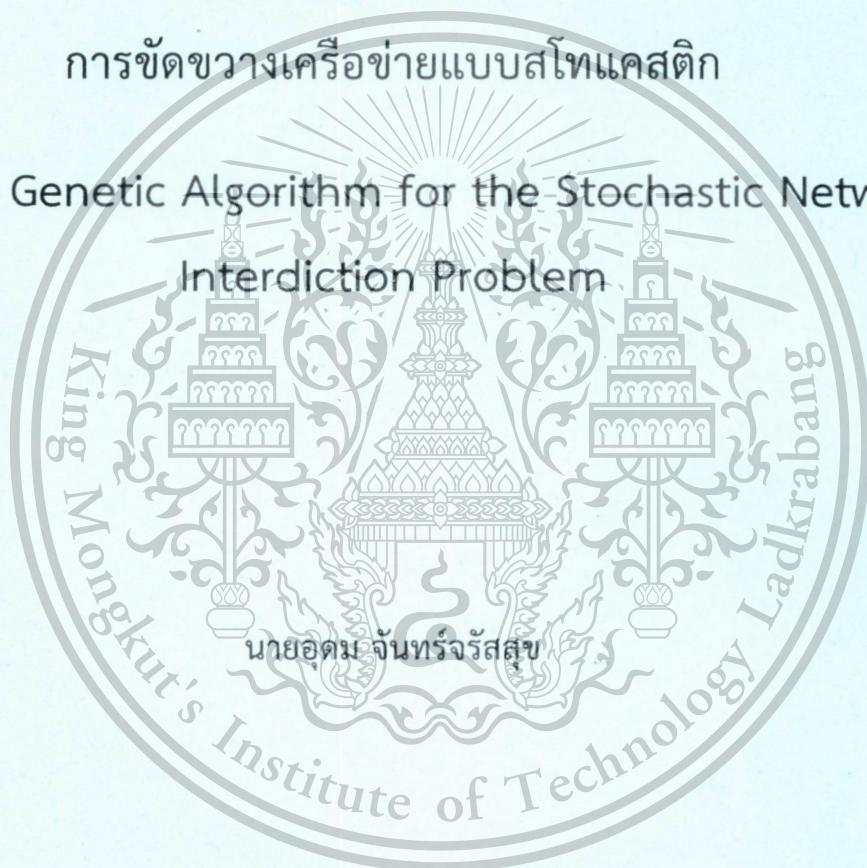


รายงานการวิจัย

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบขนานสำหรับปัญหา

การขัดขวางเครือข่ายแบบสโตแคสติก

Parallel Genetic Algorithm for the Stochastic Network
Interdiction Problem



ได้รับทุนสนับสนุนงานวิจัยจากเงินงบประมาณแผ่นดินหรือรายได้ประจำปี

งบประมาณ 2556

คณะวิศวกรรมศาสตร์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

สำนักหอสมุดกลาง พระจอมเกล้าลาดกระบัง

ชื่อโครงการวิจัย: ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบขนานสำหรับปัญหาการขีดขวางเครือข่ายแบบ
สโทแคสติค

หัวหน้าโครงการวิจัย: ดร.อุดม จันทร์จรัสสุข

สาขาวิชาวิศวกรรมอุตสาหการ คณะวิศวกรรมศาสตร์

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

บทคัดย่อ

ปัญหาการขีดขวางเครือข่ายแบบสโทแคสติคเป็นการศึกษาปัญหาเครือข่ายเพื่อหากลยุทธ์ในการ
ขีดขวางเส้นทางบนเครือข่ายโดยมีเป้าหมายเพื่อลดการไหลหรือการลำเลียงสิ่งของจากต้นทางไปยังปลาย
ทางผ่านเครือข่ายภายใต้ความไม่แน่นอนและงบประมาณที่จำกัด ซึ่งในงานวิจัยนี้พิจารณาถึงความไม่
แน่นอนของความสำเร็จในการขีดขวาง งานวิจัยนี้ได้นำเสนอวิธีแก้ปัญหานี้โดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่
สามารถทำงานบนระบบคอมพิวเตอร์แบบกริด (Grid Computing) โดยแบ่งโปรแกรมในการแก้ปัญหา
ออกเป็น 2 โปรแกรมคือ โปรแกรมหลักที่ทำหน้าที่หาที่ไหลสูงที่สุดในการขีดขวาง โดยอาศัยกระบวนการตาม
ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม และโปรแกรมงานย่อยที่ทำหน้าที่ประเมินค่าการไหลสูงที่สุดของเครือข่ายตามกล
ยุทธ์ที่กำหนดให้ภายใต้ความไม่แน่นอนของเหตุการณ์ที่เกิดขึ้น โดยใช้วิธีการหาการไหลสูงที่สุดของฟอร์ด -
เฟอลเกอส์สัน (Ford - Fulkerson) งานวิจัยนี้ได้ทำการทดสอบขั้นตอนวิธีที่นำเสนอโดยใช้ตัวอย่างปัญหา
จากงานวิจัยอื่นที่เกี่ยวข้อง และจากผลการทดลองพบว่า วิธีที่นำเสนอในงานวิจัยนี้สามารถค้นหาคำตอบได้
อย่างรวดเร็วและคำตอบที่ได้มีคุณภาพดีในระดับที่น่าพอใจ

RCM

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารฉบับนี้ในการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

Research Topic: Parallel Genetic Algorithm for the Stochastic Network Interdiction Problem

Head of Research Team: Dr. Udom Janjarassuk (Ph.D.)

Industrial Engineering Faculty of Engineering

King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang

Abstract

The stochastic network interdiction problem involves finding an interdiction strategy on the arcs of a network in order to reduce the maximum amount of flow from a source node to a sink node, subject to uncertainties a limited budget constraint. In this research, the uncertain in the successful of the interdiction is considered. A parallel genetic algorithm is proposed to solve this problem. The algorithm, which is implemented on a computational grid environment, consists of a master program and a sub-program. The master program aims to find an interdiction strategy bases on the genetic algorithm procedures. The strategies are evaluated under a given set of scenarios by the sub-program, which involves finding the maximum flow of the network by using the Ford-Fulkerson algorithm. The proposed method is tested by using test instances from related research. The results show that the proposed method is generally fast and the quality of solutions is good.

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

สารบัญ

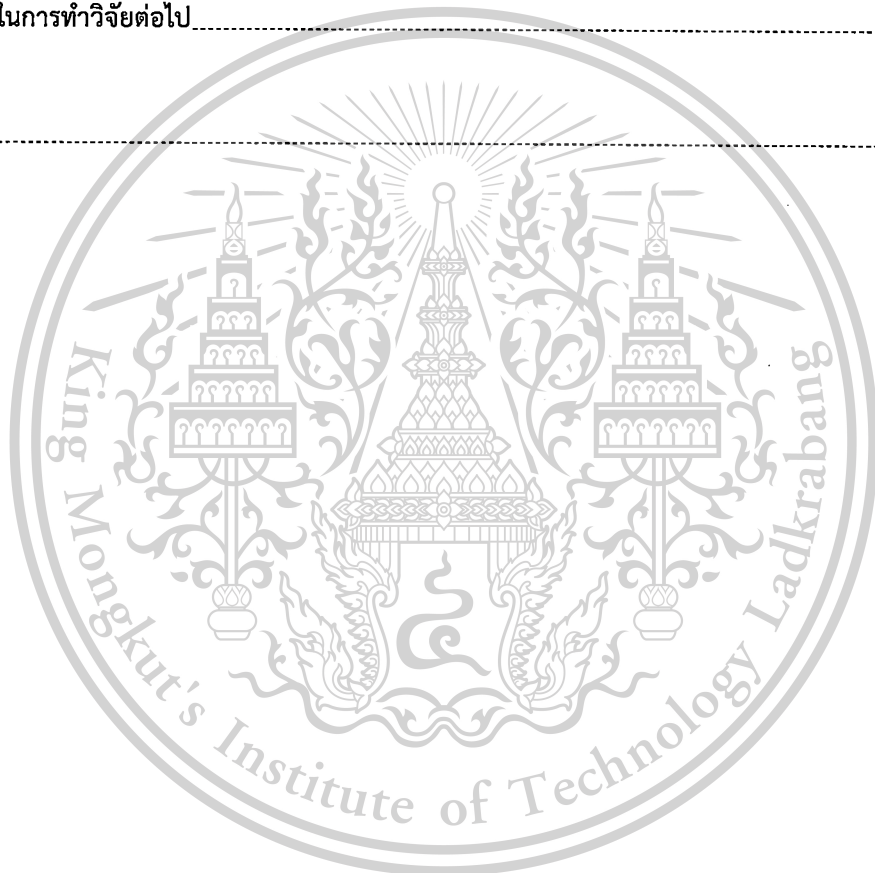
เรื่อง	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	ก
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	ข
สารบัญ.....	ค
สารบัญตาราง.....	จ
สารบัญรูป.....	ฉ
บทที่ 1 บทนำ	
1.1 หลักการและเหตุผลของโครงการวิจัย.....	1
1.2 วัตถุประสงค์ของโครงการวิจัย.....	2
1.3 ขอบเขตของโครงการวิจัย.....	3
1.4 ประโยชน์ที่ได้รับจากโครงการวิจัย.....	3
บทที่ 2 ปัญหาและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	
2.1 ปัญหาการขัดขวางเครือข่าย.....	4
2.2 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม.....	9
2.3 การทบทวนวรรณกรรมที่เกี่ยวข้อง.....	22
บทที่ 3 วิธีการดำเนินวิจัย	
3.1 การแทนปัญหาในรูปแบบบนคอมพิวเตอร์.....	26
3.2 การกำหนดรูปแบบโครโมโซม.....	27
3.3 การแลกเปลี่ยนสายพันธุ.....	27
3.4 การกลายพันธุ.....	31
3.5 ฟังก์ชันความแข็งแรง.....	32
3.6 การคัดเลือกโครโมโซม.....	32
3.7 การสุ่มตัวอย่างเหตุการณ์.....	33
3.8 การพัฒนาขั้นตอนวิธีบนระบบคอมพิวเตอร์แบบขนาน.....	34

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

บทที่ 4 การทดลองและผลการทดลอง	
4.1 ระบบคอมพิวเตอร์ที่ใช้ในการประมวลผล.....	36
4.2 ตัวอย่างปัญหาที่ใช้ในการทดลอง.....	37
4.3 การทดลองและผลการทดลอง.....	39
4.4 สรุปผลการทดลอง.....	40
บทที่ 5 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ	
5.1 สรุปผลการวิจัย.....	42
5.2 แนวโน้มในการทำวิจัยต่อไป.....	42
บรรณานุกรม.....	44



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

สารบัญตาราง

	หน้า
ตารางที่ 2.1 ค่าการลำเลียงจาก s ไป t ในแต่ละกลยุทธ์ของการขัดขวาง.....	6
ตารางที่ 2.2 ค่าคาดหวังของการลำเลียงจาก s ไป t ในแต่ละกลยุทธ์ของการขัดขวาง.....	8
ตารางที่ 2.3 ค่าศัพท์เฉพาะของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับค่าศัพท์ทางพันธุศาสตร์.....	10
ตารางที่ 4.1 ลักษณะของปัญหาทดสอบ.....	39
ตารางที่ 4.2 ผลการทดลองจากการประเมินเหตุการณ์ทั้งหมด.....	39
ตารางที่ 4.3 ผลการทดลองจากการประเมินเหตุการณ์จากการสุ่ม.....	40



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

สารบัญรูป

หน้า

รูปที่ 2.1	เครือข่ายแบบดีเทอร์มินิสติก.....	5
รูปที่ 2.2	รูปแบบของเครือข่าย.....	6
รูปที่ 2.3	ตัวอย่างแผนผังต้นไม้ของสถานการณ์ที่ได้จากการใช้กลยุทธ์การขัดขวาง.....	7
รูปที่ 2.4	ผังการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม	11
รูปที่ 2.5	รูปแบบของโครโมโซม.....	12
รูปที่ 2.6	ตัวอย่างการเข้ารหัสโครโมโซม	12
รูปที่ 2.7	วงล้อรูเล็ต.....	13
รูปที่ 2.8	การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ตและการคัดเลือกโดยการชักตัวอย่างทุกตัวแบบสโตแคสติก.....	15
รูปที่ 2.9	ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบ 1 จุด.....	16
รูปที่ 2.10	ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบ 2 จุด.....	16
รูปที่ 2.11	ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบเอกรูป.....	17
รูปที่ 2.12	ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบ 3 โครโมโซม.....	18
รูปที่ 2.13	ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบจัดคู่เป็นส่วน.....	19
รูปที่ 2.14	ตัวอย่างแผนภาพความสัมพันธ์ของยีนที่ถูกสับเปลี่ยน.....	19
รูปที่ 2.15	ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบจัดคู่เป็นส่วนที่มีการสลับค่าซ้ำ.....	19
รูปที่ 2.16	ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบใช้ลำดับเป็นพื้นฐาน.....	20
รูปที่ 2.17	ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบวิภูจักร.....	21
รูปที่ 2.18	ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบเลขฐานสอง.....	22
รูปที่ 3.1	ระบบเครือข่ายคอมพิวเตอร์.....	25
รูปที่ 3.2	ตัวอย่างปัญหาเครือข่ายแบบสโตแคสติก.....	26
รูปที่ 3.3	รูปแบบในการแทนปัญหาเครือข่ายแบบสโตแคสติก.....	27
รูปที่ 3.4	ตัวอย่างของโครโมโซมสำหรับปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตแคสติก.....	27
รูปที่ 3.5	ตัวอย่างวิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบหนึ่งจุดโดยใช้ลำดับเป็นพื้นฐาน.....	29
รูปที่ 3.6	ตัวอย่างวิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบเอกรูปโดยใช้ลำดับเป็นพื้นฐาน.....	30
รูปที่ 3.7	ตัวอย่างวิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบสุ่ม.....	31
รูปที่ 3.8	การกลายพันธุ์แบบเปลี่ยนค่า.....	31
รูปที่ 3.9	ตัวอย่างปัญหาที่ได้จากการสุ่ม.....	33
รูปที่ 3.10	ผังการทำงานของโปรแกรมหลักและโปรแกรมงานย่อย.....	35
รูปที่ 4.1	แบบของโครงสร้างสำหรับระบบคอมพิวเตอร์.....	36
รูปที่ 4.2	รูปถ่ายของระบบคอมพิวเตอร์ที่ได้สร้างขึ้น.....	37
รูปที่ 4.3	ตัวอย่างปัญหาเครือข่ายแบบสโตแคสติกขนาด 7x5 (SNIP7x5).....	38
รูปที่ 4.4	ตัวอย่างปัญหาเครือข่ายแบบสโตแคสติกขนาด 4x9 (SNIP4x9).....	38

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์ไว้สำหรับใช้ภายในเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

บทที่ 1

บทนำ

1.1 หลักการและเหตุผลของโครงการวิจัย

ปัญหาการขัดขวางเครือข่าย (Network Interdiction Problem) เป็นปัญหาที่พบบ่อยในระบบการขนส่งและคมนาคม ระบบการสื่อสาร รวมทั้งปัญหาที่เกี่ยวข้องกับการลักลอบขนยาเสพติดหรือสิ่งผิดกฎหมาย และการค้าแรงงานผิดกฎหมาย เป็นต้น รูปแบบของปัญหาการขัดขวางเครือข่ายคือเป็นปัญหาการตัดสินใจ (Decision Problem) ที่เกี่ยวข้องกับการเลือกจุดหรือเส้นทางบนเครือข่ายที่ต้องการขัดขวางเพื่อลดปริมาณการไหลของ Flow จากต้นทางไปยังปลายทางให้ได้มากที่สุด ยกตัวอย่างเช่น ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายการลักลอบขนยาเสพติด ซึ่งประกอบด้วยผู้ที่เกี่ยวข้องสองฝ่ายคือ ตำรวจและผู้ร้าย โดยฝ่ายผู้ร้ายต้องการลำเลียงยาเสพติดผ่านเครือข่ายจากต้นทางไปยังปลายทางให้ได้มากที่สุด ในขณะที่ฝ่ายตำรวจต้องการเลือกจุดตั้งด่านสกัดเพื่อลดปริมาณยาเสพติดที่ถูกลักลอบไปได้ให้มากที่สุด โดยมีข้อจำกัดของงบประมาณและกำลังพลต่อจำนวนจุดที่สามารถตั้งด่านสกัด

ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตแคสติก (Stochastic Network Interdiction Problem) เป็นปัญหาที่เพิ่มเติมจากปัญหาการขัดขวางเครือข่ายโดยคำนึงถึงข้อมูลที่มีค่าไม่แน่นอน ซึ่งมักเกิดขึ้นกับปัญหาจริงและเป็นสิ่งที่หลีกเลี่ยงไม่ได้ เช่น ความสามารถในการลำเลียงที่ไม่แน่นอนบนแต่ละเส้นทาง ความล้มเหลวในการตั้งด่านสกัด เป็นต้น การที่ต้องพิจารณาความไม่แน่นอนในปัญหาการขัดขวางเครือข่ายทำให้ลักษณะของปัญหามีความซับซ้อนมากขึ้น โดยค่าความไม่แน่นอนจะถูกจำลอง (model) ในลักษณะของพารามิเตอร์สุ่ม (Random Parameter) ซึ่งขึ้นอยู่กับค่าความน่าจะเป็นตามการแจกแจงที่กำหนดไว้ โดยทั่วไปแล้ว การแจกแจงของข้อมูลที่มีค่าไม่แน่นอนจะได้รับการเก็บข้อมูลทางสถิติ ดังนั้น ความถูกต้องของข้อมูลจึงมีส่วนสำคัญต่อคำตอบที่ได้จากการแก้ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตแคสติก

เนื่องจากในทางปฏิบัติ ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตแคสติกมักมีพารามิเตอร์สุ่มมากกว่า 1 ตัว ทำให้จำนวนสถานการณ์ (Scenario) ที่เป็นไปได้เพิ่มขึ้น ซึ่งเป็นสาเหตุหลักที่ทำให้ปัญหามีขนาดใหญ่ ยกตัวอย่างเช่น ปัญหาที่ประกอบด้วยพารามิเตอร์สุ่มเพียง 5 ตัว โดยที่แต่ละตัวมีค่าที่เป็นไปได้เพียง 10 ค่า จะทำให้มีจำนวนสถานการณ์ที่เป็นไปได้ทั้งหมด 10^5 สถานการณ์ ดังนั้น การแก้ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตแคสติกโดยที่คำนึงถึงสถานการณ์ที่เป็นไปได้ทั้งหมดจึงเป็นเรื่องยาก

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น เมื่อผู้ใดเห็นประโยชน์หรือข้อผิดพลาดประการใด กรุณาแจ้งผู้จัดทำเอกสารทราบโดยทันที ไม่สามารถแก้ไขหรือเปลี่ยนแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

คำตอบโดยวิธีประมาณค่าเฉลี่ยจากการสุ่ม (Sample average approximation) ซึ่งอาศัยวิธีการสุ่มตัวอย่าง (Sampling Method) จากสถานการณ์บางส่วน และหาค่าเฉลี่ยจากจำนวนตัวอย่างที่สุ่ม ทำให้คำตอบที่ได้เป็นเพียงค่าประมาณเท่านั้น ความถูกต้องของคำตอบขึ้นอยู่กับปัจจัยหลัก 2 ปัจจัยคือ 1) จำนวนสถานการณ์ (Number of scenarios) หรือขนาดของตัวอย่าง (Sample size) และ 2) จำนวนตัวอย่าง (Number of samples) โดยขนาดของตัวอย่างจะมีผลโดยตรงกับคุณภาพของคำตอบที่ได้ ในขนาดที่จำนวนตัวอย่างจะเป็นตัวบ่งบอกถึงระดับความน่าเชื่อถือของคำตอบ ซึ่งทั้งสองปัจจัยนี้เป็นตัวแปรสำคัญต่อเวลาที่ต้องใช้ในการหาคำตอบ โดยเฉพาะขนาดของตัวอย่าง ซึ่งจะทำให้เวลาเพิ่มขึ้นแบบชี้กำลัง(Exponential) เมื่อขนาดของตัวอย่างเพิ่มขึ้น

