

## บทที่ 2

### ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

ในการศึกษาเปรียบเทียบวิธีการตัดสลัหายพันธุ์และการกลายพันธุ์เพื่อประยุกต์แก้ปัญหาการจัดเรียงเครื่องจักรในระบบการผลิตแบบยืดหยุ่น ผู้ศึกษาได้ศึกษาแนวคิดทฤษฎี และงานวิจัยที่เกี่ยวข้องดังนี้

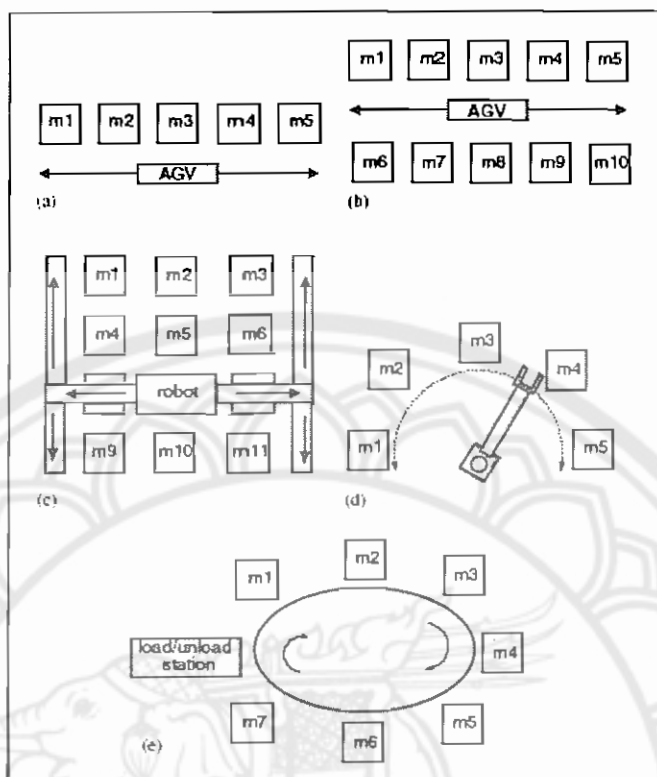
#### 2.1 ระบบการผลิตแบบยืดหยุ่น (Flexible Manufacturing System: FMS)

ระบบการผลิตแบบยืดหยุ่น คือกลุ่มของเครื่องจักรกลเอ็นซี (NC Machine Tools) ซึ่งสามารถผลิตชิ้นส่วนกลุ่มหนึ่งได้อย่างสุ่ม ระบบนี้จะมีระบบเคลื่อนย้ายวัสดุอัตโนมัติ และระบบคอมพิวเตอร์ควบคุมศูนย์กลาง เพื่อที่จะผลิตชิ้นส่วนที่มีจำนวนของการผลิตและความหลากหลายปานกลาง โดยมีลำดับในการผลิตเป็นแบบสุ่ม

ระบบผลิตแบบยืดหยุ่นจะต้องมีความสามารถในการผลิตชิ้นส่วนอย่างหลากหลายที่มีความแตกต่างกันได้ โดยระบบจะผลิตชิ้นส่วนกลุ่มหนึ่งในเวลาใดเวลาหนึ่ง โดยไม่คำนึงถึงลำดับในการผลิตของชิ้นส่วน ความยืดหยุ่นนั่นเองที่มีอยู่หลายชนิดมาใช้เพื่อที่จะทำให้การผลิตแบบนี้เป็นไปได้ อย่างมีประสิทธิภาพ ความยืดหยุ่นนั่นเองจะเป็นตัวการที่ทำให้ระบบสามารถดัดแปลงตัวเองให้เหมาะสมกับสภาวะแวดล้อมที่เปลี่ยนไปได้ เช่น การเปลี่ยนแปลงในปริมาณการผลิต การเปลี่ยนแปลงในส่วนศิลปะผลิตภัณฑ์ การเพิ่มขึ้นในชนิดของผลิตภัณฑ์ การเปลี่ยนแปลงในด้านวิศวกรรมและการออกแบบ เป็นต้น นอกจากนั้นความยืดหยุ่นยังทำให้ระบบสามารถที่จะจัดการกับสิ่งก่อกวนต่างๆ (Disturbances) ที่จะก่อกวนในระบบซึ่งไม่สามารถจะพยากรณ์ หรือคาดเดาได้ เช่น การเสียอย่างกะทันหันของเครื่องกล การเปลี่ยนแปลงกำหนดการผลิตอย่างกะทันหัน เป็นต้น การควบคุมระบบผลิตแบบยืดหยุ่นเหล่านี้เกิดขึ้นได้ สืบเนื่องมาจากประสิทธิภาพของคอมพิวเตอร์ และซอฟต์แวร์ที่ใช้ในการควบคุมระบบผลิตแบบยืดหยุ่นทั้งระบบ

ระบบผลิตแบบยืดหยุ่นสามารถให้การพยากรณ์การทำงานต่างๆ ของระบบได้อย่างมีความถูกต้องค่อนข้างสูง เพราะว่าการทำงานทั้งหมดของระบบนี้อยู่ภายใต้การควบคุมของคอมพิวเตอร์ โดยปราศจากการช่วยเหลือจากมนุษย์หรือมีก็น้อยมาก (ปารเมศ ชูติมา, 2544. หน้า 14-15)

รูปแบบการจัดเรียงเครื่องจักรในระบบ FMS มีหลายรูปแบบดังรูปที่ 2.1



รูปที่ 2.1 รูปแบบของการจัดเรียงเครื่องจักรในระบบ FMS มีหลายชนิด (a) Single-Row Layout, (b) Double-Row Layout, (c) Cluster Layout, (d) Semi-Circular, and (e) Closed Unidirectional Loop Layout (Andreas C. Nearchou\*, 2006)

จากรูปที่ 2.1 แสดงให้เห็นถึงการจัดเรียงเครื่องจักรในระบบ FMS 5 รูปแบบด้วยกันโดย รูปที่ 2.1 (a) แสดงให้เห็นถึงการจัดเรียงเครื่องจักรแบบแถวเดียว ในแนวเส้นตรงที่มีระยะห่างของเครื่องจักรตรงกันตามแนว x ซึ่งจะนำมาใช้ในการศึกษาครั้งนี้ รูปที่ 2.1 (b) เป็นการจัดเรียงเครื่องจักรแบบ 2 แถวซึ่งมีลักษณะเหมือนรูปที่ 2.1 (a) รูปที่ 1 (c) เป็นการจัดเรียงเครื่องจักรแบบหลายแถวลักษณะเหมือนรูปที่ 2.1 (a) ซึ่งจะนำมาใช้ในการศึกษาครั้งนี้เช่นกัน ส่วนรูปที่ 2.1 (d) และ (e) เป็นการจัดเรียงเครื่องจักรแบบครึ่งวงกลมและแบบวงกลมตามลำดับ

## 2.2 ความรู้เบื้องต้นเกี่ยวกับขั้นตอนพันธุกรรม

พันธุศาสตร์ทางชีววิทยา เมนเดล (Mendel) บิดาแห่งพันธุศาสตร์ ค้นพบว่า ยีน (Gene) หน่วยเก็บลักษณะทางกรรมพันธุ์เป็นต้นกำหนดลักษณะภายนอก ซึ่งยีนหลายๆ ยีนเรียงตัวกันอยู่บนเส้นโครโมโซมอีกทีหนึ่งในเซลล์ของสิ่งมีชีวิต และอยู่กันเป็นคู่ๆ (กาญจณี วงศ์วิภาพร, 2541) โดยที่ลักษณะต่างๆ ในแต่ละยีน เรียกว่า แอลลีล (Allele) ซึ่งแบบต่างๆ ของยีนที่มีแอลลีลต่างกันในแต่ละตำแหน่งของยีนเดียวกัน เรียกว่า ยีนโนไทป์ (Genotype) ส่วนลักษณะภายนอกที่ปรากฏออกมาให้เห็นเรียกว่า ฟีนโนไทป์ (Phenotype)

ยีน ทำหน้าที่ในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจากพ่อและแม่ไปสู่รุ่นลูก ยีนนั้นจะอยู่ในโครโมโซม ซึ่งโครโมโซมก็คือสารพันธุกรรมในร่างกาย เป็นที่อยู่ของยีนนั่นเอง และในแต่ละโครโมโซมนั้นมียีนอีกมากมายมาเรียงต่อกัน ดังนั้นลักษณะทางพันธุกรรมที่ถูกถ่ายทอดไปจึงถูกควบคุม โดยยีนในโครโมโซมนั้นเอง โครโมโซมของพ่อครึ่งหนึ่งและโครโมโซมของแม่ครึ่งหนึ่งนั้น สามารถที่จะถ่ายทอดไปยังรุ่นลูกได้ จึงทำให้ลูกนั้นมีลักษณะที่เหมือนทั้งพ่อและแม่

การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมเป็นการถ่ายทอดลักษณะต่างๆ ของสิ่งมีชีวิตที่เกิดขึ้นเมื่อมีการแบ่งตัวของเซลล์สิ่งมีชีวิต โดยการเกิดใหม่ของเซลล์มีอยู่ 2 แบบคือ การเพิ่มจำนวนเซลล์ ซึ่งโครโมโซมแต่ละตัวจะขยายตัวเพิ่มจำนวนตัวเองเป็นสอง กับแบบที่เป็นการแบ่งตัวของเซลล์สืบพันธุ์ซึ่งอาศัยวิธีการจับคู่และจำลองโครโมโซมของทั้งพ่อและแม่ เพื่อให้ได้โครโมโซมใหม่วิธีการทางพันธุศาสตร์ในระหว่างที่เกิดการแบ่งตัวของแบบที่สองนั้น โครโมโซมจะมีโอกาสแลกเปลี่ยนบางส่วนซึ่งกันและกัน อันทำให้เกิดวิธีการเรียกว่า การสลับพันธุ (Crossover) ซึ่งจะทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงลักษณะของยีนต่างๆ ของคู่โครโมโซมพ่อกับแม่ ทำให้สิ่งมีชีวิตรุ่นลูกที่เกิดขึ้นมีความหลากหลายมากขึ้นและอยู่รอดอย่างเหมาะสมกับสภาพแวดล้อม ส่วนการกลายพันธุ์ (Mutation) การผ่าเหล่าหรือการกลายพันธุ์คือการเปลี่ยนแปลงลักษณะของยีนไปจากเดิมที่ควรเป็นไปตามการถ่ายทอด ซึ่งเป็นสาเหตุของการเกิดลักษณะที่แปลกๆ อย่างมากมายของสิ่งมีชีวิต การผ่าเหล่านั้ันทุกลักษณะในแต่ละยีนย่อมมีโอกาสที่จะเกิดการเปลี่ยนแปลงได้พอกัน และถ้าเหมาะสมกับสภาพแวดล้อมก็จะอยู่รอดต่อไป ส่วนถ้าไม่เหมาะสมกับสภาพขณะนั้น ก็จะไม่ถูกคัดเลือกและหายไป

### 2.2.1 ทฤษฎีของลามาร์ก (Lamarck's Theory)

ก่อตั้งโดย จีน แบพติส เดอลามาร์ก (Jena Baptiste De Lamarck) (1744 – 1829) วิศวกรชาวฝรั่งเศสซึ่งในบั้นปลายชีวิตได้ศึกษาชีววิทยา ได้เป็นผู้วางรากฐานเกี่ยวกับวิวัฒนาการเป็นคนแรกได้เสนอกฎ 2 ข้อ คือ

- 1) กฎการใช้และไม่ใช้ (Law of Use and Disuse)
- 2) กฎแห่งการถ่ายทอดลักษณะที่เกิดขึ้นใหม่ (Law of Inheritance of Acquired Characteristics)

จากกฎทั้ง 2 ข้อนี้สรุปได้ว่า สิ่งแวดล้อมมีผลต่อรูปร่างของสัตว์ อวัยวะใดที่ใช้บ่อย ก็ จะเจริญเติบโตขยายใหญ่ขึ้น อวัยวะใดที่ไม่ใช้ก็จะอ่อนแอลงและเสื่อมหายไปในที่สุด ลักษณะที่ ได้มาและเสียไปโดยอิทธิพลของสิ่งแวดล้อม โดยการใช่และไม่ใช้จะคงอยู่ และถ่ายทอดไปสู่ ลูกหลานโดยทางพันธุกรรม ยกตัวอย่างเช่น ยีราฟสมัยก่อนมีคอสั้น เมื่อยืดคอกินใบไม้สูงๆ นานๆ เข้าคอจะค่อย ๆ ยืดยาวจนเป็นยีราฟปัจจุบัน ขาหลังของปลาวาฬหายไป เนื่องจากใช้หางว่ายน้ำ อย่างไรก็ดีตามถึงแม้ว่า ลามาร์กจะเป็นผู้วางรากฐานของวิวัฒนาการเป็นคนแรก แต่ลามาร์กไปเน้น การถ่ายทอดลักษณะไปให้ลูกหลานว่าเกิดจากการฝึกปรือซึ่งไม่ถูกต้อง เนื่องจากในสมัยนั้นวิชา พันธุศาสตร์ยังไม่เจริญ ไวส์ มันน์ (WEISMANN) ชาวเยอรมันได้ทำการทดลองตัดหางหนู 20 รุ่น เพื่อคัดค้าน ลามาร์ก หนูที่ถูกตัดหางยังคงมีลูกที่มีหาง ไวส์มันน์ อธิบายว่าเนื่องจากสิ่งมีชีวิต ประกอบด้วยเซลล์สืบพันธุ์และเซลล์เนื้อเยื่อ เมื่อสิ่งมีชีวิตตายเซลล์สืบพันธุ์เท่านั้นที่ถ่ายทอดให้ ลูกหลานได้ (ก่อนตาย) ส่วนเซลล์เนื้อเยื่อจะหมดสภาพไป การที่หนูถูกตัดหางเป็นเรื่องของเซลล์ เนื้อเยื่อ ส่วนเซลล์สืบพันธุ์มีการควบคุมการสร้างหาง หนูที่เกิดใหม่จึงยังคงมีหาง ความคิดของไวส์ มันน์ตรงกับความรู้เรื่องพันธุกรรมสมัยนี้ เขาเรียกการสืบทอดลักษณะนี้ว่า การสืบต่อกันไปของ เซลล์ สืบพันธุ์ (The Continuity of The Germ Plasm)

