

DOĞRUSAL OLMAYAN REGRESYON ANALİZİNDE GERÇEK DEĞER KODLAMALI GENETİK ALGORİTMA

Timur KESKİNTÜRK*
Serap ŞAHİN **

ÖZET

Altunkaynak ve Esin (2004), yapmış oldukları çalışmada doğrusal olmayan regresyonda parametre tahminini ikili kodlamalı genetik algoritma ile yapmış ve elde ettikleri sonuçları Gauss-Newton ile karşılaştırmışlardır. Bu çalışmada parametre tahmininde gerçek değer kodlamalı genetik algoritma kullanılmış ve sonuçlar ilgili çalışmadaki sonuçlar ile karşılaştırmalı olarak ele alınmıştır.

Anahtar Kelimeler: Regresyon, Gerçek değer kodlamalı genetik algoritma.

REAL-VALUED GENETIC ALGORITHM IN NONLINEAR REGRESSION ANALYSIS

ABSTRACT

Altunkaynak and Esin (2004), performed parameter estimation in nonlinear regression via binary genetic algorithm encoding and compared the results with Gauss-Newton's method. In this study, real-valued genetic algorithm has been proposed for the parameter estimation in nonlinear regression and the results are compared with those of Altunkaynak and Esin.

Keywords: Regression, Real-valued Genetic Algorithm.

* Ar. Gör. İstanbul Üniversitesi, İşletme Fakültesi, tkturk@istanbul.edu.tr

** Ar. Gör. İstanbul Üniversitesi, İşletme Fakültesi.

1. GİRİŞ

Olaylar ya da durumlar arasındaki ilişkinin ortaya çıkarılması olarak özetleyebileceğimiz regresyon analizi, oldukça geniş bir kullanım alanına sahiptir. İlişki, bir fonksiyonla ifade edilmekte ve bu fonksiyon yorumlanarak ilişkinin gücü, yönü hakkında yorum yapıp, gelecekle ilgili politikalar belirlenmektedir. Fonksiyonun doğru bir şekilde oluşturulması, analiz ve yorumların geçerliliğinde etkin bir rol oynamaktadır. Bu konuda geliştirilmiş bir çok istatistiksel ve sezgisel teknik söz konusudur. Altunkaynak ve Esin (2004), yapmış oldukları çalışmada, Gauss-Newton ile ikili genetik algoritmayı karşılaştırmışlardır. Bu çalışmada, ikili kodlamaya alternatif olarak geliştirilen gerçek değerli genetik algoritma, doğrusal olmayan regresyonda parametre tahmininde kullanılmış ve adı geçen çalışma sonuçlarıyla karşılaştırılmıştır.

İkinci bölümde regresyon analizi genel olarak anlatılmış, Gauss-Newton yöntemi üzerinde daha ayrıntılı olarak durulmuştur. Kullanılan S-büyüme eğrileri de bölüm sonunda verilmiştir. Üçüncü bölümde genetik algoritma (GA)'nın tanımı yapılmış, teorisine ve adımlarına değinilmiştir. Dördüncü bölüm uygulamaya ayrılmış, kullanılan algoritmalara ait operatör ve parametreler anlatılmıştır. Sonuçlar da bu bölümde raporlanmıştır. Son bölüm, sonuçların yorumlanması ve önerilerden oluşmaktadır.

2. REGRESYON ANALİZİ

Regresyon analizi, bir değişkenin bir veya daha fazla değişkenle arasındaki ilişkinin matematik bir fonksiyonla ifade edilmesidir. Matematik fonksiyonun tipine göre doğrusal ve doğrusal olmayan regresyon modelleri olarak ikiye ayrılırlar (Orhunbilge, 2002). Doğrusal modeller yansız, normal dağılımlı, minimum varyanslı tahmin verirken, doğrusal olmayan regresyon modelleri genelde bunu sadece örnek boyutu çok büyük olduğunda yapabilmektedir. Sonuç çıkartmak, doğrusal modellerden daha zordur. Ayrıca normal dağılım teorisi, doğrusal olmayan regresyon modellerine tam olarak uygulanamamaktadır. Bunun yerine asimptotik ve büyük çaplı örnekler teorisine dayanan yöntemler kullanılmaktadır (Kutner vd, 1996).

