihi: 29 Şubat 2012].

Augastaa, M.G. and Kathirvalavakumar, T., 2012, A new discretization algorithm based on range coefficient of dispersion and skewness for neural networks classifier, *Applied Soft Computing*, 12-2, 619–625.

Aw, D., Silva, A. and Palmer, D., 2007, Immunosenescence: emerging challenges for an ageing population, *Immunology*, 120 (4), 435–446.

Balachandran, S., Dasgupta, D., Nino, F. and Garrett, D., 2007, A General Framework for Evolving Multi-Shaped Detectors in Negative Selection, *Proc. of the 2007 IEEE Symposium on Foundations of Computational Intelligence (FOCI 2007)*, 401-408.

Balachandran, S., 2005, Multi-Shaped Detector Generation Using Real Valued Representation For Anomaly Detection, *A Thesis Presented for the Master of Science Degree The University of Memphis*, ABD, 49-59.

Bentley, P., Greensmith, J. and Ujjin, S., 2005, Two Ways to Grow Tissue for Artificial Immune Systems, *ICARIS 2005*, LNCS 3627, 139-152.

Bereta, M. and Burczyriski, T., 2008, Immune K-means and negative selection algorithms for data analysis, *Articles in Press,* 10.1016, 408-426.

Bersini, H., 2006, Immune System Modelling: The OO Way, *ICARIS 2006,* LNCS 4163, 150-163.

Bezobrazov, S., 2008, Neural Networks And Artificial Immune Systems-Malware Detection Tool, *X International PhD Workshop 2008*, 465-469.

Carter, J. H., 2000, The Immune System as a Model For Pattern Recognition and Classification, *Journal of the American Medical Informatics Association,* 7 (1), 28-41.

Carvalho, D. R. and Freitas, A. A., 2001, An Immunological Algorithm for DiscoveringSmall-Disjunct Rules in Data Mining, *Proc. of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, 401-401.

Chandra, R. K., 1997, Nutrition and the immune system: an introduction, *American Journal of Clinical Nutrition,* Vol 66, 460-463.

Chang, S.Y. and Yeh, T.Y., 2012, An artificial immune classifier for credit scoring analysis, *Applied Soft Computing*, 12-2, 611–618.

Chatzis, S.P., 2010, A method for training finite mixture models under a fuzzy clustering principle, *Fuzzy Sets and Systems*, 161, 3000-3013.

Chatzis, S.P. and Tsechpenakis, G., 2012, A possibilistic clustering approach toward generative mixture models, *Pattern Recognition*, 45, 1819-1825.

Chen, J., and Mahfouf, M., 2006, A Populastion Adaptive Based Immune Algorithm for Solving Multi-objective Optimization Problems, *ICARIS 2006*, LNCS 4163, 280-293.

Cutello, V., Narzisi, G., Nicosia, G. and Pavone, M., 2005, Clonal Selection Algorithms: A Comparative Case Study Using Effective Mutation Potentials, *ICARIS 2005*, LNCS 3627, 13-28.

Çırakoğlu, B., 2003, *Bağışıklık Sistemi* [online], Marmara Üniversitesi Tıp Fakültesi - TUBİTAK GMBAE, http://www.biltek.tubitak.gov.tr/bdergi/yeniufuk/icerik/bagisiklik.pdf, [Ziyaret Tarihi: 27 Şubat 2012].

Dasgupta, D. and Attoh-Okine, 1997, Immunity-Based Systems: A Survey, *Proc. of the IEEE SMC 1*, 369-374.

Dasgupta D., 1998, An Overview of Artificial Immune Systems and Their Applications, Artificial immune systems and their applications, *Springer-Verlag*, 3-18.

Dasgupta, D., Ji, Z. And Gonzalez, F., 2003, Artificial Immune Systems (AIS) research in the last five years, *Proceedings of the 2003 Congress on Evolutionary Computation Conference*, Canberra, Australia, December 8T13, 123T130.

Dasgupta, D., Yu, S. and Majumdar, N. S., 2003, MILA-Multilevel Immune Learning Algorithm, *GECCO 2003*, LNCS 2723, 183-194.

Dasgupta, D., Yua, S. and Ninob, F., 2010, Recent Advances in Artificial Immune Systems: Models and Applications, *Applied Soft Computing*, 10.1016/j.asoc.2010.08.024, 1574-1587.

De Castro, L. N. and Von Zuben, F. J., 1999, Artificial Immune Systems: Part I- Basic Theory and Aplications, *Technical Report DCA-RT 01/99.*

De Castro, L.N. and Von Zuben F.J., 2000a, The Clonal Selection Algorithm with Engineering Applications, *In Workshop Proceedings of GECCO*, Las Vegas-USA, 36-37.

De Castro, L. N. and Von Zuben, F. J., 2000b, Artificial Immune Systems: Part II- A Survey of Applications, *Technical Report DCA-RT 02/00.*

De Castro, L.N. and Von Zuben, F.J., 2000c, An Evolutionary Immune Network for Data Clustering, *Proc. of the IEEE Brazilian Symposium on Artificial Neural Networks*, 84-89.

De Castro, L. and Timmis, J., 2002, Artificial Immune Systems: A New Computational Intelligence Approach, *Springer-Verlag*, Berlin - Heidelnerg, 53-86.

De Castro, L. N. , Von Zuben, F. J. and De Deus Jr., G. A., 2003, The construction of a Boolean competitive neural network using ideas from immunology, *Neurocomputing,* 50, 51-85.

De Castro, L.N. and Timmis, J., 2003, Artificial Immune Systems as a Novel Soft Computing Paradigm, *Soft Computing Journal*, 7, 7.

Dehuria, S., Royb, R., Choc, S.B. and Ghoshd, A., 2012, An improved swarm optimized functional link artificial neural network (ISO-FLANN) for classification, *Journal of Systems and Software*, 85-6, 1333-1345.

Dixon, S. and Hua Yu, X., 2010, Bioinformatics Data Mining Using Artificial Immune Systems and Neural Network, *Proceedings of the 2010 IEEE International Conference on Information and Automation June 20 - 23*, Harbin-China, 978-1-4244-5704-5/10, 440-445.

Dutta, D., Dutta, P. and Sil, J., 2012, Clustering by Multi Objective Genetic Algorithm, *1st Int'l Conf. on Recent Advances in Information Technology*, 2012.

Frank, A. and Asuncion, A., 2012, UCI Machine Learning Repository [online], University of California, School of Information and Computer Science, Irvine, CA, 2012 http://archive.ics.uci.edu/ml [Ziyaret Tarihi: 5 Nisan 2012].

Freschi, F. and Repetto, M., 2005., Multiobjective Optimization by a Modified Artificial Immune System Algorithm, *ICARIS 2005*, LNCS 3627, 248-261.

Garrett, S.M., 2003, A Paratope is not an Epitope: Implications for Immune Network Models and Clonal Selection, *ICARIS-2003*, LNCS 2787, 217-228.

Gaspar, A. and Collard, P., 2000, Two Models of Immunization For Time Dependent Optimization, *0-7803-6583-6/00/$10.00 2000 IEEE*, 113-118.

