

ห้องสมุดคณะเทคโนโลยีสารสนเทศ พระจอมเกล้าลาดกระบัง

การวิเคราะห์การขึ้นลงราคาหุ้นโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับ  
โครงข่ายประสาทเทียม

GENETIC ALGORITHM AND NEURAL NETWORKS FOR  
STOCK PRICE PREDICTION



โดย

สรินนา ทิระนาถวิทยากุล

SARINNA TIRANATWITTAYAKUL

อาจารย์ที่ปรึกษา

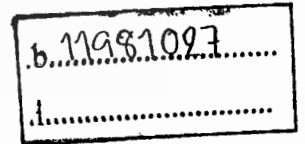
พ.ย.  
ศ 3567  
2550

รศ. ดร. อาริต ธรรมโน

เลขหมู่.....

เลขทะเบียน.....04852

วัน,เดือน,ปี..... 8 ต.ค. 2551



รายงานนี้เป็นส่วนหนึ่งของวิชาโครงการพัฒนาระบบงาน  
หลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาเทคโนโลยีสารสนเทศ

คณะเทคโนโลยีสารสนเทศ

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

ภาคเรียนที่ 1 ปีการศึกษา 2550

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

**GENETIC ALGORITHM AND NEURAL NETWORKS FOR  
STOCK PRICE PREDICTION**



**A SYSTEM DEVELOPMENT PROJECT  
OF THE REQUIREMENT FOR THE DEGREE OF  
MASTER OF SCIENCE PROGRAM IN INFORMATION TECHNOLOGY  
FACULTY OF INFORMATION TECHNOLOGY  
KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG**

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



**COPYRIGHT 2007**

**FACULTY OF INFORMATION TECHNOLOGY**

**KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG**

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หัวข้อ	การวิเคราะห์การขึ้นลงราคาหุ้น โดยการใช้เทคนิคอัลกอริทึม ร่วมกับโครงข่ายประสาทเทียม
นักศึกษา	นางสาวสรินนา ตระนาถวิทยากุล
รหัสนักศึกษา	48066507
ปริญญา	วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต
สาขาวิชา	เทคโนโลยีสารสนเทศ
แขนงวิชา	วิทยาการสารสนเทศ
ปีการศึกษา	2550
อาจารย์ที่ปรึกษา	รศ. ดร. อาริต ธรรมโน

### บทคัดย่อ

ในปัจจุบันนักลงทุนในตลาดหลักทรัพย์ ต่างพยายามหาวิธีการต่างๆ เพื่อวิเคราะห์พยากรณ์ราคาของหลักทรัพย์ในการซื้อขายเพื่อให้เกิดกำไรสูงสุดในการลงทุน ซึ่งการศึกษาและวิเคราะห์ข้อมูลต้องพิจารณาจากองค์ประกอบหลายๆด้าน ทั้งแนวโน้มของธุรกิจนั้นๆ อัตราดอกเบี้ย ราคาเปิด ราคาปิด มูลค่าการซื้อขายซึ่งเป็นข้อมูลที่เกิดขึ้นวันต่อวัน ซึ่งข้อมูลที่เกิดขึ้นในแต่ละวันเหล่านี้ถูกนำมาวิเคราะห์ทางเทคนิค มีการนำเทคโนโลยีสารสนเทศมาประยุกต์ใช้ในการแก้ปัญหาต่างๆ เพื่อให้ได้ข้อมูลที่ใช่ประกอบการตัดสินใจทำให้เกิดผลตอบแทนสูงสุด ตัวทำนายที่ดีจะทำให้ได้ผลตอบแทนการลงทุนมหาศาลในเวลาอันรวดเร็ว

ในโครงการศึกษานี้ได้นำหลักการของเทคนิคอัลกอริทึมร่วมกับโครงข่ายประสาทเทียมจำลองการทำนาย โดยนำเทคนิคอัลกอริทึมมาใช้สำหรับค้นหาน้ำหนักที่ดี หรือเหมาะสมที่สุด จากนั้นจะนำค่าน้ำหนักที่ได้ ทำหน้าที่เลือกชุดฝึกสอนที่เหมาะสมให้กับโครงข่ายประสาทเทียม และเปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำนายกับ เคมีนอัลกอริทึมร่วมกับโครงข่ายประสาทเทียม

<b>Title</b>	Genetic algorithm and neural networks for stock price prediction
<b>Student</b>	Ms Sarinna Tiranatwittayakul
<b>Student ID.</b>	48066507
<b>Degree</b>	Master of Science
<b>Programme</b>	Information Science
<b>Academic Year</b>	2007
<b>Advisor</b>	Assoc.Prof.Dr.Arit Thammano

## ABSTRACT

In the present time investor in stock market try to find the best way in order to analysis price value of investment. Analysis Methods have a lot of ways to solve such as trend of marketing, interest rate, open interest ,Price value which can changed in everyday. Investment data can use to analyst to decision for benefit purpose. The best forecasting will be good way to return money in the short time.

In this project used radial basis function neural network for forecast and process by Genetic algorithm to find out the best of weight to train neural network and compare efficiency with radial basis function neural network by K-Mean algorithm.

# กิตติกรรมประกาศ

สำหรับความสำเร็จของโครงการพัฒนาระบบงานนี้สำเร็จลุล่วงไปด้วยดี เนื่องจากบุคคลหลายท่าน ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณ รศ. ดร. อาริต ธรรมโน อาจารย์ที่ปรึกษาโครงการพัฒนาระบบงานเป็นอย่างสูง ที่ได้กรุณาให้ความรู้ ให้คำอธิบายยามเกิดข้อสงสัยต่างๆ พร้อมทั้งให้คำแนะนำในการดำเนินการ ที่เป็นประโยชน์ต่อการพัฒนาระบบงาน

ขอขอบคุณเพื่อนๆทุกคน ที่เรียนร่วมกันมา ที่คอยถามไถ่ทุกครั้งที่ได้มีโอกาสเจอกันและคอยสนับสนุนเป็นกำลังใจให้เสมอมา

ขอขอบคุณเพื่อนสนิททุกคน ที่คอยกระตุ้นเตือนและถามไถ่ “จบหรือยัง” ที่ทำให้เป็นแรงใจในการพยายามเสมอมา

ขอขอบคุณเพื่อนร่วมงาน ที่คอยเป็นกำลังใจ  
สุดท้ายนี้ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณ บิศา มารดา น้องสาวและน้องชาย ที่เป็นกำลังใจให้เสมอมา จนโครงการพัฒนาระบบงานสำเร็จลุล่วงด้วยดี

ข้าพเจ้าหวังว่าโครงการพัฒนาระบบงานนี้ พึงมีประโยชน์ต่อผู้ที่มีความสนใจไม่มากก็น้อย

สรินนา ศิระนาถวิทยกุล

# สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	I
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	II
กิตติกรรมประกาศ.....	III
สารบัญ.....	IV
สารบัญตาราง.....	VI
สารบัญรูป.....	VII
บทที่ 1 บทนำ	
1.1 หลักการและเหตุผล.....	1
1.2 วัตถุประสงค์.....	1
1.3 ขอบเขตของการศึกษา.....	2
1.4 ขั้นตอนการศึกษา.....	2
1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ.....	3
บทที่ 2 ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง	
2.1 ทฤษฎีโครงข่ายประสาทเทียม.....	4
2.1.1 การเรียนรู้สำหรับโครงข่ายประสาทเทียม.....	5
2.1.2 โครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียม.....	6
2.1.3 Radial Basis Function (RBF) Neural Network Model.....	7
2.2 ทฤษฎีเจเนติกอัลกอริทึม.....	11
2.3 K-Mean อัลกอริทึม.....	19
บทที่ 3 วิธีดำเนินการศึกษา	
3.1 ส่วนของโครงสร้างแบบจำลอง.....	23
3.2 กระบวนการเตรียมข้อมูล.....	23
3.3 กระบวนการเตรียมโครงข่าย.....	24
3.3.1 การทำงานของโครงข่ายโดยรวม.....	24
3.3.2 การจัดกลุ่ม hidden node และการหาศูนย์กลางโดย K-Mean.....	25
3.3.3 การจัดกลุ่ม hidden node และการหาศูนย์กลาง ของ โดย Genetic .....	30

บทที่ 4 การสร้างระบบและทดสอบ

4.1 ส่วนประกอบของคอมพิวเตอร์.....38

4.2 ส่วนของโปรแกรม ขั้นตอนและรายละเอียดใช้งาน.....38

4.3 ผลการทำงาน.....41

บทที่ 5 สรุปผลการศึกษา

บรรณานุกรม.....52

ประวัติผู้เขียน.....53



# สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2.1 แสดงค่าของแต่ละโครโมโซม.....	14
2.2 แสดงค่า cumulative.....	16
2.3 แสดงค่าที่ random.....	16
2.4 แสดงค่าการคัดเลือกประชากรรุ่นที่ 1.....	17
2.5 แสดงค่าชุดข้อมูลในการจัดกลุ่มโดย K-Mean.....	20
2.6 แสดงค่าเฉลี่ยของแต่ละกลุ่ม.....	20
2.7 แสดงค่าเฉลี่ยของแต่ละกลุ่มใหม่.....	21
2.8 แสดงค่าระยะห่างระหว่างข้อมูล กับ ค่าเฉลี่ย.....	21
3.1 แสดงตัวอย่างค่าข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา.....	24
3.2 แสดงค่าการจัดกลุ่มข้อมูลในการป้อนโครงข่ายประสาทเทียม.....	24
3.3 แสดงประชากรต้นแบบ.....	31
3.4 แสดงค่าความเหมาะสมประชากรต้นแบบ.....	31
4.1 แสดงผลการทดลอง.....	50

# สารบัญรูป

รูปที่	หน้า
2.1 แสดง Model ของ Neuron ในสมองมนุษย์.....	4
2.2 สถาปัตยกรรมของ Neuron ในคอมพิวเตอร์.....	5
2.3 สถาปัตยกรรมของโครงข่ายประสาทเทียม.....	6
2.4 สถาปัตยกรรมของ RBF neural network.....	7
2.5 Radial Basis Function network แบบ Single-layer.....	8
2.6 Gaussian Radial Basis Function ที่มี $c = 0$ และ $r = 1$ .....	9
2.7 แสดงโครงสร้างพื้นฐานของเจเนติกอัลกอริทึม.....	12
2.8 แสดงการสุ่มหาประชากรเริ่มต้นจำนวน 4 โครโมโซม.....	12
2.9 roulette wheel selection.....	15
3.1 การคัดเลือกโครโมโซม จาก roulette wheel.....	32
4.1 หน้าจอหลักของระบบงาน .....	38
4.2 หน้าจอการทำงานของ Genetic Algorithm.....	39
4.3 หน้าจอการทำงานของ K-Mean Algorithm.....	40
4.4 กราฟแสดงผล Data Train ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 10.....	42
4.5 กราฟแสดงผล Data Test ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 10.....	42
4.6 กราฟแสดงผล Data Train ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 30.....	43
4.7 กราฟแสดงผล Data Test ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 30.....	43
4.8 กราฟแสดงผล Data Train ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 10.....	44
4.9 กราฟแสดงผล Data Test ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 10.....	44
4.10 กราฟแสดงผล Data Train ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 30.....	45
4.11 กราฟแสดงผล Data Test ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 30.....	45
4.12 กราฟแสดงผล Data Train ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 10.....	46
4.13 กราฟแสดงผล Data Test ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 10.....	46
4.14 กราฟแสดงผล Data Train ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 30.....	47
4.15 กราฟแสดงผล Data Test ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 30.....	47
4.16 กราฟแสดงผล Data Train ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 10.....	48
4.17 กราฟแสดงผล Data Test ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 10.....	48

4.18 กราฟแสดงผล Data Train ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 30.....49

4.19 กราฟแสดงผล Data Test ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 30.....49



# บทที่ 1

## บทนำ

### 1.1 หลักการและเหตุผล

เป็นที่ทราบกันดีว่าในการลงทุนนั้น ข้อมูล เป็นสิ่งสำคัญที่นำมาใช้เพื่อประโยชน์ในการตัดสินใจสำหรับนักลงทุน ดังเช่นการลงทุนในตลาดหลักทรัพย์ นักลงทุนและนักเก็งกำไรต่างพยายามหาวิธีการต่างๆ เพื่อวัตถุประสงค์ในการพยากรณ์ราคาของหลักทรัพย์ในอนาคต จึงมีความจำเป็นในการนำข้อมูลมาวิเคราะห์ แต่ด้วยข้อมูลที่มีอยู่ในตลาดหลักทรัพย์นั้นมีการเปลี่ยนแปลงอยู่ตลอดเวลา และลักษณะข้อมูลของตลาดหลักทรัพย์นั้นเป็นลักษณะของข้อมูลอนุกรมเวลา ที่เก็บรวบรวมตามระยะเวลาเป็นช่วงๆอย่างต่อเนื่องกัน ได้แก่ ราคาเปิด ราคาปิด ราคาสูงสุด ราคาต่ำสุด มูลค่าการซื้อขาย ข้อมูลที่เกิดขึ้นในแต่ละวันเหล่านี้ถูกนำมาวิเคราะห์ซึ่งเรียกว่าการวิเคราะห์ทางเทคนิค ซึ่งเป็นข้อมูลที่นักลงทุนใช้ในการพยากรณ์เป็นหลัก โดยอาศัยช่วงจังหวะการขึ้นลงของราคาเข้าไปซื้อขาย ซื้อในช่วงที่คิดว่าเป็นจุดที่ราคาต่ำสุด และขายในช่วงเวลาที่คิดว่าเป็นราคาสูงสุด เครื่องมือที่ถูกนำมาใช้ในการวิเคราะห์ทางเทคนิคนี้ส่วนใหญ่อาศัยการวิเคราะห์ทางสถิติ เช่นการวิเคราะห์เชิงเส้น การถดถอย และการวิเคราะห์อนุกรมเวลา แต่เครื่องมือเหล่านี้เป็นการหาความสัมพันธ์เชิงเส้นต่างๆที่ข้อมูลราคาหลักทรัพย์นั้นไม่ใช่ข้อมูลเชิงเส้น เราจึงใช้หลักการของโครงข่ายประสาทเทียมมาเป็นแนวทางในการวิเคราะห์

โครงข่ายประสาทเทียม (Artificial Neural Network) เป็นเทคนิคเครื่องจักรกลเรียนรู้แบบหนึ่ง สำหรับประมวลผลสารสนเทศเพื่อจำลองการทำงานของโครงข่ายประสาทในสมองมนุษย์ ด้วยวัตถุประสงค์ที่จะสร้างเครื่องมือซึ่งมีความสามารถในการเรียนรู้การจดจำแบบรูป (Pattern Recognition) และการอุปมานความรู้ (Knowledge deduction) เช่นเดียวกับความสามารถที่มีในสมองมนุษย์

### 1.2 วัตถุประสงค์ของการศึกษา

การศึกษาในครั้งนี้มีวัตถุประสงค์ ดังนี้

1. เพื่อทำการศึกษาเทคนิคต่างๆ ในการพยากรณ์ (Forecasting Technique)
2. เพื่อทำการศึกษาหลักการของเจเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm) K-Mean อัลกอริทึม และประยุกต์ใช้หลักการดังกล่าวในการค้นหาตัวแปรที่เกี่ยวข้องที่เหมาะสมที่สุดในการพยากรณ์ เพื่อนำมาใช้ในการหา Radial basis function เพื่อใช้ในการพยากรณ์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3. เพื่อศึกษาโครงข่ายประสาทเทียม (Artificial Neural Network) แบบ RBF
4. เปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำงานของอัลกอริทึมโดยพิจารณาเปรียบเทียบระหว่างการทำงานร่วมของโครงข่ายประสาทเทียมแบบ RBF กับเจเนติกอัลกอริทึม และโครงข่ายประสาทเทียมแบบ RBF ร่วมกับ K-Mean อัลกอริทึม
5. เพื่อเป็นแนวทางการศึกษาในการวิเคราะห์หุ้น เพื่อประโยชน์ในการลงทุนสำหรับอนาคต

### 1.3 ขอบเขตของการศึกษา

โครงการศึกษานี้เป็นการศึกษาเปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมร่วมกับโครงข่ายประสาทเทียม กับการทำงานของ K-Mean อัลกอริทึมร่วมกับโครงข่ายประสาทเทียม แบบ Radial basis function เพื่อใช้ในการพยากรณ์กับค่าความเป็นจริงของข้อมูลที่น่ามาใช้ในการทดสอบระบบ ซึ่งการพยากรณ์เป็นการพยากรณ์แบบอนุกรมเวลา โดยศึกษาจากรูปแบบการเปลี่ยนแปลงของตัวแปรที่เปลี่ยนไปตามเวลาในอดีต โดยไม่ได้พิจารณาตัวแปรอื่นๆ โดยมีจุดประสงค์เพื่อทำการค้นหารูปแบบในชุดข้อมูล ซึ่งข้อมูลดังกล่าวเป็นข้อมูลราคาหลักทรัพย์ของประเทศไทยย้อนหลัง 1 ปี

โดยขอบเขตของการศึกษาหลักๆ ประกอบด้วย

- โครงข่ายประสาทเทียม (Artificial Neural Network)
- ฟังก์ชันเรเดียลเบซิส (Radial Basis Function)
- เจเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm)
- K-Means Algorithm

### 1.4 ขั้นตอนการศึกษา

ในโครงการศึกษานี้มีขั้นตอนการดำเนินงาน ดังนี้

1. ศึกษาแนวคิดและทฤษฎีเกี่ยวกับโครงข่ายประสาทเทียม หลักการทำงานของโครงข่ายประสาทเทียม
2. ศึกษาค้นคว้าข้อมูล หลักการทำงานเกี่ยวกับเจเนติกอัลกอริทึม เพื่อสามารถนำแนวคิดดังกล่าวมาประยุกต์ใช้
3. ศึกษาแนวคิดหลักการของ K-Mean อัลกอริทึมเพื่อสามารถนำแนวคิดดังกล่าวมาประยุกต์ใช้
4. พัฒนาระบบงาน โดยนำเจเนติกอัลกอริทึมมาทำงานร่วมกับโครงข่ายประสาทเทียมแบบ RBF และนำ K-Mean อัลกอริทึมร่วมกับโครงข่ายประสาทเทียมแบบ RBF มาเปรียบเทียบประสิทธิภาพ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## 5. สรุปผลการศึกษา

### 1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. ได้รับความรู้และความเข้าใจในเทคนิคการพยากรณ์เบื้องต้น
2. สามารถเรียนรู้หลักการทำงานของโครงข่ายประสาทเทียม K-Mean อัลกอริทึม และเจเนติกอัลกอริทึม
3. เพื่อเป็นแนวทางในการนำหลักการอัลกอริทึมที่ได้ทำการศึกษาามาประยุกต์ใช้ในการวิเคราะห์แนวโน้มทางตลาดหุ้น



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## บทที่ 2

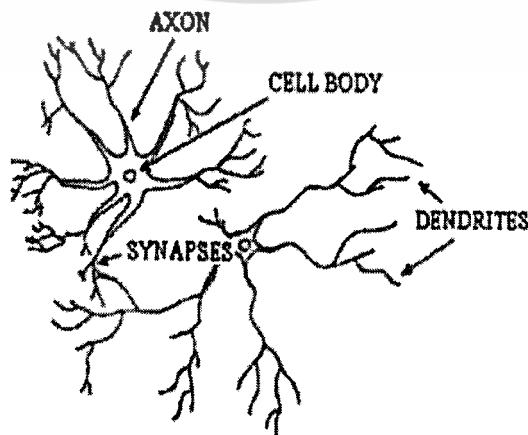
### ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง

#### 2.1 ทฤษฎีโครงข่ายประสาทเทียม (Artificial Neural Network)

โครงข่ายประสาทเทียม (Artificial Neural Network) เป็นเทคนิคเครื่องจักรกลเรียนรู้แบบหนึ่ง สำหรับประมวลผลสารสนเทศเพื่อจำลองการทำงานของเครือข่ายประสาทในสมองมนุษย์ ด้วยวัตถุประสงค์ที่จะสร้างเครื่องมือซึ่งมีความสามารถในการเรียนรู้การจดจำแบบรูป (Pattern Recognition) และการอุปมาความรู้ (Knowledge deduction) เช่นเดียวกับความสามารถที่มีในสมองมนุษย์ โดยเทคนิคการทำงานแบบการเรียนรู้ มีการรับข้อมูลเข้าไปสะสมจากหลายๆ เซลล์ แล้วนำข้อมูลเหล่านั้นมาผ่านกระบวนการเพื่อปรับเปลี่ยนข้อมูลให้ได้ตามต้องการ และส่งออกไปยังเซลล์ประสาทอื่นๆ การเปรียบเทียบค่าเอาต์พุตที่ได้กับค่าเป้าหมายที่ทราบ เพื่อปรับปรุงประสิทธิภาพในการทำงาน

แนวคิดเริ่มต้นของเทคนิคนี้ได้มาจากการศึกษาข่ายงานไฟฟ้าชีวภาพ (bioelectric network) ในสมอง ซึ่งประกอบด้วย เซลล์ประสาท หรือ “นิวรอน” (neurons) และ จุดประสานประสาท (synapses) แต่ละเซลล์ประสาทประกอบด้วยปลายในการรับกระแสประสาท เรียกว่า “เดนไดรต์” (Dendrite) ซึ่งเป็น อินพุต และปลายในการส่งกระแสประสาทเรียกว่า “แอกซอน” (Axon) ซึ่งเป็นเหมือนเอาต์พุตของเซลล์ เซลล์เหล่านี้ทำงานด้วยปฏิกิริยาไฟฟ้าเคมี เมื่อมีการกระตุ้นด้วยสิ่งเร้าภายนอกหรือกระตุ้นด้วยเซลล์ด้วยกัน กระแสประสาทจะวิ่งผ่านเดนไดรต์เข้าสู่นิวเคลียสซึ่งจะเป็นตัวตัดสินใจว่าต้องกระตุ้นเซลล์อื่นๆ ต่อหรือไม่ ถ้ากระแสประสาทแรงพอ นิวเคลียสก็จะกระตุ้นเซลล์อื่นๆ ต่อไปผ่านทางแอกซอนของมัน

เซลล์สมองมนุษย์แยกการทำงานได้เป็น 4 ส่วนด้วยกันคือ ตัวเซลล์ (Cell body) แกนของเซลล์ (Axon) กิ่งก้านของเซลล์ (Dendrites) และส่วนเชื่อมต่อเซลล์ (Synapses) ดังในรูปที่ 2.1

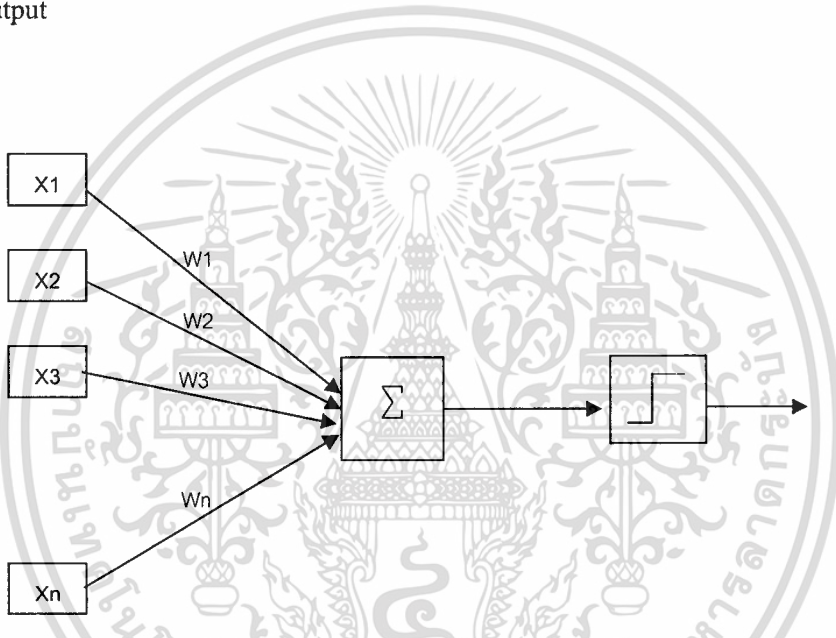


รูปที่ 2.1 แสดง Model ของ Neuron ในสมองมนุษย์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาค้นคว้าเท่านั้น เมื่อนักผู้ใดเห็นนำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สำหรับในคอมพิวเตอร์ Neurons ประกอบด้วย input และ output เหมือนกัน โดยจำลองให้ input แต่ละอันมี weight เป็นตัวกำหนดน้ำหนักของ input โดย neuron แต่ละหน่วยจะมีค่า threshold เป็นตัวกำหนดว่าน้ำหนักรวมของ input ต้องมากขนาดไหนจึงจะสามารถส่ง output ไปยัง neurons ตัวอื่นได้ เมื่อนำ neuron แต่ละหน่วยมาต่อกันให้ทำงานร่วมกัน

การทำงานของโครงข่ายประสาทเทียม คือเมื่อมี output เข้ามายัง network ก็เอา input มาคูณกับ weight ของแต่ละขา ผลที่ได้จาก input ทุกๆ ขาของ neuron จะเอามารวมกันแล้วก็เอามาเทียบกับ threshold ที่กำหนดไว้ ถ้าผลรวมมีค่ามากกว่า threshold แล้ว neuron ก็จะส่ง output ออกไป output นี้ก็จะถูกส่งไปยัง input ของ neuron อื่น ๆ ที่เชื่อมกันใน network ถ้าค่าน้อยกว่า threshold ก็จะไม่เกิด output



รูปที่ 2.2 สถาปัตยกรรมของ Neuron ในคอมพิวเตอร์

### 2.1.1 การเรียนรู้สำหรับโครงข่ายประสาทเทียม

สามารถแบ่งลักษณะในการเรียนรู้ได้ 2 ประเภท คือ

1. การเรียนแบบมีการสอน (Supervised Learning)
2. การเรียนแบบไม่มีการสอน (Unsupervised Learning)

#### 2.1.1.1 การเรียนแบบมีการสอน (Supervised Learning)

การเรียนรู้แบบมีการสอนจะมีการกำหนดเขตของการฝึกหัดให้กับโครงข่ายประสาทเทียม มีการตรวจคำตอบเพื่อให้โครงข่ายปรับตัวชุดข้อมูลที่ให้สอนโครงข่าย จะมีคำตอบไว้คอยตรวจดูว่าโครงข่ายให้คำตอบที่ถูกต้องหรือไม่ ถ้าตอบไม่ถูก โครงข่ายก็จะปรับตัวเองเพื่อให้ได้คำตอบที่ดีขึ้น มีเอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นอนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

การกำหนดเซตการฝึกให้สอดคล้องกับโครงข่าย มีค่า input และค่า output ที่ต้องการ เมื่อป้อน input ให้กับโครงข่ายแล้ว โครงข่ายก็จะทำการประมวลผลจนได้ผลลัพธ์และค่า weight โดยนำผลลัพธ์ที่ได้มาคำนวณค่าความผิดพลาด จากผลต่างของผลลัพธ์ที่ได้จากโครงข่าย กับผลลัพธ์ที่ต้องการ ถ้าค่าที่ได้มีค่าเข้าใกล้ศูนย์ จะหยุดการเรียนรู้ แต่ถ้ายังมีค่าความผิดพลาดสูงจะต้องทำการปรับค่าน้ำหนักและคำนวณใหม่ต่อไป

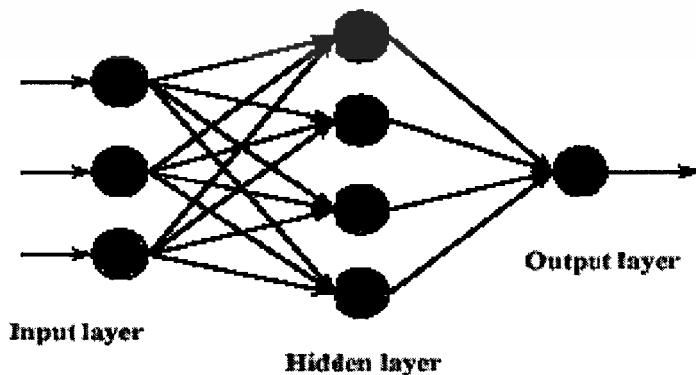
### 2.1.1.2 การเรียนแบบไม่มีการสอน (Unsupervised Learning)

การเรียนแบบไม่มีการสอน ไม่มีการตรวจคำตอบว่าถูกหรือผิด โครงข่ายจะจัดเรียงโครงสร้างด้วยตัวเองตามลักษณะของข้อมูล การเรียนรู้ในลักษณะนี้ไม่มีการจับคู่ โดยจะทำการปรับโครงสร้างตัวเองภายใน เมื่อใส่เซตของ input เข้าสู่โครงข่ายแล้ว โครงข่ายจะคำนวณค่าความสัมพันธ์ที่มีภายในเซตของ input ของโครงข่าย โดยใช้ค่า weight เป็นตัวแยกความแตกต่างของ input

### 2.1.2 โครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียม

โครงข่ายประสาทเทียม มีการจัดเซลล์ประสาทเทียมเป็นชั้นๆ (layer) ประกอบไปด้วย 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นของ input units ที่ถูกเชื่อมต่อกับชั้นของ hidden units ซึ่งเชื่อมต่อกับชั้นของ output units โดยที่

- ชั้นอินพุท (Input layer) การทำงานของชั้นนี้ จะทำหน้าที่รับสัญญาณจากภายนอกผ่านเข้ามาในโครงข่าย แล้วกระจายไปในชั้นถัดไป โดยไม่มีการคำนวณใดๆ
- ชั้นซ่อน (Hidden layer) เป็นชั้นกลางระหว่างอินพุท และเอาต์พุท ซึ่งในชั้นนี้สามารถมีได้มากกว่า 1 ชั้น การทำงานของแต่ละ hidden units จะถูกกำหนดโดยการทำงานของ input units และค่าน้ำหนักบนความสัมพันธ์ระหว่าง input units และ hidden units
- ชั้นเอาต์พุท (Output layer) ทำหน้าที่ส่งผลลัพธ์ที่คำนวณได้ออกจากโครงข่าย



รูปที่ 2.3 สถาปัตยกรรมของโครงข่ายประสาทเทียม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สำหรับการทำงานของโครงข่ายประสาทเทียม เมื่อรับ input เข้ามาในโครงข่ายแล้ว จะคูณค่าของ input กับค่าของ weight ที่กำหนดไว้ในแต่ละ link ซึ่งทำงานในชั้นของ Hidden layer หลังจากนั้นจะทำการบวกผลลัพธ์ที่ได้เป็นค่า output

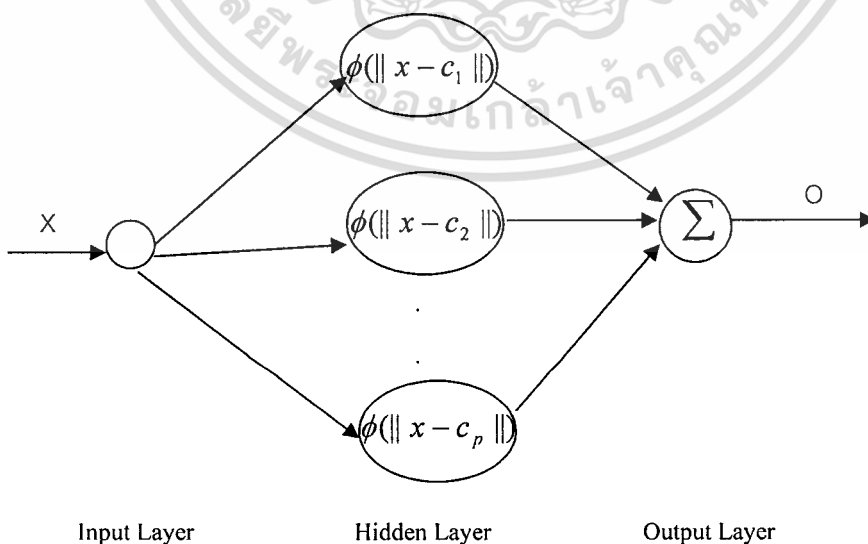
$$y_i = f(w_i^1 x_1 + w_i^2 x_2 + w_i^3 x_3 + \dots + w_i^m x_m)$$

โดยที่  $x_i = \text{input}$

$w_i =$  น้ำหนัก (weight) ของแต่ละแขน (connection)

### 2.1.3 Radial Basis Function (RBF) Neural Network Model

สถาปัตยกรรมพื้นฐานของ RBF neural network มีอยู่ 3 ชั้น ซึ่งแสดงในรูปที่ 2.4 ซึ่งประกอบด้วยชั้นอินพุต ชั้นซ่อน และชั้นเอาต์พุต แต่ถือว่า Radial basis function network ประกอบด้วย 2 ชั้น คือไม่นับรวมชั้นอินพุต เนื่องจากไม่มีการคำนวณในชั้นนี้ มีการใช้ RBF ในชั้นซ่อน และชั้นเอาต์พุต โดยจะใช้ RBF ในการหาค่าน้ำหนัก ผลรวม ของเอาต์พุต ในแต่ละยูนิตของชั้นซ่อน โดยอินพุตที่ป้อนไปยัง RBF Network จะเป็นอินพุต ที่มีคุณลักษณะเป็นรูปแบบที่ไม่เชิงเส้น (Nonlinear) และในส่วนของเอาต์พุตจะได้เป็นแบบเชิงเส้น (linear) ในการใช้งาน Radial basis function network จะต้องระบุฟังก์ชันที่ใช้กระตุ้น Hidden unit ถ้าคัมพหมายเลขของ processing unit และ algorithm ที่ใช้ในการ train โครงข่ายประสาทเทียม



รูปที่ 2.4 สถาปัตยกรรมของ RBF neural network

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ในสูตรการคำนวณทางคณิตศาสตร์ RBF Network สามารถเขียนได้ด้วยสมการ

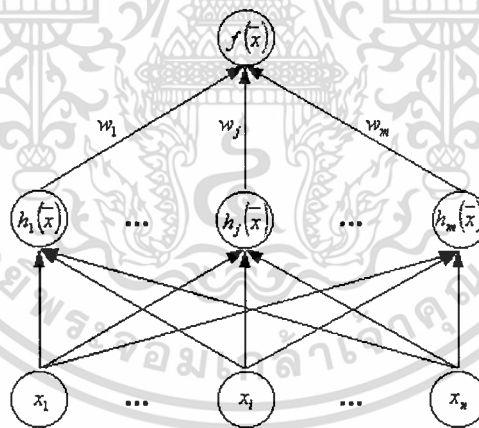
$$O = g(x) = \sum_{p=1}^P \lambda_p \varphi_p (\|x - c_p\|) \quad (2.1)$$

โดยที่

เมื่อ  $\|x - c_p\|$  คือ ระยะทางระหว่าง ข้อมูลที่จุด  $x$  กับจุดศูนย์กลางของ RBF  $c_p$   
 $\lambda_p$  เป็นค่าน้ำหนักที่สัมพันธ์กับจุดศูนย์กลางของ RBF  $c_p$

ดังนั้น output ของ RBF neural networks มาจากผลรวมของน้ำหนัก ที่ผ่าน activate function ใน Hidden layer

Radial Basis Function Network มักถูกใช้งานในส่วนที่เป็น Single-layer network โดยในแต่ละองค์ประกอบของ อินพุต ตั้งแต่ 1 ถึง  $n$  ( $x_1$  ถึง  $x_n$ ) เป็นข้อมูลที่ป้อนไปยัง Basis function ( $h_1(x)$  ถึง  $h_m(x)$ ) ซึ่ง เอาต์พุต ที่ได้จะเป็นแบบ Linear และนำมารวมกัน โดยผ่านการคูณค่า Weight  $\{w_1$  ถึง  $w_m\}$  ไปยัง Network output ( $f(x)$ )



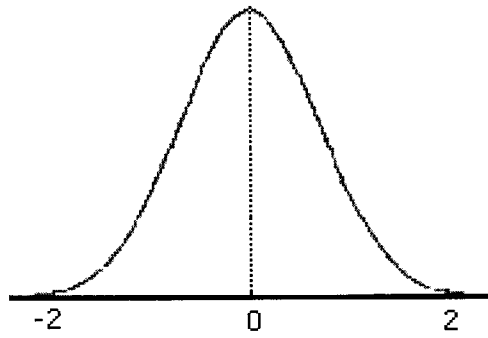
รูปที่ 2.5 Radial Basis Function network แบบ Single-layer

Radial Basis function มีคุณสมบัติของฟังก์ชันคือ ผลตอบสนองของฟังก์ชันจะลดลงหรือเพิ่มขึ้นไปในทิศทางใดทิศทางหนึ่งจากจุดศูนย์กลาง ซึ่งจุดศูนย์กลาง, Scale ของระยะทาง และรูปร่างของ Radial function เป็นค่าพารามิเตอร์ของ Model โดยถ้าเป็นในรูปแบบ Gaussian RB function เขียนได้สมการเป็น

$$h(x) = \exp(-(x-c)^2/r^2)$$

โดยที่  $c$  คือจุดศูนย์กลาง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่จัดทำขึ้นเพื่อการเรียนการสอนเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 2.6 Gaussian Radial Basis Function ที่มี  $c = 0$  และ  $r = 1$

Gaussian RBF จะลดค่าไปในทิศทางเดียว โดยเริ่มจากจุดศูนย์กลาง

$$\varphi_p(x) = \frac{R_p(x)}{\sum_{q=1}^p R_q(x)} \quad (2.2)$$

$$R_p(x) = \exp\left(-\frac{\|x - c_p\|^2}{2\sigma_p^2}\right) \quad (2.3)$$

โดยที่  $c_p$  คือจุดศูนย์กลางของข้อมูล  
 $\sigma$  คือค่า Standard deviation ของข้อมูล

### 2.1.3.1 พารามิเตอร์การเลือกวิธีการของ RBF Neural Network

มี พารามิเตอร์อยู่ 3 ตัวใน RBF neural network โมเดลกับ Gaussian basis function

- จุดศูนย์กลางของ RBF (ซึ่งอยู่ในชั้นซ่อนของโครงข่าย)
- ความกว้างของ RBFs
- ค่าน้ำหนักของชั้นเอาต์พุต

### 2.1.3.2 เทคนิคการหาตำแหน่งของจุดศูนย์กลาง

ถ้าเราทราบจำนวน neuron ที่แน่นอนในชั้นซ่อน ประสิทธิภาพการทำงานในโครงข่ายจะขึ้นอยู่กับวิธีการเลือกจุดศูนย์กลาง  $c_p$  ของ Gaussian radial basis ฟังก์ชัน ซึ่งมีหลากหลายแนวทางสำหรับ วิธีการหาตำแหน่งศูนย์กลางของ RBF อาจจะเป็นวิธีการสุ่ม (random), วิธีการแบบตาราง (grid) วิธีการจำแนก (clustering) แต่วิธีที่ง่ายและเป็นที่ยอมรับกันอย่างกว้างขวางคือการใช้วิธีการของ K-means clustering ซึ่งแสดงได้ดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ขั้นตอนที่ 1 นำข้อมูลอินพุต  $x$  ที่เป็นข้อมูลในการ training ซึ่ง

$$\{x^j\}_{j=1}^J \subset R^N \quad (P < J) \quad (2.4)$$

โดยที่

$J$  คือ จำนวนข้อมูลที่เราทำการ training

$P$  คือ จำนวนของ clusters

ขั้นตอนที่ 2 กำหนดจุดศูนย์กลางของแต่ละกลุ่ม cluster  $\{c_p\}$  โดยการสุ่มเลือกจาก  $x^j$