Doğrusal olmayan regresyon modelleri de aynı doğrusal modeller gibi basit formda gösterilebilirler:

$$Y_i = f(X_i, \gamma) + \varepsilon_i \quad (1)$$

Doğrusal olmayan regresyon modellerinde, regresyon parametre sayısı modeldeki açıklayıcı değişken sayısı ile doğrudan ilişkili değildir. Denklem 1'deki γ ,

bilinmeyen parametrelerin $p \times 1$ vektörü, ε , $E(\mathbf{e}) = 0$ ve $\text{Var}(\mathbf{e}) = \sigma^2$ olacak şekilde korelasyonsuz hata terimidir. $f(X_i, \gamma)$ ise doğrusal olmayan regresyon modeli için beklenti fonksiyonu olarak adlandırılır (Ratkowsky, 1983).

Doğrusal olmayan regresyon modellerinin parametre tahminleri için önerilen birçok yöntem vardır. Bunlardan bilinen bazıları en küçük kareler, en çok olabilirlik (maximum likelihood) ve gauss newton yöntemleridir (Kutner vd, 1996).

Çalışmamızda genetik algoritma sonuçları Gauss-Newton sonuçları ile karşılaştırılmıştır. Gauss-Newton yöntemi beklenti fonksiyonunun doğrusallaştırılması ile başlar. Doğrusallaştırma $f(X_i, \gamma)$ in bir $\mathbf{g}^{(0)} [g_0^{(0)}, g_1^{(0)}, \dots, g_{p-1}^{(0)}]$ civarında sadece doğrusal terimlerin bulunduğu bir Taylor serisi açılımıyla gerçekleştirilir. Üst indiste parantez içinde iterasyon sayıları olacak şekilde $\mathbf{g}^{(0)}$ noktası genellikle bir başlangıç tahmini veya γ model parametreleri için başlangıç değerlerinin bir kümesidir. İteratif olarak bu süreç yakınsama sağlanana, yani parametre tahminlerinde değişkenlik anlamlı sayılabilecek seviyeye düşene kadar devam eder. Genellikle yakınsaklık kriteri,

$$\left| \frac{b_{j,k+1} - b_{jk}}{b_{jk}} \right| < \delta, \quad j=1,2,\dots,p \quad (2)$$

ye dayanır. Burada δ , 10^{-6} gibi küçük bir sayıdır. Her iterasyon sonunda, hata kareler toplamının değeri hesaplanarak bir azalma olup olmadığı kontrol edilir. Gauss-Newton'dan esinlenilerek yeni bir takım yöntemler geliştirilmiştir. En dik inme yöntemi, kesirli artımlar ve Marquardt algoritması bunlardan bazılarıdır (Ünlü, 2006).

Bu çalışmada doğrusal olmayan S-biçimli büyüme modelleri kullanılmıştır. S-biçimli büyüme eğrileri üreten süreçler, biyoloji, tarım, mühendislik ve ekonomide yaygındır. Bu tür eğriler sabit bir noktada başlayarak, azalarak artan büyüme oranıyla asimptotik bir son değere yaklaşır (Ünlü, 2006). Çalışmamızda aşağıdaki büyüme eğrileri kullanılmıştır:

$$f(x) = \alpha \exp[-\exp(\beta - \gamma x)] \quad (\text{Gompertz fonksiyonu}) \quad (3)$$

$$f(x) = \frac{\alpha}{(1 + \exp(\beta - \gamma x))} \quad (\text{Lojistik fonksiyonu}) \quad (4)$$

$$f(x) = \frac{\alpha}{(1 + \exp(\beta - \gamma x))^{1/\delta}} \quad (\text{Richards fonksiyonu}) \quad (5)$$

$$f(x) = \frac{(\beta\gamma + \alpha x^\delta)}{(\gamma + x^\delta)} \quad (\text{Morgan-Mercer-Flodin}) \quad (6)$$

$$f(x) = \alpha - \beta \exp(-\gamma x^\delta) \quad (\text{Weibull Type}) \quad (7)$$

