

Chulalongkorn University

Chula Digital Collections

Chulalongkorn University Theses and Dissertations (Chula ETD)

2023

การแก้ปัญหาการแฉะผ่านหลายจุดสำหรับการรับส่งที่มีการจำกัดด้านระยะทางด้วย ขั้นตอนวิธีเชิงขั้วกรรม

พิราญ เข็มสุวรรณ
คณะวิศวกรรมศาสตร์

Follow this and additional works at: <https://digital.car.chula.ac.th/chulaetd>

 Part of the [Electrical and Electronics Commons](#)

Recommended Citation

เข็มสุวรรณ, พิราญ, "การแก้ปัญหาการแฉะผ่านหลายจุดสำหรับการรับส่งที่มีการจำกัดด้านระยะทางด้วยขั้นตอนวิธีเชิงขั้วกรรม" (2023). *Chulalongkorn University Theses and Dissertations (Chula ETD)*. 10264.
<https://digital.car.chula.ac.th/chulaetd/10264>

This Thesis is brought to you for free and open access by Chula Digital Collections. It has been accepted for inclusion in Chulalongkorn University Theses and Dissertations (Chula ETD) by an authorized administrator of Chula Digital Collections. For more information, please contact ChulaDC@car.chula.ac.th.

การแก้ปัญหาคาจรแวงผ่านหลายจุดสำหรับการรับส่งที่มีการจำกัดด้านระยะทางด้วยขั้นตอนวิธีเชิง
พันธุกรรม



วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า ภาควิชาวิศวกรรมไฟฟ้า
คณะวิศวกรรมศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
ปีการศึกษา 2566

SOLVING MULTI-POINT TRAVERSAL PROBLEM FOR PICKUP AND DELIVERY WITH
DISTANCE LIMITATION USING GENETIC ALGORITHM



A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements
for the Degree of Master of Engineering in Electrical Engineering
Department of Electrical Engineering
Faculty Of Engineering
Chulalongkorn University
Academic Year 2023

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การแก้ปัญหาการแฉะผ่านหลายจุดสำหรับการรับส่งที่มีการ
	จำกัดด้านระยะทางด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม
โดย	นายพีรายุ เพ็งสุวรรณ
สาขาวิชา	วิศวกรรมไฟฟ้า
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก	ดร.ธีรพล ศิลาวรรณ

คณะวิศวกรรมศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย อนุมัติให้หัวข้อวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นส่วนหนึ่ง
ของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต

.....	คณบดีคณะวิศวกรรมศาสตร์
(ศาสตราจารย์ ดร.สุพจน์ เตชวรสินสกุล)	
คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์	
.....	ประธานกรรมการ
(รองศาสตราจารย์ ดร.เชาวน์ดิศ อิศกุล)	
.....	อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก
(ดร.ธีรพล ศิลาวรรณ)	
.....	กรรมการ
(รองศาสตราจารย์ ดร.ชัยเชษฐ ส่ายวิจิตร)	
.....	กรรมการภายนอกมหาวิทยาลัย
(รองศาสตราจารย์ ดร.ภูมิพัฒน์ แสงอุดมเลิศ)	

พิรายุ เพ็งสุวรรณ : การแก้ปัญหาการแวะผ่านหลายจุดสำหรับการรับส่งที่มีการจำกัด
ด้านระยะทางด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม. (SOLVING MULTI-POINT TRAVERSAL
PROBLEM FOR PICKUP AND DELIVERY WITH DISTANCE LIMITATION USING
GENETIC ALGORITHM) อ.ที่ปรึกษาหลัก : ดร.ธีรพล ศิลาวรรณ

ปัจจุบันธุรกิจการขนส่งอาหารและพัสดุมีการเติบโตสูงชันอย่างมาก ต้นทุนในธุรกิจนี้แปร
ผันตามปัจจัยต่าง ๆ หนึ่งในนั้นคือปัจจัยด้านระยะทาง ซึ่งจะส่งผลต่อต้นทุนเชื้อเพลิงที่ใช้ในการ
ขนส่ง การพัฒนาระบบการจัดการเส้นทางที่มีประสิทธิภาพจะช่วยเลือกเส้นทางที่ใช้ต้นทุนในการ
ขนส่งอย่างเหมาะสม และช่วยเพิ่มความพร้อมในการตอบสนองความต้องการของผู้บริโภคได้อย่าง
มีประสิทธิภาพ

งานวิจัยนี้ต้องการเพิ่มประสิทธิภาพให้กับเส้นทางของผู้ขนส่งโดยการเพิ่มจำนวน
ผู้ใช้บริการที่ผู้ขนส่งสามารถให้บริการได้ในการเดินทางแต่ละครั้ง รวมถึงให้อิสระในการกำหนด
ระยะทางที่ต้องการเดินทางในแต่ละครั้งตามความสะดวกของผู้ขนส่งด้วย ดังนั้นเส้นทางที่มี
ประสิทธิภาพสูงสุดจึงหมายถึงเส้นทางที่สามารถให้บริการผู้รับส่งสินค้าเป็นจำนวนมากที่สุดภายใต้
เงื่อนไขระยะทางสูงสุดที่ถูกกำหนดโดยผู้ขนส่ง การค้นหาเส้นทางที่สอดคล้องกับวัตถุประสงค์
ดังกล่าวเป็นปัญหาที่มีความซับซ้อนทางเวลาสูง ดังนั้นจึงต้องเลือกใช้ขั้นตอนวิธีที่เหมาะสมในการ
แก้ปัญหา ซึ่งงานวิจัยนี้สังเกตเห็นว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ประยุกต์ขั้นตอนวิธีแบบฮิวริสติกอื่น ๆ
ในการหาคำตอบร่วมกันสามารถลดระยะเวลาในการหาคำตอบของปัญหานี้ได้ โดยคำตอบนั้นมี
คุณภาพสูงใกล้เคียงกับขั้นตอนวิธีแบบเอาต์แรงเมื่อจำนวนจุดให้บริการไม่เกิน 7 จุด

เพื่อให้ครอบคลุมตามจุดประสงค์ของผู้ใช้งานทั้งด้านคุณภาพและระยะเวลาในการหา
คำตอบ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่งานวิจัยนี้นำเสนอมีรูปแบบที่แตกต่างกัน 2 รูปแบบ โดยทั้ง 2
จะมีจุดเด่นที่แตกต่างกันคือ รูปแบบที่มีจุดเด่นด้านคุณภาพของคำตอบ และรูปแบบที่มีจุดเด่นด้าน
ระยะเวลาการหาคำตอบ

สาขาวิชา วิศวกรรมไฟฟ้า

ลายมือชื่อนิสิต

ปีการศึกษา 2566

ลายมือชื่อ อ.ที่ปรึกษาหลัก

6470057921 : MAJOR ELECTRICAL ENGINEERING

KEYWORD: genetic algorithm, traversal problem, routing

Peerayu Phengsuwan : SOLVING MULTI-POINT TRAVERSAL PROBLEM FOR PICKUP AND DELIVERY WITH DISTANCE LIMITATION USING GENETIC ALGORITHM. Advisor: TEERAPOL SILAWAN

Delivery service is popular nowadays. Costs in this business vary according to various factors including distance. It affects the fuel cost for delivery. Developing efficient route management can optimize delivery costs and increase readiness to serve customers.

This research aims to increase the efficiency of the route by increasing the number of customers on a route. Including the freedom to determine the distance of the route according to the convenience of the messenger. Therefore, the most efficient route is defined as the route that can serve the greatest number of sender-receiver pairs of customers according to the distance set by the messenger. Finding a path corresponding to the objectives is a problem with high time complexity. This research found that the genetic algorithm with applying other heuristic algorithms can reduce the time to find the answer to this problem. The quality of the answer is approximate to the answer from the brute force algorithm when the number of service points is less or equal to 7 pairs.

This research presents 2 types of genetic algorithms, one has an advantage in terms of the quality of the answers and the other has an advantage in terms of the computational time to find answers.

Field of Study: Electrical Engineering

Student's Signature

Academic Year: 2023

Advisor's Signature

กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยฉบับนี้สำเร็จลุล่วงด้วยดีเนื่องจากได้รับความอนุเคราะห์และความช่วยเหลืออย่างดียิ่งจาก ดร. ชีรพล ศิลาวรรณ ที่ได้เสียสละเวลาในการให้คำปรึกษาการ ดำเนินงานวิจัย ตลอดจนได้ตรวจสอบและแก้ไขข้อบกพร่องต่างๆ อันเป็นประโยชน์ในการจัดทำวิทยานิพนธ์ ตั้งแต่เริ่มดำเนินการจนกระทั่งเสร็จสมบูรณ์ ผู้ศึกษาขอกราบขอบพระคุณเป็นอย่างสูงไว้ ณ โอกาสนี้

ขอขอบคุณจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัยที่ได้สนับสนุนเครื่องมือในการจัดทำวิทยานิพนธ์ และอำนวยความสะดวกด้านสถานที่ตลอดระยะเวลาการดำเนินการวิจัย

พีรายุ เฟ็งสุวรรณ



สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	ค
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	ง
กิตติกรรมประกาศ.....	จ
สารบัญ.....	ฉ
สารบัญตาราง.....	ช
สารบัญภาพ.....	ฌ
บทที่ 1 บทนำ.....	1
ความเป็นมา และความสำคัญของวิทยานิพนธ์.....	1
วัตถุประสงค์ของงานวิจัย.....	3
ขอบเขตวิทยานิพนธ์.....	3
ขั้นตอนและวิธีดำเนินงาน.....	4
ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ.....	4
บทที่ 2 แนวคิดทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	6
ปัญหาการแวะผ่านกราฟ (Graph Traversal Problem).....	6
ปัญหาการเดินทางของพนักงานขายร่วมกับจุดรับและจุดส่ง (Travelling Salesman Problem with Pick-up and Delivery: TSPPD).....	7
ขั้นตอนวิธีอาณานิคมมด (Ant Colony Algorithm).....	7
ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm).....	8
ขั้นตอนวิธีการปรับปรุงเส้นทางประเภทการสลับสองตำแหน่ง (2-opt).....	10
บทที่ 3 วิธีดำเนินงานวิจัย.....	11
การเลือกขั้นตอนวิธีเพื่อแก้ปัญหา.....	11

การออกแบบขั้นตอนย่อยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม.....	17
การเลือกใช้ขั้นตอนย่อยและลำดับการใช้งานในการแก้ปัญหา.....	34
บทที่ 4 ผลการวิเคราะห์ข้อมูล.....	36
บทที่ 5 สรุปผล อภิปรายผลและข้อเสนอแนะ.....	59
บรรณานุกรม.....	62
ภาคผนวก.....	64
รหัสเทียมของขั้นตอนวิธีการไขว้เปลี่ยนของโครโมโซม	64
รหัสเทียมขั้นตอนวิธีการปรับปรุงเส้นทางแบบสลับสองตำแหน่ง.....	66
รหัสเทียมขั้นตอนวิธีการกลายพันธุ์.....	67
รหัสเทียมขั้นตอนวิธีการคัดสรรของประชากรแบบผสม	70
รหัสเทียมขั้นตอนวิธีการคัดเลือกโครโมโซมคู่ไขว้เปลี่ยน.....	72
ประวัติผู้เขียน	74

สารบัญตาราง

หน้า

ตารางที่ 1 รูปแบบของเส้นทางและจำนวนคำตอบทั้งหมดที่ไม่พิจารณาเงื่อนไขการจำกัดด้าน ระยะทางเมื่อจำนวนคู่ของจุดให้บริการเพิ่มขึ้น	15
ตารางที่ 2 ตารางแสดงค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรง	37
ตารางที่ 3 ตารางแสดงค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ควบคุมความ แข็งแรงของประชากรให้มีค่าเป็นบวกเท่านั้น	38
ตารางที่ 4 ตารางแสดงค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ประชากรมีค่า ความแข็งแรงแบบผสม	39

สารบัญภาพ

	หน้า
รูปที่ 1 รูปตำแหน่งของจุดเริ่มต้น และคู่จุดรับจุดส่งจำนวน 50 คู่.....	12
รูปที่ 2 ตัวอย่างคำตอบของขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรงเปรียบเทียบกับขั้นตอนวิธีอาณานิคมมด	17
รูปที่ 3 กราฟความแข็งแรงของโครโมโซมที่ความยาวต่างกันเมื่อระยะทางที่ใช้เพิ่มขึ้น	20
รูปที่ 4 กราฟความแข็งแรงค่าลบของโครโมโซมที่ความยาวเป็น 1 ก่อนเลื่อนแกนกราฟ เมื่อระยะทางที่จำกัดเป็น 2 จำนวนจุดทั้งหมดเป็น 5	22
รูปที่ 5 กราฟความแข็งแรงของโครโมโซมที่ความยาวต่างกัน เมื่อระยะทางที่ใช้มากกว่าระยะทางที่จำกัด.....	24
รูปที่ 6 กราฟความแข็งแรงแบบบวกและลบของโครโมโซมที่ความยาวต่างกัน เมื่อระยะทางที่ใช้เพิ่มขึ้น	26
รูปที่ 7 การจัดเรียงของโครโมโซมในกลุ่มประชากร 10 โครโมโซม.....	27
รูปที่ 8 รูปแบบการคัดเลือกคู่ไขว้เปลี่ยนของโครโมโซม	28
รูปที่ 9 ตัวอย่างขั้นตอนวิธีการไขว้เปลี่ยนของโครโมโซมกรณีที่ 1	29
รูปที่ 10 ตัวอย่างขั้นตอนวิธีการไขว้เปลี่ยนของโครโมโซมกรณีที่ 2	29
รูปที่ 11 ตัวอย่างขั้นตอนวิธีการสลับสองตำแหน่ง	30
รูปที่ 12 แผนผังลำดับการทำงานของขั้นตอนการขยายขอบเขตการค้นหาและการหยุดการค้นหา ..	33
รูปที่ 13 กราฟเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธีเมื่อจุดให้บริการเพิ่มขึ้น40	40
รูปที่ 14 กราฟค่าเฉลี่ยความผิดพลาดสัมบูรณ์ระหว่างขั้นตอนเชิงพันธุกรรม กับขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรงในมาตรฐานลอการิทึม	41
รูปที่ 15 กราฟเปรียบเทียบระยะเวลาการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีในมาตรฐานลอการิทึม	42
รูปที่ 16 กราฟแสดงผลจำนวนรอบการวนซ้ำที่ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใช้หาคำตอบ	43
รูปที่ 17 กราฟเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธี เมื่ออัตราการกลายพันธุ์เพิ่มขึ้น	44

รูปที่ 18 กราฟเปรียบเทียบระยะเวลาการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีเมื่ออัตราการกลายพันธุ์เพิ่มขึ้น..	46
รูปที่ 19 กราฟเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธี เมื่อจำนวนประชากรเพิ่มขึ้น	47
รูปที่ 20 กราฟค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธี เมื่อสัดส่วนประชากรที่ค่าความแข็งแรงเป็นลบเพิ่มขึ้น	49
รูปที่ 21 กราฟค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธี เมื่ออัตราการขยายขอบเขตการค้นหาเพิ่มขึ้น	50
รูปที่ 22 a. รูปแบบจุดรับส่งกระจายตัวแบบวง b. รูปแบบจุดรับส่งกระจายตัวแบบหยด	51
รูปที่ 23 กราฟเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากปัญหาที่จุดกระจายตัวแบบสุ่ม.....	52
รูปที่ 24 กราฟเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากปัญหาที่จุดกระจายตัวแบบวง	53
รูปที่ 25 กราฟเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากปัญหาที่จุดกระจายตัวแบบหยด ..	53
รูปที่ 26 กราฟเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระยะเวลาการหาคำตอบจากปัญหาทั้ง 3 รูปแบบการกระจายตัว	54
รูปที่ 27 กราฟผลต่างความแข็งแรงของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการถดถอยแบบพหุนาม	55
รูปที่ 28 กราฟผลต่างด้านเวลาในการหาคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม และการถดถอยแบบพหุนาม	56
รูปที่ 29 กราฟเปรียบเทียบความต่างของระยะเวลาที่ขั้นตอนวิธีใช้หาคำตอบ กับความต่างความแข็งแรงของคำตอบ.....	58

บทที่ 1

บทนำ

ความเป็นมา และความสำคัญของวิทยานิพนธ์

ปัจจุบันธุรกิจการขนส่งอาหารและพัสดุมักมีการเติบโตสูงชันอย่างมาก ต้นทุนในธุรกิจนี้แปรผันตามปัจจัยต่าง ๆ หนึ่งในนั้นคือปัจจัยด้านระยะทาง ซึ่งจะส่งผลต่อต้นทุนเชื้อเพลิงที่ใช้ในการขนส่ง การพัฒนาระบบการจัดการเส้นทางที่มีประสิทธิภาพจะช่วยเลือกเส้นทางที่ใช้ต้นทุนในการขนส่งอย่างเหมาะสม และช่วยเพิ่มความพร้อมในการตอบสนองความต้องการของผู้บริโภคได้อย่างมีประสิทธิภาพ

งานวิจัยนี้ต้องการเพิ่มประสิทธิภาพให้กับเส้นทางของผู้ขนส่งโดยการเพิ่มจำนวนผู้ใช้บริการที่ผู้ขนส่งสามารถให้บริการได้ในการเดินทางแต่ละครั้ง รวมถึงให้อิสระในการกำหนดระยะทางที่ต้องการเดินทางในแต่ละครั้งตามความสะดวกของผู้ขนส่งด้วย ทั้งนี้เพื่อสร้างประสบการณ์ที่ดีทั้งทางด้านผู้ใช้บริการและผู้ให้บริการที่เป็นผู้ขนส่ง ดังนั้นเส้นทางที่มีประสิทธิภาพสูงสุดจึงหมายถึงเส้นทางที่สามารถให้บริการผู้รับส่งสินค้าเป็นจำนวนมากที่สุดภายใต้เงื่อนไขระยะทางสูงสุดที่ถูกกำหนดโดยผู้ขนส่ง

ปัญหาการจัดการเส้นทางนี้จัดเป็นส่วนหนึ่งของกลุ่มปัญหาการแวะผ่าน (Traversal Problem) [1] ซึ่งมีเงื่อนไขและข้อจำกัดคล้ายกับปัญหาการจัดการเส้นทางที่มีชื่อเสียงที่รู้จักกันในชื่อ “ปัญหาการเดินทางของพนักงานขาย (Traveling Salesman Problem : TSP)” [2] ปัญหานี้เป็นปัญหาที่ต้องการหาเส้นทางที่สั้นที่สุดในการเดินทางไปยังจุดทุกจุดในพื้นที่หนึ่ง โดยมีเงื่อนไขว่าการเดินทางสามารถผ่านจุดแต่ละจุดได้ 1 ครั้งเท่านั้น เมื่อเดินทางผ่านครบทุกจุดแล้วจะเดินทางกลับสู่จุดเริ่มต้น ปัญหานี้เป็นปัญหาที่มีความท้าทายสูงเนื่องจากมีความซับซ้อนทางเวลาของปัญหาสูงมากที่ผ่านมามีปัญหานี้ได้ถูกต่อยอดด้วยเงื่อนไขต่าง ๆ ให้สอดคล้องกับเป้าหมายของปัญหาอื่นมากขึ้น ซึ่งรวมถึงการประยุกต์เข้ากับปัญหาการจัดการเส้นทางขนส่ง ที่ได้เพิ่มเงื่อนไขของการพิจารณาลำดับการแวะผ่านโดยคำนึงถึงจุดรับและจุดส่งด้วย โดยในเส้นทางขนส่งพัสดุนั้นจุดแต่ละจุดจะเป็นจุดที่ผู้ขนส่งต้องรับหรือส่งพัสดุ ดังนั้นลำดับการแวะผ่านจะต้องถูกจัดเรียงโดยจุดที่เป็นจุดรับพัสดุใด ๆ จะไม่สามารถเดินทางผ่านได้หากในเส้นทางที่ผ่านมายังไม่ผ่านจุดรับพัสดุนั้น ๆ ลักษณะของปัญหานี้เป็นไปตามเงื่อนไขของปัญหา [3, 4] ที่มีชื่อว่า “ปัญหาการเดินทางของพนักงานขายร่วมกับจุดรับและจุดส่ง (Traveling Salesman Problem with Pick-up and Delivery : TSPDP)”

จากเงื่อนไขในการพัฒนาเส้นทางของงานวิจัยนี้ทำให้ลักษณะของปัญหามีความแตกต่างไปจากปัญหาการเดินทางของพนักงานขายร่วมกับจุดรับและจุดส่ง นั่นคือตามสถานการณ์จริงการ

เดินทางของผู้ขนส่งจะเป็นเส้นทางแบบเปิดเพราะผู้ขนส่งพัสดุไม่จำเป็นต้องเดินทางกลับไปยังจุดเริ่มต้นของการเดินทาง และเงื่อนไขของจำนวนจุดที่ต้องการให้บริการจะเปลี่ยนไปโดยไม่จำเป็นต้องให้บริการผู้ใช้บริการทุกจุดในพื้นที่ของผู้ขนส่ง แต่จะขนส่งให้ได้เป็นจำนวนมากที่สุดที่ระยะทางไม่เกินระยะทางที่ผู้ขนส่งต้องการใช้ในการเดินทาง 1 ครั้ง จึงเรียกปัญหานี้ว่าปัญหาการแวะผ่านหลายจุดสำหรับการรับส่งที่มีการจำกัดด้านระยะทาง

ปัญหานี้สามารถอธิบายความสัมพันธ์ของจุดทุกจุดในเครือข่ายได้ด้วยทฤษฎีกราฟ ซึ่งกราฟจะประกอบด้วย 2 เซต คือเซตที่รวมจุดรับ จุดส่ง รวมถึงจุดเริ่มต้นของของผู้ขนส่งเข้าด้วยกันในเซตเดียว และเซตของระยะทางระหว่างจุดทั้งหมดในเครือข่าย เมื่อพิจารณาเงื่อนไขของปัญหาโดยละเอียดสามารถระบุเป้าหมายของปัญหาได้ว่าในการบริการขนส่งที่มีการจับคู่กันระหว่างผู้ใช้บริการที่เป็นผู้รับและผู้ส่ง โดยที่ผู้ใช้บริการที่เป็นผู้ส่ง 1 จุดจะมีผู้ใช้บริการที่เป็นผู้รับอยู่เพียง 1 จุดเท่านั้น และในทำนองเดียวกันผู้ใช้บริการที่เป็นผู้รับแต่ละจุดจะมีผู้ใช้บริการที่เป็นผู้ส่งเพียง 1 จุดด้วย เส้นทางที่มีประสิทธิภาพสูงสุดคือเส้นทางที่สามารถสามารถรองรับจุดให้บริการได้มากที่สุด โดยในกรณีที่มีเส้นทางที่รองรับจุดให้บริการได้มากที่สุดมากกว่า 1 เส้นทางและเส้นทางเหล่านี้ใช้ระยะทางยังไม่เกินค่าที่กำหนดนั้น เส้นทางที่ใช้ระยะทางน้อยกว่าจะเป็นเส้นทางที่มีประสิทธิภาพสูงกว่า

เนื่องจากปัญหานี้มีความซับซ้อนทางเวลาสูงแต่ในสถานการณ์จริงผู้ขนส่งจำเป็นต้องหาคำตอบให้ได้ภายในเวลาที่จำกัด ขั้นตอนวิธีที่สามารถหาคำตอบได้แม้จะไม่ใช่ว่าคำตอบที่ดีที่สุดภายในระยะเวลาที่จำกัดคือขั้นตอนวิธีแบบฮิวริสติก ซึ่งที่ผ่านมานักวิจัยจำนวนมากได้นำเสนอขั้นตอนวิธีแบบฮิวริสติกรูปแบบต่าง ๆ เช่นขั้นตอนวิธีแบบอาณานิคมมด หรือขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เป็นต้น การเลือกใช้ขั้นตอนวิธีต้องเหมาะสมกับปัญหาที่ต้องการหาคำตอบ เพราะขั้นตอนวิธีต่าง ๆ มีข้อดีและข้อเสียแตกต่างกัน

ขั้นตอนวิธีแบบอาณานิคมมดทำงานได้ดีสำหรับปัญหาการเดินทางของพนักงานขายเนื่องจากมีการให้ความสำคัญกับลำดับการเรียงตัวของจุดในเซตคำตอบ แต่ยังมีข้อเสียในด้านความเหมาะสมของการกำหนดตัวแปรการถ่วงน้ำหนักในการเลือกเส้นทาง ทำให้อาจเกิดคำตอบเป็นค่าที่เหมาะสมเฉพาะที่ (Local Optima) ซึ่งไม่ใช่คำตอบที่ดีที่สุด

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถแก้ปัญหาในกลุ่มปัญหาที่เป็นคณิตศาสตร์ไม่ต่อเนื่องและปัญหาการจัดการเส้นทางได้ [5, 6] แต่มีข้อด้อยที่ขั้นตอนวิธีมุ่งเน้นการพัฒนาคุณภาพของคำตอบ โดยไม่ได้เจาะจงให้ความสำคัญกับลำดับการเรียงตัวของจุดในเซตคำตอบ ทำให้มีโอกาสเกิดคำตอบที่เป็นเป็นค่าที่เหมาะสมเฉพาะที่เช่นเดียวกัน

ในงานวิจัยนี้ศึกษาประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาของทั้งสองขั้นตอนวิธี โดยมีแกนหลักในการหาคำตอบเป็นขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม และสังเกตผลลัพธ์จากการนำกระบวนการบางส่วนของขั้นตอนวิธีอาณานิคมมาปรับใช้เป็นขั้นตอนวิธีย่อยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม รวมถึงปรับปรุงขั้นตอนวิธีย่อยต่าง ๆ ให้เหมาะสมกับปัญหามากขึ้น

จากผลการทดสอบพบว่าขั้นตอนวิธีที่ได้นำเสนอสามารถหาคำตอบได้ในเวลาที่จำกัด ทำให้ต้นทุนในธุรกิจการขนส่งอาหารและพัสดุจะสามารถลดลงจากเดิมได้ ซึ่งจะส่งผลดีต่อค่าใช้จ่ายของผู้ประกอบการรวมถึงกลุ่มผู้ใช้งานในธุรกิจนี้

วัตถุประสงค์ของงานวิจัย

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อหาวิธีการในการลดต้นทุนของธุรกิจขนส่งอาหารและพัสดุโดยมุ่งเน้นการลดต้นทุนที่ผลมาจากระยะทางในการขนส่ง ซึ่งได้เสนอขั้นตอนวิธีการค้นหาเส้นทางที่มีประสิทธิภาพสูงสุดของปัญหาการจัดการเส้นทางการขนส่งแบบเปิดร่วมกับจุดรับและจุดส่งสำหรับยานพาหนะคันเดียวโดยมีข้อจำกัดด้านระยะทาง ซึ่งมีวัตถุประสงค์ดังต่อไปนี้

1. เสนอวิธีการค้นหาเส้นทางของผู้ขนส่งพัสดุไปยังจุดรับและจุดส่งที่สามารถจำกัดระยะทางในการเดินทาง 1 ครั้งได้ โดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม
2. เสนอวิธีการจำลองโครโมโซม การไขว้เปลี่ยนโครโมโซม และการกลายพันธุ์ ที่เหมาะสมกับลักษณะของปัญหาโดยคำนึงถึงข้อจำกัดทั้งด้านการจัดเรียงของยีนในโครโมโซมซึ่งเป็นตัวแทนของลำดับการเดินทางไปยังจุดรับและจุดส่ง รวมถึงข้อจำกัดด้านระยะทางของเส้นทางที่ได้จากโครโมโซม
3. เปรียบเทียบประสิทธิภาพด้านความแม่นยำและระยะเวลาประมวลผลเพื่อหาคำตอบของของวิธีการที่เสนอกับขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรง (Brute-force)

ขอบเขตวิทยานิพนธ์

1. รูปแบบของผู้ให้บริการเป็นแบบเข้าคู่กัน (จุดส่ง 1 จุด คู่กับจุดรับ 1 จุด)
2. เส้นทางที่ใช้เป็นเส้นทางแบบเปิด ซึ่งจะไม่นำกลับมาไปยังจุดเริ่มต้น
3. ผู้ขนส่งจะต้องพิจารณาข้อจำกัดด้านลำดับการเดินทางโดยต้องเดินทางผ่านจุดส่งก่อนจุดรับที่เข้าคู่กันเสมอ และแต่ละจุดสามารถเดินทางผ่านได้เพียงครั้งเดียวเท่านั้น
4. ศึกษาประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีกับจุดรับส่งที่สนใจไม่เกิน 50 จุด เนื่องจากเป็นจำนวนจุดให้บริการที่เหมาะสมกับลักษณะของปัญหาการขนส่งอาหารและพัสดุ และเปรียบเทียบ

ผลลัพธ์กับขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรงเพราะสามารถหาคำตอบที่เป็นค่าเหมาะที่สุดวงกว้าง (Global optima)

ขั้นตอนและวิธีดำเนินงาน

1. ศึกษาปัญหาการเดินทางของพนักงานขาย และปัญหาการการเดินทางของพนักงานขายร่วมกับจุดรับและจุดส่ง เปรียบเทียบเป้าหมายการปรับเหมาะกับปัญหาที่งานวิจัยนี้ต้องการหาคำตอบ
2. ศึกษาขั้นตอนวิธีแบบฮิวริสติกที่เกี่ยวข้องกับการแก้ปัญหาได้แก่ ขั้นตอนวิธีแบบอาณานิคมมด ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ขั้นตอนวิธีการปรับปรุงเส้นทางประเภทการสลับสองตำแหน่ง (2-opt)
3. ประยุกต์ลักษณะเด่นของขั้นตอนวิธีแบบฮิวริสติกแบบต่าง ๆ ที่ได้ศึกษาเพื่อสร้างเป็นกระบวนการของขั้นตอนวิธีแบบพันธุกรรม โดยนำขั้นตอนวิธีแบบอาณานิคมมดมาประยุกต์เข้ากับกระบวนการกำหนดประชากรเริ่มต้น รวมถึงนำขั้นตอนวิธีกาปรับปรุงเส้นทางประเภทการสลับสองตำแหน่งมาประยุกต์เข้ากับกระบวนการกลายพันธุ์ และกระบวนการขยายขอบเขตการค้นหา
4. ทดสอบขั้นตอนวิธีแบบพันธุกรรมที่ถูกปรับปรุงให้เหมาะสมกับปัญหาของงานวิจัยนี้โดยปรับเปลี่ยนข้อจำกัดและตัวแปรต่าง ๆ เช่น จำนวนจุดให้บริการ ระยะทางสูงสุดที่ต้องการเดินทาง จำนวนประชากรทั้งหมด อัตราการกลายพันธุ์ และอัตราการขยายขอบเขตการค้นหา เป็นต้น
5. เปรียบเทียบผลลัพธ์ในด้านความแม่นยำของคำตอบและระยะเวลาที่ได้จากขั้นตอนวิธีที่นำเสนอในรูปแบบต่าง ๆ กับขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรง

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

การแก้ปัญหาการจัดการเส้นทางการขนส่งอาหารและพัสดุโดยอ้างอิงจากปัญหาการเดินทางแบบเปิดของพนักงานขายร่วมกับจุดรับและจุดส่งโดยมีข้อจำกัดด้านระยะทางมีประโยชน์ดังนี้

1. สามารถลดต้นทุนในธุรกิจการขนส่งอาหารและพัสดุที่เป็นผลมาจากปัจจัยด้านระยะทางของการขนส่งได้
2. สามารถลดค่าใช้จ่ายของผู้ให้บริการธุรกิจการขนส่งอาหารและพัสดุลงได้ เนื่องจากต้นทุนในการดำเนินธุรกิจที่ลดลง

3. เป็นแนวทางการในการสร้างเส้นทางที่มีประสิทธิภาพของปัญหาในตระกูลปัญหาการจัดการเส้นทางขนส่งโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม
4. เป็นแนวทางในการสร้างกระบวนการไขว้เปลี่ยนของโครโมโซมรวมถึงการกลายพันธุ์ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยประยุกต์ข้อดีจากขั้นตอนวิธีอื่น ๆ ที่เกี่ยวข้องกัตระกูลปัญหาเดียวกัน
5. แสดงถึงความแม่นยำและระยะเวลาการประมวลผลของขั้นตอนวิธีที่นำเสนอ



บทที่ 2

แนวคิดทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

ปัญหาการแหวะผ่านกราฟ (Graph Traversal Problem)

ปัญหาการแหวะผ่านกราฟคือปัญหาการสำรวจข้อมูลจุดต่าง ๆ ในโครงสร้างข้อมูลแบบกราฟ ปัญหานี้เป็นพื้นฐานของปัญหาอื่น ๆ เช่น ปัญหาวิถีสั้นสุด ปัญหาต้นไม้ทอดข้าม และปัญหาการทัวร์ ทั้งนี้สามารถเลือกใช้ขั้นตอนวิธีในการแก้ปัญหาการแหวะผ่านกราฟได้ตามความเหมาะสมของเป้าหมายของปัญหานั้น ๆ

ปัญหาการแหวะผ่านกราฟประเภทปัญหาวิถีสั้นสุดเป็นปัญหาที่ต้องการหาเส้นทางที่สั้นสุดระหว่างจุด 2 จุดภายในกราฟ ซึ่งอธิบายด้วยนิยามของกราฟได้ว่าเป็นปัญหาที่ต้องการผลรวมที่ต่ำที่สุดของน้ำหนักในเส้นเชื่อมแต่ละเส้นของเส้นทางระหว่าง 2 จุดที่สนใจ ตัวอย่างปัญหานี้เช่น การหาเส้นทางที่เชื่อมต่อของอุปกรณ์เครือข่ายในโครงข่ายระบบการสื่อสาร หรือการหาเส้นทางในการเดินทางระหว่างจุด 2 จุดในแผนที่

ขั้นตอนวิธีในการแก้ปัญหายุทธศาสตร์วิถีสั้นสุดได้รับการพัฒนาและนำเสนอหลากหลายขั้นตอนวิธี สำหรับปัญหาที่งานวิจัยนี้ให้ความสนใจนั้นเป็นปัญหาวิถีสั้นสุดแบบแหล่งต้นทางเดียว ซึ่งมีขั้นตอนวิธีที่เหมาะสมกับการแก้ปัญหาลักษณะนี้อยู่จำนวนหนึ่ง

ขั้นตอนวิธีของไดจ์สตรา [7] เป็นขั้นตอนวิธีที่จะหาเส้นทางจากจุดเริ่มต้นที่สนใจไปยังทุกจุดในกราฟโดยเส้นทางเหล่านั้นต้องเป็นเส้นทางที่น้ำหนักรวมในเส้นเชื่อมแต่ละเส้นของเส้นทางมีค่าต่ำที่สุด ขั้นตอนวิธีนี้ใช้การสำรวจโดยเดินทางไปยังแต่ละจุดที่เชื่อมต่อกับจุดล่าสุดที่เคยสำรวจเส้นทางมาแล้วและจุดนั้นเป็นจุดที่ใช้ระยะทางรวมต่ำที่สุดเพื่อปรับปรุงเส้นทางจนกระทั่งสำรวจครบทุกจุดในกราฟ

ขั้นตอนวิธีของเบลแมน-ฟอร์ด [8] เป็นขั้นตอนวิธีที่มีเป้าหมายการค้นหาแบบเดียวกับขั้นตอนวิธีของไดจ์สตรา แต่สามารถรองรับกราฟที่น้ำหนักของเส้นเชื่อเป็นลบได้ โดยขั้นตอนวิธีใช้การสำรวจเส้นเชื่อมทุกเส้นของทุกจุดพร้อมกันในครั้งเดียว และปรับปรุงเส้นทางเมื่อการสำรวจผ่านไปแต่ละรอบจนกระทั่งไม่มีการปรับปรุงเส้นทางเกิดขึ้น

ขั้นตอนวิธีเอสตาร์ [9] เป็นขั้นตอนวิธีที่มีเป้าหมายการค้นหาเส้นทางที่สั้นที่สุดจากจุดเริ่มต้นที่สนใจไปยังจุดใด ๆ ในกราฟ ขั้นตอนวิธีนี้ใช้ฟังก์ชันฮิวริสติกที่เกิดจากน้ำหนักของเส้นเชื่อมระหว่าง

จุดรวมกับค่าฮิวริสติกของแต่ละจุดในกราฟเป็นส่วนช่วยในการค้นหา โดยมีการบันทึกค่าที่ได้จากฟังก์ชันนี้ตลอดการค้นหาเพื่อให้การสำรวจสามารถทำต่อได้จากจุดที่ผลของฟังก์ชันฮิวริสติกดีที่สุด

จากการศึกษากระบวนการค้นหาเส้นทางของขั้นตอนวิธีข้างต้นพบว่ายังขาดการพิจารณาข้อจำกัดที่ปัญหาในงานวิจัยนี้ให้ความสำคัญทั้งด้านจำนวนจุดในเส้นทางและด้านข้อจำกัดของระยะทางรวมที่ได้ ทำให้ต้องพิจารณาปัญหาการแฉะผ่านกราฟในรูปแบบอื่นซึ่งมีการให้ความสำคัญกับข้อจำกัดเหล่านี้ร่วมด้วย

ปัญหาการเดินทางของพนักงานขายร่วมกับจุดรับและจุดส่ง (Travelling Salesman Problem with Pick-up and Delivery: TSPPD)

TSPPD เป็นปัญหาการจัดการเส้นทาง ปัญหากล่าวไว้ในพื้นที่ใด ๆ ประกอบไปด้วยจุดรับและจุดส่ง และจุดเริ่มต้นของการเดินทาง เป้าหมายคือการค้นหาเส้นทางที่สั้นที่สุด โดยมีเงื่อนไขว่าจะต้องเดินทางผ่านจุดส่งและจุดรับใด ๆ เพียงครั้งเดียว และจะต้องเดินทางไปหาจุดส่งก่อนจุดรับที่เป็นคู่กับจุดส่งนั้นเสมอ

ปัญหานี้เป็นปัญหาที่มีข้อจำกัดต่าง ๆ ใกล้เคียงกับปัญหาที่งานวิจัยนี้ต้องการแก้ แต่มีรายละเอียดบางส่วนที่ไม่เหมือนกันเช่น รูปแบบเส้นทางของปัญหาในงานวิจัยนี้เป็นเส้นทางแบบเปิด และมีการพิจารณาข้อจำกัดด้านระยะทางร่วมด้วย อย่างไรก็ตามปัญหานี้เป็นปัญหาที่มีความซับซ้อนทางเวลาสูงนั้นหมายความว่าขั้นตอนวิธีที่รับประกันคำตอบที่แม่นยำจำเป็นจะต้องใช้เวลานานในการแก้ปัญหา จึงมีการประยุกต์ขั้นตอนวิธีแบบฮิวริสติกซึ่งใช้เวลาในการหาคำตอบได้รวดเร็วกว่ามาแก้ปัญหา

ขั้นตอนวิธีอาณานิคมมด (Ant Colony Algorithm)

เป็นขั้นตอนวิธีที่จำลองรูปแบบการหาอาหารของมดโดยอาศัยการสื่อสารกันผ่านสารฟีโรโมน ซึ่งเป็นสารที่มดปล่อยออกมาตามเส้นทางที่มดเดินผ่าน เมื่อพิจารณาฟีโรโมนของมดหลาย ๆ ตัวในอาณานิคมจะสามารถตรวจสอบได้ว่าเส้นทางใดเป็นเส้นทางที่สั้นที่สุด [10]

ขั้นตอนวิธีนี้ประกอบด้วย 3 กระบวนการคือ การเลือกเส้นทาง การปล่อยฟีโรโมน และการระเหยของฟีโรโมน [11] เมื่อเริ่มกระบวนการมดแต่ละตัวในอาณานิคมจะทำการเดินไปยังจุดถัดไปซึ่งมีแนวโน้มจะเลือกจุดถัดไปที่อยู่ใกล้ที่สุดก่อน เมื่อมดเดินผ่านจุดต่าง ๆ จนเจออาหารและกลับมาที่รังแล้ว จะทำการปล่อยฟีโรโมนไว้ทั่วเส้นทางที่เดินผ่านเป็นปริมาณที่แปรผกผันกับระยะทางทั้งหมดของเส้นทางนั้น จากนั้นฟีโรโมนจะมีการระเหยตามอัตราการระเหยที่ถูกกำหนด เมื่อมดต้องเดินไปหา

อาหารในรอบถัดไปมดจะเลือกเดินไปจุดถัดไปโดยมีแนวโน้มจะเลือกจุดถัดไปที่อยู่ใกล้ที่สุดและมีปริมาณฟีโรโมนมากที่สุดก่อน

เมื่อมดเดินไปกลับระหว่างรังและแหล่งอาหารเป็นระยะเวลาหนึ่งมดทั้งหมดจะใช้เส้นทางเดียวกันเนื่องจากปริมาณฟีโรโมนของเส้นทางที่สั้นที่สุดจะถูกเดินซ้ำและเพิ่มฟีโรโมนบนเส้นทางนั้นซ้ำ ๆ แต่เส้นทางอื่นฟีโรโมนจะระเหยไปจนไม่ได้รับความสนใจจากมด เส้นทางที่มดทุกตัวเลือกเดินนี้คือคำตอบของปัญหา

ขั้นตอนวิธีนี้เป็นขั้นตอนที่จำเป็นต้องกำหนดค่าตัวแปรต่าง ๆ ให้ตรงกับลักษณะของปัญหาจึงจะสามารถค้นหาเส้นทางที่มีประสิทธิภาพได้ จึงเป็นจุดที่ควรพิจารณาก่อนเลือกใช้แก้ปัญหาในงานวิจัยนี้

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm)

เป็นขั้นตอนวิธีแบบฮิวริสติกชนิดหนึ่งซึ่งเป็นขั้นตอนวิธีที่จำลองการวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตต่างๆ [12] ชุดคำตอบของปัญหาถูกมองเป็นโครโมโซมซึ่งเป็นสิ่งที่ยืนยันตัวตนของสิ่งมีชีวิต สายใยโครโมโซมสามารถเขียนแทนด้วยอาร์เรย์ 1 มิติ ซึ่งสมาชิกของอาร์เรย์นั้นคือยีน แต่เนื่องจากขนาดของคำตอบที่เป็นไปได้ของปัญหานี้มีจำนวนจุดในเส้นทางไม่คงที่ ดังนั้นจึงใช้โครโมโซมที่ปรับความยาวของโครโมโซมได้

กระบวนการวิวัฒนาการประกอบไปด้วยขั้นตอนต่าง ๆ ดังนี้

1. การกำหนดประชากรแรกเริ่ม

เพื่อให้เกิดกระบวนการถัดไปได้จำเป็นต้องมีขั้นตอนการสร้างคำตอบเริ่มต้น (initial solution) จำนวนหนึ่ง ซึ่งควรเป็นจำนวนที่ไม่น้อยเกินไปจนทำให้การวิวัฒนาการไม่มีคุณภาพ และไม่ควรมากเกินไปเพื่อไม่ให้ใช้ระยะเวลาการประมวลผลนานเกินไป

2. การจับคู่ไขว้เปลี่ยนของโครโมโซม

โครโมโซมใดที่มีความแข็งแรงมีแนวโน้มที่จะได้จับคู่ไขว้เปลี่ยนมากกว่าโครโมโซมที่อ่อนแอ เมื่อมีการไขว้เปลี่ยนจะมีการถ่ายเทยีนกันระหว่างคู่โครโมโซมนั้น โดยการไขว้เปลี่ยนของโครโมโซมนั้นมีรูปแบบที่หลากหลาย เช่น

- การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียวเป็นการที่เลือกจุดหนึ่งบนโครโมโซม และทำการแลกเปลี่ยนกลุ่มยีนที่อยู่หลังจุดนั้นระหว่างโครโมโซมสองตัว
- การไขว้เปลี่ยนแบบหลายจุดเป็นการเลือกจุดหลายจุดบนโครโมโซม และทำการแลกเปลี่ยนกลุ่มยีนที่อยู่หลังจุดนั้นระหว่างโครโมโซมสองตัว

เนื่องจากปัญหาในงานวิจัยนี้มีข้อจำกัดด้านลำดับการจัดเรียงของยีนในโครโมโซม จึงทำให้ไม่สามารถใช้การไขว้เปลี่ยนทั้ง 2 รูปแบบได้ และจำเป็นต้องออกแบบการไขว้เปลี่ยนที่เหมาะสมกับลักษณะของปัญหา

3. การกลายพันธุ์

โครโมโซมที่เป็นทายาทต่อจากรุ่นก่อนหน้ามีโอกาสเกิดการกลายพันธุ์ทำให้เกิดสายพันธุ์ที่มีความหลากหลาย ซึ่งผลของการกลายพันธุ์มีโอกาสทำให้ทายาทอ่อนแอลงหรือแข็งแรงขึ้นได้

4. การคัดสรร

เมื่อระยะเวลาผ่านไปจะมีประชากรเพิ่มขึ้น ในขณะที่เดียวกันจะมีการลดลงของประชากรด้วย โดยโครโมโซมที่แข็งแรงเพียงพอเท่านั้นที่จะถูกเลือกให้คงอยู่ต่อไป

จะเห็นว่าในการบวนการวิวัฒนาการนั้นต้องการหาโครโมโซมใดที่แข็งแรงพอจะเป็นคำตอบที่ดีที่สุด ดังนั้นต้องมีการประเมินความแข็งแรงซึ่งจะใช้ฟังก์ชันความเหมาะสม (fitness function) [13] เมื่อกระบวนการดำเนินไปถึงระยะเวลาหนึ่ง โครโมโซมที่แข็งแรงจะสืบเชื้อสายไปยังรุ่นต่อไปเรื่อย ๆ โครโมโซมที่อ่อนแอจะถูกคัดสรรทิ้งไป ทำให้เหลือโครโมโซมที่แข็งแรงพอจะเป็นคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหา

ขั้นตอนวิธีการปรับปรุงเส้นทางประเภทการสลับสองตำแหน่ง (2-opt)

การปรับปรุงเส้นทางเป็นการสร้างเส้นทางใหม่จากเส้นทางเดิมให้ได้ระยะทางน้อยลง โดยกระบวนการ 2-opt คือการจับคู่ 2 จุดใด ๆ ที่ห่างกันมากกว่า 1 ตำแหน่งในเส้นทาง จากนั้นทำการกลับทิศทางของเส้นทางย่อยที่อยู่ระหว่าง 2 จุดนั้น หากเส้นทางใหม่ใช้ระยะทางลดลงขั้นตอนวิธีจะปรับเส้นทางให้เป็นไปตามเส้นทางใหม่นี้ [14]

ขั้นตอนวิธีนี้เป็นขั้นตอนวิธีที่นิยมใช้เป็นส่วนช่วยพัฒนาเส้นทางของขั้นตอนวิธีแบบฮิวริสติกอื่น ๆ [15] เพื่อให้คุณภาพของเส้นทางคำตอบดีขึ้น โดยอาจเลือกใช้การสลับมากกว่า 2 ตำแหน่ง แต่จะส่งผลให้ความซับซ้อนทางเวลาสูงขึ้น จึงควรประยุกต์ให้เหมาะสมกับลักษณะของปัญหา



บทที่ 3

วิธีดำเนินงานวิจัย

งานวิจัยนี้เป็นงานวิจัยที่ทำการทดลองร่วมกับการจำลองตัวอย่างของปัญหาที่ว่าด้วยการหาเส้นทางการบริการขนส่งที่มีการจับคู่กันระหว่างผู้ใช้บริการที่เป็นผู้รับและผู้ส่ง โดยที่ผู้ใช้บริการที่เป็นผู้ส่ง 1 จุดจะมีผู้ใช้บริการที่เป็นผู้รับอยู่เพียง 1 จุดเท่านั้น และในทำนองเดียวกันผู้ใช้บริการที่เป็นผู้รับแต่ละจุดจะมีผู้ใช้บริการที่เป็นผู้ส่งเพียง 1 จุดด้วย เส้นทางการที่มีประสิทธิภาพสูงสุดคือเส้นทางที่สามารถสามารถรองรับจุดให้บริการได้มากที่สุด โดยในกรณีที่มีเส้นทางที่รองรับจุดให้บริการได้มากที่สุดมากกว่า 1 เส้นทางและเส้นทางเหล่านี้ใช้ระยะทางยังไม่เกินค่าที่กำหนดนั้น เส้นทางที่ใช้ระยะทางน้อยกว่าจะเป็นเส้นทางที่มีประสิทธิภาพสูงกว่า โดยโปรแกรมคอมพิวเตอร์จะจำลองปัญหาค้นหาเส้นทางคำตอบด้วยขั้นตอนวิธีต่าง ๆ และวัดผลด้วยวิธีทางคณิตศาสตร์ ซึ่งข้อมูลสำคัญที่ทำให้ความสนใจได้แก่ ความแม่นยำของขั้นตอนวิธีซึ่งประเมินจากจำนวนจุดที่ให้บริการได้บนเส้นทางที่เป็นคำตอบ เวลาที่ใช้ในการประมวลผล และจำนวนการวนรอบของขั้นตอนวิธี เก็บข้อมูลของผลที่ได้ทั้งจากขั้นตอนวิธีที่นำเสนอและจากขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรง จากนั้นประเมินความแม่นยำและเวลาในการประมวลผลด้วยวิธีทางสถิติด้วยค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการคำตอบและค่าเฉลี่ยของค่าความผิดพลาดสัมบูรณ์ (Mean Absolute Error) รวมถึงพิจารณาผลของการปรับเปลี่ยนค่าของตัวแปรต่าง ๆ ที่มีผลต่อการค้นหาคำตอบของขั้นตอนวิธี

การเลือกขั้นตอนวิธีเพื่อแก้ปัญหา

1. ขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรง

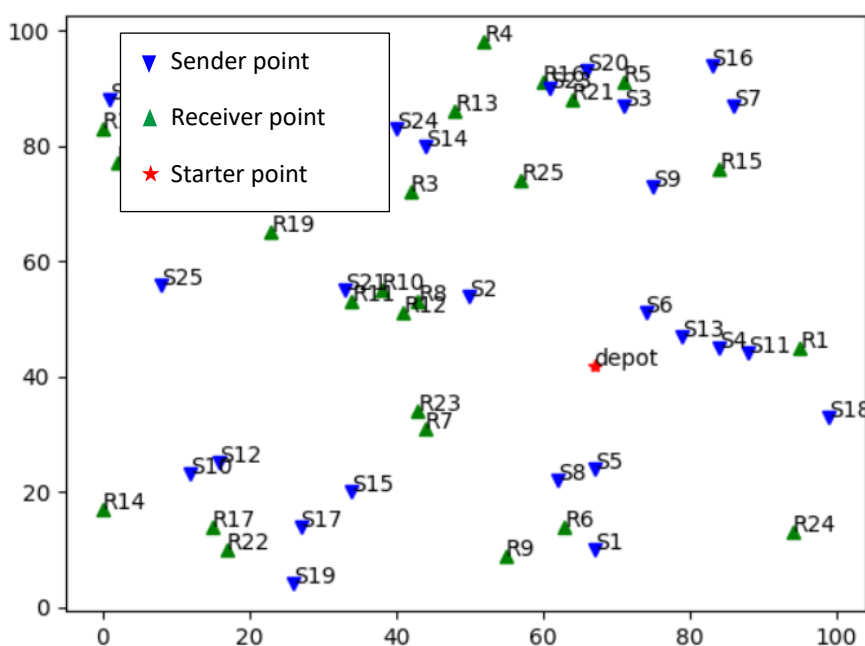
ขั้นตอนวิธีนี้เป็นขั้นตอนวิธีที่ถูกใช้ในการแก้ปัญหาเป็นลำดับแรกของการดำเนินงานวิจัย เนื่องจากสามารถรับประกันได้ว่าคำตอบของขั้นตอนวิธีจะเป็นคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหา ดังนั้นจึงสามารถใช้คำตอบนี้เป็นเส้นทางอ้างอิงในการประเมินความแม่นยำของขั้นตอนวิธีอื่นได้ และยังสามารถใช้พิจารณาความซับซ้อนของปัญหาทำให้เข้าใจลักษณะของปัญหาได้ดียิ่งขึ้น

จากเงื่อนไขของปัญหาสามารถจัดกลุ่มของจุดต่าง ๆ ตามประเภทได้ดังนี้ D คือจุดเริ่มต้นของเส้นทาง S คือเซตของจุดส่งทั้งหมดและ R คือเซตของจุดรับทั้งหมด ซึ่งแต่ละจุดถูกแทนด้วย s_i และ r_i ตามลำดับเมื่อ i คือหมายเลขของคู่จุดให้บริการ โดยเซตทั้ง 2 จะมีลักษณะดังนี้

$$S = \{s_1, s_2, s_3, \dots, s_n\}$$

$$R = \{r_1, r_2, r_3, \dots, r_n\}$$

รูปที่ 1 แสดงลักษณะการกระจายตัวของจุดต่าง ๆ ในพื้นที่ที่มีขนาดความกว้างและความยาว 100 หน่วย เส้นทางการค้าตอบจึงเกิดจากการจัดเรียงของ D และสมาชิกของเซตทั้ง 2 นี้ เช่น $[D, s_1, s_2, r_1, r_2]$ ในกรณีที่เส้นทางนี้ใช้ระยะทางในการเดินทางไม่เกินระยะทางที่จำกัดจากเงื่อนไขของปัญหา



รูปที่ 1 รูปตำแหน่งของจุดเริ่มต้น และคู่จุดรับจุดส่งจำนวน 50 คู่

ในปัญหาที่มีจำนวนคู่จุดให้บริการเป็นจำนวนใด ๆ ปัญหานี้จะมีจำนวนคำตอบที่เป็นไปได้มากที่สุดเมื่อระยะทางที่ใช้ในทุกเส้นทางไม่เกินระยะทางที่ถูกจำกัด หรือกล่าวได้ว่าเมื่อเงื่อนไขด้านระยะทางไม่มีผลกับปัญหานี้ จึงสามารถพิจารณาจำนวนรูปแบบของคำตอบได้ดังนี้

เมื่อ n คือจำนวนคู่จุดให้บริการทั้งหมด $A(n)$ คือฟังก์ชันจำนวนรูปแบบคำตอบ

กรณีที่เส้นทางให้บริการได้ 1 คู่จุดจากทั้งหมด n คู่ เส้นทางนี้สามารถสร้างขึ้นในเงื่อนไขที่ว่าจุดเริ่มต้นของเส้นทางมีเพียง 1 รูปแบบคือ D เท่านั้น และจุดถัดไปคือจุดส่งใด ๆ ที่ถูกเลือกจาก S ซึ่งมีจำนวนสมาชิกคือ n และจุดสุดท้ายของเส้นทางต้องเป็นจุดรับที่เข้าคู่กันกับจุดส่งที่ถูกเลือกก่อนหน้า ซึ่งมีเพียง 1 จุด ดังนั้นจำนวนรูปแบบคำตอบรวมจะเป็นดังสมการ (1)

$$A(n) = 1 \cdot n \cdot 1 = n \quad (1)$$

กรณีทีเส้นทางให้บริการได้ 2 คู่จุดจากทั้งหมด n คู่ เส้นทางที่ให้บริการได้ 2 คู่ สามารถสร้าง ขึ้นได้ 2 รูปแบบคือ รูปแบบที่สร้างขึ้นด้วยเงื่อนไขว่าจุดเริ่มต้นของเส้นทางมีเพียง 1 จุดคือ D เท่านั้น จุดถัดไปที่แวะผ่านลำดับที่ 2 คือจุดส่งใด ๆ ที่ถูกเลือกจาก S ซึ่งมีจำนวนสมาชิกคือ n จุดถัดไปที่แวะ ผ่านลำดับที่ 3 คือจุดรับที่เข้าคู่กันกับจุดส่งที่ถูกเลือกก่อนหน้าซึ่งมีเพียง 1 จุด จุดถัดไปที่แวะผ่าน ลำดับที่ 3 คือจุดส่งใด ๆ ที่ถูกเลือกจาก S แต่ไม่ใช่จุดที่แวะผ่านในลำดับที่ 2 ซึ่งเลือกได้ $n - 1$ จุด และจุดสุดท้ายของเส้นทางต้องเป็นจุดรับที่เข้าคู่กันกับจุดส่งที่ถูกแวะผ่านในลำดับที่ 4 ซึ่งมีเพียง 1 จุด เท่านั้น จำนวนรูปแบบคำตอบคือ $(1 \cdot n \cdot 1 \cdot (n - 1) \cdot 1)$ และรูปแบบเส้นทางที่ให้บริการได้ 2 คู่ ที่สร้างขึ้นด้วยเงื่อนไขว่าจุดเริ่มต้นของเส้นทางมีเพียง 1 จุดคือ D เท่านั้น จุดถัดไปที่แวะผ่านลำดับที่ 2 คือจุดส่งใด ๆ ที่ถูกเลือกจาก S ซึ่งมีจำนวนสมาชิกคือ n จุดถัดไปที่แวะผ่านลำดับที่ 3 คือจุดส่งใด ๆ ที่ถูกเลือกจาก S แต่ไม่ใช่จุดที่แวะผ่านในลำดับที่ 2 ซึ่งเลือกได้ $n - 1$ จุด จุดถัดไปที่แวะผ่านลำดับ ที่ 4 และลำดับสุดท้ายต้องเป็นจุดรับที่เข้าคู่กันกับจุดส่งที่ถูกเลือกก่อนหน้าเท่านั้นเพื่อให้ทุกคู่จุดใน เส้นทางมีการเข้าคู่กันครบทุกจุด ซึ่งในจุดแวะผ่านลำดับที่ 4 เลือกได้ 2 จุด ทำให้จุดแวะผ่านลำดับ สุดท้ายเลือกได้ 1 จุดเท่านั้น จำนวนรูปแบบคำตอบคือ $(1 \cdot n \cdot (n - 1) \cdot 2 \cdot 1)$ ดังนั้นจำนวน รูปแบบคำตอบรวมสำหรับเส้นทางที่ให้บริการได้ 2 คู่คือ

$$\begin{aligned} A(n) &= (1 \cdot n \cdot 1 \cdot (n - 1) \cdot 1) + (1 \cdot n \cdot (n - 1) \cdot 2 \cdot 1) \\ &= (1 + 2)n(n - 1) \\ A(n) &= (1 \cdot 3)n(n - 1) \end{aligned} \quad (2)$$

กรณีทีเส้นทางให้บริการได้ 3 คู่จุดจากทั้งหมด n คู่ เมื่อพิจารณารูปแบบของเส้นทางที่ ให้บริการได้ 3 คู่อย่างละเอียดแล้วจะสามารถสร้างเส้นทางได้ 5 รูปแบบ ซึ่งทำให้สร้างจำนวนรูปแบบ คำตอบได้ดังนี้

$$\begin{aligned} A(n) &= (1 + 2 + 2 + 4 + 6)n(n - 1)(n - 2) \\ A(n) &= (1 \cdot 3 \cdot 5)n(n - 1)(n - 2) \end{aligned} \quad (3)$$

เมื่อพิจารณาการเพิ่มขึ้นของจำนวนรูปแบบคำตอบเมื่อ n เพิ่มขึ้น จะได้ว่าในปัญหาที่มีจำนวนจุดให้บริการเป็น n ไต ๆ จะมีจำนวนรูปแบบคำตอบทั้งหมดของปัญหาจะเท่ากับผลรวมของจำนวนรูปแบบคำตอบของเส้นทางที่ให้บริการได้ 1 คู่ถึง n คู่ เช่นเมื่อ n เป็น 3 จำนวนรูปแบบคำตอบทั้งหมดจะเท่ากับผลรวมของสมการ (1) (2) และ (3)

$$A(n) = n + ((1 \cdot 3)n(n-1)) + ((1 \cdot 3 \cdot 5)n(n-1)(n-2)) = 111$$

สังเกตว่าจำนวนรูปแบบของคำตอบมีความสัมพันธ์กับ n ดังนี้

$$\begin{aligned} A(n) &= n + \dots + (1 \cdot 3 \cdot 5 \dots (2n-1))(n(n-1)(n-2) \dots (n-(n-1))) \\ &= n + \dots + \left(2^n \left(\frac{1}{2}\right) \left(\frac{1}{2}+1\right) \left(\frac{1}{2}+2\right) \dots \left(\frac{1}{2}+n-1\right) \right) \cdot \\ &\quad (n(n-1)(n-2) \dots (n-(n-1))) \\ A(n) &= \sum_{a=1}^n \left\{ 2^a \prod_{b=0}^{a-1} \left(\left(\frac{1}{2}+b\right) \cdot (n-b) \right) \right\} \end{aligned} \quad (4)$$

ซึ่งจำนวนคำตอบจะเพิ่มขึ้นเมื่อคู่จุดให้บริการมีมากขึ้นดังที่แสดงในตารางที่ 1 เมื่อพิจารณาแนวโน้มการเพิ่มขึ้นของจำนวนรูปแบบคำตอบของปัญหาร่วมกับความซับซ้อนทางเวลาของฟังก์ชัน $A(n)$ แล้วพบว่าไม่สามารถหาคำตอบของปัญหานี้ได้ด้วยขั้นตอนวิธีแบบเอาต์แรงภายในระยะเวลาแบบพหุนาม จึงพิจารณาขั้นตอนวิธีอื่นในการแก้ปัญหาที่สามารถหาคำตอบได้เร็วกว่า