ขั้นตอนที่ 3 จัดกลุ่ม Cluster  $\{x^j\}_{j=1}^J$  ถึง  $\{c_p\}_{p=1}^P$  ขึ้นอยู่กับระยะทางจากจุดศูนย์กลาง โดยจัดให้อยู่กลุ่มที่มีระยะห่างจากจุดศูนย์กลางน้อย

ขั้นตอนที่ 4 คำนวณค่าเฉลี่ยของข้อมูลเพื่อสร้างศูนย์กลางของแต่ละ cluster ใหม่

$$c_p = \frac{1}{M_p} \sum_{x^j \in \theta_p} x^j, \quad p = 1, \dots, P \quad (2.5)$$

ขั้นตอนที่ 5 ถ้าไม่เกิดค่าความแตกต่างระหว่าง  $\{c_p\}_{p=1}^P$  กับค่าเก่า จึงหยุดทำงาน แต่ถ้าไม่ใช่จึงกลับไปเริ่มที่ขั้นตอนที่ 3 ใหม่อีก

### 2.1.3.3 การเลือก hidden neuron

ในโครงข่ายประสาทเทียม มีชั้นซ่อนมากมายที่ทำให้เกิดความซับซ้อนของโครงข่ายโครงข่าย สำหรับ radial basis function neural network เราเริ่มจากจำนวนน้อยๆของชั้นซ่อน  $P$  และเพิ่มค่า  $P$  ทีละน้อยจนกระทั่ง ได้รับผลสำเร็จถูกต้อง โดยคิดว่า  $P$  hidden neuron เกิดขึ้นจากค่าตัวอย่างการ train  $(x^1 \dots x^J)$  และขึ้นกับ  $(c_i, \lambda_i, \sigma_i)$

$$|y^i - g(x^i)| < \varepsilon \quad i = 1, \dots, j \quad (2.6)$$

โดยที่  $\varepsilon$  เป็นค่า threshold error สูงสุด

$y^i$  เป็นค่าเอาต์พุตที่คาดหวัง เมื่อ อินพุต คือ  $x^i$

ถ้าไม่เป็นไปตามเป้าหมายจะต้องกระจายมาที่ hidden neuron ใหม่  $P+1$  และเลือก  $x^{j+1}$  โดยจะได้ radial basis function ใหม่คือ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$g^{new}(x) = g^{old}(x) + \lambda_{p+1} \varphi_{p+1}(x^{j+1}) \quad (2.7)$$

### 2.1.3.4 Selection of Weight $\lambda$

การคำนวณค่าต่ำสุดของ error function ซึ่งเกี่ยวข้องกับ  $\lambda = (\lambda_1, \dots, \lambda_p)$

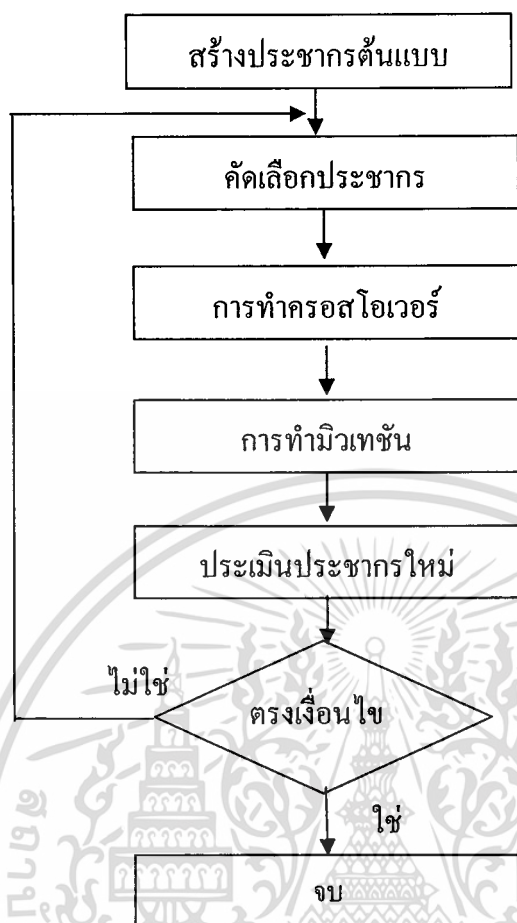
$$E(\lambda) = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^J [y^j - g(x^j)]^2 \quad (2.8)$$

## 2.2 ทฤษฎีเจเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm)

วิธีการทางพันธุกรรมเป็นวิธีการหาคำตอบของปัญหาโดยการนำเอาหลักการวิวัฒนาการในธรรมชาติมาประยุกต์ใช้ โดยเลียนแบบการคัดเลือกพันธุกรรมตามธรรมชาติ นั่นคือ ในสิ่งมีชีวิตหนึ่งๆ จะประกอบด้วยโครโมโซม และอาศัยวิธีการจับคู่และจำลองโครโมโซมของทั้งพ่อและแม่ เพื่อให้ได้โครโมโซมใหม่ ซึ่งมีการเปลี่ยนแปลงลักษณะของยีนส์ต่างๆ ของคู่โครโมโซมพ่อกับแม่ ทำให้สิ่งมีชีวิตรุ่นลูกที่เกิดขึ้นมีความหลากหลายมากขึ้น

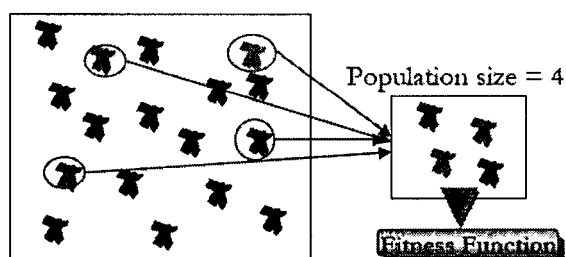
การจำลองรูปแบบทางพันธุศาสตร์ จะพิจารณาและดำเนินการจากกลุ่มคำตอบของปัญหาที่ถูกสร้างขึ้นโดยการเข้ารหัส คือการแปลงค่าตัวแปรหรือพารามิเตอร์ต่างๆ ของปัญหาให้อยู่ในรูปแบบโครงสร้างของโครโมโซม ตามที่กำหนด โดยจะทำการคัดเลือกโครโมโซมคำตอบที่มีความเหมาะสมจากกลุ่มของโครโมโซมทั้งหมดด้วยวิธีการสุ่ม และนำโครโมโซมเหล่านั้นมาผ่านกระบวนการคัดเลือกที่เลียนแบบกระบวนการคัดเลือกทางธรรมชาติเพื่อหาโครโมโซมที่มีความเหมาะสมในการอยู่รอด โดยใช้ค่าฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function) ซึ่งเป็นฟังก์ชันที่กำหนดค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม เปรียบเสมือนค่าความสามารถในการอยู่รอดของแต่ละโครโมโซม และเป็นฟังก์ชันที่กำหนดโอกาสหรือสัดส่วนที่แต่ละโครโมโซมจะถูกคัดเลือก

การใช้ Genetic Algorithm เพื่อทำการหาคำตอบหรือทางเลือกนั้น จะใช้การจำลองรูปแบบทางพันธุศาสตร์ ซึ่งประกอบไปด้วยยีนส์ลักษณะต่างๆ ในรูปแบบของตัวแปร หรือพารามิเตอร์ แต่ละโครโมโซมจะแทนด้วยสายอักขระของเลขฐานสอง โดยแต่ละโครโมโซมเริ่มต้นด้วยการสุ่มค่าตัวอย่างที่ใช้แทนคำตอบขึ้นมาจำนวนหนึ่ง จากนั้นจะทำการประเมินผลแต่ละคำตอบนั้นถ้าคำตอบไหนได้ค่าประเมินสูง (ใกล้เคียงคำตอบจริง) ก็ให้โอกาสในการคัดสรรมาก โดยขั้นตอนพื้นฐานของเจเนติกอัลกอริทึม โดยหลักๆ จะมีดังนี้



รูปที่ 2.7 แสดงโครงสร้างพื้นฐานของเจเนติกอัลกอริทึม

1. เริ่มต้นด้วยการสร้างกลุ่มประชากรซึ่งเป็นตัวแทนในแต่ละจุดของการค้นหาทั้งหมด ด้วยวิธีการสุ่มตัวอย่างประชากร เพื่อนำประชากรเข้าไปในกระบวนการ ในการสุ่มจะต้องสุ่มให้ได้จำนวนเท่ากับขนาดของประชากรที่ได้กำหนดไว้ โดยที่ยังไม่มีการสนใจค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม



รูปที่ 2.8 แสดงการสุ่มหาประชากรเริ่มต้นจำนวน 4 โครโมโซม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- กำหนดฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function) ของแต่ละโครโมโซม และทำการคัดเลือกโครโมโซมที่มีความเหมาะสม โครโมโซมทุกตัวจะต้องมีค่าบ่งบอกความเหมาะสมที่จะพิจารณาว่าสมควรนำไปสืบพันธุ์ต่อหรือไม่

โครโมโซม A :

1 0 0 0 1 1 1 0 0

ซึ่งโครโมโซม A มีค่าความเหมาะสมเท่ากับ 4

โครโมโซม B:

1 1 0 1 1 1 0 0 1

ซึ่งโครโมโซม B มีค่าความเหมาะสมเท่ากับ 6

- คัดเลือก (Selection) โครโมโซมจากประชากรทั้งหมดมา 2 โครโมโซม โดยดูจากค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ถ้าค่าความเหมาะสมสูงมีโอกาสที่จะถูกเลือกสูง
- นำโครโมโซมที่คัดเลือกมาแลกเปลี่ยนข้อมูลระหว่างกัน (Crossover) ถ้าไม่มีการครอสโอเวอร์ โครโมโซมลูก (Offspring) ที่ได้จะเหมือนกับ โครโมโซมพ่อแม่
- ปรับเปลี่ยน (Mutation) บิตบางบิตในโครโมโซมลูก
- คำนวณค่าความเหมาะสมของโครโมโซมลูกใหม่ ถ้าค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ของโครโมโซมลูกมีมากกว่าโครโมโซมพ่อแม่ จะนำโครโมโซมลูกมาแทนโครโมโซมพ่อแม่
- ทำการวัดค่าความเหมาะสม กับโครโมโซมชุดใหม่เพื่อคัดเลือก และปรับเปลี่ยนต่อไปจนได้โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมเป็นที่น่าพอใจ

การทำงานของขั้นตอนของเจเนติกอัลกอริทึม สามารถที่จะทำการเปลี่ยนแปลงวิธีการสร้างทางเลือก (Solution) โดยใช้วิธีการคัดเลือก (Selection) , การครอสโอเวอร์ (Crossover) และการเปลี่ยนแปลงประชากร (Mutation) ซึ่งอธิบายวิธีการดังต่อไปนี้

### 2.2.1 การคัดเลือก (Selection)

ในการคัดเลือกโครโมโซมเพื่อที่จะนำมาเป็น พ่อ แม่ ในการสืบสายพันธุ์ สามารถทำได้ โดยการดูค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมว่าตรงตามความต้องการหรือไม่ จากนั้นคัดเลือกโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมาเป็นประชากรต้นแบบ โดยวิธีการคัดเลือกมีหลายวิธี เช่น การคัดเลือกแบบ roulette wheel การจำลองการหมุนวงล้อแบบถ่วงน้ำหนัก เป็นลักษณะของวงล้อโดย

ขนาดพื้นที่ของวงล้อคือสัดส่วนของค่าความเหมาะสมที่เหมาะสมของทุกโครโมโซม เมื่อมีการหมุนวงล้อ โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากจะมีโอกาสถูกเลือกได้บ่อย

ตัวอย่างวิธีของ roulette wheel selection เช่น สมการ  $f(x) = 15x - x^2$  เรานำ genetic algorithm มาแก้ไขปัญหา หาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน

ประชากรที่เรานำมาใช้คือค่า X ซึ่งจะมีค่าตั้งแต่ 0 ถึง 15 โดยแปลงให้อยู่ในรูปของเลขฐานสองดังนี้

ตารางที่ 2.1 แสดงค่าของแต่ละโครโมโซม

ค่า x	โครโมโซม	ค่า x	โครโมโซม	ค่า x	โครโมโซม	ค่า x	โครโมโซม
0	0000	4	0010	8	1000	12	1100
1	0001	5	0101	9	1001	13	1101
2	0010	6	0110	10	1010	14	1110
3	0011	7	0111	11	1011	15	1111

ซึ่งจะได้ประชากรต้นแบบ  $x_i$  ออกมา นำค่าไปแทนในสมการแต่ละตัวจะได้เป็นผลลัพธ์ของประชากรต้นแบบแต่ละตัว หลังจากนั้นนำค่าผลลัพธ์ที่ได้มาหาค่า fitness (F)

เช่น โครโมโซมที่ 4 มีค่า คือ 3 นำไปแทนในสมการได้  $15 \times 3 - (3)^2 = 36$

ค่า fitness (F) คือผลรวมของค่าที่ได้จากการนำค่าของแต่ละโครโมโซมไปแทนในสมการ จะได้ค่า fitness(F) = 560

นำค่าที่ได้มาหา probability ของแต่ละโครโมโซม

$$p_0 = 0.000000$$

$$p_1 = \frac{14}{560} = 0.025000$$

$$p_2 = \frac{26}{560} = 0.046429$$

$$p_3 = \frac{36}{560} = 0.064286$$

$$p_4 = \frac{44}{560} = 0.078571$$

$$p_5 = \frac{50}{560} = 0.089286$$

$$p_6 = \frac{54}{560} = 0.096428$$

$$p_7 = \frac{56}{560} = 0.100000$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$p_8 = \frac{56}{560} = 0.100000$$

$$p_9 = \frac{54}{560} = 0.096429$$

$$p_{10} = \frac{50}{560} = 0.089286$$

$$p_{11} = \frac{44}{560} = 0.078571$$

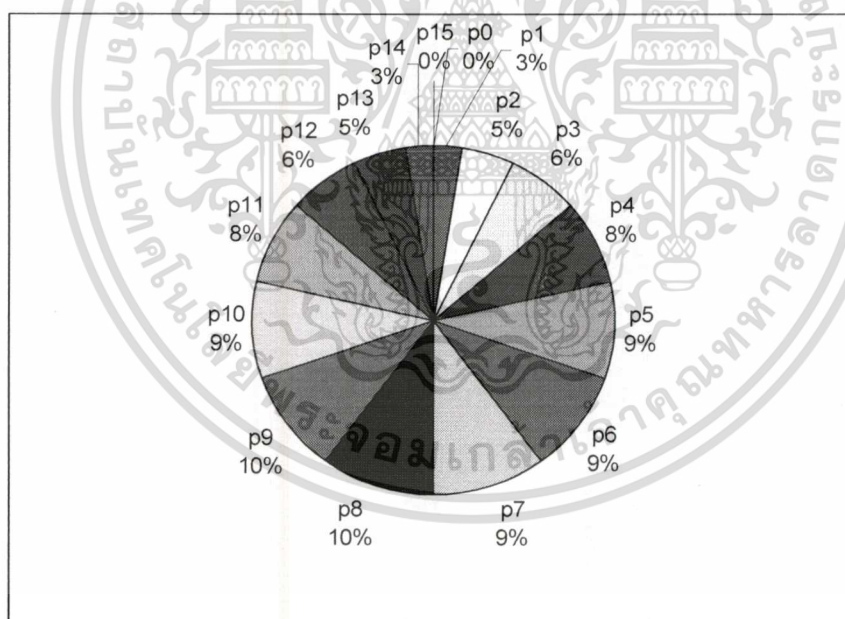
$$p_{12} = \frac{36}{560} = 0.064286$$

$$p_{13} = \frac{26}{560} = 0.046429$$

$$p_{14} = \frac{14}{560} = 0.025000$$

$$p_{15} = 0.000000$$

จากค่า probability ที่ได้ จะได้ graph ของ roulette wheel selection ดังรูปที่ 2.9



รูปที่ 2.9 roulette wheel selection

นำค่าที่ได้ไปแปลงเป็นค่า cumulative  $q_i$  ดังนี้ ซึ่งค่า  $q_i$  หาได้จาก การบวกค่าสะสมของ probability

เช่น  $q_2 = p_0 + p_1 + p_2$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 2.2 แสดงค่า cumulative

โครโมโซมตัวที่	ค่าสะสม
q0	0.000000
q1	0.025000
q2	0.071429
q3	0.135714
q4	0.214286
q5	0.303571
q6	0.400000
q7	0.500000
q8	0.600000
q9	0.696429
q10	0.785714
q11	0.864286
q12	0.928571
q13	0.975000
q14	1.000000
q15	1.000000

จากนั้น เราจะหาค่า random 16 ค่า ที่อยู่ในช่วง  $[0..1]$  ดังนี้

ตารางที่ 2.3 แสดงค่าที่ random

0.722103	0.683723	0.081619	0.376860
0.882446	0.106756	0.532196	0.096038
0.116802	0.642070	0.671941	0.072595
0.389427	0.427421	0.657725	0.404340

นำค่า random ที่ได้ มาเปรียบเทียบกับค่า cumulative  $q_i$  แต่ละตัว เพื่อคัดเลือกไปเป็นประชากรรุ่นที่ 1 เช่น ค่าแรก 0.722103 มีค่าอยู่ระหว่าง  $q_9$  และ  $q_{10}$  ดังนั้น โครโมโซม  $q_9$  จะถูกคัดเลือกเข้ามาเป็นประชากรรุ่นที่หนึ่ง ทำตามขั้นตอนนี้ไปจบครบ 16 ค่า เราจะได้ประชากรรุ่นที่หนึ่ง 16 ค่า ดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

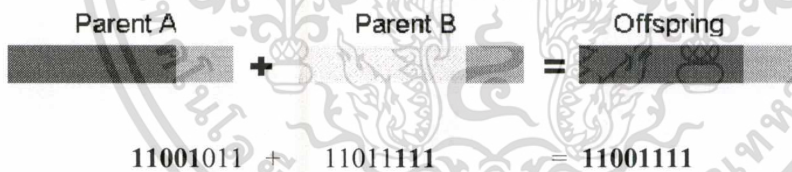
ตารางที่ 2.4 แสดงค่าการคัดเลือกประชากรรุ่นที่ 1

x9 -> x'1	(1001)	x2->x'9	(0010)
x11->x'2	(1011)	x7->x'10	(0111)
x3->x'3	(0011)	x9->x'11	(1001)
x6->x'4	(0110)	x9->x'12	(1001)
x9->x'5	(1001)	x6->x'13	(0110)
x13->x'6	(1101)	x2->x'14	(0010)
x9->x'7	(1001)	x2->x'15	(0010)
x6->x'8	(0110)	x6->x'16	(0110)

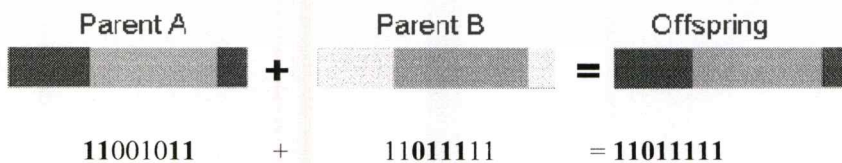
### 2.2.2 การข้ามสายพันธุ์ (Crossover)