นอกจากนี้ ชนิดของตัวแปรตัดสินใจ (Decision variable) ในการเลือกจุดที่ต้องการขีดขวางบนเครือข่ายก็เป็นอีกสาเหตุหนึ่งที่ทำให้การหาคำตอบของปัญหาการขีดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติคต้องใช้เวลานานเนื่องจากเป็นตัวแปรทวิภาค (Binary variable) ซึ่งทำให้รูปแบบของปัญหากลายเป็นปัญหาคำหนดการเชิงจำนวนเต็ม 0-1 (0-1 Integer Program) ปัญหาคำหนดการเชิงจำนวนเต็ม 0-1 จัดอยู่ในปัญหาประเภท NP-complete ซึ่งเป็นปัญหาที่ยากที่สุดในปัญหาประเภท NP

จากเหตุผลที่กล่าวมาแล้วข้างต้น ทำให้ปัญหาการขีดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติคเป็นปัญหาที่ต้องใช้เวลาในการหาคำตอบนาน ถึงแม้ว่าจะมีการนำวิธีการประมวลผลแบบขนานมาใช้แล้วก็ตาม ยกตัวอย่างเช่น ปัญหาเครือข่ายที่มีจุดเชื่อมต่อ (Node) แบบตารางขนาด 20 คูณ 20 และมีขนาดของตัวอย่างเท่ากับ 500 สถานการณ์ ต้องใช้เวลานานกว่า 6 ชั่วโมงโดยใช้หน่วยประมวลผล 40 ตัว [1] ดังนั้น การแก้ปัญหาการขีดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติคจึงถูกจำกัดเพียงปัญหาที่มีขนาดเล็กเท่านั้น ซึ่งเป็นอุปสรรคในการนำไปใช้ในทางปฏิบัติ

ดังนั้น ผู้วิจัยจึงเสนองานวิจัยนี้เพื่อแก้ปัญหาค่าความล่าช้าในการแก้ปัญหาการขีดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติค โดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการประมวลผลแบบขนานในการหาคำตอบ ซึ่งขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นวิธีที่สามารถหาคำตอบได้เร็วและง่ายต่อการปรับใช้กับปัญหาที่ประกอบด้วยตัวแปรทวิภาค อีกทั้งยังง่ายต่อการพัฒนาให้ทำงานบนระบบประมวลผลแบบขนาน ซึ่งจะช่วยเร่งให้การหาคำตอบทำได้เร็วขึ้นและสามารถแก้ปัญหามีขนาดใหญ่ขึ้นได้

1.2 วัตถุประสงค์ของโครงการวิจัย

1. เพื่อศึกษาปัญหาการขีดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติค
2. เพื่อพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการแก้ปัญหาการขีดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติค
3. เพื่อทดลองแก้ปัญหาการขีดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติคและศึกษาผลกระทบของขนาด

ตัวอย่างปัญหาต่อเวลาที่ใช้ในการหาคำตอบ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

4. เพื่อลดเวลาในการหาคำตอบของปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติงให้อยู่ในระดับที่สามารถนำไปประยุกต์ใช้งานได้จริง

1.3 ขอบเขตของโครงการวิจัย

1. ศึกษาปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติงโดยที่ความสำเร็จของการขัดขวางมีความไม่แน่นอน
2. พัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบขนานในการแก้ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติง
3. เปรียบเทียบผลการทดลองกับปัญหาที่เกี่ยวข้องในวรรณกรรมทั้งในด้านของคุณภาพของคำตอบและเวลาที่ใช้ในการหาคำตอบ

1.4 ประโยชน์ที่ได้รับจากโครงการวิจัย

1. สามารถนำไปประยุกต์ใช้แก้ปัญหาจริงได้ เช่น การสกัดการลักลอบขนยาเสพติด การตั้งด่านตรวจแรงงานเข้าเมืองผิดกฎหมาย
2. ช่วยลดเวลาในการหาคำตอบสำหรับปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติง ทำให้สามารถนำไปใช้กับปัญหาที่มีขนาดใหญ่ได้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

บทที่ 2

ปัญหาและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

เพื่อให้เกิดความเข้าใจในทิศทางเดียวกัน ในบทนี้จะเป็นการทบทวนเกี่ยวกับปัญหาการขัดขวางเครือข่าย รูปแบบของปัญหาการขัดขวางเครือข่าย ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม และงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการแก้ปัญหาการขัดขวางเครือข่าย รวมทั้งงานวิจัยที่ประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการแก้ปัญหา ซึ่งเป็นแนวทางสำหรับใช้ในงานวิจัยนี้

2.1 ปัญหาการขัดขวางเครือข่าย

ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายเป็นการหาวิธีหยุดยั้งหรือขัดขวางกิจกรรมของฝ่ายตรงข้ามบนเครือข่ายเพื่อหยุดยั้งหรือลดปริมาณกิจกรรมของฝ่ายตรงข้ามให้ได้มากที่สุด ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายสามารถเขียนแทนด้วยแบบจำลองเครือข่าย (Network model) ซึ่งรูปแบบของปัญหาจะเกี่ยวข้องกับคนสองฝ่ายคือ ผู้ไล่ล่า กับผู้ถูกล่า (เช่น ตำรวจกับผู้ลักลอบในกรณีปัญหาที่เกี่ยวข้องกับยาเสพติด) โดยผู้ถูกล่ามีวัตถุประสงค์เพื่อเพิ่มปริมาณตามเป้าหมายที่ตั้งไว้ให้ได้สูงสุด (Maximization) เช่นการขนส่งลำเลียงยาเสพติดผ่านเครือข่ายให้เร็วที่สุดเท่าที่เป็นไปได้ (โดยใช้เส้นทางที่สั้นที่สุดบนเครือข่าย) หรือผู้ถูกล่าต้องการเพิ่มปริมาณของยาเสพติดที่ส่งผ่านเครือข่ายให้มากที่สุด (โดยใช้หลายเส้นทางเพื่อหลบเลี่ยงการถูกตรวจค้นของเจ้าหน้าที่ตำรวจ) ส่วนผู้ไล่ล่ามีวัตถุประสงค์ในทิศทางตรงกันข้ามคือ ต้องการลดปริมาณตามเป้าหมายของผู้ถูกล่าให้ได้มากที่สุด (Minimization)

ที่มาของปัญหาการขัดขวางเครือข่ายเริ่มต้นด้วยการประยุกต์ใช้งานทางทหาร ซึ่งใช้ในการหยุดชะงักการลำเลียงของกองกำลังศัตรู และถูกนำไปประยุกต์ใช้ในการควบคุมโรคติดเชื้อ การต่อต้านการก่อการร้าย การสกัดกั้นของรายการผิดกฎหมาย เช่น ยาเสพติด อาวุธ หรือวัสดุนิวเคลียร์ [2]

2.1.1 ประเภทของปัญหาการขัดขวางเครือข่าย

ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายสามารถจัดอยู่ในรูปของแผนผังเพื่อแสดงถึงเส้นทางการลำเลียงจากจุดต้นทางไปยังจุดปลายทาง ซึ่งรูปแบบของปัญหาการขัดขวางเครือข่ายสามารถแบ่งออกเป็นสองกรณี คือ ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบดีเทอร์มินิสติก (Deterministic Network Interdiction Problem, DNIP) [3] และปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตแคสติก (Stochastic Network Interdiction Problem, SNIP) [4]

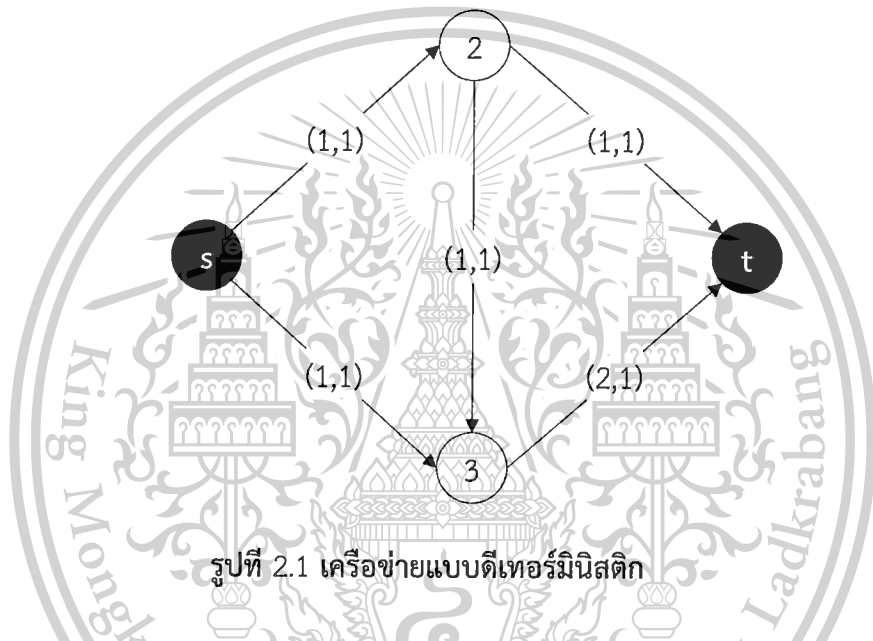
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

2.1.1.1 ปัญหาการตัดขวางเครือข่ายแบบดีเทอร์มินิสติก

ปัญหาการตัดขวางเครือข่ายแบบดีเทอร์มินิสติก (DNIP) เป็นปัญหาเครือข่ายที่ระบุความแน่นอนของข้อมูลที่ใช้ในการแก้ปัญหา ในการอธิบายปัญหาการตัดขวางเครือข่ายแบบดีเทอร์มินิสติก สามารถพิจารณาจากตัวอย่างเครือข่ายดังรูปที่ 2.1 ซึ่งประกอบด้วยโหนดต้นทาง s โหนดปลายทาง t และโหนด 2, 3 อยู่ระหว่างโหนด s และโหนด t โดยแต่ละเส้นเชื่อมระหว่างโหนดหนึ่งไปยังอีกโหนดหนึ่งจะระบุขนาดของการลำเลียง และค่าใช้จ่ายในการตัดขวางตามลำดับ



สำหรับเครือข่ายในรูปที่ 2.1 ประกอบด้วย 5 เส้นทางลำเลียง ดังนั้นจำนวนกลยุทธ์การตัดขวางที่เป็นไปได้มีทั้งหมด (2^5) เท่ากับ 32 กลยุทธ์ ตัวอย่างเช่น สมมติว่างบประมาณที่ใช้ในการตัดขวางเท่ากับ 2 หน่วย (แต่ละกลยุทธ์การตัดขวางสามารถตัดขวางเส้นเชื่อมทางการลำเลียงได้ 2 เส้นทาง) ดังนั้นจำนวนกลยุทธ์การตัดขวางทั้งหมดเท่ากับ $\binom{5}{2} = 10$ ได้แก่ $\{(s, 2) (s, 3)\}$, $\{(s, 2) (2, 3)\}$, $\{(s, 2) (2, t)\}$, $\{(s, 2) (3, t)\}$, $\{(s, 3) (2, 3)\}$, $\{(s, 3) (2, t)\}$, $\{(s, 3) (3, t)\}$, $\{(2, 3) (2, t)\}$, $\{(2, 3) (3, t)\}$ หรือ $\{(2, t) (3, t)\}$ ค่าการลำเลียงจากจุดต้นทางไปยังจุดปลายทางหลังจากการตัดขวางตามกลยุทธ์ต่างๆ สามารถแสดงได้ดังตารางที่ 2.1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

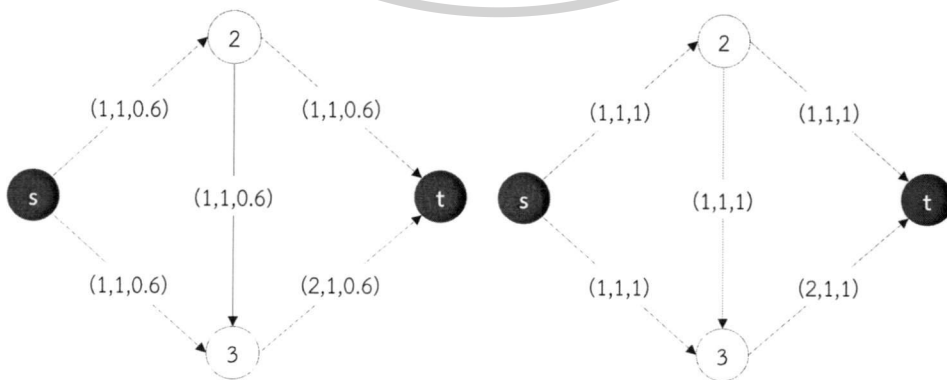
Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

ตารางที่ 2.1 ค่าการลำเลียงจาก s ไป t ในแต่ละกลยุทธ์ของการขัดขวาง

กลยุทธ์การขัดขวาง	การลำเลียงของ เครือข่าย s-t	กลยุทธ์การขัดขวาง	การลำเลียงของ เครือข่าย s-t
$\{(s,2), (s,3)\}$	0	$\{(s,3), (2,t)\}$	1
$\{(s,2), (2,3)\}$	1	$\{(s,3), (3,t)\}$	1
$\{(s,2), (2,t)\}$	1	$\{(2,3), (2,t)\}$	1
$\{(s,2), (3,t)\}$	0	$\{(2,3), (3,t)\}$	1
$\{(s,3), (2,3)\}$	1	$\{(2,t), (3,t)\}$	0

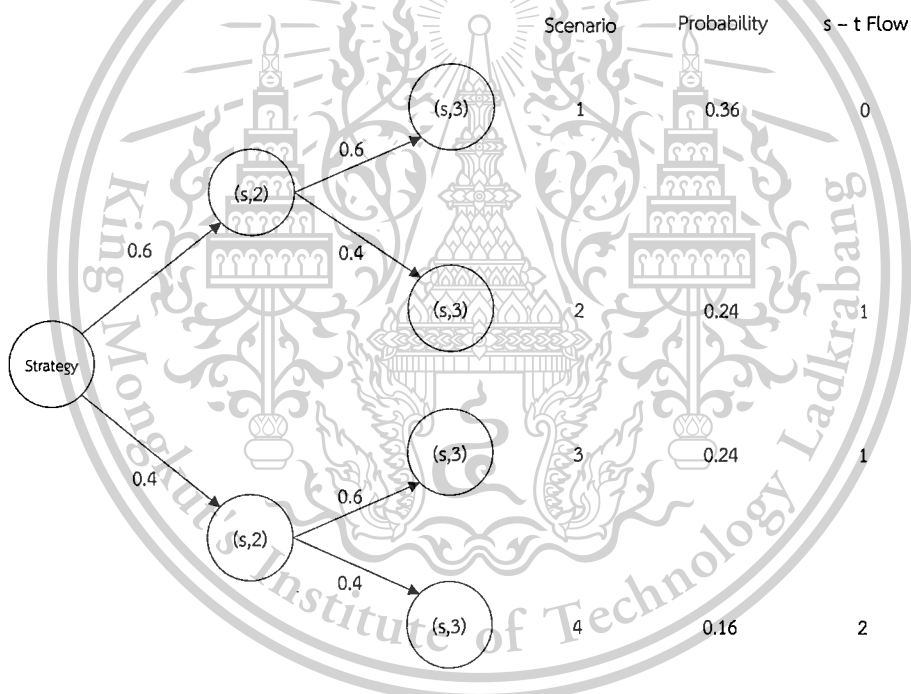
2.1.1.2 ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโทแคสติก

ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโทแคสติก เป็นปัญหาที่พิจารณาถึงความไม่แน่นอนของพารามิเตอร์หรือข้อมูลของเครือข่ายโดยอาศัยทฤษฎีความน่าจะเป็น ตัวอย่างเช่น กลยุทธ์การขัดขวางที่ใช้เพื่อลดการลำเลียงของผู้ลักลอบขนยาเสพติดภายในเครือข่ายให้สำเร็จได้นั้นอาจไม่เป็นความจริงเสมอไป โดย Rocco และ Ramirez-Marquez [5] ได้กล่าวไว้ว่า “เมื่อสถานการณ์ที่เกิดขึ้นจริงจะไม่สามารถรับรองได้ว่าการเชื่อมโยงจะขัดขวางสำเร็จ ควรพิจารณาการจัดสรรทรัพยากร งบประมาณตามความไม่แน่นอนของความสำเร็จในการขัดขวาง” นั่นคือมุมมองที่จะพิจารณาถึงความน่าจะเป็นที่เป็นไปได้ของการขัดขวางการลำเลียง ในงานวิจัยของ [4, 6] ได้แก้ปัญหากลยุทธ์การขัดขวางการเชื่อมโยงของเครือข่าย โดยใช้การสุ่มเหตุการณ์ตามค่าความน่าจะเป็นของความสำเร็จในการขัดขวาง ซึ่งเป็นตัวอย่างของปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโทแคสติก (SNIP) ที่ใช้กลยุทธ์การขัดขวางโดยพิจารณาถึงความน่าจะเป็นของความสำเร็จในการขัดขวาง ตัวอย่างแบบจำลองเครือข่ายแบบสโทแคสติกแสดงดังรูปที่ 2.2 (a) โดยแต่ละเส้นทางมีความน่าจะเป็นการขัดขวางสำเร็จเท่ากับ 0.6 เมื่อเทียบกับแบบจำลองเครือข่ายดังรูปที่ 2.2 (b) ความน่าจะเป็นในการขัดขวางให้สำเร็จของเครือข่ายแบบดีเทอร์มินิสติกมีค่าเท่ากับ 1



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
รูปที่ 2.2 รูปแบบของเครือข่าย (a) เครือข่ายแบบสโทแคสติก (b) เครือข่ายแบบดีเทอร์มินิสติก
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมีเหตุดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

จากตัวอย่างในรูปที่ 2.2 เมื่อพิจารณาถึงงบประมาณในการตัดขวางเท่ากับ 2 หน่วย จำนวนกลยุทธ์ที่เป็นไปได้ในการตัดขวางมีทั้งหมดเท่ากับ 10 กลยุทธ์เช่นเดียวกับในกรณีของ ปัญหาการตัดขวางเครือข่ายแบบดีเทอร์มินติกในรูปที่ 2.1 สำหรับแต่ละกลยุทธ์การตัดขวาง จำนวนสถานการณ์ (Scenario) ที่เป็นไปได้มีทั้งหมดเท่ากับ $2^2 = 4$ สถานการณ์ ยกตัวอย่าง เช่น การใช้กลยุทธ์การตัดขวาง $\{(s, 2), (s, 3)\}$ จะทำให้ได้ 4 สถานการณ์ดังแสดงไว้ใน แผนผังต้นไม้ (Scenario tree) ในรูปที่ 2.3 โดยสถานการณ์แรกคือ กรณีที่สามารถตัดขวาง เส้นทาง $(s, 2)$ และ $(s, 3)$ ได้สำเร็จ สถานการณ์ที่สองคือ กรณีที่สามารถตัดขวางเส้นทาง $(s, 2)$ ได้สำเร็จ แต่เส้นทาง $(s, 3)$ ไม่สำเร็จ สถานการณ์ที่สามคือ กรณีที่ตัดขวางเส้นทาง $(s, 2)$ ไม่สำเร็จ แต่สามารถตัดขวางเส้นทาง $(s, 3)$ ได้สำเร็จ และในสถานการณ์ที่สี่คือ กรณีที่ตัดขวางเส้นทาง $(s, 2)$ และ $(s, 3)$ ไม่สำเร็จ