### 2.2.2 ทฤษฎีการคัดเลือกโดยธรรมชาติของดาร์วิน (Darwin's Theory)

ดาร์วินเกิดเมื่อวันที่ 12 กุมภาพันธ์ ค.ศ. 1809 ที่ประเทศอังกฤษเป็นบุตรของนายโรเบิร์ต วอริง ดาร์วิน ดาร์วินได้เริ่มศึกษาวิชาธรรมชาติวิทยา ที่มหาวิทยาลัยเคมบริดจ์และเมื่อจบ การศึกษาแล้วได้เดินทางรอบโลกไปกับเรือบีเกิล ของรัฐบาลอังกฤษ โดย ดร. จอห์น เฮนสโลว์เป็นผู้ แนะนำ เขาได้นำประสบการณ์จากการศึกษาชนิดของพืชและสัตว์ต่างๆ ที่พบในหมู่เกาะลาปากอส หมู่เกาะนี้อยู่ในมหาสมุทรแปซิฟิก ดาร์วินได้ท่องเที่ยวมาเป็นเวลา 5 ปี

ปี ค.ศ. 1859 ดาร์วินได้เสนอทฤษฎีการเกิดสิ่งมีชีวิตใหม่ เป็นผลอันเนื่องมาจากการ คัดเลือกทางธรรมชาติ ทำให้สามารถเข้าใจการกระจายของพืชและสัตว์ที่มีอยู่ประจำแต่ละท้องถิ่น ตามหลักซึ่งภูมิศาสตร์ ดังต่อไปนี้คือ

- 1) สิ่งมีชีวิตทุกชนิดมีความสามารถสืบพันธุ์สูง ทำให้ประชากรมีการเพิ่มแบบทวีคูณ
- 2) ความเป็นจริงธรรมชาติ ประชากรมิได้เพิ่มขึ้นเป็นทวีคูณเนื่องจากอาหารมีจำนวนจำกัด
- 3) สิ่งมีชีวิตที่มีชีวิตต้องมีการดิ้นรนต่อสู้เพื่อความอยู่รอด พวกที่มีความเหมาะสมก็จะมีชีวิตอยู่รอด พวกที่ไม่มีความเหมาะสมก็จะตายไป
- 4) พวกที่อยู่รอดจะมีโอกาสแพร่พันธุ์ต่อไป
- 5) การเกิดสปีชีส์ใหม่เป็นผลมาจากการเปลี่ยนแปลงที่ละเล็กละน้อย ตามทัศนะของดาร์วิน

กลไกของวิวัฒนาการสภาพแวดล้อม เป็นตัวทำให้เกิดการคัดเลือกทางธรรมชาติขึ้น เพื่อให้ได้ลักษณะที่เหมาะสมและมีโอกาสสืบพันธุ์ต่อไป

### 2.2.3 ทฤษฎีการผ่าเหล่า (Theory of Mutation)

ทฤษฎีนี้ ฮิวโก เดอ ฟรีส์ (Hugo De Vries) ซึ่งเป็นนักพฤกษศาสตร์ชาวฮอลันดา ตั้งขึ้นใน ค.ศ. 1895 เดอ ฟรีส์ พบพืชดอกชนิดหนึ่ง มีลักษณะแปลกกว่าต้นอื่นๆ เขาจึงนำเมล็ดของพืชเดิมแบบเก่ามาเพาะ ปรากฏว่าได้มีลักษณะแปลกอยู่ต้นหนึ่ง เมื่อนำเมล็ดของต้นที่มีลักษณะแปลกมาเพาะ จะได้ต้นที่มีลักษณะแปลกทั้งหมดแสดงว่าได้เกิดมีการเปลี่ยนแปลงอย่างกะทันหัน ต้นเดิมเขาจึงตั้งทฤษฎีของการผ่าเหล่า โดยอาศัยข้อเท็จจริงจากการสังเกต และการทดลอง ดังกล่าวนี้ แสดงให้เห็นว่า พันธุ์ใหม่ๆ อาจเกิดกะทันหันได้

## 2.3 วิธีการแก้ปัญหาในการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุด (optimization Algorithms)

วิธีการที่นำมาใช้แก้ปัญหาในการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุด (Optimization Algorithm) สามารถจำแนกได้เป็น 2 ประเภท คือ วิธีการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดโดยอาศัยหลักการทางคณิตศาสตร์ (Conventional Optimization Algorithm) และวิธีการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดโดยอาศัยหลักการของประมาณ (Approximation Optimization Algorithms)

### 2.3.1 วิธีการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดโดยอาศัยหลักการทางคณิตศาสตร์ (Conventional Optimization Algorithms: COAs)

วิธีการแก้ปัญหา โดยใช้หลักการทางคณิตศาสตร์ ถูกพัฒนาขึ้นในสมัยสงครามโลกครั้งที่ 2 โดยมีวัตถุประสงค์ในการแก้ปัญหาที่มีความซับซ้อนทางทหาร วิธีการแก้ปัญหานี้ได้ถูกนำไปใช้แก้ปัญหาในด้านอื่นๆ มากมาย ไม่ว่าจะเป็นปัญหาในการจัดตาราง (Scheduling problems) ปัญหาการมอบหมายงาน (Assignment problem) รวมไปถึงปัญหาการเดินทางของพนักงานขาย (Traveling salesman problem) ด้วย ซึ่งวิธีการที่ถูกนำมาใช้ในการแก้ปัญหาเพื่อหา

คำตอบสำหรับปัญหาการจัดเซลล์การผลิตนั้น มีอยู่ 4 วิธีได้แก่ Dynamic programming, linear programming, Goal programming และ Linear and quadratic integer programming

อย่างไรก็ดี วิธีการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดโดยอาศัยหลักการทางคณิตศาสตร์นั้นจะเหมาะสมกับปัญหามิติขนาดเล็กเท่านั้นเนื่องมาจากข้อจำกัดและกฎเกณฑ์ในการหาคำตอบที่ตายตัวจนเกินไป (Enumerative search) ซึ่งเมื่อนำวิธีการเหล่านี้ไปแก้ไขปัญหาที่มีขนาดใหญ่และซับซ้อนมากขึ้น ต้องใช้ระยะเวลาในการแก้ปัญหาที่นานมากขึ้นเป็นทวีคูณ

### 2.3.2 วิธีการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดโดยอาศัยหลักของการประมาณ

สำหรับปัญหาการหาค่าที่ดีที่สุดโดยใช้วิธีทางคณิตศาสตร์จะเหมาะสำหรับแก้ปัญหาที่มีขนาดเล็ก ซึ่งเป็นเรื่องที่ยากมากในการที่จะหาคำตอบที่มีขนาดใหญ่ โดยเฉพาะว่าเป็นปัญหาแบบ NP-Hard problems ขณะที่ขนาดของปัญหาเพิ่มขึ้นเพียงเล็กน้อย แต่ต้องใช้เวลาในการแก้ปัญหาที่นานมากขึ้นหลายเท่าตัว ดังนั้นจึงมีวิธีการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดโดยอาศัยหลักของการประมาณเกิดขึ้น เพื่อจัดการกับปัญหาลักษณะเช่นนี้โดยตรง ซึ่งวิธีการในกลุ่มนี้จะมีความสามารถในการแก้ปัญหาที่มีขนาดใหญ่และมีความซับซ้อนสูงๆ ได้ (Pongcharoen et al., 2001)

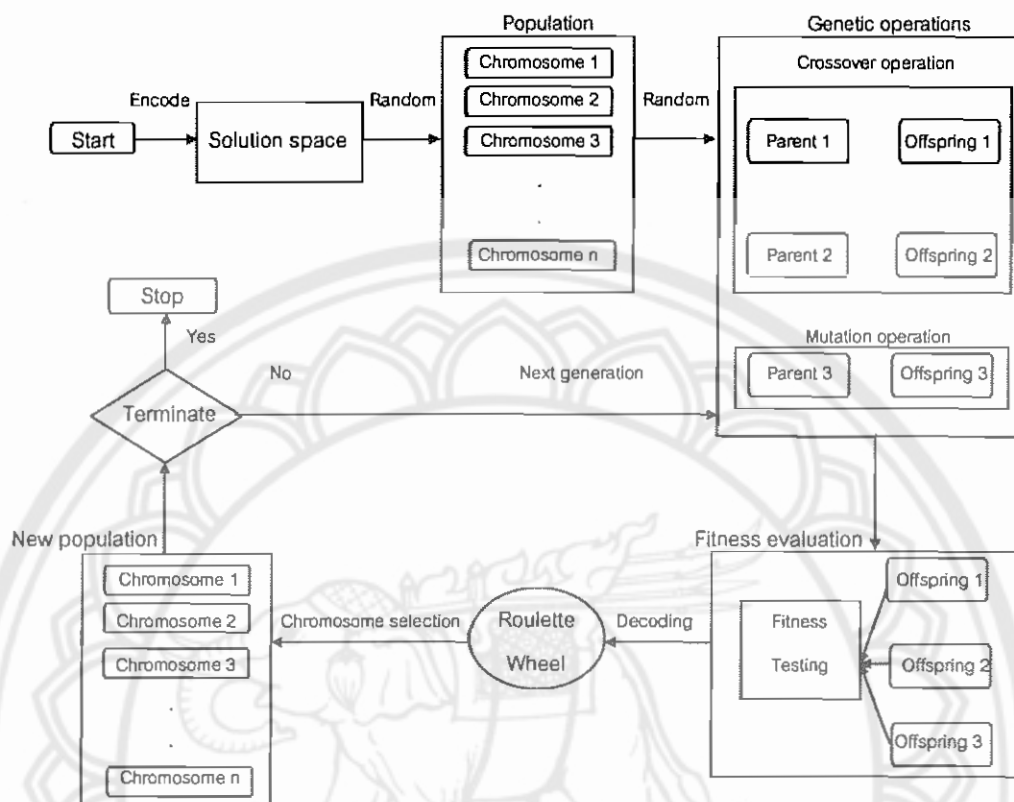
เมตาฮิวริสติก (Metaheuristics) เป็นสาขาหนึ่งของการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดโดยอาศัยหลักของการประมาณและประสบความสำเร็จอย่างมาก มีความรวดเร็วในการประมวลผลในการแก้ปัญหาที่มีความซับซ้อนสูงๆ อย่างเช่น ปัญหาการเดินทางของพนักงานขาย (Traveling salesman problem) วิธีการต่างๆ ในกลุ่มของเมตาฮิวริสติก ก็เช่น ซิมูเลทเทดแอนนีลลิ่ง (Simulated annealing: SA), ทาบูเสิร์ช (Taboo search: TS), นิวรัลเน็ตเวิร์ค (Neural network: NN), เจเนติกอัลกอริทึม (Genetic algorithm: GA) โดยวิธีการเหล่านี้จะได้ผลเฉลยที่ไม่ใช่ผลเฉลยที่ดีที่สุดแต่จะได้เป็นกลุ่มของคำตอบ กระบวนการทำงานจะวนซ้ำแล้วจะหยุดทำงานเมื่อถึงเงื่อนไขตามที่กำหนดไว้ ตัวอย่างขั้นตอนวิธีเหล่านี้ เช่น ACO, TS, SA GA และวิธีการแบบไฮบริด (Hybrid Approaches) ซึ่งแต่ละวิธีจะมีกลยุทธ์ในการค้นหาผลเฉลยที่แตกต่างกันออกไป

## 2.4 เจเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithms)

ในร่างกายของสิ่งมีชีวิตจะประกอบไปด้วยเซลล์ (Cell) และในแต่ละเซลล์จะประกอบไปด้วยกลุ่มของโครโมโซม (Chromosome) และในแต่ละโครโมโซมจะประกอบไปด้วยหน่วยเล็กๆ ที่เรียงตัวกันกลายเป็นโครโมโซม ซึ่งเรียกหน่วยเล็กๆ นี้ว่า "ยีน (Gene)" ซึ่งในแต่ละยีนจะเหมือนกับการเข้ารหัส (Encode) ทางพันธุกรรมด้วยสารโปรตีน โดยยีนจะเป็นหน่วยควบคุมลักษณะต่างๆ ของ

สิ่งมีชีวิต เช่น สีของผิว หรือสีของตา เป็นต้น ดังนั้นเจเนติกอัลกอริทึม จึงเป็นการประยุกต์ใช้วิธีการทางพันธุกรรมศาสตร์ซึ่งโครโมโซมแต่ละตัวก็คือคำตอบที่เป็นไปได้ของปัญหา โดยปกติแล้วโครโมโซมจะใช้สัญลักษณ์สตริง (String) และแต่ละโครโมโซมจะประกอบไปด้วยยีนหลายๆ ยีน ซึ่งจะมีจำนวนขึ้นอยู่กับความยาวของโครโมโซมและจะแทนยีนด้วยการใช้บิต (Bits) (เขาวินัย สำราญ พันธุ์, 2548. หน้า 18) โดยจะทำการคัดเลือกโครโมโซมคำตอบที่มีความเหมาะสมจากกลุ่มของโครโมโซมทั้งหมดด้วยวิธีการสุ่ม และนำโครโมโซมที่มีความเหมาะสมในการอยู่รอด โดยใช้ค่าฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function) ที่สอดคล้องกับ ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective Function) ซึ่งโครโมโซมที่มีความเหมาะสมนี้ คือคำตอบที่ดีที่สุด หรือ ใกล้เคียงคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหา (Optimal Solution)

