



**Dersin Adı:** Veri Yapıları

**Ders Grubu:** 1. Öğretim C Grubu

**Dersi Veren:** Kayhan AYAR

**Ödev Numarası:** 1. Ödev

**Öğrenci Numarası:** B231210378

**Öğrenci Adı:** Yunus Emre

**Öğrenci Soyadı:** YILDIZ



## RAPOR

### ÖDEVDE İSTENİLENLER

Ödevde yalnızca bağlı listeler kullanarak gen, kromozom ve DNA işlemleri yapılacaktır. Ödevde istenilen veri yapıları kullanılarak büyük dosyalarda bile hızlı işlem yapılması isteniyor. Kromozomlar Dna.txt isimli bir dosyadan okunacak ve okunan kromozomlar bağlı listede tutulacaktır. Programda çaprazlama, mutasyon, otomatik işlemler, ekrana yaz, çıkış işlemlerinin yapılması istenmiştir.

Çaprazlama işlemi için kullanıcı 1 seçeneği seçtiğinde kullanıcının girdiği kromozomlar kurallara göre çaprazlanacak. Mutasyon işlemi için kullanıcı 2 seçeneğini seçtiğinde kullanıcının girdiği kromozom ve gen indislerine göre ilgili kromozomdaki ilgili gen 'X' karakteri(geni) ile değiştirilecek. Otomatik İşlemler işlemi için kullanıcı 3 seçeneğini seçtiğinde Islemler.txt dosyasındaki yazılı olan ifadelerle göre otomatik şekilde işlemler yapılacaktır. Ekrana Yaz işlemi için kullanıcı 4 seçeneğini seçtiğinde Her kromozomda sağdan sola doğru tarama yapılacaktır. Kromozomun ilk geninden daha küçük bir gen bulunduğu zaman ekrana yazılacaktır eğer ki daha küçük bir gen yok ise ilk gen ekrana yazılacaktır. Kullanıcı 5 seçeneğini seçerse programdan çıkış yapılır.

### ÖĞRENDİKLERİM

Bu ödevde tek yönlü ve çift yönlü bağlı liste oluşturmayı ve kullanmayı, bağlı listelerde ekleme güncelleme işlemlerini yapmayı öğrendim. Veri yapılarını program daha hızlı çalışacak şekilde oluşturmayı öğrendim.

### YAPTIKLARIM

TumIslemler.cpp , Kromozom.cpp , Gen.cpp ve main.cpp olmak üzere 4 tane kaynak dosyam var.

Gen.cpp :

Kromozomların içerisindeki genlerin çift yönlü bağlı listesini oluşturmak için yazdım. Burada çift yönlü bağlı listeyi "Ekrana Yaz" seçeneğinde istenen sağdan sola doğru tarama işlemini önceki işaretçisi ile yapmak için kullandım.

Kromozom.cpp :

Genleri bir araya getirerek bir kromozomu oluşturmayı temsil eder. Kromozomun ilk genine işaret eden bas değişkeni, son genine işaret eden son değişkeni ve her bir kromozom arasındaki bağlantıyı sağlayacak olan sonraki işaretçisi bulunmaktadır. Çift yönlü bağlı liste yapısıyla genleri tutar. Burada ekleme, uzunluk hesaplama ,mutasyon ,en küçük geni bulma fonksiyonlarım bulunmakta. En küçük geni bulma işlemi için çift yönlü bağlı liste kullanmanın gerekli olduğunu düşündüm.

ekle(char veri): burada ekle fonksiyonunu Dna.txt dosyasından okurken ve yeni kromozom oluştururken kromozoma gen ekleme işleminde kullandım. Genleri kromozoma eklerken çift yönlü bağlı liste kurallarına göre önceki, sonraki, bas, son değişkenlerinin ayarlamalarını yaptım.

uzunluk(): Kromozom uzunluğunu hesaplayan fonksiyon. Çaprazlama işleminde kullanılacak.

mutasyon(int genIdx): Geni mutasyona uğratma fonksiyonudur.

enKucukGenBulveYazdir() : Kromozomun ilk genini daha sonra karşılaştırma yapmak için bir char değişkeninde tuttum. son işaretçisini gecici değişkenine atadım ve gecici değişkeni yardımı ile kromozomun son geninden başlayarak ilk geni ile karşılaştırma yaptım. İlk genden daha küçük bir gen bulunması durumunda bu geni return ettim.

TumIslemler.cpp

Kromozomları yönetmek için var. Dosyadan okuma işlemleri ve genetik tüm işlemler buradadır. Bağlı listedeki ilk kromozoma işaret edecek olan ilk değişkeni bulunmaktadır. Kromozomları tek yönlü bağlı liste şeklinde tuttum.

dosyaOku(const string &dosyaAdi) : Dosyayı satır satır okudum. Kromozom sınıfından bir sonKromozom işaretçisi oluşturdum. Her satırdaki karakterleri dosyadan okudum ve bu karakterleri her satır için oluşturduğum yeni kromozoma ekledim. Oluşturduğum her kromozomu sonKromozom değişkenine atadım ve böylece programın daha hızlı çalışmasını sağladım. Çünkü listenin sonundaki kromozom aktif olarak tutulacağı için her seferinde oluşturulan yeniKromozomu eklemek için listenin sonuna gitmeye gerek kalmayacak.

caprazlama(int idx1, int idx2):Bağlı listede gezerek ilgili kromozomları bulma işlemini yaptım. Kromozom sınıfındaki uzunluk fonksiyonu yardımı ile kromozomların uzunluklarını hesapladım. Ödevde belirtilen duruma göre kromozomların uzunluğunun tek olması, çift olması kontrol edilmeli ve buna göre işlemler yapılmalıydı. Bunu if yapıları ile kontrol ettim ve farklı durumlar için farklı işlemler uyguladım. Genel olarak çaprazlama işlemini kromozomun orta noktasını bularak yaptım.

mutasyon(int idx, int genIdx) : Bağlı listede gecici değişkeni ile gezerek ilgili kromozomu buldum. Daha sonra kromozom sınıfı içerisindeki mutasyon fonksiyonunu kullanarak mutasyon işlemini yaptım.

otomatikIslemler(const string& dosyaAdi): Islemler.txt dosyasında yazılı olan ifadelere göre çaprazlama ve mutasyon işlemlerini yaptım.

enKucukGenYazdir2(): gecici değişkeni ile bağlı listedeki tüm kromozomları gezdim ve her bir kromozom için Kromozom sınıfındaki enKucukGenBulveYazdir() fonksiyonunu kullanarak en küçük geni bulma işlemini yaptım ve ekrana yazdırdım.

main.cpp :

Burada do while ile seçim ekranını oluşturdum. TumIslemler sınıfını da kullanarak kullanıcının seçtiği işlemi yaptıran kodları yazdım.

makefile dosyası: Programı derleyecek ve çalıştıracak makefile dosyası.

## **ZORLANDIĞIM KISIMLAR**

Bağlı liste sınıflarını oluştururken birden fazla oluşturmam gerektiği için zorlandım. Programı hızlandırma aşamasında zorlandım.