รูปที่ 2.3 ตัวอย่างแผนผังต้นไม้ของสถานการณ์ที่ได้จากการใช้กลยุทธ์การตัดขวาง

จากรูปที่ 2.3 ค่าคาดหวัง (Expected value) ของปริมาณการลำเลียงหลังจากการใช้กลยุทธ์การตัดขวาง $\{(s, 2), (s, 3)\}$ สามารถหาได้จากผลรวมของผลคูณระหว่างค่าความน่าจะเป็นและค่าการลำเลียงในแต่ละสถานการณ์ ซึ่งมีค่าเท่ากับ $(0 \times 0.36) + (1 \times 0.24) + (1 \times 0.24) + (2 \times 0.16) = 0.80$ สำหรับกลยุทธ์การตัดขวางอื่นๆ ค่าคาดหวังของปริมาณการลำเลียงสามารถหาได้ในทำนองเดียวกัน ซึ่งสรุปไว้ในตารางที่ 2.2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

ตารางที่ 2.2 ค่าคาดหวังของการลำเลียงจาก s ไป t ของแต่ละกลยุทธ์การขัดขวาง

กลยุทธ์การ ขัดขวาง	ปริมาณการลำเลียงของแต่ละสถานการณ์การขัดขวาง				ค่าคาดหวังของ การลำเลียง
	1	2	3	4	
{(s,2), (s,3)}	0	1	1	2	0.80
{(s,2), (2,3)}	1	1	2	2	1.40
{(s,2), (2,t)}	1	1	2	2	1.40
{(s,2), (3,t)}	0	1	1	2	0.80
{(s,3), (2,3)}	1	1	2	2	1.40
{(s,3), (2,t)}	1	1	2	2	1.40
{(s,3), (3,t)}	1	1	1	2	1.16
{(2,3), (2,t)}	1	2	2	2	1.64
{(2,3), (3,t)}	1	2	1	2	1.40
{(2,t), (3,t)}	0	2	1	2	1.04

จากตารางที่ 2.2 จะเห็นได้ว่า จาก 10 กลยุทธ์การขัดขวางภายใต้ข้อจำกัดทางด้านงบประมาณที่มีอยู่ 2 หน่วย กลยุทธ์การขัดขวางที่สามารถลดปริมาณค่าคาดหวังการลำเลียงจากต้นทางไปยังปลายทางได้มากที่สุดคือกลยุทธ์การขัดขวาง $\{(s, 2), (s, 3)\}$ และ $\{(s, 2), (3, t)\}$ ซึ่งให้ค่าความคาดหวังของการลำเลียงเท่ากับ 0.80

2.1.2 แบบจำลองทางคณิตศาสตร์

ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตแคสติกสามารถเขียนแทนด้วยรูปแบบเครือข่าย $G = (N, A)$ ที่มีจุดต้นทาง (s) หนึ่งจุดและจุดปลายทาง (t) หนึ่งจุด โดยที่ N คือเซตของโหนด และ A คือเซตของเส้นเชื่อมโยงระหว่างโหนด (i, j) แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตแคสติกสามารถเขียนแทนได้ดังนี้

$$Z = \min_{x \in X} f(x) = \sum_{\omega \in \Omega} p^\omega h(x, (s^\omega, t^\omega)) \quad (2.1)$$

Subject to

$$X = \left\{ x: \sum_{(i,j) \in D} a_{ij} x_{ij} \leq b, x_{ij} \in \{0,1\} \right\} \quad (2.2)$$

โดย

$$h(x, (s^\omega, t^\omega)) = \max y_{t^\omega} \quad (2.3)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

$$\sum_{(i,j) \in FS(i)} y_{ij} - \sum_{(j,i) \in RS(i)} y_{ji} = 0 \quad (2.4)$$

$$0 \leq y_{ij} \leq (1 - x_{ij})u_{ij}, \quad \forall (i,j) \in D \quad (2.5)$$

$$y_{t^\omega} - \sum_{(j,t^\omega) \in RS(t^\omega)} y_{jt^\omega} = 0 \quad (2.6)$$

- เมื่อ $D \subset A$ คือ เซตเส้นเชื่อมทางระหว่าง (i, j) ที่สามารถตัดขวางได้
- X คือ เซตกลยุทธ์การตัดขวาง
- x_{ij} คือ ตัวแปรตัดสินใจแบบเลขฐานสอง
- ถ้า $x_{ij} = 1$ หมายถึงเส้นเชื่อมทาง (i, j) ถูกตัดขวาง
- หรือ $x_{ij} = 0$ บนเส้นเชื่อมทางไม่มีการตัดขวาง
- u_{ij} คือ ขนาดของการลำเลียงสูงสุดในแต่ละเส้นเชื่อมทาง (i, j)
- a_{ij} คือ ค่าใช้จ่ายการตัดขวางในแต่ละเส้นเชื่อมทาง (i, j) ที่สามารถตัดขวางได้
- b คือ งบประมาณที่ใช้ในการตัดขวางทั้งหมด
- $\omega \in \Omega$ คือ สถานการณ์การตัดขวางที่เป็นไปได้
- p^ω คือ ความน่าจะเป็นของความสำเร็จในการตัดขวางของแต่ละสถานการณ์
- (s^ω, t^ω) คือ ชุดเครือข่ายที่ใช้ในการตัดขวางของแต่ละสถานการณ์
- y_{ij} คือ ปริมาณการลำเลียง
- $RS(i), FS(i)$ คือ เซตของเส้นเชื่อมทางไหลเข้าและเซตของเส้นเชื่อมทางไหลออกตามลำดับ

สมการที่ (2.1) คือสมการวัตถุประสงค์ในการหากลยุทธ์ที่ทำให้ค่าคาดหวังของการลำเลียงสูงสุดน้อยที่สุด สมการที่ (2.2) คือเซตกลยุทธ์การตัดขวาง ผลรวมค่าใช้จ่ายที่ใช้ในตัดขวางแต่ละเซตการตัดขวางจะต้องไม่เกินงบประมาณ b สมการที่ (2.3) คือฟังก์ชันสำหรับการหาปริมาณการลำเลียงสูงสุด สมการที่ (2.4) คือผลรวมการลำเลียงไหลออกเท่ากับผลรวมการลำเลียงไหลเข้า สมการที่ (2.5) คือปริมาณการลำเลียงของแต่ละเส้นเชื่อมโยงต้องไม่เกินขนาดในการลำเลียงของแต่ละเส้นเชื่อมโยงที่กำหนด และสมการที่ (2.6) คือปริมาณการลำเลียงที่จุดปลายทางเท่ากับผลรวมของการลำเลียงที่ไหลเข้าจุดปลายทาง

2.2 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

Mendel บิดาแห่งวิชาพันธุศาสตร์ ค้นพบว่าลักษณะต่างๆ ของสิ่งมีชีวิต เช่นลักษณะผิวของ

เมล็ดพืช สีของเมล็ดพืช ฯลฯ ที่ถูกถ่ายทอดไปยังลูกหลานนั้นถูกควบคุมด้วยหน่วยควบคุมลักษณะที่

ไม่ว่ากรรมใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

เรียกว่ายีน (Gene) และลักษณะย่อยของยีนเรียกว่าอัลลีล (Allele) เช่นยีนควบคุมลักษณะผิวของเมล็ดจะมีอัลลีลเป็นผิวเรียบและผิวขรุขระ เป็นต้น ซึ่งแต่ละยีนจะเรียงตัวอยู่บนโครโมโซม (Chromosome) ภายในเซลล์ ตำแหน่งของยีนแต่ละยีนบนโครโมโซมเรียกว่า โลคัส (Locus) และแต่ละแบบของชุดยีนเรียกว่า จีโนไทป์ (Genotype) ในส่วนที่แสดงลักษณะภายนอกที่ปรากฏ เรียกว่าฟีโนไทป์ (Phenotype)

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) เป็นวิธีการแก้ปัญหาแบบฮิวริสติกที่สามารถค้นหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดหรือใกล้เคียงคำตอบที่เหมาะสมที่สุด [7] ซึ่งมีรากฐานมาจากกระบวนการวิวัฒนาการ โดยที่กลไกการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอิงมาจากทฤษฎีวิวัฒนาการทางธรรมชาติ (Theory of Natural Evolution) โดยการนำเอากระบวนการทางพันธุศาสตร์มาประยุกต์ใช้ เพื่อถ่ายทอดลักษณะต่างๆ ทางพันธุกรรมไปสู่ลูกหลาน โดยการคัดเลือกผู้ที่อยู่รอดที่แข็งแรงที่สุด (Survival of the Fittest) ซึ่งสามารถนำมาพัฒนาใช้ในการค้นหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดหรือใกล้เคียงคำตอบที่เหมาะสมที่สุดได้

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะทำการค้นหาผลเฉลยจากกลุ่มของผลคำตอบในปริภูมิการค้นหา (Search Space) โดยที่ผลคำตอบจะอยู่ในรูปของสายรหัส (String) ของตัวเลขหรือตัวอักษร ซึ่งเป็นตัวแทนตัวแปรตัดสินใจของปัญหาในการหาค่าที่เหมาะสม สายรหัสนี้เรียกว่า โครโมโซม (Chromosome) และตัวเลขหรือตัวอักษรที่ประกอบขึ้นเป็นโครโมโซมเรียกว่า ยีน (Gene) โดยที่ยีนทุกยีนจะมีตำแหน่งเฉพาะบนโครโมโซม ตำแหน่งของยีนนี้เรียกว่า โลคัส (Locus) ตามปกติแล้วยีนหนึ่งตัวจะมีสถานะได้หลายสถานะ แต่ละสถานะที่เป็นไปได้ของยีนเรียกว่า อัลลีล (Allele) ลักษณะของยีนในแต่ละโครโมโซมจะเป็นตัวกำหนดลักษณะของตัวแปรตัดสินใจที่ประกอบขึ้นเป็นผลคำตอบ ลักษณะเฉพาะของโครโมโซมที่ได้จากยีนจะเรียกว่า จีโนไทป์ (Genotype) หลังจากทีโครโมโซมได้ผ่านการถอดรหัส (Decode) แล้ว ลักษณะเฉพาะของผลคำตอบที่ได้ซึ่งอยู่ในรูปของตัวแปรตัดสินใจจะเรียกว่า ฟีโนไทป์ (Phenotype) จากการอธิบายข้างต้น คำศัพท์เฉพาะที่ใช้ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถเปรียบเทียบกับคำศัพท์ทางพันธุศาสตร์ได้ดังตารางที่ 2.3

ตารางที่ 2.3 คำศัพท์เฉพาะของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับคำศัพท์ทางพันธุศาสตร์

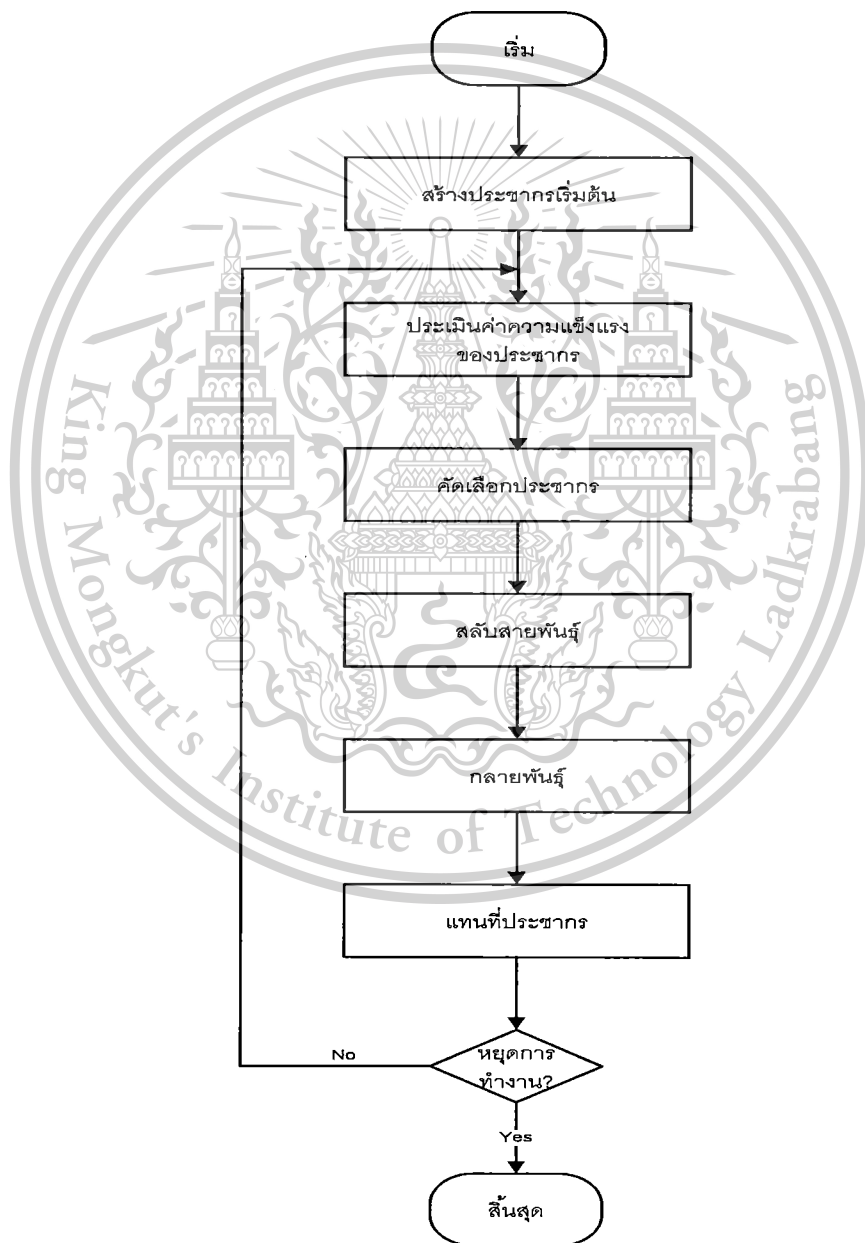
พันธุศาสตร์	วิธีเชิงพันธุกรรม
โครโมโซม (Chromosome)	สายรหัส (String)
ยีน (Gene)	อักขระ, บิต (Character, Bit)
อัลลีล (Allele)	ค่าของคุณลักษณะ, ค่าบิต (Character value, Bit Value)
โลคัส (Locus)	ตำแหน่งของรหัสบนสายรหัส (String Position)
จีโนไทป์ (Genotype)	โครงสร้าง (Structure)
ฟีโนไทป์ (Phenotype)	โครงสร้างคำตอบ (A Decode Structure)

เอกสารนี้เป็นเอกสารสงวนลิขสิทธิ์การใช้งานเพื่อการศึกษาด้านงาน ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

การทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะมีลักษณะการหาคำตอบแบบสุ่ม โดยคำตอบหรือโครโมโซมที่หาได้ในแต่ละรุ่น (Generation) จะถูกดัดแปลง (Transformation) เพื่อทำให้เกิดคำตอบที่ดีขึ้นในรุ่นถัดไป การดัดแปลงที่เกิดขึ้นกับผลคำตอบหรือสมาชิก (Individual) ของประชากร (Population) จะนำไปสู่การสำรวจปริภูมิการค้นหา และส่งเสริมการถ่ายทอดลักษณะเฉพาะที่ดี (Fit Characteristic) ของผลคำตอบในรุ่นปัจจุบันไปยังผลคำตอบในรุ่นถัดไป สมาชิกที่แข็งแรงจะถูกคัดเลือกเพื่อเป็นต้นแบบในการถ่ายทอดลักษณะเฉพาะที่ดีไปสู่รุ่นถัดไป กระบวนการดัดแปลงโครโมโซมและการคัดเลือกโครโมโซมจะกระทำซ้ำไปเรื่อยๆ จนกว่าจะได้โครโมโซมที่ให้คำตอบเป็นที่น่าพอใจ ลำดับการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถอธิบายได้ดังรูปที่ 2.4



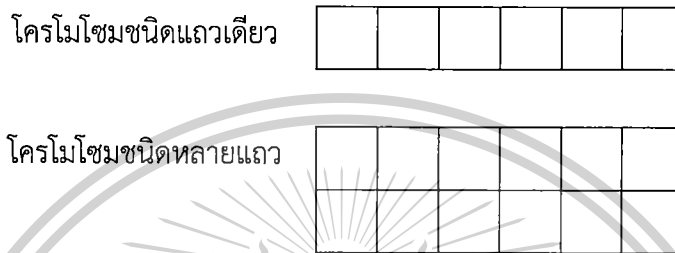
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้รูปที่ 2.4 ผังการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมทำให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

2.2.1 การกำหนดรูปแบบโครโมโซม (Chromosome Representation)

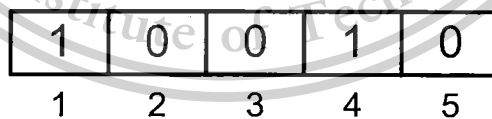
รูปแบบของโครโมโซมเป็นรูปแบบของการนำเสนอคำตอบของปัญหา ซึ่งอาจแตกต่างกันขึ้นอยู่กับลักษณะของปัญหา การกำหนดรูปแบบโครโมโซมที่เหมาะสมจะทำให้การแก้ปัญหาทำได้ง่ายขึ้น รูปแบบโครโมโซมที่ใช้กันทั่วไปมีอยู่ 2 รูปแบบคือ โครโมโซมชนิดแถวเดียวและโครโมโซมชนิดหลายแถว ดังแสดงในรูปที่ 2.5



รูปที่ 2.5 รูปแบบของโครโมโซม

2.2.2 การเข้ารหัสโครโมโซม (Chromosome Encoding)

การเข้ารหัสโครโมโซมเป็นการเข้ารหัสหรือแปลงค่าตัวแปรให้อยู่ในรูปของโครโมโซมหรือสายรหัสที่มีความยาวแน่นอน ซึ่งวิธีการเข้ารหัสนั้นสามารถทำได้หลายรูปแบบ เช่น เลขฐานสอง จำนวนเต็ม ค่าของข้อมูล หมายเลขลำดับ หรือสัญลักษณ์เฉพาะ ในรูป 2.6 เป็นตัวอย่างของการเข้ารหัสโครโมโซมแบบแถวเดียวในรูปของเลขฐานสอง ซึ่งประกอบด้วยบิตที่มีค่าเป็น 0 หรือ 1 โดยมีความยาวของโครโมโซม (Chromosome Length, CL) เท่ากับ 5



รูปที่ 2.6 ตัวอย่างการเข้ารหัสโครโมโซม

2.2.3 ฟังก์ชันความแข็งแรง (Fitness Function)

ฟังก์ชันความแข็งแรงเป็นฟังก์ชันสำหรับประเมินค่าความแข็งแรงของโครโมโซมเพื่อใช้เป็นเกณฑ์ในการคัดเลือกโครโมโซมที่จะใช้ในการถ่ายทอดพันธุกรรมสำหรับสร้างโครโมโซม

รุ่นใหม่ โดยฟังก์ชันความแข็งแรงอาจเป็นฟังก์ชันที่กำหนดขึ้นใหม่ หรือใช้ฟังก์ชัน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปประโยชน์ด้านการค้า วัตถุประสงค์ของปัญหาโดยตรง หรือเป็นฟังก์ชันที่ทำการดัดแปลงจากฟังก์ชันวัตถุประสงค์ ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

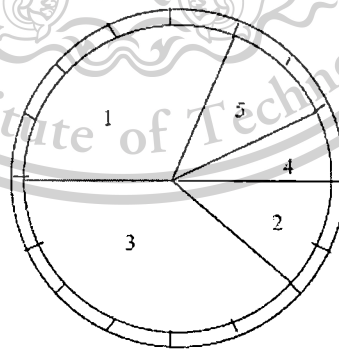
ของปัญหาก็ได้ โดยโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงมากกว่าจะเป็นโครโมโซมที่มีโอกาสได้รับการคัดเลือกมากกว่า

2.2.4 การคัดเลือกโครโมโซม (Chromosome Selection)

การคัดเลือกโครโมโซมเป็นการจำลองขั้นตอนในการคัดเลือกสายพันธุ์ทางธรรมชาติ โดยคัดเลือกโครโมโซมรุ่นเก่าที่มีลักษณะดีให้เป็นโครโมโซมต้นแบบหรือโครโมโซมพ่อแม่ เพื่อใช้สร้างโครโมโซมรุ่นลูกต่อไป ซึ่งโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงมากกว่าจะมีโอกาสถูกคัดเลือกมากกว่าโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแรงน้อย วิธีการคัดเลือกโครโมโซมมีหลายวิธี เช่น การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel Selection) การคัดเลือกโดยการชักตัวอย่างทุกตัวแบบสโทแคสติก (Stochastic Universal Sampling Selection) และการคัดเลือกตามความแข็งแรง (Fitness Selection)

1. การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel Selection)

การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ตเป็นวิธีการคัดเลือกที่ใช้ขนาดความกว้างช่องของวงล้อที่เอียงเอียง (Biased Roulette Wheel) หรือวงล้อรูเล็ตในการแทนโอกาสที่โครโมโซมหนึ่งๆ จะถูกคัดเลือกให้เป็นโครโมโซมต้นแบบสำหรับสร้างโครโมโซมรุ่นถัดไป ตัวอย่างของวงล้อรูเล็ตแสดงดังรูปที่ 2.7 ซึ่งมีโครโมโซมทั้งหมด 5 โครโมโซม ความกว้างของช่องในวงล้อรูเล็ตจะขึ้นอยู่กับค่าความแข็งแรงของโครโมโซมนั้นๆ โดยช่องที่มีความกว้างมากกว่าจะมีโอกาสในการถูกคัดเลือกได้มากกว่า



รูปที่ 2.7 วงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel, RW)

ขนาดของช่องบนวงล้อรูเล็ตสามารถหาได้จากอัตราส่วนระหว่างค่าความ

แข็งแรงของสมาชิกนั้นๆ กับผลรวมของค่าความแข็งแรงจากสมาชิกทุกตัวใน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาค้นคว้าเท่านั้น มิอนุญาตให้เผยแพร่หรือใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

ประชากรรุ่นปัจจุบันดังแสดงไว้ในสมการที่ (2.7) ซึ่งเป็นการเลียนแบบการวางตัวชี้ (Pointer) ไว้ที่ขอบของวงล้อรูเล็ต และทำการหมุนวงล้อรูเล็ตแบบสุ่ม เมื่อวงล้อรูเล็ตหยุดหมุนที่ช่องใด สมาชิกซึ่งตรงกับช่องนั้นก็จะถูกเลือกเป็นต้นแบบโครโมโซม สำหรับการสร้างประชากรรุ่นถัดไป

$$p_i = \frac{F_i}{\sum_{i=1}^N F_i} \quad i = 1, 2, 3, \dots, N \quad (2.7)$$

โดยที่

- p_i คือ ค่าความน่าจะเป็นที่จะถูกคัดเลือกของโครโมโซม i
- F_i คือ ค่าความแข็งแรงของโครโมโซม i
- N คือ ขนาดประชากรทั้งหมด

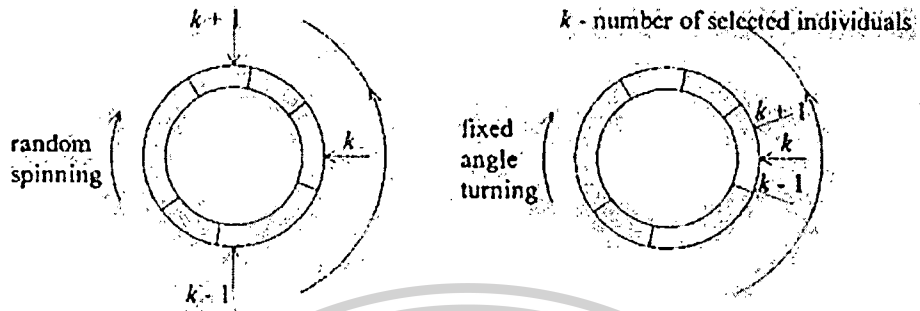
ขั้นตอนในการหมุนวงล้อรูเล็ตนั้นเป็นกระบวนการแบบสุ่ม สมาชิกที่ถูกเลือก (Selected Individual) จะมีจำนวนใกล้เคียงกับสัดส่วนเป้าหมายเนื่องจากจำนวนครั้งของการหมุนถูกกำหนดโดยจำนวนสมาชิกในประชากรซึ่งไม่เป็นจำนวนอนันต์ สัดส่วนของสมาชิกจากประชากรรุ่นปัจจุบันในรุ่นถัดไปจะแตกต่างจากสัดส่วนเป้าหมาย ข้อแตกต่างนี้เรียกว่า ความเอนเอียงในการคัดเลือก (Selection Bias) ปัญหาจากความเอนเอียงในการคัดเลือกนี้จะสามารถแก้ได้บางส่วน โดยใช้การคัดเลือกการชักตัวอย่างทุกตัวแบบสโทแคสติก (Stochastic Universal Sampling Selection)

2. การคัดเลือกโดยการชักตัวอย่างทุกตัวแบบสโทแคสติก (Stochastic Universal Sampling Selection)

การคัดเลือกโดยการชักตัวอย่างทุกตัวแบบสโทแคสติกเป็นการใช้วงล้อรูเล็ตที่เอนเอียงเป็นแนวเทียบ (Analogy) เริ่มต้นจากการสร้างวงล้อรูเล็ตที่เอนเอียงเป็นตัวแทนอัตราส่วนของโอกาสที่สมาชิกประชากรในรุ่นปัจจุบันจะถูกส่งผ่านไปยังประชากรรุ่นถัดไป ตัวชี้จะถูกกำหนดตำแหน่งอย่างสุ่มที่ขอบของวงล้อรูเล็ต และสมาชิกที่อยู่ตรงกับช่องที่มีตัวชี้จะถูกเลือก จากนั้นวงล้อรูเล็ตจะถูกหมุนไป $360/n$ โดยที่ $n \in \mathbb{N}$ คือจำนวนของสมาชิกในประชากร จากนั้นสมาชิกอีกหนึ่งตัวก็จะถูกเลือกตามรูปแบบเดิม กระบวนการหมุนวงล้อรูเล็ตไปเป็นมุมที่มีองศาคงที่และเลือกสมาชิกที่อยู่ตรงกับตำแหน่งของตัวชี้จะดำเนินไปเรื่อยๆ จนกระทั่งจำนวนสมาชิกใน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์ใหม่เท่ากับขนาดประชากร (Population Size) ที่กำหนด เพราะฉะนั้นด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

จำนวนสมาชิกที่ถูกเลือกจะใกล้เคียงกับสัดส่วนที่ต้องการ รูปที่ 2.8 แสดงถึงการเปรียบเทียบระหว่างการคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ตกับการคัดเลือกโดยการชักตัวอย่างทุกตัวแบบสโทแคสติก



รูปที่ 2.8 การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ตและการคัดเลือกโดยการชักตัวอย่างทุกตัวแบบสโทแคสติก

3. การคัดเลือกตามความแข็งแรง (Fitness Selection)

วิธีการนี้ได้นำค่าความแข็งแรงทั้งหมดมาเรียงลำดับ และทำการคัดเลือกโครโมโซมตามจำนวนที่ได้กำหนดไว้ โครโมโซมที่มีความแข็งแรงที่สุดก็就会被คัดเลือกเพื่อเป็นเป็นต้นแบบในการสร้างโครโมโซมรุ่นถัดไปก่อน

2.2.5 กระบวนการเชิงพันธุกรรม (Genetic Operations)

กระบวนการเชิงพันธุกรรมเป็นกระบวนการที่เลียนแบบการดัดแปลงพันธุกรรมทางธรรมชาติ ซึ่งมี 2 กระบวนการคือ การแลกเปลี่ยนสายพันธุ์ (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation)

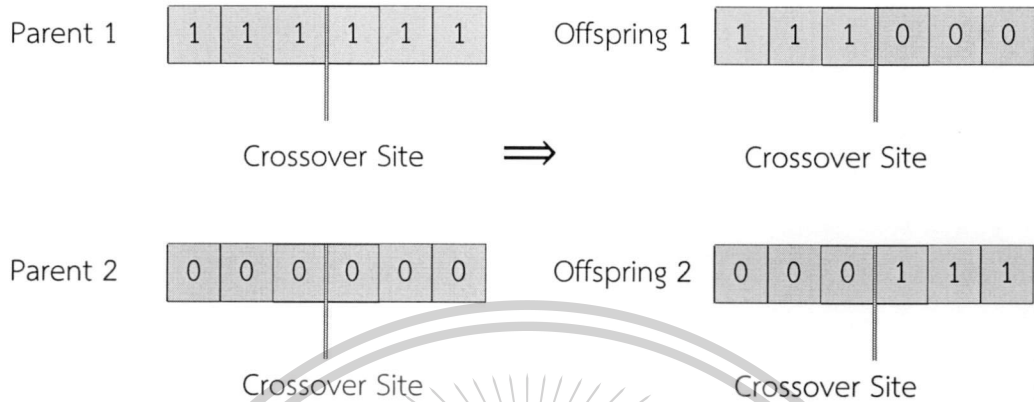
1. การแลกเปลี่ยนสายพันธุ์ (Crossover)

การแลกเปลี่ยนสายพันธุ์เป็นการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่ตามค่าความน่าจะเป็นของการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์ (Probability of Crossover) ที่กำหนดไว้เพื่อสร้างโครโมโซมลูกที่มียีนบางส่วนมาจากโครโมโซมพ่อและบางส่วนมาจากโครโมโซมแม่ วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์มีหลายวิธี [7] ดังจะกล่าวต่อไปนี้

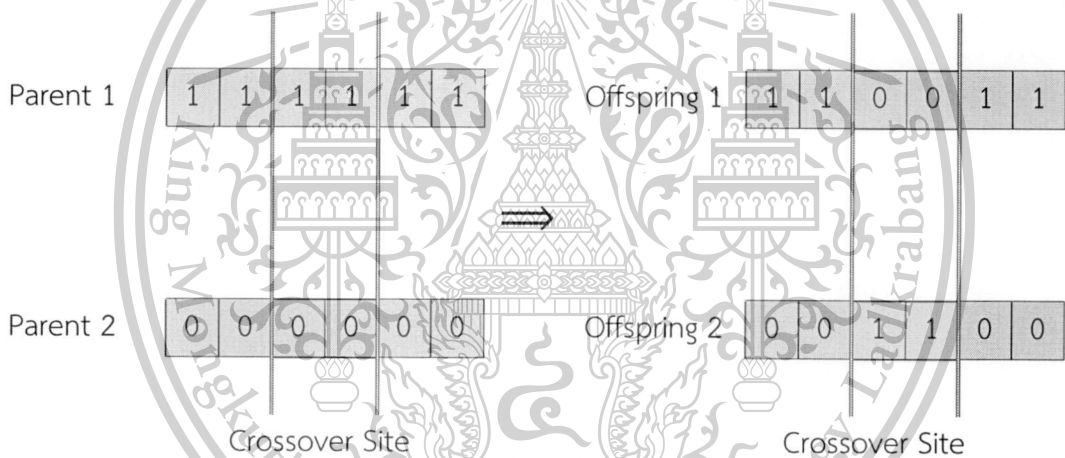
a) การแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบ k จุด (k-Point Crossover)

วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบ k จุด เป็นการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่โดยการสลับยีนหลังตำแหน่งการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์ ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

(Crossover Site) ค่า k จะเป็นตัวกำหนดจำนวนของตำแหน่งการแลกเปลี่ยนสายพันธุ โดยที่ $k \geq 1$ รูปที่ 2.9 เป็นตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุแบบ 1 จุดและรูปที่ 2.10 เป็นตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุแบบ 2 จุด



รูปที่ 2.9 ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุแบบ 1 จุด



รูปที่ 2.10 ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุแบบ 2 จุด

สำหรับกรณีของการแลกเปลี่ยนสายพันธุแบบ 1 จุด การแลกเปลี่ยนยีนจะเกิดขึ้นทางด้านขวาหรือทางด้านหลังของตำแหน่งการแลกเปลี่ยนสายพันธุ ส่วนกรณีของการแลกเปลี่ยนสายพันธุแบบ 2 จุด การแลกเปลี่ยนยีนจะเกิดขึ้นระหว่างตำแหน่งการแลกเปลี่ยนสายพันธุ 2 ตำแหน่ง จะเห็นได้ว่าหลังจากที่มีการแลกเปลี่ยนสายพันธุเกิดขึ้น สมาชิกรุ่นลูกจะได้รับยีนจากสมาชิกรุ่นพ่อและแม่ ลักษณะของยีนในสมาชิกรุ่นลูกจะถูกกำหนดโดยตำแหน่งการแลกเปลี่ยนสายพันธุบนโครโมโซม โดยตำแหน่งการแลกเปลี่ยนสายพันธุจะถูกกำหนดโดยการสุ่มตามความยาวของโครโมโซม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

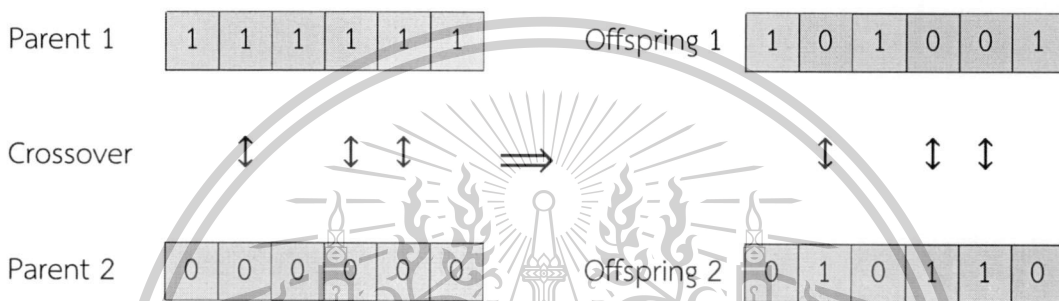
This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

สำนักหอสมุดกลาง พระจอมเกล้าลาดกระบัง

b) การแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบเอกรูป (Uniform Crossover)

ในกรณีของการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบเอกรูป เป็นการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์ในหลายตำแหน่ง ยีนในแต่ละโลคัสตลอดความยาวของโครโมโซม ทุกอัลลีนมีโอกาสถูกเลือกโดยการสุ่มจากคู่ยีนที่มาจากยีนของโครโมโซมพ่อและแม่ โอกาสที่ยีนจะถูกเลือกจากโครโมโซมพ่อและแม่ขึ้นอยู่กับความน่าจะเป็นของการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์ หลังจากยีนของสมาชิกรุ่นลูกที่ถูกแลกเปลี่ยนแล้ว ยีนจากคู่ยีนที่ไม่ได้ถูกเลือกก็จะถูกส่งผ่านไปยังสมาชิกรุ่นลูกอีกตัวที่เหลือ แผนภาพของการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบเอกรูปได้แสดงไว้ในรูปที่ 2.11

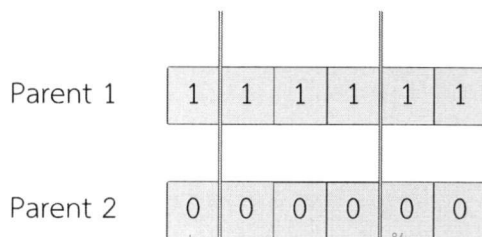


รูปที่ 2.11 ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบเอกรูป

c) การแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบ N โครโมโซม (Diagonal Crossover)

วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบหลายโครโมโซม [8] ใช้หลักการเดียวกับการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบ 1 จุด สำหรับ N โครโมโซม จำนวนการแลกเปลี่ยนแบบ 1 จุด เท่ากับ (N-1) โครโมโซมลูกที่ได้สามารถแบ่งออกได้เป็น 2 แบบ คือแบบโครโมโซมลูก 1 โครโมโซม หรือโครโมโซมลูกแบบ N โครโมโซม

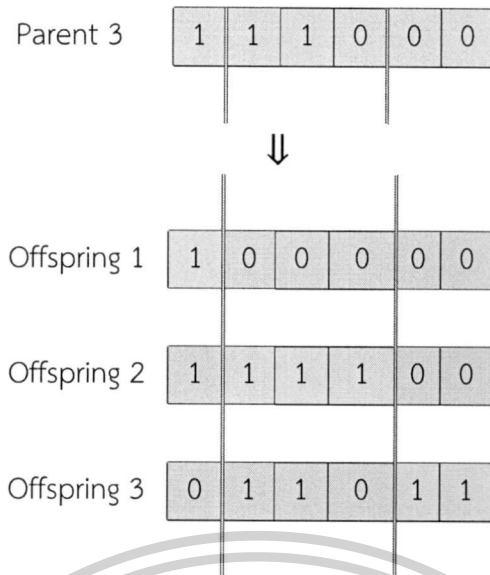
สำหรับการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบ 3 โครโมโซม ช่วงที่มีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์จะมี 2 ช่วง รูปที่ 2.12 เป็นตัวอย่างการแลกเปลี่ยนโครโมโซมแบบ 3 โครโมโซม ซึ่งทำให้ได้โครโมโซมลูกได้สูงสุด 3 โครโมโซม



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

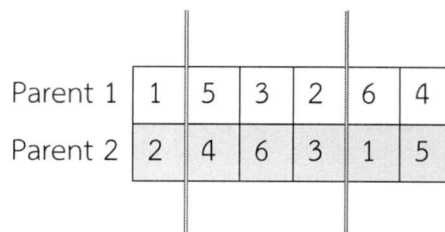


รูปที่ 2.12 ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบ 3 โครโมโซม

วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบ k จุด แบบเอกรูปและแบบ N โครโมโซม ที่ได้ อธิบายไปแล้วนั้นไม่เหมาะสมสำหรับปัญหาที่ค้นหาเพื่อเรียงสับเปลี่ยนสายพันธุ์ (Permutation) เช่น การจัดตารางการผลิต [9] การออกแบบผังโรงงาน [10] การจัดเส้นทางสำหรับพนักงานขาย (Traveling Salesman Problem) [11] ทำให้ต้องมีการคิดค้นวิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์ขึ้นใหม่โดยเฉพาะสำหรับสายรหัสการเรียงสับเปลี่ยน ซึ่งสามารถสรุปวิธีได้ดังต่อไปนี้

d) การแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบจัดคู่เป็นส่วน (Partially Matched Crossover)

วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบจัดคู่เป็นส่วน (Partially Matched Crossover หรือ Partial Mapped Crossover, PMX) ได้ถูกคิดค้นและนำเสนอโดย Goldberg and Lingle [12] การแลกเปลี่ยนสายพันธุ์วิธีนี้เริ่มต้นจากการสุ่มจุดตัดมา 2 จุด แล้วทำการสลับยีนที่อยู่ระหว่างช่วงการตัดของโครโมโซมพ่อและแม่ ตัวอย่างของการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบจัดคู่เป็นส่วนแสดงไว้ดังรูปที่ 2.13 โดยช่วงการตัดที่ได้จากการสุ่มเริ่มตั้งแต่หลังตำแหน่งที่ 1 ถึงตำแหน่งที่ 4



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Offspring 1	1	4	6	3	6	4
Offspring 2	2	5	3	2	1	5

รูปที่ 2.13 ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบจัดคู่เป็นส่วน

จากรูปที่ 2.13 จะเห็นได้ว่าการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์ทำให้เกิดยีนซ้ำกันในโครโมโซมลูก จากการพิจารณา ยีนที่อยู่ในส่วนที่สลับกันของโครโมโซมพ่อและแม่ ทำให้สามารถสร้างแผนภาพความสัมพันธ์ของยีนที่ถูกสับเปลี่ยนได้ดังรูปที่ 2.14