3. GENETİK ALGORİTMA

Genetik algoritma, özellikle doğrusal olmayan, çok değişkenli, zor problemlerin çözümüne yönelik olarak geliştirilmiş, populasyon temelli sezgisel bir yöntemdir (Goldberg, 1989; Michalewicz, 1992; Reeves, 1995). Ön bilgi ve varsayımlar olmadan, sadece amaç fonksiyonu ile çalışabilmektedir. Probleme ait değişkenler, kromozom denen dizilerde, genlerle temsil edilmektedir. Her bir değişken kodlama biçimine göre tek ya da bir grup genle tanımlanmaktadır. Seçim, çaprazlama ve mutasyon operatörleriyle, bunlara genetik operatörler de denmektedir, iterasyonlar boyunca kromozomlarda birtakım değişiklikler yapılmakta ve en iyi sonucu verecek çözüm seti aranmaktadır.

GA'da ilk olarak kodlama biçimine karar verilmelidir. Genellikle ikili kodlama, permutasyon kodlama ve gerçek değerli kodlama kullanılmaktadır. İkili kodlama 1 ve 0 değerlerinden oluşmaktadır. Değişkenler, değer aralığına göre belirlenen sayıda genden oluşan ikili düzende temsil edilmektedir. Fonksiyon değeri hesaplanırken ikili değerler, ondalık değere çevrilerek elde edilen değişkenin gerçek değeri, fonksiyonda yerine konulur. Permutasyon kodlama, sıralamanın önemli olduğu ve tekrarın mümkün olmadığı, en kısa yol, gezgin satıcı vb. problemlerin çözümünde kullanılır. Çalışmamızda da kullanılan gerçek değerli kodlama ise değişkenlerin doğrudan kendi değerleriyle temsil edildikleri kodlama biçimi olarak karşımıza çıkmaktadır.

Çözüm uzayındaki arama tek bir noktadan değil, noktalar kümesinden yapılmaktadır. Uygulayıcı tarafından belirlenen miktardaki kromozom, populasyonu

oluşturmaktadır. İlk popülasyon tesadüfi olarak belirlenmekte olup, başlangıç popülasyonu olarak isimlendirilir.

Genlerdeki değişken değerleri, fonksiyonda yerine konularak kromozomun uygunluk değeri elde edilir.

Genetik operatörlerden ilk olarak seçim operatörü uygulanır. Amaç, popülasyonda daha iyi bireylerin (kromozom) çoğaltılması (kopyalanması), uygunluğu (amaç fonksiyon değeri) düşük olan bireylerin elenmesi, yok edilmesidir. Böylelikle toplam uygunluk iyileştirilmiş olmaktadır. Birçok seçim yöntemi vardır. Bunlara rulet tekerleği seçimi, turnuva seçimi, genel stokastik örnekleme ve sıralı seçim örnek olarak verilebilir (Obitko, 1998).

Seçim sonrası çaprazlama operatörü uygulanmaktadır. Çaprazlamada amaç, iki bireyin farklı birtakım özelliklerini taşıyan ve daha iyi bireyler elde etmektir. Biyolojik üremede olduğu gibi bir anne ve baba kromozom kullanılır. İki kromozomun farklı genleri yeni bir kromozoma aktarılır. Böylelikle, uygunluğu daha yüksek çözüm alternatifleri üretilmeye çalışılır. GA'nın çözüm arama sürecinde oldukça önemli bir operatördür. Belli bir olasılıkla gerçekleştirilir. Genellikle bu olasılık 0,9 gibi yüksek değerlerde belirlenir. Kodlama biçimine ve problemin yapısına bağlı olarak geliştirilmiş birçok çaprazlama operatörü bulunmaktadır. İkili kodlamada genellikle tek nokta (Sarker ve Newton, 2002), iki nokta ve çok noktalı çaprazlama, permutasyon kodlamada pozisyona dayalı, sıralı (Goldberg, 1989) ve dairesel çaprazlama (Cheng vd, 1999) kullanılmaktadır. Gerçek değerli kodlamaya ise aritmetik çaprazlama, kesikli üretim, çizgi üretim örnek olarak verilebilir.