นำ 2 โครโมโซม พ่อแม่ มาผสมกันเพื่อให้ได้โครโมโซมใหม่ขึ้นมา และใช้วิธีสุ่มตำแหน่ง Crossover และทำการคัดลอกทุกอย่างที่หน้าตำแหน่ง Crossover ของพ่อ และคัดลอกทุกอย่างหลังตำแหน่ง Crossover ของแม่รวมกัน จะได้ลูกตัวที่ 1 และทำการคัดลอกทุกอย่างที่อยู่หน้าตำแหน่ง Crossover ของแม่ และคัดลอกทุกอย่างหลังตำแหน่ง Crossover ของพ่อรวมกัน จะได้ลูกตัวที่ 2 เทคนิคของการ Crossover ตัวอย่างเช่น

- Single point คือ สุ่มตำแหน่ง Crossover เพียง 1 ตำแหน่ง



- Two point คือ สุ่มตำแหน่ง Crossover เพียง 2 ตำแหน่ง



- Arithmetic คือ การใช้ operator and และ or

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงหรือเผยแพร่ข้อมูลใดๆต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Parent A		Parent B		=	Offspring
	+			=	
11001011	+	11011111		=	11001001 (AND)

### 2.2.3 การกลายพันธุ์ (Mutation)

เป็นกระบวนการที่เกิดขึ้นหลังจาก Crossover นั่นคือ ได้รุ่นลูกที่เกิดจากการผสมจากพ่อและแม่แล้ว จึงนำรุ่นลูกมาดำเนินการ mutation ซึ่งทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงหรือทำให้เกิดลักษณะใหม่ๆเกิดขึ้น โดยการกลับค่าบางส่วนของโครโมโซมเป็นค่าใหม่ในตำแหน่งที่สุ่มได้ ขั้นตอนในการ mutation เมื่อได้ตำแหน่ง mutation แล้วเปลี่ยนแปลงค่า ณ ตำแหน่งที่สุ่มนั้นในตัวอย่างดำเนินการกับ Binary Encoding จะมีการเปลี่ยนที่เป็นไปได้จาก 1 เป็น 0 หรือจาก 0 เป็น 1



สำหรับการ mutation สามารถเกิดได้มากกว่า 2 ตำแหน่งขึ้นอยู่กับการสุ่มที่อยู่ภายใต้ความน่าจะเป็นของการ mutation



พารามิเตอร์ พื้นฐานของ Genetic Algorithm มี 3 ตัว คือ

1. Crossover Probability คือ ความน่าจะเป็นของการ Crossover จะมีค่าที่อยู่ในช่วง 0–100 ถ้าหากไม่มีการ Crossover (0%) ผลที่ได้คือการทำสำเนาที่ถูกต้องจาก พ่อ แม่ แต่ถ้ามีการ Crossover เกิดขึ้นบ่อยทำให้เกิดผลลัพธ์ที่หลากหลาย
2. Mutation Probability คือ ความน่าจะเป็นของการ Mutation จะมีค่าที่อยู่ในช่วง 0-100 ถ้าไม่มีการ mutation ผลที่ได้เกิดจากการ Crossover เพียงอย่างเดียว
3. Population size จำนวนโครโมโซมในแต่ละรุ่น ถ้ามีจำนวนมากจะทำให้ Genetic Algorithm ประมวลผลได้ช้าลง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## 2.3 K-Means Algorithm

K-Means Algorithm เป็นอัลกอริทึมที่มีอินพุตพารามิเตอร์  $K$  ที่แบ่งออกเป็น  $K$  กลุ่มข้อมูล ดังนั้นผลภายในกลุ่มข้อมูลจะมีความคล้ายคลึงกันสูงแต่ระหว่างกลุ่มข้อมูลจะมีความแตกต่างกัน โดยค่าเฉลี่ยของข้อมูลในแต่ละกลุ่มจะถูกมองว่าเป็นศูนย์กลางของกลุ่ม คำนวณค่าเฉลี่ยได้จากสูตร

$$m = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i \quad (2.9)$$

โดยที่  $m$  คือ ค่าเฉลี่ยของกลุ่มข้อมูล  
 $x_i$  คือ ค่าข้อมูล เมื่อ  $i = 1, 2, 3, \dots, n$   
 $n$  คือ จำนวนข้อมูลสมาชิก

K-Means เริ่มต้นจากการเลือก  $K$  ออบเจกต์ เพื่อนำมาเป็นจุดศูนย์กลางของกลุ่มข้อมูล ซึ่งข้อมูลที่มีระยะห่างใกล้เคียงกับศูนย์กลางของกลุ่มใดมากที่สุดจะถูกนำไปรวมกับกลุ่มนั้น คำนวณระยะห่างได้จากสูตร Euclidean distance ดังนี้

$$d = \sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - m)^2} \quad (2.10)$$

โดยที่  $d$  คือ ระยะทาง  
 $x_i$  คือ ข้อมูลสมาชิก  
 $n$  คือ จำนวนข้อมูลสมาชิก  
 $m$  คือ ค่าเฉลี่ยของกลุ่มข้อมูล

จากนั้นอัลกอริทึมจะคำนวณศูนย์กลางของแต่ละกลุ่มข้อมูลใหม่ และพยายามระบุข้อมูลที่ใกล้เคียงมากที่สุดให้กับกลุ่มของข้อมูลใหม่ คำนวณซ้ำจนกระทั่งศูนย์กลางของกลุ่มไม่เปลี่ยนแปลง ขั้นตอนของ K-Means อัลกอริทึมอธิบายได้ดังต่อไปนี้

1. กำหนดจำนวน  $K$  กลุ่มข้อมูล
2. เริ่มต้นกำหนดจุดศูนย์กลาง  $m_1, m_2, \dots, m_K$  ให้กับแต่ละกลุ่ม  $C_j$  โดย  $j \in \{1, 2, 3, \dots, K\}$  จากข้อมูล  $n$  ข้อมูล  $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$

3. กำหนดสมาชิกของข้อมูล  $x_i$ ,  $i = 1, 2, 3, \dots, n$  ให้อยู่ในกลุ่มข้อมูลที่มีระยะห่างจากจุดศูนย์กลางน้อยที่สุด
4. ในแต่ละกลุ่มคำนวณค่าเฉลี่ยเพื่อสร้างศูนย์กลางของกลุ่มใหม่
5. ทำขั้นตอน 3-5 ซ้ำ จนกระทั่งศูนย์กลางของกลุ่มไม่เปลี่ยนแปลง

ตัวอย่างเช่น

มีข้อมูล 4 รายการคือ A, B, C และ D โดยแต่ละชุดข้อมูลมี 2 คอถัมน์คือ X1 และ X2 โดยกำหนดให้มีการแบ่งกลุ่มข้อมูลเป็น 2 กลุ่ม ( $K=2$ )

ตารางที่ 2.5 แสดงค่าชุดข้อมูลในการจัดกลุ่มโดย K-Mean

Item	X1	X2
A	5	3
B	-1	1
C	1	-2
D	-3	-2

1. สุ่มโดยการจัดกลุ่มเป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มแรก A กับ B และกลุ่มสอง C กับ D ทำการหาค่าเฉลี่ยของกลุ่ม จะได้

ตารางที่ 2.6 แสดงค่าเฉลี่ยของแต่ละกลุ่ม

Group	X1	X2
AB	$(5+(-1))/2 = 2$	$(3+1)/2 = 2$
CD	$(1+(-3))/2 = (-1)$	$(-2+(-2))/2 = (-2)$

จะได้ ค่าเฉลี่ยของกลุ่ม (AB) คือ (2,2) และ ค่าเฉลี่ยของกลุ่ม (CD) คือ (-1,2)

2. หาระยะห่างระหว่างข้อมูลแต่ละตัว กับค่าเฉลี่ยของกลุ่มทั้งสองกลุ่มเพื่อดูว่าข้อมูลอยู่ห่างจากค่าเฉลี่ยกลุ่มไหนน้อยที่สุด จะทำการจัดข้อมูลเข้ากลุ่มนั้น

$$d^2(A,(AB)) = (5-2)^2 + (3-2)^2 = 10$$

$$d^2(A,(CD)) = (5-(-1))^2 + (3-(-2))^2 = 61$$

$$d^2(B,(AB)) = ((-1)-2)^2 + (1-2)^2 = 10$$

$$d^2(B,(CD)) = ((-1)-(-1))^2 + (1-(-2))^2 = 9$$

$$d^2(C,(AB)) = (1-2)^2 + ((-2)-2)^2 = 17$$

$$d^2(C,(CD)) = (1-(-1))^2 + ((-2)-(-2))^2 = 4$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่  $d^2(C,(CD)) = (1-(-1))^2 + ((-2)-(-2))^2 = 4$  เท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$d^2(D, AB) = ((-3)-2)^2 + ((-2)-2)^2 = 41$$

$$d^2(D, CD) = ((-3)-(-1))^2 + ((-2)-(-2))^2 = 4$$

หลังจากคำนวณค่าของข้อมูลแต่ละตัว จะได้ข้อมูลกลุ่มใหม่ คือ A และ BCD

3. เมื่อได้ข้อมูลกลุ่มใหม่ ก็คำนวณหาค่าเฉลี่ยของแต่ละกลุ่มใหม่

ตารางที่ 2.7 แสดงค่าเฉลี่ยของแต่ละกลุ่มใหม่

Group	X1	X2
A	5	3
BCD	$((-1)+1+(-3))/3 = (-1)$	$(1+(-2)+(-2))/3 = (-1)$

4. ทำการคำนวณซ้ำในขั้นตอนหาค่าระยะห่างระหว่างข้อมูลและกลุ่ม จนกว่าข้อมูลจะไม่มี การเปลี่ยนแปลง ซึ่งโดยสุดท้ายจะได้ข้อมูล

ตารางที่ 2.8 แสดงค่าระยะห่างระหว่างข้อมูล กับ ค่าเฉลี่ย

Group	ระยะห่างระหว่างข้อมูล กับ ค่าเฉลี่ยของข้อมูล			
	A	B	C	D
(A)	0	40	41	89
(BCD)	52	4	5	5

จากตารางจะได้กลุ่มข้อมูลออกมาเป็น 2 กลุ่ม โดยแบ่งเป็น

กลุ่มที่ 1 คือ A

กลุ่มที่ 2 คือ BCD

เมื่อจัดกลุ่มข้อมูลในแต่ละกลุ่มเสร็จ จะทำการหาระยะทางรวม (Total Distance) ของทุกกลุ่มเพื่อเป็นการบอกว่าการจัดกลุ่มที่ได้ดีหรือไม่ ได้จากสูตรดังนี้

$$D = \sum_{i=1}^K d \tag{2.11}$$

โดยที่ D คือ ระยะทางรวมของทุกกลุ่ม

d คือ ระยะทางรวมภายในแต่ละกลุ่ม

K คือ จำนวนกลุ่ม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนเวลาสำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หลังจากคำนวณหาระยะทางรวม จะทำการหาว่าการจัดกลุ่มของข้อมูลทั้งหมดนั้นให้ผลเบี่ยงเบนมากน้อยเพียงใด ได้จากสูตรส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานดังต่อไปนี้

$$S_{K-1} = \sqrt{\frac{1}{K-1} \sum_{i=1}^n (x_i - m)^2} \quad (2.12)$$

โดยที่  $S_{K-1}$  คือ ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของตัวอย่าง

$K$  คือ จำนวนกลุ่มข้อมูล

$x_i$  คือ ข้อมูลสมาชิก

$n$  คือ จำนวนข้อมูลสมาชิก

$m$  คือ ค่าเฉลี่ยของกลุ่มข้อมูล



## บทที่ 3

### วิธีการดำเนินการศึกษา

ในโครงข่ายประสาทเทียมแบบ radial basis function ยังมีข้อด้อยในเรื่องปัญหาการกำหนดตำแหน่งจุดศูนย์กลาง กล่าวคือการกำหนดตำแหน่งจุดศูนย์กลางไม่เหมาะสมจะมีผลโดยตรงต่อรอบการทำงานและค่าความผิดพลาดที่เพิ่มขึ้น ในการดำเนินการศึกษาในครั้งนี้ ได้นำเอาวิธีการของ Genetic Algorithm มาจัดการหาตำแหน่งจุดศูนย์กลางที่เหมาะสม และนำมาเปรียบเทียบประสิทธิภาพกับแบบที่ใช้ k-mean มาจัดการหาตำแหน่งจุดศูนย์กลาง โดยในขั้นตอนของการฝึกหัดโครงข่ายนั้น เราใช้วิธีการของ back-propagation มาใช้ในการปรับค่า weight

#### 3.1 ส่วนของโครงสร้างแบบจำลอง

โครงสร้างแบบจำลองของโครงข่ายประสาทเทียมแบบ RBF ที่ใช้ในโครงงานนี้ ประกอบด้วย 3 layer คือ

- ชั้นข้อมูลเข้า (Input layer)
- ชั้นซ่อน (Hidden layer)
- ชั้นข้อมูลออก (Output layer)

#### 3.2 กระบวนการเตรียมข้อมูล

ข้อมูลที่ใช้ในการดำเนินการศึกษาครั้งนี้ เป็นข้อมูลตลาดหลักทรัพย์รายวัน ของธนาคารกรุงเทพ ช่วงระยะเวลา 365 วัน ประกอบด้วย ราคาเปิด ราคาสูงสุด ราคาต่ำสุด ราคาปิด อัตราการเปลี่ยนแปลง มูลค่าการซื้อขาย ซึ่งข้อมูลที่จะนำเข้ามาทำการทดสอบโครงข่าย จะนำข้อมูลราคาปิด (Close index) ของตลาดหลักทรัพย์รายวัน ของธนาคารกรุงเทพ

ตารางที่ 3.1 แสดงตัวอย่างค่าข้อมูลที่ใช้ในการศึกษา

Date	Open	High	Low	Close	Change	% Chg	Volume(Lot)	Value(M.)
1/8/2006	101	103	101	102	1	0.99	15,741	160.46
2/8/2006	102	102	101	102	0	0	15,585	158.41
3/8/2006	103	104	102	103	1	0.98	40,301	415.89
4/8/2006	103	105	102	103	0	0	36,339	376.98
7/8/2006	104	106	104	105	2	1.94	46,748	489.55
8/8/2006	106	108	105	107	2	1.9	64,925	694.03
9/8/2006	107	108	106	107	0	0	37,235	397.79
10/8/2006	107	107	104	105	-2	-1.87	40,198	423.33
11/8/2006	105	107	105	107	2	1.9	21,188	225.43
15/8/2006	107	109	105	109	2	1.87	32,547	349.06
16/8/2006	109	110	108	108	-1	-0.92	42,845	466.63
17/8/2006	109	109	107	108	0	0	13,776	148.94
18/8/2006	108	108	107	108	0	0	5,721	61.61
21/8/2006	108	108	107	107	-1	-0.93	20,083	215.39

ถ้ามีการกำหนดรูปแบบ input node ว่ามีจำนวนกี่ node จะมีเตรียม รูปแบบของข้อมูลดังนี้คือ เริ่มจากแถวที่กำหนด ทำการอ่านข้อมูล จัดรูปแบบที่ 1 เป็นข้อมูลเรียงกันเท่ากับจำนวน input node และ ข้อมูลตัวถัดไป คือ ค่า output

ตัวอย่าง เช่น ต้องการ input node = 4 ลักษณะของข้อมูลที่จะนำเข้าไปในโครงข่ายประสาทเทียม จะได้ในลักษณะตาม ตารางที่ 3.2

ตารางที่ 3.2 แสดงค่าการจัดกลุ่มข้อมูลในการป้อนโครงข่ายประสาทเทียม

แบบที่	ข้อมูลทั้งหมด	Input Node	Target output
1	102 103 103 103 105 107 107 105 107 ...	102 ,102 ,103, 103	105
2	102 102 103 103 105 107 107 105 107 ...	102, 103, 103, 105	107
3	102 102 103 103 105 107 107 105 107 ...	103, 103, 105, 107	107
4	102 102 103 103 105 107 107 105 107 ...	103, 105, 107, 107	105
..	...	...	...

### 3.3 กระบวนการเตรียมโครงข่าย

การทำงานของโครงข่ายประสาทเทียม ในการเรียนรู้เริ่มต้น โดยการป้อนกลุ่มข้อมูลและข้อมูลเป้าหมายของแต่ละชุดเข้าไปในโครงข่าย โดยจะมีการปรับค่าน้ำหนักเพื่อลดค่าความผิดพลาดให้อยู่ในระดับที่ยอมรับได้ โดยใช้การปรับค่าน้ำหนักโดยวิธี back-propagation โดยมีขั้นตอนดังนี้

#### 3.3.1 การทำงานของโครงข่ายโดยรวม ทำงานดังนี้

จัดกลุ่ม hidden node และคำนวณหาศูนย์กลาง และความกว้างของ node

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นอนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

วนรอบจนกระทั่งเท่ากับจำนวนรอบที่กำหนด หรือ error < ค่า Error Accept

วนรอบจนกระทั่งครบทุกชุดข้อมูล

แต่ละรอบของชุดข้อมูลคือชั้น input layer

Output จาก hidden node หาได้จาก  $h = \exp(-(x-c)^2/r^2)$

คำนวณค่า output ในชั้น output node จาก  $h * \text{weight}$  โดย random weight เริ่มต้นรอบแรก

เปรียบเทียบผลลัพธ์จากโครงข่ายและ target

ทำการปรับค่า weight

ค่า error หาจาก  $\text{output} * (1 - \text{output}) * (\text{target} - \text{output})$

หาค่า sum square error จาก  $(\text{output} - \text{target})^2$  เปรียบเทียบกับ Error Accept

ปรับ weight ชั้น output โดยเอา Learning rate \* error \* output แล้วบวกกับค่า weight เดิม

สิ้นสุด 1 รอบ

สิ้นสุดครบจำนวนรอบที่กำหนด เก็บค่า weight ลงไฟล์ เพื่อทำการ ทดสอบ

### 3.3.2 การจัดกลุ่ม hidden node และการหาศูนย์กลางของ hidden node โดย K-Mean algorithm

วนรอบจนกว่าค่าศูนย์กลางของแต่ละ hidden node ไม่เปลี่ยนแปลง

สุ่มชุดข้อมูลเท่ากับ จำนวน hidden node ที่ระบุ

หาจุดศูนย์กลางของแต่ละ hidden node

นำค่า input node มาจัดกลุ่มโดยเอาค่า input แต่ละตัว หาระยะห่างกับจุด

ศูนย์กลางของแต่ละ hidden node โดย จัดกลุ่มใน hidden node ให้อยู่

ห่างจากค่าศูนย์กลางน้อยที่สุด

หลังจากจัดกลุ่ม คำนวณหาค่าจุดศูนย์กลางใหม่

สิ้นสุด

การหาค่า radius (r) ความกว้างเพื่อนำมาใช้ในสมการ Gaussian หาได้จากการหาระยะทางที่ใกล้ที่สุดของแต่ละ hidden node นำค่าที่น้อยที่สุด มาหารด้วย 3

หลังจากนั้น เราสามารถหาค่า output ในแต่ละ hidden node ได้จากค่า

$$h(x) = \exp(-(x-c)^2/r^2)$$

ตัวอย่าง การจัดกลุ่มของ hidden node เช่น

ในโครงข่าย มีชุดข้อมูล 10 ชุดข้อมูล จำนวน hidden node = 2

Input vector	Target
--------------	--------

$X_1[102, 102, 103, 103]$	105
---------------------------	-----

เอกสารนี้เป็นเอกสารลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$X_3[103, 103, 105, 107]$	107
$X_4[103, 105, 107, 107]$	105
$X_5[105, 107, 107, 105]$	107
$X_6[107, 107, 105, 107]$	109
$X_7[107, 105, 107, 109]$	108
$X_8[105, 107, 109, 108]$	108
$X_9[107, 109, 108, 108]$	108
$X_{10}[109, 108, 108, 108]$	107