รูปที่ 2.14 ตัวอย่างแผนภาพความสัมพันธ์ของยีนที่ถูกสับเปลี่ยน

พิจารณาโครโมโซมลูก 1 และโครโมโซมลูก 2 ถ้ายีนที่ไม่ได้อยู่ในช่วงการตัดมีค่าซ้ำกับยีนที่อยู่ในช่วงการตัด ให้ทำการสลับค่าตามความสัมพันธ์ดังรูปที่ 2.14 ซึ่งในโครโมโซมลูกที่ 1 มียีนที่ไม่ได้อยู่ในช่วงการตัดตำแหน่งที่ 5 ซ้ำกับยีนที่อยู่ในช่วงการตัด (ตำแหน่งที่ 2 ถึง 4) จึงทำการสลับยีนตามความสัมพันธ์ (6 → 3 → 2) เมื่อสลับค่า 6 เป็น 3 แล้วพบว่ายังซ้ำกับยีนในตำแหน่งที่ 4 จึงทำการสลับอีกครั้งจาก 6 เป็น 2 ยีนในตำแหน่งที่ 5 จึงมีค่าเป็น 2 ส่วนในโครโมโซมลูกที่ 2 ยีนที่ไม่ได้อยู่ในช่วงการตัดตำแหน่งที่ 1 และตำแหน่งที่ 6 มีค่าซ้ำกับยีนที่อยู่ในช่วงการตัด จึงทำการสลับยีนจาก 6 เป็น 2 และจาก 5 เป็น 4 ทำให้ได้โครโมโซมลูกใหม่ดังรูปที่ 2.15

Offspring 1	1	4	6	3	2	5
Offspring 2	6	5	3	2	1	4

รูปที่ 2.15 ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบจัดคู่เป็นส่วนที่มีการสลับค่าซ้ำ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

e) การแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบใช้ลำดับเป็นพื้นฐาน (Order-based Crossover)

การแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบใช้ลำดับเป็นพื้นฐาน ถูกคิดค้นโดย Davis [13] ซึ่งใช้การสุ่มช่วงการตัดเหมือนกับวิธีอื่นๆ รูปที่ 2.16 เป็นตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบใช้ลำดับเป็นพื้นฐานที่มีช่วงการตัดอยู่ระหว่างตำแหน่งที่ 2 ถึงตำแหน่งที่ 4

Parent 1	1	5	3	2	6	4
Parent 2	2	4	6	3	1	5

Offspring 1	#	5	3	2	#	#
Offspring 2	#	4	6	3	#	#

Offspring 1	1	5	3	2	4	6
Offspring 2	2	4	6	3	1	5

รูปที่ 2.16 ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบใช้ลำดับเป็นพื้นฐาน

ยีนที่อยู่ในช่วงการตัดจะถูกคัดลอกไปยังโครโมโซมลูก ส่วนตำแหน่งที่ว่างจะถูกแทนด้วยเครื่องหมาย # ดังในรูปที่ 2.16 ตำแหน่งที่ว่างใน Offspring 1 จะถูกแทนที่ด้วยยีนที่ขาดไปโดยใช้ลำดับตามที่ปรากฏใน Parent 2 ซึ่งประกอบด้วยยีนหมายเลข 4, 6, 1 โดยเริ่มนับจากตำแหน่งหลังช่วงการตัด คือตำแหน่งที่ 5, 6, และ 1 ตามลำดับ ในทำนองเดียวกัน ตำแหน่งที่ว่างใน Offspring 2 จะถูกแทนที่ด้วยยีนที่ขาดไปโดยใช้ลำดับตามที่ปรากฏใน Parent 1 โดยใส่ยีนหมายเลข 1, 5, 2 ในตำแหน่งที่ 5, 6, และ 1 ตามลำดับ

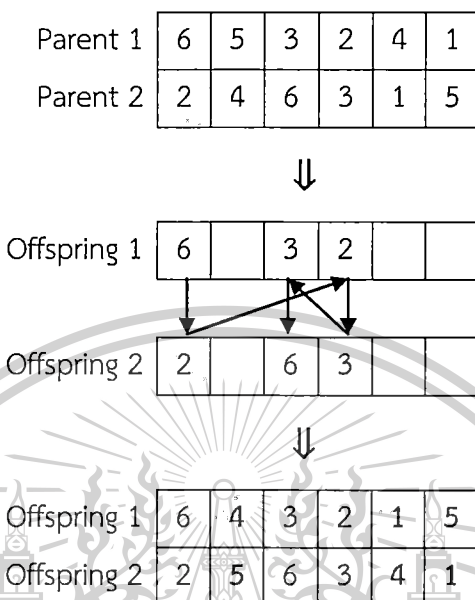
f) วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบวัฏจักร (Cycle Crossover, CX)

วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบวัฏจักรถูกนำเสนอโดย Oliver et al. [14]

โดยเริ่มจากการคัดลอกยีนในตำแหน่งแรกของโครโมโซมพ่อ ไปตามลำดับหมายเลข

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์และเผยแพร่โดยไม่หวังผลกำไร ผู้ใช้ต้องรับผิดชอบต่อการใช้งานที่ไม่ถูกต้อง
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ยีนของโครโมโซมแม่ที่อยู่ในตำแหน่งเดียวกันจนกว่าจะได้หมายเลขยีนซ้ำกับยีนในตำแหน่งเริ่มต้น หลังจากนั้นจึงทำการสลับยีนในตำแหน่งที่ว่างเพื่อให้ได้โครโมโซมลูกที่สมบูรณ์



รูปที่ 2.17 ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบวิวกจักร

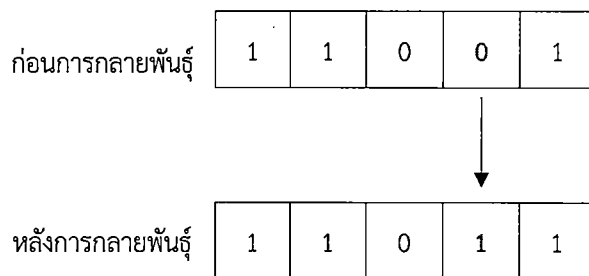
รูปที่ 2.17 เป็นตัวอย่างการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบวิวกจักรโดยเริ่มจากการคัดลอกยีนหมายเลข 6 ในตำแหน่งแรกของโครโมโซมพ่อ และต่อยีนหมายเลข 2 ซึ่งเป็นยีนของโครโมโซมแม่ที่มีตำแหน่งตรงกับยีนหมายเลข 6 แล้วไปสิ้นสุดที่ยีนหมายเลข 3 ซึ่งมีหมายเลขยีนบนโครโมโซมแม่ที่ซ้ำกับยีนในตำแหน่งแรกคือยีนหมายเลข 6 เป็นอันเสร็จสิ้นวิวกจักร หลังจากนั้นจึงทำการสลับยีนในตำแหน่งว่างที่เหลือ ซึ่งประกอบด้วยยีนหมายเลข 4, 1, 5 ในตำแหน่งที่ 2, 5, 6 ตามลำดับ

2. การกลายพันธุ์ (Mutation)

การกลายพันธุ์เป็นการดัดแปลงยีนบางส่วนภายในโครโมโซมเพื่อให้ได้โครโมโซมใหม่ที่มีความแตกต่างจากโครโมโซมเดิม ซึ่งโครโมโซมใหม่ที่ได้อาจมีค่าความแข็งแรงมากกว่าหรือน้อยกว่าเดิมก็ได้ การกลายพันธุ์เป็นการเลียนแบบกระบวนการทางพันธุกรรมในธรรมชาติ เพื่อให้เกิดความหลากหลายของประชากร เป็นการป้องกันไม่ให้เกิดการค้นหาด้อยกับบริเวณใดบริเวณหนึ่ง และป้องกันไม่ให้เกิดการลู่เข้าก่อนเวลาอันควร การกลายพันธุ์จะเกิดขึ้นกับโครโมโซมบางส่วน (ส่วนน้อย) ในประชากรเท่านั้น ซึ่งโอกาสที่จะเกิดการกลายพันธุ์ของยีนใน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับใช้ในการศึกษาเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปเผยแพร่ในวงกว้างได้ ภายใต้งานวิจัยด้านการค้า โครโมโซมจะถูกกำหนดโดยค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ (Probability of Mutation) ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

วิธีการกลายพันธุ์ที่ใช้กันมากในโครโมโซมที่มีโครงสร้างแบบเลขฐานสองคือการกลับค่าบิต (Binary Mutation) โดยการกลับค่าบิตจาก 0 เป็น 1 หรือจาก 1 เป็น 0 รูปที่ 2.18 แสดงตัวอย่างของการกลายพันธุ์แบบเลขฐานสอง



รูปที่ 2.18 ตัวอย่างการกลายพันธุ์แบบเลขฐานสอง

2.3 การทบทวนวรรณกรรมที่เกี่ยวข้อง (Literature review)

วรรณกรรมที่เกี่ยวข้องกับงานวิจัยนี้สามารถแบ่งตามประเภทของปัญหาซึ่งได้แก่ ปัญหาการตัดขวางเครือข่ายแบบดีเทอร์มินิสติกและปัญหาการตัดขวางเครือข่ายแบบสโตแคสติก ส่วนวิธีที่ใช้ในการแก้ปัญหาที่มีอยู่สองประเภทคือ วิธีที่ให้ผลคำตอบที่แน่นอนตรง (Exact Solution Methods) และวิธีการแก้ปัญหาแบบฮิวริสติก (heuristics)

ปัญหาการตัดขวางเครือข่าย (Network Interdiction Problem) เป็นปัญหาเกี่ยวข้องกับการตัดขวางเส้นทางบนเครือข่ายเพื่อบรรลุเป้าหมายบางอย่างใดอย่างหนึ่ง เช่น การลดการไหลสูงสุด การตัดขวางเส้นทางที่สั้นที่สุด เป็นต้น โดยมีเงื่อนไขของงบประมาณเป็นข้อจำกัดต่อจำนวนจุดที่สามารถตัดขวางได้ เนื่องจาก ปัญหาการตัดขวางเครือข่ายเป็นปัญหาที่สามารถนำไปประยุกต์ใช้งานได้หลากหลาย ดังนั้น จึงได้มีนักวิจัยหลายท่านที่ศึกษาปัญหาเรื่องนี้ เช่น Wood [3] ได้ศึกษาปัญหาการตัดขวางการไหลสูงสุดบนเครือข่ายแบบดีเทอร์มินิสติกโดยใช้กำหนดการเชิงจำนวนเต็ม (Integer Programming) ซึ่งนำไปประยุกต์ใช้กับปัญหาการลำเลียงยาเสพติดและสารเคมีอันตรายที่ลำเลียงผ่านทางแม่น้ำหรือถนนในทวีปอเมริกาใต้ โดยพิจารณาปัญหาในกรณีที่มีผู้ลักลอบพยายามลำเลียงยาเสพติดหรือสารเคมีอันตรายผ่านเครือข่ายให้ได้มากที่สุด ในขณะที่ผู้ตัดขวางต้องพยายามลดการลำเลียงสูงสุดของยาเสพติดหรือสารเคมีอันตรายโดยมีทรัพยากรที่ใช้ในการตัดขวางอย่างจำกัด Rocco & Ramirez-Marquez [5] ได้ศึกษาปัญหาการตัดขวางเครือข่ายแบบดีเทอร์มินิสติกเพื่อลดการลำเลียงสูงสุดที่สามารถส่งผ่านระหว่างโหนดต้นทางไปยังโหนดปลายทางโดยใช้แบบจำลอง Monte Carlo ในการสร้างกลยุทธ์การตัดขวางภายในเครือข่าย และใช้ขั้นตอนวิธี Ford-Fulkerson สำหรับหาปริมาณการลำเลียงสูงสุดจากจุดต้นทางไปยังจุดปลายทาง นอกจากนี้ยังได้ใช้เทคนิคทางด้าน Probabilistic Solution Discovery Algorithm (PSDA) เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการค้นหาคำตอบ ซึ่งได้ผลลัพธ์เป็นที่น่าพอใจจากการทดสอบกับปัญหาที่มีขนาดค่อนข้างใหญ่ Israeli และ Wood [15] ได้ศึกษาการ

เอกสารนี้... ไม่ว่าการณ์ใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ขีดขวางเส้นทางที่สั้นที่สุดบนเครือข่ายโดยวิธีการแยกส่วน (Decomposition Method) ซึ่งใช้เวลา น้อยกว่าการใช้กำหนดการเชิงจำนวนเต็มผสม (Mixed Integer Programming)

ปัญหาการขีดขวางเครือข่ายแบบสโทแคสติกเป็นปัญหาที่เพิ่มเติมจากปัญหาการขีดขวาง เครือข่ายโดยพิจารณาถึงความไม่แน่นอนในการขีดขวางเครือข่าย ยกตัวอย่างเช่น Cormican, Morton และ Wood [4] ได้ทำการศึกษาการขีดขวางเครือข่ายแบบสโทแคสติกที่พิจารณาถึงความไม่แน่นอนของความสามารถในการลำเลียงผ่านเส้นทางต่างๆ โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อลดค่าคาดหวังของ ค่าสูงสุดในการลำเลียงภายในเครือข่าย เมื่อความสำเร็จของการขีดขวางเป็นตัวแปรสุ่มแบบ เลขฐานสอง (Binary Random Variables) ซึ่ง Cormican, Morton และ Wood ได้ใช้แบบ กำหนดการจำนวนเต็มสโทแคสติกแบบสองลำดับขั้น (Two-Stage Stochastic Integer Programs) ในการแก้ปัญหา โดยนำเสนอผลในรูปแบบของค่าขอบเขตล่างและขอบเขตบน (Lower Bound and Upper Bound) ของค่าคาดหวังการลำเลียงสูงสุดของปัญหา ซึ่งวิธีนี้สามารถค้นหาคำตอบของปัญหา เครือข่ายที่มีมากถึง 100 โหนดได้

Janjarassuk และ Linderoth [1] ได้ศึกษาวิธีการแก้ปัญหาการขีดขวางเครือข่ายแบบสโทแค สติก โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อลดค่าความคาดหวังการลำเลียงสูงสุดที่ไหลผ่านเครือข่าย ซึ่งมีงบประมาณ ที่ใช้ในการขีดขวางที่จำกัด โดยพิจารณาถึงความไม่แน่นอนของความสำเร็จในการขีดขวาง ซึ่งเป็นตัว แปรสุ่มแบบเลขฐานสอง (Bernoulli Random Variable) Janjarassuk และ Linderoth ได้กำหนด ปัญหาให้อยู่ในรูปแบบของกำหนดการเชิงเส้นจำนวนเต็มแบบผสม (Mixed-Integer Linear Program) และใช้ขั้นตอนวิธีการแยกส่วนประกอบ (Decomposition Algorithm) ร่วมกับการสุ่ม ตัวอย่างในการค้นหาคำตอบ โดยใช้การประมวลผลบนคอมพิวเตอร์แบบกริด (Grid Computing) ทำให้สามารถแก้ปัญหาที่มีขนาดใหญ่ขึ้น

นอกจากนี้ ยังมีตัวอย่างอื่นๆ ของการประยุกต์ใช้ปัญหาการขีดขวางเครือข่ายแบบสโทแคสติก เช่น การหากลยุทธ์ในการขีดขวางเครือข่ายยาเสพติดโดยมีความไม่แน่นอนในการตรวจพบการขนถ่าย ยาเสพติด [16] การหาทำเลที่ตั้งสำหรับติดตั้งอุปกรณ์ตรวจจับสารกัมมันตภาพรังสีเพื่อตรวจจับการ ลักลอบขนถ่ายสารกัมมันตภาพรังสี โดยมีความไม่แน่นอนของตำแหน่งต้นทางและปลายทางของการ ขนถ่าย [17] การหาตำแหน่งที่ต้องการขีดขวางบนเครือข่ายโดยมีความเสี่ยงที่การขีดขวางจะประสบ กับความล้มเหลว [4] เป็นต้น เนื่องจากลักษณะของตัวแปรที่ต้องเป็นจำนวนเต็ม ทำให้ปัญหาการ ขีดขวางเครือข่ายแบบสโทแคสติกเป็นปัญหาที่ซับซ้อนเหมือนกับปัญหาการขีดขวางเครือข่ายแบบปกติ แต่ต่างกันที่ขนาดของปัญหาที่ใหญ่กว่าเนื่องจากมีความไม่แน่นอนเข้ามาเกี่ยวข้อง

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นเทคนิคในการหาคำตอบโดยอาศัยหลักทางพันธุศาสตร์และการ คัดเลือกตามธรรมชาติ (Natural Selection) ซึ่งเลียนแบบวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตในการถ่ายทอด พันธุกรรมที่ดีสู่รุ่นถัดไป คำตอบของปัญหาจะถูกกำหนดไว้ในรูปแบบของโครโมโซม

(Chromosomes) ซึ่งเป็นหน่วยย่อยของประชากร โดยประชากรทั้งหมดจะถูกประเมินค่าความ เหมาะสม (Fitness) เพื่อคัดเลือกโครโมโซมที่ดีไปสร้างประชากรรุ่นถัดไป กรรมวิธีในการสร้าง ไม่ว่ากรรมใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งยังมีให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โครโมโซมรุ่นถัดไปสามารถทำได้โดยใช้การดำเนินการทางพันธุกรรม(Genetic Operation) ซึ่งประกอบด้วยกรรมวิธีการสลับสายพันธุ์(Crossover) และกรรมวิธีการกลายพันธุ์(Mutation) [18] [7] เมื่อได้ประชากรรุ่นใหม่ กระบวนการทั้งหมดจะถูกทำซ้ำจนกว่าจะบรรลุเงื่อนไขที่กำหนดไว้ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมได้มีการศึกษามาตั้งแต่ปี ค.ศ. 1957 โดย Alex Fraser [19] และได้มีการพัฒนาอย่างจริงจังโดย H.J. Bremermann [20], Fraser และ Burnell [21] และ Crosby [22] และได้ถูกนำไปใช้แก้ปัญหาต่างๆอย่างกว้างขวางจนเป็นที่ยอมรับของวงการงานวิจัย

Dai และ Poh [23] ได้มีการแก้ปัญหาการขีดขวางเครือข่ายแบบตีเทอร์มินิสติกโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อลดการลำเลียงสูงสุดของฝ่ายตรงข้ามอันมีทรัพยากรที่ใช้ในการขีดขวางเป็นข้อจำกัด โดยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมถูกนำมาใช้ในการค้นหากลยุทธ์การขีดขวางที่ดีที่สุด โดยได้ทดลองกับปัญหาถุงกระสอบ (Knapsack Problem) 2 แบบคือปัญหาการขีดขวางแบบไม่ต่อเนื่อง และปัญหาการขีดขวางแบบเศษส่วน (Fractional) วิธีการดำเนินการกระบวนการพันธุกรรมใช้วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบ 2 จุดและใช้วิธีการกลายพันธุ์แบบกลับค่าบิต

ถึงแม้ว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะเป็นวิธีที่ได้ประสิทธิผลดี สามารถค้นหาคำตอบได้ในเวลาที่ยอมรับได้ อย่างไรก็ตาม สำหรับปัญหาขนาดใหญ่ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมก็ยังประสบปัญหาความล่าช้าเนื่องจากต้องใช้ประชากรที่มีขนาดใหญ่ขึ้นและต้องใช้จำนวนรอบการค้นหาที่มากขึ้น ดังนั้น จึงได้มีการค้นคว้าและหาวิธีใหม่ๆ เพื่อปรับปรุงขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้เร็วขึ้น ซึ่งหนึ่งในวิธีที่ได้รับคความนิยมมากที่สุดคือการใช้การประมวลผลแบบขนาน

จุดเด่นของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมคือการพัฒนาให้ประมวลผลแบบขนานได้ง่าย ซึ่งสามารถแบ่งงานออกเป็นงานย่อยและกระจายให้กับหน่วยประมวลผลหลายๆ หน่วยพร้อมกัน การแบ่งงานสามารถทำได้หลายวิธี แต่สามารถจำแนกได้เป็น 3 แบบหลักๆ คือ 1) การทำงานแบบ "นาย-บ่าว" โดยใช้ประชากรร่วม (Global single-population master-slave GAs) [25] 2) การเชื่อมโยงแบบละเอียดโดยใช้ประชากรร่วม (Single-population fine-grained) [26] [25] และ 3) การเชื่อมโยงแบบหยาบโดยใช้ประชากรแยก (Multiple-population coarse-grained GAs) [25] โดยในวิธีแบบ "นาย-บ่าว" จะมีกลุ่มประชากรเพียงกลุ่มเดียวเหมือนกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้หน่วยประมวลผลเดี่ยว แต่การประเมินค่าความเหมาะสม(Fitness Evaluation) จะทำพร้อมกันบนหน่วยประมวลผลหลายๆหน่วย โดยการคัดเลือกสายพันธุ์ (Selection) และการสลับสายพันธุ์ (Crossover) จะพิจารณาจากประชากรทั้งหมด วิธีเชื่อมโยงแบบละเอียดเหมาะสำหรับระบบประมวลผลแบบขนานขนาดใหญ่ ประชากรจะถูกแบ่งออกเป็นพื้นที่โดยมีพื้นที่บางส่วนทับซ้อนกัน(Overlap)เพื่อให้มีการใช้ประชากรร่วมกันระหว่างพื้นที่ การคัดเลือกสายพันธุ์และการสลับสายพันธุ์จะพิจารณาจากประชากรเฉพาะพื้นที่ การเชื่อมโยงแบบหยาบเป็นวิธีที่มีความซับซ้อนมากที่สุด โดยแต่ละหน่วยประมวลผลจะมีประชากรเป็นของตนเอง และการแลกเปลี่ยนประชากรระหว่างหน่วยประมวลผลจะกระทำตามแต่โอกาส ซึ่งมี