Girardi, M., 2006, Immunosurveillance and immunoregulation by γδT cells, *J Invest Dermatol*, 126 (1), 25–31.

Goncalves, L.B., Vellasco, M.M.B.R., Pacheco, M.A.C. and De Souza F.J., 2006, Inverted hierarchical neuro-fuzzy BSP system: a novel neuro-fuzzy model for pattern classification and rule extraction in databases, *IEEE Transactions on Systems Man and Cybernetics Part C Applications and Reviews*, 36-2, 236-248.

Graves, D. and Pedrycz, W., 2010, Kernel-based fuzzy clustering and fuzzy clustering: A comparative experimental study, *Fuzzy Sets and Systems*, 161, 522-543.

Greensmith, J., Aichelin, U. and Cayzer, S., 2005, Introducing Dentric Cells as a Novel Immune-Inspired Algorithm For Anomaly Dedection, *ICARIS 2005*, LNCS 3627, 153-167.

Gu, J., Lee, D., Park, S. and Sim, K., 2000, An Immunity-Based Security Layer Model, *Proc. of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, Workshop on Artificial Immune Systems and their Applications, 47-48.

Guermonprez, P., Valladeau, J., Zitvogel, L., Théry, C. and Amigorena, S., 2002, Antigen presentation and T cell stimulation by dendritic cells, *Annu Rev Immunol*, 20, 621-67.

Hamaker, J.S. and Boggess, L., 2004, Non-Euclidean Distance Measures in AIRS, an Artificial Immune Classification System, *IEEE Congress on Evolutionary Computation 1*, 1067-1073.

Harty, J., Tvinnereim, A. and White, D., 2000, CD8+ T cell effector mechanisms in resistance to infection, *Annu Rev Immunol*, 18, 275–308.

Hart, E., 2005, Not All Balls are Round: An Investigation of Alternative Recognition-Region Shapes, *ICARIS 2005*, LNCS 3627, 29-42.

Heart, S., 2008, *heart projects* [online], www.is.umk.pl/projects/datasets-stat.html#Heart, [Ziyaret Tarihi: 12 Haziran 2012].

Hedayat, M.R. and Moghadam, A.M.E., 2011, An Adaptive Artificial Immune Network Classifier With Independent Suppression Threshold, *2011 Third International Conference on Intelligent Human-Machine Systems and Cybernetics,* 978-0-7695-4444-1/11, 138-142.

Helmy, T. and Rasheed, Z., 2009, Multi-category bioinformatics dataset classification using extreme learning machine, *IEEE Congress on Evolutionary Computation, CEC '09*.

Holtmeier, W. and Kabelitz, D., 2005, γδ T cells link innate and adaptive immune responses, *Chem Immunol Allergy*, 86, 151–183.

Hone, A. and Van den Berg, H., 2007, Modelling a cytokine network, *Proceedings of the 2007 IEEE Symposium on Foundations of Computational Intelligence - FOCI 2007*, 1-4244-0703-6/07, 389-393.

Ihsıda, Y., 1996, The Immune System as a Self Identification Process: A Survey and a Proposal, *Proc.of the ICMAS Int. Workshop on Immunity-Based Systems*, 2-12.

Isa, N.A.M. and Mamat, W.M.F.W., 2011, Clustered-Hybrid Multilayer Perceptron network for pattern recognition application, *Applied Soft Computing,* 11-1, 1457-1466.

Jerne, N. K., 1973, The Immune System, *Scientific American*, 229 (1), 52-60.

Ji, Z. and Dasgupta, D., 2004, Real-Valued Negative Selection Algorithm With Variable-Sized Dedectors, *GECCO 2004*, LNCS 3102, 287-298.

Jiang, S. and Wang, L., 2010, Unsupervised feature selection based on clustering, *IEEE Fifth International Conference onBio-Inspired Computing: Theories and Applications (BIC-TA),* 23-26.

Kariyawasam, H. and Robinson, D., 2006, The eosinophil: the cell and its weapons, the cytokines, its locations, *Semin Respir Crit Care Med*, 27 (2), 117-27.

Keller, Margaret, A., and Stiehm, E. R., 2000, Passive Immunity in Prevention and Treatment of Infectious Diseases, *Clinical Microbiology Reviews*, 13 (4), 602–614.

Kehry, M. and Hodgkin, P., 1994, B-cell activation by helper T-cell membranes, *Crit Rev Immunol*, 14 (3–4), 221-38.

Khashei, M., Hamadani, A.Z. and Bijari, M., 2012, A novel hybrid classification model of artificial neural networks and multiple linear regression models, *Expert Systems with Applications*, 39-3, 2606–2620.

Kim, J., Wilson, W. O., Aichelin, U. and McLeod, J., 2005, Cooperative Automated Worm Response and Dedection Immune Algorithm (CARDINAL) Inspired by T-cell Immunity and Tolerance, *ICARIS 2005*, LNCS 3627, 168-181.

King, R. L., Russ, S.H., Lambert, A.B. and Reese, D.S. 2001, An Artificial Immune System Model for Intelligent Agents, *Future Generation Computer Systems 17*, 335-343.

Kohavi, R., 1995, A study of cross-validation and bootstrap for accuracy estimation and model selection, *Proc. IJCAI'95 Conf.*

Krishnaswamy, G., Ajitawi, O. and Chi, D., 2006, The human mast cell: an overview, *Methods Mol Biol*, 315, 13–34.

Langermans, J., Hazenbos, W. and Van Furth, R., 1994, Antimicrobial functions of mononuclear phagocytes, *J Immunol Methods*, 174 (1–2), 185-94.

Lee, K.K. and Yoon, W.C., 2005, Adaptive classification with ellipsoidal regions for multidimensional pattern classification problems, *Pattern Recognition Letters*, vol. 26, 1232-1243.

Lee, K.K., Yoon, W.C. and Baek, D.H., 2006, A classification method using a hybrid genetic algorithmcombinedwith an adaptive procedurefor the pool of ellipsoids, *Appl Intell*, 25, 293-304.

Lee, Y.J. and Mangasarian, O.L., 2001a, RSVM: reduced support vector machines, *Proceedings of the first SIAM international conference on data mining*, Chicago, IL, USA.

Lee, Y.J. and Mangasarian, O.L., 2001b, SSVM: a smooth support vector machine for classification, *Computational Optimization and Applications,* 20-1, 5–22.

Lekkas, S. and Mikhailov, L., 2010, Evolving fuzzy medical diagnosis of Pima Indians diabetes and of dermatological diseases, *Artificial Intelligence in Medicine*, 50-2, 117–126.

Lin, J.J. and Chang, P.C., 2010, A particle swarm optimization based classifier for liver disorders classification, *International Conference onComputational Problem-Solving (ICCP),* 3-5.

Litman, G., Cannon, J. and Dishaw, L., 2005, Reconstructing immune phylogeny: new perspectives, *Nat Rev Immunol*, 5 (11), 866-79.