■ ขั้นตอนที่ 1 จัดกลุ่มเพื่อหาศูนย์กลางที่ดีที่สุด

เริ่มแรก กลุ่มเอาชุดข้อมูล  $X_4$  กับ  $X_5$  มาหาศูนย์กลางของ hidden node

เริ่มต้น ได้ศูนย์กลางของ  $h_1$  คือ  $[103, 105, 107, 107]$

ศูนย์กลางของ  $h_2$  คือ  $[105, 107, 107, 105]$

ขั้นที่ 2 หาระยะห่างระหว่างข้อมูลแต่ละชุด กับจุดศูนย์กลางของ hidden node

$$d(x_1, h_1) = \sqrt{(103-102)^2 + (105-102)^2 + (107-103)^2 + (107-103)^2} = 6.4807$$

$$d(x_1, h_2) = \sqrt{(105-102)^2 + (107-102)^2 + (107-103)^2 + (105-103)^2} = 7.3484$$

$$d(x_2, h_1) = \sqrt{(103-102)^2 + (105-102)^2 + (107-103)^2 + (107-105)^2} = 5.4772$$

$$d(x_2, h_2) = \sqrt{(105-102)^2 + (107-102)^2 + (107-103)^2 + (105-105)^2} = 7.0710$$

$$d(x_3, h_1) = \sqrt{(103-103)^2 + (105-103)^2 + (107-105)^2 + (107-107)^2} = 2.8284$$

$$d(x_3, h_2) = \sqrt{(105-103)^2 + (107-103)^2 + (107-105)^2 + (105-107)^2} = 5.2915$$

$$d(x_6, h_1) = \sqrt{(103-107)^2 + (105-107)^2 + (107-105)^2 + (107-107)^2} = 4.8989$$

$$d(x_6, h_2) = \sqrt{(105-107)^2 + (107-107)^2 + (107-105)^2 + (105-107)^2} = 3.4641$$

$$d(x_7, h_1) = \sqrt{(103-107)^2 + (105-105)^2 + (107-107)^2 + (107-109)^2} = 4.4721$$

$$d(x_7, h_2) = \sqrt{(105-107)^2 + (107-105)^2 + (107-107)^2 + (105-109)^2} = 4.8989$$

$$d(x_8, h_1) = \sqrt{(103-105)^2 + (105-107)^2 + (107-109)^2 + (107-108)^2} = 3.6055$$

$$d(x_8, h_2) = \sqrt{(105-105)^2 + (107-107)^2 + (107-109)^2 + (105-108)^2} = 3.6055$$

$$d(x_9, h_1) = \sqrt{(103-107)^2 + (105-109)^2 + (107-108)^2 + (107-108)^2} = 5.8309$$

$$d(x_9, h_2) = \sqrt{(105-107)^2 + (107-109)^2 + (107-108)^2 + (105-108)^2} = 4.2426$$

$$d(x_{10}, h_1) = \sqrt{(103-109)^2 + (105-108)^2 + (107-108)^2 + (107-108)^2} = 7.3484$$

$$d(x_{10}, h_2) = \sqrt{(105-109)^2 + (107-108)^2 + (107-108)^2 + (105-108)^2} = 5.1961$$

หลังจากพิจารณาแต่ละค่าจะจัดกลุ่มใหม่ได้ดังนี้

กลุ่มของ  $h_1 = x_1, x_2, x_3, x_4, x_8$

กลุ่มของ  $h_2 = x_5, x_6, x_7, x_9, x_{10}$

ขั้นที่ 3 หาค่าศูนย์กลางของกลุ่มใหม่

สมาชิกของกลุ่มที่ 1 คือ

x1	102	102	103	103
x2	102	103	103	105
x3	103	103	105	107
x4	103	105	107	107
x8	105	107	109	108

ศูนย์กลางกลุ่มที่ 1 =  $(102+102+103+103+105)/5$  ,  $(102+103+103+105+107)/5$  ,  
 $(103+103+105+107+109)/5$  ,  $(103+105+107+107+108)/5$  ) = [103, 103.8, 105.4, 105.6]

สมาชิกของกลุ่มที่ 2 คือ

x5	105	107	107	105
x6	107	107	105	107
x7	107	105	107	109
x9	107	109	108	108
x10	109	108	108	108

ค่าศูนย์กลางกลุ่มที่ 2 = [107,107.2,107,107.4]

ขั้นที่ 4 หาระยะห่างของแต่ละค่าใหม่

$$d(x1,h1) = 3.2802; \quad d(x1,h2) = 9.3488$$

$$d(x2,h1) = 3.4293; \quad d(x2,h2) = 8.0250$$

$$d(x3,h1) = 4.1425; \quad d(x3,h2) = 6.1482$$

$$d(x4,h1) = 4.4227; \quad d(x4,h2) = 4.5826$$

$$d(x5,h1) = 4.4227; \quad d(x5,h2) = 3.1305$$

$$d(x6,h1) = 6.4156; \quad d(x6,h2) = 2.0494$$

$$d(x7,h1) = 7.4539; \quad d(x7,h2) = 2.7203$$

$$d(x8,h1) = 7.1386; \quad d(x8,h2) = 2.8983$$

$$d(x9,h1) = 8.5299; \quad d(x9,h2) = 2.1448$$

$$d(x10,h1) = 9.1520; \quad d(x10,h2) = 2.4495$$

ขั้นที่ 5 หลังจากพิจารณาแต่ละค่าจะจัดกลุ่มใหม่ได้ดังนี้

กลุ่มของ  $h1 = x1, x2, x3, x4$

x1	102	102	103	103
x2	102	103	103	105
x3	103	103	105	107
x4	103	105	107	107

จุดศูนย์กลางของกลุ่มที่ 1 คือ [102.5, 103.25, 104.5, 105.5]

กลุ่มของ  $h_2 = x_5, x_6, x_7, x_8, x_9, x_{10}$

x5	105	107	107	105
x6	107	107	105	107
x7	107	105	107	109
x8	105	107	109	108
x9	107	109	108	108
x10	109	108	108	108

จุดศูนย์กลางของกลุ่มที่ 2 คือ [106.67, 107.17, 107.33, 107.5]

กลับไปขั้นที่ 4 คำนวณระยะห่างระหว่างแต่ละค่าใหม่

$$d(x_1, h_1) = 3.2113; \quad d(x_1, h_2) = 9.3561$$

$$d(x_2, h_1) = 1.6771; \quad d(x_2, h_2) = 8.0123$$

$$d(x_3, h_1) = 1.6771; \quad d(x_3, h_2) = 6.0446$$

$$d(x_4, h_1) = 3.4369; \quad d(x_4, h_2) = 4.3054$$

$$d(x_5, h_1) = 5.1781; \quad d(x_5, h_2) = 3.0293$$

$$d(x_6, h_1) = 6.0673; \quad d(x_6, h_2) = 2.4118$$

$$d(x_7, h_1) = 6.4663; \quad d(x_7, h_2) = 2.6789$$

$$d(x_8, h_1) = 6.8420; \quad d(x_8, h_2) = 2.4201$$

$$d(x_9, h_1) = 8.4742; \quad d(x_9, h_2) = 2.0388$$

$$d(x_{10}, h_1) = 9.1276; \quad d(x_{10}, h_2) = 2.6109$$

ขั้นที่ 5 ทำการจัดกลุ่ม และหาจุดศูนย์กลาง

จะได้ กลุ่มที่ 1 คือ  $x_1, x_2, x_3, x_4$

กลุ่มที่ 2 คือ  $x_5, x_6, x_7, x_8, x_9, x_{10}$

และคำนวณหาจุดศูนย์กลางใหม่ จะได้

จุดศูนย์กลางของกลุ่มที่ 1 คือ [102.5, 103.25, 104.5, 105.5]

จุดศูนย์กลางของกลุ่มที่ 2 คือ [106.67, 107.17, 107.33, 107.5]

ซึ่งไม่มีการเปลี่ยนแปลงอีก

- ขั้นตอนที่ 2 หาความกว้างจากระยะห่างที่น้อยที่สุดของ hidden node

ระหว่าง hidden node 1 , hidden node 2

$$\begin{aligned} \text{ระยะห่าง} &= \sqrt{((106.67-102.5)^2+(107.17-103.25)^2+(107.33-104.5)^2+(107.5-105.5)^2)} \\ &= 6.6906 \end{aligned}$$

จะได้ค่า  $r = 6.6906/3 = 2.23$

- ขั้นตอนที่ 3 หาค่า output ของ hidden node หาได้จาก  $h(x) = \exp(-(x-c)^2/r^2)$

ตัวอย่างเช่น input คือ  $x1[102,102,103,103]$

จุดศูนย์กลางของ  $h1$  คือ  $[102.5, 103.25, 104.5, 105.5]$

จุดศูนย์กลางของ  $h2$  คือ  $[106.67,107.17,107.33,107.5]$

$$\begin{aligned} h1 &= \exp(-((102-102.5)^2+(102-103.25)^2+(103-104.5)^2+(103-105.5)^2)/(2.23)^2) \\ &= 0.125714769911 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} h2 &= \exp(-((102-106.67)^2+(102-107.17)^2+(103-107.33)^2+(103-107.5)^2)/(2.23)^2) \\ &= 0.000000022658 \end{aligned}$$

ลักษณะการทำงานของโครงข่ายในการปรับค่า weight , กำหนด learning rate = 1

เริ่มแรกทำการสุ่มค่า weight  $w1 = 0.756633647$  ,  $w2 = 0.528161772$

ขั้นที่ 1 คำนวณค่า output ของ  $h1 = 0.125714769911$  ,  $h2 = 0.000000022658$

- คำนวณค่า output จาก  $(h1*w1)+(h2*w2) = 0.095120037$

ขั้นที่ 2 คำนวณค่า delta output =  $(\text{target}-\text{output})*(\text{1}-\text{output})*\text{output}$

Target = 105

$$\begin{aligned} \text{ค่า delta output} &= (105-0.095120037)*(1-0.095120037)* 0.095120037 \\ &= 9.029395442 \end{aligned}$$

ขั้นที่ 3 คำนวณค่าผิดพลาด delta hidden

$$\begin{aligned} \text{ค่า delta } h1 &= ((\text{delta output}*w1)+1)*(1-h1)*h1 \\ &= ((9.029395442*0.756633647)+1)*(1-0.125714769911)*( 0.125714769911) \\ &= 0.860813446 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{ค่า delta } h2 &= ((\text{delta output}*w2)+1)*(1-h2)*h2 \\ &= ((9.029395442*0.528161772)+1)*(1-0.000000022658)*( 0.000000022658) \\ &= 0.000000131 \end{aligned}$$

ขั้นที่ 4 ทำการปรับ weight

$$w1 = w1 + (\text{Learning rate} * \text{delta output}) = 0.756633647 + (1*9.029395442) = 9.786029089$$

$$w2 = w2 + (\text{Learning rate} * \text{delta output}) = 0.528161772 + (1 * 9.029395442) = 9.557557214$$

ขั้นที่ 5 คำนวณเทอมค่าผิดพลาด (SSE – Sum Square Error)

$$SSE = \sum (target_i - output_i)^2$$

ถ้าค่า SSE < ค่า Error Accept ที่ตั้งไว้ จะหยุดเรียนรู้โครงข่าย

ทำตามขั้นตอนที่ 1 โดยนำ input ชุดใหม่เข้ามา

### 3.3.3 การจัดกลุ่ม hidden node และการหาศูนย์กลาง ของ hidden node โดย Genetic algorithm

วิธีการคือ กำหนดค่าตัวแปรให้กับ Genetic Algorithm

Population Size คือ จำนวนของประชากร = 10

Crossover Rate = 0.8

Mutation Rate = 0.3

Input Node = 4

Hidden Node = 2

จำนวนประชากร คือ

$X_1[102, 102, 103, 103]$  105

$X_2[102, 103, 103, 105]$  107

$X_3[103, 103, 105, 107]$  107

$X_4[103, 105, 107, 107]$  105

$X_5[105, 107, 107, 105]$  107

$X_6[107, 107, 105, 107]$  109

$X_7[107, 105, 107, 109]$  108

$X_8[105, 107, 109, 108]$  108

$X_9[107, 109, 108, 108]$  108

$X_{10}[109, 108, 108, 108]$  107

นำจำนวนประชากรทั้งหมดมาจัดกลุ่มประชากรต้นแบบ

โดยลักษณะของ 1 โครโมโซม มี 2 กลุ่ม เพราะจัดตามการระบุค่า hidden node

Center node 1	Center node 2
---------------	---------------

ตารางที่ 3.3 ประชากรด้นแบบ

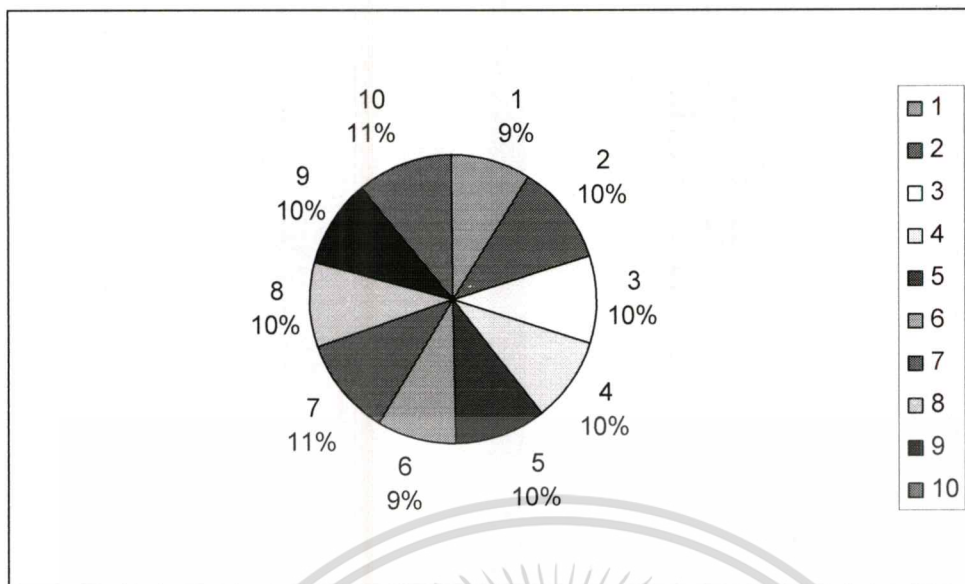
โครโมโซมที่ 1	$x_1[102, 102, 103, 103]$	$X_7[107, 105, 107, 109]$
โครโมโซมที่ 2	$X_9[107, 109, 108, 108]$	$X_2[102, 103, 103, 105]$
โครโมโซมที่ 3	$X_6[107, 107, 105, 107]$	$X_{10}[109, 108, 108, 108]$
โครโมโซมที่ 4	$X_3[103, 103, 105, 107]$	$X_5[105, 107, 107, 105]$
โครโมโซมที่ 5	$X_4[103, 105, 107, 107]$	$X_8[105, 107, 109, 108]$
โครโมโซมที่ 6	$X_2[102, 103, 103, 105]$	$X_3[103, 103, 105, 107]$
โครโมโซมที่ 7	$X_6[107, 107, 105, 107]$	$X_7[107, 105, 107, 109]$
โครโมโซมที่ 8	$X_{10}[109, 108, 108, 108]$	$x_1[102, 102, 103, 103]$
โครโมโซมที่ 9	$X_5[105, 107, 107, 105]$	$X_9[107, 109, 108, 108]$
โครโมโซมที่ 10	$X_8[105, 107, 109, 108]$	$X_6[107, 107, 105, 107]$

คำนวณค่า ความเหมาะสมแต่ละ โครโมโซม ซึ่งแสดงในตารางที่ 3.4

ตารางที่ 3.4 ค่าความเหมาะสมของประชากรด้นแบบ

โครโมโซมที่ 1	0.0098
โครโมโซมที่ 2	0.0123
โครโมโซมที่ 3	0.0105
โครโมโซมที่ 4	0.0105
โครโมโซมที่ 5	0.0108
โครโมโซมที่ 6	0.0095
โครโมโซมที่ 7	0.0122
โครโมโซมที่ 8	0.0105
โครโมโซมที่ 9	0.0109
โครโมโซมที่ 10	0.0119

เลือกโครโมโซมพ่อ-แม่จาก Roulette Wheel ซึ่งสามารถแสดงได้รูปที่ 3.1



รูปที่ 3.1 การคัดเลือกโครโมโซมจาก roulette wheel

ขั้นแรก สุ่มตัวเลข ได้ พ่อ-แม่ชุดแรก โครโมโซมที่ 2 กับ โครโมโซมที่ 4 มาเป็น พ่อ กับ แม่ จะได้ ลูกตัวที่ 1 และ 2

โครโมโซมที่ 2	$X_9[107, 109, 108, 108]$	$X_2[102, 103, 103, 105]$
โครโมโซมที่ 4	$X_3[103, 103, 105, 107]$	$X_5[105, 107, 107, 105]$

ขั้นตอนที่ 2 ทำการ crossover โดย random ค่า cross over ได้ 0.7854 น้อยกว่าค่า crossover rate ที่ตั้งไว้ จึงทำการ crossover

ทำการสุ่มตำแหน่งที่จะทำการเปลี่ยน และจำนวนที่จะเปลี่ยน

สุ่มจำนวนเปลี่ยนได้ 2 และเปลี่ยนตำแหน่งที่ 2 , 5

โครโมโซมลูกที่ 1	$X_9[107, 109, 108, 108]$	$X_5[105, 107, 107, 105]$
โครโมโซมลูกที่ 2	$X_3[103, 103, 105, 107]$	$X_2[102, 103, 103, 105]$

จะได้เป็น

โครโมโซมลูกที่ 1	$X_9[107, 103, 108, 108]$	$X_5[102, 107, 107, 105]$
โครโมโซมลูกที่ 2	$X_3[103, 109, 105, 107]$	$X_2[105, 103, 103, 105]$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ขั้นตอนที่ 3 ทำการ mutation โดย random ค่า mutation ถ้า ค่า mutation rate > ค่า random ทำการ mutation

โดยจะทำการสุ่มยีนที่จะทำการ mutation เช่นสุ่มได้ 2 ยีน คือ ยีนที่ 1, ยีนที่ 3

Mutation = ค่าสุ่ม (-0.01% ถึง 0.01%)\*ค่ายีน

ค่ายีนที่ผ่านการ mutation = ค่ายีน + mutation

เช่น random ค่า ได้ 0.002%

ยีนที่ 1 Mutation โครโมโซมลูกที่ 1 = 0.002% \* 107 = 0.0021

ยีนที่ 1 ของโครโมโซมลูกที่ 1 = 107 + 0.0021 = 107.0021

ยีนที่ 3 Mutation โครโมโซมลูกที่ 1 = 0.002% \* 108 = 0.0022

ยีนที่ 3 ของโครโมโซมลูกที่ 1 = 108 + 0.0022 = 108.0022

ยีนที่ 1 Mutation โครโมโซมลูกที่ 2 = 0.002% \* 103 = 0.0020

ยีนที่ 1 ของโครโมโซมลูกที่ 2 = 103 + 0.0020 = 103.0020

ยีนที่ 3 Mutation โครโมโซมลูกที่ 2 = 0.002% \* 105 = 0.0021

ยีนที่ 3 ของโครโมโซมลูกที่ 2 = 105 + 0.0021 = 105.0021

จะได้โครโมโซมลูกหลังจากผ่านการ mutation แล้ว ดังนี้

โครโมโซมลูกที่ 1	$X_9[107.0021, 103, 108.0022, 108]$	$X_5[102, 107, 107, 105]$
โครโมโซมลูกที่ 2	$X_3[103.0020, 109, 105.0021, 107]$	$X_2[105, 103, 103, 105]$