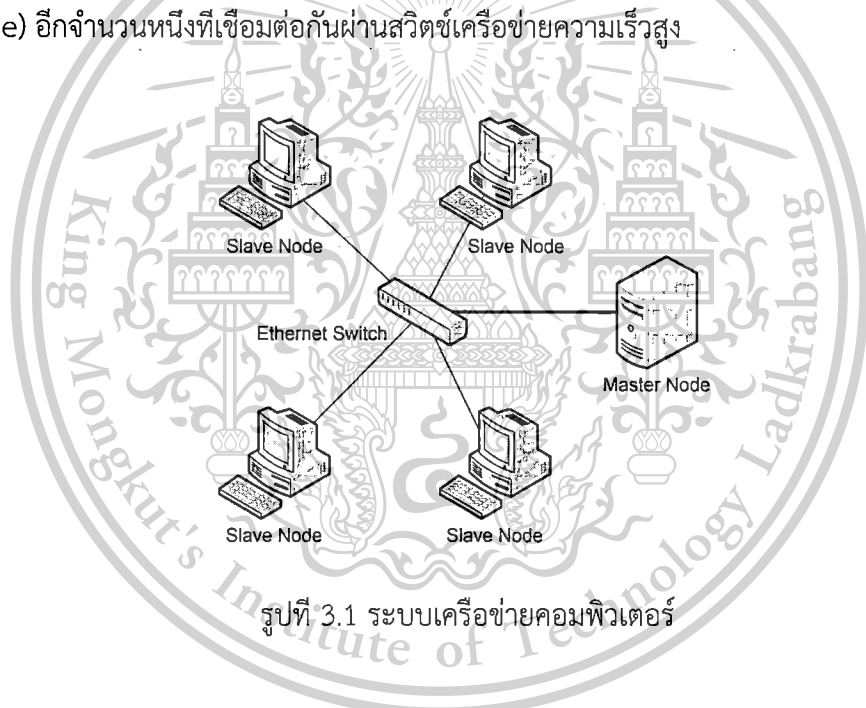
ชื่อเรียกว่าการอพยพ (Migration) มีนักวิจัยหลายๆ ท่านได้นำเสนอวิธีการอพยพที่แตกต่างกัน เช่น

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า Braun, [27] Munetomo, Takai, และ Sato [28] Marin, Trelles-Salazar, และ Sandoval [29] ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 3

วิธีการดำเนินวิจัย

วิธีที่นำเสนอในงานวิจัยนี้เป็นการนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบขนานมาประยุกต์ใช้กับปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติก ซึ่งมีศักยภาพในการแก้ปัญหาขนาดใหญ่ การพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบขนานจะใช้หลักของการทำงานแบบ "นาย-บ่าว" ซึ่งเหมาะสำหรับระบบคอมพิวเตอร์ที่มีจำนวนหน่วยประมวลผลไม่มากนัก โดยคอมพิวเตอร์จะถูกเชื่อมต่อกันด้วยระบบเครือข่ายความเร็วสูง (Gigabit Ethernet) ซึ่งไม่เป็นอุปสรรคในการส่งผ่านข้อมูลระหว่างเครื่องคอมพิวเตอร์ รูปที่ 3.1 แสดงถึงรูปแบบการเชื่อมต่อคอมพิวเตอร์ที่ใช้สำหรับงานวิจัยนี้ ซึ่งประกอบด้วยเครื่องคอมพิวเตอร์สถานีแม่ (Master Node) 1 เครื่อง และเครื่องคอมพิวเตอร์สถานีลูก (Slave Node) อีกจำนวนหนึ่งทีเชื่อมต่อกันผ่านสวิตช์เครือข่ายความเร็วสูง



รูปที่ 3.1 ระบบเครือข่ายคอมพิวเตอร์

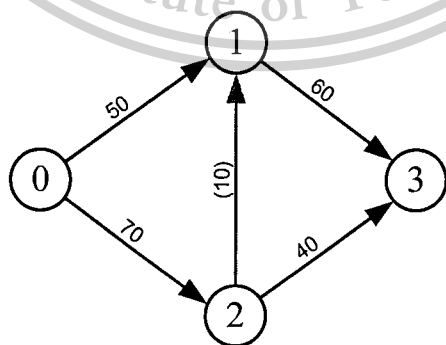
สำหรับปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติกที่มีขนาดใหญ่ การแก้ปัญหาโดยพิจารณาถึงสถานการณ์ (Scenario) ทั้งหมดจึงเป็นเรื่องที่แทบจะเป็นไปไม่ได้ ดังนั้น ในงานวิจัยนี้จึงใช้วิธีการสุ่มตัวอย่าง ซึ่งการสุ่มตัวอย่างปัญหาจะกระทำบนเครื่องสถานีแม่ และตัวอย่างปัญหาที่สร้างขึ้นจะถูกส่งไปให้กับเครื่องสถานีลูกเพื่อใช้ในการประเมินค่าความเหมาะสมในขั้นตอนของวิธีเชิงพันธุกรรม เนื่องจากการประเมินค่าความเหมาะสมจะต้องทำซ้ำๆ กันในแต่ละรอบการทำซ้ำของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ดังนั้น เพื่อลดปริมาณข้อมูลที่ต้องส่งผ่านระบบเครือข่าย ตัวอย่างปัญหาจะถูกส่งไปครั้งแรกเพียงครั้งเดียว และที่เครื่องสถานีลูกทุกเครื่องจะทำการสำเนาตัวอย่างปัญหาที่ได้รับเพื่อใช้ในการประมวลผลต่อไป

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

การหาคำตอบหรือกลยุทธ์ในการจัดวางเครือข่ายของตัวอย่างปัญหาที่สร้างขึ้นจะใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบขนาน โดยเครื่องสถานีแม่จะทำหน้าที่ควบคุมจำนวนประชากรทั้งหมด ซึ่งรวมถึงการสร้างประชากรเริ่มต้น การคัดเลือกประชากรและการสร้างประชากรรุ่นใหม่ ประชากรทั้งหมดจะถูกแบ่งออกเป็นกลุ่มย่อยและถูกส่งไปยังเครื่องสถานีลูก โดยเครื่องสถานีลูกทำหน้าที่ในการประเมินค่าความเหมาะสมของประชากรที่ได้รับมอบหมาย และส่งค่าความเหมาะสมที่คำนวณได้กลับไปยังเครื่องสถานีแม่ หลังจากนั้น ประชากรบางส่วนจะถูกคัดเลือกโดยพิจารณาจากค่าความเหมาะสมเพื่อนำไปสร้างประชากรรุ่นใหม่ การสร้างประชากรรุ่นใหม่สามารถทำได้โดยใช้กรรมวิธีการสลับสายพันธุกรรมวิธีการกลายพันธุ์ ส่วนประชากรรุ่นใหม่ที่มีค่าความเหมาะสมมากกว่าจะถูกนำไปแทนที่ประชากรรุ่นเก่า ซึ่งกระบวนการทั้งหมดจะถูกทำซ้ำจนกว่าจะได้ผลลัพธ์ตรงตามเงื่อนไขตามที่ต้องการ

3.1 การแทนปัญหาในรูปแบบบนคอมพิวเตอร์

เพื่อให้คอมพิวเตอร์สามารถรับค่าปัญหาการจัดวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติคได้ ปัญหาจะต้องถูกแปลงจากกราฟให้เป็นตัวเลขซึ่งโปรแกรมสามารถอ่านได้ ตัวอย่างของปัญหาในรูปแบบ 3.2 สามารถแทนด้วยรูปแบบของตัวเลขในรูปแบบที่ 3.3 จากรูปที่ 3.3 บรรทัดแรกเป็นจำนวนโหนดทั้งหมดของปัญหา บรรทัดที่สองเป็นจำนวนเส้นทางทั้งหมดของปัญหา บรรทัดที่สามเป็นโหนดต้นทาง (Source node) ส่วนบรรทัดที่สี่เป็นโหนดปลายทาง (Sink node) และบรรทัดที่เหลือเป็นการระบุการเชื่อมต่อของเส้นทางต่างๆ โดยที่สองคอลัมน์แรกเป็นหมายเลขของโหนดที่เส้นทางนั้นๆ เชื่อมต่อ ส่วนคอลัมน์ที่สามและสี่เป็นความสามารถในการลำเลียงของเส้นทางนั้นๆ ในทิศทางตามทางและสวนทางตามลำดับ เช่น เส้นทางที่ 1 สามารถลำเลียงจากโหนด 0 ไปยังโหนด 1 เป็นจำนวน 50 หน่วย แต่ไม่สามารถลำเลียงจากโหนด 1 ไปยังโหนด 0 ได้ (0 หน่วย) ส่วนคอลัมน์สุดท้ายเป็นค่าความน่าจะเป็นของความสำเร็จในการจัดวางเส้นทางนั้นๆ เช่น เส้นทางที่ 3 มีค่าความน่าจะเป็นเท่ากับ 0.6 หมายความว่ามีโอกาสจัดวางสำเร็จ 60 เปอร์เซ็นต์



รูปที่ 3.2 ตัวอย่างปัญหาเครือข่ายแบบสโตนแคสติค

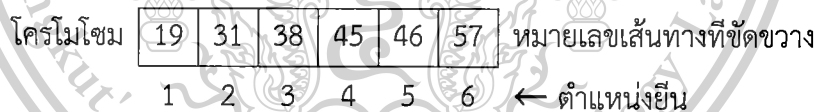
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4	# num nodes			
5	# num arcs			
0	# source node			
3	# sink node			
0	1	50	0	0
0	2	70	0	0
1	2	0	10	0.6
1	3	60	0	0
2	3	40	0	0

รูปที่ 3.3 รูปแบบในการแทนปัญหาเครือข่ายแบบสโทแคสติก

3.2 การกำหนดรูปแบบโครโมโซม

คำตอบหรือกลยุทธ์ในการจัดขวางเครือข่ายของปัญหาการจัดขวางเครือข่ายแบบสโทแคสติกจะถูกเข้ารหัสไว้ในรูปแบบของสายรหัสโครโมโซม เนื่องจากการจัดขวางเครือข่ายสามารถทำได้เฉพาะเส้นทางที่จัดขวางได้เท่านั้น ดังนั้น การกำหนดรูปแบบของโครโมโซมจึงพิจารณาเฉพาะเส้นทางที่จัดขวางได้เท่านั้น โดยใช้จำนวนเส้นทางที่จัดขวางเป็นตัวกำหนดความยาวของโครโมโซม และใช้หมายเลขของเส้นทางที่จัดขวางได้เป็นค่ารหัสของยีนในโครโมโซม โดยรหัสของยีนจะเรียงตามลำดับของหมายเลขจากน้อยไปมากเพื่อความสะดวกในการพัฒนาโปรแกรม รูปที่ 3.4 เป็นตัวอย่างของโครโมโซมที่มีการจัดขวางเส้นทางทั้งหมด 6 เส้นทาง ซึ่งประกอบด้วยเส้นทางที่ 19, 31, 38, 45, 46 และ 57 ตามลำดับ



รูปที่ 3.4 ตัวอย่างของโครโมโซมสำหรับปัญหาการจัดขวางเครือข่ายแบบสโทแคสติก

3.3 การแลกเปลี่ยนสายพันธุ์

เนื่องจากรูปแบบโครโมโซมของปัญหาการจัดขวางเครือข่ายแบบสโทแคสติกแตกต่างจากปัญหาทั่วไป เนื่องจากโครโมโซมของคำตอบไม่ได้เป็นเพียงการสลับตำแหน่งของยีนเท่านั้น แต่ยังต้องการยีนที่ไม่ได้อยู่ในโครโมโซมอีกด้วย ทำให้วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์ที่ใช้กันทั่วไปตามที่ได้กล่าวไปแล้วในบทที่ 2 ไม่สามารถใช้งานได้ ดังนั้น ผู้วิจัยจึงได้นำเสนอวิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์ขึ้นมาใหม่ 3 วิธี ซึ่งได้แก่ วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบหนึ่งจุดโดยใช้ลำดับเป็นพื้นฐาน (One point ordered crossover หรือ OPOX) วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบเอกรูป

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่จัดทำขึ้นเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้ทำซ้ำโดยไม่ได้รับอนุญาตด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

แลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบสุ่ม (Random ordered crossover หรือ RDOX) ซึ่งทั้ง 3 วิธีจะโครโมโซมพ่อแม่ที่ได้รับการคัดเลือกมาแล้ว 2 โครโมโซม (Parent 1 และ Parent 2) มาแลกเปลี่ยนกันเพื่อให้ได้โครโมโซมลูกใหม่ 2 โครโมโซม (Offspring 1 และ Offspring 2)

3.3.1 วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบหนึ่งจุดโดยใช้ลำดับเป็นพื้นฐาน

วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบหนึ่งจุดโดยใช้ลำดับเป็นพื้นฐานจะทำการสุ่มตำแหน่งที่ใช้ในการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์ขึ้นมา 1 จุด โดยยีนที่อยู่ก่อนตำแหน่งการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์ของ Parent 1 และ Parent 2 จะถูกตัดออกไปยังโครโมโซมลูกที่ 1 และ 2 โดยตรง (ดังตัวอย่างในรูป 3.5 (b)) หลังจากนั้นจะทำการนำเอายีนใน Parent 2 และ Parent 1 ที่ซ้ำกับยีนในโครโมโซมลูกที่ 1 และ 2 ออก (ดังตัวอย่างในรูป 3.5 (c)) เสร็จแล้วจึงทำการคัดลอกยีนที่เหลือใน Parent 2 ไปยังโครโมโซมลูกที่ 1 และยีนที่เหลือใน Parent 1 ไปยังโครโมโซมลูกที่ 2 โดยมีลำดับจากตำแหน่งหลังมาหน้า ซึ่งจะทำให้โครโมโซมลูกที่ได้มียีนครบทุกตำแหน่ง (ดังตัวอย่างในรูป 3.5 (d)) จากนั้นจึงทำการเรียงลำดับของยีนในโครโมโซมลูกใหม่ตามลำดับค่าของยีนจากน้อยไปมาก ซึ่งจะได้โครโมโซมลูกที่สมบูรณ์ดังตัวอย่างในรูป 3.5 (e)

Parent1	19	31	36	38	40	47
Parent2	18	19	38	40	47	49
	1	2	3	4	5	6

ตำแหน่งการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์

(a) ตัวอย่างโครโมโซมพ่อแม่

Offspring1	19	31	36			
Offspring2	18	19	38			

(b) ตัวอย่างโครโมโซมลูกที่คัดลอกยีนบางส่วนจากโครโมโซมพ่อแม่

Parent2	18		38	40	47	49
Parent1		31	36		40	47

(c) โครโมโซมพ่อแม่ที่นำเอายีนที่ซ้ำกับโครโมโซมลูกออก

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Offspring1	19	31	36	40	47	49
Offspring2	18	19	38	36	40	47

(d) ตัวอย่างโครโมโซมลูกที่คัดลอกชิ้นส่วนที่ขาดไปจากโครโมโซมพ่อแม่

Offspring1	19	31	36	40	47	49
Offspring2	18	19	36	38	40	47

(e) ตัวอย่างโครโมโซมลูกที่สมบูรณ์หลังการแลกเปลี่ยนสายพันธุ

รูปที่ 3.5 ตัวอย่างวิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุแบบหนึ่งจุดโดยใช้ลำดับเป็นพื้นฐาน

3.3.2 วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุแบบเอกรูปโดยใช้ลำดับเป็นพื้นฐาน

วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุแบบเอกรูปโดยใช้ลำดับเป็นพื้นฐานจะทำการสุ่มโครโมโซมแม่แบบ (Template) ของตำแหน่งที่ใช้ในการแลกเปลี่ยนสายพันธุขึ้นมา 1 ชุด ซึ่งประกอบด้วยค่า 0 หรือ 1 โดยค่าในโครโมโซมแม่แบบจะเป็นตัวกำหนดว่ายีนของโครโมโซมพ่อแม่ในตำแหน่งนั้นจะได้รับการคัดเลือกหรือไม่ (ดังตัวอย่างในรูป 3.6 (a)) จากนั้น ทำการคัดลอกยีนของโครโมโซม Parent 1 ที่ตรงกับตำแหน่งที่มีค่าเป็น 1 ในโครโมโซมแม่แบบไปยังโครโมโซมลูกที่ 1 และทำการคัดลอกยีนของโครโมโซม Parent 2 ที่ตรงกับตำแหน่งที่มีค่าเป็น 0 ในโครโมโซมแม่แบบไปยังโครโมโซมลูกที่ 2 (ดังตัวอย่างในรูป 3.6 (b)) หลังจากนั้นจะทำการนำเอายีนใน Parent 2 และ Parent 1 ที่เข้ากับยีนในโครโมโซมลูกที่ 1 และ 2 ออก (ดังตัวอย่างในรูป 3.6 (c)) เสร็จแล้วจึงทำการคัดลอกยีนที่เหลือใน Parent 2 ไปยังโครโมโซมลูกที่ 1 และยีนที่เหลือใน Parent 1 ไปยังโครโมโซมลูกที่ 2 โดยใช้วิธีการสุ่ม ซึ่งจะทำให้โครโมโซมลูกที่ได้มียีนครบทุกตำแหน่ง (ดังตัวอย่างในรูป 3.6 (d)) จากนั้นจึงทำการเรียงลำดับของยีนในโครโมโซมลูกใหม่ตามลำดับค่าของยีนจากน้อยไปมาก ซึ่งจะได้โครโมโซมลูกที่สมบูรณ์ดังตัวอย่างในรูป 3.6 (e)

Parent1	19	31	36	38	40	47
Parent2	18	19	38	40	47	49

Template	0	1	1	0	1	0
----------	---	---	---	---	---	---

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 (a) ตัวอย่างโครโมโซมพ่อแม่และโครโมโซมแม่แบบ
 ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Offspring1		31	36		40	
Offspring2	18			40		49

(b) โครโมโซมลูกที่ได้รับการคัดลอกยีนตามโครโมโซมแม่แบบ

Parent2	18	19	38		47	49
Parent1	19	31	36	38		47

(c) โครโมโซมพ่อแม่ที่นำเอายีนที่ซ้ำกับโครโมโซมลูกออก

Offspring1	38	31	36	47	40	19
Offspring2	18	38	36	40	31	49

(d) ตัวอย่างโครโมโซมลูกที่คัดลอกยีนส่วนที่ขาดไปจากโครโมโซมพ่อแม่

Offspring1	19	31	36	38	40	47
Offspring2	18	31	36	38	40	49

(e) ตัวอย่างโครโมโซมลูกที่สมบูรณ์หลังการแลกเปลี่ยนสายพันธุ

รูปที่ 3.6 ตัวอย่างวิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุแบบเอกรูปโดยใช้ลำดับเป็นพื้นฐาน

