

## การแบ่งยีนส์ในวิธีการเชิงพันธุกรรม Bisecting Genes in Genetic Algorithm

วราญ อินทวงค์

สาขาวิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยรามคำแหง, กรุงเทพมหานคร

E-mail: intawongs@hotmail.com

### บทคัดย่อ

บทความนี้นำเสนอการปรับปรุงวิธีการเชิงพันธุกรรมในส่วนของการสร้างประชากรตั้งต้น ทุกยีนส์ในโครโมโซมจะถูกแบ่งออกเป็นสองส่วนด้วยกระบวนการที่เรียกว่าการแบ่งยีนส์ ในการทดสอบกับปัญหาจำนวนบิตหนึ่งมากที่สุดด้วยความยาวของประชากรที่แตกต่างกันและเปรียบเทียบกับผลของวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย กำหนดจำนวนประชากรสำหรับการทดลองเท่ากับ 100 จำนวนรุ่นเท่ากับ 100 อัตราการข้ามสายพันธุ์ 0.7 และอัตราการกลายพันธุ์ที่ 0.003 ผลการทดลองแสดงให้เห็นชัดเจนว่าวิธีการที่นำเสนอสามารถเพิ่มค่าความเหมาะสมให้กับคำตอบได้ดีกว่าวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย

คำสำคัญ: วิธีการเชิงพันธุกรรม, การแบ่งยีนส์, ค่าความเหมาะสม

### Abstract

This paper presents an improved genetic algorithm in the part of initial population. Each gene in chromosome is divided into two parts by the process that called the bisecting genes. We test with one max problem by different length of population and compare with the results from simple genetic algorithm. In the experiment, we defined number of population is 100, number of generations is 100, crossover rate is 0.7 and mutation rate is 0.003. The results clearly show that the proposed method can increase the fitness value of answer better than simple genetic algorithm.

Keywords: genetic algorithm, bisecting gene, fitness value

### 1. คำนำ

วิธีการเชิงพันธุกรรมเป็นวิธีการที่มีแนวคิดมากจากทฤษฎีวิวัฒนาการสิ่งมีชีวิตของชาร์ล ดาร์วิน มีหลักคิดว่าสิ่งมีชีวิตที่มีความเหมาะสมกับสภาพแวดล้อมจะสามารถที่จะอยู่รอดและสืบทอดลักษณะทางพันธุกรรมแก่ลูกหลานต่อไป ส่วนสิ่งมีชีวิตที่ไม่สามารถปรับตัวและความเหมาะสมน้อยก็จะค่อยๆ หายไป

จากแนวคิดดังกล่าวจึงได้มีการนำเสนอแนวคิดในการหาคำตอบที่เหมาะสมด้วยการจำลองกระบวนการจากทฤษฎีวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตเรียกว่าวิธีการเชิงพันธุกรรม ซึ่งถูกนำเสนอโดยจอห์น ฮอลแลนด์

ขั้นตอนของวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย (Simple Genetic Algorithm: SGA) จะเริ่มต้นจากการเข้ารหัสโครโมโซม โครโมโซมนี้ประกอบด้วยยีนส์ต่างๆ แทนคำตอบของปัญหาที่เราสนใจ โดยโครโมโซมแต่ละตัวจะเป็นการแทนค่าคำตอบของการแก้ปัญหา จากนั้นจะทำการสุ่มสร้างประชากรเริ่มต้นตามจำนวนที่เรากำหนด ประชากรทุกตัวจะเข้าสู่การประเมินค่าความเหมาะสมผ่านฟังก์ชันความเหมาะสมของวิธีการเชิงพันธุกรรม และนำเข้าสู่กระบวนการทางพันธุกรรมในขั้นตอนถัดไป ซึ่งในกระบวนการทางพันธุกรรมนั้นจะประกอบด้วย การคัดเลือก การข้ามสายพันธุ์ และการกลายพันธุ์ การทำงานของวิธีการเชิงพันธุกรรมจะซ้ำไปจนกว่าจะพบคำตอบที่ต้องการหรือครบตามจำนวนรุ่นของประชากรที่เรากำหนดเอาไว้

ผู้ศึกษาได้ทดลองวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่ายกับปัญหาจำนวนบิตหนึ่งมากที่สุด (One-Max Problem) พบว่าหากกำหนดจำนวนประชากร จำนวนรุ่น อัตราการข้ามสายพันธุ์ และอัตราการกลายพันธุ์ที่คงที่ ยิ่งความยาวของโครโมโซมหรือประชากรยาวขึ้นมากขึ้นเท่าไร ค่าความเหมาะสมของคำตอบที่ได้จะค่อยๆ ลดลง ผู้เขียนจึงสนใจที่จะค้นหาแนวทางในการปรับปรุงวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่ายให้สามารถหาคำตอบของปัญหาให้มีประสิทธิภาพและมีค่าความเหมาะสมเพิ่มมากขึ้น

บทความนี้จะนำเสนอวิธีการแบ่งยีนส์ในวิธีการเชิงพันธุกรรม (Bisecting Genes in Genetic Algorithm: BGGGA) สำหรับเพิ่มค่าความเหมาะสมให้กับคำตอบที่ได้จากวิธีการเชิงพันธุกรรมในการแก้ปัญหาจำนวนบิตหนึ่งมากที่สุด

