

PI ve Bulanık Denetleyici Parametrelerinin Ayarlanmasında DNA Hesaplamanın Kullanılması

Uğur Çiğdem¹, Mehmet Karaköse²

¹Bilgisayar Programcılığı Bölümü
Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Tokat
{ugurcigdem}@gop.edu.tr

²Bilgisayar Mühendisliği Bölümü
Fırat Üniversitesi, Elazığ
mkarakose@firat.edu.tr

Özetçe

Denetleyiciler kontrol sistemlerinde çok yaygın bir kullanım alanına sahiptir. Özellikle PI ve bulanık denetleyiciler ile bunların performansının artırılması için kullanılan algoritmalar üzerine literatürde birçok çalışma yapılmaktadır. Bu çalışmada ise yukarıda belirtilen denetleyicilerin parametrelerinin ayarlanması için DNA hesaplama algoritması kullanılmıştır. Gerçekte çözelti ortamında uygulanan DNA hesaplamanın sayısal algoritmaya dönüştürülmesi ile elde edilen DNA hesaplama algoritması optimizasyon problemlerinde kullanılabilir. Bu çalışmada yapılan simülasyonlarda sayısal DNA hesaplama algoritması PI ve bulanık denetleyici bulunan bir kontrol sistemine uygulanmış ve karşılaştırmalı sonuçlar elde edilmiştir.

1. Giriş

Kontrol sistemleri endüstri alanında önemli bir yere sahiptir. Bu alanda kullanılan ve ekonomik verimliliğin artırılmasında büyük rol oynayan makinelerin kontrol sistemleri kullanarak etkili bir şekilde çalışması sağlanmaktadır. Özellikle çok fonksiyonlu ve kompleks yapıdaki makinelerin verimli şekilde kullanımı için iyi bir kontrol mekanizması olması gerekir. Kontrol sistemlerinin performansının artırılmasında denetleyiciler büyük rol oynamaktadır. Bu alanda en fazla PI ve bulanık denetleyiciler kullanılmaktadır [4-6], [9,25]. Bu denetleyiciler birçok kullanım alanına sahiptirler. Özellikle endüstride kullanılan makinelerin kontrolü, çok değişkenli ve çok fonksiyonlu sistemlerin başarılı bir şekilde yönetilmesi sayılabilir. Bu denetleyicilerin parametrelerinin ayarlanması ile sistemlerin kararlılığı ve performansı büyük oranda artmaktadır. Denetleyici parametrelerinin ayarlanmasında iki farklı metot kullanılmaktadır. Bunlardan ilki Ziegler Nichols gibi geleneksel metot olup maksimum aşım oranı çok yüksektir ve parametrelerin ayarlanması zor olmaktadır. Diğer metot ise akıllı sistemler olarak bilinen algoritmalar. Elektronik bilgisayarlar kullanılarak çözümü zor olup çok zaman alan polinomsal olmayan optimizasyon problemleri ve denetleyici parametrelerinin ayarlanması gibi alanlarda yeni çözüm yöntemlerinin geliştirilmesi zorunlu hale gelmiştir. Bu nedenle birçok bilimsel çalışma yapılmakta ve algoritmalar geliştirilmektedir. Bu algoritmalarından biri olan DNA

hesaplama, denetleyici parametrelerinin ayarlanmasında ve çözümü zor olan optimizasyon problemlerinde yeni bir araştırma alanı olarak yer almaktadır. DNA hesaplama algoritması kullanılarak denetleyici parametrelerinin ayarlanması daha hızlı olmakta ve sistemlerin performansı olumlu yönde artmaktadır. DNA algoritması moleküler biyolojinin temelini oluşturan DNA moleküllerini kullanarak hesaplama yapılmıştır. Bu molekülün yapısında Adenin, Guanin, Sitozin ve Timin bazları olup sırasıyla A, G, C ve T harfleri ile ifade edilmektedir [1-3], [11-20]. DNA ile hesaplama yapılırken bu bazlardan yararlanılmaktadır. DNA molekülleri kullanılarak yapılan ilk hesaplama Adleman'ın gezgin satıcı problemidir [1-3], [17-21,25]. Adleman bu çalışmasıyla bilimsel literatüre yeni bir hesaplama algoritması kazandırmış olup aynı zamanda DNA moleküllerinin hesaplama yeteneği keşfedilmiştir. Lin [4], [5] DNA moleküllerini kullanarak PI parametrelerinin tasarımı ve optimizasyonunu gerçekleştirmiştir. Ding ve Ren [10], [22] DNA hesaplama ile bulanık denetleyici parametrelerinin ayarlanması, Yourui [6] ise PID parametrelerinin ayarlanması üzerine bir çalışma yapmıştır. K. Nakaoka ve T. Fruhashi [7] kredi ve ödeme verileri için DNA hesaplama kullanarak bulanık mantık üyelik fonksiyonlarının tasarımını gerçekleştirdi. 1996 yılında T. Yoshikawa, T. Fruhashi ve Y. Uchikawa [7] mobil robotların kontrolü için kullanılan bulanık kuralların bulunması için DNA hesaplamayı kullandı. 2008 yılında Kim ve Lee PID parametrelerinin optimizasyonu için [10] DNA hesaplamayı kullandı. 2010 yılında Tsai çok yönlü mobil robotların tasarımı ve kontrolü için DNA hesaplamanın kullanımına yönelik bir uygulama yaptı. Huang 2010 yılında DNA hesaplama tabanlı PID denetleyicilerin tasarımına yönelik çalışma gerçekleştirdi.