Mutasyon operatörü, bir daha ulaşılmaması mümkün olmayan çözümlerin kaybına karşı koruma sağlamaktadır (Goldberg, 1989). Düşük bir olasılıkla herhangi bir gen üzerinde yapılan tesadüfi değişikliklerdir. İkili düzende, genin değeri 1 ise 0' a, 0 ise 1' e dönüştürülmesi şeklinde gerçekleştirilmektedir. Permutasyon kodlamada yakın kaydırma, uzak kaydırma, toplu kaydırma, tesadüfi değişim, sıralı değişim gibi birçok mutasyon çeşidi vardır. Gerçek değerli kodlamada ise mevcut değişken değerinin belirlenen mutasyon adımı miktarınca azaltılması veya eşit olasılıkla artırılması şeklinde mutasyon uygulanmaktadır. Bu adımın belirlenmesi farklı şekillerde yapılır. Breeder genetic algorithm mutation bunlardan biridir (Mühlenbein, H., 1994).

Genetik operatörler başlangıç popülasyonuna uygulanır ve yeni bir jenerasyon elde edilir. Bu popülasyon döngüdeki ilk popülasyondur ve bir iterasyon tamamlanmış olur. Uygunluk değerinin belirlenmesiyle başlayan ikinci iterasyonla döngü devam eder. Tamamlanma kriteri (iterasyon sayısı) sağlandığında algoritma durdurulmakta ve mevcut en iyi çözüm sonuç olarak belirlenmektedir.

4. UYGULAMA

Çalışmamızda, Altunkaynak ve Esin'in (2004) çalışmalarında da kullanılan Ratkowsky'e ait veri kümeleri kullanılmıştır (Tablo 1).

Tablo 1. Problemlerde kullanılan veri kümeleri

A		B		C	
Y	X	Y	X	Y	X
8.93	9	16.08	1	1.23	0
10.8	14	33.83	2	1.52	1
18.59	21	65.8	3	2.95	2
22.33	28	97.2	4	4.34	3
39.35	42	191.55	5	5.26	4
56.11	57	326.2	6	5.84	5
61.73	63	386.87	7	6.21	6
64.62	70	520.53	8	6.5	8
67.08	79	590.03	9	6.83	10
		651.92	10		
		724.93	11		
		699.56	12		
		689.96	13		
		637.56	14		
		717.41	15		

Algoritmaya ait kodlar MATLAB programlama dilinde yazılmıştır. Weibull fonksiyonunda A veri kümesi dışında tüm problemlerin çözümünde MATLAB programındaki GATOOL aracı kullanılmıştır.

Genetik algoritma aracı kullanılırken fonksiyonlar veri setleriyle birlikte bir M dosyasına yazılmaktadır. Daha sonra araç çağırılıp dosyanın adı, parametre sayısı, istenen çıktılar ve genetik algoritma parametreleri girildikten sonra çalıştırılır. Örneğin Gompertz büyüme modeli ve A tipi veri seti için yazılan M dosyası aşağıda görülmektedir:

```
function scores = gompertza(x)
y=[8.93 10.8 18.59 22.33 39.35 56.11 61.73 64.62 67.08];
z=[9 14 21 28 42 57 63 70 79];
for i=1:9
    scores=scores+(y(i)-x(1)*exp(-exp(x(2)-x(3)*z(i))))^2/6;
end
end
```