โครงสร้างโดยทั่วไปของเจเนติกอัลกอริทึม เป็นเทคนิคการผันเปลี่ยนโดยอาศัยพื้นฐานกลไกการเลือกและการสืบพันธุ์ตามธรรมชาติซึ่งเจเนติกอัลกอริทึมจะแตกต่างจากเทคนิคโดยทั่วไป เริ่มจากการตั้งกลุ่มเป้าหมายแบบสุ่มเรียกว่า ประชากร ซึ่งประชากรแต่ละคนจะถูกเรียกว่าโครโมโซม โครโมโซมมีโครงสร้างแบบสาย โดยทั่วไปจะเป็น Binary Bits โครโมโซมจะมีวิวัฒนาการตามจำนวนรอบที่เกิดขึ้นใหม่ เรียกว่า รุ่น (Generation) แต่ละรุ่นจะถูกประเมินผลโดยใช้การวัดความแข็งแรงสมบูรณ์ของโครโมโซม ในการที่จะสร้างรุ่นใหม่ ซึ่งเรียกว่า Offspring จะถูกก่อสร้างโดยการรวมของโครโมโซม จากรุ่นของปัจจุบัน หรือการคัดประชากรทิ้งเพื่อให้เหลือจำนวนของกลุ่มประชากรเท่าเดิมโครโมโซมหลังจากที่ได้วิวัฒนาการหลายๆ รุ่น กระบวนการจะเข้าไปสู่โครโมโซมที่ดีที่สุด ซึ่งโครโมโซมจะแสดงถึงคำตอบที่เหมาะสมที่สุด จุดเด่นของ GA คือ GA จะเก็บผลเฉลยเป็นเซต ในขณะที่วิธีการอื่นจะเป็นการเก็บและเปลี่ยนแปลงทีละผลเฉลย ในปัจจุบัน GA ได้รับการพัฒนาอย่างต่อเนื่อง จึงทำให้มีลักษณะที่แตกต่างกันออกไปตามงานวิจัยนั้นๆ ซึ่งโดยทั่วไปจะมีโครงสร้างมาจาก GA ตัวต้นแบบที่เรียกว่า "เจเนติกอัลกอริทึมอย่างง่าย (Simple Genetic Algorithm: SGA)" ดังมีโครงสร้างดังภาพ



รูปที่ 2.2 แสดงโครงสร้างการทำงานของ SGA (Pongcharoen et al., 2002)

รูปที่ 2.2 สามารถอธิบายขั้นตอนการทำงานของ GA ดังนี้ (Gen & Cheng, 1997)

- ขั้นตอนที่ 1 การสร้างโครโมโซม (Encoding Chromosome)
- ขั้นตอนที่ 2 กระบวนการทางพันธุกรรม (Genetic Operation)
- ขั้นตอนที่ 3 การคำนวณค่าความเหมาะสม (Fitness Computation)
- ขั้นตอนที่ 4 การคัดเลือก (Selection)
- ขั้นตอนที่ 5 การตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน (Termination)



### ขั้นตอนที่ 1 การสร้างโครโมโซม (Encoding Chromosome)

เริ่มต้นด้วยการสุ่มค่าคำตอบมาจำนวนหนึ่งแล้วแปลง (Encoding) ค่าคำตอบเหล่านั้นให้เป็น “โครโมโซม (Chromosome)” และเรียกกลุ่มของโครโมโซมเหล่านี้ว่า “ประชากร (Population)” ส่วนวิธีการ Encode นั้นจะขึ้นอยู่กับรูปแบบของปัญหาแต่ละปัญหา โดยโครโมโซมแต่ละตัวประกอบไปด้วยยีนจำนวนหนึ่งมาเรียงต่อกัน และสามารถแทนยีนได้ 2 รูปแบบดังนี้ (Pongcharoen, 2001) แบบที่หนึ่งคือ แบบตัวเลขมี 2 ลักษณะคือ Binary และ Real รูปแบบของโครโมโซมที่เป็น Binary Bit Sting จะแทนต่อละยีนด้วย 0 และ 1 ส่วนโครโมโซมที่ใช้แบบ Real String จะแทนต่อละยีนด้วยเลขจำนวนจริง และแบบที่สองคือแบบตัวอักษรผสมตัวเลข (Alphanumeric) แสดงโครโมโซมรูปแบบต่างๆ ดังรูปที่ 2.3

Binary	0	1	1	0	0	1	1	0
Real	1	2	3	4	5	6	7	8
Alphanumeric	$C_1A_1$	$C_2A_1$	$C_3A_5$	$C_2A_2$	$C_5A_6$	$C_8A_4$	$C_7A_3$	$C_8A_1$

รูปที่ 2.3 แสดงรูปแบบของโครโมโซมที่มี 8 ยีน (Pongcharoen et al., 2002)

### ขั้นตอนที่ 2 กระบวนการทางพันธุกรรม (Genetic Operation)

หลังจากเสร็จขั้นตอน 1 แล้วนำโครโมโซมทั้งหมดเข้าสู่กระบวนการทางพันธุกรรม (Genetic Operation) ซึ่งมี 2 ขั้นตอนคือ การสลับสายพันธุ (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation) ซึ่ง Pongcharoen and Promtet (2004) ได้เสนอลำดับของการทำกระบวนการ GA ไว้ 2 รูปแบบคือ แบบอนุกรม (Series) และแบบขนาน (Parallel) โดยขั้นตอนการสลับสายพันธุ และการกลายพันธุ์นี้จะทำให้เกิดโครโมโซมใหม่ที่เรียกว่า “โครโมโซมลูก (Offspring)” ขึ้น ซึ่งในการนำโครโมโซมลูกไปเก็บในกลุ่มของโครโมโซม หรือประชากร (Population) จะมี 2 แบบ คือ เก็บตามขนาดที่กำหนด (Regular) หรือแบบแทนที่ (Replace) และเก็บแบบขยาย (Enlarge)

จากเนื้อหาข้างต้นสามารถแบ่งเป็น 3 ข้อย่อย คือ

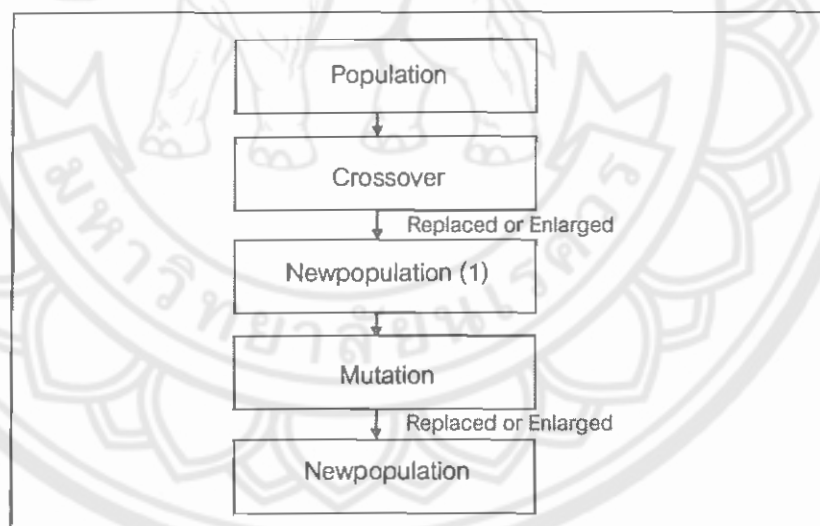
- 1) ลำดับของการทำกระบวนการ GA (Sequence of Genetic Operation)
- 2) กระบวนการ GA (Genetic Operation)
- 3) วิธีดำเนินการจัดเก็บโครโมโซมลูก อธิบายรายละเอียดของแต่ละหัวข้อย่อย

ดังนี้

- 1) ลำดับของการทำกระบวนการ GA (Sequence of Genetic Operations)

ลำดับของการทำกระบวนการ GA คือลำดับในการทำการสลับสายพันธุ์ (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation) ซึ่งมี 2 รูปแบบ คือ แบบอนุกรม (Series) และแบบขนาน (Parallel) (Pongcharoen & Promtet, 2004) อธิบายรายละเอียดดังนี้

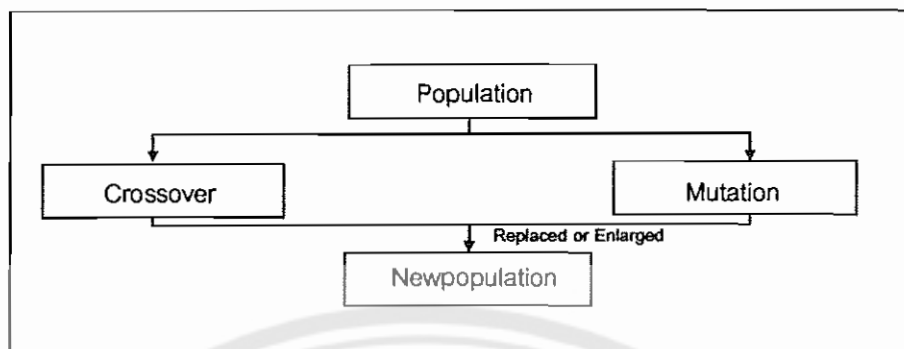
ลำดับของการทำกระบวนการ GA แบบอนุกรม คือ อันดับแรกจะทำการสลับสายพันธุ์ก่อน หลังจากนั้นจึงจะไปทำการกลายพันธุ์ แสดงลำดับของการทำกระบวนการ GA แบบอนุกรม ดังรูปที่ 2.4



รูปที่ 2.4 แสดงลำดับของการทำกระบวนการ GA แบบอนุกรม

(Pongcharoen et al., 2002)

ลำดับของการทำกระบวนการ GA แบบขนาน คือ การสลับสายพันธุ์ไปพร้อมๆ กับการทำการกลายพันธุ์ แสดงลำดับของการทำกระบวนการ GA แบบขนาน ดังรูปที่ 2.5



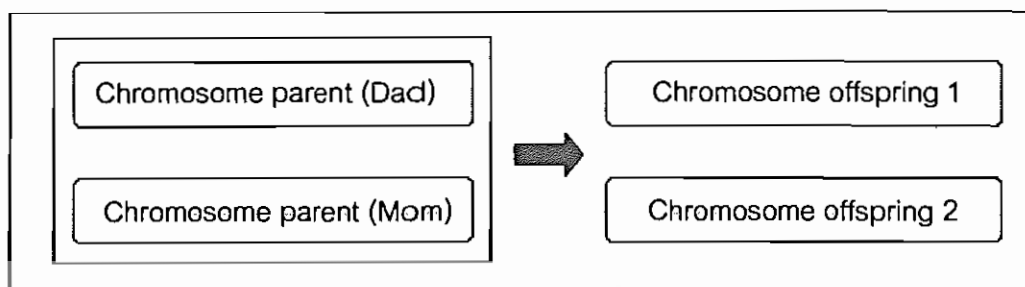
รูปที่ 2.5 แสดงลำดับการทำกระบวนการ GA แบบขนาน (Pongcharoen et al., 2002)

## 2) กระบวนการ GA (Genetic Operation)

กระบวนการ GA ประกอบไปด้วยขั้นตอน 2 ส่วน คือ การสลับสายพันธุ (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation) อธิบายรายละเอียดดังนี้

**การสลับสายพันธุ (Crossover)** การสลับสายพันธุ เป็นกลไกหลักของกระบวนการทางพันธุกรรม (Gen & Cheng, 1997) โดยจะทำการสุ่มเลือกโครโมโซมพ่อ และโครโมโซมแม่ขึ้นมาสองโครโมโซม แล้วทำการสลับยีนหรือกลุ่มยีน ระหว่างโครโมโซมพ่อ และโครโมโซมแม่ ทำได้ได้ผลผลิตผลเป็นโครโมโซมลูก (Offspring) สองโครโมโซม โดยตัวแปรที่เป็นตัวกำหนดจำนวนโครโมโซมที่ต้องผ่านการสลับสายพันธุคือ ความน่าจะเป็นของโครโมโซมลูกที่เกิดจากการสลับสายพันธุ (Probabilities of Crossover:  $P_c$ ) ซึ่งจะมีความสัมพันธ์โดยตรงกับขนาดของประชากร เพราะจำนวนโครโมโซมที่จะถูกเลือกนั้นสามารถคำนวณได้จาก  $P_c$  คูณด้วยขนาดของประชากร (population Size) เช่น ถ้า  $P_c = 0.4$  และ Population Size = 20 หมายความว่า จะมีโครโมโซมที่ถูกเลือกเป็นพ่อ และแม่ มาสลับสายพันธุ หรือจะเกิดการสลับสายพันธุ 2 ครั้งต่อ 1 รุ่น เพราะการสลับสายพันธุ 1 ครั้ง จะได้โครโมโซมลูก 2 โครโมโซม แสดงการสลับสายพันธุ ดังรูปที่

2.6



รูปที่ 2.6 แสดงการสลับสายพันธุ (Pongcharoen et al., 2002)

การกำหนดอัตราการสลับสายพันธุ ถ้าสูงเกินไปจะทำให้ขอบเขตของคำตอบ (Solution Space) ที่เป็นไปได้กว้างขึ้นและถูกค้นหาคำตอบอย่างครอบคลุม และลดโอกาสที่จะได้คำตอบเป็นคำตอบเฉพาะพื้นที่ (Local Solution) ซึ่งเป็นคำตอบที่ไม่ใช่คำตอบที่ดีที่สุด ในทางตรงกันข้าม ก็จะเป็นการเสียเวลาให้กับการค้นหา ในพื้นที่ที่มีโอกาสจะเป็นคำตอบที่ดีที่สุด (Gen & Cheng, 1997)

รูปแบบของการสลับสายพันธุมีหลายรูปแบบ และได้ถูกรวบรวมเอาไว้ในตารางที่ 1 โดยข้อมูลเหล่านี้ถูกนำมาจากงานของ Pongcharoen et al. (2001) ซึ่งได้ทดสอบประสิทธิภาพของวิธีการเหล่านี้เอาไว้