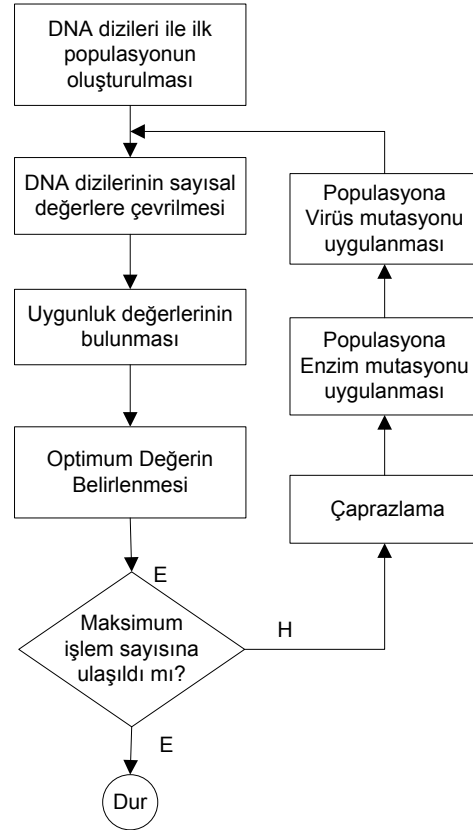
Bu çalışmada PI ve bulanık denetleyici parametrelerinin ayarlanması için sayısal DNA hesaplama algoritması geliştirilmiştir. Bugüne kadar DNA hesaplama ile yapılan çalışmaların çoğu çözelti ortamında gerçekleştirilmiştir. Ancak çözelti ortamında DNA hesaplamanın kullanımı zor ve uygulaması maliyetli olmaktadır. Bu nedenle bu çalışmada sayısal DNA hesaplama algoritması kullanılmaktadır. Bu algorithmada DNA moleküllerine ait olan enzim ve virüs mutasyonu probleme uygulanmaktadır. Kodlama yapılırken ikili sayı sistemi yerine A, G, C ve T bazları sayısal değerlere çevrilerek kullanılmaktadır. Verilerin sayısal değerlere

çevrimi tablo 1’de ayrıntılı olarak verilmektedir. Bilgisayar simülasyonu sonucu bulunan değerler kullanılan metodun denetleyici parametrelerinin ayarlanmasında çok etkili olduğunu göstermektedir.