### 2. ขั้นตอนของวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย

ขั้นตอนการทำงานของวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่ายสำหรับนำมาใช้ในการหาคำตอบที่เหมาะสมนั้นจะเริ่มจากการเข้ารหัสโครโมโซมเป็นอันดับแรก ซึ่งจะต้องกำหนดรูปแบบให้เหมาะสมกับแต่ละปัญหาที่เราสนใจ การเข้ารหัสโครโมโซมที่เป็นที่นิยมได้แก่ Binary Encoding และ Value Encoding เป็นต้น



รูปที่ 1 การเข้ารหัสโครโมโซมแบบ Binary Encoding

Joe Ben Susan

รูปที่ 2 การเข้ารหัสโครโมโซมแบบ Value Encoding

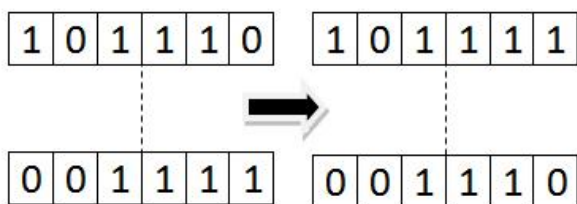
เมื่อกำหนดรูปแบบการเข้ารหัสโครโมโซมแล้ว ขั้นตอนต่อไปก็จะทำการสุ่มสร้างประชากรเริ่มต้นสำหรับใช้เป็นคำตอบตั้งต้นของการแก้ปัญหาที่เราสนใจ ทั้งนี้ จะต้องมีการกำหนดจำนวนประชากรที่ต้องการในแต่ละรุ่นให้เรียบร้อยตั้งแต่ก่อนเริ่มกระบวนการ ซึ่งเราจะสุ่มไปจนได้จำนวนครบตามต้องการ และนำเข้าสู่กระบวนการประเมินค่าความเหมาะสมต่อไป

เมื่อได้ทำการสุ่มประชากรเริ่มต้นครบตามจำนวนที่กำหนดแล้ว ประชากรทุกตัวจะถูกประเมินค่าความเหมาะสมผ่านฟังก์ชันความเหมาะสม ซึ่งฟังก์ชันความเหมาะสมนี้จะถูกกำหนดให้สอดคล้องกับฟังก์ชันวัตถุประสงค์ของปัญหาที่เราสนใจ เมื่อผ่านขั้นตอนการประเมินค่าความเหมาะสมของประชากรแต่ละตัวแล้ว จะทำการเรียงประชากรตามค่าความเหมาะสมและจะนำเข้าสู่กระบวนการทางพันธุกรรมต่อไป ซึ่งประกอบด้วย การคัดเลือก การข้ามสายพันธุ์ และการกลายพันธุ์

การคัดเลือก เป็นการเลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมที่จะเป็นพ่อแม่สำหรับใช้ในการดำเนินการผลิตสายพันธุ์สำหรับประชากรในรุ่นถัดไป ทั้งนี้ วิธีการคัดเลือกที่นิยมนำมาใช้งานได้แก่ วิธีการคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ตต์และวิธีการคัดเลือกแบบเฟ้นสุ่มสากล

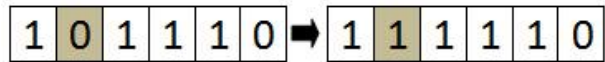
ในการบทความนี้ ได้ใช้การคัดเลือกแบบเฟ้นสุ่มสากล ทั้งนี้ เพื่อต้องการให้เกิดความหลากหลายทางพันธุกรรมและมีการคัดเลือกที่เกิดความยุติธรรมและทั่วถึงกับประชากรทุกตัว ไม่จำกัดอยู่ที่ประชากรที่มีความเหมาะสมสูงเพียงอย่างเดียว โดยหลักการของการคัดเลือกแบบเฟ้นสุ่มสากล คือ จะทำการแบ่งสัดส่วนของประชากรตามโอกาสในการถูกคัดเลือกตามค่าความเหมาะสมของประชากรแต่ละตัว และกำหนดจำนวนประชากรที่จะคัดเลือก ซึ่งวิธีการนี้จะทำให้ประชากรที่มีค่าความเหมาะสมน้อยก็ยังมีโอกาสได้รับการคัดเลือกเช่นกัน ต่างจากวิธีคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ตต์ ที่โอกาสในการถูกคัดเลือกของประชากรที่มีความเหมาะสมน้อยมีน้อยกว่า ซึ่งอาจส่งผลต่อความหลากหลายของประชากรรุ่นใหม่ๆ

การข้ามสายพันธุ์ เป็นการรวมตัวกันใหม่ของประชากร 2 ตัวใดๆ เพื่อให้ได้เป็นประชากรใหม่ 2 ตัว ก่อให้เกิดความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากร โดยวิธีที่นิยม คือ การข้ามสายพันธุ์แบบ 1 จุด และการข้ามสายพันธุ์แบบหลายจุด