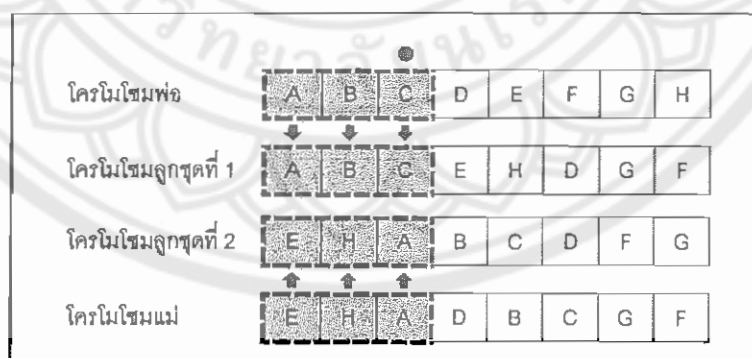
ตารางที่ 2.1 รูปแบบของการครอสโอเวอร์ (Pongcharoen, 2001; Pongcharoen et al., 2001)

ลำดับ	รูปแบบการครอสโอเวอร์	อ้างอิงจาก
1	One Point	Murata, Ishibuchi and Tanaka (1996)
2	Two Points แบบที่หนึ่ง	Murata et al. (1996)
3	Two Points แบบที่สอง	Murata et al (1996)
4	Maximal Preservation	Muhlenbein, Gorges-Schleucher and Kramer (1992)
5	Linear Order	Falkenauer and Bouffoix (1991)
6	Enhanced Edge Recombination	Starkweather et al. (1991)
7	Position Based	Syswerda (1991)
8	Edge Recombination	Whitley, Starkwether and Fuquay (1989)

ตารางที่ 2.1 (ต่อ) รูปแบบของการครอสโอเวอร์ (Pongcharoen, 2001; Pongcharoen et al., 2001)

ลำดับ	รูปแบบการครอสโอเวอร์	อ้างอิงจาก
9	Cycling	Oliver, Smith and Holland (1987)
10	Partially Mapped	Goldberg and Lingle (1985)
11	Alternating Edges	Greffenstette et al. (1985)
12	Sub Tour Chunk	Greffenstette et al. (1985)
13	Order	Davis (1985)

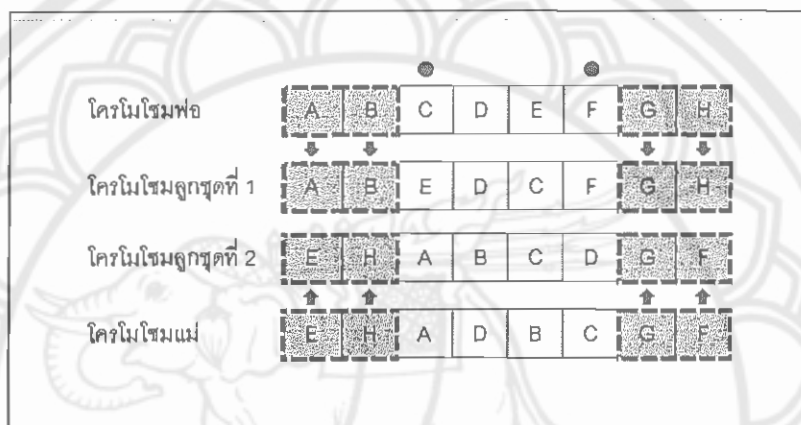
(1) การครอสโอเวอร์แบบ one point (Murata et al., 1996) รูปที่ 2.7 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ one point โดยเลือกจะสุ่มเลือกโครโมโซมพ่อแม่และสุ่มเลือกจุดในการตัดสลับ 1 จุด ซึ่งจุดที่สุ่มได้จะแบ่งโครโมโซมพ่อแม่เป็น 2 ส่วน ส่วนแรกของโครโมโซมพ่อจะถูกสืบทอดไปยังโครโมโซมลูกชุดที่ 1 และหน่วยพันธุกรรมในโครโมโซมลูกชุดที่ 1 ส่วนที่เหลือจะถูกสืบทอดมาจากโครโมโซมแม่ โดยละเว้นค่าที่ถูกสืบทอดมาจากโครโมโซมพ่อแล้ว เพื่อป้องกันค่าของหน่วยพันธุกรรมบางหน่วยที่จะหายไป จากนั้นก็จะดำเนินการในรูปแบบเดียวกันเพื่อสร้างโครโมโซมลูกชุดที่ 2 แต่จะเปลี่ยนการสืบทอดค่าของหน่วยพันธุกรรมจากโครโมโซมแม่ก่อน



รูปที่ 2.7 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ one point

## (2) การครอสโอเวอร์แบบ two points แบบที่หนึ่ง (Murata et al., 1996)

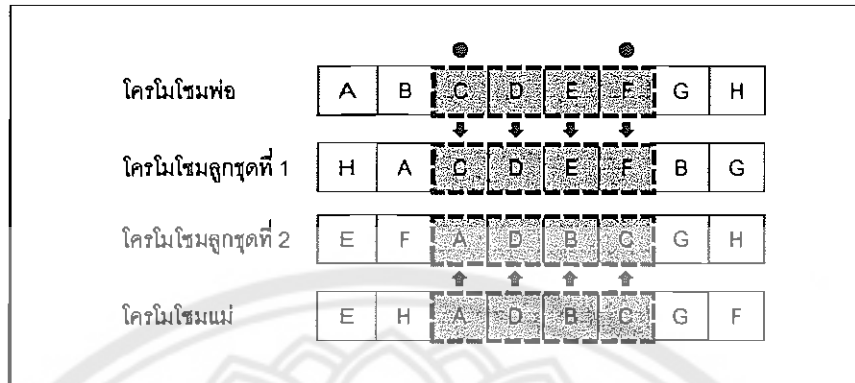
รูปที่ 2.8 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ two point แบบที่หนึ่ง โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมพ่อแม่และสุ่มเลือกจุดในการตัดสลับ 2 จุด หน่วยพันธุกรรมที่อยู่ภายนอกจุดตัดสลับทั้งสองจุดของโครโมโซมพ่อจะถูกสืบทอดมาจากโครโมโซมแม่ โดยละเว้นค่าที่ถูกสืบทอดมาจากโครโมโซมพ่อแล้ว จากนั้นก็จะดำเนินการในรูปแบบเดียวกันเพื่อสร้างโครโมโซมลูกชุดที่สอง แต่จะเปลี่ยนการสืบทอดค่าของหน่วยพันธุกรรมจากโครโมโซมแม่ก่อน



รูปที่ 2.8 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ two points แบบที่หนึ่ง

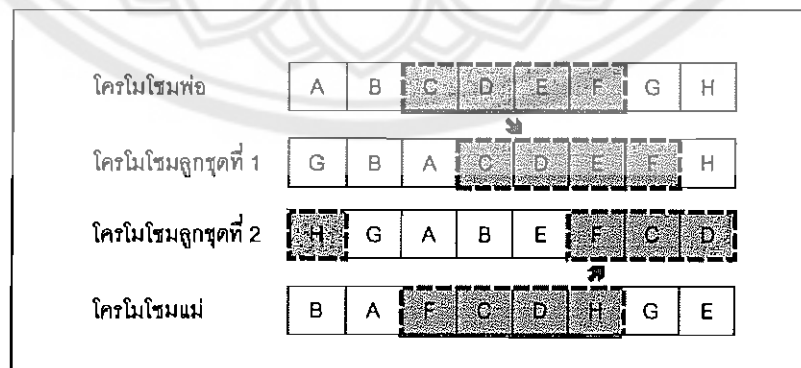
## (3) การครอสโอเวอร์แบบ two points แบบที่สอง (Murata et al., 1996) รูป

ที่ 2.9 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ two points แบบที่สอง โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมพ่อแม่และสุ่มเลือกจุดในการตัดสลับ 2 จุดเช่นเดียวกับแบบที่หนึ่ง หน่วยพันธุกรรมที่อยู่ภายในช่วงจุดตัดสลับทั้งสองจุดของโครโมโซมพ่อจะถูกสืบทอดไปยังโครโมโซมชุดที่ 1 และหน่วยพันธุกรรมในโครโมโซมลูกชุดที่ 1 ส่วนที่เหลือจะถูกสืบทอดมาจากโครโมโซมแม่ โดยเว้นค่าที่ถูกสืบทอดมาจากโครโมโซมพ่อแล้ว จากนั้นก็จะดำเนินการในรูปแบบเดียวกันเพื่อสร้างโครโมโซมลูกชุดที่ 2 แต่จะเปลี่ยนการสืบทอดค่าของหน่วยพันธุกรรมจากโครโมโซมแม่ก่อน



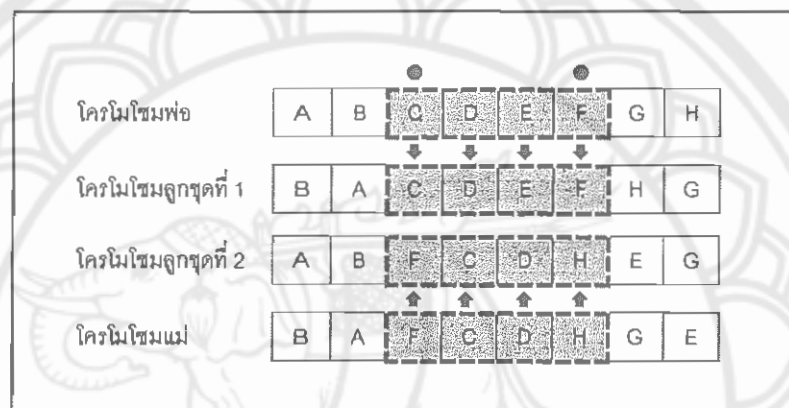
รูปที่ 2.9 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ two points แบบที่สอง

(4) การครอสโอเวอร์แบบ maximal preservation (Muhlenbein et al., 1992) รูปที่ 2.10 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ maximal preservation ซึ่งมีกลไกการทำงานคล้ายการครอสโอเวอร์แบบ sub tour chunk (ซึ่งจะกล่าวถึงในรูปแบบที่ 12) โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมพ่อแม่และการทำงานจะเริ่มที่การสุ่มเลือกช่วง sub tour จากโครโมโซมพ่อ โดยมีข้อกำหนดว่าความยาวของ sub tour จะอยู่ระหว่าง  $1/4-1/2$  ของความยาวโครโมโซมพ่อ จากนั้นจะสืบทอดค่าของหน่วยพันธุกรรมไปยังโครโมโซมลูกชุดที่ 1 โดยตำแหน่งแรกในการวางจะตรวจสอบว่าค่าในหน่วยพันธุกรรมของ sub tour ที่สุ่มได้ตำแหน่งแรกอยู่ตรงกับตำแหน่งใดในโครโมโซมแม่ ก็จะเริ่มสืบทอดค่าลงในตำแหน่งดังกล่าวของโครโมโซมลูกชุดที่ 1 หน่วยพันธุกรรมส่วนที่เหลือจะสืบทอดจากโครโมโซมแม่โดยใช้จุดเริ่มต้นเดียวกันแต่จะละเว้นค่าที่สืบทอดมาจากโครโมโซมพ่อแล้ว จากนั้น จะดำเนินการในรูปแบบเดียวกันเพื่อสร้างโครโมโซมลูกที่ 2



รูปที่ 2.10 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ maximal preservation

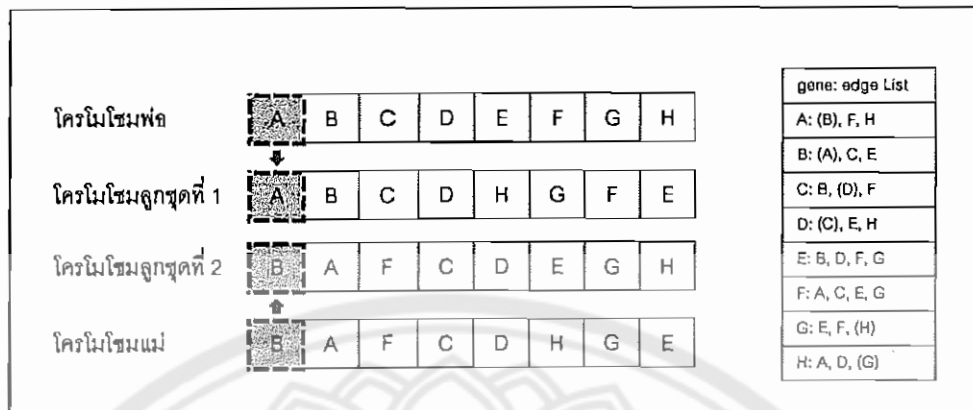
(5) การครอสโอเวอร์แบบ linear order (Falkenauer & Bouffoix, 1991) รูปที่ 2.11 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ linear order โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมพ่อแม่ แล้วจะสุ่มเลือกจุดในการตัดสลับ 2 จุดจากโครโมโซมพ่อ จากนั้นจะสืบทอดหน่วยพันธุกรรมเหล่านั้นไปยังโครโมโซมลูกชุดที่ 1 และโครโมโซมในส่วนที่เหลือของโครโมโซมลูกชุดที่ 1 จะสืบทอดมาจากโครโมโซมแม่โดยจะเริ่มต้นจากตำแหน่งที่ 1 ที่สุ่มได้ โดยจะละเว้นค่าที่สืบทอดมาจากโครโมโซมพ่อ แล้ว จากนั้นจะดำเนินการในรูปแบบเดียวกันเพื่อสร้างโครโมโซมลูกชุดที่ 2