2. DNA Hesaplama

DNA hesaplama algoritması son zamanlarda birçok optimizasyon problemlerinin çözümünde başarılı bir şekilde uygulanmaktadır [17]. Özellikle analitik yöntemlerle çözümü güç olan problemlerin DNA hesaplama algoritması kullanılarak kolayca çözülebileceğini gösteren birçok çalışma yapılmıştır. DNA molekülleri tekli ve çift sarmal dizi şeklinde bulunmaktadır [11], [12], [15], [17]. Tekli DNA dizileri kullanılarak DNA moleküllerinin sentezi ve çoğaltılması gerçekleştirilir. Çift sarmal DNA dizileri Watson-Crick tümlene kuralına göre oluşur [14], [18], [20]. Bu kurala göre Adenin ile Timin ve Guanin ile Sitozin birleşir. Bunun dışında bir oluşum mümkün değildir. Bugüne kadar DNA hesaplama üzerine yapılan çalışmalar iki farklı şekilde uygulanmıştır. Bunlardan biri çözelti ortamında kullanılan uygulamalar olup literatürde daha çok yer almaktadır. Çözelti ortamında yapılan çalışmalarda DNA moleküllerinin özelliklerinden yararlanılmaktadır. Problemin çözüm kümesi için DNA sentez makineleri kullanılarak istenilen özelliklerde DNA dizileri elde edilir. DNA dizileri oluşturulduktan sonra belirlenen değerlere kadar çoğaltılıp içerisinde aynı standartlara ve özelliklere sahip çözelti bulunan deney tüplerine yerleştirilir. Deney tüplerinde gerçekleştirilen biyokimyasal tepkimeler sonucu elde edilen değerler yeni bir çözelti tüpü içerisinde birleştirilip sıralama (gel electrophoresis) yöntemi kullanılarak sıralanır. DNA dizilerini kesme özelliği olan enzimler ile sıralı durumdaki dizilerden istenilen çözüm kümelerine ulaşıldı ve bu diziler kesilerek ayırma işlemi gerçekleştirilir. Çözelti ortamında ayrıca DNA molekülünün kendini çoğaltma, onarma ve büyük miktarlarda veri saklama özelliklerinden yararlanır. Hesaplama yapılırken bu biyolojik ve kimyasal tepkimeler kullanılır. DNA hesaplamının diğer bir uygulama şekli ise elektronik bilgisayarlarda gerçekleştirilir. DNA molekülünü oluşturan bazlar sayısal değerlere çevrilerek hesaplama yapılır. Ayrıca DNA hesaplamının çözelti ortamında gerçekleştirdiği enzim ve virüs mutasyonunun bir benzeri probleme uygulanır. Şekil 1’de DNA hesaplamının elektronik bilgisayarlarda uygulanırken kullanılan adımları verilmektedir. Elektronik bilgisayarlarda DNA molekülünün özellikleri istenilen şekilde uygulanamamaktadır. Bu nedenle sayısal DNA hesaplama uygulanırken DNA molekülünün genetik algoritma ile olan benzer özelliklerinden yararlanılmakta fakat çözelti ortamında elde edilen performans değerlerinden daha düşük sonuçlar bulunmaktadır. Genetik algoritmada çözüm kümesinin kodlanması için kullanılan ikili sayı sistemi yerine DNA hesaplamada A, G, C ve T bazları kullanılmaktadır. DNA hesaplama algoritmasında genetik algoritmadan farklı olarak enzim ve virüs mutasyonu uygulanmaktadır. Enzim mutasyonu, herhangi bir DNA dizisinden bir veya daha fazla DNA parçasının silinmesi işlemidir. Bu işlem ile sistem etkisiz hale geldiğinde popülasyonu oluşturan ve çözüm noktasından uzak olan değerlerin silinmesini sağlar. Virüs mutasyonu, herhangi bir DNA dizisine bir veya daha fazla yeni DNA dizi parçası eklemektir [4], [5]. Virüs mutasyonu, sistem performansı olumsuz duruma geldiğinde popülasyonu

belirlenen oranda değiştirerek yeni parametre değerlerinin üretilmesini sağlar.



Şekil 1: Sayısal DNA Hesaplama Algoritması

DNA hesaplama kullanılırken PI elemanlarının değişim aralığı sonuçları önemli ölçüde etkilemektedir. Bu çalışmada Kp için 0-63 aralığı, Ki için 0-4 aralığı kullanılmaktadır. Aralık seçimi uygulamacının tecrübesi ve problem için deneme yanılma yöntemi ile belirlenir. DNA algoritması ile Kp ve Ki parametreleri üç DNA bazı kullanılarak kodlama yapıldı A-0, G-1, C-2 ve T-3 olarak onluk sisteme çevrilir. Örneğin AAA=0, TTT=63 olarak hesaplanır. DNA hesaplama ile yapılan kodlama örneği tablo 1’de verilmektedir.

Tablo 1: DNA kodlama tablosu

	DNA Kod Sistemi	4’lü Kod Sistemi	2’li Kod Sistemi	Kp ve Ki için Min Değer	Kp ve Ki için Maksimum Değer
	A, G, C, T	0, 1, 2, 3	00, 01, 10, 11		
Kp	AGT, TAA, TTT	013, 300, 333	000111, 110000, 111111	0	63
Ki	GTT, CCA, AGC	133, 220, 012	011111, 101000, 000110	0	4

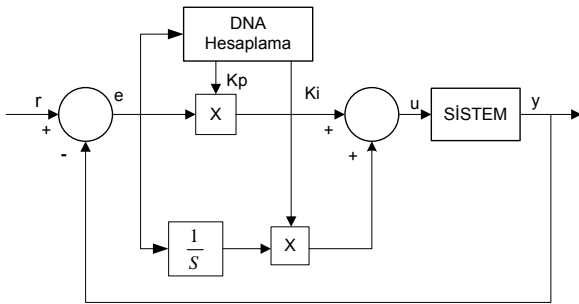
3. DNA Hesaplama ile Denetleyici Parametrelerinin Ayarlanması