ตารางที่ 1 รูปแบบของเส้นทางและจำนวนคำตอบทั้งหมดที่ไม่พิจารณาเงื่อนไขการจำกัดด้านระยะทางเมื่อจำนวนคู่ของจุดให้บริการเพิ่มขึ้น

จำนวนคู่จุดให้บริการ	รูปแบบของเส้นทางคำตอบ	จำนวนคำตอบ
1	$[D, s_1, r_1]$	1
2	$[D, s_1, r_1], [D, s_1, r_1, s_2, r_2], [D, s_1, s_2, r_1, r_2], [D, s_1, s_2, r_2, r_1], [D, s_2, r_2], [D, s_2, r_2, s_1, r_1], [D, s_2, s_1, r_2, r_1], [D, s_2, s_1, r_1, r_2]$	8
3	$[D, s_1, r_1], [D, s_1, r_1, s_2, r_2], [D, s_1, s_2, r_1, r_2], [D, s_1, s_2, r_2, r_1], [D, s_1, r_1, s_3, r_3], [D, s_1, s_3, r_1, r_3], [D, s_1, s_3, r_3, r_1], [D, s_1, s_2, s_3, r_1, r_2, r_3], \dots$	111

2. ขั้นตอนวิธีอาณานิคมมด

ขั้นตอนวิธีนี้จำลองพฤติกรรมของมดในการค้นหาเส้นทางที่ดีที่สุดจากจุดเริ่มต้นไปยังจุดสิ้นสุด โดยให้มดจำนวนหนึ่งเริ่มต้นการค้นหาจากจุดเริ่มต้นและเดินไปตามเส้นทางต่าง ๆ บนกราฟมดแต่ละตัวจะทิ้งสารเคมีที่เรียกว่าฟีโรโมนไว้ตามเส้นทางที่เดินผ่าน มดตัวอื่นๆ ที่เดินตามเส้นทางนั้นมีแนวโน้มที่จะเดินตามเส้นทางที่มีฟีโรโมนเข้มข้นกว่า เมื่อเวลาผ่านไป มดจะสร้างเส้นทางที่มีฟีโรโมนเข้มข้นที่สุด ซึ่งคือเส้นทางที่ดีที่สุดในการเดินทางและถือเป็นคำตอบของปัญหา

- การเลือกเส้นทาง

เมื่อมด k อยู่ที่จุด i ซึ่งเป็นหนึ่งจุดในกราฟ และต้องการเดินทางไปที่จุด j ซึ่งเป็นจุดที่ยังไม่ปรากฏในเส้นทาง มดจะพิจารณาการเลือกจุดถัดไปจากการสุ่มด้วยความน่าจะเป็นดังสมการ (5)

$$p_{ij}^k = \frac{\tau_{ij}^\alpha \cdot \eta_{ij}^\beta}{\sum_{m \in M} \tau_{im}^\alpha \cdot \eta_{im}^\beta} \quad (5)$$

τ_{ij} คือปริมาณฟีโรโมนของเส้นทางระหว่างจุด i กับจุด j

d_{ij} คือระยะห่างของเส้นทางระหว่างจุด i กับจุด j

η_{ij} คือ $1/d_{ij}$

M คือเซตของจุดในเส้นทางที่มด k เดินผ่าน

α คือตัวแปรถ่วงน้ำหนักความสำคัญของ τ_{ij} ในการค้นหา

β คือตัวแปรถ่วงน้ำหนักความสำคัญของ η_{ij} ในการค้นหา

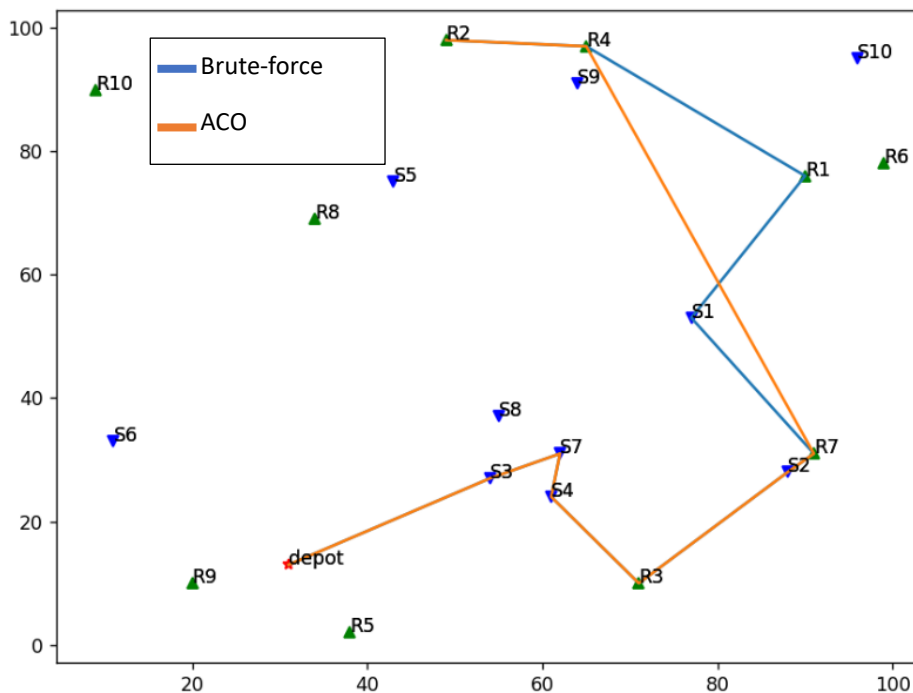
จุดถัดไปของเส้นทางจะถูกเพิ่มเข้าโดยคำนึงถึงการเรียงลำดับจุดรับและจุดส่งให้ถูกต้อง จนกระทั่งระยะทางรวมทั้งเส้นทางนั้นมากกว่าค่าระยะทางที่ถูกจำกัด จากนั้นจุดรับที่เป็นสมาชิกของเส้นทางแต่ไม่มีจุดส่งที่เข้าคู่กันในเส้นทางจะถูกลบออกไปจนครบทุกจุด หากระยะทางรวมยังคงมากกว่า คู่จุดรับและส่งจะถูกลบออกจากเส้นทางโดยคู่ที่มีจุดรับเป็นลำดับมากที่สุดภายในเส้นทางจะเป็นคู่ที่ถูกลบออกก่อน จนกระทั่งระยะทางรวมไม่เกินค่าระยะทางจำกัด

- การปรับเปลี่ยนฟีโรโมน

เป็นขั้นตอนที่จะทำหลังจากมดทุกตัวเดินทางครบในแต่ละรอบ โดยจะปรับลดในทุกเส้นทางในกราฟตามอัตราการระเหยของฟีโรโมนซึ่งเป็นค่าที่ถูกกำหนดไว้ และปรับขึ้นในทุกเส้นทางที่มดทุกตัวในรอบล่าสุดเดินผ่านตามระยะทางรวมที่มดแต่ละตัวใช้

เมื่อระยะเวลาผ่านไปจำนวนรอบที่มดใช้ค้นหาเส้นทางเพิ่มขึ้น จะพบว่าเส้นทางที่มดเดินจะเหลืออยู่เพียง 1 เส้นทางซึ่งเป็นอิทธิพลมาจากฟีโรโมนที่เหลืออยู่ เส้นทางที่มดเดินซ้ำกันทุกตัวนั้นคือคำตอบของขั้นตอนวิธีนี้

จากการสังเกตผลพบว่าขั้นตอนวิธีนี้จำเป็นต้องกำหนดค่าตัวแปรซึ่งมีผลโดยตรงกับประสิทธิภาพการค้นหาคำตอบเป็นจำนวนมาก และผลลัพธ์ที่ได้ยังขาดความแม่นยำในการปัญหาที่มีจำนวนคู่จุดบริการไม่เกิน 10 คู่ ซึ่งอาจต้องมีการปรับปรุงเงื่อนไขการเลือกจุดถัดไปให้เหมาะสมกับปัญหายิ่งขึ้น



รูปที่ 2 ตัวอย่างคำตอบของขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรงเปรียบเทียบกับขั้นตอนวิธีอาณานิคม

3. ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ขั้นตอนวิธีนี้เป็นขั้นตอนวิธีที่จำลองกระบวนการวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต โดยจะใช้โครโมโซมเป็นตัวแทนของสิ่งมีชีวิต เพื่อค้นหาโครโมโซมที่ดีที่สุดสำหรับเป็นคำตอบของปัญหา ขั้นตอนวิธีนี้ทำงานโดยสร้างประชากรเริ่มต้นที่เป็นไปได้ จากนั้นจะคัดเลือกโครโมโซมที่มีประสิทธิภาพดีที่สุดบางส่วน ไขว้เปลี่ยนโครโมโซมที่คัดเลือกไว้เพื่อสร้างโครโมโซมใหม่ กลายพันธุ์โครโมโซมใหม่เพื่อสร้างผลลัพธ์ที่แปลกใหม่ และวนซ้ำขั้นตอนเหล่านี้จนกว่าจะพบคำตอบที่เหมาะสม

เนื่องจากขั้นตอนวิธีนี้ประกอบด้วยขั้นตอนย่อยที่สามารถปรับเปลี่ยนให้เข้ากับลักษณะของปัญหาได้ การออกแบบขั้นตอนย่อยจึงมีความสำคัญต่อประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธี

การออกแบบขั้นตอนย่อยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

1. การกำหนดประชากรแรกเริ่ม

ประชากรหมายถึงกลุ่มของโครโมโซมจำนวนหนึ่งซึ่งขนาดของประชากรจะถูกกำหนดก่อนเริ่มขั้นตอนวิธี โครโมโซมจะถูกสร้างขึ้นในรูปของเวกเตอร์เป็นจำนวนเท่ากับจำนวนประชากร สมาชิก

ของโครโมโซมจะถูกเรียกว่ายีน โดยกำหนดให้ $N = S \cup R \cup \{D\}$ เป็นเซตของจุดทั้งหมดที่ ยานพาหนะต้องเดินทางผ่าน และระยะทางที่ถูกจำกัดคือ L_m กำหนดให้ c_i เป็นโครโมโซมตัวที่ i เส้นทางทุกเส้นจำเป็นต้องเริ่มต้นที่ D ดังนั้น D เป็นยีนแรกของโครโมโซม $c_i = \{D\}$ จุดถัดไปจะถูก เลือกรวมจากสมาชิกที่เหลืออยู่ใน N ซึ่งต้องเป็นจุดที่ไม่ปรากฏใน c_i นอกจากนั้นจุดถัดไปจะเป็นจุดรับ ไม่ได้หากจุดส่งของจุดรับนั้นไม่เคยปรากฏใน c_i มาก่อน ดังนั้นกำหนดให้ V_i เป็นเซตของจุดที่เข้า เงื่อนไขการเป็นจุดถัดไปได้

$$V_i = N - c_i - \{r_i | s_i \notin c_i\} \quad (6)$$

การเลือกจุดถัดไปในเส้นทางเพื่อสร้างโครโมโซมนั้นงานวิจัยนี้ศึกษารูปแบบของการสร้าง โครโมโซมในประชากรกลุ่มแรกจาก 2 วิธี คือ สร้างขึ้นโดยรับประกันคุณภาพเบื้องต้นของโครโมโซม ในประชากรแรกเริ่ม และสร้างขึ้นโดยไม่มีการรับประกันคุณภาพของโครโมโซม เพื่อพิจารณา ความสามารถในการหาคำตอบของทั้ง 2 ขั้นตอน ในสถานการณ์ที่จุดบริการกระจายตัวในลักษณะ แตกต่างกัน การรับประกันคุณภาพเบื้องต้นของโครโมโซมจะใช้อ้างอิงหลักการสร้างจากขั้นตอน วิธีอาณานิคมมด ในขณะที่การสร้างขึ้นโดยไม่มีการรับประกันคุณภาพของโครโมโซมจะใช้อ้างอิง หลักการสุ่มรูปแบบและความยาวของโครโมโซม

- สร้างขึ้นโดยอ้างอิงหลักการสร้างจากขั้นตอนวิธีอาณานิคมมด

จำลองการค้นหาเส้นทางของมดในรอบแรก เนื่องจากเป้าหมายของเส้นทางคือ ระยะทางที่สั้น ดังนั้นการสุ่มจึงถ่วงน้ำหนักด้วย η และเมื่อเป็นการค้นหาเส้นทางรอบ แรกฟีโรโมนจึงไม่มีผลต่อการเลือกจุดถัดไป เมื่อ z เป็นจุดสุดท้ายของ c_i และ j เป็น สมาชิกของ V_i ความน่าจะเป็นของจุดถัดไปจึงถูกปรับใหม่เป็นดังสมการ (7)

$$p_{zj} = \frac{\eta_{zj}}{\sum_{l \in V_i} \eta_{zl}} \quad (7)$$

จุดถัดไปในเส้นทางจะถูกเพิ่มจนกระทั่งระยะทางรวมทั้งเส้นทางนั้นมากกว่า L_m

- สร้างขึ้นโดยสุ่มรูปแบบและความยาวของโครโมโซม

ความยาวของโครโมโซมจะถูกสุ่มขึ้นจากจำนวนคี่ตั้งแต่ 1 ถึง $2n + 1$ จุดถัดไปของโครโมโซมจะถูกสุ่มจากเซต V_i และเพิ่มเข้า c_i จนกระทั่ง c_i มีจำนวนสมาชิกเท่ากับ ความยาวที่สุ่มได้

จากขั้นตอนการสร้างโครโมโซมทั้ง 2 วิธี ผลลัพธ์ที่ได้จะยังไม่สมบูรณ์เพราะจะมีสมาชิกบางตัวของ c_i ที่เป็นจุดรับแต่ขาดจุดส่งที่เข้าคู่กันในเส้นทาง จุดรับเหล่านี้จะถูกคัดออกจนหมด โครโมโซมนี้จะเป็นหนึ่งในสมาชิกของประชากรแรกเริ่มก่อนจะถูกนำไปพัฒนาคุณภาพ

2. การควบคุมระยะทางให้เป็นไปตามข้อจำกัด

เนื่องจากปัญหาที่สนใจมีข้อจำกัดด้านระยะทางทำให้โครโมโซมแต่ละตัวอาจฝ่าฝืนข้อจำกัดนี้ได้ เพื่อให้ผลลัพธ์ของกระบวนการใด ๆ ในขั้นตอนวิธีที่มีการสร้างโครโมโซมใหม่ได้โครโมโซมที่มีระยะทางไม่เกินระยะทางที่ถูกจำกัด โครโมโซมนั้นจะต้องถูกควบคุมระยะทางโดยคู่จุดรับและส่งจะถูกลบออกจากโครโมโซมด้วยเงื่อนไขที่ว่าคู่ที่มีจุดรับเป็นลำดับมากที่สุดในโครโมโซมจะเป็นคู่ที่ถูกลบออกก่อน จนกระทั่งระยะทางรวมของโครโมโซมไม่เกินค่าระยะทางที่ถูกจำกัด

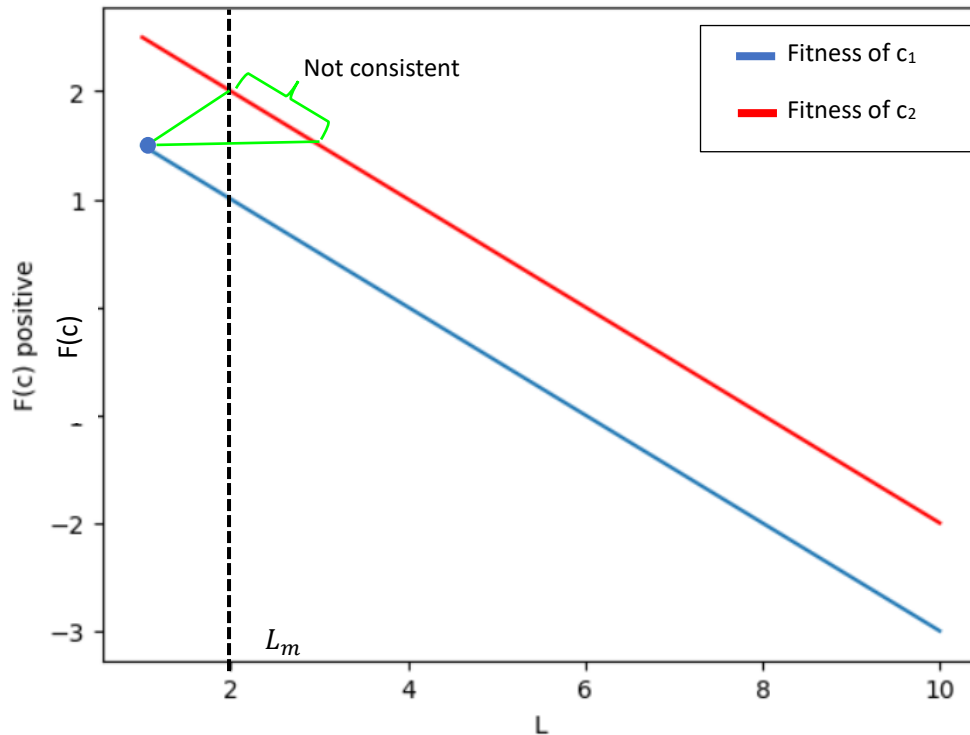
3. การระบุค่าความแข็งแรงของโครโมโซม

โครโมโซมแต่ละโครโมโซมจะถูกระบุค่าความแข็งแรงเพื่อใช้ประกอบการคัดสรรในขั้นตอนถัดไป ความแข็งแรงของโครโมโซมควรแสดงถึงเส้นทางที่ดีสำหรับเป็นคำตอบของปัญหา เนื่องจากปัญหานี้ให้ความสำคัญกับจำนวนจุดให้บริการที่ต้องเป็นค่ามากที่สุด รวมทั้งยังคำนึงถึงระยะทางที่สั้นที่สุดในกรณีที่เกิดเส้นทางที่รองรับจุดบริการมากที่สุดมากกว่า 1 เส้น ดังนั้นความแข็งแรงของโครโมโซมต้องคำนึงถึง 2 องค์ประกอบนี้ สำหรับโครโมโซม C_i ใด ๆ ค่าความแข็งแรงสามารถหาได้จากฟังก์ชันความเหมาะสม $F(C_i)$ ซึ่งสามารถคำนวณจากสมการ (8)

$$F(C_i) = |c_i| + \frac{L_m - L_i}{L_m} \quad (8)$$

เมื่อ $|c_i|$ และ L_i คือขนาดและระยะทางรวมบนเส้นทางของ c_i ตามลำดับ เมื่อ L_m คือระยะทางที่ถูกจำกัด พจน์ $\frac{L_m - L_i}{L_m}$ จะเป็นผลของการปรับบรรทัดฐานข้อมูล (Normalization) เพื่อบอกคุณภาพ

ของ L_i ซึ่งพจน์นี้จะมีค่าเข้าใกล้ 1 เมื่อ L_i เข้าใกล้ 0 และพจน์นี้จะมีค่าเข้าใกล้ 0 เมื่อ L_i เข้าใกล้ L_m ผลลัพธ์ของฟังก์ชัน $F(c_i)$ สามารถแสดงได้ตามกราฟในรูปที่ 3



รูปที่ 3 กราฟความแข็งแรงของโครโมโซมที่ความยาวต่างกันเมื่อระยะทางที่ใช้เพิ่มขึ้น

จากกราฟแสดงให้เห็นถึงค่าความแข็งแรงของ c_2 ที่มีความยาวโครโมโซมเป็น 2 และ c_1 ที่มีความยาวโครโมโซมเป็น 1 พบว่าในช่วงที่ L_1 และ L_2 ที่น้อยกว่า L_m ฟังก์ชันสามารถให้ผลลัพธ์ตามเงื่อนไขของปัญหาได้ถูกต้องนั่นคือ $F(c_2) > F(c_1)$ เนื่องจากสะท้อนถึงเส้นทางที่ให้บริการได้มากกว่า และเมื่อ L_1 และ L_2 เพิ่มขึ้นค่าความแข็งแรงจะลดลง แต่ในกรณีที่ $L_2 > L_m$ นั้นยังมีบางส่วนของ $F(c_2)$ ที่สามารถให้ความแข็งแรงที่สูงกว่า $F(c_1)$ แม้ว่าจะเป็นค่า $F(c_1)$ ในช่วงที่ $L_1 \leq L_m$ โดยในกรณีนี้การที่เส้นทาง c_2 มีระยะทางเกินระยะทางที่ถูกจำกัด เส้นทางนี้ไม่ควรเป็นคำตอบของปัญหาได้

โครโมโซมของเส้นทางที่มีระยะทางเกินระยะทางที่ถูกจำกัดนั้นจะถูกวัดค่าความแข็งแรงเป็นจำนวนลบเพื่อให้ไม่สามารถมีความแข็งแรงมากกว่าโครโมโซมที่ระยะทางไม่เกินระยะทางที่ถูกจำกัด โดยฟังก์ชันที่ใช้วัดค่าความแข็งแรงที่เป็นจำนวนลบจะถูกแทนด้วย $F^-(c_i)$ และเนื่องจากสมการ (8) สามารถให้ผลลัพธ์เป็นจำนวนบวกเท่านั้นในกรณีที่เส้นทางที่มีระยะทางไม่เกินระยะทางที่ถูกจำกัด

ดังนั้นฟังก์ชันนี้จะถูกแทนด้วย $F^+(c_i)$ ทำให้ฟังก์ชันความแข็งแกร่งที่ให้ผลลัพธ์ตามเงื่อนไขของปัญหาในทุกช่วงระยะทางถูกแทนด้วย

$$F(c_i) = F^+(c_i) + F^-(c_i) \quad (9)$$

$F^-(c_i)$ จะยังคงประเมินความแข็งแกร่งโดยอ้างอิงจากปัจจัยด้านจำนวนจุดให้บริการและระยะทางที่ใช้ตามเงื่อนไขของปัญหา แต่เพิ่มน้ำหนักในการประเมินจากปัจจัยด้านระยะทางขึ้นจาก $F^+(c_i)$ เพราะทั้ง 2 ปัจจัยต่างสะท้อนถึงข้อดีของโครโมโซมที่ไม่สามารถเป็นคำตอบของปัญหาได้ในเงื่อนไขที่ต่างกัน เนื่องจากโครโมโซมที่ค่าความแข็งแกร่งติดลบจะไม่สามารถเป็นคำตอบของปัญหาได้ งานวิจัยนี้จึงใช้โครโมโซมที่มีค่าติดลบในขั้นตอนการสร้างโครโมโซมในรุ่นถัดไปเพื่อความหลากหลายในพัฒนาคุณภาพของคำตอบเท่านั้น เพราะฉะนั้นโครโมโซมที่เส้นทางมีระยะทางเกินระยะทางที่จำกัดเพียงเล็กน้อย โครโมโซมนี้ควรมีค่าความแข็งแกร่งที่สูง เพราะใกล้เคียงกับการเป็นคำตอบของปัญหา และโครโมโซมที่มีจำนวนจุดให้บริการเป็นจำนวนมาก โครโมโซมนี้ควรมีค่าความแข็งแกร่งสูงเช่นกัน เนื่องจากโครโมโซมทายาทที่สืบทอดจากโครโมโซมนี้อาจสืบทอดคุณสมบัติการมีจำนวนจุดให้บริการเป็นจำนวนมากโดยระยะทางไม่เกินระยะทางที่จำกัดซึ่งสามารถเป็นคำตอบที่มีคุณภาพสูงได้

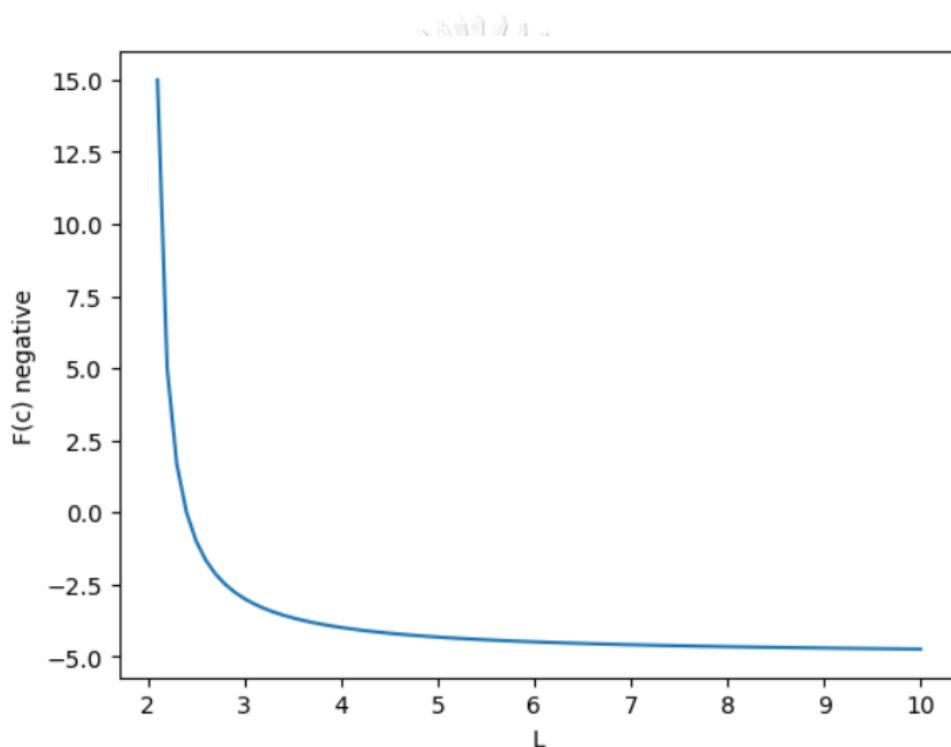
ค่าความแข็งแกร่งที่ติดลบของโครโมโซมที่ระยะทางเกินระยะทางที่ถูกจำกัดจะแปรผันตรงกับจำนวนสมาชิกในเส้นทางของโครโมโซม $|c_i|$ ซึ่งหมายถึงค่าความแข็งแกร่งจะเข้าใกล้ 0 ในทางลบเมื่อจำนวนสมาชิกในเส้นทางของโครโมโซมเพิ่มขึ้น แต่ผลต่างของระยะทางของโครโมโซมกับระยะทางที่จำกัด $L_i - L_m$ แปรผกผันกับค่าความแข็งแกร่งเพราะค่าความแข็งแกร่งจะยิ่งติดลบเมื่อ L_i เพิ่มขึ้น แต่ L_i สามารถเพิ่มสูงขึ้นได้ในอัตราที่ไม่สัมพันธ์กับ $|c_i|$ ดังนั้นจะใช้ค่า $\frac{L_i}{L_i - L_m}$ แทน ซึ่งเป็นค่าที่ควบคุมให้ปัจจัยด้านระยะทางมีความสำคัญน้อยลงและเข้าใกล้ 1 เมื่อ L_i สูงขึ้น $F^-(c_i)$ จะถูกประเมินผลเบื้องต้นจากสมการ (10)

$$F^-(c_i) = \frac{|c_i|L_i}{(L_i - L_m)} \quad (10)$$

ผลลัพธ์เบื้องต้นจะลู่ออกหา $|c_i|$ ซึ่งไม่ใช่จำนวนลบ ดังนั้นสมการต้องถูกปรับให้ผลลัพธ์เป็นจำนวนลบ และควบคุมผลลัพธ์โดยปรับให้ลู่ออกหา $-(2n + 1)$ ซึ่งเป็นค่าของจำนวนจุดทั้งหมดในพื้นที่เพื่อให้

อิทธิพลของการเพิ่มขึ้นของระยะทางต่อค่าความแข็งแรงมีผลในมาตราส่วนขนาดเท่ากันทั้งค่าความแข็งแรงเป็นที่บวกและลบ ดังนั้นสมการ (10) จะถูกปรับให้ผลลัพธ์ไม่ลู่เข้าหา $|c_i|$ โดยการเพิ่มพจน์ $-|c_i|$ และปรับให้ลู่เข้า $-(2n + 1)$ ด้วยการเพิ่มพจน์ $-(2n + 1)$ หลังจากปรับการลู่เข้าของผลลัพธ์เมื่อระยะทางเพิ่มขึ้นแล้ว $F^-(c_i)$ จะเป็นดังนี้

$$F^-(c_i) = \frac{|c_i|L_i}{(L_i - L_m)} - |c_i| - (2n + 1) \quad (11)$$



รูปที่ 4 กราฟความแข็งแรงค่าลบของโครโมโซมที่ความยาวเป็น 1 ก่อนเลื่อนแกนกราฟ
เมื่อระยะทางที่จำกัดเป็น 2 จำนวนจุดทั้งหมดเป็น 5

ผลของสมการ (11) แสดงดังกราฟในรูปที่ 4 ซึ่งมีการลู่เข้าหา $-(2n + 1)$ แต่มีบางส่วนของกราฟเมื่อ $L_i > L_m$ แล้ว $F^-(c_i)$ ยังมีค่าเป็นบวก ดังนั้นสมการ (11) จึงต้องปรับเงื่อนไขเพิ่มเติมที่ทำให้ $F^-(c)$ เป็น 0 เมื่อ $L_i = L_m$ และมีค่าลดลงเมื่อ L_i เพิ่มขึ้นด้วยการเพิ่มตัวแปร ρ ที่ใช้ในการปรับผลลัพธ์ของฟังก์ชัน สมการใหม่จะได้ว่า

$$F^-(c_i) = \frac{|c_i|L_i}{(L_i - L_m) + \rho} - (2n + |c_i| + 1) \quad (12)$$

$F^-(c)$ เป็น 0 เมื่อ $L_i = L_m$

$$0 = \frac{|c_i|L_m}{(L_m - L_m) + \rho} - (2n + |c_i| + 1)$$

$$\frac{|c_i|L_m}{\rho} = 2n + |c_i| + 1$$

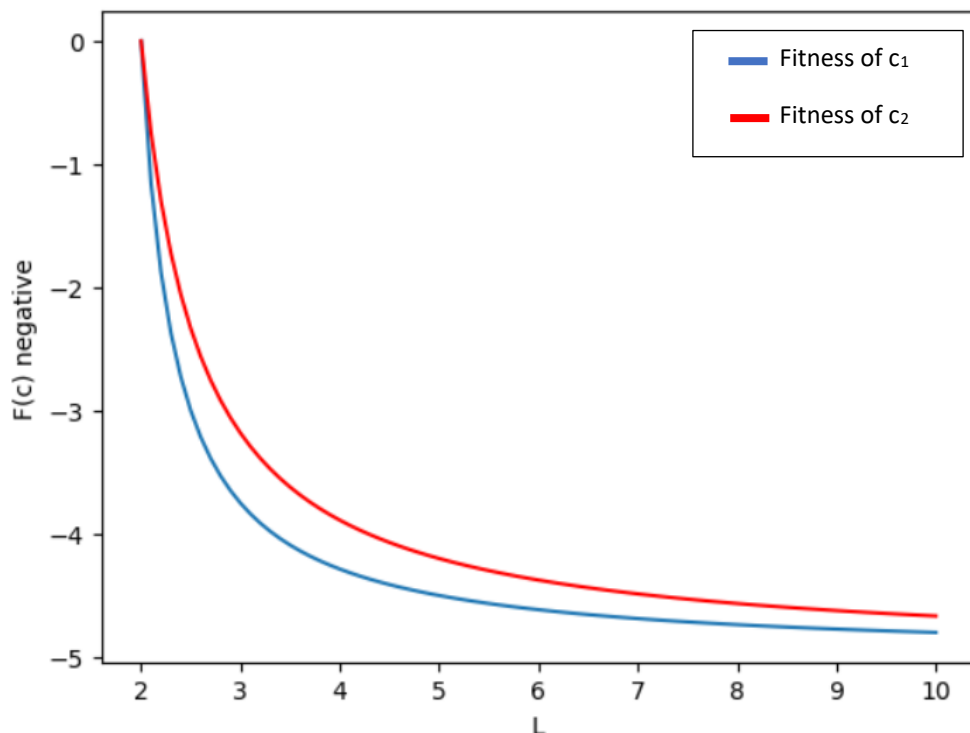
$$\rho = \frac{|c_i|L_m}{2n + |c_i| + 1} \quad (13)$$