รูปที่ 2.11 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ linear order

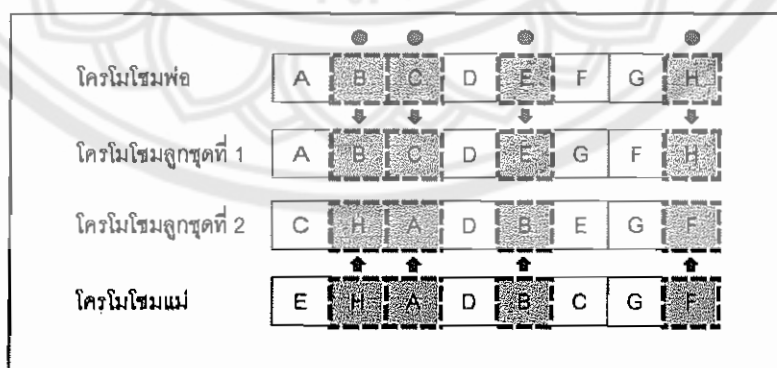
(6) การครอสโอเวอร์แบบ enhanced edge recombination (Starkweather et al., 1991) รูปที่ 2.12 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ enhanced edge ซึ่งบางที่อาจถูกเรียกว่าการครอสโอเวอร์ edge recombination แบบปรับปรุง โดยการทำงานจะเหมือนการครอสโอเวอร์แบบ edge recombination (ซึ่งจะกล่าวถึงในรูปแบบที่ 2.7) เพียงแต่ใน edge lists ที่สร้างขึ้นจะมีการกำหนดว่าหน่วยพันธุกรรมใดที่ซ้ำกันก็จะจัดให้อยู่ในวงเล็บ และจะได้รับความสำคัญมากกว่าในการสืบทอดต่อไปยังโครโมโซมลูก





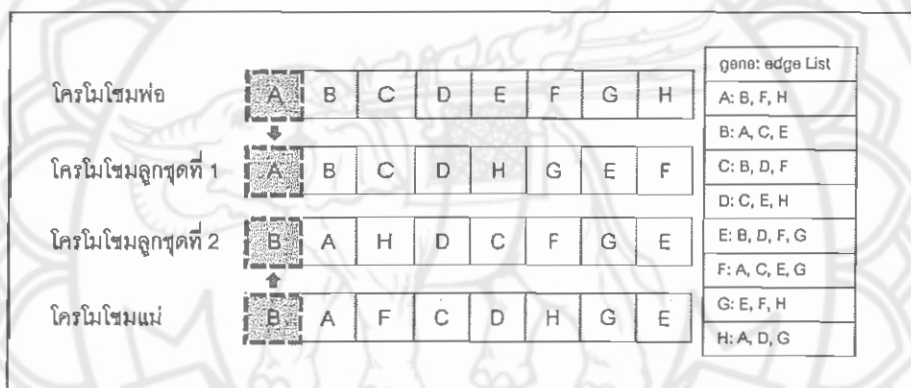
รูปที่ 2.12 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ enhanced edge

(7) การครอสโอเวอร์แบบ position based (Syswerda, 1991) รูปที่ 2.13 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ position based โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมพ่อแม่และสุ่มตัวเลขจาก 1-n เพื่อใช้กำหนดว่าจะต้องสุ่มเลือกตัวตำแหน่งของหน่วยพันธุกรรมที่จะถูกสืบทอดไปยังโครโมโซมลูกเป็นจำนวนกี่ตำแหน่ง แล้วจึงทำการสุ่มตำแหน่งตามกำหนด หน่วยพันธุกรรมในตำแหน่งที่ถูกสุ่มขึ้นมาจากโครโมโซมพ่อจะถูกสืบทอดไปยังโครโมโซมลูกชุดที่ 1 และหน่วยพันธุกรรมในโครโมโซมลูกชุดที่ 1 ส่วนที่เหลือจะถูกสืบทอดมาจากโครโมโซมแม่ โดยละเว้นค่าที่ถูกสืบทอดมาจากโครโมโซมพ่อแล้ว จากนั้นก็จะดำเนินการในรูปแบบเดียวกันเพื่อสร้างโครโมโซมลูกชุดที่สอง แต่จะเปลี่ยนการสืบทอดค่าของหน่วยพันธุกรรมจากโครโมโซมแม่ก่อน



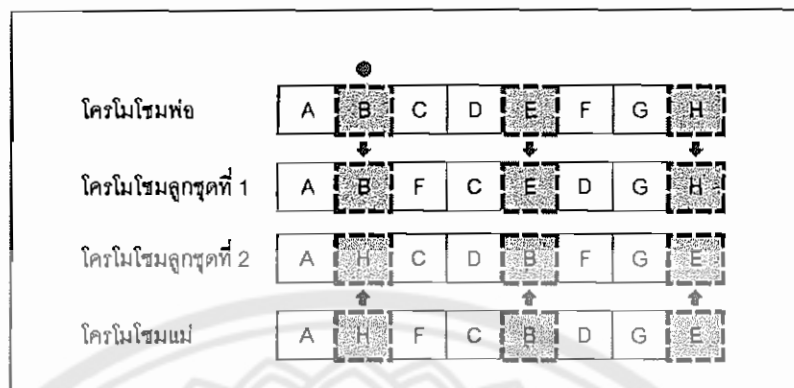
รูปที่ 2.13 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ position based

(8) การครอสโอเวอร์แบบ edge recombination (Whitley et al., 1989) รูปที่ 2.14 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ edge recombination โดยสุ่มเลือกโครโมโซมพ่อแม่และจะมีการกำหนด edge lists ขึ้นมาเพื่อเก็บค่าของหน่วยพันธุกรรมที่อยู่ใกล้กัน จากนั้นการทำงานจะเริ่มต้นด้วยการสุ่มเลือกหน่วยพันธุกรรมจากโครโมโซมพ่อ เช่น กรณีที่สุ่มเลือกได้หน่วยพันธุกรรม A ก็จะได้รับทอดไปยังโครโมโซมลูกชุดที่ 1 จากนั้นจะสุ่มเลือกได้หน่วยพันธุกรรมใน edge lists ของ A ซึ่งประกอบด้วยหน่วยพันธุกรรม B,F,H โดยในการสุ่มเลือกจะให้ความสำคัญกับหน่วยพันธุกรรมที่อยู่ติดขอบก่อนซึ่งในกรณีนี้ได้แก่ B และ H การทำงานจะทำซ้ำไปจนกระทั่งหน่วยพันธุกรรมถูกสืบทอดไปยังโครโมโซมลูกชุดที่ 1 ครบทั้งหมด และจะดำเนินการในรูปแบบเดียวกันเพื่อสร้างโครโมโซมลูกชุดที่ 2



รูปที่ 2.14 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ edge recombination

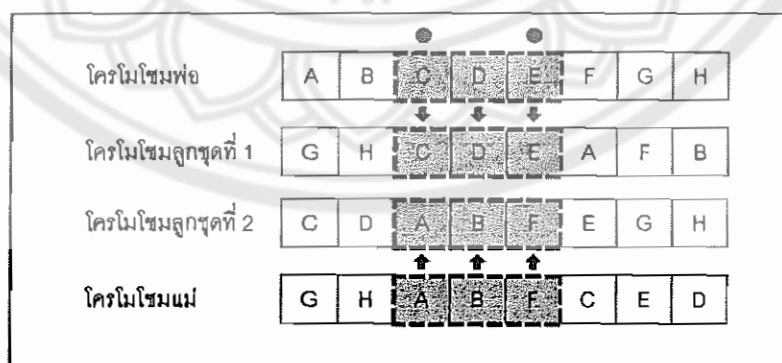
(9) การครอสโอเวอร์แบบ cycling (Oliver et al., 1987) รูปที่ 2.15 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ cycling โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมพ่อแม่และสุ่มเลือกตำแหน่งของหน่วยพันธุกรรมจากโครโมโซมพ่อ จากนั้นจะสืบทอดหน่วยพันธุกรรมในตำแหน่งดังกล่าวไปยังโครโมโซมลูกชุดที่ 1 และหน่วยพันธุกรรมในตำแหน่งเดียวกันของโครโมโซมแม่จะถูกสืบทอดไปยังโครโมโซมลูกชุดที่ 2 ค่าของหน่วยพันธุกรรมในโครโมโซมแม่ที่สืบทอดไปจะระบุถึงตำแหน่งของหน่วยพันธุกรรมในโครโมโซมพ่อหน่วยถัดไปที่จะถูกสืบทอดไปยังโครโมโซมลูกชุดที่ 1 การสืบทอดค่าในหน่วยพันธุกรรมจะทำซ้ำไปจนกระทั่งพบหน่วยพันธุกรรมที่มีค่าตรงกับค่าที่สุ่มได้ในครั้งแรก เช่น ในกรณีตัวอย่างคือหน่วยพันธุกรรม B จากนั้นหน่วยพันธุกรรมในโครโมโซมลูกชุดที่ 1 ส่วนที่เหลือจะถูกสืบทอดมาจากโครโมโซมแม่ หน่วยพันธุกรรมในโครโมโซมลูกชุดที่ 2 ส่วนที่เหลือจะถูกสืบทอดมาจากโครโมโซมพ่อ



รูปที่ 2.15 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ cycling

(10) การครอสโอเวอร์แบบ partially mapped (Goldberg & Lingle, 1985)

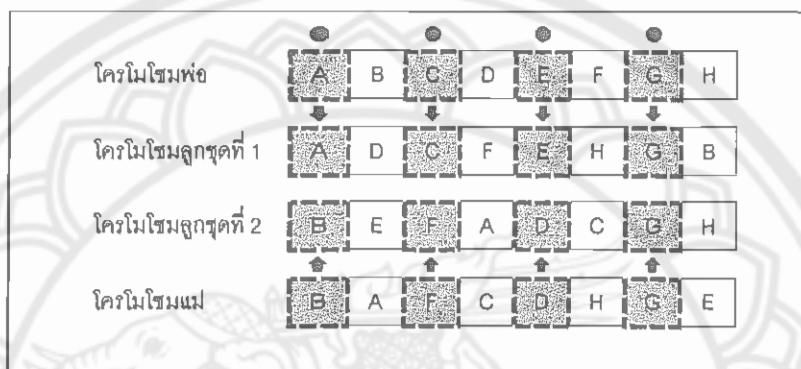
รูปที่ 2.16 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ partially mapped ซึ่งบางที่อาจจะถูกเรียกว่าการครอสโอเวอร์แบบ partial matching โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมพ่อแม่และการทำงานจะเริ่มต้นที่การสุ่มเลือกจุด 2 จุด จากโครโมโซมพ่อ จากนั้นจะสืบทอดไปยังโครโมโซมลูกชุดที่ 1 และหน่วยพันธุกรรมในส่วนนี้จะเรียกว่า mapping section ซึ่งเมื่อนำไปจับคู่กับหน่วยพันธุกรรมในโครโมโซมแม่ ตำแหน่งเดียวกันจะได้ดังนี้คือ (C, A) (D, B) และ (E, F) ดังนั้นในโครโมโซมแม่ ณ ตำแหน่งหน่วยพันธุกรรม D จะเป็นตำแหน่งที่จะสืบทอดหน่วยพันธุกรรม F ลงในโครโมโซมลูกชุดที่ 1 จากนั้นส่วนที่เหลือของโครโมโซมลูกชุดที่ 1 ก็จะได้รับทอดจากโครโมโซมแม่โดยละเว้นค่าที่สืบทอดมาจากโครโมโซมพ่อแล้ว และจะดำเนินการในรูปแบบเดียวกันเพื่อสร้างโครโมโซมลูกชุดที่ 2



รูปที่ 2.16 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ partially mapped

## (11) การครอสโอเวอร์แบบ alternating edges (Greffensette et al., 1985)

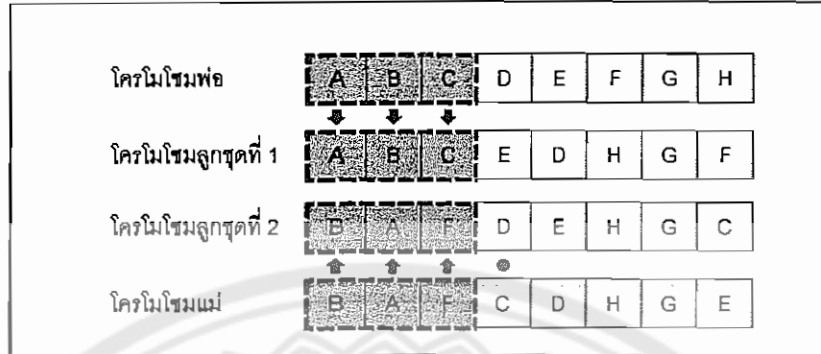
รูปที่ 2.17 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ alternating edges โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมพ่อแม่และการทำงานจะเริ่มต้นที่การสุ่มเลือกหน่วยพันธุกรรมแบบหนึ่งเว้นหนึ่งแล้วสืบทอดไปยังโครโมโซมลูกชุดที่ 1 จากนั้นส่วนที่เหลือของโครโมโซมลูกชุดที่ 1 ก็จะสืบทอดจากโครโมโซมแม่โดยการสุ่มเลือกซึ่งต้องเป็นค่าที่ไม่ซ้ำกัน และจะดำเนินการในรูปแบบเดียวกันเพื่อสร้างโครโมโซมลูกชุดที่ 2



รูปที่ 2.17 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ alternating edges

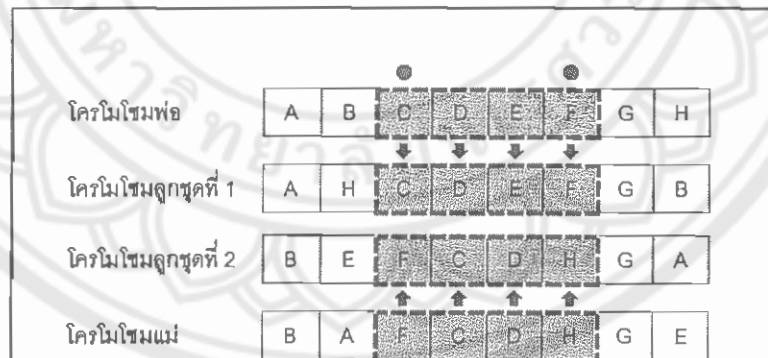
## (12) การครอสโอเวอร์แบบ sub tour chunk (Greffend=sette et al., 1985)