ทำตามขั้นตอนที่ 1 – 3 จนครบเท่ากับ จำนวน population/2 = 5

จะได้ประชากรทั้งหมด 20 ประชากร

โครโมโซมที่ 1	$x1[102, 102, 103, 103]$	$X_7[107, 105, 107, 109]$
โครโมโซมที่ 2	$X_9[107, 109, 108, 108]$	$X_2[102, 103, 103, 105]$
โครโมโซมที่ 3	$X_6[107, 107, 105, 107]$	$X_{10}[109, 108, 108, 108]$
โครโมโซมที่ 4	$X_3[103, 103, 105, 107]$	$X_5[105, 107, 107, 105]$
โครโมโซมที่ 5	$X_4[103, 105, 107, 107]$	$X_8[105, 107, 109, 108]$
โครโมโซมที่ 6	$X_2[102, 103, 103, 105]$	$X_3[103, 103, 105, 107]$
โครโมโซมที่ 7	$X_6[107, 107, 105, 107]$	$X_7[107, 105, 107, 109]$
โครโมโซมที่ 8	$X_{10}[109, 108, 108, 108]$	$x1[102, 102, 103, 103]$
โครโมโซมที่ 9	$X_5[105, 107, 107, 105]$	$X_9[107, 109, 108, 108]$
โครโมโซมที่ 10	$X_8[105, 107, 109, 108]$	$X_6[107, 107, 105, 107]$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โครโมโซมที่ 11	$X_9[107.0021, 103, 108.0022, 108]$	$X_5[102, 107, 107, 105]$
โครโมโซมที่ 12	$X_3[103.0020, 109, 105.0021, 107]$	$X_2[105, 103, 103, 105]$
โครโมโซมที่ 13	$x1[102, 102, 103.0029, 103]$	$X_7[107, 105, 107.003, 109]$
โครโมโซมที่ 14	$X_4[103, 105, 107.003, 107]$	$X_8[105, 107, 109.003, 108]$
โครโมโซมที่ 15	$X_6[107, 107, 105, 107.0012]$	$X_{10}[109, 108, 108, 108]$
โครโมโซมที่ 16	$X_6[107, 107, 105, 107.0012]$	$X_7[107, 105, 107, 109]$
โครโมโซมที่ 17	$X_3[103, 108, 105, 107]$	$X_5[105, 102, 107, 105]$
โครโมโซมที่ 18	$X_{10}[109, 103, 108, 108]$	$x1[102, 107, 103, 103]$
โครโมโซมที่ 19	$X_5[105, 102, 107.0021, 103]$	$X_9[107, 109.0022, 108, 109]$
โครโมโซมที่ 20	$x1[102, 107, 103.002, 105]$	$X_7[107, 105.0021, 107, 108]$

ขั้นตอนที่ 4 การคำนวณค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม

4.1 จากโครโมโซมที่ 1 คำนวณระยะทาง

โครโมโซมที่ 1	$x1[102, 102, 103, 103]$	$X_7[107, 105, 107, 109]$
---------------	--------------------------	---------------------------

คำนวณระยะทางระหว่างศูนย์กลางกลุ่มที่ 1 และกลุ่มที่ 2 กับข้อมูลสมาชิกได้ดังนี้  
ศูนย์กลางกลุ่มที่ 1

$$d1 = 0$$

$$d2 = \sqrt{(102-102)^2 + (103-102)^2 + (103-103)^2 + (105-103)^2} = 2.2361$$

$$d3 = 4.6904$$

$$d4 = 6.4807$$

$$d5 = 7.3485$$

$$d6 = 8.3666$$

$$d7 = 9.2736$$

$$d8 = 9.7468$$

$$d9 = 11.1355$$

$$d10 = 11.6190$$

ศูนย์กลางกลุ่มที่ 2

$$d1 = 9.2736$$

$$d2 = 7.8102$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

d3=5.2915

d4=4.4721

d5=4.8990

d6=3.4641

d7=0

d8=3.6056

d9=4.2426

d10=3.8730

4.2 ทำการจัดกลุ่มโดยดูจากค่า d ว่าค่าไหนอยู่ใกล้ศูนย์กลางจะจัดเข้ากลุ่มนั้น  
จะได้ กลุ่มที่ 1 (x1,x2,x3)

กลุ่มที่ 2 (x4,x5,x6,x7,x8,x9,x10)

4.3 คำนวณหาศูนย์กลางกลุ่มที่ 1 และ ศูนย์กลางกลุ่มที่ 2 ใหม่

ศูนย์กลางกลุ่มที่ 1 [102.3333, 102.6667, 103.6667, 105]

ศูนย์กลางกลุ่มที่ 2 [106.1428, 106.8571, 107.2857, 107.4286]

4.4 คำนวณระยะทางระหว่างข้อมูล กับ จุดศูนย์กลางใหม่

	ศูนย์กลาง 1	ศูนย์กลาง 2
d1	5.2223	8.8732
d2	0.8165	7.5037
d3	2.5166	5.4920
d4	4.5825	3.6866
d5	6.0827	2.7030
d6	6.8069	2.4826
d7	7.3711	2.5951
d8	7.9582	2.1428
d9	9.4692	2.4826
d10	10.0333	3.2104

4.5 คำนวณผลต่างระยะทางรวมของแต่ละศูนย์กลาง ได้ 60.85 , 41.17

4.6 หาค่าความเหมาะสมของโครโมโซม

ค่าความเหมาะสม = 1/ (ผลรวมของผลต่างระยะทางรวม

$$= 1/(60.85+41.17) = 0.0098$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โครโมโซมที่	ค่าความเหมาะสม
โครโมโซมที่ 1	0.0098
โครโมโซมที่ 2	0.0123
โครโมโซมที่ 3	0.0105
โครโมโซมที่ 4	0.0105
โครโมโซมที่ 5	0.0108
โครโมโซมที่ 6	0.0095
โครโมโซมที่ 7	0.0122
โครโมโซมที่ 8	0.0105
โครโมโซมที่ 9	0.0109
โครโมโซมที่ 10	0.0119
โครโมโซมที่ 11	0.0108
โครโมโซมที่ 12	0.0101
โครโมโซมที่ 13	0.0101
โครโมโซมที่ 14	0.0209
โครโมโซมที่ 15	0.0109
โครโมโซมที่ 16	0.0122
โครโมโซมที่ 17	0.0111
โครโมโซมที่ 18	0.0108
โครโมโซมที่ 19	0.0105
โครโมโซมที่ 20	0.0101

และจากการจัดกลุ่มใหม่ จะนำศูนย์กลางใหม่เข้าไปแทนที่ จะได้โครโมโซมดังนี้

โครโมโซมที่ 1	[102.3333,102.6667,103.6667,105]	[106.1428,106.8571,107.2857,107.4286]
โครโมโซมที่ 2	[103.4, 103.6, 105, 106.2]	[106.6, 107.6, 107.4, 107.2]
โครโมโซมที่ 3	[102.5, 103.25, 104.5, 105.5]	[106.6667, 107.1667, 107.3333, 107.5]
โครโมโซมที่ 4	[102.5, 103.25, 104.5, 105.5]	[106.6667, 107.1667, 107.3333, 107.5]
โครโมโซมที่ 5	[103, 104, 105, 105.4]	[107, 107.2, 107.4, 108]
โครโมโซมที่ 6	[102, 102.5, 103,104]	[105.75, 106.375, 107, 107.375]
โครโมโซมที่ 7	[105.3333, 106, 105.6667, 106]	[104.5, 105, 107, 07.75]

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โครโมโซมที่ 8	[106.6667,107.1667,107.3333,107.5]	[102.5, 103.25, 104.5, 105.5]
โครโมโซมที่ 9	[103.6667,104 ,105, 105.6667]	[107, 107.25, 108, 108.25]
โครโมโซมที่ 10	[105,107,108, 107.6667]	[105, 105, 105.4286, 106.2857]
โครโมโซมที่ 11	[107, 107.2, 107.4, 108]	[103, 104, 105, 105.4]
โครโมโซมที่ 12	[106.1429,106.8571,107.2857,107.4286]	[102.3333, 102.6667, 103.6667, 105]
โครโมโซมที่ 13	[102.3333,102.6667,103.6667,105]	[106.1429, 106.8571, 107.2857, 107.4286]
โครโมโซมที่ 14	[103,104,105,105.4]	[107, 107.2, 107.4, 108]
โครโมโซมที่ 15	[104.1429,104.5714,105.2857,106.1429]	[107,108, 108.3333, 108]
โครโมโซมที่ 16	[105.3333,106,105.6667,106]	[104.5, 105, 107, 107.75]
โครโมโซมที่ 17	[106, 107.1667, 107.3333, 107.1667]	[103.5, 103.25, 104.5, 106]
โครโมโซมที่ 18	[107, 107.2, 107.4, 108]	[103, 104, 105, 105.4]
โครโมโซมที่ 19	[102.5, 103.25, 104.5, 105.5]	[106.6667, 107.1667, 107.3333, 107.5]
โครโมโซมที่ 20	[102.3333, 102.6667,103.6667,105]	[106.1429, 106.8571, 107.2857, 107.4286]

เลือกโครโมโซม 10 โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสม มากที่สุด มาเป็นประชากรรุ่นต่อไป  
 ดังนั้นจะได้โครโมโซมที่ 2,7,9,10,11,14,15,16,17 และ 18 มาเป็นประชากรรุ่นถัดไป  
 ทำวนซ้ำครบตามจำนวน generation ที่กำหนด หรือจำนวนโครโมโซมที่ดีที่สุดไม่เปลี่ยนแปลง นำ  
 ค่าโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุดมา 1 โครโมโซมเป็นศูนย์กลางของ hidden node

## บทที่ 4

### การสร้างและทดสอบระบบ

เนื้อหาในบทนี้จะกล่าวถึงรายละเอียดของการพัฒนาระบบ เริ่มจากส่วนประกอบของคอมพิวเตอร์ที่เหมาะสม ชุดข้อมูลที่น่ามาทดลอง กระบวนการเตรียมโครงข่าย กระบวนการเรียนรู้ ผลการเรียนรู้ และเปรียบเทียบสมรรถนะของระบบ

#### 4.1 ส่วนประกอบของระบบคอมพิวเตอร์

##### 4.1.1 ส่วนประกอบฮาร์ดแวร์

- เครื่องคอมพิวเตอร์ส่วนบุคคล
- CPU Intel® Pentium® M processor ความเร็ว 1300 MHz
- Hard disk ขนาด 20 GByte ขึ้นไป
- Ram 512 MByte ขึ้นไป

##### 4.1.2 ส่วนประกอบซอฟต์แวร์

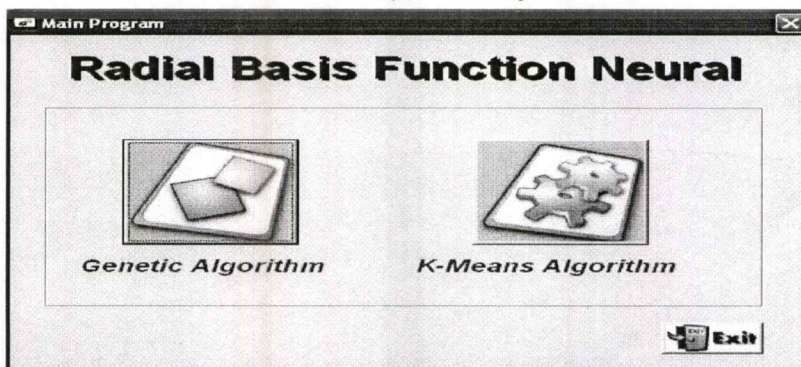
- ระบบปฏิบัติการ Windows XP
- โปรแกรม Microsoft Visual Basic version 6.0

#### 4.2 ส่วนของโปรแกรม ขั้นตอนและรายละเอียดการใช้งาน

ในการศึกษาโครงการนี้ ได้ออกแบบและพัฒนาโปรแกรม โดยใช้โปรแกรม Microsoft Visual Basic version 6.0 เป็นเครื่องมือในการพัฒนาโปรแกรม โดยแบ่งอัลกอริทึมออกเป็น 2 ส่วนด้วยกัน คือ

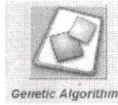
1. โครงข่ายประสาทเทียมแบบ RBF ที่ใช้ k-mean ในการหาจุดศูนย์กลางของชั้นซ่อน
2. โครงข่ายประสาทเทียมแบบ RBF ที่ประยุกต์ใช้ร่วมกับ Genetic Algorithm

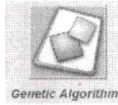
เมื่อเริ่มเรียกใช้งานโปรแกรม จะปรากฏหน้าจอ ดังรูปที่ 4.1

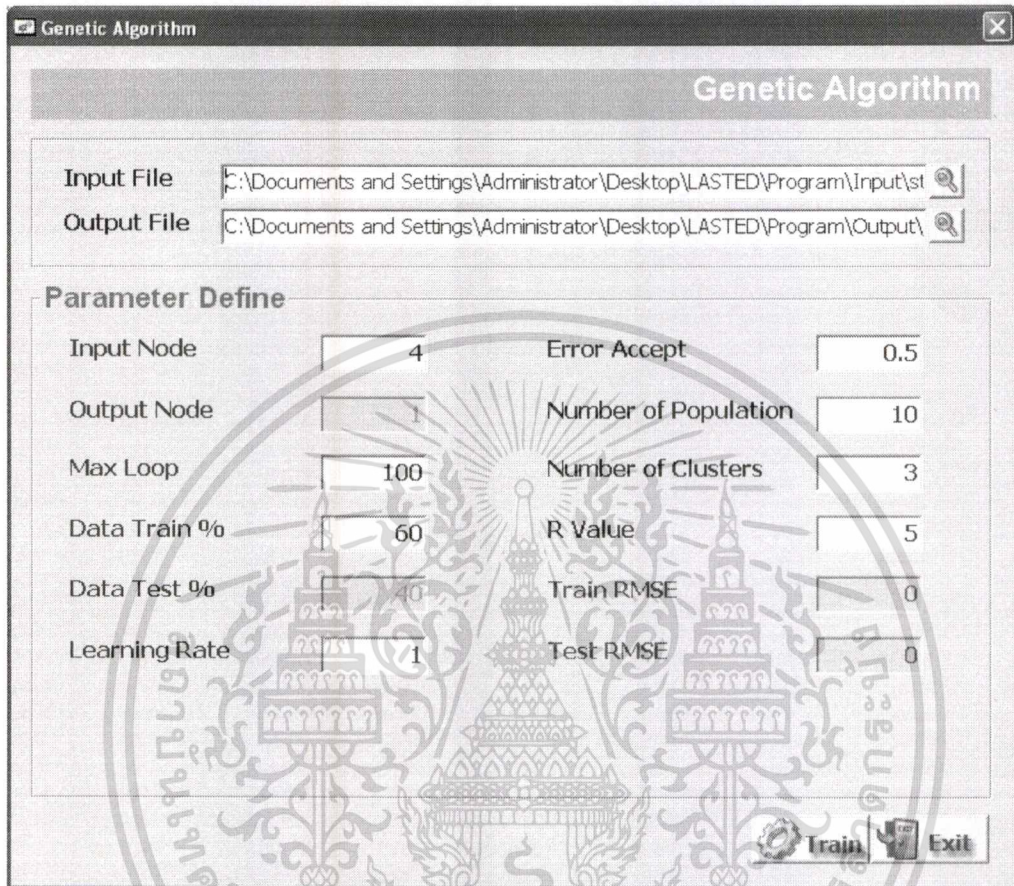


รูปที่ 4.1 หน้าจอหลักของระบบงาน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



เมื่อเข้าสู่หน้าจอหลัก เมื่อคลิกปุ่ม  จะแสดงหน้าจอการทำงานของ Genetic Algorithm ดังรูปที่ 4.2



รูปที่ 4.2 หน้าจอการทำงานของ Genetic Algorithm

โดยที่	Input Node	คือ จำนวน Input Node ที่ใช้ใน โครงข่ายประสาทเทียม
	Output Node	คือ จำนวน output Node ใน โครงข่ายประสาทเทียมซึ่ง fix ค่าไว้คือ 1 node
	Max Loop	คือ จำนวนของ เจเนอเรชั่นที่ต้องการให้วนซ้ำ
	Data Train (%)	คือ ใช้กำหนดจำนวนข้อมูลในการเรียนรู้โครงข่ายประสาทเทียม
	Data Test (%)	คือ จำนวนข้อมูลทั้งหมดในการทดสอบ โครงข่ายประสาทเทียม
	Learning Rate	คือ ใช้กำหนดค่าอัตราการเรียนรู้ของโครงข่ายประสาทเทียม
	Error Accept	คือ ค่า Error ที่ยอมรับได้ ที่ใช้ในการหยุดเรียนรู้
	Number of Population	คือ ขนาดของประชากร
	Number of Cluster	คือ จำนวนกลุ่มข้อมูลที่ต้องการจัดกลุ่ม คือจำนวน hidden node
	R Value	คือ ความกว้างของ RBF

เอกสารนี้เป็น Train RMSE ไว้สำหรับ คือ ค่าแสดง (Root Mean Square Error) RMSE ในการเรียนรู้ด้านการค้า ไม่โครงข่ายประสาทเทียมห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

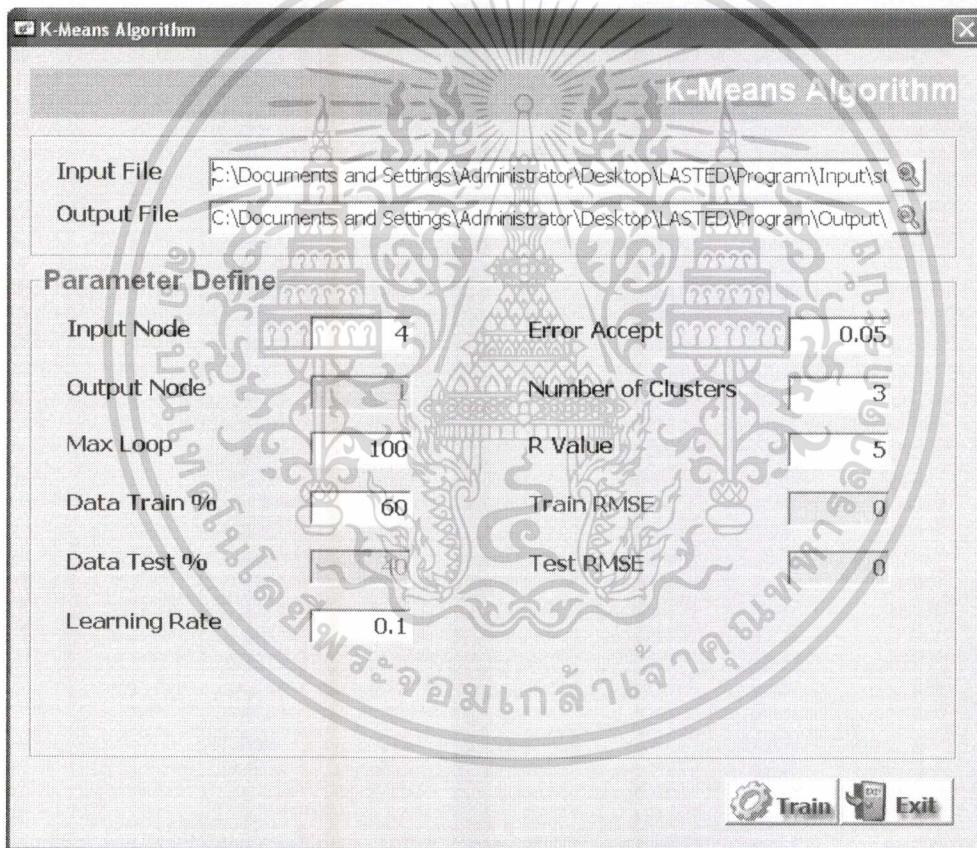
Test RMSE คือ ค่าแสดง (Root Mean Square Error) RMSE ในการทดสอบ  
โครงข่ายประสาทเทียม