Liu, Z., Jin, X., Bie, R. and Gao, X., 2007, FAISC: a Fuzzy Artificial Immune System Clustering Algorithm, *Third International Conference on Natural Computation – ICNC 2007,* 0-7695-2875-9/07, 5.

May, R. C. and Machesky, L. M., 2001, Phagocytosis and the actin cytoskeleton, *J Cell Sci*, 114 (6), 1061–77.

Mayer, G. and Nyland, J., 2010, *Immunology-Chapter Nine Cells Involved In Immune Response And Antigen Recognition* [online], the University of South Carolina, http://pathmicro.med.sc.edu/bowers/immune%20cells.htm [Ziyaret Tarihi: 27 Şubat 2012].

Mayer, G., 2011a, *Immunology-Cahapter One Innate (Non-Specific) Immunity* [online], the University of South Carolina, http://pathmicro.med.sc.edu/ghaffar/innate.htm [Ziyaret Tarihi: 27 Şubat 2012].

Mayer, G., 2011b, *Immunology-Chapter Three Antigens* [online], the University of South Carolina, http://pathmicro.med.sc.edu/mayer/antigens2000.htm [Ziyaret Tarihi: 27 Şubat 2012].

McHeyzer-Williams, L., Malherbe, L. and McHeyzer-Williams, M., 2006, Helper T cell-regulated B cell immunity, *Curr Top Microbiol Immunol*, 311, 59–83.

Michie, D., Spiegelhalter, D.J. and Taylor, C.C., 1994, Machine learning, neural and statistical classification, series artificial intelligence, *Prentice Hall*, Englewood Cliffs, NJ, USA, 157–60.

Medzhitov, R., 2007, Recognition of microorganisms and activation of the immune response, *Nature*, 449 (7164), 819–26.

Middleton, D., Curran, M. and Maxwell, L., 2002, Natural killer cells and their receptors, *Transpl Immunol*, 10 (2–3), 147-64.

Miller, J., 1993, Self-nonself discrimination and tolerance in T and B lymphocytes, *Immunol Res*, 12 (2), 115-30.

Minga, L.K., Kionga, L.C. and Soong, L.W., Autonomous and deterministic supervised fuzzy clustering with data imputation capabilities, *Applied Soft Computing*, 11-1, 1117–1125.

Neal, M., Feyereisl, J., Rascuna, R. and Wang, X., 2006, Don't Touch Me, I'm Fine: Robot Autonomy Using an Artificial Innate Immune System, *ICARIS 2006*, LNCS 4163, 349-361.

Özşen, S. and Güneş, S., 2009, Attribute weighting via genetic algorithms for attribute weighted artificial immune system (AWAIS) and its application to heart disease and liver disorders problems, *Expert Systems with Applications*, 36-1, 386–392.

Özşen, S., Kara, S., Latifoğlu, F. and Güneş, S., 2007, A New Supervised Classification Algorithm in Artificial Immune Systems With Its Application to Carotid Artery Doppler Signals to Diagnose Atherosclerosis, *Computer Methods and Programs in Biomedicine,* 88 (3), 246-255.

Özşen, S., 2008, Biyomedikal Sınıflama Problemleri İçin Problem-Tabanlı Bir Yapay Bağışıklık Sisteminin Geliştirilmesi ve Biyomedikal Sınıflama Problemlerine Uygulanması, Doktora Tezi, *Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Konya, 14-36.

Perelson, A.S. and Oster, G F., 1979, Theoretical Studies of Clonal Selection: Minimal Antibody Repertuarie Size and Reliability of Self-Nonself Discrimination, *J. Theor. Biol.,* 81, 645-670.

Polat, K., Şahan, S., Kodaz, H. and Güneş, S., 2005, Outdoor Image Classification Using Artificial Immune Recognition System (AIRS) with Performance Evaluation by Fuzzy Resource Allocation Mechanism, *CAIP'2005*, LNCS 3691, 81-87.

Polat, K., Şahan, S., Kodaz, H. and Güneş, S., 2007, Breast cancer and liver disorders classification using artificial immune recognition system (airs) with performance evaluation by fuzzy resource allocation mechanism, *Expert Systems with Applications,* 32, 172–183.

Polat, K., Kara, S., Latifoğlu, F. and Güneş, S., 2006, A Novel Approach to Resource Allocation Mechanism in Artificial Immune Recognition System: Fuzzy Resource Allocation Mechanism and Application to Diagnosis of Atherosclerosis Disease, *ICARIS 2006*, LNCS 4163, 244-255.

Robbins, M. J. and Garrett, S. M., 2005, Evaluating Theories of Immunological Memory Using Large-Scale Simulations, *ICARIS 2005*, LNCS 3627, 193-206.

Ryter, A., 1985, Relationship between ultrastructure and specific functions of macrophages, *Comp Immunol Microbiol Infect Dis*, 8 (2), 119-33.

Salzet, M., Tasiemski, A. and Cooper, E., 2006, Innate immunity in lophotrochozoans: the annelids, *Curr Pharm Des*, 12 (24), 3043–50.

Saji, F., Samejima, Y., Kamiura, S. and Koyama, M., 1999, Dynamics of immunoglobulins at the feto-maternal interface, *Rev Reprod* , 4 (2), 81-9.

Savitha, R., Suresh, S., Sundararajan, N. and Kim, H.J., 2012, A fully complex-valued radial basis function classifier for real-valued classification problems, *Neurocomputing*, 78-1, 104–110.

Secker, A., Freitas, A. A. and Timmis, J., 2003, AISEC: an Artificial Immune System for E-mail Classification, *Proc. of the Congress on Evolutionary Computation*, 131-139.

Shao, Y.H. and Deng, N.Y., 2012, A coordinate descent margin based-twin support vector machine for classification, *Neural Netw.*, 25-1, 114-121.

Shapiro, J.M., Lamont, G.B. and Peterson, G.L., 2005, An Evolutionary Algorithm to Generate Hyper-Ellipsoid , detectors for Negative Selection, *GECCO'05 June*, Washington, DC, USA, 25–29.

Shioda, R. and Tunçel, L., 2007, Clustering via minimum volume ellipsoids, *Comput. Optim. Appl*., vol. 37, 247-295.

Skormin, V. A., Delgado-Frias, J. G., McGee, D. L., Giordano, J. V., Popyack, L. J., Gorodetski, V. I. and Tarakanov, A. O., 2001, BASIS: A Biological Approach to system Information Security, *Proc. of the Int. Workshop MMM-ACNS 2001*, 127-142.

Sproul, T., Cheng, P., Dykstra, M. and Pierce, S., 2000, A role for MHC class II antigen processing in B cell development, *Int Rev Immunol*, 19 (2–3), 139-55.

Stibor, T., Timmis, J. and Eckert, C., 2005, A Comparative Study of Real-Valued Negative Selection to Statistical Anomaly Detection Techniques, *ICARIS 2005*, LNCS 3627, 262-275.

Sun, W. D., Tang, Z., Tamura, H. and Ishii, M., 2003., A Hierarchical Artificial Immune Architecture and Its Applications, *SICE Annual Conference in Fukui*, 3265-3270.