เพราะฉะนั้นสมการ $F^-(c_i)$ สำหรับโครโมโซมที่ระยะทางเกินระยะทางที่ถูกจำกัดหลังจากปรับผลลัพธ์สมบูรณ์แล้วจะได้ว่า

$$F^-(c_i) = \frac{|c_i|L_i}{(L_i - L_m) + \frac{|c_i|L_m}{2n + |c_i| + 1}} - (2n + |c_i| + 1) \quad (14)$$

ผลลัพธ์ของ $F^-(c)$ แสดงในกราฟของรูปที่ 5

จากกราฟแสดงให้เห็นว่าผลลัพธ์เป็น 0 เมื่อ $L_i = L_m$ และเพิ่มขึ้นโดยลู่เข้าหา $-(2n + 1)$ เมื่อ L_i เพิ่มขึ้น และเมื่อพิจารณาความแข็งแรงของ c_1 ที่มีความยาวโครโมโซมเป็น 1 และ c_2 ที่มีความยาวโครโมโซมเป็น 2 พบว่าเมื่อระยะทางที่ใช้เพิ่มขึ้นมากกว่าระยะทางที่ถูกจำกัดที่ 2 ค่าความแข็งแรงจะลดลง โดยที่ $F^-(c_2) > F^-(c_1)$ เมื่อพิจารณาที่จุด L เดียวกัน ซึ่งสะท้อนถึงเส้นทางที่ให้บริการได้มากกว่าจะมีค่าความแข็งแรงที่มากกว่าแม้เป็นจำนวนลบ และ $F^-(c_1) > F^-(c_2)$ ได้เมื่อ $L_1 < L_2$ ซึ่งสะท้อนถึงความใกล้เคียงกับการเป็นคำตอบของปัญหามากกว่า



รูปที่ 5 กราฟความแข็งแรงของโครโมโซมที่มีความยาวต่างกัน
เมื่อระยะทางที่ใช้มากกว่าระยะทางที่จำกัด

เมื่อได้ฟังก์ชันที่เหมาะสมกับขั้นตอนวิธีทั้งในการณที่โครโมโซมมีระยะทางไม่เกินระยะทางที่จำกัดและกรณีที่เกิดระยะทางที่จำกัด เลือกใช้ฟังก์ชันให้เหมาะสมกับ L_i ได้โดยใช้ฟังก์ชัน sgn

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
CHULALONGKORN UNIVERSITY

$$sgn(x) = \begin{cases} -1, & \text{if } x < 0 \\ 1, & \text{if } x \geq 0 \end{cases} \quad (15)$$

เมื่อใช้แทน x ด้วย $L_m - L_i$ จะได้

$$sgn(L_m - L_i) = \begin{cases} -1, & \text{if } L_m - L_i < 0 \\ 1, & \text{if } L_m - L_i \geq 0 \end{cases} \quad (16)$$

เมื่อ $F^+(c_i)$ สะท้อนถึงความแข็งแรงของโครโมโซมหาก $L_i \leq L_m$ ดังนั้นใช้สมการ (16) เพื่อให้ผลลัพธ์เป็นตามสมการ (8) ในช่วง $L_i \leq L_m$ และให้ผลลัพธ์เป็น 0 ในช่วง $L_i > L_m$

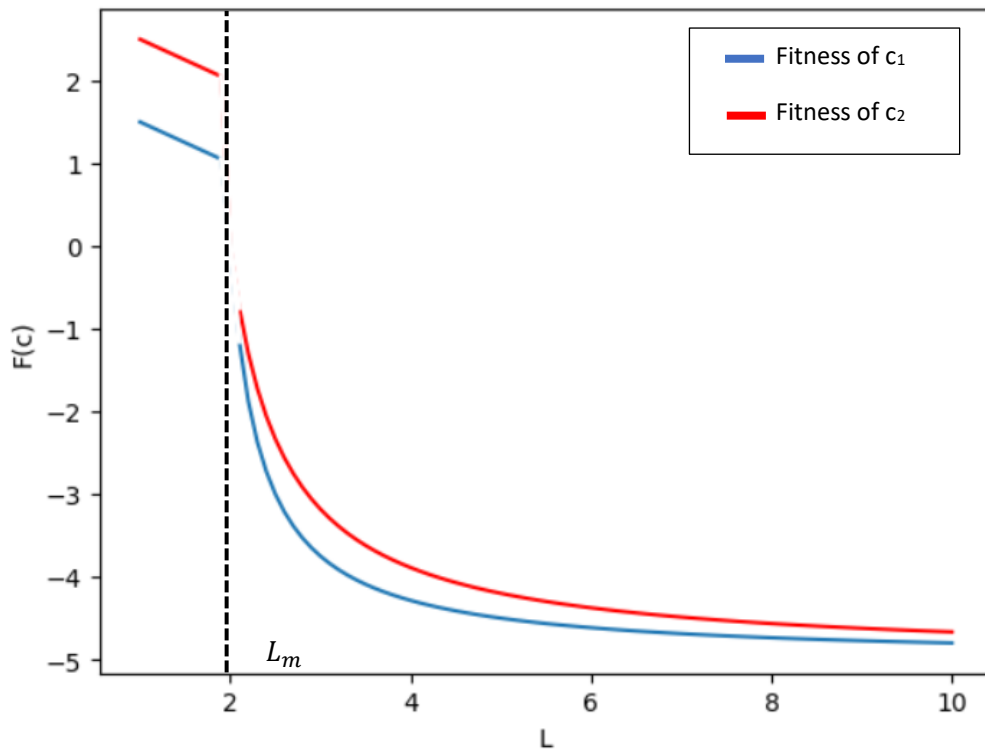
$$F^+(c_i) = \frac{1 + \operatorname{sgn}(L_m - L_i)}{2} \cdot \left(|c_i| + \frac{L_m - L_i}{L_m} \right) \quad (17)$$

เมื่อ $F^-(c_i)$ สะท้อนถึงความแข็งแกร่งของโครโมโซมหาก $L_i > L_m$ ดังนั้นใช้สมการ (16) เพื่อให้ผลลัพธ์เป็นตามสมการ (14) ในช่วง $L_i > L_m$ และให้ผลลัพธ์เป็น 0 ในช่วง $L_i \leq L_m$

$$F^-(c_i) = \frac{1 - \operatorname{sgn}(L_m - L_i)}{2} \cdot \left(\frac{|c_i|L_i}{(L_i - L_m) + \frac{|c_i|L_m}{2n + |c_i| + 1}} - (2n + |c_i| + 1) \right) \quad (18)$$

กราฟผลรวมของสมการ (17) และ (18) แสดงในรูปที่ 6 ซึ่งแสดงถึงค่าความแข็งแกร่งของโครโมโซม ของ c_1 ที่มีความยาวโครโมโซมเป็น 1 และ c_2 ที่มีความยาวโครโมโซมเป็น 2 ได้ทั้งในกรณีที่ระยะทางของทั้งสองโครโมโซมน้อยกว่าระยะทางที่จำกัด และกรณีที่ระยะทางของทั้งสองโครโมโซมมากกว่าระยะทางที่จำกัด

โดยสรุปคือ $F(c_i)$ จะเป็นฟังก์ชันที่ถูกใช้ในการประเมินค่าความแข็งแกร่งของโครโมโซมในขั้นตอนย่อยอื่น ๆ ที่มีการสร้างโครโมโซมใหม่



รูปที่ 6 กราฟความแข็งแรงแบบบวกและลบของโครโมโซมที่ความยาวต่างกัน
เมื่อระยะทางที่ใช้เพิ่มขึ้น

4. การคัดสรรประชากร

การคัดสรรเป็นการควบคุมจำนวนโครโมโซมในกลุ่มประชากรที่ต้องการนำไปพัฒนาคำตอบ
ต่อในรุ่นถัดไปซึ่งจะควบคุมให้มีจำนวนตามค่าที่กำหนดให้กับขั้นตอนวิธีตามความเหมาะสมของการ
ค้นหาคำตอบ ขั้นตอนนี้เป็นขั้นตอนที่ถูกปรับปรุงให้เหมาะสมกับลักษณะของประชากรมากขึ้น
เพราะนอกจากจะมีประชากรที่มีค่าความแข็งแรงเป็นค่าบวกแล้วยังมีประชากรอีกกลุ่มที่มีค่าความ
แข็งแรงเป็นค่าลบด้วย แม้ประชากรที่มีค่าความแข็งแรงเป็นค่าลบจะไม่สามารถเป็นคำตอบของ
ขั้นตอนวิธีได้แต่ประชากรกลุ่มนี้มีความสามารถในการสร้างความหลากหลายให้กับการค้นหาคำตอบ
ของขั้นตอนวิธีเพราะมีโอกาสที่โครโมโซมรุ่นถัดไปที่สืบทอดมาจากประชากรกลุ่มนี้จะเป็นโครโมโซมที่
จำลองการสำรวจเส้นทางที่มีโอกาสเกิดขึ้นได้ยากหากการค้นหาถูกจำกัดด้วยข้อจำกัดด้านระยะทาง
ของปัญหา ดังนั้นจึงให้โอกาสที่จะมีประชากรที่ความแข็งแรงมีค่าเป็นลบปะปนในประชากรทั้งหมดได้
ตามสัดส่วนที่เหมาะสมกับการค้นหาคำตอบ เมื่อแบ่งประชากรเป็น 2 กลุ่มแล้ว ประชากร 2 กลุ่มนี้
จะถูกคัดสรรโดยอาศัยค่าความแข็งแรงของโครโมโซม โดยคัดเอาโครโมโซมที่ค่าความแข็งแรงเป็นค่า

ลบบ่อยประชากรก่อน การคัดโครโมโซมเข้าเป็นประชากรจะเรียงจากลำดับของโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงสูงสุดก่อน เมื่อได้ประชากรเป็นจำนวนตามสัดส่วนที่กำหนดหรือไม่มีโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงเป็นลบเหลืออยู่แล้วจึงจะเริ่มการคัดสรรประชากรที่มีค่าความแข็งแรงเป็นบวก โดยการคัดสรรประชากรกลุ่มที่มีค่าความแข็งแรงเป็นบวกจะดำเนินการในลักษณะเดียวกับประชากรกลุ่มที่มีค่าความแข็งแรงเป็นลบ และคัดโครโมโซมเข้าเป็นประชากรจนกระทั่งจำนวนประชากรทั้งหมดมีค่าตรงกับจำนวนประชากรที่กำหนดให้ขั้นตอนวิธี ลักษณะการจัดเรียงของค่าความแข็งแรงของโครโมโซมในเมทริกซ์จะแสดงดังรูปที่ 7

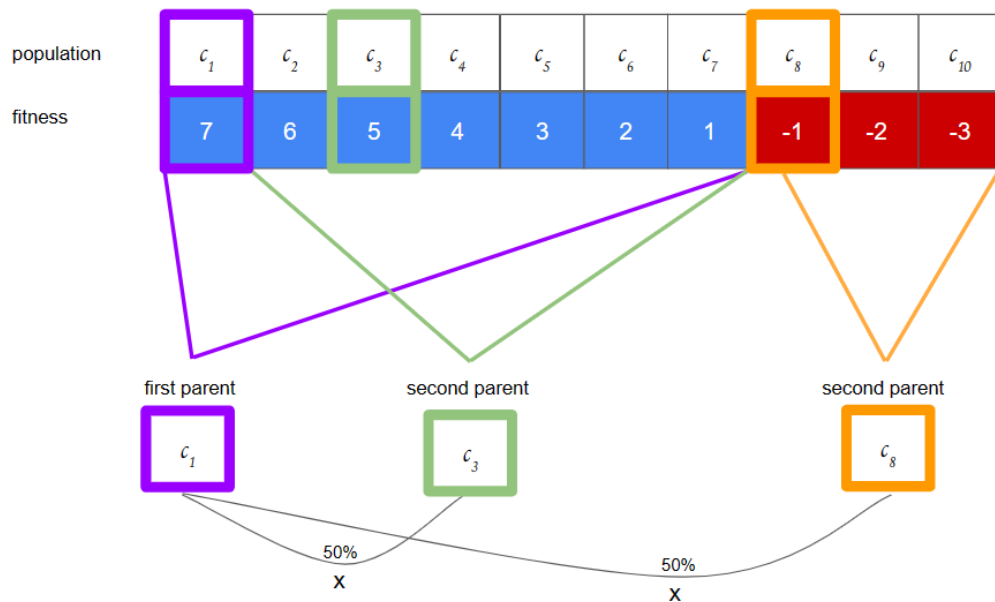
	≥70% of population									
population	c_1	c_2	c_3	c_4	c_5	c_6	c_7	c_8	c_9	c_{10}
fitness	7	6	5	4	3	2	1	-1	-2	-3
								≤30% of population		

รูปที่ 7 การจัดเรียงของโครโมโซมในกลุ่มประชากร 10 โครโมโซม
เมื่อสัดส่วนของประชากรค่าความแข็งแรงเป็นลบคือร้อยละ 30

5. การคัดเลือกคู่ไขว้เปลี่ยนของโครโมโซม

การคัดเลือกคู่ไขว้เปลี่ยนเป็นขั้นตอนที่เลือกโครโมโซม 1 คู่ก่อนนำเข้าสู่ขั้นตอนการไขว้เปลี่ยนเพื่อสร้างโครโมโซมรุ่นถัดไป เพื่อให้การค้นหาของขั้นตอนวิธีพัฒนาไปโดยมีแนวโน้มของทิศทางที่ดีขึ้น โครโมโซมที่ถูกคัดเลือกควรเป็นโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงสูงเพื่อให้โครโมโซมรุ่นถัดไปที่ถูกสร้างจากพื้นฐานที่ดี ขั้นตอนนี้จึงเป็นการเลือกโดยใช้วิธีสุ่มแบบถ่วงน้ำหนักจากค่าความแข็งแรงของโครโมโซม แต่เนื่องจากโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงเป็นลบมีน้ำหนักที่ใช้ในการสุ่มน้อยเกินไป การสุ่มร่วมกับประชากรกลุ่มที่มีค่าความแข็งแรงเป็นบวกจะทำให้ประชากรกลุ่มที่มีค่าความแข็งแรงเป็นลบมีโอกาสถูกสุ่มได้ต่ำ การคัดเลือกจึงจำเป็นต้องให้โอกาสประชากรกลุ่มนี้ด้วย โดยการเลือกโครโมโซมแรกของคู่ไขว้เปลี่ยนจะถูกสุ่มจากประชากรกลุ่มที่มีค่าความแข็งแรงเป็นบวกเท่านั้น เพื่อควบคุมคุณภาพเบื้องต้นของโครโมโซมทายาท ในการเลือกโครโมโซมที่ 2 ของคู่ไขว้เปลี่ยนเพื่อป้องกันทิศทางการค้นหาถูกบีบเข้าสู่คำตอบที่เกิดจากประชากรกลุ่มที่ค่าความแข็งแรงเท่านั้นหากให้

น้ำหนักประชากรกลุ่มนี้มากเกินไป และเพื่อป้องกันการค้นหาแบบไร้ทิศทางที่อาจเกิดขึ้นได้เมื่อขั้นตอนวิธีมีความหลากหลายในการค้นหาสูงจากการให้น้ำหนักมากเกินไปกับประชากรกลุ่มที่มีค่าความแข็งแรงเป็นลบ จึงให้โอกาสประชากร 2 กลุ่มเท่ากัน โดยให้โอกาสร้อยละ 50 ที่โครโมโซมที่ 2 ของคู่ไขว้เปลี่ยนจะถูกสุ่มจากประชากรกลุ่มที่มีค่าความแข็งแรงเป็นลบ และอีกร้อยละ 50 ที่จะถูกสุ่มจากประชากรกลุ่มที่มีค่าความแข็งแรงเป็นบวก หากโครโมโซมที่สองของคู่ไขว้เปลี่ยนจะต้องถูกสุ่มจากประชากรกลุ่มที่มีค่าความแข็งแรงเป็นบวก กลุ่มโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงเป็นบวกที่นำมาสุ่มอีกครั้งจะต้องไม่รวมโครโมโซมที่มีลักษณะตรงกับโครโมโซมแรกของคู่ไขว้เปลี่ยนเพื่อป้องกันการการสุ่มได้โครโมโซมซ้ำเดิม รูปแบบการคัดเลือกจะถูกแสดงในรูปที่ 8

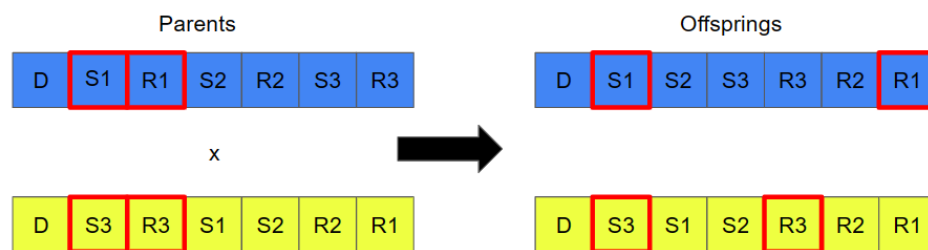


รูปที่ 8 รูปแบบการคัดเลือกคู่ไขว้เปลี่ยนของโครโมโซม

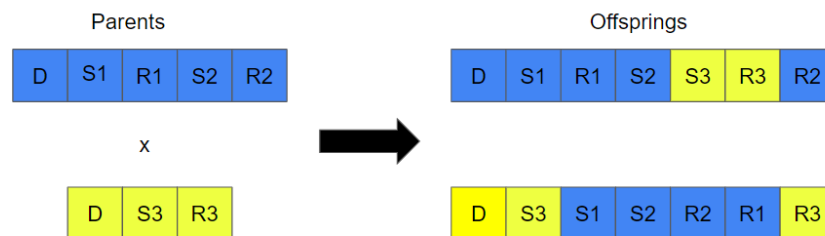
6. การไขว้เปลี่ยนของโครโมโซม

กระบวนการไขว้เปลี่ยนของโครโมโซมเพื่อสร้างทายาทนั้นได้มีการออกแบบขั้นตอนวิธีที่เป็นที่รู้จักหลากหลายรูปแบบ แต่ขั้นตอนวิธีเหล่านั้นไม่เหมาะสมกับปัญหาในหัวข้อวิจัยนี้เนื่องจากจำเป็นต้องมีการพิจารณาการจัดเรียงของยีนในโครโมโซมและมีข้อจำกัดด้านระยะทางเข้ามาเกี่ยวข้อง งานวิจัยนี้จึงได้สร้างขั้นตอนวิธีให้สอดคล้องกับปัญหาที่สนใจ

โดยกระบวนการไขว้เปลี่ยนของโครโมโซมที่ต้องการนำเสนอจะทำงานใน 2 กรณี กรณีที่ 1 ดังรูปที่ 9 สำหรับโครโมโซมใด ๆ ที่นำมาไขว้เปลี่ยนนั้นมีจำนวนยีนเท่ากับจำนวนจุดทั้งหมดของปัญหา ยีน 1 คู่ที่เป็นคู่รับและส่งจะถูกสุ่มเลือกและสุ่มวางในตำแหน่งใหม่ที่ยังคงทำให้ยีนจุดส่งปรากฏในโครโมโซมก่อนยีนจุดรับ ในกรณีที่ 2 นั้นแสดงไว้ในรูปที่ 10 สำหรับโครโมโซมใด ๆ ที่นำมาไขว้เปลี่ยนนั้น สุ่มเลือกตำแหน่งเพื่อแทรกคู่ยีนที่เป็นคู่รับและส่งทุกคู่ที่ปรากฏในโครโมโซมที่เป็นคู่ไขว้เปลี่ยนของโครโมโซมนั้นแต่ไม่ปรากฏในตัวโครโมโซมนั้นเอง โดยตำแหน่งของยีนจุดส่งจะถูกสุ่มแทรกไว้หลังตำแหน่งของจุดรับเสมอ



รูปที่ 9 ตัวอย่างขั้นตอนวิธีการไขว้เปลี่ยนของโครโมโซมกรณีที่ 1



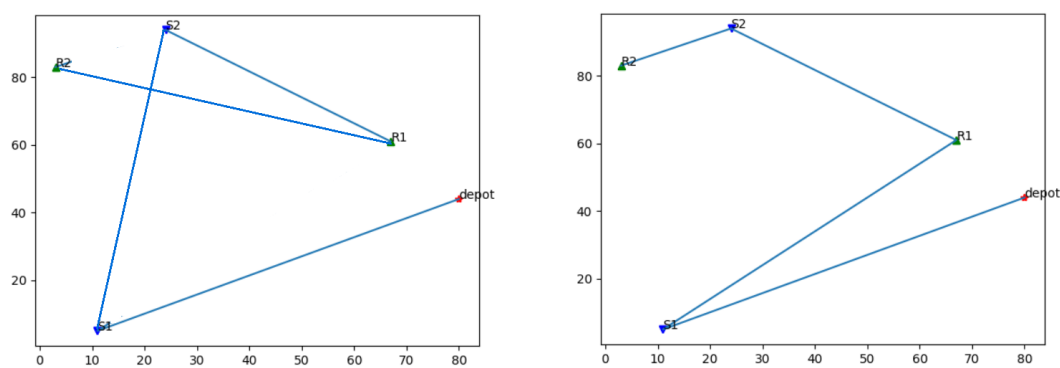
รูปที่ 10 ตัวอย่างขั้นตอนวิธีการไขว้เปลี่ยนของโครโมโซมกรณีที่ 2

7. การกลายพันธุ์

เมื่อโครโมโซมที่เกิดขึ้นจากกระบวนการไขว้เปลี่ยนถูกสร้างขึ้น 1 คู่แล้ว โครโมโซมแต่ละตัวจะมีโอกาสเกิดการกลายพันธุ์เพื่อสร้างคำตอบที่แปลกใหม่ ซึ่งคำตอบนั้นอาจมีทั้งคำตอบที่ดีขึ้นหรือคำตอบที่แย่ลง เมื่อพิจารณาโครโมโซมรุ่นถัดไปรายชื่อโครโมโซม จำนวนเต็มระหว่าง 0 ถึง 100 จะถูกสุ่มขึ้น 1 จำนวน หากจำนวนเต็มดังกล่าวมีค่าน้อยกว่าอัตราการเกิดการกลายพันธุ์ โครโมโซมจะถูกนำเข้าสู่กระบวนการกลายพันธุ์ กระบวนการนี้ถูกออกแบบให้เหมาะสมกับปัญหาโดยประยุกต์ขั้นตอน

วิธีที่อาจเพิ่มความแข็งแกร่งจากองค์ประกอบด้านระยะทางให้กับโครโมโซม รวมถึงใช้การเพิ่มความแข็งแกร่งจากองค์ประกอบด้านจำนวนจุดให้บริการของโครโมโซมด้วย

การเพิ่มความแข็งแกร่งจากองค์ประกอบด้านระยะทาง สามารถทำได้โดยกระบวนการปรับปรุงเส้นทางแบบ 2-opt ซึ่งมีขั้นตอนดังนี้ สำหรับทุกยีนในโครโมโซม หากสามารถทำให้ยีนทุกยีนที่อยู่ระหว่างตำแหน่งของยีนนั้นกับยีนที่อยู่ถัดไปเป็นอย่างน้อย 3 ตำแหน่ง สลับตำแหน่งการจัดเรียงในทิศทางตรงกันข้ามโดยมีข้อแม้ว่าทุกยีนที่เป็นจุดส่งต้องมีลำดับในโครโมโซมน้อยกว่ายีนที่เป็นคู่จุดรับของยีนจุดส่งนั้น และระยะทางของเส้นทางจากโครโมโซมนี้นี้ลดลงแล้ว โครโมโซมจะถูกจัดเรียงใหม่ตามขั้นตอนนี้ (รูปที่ 11 $[D, s_1, s_2, r_1, r_2]$ เป็น $[D, s_1, r_1, s_2, r_2]$ เมื่อพิจารณา ยีนที่อยู่ระหว่าง s_1 และ r_2) การจับคู่ยีนนั้นจะเริ่มจากจุดแรกของคู่เป็นยีน D จับคู่กับจุดที่สองของคู่เป็นยีนที่อยู่ถัดไป 3 ตำแหน่ง เมื่อสลับตำแหน่งการจัดเรียงของยีนที่อยู่ระหว่างยีนคู่นี้แล้วจุดที่สองของคู่จะถูกเปลี่ยนโดยเพิ่มลำดับขึ้น 1 ตำแหน่ง เพื่อทำการสลับตำแหน่งการจัดเรียงอีกครั้งจนกระทั่งเลือกจุดที่สองของคู่เป็นยีนลำดับสุดท้ายของโครโมโซม แล้วจึงเปลี่ยนจุดแรกของคู่เป็นยีนลำดับถัดจาก D 1 ตำแหน่ง และทำขั้นตอนในลักษณะเดิมไปจนกระทั่งจุดแรกของคู่เป็นยีนลำดับแรกของยีน 3 ลำดับสุดท้ายของโครโมโซม จุดสังเกตของขั้นตอนนี้เป็นขั้นตอนวิธีที่มีประสิทธิภาพในการสร้างเส้นทางที่ดีขึ้นแต่เป็นขั้นตอนวิธีที่มีความซับซ้อนทางเวลาสูงซึ่งอาจจะส่งผลกระทบต่อระยะเวลาในการค้นหาคำตอบของขั้นตอนวิธีได้ จึงควรเป็นจุดพิจารณาในการเลือกใช้กับการกลายพันธุ์ซึ่งมีโอกาสเกิดขึ้นในทุกโครโมโซมทายาทของทุกรุ่นของประชากร



รูปที่ 11 ตัวอย่างขั้นตอนวิธีการสลับสองตำแหน่ง

การเพิ่มความแข็งแกร่งให้โครโมโซมในปัจจัยด้านจำนวนจุดให้บริการทำได้โดยสุ่มเลือก 1 คู่จุดบริการที่ไม่ปรากฏในโครโมโซมแล้วเพิ่มเข้าไปในโครโมโซมในตำแหน่งที่จะทำให้ระยะทางเพิ่มขึ้นเป็น

ค่าน้อยที่สุด หลังจากนั้นโครโมโซมจะถูกนำเข้าสู่การควบคุมระยะทางให้เป็นไปตามข้อจำกัดในข้อที่
2. ก่อนนำเข้าสู่กลุ่มประชากรทายาท