รูปที่ 18 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ sub tour chunk ซึ่งถูกพัฒนาขึ้นเพื่อแก้ปัญหาการเดินทางของพนักงานขาย การทำงานจะเริ่มโดยสุ่มโครโมโซมพ่อแม่ขึ้นมา จากนั้นจะสุ่มเลือกช่วงของหน่วยพันธุกรรมซึ่งจะเรียกว่า sub tour แล้วสืบทอดไปยังโครโมโซมลูกชุดที่ 1 หน่วยพันธุกรรมส่วนที่เหลือจะสืบทอดจากโครโมโซมแม่โดยเริ่มต้นหลังตำแหน่งของ sub tour หากหน่วยพันธุกรรมใดในโครโมโซมแม่ซ้ำกับค่า sub tour จะสืบทอดค่าไปไม่ได้ ดังนั้นจะสุ่มหน่วยพันธุกรรมลงไปแทน เช่น จากตัวอย่างหน่วยพันธุกรรม C ในโครโมโซมแม่ (เครื่องหมาย●) ไม่สามารถสืบทอดไปยังโครโมโซมลูกชุดที่ 1 ได้ ดังนั้นจึงต้องทำการสุ่มเลือกหน่วยพันธุกรรมอื่นลงไปแทน ซึ่งการสืบทอดหน่วยพันธุกรรมจากโครโมโซมแม่จะทำไปที่ละหน่วยพันธุกรรมจนกระทั่งโครโมโซมลูกชุดที่ 1 มีหน่วยพันธุกรรมครบทุกค่า จากนั้นจะดำเนินการในรูปแบบเดียวกันเพื่อสร้างโครโมโซมลูกชุดที่ 2



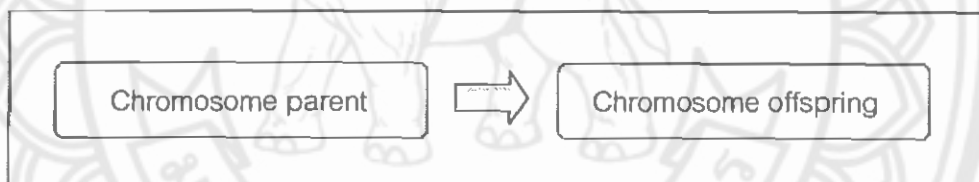
รูปที่ 2.18 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ sub tour chunk

(13) การครอสโอเวอร์แบบ order (Davis, 1985) รูปที่ 19 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ order ซึ่งจะสุ่มเลือกโครโมโซมพ่อแล้วทำการสุ่มเลือกจุดในการตัดสลับ 2 จุดจากโครโมโซมพ่อ จากนั้นจะสับทอหน่วยพันธุกรรมเหล่านั้นไปยังโครโมโซมลูกชุดที่ 1 และโครโมโซมในส่วนที่เหลือของโครโมโซมชุดที่ 1 จะสับทอมาจากโครโมโซมแม่โดยจะเริ่มต้นหลังจุดตัดสลับจุดที่ 2 และละเว้นค่าที่สับทอมาจากโครโมโซมพ่อแล้ว จากนั้นจะดำเนินการในรูปแบบเดียวกันเพื่อสร้างโครโมโซมลูกชุดที่ 2



รูปที่ 2.19 แสดงการครอสโอเวอร์แบบ order

การกลายพันธุ์ (Mutation) เมื่อประชากรถูกพัฒนาผ่านไปหลายๆ รุ่น จะทำให้โครโมโซมมีลักษณะคล้ายคลึงกันมาก จนแทบจะเหมือนกันทั้งหมด ซึ่งการสลับสายพันธุ์แทบจะไม่สามารถก่อให้เกิดความเปลี่ยนแปลงภายในโครโมโซมได้ จึงจำเป็นจะต้องมีกระบวนการกลายพันธุ์เพื่อเป็นการทดแทนยีนที่สูญหายไปจากประชากรในระหว่างกระบวนการถ่ายทอดพันธุกรรม และเป็นการค้นพบยีนใหม่ที่เคยปรากฏในประชากรเริ่มต้นมาก่อน โดยจะทำการสุ่มเลือกโครโมโซมต้นแบบมาคราวละ 1 โครโมโซม แล้วทำการสลับหรือเปลี่ยนแปลงยีน "ภายใน" ตัวโครโมโซมนั้น ซึ่งผลที่ได้จะเป็นโครโมโซมลูก 1 โครโมโซม โดยตัวแปรที่เป็นตัวกำหนดจำนวนโครโมโซมที่ต้องผ่านการกลายพันธุ์ คือ ความน่าจะเป็นของโครโมโซมลูกที่เกิดจากการกลายพันธุ์ (probabilities of Mutation:  $P_M$ ) ซึ่งจะมีความสัมพันธ์โดยตรงกับขนาดของประชากร เพราะจำนวนโครโมโซมที่เลือกนั้น สามารถคำนวณได้จาก  $P_M$  คูณด้วย "ขนาดของประชากร (Population Size)" เช่น ถ้า  $P_M = 0.2$  และ Population Size = 10 หมายความว่า จะมีโครโมโซม 2 โครโมโซมที่ต้องถูกกลายพันธุ์ หรือเกิดการกลายพันธุ์ 2 ครั้งต่อ 1 รุ่น เพราะการกลายพันธุ์ 1 ครั้ง จะได้โครโมโซมลูก 1 โครโมโซม แสดงการกลายพันธุ์ ดังภาพ 2.20



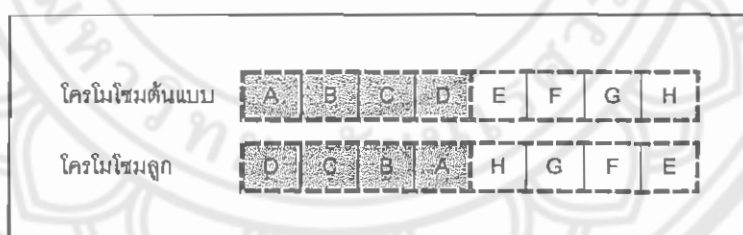
รูปที่ 2.20 แสดงการกลายพันธุ์ (Pongcharoen et al., 2002)

การกำหนดอัตราการกลายพันธุ์ต่ำเกินไปจะไม่ได้ใช้ประโยชน์จากการกลายพันธุ์ ซึ่งอาจเป็นการเสียโอกาสในการที่จะได้คำตอบที่ดี แต่ถ้ากำหนดสูงเกินไป กระบวนการวิวัฒนาการก็จะถูกสอดแทรกด้วยการสุ่ม ซึ่งทำให้ข้อมูลที่ถ่ายทอดมาจากพ่อและแม่ไม่ได้นำมาใช้ประโยชน์ หรือไม่ได้มีการเรียนรู้จากการค้นหาในรุ่นที่ผ่านมา รูปแบบของการกลายพันธุ์มีหลายรูปแบบ และได้ถูกรวบรวมไว้ในตารางที่ 2 โดยข้อมูลเหล่านี้ถูกนำมาจากงานของ Pongcharoen et al. (2001) ซึ่งได้ทดสอบประสิทธิภาพของวิธีการเหล่านี้เอาไว้

ตารางที่ 2.2 รูปแบบของการกลายพันธุ์ (Pongcharoen, 2001; Pongcharoen et al., 2001)

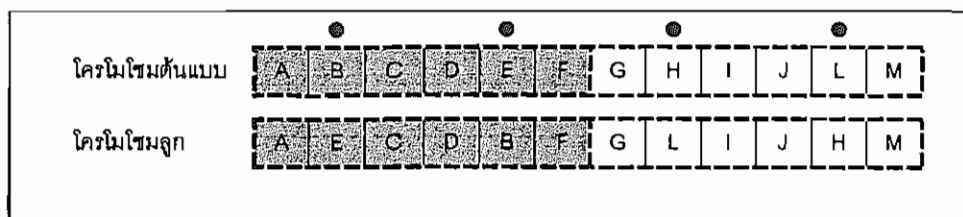
ลำดับ	รูปแบบการกลายพันธุ์	อ้างอิง
1.	Center Inverse	Tralle (2000)
2.	Enhanced Two Genes Random Swap	Tralle (2000)
3.	Adjacent Two Genes Change	Murata et al. (1996)
4.	Arbitrary Two Genes Change	Murata et al. (1996)
5.	Shift Change	Murata et al. (1996)
6.	Three Genes Adjacent Swap	Murata and ishibuchi (1994)
7.	Three Genes Random Swap	Murata and ishibuchi (1994)
8.	Inversion	Goldberg (1989)

(1) การมิวเตชันแบบ Center inverse (Tralle, 2000) รูปที่ 2.21 แสดงการมิวเตชันแบบ Center inverse โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมต้นแบบ 1 โครโมโซม จากนั้นโครโมโซมต้นแบบจะถูกแบ่งออกเป็น 2 ส่วน และหน่วยพันธุกรรมในแต่ละส่วนจะถูกกลับค่าและสับทอไปเป็นโครโมโซมลูก



รูปที่ 2.21 แสดงการมิวเตชันแบบ Center invers

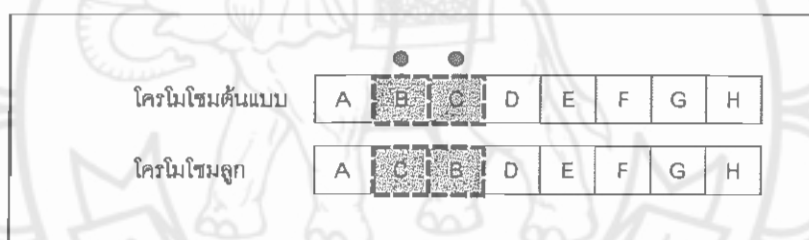
(2) การมิวเตชันแบบ Enhanced two genes random swap (Tralle, 2000) รูปที่ 2.22 แสดงการมิวเตชันแบบ Enhanced two genes random swap โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมต้นแบบ 1 โครโมโซม จากนั้นโครโมโซมต้นแบบจะถูกแบ่งเป็นส่วนๆ ละ 6 หน่วยพันธุกรรม แล้วจะสุ่มเลือก 2 หน่วยพันธุกรรมเพื่อสลับค่ากัน ซึ่งตำแหน่งที่สุ่มได้ก็นำไปประยุกต์ใช้กับทุกๆ ส่วนที่ได้แบ่งไว้และสับทอไปเป็นโครโมโซมลูก



รูปที่ 2.22 แสดงการมิวเตชันแบบ Enhanced two genes random swap

(3) การมิวเตชันแบบ adjacent two genes change (Murata et al., 1996)

รูปที่ 2.23 แสดงการมิวเตชันแบบ adjacent two genes change โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมต้นแบบ 1 โครโมโซม จากนั้นจะสุ่มเลือก 2 หน่วยพันธุกรรมที่ติดต่อกันแล้วทำการแลกเปลี่ยนค่าในหน่วยพันธุกรรมและสับทอไปเป็นโครโมโซมลูก

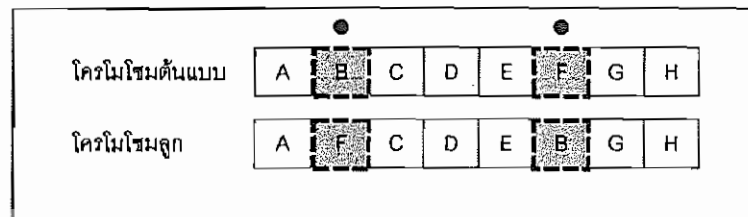


รูปที่ 2.23 แสดงการมิวชันแบบ adjacent two genes change

(4) การมิวเตชันแบบ arbitrary two genes change (Murata et al., 1996)

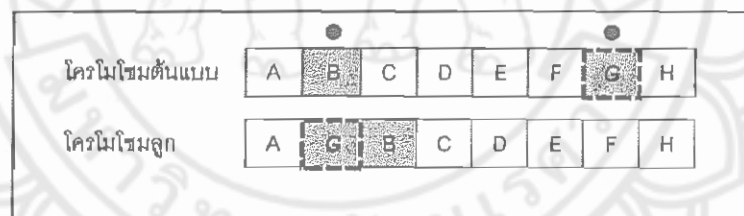
รูปที่ 2.24 แสดงการมิวเตชันแบบ arbitrary two genes change โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมแล้วสุ่มเลือก 2 หน่วยพันธุกรรมแบบไม่เจาะจง ทำการแลกเปลี่ยนค่าในหน่วยพันธุกรรมและสับทอไปเป็นโครโมโซมลูก





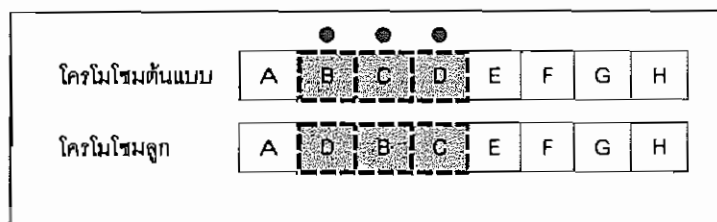
รูปที่ 2.24 แสดงการมิวเตชันแบบ arbitrary two genes change