รูปที่ 3 การข้ามสายพันธุ์แบบ 1 จุด

การกลายพันธุ์ คือการเปลี่ยนแปลงยีนในโครโมโซมเป็นค่าใหม่ โดยจะทำการสุ่มตำแหน่งในการกลายพันธุ์และเปลี่ยนค่ายีนในตำแหน่งดังกล่าว การกลายพันธุ์จะก่อให้เกิดลักษณะใหม่ๆ ของประชากรซึ่งอาจทำให้คำตอบมีค่าความเหมาะสมที่ดีขึ้น

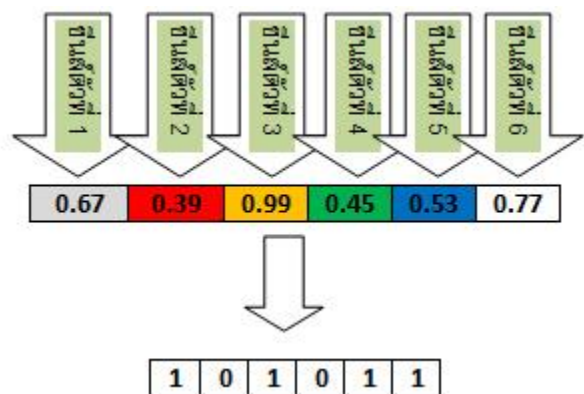


รูปที่ 4 การกลายพันธุ์

หลังจากผ่านกระบวนการทางพันธุกรรมแล้วเราจะได้ประชากรใหม่ที่จะถูกนำไปแทนที่เป็นประชากรตั้งต้นในรุ่นถัดไป โดยเราสามารถกำหนดให้ประชากรใหม่เป็นประชากรตั้งต้นในรุ่นถัดไปทั้งหมดหรือบางส่วนก็ขึ้นอยู่กับความต้องการในการนำไปใช้แก้ปัญหา และมีข้อดีข้อด้อยต่างกัน กล่าวคือ การนำไปแทนที่ทั้งหมดนั้นสะดวกเพราะทำได้ง่าย แต่ก็จะสูญเสียประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงๆ ในรุ่นเก่าๆ ไปทั้งหมดเช่นกัน ขณะที่การแทนที่แบบบางส่วนค่อนข้างยุ่งยาก แต่เราสามารถคัดเลือกเก็บประชากรรุ่นเก่าที่มีค่าความเหมาะสมสูงๆ เอาไว้ได้

### 3. การทดลองแก้ปัญหาด้วยวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย

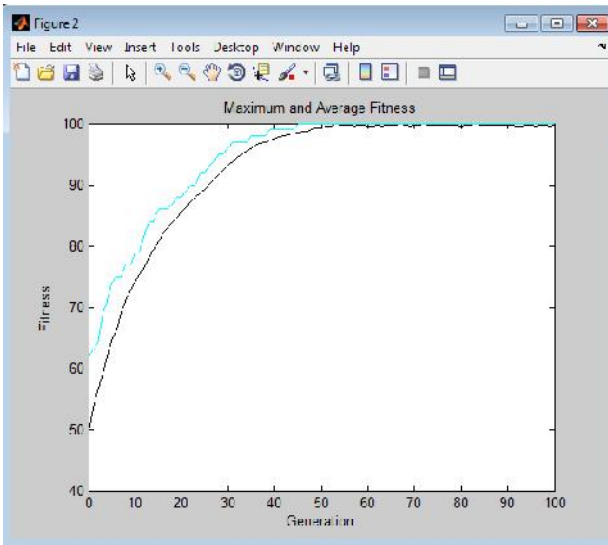
ในบทความนี้ ได้ทดลองวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่ายกับปัญหาจำนวนบิตหนึ่งมากที่สุด ซึ่งเป็นปัญหาที่นิยมนำมาใช้ในการทดสอบประสิทธิภาพของวิธีการเชิงพันธุกรรม โดยค่าความเหมาะสมของคำตอบจะเท่ากับจำนวนบิตที่มีค่าเป็น 1 ถ้ามีบิตที่มีค่าเท่ากับ 1 มากในคำตอบ ค่าความเหมาะสมก็จะยิ่งเพิ่มมากขึ้น ประชากรที่ได้มาจากการสุ่มค่าระหว่าง 0 กับ 1 ทั้งนี้ กำหนดให้ค่าที่สุ่มขึ้นมาหากมากกว่าหรือเท่ากับ 0.5 จะกำหนดให้ยีนส์มีค่าเป็น 1 หากน้อยกว่า 0.5 จะกำหนดให้ยีนส์มีค่าเป็น 0 ตามรูปที่ 5