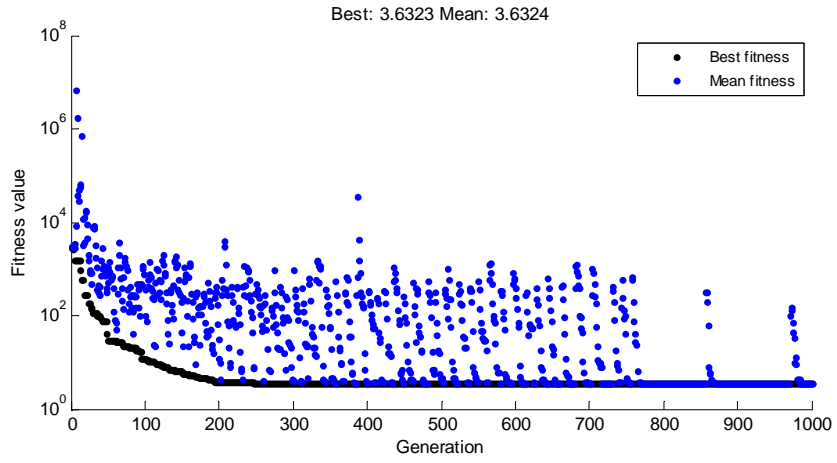
Operatörlerin seçiminde mutasyon için Adaptive Feasible, çaprazlama için arithmetic ve hybrid function için fminsearch seçilmiş olup diğer operatörlerde varsayılan operatörler kullanılmıştır. Populasyon büyüklüğü 60, iterasyon sayısı 1000 olarak değiştirilmiş, diğer parametreler varsayılan olarak bırakılmıştır.

Weibull büyüme eğrisi A veri setinin çözümünde, Matlab'te kodunu yazmış olduğumuz genetik algoritma ile çözüm aranmıştır. Tarafımızca geliştirilen GA'da tek noktalı çaprazlama, modifiye edilmiş Breeder genetic algorithm mutation (Mühlenbein, H., 1994), rulet tekerleği seçim yöntemi kullanılmıştır. Kodlamaya ait temel dosya aşağıda görülmektedir:

```
function gareal(iteration,popsize,mu_rate);
randpop=rand(popsize,4);
bestval=-9999999;
for i=1:iteration
    fitnesspop=fitnessreal(randpop);
    if max(fitnesspop)>bestval
        bestval=max(fitnesspop);
        h=find(fitnesspop==bestval);
        bestloc=randpop(h(1),:);
        [i,-bestval]
    end
    randpop=secim(randpop,fitnesspop);
    randpop=caprazlamareal(randpop,fitnesspop,bestloc);
    randpop=mutasyonreal(randpop,mu_rate,i);
    randpop(randint(1,1,[1,popsize]),:)=bestloc(1,:);
end
```

Parametreler ise, populasyon büyüklüğü 60, iterasyon sayısı 1000, çaprazlama olasılığı 1, mutasyon olasılığı 0.28 olarak belirlenmiştir. Çaprazlamada, populasyon büyüklüğü kadar yeni birey elde edilmekte, mevcut bireylerle birlikte hepsi içerisinde en iyi fonksiyon değerine sahip, populasyon büyüklüğü kadar birey yeni nesle aktarılmaktadır.

Gompertz ve A tipi veri için 1000 iterasyon boyunca en iyi ve ortalama değerlere ait grafik Şekil 1'de yer almaktadır.



Şekil: 1 Gompertz A için en iyi ve ortalama değer grafiği

Her bir büyüme eğrisine ait, A,B ve C veri tipleriyle elde edilen sonuçlar, parametre değerleri ve sapmalar olarak Tablo 2’de verilmiştir.