3.1. PI Denetleyiciler

Uzun zamandan beri endüstri alanındaki sistemlerin kontrolünde PID (proportional–integral-derivative) denetleyiciler kullanılmaktadır. PID denetleyicilerin kullanılmasıyla sistemlerin kontrolü, kararlılığı ve ekonomik alandaki verimliliğin artırılması amaçlanmaktadır. Bu amaç doğrultusunda sistemlerde PID kullanıldığında amaçlanan hedeflere uygun sonuçlar üretildiği görülmüştür. PI denetleyiciler oransal sabit (P) ve integral sabiti (I) olarak kabul edilen iki temel yapıdan oluşmakta ve endüstri alanındaki sistemlerin kontrol edilmesi için kullanılmaktadır. Bu sistemlerde kontrol edilecek bir parametre belirlenir ve bu parametrenin değeri belirli aralıklarda tutulmaya çalışılır. Şekil 2’de PI tasarımında kullanılan bir sistemin genel yapısı gösterilmektedir. Şekilde verilen e hata değerini, R sistem için öngörülen set değerini ve y ise sistemin çıkış değerini göstermektedir. (1) Denklemi PI denetleyicilerin ayarlanması için kullanılmaktadır.

$$u(t) = Kp e(t) + Ki \int e(t) dt \quad (1)$$

Yukarıdaki (1) denklemde verilen Kp oransal sabit ve Ki integral sabitidir. Oransal sabit kontrol sistemlerindeki yükselme zamanını azaltıcı etki yapmakta fakat hata değerini yok edememektedir. İntegral sabiti ise hata değerini yok etmektedir. Oransal ve integral sabit birlikte kullanılarak sistem kararlı hale getirilmektedir. Eğer oransal ve integral sabitleri kullanıldığı halde sistem kararlı hale gelmezse türev sabiti olan Kd sisteme eklenir. Türev sabiti oturma zamanını ve ani tepkileri azaltıcı etki göstermektedir. Zorunlu olmadıkça bu üç parametre birlikte kullanılmaz. Çünkü üç parametrenin birlikte ayarlanması çok zordur. Şekil 2’de DNA hesaplama ile PI tasarımı gösterilmektedir.



Şekil 2: Önerilen DNA-PI modeli

Aşağıda verilen (2) denklemi problemin uygunluk fonksiyonu olarak seçilmektedir.

$$F(Kp, Ki) = \text{sum}(\text{abs}(e)) \quad (2)$$

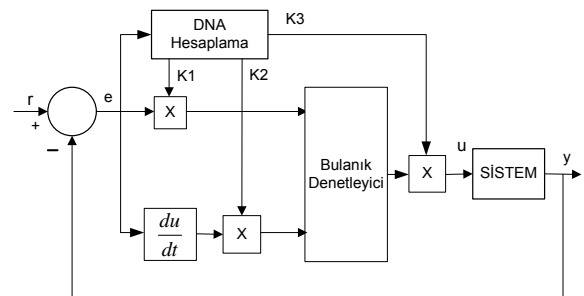
(2) Denklemde e hata değeri olup (3) denklemi kullanılarak bulunmuştur.

$$e(t) = r - y(t) \quad (3)$$

(3) denklemde r değeri sistem için kabul edilen referans değeri olup sistemin bu değere yakın bir sonuç üretmesi hedeflenmelidir. Referans değerine yakın veya bu değeri üreten sistemler kararlı olarak kabul edilir. (3) Denklemde verilen y çıkış değeri olup geri bildirim için sisteme gönderilmekte ve hata değerinin tespit edilmesi için kullanılmaktadır.

3.2. Bulanık Denetleyiciler

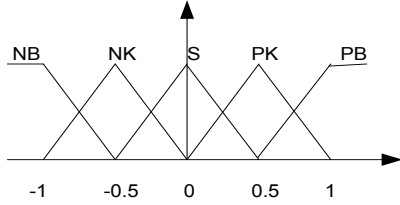
Basit ve sınırlı sayıda koşul içeren problemlerin çözümünde klasik mantık kullanılarak kolayca sonuca ulaşılmaktadır. Ancak çok karmaşık bir yapıya sahip, koşulları iç içe olan ve kişisel yorum gerektiren durumlarda klasik mantık yetersiz kalmakta ve çözüm zorlaşmaktadır [10, 22]. Klasik mantık ile çözümü zor olan problemler için bulanık mantık tabanlı denetleyiciler geliştirilmiştir. Bulanık denetleyiciler doğrusal olmayan karmaşık ve çok parametrelili sistemlerin optimizasyonunda oldukça yararlı olmaktadır. Bu denetleyiciler araştırma ve uygulama alanında sıklıkla kullanılmakta ve ilgiyle takip edilmektedir [7,8]. Bulanık denetleyicilerin bulanık değerlerden oluşan kümeleri kullanması ile kesin değerlerden oluşan kümelerine göre daha geniş bir arama ve çözüm alanı sağlanmaktadır. Günlük hayatta kullanılan çok küçük, küçük, orta, orta üstü, büyük, çok büyük gibi ifadeler bulanık değerler olarak ifade edilir [10,22]. Bulanık mantık hiçbir matematiksel denklem veya modele gereksinim duymaz. Problemi oluşturan giriş ve çıkış değişkenlerini göstermek için üyelik fonksiyonlarını kullanır [8, 22]. Giriş değerlerine göre çıkışın elde edilmesi için kural tabanı kullanılır. Kural tabanı uzman kişilerin görüş ve önerileri ile tecrübelerinden yararlanılarak oluşturulur [10,22]. Bulanık mantık kesin değer ifade eden problemleri bulanık değerlere dönüştürüp gerçek hayattaki çözüm kümesine yakın sonuçlar üretir. Şekil 3’te DNA hesaplamasının bulanık denetleyiciler ile birlikte kullanımını gösteren bir model sunulmaktadır.