Şahan, S., 2003, Neden Yapay Bağışıklık Sistemleri? Pmr Sisteminde Abnet ve YSA, Yüksek Lisans Semineri, *Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Konya, 4-35.

Şahan, S., Kodaz, H., Güneş, S. and Polat, K., 2004, A New Classifier Based on Attribute Weighted Artificial Immune System (AWAIS), *Lecture Notes in Computer Science,* 3280, 11-20.

Şahan, S., Polat, K., Kodaz, H. and Güneş, S., 2005, The Medical Applications of Attribute Weighted Artificial Immune System(AWAIS): Diagnosis of Heart andDiabetes Diseases, *LNCS 3627*, 456-468.

Tarakanov A., Sokolova, S., Abramov, B. and Aikimbayev, A., 2000., Immunocomputing of the Natural Plague Foci, *Proc. of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, Workshop on Artificial Immune systems and Their applications, 38-39.

Tedesco, G., Twycross, J. and Aickelin, U., 2006, Integrating Innate and Adaptive Immunity for Intrusion Detection, *ICARIS 2006*, LNCS 4163, 193-202.

Timmis, J. and Neal, M., 2001, A Resource Limited Artificial Immune System, *Knowledge Based Systems*, 14 (3-4), 121-130.

Todd, M. J. and Yıldırım, E. A., 2007, On Khachiyan' s algorithm for the computation of minimum-volume enclosing ellipsoids, *Discrete Applied Mathematics*, vol. 155, no.13, 1731-1744.

Torun, Y. And Tohumoğlu, G., 2011, Designing simulate dannealing and subtractive clustering based fuzzy classifier, *Applied Soft Computing*, 11-2 , 2193–2201.

Twycross, J. and Aickelin, U., 2009, Information fusion in the immune system, *Information Fusion*, 10.1016/j.inffus.2009.04.008, 35-44.

Uçar, A., Demir, Y. and Güzeliş, C., 2005, A New Formulation for classification by Ellipsoids, *in 2005 Proc. TAINN Conf.* , 100-106.

Ulutas, B.H. and Konak, S.K., 2011, A review of clonal selection algorithm and its applications, *Artif Intell Rev*, 36, 117-138.

Qiao, Z., Xu, X. and Yan-chun, L., 2006, An Improved Artificial Immune Algorithm with a Dynamic Threshold, *Journal of Bionic Engineering 3-2006,* 3 (2), 93-97.

Van de Perre, P., 2003, Transfer of antibody via mother's milk, *Vaccine*, 21 (24), 3374–6.

Wang, W., Gao, S., Li, F. and Tang, Z., 2008, A Complex Artificial Immune System and Its Immunity, *IJCSNS International Journal of Computer Science and Network Security,* 8 (12), 287-295.

Watkins, A., 2001, AIRS: A Resource Limited Artificial Immune Classifier, *M.S. Dissertion, Mississippi State University,* Mississippi, USA.

Wilson, W.O. and Garrett, S.M., 2004, Modelling Immune Memory for Prediction and Computation, *ICARIS 2004*, LNCS 3239, 386-399.

Wu, Z. and Liang, Y., 2005, Self-regulating Method for Model Library Based Artificial Immune System, *ICARIS 2005*, LNCS 3627, 353-365.

Zen, K. and Parkos, C., 2003, Leukocyte-epithelial interactions, *Curr Opin Cell Biol*, 15 (5), 557-64.

EKLER

EK-1 İRİS veri seti için elde edilen uygulama sonuçları

Klonlama sayısı= 10 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=10 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	0,44021	3,4	7,2	1,99998	98,00002
KAT 2	0,42739	3,4	7,4	1,99998	98,00002
KAT 3	0,41757	3,3	6,9	3,99999	96,00001
KAT 4	0,343	2,1	5,2	6,33336	93,96664
KAT 5	0,34522	3,4	7,4	0,66666	99,33334
TOPLAM	1,97339	15,6	34,1	14,99997	485,30003
ORTALAMA	0,394678	3,12	6,82	2,999994	97,060006
STDSAPMA	0,046861474	0,571839138	0,9284396	2,211098395	2,099273972

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 97,06001

Klonlama sayısı= 20 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=20 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	0,76949	3,1	6,5	0	100
KAT 2	0,75244	3,1	6,9	1,66665	98,33335
KAT 3	0,721	2,8	6	6,00002	93,99998
KAT 4	0,61197	2,1	5,1	6,00002	93,99998
KAT 5	0,75835	3,5	7,5	0,99999	99,00001
TOPLAM	3,61325	14,6	32	14,66668	485,33332
ORTALAMA	0,72265	2,92	6,4	2,933336	97,066664
STDSAPMA	0,0644374	0,521536192	0,9110434	2,8616377	2,861637721

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 97,0667

Klonlama sayısı= 30 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=30 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	1,00305	3,1	6,5	1,66665	98,33335
KAT 2	1,10514	3	6,9	2,66664	97,33336
KAT 3	1,05352	2,9	6,4	6,00002	93,99998
KAT 4	0,83689	2	5	4,66666	95,33334
KAT 5	1,05152	3,3	7,2	0	100
TOPLAM	5,05012	14,3	32	14,99997	485,00003
ORTALAMA	1,010024	2,86	6,4	2,999994	97,000006
STDSAPMA	0,10330161	0,502991054	0,8455767	2,38048454	2,380484545

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 97

Klonlama sayısı= 40 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=40 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	1,23624	2,8	6	1,33332	98,66668
KAT 2	1,38122	3	6,6	1,99998	98,00002
KAT 3	1,37381	3	6,3	4,33333	95,66667
KAT 4	1,05023	2,1	5,1	6,33336	93,66664
KAT 5	1,26125	3,2	6,8	0	100
TOPLAM	6,30275	14,1	30,8	13,99999	486,00001
ORTALAMA	1,26055	2,82	6,16	2,799998	97,200002
STDSAPMA	0,13436429	0,42661458	0,6655825	2,5232378	2,523237801

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 97,2

Klonlama sayısı= 50 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=50 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	1,51038	2,6	5,8	1,66665	98,33335
KAT 2	1,69016	3,1	6,9	1,99998	98,00002
KAT 3	1,53768	2,8	6,2	4,33332	95,66668
KAT 4	1,30698	2,1	5,1	5,66668	94,33332
KAT 5	1,57037	3,2	6,8	0	100
TOPLAM	7,61557	13,8	30,8	13,66663	486,33337
ORTALAMA	1,523114	2,76	6,16	2,733326	97,266674
STDSAPMA	0,1389476	0,439317653	0,7436397	2,253398076	2,253398076

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 97,2667

Klonlama sayısı= 60 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=60 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	1,80047	2,5	5,8	0	100
KAT 2	1,87223	3	6,7	2,99998	97,00002
KAT 3	1,80499	2,9	5,9	4,66666	95,33334
KAT 4	1,45637	2,1	5,1	5	95
KAT 5	1,75199	3,2	7,1	0	100
TOPLAM	8,68605	13,7	30,6	12,66664	487,33336
ORTALAMA	1,73721	2,74	6,12	2,533328	97,466672
STDSAPMA	0,1627236	0,439317653	0,78866977	2,4335592	2,433559213