รูปที่ 5 การสุ่มประชากรเริ่มต้นแบบเดิม

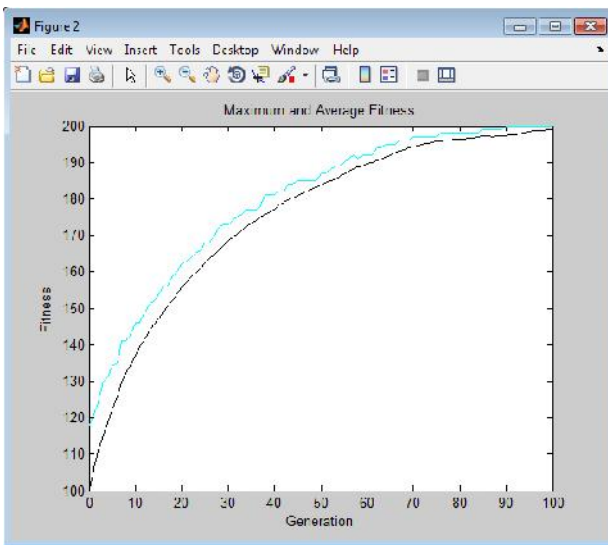
ในการทดลองได้ทดลองด้วยประชากรที่มีขนาดแตกต่างกัน คือ 100 200 300 400 และ 500 โดยกำหนดจำนวนรุ่นของประชากรที่ 100

รุ่น จำนวนประชากรต่อ 1 รุ่นเท่ากับ 100 ใช้การคัดเลือกแบบเฟ้นสุ่ม  
 สากลและการข้ามสายพันธุ์แบบ 1 จุด ได้ผลการทดลองดังนี้



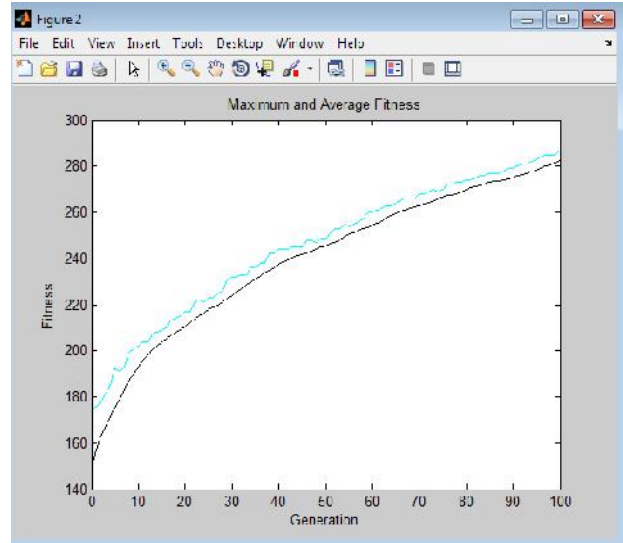
รูปที่ 6 ค่าความเหมาะสมที่ประชากรความยาว 100 ของ SGA

การทดลองด้วยวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย ที่ประชากร  
 ความยาว 100 พบว่าสามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ในรุ่นที่ 45



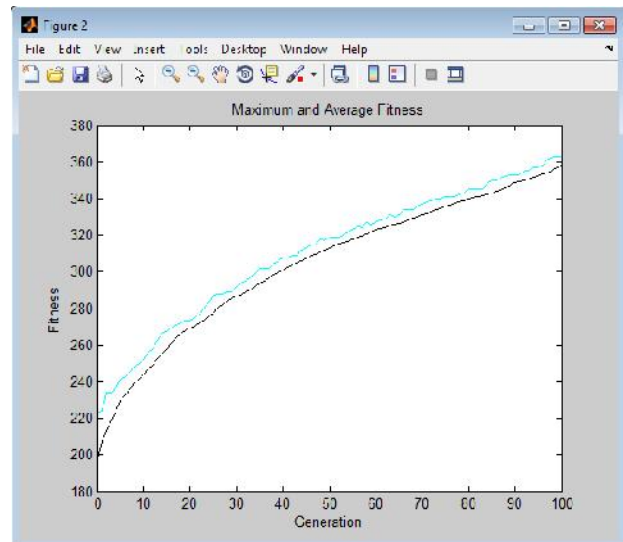
รูปที่ 7 ค่าความเหมาะสมที่ประชากรความยาว 200 ของ SGA

การทดลองด้วยวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย ที่ประชากร  
 ความยาว 200 พบว่าสามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ในรุ่นที่ 90



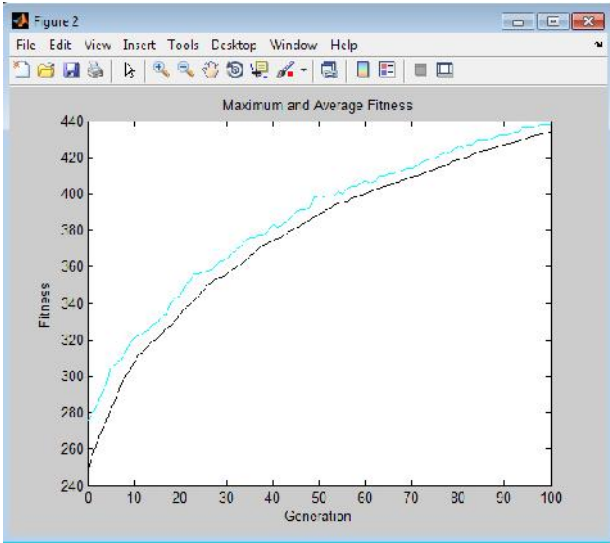
รูปที่ 8 ค่าความเหมาะสมที่ประชากรความยาว 300 ของ SGA