(5) การมิวเตชันแบบ shift change (Murata et al., 1996) รูปที่ 2.25 แสดงการมิวเตชันแบบ shift change โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมต้นแบบ 1 โครโมโซม จากนั้นจะสุ่มตำแหน่งของหน่วยพันธุกรรม 2 หน่วย หน่วยพันธุกรรมลำดับที่ 2 ที่สุ่มได้จะถูกย้ายไปแทรกลงในตำแหน่งของหน่วยพันธุกรรมที่สุ่มได้ในอันดับแรก จึงส่งผลให้เกิดการเลื่อนตำแหน่งของหน่วยพันธุกรรมขึ้น เช่น หน่วยพันธุกรรมที่ได้จากการสุ่มคือ ตำแหน่งที่ 2 และ 7 ตามลำดับ จึงมีการเคลื่อนย้ายหน่วยพันธุกรรมในตำแหน่งที่ 7 ซึ่งมีค่า G ไปแทรกลงในตำแหน่งที่ 2 และหน่วยพันธุกรรมเดิมที่มีอยู่ตำแหน่งที่ 2-6 ก็จะมีการเคลื่อนตำแหน่งลงไป



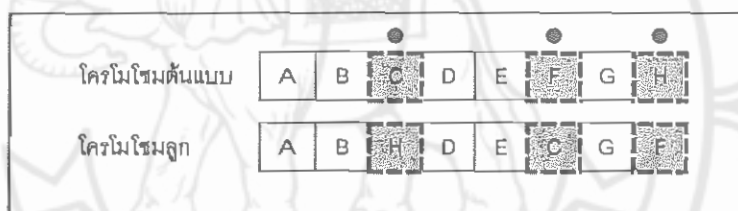
รูปที่ 2.25 แสดงการมิวเตชันแบบ shift change

(6) การมิวเตชันแบบ three genes adjacent swap (Murata & Ishibuchi, 1994) รูปที่ 2.26 แสดงการมิวเตชันแบบ three genes adjacent swap โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมต้นแบบ 1 โครโมโซม จากนั้นโครโมโซมต้นแบบจะถูกสุ่มเลือก 3 หน่วยพันธุกรรมที่อยู่ติดกันแล้วทำการสลับค่าและสืบทอดไปเป็นโครโมโซมลูก



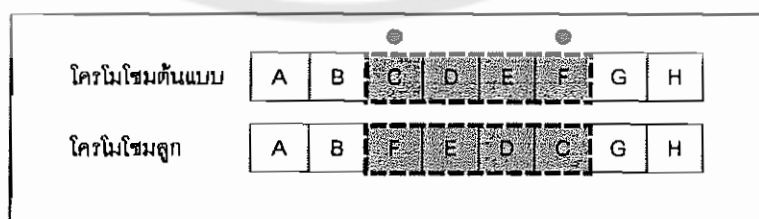
รูปที่ 2.26 แสดงการมิวเตชันแบบ three genes adjacent swap

(7) การมิวเตชันแบบ three genes random swap (Murata & Ishibuchi, 1994) รูปที่ 2.27 แสดงการมิวเตชันแบบ three genes random swap โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมต้นแบบ 1 โครโมโซม จากนั้นโครโมโซมต้นแบบจะถูกสุ่มเลือก 3 หน่วยพันธุกรรมแล้วทำการสลับค่าและสืบทอดไปเป็นโครโมโซมลูก



รูปที่ 2.27 แสดงการมิวเตชันแบบ three genes random swap

(8) การมิวเตชันแบบ inversion (Goldberg, 1989) รูปที่ 2.28 แสดงการมิวเตชันแบบ inversion โดยจะสุ่มเลือกโครโมโซมต้นแบบ 1 โครโมโซม จากนั้นจะสุ่มเลือกช่วงในหน่วยพันธุกรรมทำการกลับค่าและสืบทอดไปเป็นโครโมโซมลูก

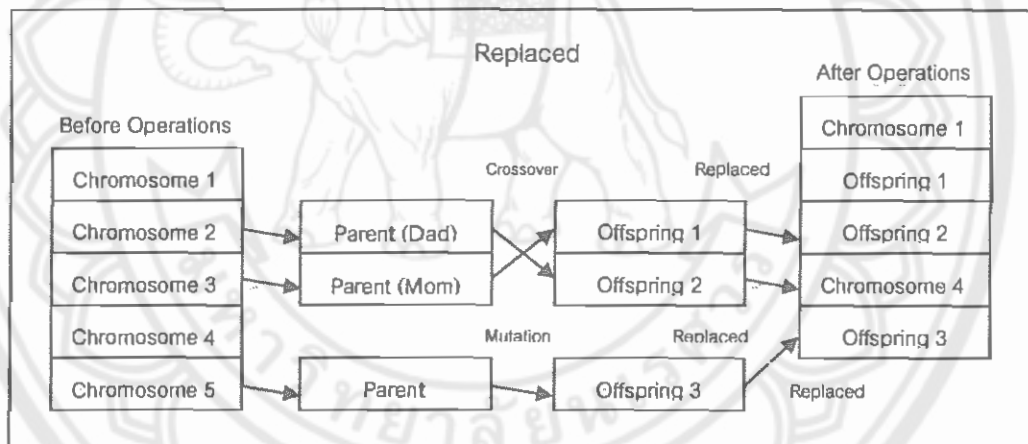


รูปที่ 2.28 แสดงการมิวเตชันแบบ inversion

### 3) วิธีดำเนินการจัดเก็บโครโมโซมลูก

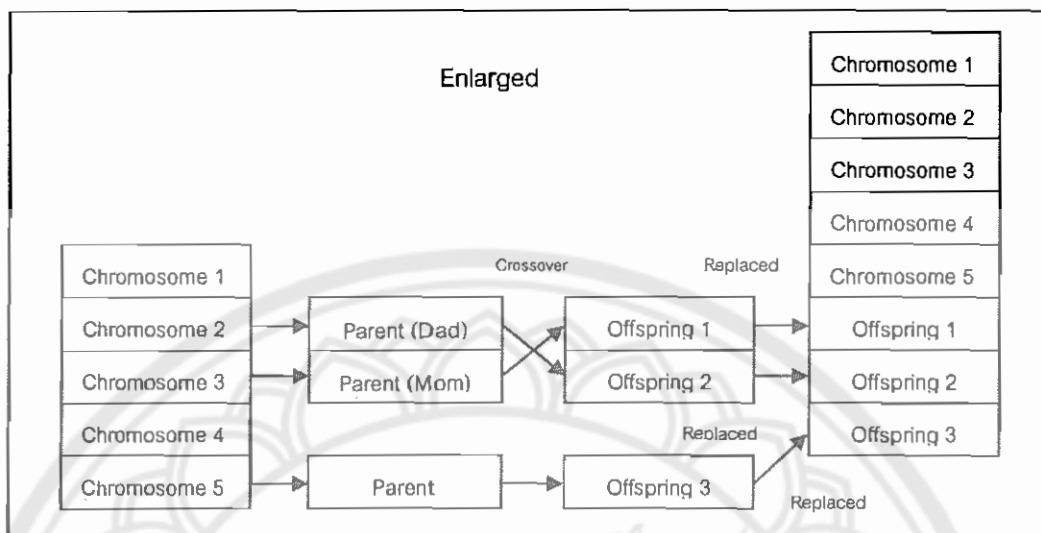
หลังจากเสร็จขั้นตอนการสลับสายพันธุ์หรือการกลายพันธุ์แล้วจะทำให้เกิดโครโมโซมใหม่ที่เรียกว่า "โครโมโซมลูก (Offspring)" ขึ้น ซึ่งในการนำโครโมโซมลูกไปเก็บในกลุ่มของโครโมโซมหรือประชากร (Population) นั้นจะมี 2 แบบคือ เก็บตามขนาดที่กำหนด (Regular) หรือแบบแทนที่ (Replace) และเก็บแบบขยาย (Enlarge) (Gen & Cheng, 1997) มีรายละเอียดดังนี้

วิธีการจัดเก็บโครโมโซมลูกแบบแทนที่ โครโมโซมลูกที่ได้มาจากการสลับสายพันธุ์จะถูกนำไปแทนที่ (Replace) ตำแหน่งของโครโมโซมพ่อแม่ที่ถูกสุ่มเลือกขึ้นมาสลับสายพันธุ์หรือกลายพันธุ์นั้น ซึ่งเรียกกระบวนการนี้ว่า การให้กำเนิดแบบแทนที่ (Generational Replacement) ดังนั้นขนาดของประชากรรุ่นใหม่จะมีขนาดเท่ากับประชากรเดิม แสดงรูปแบบการจัดเก็บโครโมโซมลูกแบบแทนที่ดังรูปที่ 2.29



รูปที่ 2.29 แสดงวิธีการดำเนินการจัดเก็บโครโมโซมลูกแบบแทนที่ (Pongcharoen et al., 2002)

วิธีการจัดเก็บโครโมโซมลูกแบบขยาย โครโมโซมลูกที่ได้มาจากการสลับสายพันธุ์หรือการกลายพันธุ์ จะไม่ถูกนำไปแทนที่ตำแหน่งของโครโมโซมพ่อแม่ ดังนั้นขนาดของประชากรรุ่นใหม่จะมีขนาดเท่ากับ ขนาดของประชากรเดิมบวกด้วยขนาดของลูกที่เกิดขึ้นในแต่ละรุ่น ด้วยการจัดเก็บแบบขยายตัวนี้จะทำให้โครโมโซมพ่อแม่ และโครโมโซมลูกมีโอกาสเท่ากันในการที่จะผ่านไปถึงกระบวนการคัดสรรเพื่อเป็นประชากรในรุ่นถัดไป (Gen & Cheng, 1997) แสดงรูปแบบการจัดเก็บโครโมโซมลูกแบบขยายดังรูปที่ 2.30



รูปที่ 2.30 แสดงวิธีดำเนินการจัดเก็บโครโมโซมลูกแบบขยาย (Pongcharoen et al., 2002)

### ขั้นตอนที่ 3 การคำนวณค่าที่เหมาะสม (Fitness Computation)

เมื่อผ่านกระบวนการทางพันธุกรรมแล้ว โครโมโซมทั้งหมดจะถูกประเมิน (Evaluate) เพื่อคำนวณหาค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ที่กลายเป็นโอกาสในการอยู่รอดของแต่ละโครโมโซม (Probability of Selection) โดยกระบวนการในการคำนวณค่าความเหมาะสมของโครโมโซมนั้นมี 3 ขั้นตอนคือ (Gen & Cheng, 1997)

ขั้นที่ 1 ขั้นของการถอดรหัสโครงสร้างโครโมโซมให้กลายเป็นโครงสร้างคำตอบ (Decoding Chromosome) การถอดรหัสของโครโมโซมในแต่ละปัญหาจะมีวิธีการถอดรหัสที่แตกต่างกันออกไปขึ้นอยู่กับฟังก์ชันเป้าหมาย (Objective Function) ที่กำหนดขึ้น

ขั้นที่ 2 นำแต่ละโครโมโซมไปคำนวณในฟังก์ชันเป้าหมาย  $f(x)$  เพื่อประเมินหาค่าคำตอบ

ขั้นที่ 3 เปลี่ยนผลลัพธ์ของสมการเป้าหมาย เป็นค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ซึ่งขึ้นอยู่กับเป้าหมายของปัญหาว่าต้องการหาค่าคำตอบที่มากที่สุด (Maximize Problem) หรือต้องการหาค่าคำตอบที่น้อยที่สุด (Minimize Problem) ซึ่งมีวิธีการดังนี้

สำหรับปัญหาที่ต้องการหาค่ามากที่สุด (Maximize Problem) ค่าความเหมาะสมจะเท่ากับ ค่าผลลัพธ์ของสมการเป้าหมาย สามารถเขียนสมการได้ดังนี้

$$\text{eval}(v_x) = (f_x), k = 1, 2, \dots, \text{pop\_size} \quad (2.1)$$

เมื่อ  $\text{eval}(v_x)$  คือ ค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ของแต่ละโครโมโซม

$f(k_x)$  คือ ฟังก์ชันเป้าหมาย

$\text{pop\_size}$  คือ ขนาดของประชากร หรือจำนวนโครโมโซม

ส่วนปัญหาที่ต้องการหาค่าน้อยที่สุด (Minimize Problem) ในกรณีนี้จำเป็นจะต้องมีการปรับค่าจากค่าคำตอบน้อยซึ่งเป็นคำตอบที่ดีที่สุด ให้มีค่าความเหมาะสมมาก และค่าคำตอบมากซึ่งเป็นคำตอบที่ไม่ดี ให้มีค่าความเหมาะสมน้อย ซึ่งในที่นี้จะใช้วิธีการกลับค่าโดยนำแนวคิดมาจากวัฒนพล ชัยเนตร (2548) ที่นำค่าคำตอบที่แย่ที่สุด (Worst Solution:  $x_w$ ) มาพิจารณา โดยนำ  $x_w$  มาเป็นตัวตั้ง แล้วลบด้วยค่าคำตอบของโครโมโซมแต่ละโครโมโซม