อธิบายการทำงานของปุ่มต่างๆในหน้าจอดังต่อไปนี้

ปุ่ม  เมื่อกดปุ่มนี้ เป็นการสั่งให้โปรแกรมเริ่มการเรียนรู้

ปุ่ม  เมื่อกดปุ่มนี้ เป็นการออกจากหน้าจอ กลับไปที่หน้าจอหลัก

เมื่อกดปุ่มของ  จะแสดงหน้าจอการทำงานของ K-mean Algorithm ดังรูปที่ 4.3



รูปที่ 4.3 หน้าจอการทำงานของ K-Mean Algorithm

โดยที่ Input Node คือ จำนวน Input Node ที่ใช้ในโครงข่ายประสาทเทียม  
Output Node คือ จำนวน output Node ในโครงข่ายประสาทเทียมซึ่ง fix ค่าไว้คือ 1 node  
Max Loop คือ จำนวนรอบการทำงานที่ต้องการให้วนซ้ำ

Data Train (%) คือ ใช้กำหนดจำนวนข้อมูลในการเรียนรู้โครงข่ายประสาทเทียม  
Data Test (%) คือ จำนวนข้อมูลทั้งหมดในการทดสอบโครงข่ายประสาทเทียม  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Learning Rate	คือ ใช้กำหนดค่าอัตราการเรียนรู้ของโครงข่ายประสาทเทียม
Error Accept	คือ ค่า Error ที่ยอมรับได้ ที่ใช้ในการหยุดการเรียนรู้
Number of Cluster	คือ จำนวนกลุ่มข้อมูลที่ต้องการจัดกลุ่ม คือจำนวน hidden node
R Value	คือ ความกว้างของ RBF
Train SSE	คือ ค่าแสดง ค่าแสดง (Root Mean Square Error) RMSE ในการเรียนรู้โครงข่ายประสาทเทียม
Test SSE	คือ ค่าแสดง ค่าแสดง (Root Mean Square Error) RMSE ในการทดสอบโครงข่ายประสาทเทียม

3. ข้อมูลที่ใช้ในการทดลองในโครงการพัฒนาระบบงานนี้เป็นข้อมูลตลาดหลักทรัพย์รายวันของธนาคารกรุงเทพ ประกอบด้วย ราคาเปิด ราคาสูงสุด ราคาต่ำสุด ราคาปิด อัตราการเปลี่ยนแปลง มูลค่าการซื้อขาย ซึ่งข้อมูลที่จะนำเข้ามาทำการทดสอบโครงข่าย จะนำข้อมูลราคาปิด (Close) ของตลาดหลักทรัพย์รายวัน ของธนาคารกรุงเทพ ซึ่งเก็บอยู่ในรูปแบบไฟล์ Excel ซึ่งในการดำเนินงาน โครงการนี้ได้ กำหนด ชื่อไฟล์ ไว้ในโปรแกรมให้เปิดไฟล์ที่ "d:/project/stock\_data.xls"

Date	Open	High	Low	Close	Change	% Chg	Volume(Lot)	Value(M.)
1/8/2006	101	103	101	102	1	0.99	15,741	160.46
2/8/2006	102	102	101	102	0	0	15,585	158.41
3/8/2006	103	104	102	103	1	0.98	40,301	415.89
4/8/2006	103	105	102	103	0	0	36,339	376.98
7/8/2006	104	106	104	105	2	1.94	46,748	489.55
8/8/2006	106	108	105	107	2	1.9	64,925	694.03
9/8/2006	107	108	106	107	0	0	37,235	397.79

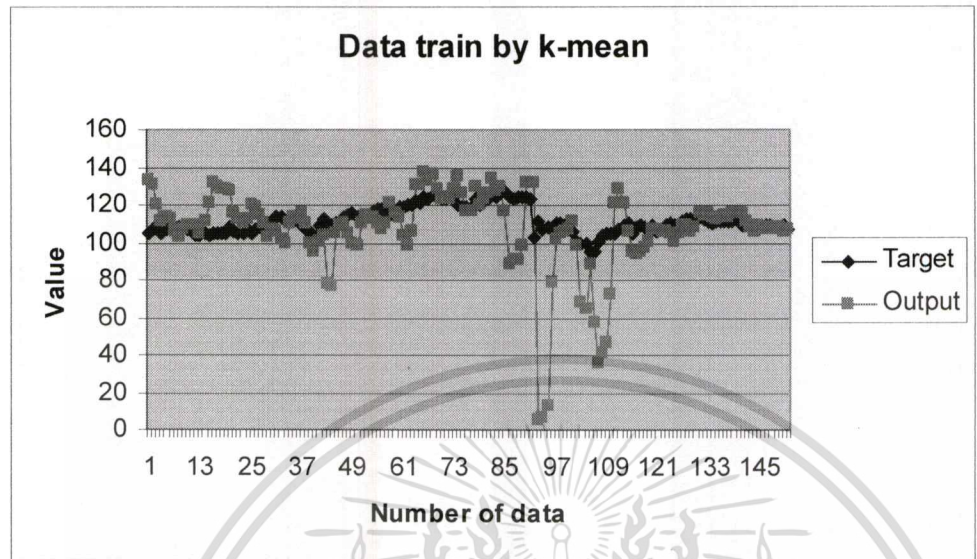
4. ค่าความน่าจะเป็นที่ใช้ใน Genetic Algorithm ในโครงการพัฒนาระบบงานนี้ได้ กำหนดค่าดังนี้

- ความน่าจะเป็นในการคลอสโอเวอร์  $P_c$  เท่ากับ 0.8
- ความเป็นไปได้ในการ Mutation คือ Mutation rate เท่ากับ 0.3

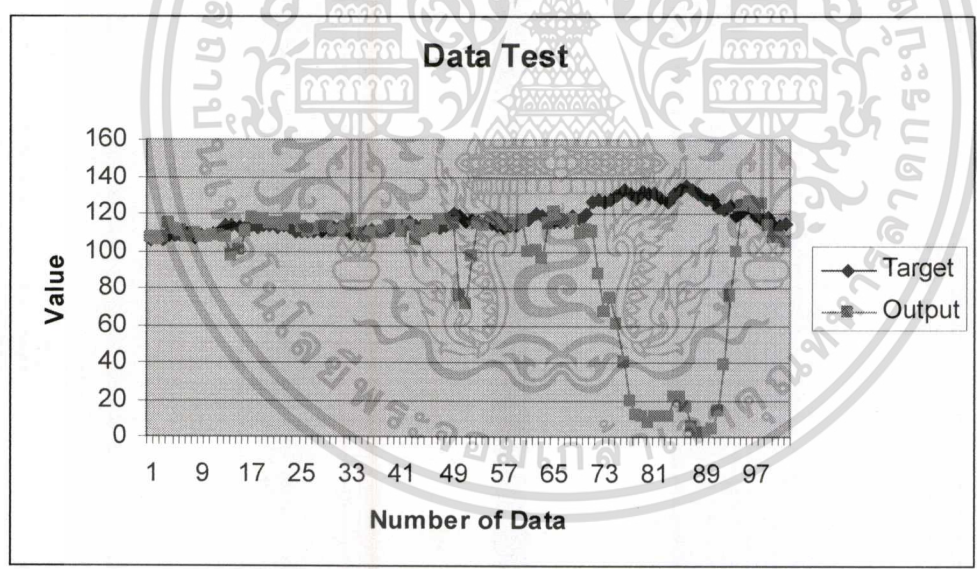
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

### 4.3 ผลการทำงาน

การ train โดย กำหนด max loop = 200 รอบ , number of cluster = 6 และ ความกว้างของ RBF = 10



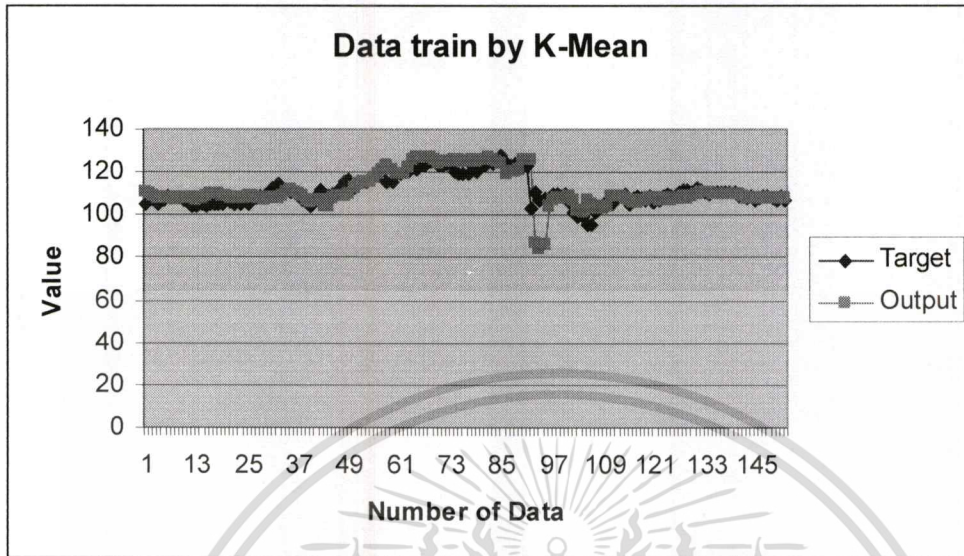
รูปที่ 4.4 กราฟแสดงผล Data Train ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 10



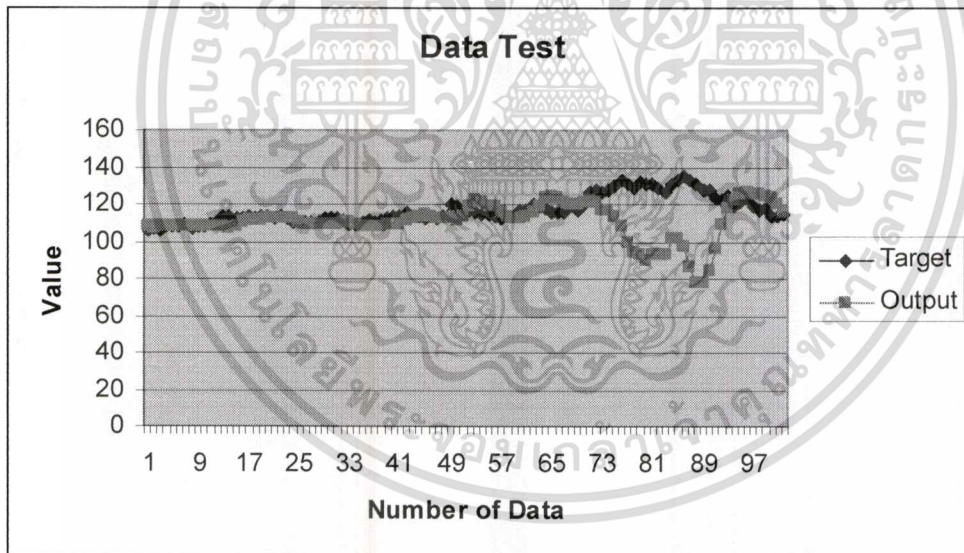
รูปที่ 4.5 กราฟแสดงผล Data Test ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 10

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

การ train โดย กำหนด max loop = 200 รอบ , number of cluster = 6 และ ความกว้างของ RBF = 30



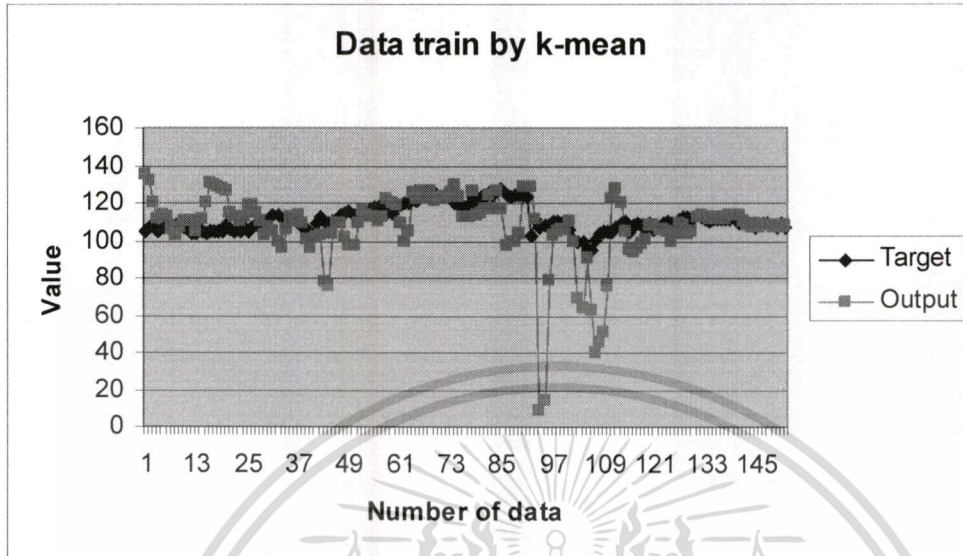
รูปที่ 4.6 กราฟแสดงผล Data Train ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 30



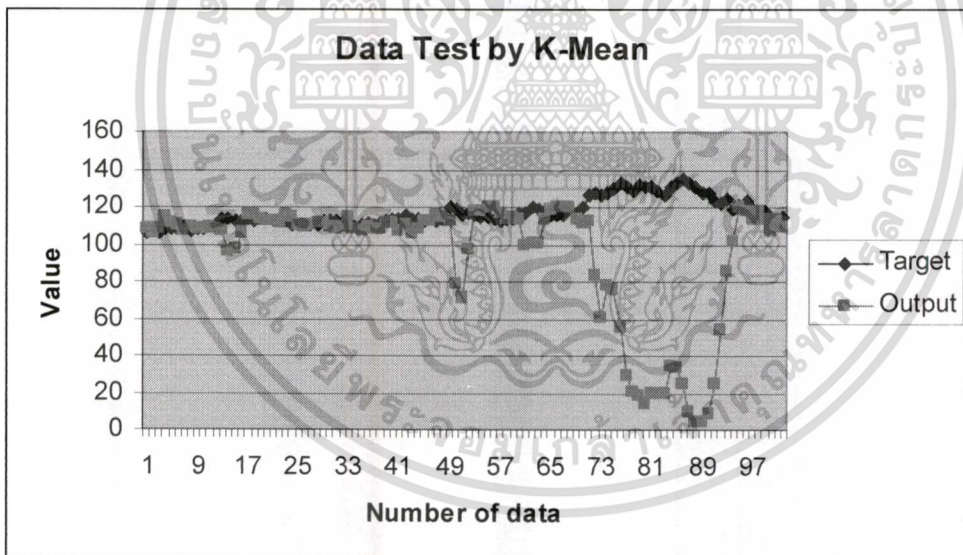
รูปที่ 4.7 กราฟแสดงผล Data Test ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 30

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

การ train โดย กำหนด max loop = 200 รอบ , number of cluster = 9 และ ความกว้างของ RBF = 10



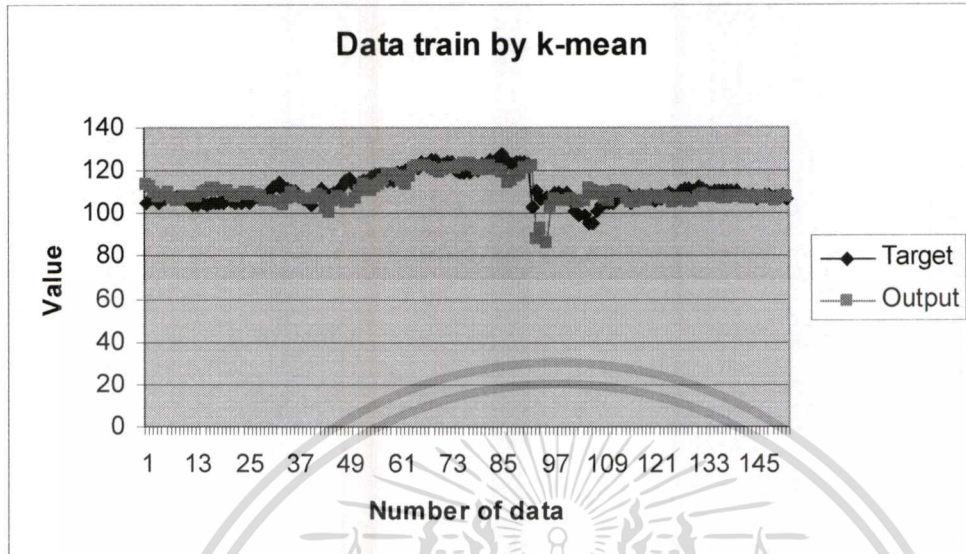
รูปที่ 4.8 กราฟแสดงผล Data Train ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 10



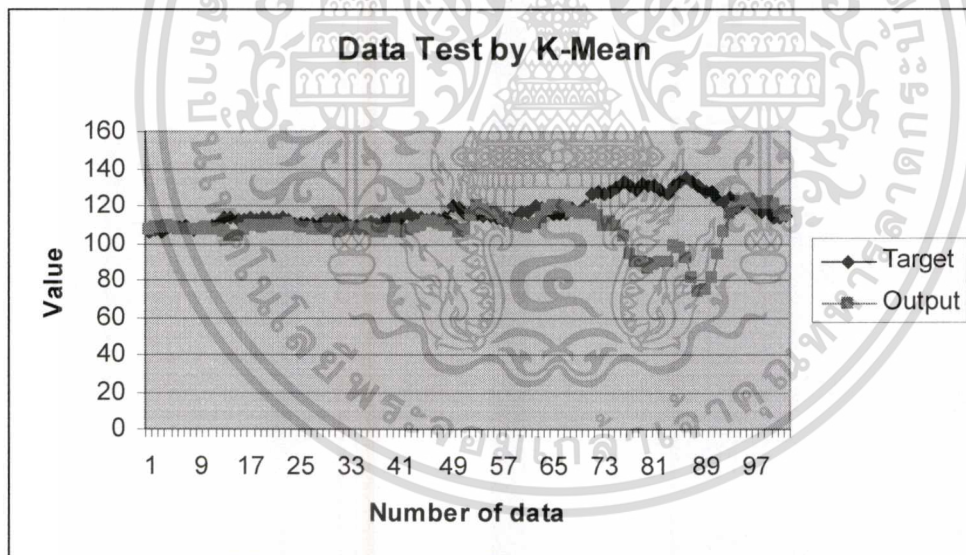
รูปที่ 4.9 กราฟแสดงผล Data Test ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 10

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

การ train โดย กำหนด max loop = 200 รอบ , number of cluster = 9 และ ความกว้างของ RBF = 30