8. การขยายขอบเขตการค้นหา

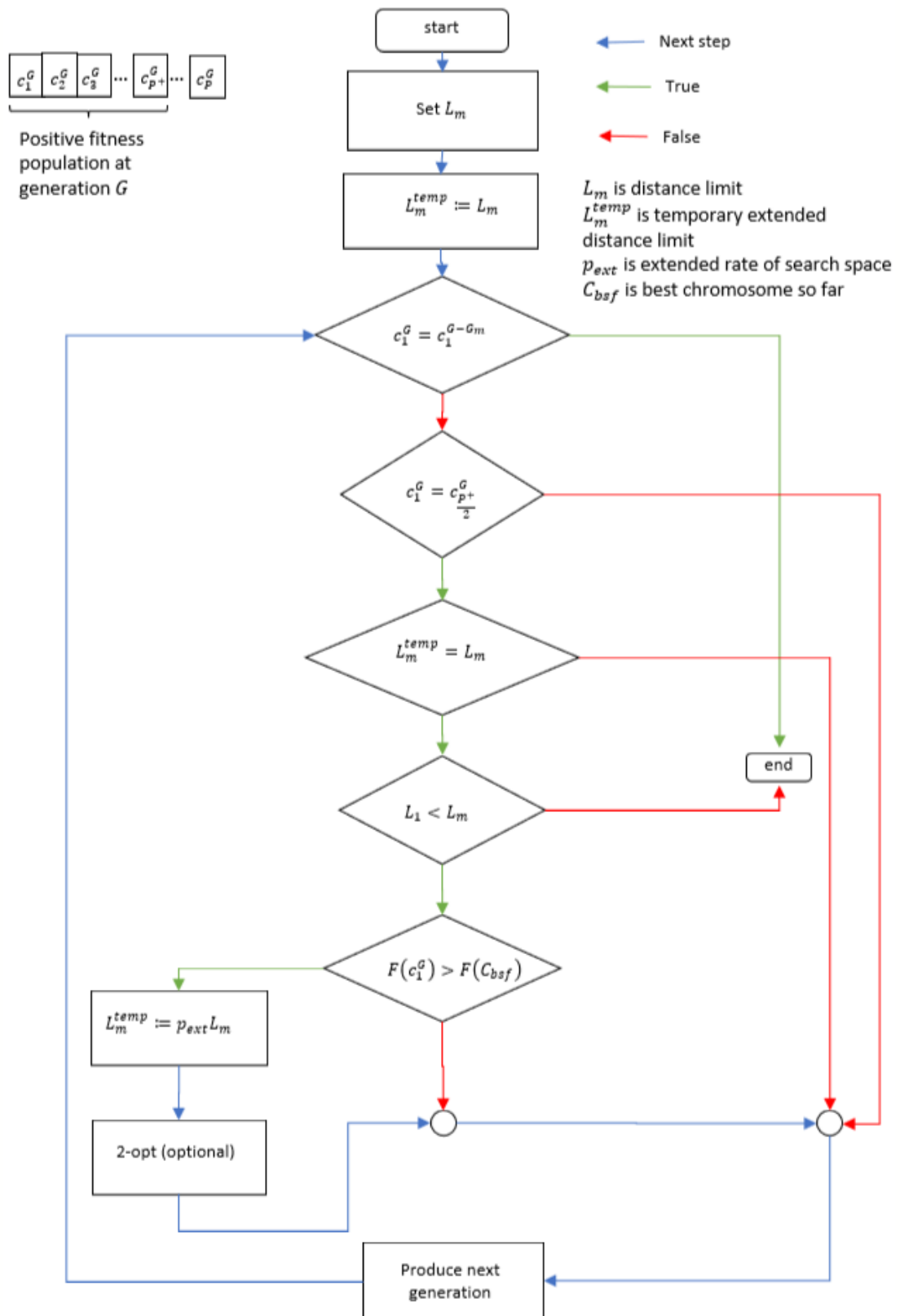
ในทุกุ่นของประชากรจะมีการบันทึกค่าโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงสูงสุดที่พบตลอดการ
ค้นหาคำตอบของขั้นตอนวิธีไว้เสมอ และเมื่อเริ่มรุ่นใหม่ทุกครั้งจะมีการตรวจสอบเงื่อนไขการขยาย
ขอบเขตการค้นหาและการหยุดการค้นหา การขยายขอบเขตการค้นหาเป็นขั้นตอนที่ถูกสร้างขึ้นเพื่อ
เพิ่มความสามารถในการค้นหาของขั้นตอนวิธีเนื่องจากข้อจำกัดด้านระยะทางที่บีบให้การค้นหาทำได้
ในพื้นที่จำกัด การขยายขอบเขตการค้นหาครั้งแรกจะเกิดขึ้นเมื่อโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงเป็น
บวกในกลุ่มประชากรล่าสุดมีลักษณะเหมือนกันเป็นจำนวนอย่างน้อยครึ่งหนึ่งของกลุ่ม และการขยาย
ขอบเขตการค้นหาครั้งถัดไปจะเพิ่มเงื่อนไขคือเมื่อโครโมโซมที่แข็งแรงที่สุดของรุ่นล่าสุดมีค่าความ
แข็งแรงมากกว่าโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงสูงสุดที่พบตลอดการค้นหาและระยะทางไม่เกิน
ระยะทางที่ถูกจำกัดในตอนเริ่ม การขยายขอบเขตการค้นหาจะทำให้ระยะทางที่ถูกจำกัดเพิ่มขึ้น
เล็กน้อยก่อนจะให้ขั้นตอนวิธีทำงานต่อไปตามเดิมเพื่อให้ขั้นตอนวิธีไม่ถูกบีบพื้นที่การค้นหามาก
เกินไป และหากในกระบวนการกลายพันธุ์ไม่ได้เลือกใช้ขั้นตอนวิธีปรับปรุงเส้นทางแบบ 2-opt เพื่อ
หลีกเลี่ยงความซับซ้อนทางเวลา สามารถนำขั้นตอนวิธีนี้มาปรับปรุงเส้นทางของกลุ่มโครโมโซมที่
แข็งแรงที่สุดในแต่ละรุ่นเมื่อมีการขยายขอบเขตการค้นหาได้ เนื่องจากการขยายขอบเขตเกิดขึ้นได้ไม่
บ่อยเท่าการกลายพันธุ์และเป็นจุดที่การค้นหาใกล้จะสิ้นสุดแล้วจึงไม่สร้างผลกระทบต่อด้านระยะเวลา
รวมในการหาคำตอบมากนัก หลังจากที่ยกขอบเขตการค้นหาขยายแล้วการบันทึกค่าโครโมโซมที่มีค่า
ความแข็งแรงสูงสุดที่พบตลอดการค้นหาจะต้องคำนึงถึงระยะทางด้วยโดยจะต้องไม่เกินค่าระยะทางที่
ถูกจำกัดในตอนเริ่ม

9. การหยุดการค้นหา

การหยุดการค้นหาจะเกิดขึ้นเมื่อโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงเป็นบวกในกลุ่มประชากรมี
ลักษณะเหมือนกันหมดทั้งกลุ่มหรือเมื่อโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงเป็นบวกในกลุ่มประชากรล่าสุดมี
ลักษณะเหมือนกันเป็นจำนวนอย่างน้อยครึ่งหนึ่งของกลุ่มแต่ทั้งหมดมีระยะทางเกินระยะทางที่ถูก
จำกัดในตอนเริ่ม หรือเมื่อโครโมโซมที่แข็งแรงที่สุดในแต่ละรุ่นมีลักษณะเหมือนกันในระยะจำนวนรุ่น
ระยะหนึ่ง การค้นหาจะหยุดและคืนค่าโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงสูงสุดที่พบตลอดการค้นหาเป็น
คำตอบ ลำดับการทำงานของขั้นตอนการขยายขอบเขตการค้นหาและการหยุดการค้นหาถูกแสดงใน
รูปที่ 12 ซึ่งเริ่มต้นด้วยการระบุค่าระยะทางที่จำกัด และค่าระยะทางที่จำกัดชั่วคราวเป็นค่าเดียวกัน
 L_m และ L_m^{temp} ตามลำดับ แล้วตรวจสอบว่าโครโมโซมที่แข็งแรงที่สุดในรุ่นปัจจุบัน C_1^G เป็น

โครโมโซมเดียวกันกับโครโมโซมที่แข็งแรงที่สุด $C_1^{G-G_m}$ ในรุ่น G_m ก่อนหน้าหรือไม่ หากใช้การค้นหาจะหยุดลง แต่ถ้าไม่ใช่จะตรวจสอบว่าโครโมโซมที่แข็งแรงที่สุดในรุ่นปัจจุบัน C_1^G เป็นโครโมโซมเดียวกันกับโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงเป็นบวกในกลุ่มประชากรรุ่นปัจจุบันในหมายเลขลำดับที่เท่ากับครึ่งหนึ่งของจำนวนประชากรที่มีค่าความแข็งแรงเป็นบวกทั้งหมด $C_{\frac{p}{2}}^G$ หรือไม่ หากไม่ใช่จะให้ขั้นตอนวิธีสร้างประชากรรุ่นถัดไปต่อ แต่ถ้าใช่จะตรวจสอบว่า L_m และ L_m^{temp} ยังคงเป็นค่าเดียวกันหรือไม่ หากไม่ใช่จะให้ขั้นตอนวิธีสร้างประชากรรุ่นถัดไปต่อ แต่ถ้าใช่จะตรวจสอบว่าระยะทาง L_1 จาก C_1^G มากกว่า L_m หรือไม่ หากไม่ใช่การค้นหาจะหยุดลง แต่ถ้าใช่จะตรวจสอบว่าค่าความแข็งแรงของโครโมโซมที่แข็งแรงที่สุดในรุ่นปัจจุบัน $F(C_1^G)$ สูงกว่าค่าความแข็งแรงของโครโมโซมที่แข็งแรงที่สุดตลอดการค้นหา $F(c_{bsf})$ หรือไม่ หากไม่ใช่จะให้ขั้นตอนวิธีสร้างประชากรรุ่นถัดไปต่อ แต่ถ้าใช่จะปรับค่า L_m^{temp} ขึ้นจากค่า L_m ตามอัตราการขยาย p_{ext} หลังจากนั้นจะปรับปรุงเส้นทางด้วย 2-opt หรือไม่ให้พิจารณาตามความเหมาะสมด้านความซับซ้อนเชิงเวลา แล้วจึงให้ขั้นตอนวิธีสร้างประชากรรุ่นถัดไปต่อ





รูปที่ 12 แผนผังลำดับการทำงานของขั้นตอนการขยายขอบเขตการค้นหาและการหยุดการค้นหา

การเลือกใช้ขั้นตอนย่อยและลำดับการใช้งานในการแก้ปัญหา

งานวิจัยนี้ให้ความสนใจในประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการแก้ปัญหาในสถานการณ์ต่าง ๆ รวมทั้งยังพิจารณาผลของการใช้ขั้นตอนย่อยในรูปแบบที่ต่างกันในขั้นตอนวิธีเพื่อเปรียบเทียบผลลัพธ์ที่ได้ การแก้ปัญหาวัดจะประกอบด้วยขั้นตอนต่าง ๆ ดังนี้

1. สร้างจุดเริ่มต้น 1 จุดและจุดให้บริการในปริมาณไม่เกิน 50 จุด โดยค่าของพิกัดในรูปคู่อันดับ x และ y เป็นค่าตั้งแต่ 0 ถึง 100 หน่วย
2. กำหนดค่าตัวแปรทั้งหมดที่จำเป็นต่อขั้นตอนวิธี ได้แก่ ระยะทางที่ถูกจำกัด L_m จำนวนประชากร P อัตราการเกิดการกลายพันธุ์ p_m เป็นจำนวนเต็มที่มีค่าตั้งแต่ 0 ถึง 100 อัตราการขยายขอบเขตการค้นหา p_{ext} เป็นจำนวนที่มีค่าตั้งแต่ 1 ถึง 2 และจำนวนรุ่นที่การค้นหาไม่พัฒนาเพื่อหยุดการค้นหา G_s
3. ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเริ่มค้นหาคำตอบ

รูปแบบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ให้ความสนใจมี 2 รูปแบบ และมีขั้นตอนในการค้นหาคำตอบตามลำดับดังนี้

- การค้นหาที่ควบคุมความแข็งแรงของประชากรให้มีค่าเป็นบวกเท่านั้น
 - 1) กำหนดประชากรแรกเริ่มจำนวน P โครโมโซม
 - 2) ทุกโครโมโซมจะถูกควบคุมระยะทางให้ไม่เกิน L_m
 - 3) ทุกโครโมโซมจะถูกระบุค่าความแข็งแรงของโครโมโซม
 - 4) โครโมโซมจะถูกคัดสรรให้เหลือ P โครโมโซม
 - 5) คู่ไขว้เปลี่ยนของโครโมโซมจะถูกคัดเลือก 1 คู่จะประชากรทั้งหมด
 - 6) โครโมโซมที่คัดเลือกจะถูกไขว้เปลี่ยนเพื่อสร้างทายาท 1 คู่
 - 7) จำนวนเต็มตั้งแต่ 0 ถึง 100 จะถูกสุ่มมา 1 จำนวน หากจำนวนนั้นน้อยกว่า p_m โครโมโซมทายาทจะกลายพันธุ์โดยเลือกการกลายพันธุ์แบบรวมขั้นตอนวิธีการสลับสองตำแหน่ง
 - 8) โครโมโซมทายาทจะถูกเพิ่มเข้าสู่กลุ่มประชากรทายาท
 - 9) ขั้นตอนที่ 4) – 8) จะถูกทำซ้ำจนกระทั่งประชากรทายาทมีขนาดเท่ากับ P
 - 10) ประชากรทายาททั้งหมดจะถูกรวมเข้าสู่กลุ่มประชากร
 - 11) ขั้นตอนที่ 3) – 10) จะถูกทำซ้ำ
 - 12) กรณีเข้าเงื่อนไขการขยายขอบเขตการค้นหา ปรับ L_m เป็น $p_{ext}L_m$

- 13) เมื่อโครโมโซมลำดับแรกมีลักษณะเดียวกับโครโมโซมลำดับสุดท้ายหรือเมื่อโครโมโซมครั้งแรกของประชากรมีลักษณะเหมือนกันแต่มีระยะทางเกินค่าแรกของ L_m หรือโครโมโซมลำดับแรกของรุ่นล่าสุดมีลักษณะเดียวกับโครโมโซมลำดับแรกของ G_s รุ่นก่อนหน้าจะหยุดการค้นหา
- 14) คำตอบคือค่าโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงสูงสุดที่พบตลอดการค้นหา
- การค้นหาที่ประชากรมีค่าความแข็งแรงแบบผสม
- 1) กำหนดประชากรแรกเริ่มจำนวน P โครโมโซม
 - 2) ทุกโครโมโซมจะถูกระบุค่าความแข็งแรงของโครโมโซม
 - 3) โครโมโซมจะถูกคัดสรรให้เหลือ P โครโมโซม
 - 4) คู่ไขว้เปลี่ยนของโครโมโซมจะถูกคัดเลือก 1 คู่จะประชากรทั้งหมด
 - 5) โครโมโซมที่คัดเลือกจะถูกไขว้เปลี่ยนเพื่อสร้างทายาท 1 คู่
 - 6) จำนวนเต็มตั้งแต่ 0 ถึง 100 จะถูกสุ่มมา 1 จำนวน หากจำนวนนั้นน้อยกว่า p_m โครโมโซมทายาทจะกลายพันธุ์โดยเลือกการกลายพันธุ์แบบไม่รวมขั้นตอนวิธีการสลับสองตำแหน่ง
 - 7) โครโมโซมทายาทจะถูกเพิ่มเข้าสู่กลุ่มประชากรทายาท
 - 8) ขั้นตอนที่ 4) – 7) จะถูกทำซ้ำจนกระทั่งประชากรทายาทมีขนาดเท่ากับ P
 - 9) ประชากรทายาททั้งหมดจะถูกรวมเข้าสู่กลุ่มประชากร
 - 10) ขั้นตอนที่ 2) – 9) จะถูกทำซ้ำ
 - 11) กรณีเข้าเงื่อนไขการขยายขอบเขตการค้นหา ปรับ L_m เป็น $p_{ext}L_m$ และใช้ขั้นตอนวิธีการสลับสองตำแหน่งกับโครโมโซมที่แข็งแรงที่สุดในรุ่นล่าสุด
 - 12) เมื่อโครโมโซมลำดับแรกมีลักษณะเดียวกับโครโมโซมลำดับสุดท้ายหรือเมื่อโครโมโซมครั้งแรกของประชากรมีลักษณะเหมือนกันแต่มีระยะทางเกินค่าแรกของ L_m หรือโครโมโซมลำดับแรกของรุ่นล่าสุดมีลักษณะเดียวกับโครโมโซมลำดับแรกของ G_s รุ่นก่อนหน้าจะหยุดการค้นหา
- 13) คำตอบคือค่าโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงสูงสุดที่พบตลอดการค้นหา

โดยสรุปปัญหานี้มีความซับซ้อนสูงและไม่สามารถหาคำตอบด้วยขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรงได้ในเวลาแบบพหุนาม ดังนั้นขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งเป็นขั้นตอนวิธีแบบฮิวริสติกจึงถูกเลือกใช้ในการแก้ปัญหา โดยปรับปรุงขั้นตอนย่อยต่าง ๆ ให้ตรงกับเงื่อนไขของปัญหา

บทที่ 4

ผลการวิเคราะห์ข้อมูล

งานวิจัยนี้ทดสอบการแก้ปัญหาตามวัตถุประสงค์และข้อจำกัดของงานวิจัยด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ต้องการนำเสนอทั้ง 2 รูปแบบคือ รูปแบบที่ควบคุมความแข็งแรงของประชากรให้มีค่าเป็นบวกเท่านั้น และรูปแบบที่ประชากรมีค่าความแข็งแรงแบบผสม โดยใช้อุปกรณ์คอมพิวเตอร์ที่มีหน่วยประมวลผล Intel(R) Core(TM) i5-7200U CPU @ 2.50GHz 2.71 GHz, หน่วยความจำเข้าถึงโดยสุ่ม 8.00 GB ร่วมกับภาษาคอมพิวเตอร์คือภาษา Python ซึ่งการทดสอบจะมีการปรับเปลี่ยนตัวแปร ขั้นตอนย่อย และรูปแบบของปัญหาที่มีผลต่อการหาคำตอบของขั้นตอนวิธีเพื่อศึกษาและวิเคราะห์ข้อมูลที่เป็นประโยชน์ต่อการใช้งานขั้นตอนวิธี

จากการทดสอบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีกับจุดให้บริการที่ถูกสุ่มตำแหน่งพิกัดขึ้น โดยเปรียบเทียบผลลัพธ์กับขั้นตอนวิธีแบบเอาต์แรงในด้านความแม่นยำของคำตอบที่ได้และเวลาที่ใช้ในการประมวลผลขั้นตอนวิธี เพื่อให้สามารถเปรียบเทียบผลลัพธ์ของขั้นตอนวิธีที่ต้องการนำเสนอกับขั้นตอนแบบเอาต์แรงได้จึงหลีกเลี่ยงการเปรียบเทียบในปัญหาที่มีขนาดใหญ่เพราะมีข้อจำกัดด้านระยะเวลาการหาคำตอบของขั้นตอนวิธีแบบเอาต์แรง พิจารณาจำนวนจุดให้บริการสำหรับปัญหาขนาดเล็ก โดยบันทึกผลการแก้ปัญหาจำนวนคู่จุดให้บริการตั้งแต่ 2 ถึง 7 คู่ที่ถูกสุ่มพิกัดขึ้นโดยมีการแจกแจงความน่าจะเป็นของตัวแปรสุ่มเป็นการแจกแจงเอกรูปไม่ต่อเนื่องในพื้นที่ 2 มิติที่มีความกว้างและความยาว 100 หน่วย เพื่อวัดความแม่นยำของคำตอบที่ได้จากขั้นตอนวิธี ในการทดสอบกับจำนวนจุดให้บริการจำนวนใด ๆ จะมีการบันทึกผลการทดลอง 10 ครั้งสำหรับระยะทางที่ถูกจำกัด 1 ค่า โดยระยะทางที่ถูกจำกัดที่ใช้สังเกตผลจะมีค่า 100, 200, 300, ..., และ 1000 หน่วย การประเมินคุณภาพของคำตอบจะวัดผลด้วยค่าความแข็งแรงที่ได้จากฟังก์ชันความเหมาะสม ซึ่งค่านี้เป็นค่าที่สามารถสะท้อนถึงคุณภาพของคำตอบตามเป้าหมายของปัญหาได้ทั้งด้านจำนวนจุดให้บริการและด้านระยะทาง โดยค่าเฉลี่ยจากการบันทึกผลทั้ง 10 ครั้งของความแข็งแรงของคำตอบที่ได้จากขั้นตอนวิธีแบบเอาต์แรงถูกแสดงไว้ที่ตารางที่ 2

ตารางที่ 2 ตารางแสดงค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรง

ระยะทางที่จำกัด ผู้จัดให้บริการ	100	200	300	400	500	600	700	800	900	1000
2	3.49	4.73	5.46	5.54	5.64	5.7	5.77	5.77	5.8	5.85
3	3.16	5.59	7.2	7.46	7.52	7.61	7.66	7.7	7.74	7.77
4	3.5	5.81	8.77	9.29	9.47	9.51	9.62	9.66	9.69	9.72
5	3.74	7.49	10.17	11.24	11.4	11.5	11.58	11.61	11.68	11.71
6	4.15	7.77	11.47	13.18	13.32	13.46	13.53	13.58	13.64	13.66
7	4.46	8.31	12.13	14.75	15.27	15.38	15.5	15.56	15.59	15.65

เนื่องจากระยะเวลาประมวลผลของขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรงนั้นสูงมากทำให้เครื่องมือที่ใช้ทดสอบไม่สามารถบันทึกผลได้ในปัญหาที่มีจุดให้บริการมากกว่า 7 จุด แต่สำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนั้นใช้ระยะเวลาในการหาคำตอบน้อยกว่ามาก ทำให้บันทึกข้อมูลได้มากกว่า แม้ว่าจะทดสอบโดยกำหนดจำนวนประชากรเป็น 300 ซึ่งมากกว่าค่าทั่วไปที่งานวิจัยอื่น ๆ ใช้ทดสอบที่ 100 เนื่องจากจำนวนประชากรที่เพิ่มขึ้นจะช่วยเพิ่มโอกาสในการได้ผลลัพธ์ที่มีคุณภาพสูงขึ้นและยังเป็นค่าที่เครื่องมือที่ใช้ทดสอบสามารถรองรับการประมวลผลได้ ค่าทั่วไปของอัตราการกลายพันธุ์ที่งานวิจัยอื่น ๆ ใช้ทดสอบคือร้อยละ 5 ถึงร้อยละ 20 ในงานวิจัยนี้เพื่อหลีกเลี่ยงผลที่จะเกิดจากความซับซ้อนทางเวลาที่เป็นผลมาจากขั้นตอนการกลายพันธุ์จึงเลือกใช้ค่าอัตราการกลายพันธุ์ที่ร้อยละ 10 กำหนดอัตราการขยายพื้นที่การค้นหาคือ 1.05 เพื่อให้การค้นหาเมื่อขอบเขตการค้นหาถูกขยายแล้วยังใกล้เคียงกับขนาดเดิม ทำให้โครโมโซมที่ถูกพัฒนาต่อยังคงมีโอกาสสูงที่จะสามารถเป็นคำตอบของปัญหาได้ และกำหนดจำนวนรุ่นสูงสุดที่ผลการค้นหาไม่พัฒนาเพื่อหยุดการค้นหาคือ 1000 รุ่น เพื่อควบคุมระยะเวลาที่ใช้ในการค้นหาและเป็นค่าที่ไม่น้อยเกินไปที่จะให้ขั้นตอนวิธีพยายามพัฒนาคำตอบเพื่อหลุดจากค่าเหมาะสมที่สุดเฉพาะที่ ค่าความแข็งแรงของคำตอบที่ได้จากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ควบคุมความแข็งแรงของประชากรให้มีค่าเป็นบวกเท่านั้นถูกแสดงไว้ที่ตารางที่ 3 และในตารางที่ 4 สำหรับแสดงผลของขั้นตอนวิธีที่ประชากรมีค่าความแข็งแรงแบบผสมที่ให้ปริมาณประชากรค่าความแข็งแรงเป็นลบสูงไม่เกินปริมาณร้อยละ 30 ของปริมาณประชากรทั้งหมดเพื่อให้ประชากรกลุ่มนี้มีอิทธิพลต่อการค้นหาไม่มากเกินไป

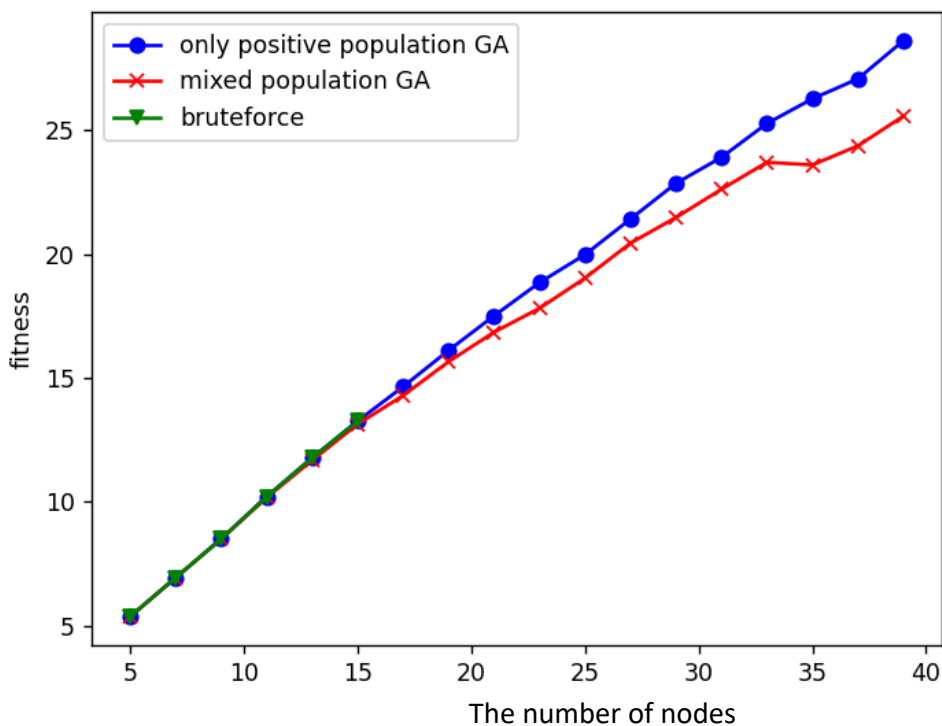
ตารางที่ 3 ตารางแสดงค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ควบคุมความแข็งแรงของประชากรให้มีค่าเป็นบวกเท่านั้น

ระยะทางที่จำกัด คู่จุดให้บริการ	100	200	300	400	500	600	700	800	900	1000
2	3.49	4.73	5.46	5.54	5.64	5.7	5.77	5.77	5.8	5.85
3	3.16	5.59	7.2	7.46	7.52	7.61	7.66	7.7	7.74	7.77
4	3.5	5.81	8.77	9.29	9.47	9.51	9.62	9.66	9.69	9.72
5	3.74	7.49	10.17	11.24	11.4	11.5	11.58	11.61	11.68	11.71
6	4.15	7.77	11.47	13.18	13.32	13.46	13.53	13.58	13.64	13.66
7	4.46	8.31	12.13	14.75	15.27	15.38	15.5	15.56	15.59	15.65
8	4.18	8.93	12.29	16.31	17.21	17.38	17.45	17.53	17.58	17.61
9	4.83	9.14	13.27	17.28	19.23	19.32	19.42	19.5	19.54	19.6
10	4.84	9.28	13.89	18.91	20.92	21.31	21.38	21.45	21.52	21.57
11	4.65	9.31	15.09	19.89	22.49	23.22	23.35	23.44	23.5	23.55
12	4.41	9.34	14.5	20.46	24.08	25.21	25.35	25.41	25.47	25.54
13	4.83	9.9	16.05	21.86	24.66	27.19	27.29	27.39	27.46	27.5
14	5.02	11.29	17.45	22.45	26.05	28.75	29.27	29.37	29.43	29.48
15	5.75	10.49	16.46	22.66	28.05	30.15	31.24	31.35	31.41	31.47
16	4.98	11.87	16.86	23.84	28.86	32.89	33.19	33.35	33.4	33.46
17	4.84	11.49	17.27	24.45	29.26	34.05	35.19	35.29	35.37	35.45
18	5.77	11.7	16.66	23.24	29.44	34.86	36.97	37.3	37.37	37.4
19	5.73	11.69	18.26	25.63	32.03	36.04	38.71	39.25	39.33	39.41

ตารางที่ 4 ตารางแสดงค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ประชากรมีค่าความแข็งแรงแบบผสม

ระยะทางที่จำกัด คู่จุดให้บริการ	100	200	300	400	500	600	700	800	900	1000
2	3.49	4.73	5.46	5.54	5.64	5.7	5.77	5.77	5.8	5.85
3	3.16	5.59	7.2	7.46	7.52	7.61	7.66	7.7	7.74	7.77
4	3.5	5.81	8.76	9.29	9.47	9.51	9.62	9.66	9.69	9.72
5	3.74	7.29	9.96	11.24	11.4	11.5	11.58	11.61	11.68	11.71
6	3.97	7.75	11.08	12.78	13.32	13.46	13.53	13.58	13.64	13.66
7	4.27	8.3	11.91	13.95	15.27	15.38	15.5	15.56	15.58	15.65
8	4	8.92	10.9	14.93	16.6	17.38	17.44	17.53	17.58	17.61
9	4.35	8.54	12.07	16.05	18.2	19.31	19.42	19.5	19.54	19.59
10	4.48	8.71	12.7	17.3	18.31	21.08	21.37	21.45	21.51	21.57
11	4.46	8.89	12.72	17.28	19.47	21.77	23.09	23.43	23.48	23.55
12	4.13	8.57	13.07	17.84	21.88	23.33	25.11	25.39	25.46	25.52
13	4.82	8.73	14.45	19.28	22.29	25.53	27.04	27.37	27.43	27.49
14	4.62	10.49	15.47	18.87	22.87	26.71	27.52	29.33	29.41	29.46
15	5.39	10.07	14.24	20.84	25.07	26.46	29.96	31.31	31.38	31.43
16	4.33	10.68	14.47	20.66	26.05	29.26	31.71	33.08	33.36	33.44
17	3.82	9.73	13.3	20.83	24.66	27.85	32.09	33.79	35.13	34.77
18	4.22	9.1	14.26	21.07	22.27	28.65	33.65	36.2	36.9	37.35
19	4.64	9.02	14.47	20.84	24.86	30.85	34.46	38.35	39.05	39.14

จากข้อมูลที่บันทึกได้พบว่าทั้งขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรงและขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนั้นให้คำตอบที่มีค่าความแข็งแรงเพิ่มขึ้นเมื่อจำนวนจุดให้บริการเพิ่มขึ้นและเมื่อระยะทางที่ถูกจำกัดเพิ่มขึ้นคุณภาพของคำตอบที่เปลี่ยนไปของแต่ละขั้นตอนวิธีเมื่อจำนวนจุดให้บริการเพิ่มขึ้นสามารถเปรียบเทียบได้ในกราฟของรูปที่ 13



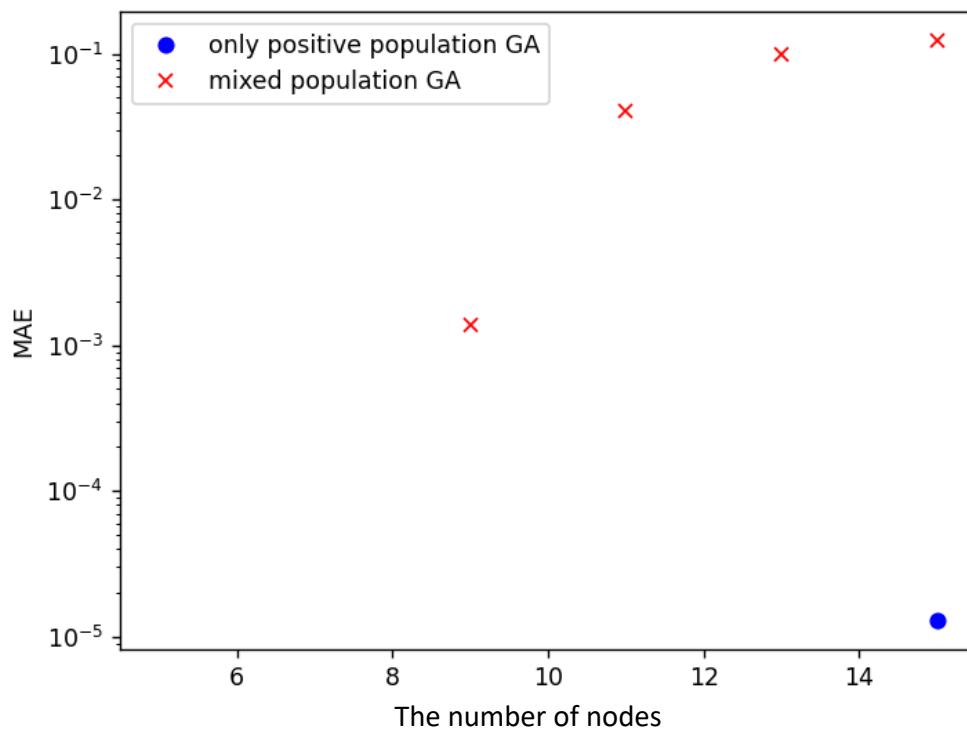
รูปที่ 13 กราฟเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธีเมื่อจุดให้บริการเพิ่มขึ้น