Şekil 3: Önerilen DNA-Bulanık Denetleyici modeli

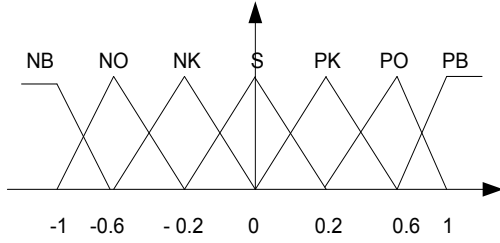
K1 ve K2 giriş K3 ise çıkış ölçekleme faktörleri olup DNA hesaplama ile ayarlanarak bulanık denetleyici adaptive hale getirilmektedir. Şekil 4 ve şekil 5’te normalize edilmiş giriş ve çıkış üyelik fonksiyonları verilmektedir. Normalizasyon

değerleri DNA hesaplama ile ayarlanarak sistem aktif hale getirilmektedir. Giriş ve çıkış üyelik fonksiyonları için -1 ile +1 aralığında değişen değerler kullanılmaktadır. Şekil 4 üzerinde verilen NB-Negatif Büyük, NO-Negatif Orta, NK-Negatif Küçük, S-Sıfır, PK-Pozitif Küçük, PO-Pozitif Orta, PB-Pozitif Büyük bulanık değerleri ifade etmektedir.



Şekil 4: Hata (e) ve Hatanın Türevi (de) üyelik fonksiyonları.

Şekil 5'te çıkış fonksiyonu olan u üyelik fonksiyonu verilmektedir.



Şekil 5: Çıkış üyelik fonksiyonu (u)

Tablo 2: Bulanık Denetleyici Kural tablosu

e / de	NB	NK	S	PK	PB
NB	NB	NB	NO	NK	S
NK	NB	NO	NK	S	PK
S	NO	NK	S	PK	PO
PK	NK	S	PK	PO	PB
PB	S	PK	PO	PB	PB

Tablo 2'de giriş üyelik fonksiyonlarının kullanımı sonucu oluşacak çıkış değerleri sunulmaktadır.

4. Simülasyon Sonuçları

Önerilen yöntemin performans ölçümü için denklem 4 ile verilen bir DC motorun pozisyon kontrolünü modelleyen transfer fonksiyonu simülasyon sonuçları için kullanılmıştır. Tablo (3)'te DNA hesaplama algoritması için kullanılan parametre değerleri gösterilmektedir.

$$G(s) = \frac{2.2}{8.96e - 6s^3 + 7.27e - 3s^2 + 0.945s} \quad (4)$$

Kp ve Ki değerlerinin tespiti için yukarıda verilen (2) ve (3) denklemleri kullanılır. Sistem için kullanılan referans değeri R=1 olarak seçilmektedir. Popülasyon büyüklüğü 60 ve maksimum işlem sayısı 30 olarak alınmaktadır. Sisteme her bir adımda %30 oranında enzim ve virüs mutasyonu uygulanıp $60 \cdot 0.3 = 18$ bireyin değişimi sağlanmaktadır.

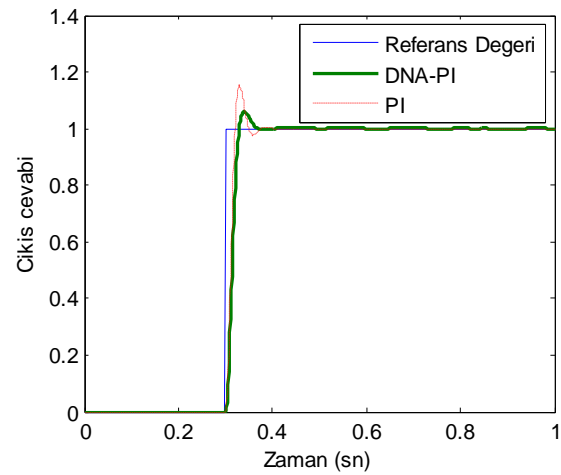
Tablo 3: Simülasyon için kullanılan DNA hesaplama parametreleri

Parametre	Değeri
Populasyon Büyüklüğü	60
Maksimum İşlem Sayısı	30
Enzim ve Virüs Oranı	0.3