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 97,4667

Klonlama sayısı= 70 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=70 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	2,02102	2,8	6	0	100
KAT 2	2,0395	3,1	7	1,99998	98,00002
KAT 3	1,92844	2,8	6,1	4,66666	95,33334
KAT 4	1,76914	2	5	5,33334	94,66666
KAT 5	2,12288	3,2	6,9	0,33333	99,66667
TOPLAM	9,88098	13,9	31	12,33331	487,66669
ORTALAMA	1,976196	2,78	6,2	2,466662	97,533338
STDSAPMA	0,13480134	0,47116876	0,8093207	2,4449516	2,444951579

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 97,5333

Klonlama sayısı= 80 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=80 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	2,27169	2,7	5,7	0	100
KAT 2	2,44419	3,2	6,9	2,66666	97,33334
KAT 3	2,57903	2,9	6,2	4,33333	95,66667
KAT 4	1,8641	2,2	5,2	5,33334	95
KAT 5	2,30101	3	6,7	0,66666	99,33334
TOPLAM	11,46002	14	30,7	12,99999	487,33335
ORTALAMA	2,292004	2,8	6,14	2,599998	97,46667
STDSAPMA	0,2688587	0,380788655	0,70213959	2,2900779	2,19342515

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 97,4667

Klonlama sayısı= 90 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=90 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	2,48514	2,9	6,2	0	100
KAT 2	2,72402	3	6,5	1,99998	98,00002
KAT 3	2,44746	3	6,2	4,66666	95,33334
KAT 4	2,33333	2	5	4,33332	95,66668
KAT 5	2505,7107	3,3	7,1	0	100
TOPLAM	2515,7006	14,2	31	10,99996	489,00004
ORTALAMA	503,14012	2,84	6,2	2,199992	97,800008
STDSAPMA	1119,471	0,492950302	0,76485293	2,255852	2,255852044

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 97,8

Klonlama sayısı= 100 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=100 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	2,80245	2,6	5,8	0	100
KAT 2	2,93823	3,2	6,8	1,66665	98,33335
KAT 3	2,76937	2,9	5,9	3,99998	96,00002
KAT 4	2,25623	2	5	3,99998	96,00002
KAT 5	2,90254	3,2	6,9	0,33333	99,66667
TOPLAM	13,66882	13,9	30,4	9,99994	490,00006
ORTALAMA	2,733764	2,78	6,08	1,999988	98,000012
STDSAPMA	0,2758242	0,501996016	0,78549348	1,92929722	1,929297224

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 98

Klonlama sayısı= 110 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=110 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	3,02719	2,7	5,8	0	100
KAT 2	3,23787	3,1	6,6	1,99998	98,00002
KAT 3	3,20203	2,8	5,8	3,99998	96,00002
KAT 4	2,62128	2,1	5,1	4,66666	95,33334
KAT 5	3,06218	3,2	7,1	0	100
TOPLAM	15,15055	13,9	30,4	10,66662	489,33338
ORTALAMA	3,03011	2,78	6,08	2,133324	97,866676
STDSAPMA	0,24540766	0,432434966	0,779102	2,1807177	2,180717721

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 97,8667

Klonlama sayısı= 130 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=130 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	3,6695	2,8	6	0	100
KAT 2	3,60104	3	6,5	1,66665	98,33335
KAT 3	3,5487	2,5	5,5	5,66668	94,33332
KAT 4	3,11633	2,1	5,1	3,99998	96,00002
KAT 5	3,76209	3,1	6,9	0	100
TOPLAM	17,69766	13,5	30	11,33331	488,66669
ORTALAMA	3,539532	2,7	6	2,266662	97,733338
STDSAPMA	0,2496953	0,40620192	0,728011	2,5099821	2,509982138

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 97,7333

Klonlama sayısı= 150 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=150 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	4,19002	2,5	5,6	0	100
KAT 2	4,0933	3,2	6,9	1	99
KAT 3	4,0582	2,6	5,6	3,99998	96,00002
KAT 4	3,73757	2	5	3,66664	96,33336
KAT 5	4,32949	3	6,6	0	100
TOPLAM	20,40858	13,3	29,7	8,66662	491,33338
ORTALAMA	4,081716	2,66	5,94	1,733324	98,266676
STDSAPMA	0,219229	0,466904701	0,7861298	1,9635445	1,963544527

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 98,26668

Klonlama sayısı= 170 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=170 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	4,53163	2,6	5,6	0	100
KAT 2	4,75327	3	6,6	2,99997	97,00003
KAT 3	4,89972	2,9	6	4,66666	95,33334
KAT 4	4,14836	2	5	3,99998	96,00002
KAT 5	4,55988	3	6,4	0	100
TOPLAM	22,89286	13,5	29,6	11,66661	488,33339
ORTALAMA	4,578572	2,7	5,92	2,333322	97,666678
STDSAPMA	0,28341257	0,424264069	0,6418723	2,2110754	2,211075405

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 97,6667

Klonlama sayısı= 200 için;

1.-10. ÇALIŞTIRMA - IRIS VERİ SETİ - clon_num=200 için ortalama değerler					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	5,0769	2,5	5,5	0	100
KAT 2	5,45088	3,1	6,6	1,99998	98,00002
KAT 3	5,60362	2,4	5,4	3,99998	96,00002
KAT 4	4,60679	2	5	3,66664	96,33336
KAT 5	5,54238	3,1	7	0	100
TOPLAM	26,28057	13,1	29,5	9,6666	490,3334
ORTALAMA	5,256114	2,62	5,9	1,93332	98,06668
STDSAPMA	0,4166479	0,47644517	0,8544004	1,9206365	1,920636469

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 98,06668

EK-2 BUPA Liver Disorder veri seti için elde edilen uygulama sonuçları

Klonlama sayısı= 100 için;

1. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	27,49	16	32	33,91	66,09
KAT 2	26,71	17	33	38,26	61,74
KAT 3	30,67	18	36	33,04	66,96
TOPLAM	84,87	51	101	105,21	194,79
ORTALAMA	28,29	17	33,66667	35,07	64,93
STDSAPMA	2,097713	1	2,081666	2,79666	2,796659

2. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	30,27	19	37	35,65	64,35
KAT 2	30,08	18	35	33,91	66,09
KAT 3	28,74	18	35	36,52	63,48
TOPLAM	89,09	55	107	106,08	193,92
ORTALAMA	29,69667	18,33333333	35,66667	35,36	64,64
STDSAPMA	0,833926	0,577350269	1,154701	1,32895	1,328947

3. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	26,67	15	30	37,39	62,61
KAT 2	28,4	16	31	33,04	66,96
KAT 3	32,83	18	36	35,65	64,35
TOPLAM	87,9	49	97	106,08	193,92
ORTALAMA	29,3	16,33333333	32,33333	35,36	64,64
STDSAPMA	3,17709	1,527525232	3,21455	2,18945	2,189452

4. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	24,98	14	27	34,78	65,22
KAT 2	24,3	14	27	33,04	66,96
KAT 3	28,4	17	34	36,52	63,48
TOPLAM	77,68	45	88	104,34	195,66
ORTALAMA	25,89333	15	29,33333	34,78	65,22
STDSAPMA	2,197301	1,732050808	4,041452	1,74	1,74

5. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	28,4	17	33	36,52	63,48
KAT 2	33,13	18	35	40	60
KAT 3	29,09	19	37	33,04	66,96
TOPLAM	90,62	54	105	109,56	190,44
ORTALAMA	30,20667	18	35	36,52	63,48
STDSAPMA	2,55508	1	2	3,48	3,48

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 64,582

Klonlama sayısı= 150 için;

1. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	35,97	15	29	35,65	64,35
KAT 2	48,5	17	33	35,65	64,35
KAT 3	42,86	18	36	30,43	69,57
TOPLAM	127,33	50	98	101,73	198,27
ORTALAMA	42,44333	16,66666667	32,6667	33,91	66,09
STDSAPMA	6,275383	1,527525232	3,51188	3,01377	3,013768

2. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	36,05	16	31	37,39	62,61
KAT 2	38,56	15	30	33,91	66,09
KAT 3	41,95	18	35	37,39	62,61
TOPLAM	116,56	49	96	108,69	191,31
ORTALAMA	38,85333	16,33333333	32	36,23	63,77
STDSAPMA	2,960918	1,527525232	2,64575	2,00918	2,009179

3. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	41,1	17	33	37,39	62,61
KAT 2	41,4	17	33	40	60
KAT 3	40,51	16	31	27,82	72,18
TOPLAM	123,01	50	97	105,21	194,79
ORTALAMA	41,00333	16,66666667	32,3333	35,07	64,93
STDSAPMA	0,452806	0,577350269	1,1547	6,41287	6,41287

4. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	33,84	15	29	39,13	60,87
KAT 2	42,55	16	32	38,26	61,74
KAT 3	44,08	17	34	32,17	67,83
TOPLAM	120,47	48	95	109,56	190,44
ORTALAMA	40,15667	16	31,6667	36,52	63,48
STDSAPMA	5,523625	1	2,51661	3,79224	3,792242

5. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	33,29	14	28	38,26	61,74
KAT 2	41,51	16	32	35,65	64,35
KAT 3	44,06	17	33	33,91	66,09
TOPLAM	118,86	47	93	107,82	192,18
ORTALAMA	39,62	15,66666667	31	35,94	64,06
STDSAPMA	5,628259	1,527525232	2,64575	2,18945	2,189452

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 64,466

Klonlama sayısı= 200 için;

1. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	48,78	16	32	36,52	63,48
KAT 2	48,71	15	30	37,39	62,61
KAT 3	52,47	16	31	34,78	65,22
TOPLAM	149,96	47	93	108,69	191,31
ORTALAMA	49,98667	15,66666667	31	36,23	63,77
STDSAPMA	2,150915	0,577350269	1	1,32895	1,32895

2. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	50,24	16	31	38,24	61,76
KAT 2	52,37	16	31	39,13	60,87
KAT 3	56,09	18	36	33,04	66,96
TOPLAM	158,7	50	98	110,41	189,59
ORTALAMA	52,9	16,66666667	32,6667	36,8033	63,1967
STDSAPMA	2,960794	1,154700538	2,88675	3,28938	3,28938

3. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	46,59	15	29	35,65	64,35
KAT 2	51,84	16	31	34,78	65,22
KAT 3	54,16	16	31	33,04	66,96
TOPLAM	152,59	47	91	103,47	196,53
ORTALAMA	50,86333	15,66666667	30,3333	34,49	65,51
STDSAPMA	3,878354	0,577350269	1,1547	1,32895	1,32895

4. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	46,15	15	29	38,24	61,76
KAT 2	52,26	15	30	31,3	68,7
KAT 3	52,08	15	29	33,04	66,96
TOPLAM	150,49	45	88	102,58	197,42
ORTALAMA	50,16333	15	29,3333	34,1933	65,8067
STDSAPMA	3,476814	0	0,57735	3,61089	3,61089

5. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	47,24	15	29	35,65	64,35
KAT 2	50,47	16	32	38,26	61,74
KAT 3	55,91	16	31	34,78	65,22
TOPLAM	153,62	47	92	108,69	191,31
ORTALAMA	51,20667	15,66666667	30,6667	36,23	63,77
STDSAPMA	4,381693	0,577350269	1,52753	1,81105	1,81105

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 64,4107

Klonlama sayısı= 250 için;

1. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=250					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	57,86	15	29	34,78	65,22
KAT 2	67,73	16	32	36,52	63,48
KAT 3	63,54	15	29	33,91	66,09
TOPLAM	189,13	46	90	105,21	194,79
ORTALAMA	63,04333	15,33333333	30	35,07	64,93
STDSAPMA	4,953709	0,577350269	1,73205	1,328947	1,328947

2. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=250					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	63,78	16	31	36,52	63,48
KAT 2	65,41	17	33	38,24	61,76
KAT 3	52,25	14	27	28,69	71,31
TOPLAM	181,44	47	91	103,45	196,55
ORTALAMA	60,48	15,66666667	30,3333	34,48333	65,51667
STDSAPMA	7,173834	1,527525232	3,05505	5,090347	5,090347

3. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=250					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	60,23	14	27	36,52	63,48
KAT 2	62,41	16	32	38,24	61,76
KAT 3	59	15	29	33,91	66,09
TOPLAM	181,64	45	88	108,67	191,33
ORTALAMA	60,54667	15	29,3333	36,22333	63,77667
STDSAPMA	1,726914	1	2,51661	2,180191	2,180191

4. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=250					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	63,74	15	30	33,91	66,09
KAT 2	70,82	15	29	34,78	65,22
KAT 3	67,93	19	37	34,78	65,22
TOPLAM	202,49	49	96	103,47	196,53
ORTALAMA	67,49667	16,33333333	32	34,49	65,51
STDSAPMA	3,559836	2,309401077	4,3589	0,502295	0,502295

5. ÇALIŞTIRMA - BUPA VERİ SETİ - clon_num=250					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	52,12	15	29	34,78	65,22
KAT 2	66,98	16	32	36,52	63,48
KAT 3	61,34	14	28	29,56	70,44
TOPLAM	180,44	45	89	100,86	199,14
ORTALAMA	60,14667	15	29,6667	33,62	66,38
STDSAPMA	7,501529	1	2,08167	3,622099	3,622099

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 65,2227

EK-3 Statlog Heart Disease veri seti için elde edilen uygulama sonuçları

Klonlama sayısı= 100 için;

1. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	12,02	5	10	20	80
KAT 2	11,5	4	8	24,44	75,56
KAT 3	11,47	5	10	18,88	81,12
TOPLAM	34,99	14	28	63,32	236,68
ORTALAMA	11,66333	4,666666667	9,333333	21,1067	78,89333
STDSAPMA	0,309246	0,577350269	1,154701	2,94057	2,940567

2. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	14,82	6	12	22,22	77,78
KAT 2	9,62	5	9	23,33	76,67
KAT 3	11,52	5	9	17,77	82,23
TOPLAM	35,96	16	30	63,32	236,68
ORTALAMA	11,98667	5,333333333	10	21,1067	78,89333
STDSAPMA	2,631223	0,577350269	1,732051	2,94245	2,942454

3. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	14,97	6	11	21,11	78,89
KAT 2	12,87	4	8	23,33	76,67
KAT 3	15,81	6	11	20	80
TOPLAM	43,65	16	30	64,44	235,56
ORTALAMA	14,55	5,333333333	10	21,48	78,52
STDSAPMA	1,514332	1,154700538	1,732051	1,69555	1,695553

4. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	16,79	6	12	22,22	77,78
KAT 2	9,58	5	9	24,56	75,44
KAT 3	14,37	7	13	21,11	78,89
TOPLAM	40,74	18	34	67,89	232,11
ORTALAMA	13,58	6	11,33333	22,63	77,37
STDSAPMA	3,669346	1	2,081666	1,76116	1,761164

5. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	16,99	7	13	22,22	77,78
KAT 2	8,93	4	8	21,11	78,89
KAT 3	12,2	6	11	17,77	82,23
TOPLAM	38,12	17	32	61,1	238,9
ORTALAMA	12,70667	5,666666667	10,66667	20,3667	79,63333
STDSAPMA	4,053817	1,527525232	2,516611	2,31625	2,316254

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 78,662

Klonlama sayısı= 150 için;

1. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	21,68	5	10	21,11	78,89
KAT 2	13,94	4	8	23,33	76,67
KAT 3	20,55	5	9	21,11	78,89
TOPLAM	56,17	14	27	65,55	234,45
ORTALAMA	18,72333	4,666666667	9	21,85	78,15
STDSAPMA	4,180841	0,577350269	1	1,28172	1,281718

2. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	19,91	5	10	23,33	76,67
KAT 2	13,28	4	8	24,44	75,56
KAT 3	20,48	6	11	22,16	77,84
TOPLAM	53,67	15	29	69,93	230,07
ORTALAMA	17,89	5	9,66667	23,31	76,69
STDSAPMA	4,002537	1	1,52753	1,14013	1,140132

3. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	16,69	5	10	24,44	75,56
KAT 2	15,03	4	7	23,33	76,67
KAT 3	20,35	5	10	22,16	77,84
TOPLAM	52,07	14	27	69,93	230,07
ORTALAMA	17,35667	4,666666667	9	23,31	76,69
STDSAPMA	2,721936	0,577350269	1,73205	1,14013	1,140132

4. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	19,12	6	12	23,33	76,67
KAT 2	15,09	4	8	24,44	75,56
KAT 3	16,12	5	10	22,22	77,78
TOPLAM	50,33	15	30	69,99	230,01
ORTALAMA	16,77667	5	10	23,33	76,67
STDSAPMA	2,093713	1	2	1,11	1,11

5. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	20,6	5	10	22,16	77,84
KAT 2	12,5	4	8	22,16	77,84
KAT 3	20,81	5	10	22,22	77,78
TOPLAM	53,91	14	28	66,54	233,46
ORTALAMA	17,97	4,666666667	9,33333	22,18	77,82
STDSAPMA	4,738322	0,577350269	1,1547	0,03464	0,034641

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 77,204

Klonlama sayısı= 200 için;

1. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	24,37	5	9	21,11	78,89
KAT 2	19,03	4	8	23,33	76,67
KAT 3	27,58	6	12	18,88	81,12
TOPLAM	70,98	15	29	63,32	236,68
ORTALAMA	23,66	5	9,66667	21,1067	78,8933
STDSAPMA	4,318993	1	2,08167	2,225	2,225

2. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	25,6	5	10	22,22	77,78
KAT 2	19,3	4	8	21,11	78,89
KAT 3	21,58	5	9	22,22	77,78
TOPLAM	66,48	14	27	65,55	234,45
ORTALAMA	22,16	4,666666667	9	21,85	78,15
STDSAPMA	3,189796	0,577350269	1	0,64086	0,64086

3. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	26,46	5	10	22,22	77,78
KAT 2	18,08	4	8	23,33	76,67
KAT 3	25,16	6	11	21,11	78,89
TOPLAM	69,7	15	29	66,66	233,34
ORTALAMA	23,23333	5	9,66667	22,22	77,78
STDSAPMA	4,510004	1	1,52753	1,11	1,11

4. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	25,41	5	9	23,33	76,67
KAT 2	19,06	4	8	23,33	76,67
KAT 3	24,7	5	10	22,22	77,78
TOPLAM	69,17	14	27	68,88	231,12
ORTALAMA	23,05667	4,666666667	9	22,96	77,04
STDSAPMA	3,479373	0,577350269	1	0,64086	0,64086

5. ÇALIŞTIRMA - HEART VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	25,36	5	9	22,16	77,84
KAT 2	20,01	6	11	23,33	76,67
KAT 3	23,33	5	9	18,88	81,12
TOPLAM	68,7	16	29	64,37	235,63
ORTALAMA	22,9	5,333333333	9,66667	21,4567	78,5433
STDSAPMA	2,700796	0,577350269	1,1547	2,30687	2,30687

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 78,0813

EK-4 Pima Diabetes veri seti için elde edilen uygulama sonuçları

Klonlama sayısı= 100 için;

1. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	116,65	33	66	26,14	73,86
KAT 2	104,66	29	57	29,96	70,04
KAT 3	109,54	28	55	28,28	71,72
KAT 4	123,89	36	72	29,26	70,74
KAT 5	124,63	33	65	28,84	71,16
TOPLAM	579,37	159	315	142,48	357,52
ORTALAMA	115,874	31,8	63	28,496	71,504
STDSAPMA	8,766403	3,271085447	6,964194	1,45282	1,452818

2. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	122,53	33	65	24,17	75,83
KAT 2	102,72	29	57	30,08	69,92
KAT 3	113,58	30	60	20,91	79,09
KAT 4	121,41	33	66	28,74	71,26
KAT 5	124,97	32	63	29,41	70,59
TOPLAM	585,21	157	311	133,31	366,69
ORTALAMA	117,042	31,4	62,2	26,662	73,338
STDSAPMA	9,071327	1,816590212	3,701351	3,96383	3,963833

3. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	120,69	32	63	27,44	72,56
KAT 2	105,25	32	64	30,12	69,88
KAT 3	117,74	31	62	26,14	73,86
KAT 4	115,48	40	80	29,18	70,82
KAT 5	123,62	34	67	29,47	70,53
TOPLAM	582,78	169	336	142,35	357,65
ORTALAMA	116,556	33,8	67,2	28,47	71,53
STDSAPMA	7,024516	3,633180425	7,395945	1,6368	1,636796

4. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	118,94	32	63	24,18	75,82
KAT 2	110,77	30	60	30,04	69,96
KAT 3	107,76	25	50	26,79	73,21
KAT 4	118,75	33	65	29,41	70,59
KAT 5	128,78	32	64	25,64	74,36
TOPLAM	585	152	302	136,06	363,94
ORTALAMA	117	30,4	60,4	27,212	72,788
STDSAPMA	8,212567	3,209361307	6,107373	2,4835	2,4835

5. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=100					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	117,59	33	65	26,64	73,36
KAT 2	107,79	33	66	29,94	70,06
KAT 3	123,74	36	71	26,14	73,86
KAT 4	114,12	32	65	28,52	71,48
KAT 5	117,95	36	71	28,19	71,81
TOPLAM	581,19	170	338	139,43	360,57
ORTALAMA	116,238	34	67,6	27,886	72,114
STDSAPMA	5,850074	1,870828693	3,130495	1,52597	1,525969

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 72,2548

Klonlama sayısı= 150 için;

1. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	149,29	30	59	29,42	70,58
KAT 2	141,73	27	54	29,38	70,62
KAT 3	147,69	30	59	25,49	74,51
KAT 4	165,42	33	66	28,92	71,08
KAT 5	154,8	29	58	29,04	70,96
TOPLAM	758,93	149	296	142,25	357,75
ORTALAMA	151,786	29,8	59,2	28,45	71,55
STDSAPMA	8,931692	2,167948339	4,32435	1,66856	1,668562

2. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	160,86	28	56	28,75	71,25
KAT 2	150,84	29	60	29,21	70,79
KAT 3	164,45	33	66	29,41	70,59
KAT 4	174,58	33	65	28,47	71,53
KAT 5	156,77	31	61	30,64	69,36
TOPLAM	807,5	154	308	146,48	353,52
ORTALAMA	161,5	30,8	61,6	29,296	70,704
STDSAPMA	8,891105	2,28035085	4,03733	0,83772	0,837723

3. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	158,21	32	63	27,45	72,55
KAT 2	162,41	27	55	28,96	71,04
KAT 3	155,13	33	65	29,16	70,84
KAT 4	166,44	28	56	30,52	69,48
KAT 5	159,55	30	60	26,92	73,08
TOPLAM	801,74	150	299	143,01	356,99
ORTALAMA	160,348	30	59,8	28,602	71,398
STDSAPMA	4,295337	2,549509757	4,32435	1,43827	1,43827

4. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	166,84	30	59	29,12	70,88
KAT 2	158,32	30	60	29,89	70,11
KAT 3	164,53	30	60	29,42	70,58
KAT 4	178,01	33	66	26,79	73,21
KAT 5	166,28	35	69	29,48	70,52
TOPLAM	833,98	158	314	144,7	355,3
ORTALAMA	166,796	31,6	62,8	28,94	71,06
STDSAPMA	7,123891	2,302172887	4,43847	1,23282	1,232822

5. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=150					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	156,83	28	56	28,42	71,58
KAT 2	152,87	27	54	28,84	71,16
KAT 3	159,62	32	64	29,04	70,96
KAT 4	178,45	32	63	26,79	73,21
KAT 5	169,86	30	59	28,46	71,54
TOPLAM	817,63	149	296	141,55	358,45
ORTALAMA	163,526	29,8	59,2	28,31	71,69
STDSAPMA	10,44616	2,28035085	4,32435	0,88865	0,888651

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 71,2804

Klonlama sayısı= 200 için;

1. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	214,46	28	55	29,06	70,94
KAT 2	184,5	27	54	30,08	69,92
KAT 3	197,83	29	58	25,49	74,51
KAT 4	193,32	26	51	30,04	69,96
KAT 5	218,29	31	62	29,04	70,96
TOPLAM	1008,4	141	280	143,71	356,29
ORTALAMA	201,68	28,2	56	28,742	71,258
STDSAPMA	14,30983	1,923538406	4,1833	1,88683	1,88683

2. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	200,23	30	60	27,45	72,55
KAT 2	178,74	26	52	29,06	70,94
KAT 3	203,06	31	62	30,06	69,94
KAT 4	199,58	29	57	29,58	70,42
KAT 5	185,69	28	56	29,48	70,52
TOPLAM	967,3	144	287	145,63	354,37
ORTALAMA	193,46	28,8	57,4	29,126	70,874
STDSAPMA	10,63601	1,923538406	3,84708	1,00214	1,00214

3. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	197,28	28	55	26,14	73,86
KAT 2	173,85	27	54	31,24	68,76
KAT 3	208,99	26	51	28,09	71,91
KAT 4	216,78	28	55	26,14	73,86
KAT 5	197,22	26	51	29,46	70,54
TOPLAM	994,12	135	266	141,07	358,93
ORTALAMA	198,824	27	53,2	28,214	71,786
STDSAPMA	16,23594	1	2,04939	2,19815	2,19815

4. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	205,75	31	61	28,12	71,88
KAT 2	182,46	32	64	30,24	69,76
KAT 3	199,67	29	57	28,09	71,91
KAT 4	214,51	33	66	29,62	70,38
KAT 5	210,22	28	56	28,19	71,81
TOPLAM	1012,61	153	304	144,26	355,74
ORTALAMA	202,522	30,6	60,8	28,852	71,148
STDSAPMA	12,49009	2,073644135	4,32435	1,00885	1,00885

5. ÇALIŞTIRMA - PİMA VERİ SETİ - clon_num=200					
	Eğitme Süresi (sn)	Toplam Katman Sayısı	Toplam Ab Sayısı	Hata Oranı (%)	Doğruluk Oranı (%)
KAT 1	223,64	31	61	26,79	73,21
KAT 2	186,32	33	66	30,62	69,38
KAT 3	204,58	30	60	29,14	70,86
KAT 4	222,15	33	66	29,41	70,59
KAT 5	200,71	28	56	28,72	71,28
TOPLAM	1037,4	155	309	144,68	355,32
ORTALAMA	207,48	31	61,8	28,936	71,064
STDSAPMA	15,63924	2,121320344	4,26615	1,39231	1,39231

GENEL DOĞRULUK ORANI (%) = 71,226

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı	**:**	Cüneyt YÜCELBAŞ
Uyruğu	**:**	T.C.
Doğum Yeri ve Tarihi	**:**	Eskişehir 21.01.1986
Telefon	**:**	0546 919 10 91 – 0332 223 20 56
Faks	**:**	---
e-mail	**:**	cyucelbas@selcuk.edu.tr

EĞİTİM

Derece		**Adı, İlçe, İl**	**Bitirme Yılı**
Lise	:	**Türk Telekom A.T.L., Merkez, Eskişehir**	**2005**
Üniversite	:	**Marmara Üniversitesi, Kadıköy, İstanbul**	**2010**

İŞ DENEYİMLERİ

Yıl	**Kurum**	**Görevi**
2010	**Hakkari Üniversitesi**	**Arş. Gör.**
2011	**Selçuk Üniversitesi**	**Arş. Gör.**

UZMANLIK ALANI

Elektronik

YABANCI DİLLER

İngilizce