CHULALONGKORN UNIVERSITY

เพื่อพิจารณาความแม่นยำของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมทั้ง 2 รูปแบบในช่วงจุดให้บริการไม่เกิน 7 คู่ โดยเปรียบเทียบกับผลที่ได้ของขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรง ใช้การประเมินจากค่าเฉลี่ยของความผิดพลาดสัมบูรณ์ซึ่งได้จากการคำนวณดังนี้

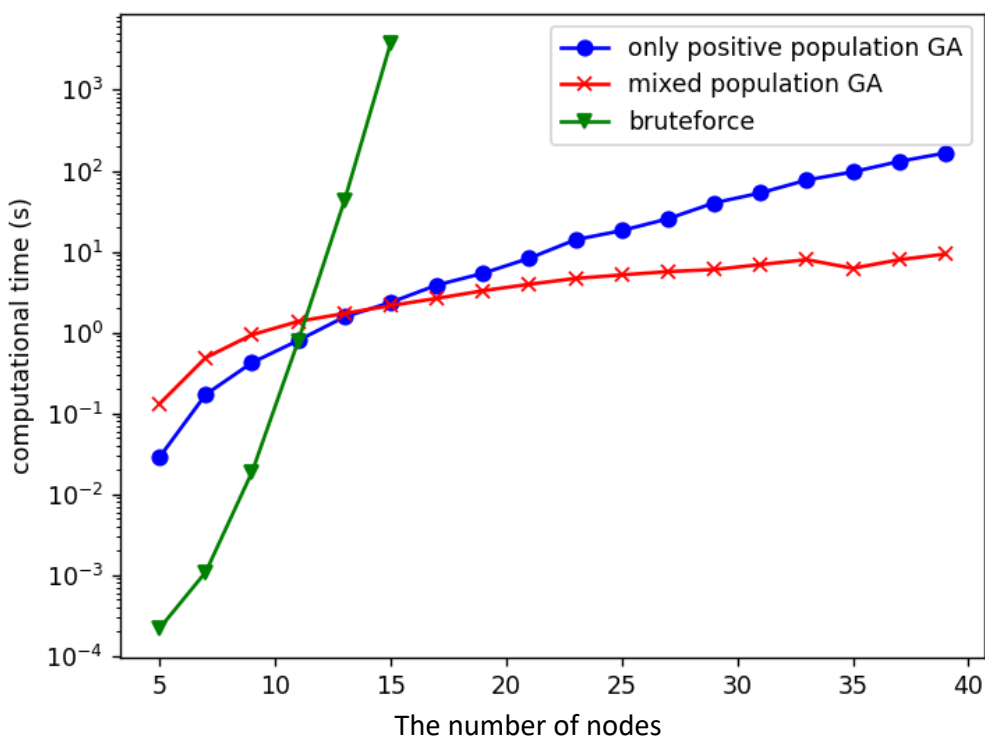
$$MAE = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m |F(c_{ans}^{bf}) - F(c_{ans}^{GA})| \quad (19)$$

เมื่อ m คือจำนวนผลลัพธ์ที่ทดสอบในจุดให้บริการใด ๆ ซึ่งมีค่าเป็น 100 ค่าความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรงคือ $F(c_{ans}^{bf})$ และ $F(c_{ans}^{GA})$ เป็นค่าความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ผลของค่าเฉลี่ยของค่าความผิดพลาดสัมบูรณ์แสดงไว้ในกราฟของรูปที่ 14 ในมาตรส่วนลอการิทึม ซึ่งผลลัพธ์ที่มีค่าเป็น 0 จะไม่ถูกแสดงผลในมาตรส่วนนี้ ทำให้ผลลัพธ์จากขั้นตอนวิธีทั้ง 2 รูปแบบแสดงผลจำนวนจุดต่างกัน



รูปที่ 14 กราฟค่าเฉลี่ยความผิดพลาดสัมบูรณ์ระหว่างขั้นตอนเชิงพันธุกรรมกับขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรงในมาตรส่วนลอการิทึม

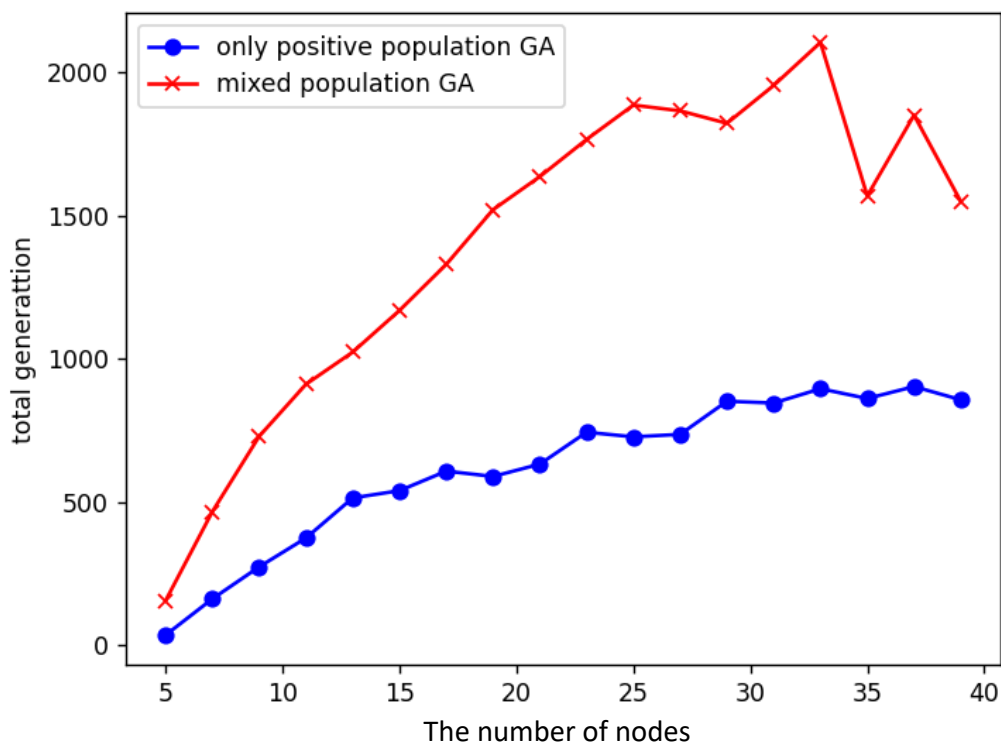
ค่าค่าเฉลี่ยของค่าความผิดพลาดสัมบูรณ์ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการแก้ปัญหาขนาดเล็กในช่วงที่จุดบริการไม่เกิน 7 คูมีค่าต่ำกว่า 1 ซึ่งหมายความว่าสามารถรับประกันคุณภาพด้านจุดให้บริการได้อย่างแม่นยำ แต่อาจใช้ระยะทางที่มากกว่าเส้นทางที่สั้นที่สุดของปัญหาเล็กน้อยซึ่งระยะทางนี้จะไม่เกินค่าระยะทางที่ถูกจำกัดโดยผู้ใช้งานอย่างแน่นอน และขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ควบคุมความแข็งแรงของประชากรให้มีค่าเป็นบวกสามารถแก้ปัญหาได้แม่นยำถึงร้อยละ 99.83 (มีความผิดพลาด 1 ครั้ง จากการทดสอบ 600 ครั้ง)



รูปที่ 15 กราฟเปรียบเทียบระยะเวลาการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีในมาตรฐานลอการิทึม

เมื่อพิจารณาปัจจัยด้านระยะเวลาการประมวลผลร่วมด้วย ระยะเวลาที่ใช้ในการหาคำตอบของขั้นตอนวิธีถูกแสดงอยู่ในกราฟของรูปที่ 15 จากกราฟพบว่าในช่วงที่ปัญหามีจำนวนจุดให้บริการ 2 ถึง 5 คู่ ขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรงสามารถหาคำตอบได้เร็วกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ควบคุมประชากรให้มีค่าความแข็งแรงเป็นบวก และขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมสามารถหาคำตอบได้ช้าที่สุด แต่เนื่องจากกราฟแสดงผลในมาตราส่วนลอการิทึมทำให้เฉลี่ยแล้วความต่างนี้มีค่าไม่มากไปกว่า 1 วินาที ซึ่งสามารถประเมินได้ว่าไม่มีนัยยะสำคัญต่อการใช้งาน เมื่อปัญหามีจุดให้บริการเพิ่มขึ้นขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรงใช้เวลาในการหาคำตอบสูงขึ้นมากในขณะที่ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ควบคุมประชากรให้มีค่าความแข็งแรงเป็นบวกใช้เวลาในการหาคำตอบเพิ่มขึ้นในอัตราที่น้อยกว่า และขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมมีอัตราการเพิ่มขึ้นของใช้เวลาหาคำตอบเมื่อจำนวนจุดให้บริการเพิ่มขึ้นต่ำที่สุด

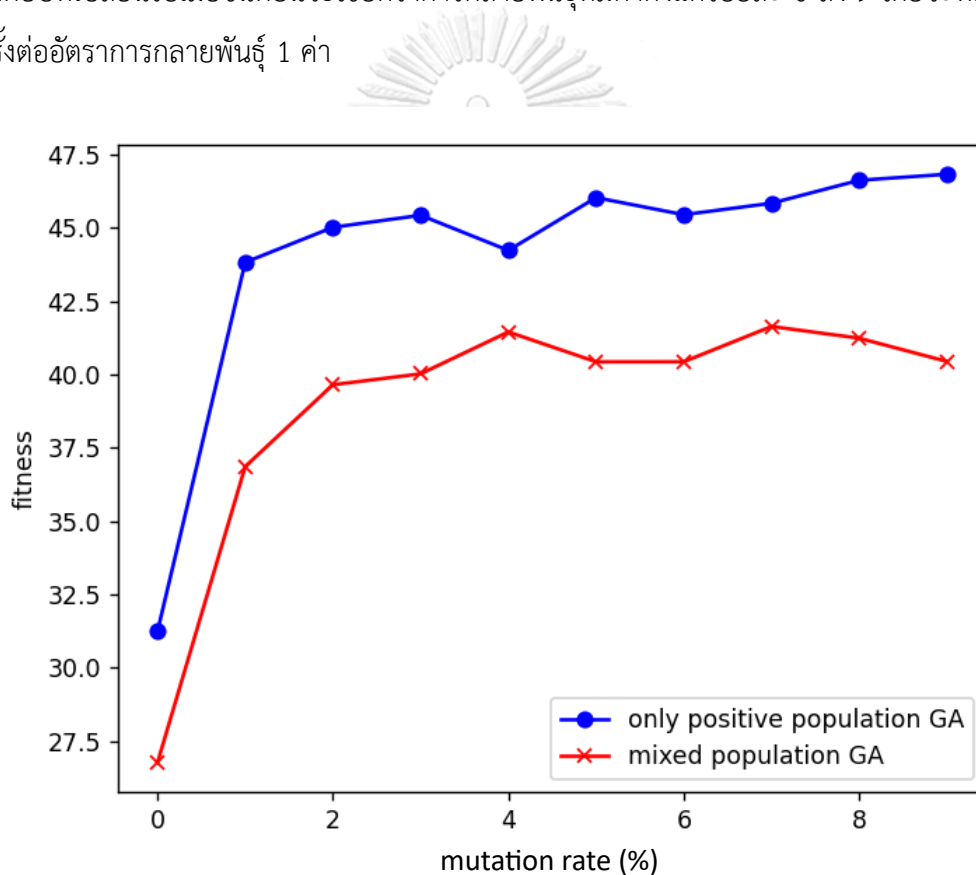
เมื่อเปรียบเทียบผลต่างของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมทั้ง 2 รูปแบบสามารถสรุปได้ว่าขั้นตอนวิธีที่ควบคุมประชากรให้มีค่าความแข็งแรงเป็นบวกใช้เวลาในการหาคำตอบสูงกว่าขั้นตอนวิธีที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมในอัตราที่เพิ่มสูงขึ้นเมื่อจำนวนจุดให้บริการสูงขึ้นด้วย



รูปที่ 16 กราฟแสดงผลจำนวนรอบการวนซ้ำที่ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใช้หาคำตอบ

เมื่อพิจารณาจำนวนรอบการวนซ้ำที่ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใช้หาคำตอบหรือจำนวนรุ่นทั้งหมดของประชากรพบว่าขั้นตอนวิธีที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมใช้จำนวนรอบการวนซ้ำสูงกว่าขั้นตอนวิธีที่ควบคุมประชากรให้มีค่าความแข็งแรงเป็นบวกในทุกปัญหาที่จำนวนจุดให้บริการแตกต่างกันดังที่แสดงในกราฟรูปที่ 16 ซึ่งสามารถสรุปได้ว่าขั้นตอนวิธีที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมมีความสามารถในการสร้างโอกาสการค้นหาค่าที่หลากหลายน่าจะมากกว่าขั้นตอนวิธีที่ควบคุมประชากรให้มีค่าความแข็งแรงเป็นบวก เมื่อพิจารณาร่วมกับกราฟในรูปที่ 15 จะพบว่าขั้นตอนวิธีที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมใช้เวลาในการสร้างประชากรแต่ละรุ่นน้อยกว่าเนื่องจากสามารถพัฒนาประชากรไปที่จำนวนรุ่นสูงกว่าโดยใช้เวลารวมน้อยกว่า จากข้อมูลนี้พบว่าสาเหตุมาจากกรณีที่ขั้นตอนวิธีที่ควบคุมประชากรให้มีค่าความแข็งแรงเป็นบวกนั้นมีความซับซ้อนทางเวลาสูงกว่า เมื่อพิจารณาที่ขั้นตอนย่อยของขั้นตอนวิธีทั้ง 2 แบบ ส่วนที่ต่างกันคือขั้นตอนการกลายพันธุ์ซึ่งมีการประยุกต์ขั้นตอนวิธีการสลับสองตำแหน่งมาใช้ทำให้ขั้นตอนวิธีแบบที่ควบคุมประชากรให้มีค่าความแข็งแรงเป็นบวกนั้นมีความซับซ้อนทางเวลาสูงขึ้น ซึ่งไม่ได้มีการประยุกต์ขั้นตอนวิธีนี้กับการกลายพันธุ์ของขั้นตอนวิธีที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสม

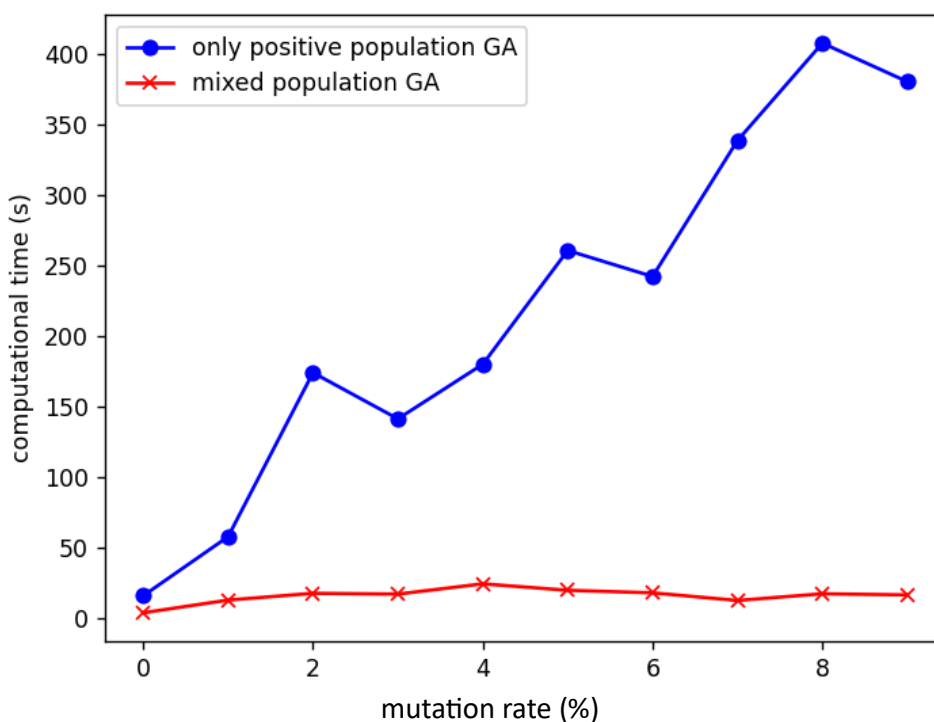
เพื่อพิจารณาผลที่เกิดขึ้นจากการใช้รูปแบบการกลายพันธุ์ที่ต่างกันจึงมีการเก็บค่าความแข็งแรงของคำตอบที่ได้จากขั้นตอนวิธีทั้ง 2 แบบเมื่ออัตราการกลายพันธุ์เปลี่ยนไป อิทธิพลของขั้นตอนการกลายพันธุ์ที่มีต่อประสิทธิภาพการค้นหาคำตอบของขั้นตอนวิธีถูกทดสอบโดยการแก้ปัญหาที่ถูกควบคุมจำนวนจุดให้บริการที่ 50 จุด โดยตำแหน่งของจุดให้บริการทั้ง 50 จุดนี้ถูกควบคุมให้คงที่ตลอดการทดสอบ รวมถึงควบคุมค่าระยะทางที่ถูกจำกัดเป็น 650 หน่วย จำนวนประชากรถูกควบคุมที่ 300 โคโรโมโซม อัตราการขยายขอบเขตการค้นหาเป็น 1.05 และจำนวนรุ่นที่การค้นหาไม่พัฒนาเพื่อหยุดการค้นหาถูกควบคุมที่ 1000 รุ่น สังเกตค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบที่เปลี่ยนไปเมื่อขั้นตอนวิธีใช้อัตราการกลายพันธุ์ที่มีค่าตั้งแต่ร้อยละ 0 ถึง 9 โดยจะทดสอบ 10 ครั้งต่ออัตราการกลายพันธุ์ 1 ค่า



รูปที่ 17 กราฟเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธีเมื่ออัตราการกลายพันธุ์เพิ่มขึ้น

จากกราฟในรูปที่ 17 พบว่าที่อัตราการกลายพันธุ์เป็น 0 ขั้นตอนวิธีทั้ง 2 รูปแบบให้ผลลัพธ์ที่ขาดประสิทธิภาพเมื่อเทียบกับจุดอื่น ๆ ที่ขั้นตอนการกลายพันธุ์เข้ามามีอิทธิพลต่อการค้นหาคำตอบของขั้นตอนวิธี ทำให้สรุปได้ว่าการกลายพันธุ์เป็นส่วนสำคัญของขั้นตอนวิธี ทั้ง 2 รูปแบบ โดยขั้นตอนวิธีแบบที่ควบคุมประชากรให้มีความแข็งแรงเป็นบวกอาศัยขั้นตอนวิธีการสลับสองตำแหน่งในการพัฒนาคุณภาพ และขั้นตอนวิธีที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมอาศัยการตัดจุดให้บริการที่ทำให้ระยะทางของเส้นทางจากโครโมโซมเกินค่าระยะทางที่ถูกจำกัดออกเพื่อให้โครโมโซมที่ได้จากการกลายพันธุ์มีความแข็งแรงเป็นบวกเท่านั้นเพื่อจำกัดทิศทางการค้นหาให้สร้างผลลัพธ์ที่สามารถเป็นคำตอบของปัญหาได้และไม่เสียเวลาในการสร้างเส้นทางที่อยู่นอกเหนือข้อจำกัดของปัญหา อิทธิพลของการกลายพันธุ์ต่อผลลัพธ์ของขั้นตอนวิธีแบบที่ควบคุมประชากรให้มีความแข็งแรงเป็นบวกนั้นยังคงมีผลเมื่อเพิ่มอัตราการกลายพันธุ์ให้สูงขึ้นแม้ว่าอัตราการพัฒนาจะต่ำ ซึ่งต่างจากขั้นตอนวิธีที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมที่คุณภาพของผลลัพธ์มีแนวโน้มคงที่ความแข็งแรงต่างกันไม่เกิน 1 เมื่ออัตราการกลายพันธุ์สูงกว่าร้อยละ 4 เนื่องจากเป็นขีดจำกัดของการกลายพันธุ์ที่ออกแบบมาสำหรับขั้นตอนวิธีรูปแบบนี้ซึ่งมีกำลังในการปรับปรุงเส้นทางได้น้อยกว่าขั้นตอนวิธีการสลับสองตำแหน่ง

การกลายพันธุ์ของขั้นตอนวิธีที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมสามารถเพิ่มคุณภาพของขั้นตอนวิธีแบบที่ควบคุมประชากรให้มีความแข็งแรงเป็นบวกได้เช่นกัน แต่จะสามารถเพิ่มได้ในระดับที่ต่ำกว่า เนื่องจากโครโมโซมทั้งหมดได้รับการควบคุมให้ค่าความแข็งแรงเป็นบวกอยู่แล้ว



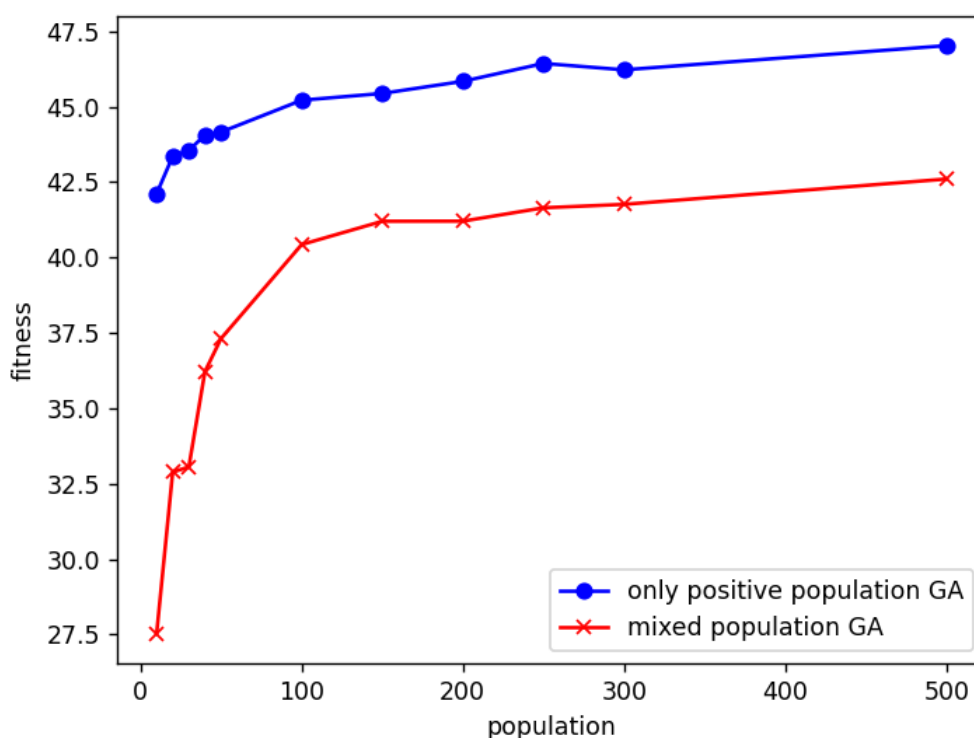
รูปที่ 18 กราฟเปรียบเทียบระยะเวลาการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีเมื่ออัตราการกลายพันธุ์เพิ่มขึ้น

เมื่อพิจารณาร่วมกับกราฟระยะเวลาการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีในรูปที่ 18 พบว่าขั้นตอนวิธีแบบที่ควบคุมประชากรให้มีความแข็งแรงเป็นบวกจำเป็นต้องใช้เวลาในการค้นหาคำตอบสูงขึ้นมาก เพื่อการพัฒนาให้คำตอบดีขึ้นจากการเพิ่มอัตราการกลายพันธุ์ ในขณะที่ขั้นตอนวิธีที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมนั้นใช้ระยะเวลาการหาคำตอบเพิ่มขึ้นเล็กน้อยเมื่ออัตราการกลายพันธุ์เพิ่มขึ้น เป็นที่ยืนยันได้ว่าความซับซ้อนทางเวลาที่สูงของขั้นตอนวิธีแบบที่ควบคุมประชากรให้มีความแข็งแรงเป็นบวกเกิดจากการประยุกต์ขั้นตอนวิธีการสลับสองตำแหน่งซึ่งไม่มีการประยุกต์ขั้นตอนนี้กับการกลายพันธุ์ของขั้นตอนวิธีที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสม

จากการทดสอบที่ผ่านมาพบว่าอัตราการกลายพันธุ์มีผลต่อประสิทธิภาพการค้นหาคำตอบของขั้นตอนวิธีดังนั้นจึงพิจารณาผลของการเปลี่ยนแปลงค่าของตัวแปรอื่น ๆ ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อให้ทราบอิทธิพลของตัวแปรเหล่านั้นที่มีต่อการค้นหาคำตอบ

ค่าของจำนวนประชากรเป็นตัวแปรหนึ่งที่มีผลกับประสิทธิภาพการค้นหา โดยจะทดสอบอิทธิพลของค่านี้กับการแก้ปัญหาที่ถูกควบคุมจำนวนจุดให้บริการที่ 50 จุด โดยตำแหน่งของจุดให้บริการทั้ง 50 จุดนี้ถูกควบคุมให้คงที่ตลอดการทดสอบ รวมถึงควบคุมค่าระยะทางที่ถูกจำกัดเป็น

650 หน่วย อัตราการกลายพันธุ์คือร้อยละ 10 อัตราการขยายขอบเขตการค้นหาเป็น 1.05 และจำนวนรุ่นที่การค้นหาไม่พัฒนาเพื่อหยุดการค้นหาถูกควบคุมที่ 1000 รุ่น สังเกตค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบที่เปลี่ยนไปเมื่อขั้นตอนวิธีใช้จำนวนประชากรเพิ่มขึ้นครั้งละ 10 โครโมโซมตั้งแต่ 10 ถึง 50 แล้วเพิ่มขึ้น 50 โครโมโซมตั้งแต่ 50 ถึง 300 โครโมโซม และจุดสุดท้ายที่ 500 โครโมโซม โดยทดสอบ 100 ครั้งต่อจำนวนประชากร 1 ค่า



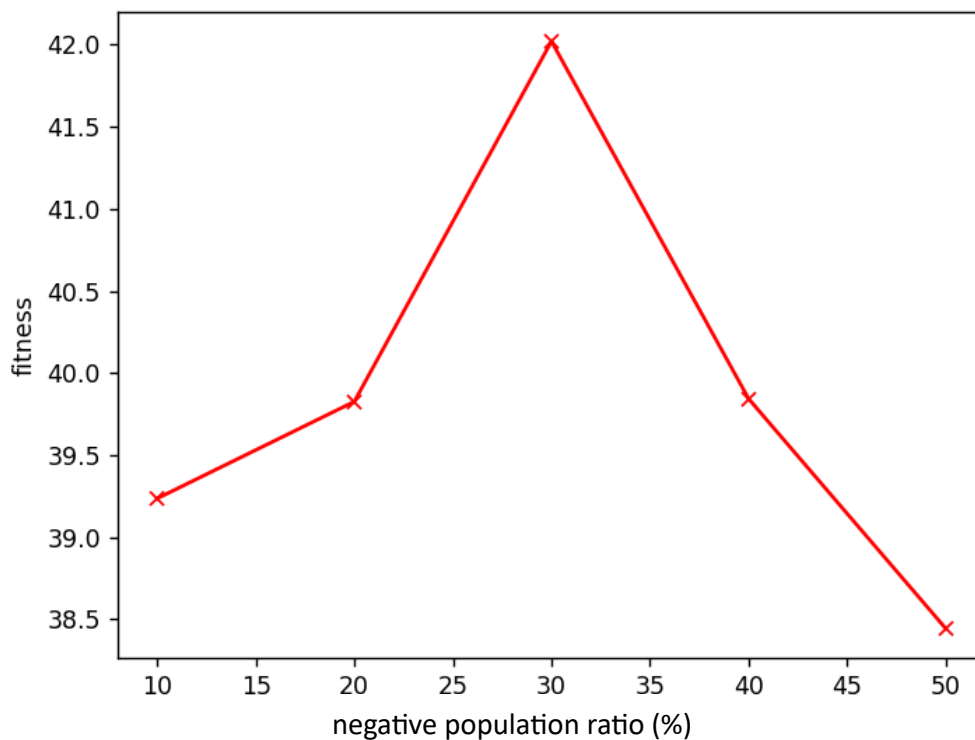
รูปที่ 19 กราฟเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธีเมื่อจำนวนประชากรเพิ่มขึ้น

เมื่อพิจารณากราฟรูปที่ 19 พบว่าการเพิ่มขึ้นของจำนวนประชากรส่งผลต่อประสิทธิภาพการค้นหาของขั้นตอนวิธีทั้ง 2 รูปแบบ จากข้อสรุปของกราฟที่ 16 การที่ขั้นตอนวิธีการสลับสองตำแหน่งนั้นมีประสิทธิภาพสูงและถูกประยุกต์ใช้กับการกลายพันธุ์ของขั้นตอนวิธีแบบที่ควบคุมประชากรให้มีความแข็งแรงเป็นบวกนั้นทำให้สามารถหาผลลัพธ์ที่มีคุณภาพสูงได้โดยใช้จำนวนประชากรน้อยกว่า 100 โครโมโซม เป็นสาเหตุให้อัตราการพัฒนาของความแข็งแรงของผลลัพธ์เมื่อจำนวนประชากรสูงขึ้นในช่วงน้อยกว่า 100 โครโมโซมมีค่าต่ำกว่าขั้นตอนวิธีแบบที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมที่มีประสิทธิภาพการค้นหาคำตอบต่ำกว่า ซึ่งขั้นตอนวิธีรูปแบบที่ค่าความแข็งแรงของ

ประชากรเป็นแบบผสมจะสามารถใช้ประโยชน์จากจำนวนประชากรที่เพิ่มขึ้นในการเพิ่มประสิทธิภาพของการค้นหาคำตอบได้ โดยจะเห็นได้ชัดเมื่อเปรียบเทียบผลลัพธ์ระหว่างการใช้จำนวนประชากรเป็นจำนวนน้อยกับการใช้จำนวนประชากรเป็นจำนวนมาก แต่เมื่อเปรียบเทียบผลลัพธ์ระหว่างการใช้จำนวนประชากรเป็นจำนวนที่มากกว่า 100 โครโมโซมขึ้นไปแล้วผลลัพธ์จะมีคุณภาพแตกต่างกันเพียงเล็กน้อยเท่านั้นเพราะจำนวนประชากรเพิ่มขึ้นถึงขีดจำกัดของกำลังการค้นหของขั้นตอนย่อยที่ออกแบบมาสำหรับขั้นตอนวิธีนี้แล้ว

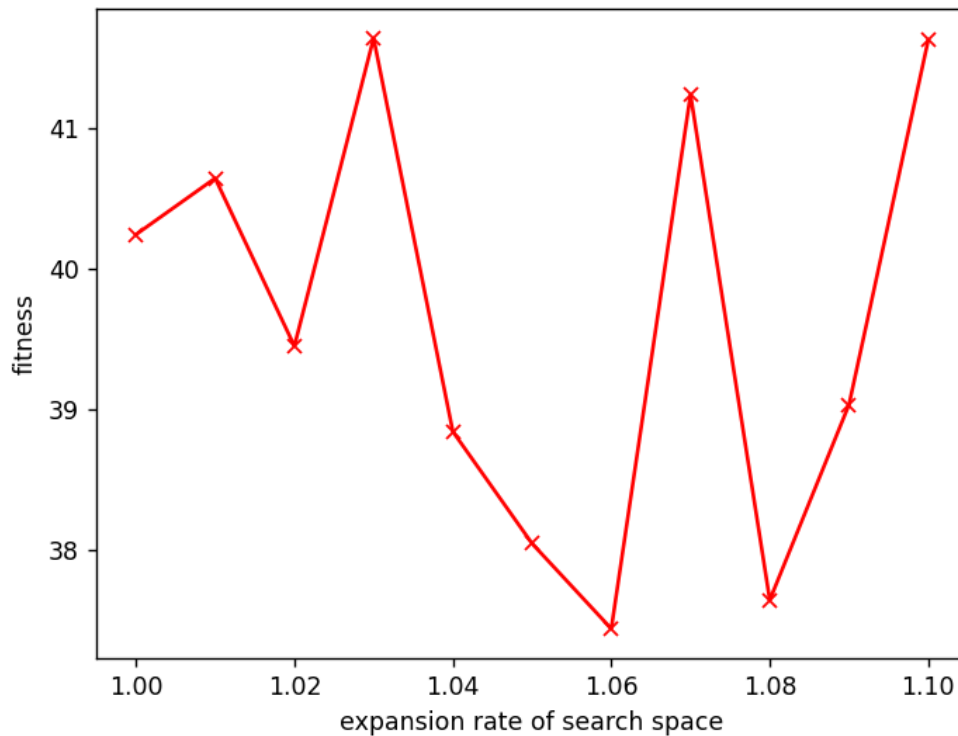
ในขั้นตอนวิธีที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมนั้นมีการกำหนดสัดส่วนของประชากรที่มีค่าความแข็งแรงเป็นลบจากจำนวนประชากรทั้งหมด สัดส่วนของประชากรที่มีค่าความแข็งแรงเป็นลบจัดว่าเป็นค่าที่ผลต่อประสิทธิภาพการค้นหา ดังนั้นจึงมีการบันทึกผลการทดสอบแก้ปัญหาเดียวกับปัญหาที่ผ่านมาโดยให้จำนวนประชากรทั้งหมดเป็นค่าคงที่ที่ 300 โครโมโซม สังเกตค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบที่เปลี่ยนไปเมื่อขั้นตอนวิธีใช้สัดส่วนประชากรที่ค่าความแข็งแรงเป็นลบเพิ่มขึ้นครั้งละ 10 ตั้งแต่ร้อยละ 10 ถึงร้อยละ 50 โดยทดสอบ 10 ครั้งต่อค่าสัดส่วน 1 ค่า

ผลที่ได้จากกราฟในรูปที่ 20 ทำให้ทราบว่าหากสัดส่วนของประชากรที่มีค่าความแข็งแรงเป็นลบเทียบกับจำนวนประชากรทั้งหมดนั้นมีค่าต่ำเกินไปจะทำให้ขั้นตอนวิธีขาดความสามารถด้านความหลากหลายในการค้นหา ส่งผลให้คำตอบมีค่าความแข็งแรงที่ต่ำกว่าที่ควรจะเป็น แต่หากสัดส่วนของประชากรที่มีค่าความแข็งแรงเป็นลบเทียบกับจำนวนประชากรทั้งหมดนั้นมีค่าสูงเกินไปจะทำให้ประชากรกลุ่มที่คุณภาพต่ำมีอิทธิพลต่อการค้นหาของขั้นตอนวิธีมากเกินไป ซึ่งจะส่งผลให้คำตอบมีความแข็งแรงที่ต่ำกว่าที่ควรจะเป็นได้เช่นกัน จากการทดสอบกับประชากรจำนวน 300 โครโมโซม ค่าที่เหมาะสมที่สามารถให้คำตอบที่มีคุณภาพมากที่สุดคือสัดส่วนของประชากรที่มีค่าความแข็งแรงเป็นลบควรเป็นร้อยละ 30 ของประชากร



รูปที่ 20 กราฟค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธี
เมื่อสัดส่วนประชากรที่ค่าความแข็งแรงเป็นลบเพิ่มขึ้น

ค่าของอัตราการการขยายขอบเขตการค้นหาเป็นตัวแปรอีกตัวที่มีผลกับประสิทธิภาพการค้นหา โดยจะทดสอบอิทธิพลของตัวแปรนี้กับการแก้ปัญหาโดยขั้นตอนวิธีที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมที่ถูกควบคุมจำนวนจุดให้บริการที่ 50 จุด โดยตำแหน่งของจุดให้บริการทั้ง 50 จุดนี้ถูกควบคุมให้คงที่ตลอดการทดสอบ รวมถึงควบคุมค่าระยะทางที่ถูกจำกัดเป็น 650 หน่วย จำนวนประชากรถูกควบคุมที่ 300 โครโมโซม อัตราการกลายพันธุ์คือร้อยละ 10 และจำนวนรุ่นที่การค้นหาไม่พัฒนาเพื่อหยุดการค้นหาถูกควบคุมที่ 1000 รุ่น สังเกตค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบที่เปลี่ยนไปเมื่อขั้นตอนวิธีใช้อัตราการการขยายขอบเขตการค้นหาเพิ่มขึ้นครั้งละ 0.01 ตั้งแต่ 1 ถึง 1.1 โดยทดสอบ 10 ครั้งต่ออัตราการการขยายขอบเขตการค้นหา 1 ค่า



รูปที่ 21 กราฟค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธี
เมื่ออัตราการขยายขอบเขตการค้นหาเพิ่มขึ้น

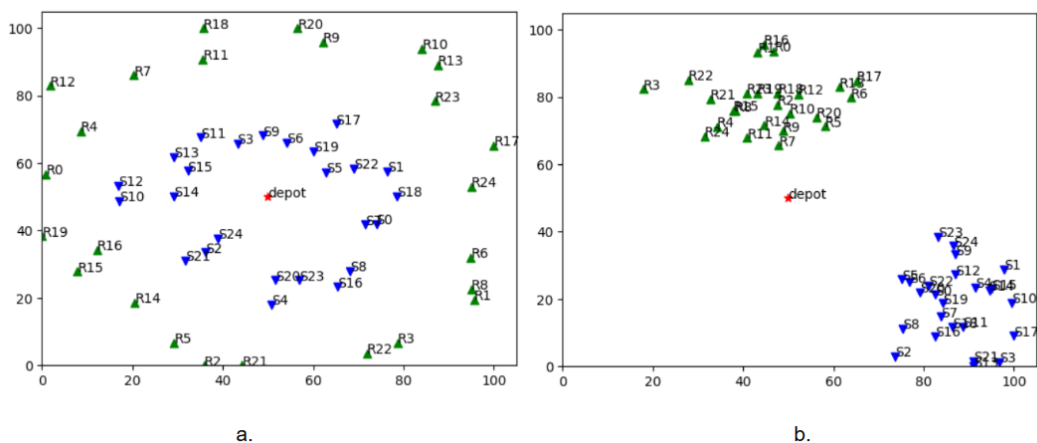
จากผลการทดสอบในกราฟรูปที่ 21 พบว่าการอัตราการขยายของขอบเขตการค้นหาไม่สามารถยืนยันได้ว่าจะให้คำตอบที่ดีขึ้น ซึ่งสาเหตุมาจากการขยายขอบเขตการค้นหาจะเริ่มขึ้นเมื่อโครโมโซมที่ค่าความแข็งแรงเป็นบวกครึ่งหนึ่งเป็นโครโมโซมเดียวกันแล้ว การเริ่มต้นขั้นตอนนี้ทำให้การค้นหาภายใต้เงื่อนไขของระยะทางที่จำกัดที่แท้จริงของปัญหาถูกหยุดลงด้วยการใช้จำนวนประชากรทั้งหมดครึ่งหนึ่งเท่านั้น แต่การขยายออกนั้นไม่รับประกันว่าจะทำให้เจอคำตอบที่ดีขึ้นที่ตรงกับเงื่อนไขของปัญหา เมื่อพิจารณาที่จุด 1.00 ซึ่งถือว่าขอบเขตของข้อจำกัดด้านระยะทางไม่ได้ถูกขยายออกแต่อย่างใด กลับเป็นจุดที่ผลลัพธ์มีความแข็งแรงสูงกว่าจุดส่วนใหญ่เมื่อขอบเขตของข้อจำกัดด้านระยะทางถูกขยาย มีเพียงบางจุดเท่านั้นคือจุด 1.01, 1.03, 1.07, 1.10 ที่ผลลัพธ์มีความแข็งแรงสูงกว่า แต่จุดที่ให้ค่าที่สูงกว่าเหล่านั้นนั้นให้ความแข็งแรงของคำตอบต่างกับจุด 1.00 เพียงไม่เกิน 2 ดังนั้นอัตราการขยายของขอบเขตการค้นหาจึงเป็นค่าที่ควรใช้ด้วยความระมัดระวังและควรพิจารณาหาค่าที่เหมาะสมที่สุดกับลักษณะของปัญหาด้วยเพราะอาจทำให้ผลลัพธ์แย่ง หากไม่สามารถระบุได้ว่าค่าใดเป็นค่าที่เหมาะสมควรใช้ค่า 1.00 สำหรับขั้นตอนวิธีที่ค่าความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสม เพราะนอกจากการปรับค่าระยะทางที่จำกัดแล้วขั้นตอนการขยายขอบเขต

การค้นหายังมีการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีการสลับ 2 ตำแหน่งกับโครโมโซมที่แข็งแรงที่สุดของประชากรรุ่นปัจจุบัน ซึ่งสามารถปรับปรุงเส้นทางให้ใช้ระยะทางลดลงและเพียงพอต่อการขยายขอบเขตการค้นหาแล้ว

จากการทดสอบที่ผ่านมาได้มีการทดสอบการใช้ขั้นตอนวิธีกับปัญหาที่ตำแหน่งของจุดให้บริการเป็นแบบสุ่มและมีการปะปนกันของจุดให้บริการที่เป็นจุดรับและจุดส่งในบริเวณเดียวกัน แต่เนื่องจากสถานการณ์จริงรูปแบบการกระจายตัวอาจไม่ได้มีเพียงรูปแบบเดียว ดังนั้นจึงพิจารณาผลการทดสอบของขั้นตอนวิธีกับปัญหาที่มีการกระจายตัวของจุดให้บริการในรูปแบบอื่นด้วย

พิจารณาสถานการณ์ของปัญหาจากการกระจายตัว 2 รูปแบบ

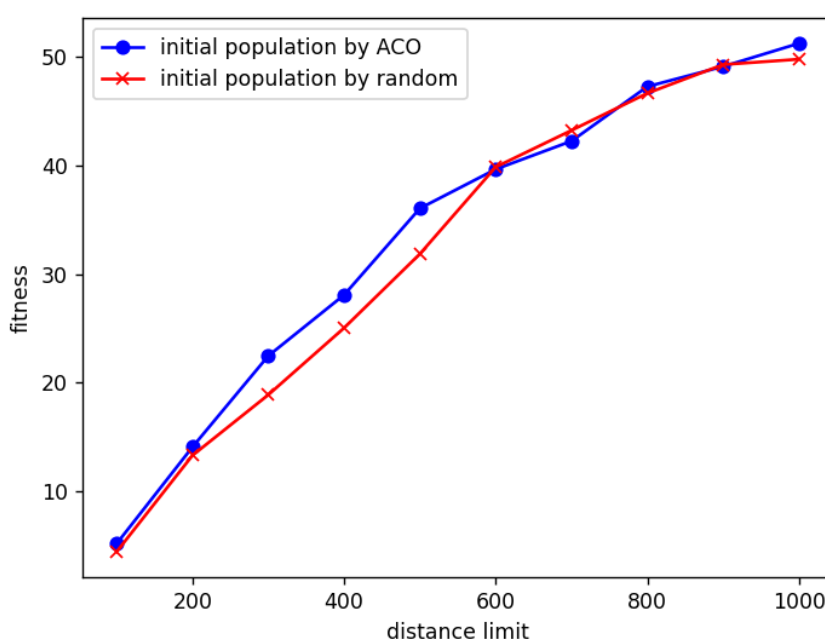
1. การกระจายตัวแบบวง (circles) สำหรับสถานการณ์ที่จุดส่งแยกชั้นกับจุดรับรูปที่ 22a.
2. การกระจายตัวแบบหยด (blobs) สำหรับสถานการณ์ที่จุดส่งแยกบริเวณกับจุดรับรูปที่ 22b.



รูปที่ 22 a. รูปแบบจุดรับส่งกระจายตัวแบบวง b. รูปแบบจุดรับส่งกระจายตัวแบบหยด

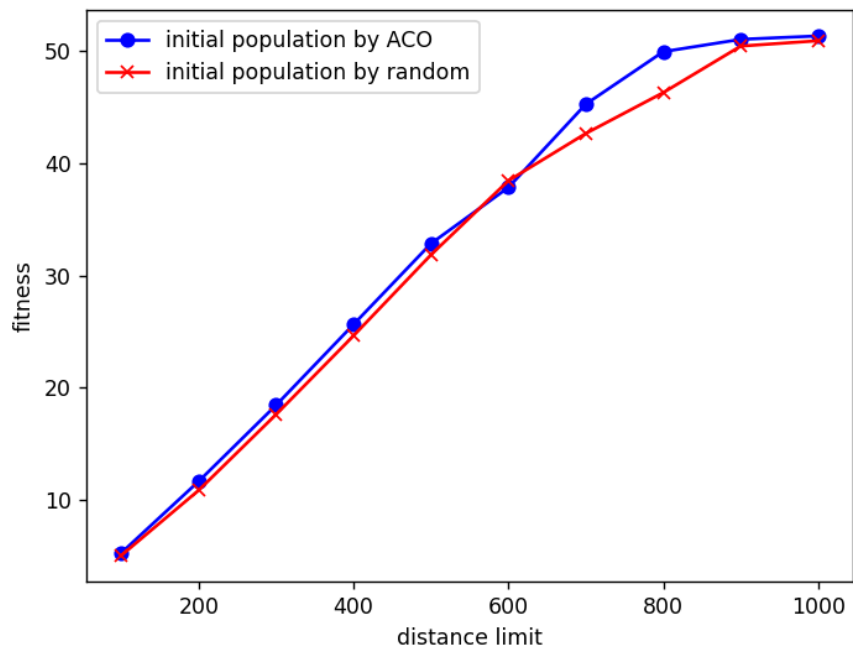
จากรูปแบบของการกระจายตัวในรูปที่ 22 นั้น ตำแหน่งของจุดให้บริการมีพื้นที่ของแต่ละกลุ่มชัดเจนมากขึ้น ทำให้ข้อจำกัดด้านลำดับการจัดเรียงของจุดในเส้นทางมีผลน้อยลงเนื่องจากจุดให้บริการที่เป็นจุดส่งอยู่ในบริเวณเดียวกันแล้ว ซึ่งอาจจะเป็นผลดีต่อการสร้างประชากรแรกเริ่มแบบประยุกต์ขั้นตอนวิธีอาณานิคมมดที่สามารถจัดเรียงจุดที่ตำแหน่งใกล้เคียงกันให้อยู่ในลำดับใกล้เคียงกัน เส้นทางที่ได้จากสมการความน่าจะเป็นที่อาศัยปัจจัยด้านระยะทางระหว่างจุดมาเป็นตัวช่วย

ดังนั้นการทดสอบเปรียบเทียบการสร้างประชากรเริ่มแรกจึงทดสอบกับปัญหาควบคุมจำนวนจุดให้บริการที่ 50 จุด โดยตำแหน่งของจุดให้บริการทั้ง 50 จุดนี้ถูกควบคุมให้คงที่ตลอดการทดสอบ จำนวนประชากรถูกควบคุมที่ 300 โครโมโซม อัตราการกลายพันธุ์คือร้อยละ 10 อัตราการขยายขอบเขตการค้นหาเป็น 1.05 และจำนวนรุ่นที่การค้นหาไม่พัฒนาเพื่อหยุดการค้นหาถูกควบคุมที่ 1000 รุ่น สังเกตค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบที่เปลี่ยนไปเมื่อระยะทางที่ถูกจำกัดเพิ่มขึ้นเพิ่มขึ้นครั้งละ 100 ตั้งแต่ 100 ถึง 1000 โดยทดสอบ 10 ครั้งต่อระยะทางที่จำกัด 1 ค่า

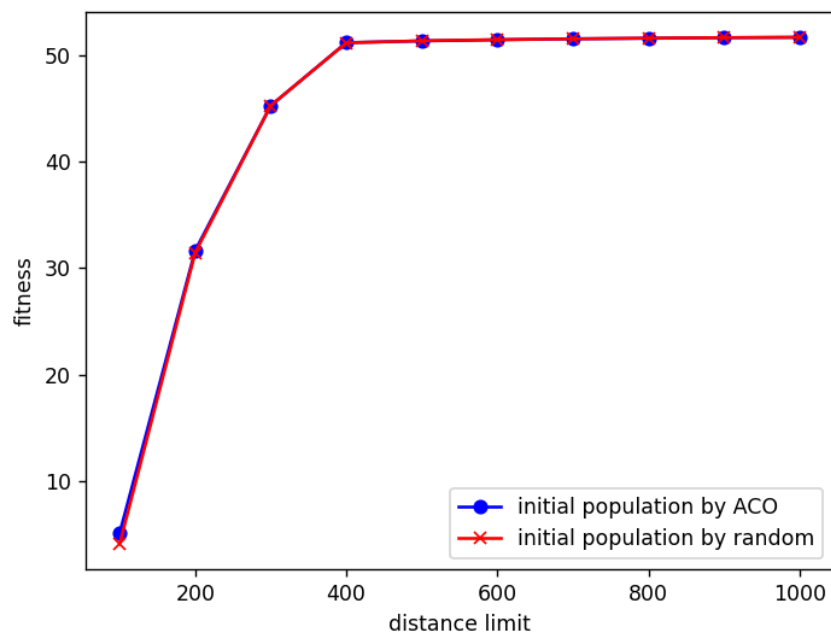


รูปที่ 23 กราฟเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากปัญหาที่จุดกระจายตัวแบบสุ่ม

สำหรับการกระจายตัวของจุดให้บริการแบบสุ่มนั้นการสร้างประชากรแรกเริ่มที่ใช้ขั้นตอนอาณานิคมมดสามารถให้คำตอบที่ค่าความแข็งแรงสูงกว่าการสร้างประชากรแรกเริ่มที่ใช้วิธีสุ่มโดยผลต่างนี้เป็นค่าระหว่าง 0 ถึง 4 แต่เมื่อระยะทางที่ถูกจำกัดเพิ่มขึ้นการใช้รูปแบบการสร้างประชากรเริ่มแรกที่แตกต่างกันจะไม่ส่งผลต่อคุณภาพของคำตอบเพราะค่าความแข็งแรงที่ได้นั้นใกล้เคียงกัน



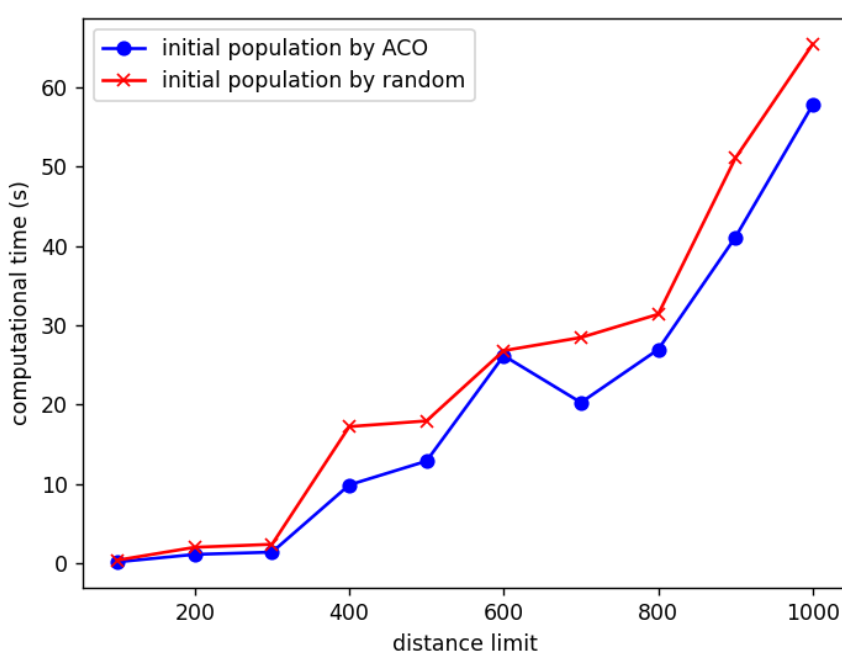
รูปที่ 24 กราฟเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากปัญหาที่จุดกระจายตัวแบบวง



รูปที่ 25 กราฟเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความแข็งแรงของคำตอบจากปัญหาที่จุดกระจายตัวแบบหยด

สำหรับการกระจายตัวของจุดให้บริการแบบวงนั้นกราฟถูกแสดงในรูปที่ 24 การสร้างประชากรแรกเริ่มที่ใช้ขั้นตอนอาณานิคมมดสามารถให้คำตอบที่ค่าความแข็งแรงสูงกว่าการสร้างประชากรแรกเริ่มที่ใช้วิธีสุ่มเป็นส่วนใหญ่ในทุกจุดของกราฟที่ค่าระยะทางที่ถูกจำกัดที่เปลี่ยนแปลงไป โดยผลต่างนี้เป็นค่าระหว่าง 0 ถึง 4

สำหรับการกระจายตัวของจุดให้บริการแบบหยดนั้นกราฟถูกแสดงในรูปที่ 25 การสร้างประชากรแรกเริ่มทั้ง 2 รูปแบบไม่ได้ให้ผลลัพธ์ที่ต่างกันอย่างมีนัยยะสำคัญ



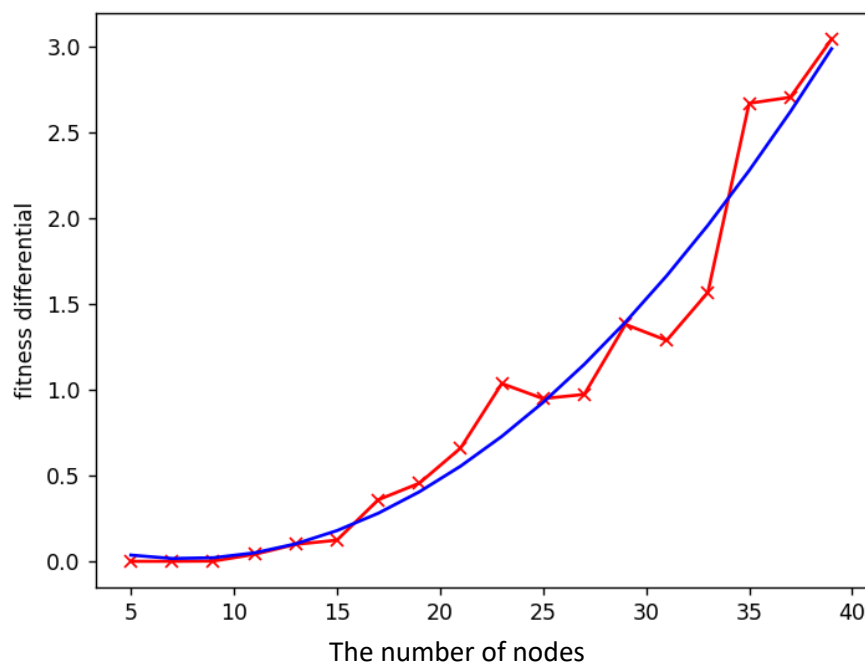
รูปที่ 26 กราฟเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระยะเวลาการหาคำตอบจากปัญหาทั้ง 3 รูปแบบการกระจายตัว

จากการสังเกตกราฟในรูปที่ 23 ถึง 25 ทำให้ได้ข้อสรุปว่าการเริ่มต้นขั้นตอนวิธีด้วยประชากรที่มีการรับประกันคุณภาพเบื้องต้นมีผลต่อการค้นหาของขั้นตอนวิธีเพียงเล็กน้อยเนื่องจากโครโมโซมสามารถพัฒนาในระหว่างการดำเนินการของขั้นตอนวิธีได้ และหากขั้นตอนวิธีมีกำลังการค้นหาสูงเพียงพอ ผลลัพธ์สุดท้ายจะสามารถเป็นผลลัพธ์ที่มีคุณภาพสูงได้แม้เริ่มต้นด้วยโครโมโซมที่ไม่ได้รับประกันคุณภาพ อย่างไรก็ตามการเริ่มต้นการค้นหาด้วยประชากรที่มีการรับประกันคุณภาพเบื้องต้นจะช่วยให้ขั้นตอนวิธีสามารถหาคำตอบได้เร็วกว่าดังที่แสดงในรูปที่ 26

จากการทดสอบการแก้ปัญหาในสถานการณ์ต่าง ๆ ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ผ่านมาพบว่าสามารถแก้ปัญหาในเงื่อนไขที่งานวิจัยนี้ให้ความสนใจได้เป็นอย่างดีโดยมีค่าของตัวแปรบางค่า

และขั้นตอนวิธีย่อยต่าง ๆ ที่อาจต้องปรับให้เหมาะสมกับลักษณะของปัญหานั้น ๆ ซึ่งจากการทดสอบที่ผ่านมาทำให้ได้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม 2 รูปแบบที่สามารถแก้ปัญหานี้ได้ด้วยจุดเด่นที่แตกต่างกันคือ

1. ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบที่ควบคุมประชากรให้มีค่าความแข็งแรงเป็นบวก ซึ่งมีจุดแข็งด้านความแม่นยำและความแข็งแรงของคำตอบ แต่มีจุดสังเกตด้านระยะเวลาที่ใช้ในการหาคำตอบ
2. ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบที่ประชากรมีค่าความแข็งแรงแบบผสม ซึ่งมีจุดแข็งด้านระยะเวลาที่ใช้ในการหาคำตอบ แต่มีจุดสังเกตที่ความแม่นยำและความแข็งแรงของคำตอบ



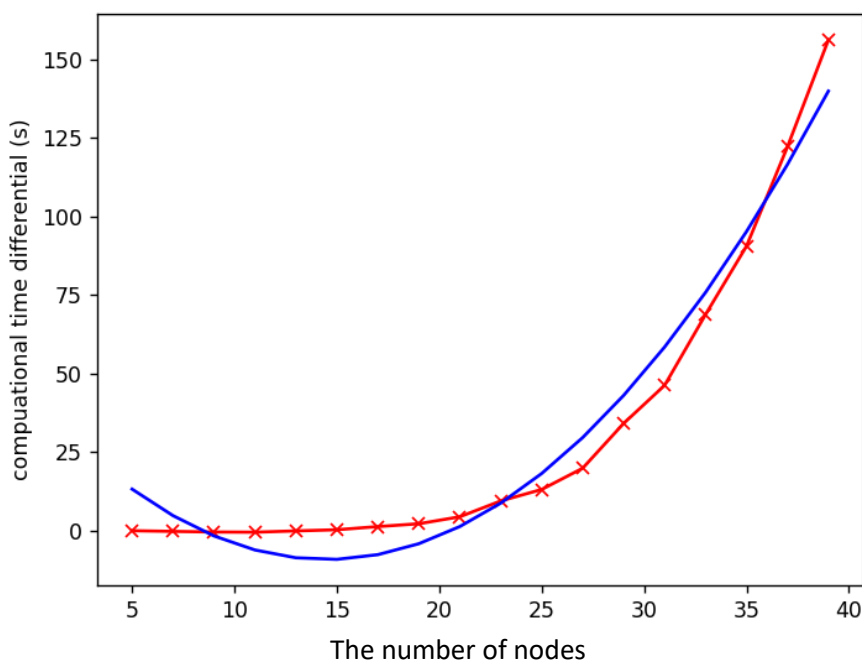
รูปที่ 27 กราฟผลต่างความแข็งแรงของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการถดถอยแบบพหุนาม

ซึ่งหากพิจารณาที่จุดให้บริการไม่เกิน 7 คู่ จากกราฟรูปที่ 14 ทำให้มั่นใจได้ว่าขั้นตอนวิธีทั้ง 2 รูปแบบสามารถให้คำตอบที่แม่นยำสูงเพียงพอจะใช้ทดแทนขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรงที่ใช้เวลาในการหาคำตอบสูงกว่ามากอ้างอิงจากกราฟรูปที่ 15 แต่หากพิจารณาที่จุดให้บริการที่เพิ่มขึ้นเพื่อเปรียบเทียบคุณภาพกันระหว่างขั้นตอนวิธีทั้ง 2 รูปแบบพบว่าโดยส่วนใหญ่แล้วขั้นตอนวิธีที่ควบคุมประชากรให้มีค่าความแข็งแรงเป็นบวกจะสร้างคำตอบที่ดีกว่าขั้นตอนวิธีที่ประชากรมีค่าความแข็งแรง

แบบผสม โดยแนวโน้มความต่างของคุณภาพระหว่างขั้นตอนวิธีทั้ง 2 รูปแบบเมื่อจำนวนจุดให้บริการของปัญหาเพิ่มขึ้นถูกแสดงไว้ในกราฟรูปที่ 27 ร่วมกับกราฟเส้นโค้งที่ได้จากการถดถอยแบบพหุนาม (Polynomial Regression) ของข้อมูล ซึ่งสมการของกราฟเส้นโค้งนี้คือ

$$\Delta F(c) = 0.003(2n + 1)^2 - 0.046(2n + 1) + 0.191 \quad (20)$$

เมื่อ $\Delta F(c)$ คือผลต่างความแข็งแรงของคำตอบจากขั้นตอนวิธีทั้ง 2 รูปแบบและ n คือจำนวนคู่จุดบริการทั้งหมดของปัญหา