การทดลองด้วยวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย ที่ประชากร  
 ความยาว 300 พบว่าไม่สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ แต่พบคำตอบที่มีค่า  
 ความเหมาะสมสูงสุดในรุ่นที่ 90



รูปที่ 9 ค่าความเหมาะสมที่ประชากรความยาว 400 ของ SGA

การทดลองด้วยวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย ที่ประชากร  
 ความยาว 400 พบว่าไม่สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ แต่พบคำตอบที่มีค่า  
 ความเหมาะสมสูงสุดในรุ่นที่ 98



รูปที่ 10 ค่าความเหมาะสมที่ประชากรความยาว 500 ของ SGA

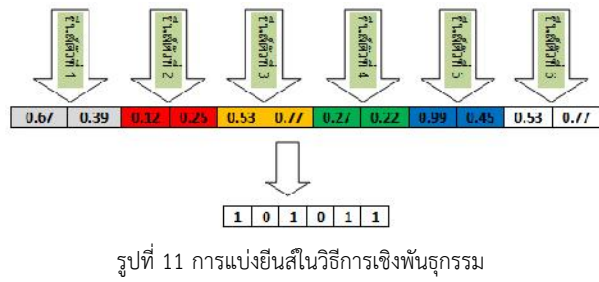
การทดลองด้วยวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย ที่ประชากรความยาว 500 พบว่าไม่สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ แต่พบคำตอบที่มีความเหมาะสมสูงสุดในรุ่นที่ 98

จากการทดลองที่ความยาวของประชากรที่แตกต่างกัน จะเห็นว่าเมื่อความยาวของประชากรยาวขึ้น โอกาสที่วิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่ายจะค้นหาคำตอบได้จะค่อยๆ ลดลง และค่าความเหมาะสมโดยเฉลี่ยของคำตอบก็ลดลงด้วยเช่นกัน จากรูปที่ 6 และ 7 จะเห็นว่าวิธีการเชิงพันธุกรรมยังสามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ แต่เมื่อความยาวของประชากรเพิ่มเป็น 300 400 และ 500 นั้น จะไม่สามารถค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ดังแสดงในรูปที่ 8 9 และ 10

#### 4. การแบ่งยีนส์ในวิธีการเชิงพันธุกรรม

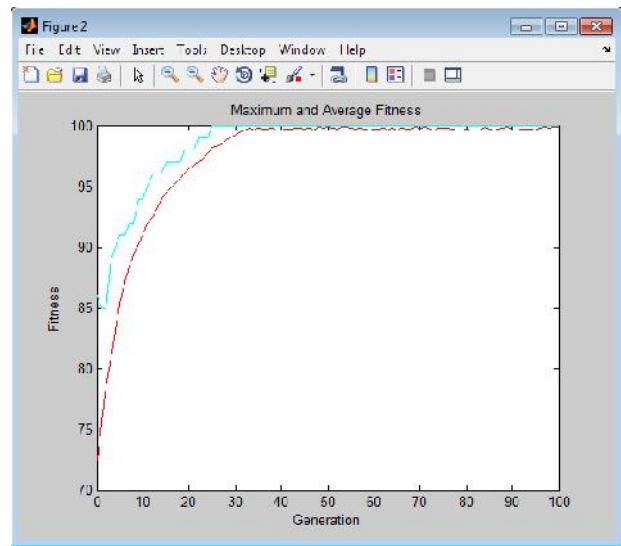
หัวข้อนี้ผู้ศึกษาจึงได้ทำการทดลองโดยการสุ่มสร้างประชากรเริ่มต้นของวิธีการเชิงพันธุกรรมแบบใหม่ เพื่อจะทดสอบว่าจะสามารถเพิ่มค่าความเหมาะสมให้กับการค้นหาคำตอบของวิธีการเชิงพันธุกรรมหรือไม่

ในการทดลองกับปัญหาจำนวนบิตหนึ่งมากที่สุดด้วยวิธีการเชิงพันธุกรรมข้างต้นนั้น การสร้างประชากรเริ่มต้นได้มาจากกระบวนการสุ่มค่าให้กับยีนส์เป็นค่าระหว่าง 0 กับ 1 ในการแบ่งยีนส์ของวิธีการเชิงพันธุกรรม ผู้ศึกษาจึงได้ทำการแบ่งยีนส์ที่เป็นองค์ประกอบของโครโมโซมแต่ละยีนส์ออกเป็น 2 ส่วน ยีนส์ที่ถูกแบ่งออกจะทำการสุ่มค่าระหว่าง 0 กับ 1 และนำค่าทั้ง 2 ค่าที่สุ่มได้มารวมกัน จากการทดลองเดิมด้วยวิธีการเชิงพันธุกรรมที่หากค่าที่สุ่มระหว่าง 0 กับ 1 มากกว่าหรือเท่ากับ 0.5 ซึ่งเป็นค่าเปรียบเทียบ จะกำหนดให้เท่ากับ 1 หากน้อยกว่าจะกำหนดให้เท่ากับ 0 ดังรูปที่ 5 นั้น ผู้ศึกษาได้เปลี่ยนค่าเปรียบเทียบจาก 0.5 เป็น 0.75 เพื่อให้มีความเหมาะสมต่อการทดลอง โดยหากค่าที่สุ่มจากยีนส์ 2 ค่ารวมกันแล้วมีค่ามากกว่าหรือเท่ากับ 0.75 จะกำหนดให้ยีนส์ตัวนั้นมีค่าเป็น 1 หากน้อยกว่า 0.75 จะกำหนดให้ยีนส์มีค่าเป็น 0 ตามรูปที่ 11