3.3.3 วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุแบบสุ่ม

วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุแบบสุ่มจะนำเอายีนจากโครโมโซม Parent 1 และ Parent 2 ทั้งหมดมารวมกันก่อน โดยคัดเอายีนที่ซ้ำออก หลังจากนั้นจึงทำการสุ่มคัดเลือกยีนไปยังโครโมโซมลูกและทำการเรียงลำดับของยีนในโครโมโซมลูกใหม่ตามลำดับค่าของยีนจากน้อยไปมาก โดยใช้วิธีเดียวกันสำหรับโครโมโซมลูกที่ 1 และ 2 ตัวอย่างของวิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุแบบสุ่มแสดงดังรูปที่ 3.7

Parent1	19	31	36	38	40	47
Parent2	18	19	38	40	47	49

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งาน (a) ตัวอย่างโครโมโซมพ่อแม่ ญาติให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

18	19	31	36	38	40	47	49
----	----	----	----	----	----	----	----

(b) ยีนของโครโมโซมพ่อแม่ที่ถูกนำมารวมกัน

Offspring1	38	31	36	47	40	19
Offspring2	18	38	36	40	31	49

(c) ตัวอย่างโครโมโซมลูกที่ได้จากการสุ่ม

Offspring1	19	31	36	38	40	47
Offspring2	18	31	36	38	40	49

(d) ตัวอย่างโครโมโซมลูกที่สมบูรณ์หลังการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์

รูปที่ 3.7 ตัวอย่างวิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์แบบสุ่ม

3.4 การกลายพันธุ์ (Mutation)

การกลายพันธุ์เป็นการเปลี่ยนแปลงบางส่วนของโครโมโซม ทำให้โครโมโซมเดิมนั้นกลายเป็นโครโมโซมใหม่ ซึ่งอาจทำให้มีค่าความแข็งแรงที่สูงขึ้น จำนวนโครโมโซมที่ทำการกลายพันธุ์ขึ้นอยู่กับสัดส่วนของจำนวนประชากร (η)

งานวิจัยนี้ใช้วิธีการกลายพันธุ์แบบใช้วิธีการเปลี่ยนค่า (Change Value Mutation) เป็นการเปลี่ยนค่าใหม่ในตำแหน่งที่เกิดการกลายพันธุ์ ตำแหน่งที่มีโอกาสกลายพันธุ์จะถูกกำหนดโดยความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ (Probability of Mutation, P_m) โดยยีนที่ถูกเปลี่ยนค่าใหม่แทนด้วยยีนของหมายเลขเส้นทางที่สามารถขัดขวางการลำเลียงได้และมีค่าไม่ซ้ำกับยีนที่อยู่ในโครโมโซมเดิม

Offspring1	24	36	31	37	40	42
	1	2	3	4	5	6



ตำแหน่งยีนที่กลายพันธุ์

Mutated1	24	36	31	37	53	42
----------	----	----	----	----	----	----

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 รูปที่ 3.8 การกลายพันธุ์แบบเปลี่ยนค่า
 ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ดังรูปที่ 3.8 แสดงตัวอย่างของโครโมโซมที่กลายพันธุ์โดยตำแหน่งของยีนที่กลายพันธุ์คือ ตำแหน่งที่ 5 บนโครโมโซมลูกที่ 1 ซึ่งถูกแทนด้วยยีนของหมายเลขเส้นทางที่สามารถตัดขวางการ ลำเลียงได้ใหม่ที่ถูกล้อมขึ้นมาโดยมีค่าไม่ซ้ำกับยีนที่อยู่ในโครโมโซมเดิม อัลลีลของยีนที่โลคัสนี้ได้ เปลี่ยนจาก 40 เป็น 53 ได้เป็นโครโมโซม Mutated 1 โอกาสการกลายพันธุ์จะมีค่าความน่าจะเป็น ในการกลายพันธุ์ (P_m) เพื่อกำหนดจำนวนยีนที่ต้องผ่านการกลายพันธุ์ โดยสร้างเลขสุ่ม (r) อยู่ในช่วง $[0,1]$ สำหรับยีนทุกยีน ยีนใดที่เลขสุ่มมีค่าน้อยกว่าค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ $r \leq P_m$ ให้เลือกยีนนั้นเพื่อทำการกลายพันธุ์

3.5 ฟังก์ชันความแข็งแรง (Fitness Function)

ฟังก์ชันความแข็งแรงเป็นฟังก์ชันที่ใช้วัดความแข็งแรงของโครโมโซมที่ได้ทำการถอดรหัส ซึ่งในปัญหาการตัดขวางเครือข่าย โครโมโซมที่แข็งแรงหมายถึงคำตอบที่สามารถตัดขวางการไหล ได้มากกว่า ดังนั้น ความแข็งแรงของโครโมโซมจึงแปรผกผันกับค่าปริมาณการไหลของเครือข่าย ในงานวิจัยนี้ ค่าความแข็งแรง (v_k) ของโครโมโซม k ถูกกำหนดให้เป็นไปตามสมการที่ (3.1)

$$v_k = \frac{1}{f(x_k) + 1} \quad (3.1)$$

โดยที่ $f(x_k)$ คือปริมาณสูงสุดที่ไหลผ่านเครือข่ายหลังจากถูกตัดขวางด้วยกลยุทธ์ x_k และ ตัวเลข 1 ถูกเพิ่มเข้าไปในส่วนของสมการเพื่อป้องกันการหารด้วย 0

การหาค่า $f(x_k)$ หรือปริมาณการไหลสูงสุดของเครือข่ายสามารถทำได้โดยการแก้ปัญหาการไหลสูงสุด (Maximal Flow Problem) ของปัญหาเครือข่ายใหม่หลังจากที่ได้นำเส้นทางที่ถูกตัดขวางออกจากปัญหาเครือข่ายเดิม ซึ่งขั้นตอนวิธีในการแก้ปัญหาการไหลสูงสุดมีหลากหลายวิธี และวิธีที่ใช้ในงานวิจัยนี้เป็นวิธีของ Ford-Fulkerson ซึ่งเป็นวิธีที่รู้จักกันอย่างแพร่หลาย โดยมีระดับของความซับซ้อน (Order of complexity) เท่ากับ $O(|A|^2, U)$ โดยที่ $|A|$ คือจำนวนของเส้นทางบนเครือข่าย และ U คือปริมาณการไหลสูงสุดบนเครือข่ายที่สามารถไหลได้

3.6 การคัดเลือกโครโมโซม (Chromosome Selection)

การคัดเลือกโครโมโซมเป็นการคัดเลือกโครโมโซมที่แข็งแรงมาเป็นโครโมโซมพ่อแม่สำหรับ

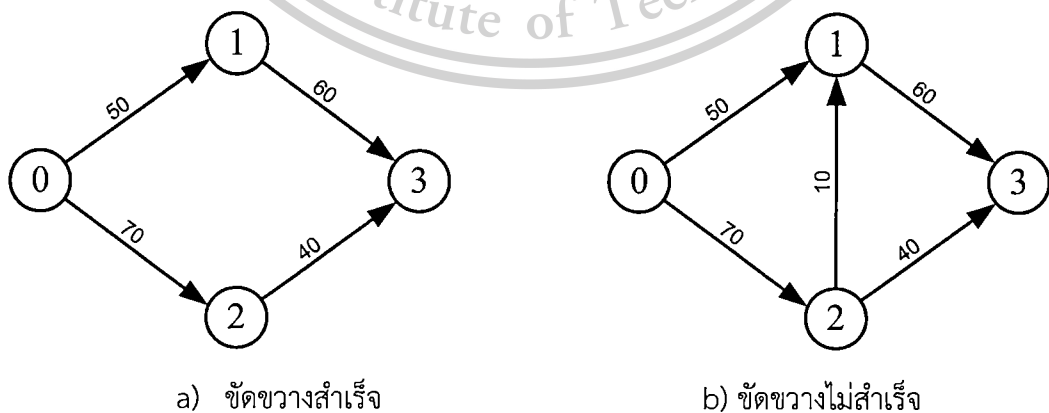
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับใช้ในการเรียนการสอนเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า สร้างประชากรรุ่นต่อไป ในงานวิจัยนี้ใช้วิธีการคัดเลือกแบบการแข่งขัน (Tournament) ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Selection) กล่าวคือ ประชากรกลุ่มย่อยจะถูกสุ่มเลือกมา 2 กลุ่ม และโครโมโซมที่มีความแข็งแรงที่สุดในแต่ละกลุ่มจะถูกคัดเลือกเป็นตัวแทนของโครโมโซมพ่อและแม่ตามลำดับ โดยใช้เกณฑ์ในการวัดค่าความแข็งแรงตามสมการที่ (3.1) ขนาดของประชากรกลุ่มย่อยโดยทั่วไปจะมีขนาดเล็ก ค่าที่นิยมใช้กันทั่วไปคือ 2 หรือ 3

3.7 การสุ่มตัวอย่างเหตุการณ์ (Sampling Method)

สำหรับปัญหาเครือข่ายที่มีขนาดใหญ่ เหตุการณ์ที่เป็นไปได้ทั้งหมดอาจมีจำนวนมากเกินไป ทำให้ไม่สามารถหาค่าความแข็งแรงได้โดยตรง ดังนั้น ผู้วิจัยจึงได้แก้ปัญหาดังกล่าวโดยใช้วิธีการประมาณค่าจากการสุ่มตัวอย่าง หรือที่เรียกว่าการหาค่าเฉลี่ยจากการสุ่ม (Sample average approximation) ความถูกต้องของคำตอบขึ้นอยู่กับปัจจัยหลัก 2 ปัจจัยคือ 1) จำนวนเหตุการณ์ (Number of scenarios) หรือขนาดของตัวอย่าง (Sample size) และ 2) จำนวนตัวอย่าง (Number of samples) โดยขนาดของตัวอย่างจะมีผลโดยตรงกับคุณภาพของคำตอบที่ได้ ในขนาดที่จำนวนตัวอย่างจะเป็นตัวบ่งบอกถึงระดับความน่าเชื่อถือของคำตอบ ซึ่งทั้งสองปัจจัยนี้เป็นตัวแปรสำคัญต่อเวลาที่ต้องใช้ในการหาคำตอบ โดยเฉพาะขนาดของตัวอย่าง ซึ่งจะทำให้เวลาเพิ่มขึ้นแบบชี้กำลัง (Exponential) เมื่อขนาดของตัวอย่างเพิ่มขึ้น

การสุ่มตัวอย่างปัญหาจากปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติคจะทำให้ได้ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบเชิงกำหนด (Deterministic) ซึ่งไม่มีส่วนที่เป็นความไม่แน่นอน โดยการสุ่มจะทำกับเส้นทางที่มีค่าความน่าจะเป็นมากกว่าศูนย์ ตามความน่าจะเป็นของเส้นทางนั้นๆ เช่น ตัวอย่างปัญหาในรูปที่ 3.2 ซึ่งมีเส้นทางจาก 2 ไปยัง 1 เป็นเส้นทางที่สามารถขัดขวางได้และมีความสำเร็จในการขัดขวาง 60% ดังนั้น ตัวอย่างปัญหาที่สุ่มขึ้นจะมีลักษณะดังรูปที่ 3.9 a) (ขัดขวางสำเร็จ) โดยเฉลี่ย 60% และมีลักษณะดังรูปที่ 3.9 b) (ขัดขวางไม่สำเร็จ) 40%



รูปที่ 3.9 ตัวอย่างปัญหาที่ได้จากการสุ่ม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.8 การพัฒนาขั้นตอนวิธีบนระบบคอมพิวเตอร์แบบขนาน

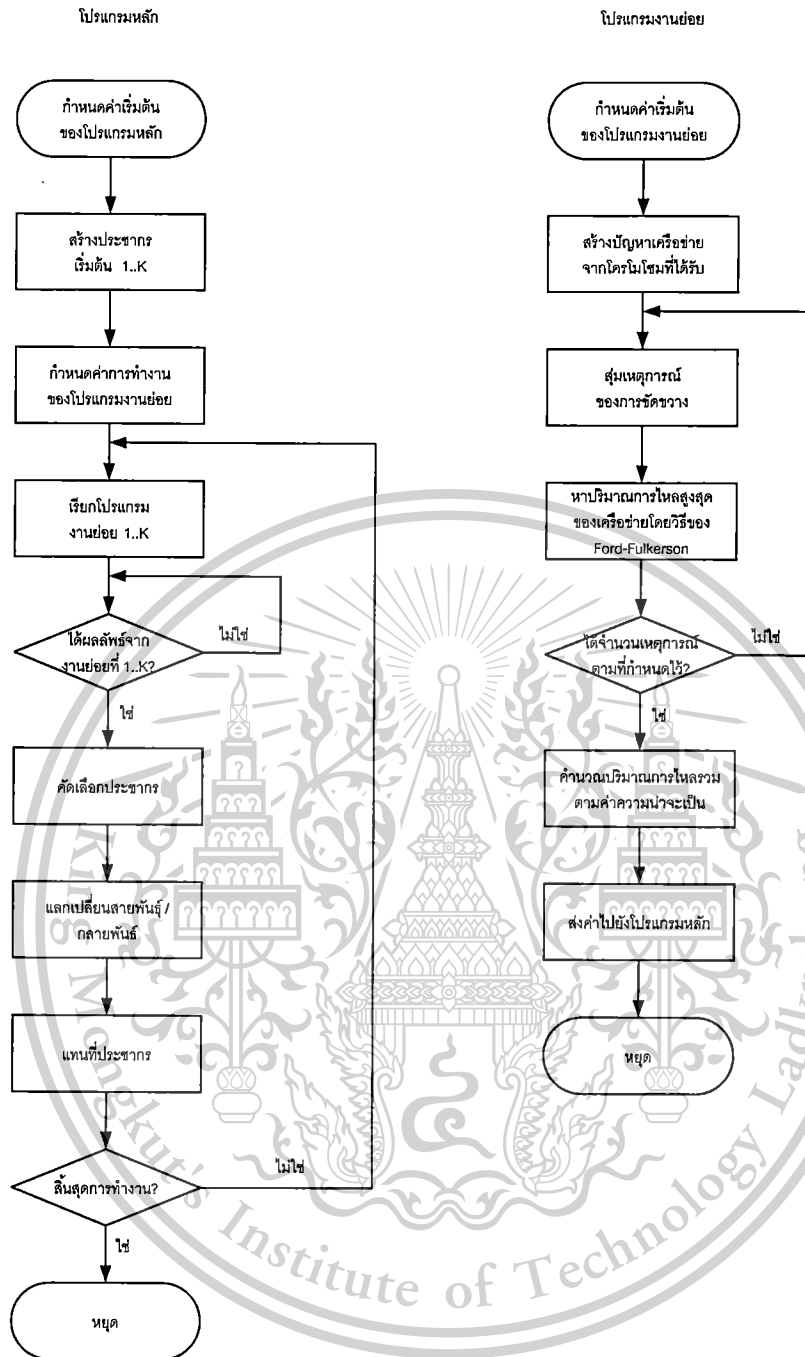
การพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับแก้ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติง อาศัยการทำงานของระบบจัดการงาน (Job Management System) HTCondor บนระบบปฏิบัติการ Linux HTCondor ถูกพัฒนาขึ้นโดยทีม HTCondor ของมหาวิทยาลัย Wisconsin-Madison สหรัฐอเมริกา ระบบคอมพิวเตอร์ที่ใช้เป็นคอมพิวเตอร์แบบกริด (Grid Computing) ซึ่งเครื่องคอมพิวเตอร์ต่างๆ จะเชื่อมต่อกันด้วยระบบเครือข่ายความเร็วสูง โดยมีเครื่องคอมพิวเตอร์ 1 เครื่องที่ทำหน้าที่ในการจัดการงานต่างๆ ซึ่งเรียกว่าเครื่อง Master และเครื่องคอมพิวเตอร์อื่นๆ ที่ทำหน้าที่ในการประมวลผล ซึ่งเรียกว่าเครื่อง Clients เมื่อผู้ใช้ต้องการส่งงาน (Submit Jobs) เข้ามาประมวลผลในระบบ เครื่อง Master จะตรวจสอบสถานะของเครื่อง Clients ต่างๆ ว่ามีเครื่องใดบ้างที่สามารถประมวลผลงานที่ได้รับ และถ้าเครื่อง Client มีสถานะว่าง ก็จะจัดส่งงานไปประมวลผลบนเครื่อง Client นั้นๆ HTCondor เป็นระบบจัดการงานที่มีความยืดหยุ่นสูง ซึ่งเจ้าของเครื่องคอมพิวเตอร์ที่นำเครื่องคอมพิวเตอร์มาเข้าระบบสามารถกำหนดนโยบายในการใช้งานได้ โดยปกติแล้ว HTCondor จะส่งงานไปประมวลผล บนเครื่องที่ไม่มีการใช้งานเท่านั้น

ในส่วนของโปรแกรมสำหรับแก้ปัญหาการขัดขวางเครือข่ายแบบสโตนแคสติง การทำงานของโปรแกรมอาศัยหลักการแบบ “นาย บ่าว” ซึ่งประกอบด้วยโปรแกรม 2 โปรแกรมคือ โปรแกรมคอมพิวเตอร์หลัก (Master Program) และโปรแกรมคอมพิวเตอร์งานย่อย (Worker Program) โดยในส่วนของโปรแกรมคอมพิวเตอร์หลักจะทำหน้าที่สร้างและคัดเลือกประชากรตามขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ส่วนโปรแกรมคอมพิวเตอร์งานย่อยมีหน้าที่เพียงอย่างเดียวคือ การประเมินค่าของปริมาณการไหลของเครือข่ายตามกลยุทธ์ (โครโมโซม) ที่กำหนดให้ ซึ่งการประมวลผลของงานย่อยจะถูกประมวลผลแบบขนานโดยมีจำนวนงานย่อยในแต่ละรอบการค้นหาคำตอบเท่ากับจำนวนของประชากร เมื่อการประมวลผลงานย่อยเสร็จสิ้น ผลของคำตอบจะถูกส่งกลับมาที่โปรแกรมหลักเพื่อนำไปปรับปรุงตามขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมต่อไป ผังการทำงานของโปรแกรมหลักและโปรแกรมงานย่อยแสดงดังรูปที่ 3.9

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.



รูปที่ 3.10 ผังการทำงานของโปรแกรมหลักและโปรแกรมงานย่อย

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

บทที่ 4

การทดลองและผลการทดลอง

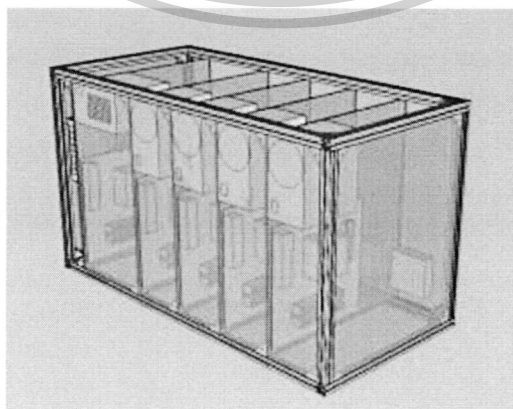
ในบทนี้เป็นการนำขั้นตอนวิธีที่ได้นำเสนอและพัฒนาขึ้นมาทดสอบกับตัวอย่างปัญหาจากงานวิจัยอื่นที่เกี่ยวข้อง เพื่อเปรียบเทียบคำตอบที่ได้จากการทดลองกับคำตอบจากงานวิจัยอื่น ทั้งในแง่ของคุณภาพของคำตอบและเวลาที่ใช้ในการค้นหาคำตอบ

4.1 ระบบคอมพิวเตอร์ที่ใช้ในการประมวลผล

ระบบคอมพิวเตอร์ที่ใช้สำหรับงานวิจัยนี้เป็นระบบคอมพิวเตอร์ที่เชื่อมต่อกันด้วยระบบเครือข่ายความเร็วสูง (Gigabit Ethernet) เพื่อให้สามารถส่งผ่านข้อมูลได้อย่างรวดเร็ว เพื่อให้ประหยัดพื้นที่และงานในการติดตั้ง ผู้วิจัยจึงได้ออกแบบให้เครื่องคอมพิวเตอร์ทั้งหมดอยู่ในโครงสร้างเดียวกัน โดยใช้โปรแกรม CAD/CAM ในการออกแบบโครงสร้างเชิงกลก่อนที่จะทำการสร้างจริง รูปที่ 4.1 แสดงถึงแบบโครงสร้างและการจัดวางอุปกรณ์ของระบบคอมพิวเตอร์ที่ได้ออกแบบไว้ ซึ่งประกอบด้วยเครื่องคอมพิวเตอร์สถานีแม่ 1 เครื่อง และเครื่องคอมพิวเตอร์สถานีลูกอีก 4 เครื่อง

เพื่อให้ง่ายในการติดตั้งซอฟต์แวร์ ผู้วิจัยได้กำหนดให้เครื่องคอมพิวเตอร์ทั้งหมดมีส่วนประกอบพื้นฐานเหมือนกัน ซึ่งได้แก่ แผงวงจรหลัก (Mother Board) และหน่วยประมวลผลกลาง (Central processing unit) โดยแผงวงจรหลักใช้ของ ASUS รุ่น M5A88-M และหน่วยประมวลผลกลางใช้ของ AMD รุ่น FX 8350 ส่วนหน่วยความจำของเครื่องสถานีแม่มีขนาด 16 Gb และเครื่องสถานีลูกมีขนาด 4 Gb

ระบบปฏิบัติการที่เลือกใช้เป็น Linux โดยใช้ distribution ของ Debian AMD 64 ส่วนซอฟต์แวร์ในการจัดการกับการประมวลผลแบบขนานใช้โปรแกรม HTCondor โดยระบบคอมพิวเตอร์ที่สร้างแล้วเสร็จแสดงไว้ในรูปที่ 4.2



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
รูปที่ 4.1 แบบของโครงสร้างสำหรับระบบคอมพิวเตอร์
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.