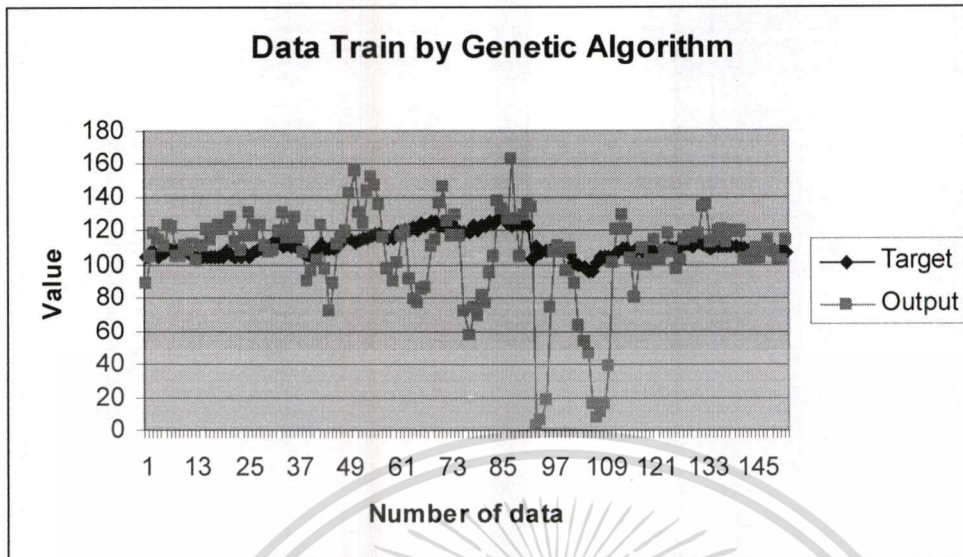
รูปที่ 4.10 กราฟแสดงผล Data Train ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 30



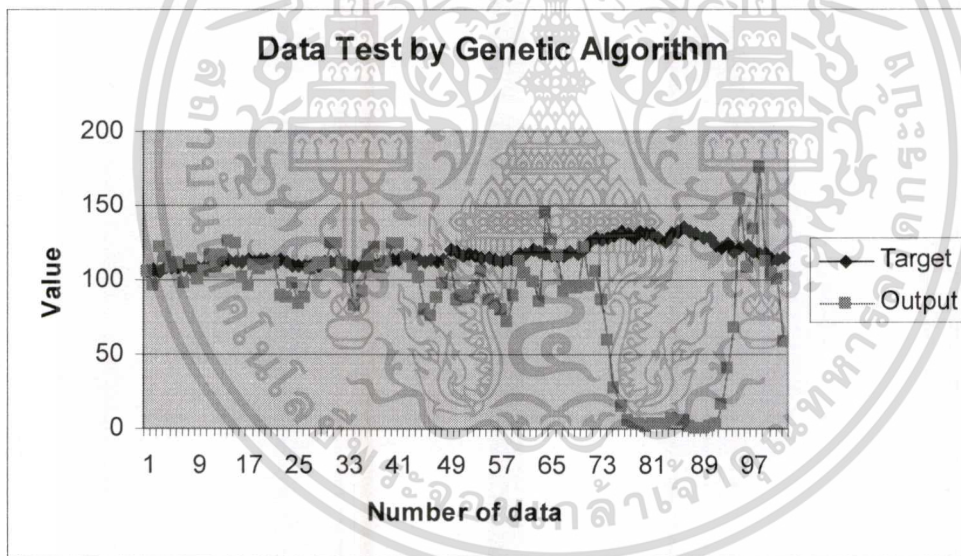
รูปที่ 4.11 กราฟแสดงผล Data Test ของ K-Mean Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 30

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

การ train โดย กำหนด max loop = 200 รอบ , number of cluster = 6 และ ความกว้างของ RBF = 10



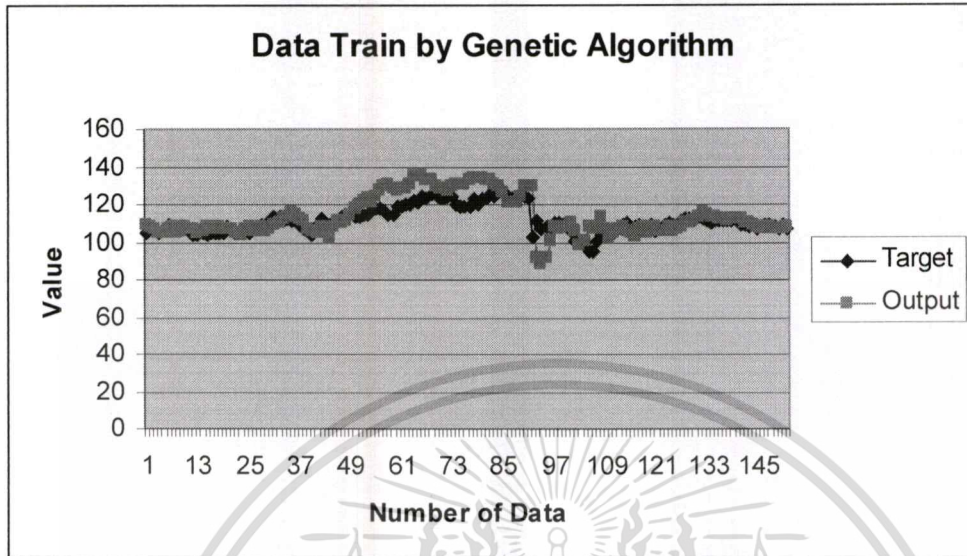
รูปที่ 4.12 กราฟแสดงผล Data Train ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 10



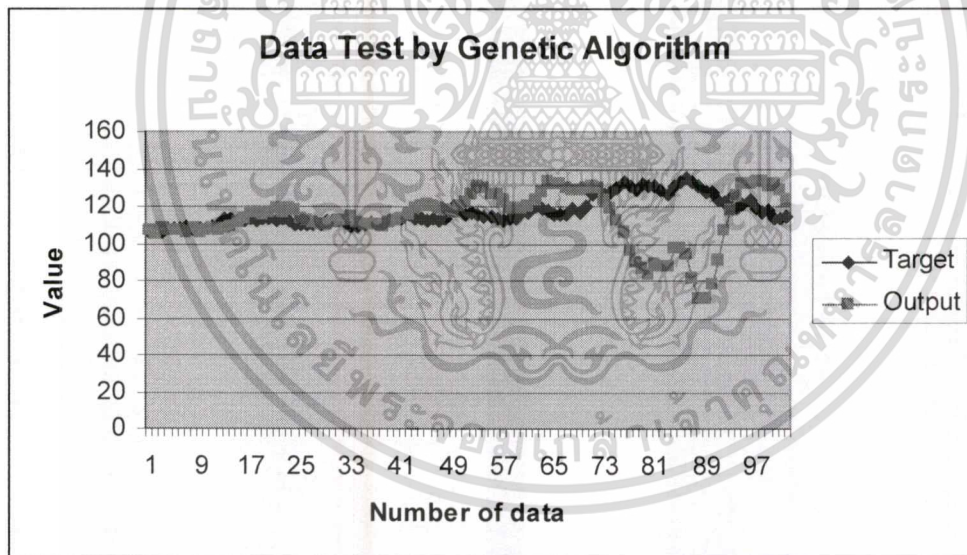
รูปที่ 4.13 กราฟแสดงผล Data Test ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 10

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

การ train โดย กำหนด max loop = 200 รอบ , number of cluster = 6 และ ความกว้างของ RBF = 30



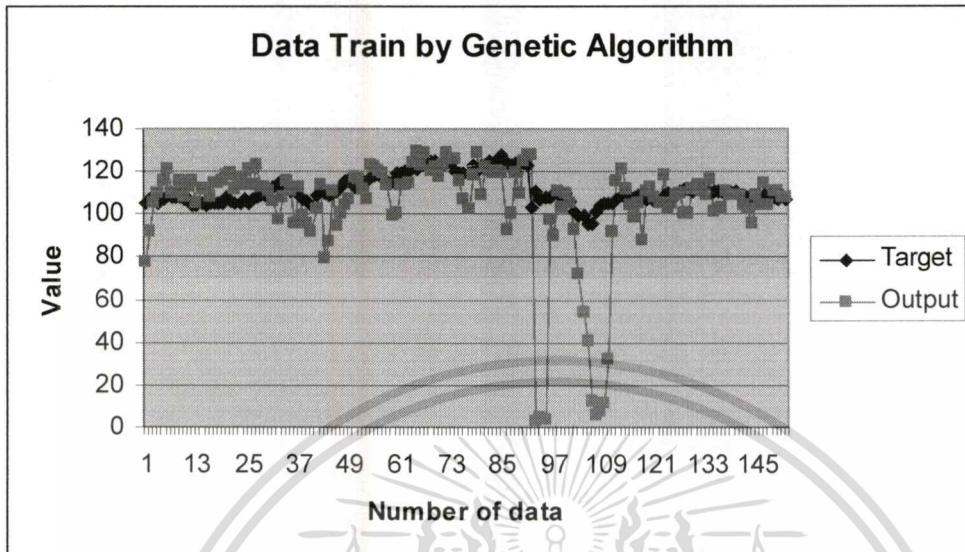
รูปที่ 4.14 กราฟแสดงผล Data Train ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 30



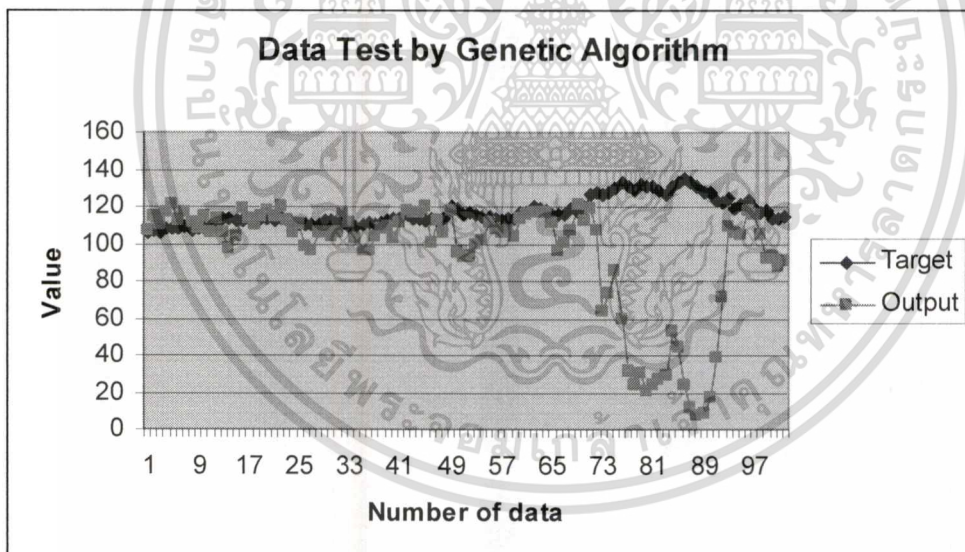
รูปที่ 4.15 กราฟแสดงผล Data Test ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 6, RBF = 30

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

การ train โดย กำหนด max loop = 200 รอบ , number of cluster = 9 และ ความกว้างของ RBF = 10



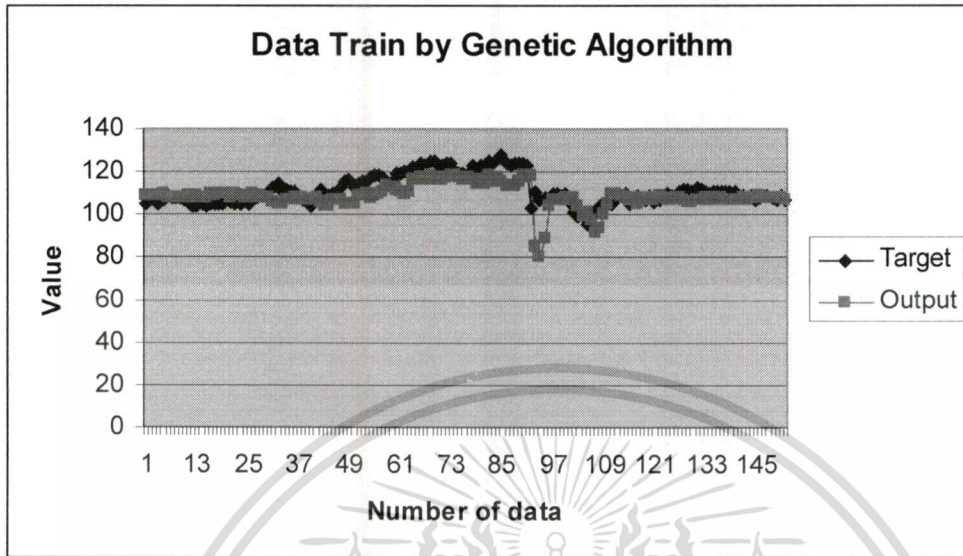
รูปที่ 4.16 กราฟแสดงผล Data Train ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 10



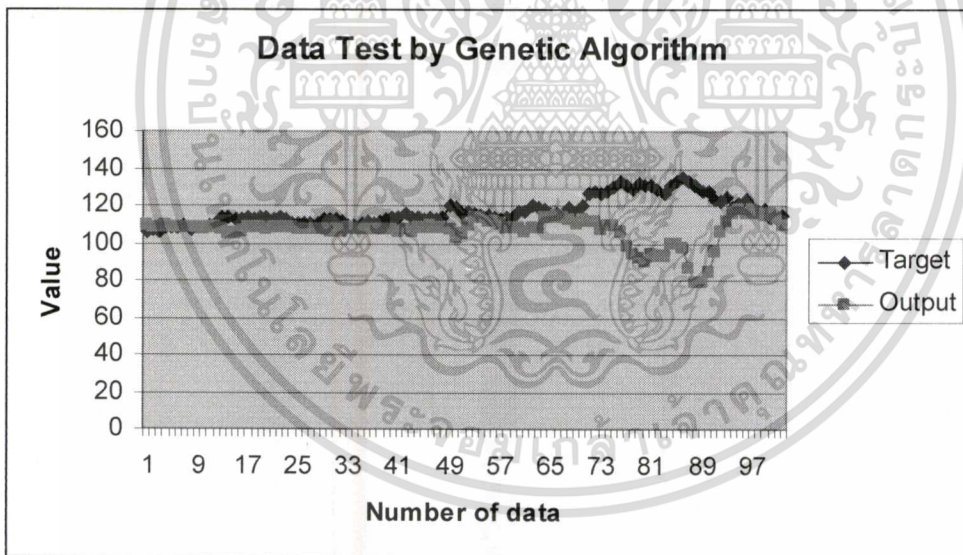
รูปที่ 4.17 กราฟแสดงผล Data Test ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 10

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

การ train โดย กำหนด max loop = 200 รอบ , number of cluster = 9 และ ความกว้างของ RBF = 30



รูปที่ 4.18 กราฟแสดงผล Data Train ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 30



รูปที่ 4.19 กราฟแสดงผล Data Test ของ Genetic Algorithm ด้วยค่า Cluster = 9, RBF = 30

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.1 แสดงผลการทดลอง

By Algorithm	จำนวนรอบ	จำนวน Hidden Node	ค่า r	RMSE TRAIN	RMSE TEST
<b>K-Mean</b>	200	6	10	20.54	47.32
	200	6	30	4.98	15.93
	200	9	10	13.34	47.38
	200	9	30	5.61	16.57
<b>Genetic Algorithm population = 10</b>	200	6	10	22.19	47.64
	200	6	30	4.67	13.69
	200	9	10	25.21	47.66
	200	9	30	7.05	15.29

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## บทที่ 5

### สรุปผลการศึกษา

#### 5.1 สรุปโครงการ

การศึกษานี้เป็นการพัฒนาโครงสร้าง Radial Basis Function Neural Network เพื่อการพยากรณ์ Time series โดยปัจจัยของโครงสร้าง Radial Basis Function Neural Network นั้นคือ ตำแหน่งจุดศูนย์กลาง ถ้าจุดศูนย์กลางนั้นไม่ใช่ตัวแทนที่ดีจะทำให้ผลลัพธ์ที่ได้ออกมาไม่คั่นัก

โครงการพัฒนาระบบงานนี้จึงพยายามหาวิธีจัดกลุ่มข้อมูลเพื่อหาจุดศูนย์กลางเพื่อให้มีความผิดพลาดของโครงข่ายออกมาน้อยที่สุดโดยนำหลักการของ Genetic Algorithm ที่เป็นวิธีการค้นหาค่าที่เหมาะสมตามกระบวนการทางพันธุศาสตร์ เพื่อให้ได้จุดศูนย์กลางที่เหมาะสม

จากการศึกษาได้ทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพการหาจุดศูนย์กลางโดยใช้วิธีของ K-mean Algorithm และวิธีของ Genetic Algorithm กับข้อมูลของตลาดหลักทรัพย์ของธนาคารกรุงเทพ พบว่า การหาจุดศูนย์กลางโดยวิธีของ Genetic Algorithm ให้ผลลัพธ์ของความผิดพลาด น้อยกว่าผลลัพธ์ความผิดพลาดโดยวิธีของ K-mean Algorithm แสดงให้เห็นว่า วิธีการจัดกลุ่มเพื่อหาจุดศูนย์กลาง โดยวิธีการของ Genetic Algorithm ประสิทธิภาพดีกว่า วิธีการจัดกลุ่มเพื่อหาจุดศูนย์กลางโดยวิธีของ K-Mean Algorithm

#### 5.2 ข้อเสนอแนะ

การพัฒนาโครงข่ายประสาทเทียมแบบ RBF เพื่อใช้งานกับชุดข้อมูลจริงควรมีการเลือกพารามิเตอร์อื่นๆ ของชุดข้อมูลนั้น เช่น ราคาเปิดตลาด ราคาสูงสุด ราคาต่ำสุด เป็นต้น การศึกษาต่อไปต้องทดลองกับข้อมูลหลายประเภทเพื่อจะต้องปรับค่าของพารามิเตอร์และสามารถใช้งานได้จริง

## บรรณานุกรม

สรชัย พิศาลบุตร รองศาสตราจารย์ และคณะ, สถิติธุรกิจและการวิเคราะห์เชิงปริมาณ

ฮาลเวอร์สัน, ไมเคิล.2542. **Microsoft Visual Basic Professional 6.0 Step by Step.**

กรุงเทพมหานคร: ซีเอ็ดยูเคชั่น

Chris Chatfield **Time Series Forecasting with Neural Network**

Jiawei Han and Micheline Kamber, Simon Fraser University. **Data Mining: Concepts and**

**Techniques** Morgan Kaufmann Publisher.

Lawrence L.Lapin **Statistic for Modern Business Decisions** California State University, San

Jose New York 1973 by Harcourt Brace Jovanovich.Inc.

Leorey Marquez, Tim Hill, Marcus O'Connor, William Remus **Neural Network Models for**

**Forecast: A Review**

Peter Cabena, Pablo Hadjinia, Rolf Stadler, Jaap Verhees, Alessandro Zanasi **Discovering Data**

**Mining: From Concept to Implementation**, Prentice Hall, 1997

Xiang-bin yan, Zhen wang, Shu-Hua yu, Yi-Jun Li **Time Series Forecasting with RBF Neural**

**Network**, Proceeding of the Fourth International Conference on Machine Learning and

Cybernetics, Guangzhou, 18-21 August 2005

## ประวัติผู้เขียน

ชื่อผู้เขียน	นางสาวสรินนา ระนาดวิทยากุล
สถานที่เกิด	จังหวัดชุมพร
การศึกษา	ระดับปริญญาตรี วทบ. (วิทยาศาสตร์บัณฑิต) สาขาวิทยาการคอมพิวเตอร์ มหาวิทยาลัยรามคำแหง
ประสบการณ์การทำงาน	โปรแกรมเมอร์ บริษัทพีแอนด์ไอกลอบบอล เทคโนโลยี กรุงเทพมหานครฯ



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้