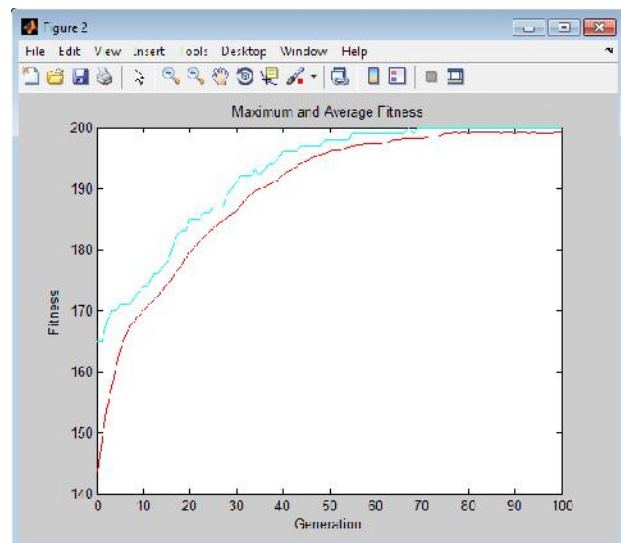
รูปที่ 11 การแบ่งยีนส์ในวิธีการเชิงพันธุกรรม

ในการทดลองได้ทดลองด้วยตัวแปรเดียวกับการทดลองของวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย ได้ผลที่แสดงถึงค่าความเหมาะสมโดยเฉลี่ยดังนี้



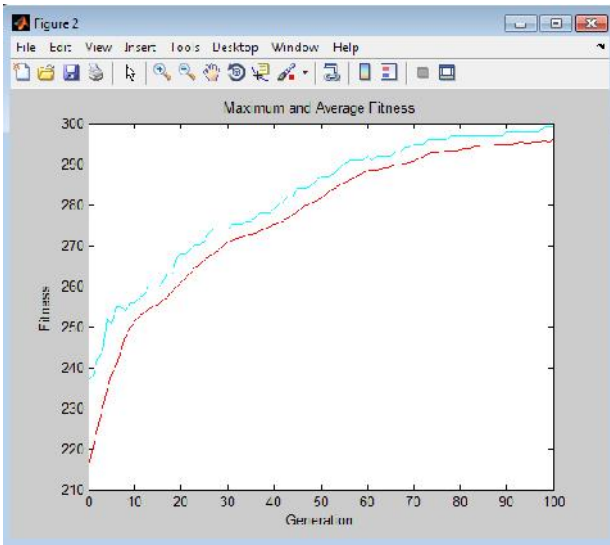
รูปที่ 12 ค่าความเหมาะสมที่ประชากรความยาว 100 ของ BGGa

การทดลองด้วยวิธีการแบ่งยีนส์ในวิธีการเชิงพันธุกรรม ที่ประชากรความยาว 100 พบว่าสามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ในรุ่นที่ 25



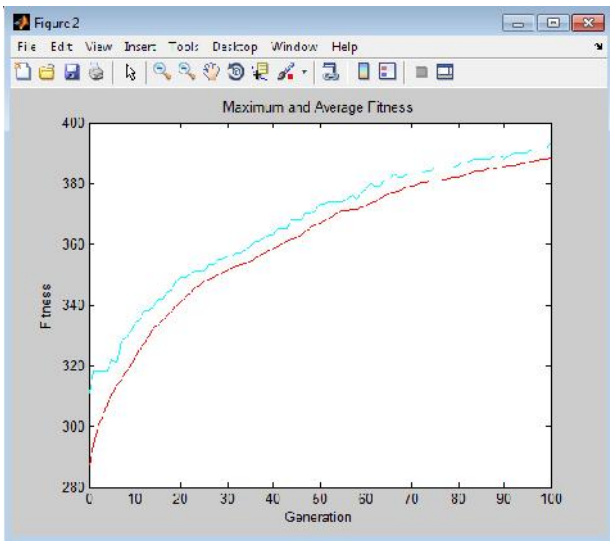
รูปที่ 13 ค่าความเหมาะสมที่ประชากรความยาว 200 ของ BGGa

การทดลองด้วยวิธีการแบ่งยีนในวิธีการเชิงพันธุกรรม ที่ประชากรความยาว 200 พบว่าสามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ในรุ่นที่ 67