รูปที่ 4.2 รูปถ่ายของระบบคอมพิวเตอร์ที่ได้สร้างขึ้น

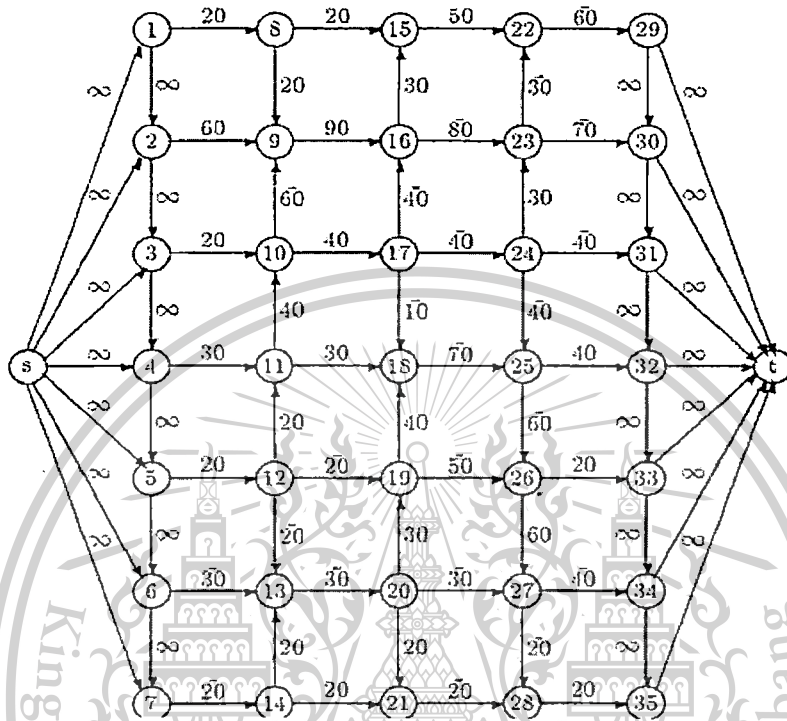
4.2 ตัวอย่างปัญหาที่ใช้ในการทดลอง

รูปแบบปัญหาการขัดขวางเครือข่ายที่ใช้ทดสอบมีโครงสร้างเช่นเดียวกับเครือข่ายที่ใช้ทดสอบในงานวิจัยของ Cormican, Morton and Wood [4] และงานวิจัยของ Janjarassuk and Linderoth [1] ซึ่งเป็นเครือข่ายแบบสโทแคสติกที่ระบุจำนวนของแถวและคอลัมน์ หรือ SNIP $i \times j$ โดยที่ i คือจำนวนของแถว และ j คือจำนวนของคอลัมน์ ตัวอย่างของปัญหา SNIP7x5 และ SNIP4x9 ได้แสดงไว้ในรูปที่ 4.3 และ 4.4 ตามลำดับ โดยมีโหนดต้นทางเชื่อมต่อกับโหนดทั้งหมดในคอลัมน์แรกและโหนดปลายทางเชื่อมต่อกับโหนดทั้งหมดในคอลัมน์สุดท้าย เส้นเชื่อมในแนวนอนทั้งหมดจะมีทิศทางที่มุ่งไปด้านขวาในขณะที่ทิศทางของเส้นเชื่อมโยงในแนวตั้งสามารถเป็นได้ทั้งขึ้นหรือลง แต่ละเส้นทางประกอบด้วยทิศทางการลำเลียง ขนาดที่สามารถลำเลียงไหลผ่าน (u_{ij}) ของแต่ละเส้นเชื่อมโยงมีค่าตั้งแต่ 10 ถึง 100 หน่วย เส้นเชื่อมโยงที่สามารถขัดขวางได้ถูกระบุด้วยสัญลักษณ์ (\sim) บนขนาดของการลำเลียง ค่าใช้จ่ายที่ใช้ในการขัดขวาง (a_{ij}) ของแต่ละเส้นทางที่ใช้ทดสอบทั้งสองเครือข่ายเท่ากับ 1 หน่วย เส้นเชื่อมโยงในคอลัมน์แรกและคอลัมน์สุดท้ายไม่สามารถขัดขวางการลำเลียงได้และมีขนาดของการลำเลียงไม่จำกัด ค่าความน่าจะเป็น

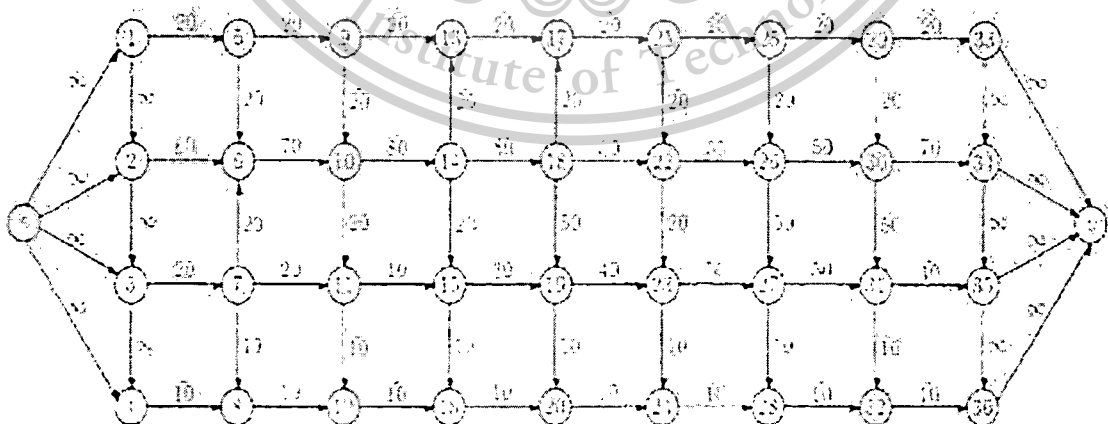
ของความสำเร็จในการขัดขวางของแต่ละเส้นทางที่สามารถขัดขวางได้ (p_{ij}) เท่ากับ 0.75

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า รวบรวมเอื้อยของตัวอย่างเครือข่ายที่ใช้ทดสอบสามารถสรุปได้ดังตารางที่ 4.1 โดยจำนวน ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สถานการณ์การขัดขวางที่เป็นไปได้ขึ้นอยู่กับจำนวนเส้นทางที่สามารถขัดขวางได้หรืองบประมาณที่ใช้ในการขัดขวาง ตัวอย่างเช่น จำนวนเส้นทางที่ขัดขวางได้เท่ากับ 2 จะมีจำนวนสถานการณ์การขัดขวางที่เป็นไปได้ในแต่ละกลยุทธ์การขัดขวาง $(2^2) = 4$ สถานการณ์



รูปที่ 4.3 ตัวอย่างปัญหาเครือข่ายแบบสโตแคสติกขนาด 7x5 (SNIP7x5)
ที่มา: Stochastic Network Interdiction [4]



รูปที่ 4.4 ตัวอย่างปัญหาเครือข่ายแบบสโตแคสติกขนาด 4x9 (SNIP4x9)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับครูใช้งานเพื่อการศึกษานานาชาติ ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.1 ลักษณะของปัญหาทดสอบ

เครือข่าย	งบประมาณ การ ตัดขวาง	จำนวน โหนด	จำนวนเส้น เชื่อมทาง	จำนวนเส้นเชื่อม ทางที่สามารถ ตัดขวางได้	จำนวนสถานการณ์ การตัดขวางทั้งหมด
SNIP7x5	6	37	72	22	4.2×10^6
SNIP4x9	6	38	67	24	1.7×10^7
SNIP10x10	10	102	200	65	3.7×10^{19}

4.3 การทดลองและผลการทดลอง

สำหรับตัวอย่างปัญหาที่นำมาทดสอบในงานวิจัยนี้ แต่ละตัวอย่างปัญหาจะทำการทดลองซ้ำ 10 ครั้ง และบันทึกผลการทดลองและเวลาที่ใช้ในการทดลอง รวมทั้งสมรรถนะในการประมวลผลแบบขนาน (Parallel Performance) ซึ่งเป็นตัวชี้วัดถึงการใช้ประโยชน์จากเครื่องคอมพิวเตอร์ทั้งหมด จากที่ได้กล่าวไว้แล้วก่อนหน้านี้ จำนวนเหตุการณ์ที่เป็นไปได้ในการตัดขวางเครือข่ายขึ้นอยู่กับงบประมาณที่ใช้ ดังนั้น การประเมินค่าการไหลจากเหตุการณ์ทั้งหมดจึงสามารถทำได้เฉพาะตัวอย่างปัญหาที่มีขนาดเล็กเท่านั้น สำหรับวิธีการสุ่มตัวอย่าง สามารถทำได้ทั้งตัวอย่างปัญหาที่มีขนาดเล็กและขนาดใหญ่ ซึ่งคำตอบที่ได้จะเป็นค่าประมาณ

การทดลองแบ่งออกเป็นสองส่วน ในส่วนที่ 1 เป็นการทดลองโดยใช้การประเมินค่าการไหลจากเหตุการณ์ทั้งหมด ซึ่งจะทำการทดลองกับปัญหาขนาดเล็ก และในส่วนที่ 2 เป็นการประเมินค่าการไหลจากการสุ่มตัวอย่าง ซึ่งจะทำการทดลองกับปัญหาที่มีขนาดเล็กและขนาดใหญ่ โดยมีการเพิ่มงบประมาณในการตัดขวางจาก 10 เป็น 15 และ 20 ในตัวอย่างปัญหา SNIP10x10 และทำการสุ่มตัวอย่างโดยใช้ขนาดตัวอย่าง (Sample Size) เท่ากับ 50, 100, 200, 500, 1000, และ 2000 ตามลำดับ โดยกำหนดค่าพารามิเตอร์ในการทดลองคือ ขนาดของประชากรเป็น 100 จำนวนรุ่นของประชากรเป็น 1000 ค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์เป็น 0.6 และค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์เป็น 0.05 ผลการทดลองในส่วนที่ 1 และส่วนที่ 2 แสดงดังในตารางที่ 4.2 และ 4.3 ตามลำดับ

ตารางที่ 4.2 ผลการทดลองจากการประเมินเหตุการณ์ทั้งหมด

ตัวอย่างปัญหา	งบประมาณ	จำนวนเหตุการณ์	เวลาเฉลี่ย (วินาที)	สมรรถนะ	ค่าเฉลี่ยการไหล	ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน
SNIP4x9	6	64	62.23	0.05	10.908	0
SNIP7x5	6	64	69.62	0.04	80.117	0
SNIP10x10	10	1024	366.72	0.83	88.125	0

เอกสารนี้เป็นเอกสารสงวนไว้สำหรับครูในสำนักงานการศึกษาเอกชนเท่านั้น ไม่อนุญาตให้ใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ให้ผลที่สอดคล้องกับงานวิจัยของ [1] และมีค่าใกล้เคียงกับผลในตารางที่ 4.2 ในแต่ละตัวอย่างปัญหา ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของคำตอบมีแนวโน้มลดลงเมื่อขนาดตัวอย่างเพิ่มขึ้น ซึ่งแสดงให้เห็นว่าเมื่อเพิ่มขนาดตัวอย่าง ค่าคลาดเคลื่อนจากการประมาณค่าจะมีแนวโน้มลดลง

ในส่วนของเวลาที่ใช้ในการประมวลผล จากตารางที่ 4.3 จะเห็นได้ว่า เวลาเพิ่มขึ้นตามขนาดตัวอย่างของปัญหาที่เพิ่มขึ้น โดยมีลักษณะที่ไม่เชิงเส้น เนื่องจากมีปัจจัยอื่นที่มีผลต่อเวลาที่ใช้ในการประมวลผล เช่น สถานะการทำงานของคอมพิวเตอร์แต่ละเครื่อง รวมทั้งการรับส่งข้อมูลระหว่างเครื่องคอมพิวเตอร์ นอกจากนี้ สมรรถนะของการประมวลผลแบบขนานก็มีแนวโน้มเพิ่มขึ้นเมื่อขนาดตัวอย่างเพิ่มขึ้น ทั้งนี้เนื่องจากเวลาที่ต้องใช้ในการประมวลโปรแกรมงานย่อยเพิ่มขึ้น ทำให้สามารถใช้งานเครื่องคอมพิวเตอร์ต่างๆ ได้ดีขึ้น



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

บรรณานุกรม

- [1] U. Janjarassuk และ J. Linderoth, "Reformulation and sampling to solve a stochastic network interdiction problem," *Networks*, เล่มที่ 52, %13, pp. 120-132, October 2008.
- [2] R. Collado และ D. Papp, "Network interdiction – models, applications, unexplored directions.," Rutcor Research Report, 2012.
- [3] R. K. Wood, "Deterministic Network Interdiction," *Mathematical and Computer Modelling*, เล่มที่ 17, %12, pp. 1-18, 1993.
- [4] D. P. M. K. W. KELLY J. CORMICAN, "Stochastic Network Interdiction," *Operations Research*, เล่มที่ 46, pp. 184-197, 1998.
- [5] C. Rocco และ J. E. Ramirez-Marquez, "Deterministic network interdiction optimization via an evolutionary approach," *Reliability Engineering and System Safety*, เล่มที่ 94, %12, pp. 268-576, 2008.
- [6] F. Pan, "Stochastic network interdiction: models and methods," Austin : The University of Texas, 2005.
- [7] E. K. Burke และ G. Kendall, *Search Methodologies: Introductory Tutorials in Optimization and Decision Support Techniques*, Springer, 2005.
- [8] E. Eiben, M. Cees และ Kemenade, "Diagonal Crossover in Genetic Algorithms for Numerical Optimization," *Journal of Control and Cybernetics*, เล่มที่ 26, %13, 1997.
- [9] จ. เอี่ยมมี, "การประยุกต์ใช้เงินเนติกอัลกอริทึมในการจัดสมดุลสายการประกอบแบบผลิตภัณฑ์ผสม," วิทยานิพนธ์ วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิศวกรรมอุตสาหกรรม จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, 2543.
- [10] ณ. ต้นตนาตระกูล, "การประยุกต์ใช้เงินเนติกอัลกอริทึมในการออกแบบผังโรงงานที่แผนกมีขนาดไม่เท่ากัน," วิทยานิพนธ์ วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิศวกรรมอุตสาหกรรม จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, 2543.
- [11] B. Fahran, Dulaimi และ H. Ali, "Enhanced Traveling Salesman Problem Solving by Genetic Algorithm Technique (TSPGA)," *World Academy of Science, Engineering and Technology*, เล่มที่ 14, 2008.
- [12] E. Goldberg และ R. Lingle, "Alleles, loci, and the TSP," ใน *Proceeding of the 1st International Conference on Genetic Algorithms*, 1985.
- [13] L. Davis, "Applying adaptive algorithms to epistatic domains," *9th international joint conference on Artificial Intelligence*, เล่มที่ 1, pp. 162-164, 1985.
- [14] J. M. Oliver, D. J. Smith และ J. R. Holland, "A study of permutation crossover operators on the travelling salesman problem," *2nd international joint conference on Genetic Algorithms*, p. 224–230, 1987.

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับกรใช้งานเพื่อการศึกษาค้นคว้าเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

- [15] R. K. W. Eitan Israeli, "Shortest-Path Network Interdiction," *Networks*, เล่มที่ 40, %12, p. 97-111, 2002.
- [16] K. W. Alan Washburn, "Two-person Zero-sum Games for Network Interdiction," *Operations Research*, เล่มที่ 43, %12, pp. 243-251, 1995.
- [17] W. S. C. D. P. M. Feng Pan, "Interdicting Smuggled Nuclear Material," ใน *Network Interdiction and Stochastic Integer Programming*, Kluwer Academic Publishers, 2003, pp. 1-19.
- [18] J. E. Ramirez-Marquez และ C. Rocco, "Stochastic network interdiction optimization via capacitated network reliability modeling and probabilistic solution discovery," *Reliability Engineering and System Safety*, เล่มที่ 94, p. 913-921, 2009.
- [19] H. Held, R. Hemmece และ D. Woodruff, "A decomposition approach applied to planning the interdiction of stochastic networks," *Naval Research Logistics*, เล่มที่ 52, p. 321-328, 2005.
- [20] R. L. Haupt และ S. E. Haupt, *Practical Genetic Algorithms*, John Wiley & Sons, Inc., 2004.
- [21] A. Fraser, "Simulation of genetic systems by automatic digital computers. I. Introduction," *Australian Journal of Biological Sciences*, เล่มที่ 10, pp. 484-491, 1957.
- [22] H. Bremermann, "The evolution of intelligence. The nervous system as a model of its environment," Technical report, no.1, contract no. 477(17), Dept. Mathematics, Univ. Washington, Seattle, 1958.
- [23] A. Fraser และ D. Burnell, *Computer Models in Genetics*, New York: McGraw-Hill, 1970.
- [24] J. L. Crosby, *Computer Simulation in Genetics*, London: John Wiley & Sons, 1973.
- [25] E. Cantú-Paz, "A Survey of Parallel Genetic Algorithms," *CALCULATEURS PARALLELES*, เล่มที่ 10, 1998.
- [26] S. Baluja, "Structure and Performance of Fine-Grain Parallelism in Genetic Search," 1993.
- [27] H. C. BRAUN, "On Solving Travelling salesman Problems by Genetic Algorithms," *Parallel Problem Solving from Nature*, pp. 129-133, 1990.
- [28] M. MUNETOMO, Y. TAKAI และ Y. SATO, "An efficient migration scheme for subpopulation-based asynchronously parallel genetic algorithms," *Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms*, p. 649, 1993.
- [29] F. J. MARIN, O. TRELLES-SALAZAR และ F. SANDOVAL, "Genetic algorithms on LAN-message passing architectures using PVM: Application to the routing

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์ของสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง การนำเอกสารนี้ไปใช้โดยไม่ได้รับอนุญาตจากสถาบันฯ ถือเป็นความผิดทางกฎหมาย
 ไม่ว่ากรรมใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.

problem,” *Parallel Problem Solving from Nature*, pp. 534-543, 1994.

- [30] R. K. W. Ahmet Balcioglu, “Enumerating Near-Min s - t Cuts,” ใน *Network Interdiction and Stochastic Integer Programming*, Kluwer Academic Publishers, 2003, pp. 21-49.



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

This material is reserved for educational use only, not allowed for commercial use.

Forbidden to modify the content, and cite the document when use.