Matlab ve simulink programları kullanılarak yapılan bu çalışma çevrimiçi ve çevrimdışı olarak uygulanmaktadır. Çevrimiçi uygulamada değerler online olarak sisteme gönderilip sonuçlar izlenmektedir. Çevrimdışı uygulamada ise önce Kp ve Ki değerleri elde edilip bulunan değerler sisteme uygulanarak sonuçlar bulunmaktadır. Çevrimiçi olarak sistemin ürettiği sonuçlar aşağıdaki tablo 4 ve şekil 6'da verilmektedir. Tablo 4'te verildiği üzere Kp 15, Ki 1.718, yerleşme zamanı 0.01 sn ve maksimum aşım %12 olarak bulunmaktadır. Sayısal verilerden görüleceği üzere DNA hesaplama algoritması kullanıldığında daha az aşım oluşmaktadır.

Tablo 4: Çevrimiçi DNA-PI ve PI karşılaştırmalı sonuç tablosu

Algoritma	Kp değeri	Ki değeri	Yerleşme Zamanı	Maksimum Aşım %
DNA-PI	15	1.718	0.01 sn	% 12
PI	45.5	0.092	0.01 sn	% 18

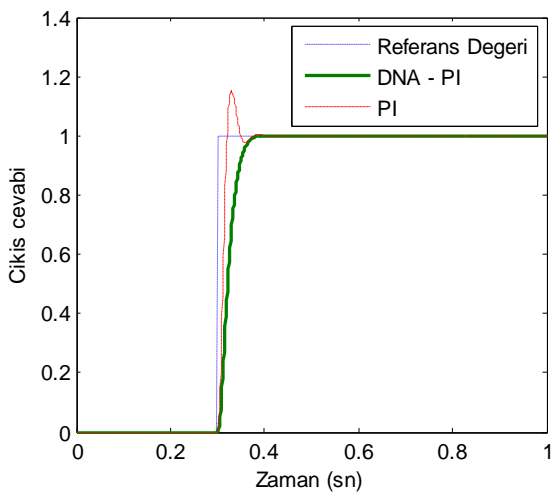


Şekil 6: Çevrimiçi DNA-PI ve PI sonuçlarının karşılaştırılması.

Çevrimdışı olarak bulunan sayısal değerler tablo 5 ve şekil 7’de gösterilmektedir. Tablo 5’te verildiği üzere Kp 17, Ki 0.312, yerleşme zamanı 0.01 sn ve maksimum aşım yaklaşık %0 olarak elde edilmektedir. Tablo 5’e bakıldığında DNA hesaplama algoritması kullanılarak bulunan maksimum aşım değerinin PI kullanılarak bulunan değere göre çok daha iyi olduğu görülmektedir.

Tablo 5: Çevrimdışı DNA-PI ve PI karşılaştırmalı sonuç tablosu

Algoritma	Kp değeri	Ki değeri	Yerleşme Zamanı	Maksimum Aşım %
DNA-PI	17	0.312	0.01 sn	~%0
PI	45.5	0.092	0.01 sn	% 18



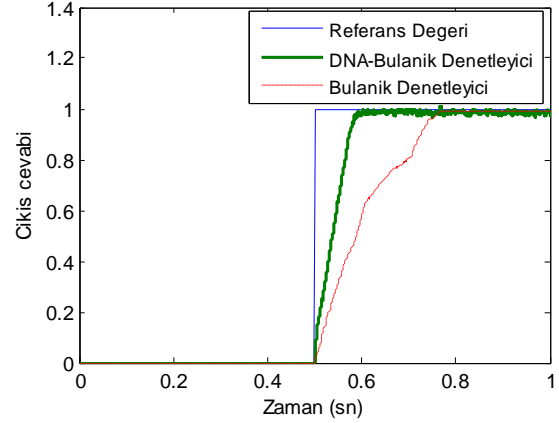
Şekil 7: Çevrimdışı DNA-PI ve PI sonuçlarının karşılaştırılması.

DNA Hesaplama algoritmasının bulanık denetleyiciler ile kullanımı sonucu bulunan simülasyon sonuçları tablo 6 ve şekil 8’de verilmektedir. Bulanık denetleyici parametrelerinin optimizasyonunda DNA hesaplama kullanıldığında yerleşme zamanı 0.1 sn ve maksimum aşım yaklaşık %0 olarak elde edilmektedir. Bulanık denetleyiciler kullanıldığında yerleşme zamanı 0.3 sn olmaktadır. Deney sonuçları tablo 6 ve şekil 8’de ayrıntılı olarak sunulmaktadır.