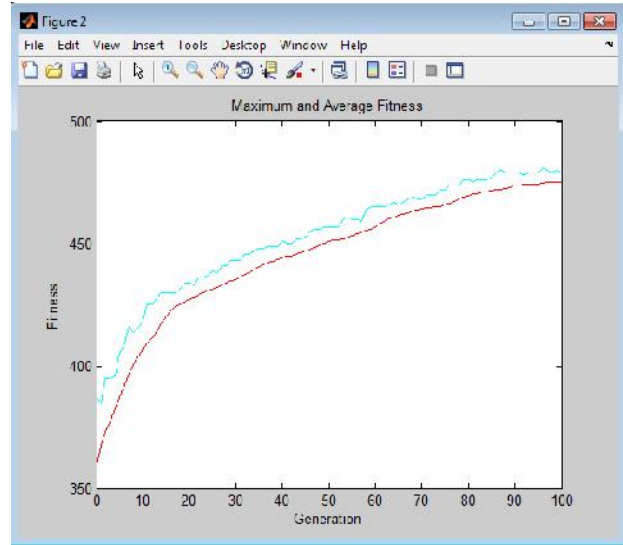
รูปที่ 14 ค่าความเหมาะสมที่ประชากรความยาว 300 ของ BGA

การทดลองด้วยวิธีการแบ่งยีนในวิธีการเชิงพันธุกรรม ที่ประชากรความยาว 300 พบว่าไม่สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ แต่พบคำตอบที่มีค่าความเหมาะสมสูงสุดในรุ่นที่ 98



รูปที่ 15 ค่าความเหมาะสมที่ประชากรความยาว 400 ของ BGA

การทดลองด้วยวิธีการแบ่งยีนในวิธีการเชิงพันธุกรรม ที่ประชากรความยาว 400 พบว่าไม่สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ แต่พบคำตอบที่มีค่าความเหมาะสมสูงสุดในรุ่นที่ 100



รูปที่ 16 ค่าความเหมาะสมที่ประชากรความยาว 500 ของ BGA

การทดลองด้วยวิธีการแบ่งยีนในวิธีการเชิงพันธุกรรม ที่ประชากรความยาว 500 พบว่าไม่สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ แต่พบคำตอบที่มีค่าความเหมาะสมสูงสุดในรุ่นที่ 96

จากการทดลองเมื่อมีการปรับปรุงประชากรตั้งต้นของวิธีการเชิงพันธุกรรมด้วยวิธีการแบ่งยีนเรียบร้อยแล้วพบว่า ในทุกความยาวของประชากร คือ 100 200 300 400 และ 500 นั้น มีค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของประชากรเพิ่มมากขึ้นในทุกช่วงความยาว และมีค่าความเหมาะสมสูงสุดของประชากรที่ได้มากกว่าประชากรของวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย โดยในชุดประชากรที่มีความยาว 100 และ 200 นั้น ทั้ง 2 วิธีสามารถค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาได้ แต่ในอีก 3 ชุดประชากร คือ 300 400 และ 500 นั้น ทั้ง 2 วิธียังไม่สามารถค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาได้ แสดงได้ดังตารางที่ 1

ตารางที่ 1 เปรียบเทียบค่าความเหมาะสมของวิธีการเชิงพันธุกรรมแบบเดิมและวิธีการเชิงพันธุกรรมที่ได้มีการปรับปรุง

ความยาวประชากร	ค่าความเหมาะสมสูงสุด SGA	ค่าความเหมาะสมสูงสุด BGA
100	100	100
200	200	200
300	287	299
400	363	393
500	438	481

จากตารางที่ 1 จะเห็นได้ชัดว่ายิ่งความยาวของประชากรเพิ่มขึ้น การปรับปรุงประชากรของวิธีการเชิงพันธุกรรมสามารถช่วยให้ค่าความเหมาะสมของคำตอบเพิ่มมากขึ้นอย่างเห็นได้ชัด โดยที่ความยาว 100 และ 200 นั้น ประชากรของวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่ายและประชากรของที่ได้จากวิธีการแบ่งยีนนั้นจะสามารถหาคำตอบที่เป็นค่าที่ดี

ที่สุดได้เหมือนกัน แต่เมื่อความยาวของประชากรเป็น 300 400 และ 500 ทั้ง 2 วิธีไม่สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาได้ แต่จะเห็นได้ชัดว่าวิธีการแบ่งยีนส์ในวิธีการเชิงพันธุกรรมจะสามารถหาคำตอบที่มีค่าความเหมาะสมได้ดีกว่าคำตอบของวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย

### 5. สรุป

บทความนี้ได้นำเสนอขั้นตอนในการเพิ่มคุณภาพให้กับคำตอบของวิธีการเชิงพันธุกรรมด้วยวิธีการแบ่งยีนส์ในวิธีการเชิงพันธุกรรม ทั้งนี้เพื่อมุ่งหวังในการเพิ่มประสิทธิภาพให้กับคำตอบที่ได้จากวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่ายโดยพิจารณาจากค่าความเหมาะสม โดยทำการทดลองกับปัญหาจำนวนบิตหนึ่งมากที่สุด ซึ่งเป็นปัญหาที่นิยมใช้ในการทดสอบประสิทธิภาพของวิธีการเชิงพันธุกรรม

จากการทำการทดลองกับปัญหาจำนวนบิตหนึ่งมากที่สุดที่ความยาวแตกต่างกันตั้งแต่ 100 200 300 400 และ 500 ตามลำดับ เปรียบเทียบค่าความเหมาะสมกับคำตอบที่ได้จากวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย กำหนดประชากรทั้งหมด 100 รุ่น แต่ละรุ่นมีประชากร 100 ตัว ใช้การคัดเลือกแบบเฟ้นสุ่มสากล กำหนดอัตราการข้ามสายพันธุ์ที่ 0.7 และอัตราการกลายพันธุ์ที่ 0.003

จากการทดลองพบว่า ในชุดประชากรที่มีความยาว 100 และ 200 นั้น ทั้ง 2 วิธีสามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาได้เหมือนกัน แต่ในชุดประชากร 300 400 และ 500 นั้น ทั้ง 2 วิธีไม่สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาได้ แต่ในส่วนของค่าความเหมาะสมของคำตอบที่หาได้นั้นวิธีการแบ่งยีนส์ในวิธีการเชิงพันธุกรรมสามารถหาคำตอบที่มีค่าความเหมาะสมสูงกว่าวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่ายทั้ง 3 ชุดประชากร

อย่างไรก็ตาม วิธีการแบ่งยีนส์ในวิธีการเชิงพันธุกรรมนั้นเป็นแนวคิดเบื้องต้น ในบทความนี้ได้ทดลองกับข้อมูลทดสอบขั้นต้น ยังต้องมีการทดลองต่อไปกับข้อมูลที่มีขนาดใหญ่ขึ้น หรือข้อมูลที่ต้องเข้ารหัสโครโมโซมในรูปแบบ Value Encoding ต่อไปในอนาคต เพื่อทดสอบประสิทธิภาพว่าจะสามารถหาคำตอบได้มีประสิทธิภาพกว่าวิธีการเชิงพันธุกรรมอย่างง่ายหรือวิธีการอื่นๆ ที่มีอยู่ในปัจจุบันหรือไม่

### 6. กิตติกรรมประกาศ

ผู้เขียนขอขอบคุณคณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยรามคำแหง โดยผู้ช่วยศาสตราจารย์พิศิษฐ์ แสง-ชูโต คณบดีคณะวิศวกรรมศาสตร์ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ศิโรตม์ เกตุแก้ว รองคณบดีฝ่ายวิชาการและวิจัย รวมถึงอาจารย์ ดร.เกียรติชัย อัทธายุวัฒน์ ประธานสาขาวิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์สำหรับการสนับสนุนในการศึกษา ค้นคว้า และวิจัยผลงานชิ้นนี้ให้สำเร็จลุล่วงเป็นอย่างดี

ผู้เขียนขอขอบพระคุณรองศาสตราจารย์ ดร.เอื้อน ปิ่นเงิน ผู้อำนวยการสถาบันคอมพิวเตอร์ มหาวิทยาลัยรามคำแหง อาจารย์ผู้สั่งสอน สนับสนุน และให้ความรู้กับผู้เขียนมาโดยตลอด

### เอกสารอ้างอิง

- [1] Negnevitsky M, "Artificial Intelligence", 1, pp 138-144.
- [2] G.Shamsollah and K.Maryan, 2008, "A new Approach to Evolutionary Based Algorithm "Bisected Algorithm"", The 12<sup>th</sup> WSEAS International Conference on Computer, Heraklion, Greece, 23- 25 July, 2008.
- [3] K.Maryan and G.Shamsollah, 2009, "A new aspect of Genetic Algorithm", The 2<sup>nd</sup> International Conference on Computer Science and Information Technology, Beijing, China, 8- 11 August, 2009.
- [4] นริศ กุณาศล, นรเศรษฐ สุวรรณิก และประภาส จงสถิตย์วัฒนา, 2548, "การเข้ารหัสแบบ LZW ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม", การประชุมทางวิชาการทางวิศวกรรมไฟฟ้า ครั้งที่ 28, ภูเก็ต, ประเทศไทย, 20- 21 ตุลาคม, 2548.
- [5] เรืองชัย มุทพหัตถการ และพยุ มีสัง, 2550, "การจัดตารางสอนอัตโนมัติในมหาวิทยาลัยโดยใช้จิงเนติกอัลกอริทึมแบบหลายจุดประสงค์", วารสารเทคโนโลยีสารสนเทศ สจพ. , 6, 2550, หน้า 28 – 33.
- [6] วรายุ อินทวงค์, บุญช่วย ศรีธรรมศักดิ์ และเอื้อน ปิ่นเงิน, "การจัดตารางสอบด้วยวิธีไบเซ็คติงเคมินส์", The Joint Conference on Computer Science and Software Engineering (JCSSE), กรุงเทพฯ, ประเทศไทย, 12- 14 พฤษภาคม, 2553.
- [7] วรายุ อินทวงค์, บุญช่วย ศรีธรรมศักดิ์ และเอื้อน ปิ่นเงิน, "การปรับปรุงวิธีการเชิงพันธุกรรมด้วยวิธีไบเซ็คติงเคมินส์สำหรับการจัดตารางสอบ", The National Computer Science and Engineering Conference 2010 (NCSEC), เชียงใหม่, ประเทศไทย, 17- 19 พฤศจิกายน, 2553.
- [8] สุนิสา รีมเจริญ, 2555, "ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบกระชับและการประยุกต์", วารสารวิทยาศาสตร์บูรพา มหาวิทยาลัยบูรพา , 2, 2554, หน้า 205 – 211.