รูปที่ 28 กราฟผลต่างด้านเวลาในการหาคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม และการถดถอยแบบพหุนาม

เมื่อพิจารณาร่วมกับผลต่างด้านเวลาในการหาคำตอบของขั้นตอนวิธีทั้ง 2 รูปแบบผลจากกราฟรูปที่ 28 พบว่าขั้นตอนวิธีที่ประชากรมีค่าความแข็งแรงแบบผสมสามารถหาคำตอบได้เร็วกว่าโดยขั้นตอนที่มีความซับซ้อนทางเวลาสูงที่สุดของขั้นตอนวิธีทั้ง 2 รูปแบบคือการประยุกต์ขั้นตอนการสลับสองตำแหน่งซึ่งมีความซับซ้อนอยู่ในระดับพหุนามของจำนวนคู่จุดให้บริการ ดังนั้นแนวโน้มความต่างนี้สามารถหาได้จากการถดถอยแบบพหุนามของข้อมูล ซึ่งสมการของกราฟเส้นโค้งนี้คือ

$$\Delta T = 0.249(2n + 1)^2 - 7.21(2n + 1) + 42.986 \quad (21)$$

เมื่อ ΔT คือผลต่างด้านเวลาในการหาคำตอบ n คือจำนวนคู่จุดบริการทั้งหมดของปัญหา และเมื่อหาความสัมพันธ์ระหว่าง $\Delta F(c)$ และ ΔT จะได้จากสมการ (21) ดังนี้

$$\Delta F(c) = 0.003(2n + 1)^2 - 0.046(2n + 1) + 0.191$$

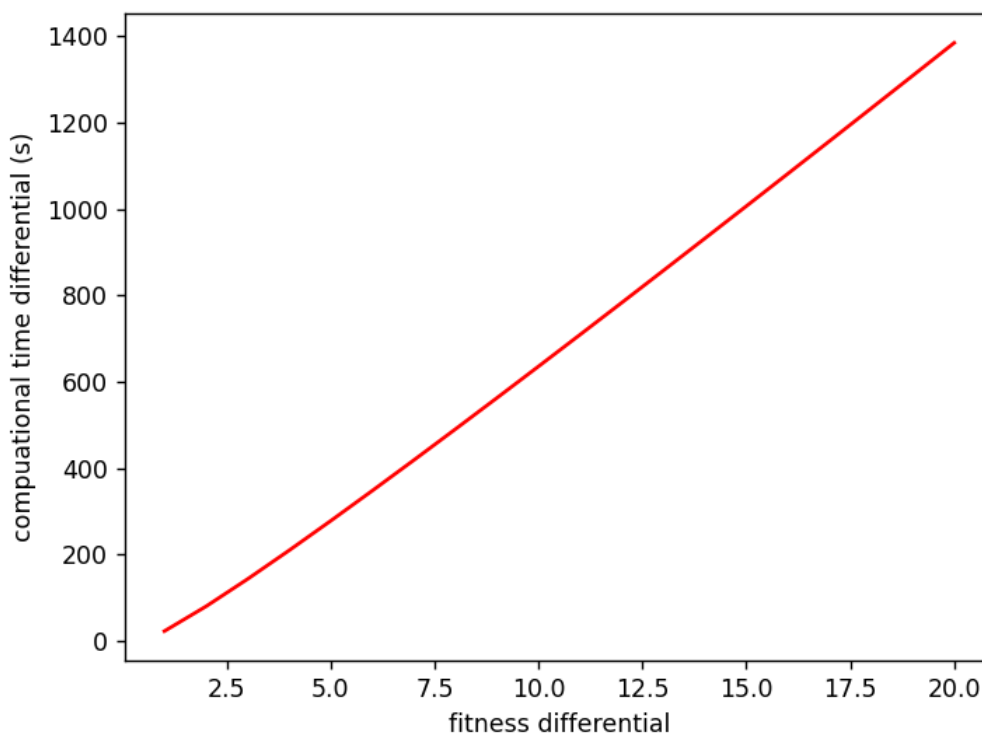
จัดรูป n ในเทอมของ $\Delta F(c)$ จะได้

$$n = \frac{10 + \sqrt{-11 + 750(\Delta F(c))}}{3} \quad (22)$$

เมื่อแทนค่า n จากสมการ (22) ให้กับ ΔT จะได้

$$\Delta T = \frac{3383 - 6784\sqrt{-11 + 750(\Delta F(c))} + 249000(\Delta F(c))}{3000} \quad (23)$$

เมื่อนำสมการนี้มาสร้างกราฟจะได้ผลลัพธ์เป็นดังรูปที่ 29



รูปที่ 29 กราฟเปรียบเทียบความต่างของระยะเวลาที่ขั้นตอนวิธีใช้หาคำตอบ
กับความต่างความแข็งแรงของคำตอบ

จากกราฟในรูปที่ 29 แสดงให้เห็นว่าถึงแม้ขั้นตอนวิธีแบบที่ประชากรมีค่าความแข็งแรงแบบผสมจะขาดความแม่นยำมากขึ้นเมื่อเปรียบเทียบกับขั้นตอนวิธีแบบที่ควบคุมประชากรให้มีค่าความแข็งแรงเป็นบวก แต่ขั้นตอนวิธีรูปแบบนี้ก็ยังใช้เวลาในการหาคำตอบน้อยกว่าด้วย ทำให้ผู้ใช้งานขั้นตอนวิธีสามารถพิจารณาลำดับความสำคัญระหว่างคุณภาพของคำตอบและระยะเวลาการค้นหาคำตอบได้ว่าควรเลือกใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในรูปแบบใดจึงจะเหมาะสมกับปัญหาของผู้ใช้ เพราะในบางสถานการณ์จำนวนจุดให้บริการอาจมีความสำคัญสูงกว่าระยะเวลาการค้นหามาก ยกตัวอย่างในกรณีที่มีมูลค่าของการบริการแต่ละจุดมีค่าสูง อาจต้องเลือกใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ควบคุมค่าความแข็งแรงของประชากรให้เป็นบวกเพื่อให้ได้เส้นทางที่มีคุณภาพสูงซึ่งรองรับจุดให้บริการได้เป็นจำนวนมาก แต่ในบางสถานการณ์ระยะเวลาการประมวลผลอาจมีความสำคัญสูงกว่า ยกตัวอย่างในกรณีที่ผู้ใช้งานขั้นตอนวิธีหรือผู้ขนส่งจำเป็นต้องใช้เวลาให้เหมาะสมในการบริการจุดต่าง ๆ ที่มีความเร่งด่วน อาจต้องเลือกใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมเพื่อให้ผู้ใช้ขั้นตอนวิธีให้บริการจุดรับส่งต่าง ๆ ได้อย่างรวดเร็ว

บทที่ 5

สรุปผล อภิปรายผลและข้อเสนอแนะ

งานวิจัยนี้พัฒนาขั้นตอนวิธีที่เหมาะสมกับการแก้ปัญหาการแวะผ่านหลายจุดสำหรับการรับส่งที่มีการจำกัดด้านระยะทาง ซึ่งพิจารณาด้วยการวิเคราะห์ทางคณิตศาสตร์แล้วว่าเป็นปัญหาที่มีความซับซ้อนทางเวลาสูงและจำเป็นต้องใช้เวลานานในการหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหา ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงเลือกใช้ขั้นตอนวิธีแบบฮิวริสติกซึ่งสามารถหาคำตอบได้แม้จะไม่ใช่ว่าคำตอบที่ดีที่สุดภายในระยะเวลาที่จำกัด จากการสังเกตผลของการใช้ขั้นตอนวิธีแบบฮิวริสติก 2 ประเภทคือ ขั้นตอนวิธีอาณานิคมมด และขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ทำให้พบว่าขั้นตอนวิธีอาณานิคมมดยังขาดการกำหนดเงื่อนไขการค้นหาให้เหมาะสมกับปัญหา รวมทั้งยังจำเป็นต้องกำหนดค่าตัวแปรต่าง ๆ ของขั้นตอนวิธีให้เหมาะสมด้วย ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงเลือกใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นแกนหลัก โดยได้มีการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีอาณานิคมมดกับขั้นตอนการสร้างประชากรแรกเริ่มซึ่งเป็นหนึ่งในขั้นตอนย่อยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม นอกจากนี้ยังมีการประยุกต์ขั้นตอนวิธีการปรับปรุงเส้นทางประเภทการสลับสองตำแหน่งซึ่งถือเป็นอีกหนึ่งในขั้นตอนวิธีแบบฮิวริสติกมาใช้กับขั้นตอนย่อยอื่น ๆ ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมด้วย

เมื่อศึกษาและสังเกตผลที่เกิดจากการเลือกใช้ขั้นตอนวิธีอาณานิคมมดประยุกต์เป็นขั้นตอนย่อยของการสร้างประชากรแรกเริ่มในการแก้ปัญหาในสถานการณ์การกระจายตัวของจุดบริการรูปแบบต่าง ๆ ได้แก่ การกระจายตัวของจุดให้บริการแบบสุ่มปะปนกันระหว่างจุดรับและจุดส่ง การกระจายตัวของจุดให้บริการแบบวงแยกชั้นพื้นที่จุดให้บริการที่เป็นจุดส่งออกจากชั้นพื้นที่จุดให้บริการที่เป็นจุดรับ และการกระจายตัวของจุดให้บริการแบบหยดซึ่งแยกบริเวณพื้นที่จุดให้บริการที่เป็นจุดส่งออกจากบริเวณพื้นที่จุดให้บริการที่เป็นจุดรับ พบว่าขั้นตอนวิธีอาณานิคมมดสามารถพัฒนาคำตอบให้ดีขึ้นได้เล็กน้อยในปัญหาที่จุดให้บริการกระจายตัวแบบสุ่ม และปัญหาที่จุดให้บริการกระจายตัวแบบวง รวมทั้งยังสามารถทำให้ขั้นตอนวิธีหาคำตอบได้รวดเร็วยิ่งขึ้น เมื่อเปรียบเทียบกับการสร้างประชากรแรกเริ่มแบบสุ่มรูปแบบและความยาวโครโมโซม

จากการพัฒนาขั้นตอนวิธีที่ผ่านมาทำให้ได้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่สามารถแก้ปัญหานี้ได้ 2 รูปแบบ ซึ่งแต่ละรูปแบบจะมีจุดดีและจุดด้อยต่างกัน นั่นคือขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ควบคุมค่าความแข็งแรงของประชากรให้เป็นบวกและขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสม

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ควบคุมค่าความแข็งแรงของประชากรให้เป็นบวกมีจุดแข็งด้านคุณภาพของคำตอบที่สามารถค้นหาเส้นทางที่รองรับจุดให้บริการได้เป็นจำนวนมาก แต่มีข้อด้อยคือระยะเวลาที่ใช้ในการหาคำตอบอาจทำได้ไม่รวดเร็วเท่าที่ควร ซึ่งขั้นตอนวิธีในรูปแบบนี้อาศัยกำลังการค้นหาหลักมาจากขั้นตอนวิธีการปรับปรุงเส้นทางประเภทการสลับสองตำแหน่งที่ถูกประยุกต์เข้ากับขั้นตอนการกลายพันธุ์ซึ่งเป็นหนึ่งในขั้นตอนย่อยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม แต่เนื่องจากขั้นตอนวิธีการปรับปรุงเส้นทางประเภทการสลับสองตำแหน่งเป็นขั้นตอนวิธีที่มีความซับซ้อนทางเวลาสูงจึงเป็นสาเหตุให้ขั้นตอนวิธีรูปแบบนี้หาคำตอบได้ช้าหากให้อัตราการกลายพันธุ์มีค่าสูง

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ความแข็งแรงของประชากรเป็นแบบผสมเป็นขั้นตอนวิธีที่อาศัยความหลากหลายจากประชากรที่มีทั้งค่าความแข็งแรงเป็นค่าบวกและค่าความแข็งแรงเป็นค่าลบผสมรวมกันในกลุ่มเดียว เนื่องจากฟังก์ชันความเหมาะสมที่ถูกออกแบบให้สะท้อนถึงคุณภาพของเส้นทางได้โดยในกรณีที่เส้นทางนั้นไม่ได้ละเมิดข้อจำกัดด้านระยะทางของปัญหาจะให้ค่าความแข็งแรงเป็นค่าบวกหรือในกรณีที่เส้นทางละเมิดข้อจำกัดด้านระยะทางจะให้ค่าความแข็งแรงเป็นค่าลบ ทำให้เส้นทางที่ค่าความแข็งแรงจากฟังก์ชันความเหมาะสมเป็นค่าลบมีส่วนในการพัฒนาคำตอบรวมกันกับเส้นทางที่มีค่าความแข็งแรงเป็นค่าบวก ส่งผลให้การค้นหาทำได้หลากหลายขึ้น ทั้งนี้ต้องมีการแบ่งสัดส่วนของประชากรที่ค่าความแข็งแรงเป็นบวกกับประชากรที่ค่าความแข็งแรงเป็นลบให้เหมาะสม และเนื่องจากขั้นตอนวิธีในรูปแบบนี้มีการค้นหาที่หลากหลายแล้ว จึงตัดการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีการปรับปรุงเส้นทางประเภทการสลับสองตำแหน่งที่ขั้นตอนการกลายพันธุ์เพื่อลดความซับซ้อนทางเวลา แล้วนำไปประยุกต์ในขั้นตอนการขยายขอบเขตการค้นหา ซึ่งเป็นขั้นตอนที่ถูกพัฒนาขึ้นโดยเฉพาะจากสาเหตุด้านระยะทางที่ถูกจำกัดของปัญหา โดยขั้นตอนย่อยนี้เป็นขั้นตอนที่ทำให้ข้อจำกัดด้านระยะทางมีผลต่อโครโมโซมลดลง จากการปรับปรุงรูปแบบการค้นหาทำให้ขั้นตอนวิธีรูปแบบนี้สามารถหาคำตอบได้เร็วกว่าแต่แลกมาด้วยคุณภาพของคำตอบที่ลดลงเมื่อเทียบกับขั้นตอนวิธีที่ควบคุมค่าความแข็งแรงของประชากรให้เป็นบวก

ผู้ใช้สามารถเลือกใช้ขั้นตอนวิธีทั้ง 2 รูปแบบให้เหมาะสมกับความต้องการของผู้ใช้ได้ โดยขึ้นกับลำดับความสำคัญของเวลาการหาคำตอบและคุณภาพของคำตอบ อย่างไรก็ตามภายในเวลาที่จำกัดคำตอบที่ได้จากขั้นตอนวิธีที่ได้นำเสนอนี้เมื่อเปรียบเทียบกับขั้นตอนวิธีแบบเอาแต่แรงในปัญหาที่จำนวนจุดให้บริการไม่เกิน 7 คู่ พบว่าคำตอบที่ได้มีประสิทธิภาพสูงเพียงพอต่อการใช้งาน

จุดเด่นด้านระยะเวลาในการค้นหาเส้นทางของขั้นตอนวิธีที่นำเสนอส่งผลต่อธุรกิจการขนส่งอาหารและบริการโดยจะเป็นผลดีต่อประสิทธิภาพการใช้งานของผู้บริโภคด้านความเร็วในการให้บริการของผู้ขนส่ง และจุดเด่นด้านประสิทธิภาพของเส้นทางที่ค้นหาได้สามารถทำให้ต้นทุนด้าน

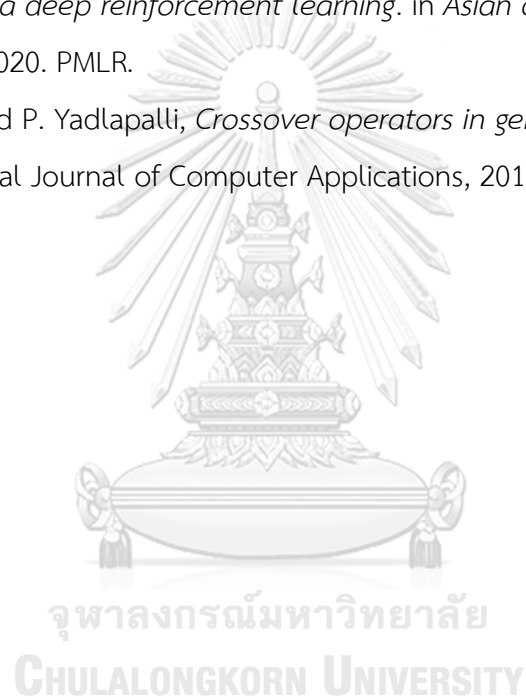
เชื้อเพลิงในการขนส่งในธุรกิจการขนส่งอาหารและพัสดุตกลงจากเดิม ซึ่งจะส่งผลดีต่อค่าใช้จ่ายของ
ผู้ประกอบการในธุรกิจนี้



บรรณานุกรม

1. Erciyes, K., *Distributed graph algorithms for computer networks*. 2013: p. 53-54.
2. Croes, G.A., *A method for solving traveling-salesman problems*. *Operations research*, 1958. **6**(6): p. 791-812.
3. Renaud, J., F.F. Boctor, and J. Ouenniche, *A heuristic for the pickup and delivery traveling salesman problem*. *Computers & Operations Research*, 2000. **27**(9): p. 905-916.
4. Hernández-Pérez, H. and J.-J. Salazar-González, *A branch-and-cut algorithm for a traveling salesman problem with pickup and delivery*. *Discrete Applied Mathematics*, 2004. **145**(1): p. 126-139.
5. Chieng, H.H. and N. Wahid. *A performance comparison of genetic algorithm's mutation operators in n-cities open loop travelling salesman problem*. in *Recent Advances on Soft Computing and Data Mining: Proceedings of The First International Conference on Soft Computing and Data Mining (SCDM-2014) Universiti Tun Hussein Onn Malaysia, Johor, Malaysia June 16th-18th, 2014*. 2014. Springer.
6. PS, A. and V. VASHISHT, *Open Loop Travelling Salesman Problem using Genetic Algorithm*. population, 2013. **1**(1).
7. Kairanbay, M. and M. Hajar, *A review and evaluations of shortest path algorithms*. *International journal of scientific & technology research*, 2013. **2**(6): p. 99-104.
8. Sadavare, A. and R. Kulkarni, *A review of application of graph theory for network*. *International Journal of Computer Science and Information Technologies*, 2012. **3**(6): p. 5296-5300.
9. Hart, P.E., N.J. Nilsson, and B. Raphael, *A formal basis for the heuristic determination of minimum cost paths*. *IEEE transactions on Systems Science and Cybernetics*, 1968. **4**(2): p. 100-107.
10. Dorigo, M., M. Birattari, and T. Stutzle, *Ant colony optimization*. *IEEE computational intelligence magazine*, 2006. **1**(4): p. 28-39.

11. Coloni, A., M. Dorigo, and V. Maniezzo. *Distributed optimization by ant colonies*. in *Proceedings of the first European conference on artificial life*. 1991. Paris, France.
12. Katoch, S., S.S. Chauhan, and V. Kumar, *A review on genetic algorithm: past, present, and future*. *Multimedia tools and applications*, 2021. **80**: p. 8091-8126.
13. Kumar, M., et al., *Genetic algorithm: Review and application*. Available at SSRN 3529843, 2010.
14. d O Costa, P.R., et al. *Learning 2-opt heuristics for the traveling salesman problem via deep reinforcement learning*. in *Asian conference on machine learning*. 2020. PMLR.
15. Kora, P. and P. Yadlapalli, *Crossover operators in genetic algorithms: A review*. *International Journal of Computer Applications*, 2017. **162**(10).



ภาคผนวก

รหัสเทียมของขั้นตอนวิธีการไขว้เปลี่ยนของโครโมโซม

Algorithm 1: Crossover

```
1: Inputs: SET {parents0, parents1} as a set of the chosen chromosomes.
2: SET  $S$  as a set of sending nodes.
3: SET  $n$  as a total number of nodes.
4: Output: a set of offspring chromosomes
5: function Crossover ({parents0, parents1}) {
6:     SET offspring_set to [ ] //สร้างอาร์เรย์ว่างเพื่อเก็บคู่โครโมโซมทายาทที่จะถูกสร้างขึ้น
7:     for  $i = 0$  to 1 //วนซ้ำ 2 ครั้ง สำหรับการไขว้เปลี่ยนโครโมโซมพ่อและแม่
8:         SET offspring to parents $i$  //จำลองโครโมโซมพ่อแม่เป็นตัวแปรอาร์เรย์ offspring
9:         if |offspring| =  $n$  then
10:            //หากโครโมโซมพ่อแม่มีสมาชิกครบทุกจุดแล้วสุ่มลบออก 1 คู่
11:            Random remove 1 order from offspring
12:        end if
13:        if  $i = 0$  then //ประกาศตัวแปร couple เป็นโครโมโซมคู่ของโครโมโซมที่ถูกจำลอง
14:            SET couple to parents1
15:        else
16:            SET couple to parents0
```

```

17:         end if
18:     for each gene IN couple //วนซ้ำทุกยีนใน couple
19:         if gene  $\notin$  offspring and gene  $\in S$  then
20:             //หากยีนใดไม่ปรากฏในโครโมโซมที่ถูกจำลองให้สืบทอดตำแหน่งแทรกยีนนั้นเข้าไป
21:                 SET idx_s to a random number from 0 to |offspring|-1
22:                 if idx_s = 0 then
23:                     offspring append gene
24:                 else
25:                     insert gene to offspring at idx_s
26:                 end if
27:                 SET idx_r to a random number from idx_s to |offspring|-
28:                 1
29:                 if idx_r = idx_s then
30:                     offspring append a receiving point of gene
31:                 else
32:                     insert a receiving point of gene to offspring at
33:                     idx_r
34:                 end if
35:             end if
36:         end if
37:     offspring_set append offspring //เก็บอาร์เรย์ทายาทไว้ในอาร์เรย์ที่เตรียมไว้
38: return offspring_set
39: }
```

รหัสเทียมขั้นตอนวิธีการปรับปรุงเส้นทางแบบสลับสองตำแหน่ง

Algorithm 2: Two_opt

```

1: Inputs: SET chrom as a list chromosome
2:   SET finddis() as a function to find distance of chromosome
3:   SET val() as a function to return validity Boolean of chromosome's
  arrangement
4: Output: a modified chromosome
5: function Two_opt(chrom) {
6:   for i = 1 to |chrom|-2
7:     for j = i+1 to |chrom|-1
8:       //ตัดลงโครโมโซมที่ถูกกลายพันธุ์เป็นตัวแปร new
9:       SET new to copy list of chrom
10:      for k=i to j+1 //สลับตำแหน่งของยีนใน new ใหม่
11:        SET new[k] to chrom [j-(k-i)]
12:      //ถ้าระยะทางลดลงและการจัดเรียงถูกต้อง
13:      if finddis(new) < finddis(chrom) and val(new)
14:        //ปรับการจัดเรียงใหม่ตามตัวแปร new
15:        SET chrom to copy list of new
16:      end if
17:   return chrom

```

รหัสเทียมขั้นตอนวิธีการกลายพันธุ์

Algorithm 3: Mutation

1: **Inputs:** SET chrom as a list chromosome

2: **SET** finddis() as a function to find distance of chromosome

3: **SET** val() as a function to return validity Boolean of chromosome's arrangement

4: **SET** n as a total number of nodes.

5: **SET** S as a set of sending nodes.

6: **SET** is_using_2_opt as a Boolean of permission to applying 2 opt with chromosome

7: **SET** distance_limit as a number of distance limit

8: **Output:** an offspring chromosome

9: **function** Mutation(chrom, is_using_2_opt) {

10: **if** is_using_2_opt=true **then**

11: **SET** chrom **to** Two_opt(chrom)

12: **end if**

13: //ถ้า chrom มีจำนวนสมาชิกไม่เท่ากับจำนวนจุดทุกจุดสุ่มเพิ่มสมาชิกตัวที่ไม่มีใน chrom 1 ตัว

14: **if** |chrom| \neq n **then**

15: **SET** remain_S **to** $S - \text{chrom}$

16: //remain_S คือเซตของจุดรับทั้งหมดที่ไม่อยู่ใน chrom

17: **SET** idx = random number from 0 to |remain_S|

```

18:     for j=0 to 1 //วนซ้ำ 2 ครั้งสำหรับการเพิ่มจุดส่งและจุดรับ
19:         if j=0 then
20:             SET gene_X to remain_S[idx]
21:             //gene_X คือจุดส่งที่ถูกสุ่มจาก remain_S
22:             SET start to 0
23:             //จุดที่ gene_X จะถูกแทรกเข้าไปได้เริ่มได้ตั้งแต่จุดที่ 0
24:         else
25:             SET gene_X to a receiving node of gene_X
26:             //gene_X คือจุดรับของ gene_X ในรอบการวนซ้ำที่ผ่านมา
27:             SET start to index+1
28:             //จุดที่ gene_X จะถูกแทรกเข้าไปได้เริ่มจากตำแหน่งหลังจุดที่
                เป็นคู่ส่งของ gene_X
29:         end if
30:         SET previous_dis to ∞
31:         for i = start to |chrom|-1
32:             if i = start then
33:                 //ถ้า i คือ start หาระยะทางที่เพิ่มขึ้น
34:                 //เมื่อแทรก gene_X ต่อท้ายสุดของ chrom เก็บค่าที่ตัวแปร dis
35:                 SET dis = finddis([chrom[|chrom|-1],gene_X])
36:                 SET i to |chrom|
37:             else:

```



```

38: // ถ้า i ไม่ใช่ start ทหาระยะทางที่เพิ่มขึ้นเมื่อแทรก gene_X
39: // ที่ตำแหน่งใด ๆ ใน chrom เก็บค่าที่ตัวแปร dis
40:         SET dis to finddis([chrom [i-1],gene_X, chrom[i]])
41:     end if
42:     if dis < previous_dis then
43:         // หาว่าแทรกที่ตำแหน่งไหน dis น้อยที่สุด เก็บค่าที่ตัวแปร
index
44:         SET previous_dis to dis
45:         SET index to i
46:     end if
47:     insert gene_X to chrom at index
48: // ถ้าระยะทางของโครโมโซมมากกว่า distance_limit ลบคู่จุดรับส่งจนกว่าระยะทางจะไม่เกิน
49:     while finddis(chrom) > distance_limit then
50:         for i = 0 to |chrom|-1 then
51:             if chrom[i] is a sender of chrom[-1]:
52:                 SET removed_sender_index to i
53:                 remove item at removed_sender_index from chrom
54:                 remove item at last index from chrom
55:     return chrom
56:}

```

รหัสเทียมขั้นตอนวิธีการคัดสรรของประชากรแบบผสม

Algorithm 4: Mixed_population_selection

```

1: Inputs: SET population as a list of list chromosome
2:   SET n_population as a total number of chromosomes in population
3:   SET fitness_list as a list of fitness value of chromosomes in population
4:   SET max_negative_ratio as a maximum number of negative chromosomes
5: Output: a modified population and a modified fitness_list
6: function Mixed_population_selection(population, n_population, fitness_list) {
7:   SET sorted_indices to sort_indices(fitness_list).reverse()
8:   SET negative_population to [ ]
9:   for i = 0 to |sorted_indices|-1
10:      if fitness_list[i] < 0 and |negative_population| < max_negative_ratio
then
11:         negative_population append sorted_indices[i]
12:      end if
13:   SET positive_population to [ ]
14:   for i = 0 to |sorted_indices|-1
15:      if fitness_list[i] > 0
16:         and |negative_population|+|positive_population| < n_population then
17:            positive_population append sorted_indices[i]
18:         end if
19:   while |negative_population|+|positive_population| < n_population then

```

```
19:         insert positive_population[0] to positive_population
20:     SET selected_population to [ ]
21:     SET selected_fitness to [ ]
22:     for i = 0 to |positive_population|-1
23:         selected_population append population[i]
24:         selected_fitness append fitness_list[i]
25:     for i = 0 to |negative_population|-1
26:         selected_population append population[i]
27:         selected_fitness append fitness_list[i]
28:     return selected_population, selected_fitness
29: }
```

รหัสเทียมขั้นตอนวิธีการคัดเลือกโครโมโซมคู่ไขว้เปลี่ยน

Algorithm 5: Pre_crossover_selection

```

1: Inputs: SET positive_population as a list of list positive fitness chromosome
2: SET negative_population as a list of list negative fitness chromosome
3: SET positive_fitness_list as a list of positive fitness value of chromosomes in
   population
4: SET negative_fitness_list as a list of negative fitness value of chromosomes in
   population
5: Output: a couple of parent chromosomes
6: function Pre_crossover_selection(positive_population, negative_population,
   positive_fitness_list, negative_fitness_list ) {
7:     SET parent1_fitness to result of random selection from positive_fitness_list
   weighted by positive_fitness_list
8:     for i=0 to |positive_fitness_list|-1
9:         if positive_fitness_list[i] = parent1_fitness then
10:             SET parent1_index to i
11:             break for
12:         end if
13:     SET parent1 to positive_population[parent1_index]
14:     SET is_cross_negative to result of random selection from integer since 0 to 1
15:     if is_cross_negative = 1 and |negative_population| > 0 then
16:         SET parent2 to result of random selection from negative_population

```

```
        weighted by negative_fitness_list
17:  else then
18:      for i=0 to |positive_fitness_list|-1
19:          if positive_fitness_list[i] = parent1_fitness then
20:              SET positive_fitness_list[i] to 0
21:              SET parent2 to result of random selection from positive_population
                weighted by positive_fitness_list
22:  return parent1, parent2
23:: }
```

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ-สกุล	พีรายุ เฟ็งสุวรรณ
วัน เดือน ปี เกิด	13 พฤษภาคม 2542
สถานที่เกิด	จังหวัดสุราษฎร์ธานี ประเทศไทย
วุฒิการศึกษา	จบการศึกษาระดับมัธยมศึกษาจากโรงเรียนสุราษฎร์ธานี จบการศึกษาระดับปริญญาตรีจากคณะวิศวกรรมศาสตร์ สาขาวิศวกรรม อิเล็กทรอนิกส์การบิน มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี
ผลงานตีพิมพ์	A Compact Multiband Cavity Filter using Interdigital Technique for LTE, S-Band and WLAN Systems ในงานประชุมวิชาการ ECTI-CON 2021 Solving Single-Vehicle Open-Loop VRPPD With a Limit of Distance Constraint by Using the Genetic Algorithm ในงานประชุม วิชาการ InCIT 2022