Tablo 6: DNA-Bulanık Denetleyici ve Bulanık Denetleyici karşılaştırmalı sonuç tablosu

Algoritma	Yerleşme Zamanı	Maksimum Aşım %
DNA-Bulanık Denetleyici	0.1	~ %0
Bulanık Denetleyici	0.3	~ %0

Tablo 6 incelendiğinde DNA-Bulanık denetleyici kullanılarak bulunan yerleşme zamanı değerinin bulanık denetleyiciye göre daha iyi olduğu görülmektedir.



Şekil 8: DNA-Bulanık Kontrol ve Bulanık Kontrol sonuçlarının karşılaştırılması

Aşağıda tablo 7’de DNA hesaplamasının avantaj ve dezavantajları belirtilmektedir.

Tablo 7: DNA hesaplamasının avantaj ve dezavantajları

DNA hesaplamasının avantajları	DNA hesaplamasının dezavantajları
Uygulanan mutasyon yöntemi ile daha geniş bir alanda çözüm kümesi oluşmaktadır.	Çözelti ortamında uygulaması zor ve pahalıdır.
Yerel optimum noktalara bağlı kalmaksızın genel arama yeteneğine sahiptir.	Elektronik ortamda yapılan uygulamalarda DNA moleküllerinin hesaplama yeteneği tam olarak kullanılamamaktadır.
Karmaşık ve zor matematiksel denklem ve modellere gerek kalmaksızın çözüm elde edilmektedir.	Diğer optimizasyon algoritmaları gibi elde edilen sonuçların %100 doğruluğu bilinmemektedir.
Çözelti ortamında uygulandığında paralel işlem yapma yeteneği ile işlemleri daha hızlı gerçekleştirmektedir.	Çözelti ortamında uygulandığında büyük miktarda veri kodlama ve veri saklama kapasitesine sahiptir.

Simülasyon sonuçlarından görüldüğü gibi önerilen DNA hesaplama tabanlı ayarlama algoritması klasik denetleyicilere göre daha performanslı sonuçların elde edilmesini sağlamıştır. Literatürde verilen geleneksel sayısal DNA hesaplama algoritması için çaprazlama, mutasyon, enzim ve virüs mutasyonu, kaydırma, tersten yazma ve karıştırma adımları uygulanmaktadır. Her uygulamada bu sayılan adımlardan birkaçı veya tamamı kullanılabilir. Bu çalışmada ise kullanılan DNA hesaplama algoritmasının basitleştirilmesi için çaprazlama, enzim ve virüs mutasyonu adımları kullanılmaktadır. DNA hesaplama algoritması denetleyici parametrelerinin ayarlanmasında henüz çok fazla kullanılmamasına karşın bu çalışma ile başarılı sonuçların elde edilebileceği gösterilmiştir.

5. Sonuçlar

Bu çalışmada PI ve bulanık denetleyici parametrelerinin ayarlanması için sayısal DNA hesaplama algoritmasının kullanılabilirliği gösterilmektedir. DNA hesaplamasının iki uygulama türünden biri olan sayısal DNA hesaplama algoritmasının PI ve bulanık denetleyici parametrelerinin optimizasyonu için uygulaması yapılmaktadır. Yapılan çalışmada DNA hesaplamasının sağladığı en belirgin avantaj uygulanan mutasyon yöntemi ile daha geniş bir alanda çözüm kümesinin oluşmasıdır. Bununla yerel optimum noktalara bağlı kalmaksızın genel arama yeteneği kazanılmaktadır. Literatürde kullanılan DNA hesaplama algoritmaları daha kompleks olup bu çalışmada basitleştirilmektedir. Önerilen DNA hesaplama algoritmasının geleneksel DNA algoritmalara göre uygulanabilirliği daha kolay olup daha hızlı sonuç elde edilmektedir. Bu algoritmanın sistemlerin optimizasyonu için etkili bir araç olduğu kanıtlanmaktadır. Bununla birlikte Sayısal DNA hesaplamasının çözelti ortamında uygulanan DNA hesaplama kadar etkili olamayacağı açıktır. Çünkü sayısal ortamda yapılan hesaplamada DNA moleküllerinin gerçek özellikleri hesaplama algoritmasına tam olarak uygulanamamaktadır. Bütün bu sonuçlardan DNA hesaplama algoritmasının PI ve bulanık denetleyici parametrelerinin ayarlanmasında daha etkili olduğu sonucuna varılmaktadır. Bu alandaki çalışmalardan gelecekteki beklentimiz DNA moleküllerinden oluşan DNA bilgisayarların hızla geliştirilmesi ve DNA hesaplamasının daha etkin bir şekilde kullanımının sağlanmasıdır.

