

ÖĞRENCİ

AD: EREN

SOYAD: ÇOBAN

NUMARA: G221210090

ŞUBE: 2.ÖĞRETİM C

DERS: VERİ YAPILARI

DERSİ VEREN:DR.ÖGR KAYHAN  
AYAR

Ödevin Amacı: C++ Programlama diliyle veri yapılarının ve algoritmaların nasıl kullanılacağını öğrenmek ve özellikle bağlı listelerin uygulanmasını deneyimlemek. Gen kromozom ve DNA işlemleri gibi biyolojik kavramların işlenmesiyle programlama becerisi kazanmayı amaçlamıştır.

Kazanımlar:

Ödev sayesinde bağlı listelerin temel yapılarını ve verilere bağlı liste üzerinden nasıl erişip nasıl kullanacağımızı deneyimleme fırsatı elde ettik.

Dosya işlemleri metin dosyalarını okuyup işlemek büyük veri setleriyle de aynı işlemleri deneyimledik.

caprazlama() ve ekranaYaz() fonksiyonlarını oluştururken özellikle

şablon yapısı yasak olduğundan sınıfları manuel olarak düzenledik bu da bizim programlama bilgimizi arttırdı .

Öncelikle dosya yapımızdan bahsedelim Main ,AnaMenu, DNAoku, GenDugumu, İşlemler, Kromozom, Populasyon başlık ve kaynak dosyalarımız bulunmakta bu dosyaların işlevlerini kısaca açıklamak gerekirse AnaMenu adlı dosyamızda bizim işlem seçebilmemizi sağlayan ve programdan çıkış yapmamıza yarayan programa bağımlı bir menu tanımlandığını görüyoruz. Otomatik işlemler fonksiyonu direkt dosya alıp içinde okuyarak içindeki harflere göre ayrıştırma yapıyor M C ve E harfleri mevcut.

DNAoku dosyamızda ise Dna.txt dosyamızın okunduğu ve bu okumanın sonucunda kromozomların içine genlerin yani gen verileri olan harflerinde yerleştiğini görebiliyoruz .Sonrasında bu kromozomlar fonksiyon aracılığıyla parametre olarak istediğimiz popülasyonun içine kromozomEkle() fonksiyonu ile ekleniyor .Burada popülasyonumuz oluşmuş oluyor.

GenDugumu dosyamızda en temel yapımız olan GenDugumu tanımlanıyor. Tanımlama yaparken çift yönlü bağlı liste yapısı tercih ettiğimizden ileri ve geri olmak üzere iki adet pointer ve bir adet içine harf parametresi alan GenDugumu yapıcı fonksiyonu ve tabiki char harf diye bir veri tanımlıyoruz. İleri ve geri pointerlarımızın değerlerini ilk olarak null belirliyoruz.

Kromozom dosyamızda genEkle(char harf) ,uzunluk(), genEkleBas() ve Kromozom yıkıcı fonksiyonlarımız bulunuyor. Burada genEkleBas fonksiyonumuzun neden tanımlandığına gelirsek ileride İşlemler dosyamızın içindeki çaprazlama fonksiyonunu kullanırken ortadan ikiye böldüğümüz veriyi yeni oluşturacağımız kromozomun başına ekleyeceğimizden dolayı böyle bir fonksiyon tanımını kullanmayı düşünerek oluşturdum ve kullandım. Uzunluk fonksiyonunu da kromozomun tek çift gen taşıdığının kontrolü için kullandım.

Populasyon dosyamıza gelirsek burada da Kromozomları KromozomDugumu adına bir structa ilişkilendiriyoruz buradan kromozom olan KromozomDugumleri oluşturabilmemize imkan veriyor.Sonrasında KromozomDugumleri birleşerek Populasyonu oluşturuyor .Populasyon KromozomDugumlerini çift yönlü bağlı liste yapısında tutuyor ve bu bize popülasyonda istediğimiz kromozom için işlem yapabilme esnekliğini sunuyor rahatça listede ileri geri dolaşabiliyoruz. Tabiki ileri geri dolaşmak için struct yapımızın içinde ileri ve geri pointerlarımız mevcut.

İşlemler dosyası algoritma bilgimizi en çok kullandığımız ve listeyi en çok deneyimlediğimiz dosyamızdır . Bu dosyada işlemlerimizi gerçekleştirecek fonksiyonlarımız yer alıyor . Ekstra olarak popülasyonugoruntule fonksiyonunu da bir işlem olarak ele aldım ve burada tanımlayıp işlemler nesnesi üzerinden kullandım. Çünkü menü üzerinde çok büyük verilerde ekrana geliş süresini izlemek istenmeyeceğini işlemin tamamlandığının bilinmesinin yeterli olacağını görüntülenmek isterse bunun bir seçenek olması gerektiğini düşündüm ve bunu AnaMenu bir işlem olarak eklemek istedim .Caprazlama fonksiyonu ilk olarak iki kromozom satırı seçilmesi istenir ve yoksa hata mesajı döndürür. Caprazlamanın ana mantığı kromozomların ortasının bulunması öncesine ve sonrasına ulaşılmasıdır ve orta nokta tek sayıda gen taşıyan kromozomlar için orta dahil edilmeyecektir ayrıca iki gen konusunda ek bir tanım yaptım.ekranaYaz()fonksiyonu önce kromozomun ilk genini alır ve son gen den sırayla kıyaslama yapar gördüğü anda direkt olarak ekrana yazacağı yere ekler sırasıyla popülasyondaki kromozomlar dolaşılır ve her kromozom için ilk görülen birinci kromozomdan küçük gen basılır eğer küçük gen yoksa listenin ilk elemanı basılır.Mutasyon fonksiyonumuzda da seçtiğiniz kromozom ve gen mutasyona uğratılır popülasyonu görüntüde ise popülasyon tamamen görüntülenir ve kromozomlar ekrana yazılır .