จากนั้นนำมาเพิ่มพจน์ "+1" เข้ามาในสมการเพื่อให้ได้โครโมโซมที่แย่ที่สุดมีโอกาสในการเข้าสู่กระบวนการคัดสรร เพราะในกรณีที่โครโมโซมตัวที่แย่ที่สุดถูกลบด้วยตัวของมันเองแล้วจะทำให้โอกาสในการอยู่รอดเท่ากับศูนย์ สามารถเขียนเป็นรูปสมการได้ดังนี้

$$\text{eval}(v_x) = (x_w - x_k) + 1 \quad (2.2)$$

เมื่อ  $x_w$  คือ โครโมโซมที่มีค่าคำตอบแย่ที่สุด

$x_k$  คือ ค่าคำตอบของโครโมโซมที่  $k$  โดย  $k = 1, 2, \dots, \text{pop\_size}$

#### ขั้นตอนที่ 4 การคัดสรร (Selection)

กลไกการคัดสรรมีแนวคิดมาจากการคัดสรรพันธุกรรมที่เหมาะสมของธรรมชาติ ซึ่งเป็นไปตามทฤษฎีของชาร์ล ดาร์วิน ในการคัดสรรผู้มีความเหมาะสมที่จะอยู่รอดในมุมมองของธรรมชาติ นั้น พันธุกรรมที่เหมาะสมคือ สิ่งมีชีวิตใดๆ ก็ตามที่มีคุณสมบัติในการเผชิญกับอุปสรรคต่างๆ ไม่ว่าจะ เป็น โรคระบาด หรือบรรดาผู้ล่า ที่มีผลต่อการเจริญเติบโตและการขยายเผ่าพันธุ์ ส่วนในมุมมองของปัญญาประดิษฐ์อย่าง GA นั้น พันธุกรรมที่เหมาะสมคือ โครโมโซมที่ถูกประเมินจากฟังก์ชันเป้าหมายแล้วมีค่าความเหมาะสมในการอยู่รอดสูงที่สุดนั่นเอง ในที่นี้จะเลือกใช้วิธีการคัดสรรแบบ Stochastic Sampling คือ วิธีการคัดสรรที่มีรูปแบบไม่แน่นอน รูปแบบการคัดสรรประเภทนี้ได้แก่ "รูปแบบคัดสรรด้วยวงล้อที่เสี่ยงทาย (Roulette Wheel Selection)" และวิธีการคัดสรรแบบ Deterministic Sampling คือวิธีการคัดสรรที่มีรูปแบบแน่นอน รูปแบบแน่นอน รูปแบบการคัดสรร

แบบ Deterministic Sampling คือวิธีการคัดสรรที่มีรูปแบบแน่นอน รูปแบบการคัดสรรประเภทนี้ได้แก่ Elitist Selection

### รูปแบบการคัดสรรด้วยวงล้อเสี่ยงทาย (Roulette Wheel Selection)

รูปแบบการคัดสรรด้วยล้อเสี่ยงทายเป็นรูปแบบหนึ่งของวิธีการคัดสรรที่ได้รับความนิยมมาก วิธีการ คือ โครโมโซมทุกตัวจะถูกสรรลงบนวงล้อเสี่ยงทายโดย 1 โครโมโซมจะแทน 1 ช่อง ซึ่งจะมีจำนวนช่องบนวงล้อเท่ากับจำนวนโครโมโซมทั้งหมดและความกว้างของแต่ละช่องก็จะถูกกำหนดโดยความน่าจะเป็นในการถูกเลือกสำหรับแต่ละโครโมโซมตามสัดส่วนค่าความเหมาะสมของโครโมโซมนั้นหากการปั่น (Spin) ของวงล้อเสี่ยงทายตกที่ช่องใด โครโมโซมที่ช่องนั้นข้างถึงก็จะถูกเลือกให้อยู่รอดในรุ่น (Generation) ถัดไป สำหรับโครโมโซม  $k$  แทนค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ของโครโมโซม  $k$  ด้วย  $f_k$  และแทนความน่าจะเป็นในการถูกเลือก และเขียนเป็นรูปสมการได้ดังนี้

$$P_k = \frac{f_k}{\sum_{j=1}^{pop\_size} f_j} \quad (2.3)$$

**ตัวอย่าง** ข้อมูลจากตัวอย่าง 1 สามารถคำนวณความน่าจะเป็นในการถูกเลือกของโครโมโซมด้วย

สมการ (2.3) ดังนี้

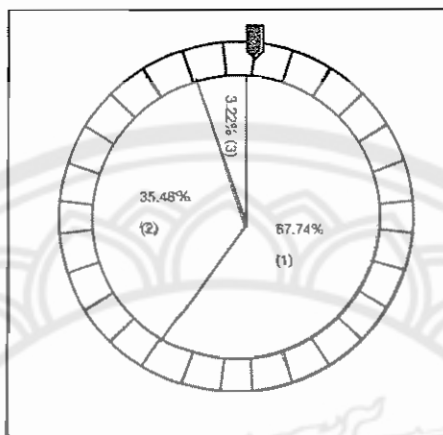
ผลรวมของค่าความเหมาะสมของทุกๆ โครโมโซม ( $\sum_{j=1}^{pop\_size} f_j$ ) จะคำนวณจาก

$$\begin{aligned} \sum_{j=1}^{pop\_size} f_j &= (f_1 + f_2 + f_3 - P_k) \\ &= (21+11+1) \\ &= 33 \end{aligned}$$

นำ  $f_k$  และ  $\sum_{j=1}^{pop\_size} f_j$  แทนในสมการ (2.3) เพื่อคำนวณหาโอกาสในการถูกเลือกของแต่ละโครโมโซม ดังนี้

$$\begin{aligned} P_1 &= \frac{21}{31} = 0.6774 \text{ คิดเป็น } 67.74\% \\ P_2 &= \frac{11}{31} = 0.3548 \text{ คิดเป็น } 35.48\% \\ P_3 &= \frac{1}{31} = 0.0322 \text{ คิดเป็น } 3.22\% \end{aligned}$$

สามารถสร้างวงล้อเสี่ยงทาย (Roulette Wheel) ตามความน่าจะเป็นในการถูกเลือกโดยนำค่า  $P_x$  ของแต่ละโครโมโซมไปสร้างได้ดังรูปที่ 2.31



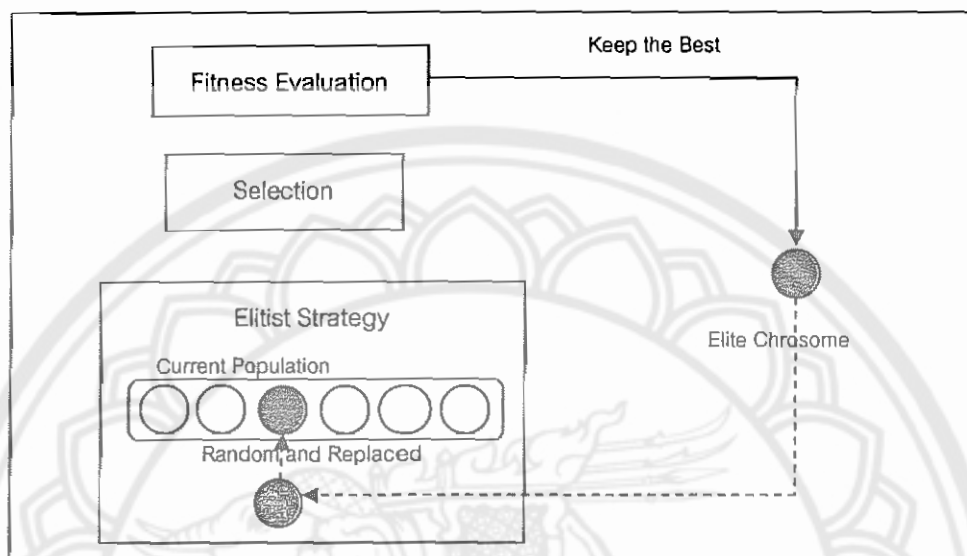
รูปที่ 2.31 แสดงรูปแบบของวงล้อเสี่ยงทายจากตัวอย่าง (Pongcharoen et al., 2002)

การทำงานของวงล้อเสี่ยงทายเพื่อคัดสรรโครโมโซมที่จะผ่านไปรุ่นถัดไปนั้น จะเกิดจากการหมุนวงล้อเสี่ยงทายเท่ากับจำนวนของโครโมโซมหรือค่า Pop\_size (จากตัวนี้วงล้อเสี่ยงทายจะหมุนไปเป็นจำนวน 3 ครั้ง) โดยที่แต่ละครั้งของการหมุนนั้น หากมาร์คเกอร์ (Marker: ...) ชี้ไปที่ช่องของโครโมโซมใดโครโมโซมนั้นจะได้ผ่านไปยังรุ่นถัดไป แล้วจึงหมุนในครั้งต่อไปจนได้ครบทุกโครโมโซมใดโครโมโซมนั้นจะได้ผ่านไปยังรุ่นถัดไป แล้วจึงหมุนในครั้งต่อไปจนได้ครบทุกโครโมโซม

#### รูปแบบการคัดสรรด้วย Elitist Selection

Elitist Selection คือ การเลือกโดยการรักษาเผ่าพันธุ์ชั้นดี ในแต่ละรอบ การทำงานของ GA จะมีโครโมโซมตัวที่ดีที่สุดที่จะได้รับโอกาสในการอยู่รอด แต่ก็อาจจะเกิดกรณีที่โครโมโซมตัวที่ดีที่สุดนั้นไม่สามารถผ่านไปรุ่นถัดไปได้ ทำให้การวิวัฒนาการของโครโมโซมเกิดการไม่ต่อเนื่อง ด้วยเหตุนี้ Murata et al. (1996) จึงได้เสนอกฤษฎีในการปกป้องโครโมโซมตัวที่ดีที่สุด (Elite Chromosome) ให้สามารถอยู่รอดต่อไปได้ เรียกว่า กฤษฎีในการปกป้องรักษาเผ่าพันธุ์ชั้นดี (Elitist Strategy) โดยที่หลังจากโครโมโซมทั้งหมดผ่านขั้นตอนของการประเมินค่าความเหมาะสมแล้ว Elitist Strategy จะเลือกเก็บโครโมโซมตัวที่ดีที่สุดเอาไว้ เพื่อนำไปแทนในโครโมโซมจากประชากรในรุ่นปัจจุบัน (Current Population) ขึ้นมา 1 ตัว แล้วจึงแทนโครโมโซมดังกล่าวนี้

ด้วยโครโมโซมที่ดีที่สุดที่ได้จากการเก็บเอาไว้ แสดงกลยุทธ์การรักษาเผ่าพันธุ์ชั้นดีได้ดังรูปที่ 2.32



รูปที่ 2.32 แสดงกลไกการทำงานของ Elitist Strategy แบบ Murata et al. (Pongcharoen et al., 2002)

#### ขั้นตอนที่ 5 การตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน (Termination)

GA จะหยุดการทำงานเมื่อ GA มีการทำงานครบตามจำนวนรุ่น (Number of Generation) ที่กำหนดไว้ ถ้าหากการทำงานยังไม่ครบตามจำนวนรุ่นที่กำหนด ก็จะวนกลับไปทำกระบวนการทางพันธุกรรม (Genetic Operation) ต่อไป

#### 2.5 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

พัชราภรณ์ อริยะวงษ์ (2550) กล่าวว่า ค่าที่แสดงค่าพารามิเตอร์และกระบวนการของ GA ที่เหมาะสมที่สุดสำหรับปัญหาการจัดเรียงเครื่องจักรในระบบการผลิตแบบยืดหยุ่นที่ได้จากการทดลองหาค่าที่เหมาะสม ดังแสดงในตารางที่ 2.3



ตารางที่ 2.3 แสดงค่าพารามิเตอร์และกระบวนการของ GA ที่เหมาะสมที่สุด สำหรับปัญหาการ  
จัดเรียงเครื่องจักรในระบบการผลิตแบบยืดหยุ่น

พารามิเตอร์	ค่าที่เหมาะสมที่สุด
ขนาดของประชากร/จำนวนรุ่น (Pop/Gen)	25/100
ความน่าจะเป็นในก๊อปปี้สายพันธุ์ ( $P_c$ )	0.5
ความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ ( $P_m$ )	0.9

## 2.6 โปรแกรมภาษา TCL/TK

ภาษา TCL/TK ถูกพัฒนาโดย John K. Ousterhooth ภาษา TCL-Tool Command Language (Tickle) เป็นภาษาสคริปต์ที่ต้องใช้ตัวแปรภาษาหรืออินเตอร์พรีเตอร์ในการทำงาน คล้ายกับภาษา Perl หรือ Unix Shell ดังนั้นการใช้งานจึงต้องมีการใช้ TCL Shell (TCLSh) และยังมี TK อ่านว่า (Tee-Kay) เป็น Associated Toolkit สำหรับสร้างกราฟิกยูสเซอร์อินเตอร์เฟสบน X Windows system เรียกใช้งาน TK ต้องอาศัย Windowing Shell (Wish) TCL/TK นั้นสามารถนำไปใช้งานได้บนหลายๆ แพลตฟอร์ม ตั้งแต่ยูนิกซ์ ลินุกซ์ แมคอินทอช และวินโดวส์

### ข้อดีของภาษา TCL/TK

- 1) ภาษา TCL เป็นภาษาโปรแกรมที่ใช้งานง่าย สำหรับนักเขียนโปรแกรมที่มีประสบการณ์ สามารถเรียนรู้ TCL และพัฒนาโปรแกรมด้วย TCL ได้อย่างรวดเร็ว
- 2) สามารถทำงานได้ทั้งบนระบบปฏิบัติการ UNIX, Windows, Macintosh และระบบปฏิบัติการอื่นๆ ที่มีใช้กันแพร่หลาย นั่นคือ TCL Script หนึ่งสามารถนำไปทำงานได้ทั้งบน UNIX, Windows และ Macintosh และในการแสดง GUI จะมีความแตกต่างกันขึ้นอยู่กับแต่ละ platform
- 3) เป็นภาษาที่มีความเสถียรภาพสูง เหมาะสำหรับแอปพลิเคชันขนาดใหญ่ และวัตถุประสงค์อื่นๆ ขององค์กร

4) ด้วยการใช้ TCL จะเป็นง่ายที่จะประสานกับองค์ประกอบ (Component) และโปรแกรมอื่นที่มีอยู่ได้อย่างมีประสิทธิภาพ ตัวอย่างเช่น การใช้ TCL เป็นภาษาสำหรับควบคุมอุปกรณ์ และโปรโตคอล (Protocols) ที่ทำงานเฉพาะอย่าง การเพิ่ม GUI หรือ ส่วนติดต่อกับเครือข่ายให้กับแอปพลิเคชันที่สร้างจากภาษา Java กับ Code โปรแกรมเดิมของภาษา C/C++

5) TCL เป็นฟรีโปรแกรมสามารถหาได้ที่ TCL Developer X change และสามารถทำการแก้ไขให้เหมาะสมกับความต้องการของนักพัฒนาได้