Tablo 2. Problemlerde kullanılan veri kümeleri

Veri Seti	Parametre	Gompertz			Logistic			Richards			Morgan-Mercer-Flodin (MMF)			Weibull Type		
		Gauss-Newton	İkili GA	Gerçek değerli GA	Gauss-Newton	İkili GA	Gerçek değerli GA	Gauss-Newton	İkili GA	Gerçek değerli GA	Gauss-Newton	İkili GA	Gerçek değerli GA	Gauss-Newton	İkili GA	Gerçek değerli GA
A	α	82.830	82.730	82.832	72.46	72.534	72.462	69.62	69.170	69.622	80.69	81	80.959	69.96	70.986	69.573
	β	1.224	1.224	1.224	2.618	2.612	2.618	4.255	4.544	4.255	8.895	9	8.894	61.68	63.909	61.139
	γ	0.037	0.037	0.037	0.067	0.067	0.067	0.089	0.093	0.089	49577	47207	49.577.313	0.0001	0.0002	0.00009
	δ							1.724	1.875	1.724	2.828	3	2.828	2.378	22.015	2.415
	σ	3.630	3.636	3.632⁺	Oca.34	1.344	1.343⁺	Oca.21	1.260	1.210[*]	Şub.71	2.714	2.711⁺	Oca.68	19.928	1.685⁺
B	α	723.1	722.75	723.103	702.9	700.59	702.871	699.6	698.76	699.642	723.9	723.8	723.929	695	692.57	695.037
	β	02.May	2.503	2.500	4.443	4.444	4.443	5.277	5.422	5.277	33.35	33.6	33.350	673.5	673.98	673.495
	γ	0.45	0.451	0.450	0.689	0.689	0.689	0.76	0.775	0.760	6266	6418	6.266.339	0.0015	0.002	0.00152
	δ							1.279	1.321	1.279	4.641	04.Tem	4.641	3.262	3.197	3.262
	σ	1134	1133.9	1133.845[*]	744	744.17	744.157⁺	799	799.36	798.764[*]	1015	1015.1	1015.038⁺	712	724.48	712.209⁺
C	α	6.925	69.213	6.925	6.687	6.691	6.687	6.684	6.659	6.684	6.986	6.993	6.986	6.656	6.691	6.656
	β	0.768	0.7696	0.768	1.745	1.764	1.745	1.780	2.089	1.777	1.181	1.182	1.181	5.549	5.577	5.549
	γ	0.493	0.4934	0.493	0.755	0.754	0.755	0.759	0.801	0.759	Ara.96	13.011	12.959	0.118	0.117	0.118
	δ							1.017	1.174	1.016	2.475	2.480	2.475	1.763	1.757	1.763
	σ	0.0619	0.0619	0.0619[*]	0.035	0.035	0.035[*]	0.0424	0.043	0.0424[*]	0.0048	0.005	0.0048[*]	0.0268	0.0260	0.0268⁺

* Diğer iki sonuçtan birine eşit ya da daha iyi.

* Her iki sonuçtan en iyi değere sahip olana eşit ya da ondan daha iyi.

Tablo 2 incelendiğinde * ile gösterilen gerçek değerli GA sonuçlarının mevcut en iyi çözüme eşit ya da ondan daha iyi sonuç verdiği görülmektedir. + ile gösterilen sonuçlar ise gerçek değerli GA'nın ikili GA'ya ya da Gauss-Newton'a göre daha iyi sonuçlar ürettiği durumları göstermektedir. Dikkat edilirse + ile işaretlenen sonuçlarda yuvarlamalar Gauss-Newton sonuçlarıyla aynı şekilde yapılırsa, elde edilen değerlerin aynı olduğu görülecektir.

SONUÇ

Genetik algoritma, Gauss-Newton ve benzeri istatistiksel yöntemler gibi belli varsayımlar ve önkoşullar ile çalışmamaktadır. Amaç fonksiyonunun belirlenmesi ve değişkenlerin kromozomlarda kodlanması yeterli olmaktadır. Genetik operatörlerin ve parametrelerin belirlenmesi ile algoritma çalıştırılır. Altunkaynak ve Esin (2004), yapmış oldukları çalışmada, doğrusal olmayan regresyonda parametre tahmini için ikili kodlamalı genetik algoritmayı kullanmışlardır. Bu çalışmada ise aynı konuda, ikili kodlama yerine gerçek değerli kodlama kullanılmıştır. Sonuçlar incelendiğinde, gerçek değerli kodlamanın, ilgili çalışmada raporlanan 15 sonuçtan 7'sinde mevcut en iyi değer aynı ya da daha iyisini, 7'sinde ikili kodlamalı genetik algoritmadan daha iyisini ve birinde Gauss-Newton ile aynı değeri bulmuştur.