6. Kaynakça

- [1] C.V. Henkel, Experimental DNA Computing, Doktora Tezi, Leiden Üniversitesi, 2005.
- [2] Z.F. Qiu, Advance the DNA computing, Doktora Tezi, Texas A&M University, Texas, 2003.
- [3] Z. Hongyan, L. Xiyu, A General Object Oriented Description for DNA Computing Technique, Information Technology and Computer Science ITCS International Conference on Volume 1, 3 – 6, 2009.
- [4] C.L. Lin, H.Y. Jan, T.S. Hwang, Structure Variable PID Control Design Based on DNA Coding Method, Industrial Electronics, 2004 IEEE International Symposium on Volume 1, 423 - 428 vol. 1, 2004.
- [5] C.L. Lin, H.Y. Jan, T.H. Huang, Self-Organizing PID Control Design Based on DNA Computing Method, Control Applications, Proceedings of the 2004 IEEE International Conference on Volume 1, 568–573, 2004.
- [6] H. Yourui, C. Xiuqiao, H. Yihua, Optimization for Parameter of PID Based on DNA Genetic Algorithm, 2005.
- [7] T. Yoshikawa, T. Furuhashi, Y. Uchikawa, DNA Coding Method and a Mechanism of Development for Acquisition of Fuzzy Control Rules, 1996.
- [8] I. Erenoglu, I. Eksin, E. Yesil, M. Guzelkaya, An Intelligent Hybrid Fuzzy PID Controller, Proceedings 20th European Conference on Modelling and Simulation Wolfgang Borutzky, Alessandra Orsoni, Richard Zobel, 2006.
- [9] J.J. Kim, J.J. Lee, PID controller design using double helix structured DNA algorithms with a recovery function, Electrical Engineering and Computer Science, Korea Advanced Institute of Science and Technology (KAIST), 373-1 Guseong-dong, Yuseong-gu, Daejeon 305-701, Korea, 2008.
- [10] X. Peng, P. Vadakkepat, T.H. Lee, DNA Coded GA for the Rule Base Optimization of A Fuzzy Logic Controller, 2001.
- [11] H. Yourui, T. Yiming, Design of PID controller based on DNA computing, 2010 International Conference on Artificial Intelligence and Computational Intelligence, 2010.
- [12] G. Cui, C. Li, H. Li, X. Li, DNA Computing and Its Application to Information Security Field, Natural Computation, ICNC '09, Fifth International Conference on Volume 6, 148 – 152, 2009.
- [13] Z. Zhang, X. Shi, J. Liu, A method to encrypt information with DNA computing, Bio-Inspired Computing: Theories and Applications, BICTA, 3rd International Conference, 155 – 160, 2008.
- [14] Y. Zhixiang, S. Bosheng, Z. Cheng, Molecular beacon based DNA computing model for maximum independent set problem, International Conference on Intelligent Computation Technology and Automation 2010.107, 2010.
- [15] M. Amos, G. Paun, G. Rozenberg, A. Salomaa, Topics in the theory of DNA computing, Theoretical Computer Science 287 3 – 38, 2002.
- [16] J. Watada, R.B.A. Bakar, DNA computing and its applications, ISDA '08. Eighth International Conference on Volume 2, Page(s):288 – 294, 2008.
- [17] L. Kari, DNA computing in vitro and in vivo, Future Generation Computer Systems 17 823–834, 2011.
- [18] W. Liu, S. Sun, Y. Guo, DNA Computing Model of Perceptron, Circuits, Communications and Systems, PACCS '09. Pacific-Asia Conference on Page(s):726–729, 2009.
- [19] W. Jiejun, X.C. Pei, Test generation for combinational circuits Based on DNA computing, Electronic Measurement & Instruments, ICEMI '09, 9th International Conference, 4-650 - 4-653, 2009.
- [20] M. Hashempour, Z.M. Arani, F. Lombardi, Modeling gross damage in tile-based nanomanufacturing by DNA Self-Assembly, IEEE transactions on nanobioscience, vol. 9, no. 3, september, 2010.
- [21] A. Schuster, DNA Algorithms for petri net modelling, Informatica 32, 421-427, 2008.
- [22] M.F.M. Saaid, Z. Ibrahim, M. Khalid, A. Yahya, Alternative Fuzzy C-Means Clustering for DNA Computing Readout Method Implemented on DNA Engine Opticon 2 System, Signal Image Technology and Internet Based Systems, SITIS '08, IEEE International Conference, 498 – 503, 2008.
- [23] S. Mitra, R. Das, Y. Hayashi, Genetic Networks and soft computing, IEEE/acm transactions on computational biology and bioinformatics, vol. 8, no. 1, january/february, 2011.
- [24] J. Tao, N. Wang, DNA Computing based RNA genetic algorithm with applications in parameter estimation of chemical engineering processes, Computers and Chemical Engineering 31, 1602-1618, 2007.
- [25] S.A. Tsafaris, A.K. Katsaggelos, T.N. Pappas, E.T. Papoutsakis, How can DNA computing be applied to digital signal processing?, Signal Processing Magazine, IEEE Volume 21, 57 – 61, 2004.