Sonuçlar genellikle birbirine çok yakın olmakla birlikte, genetik algoritmanın elde edilen sonuçlar ve bahsedilen kullanım kolaylığından dolayı Gauss-Newton vb. istatistiksel yöntemlere iyi bir alternatif olduğu açıktır.

Kodlama farklılığı olan, iki GA karşılaştırıldığında ise gerçek değerli GA'nın ikili GA'ya göre daha iyi sonuçlar ürettiği söylenebilir. Ayrıca kodlamada ve dönüştürme işlemlerindeki işlem ve zaman yükü de dikkate alındığında, gerçek değerli genetik algoritmanın regresyonda parametre tahmini için tercih edilebilecek iyi bir alternatif olduğu düşünülmektedir.

Ayrıca, 1995 yılında özellikle sürekli değişkenlerin söz konusu olduğu problemler için geliştirilen diferansiyel gelişim algoritmasının (Keskintürk, 2006; Storn ve Price, 1995), doğrusal olmayan regresyonda parametre tahmini için iyi bir alternatif olabileceği ve mevcut yöntemlerle karşılaştırmalı bir çalışma yapılabileceği düşünülmektedir.

KAYNAKLAR

- Altunkatnak B., Esin A., (2004), “Doğrusal Olmayan Regresyonda Parametre Tahmini için Genetik Algoritma Yöntemi”, **Gazi Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi**, 17(2), s.43-51.
- Cheng R., Gen M., Yasuhiro T., (1999), “A Tutorial Survey of Job-Shop Scheduling Problems Using Genetic Algorithms, Part II: Hybrid Genetic Search Strategies”, **Computers and Industrial Engineering**, Vol. 36, s.343-364.
- Goldberg D.E., (1989), **Genetic algorithms in search optimization and machine learning**, Addison Wesley Publishing Company, USA
- Keskintürk T., (2006), “Diferansiyel Gelişim Algoritması”, **İstanbul Ticaret Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi**, Yıl: 5 (9), s.85-99.
- Kutner M.H., Neter J., Nachtsheim C.J., Wasserman W., (2004), **Applied Linear Statistical Models**, McGraw Hill.
- Michalewicz Z., (1992), **Genetic Algorithms + Data Structure = Evolution Programs**, Springer-Verlag, Berlin.
- Mühlenbein H., (1994), “The Breeder Genetic Algorithm - a provable optimal search algorithm and its application”, **Colloquium on Applications of Genetic Algorithms**, IEE 94/067, London.
- Obitko M., (1998), **Genetic Algorithms**, (Çevrimiçi), <http://cs.felk.cvut.cz/~xobitko/ga/> Hochschule für Technik und Wirtschaft Dresden (FD).
- Orhunbilge N., (2002), **Uygulamalı Regresyon ve Korelasyon Analizi**, İstanbul, İ.Ü. İşletme Fakültesi.
- Ratkowsky D.A., (1983), **Nonlinear Regression Modeling**, Marcel Dekker, New York.
- Reeves, C.R., (1995), **Modern heuristic techniques for combinatorial problems**, McGraw-Hill Book Company Inc., Europe.
- Sarker R., Newton C., (2002), “A genetic algorithm for solving economic lot size scheduling problem”, **Computer & Industrial Engineering**, Vol: 12 (5), s:195-196.

Storn R., Price K., (1995), “Differential evolution: a simple and efficient adaptive scheme for Global optimization over continuous spaces”, **Technical Report TR-95-012**, International Computer Science Institute, Berkeley.

Ünlü A.R., (2006), **Doğrusal Olmayan Regresyon Modelleri ve Bilgisayarlı Çözümleri**, Yüksek Lisans Tezi, Marmara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü.