

ห้องสมุดคณะเทคโนโลยีสารสนเทศ พระจอมเกล้าลาดกระบัง

การปรับปรุงประสิทธิภาพการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมโดยอัลกอริทึม

การค้นหาแบบฮาร์โมนีเพื่อการค้นหาค่าที่ดีที่สุด

IMPROVING THE PERFORMANCE OF THE GENETIC
ALGORITHM BY HARMONY SEARCH ALGORITHM

โดย

วชิรพันธ์ บุญประสพ

WACHIRAPAN BOONPRASOP

อาจารย์ที่ปรึกษา

รศ.ดร. อาริต ธรรมโน

ภพ.
ว1517
2553

ร.1

เลขหมู่.....
ลงทะเบียน..... 6753
ในเดือน,ปี 11 ต.ค. 2555



b.1244591x
i.....

รายงานนี้เป็นส่วนหนึ่งของวิชาการศึกษาระดับ 2

หลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาเทคโนโลยีสารสนเทศ

คณะเทคโนโลยีสารสนเทศ

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

ภาคเรียนที่ 2 ปีการศึกษา 2553

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

**IMPROVING THE PERFORMANCE OF THE GENETIC
ALGORITHM BY HARMONY SEARCH ALGORITHM**



**A REPORT SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT OF THE
REQUIREMENTS OF THE COURSE
INDEPENDENT STUDY 2
MASTER OF SCIENCE PROGRAM IN INFORMATION TECHNOLOGY
FACULTY OF INFORMATION TECHNOLOGY
KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG**

2/ 2010

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



COPYRIGHT 2011

FACULTY OF INFORMATION TECHNOLOGY

KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ใบรับรองการศึกษาอิสระ 2 (Independent Study 2)

เรื่อง

การปรับปรุงประสิทธิภาพการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมโดยอัลกอริทึม
การค้นหาแบบฮาร์โมนีเพื่อการค้นหาค่าที่ดีที่สุด

Improving the performance of the Genetic Algorithm by
Harmony Search Algorithm

นายวชิรพันธ์ บุญประสพ
รหัสประจำตัว 52660508

ขอรับรองว่ารายงานฉบับนี้ ข้าพเจ้าไม่ได้คัดลอกมาจากที่ใด
รายงานฉบับนี้ได้รับการตรวจสอบและอนุมัติให้เป็นส่วนหนึ่งของ
การศึกษาวิชาการศึกษาอิสระ 2 หลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เทคโนโลยีสารสนเทศ)
ภาคเรียนที่ 2 ปีการศึกษา 2553

.....อาจารย์ที่ปรึกษา
(รศ.ดร. อาริต ธรรมโน)

.....กรรมการสอบ
(ผศ.ดร.พรฤดี เนติโสภาคกุล)

.....กรรมการสอบ
(ผศ.ดร.ภัทรชัย พลิตโรจน์วงศ์)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หัวข้อ	การปรับปรุงประสิทธิภาพการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมโดยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีเพื่อการค้นหาค่าที่ดีที่สุด
นักศึกษา	นายวชิรพันธ์ บุญประสพ
รหัสนักศึกษา	52660508
ปริญญา	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชา	เทคโนโลยีสารสนเทศ
แขนงวิชา	เทคโนโลยีระบบสารสนเทศ
ปีการศึกษา	2553
อาจารย์ที่ปรึกษา	รศ.ดร.อาริต ธรรมโน

บทคัดย่อ

เจเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm) เป็นกระบวนการที่เลียนแบบกระบวนการทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตในธรรมชาติ โดยอาศัยวิวัฒนาการและการอยู่รอดของสิ่งมีชีวิต ซึ่งเป็นวิธีการแก้ปัญหาแบบหนึ่งซึ่งช่วยให้ได้มาซึ่งคำตอบที่ดีที่สุด โครงการนี้ได้ทำการศึกษาหลักการของเจเนติกอัลกอริทึม และทำการปรับปรุงประสิทธิภาพการทำงานด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี และพัฒนาโปรแกรมเพื่อใช้ในการทดสอบประสิทธิภาพการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมก่อนและหลังปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี โดยใช้สมการจากฟังก์ชันไม่เชิงเส้น (Nonlinear function) เป็นปัญหาที่ต้องการหาคำตอบ และกำหนดเป้าหมายเพื่อหาคำตอบที่เป็นค่าที่ดีที่สุดของสมการ

Title	Improving the performance of the Genetic Algorithm by Harmony Search Algorithm
Student	Mr. Wachirapan Boonprasop
Student ID.	52660508
Degree	Master of Science
Program	Information Technology
Major	Information System Technology
Academic Year	2010
Advisor	Assoc.Prof.Dr.Arit Thammano

ABSTRACT

Genetic algorithm is a process that mimics the genetic process of living organisms in nature. This heuristic is routinely used to generate useful solution to optimization. Genetic algorithms generate solutions to optimization problem using techniques inspired by natural evolution, such as inheritance, mutation, selection and crossover.

This project has studied the principles of genetic algorithm. And improve performance with harmony search algorithm that will search solution around the genetic algorithm's solution in each iteration. And developed application for test the genetic algorithm's performance before and after improve by harmony search algorithm. The equation of nonlinear functions is a problem and objective to find the global minima.

กิตติกรรมประกาศ

ขอกราบขอบพระคุณ รศ.ดร.อาริต ชรรมนโน อาจารย์ที่ปรึกษาโครงการ ที่ให้ความกรุณาให้ความรู้ ให้คำปรึกษาคำแนะนำต่างๆ และให้โอกาสในการพัฒนาโครงการนี้ จนโครงการนี้สามารถสำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี และขอขอบคุณพี่ๆเพื่อนๆทุกท่านที่กรุณาสละเวลาให้คำปรึกษา และคำแนะนำที่มีประโยชน์ต่อการพัฒนาโครงการ

สุดท้ายนี้ขอขอบคุณกำลังใจจากครอบครัว ผู้จัดทำวัสดุศึกษาซึ่งในความกรุณาของท่านเป็นอย่างยิ่ง และขอกราบขอบพระคุณไว้ ณ โอกาสนี้ด้วย

นายวชิรพันธ์ บุญประสพ



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อ.....	I
ABSTRACT.....	II
กิตติกรรมประกาศ.....	III
สารบัญ.....	IV
สารบัญตาราง.....	VIII
สารบัญรูป.....	X
บทที่ 1 บทนำ.....	1
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	1
1.2 ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์ของการศึกษา.....	2
1.3 ขอบเขตของการศึกษาและพัฒนา.....	2
1.4 ขั้นตอนของการศึกษา.....	3
1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ.....	3
บทที่ 2 เจเนติกอัลกอริธึม การหาค่าที่ดีที่สุดและอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮิวริสติก.....	5
2.1 ความหมายและหลักการของเจเนติกอัลกอริธึม.....	5
2.1.1 การเข้ารหัสโครโมโซม.....	6
2.1.2 การสร้างกลุ่มประชากรตั้งต้น.....	6
2.1.3 ฟังก์ชันหาค่าเหมาะสม.....	6
2.1.4 ตัวดำเนินการเจเนติก.....	7
2.1.5 การกำหนดค่าตัวแปร.....	7
2.2 เจเนติกอัลกอริธึม (Simple Genetic Algorithm).....	9
2.2.1 ฟังก์ชันหาค่าเหมาะสมและตัวแปรตั้งต้น.....	10

สารบัญ(ต่อ)

	หน้า
2.2.2 การเข้ารหัสและขอบเขต	10
2.2.3 การกำหนดประชากรตั้งต้น	10
2.2.4 การคัดเลือกประชากร.....	11
2.2.5 การคัดเลือกโครโมโซมพ่อและแม่.....	12
2.2.6 การครอสโอเวอร์.....	13
2.2.7 การกลายพันธุ์.....	16
2.2.8 ประชากรรุ่นต่อไป (The Next Generation).....	18
2.2.9 การลู่เข้าของคำตอบ (Convergence)	21
2.3 การหาค่าที่ดีที่สุด (Optimization).....	21
2.3.1 ประเภทของการหาค่าที่ดีที่สุด	22
2.3.2 หลักการพื้นฐานของการหาค่าที่ดีที่สุด	24
2.3.3 องค์ประกอบของการหาค่าที่ดีที่สุด	25
2.3.4 ปัญหาการหาค่าที่ดีที่สุดที่มีหลายวัตถุประสงค์.....	26
2.4 อัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี (Harmony search algorithm).....	28
2.4.1 การกำหนดปัญหาและค่าพารามิเตอร์.....	30
2.4.2 การกำหนดค่าตัวแปรเพื่อเก็บไว้ใน HM.....	31
2.4.3 การสร้างฮาร์โมนีใหม่หรือการ Improvisation	33
2.4.4 การปรับปรุงฮาร์โมนีใน HM	34
2.4.5 การตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน.....	35
2.5 การค้นหาแบบเมตาฮิวริสติก (Metaheuristics).....	35
บทที่ 3 วิธีการดำเนินการศึกษา.....	40
3.1 การทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมเพื่อการหาค่าที่ดีที่สุดของฟังก์ชันไม่เชิงเส้น.....	40
3.1.1 การกำหนดฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function) และค่าพารามิเตอร์	40

สารบัญ(ต่อ)

หน้า

3.1.2	การกำหนดรูปแบบของโครโมโซม	41
3.1.3	การสร้างประชากรเริ่มต้น	41
3.1.4	การคัดเลือกโครโมโซมพ่อและแม่.....	42
3.1.5	การครอสโอเวอร์.....	44
3.1.6	การกลายพันธุ์.....	46
3.1.7	การคัดเลือกประชากรรุ่นถัดไป.....	47
3.1.8	เงื่อนไขการหยุดทำงาน	48
3.2	อัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี.....	48
3.2.1	การกำหนดฟังก์ชันจุดประสงค์และค่าพารามิเตอร์	48
3.2.2	การสุ่มค่าให้กับตัวแปรเริ่มต้นใน HM	48
3.2.3	การสร้างฮาร์โมนี	48
3.2.4	การปรับปรุง HM.....	52
3.2.5	การตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน.....	53
3.3	การปรับปรุงประสิทธิภาพของเจเนติกอัลกอริทึมด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี ...	53
3.3.1	การกำหนดฟังก์ชันจุดประสงค์และค่าพารามิเตอร์ตั้งต้น	54
3.3.2	การกำหนดรูปแบบโครโมโซม	54
3.3.3	สร้างกลุ่มประชากรเริ่มต้น	54
3.3.4	การคัดเลือกโครโมโซมพ่อและแม่.....	55
3.3.5	การครอสโอเวอร์.....	56
3.3.6	การกลายพันธุ์.....	60
3.3.7	การตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน.....	62
3.3.8	การกำหนดค่าเริ่มต้นให้กับฮาร์โมนีใน HM.....	62
3.3.9	การสร้างฮาร์โมนี	63
3.3.10	การปรับปรุง HM.....	63
3.3.11	ตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน.....	64

สารบัญ(ต่อ)

	หน้า
บทที่ 4 ผลการทดลอง	65
4.1 เครื่องมือที่ใช้ในการพัฒนาโปรแกรม	65
4.1.1 ฮาร์ดแวร์	65
4.1.2 ซอฟต์แวร์	65
4.2 โปรแกรม และรายละเอียดการใช้งาน	65
4.3 ฟังก์ชัน ไม่เชิงเส้น	67
4.4 ผลการทดลองการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมก่อนและหลังการปรับปรุงด้วยอัลกอริทึม การค้นหาแบบ ฮาร์โมนี	70
4.4.1 ผลการทำงานกับฟังก์ชัน Sphere	71
4.4.2 ผลการทำงานกับฟังก์ชัน Rastrigin	72
4.4.3 ผลการทำงานกับฟังก์ชัน Griewank	73
4.4.4 ผลการทำงานกับฟังก์ชัน Schwefel	74
4.4.5 ผลการทำงานกับฟังก์ชัน Ackley	75
4.4.6 ผลการทำงานกับฟังก์ชัน Rosenbrock	76
4.6 วิเคราะห์ผลการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบ ฮาร์โมนี	78
บทที่ 5 สรุปผลและข้อเสนอแนะ	82
5.1 สรุปผลการดำเนินงาน	82
5.2 สรุปผลการทดลอง	82
5.3 ข้อเสนอแนะ	84
บรรณานุกรม	85
ภาคผนวก	87

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2.1	ตัวอย่างของการเข้ารหัสยีนของโครโมโซมแบบเลขฐานสอง.....6
2.2	ตัวอย่างของการเข้ารหัสยีนของโครโมโซมแบบแทนค่าโดยตรง.....6
2.3	ตัวอย่างประชากรที่ได้จากการสุ่ม และค่าความเหมาะสม11
2.4	ตัวอย่างการถ่วงน้ำหนักตามลำดับ.....12
2.5	การคัดเลือกโครโมโซมพ่อและแม่โดยการถ่วงน้ำหนักตามลำดับ13
2.6	ค่าความเหมาะสมของประชากรหลังจากครอสโอเวอร์และกลายพันธุ์17
2.7	ตัวอย่างประชากรเริ่มต้นในรุ่นที่ 2.....18
2.8	ตัวอย่างประชากรหลังจากการครอสโอเวอร์และกลายพันธุ์ในรุ่นที่ 219
2.9	ตัวอย่างประชากรตั้งต้นในรุ่นที่ 3.....19
2.10	ตัวอย่างประชากรในรุ่นที่ 3 เรียงลำดับจาก cost ฟังก์ชันต่ำสุดไปหาสูงสุด19
2.11	ตัวอย่างการกำหนดค่าเริ่มต้นให้กับฮาร์โมนีใน HM31
2.12	ตัวอย่างฮาร์โมนีใน HM และฮาร์โมนีที่สร้างใหม่.....34
2.13	ตัวอย่างฮาร์โมนีใน HM หลังจากตัดฮาร์โมนีตัวแย่ที่สุดออกไป.....34
2.14	ตัวอย่างฮาร์โมนีใน HM หลังจากรอบที่ 2.....34
2.15	ตัวอย่างฮาร์โมนีใน HM หลังจากรอบที่ 3.....35
2.16	ตัวอย่างฮาร์โมนีใน HM ในรอบสุดท้าย.....35
3.1	ตัวอย่างการกำหนดประชากรเริ่มต้น.....42
3.2	ค่าโครโมโซมหลังจากจัดเรียงลำดับตามความเหมาะสม43
3.3	ตัวอย่างช่วงของความน่าจะเป็นในการถูกเลือกของโครโมโซม44
3.4	ตัวอย่างลักษณะของโครโมโซมในรุ่นถัดไป47
3.5	ตัวอย่างค่าของตัวแปรของฮาร์โมนี51
3.6	ตัวอย่างฮาร์โมนีใหม่.....52
3.7	ตัวอย่างฮาร์โมนีใหม่และฮาร์โมนีตัวแย่ที่สุดในความจำฮาร์โมนี52
3.8	ตัวอย่างฮาร์โมนีหลังจากการปรับปรุง52
3.9	ตัวอย่างการกำหนดประชากรเริ่มต้น.....54

สารบัญตาราง(ต่อ)

ตารางที่	หน้า
3.10 ตัวอย่างการเรียงลำดับโครโมโซมตามค่าความเหมาะสม.....	55
3.11 ตัวอย่างช่วงของความน่าจะเป็นในการถูกเลือกของโครโมโซม	58
3.12 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากการครอสโอเวอร์.....	58
3.13 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากการกลายพันธุ์.....	60
3.14 ตัวอย่างฮาร์โมนีใน HM	62
3.15 ตัวอย่างฮาร์โมนีหลังจากการปรับค่าตัวแปร	63
4.1 ผลของการทำงานของโปรแกรมกับฟังก์ชัน Sphere.....	71
4.2 ผลของการทำงานของโปรแกรมกับฟังก์ชัน RASTRIGIN.....	72
4.3 ผลของการทำงานของโปรแกรมกับฟังก์ชัน GRIEWANK	73
4.4 ผลของการทำงานของโปรแกรมกับฟังก์ชัน SCHWEFEL	74
4.5 ผลของการทำงานของโปรแกรมกับฟังก์ชัน ACKLEY	75
4.6 ผลของการทำงานของโปรแกรมกับฟังก์ชัน ROSENBROCK	77
4.7 เปรียบเทียบค่าที่ได้เฉลี่ยและเวลาเฉลี่ยที่ใช้ระหว่างเจเนติกอัลกอริทึมก่อนและหลังการปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี.....	78
4.8 ตัวอย่างโครโมโซมเริ่มต้น	79
4.9 ตัวอย่างโครโมโซมในแต่ละรอบการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมก่อนและหลังการปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี.....	81
5.1 เปรียบเทียบค่าที่ได้จากการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมก่อนและหลังการปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี.....	83
5.2 เปรียบเทียบเวลาที่ใช้ในการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมก่อนและหลังการปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี.....	83

สารบัญรูป

รูปที่	หน้า
2.1	ขั้นตอนการดำเนินงานของเจเนติกอัลกอริธึม8
2.2	กระบวนการทำงานของเจเนติกอัลกอริธึมแบบพื้นฐาน9
2.3	กราฟการกระจายตัวของประชากรตั้งต้น11
2.4	กราฟการกระจายตัวของโครโมโซมหลังจากผ่านรุ่นแรก18
2.5	กราฟแสดงค่าความเหมาะสมกับจำนวนประชากรหลังจากผ่านรุ่นที่ 220
2.6	กราฟแสดงค่าความเหมาะสมกับประชากรหลังจากผ่านรุ่นที่ 320
2.7	กราฟแสดงค่าเหมาะสมเฉลี่ยในแต่ละรุ่น21
2.8	ไดอะแกรมฟังก์ชันแสดงกระบวนการหาค่าดีที่สุด22
2.9	การแบ่งประเภทการหาค่าดีที่สุด22
2.10	กราฟแสดงค่าต่ำสุดจากสมการ 2.2024
2.11	กราฟแบบ CONTOUR แสดงจุดต่ำสุดจากสมการ 2.2024
3.1	ขั้นตอนการทำงานของเจเนติกอัลกอริธึม 41
3.2	ตำแหน่งที่ทำการครอสโอเวอร์45
3.3	ตัวอย่างการครอสโอเวอร์ที่ตำแหน่ง 1 และ 245
3.4	ค่าของโครโมโซมที่เปลี่ยนไปหลังจากครอสโอเวอร์46
3.5	ตัวอย่างค่าของโครโมโซมหลังจากผ่านการกลายพันธุ์46
3.6	ขั้นตอนการทำงานของอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี50
3.7	ขั้นตอนการทำงานของเจเนติกอัลกอริธึมที่ถูกปรับปรุงโดยอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี57
4.1	หน้าจอหลักของโปรแกรม66
4.2	กราฟ 2 มิติฟังก์ชัน Sphere68
4.3	กราฟ 2 มิติฟังก์ชัน Rastrigin68
4.4	กราฟ 2 มิติฟังก์ชัน Greiwank69
4.5	กราฟ 2 มิติฟังก์ชัน Schwefel69
4.6	กราฟ 2 มิติฟังก์ชัน Ackley70

สารบัญรูป(ต่อ)

รูปที่	หน้า
4.7 กราฟ 2 มิติฟังก์ชัน Rosenbrock	70
4.8 หน้าจอแสดงผลการทำงานกับฟังก์ชัน Sphere	72
4.9 หน้าจอแสดงผลการทำงานกับฟังก์ชัน Rastrigin	73
4.10 หน้าจอแสดงผลการทำงานกับฟังก์ชัน Griewank	74
4.11 หน้าจอแสดงผลการทำงานกับฟังก์ชัน Schwefel	75
4.12 หน้าจอแสดงผลการทำงานกับฟังก์ชัน Ackley.....	76
4.13 หน้าจอแสดงผลการทำงานกับฟังก์ชัน Rosenbrock	77
4.14 เปรียบเทียบผลการทำงานระหว่างเจเนติกอัลกอริธึมและเจเนติกอัลกอริธึมที่ผ่านการ ปรับปรุงด้วยอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี.....	82

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

ปัจจุบันเจเนติกอัลกอริทึมได้รับความนิยมในการจัดการกับปัญหาต่าง ๆ ทั้งทางด้านคณิตศาสตร์ หรือวิศวกรรมศาสตร์ ซึ่งโดยทั่วไปปัญหาเหล่านี้มักอยู่ในรูปแบบสมการของฟังก์ชันไม่เชิงเส้น (Nonlinear function) ที่มีความซับซ้อนและขอบเขตของคำตอบที่กว้าง ซึ่งการค้นหาแบบเกาฬลัพท์จากการคำนวณอาจไม่ใช่ค่าที่ดีที่สุด ด้วยคุณสมบัติของเจเนติกอัลกอริทึมที่มีความสามารถในการหาค่าที่ดีที่สุด ในขอบเขตของคำตอบที่กว้าง โครงการนี้จึงได้ทำการศึกษาหลักการของเจเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm) และปรับปรุงการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี (Harmony Search Algorithm) เพื่อช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการทำงาน และพัฒนาโปรแกรมเพื่อใช้ในการทดลองเพื่อหาค่าที่ดีที่สุดตามหลักการของเจเนติกอัลกอริทึม โดยใช้สมการของฟังก์ชันไม่เชิงเส้นเป็นปัญหาหรือฟังก์ชันจุดประสงค์สำหรับการหาค่าที่ดีที่สุด

เจเนติกอัลกอริทึมเป็นกระบวนการที่เลียนแบบมาจากกระบวนการทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต โดยการอาศัยวิวัฒนาการและการอยู่รอดของสิ่งมีชีวิต ซึ่งเป็นวิธีการแก้ปัญหาแบบหนึ่งที่ได้มาซึ่งคำตอบที่มีความเหมาะสมกับปัญหา ส่วนอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีเป็นกระบวนการที่เลียนแบบมาจากการสร้างสรรค์เสียงดนตรีของนักดนตรีเพื่อที่จะทำให้เสียงดนตรี (Harmony) มีความไพเราะมากขึ้น ซึ่งเสียงดนตรีนี้เป็นความสัมพันธ์ระหว่างคลื่นเสียงของเสียงดนตรีหลายชนิดที่มีความถี่ต่างกัน โดยประสิทธิภาพของเสียงดนตรีขึ้นอยู่กับการสรรหาเสียงประสานของเครื่องดนตรีแต่ละชนิดที่ให้เสียงดีที่สุด

ปัจจุบันอัลกอริทึมที่ใช้สำหรับการหาค่าที่ดีที่สุดมีอยู่หลากหลาย แต่ด้วยคุณสมบัติของอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีที่มีขั้นตอนในการทำงานที่น้อยกว่า ซึ่งส่งผลให้สามารถทำงานได้เร็วกว่า และสามารถค้นหาค่าที่ดีที่สุดในพื้นที่เฉพาะได้ดี จึงได้ทำการเลือกอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีมาใช้ในการทำงานร่วมกับเจเนติกอัลกอริทึม ซึ่งอัลกอริทึมทั้งสองแบบยังได้ถูกนำไปประยุกต์ใช้งานอย่างกว้างขวางในด้านปัญญาประดิษฐ์ เช่น การออกแบบผลิตภัณฑ์ การออกแบบเครือข่ายระบบปัญญาประดิษฐ์ การแก้ปัญหาเกมซูโดกุ การวางแผนโครงการ การวางแผนด้านการขนส่ง เป็นต้น

1.2 ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์ของการศึกษา

สำหรับวัตถุประสงค์ของโครงการมีดังต่อไปนี้

1. เพื่อให้เข้าใจหลักการและการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมแบบพื้นฐาน
2. เพื่อพัฒนาโปรแกรมตามหลักการของเจเนติกอัลกอริทึมแบบพื้นฐาน
3. เพื่อให้เข้าใจหลักการและการทำงานของอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี
4. เพื่อเพิ่มความสามารถในการค้นหาค่าที่ดีที่สุดสำหรับพื้นที่เฉพาะในแต่ละรอบการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึม โดยการใช้อัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีในการค้นหาคำตอบที่ได้รับจากเจเนติกอัลกอริทึม
5. เพื่อพัฒนาโปรแกรมตามหลักการของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี
6. เพื่อเปรียบเทียบผลการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมก่อนและหลังการปรับปรุงประสิทธิภาพการทำงานด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี โดยทำการทดลองหาค่าที่ดีที่สุดจากสมการของฟังก์ชัน ไม่เชิงเส้น

1.3 ขอบเขตของการศึกษาและพัฒนา

ขอบเขตการทำงานเป็นการศึกษาการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึม และปรับปรุงประสิทธิภาพการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี โดยใช้สมการของฟังก์ชันไม่เชิงเส้นเป็นฟังก์ชันจุดประสงค์ เพื่อใช้วัดประสิทธิภาพการทำงาน โดยแบ่งการทำงานออกเป็น 2 ส่วนคือ

1. วิชาการศึกษาอิสระ 1

1. ศึกษาหลักการของเจเนติกอัลกอริทึมแบบพื้นฐาน
2. ผู้ใช้งานโปรแกรมสามารถปรับเปลี่ยนพารามิเตอร์ได้แก่ จำนวนประชากร , ค่าสูงสุดของคำตอบ , ค่าต่ำสุดของคำตอบ , อัตราการครอสโอเวอร์ , อัตราการกลายพันธุ์ , จำนวนตัวแปร , จำนวนตำแหน่งการครอสโอเวอร์ , จำนวนรอบการทำงาน และเปอร์เซ็นต์ความเหมือนกันของโครโมโซมได้ เพื่อใช้เป็นค่าตั้งต้นสำหรับการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึม
3. ผู้ใช้สามารถเลือกฟังก์ชันค่าเหมาะสมได้ 6 ฟังก์ชันคือ ฟังก์ชัน Rastrigin , ฟังก์ชัน Sphere , ฟังก์ชัน Greiwank , ฟังก์ชัน Schewel , ฟังก์ชัน Ackley และฟังก์ชัน Rosenbrock

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2. วิชาการศึกษาระดับ 2

1. ศึกษาหลักการของอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี
2. การปรับปรุงการทำงานของเจเนติกอัลกอริธึมใช้อัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี
3. ผู้ใช้งานโปรแกรมสามารถเลือกการทำงานแบบเจเนติกอัลกอริธึมหรือเจเนติกอัลกอริธึมที่ถูกรับปรุงด้วยอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี
4. การเปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำงานของเจเนติกแบบพื้นฐาน และเจเนติกอัลกอริธึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี เป็นการเปรียบเทียบผลของการหาค่าที่ดีที่สุดจากฟังก์ชัน Rastrigin , ฟังก์ชัน Sphere , ฟังก์ชัน Griewank , ฟังก์ชัน Schewel , ฟังก์ชัน Ackley และฟังก์ชัน Rosenbrock โดยเปรียบเทียบในเชิงเวลา และจำนวนรอบในการทำงาน

1.4 ขั้นตอนของการศึกษา

1. กำหนดหัวข้อ เป้าหมายและวัตถุประสงค์ตลอดจนขอบเขตการทำงานของระบบ
2. ศึกษาทฤษฎี บทความ งานวิจัยและหนังสือที่เกี่ยวข้องกับหลักการของเจเนติกอัลกอริธึม และอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี
3. ศึกษาแนวทางในการนำอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี เพื่อปรับปรุงประสิทธิภาพการทำงานของเจเนติกอัลกอริธึม
4. พัฒนาโปรแกรมตามหลักการของเจเนติกอัลกอริธึมแบบพื้นฐาน และปรับปรุงโดยใช้อัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี เพื่อทำการหาค่าที่ดีที่สุดจากสมการของฟังก์ชันไม่เชิงเส้น
5. ทดสอบการทำงานของ โปรแกรม และเปรียบเทียบผลการทำงานก่อนและหลังทำการปรับปรุงเจเนติกอัลกอริธึมด้วยอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี
6. สรุปผลการศึกษาและการดำเนินการ
7. วิเคราะห์และประเมินผลที่ได้จากการศึกษา

1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. เพื่อเข้าใจหลักการ เทคนิคของเจเนติกอัลกอริธึม และอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

2. เพื่อให้เข้าใจถึงแนวทางและวิธีการในการพัฒนาโปรแกรมตามหลักการของเจเนติกอัลกอริทึม
3. สามารถปรับปรุงการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี และทำให้ประสิทธิภาพในการหาค่าที่ดีที่สุดมีประสิทธิภาพมากขึ้น
4. รู้จักวิธีการวางแผนการศึกษาและพัฒนาโปรแกรม และสามารถจัดการกับปัญหาที่เกิดขึ้นระหว่างการศึกษาและพัฒนาโปรแกรมได้



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 2

เจเนติกอัลกอริธึม การหาค่าที่ดีที่สุด และอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

2.1 ความหมายและหลักการของเจเนติกอัลกอริธึม

เจเนติกอัลกอริธึมเป็นขั้นตอนเพื่อใช้ในการหาคำตอบโดยประมาณของปัญหา โดยอาศัยหลักการของการวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต ได้แก่ การคัดเลือก (Selection) การครอสโอเวอร์ (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation) โดยการคัดเลือกสายพันธุ์ที่ดีที่สุดเป็นต้นแบบในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมแก่สายพันธุ์รุ่นต่อไป เพื่อให้ได้สายพันธุ์ที่ดีขึ้นและสามารถอยู่รอดได้

สำหรับการจำลองเจเนติกอัลกอริธึมทางคอมพิวเตอร์ เป็นกระบวนการเพื่อให้ได้คำตอบที่ดีที่สุด (Optimal solution) โดยจะทำการแทนคำตอบให้อยู่ในลักษณะโครโมโซม (Chromosomes) ด้วยการเข้ารหัสให้อยู่ในรูปของเลขฐานสอง (Binary encoding) หรือค่าโดยตรง แล้วทำการหาค่าเหมาะสม (Fitness value) ซึ่งก็คือปัญหาที่ต้องการหาคำตอบ แล้วผ่านเข้าสู่ตัวดำเนินการเจเนติก (Genetic operator) ได้แก่ การคัดเลือก การครอสโอเวอร์ การกลายพันธุ์ จนทำให้ได้คำตอบที่มีค่าความเหมาะสมมากขึ้น กระบวนการเหล่านี้จะซ้ำไปเรื่อยๆ จนกระทั่งพบคำตอบที่มีค่าเหมาะสมตามต้องการหรือจำนวนรอบที่ตั้งไว้

โดยที่กระบวนการหลักๆ ของเจเนติกอัลกอริธึมประกอบด้วย

1. การเข้ารหัสโครโมโซม (Chromosome encoding)
2. การสร้างกลุ่มประชากรตั้งต้น (Initial population)
3. ฟังก์ชันเพื่อใช้หาค่าเหมาะสม (Fitness function)
4. ตัวดำเนินการเจเนติก ได้แก่
 - การคัดเลือก
 - การครอสโอเวอร์
 - การกลายพันธุ์

5. การกำหนดค่าตัวแปร

ซึ่งสามารถชี้แจงรายละเอียดได้ดังนี้

2.1.1 การเข้ารหัสโครโมโซม

เป็นขั้นตอนการเข้ารหัสตัวแปรสำหรับการแก้ปัญหาให้อยู่ในรูปแบบของโครโมโซม สำหรับวิธีการเข้ารหัสตัวแปรที่เป็นไปได้ให้อยู่ในรูปแบบของโครโมโซมนั้น สามารถทำได้หลายวิธีด้วยกันอย่างเช่น

1. การเข้ารหัสเลขฐานสอง (Binary Encoding)

เป็นรูปแบบโครโมโซมเริ่มแรกที่ใช้ในกระบวนการแก้ปัญหาของเจเนติกอัลกอริทึม ลักษณะของการเข้ารหัสเลขฐานสองคือทุกตำแหน่งของยีนบนโครโมโซมจะมีค่าบิต (Bit) เป็น 0 หรือ 1

ตารางที่ 2.1 ตัวอย่างของการเข้ารหัสยีนของโครโมโซมแบบเลขฐานสอง

Chromosome A	101100101100101011100101
Chromosome B	111111100000110000011111

2. การเข้ารหัสโดยใช้ค่าโดยตรง (Value Encoding)

เป็นการแทนค่าตำแหน่งของยีนของโครโมโซมที่สามารถเชื่อมโยงไปยังปัญหาได้ เช่น ตัวอักษร จำนวนจริง คำสั่ง เป็นต้น

ตารางที่ 2.2 ตัวอย่างของการเข้ารหัสยีนของโครโมโซมแบบแทนค่าโดยตรง

Chromosome A	1.2324 5.3243 0.4556 2.3293 2.4545
Chromosome B	ABDJEIFJDHDIERJFDLDFLFEGTYTGABA
Chromosome C	(back), (back), (right), (forward), (left)

2.1.2 การสร้างกลุ่มประชากรตั้งต้น

เป็นการสร้างประชากรต้นแบบ โดยการสุ่มค่าในช่วงที่กำหนดให้กับยีนของโครโมโซมตามจำนวนของประชากรที่ได้กำหนดไว้ ขั้นตอนนี้เป็นขั้นตอนแรก ก่อนที่จะเข้าสู่การดำเนินการทางเจเนติก

2.1.3 ฟังก์ชันหาค่าเหมาะสม

เป็นฟังก์ชันสำหรับหาค่าความเหมาะสมของคำตอบของที่เป็นไปได้ของปัญหา โดยโครโมโซมแต่ละตัวจะมีค่าความเหมาะสมของตัวเองเพื่อใช้ในการพิจารณาความเหมาะสมสำหรับการสืบทอดทางพันธุกรรมสำหรับสร้างโครโมโซมรุ่นใหม่ โดยวิธีการหาค่าความเหมาะสมนั้นจะเลือกใช้

สมการที่สอดคล้องกับแต่ละปัญหา

2.1.4 ตัวดำเนินการเจเนติก

เป็นขั้นตอนของเจเนติกอัลกอริทึม เพื่อให้เกิดวิวัฒนาการที่ดีขึ้นซึ่งได้แก่ การสืบทอด, การคัดเลือก, การครอสโอเวอร์ และการกลายพันธุ์

2.1.5 การกำหนดค่าตัวแปร

เป็นการกำหนดค่าตัวแปรที่ส่งผลต่อกระบวนการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมเช่น จำนวนประชากรตั้งต้น, ความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์ (Crossover probability), ความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ (Mutation probability) และจำนวนตำแหน่งการครอสโอเวอร์

1.ความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์

คือความน่าจะเป็นที่เกิดการครอสโอเวอร์ระหว่างโครโมโซม มีค่าระหว่าง 0-100 เปอร์เซ็นต์ โดยทั่วไปความน่าจะเป็นของการเกิดการครอสโอเวอร์อยู่ระหว่าง 60-95 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งก่อนที่จะเข้าสู่ขั้นตอนการครอสโอเวอร์จะทำการสุ่มค่าจริงระหว่าง 0 ถึง 1 เพื่อใช้ในการเปรียบเทียบกับค่าความน่าจะเป็นของการเกิดการครอสโอเวอร์ ถ้าค่าที่สุ่มได้มีค่าน้อยกว่าก็จะทำการครอสโอเวอร์ แต่ถ้ามากกว่าจะเป็นการทำสำเนาโครโมโซมรุ่นพ่อแม่ไปยังรุ่นต่อไป โดยไม่ผ่านการครอสโอเวอร์ ตัวอย่างเช่น ถ้ากำหนดค่าความน่าจะเป็นของการเกิดการครอสโอเวอร์เท่ากับ 85 เปอร์เซ็นต์ แล้วสุ่มได้ค่า 0.5 แสดงว่ายอมให้เกิดการครอสโอเวอร์

2.ความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์

เป็นความน่าจะเป็นของการเกิดการกลายพันธุ์ มีค่าระหว่าง 0-100 เปอร์เซ็นต์ โดยทั่วไปความน่าจะเป็นของการเกิดการกลายพันธุ์ถูกกำหนดไว้ที่ 0-1 เปอร์เซ็นต์ต่อยีน ซึ่งก่อนที่จะเข้าสู่กระบวนการกลายพันธุ์ จะทำการสุ่มค่าจริงระหว่าง 0-1 เพื่อใช้ในการเปรียบเทียบกับค่าความน่าจะเป็นของการเกิดการกลายพันธุ์ ถ้าค่าที่สุ่มได้น้อยกว่าก็จะทำการกลายพันธุ์ ตัวอย่างเช่นถ้ากำหนดความน่าจะเป็นของการเกิดการกลายพันธุ์ไว้ที่ 0.5 เปอร์เซ็นต์ สุ่มค่าจำนวนจริงได้เท่ากับ 0.01 แสดงว่ายีนนี้จะถูกกลายพันธุ์

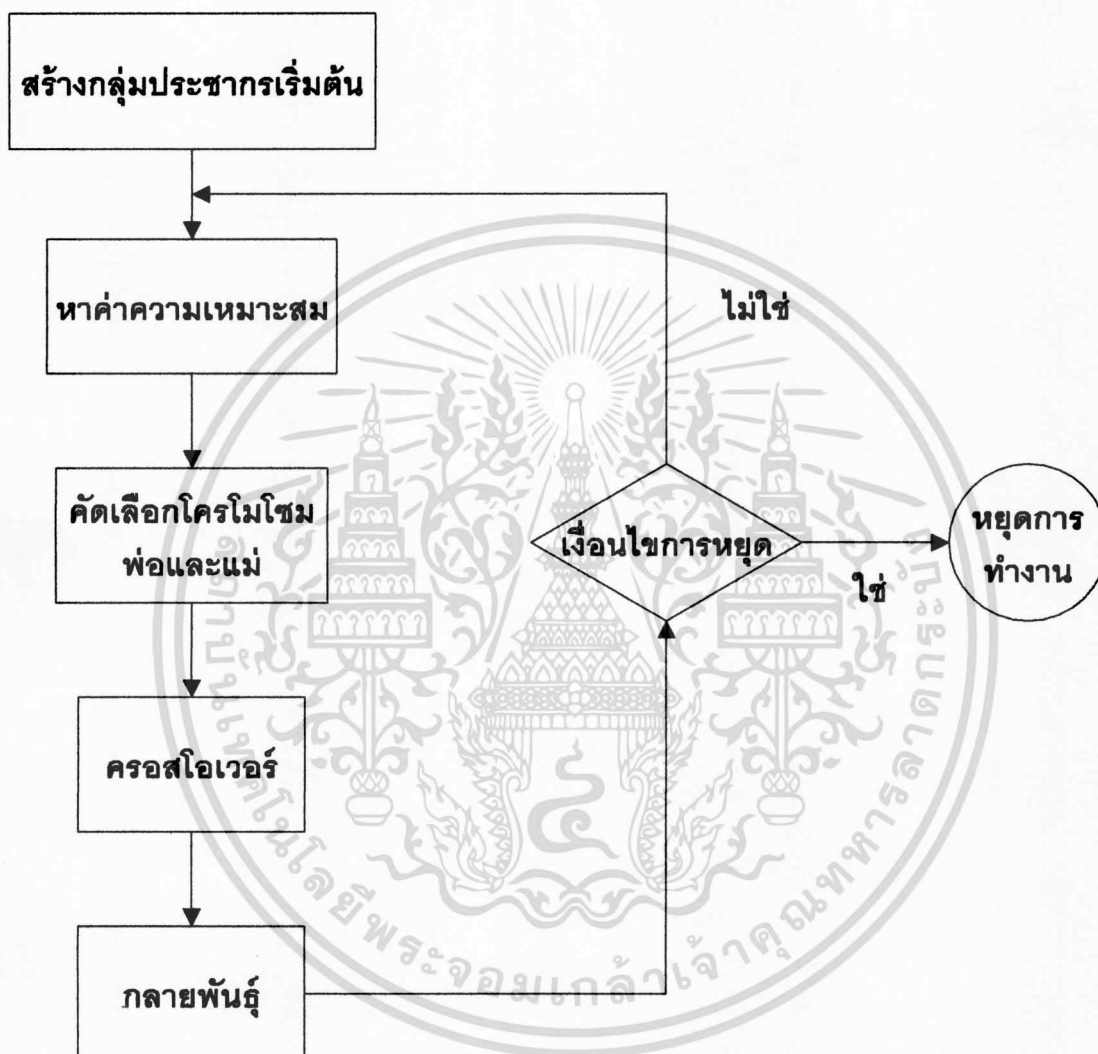
3.จำนวนประชากร (Population size)

คือจำนวนของประชากรในแต่ละรุ่น ซึ่งถ้าหากมีจำนวนมากเกินไปก็จะทำให้เสียเวลาในการประมวลผลมากและทำงานได้ช้าลง หรือถ้าหากมีจำนวนน้อยเกินไป ก็จะทำให้การหาค่าสามารถที่จะเข้าสู่ค่าตอบที่เป็นค่าต่ำสุดทั่วไป (Global minima) ได้ช้าเกินไป

4.เงื่อนไขในการหยุด (Stop condition)

สำหรับเงื่อนไขในการหยุดนั้นสามารถกำหนดได้หลายรูปแบบอย่างเช่น

- ครอบคลุมรอบการทำงานที่ตั้งไว้
- พบเป้าหมายหรือคำตอบที่ต้องการ
- พบว่าคำตอบได้เริ่มลู่เข้าสู่คำตอบที่เป็นคำตอบที่ดีที่สุด เช่น คำตอบที่ได้จากประชากรในแต่ละรุ่นไม่มีการเปลี่ยนแปลงหรือคงที่เป็นจำนวนหนึ่งติดต่อกัน

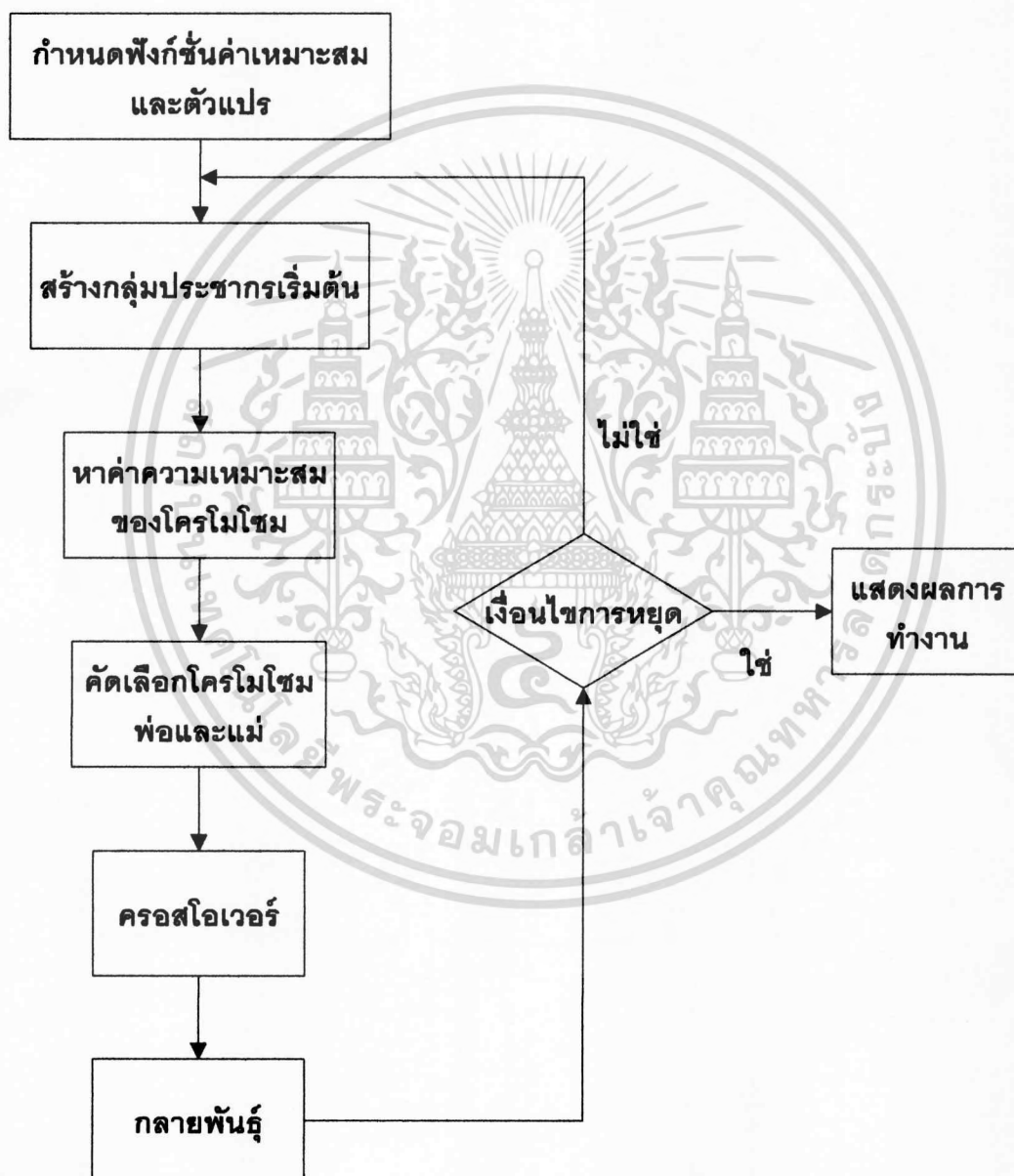


รูปที่ 2.1 ขั้นตอนการดำเนินงานของเจเนติกอัลกอริธึม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.2 เจเนติกอัลกอริทึม (Simple Genetic Algorithm)

เจเนติกอัลกอริทึมแบบพื้นฐาน เป็นหลักการทำงานแบบพื้นฐานของเจเนติกอัลกอริทึม โดยการอาศัยหลักการของการสืบทอด (Inheritances), การคัดเลือก, การครอสโอเวอร์ และการกลายพันธุ์ เพื่อใช้ในการหาคำตอบที่ดีที่สุดสำหรับแต่ละปัญหา เจเนติกอัลกอริทึมแบบพื้นฐานสามารถทำงานกับปัญหาในเชิงจัดการ (Combinatorial problem) ได้ดี ซึ่งอาจใช้เวลาการค้นหานั้น แต่ก็สามารถค้นหาคำตอบที่มีช่วงที่กว้างได้ดี



รูปที่ 2.2 กระบวนการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมแบบพื้นฐาน

2.2.1 ฟังก์ชันหาค่าเหมาะสมและตัวแปรตั้งต้น

เริ่มต้นด้วยการกำหนดจุดประสงค์หรือเป้าหมายของการทำงาน เช่น การกำหนดให้หาค่าต่ำสุดของฟังก์ชันหนึ่งๆ โดยเริ่มต้นจากกำหนดขนาดของโครโมโซม ซึ่งกำหนดให้โครโมโซมมีขนาด Nvar และให้ยีนแต่ละตัวแทนด้วย $p_1, p_2, p_3, \dots, p_{Nvar}$ ดังแสดงได้ตามสมการ 2.1

$$\text{chromosome} = [p_1, p_2, p_3, \dots, p_{Nvar}] \quad (2.1)$$

ในกรณีนี้ค่าของยีนแต่ละยีนถูกแทนด้วยตัวเลขทศนิยม โดยค่าความเหมาะสมของโครโมโซมแต่ละโครโมโซมสามารถหาได้จากฟังก์ชัน f โดยการแทนที่ด้วยตัวแปร $p_1, p_2, p_3, \dots, p_{Nvar}$ จะได้สมการดังนี้

$$\text{cost} = f(\text{chromosome}) = f(p_1, p_2, p_3, \dots, p_{Nvar}) \quad (2.2)$$

เช่น สมมติฟังก์ชันหาค่าเหมาะสมเป็น

$$\begin{aligned} \text{cost} = f(x,y) &= x \sin(4x) + 1.1y \sin(2y) \\ 0 \leq x &\leq 10 \text{ and } 0 \leq y \leq 10 \end{aligned} \quad (2.3)$$

จากสมการ 2.3 ได้ค่า $p_{Nvar} = 2$ โดยยีน $p_1 = x$, ยีน $p_2 = y$ และสมมติจุดประสงค์คือการหาค่าต่ำสุดจากฟังก์ชัน $f(x,y)$

2.2.2 การเข้ารหัสและขอบเขต

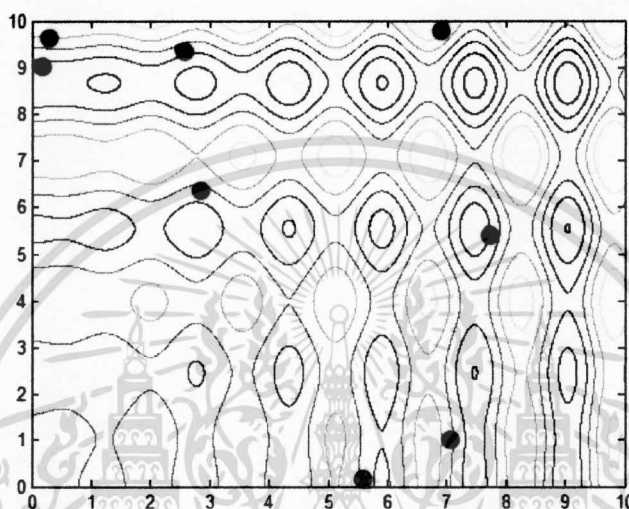
การเข้ารหัสจะใช้การแทนค่าด้วยตัวเลขจำนวนจริง และต้องมีการกำหนดขอบเขตของคำตอบที่เป็นไปได้ของปัญหา ตัวอย่างเช่น สมการที่ 2.3 กำหนดขอบเขตไว้ที่ 0 ถึง 10

2.2.3 การกำหนดประชากรตั้งต้น

ก่อนที่จะเริ่มกระบวนการของเจเนติกอัลกอริทึมจำเป็นต้องกำหนดจำนวนประชากรเริ่มต้นก่อน โดยกำหนดให้เท่ากับ N_{pop} แล้วกำหนดค่าให้กับโครโมโซมโดยการสุ่มค่าจำนวนจริงในช่วงที่กำหนด สมมติกำหนดให้จำนวนประชากรเท่ากับ 8 ดังนั้นสามารถเขียนเป็นตารางเพื่อแสดงค่าแต่ละโครโมโซมได้ดังตารางที่ 2.3

2.2.4 การคัดเลือกประชากร

เป็นการคัดเลือกโครโมโซมเพื่อใช้เป็นประชากรกลุ่มตั้งต้น เพื่อใช้ในการสร้างประชากรรุ่นต่อไป โดยส่วนมากจะทำการจัดลำดับโครโมโซมตามค่าความเหมาะสม และคัดเลือกจำนวนประชากรให้เหลือเท่ากับที่กำหนดไว้ โดยกระบวนการคัดเลือกจะทำในทุกๆ รุ่นของประชากร เพื่อให้เกิดวิวัฒนาการที่ดีขึ้น



รูปที่ 2.3 กราฟการกระจายตัวของประชากรตั้งต้น

ตารางที่ 2.3 ตัวอย่างประชากรที่ได้จากการสุ่ม และค่าความเหมาะสม

x	y	Cost
6.9745	0.8342	3.4766
0.30359	9.6828	5.5408
2.402	9.3359	-2.2528
0.18758	8.9371	-8.0108
2.6974	6.2647	-2.8957
5.613	0.1289	-2.4601
7.7246	5.5655	-9.8884
6.8537	9.8784	13.752

จากตัวอย่าง ได้ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของประชากรคือ -0.3423 และค่าเหมาะสมที่ดีที่สุดคือ -9.8884

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.2.5 การคัดเลือกโครโมโซมพ่อและแม่

เป็นการคัดเลือกโครโมโซม เพื่อเป็นโครโมโซมพ่อและแม่ก่อนที่จะเข้าสู่กระบวนการครอสโอเวอร์ การคัดเลือกมีหลายวิธีเช่น

1. การคัดเลือกจากบนลงล่าง โดยการสลับโครโมโซมพ่อและแม่ เช่น กำหนดให้ $ma = 1, 3, 5, \dots$ และ $fa = 2, 4, 6, \dots$ จนครบตามจำนวนที่ตั้งไว้
2. การคัดเลือกโดยการสุ่ม สามารถเลือกโครโมโซมพ่อและแม่จาก

$$ma = \text{rand}(1, N_{\text{pop}}) \quad (2.4)$$

$$fa = \text{rand}(1, N_{\text{pop}}) \quad (2.5)$$

3. การคัดเลือกโดยการให้น้ำหนักในการสุ่ม โดยการกำหนดค่าความน่าจะเป็นให้กับโครโมโซมตามค่าความน่าจะเป็น ซึ่งโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่สุดมีโอกาสที่จะถูกเลือกเพื่อเป็นโครโมโซมพ่อและแม่มากกว่าโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยกว่า วิธีการนี้อาจเรียกว่าการให้น้ำหนักแบบวงล้อรูเล็ตต์ (Roulette Wheel Weighting) วิธีนี้แยกย่อยเป็น 2 วิธีคือ การถ่วงน้ำหนักตามลำดับ (Rank weighting) และการถ่วงน้ำหนักตามค่าความเหมาะสม (Cost weighting)
 - a. การถ่วงน้ำหนักตามลำดับ สำหรับวิธีการนี้การให้น้ำหนักจะไม่ขึ้นอยู่กับฟังก์ชันค่าความเหมาะสม แต่จะขึ้นอยู่กับลำดับของโครโมโซมหลังจากผ่านการจัดลำดับตามค่าความเหมาะสมแล้ว ตารางที่ 2.5 แสดงผลของการเลือกโครโมโซมตามวิธีนี้
 - b. การถ่วงน้ำหนักตามค่าความเหมาะสม โดยการให้น้ำหนักกับโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่สุดมีโอกาสในการถูกคัดเลือกมากกว่าโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยกว่า
4. การเลือกแบบทัวร์นาเมนต์ (Tournament selection) วิธีการนี้เลียนแบบมาจากการแข่งขันในการเอาตัวรอดเพื่อการผสมพันธุ์ในธรรมชาติ โดยการแบ่งโครโมโซมเป็นกลุ่มย่อย แล้วเลือกโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่สุดในแต่ละกลุ่มเป็นโครโมโซมพ่อและแม่

ตารางที่ 2.4 ตัวอย่างการถ่วงน้ำหนักตามลำดับ

โครโมโซมตัวที่	P_n	$\sum_{i=1}^n P_i$
1	0.4	0.4

ตารางที่ 2.4 (ต่อ)

2	0.3	0.7
3	0.2	0.9
4	0.1	1

ตัวอย่างนี้นำเสนอการคัดเลือกโครโมโซมพ่อและแม่ที่จะครอสโอเวอร์กัน โดยเริ่มตั้งแต่การสุ่มโครโมโซม 4 ตัวและทำการคัดเลือกโดยใช้การถ่วงน้ำหนักตามลำดับ (Rank weighting)

เมื่อทำการสุ่มตัวเลขออกมาจะได้คู่สองคู่ คือ (0.6710, 0.8124) และ (0.7930, 0.3039) ทำให้ได้โครโมโซมพ่อและแม่คือ

$$Ma = [2 \ 3]$$

$$Pa = [3 \ 1]$$

ดังนั้นจึงได้ว่าโครโมโซมตัวที่ 2 และ 3 จะทำการครอสโอเวอร์กัน ต่อมาคือโครโมโซมตัวที่ 3 และ 1

ตารางที่ 2.5 การคัดเลือกโครโมโซมพ่อและแม่โดยการถ่วงน้ำหนักตามลำดับ

โครโมโซมตัวที่		x	y
2	โครโมโซมแม่คู่ที่1	0.18758	8.9371
3	โครโมโซมพ่อคู่ที่1	2.6974	6.2647
5	โครโมโซมลูกตัวที่1	0.2558	6.2647
6	โครโมโซมลูกตัวที่2	2.6292	8.9371
3	โครโมโซมแม่คู่ที่2	2.6974	6.2647
1	โครโมโซมพ่อคู่ที่2	7.7246	5.5655
7	โครโมโซมลูกตัวที่3	6.6676	5.5655
8	โครโมโซมลูกตัวที่4	3.7544	6.2647

2.2.6 การครอสโอเวอร์

วิธีการครอสโอเวอร์ที่ง่ายที่สุดคือการกำหนดจุดในโครโมโซมเพื่อเป็นจุดครอสโอเวอร์ (Crossover point) แล้วทำการครอสโอเวอร์ จากตัวอย่างถ้ากำหนดให้พ่อและแม่มีข้อมูลดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\text{parent1} = [\text{pm1}, \text{pm2}, \text{pm3}, \text{pm4}, \text{pm5}, \dots, \text{pmNvar}] \quad (2.6)$$

$$\text{parent2} = [\text{pd1}, \text{pd2}, \text{pd3}, \text{pd4}, \text{pd5}, \dots, \text{pdNvar}] \quad (2.7)$$

โดยที่ pd คือยีนของโครโมโซมพ่อ pm คือยีนของโครโมโซมแม่และ Nvar คือจำนวนยีนทั้งหมด เมื่อสุ่มจุดเพื่อทำการครอสโอเวอร์ ตัวแปรก็จะเปลี่ยนเป็นดังนี้

$$\text{offspring1} = [\text{pm1}, \text{pm2}, \uparrow \text{pd3}, \text{pd4}, \uparrow \text{pm5}, \text{pm6}, \dots, \text{pmNvar}] \quad (2.8)$$

$$\text{offspring2} = [\text{pd1}, \text{pd2}, \uparrow \text{pm3}, \text{pm4}, \uparrow \text{pd5}, \text{pd6}, \dots, \text{pdNvar}] \quad (2.9)$$

ในกรณีที่เราสุ่มจุดคือการเลือกจุดทุกจุดให้เป็นจุดครอสโอเวอร์ ทำให้ไม่เกิดการครอสโอเวอร์ระหว่างโครโมโซมพ่อและแม่ ดังนั้นเพื่อให้มีประสิทธิภาพจึงทำให้เกิดเทคนิคการครอสโอเวอร์ โดยการเลือกสุ่มเป็นช่วงโดยการครอสโอเวอร์แบบมีรูปแบบ (Uniform crossover)

$$\text{offspring1} = [\text{pm1}, \text{pd2}, \text{pd3}, \text{pd4}, \text{pd5}, \text{pm6}, \dots, \text{pdNvar}] \quad (2.10)$$

$$\text{offspring2} = [\text{pd1}, \text{pm2}, \text{pm3}, \text{pm4}, \text{pm5}, \text{pd6}, \dots, \text{pmNvar}] \quad (2.11)$$

ปัญหาที่เกิดจากการครอสโอเวอร์โดยการกำหนดจุดนี้คือไม่มีข้อมูลใหม่เกิดขึ้น ข้อมูลที่เกิดจากการสุ่มตั้งแต่เริ่มแรกก็จะยังคงอยู่ในแต่ละรุ่น ในตัวอย่างนี้ตัวแปรมีลักษณะแบบมีค่าต่อเนื่องกันไป ทำให้ข้อมูลที่มีโอกาสเกิดขึ้นใหม่จะเกิดขึ้นในขั้นตอนกลายพันธุ์เพียงเท่านั้น

เพื่อแก้ปัญหานี้จึงได้มีการรวมเอาเทคนิคต่างๆเพื่อใช้ด้วยกัน โดยการรวมค่าของตัวแปรจากพ่อและแม่เพื่อให้เกิดตัวแปรใหม่ในรุ่นลูก ให้ตัวแปรที่เกิดขึ้นใหม่คือ p_{new} ซึ่งเกิดจากการรวมกันของค่าตัวแปรที่เกี่ยวข้องกัน

$$p_{\text{new}} = \beta p_{\text{mn}} + (1 - \beta) p_{\text{dn}} \quad (2.12)$$

โดยที่

β คือตัวเลขที่สุ่มจากค่า $[0, 1]$

p_{mn} คือ ตัวแปรลำดับที่ n^{th} ในโครโมโซมแม่

pdm คือ ตัวแปรลำดับที่ n^{th} ในโครโมโซมพ่อ

ค่าของตัวแปรใหม่ที่เกิดขึ้นในรุ่นถัดไปขึ้นอยู่กับค่าของ β เช่น ถ้าสุ่มได้ค่า β เท่ากับ 1 ก็จะทำให้ค่าของโครโมโซมรุ่นถัดไปมีค่าเท่ากับโครโมโซมแม่ แต่ถ้า β เท่ากับ 0 ก็จะทำให้โครโมโซมรุ่นถัดไปมีค่าเท่ากับโครโมโซมพ่อ และถ้า β เท่ากับ 0.5 ค่าของตัวแปรใหม่ในรุ่นลูกก็จะเป็นค่าเฉลี่ยของโครโมโซมพ่อและแม่ การเลือกค่า β อาจจะใช้ค่าเดียวที่เกิดจากการสุ่มครั้งแรกหรืออาจจะทำการสุ่มค่าทุกครั้งที่มีการครอสโอเวอร์

การสร้างข้อมูลใหม่จากข้อมูลเดิมที่มีอยู่ (Extrapolation method) และวิธีการครอสโอเวอร์ (Crossover method) เริ่มต้นจากการเลือกจุดที่ใช้ในการครอสโอเวอร์

$$\alpha = \text{roundup}(\text{random} * \text{Nvar}) \quad (2.13)$$

ถ้ากำหนดให้

$$\text{parent1} = [pm1, pm2, \dots, pm\alpha, \dots, pmNvar] \quad (2.14)$$

$$\text{parent2} = [pd1, pd2, \dots, pd\alpha, \dots, pdNvar] \quad (2.15)$$

โดย m คือโครโมโซมแม่ และ d คือโครโมโซมพ่อ โดยการเลือกการรวมกันทำให้ได้ค่าของโครโมโซมใหม่ในรุ่นลูกเป็น

$$p_{\text{new1}} = pm\alpha - \beta[pm\alpha - pd\alpha] \quad (2.16)$$

$$p_{\text{new2}} = pd\alpha + \beta[pm\alpha - pd\alpha] \quad (2.17)$$

โดย β คือค่าจากการสุ่มจาก 0 ถึง 1 ขั้นตอนสุดท้ายคือการเพิ่มตัวแปรใหม่เข้าไปในโครโมโซมรุ่นลูก

$$\text{offspring1} = [pm1, pm2, \dots, p_{\text{new1}}, \dots, pmNvar] \quad (2.18)$$

$$\text{offspring2} = [pd1, pd2, \dots, p_{\text{new2}}, \dots, pmNvar] \quad (2.19)$$

จากตัวอย่างที่กำหนดข้อมูลในรุ่นพ่อและแม่อ้างนี้

$$\text{chromosome1} = [0.1876, 8.9371]$$

$$\text{chromosome2} = [2.6974, 6.2647]$$

โดยการสุ่มตัวเลขเพื่อเลือกตำแหน่ง $p1$ เป็นจุดที่ใช้ในการครอสโอเวอร์ แล้วทำการสุ่มค่า β ตัวอย่างสมมติให้ $\beta = 0.0272$ ทำให้ได้รุ่นลูกดังนี้

$$\text{offspring1} = [0.18758 - 0.0272 \times 0.18758 + 0.0272 \times 2.6974, 6.2647]$$

$$= [0.2558, 6.2647]$$

$$\text{offspring2} = [2.6974 - 0.0272 \times 0.18758 - 0.0272 \times 2.6974, 8.9371]$$

$$= [2.6292, 8.9371]$$

และถ้าทำกระบวนการนี้ต่ออีกครั้งด้วยค่า $\beta = 0.7898$ ทำให้ได้รุ่นลูกที่มีลักษณะดังนี้

$$\text{offspring3} = [2.6974 - 0.7898 \times 2.6974 + 0.7898 \times 7.7246, 6.2647]$$

$$= [6.6676, 5.5655]$$

$$\text{offspring4} = [7.7246 - 0.7898 \times 2.6974 - 0.7898 \times 7.7246, 8.9371]$$

$$= [3.7544, 6.2647]$$

2.2.7 การกลายพันธุ์

การกลายพันธุ์เป็นการเปลี่ยนค่าบางยีนให้ต่างไปจากเดิม โดยเริ่มตั้งแต่การกำหนดจำนวนยีนที่ควรกลายพันธุ์ ตำแหน่งยีนที่ต้องการกลายพันธุ์ แล้วทำการสุ่มค่าให้กับยีนที่ตำแหน่งที่ถูกเลือก ตัวอย่างการสุ่มตำแหน่ง เช่น

$$\text{mrow} = [4 \ 4 \ 7]$$

$$\text{mcol} = [1 \ 2 \ 1]$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยที่

m_{row} คือ แถวของโครโมโซม

m_{col} คือ คอลัมน์ของโครโมโซม

ทำให้ได้คู่แรกคือ (4,1) ดังนั้นค่าของตัวแปรในแถวที่ 4 และคอลัมน์ 1 ของประชากรที่แสดงในรูปแบบเมตริกจะถูกแทนที่ด้วยการสุ่มตัวเลขในช่วง 1 ถึง 10 ตัวอย่างผลของการกลายพันธุ์คือ

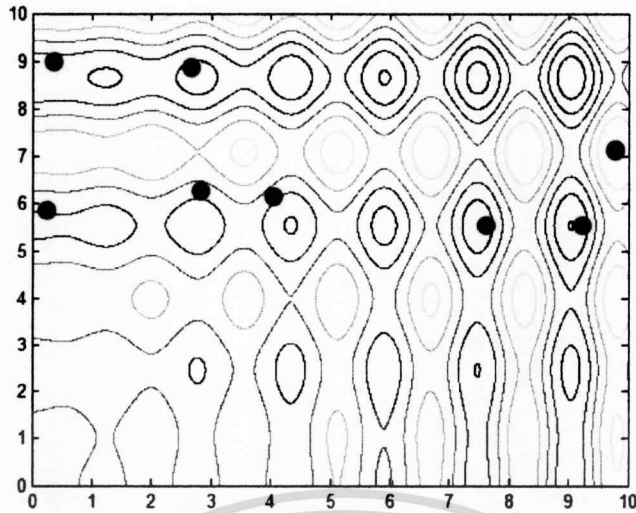
$$5.6130 \Rightarrow 9.8190$$

กระบวนการนี้ก็จะเกิดขึ้นอีก 2 ครั้ง จากตารางที่ 2.6 ค่าใน 2 คอลัมน์แรกแสดงประชากรหลังจากครอสโอเวอร์ และค่าในอีก 2 คอลัมน์ถัดมาแสดงประชากรหลังจากผ่านการกลายพันธุ์ และในคอลัมน์สุดท้ายแสดงค่าความเหมาะสม โดยค่าความเหมาะสมที่เป็นตัวหนาเอียงคือค่าความเหมาะสมหลังจากการกลายพันธุ์

ตารางที่ 2.6 ค่าความเหมาะสมของประชากรหลังจากครอสโอเวอร์และกลายพันธุ์

ประชากรหลังการครอสโอเวอร์		ประชากรหลังจากการกลายพันธุ์		
X	Y	X	Y	Cost
7.7246	5.5655	7.7246	5.5655	-9.8884
0.18758	8.9371	0.18758	8.6371	-8.0108
2.6974	6.2647	2.6974	6.2647	-2.8957
5.6130	0.12885	9.8190	7.1315	17.601
0.2558	6.2647	0.2558	6.2647	-0.03588
2.6292	8.9371	2.6292	8.9371	-10.472
6.6676	5.5955	9.1602	5.5655	-14.05
3.7544	6.2647	3.7544	6.2647	2.1359

จากตารางที่ 2.6 จะได้ค่าเฉลี่ยค่าความเหมาะสมเท่ากับ -3.202 โดยค่าที่ดีที่สุดคือแถวที่ 7 หลังจากทำการครอสโอเวอร์และกลายพันธุ์ ในรูปที่ 2.4 แสดงการกระจายตัวของโครโมโซมหลังจากผ่านกระบวนการในรุ่นแรก



รูปที่ 2.4 กราฟการกระจายตัวของโครโมโซมหลังจากผ่านรุ่นแรก

2.2.8 ประชากรรุ่นต่อไป (The Next Generation)

กระบวนการทำงานจะทำซ้ำจนกว่าจะได้คำตอบที่เหมาะสมหรือตรงกับเงื่อนไขของหยุดการทำงาน จากตัวอย่าง ประชากรเริ่มต้นในรุ่นถัดไปแสดงได้ในตารางที่ 2.7 ส่วนตารางที่ 2.8 และรูปที่ 2.5 แสดงจำนวนโครโมโซมหลังจากจบรุ่นที่ 2

ในตารางที่ 2.9 แสดงประชากรที่ผ่านการจัดลำดับเพื่อเข้าสู่กระบวนการในรุ่นที่ 3 และประชากรในรุ่นสุดท้ายแสดงในตารางที่ 2.10 และรูปที่ 2.6

ตารางที่ 2.7 ตัวอย่างประชากรเริ่มต้นในรุ่นที่ 2

X	Y	Cost
9.1602	5.5655	-14.05
2.6292	8.9371	-10.472
7.7246	5.5655	-9.8884
0.18758	8.9371	-8.0108
2.6974	6.2647	-2.8957
0.2558	6.2647	-0.03588
3.7544	6.2647	2.1359
9.819	7.1315	17.601

ตารางที่ 2.8 ตัวอย่างประชากรหลังจากการครอสโอเวอร์และกลายพันธุ์ในรุ่นที่ 2

x	Y	cost
9.1602	5.5655	-14.05
2.6292	8.9371	-10.472
7.7246	6.4764	-1.1376
0.18758	8.9371	-8.0108
2.6974	5.8134	-7.496
9.1602	8.6892	-17.494
7.7246	8.6806	-13.339
4.4042	7.969	-6.1528

ตารางที่ 2.9 ตัวอย่างประชากรตั้งต้นในรุ่นที่ 3

x	Y	Cost
9.1602	8.6892	-17.494
9.1602	5.5655	-14.05
7.7246	8.6806	-13.339
2.6292	8.9371	-10.472
0.18758	8.9371	-8.0108
2.6292	8.6892	-7.496
4.4042	7.969	-6.1528
7.7246	6.4746	-1.137

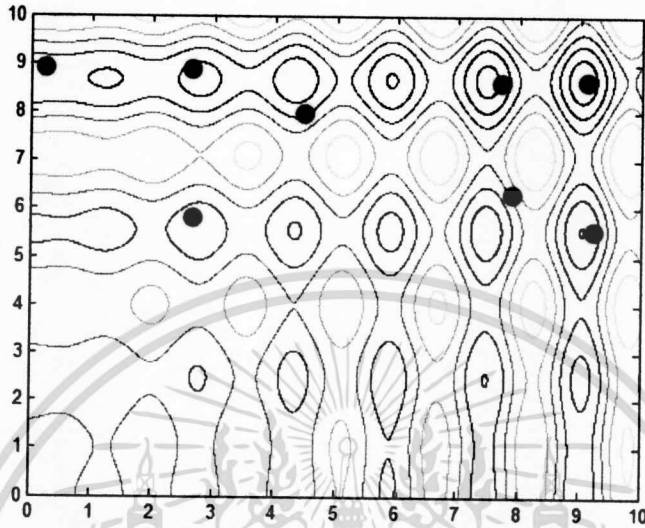
ตารางที่ 2.10 ตัวอย่างประชากรในรุ่นที่ 3 เรียงลำดับจาก cost ฟังก์ชันต่ำสุดไปหาสูงสุด

x	y	cost
9.0215	8.6806	-18.53
9.1602	8.6892	-17.494
9.1602	8.323	-15.366
9.1602	5.5655	-14.05
9.1602	8.1917	-13.618
2.6292	8.9371	-10.472

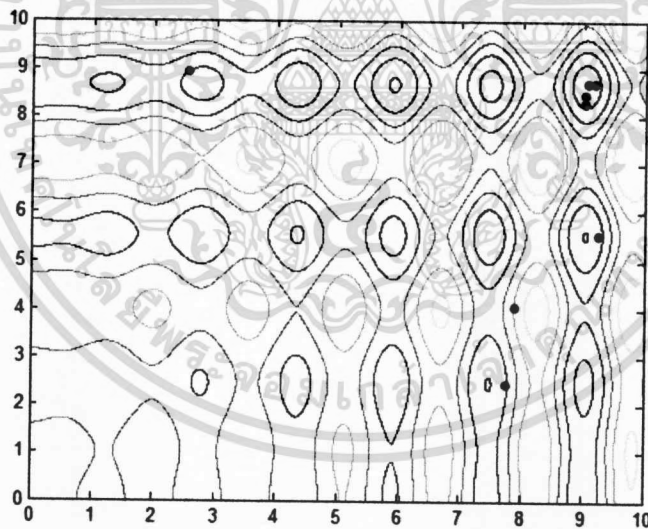
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 2.10 (ต่อ)

7.7246	1.8372	-4.849
7.8633	3.995	4.6471

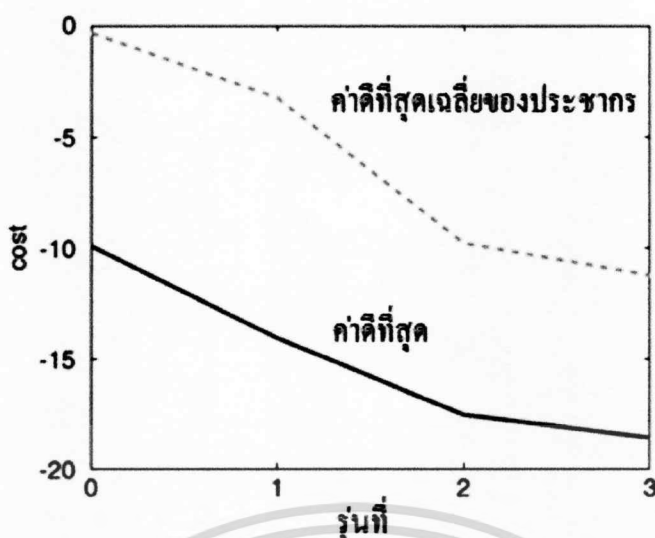


รูปที่ 2.5 กราฟแสดงค่าความเหมาะสมกับจำนวนประชากรหลังจากผ่านรุ่นที่ 2



รูปที่ 2.6 กราฟแสดงค่าความเหมาะสมกับประชากรหลังจากผ่านรุ่นที่ 3

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 2.7 กราฟแสดงค่าเหมาะสมเฉลี่ยในแต่ละรุ่น

2.2.9 การลู่เข้าของคำตอบ (Convergence)

หลังจากที่ได้ผ่านกระบวนการมา 3 รุ่นแล้วจะได้ค่าเหมาะสมต่ำสุดคือ -18.53 โดยจะเห็นลักษณะของโครโมโซมจะกระจุกตัวอยู่ดังในรูปที่ 2.6 และรูปที่ 2.5 ที่จุดจบของรุ่นที่ 2 จะเห็นว่าโครโมโซมที่มีค่าต่ำสุด 4 ตัวกระจายอยู่ในพื้นที่ต่างๆ ค่าเหมาะสมต่ำสุด -18.53 ถูกพบในรุ่นที่ 3 ซึ่งอาจสรุปได้ว่าคำตอบเริ่มลู่เข้าสู่คำตอบที่ดีที่สุดแล้ว แนวทางนี้เป็นหนึ่งในแนวทางที่เป็นเงื่อนไขในการหยุดการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึม โดยอาจใช้เงื่อนไขอื่นๆ เช่น จำนวนรอบของการทำงาน หรือ พบเป้าหมายที่ต้องการแล้ว เป็นต้น

2.3 การหาค่าที่ดีที่สุด (Optimization)

เป็นคณิตศาสตร์ประยุกต์ที่เรียนรู้เพื่อหาแนวทางในการแก้ปัญหา หรือการหาคำตอบที่ดีที่สุด โดยรูปแบบของปัญหาอาจจะเป็นการหาค่าสูงสุดหรือค่าต่ำสุดที่แสดงอยู่รูปของฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์ ประโยชน์ของการหาค่าที่ดีที่สุดมีหลายอย่าง เช่น ในทางด้านการทำธุรกิจ ซึ่งมีความต้องการในการลงทุนที่น้อยที่สุด แต่ต้องการกำไรมากที่สุด การวิจัยดำเนินงาน หรือวิศวกรรมทางอุตสาหกรรม ซึ่งนำไปใช้วางแผนในการผลิต การควบคุมรายการสิ่งของ การขนส่ง เพื่อให้ได้ผลลัพธ์ตามที่ต้องการ และมีประสิทธิภาพมากที่สุด โดยใช้ทรัพยากรที่มีอยู่อย่างจำกัดได้อย่างเหมาะสม

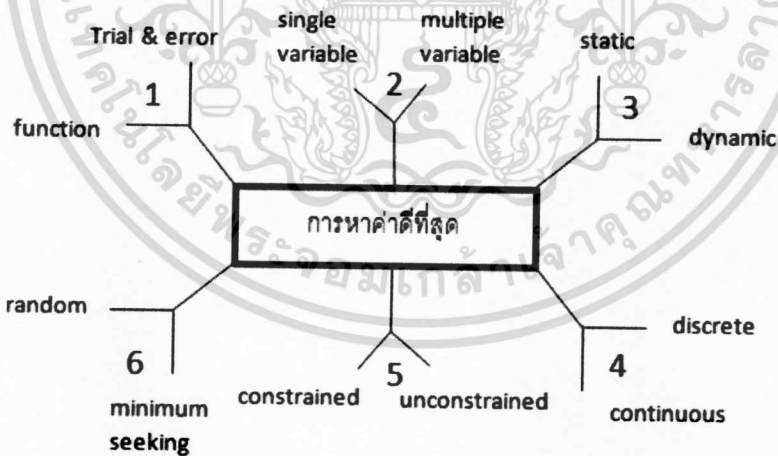
ตัวอย่างเช่น การออกแบบเพื่อที่จะทำงานหรือ โครงการบางอย่าง ผู้ออกแบบย่อมต้องการการทำงานที่รวดเร็ว มีค่าใช้จ่ายน้อยที่สุด และมีความผิดพลาดน้อยที่สุด หรือในกระบวนการผลิตที่

ต้องการให้ได้ผลการผลิตกันชนที่มาก แต่มีค่าใช้จ่ายน้อยที่สุด ถือว่าเป็นปัญหารูปแบบหนึ่ง การหาค่าที่ดีที่สุดหรือการหาค่าตอบที่ดีที่สุดสำหรับปัญหานั้นเป็นกระบวนการของการปรับปัจจัยของการผลิตหรือการทดลองเพื่อให้ได้ผลิตกันชนที่สูงสุด หรือค่าใช้จ่ายค่าต่ำสุด ตามรูปที่ 2.8 อินพุตประกอบด้วยตัวแปร กระบวนการหรือฟังก์ชันถูกเรียกว่าฟังก์ชันการหาต้นทุน (Cost function) หรือฟังก์ชันจุดประสงค์ (Objective function) หรือฟังก์ชันค่าเหมาะสม (Fitness function) และเอาต์พุตก็คือต้นทุนหรือค่าความเหมาะสม

สำหรับโครงการนี้ กำหนดผลลัพธ์จากฟังก์ชันความเหมาะสมหรือฟังก์ชันต้นทุนว่า cost ซึ่งขึ้นอยู่กับวัตถุประสงค์ของการทำงานว่าต้องการหาค่าต่ำสุด (Minimize) หรือค่าสูงสุด (Maximize) ซึ่งถ้าเป็นการหาค่าต่ำสุดนี้จะเรียกว่าการหาค่าที่ดีที่สุดที่มีค่าต่ำสุด (Minimization) โดยในโครงการนี้ กำหนดจุดประสงค์เป็นการหาค่าต่ำสุดจากฟังก์ชันไม่เชิงเส้น



รูปที่ 2.8 โคอระแกรมฟังก์ชันแสดงกระบวนการหาค่าที่ดีที่สุด



รูปที่ 2.9 การแบ่งประเภทการหาค่าที่ดีที่สุด

2.3.1 ประเภทของการหาค่าที่ดีที่สุด

จากรูปที่ 2.9 สามารถแยกอัลกอริทึมการหาค่าที่ดีที่สุดได้ 6 ประเภท โดยการหาค่าที่ดีที่สุดที่ไม่ได้แสดงในรูปนี้อาจเป็นการผสมกันระหว่างประเภทของการหาค่าที่ดีที่สุดตั้งแต่ 2 ประเภทขึ้นไปเช่น

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ปัญหาการหาค่าที่ดีที่สุดแบบไดนามิกและอาจเป็นแบบมีเงื่อนไขบังคับหรือไม่มีเงื่อนไขบังคับด้วย โดยแต่ละประเภทมีลักษณะดังนี้

1. การลองผิดลองถูก (Trial and error) เป็นการหาค่าที่ดีที่สุดโดยการปรับเปลี่ยนตัวแปรที่ส่งผลต่อเอาต์พุตโดยที่ไม่ต้องรู้กระบวนการทำงานที่ทำให้เกิดผลลัพธ์มากนัก ตัวอย่างวิธีนี้เช่นการปรับเสารับสัญญาณโทรทัศน์เพื่อให้โทรทัศน์สามารถรับแสดงภาพและเสียงให้ดีที่สุด ซึ่งเราไม่จำเป็นต้องรู้ว่าโทรทัศน์ทำงานอย่างไร เราเพียงแค่ปรับเสาอากาศ และดูผลลัพธ์ที่หน้าจอโทรทัศน์

2. การแบ่งด้วยจำนวนตัวแปร ถ้าตัวแปร มีเพียงตัวเดียว ก็จะเป็นการหาค่าที่ดีที่สุด ใน 1 มิติ แต่ถ้าปัญหามีมากกว่า 1 ตัวแปร ก็จะเป็นการหาค่าที่ดีที่สุด ในหลายมิติ ยิ่งจำนวนตัวแปรที่มากขึ้นทำให้ยากขึ้นในการหาค่าที่ดีที่สุด

3. การหาค่าที่ดีที่สุดแบบไดนามิกหมายถึงผลลัพธ์เป็นฟังก์ชันที่ขึ้นกับเวลา ในขณะที่แบบคงที่หมายถึงผลลัพธ์ไม่ขึ้นกับเวลา

4. การหาค่าที่ดีที่สุดโดยใช้ลักษณะของตัวแปร ซึ่งก็คือตัวแปรแบบต่อเนื่อง (Continuous variables) และไม่ต่อเนื่อง (Discrete variables) ตัวแปรแบบไม่ต่อเนื่องหมายถึงตัวแปรที่มีขอบเขตหรือค่าที่เป็นไปได้เพียงอย่างเดียว ส่วนตัวแปรแบบต่อเนื่องอาจจะเป็นตัวแปรที่เป็นจำนวนไม่รู้จักของค่าที่เป็นไปได้

5. ในการหาค่าที่ดีที่สุดตัวแปรส่วนมากมีขอบเขตหรือเงื่อนไขบังคับ การหาค่าที่ดีที่สุดแบบมีเงื่อนไขบังคับประกอบด้วยตัวแปรที่มีเงื่อนไขแบบสมมาตรและไม่สมมาตรในฟังก์ชันต้นทุน ในขณะที่การหาค่าที่ดีที่สุดแบบไม่มีเงื่อนไขบังคับ ตัวแปรสามารถเป็นค่าอะไรก็ได้

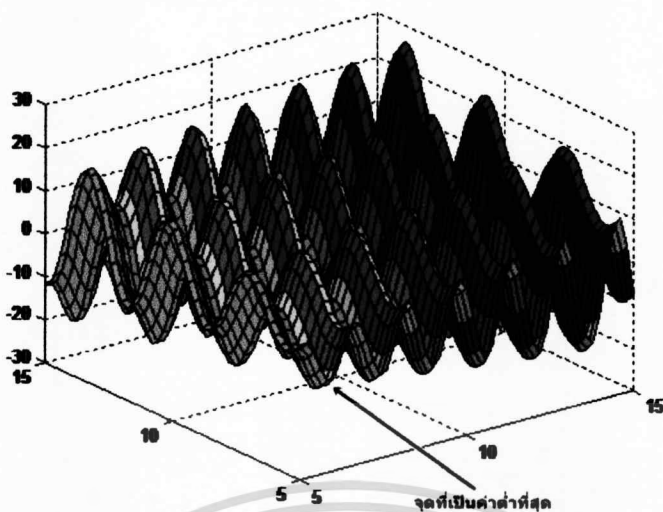
6. การหาค่าที่ดีที่สุดบางอัลกอริธึมพยายามหาค่าต่ำสุดโดยการหาจากจุดเริ่มต้นของตัวแปร ซึ่งการหาโดยวิธีนี้จะถูกทำให้ติดอยู่ในค่าต่ำสุดเฉพาะพื้นที่แต่ก็มีการทำงานที่รวดเร็ว วิธีการแบบนี้ เป็นวิธีการแบบเก่าและอาศัยพื้นฐานแคลคูลัส ในทางกลับกันวิธีแบบสุ่มใช้การคำนวณความน่าจะเป็นในการหาเซตของตัวแปร ซึ่งอาจจะช้าแต่มีแนวโน้มที่จะหาค่าต่ำสุดทั่วไปได้

จากรูปที่ 2.10 แสดงกราฟ 3 มิติโดยการพล็อตจุดแกน x และแกน y โดยเว้นระยะ 0.1 จากสมการการหาค่าต่ำสุด 2.20

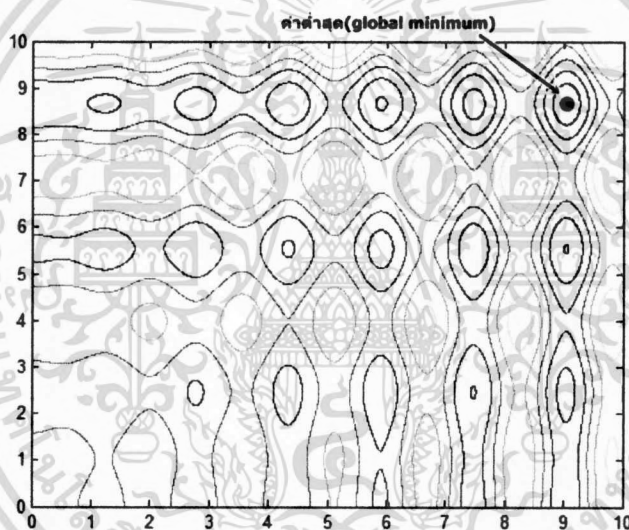
$$f(x,y) = x\sin(4x) + 1.1y\sin(2y) \quad (2.20)$$

$$\text{โดยที่ } 0 \leq x \leq 10 \text{ และ } 0 \leq y \leq 10$$

และสามารถเห็นค่าต่ำสุดเมื่อพล็อตกราฟแบบ contour ซึ่งมีค่าที่จุดต่ำสุดคือ -18.5547 ที่จุด (9.039, 8.668)



รูปที่ 2.10 กราฟแสดงค่าต่ำสุดจากสมการ 2.20



รูปที่ 2.11 กราฟแบบ contour แสดงจุดต่ำสุดจากสมการ 2.20

2.3.2 หลักการพื้นฐานของการหาค่าที่ดีที่สุด

การหาค่าที่ดีที่สุด เป็นวิธีการที่ใช้ในการหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาภายใต้เงื่อนไขหรือข้อจำกัดที่กำหนดขึ้น โดยการพิจารณาจากฟังก์ชันวัตถุประสงค์หรือฟังก์ชันเป้าหมาย สามารถแบ่งรูปแบบของปัญหาการหาค่าที่ดีที่สุดได้เป็น 2 รูปแบบคือ

1. การหาค่าที่ดีที่สุดโดยพิจารณาจากฟังก์ชันจุดประสงค์เพียงฟังก์ชันเดียว (Single objective optimization problem)

2. การหาค่าที่ดีที่สุดโดยพิจารณาฟังก์ชันวัตถุประสงค์มากกว่า 1 ฟังก์ชันพร้อมๆกัน โดยที่รูปแบบของปัญหาอาจมีฟังก์ชันวัตถุประสงค์ที่สองคล่องหรือขัดแย้งกัน ซึ่งเรียกว่า ปัญหาการหาค่าที่ดีที่สุดที่มีหลายวัตถุประสงค์ (Multi-Objective optimization problem)

2.3.3 องค์ประกอบของการหาค่าที่ดีที่สุด

1. ฟังก์ชันวัตถุประสงค์

ขั้นตอนการหาค่าตอบที่ดีที่สุด มีเกณฑ์ที่ใช้ในการคำนวณเพื่อหาค่าที่ดีที่สุด โดยที่เกณฑ์นี้เป็นตัวกำหนดเป้าหมายในการค้นหาค่าตอบว่าเป็นไปในลักษณะใดลักษณะหนึ่งเรียกว่า ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective function) โดยมากฟังก์ชันวัตถุประสงค์จะเกี่ยวข้องกับการหาค่ามากที่สุด (Maximization) หรือ ค่าน้อยที่สุด (Minimization) ของฟังก์ชันวัตถุประสงค์นั้นๆ เช่น การจัดสมดุลของสายการผลิต การคำนวณต้นทุนการผลิตสินค้า เป็นต้น

กรณีที่มีฟังก์ชันวัตถุประสงค์หลายฟังก์ชันที่ต้องการหาค่าที่ดีที่สุด กรณีเหล่านี้ค่อนข้างยุ่งยากและต้องอาศัยเทคนิคและประสบการณ์การแก้ปัญหาเฉพาะ ในการกำหนดฟังก์ชันวัตถุประสงค์ ฟังก์ชันวัตถุประสงค์เป็นเพียงเครื่องมือในการหารูปแบบเบื้องต้นในการแก้ปัญหาเท่านั้น ดังนั้นควรจะใช้ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ให้เหมาะสมกับเป้าหมายที่วางไว้

2. ตัวแปรตัดสินใจ

ตัวแปรตัดสินใจ (Decision Variable) คือตัวแปรที่สามารถใช้ในการปรับเปลี่ยนหรือควบคุมขั้นตอนในการหาค่าที่ดีที่สุด ซึ่งทำให้ผลลัพธ์มีการเปลี่ยนแปลง ตัวแปรตัดสินใจมักมีมากกว่าหนึ่งตัวแปร ดังนั้นการคัดเลือกตัวแปรตัดสินใจที่มีผลต่อฟังก์ชันวัตถุประสงค์จึงเป็นสิ่งสำคัญ เพราะตัวแปรที่เหมาะสมจะช่วยเพิ่มประสิทธิภาพและความเร็วในการหาผลลัพธ์

ตัวแปรตัดสินใจ สามารถวัดเป็นเชิงปริมาณได้ ถ้าให้ตัวแปรแทนด้วย x_j โดยที่ $j = 1, 2, 3, \dots, n$ และมีตัวแปร n ตัวสามารถเขียนได้เป็น

$$\bar{x} = \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_n \end{bmatrix} \quad (2.21)$$

หรือสามารถเขียนได้เป็น $\bar{x} = [x_1, x_2, \dots, x_n]^T$

โดยปกติปัญหาต่างๆทางวิศวกรรม สามารถนิยามเป็นฟังก์ชันของตัวแปรตัดสินใจได้ และจำนวนของตัวแปรขึ้นอยู่กับความซับซ้อนของปัญหา ฟังก์ชันของตัวแปรตัดสินใจสามารถแบ่งได้เป็น 2 แบบคือ ฟังก์ชันเชิงกำหนด (Deterministic Function) เป็นฟังก์ชันที่มีแนวทางในการหาคำตอบอย่างแน่นอน และสามารถนิยามเป็นสมการทางคณิตศาสตร์ และฟังก์ชันเชิงสุ่ม (Stochastic Function) เป็นฟังก์ชันที่ไม่มีแนวทางในการหาคำตอบที่ชัดเจน และไม่สามารถนิยามเป็นสมการทางคณิตศาสตร์ เช่นปัญหาการหาเส้นทางที่ดีที่สุดของพนักงานขาย (Traveling Salesman Problem : TSP) เป็นต้น

3. ข้อจำกัด

เมื่อเลือกตัวแปรตัดสินใจได้แล้ว จะต้องพิจารณาถึงความสอดคล้องกับข้อเท็จจริงในด้านต่าง ๆ เช่น ทางด้านกายภาพ ทางเคมี หรืออาจเป็นข้อกำหนดด้านทรัพยากร สภาพแวดล้อม เป็นต้น สิ่งเหล่านี้เรียกว่า ข้อจำกัด (Constraint) สำหรับการหาค่าที่ดีที่สุด ซึ่งข้อจำกัดนี้จะต้องตั้งอยู่บนความเป็นไปได้ของคำตอบที่สามารถยอมรับได้ นอกจากนี้ยังขึ้นอยู่กับตัวแปรตัดสินใจ ข้อจำกัดสามารถเขียนอยู่ในรูปแบบของอสมการ (Inequality Constraints) ได้ดังสมการที่ 2.22

$$G_i(\bar{x}) \geq a_i, i = 1, 2, \dots, m \quad (2.22)$$

หรือข้อจำกัดแบบสมการ (Equality Constraint) ดังสมการที่ 2.23

$$H_i(\bar{x}) = b_i, i = 1, 2, \dots, p \quad (2.23)$$

2.3.4 ปัญหาการหาค่าที่ดีที่สุดที่มีหลายวัตถุประสงค์

1. รูปแบบของการหาค่าที่ดีที่สุดที่มีหลายวัตถุประสงค์

การแก้ปัญหาการหาค่าที่ดีที่สุดที่มีหลายวัตถุประสงค์ เป็นการค้นหากลุ่มของคำตอบในพื้นที่ที่เป็นไปได้ เพื่อต้องการหาค่าต่ำสุด หรือสูงสุด ของฟังก์ชันวัตถุประสงค์ในแต่ละฟังก์ชันพร้อมๆกัน ดังสมการที่ 2.24 โดยผลลัพธ์ที่ได้คือ กลุ่มของคำตอบที่ดีที่สุด

$$f(\bar{x}) = [f_1(\bar{x}), f_2(\bar{x}), \dots, f_k(\bar{x})]^T \quad (2.24)$$

ดังนั้นรูปแบบปัญหาการหาค่าที่ดีที่สุดที่มีหลายวัตถุประสงค์ เป็นการค้นหาเวกเตอร์คำตอบ $\bar{x}^* = [\bar{x}_1^*, \bar{x}_2^*, \dots, \bar{x}_n^*]^T$ ภายใต้ m ข้อจำกัดแบบอสมการ ดังสมการที่ 2.25 หรือภายใต้ p ข้อจำกัด

แบบสมการ ดังสมการที่ 2.26

$$G_i(\bar{x}) \geq 0 \quad i = 1, 2, \dots, m \quad (2.25)$$

$$H_i(\bar{x}) = 0 \quad i = 1, 2, \dots, p \quad (2.26)$$

ข้อจำกัดในสมการที่ 2.25 และสมการที่ 2.26 เป็นการกำหนดของเขตพื้นที่คำตอบที่เป็นไปได้ (Feasible Region : Ω) และทุก ๆ จุดใน Ω ก็คือคำตอบที่เป็นไปได้ (Feasible Solution) โดยที่เวกเตอร์ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ $f(\bar{x})$ ที่ใช้นี้จะทำการค้นหากลุ่มของคำตอบที่ดีที่สุดในพื้นที่ Ω ภายใต้ค่าเป็นไปได้อย่างทั้งหมดของฟังก์ชันวัตถุประสงค์ $f(\bar{x})$ ที่มี k วัตถุประสงค์ และมี \bar{x}^* แทนคำตอบที่ดีที่สุด

รูปแบบของปัญหาการหาค่าที่ดีที่สุดที่มีหลายวัตถุประสงค์มี 3 รูปแบบที่เป็นไปได้ดังนี้

1. ทุกฟังก์ชันวัตถุประสงค์ต้องการหาค่าน้อยที่สุด
2. ทุกฟังก์ชันวัตถุประสงค์ต้องการหาค่ามากที่สุด
3. บางฟังก์ชันวัตถุประสงค์ต้องการหาค่าน้อยที่สุด และบางฟังก์ชันวัตถุประสงค์ต้องการหาค่ามากที่สุด

การหาค่าที่ดีที่สุดที่มีหลายวัตถุประสงค์ สามารถแปลงฟังก์ชันวัตถุประสงค์ให้มีรูปแบบการหาค่าต่ำสุดหรือสูงสุด ตัวอย่างเช่น การแปลงทุกฟังก์ชันวัตถุประสงค์ที่มีการหาค่าต่ำสุดให้เป็นรูปแบบการหาค่าสูงสุด

$$\text{Max } f_i(\bar{x}) = -\min(F(\bar{x})) \quad (2.27)$$

ส่วนรูปแบบของข้อจำกัดนั้นก็สามารเปลี่ยนรูปแบบ

$$g_i(\bar{x}) \leq 0 \quad i = 1, 2, \dots, m \quad (2.28)$$

และจัดให้อยู่ในรูป

$$-g_i(\bar{x}) \geq 0 \quad i = 1, 2, \dots, m \quad (2.29)$$

2. กลุ่มคำตอบที่ดีที่สุด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ปัญหาการหาค่าที่ดีที่สุดที่มีหลายวัตถุประสงค์ (Multi-objective optimization: MOP) ประกอบด้วยฟังก์ชันวัตถุประสงค์ k วัตถุประสงค์ และตัวแปรตัดสินใจ n ตัว โดยรูปแบบปัญหาที่อาจเป็นการหาค่ามากที่สุด หรือ การหาค่าต่ำสุด ซึ่งเป็นการกำหนดเป้าหมายในการค้นหาค่าตอบว่าเป็นในลักษณะใด หรือ สามารถเขียนได้ดังสมการที่ 2.30

$$\text{ค่าน้อยที่สุด / ค่ามากที่สุด } \{f_1(\bar{x}), f_2(\bar{x}), \dots, f_k(\bar{x})\} \quad (2.30)$$

สำหรับรูปแบบปัญหาการหาค่าฟังก์ชันวัตถุประสงค์ในที่นี่เป็นการหาค่าต่ำสุด การค้นหาค่าตอบจะถูกกำหนดจากเวกเตอร์ของตัวแปรตัดสินใจ ภายใต้ข้อจำกัดที่เป็นบอกลึงขอบเขตของค่าตอบที่น้อยที่สุด ซึ่งสามารถเขียนได้ดังสมการ 2.31

$$\text{ค่าน้อยที่สุด } \{f_1(\bar{x}), f_2(\bar{x}), \dots, f_k(\bar{x})\} \quad (2.31)$$

ภายใต้เงื่อนไข $g_i(\bar{x}) \leq 0$

โดยที่ \bar{x} คือเวกเตอร์ของตัวแปรตัดสินใจ

$f_i(\bar{x})$ คือ ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ที่ i

$g_i(\bar{x})$ คือเวกเตอร์ข้อจำกัดที่ i

ถ้าเวกเตอร์ตัดสินใจ x ให้ค่าตอบที่ดีกว่าเวกเตอร์ตัดสินใจ y แล้ว

$f_i(x) \leq f_i(y)$ สำหรับทุกค่า $i \in \{1, 2, \dots, k\}$ และ

$f_i(x) < f_i(y)$ มีอย่างน้อย 1 ค่า ของ $i \in \{1, 2, \dots, k\}$

จากสมการหมายความว่าถ้าค่าตอบที่อยู่ในพื้นที่ของค่าตอบที่เป็นไปได้ และไม่มีค่าตอบใดดีกว่า จะเรียกค่าตอบนี้ว่า ค่าตอบที่ดีที่สุด

2.4 อัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี (Harmony search algorithm)

อัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี เป็นอัลกอริทึมในการค้นหาค่าที่เหมาะสมแบบฮิวริสติก (Heuristic optimization algorithm) ซึ่งคิดค้นโดย Geem, Kim and Loganathan (2001) เพื่อใช้ในการแก้ปัญหาการหาค่าที่เหมาะสม โดยการเลียนแบบการแสดงดนตรีของนักดนตรีที่สร้างสรรค์

เสียงดนตรี (Harmony) ที่ดีขึ้น ซึ่งเสียงดนตรีนี้เป็นความสัมพันธ์ระหว่างคลื่นเสียงของเสียงดนตรีหลากหลายชนิดที่มีความถี่ต่างกัน โดยประสิทธิภาพของเสียงดนตรีจะขึ้นอยู่กับ การสรรหาเสียงประสานของเครื่องดนตรีแต่ละชนิดที่ให้เสียงที่ดีที่สุด (Fantastic harmony) เช่นเดียวกับวิธีการหาค่าที่เหมาะสมที่จะทำการหาค่าที่ทำให้ผลลัพธ์ของฟังก์ชันจุดประสงค์มีค่าดีที่สุด (Global optimum) โดยอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีจะให้คำตอบออกมาเป็นเซตของเสียงดนตรีที่เครื่องดนตรีแต่ละชนิดเล่นออกมาจากการฝึกหัด ส่วนการหาค่าดีที่สุด ก็จะได้คำตอบออกมาเป็นเซตของค่าตัวแปรที่ตรงกับฟังก์ชันจุดประสงค์จากการทำซ้ำหลายๆครั้ง ในรูปที่ 2.12 แสดงแผนภาพอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

ขั้นตอนการหาค่าที่เหมาะสมจากอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี มีดังนี้

1. กำหนดปัญหาและพารามิเตอร์
2. หาค่าของตัวแปรเริ่มต้น โดยการสุ่ม เก็บไว้เป็น Harmony Memory (HM)
3. เลือกฮาร์โมนีตัวใหม่จาก HM โดยการพิจารณาผ่านพารามิเตอร์สองตัวซึ่งจะกล่าวต่อไป
4. ถ้าฮาร์โมนีตัวใหม่ที่ได้ให้ค่าที่ดีกว่าฮาร์โมนีตัวที่แย่ที่สุดที่อยู่ใน HM ให้นำฮาร์โมนีตัวใหม่ใส่เข้าไปใน HM และคัดฮาร์โมนีตัวที่แย่ที่สุดใน HM ทิ้งไป
5. ตรวจสอบเงื่อนไขการหยุด ถ้าไม่ตรงกับเงื่อนไขการหยุดการทำงานก็จะวนกลับไปทำตามขั้นตอนที่ 2

สำหรับอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีมีพารามิเตอร์ 2 ตัวที่ใช้ในการพิจารณาช่วงของค่าของตัวแปรที่เป็นไปได้ทั้งหมด เพื่อให้ค่าที่ได้เป็นคำตอบที่แท้จริงของปัญหา (Global solution) ได้แก่

1. Harmony Memory Considering Rate (HMCR) ซึ่งจะมีค่าอยู่ระหว่าง 0 ถึง 1 โดยพารามิเตอร์นี้คือความเป็นไปได้ที่จะเลือกค่าของตัวแปรจาก HM ตัวอย่างเช่น ถ้า HMCR เท่ากับ 0.95 แสดงว่าในการเลือกฮาร์โมนีตัวใหม่มีโอกาส 95% ที่จะเลือกค่าของตัวแปรจาก HM และมีโอกาส 5 % ที่จะไม่เลือกค่าตัวแปรจาก HM แต่จะเลือกจากเซตของตัวแปรที่เป็นไปได้ทั้งหมด ดังนั้นอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีสามารถที่จะสุ่มค่าตัวแปรจากค่าที่เป็นไปได้ทั้งหมด

2. Pitch Adjustment Rate (PAR) คืออัตราความเป็นไปได้ที่จะทำการปรับค่าที่เลือกเพื่อเป็นฮาร์โมนีตัวใหม่

อัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีมีคุณสมบัติบางประการที่เหมือนกับวิธีวิวิธวิธีแบบอื่นๆ โดยการเก็บค่าเวกเตอร์หรือเซตของตัวแปรที่พิจารณาไปแล้วไว้ใน HM เพราะเวกเตอร์นั้นอาจจะ

ไม่เป็นในแง่ของค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ที่แย่ที่สุด จึงควรเก็บไว้เพื่อใช้ในการพิจารณาในขั้นตอนการเปรียบเทียบค่าที่แย่ที่สุดใน HM กับค่าเวกเตอร์ใหม่

อัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีใช้ประโยชน์จากประสบการณ์ของนักดนตรีในการสร้างสรรค์เสียงดนตรีแจ๊ซ (Jazz improvisation) โดยที่นักดนตรีแต่ละคนมีความสัมพันธ์กับตัวแปรตัดสินใจซึ่งก็คือระดับเสียงของเครื่องดนตรี ซึ่งจะทำการเล่นเครื่องดนตรีแต่ละชิ้นเพื่อให้เกิดเสียงฮาร์โมนีที่สอดคล้องกันในแต่ละรอบทำให้มีความไพเราะตรงกับความต้องการของผู้ฟังซึ่งก็คือฟังก์ชันจุดประสงค์ และทำการปรับปรุงเสียงจากเครื่องดนตรีในแต่ละรอบ เพื่อให้ได้เสียงที่ไพเราะมากขึ้น

สำหรับรายละเอียดการทำงานในแต่ละขั้นตอนมีดังนี้

2.4.1. การกำหนดปัญหาและค่าพารามิเตอร์

สำหรับขั้นตอนแรก เป็นการกำหนดปัญหาการหาค่าเหมาะสม ตัวอย่างเช่น

กำหนดให้หาค่าต่ำสุดหรือสูงสุดจากฟังก์ชัน $f(x)$ โดยที่

$$h_i(x) = 0; i = 1, 2, \dots, p; \quad (2.32)$$

$$g_i(x) \geq 0; i = 1, 2, \dots, q; \quad (2.33)$$

$$x_i \in X_i = \{x_i(1), \dots, x_i(k), \dots, x_i(K_i)\} \text{ หรือ } x_i^L \leq x_i \leq x_i^U \quad (2.34)$$

โดยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีจะทำการค้นหาค่าจากตัวแปรที่กำหนดเพื่อหาค่าตอบที่ดีที่สุดซึ่งเป็นเซตคำตอบ $x = x_1, \dots, x_n$ ซึ่งคำตอบที่ได้อาจเป็นค่าสูงสุดหรือต่ำสุด ซึ่งขึ้นอยู่กับฟังก์ชันจุดประสงค์ ถ้าเงื่อนไขกำหนดเป็นสมการสมมาตรก็จะทำการพิจารณาสมการ 2.32 แต่ถ้าเงื่อนไขเป็นอสมการก็จะใช้สมการ 2.33 และถ้าตัวแปรตัดสินใจไม่เป็นค่าต่อเนื่อง ค่าของตัวแปรที่จะพิจารณาคือ $x_i \in X_i = \{x_i(1), \dots, x_i(k), \dots, x_i(K_i)\}$ แต่ถ้าเป็นค่าต่อเนื่อง ค่าของตัวแปรจะเป็น $x_i^L \leq x_i \leq x_i^U$

ตัวอย่างกำหนดให้หาค่าต่ำสุดจากสมการของฟังก์ชัน Sphere ซึ่งมีลักษณะดังนี้

$$F(x) = \sum_{i=1}^n x_i^2 \quad (2.35)$$

โดยมีเงื่อนไขบังคับค่าของตัวแปรอยู่ในช่วง -5.12 ถึง 5.12

สำหรับการกำหนดค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี มีค่าที่ต้องกำหนดมีดังนี้

1. Harmony memory size (HMS) ซึ่งเป็นจำนวนฮาร์โมนีทั้งหมดที่ต้องการเก็บ
2. HMCR กำหนดให้มีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 1
3. PAR กำหนดให้มีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 1
4. จำนวนรอบของการทำงาน
5. เบนด์วิธ กำหนดให้มีค่า 10% ของค่าของช่วงตัวแปรที่กำหนด

ตัวอย่างเช่น กำหนดให้ $HMS = 4$, ค่า $HMCR = 0.9$, ค่า $PAR = 0.3$, จำนวนรอบการทำงานเท่ากับ 10 และมีค่าเบนด์วิธเท่ากับ $10\% \times$ ค่าสุ่มระหว่าง $(-5.12$ ถึง $5.12)$

2.4.2 การกำหนดค่าตัวแปรเพื่อเก็บไว้ใน HM

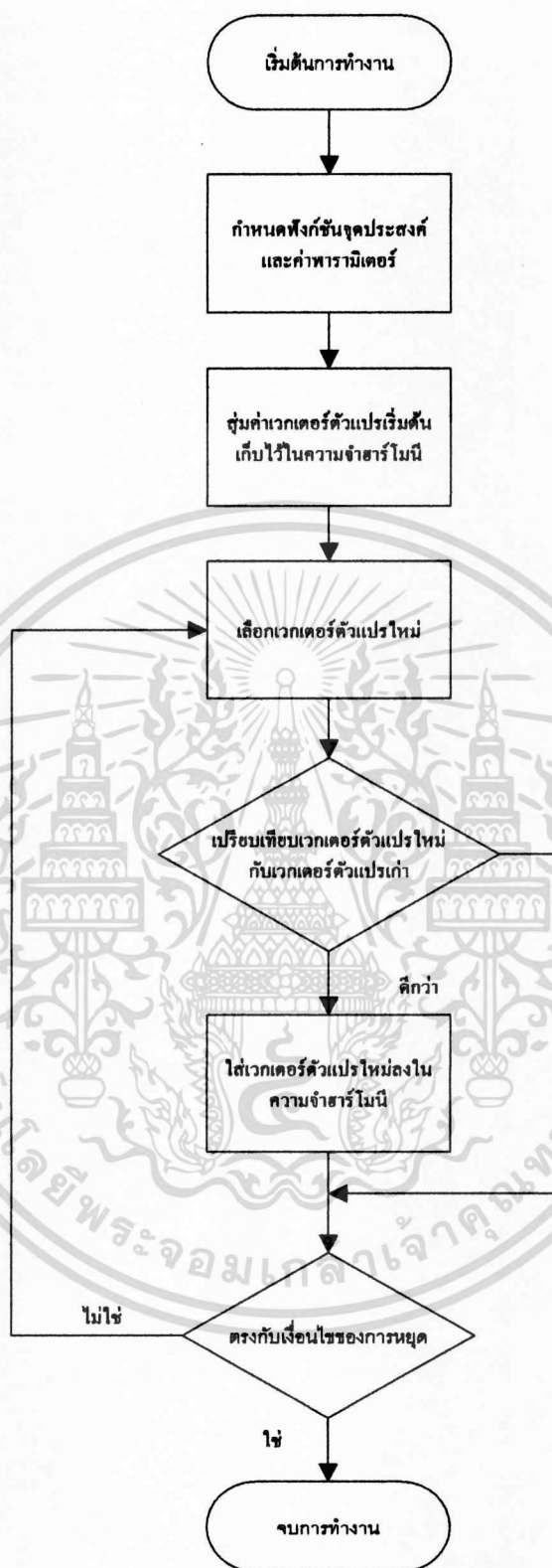
สำหรับขั้นตอนนี้จะทำการสุ่มค่าให้กับเซตของเวกเตอร์คำตอบตามจำนวนของ HM

$$HM = \begin{bmatrix} x_1^1 & x_2^1 & \cdots & x_N^1 & f(x^1) \\ x_1^2 & x_2^2 & \cdots & x_N^2 & f(x^2) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots \\ x_1^{HMS} & x_2^{HMS} & \cdots & x_N^{HMS} & f(x^{HMS}) \end{bmatrix} \quad (2.35)$$

โดยที่แต่ละแถวคือฮาร์โมนีแต่ละตัวหรือเซตของตัวแปร และจะมีจำนวนทั้งหมดเท่ากับ HMS ซึ่งสามารถเขียนแสดงในรูปแบบเมตริกซ์ตามสมการ 2.35 ตารางที่ 2.11 แสดงค่าเริ่มต้นของฮาร์โมนีใน HM

ตารางที่ 2.11 ตัวอย่างการกำหนดค่าเริ่มต้นให้กับฮาร์โมนีใน HM

x	y	cost
2.931262006	3.223207192	18.98136155
-3.081427869	-3.508880471	21.80743987
4.497299766	4.828521824	43.54032819
-2.963524298	0.289552024	8.866316637



รูปที่ 2.12 แผนภาพขั้นตอนการทำงานอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.4.3 การสร้างฮาร์โมนีใหม่หรือการ Improvisation

การสร้างฮาร์โมนีใหม่ สามารถสร้างโดยอาศัยเทคนิค 3 เทคนิคคือ

1. การสุ่มเลือก (Random selection)

สำหรับการสร้างตัวแปรฮาร์โมนีใหม่ x_i^{new} สำหรับเซตของฮาร์โมนีใหม่ $x^{new} = (x_1^{new}, \dots, x_n^{new})$ ทำโดยการสุ่มค่าจากค่าของตัวแปรที่เป็นไปได้ทั้งหมด $\{x_i(1), \dots, x_i(k), \dots, x_i(K_i)\}$ หรือ $x_i^L \leq x_i \leq x_i^U$ ด้วยความน่าจะเป็นเท่ากับ $1-HMCR$

2. การพิจารณาหน่วยความจำ (Memory considering)

ขั้นต่อมาถ้าค่าความน่าจะเป็นเท่ากับน้อยกว่า HMCR จะทำการสุ่มค่า x_j^i จาก $HM = (x_1^j, \dots, x_i^{HMS})$ โดยที่ค่า j ได้จากการสุ่มค่าจากจำนวนของตัวแปรทั้งหมดคือตั้งแต่ 1 ถึง HMS

3. การปรับระดับเสียง (Pitch adjustment)

เมื่อได้ตัวแปรฮาร์โมนีใหม่ x_i^{new} สามารถปรับเปลี่ยนค่าฮาร์โมนีใหม่ได้จากการพิจารณาค่า PAR โดยถ้าสุ่มค่า (เปอร์เซ็นต์) มีค่าน้อยกว่าค่า PAR ก็จะทำให้ทำการปรับค่าระดับเสียง สำหรับค่าตัวแปรแบบไม่ต่อเนื่องจะทำการปรับโดยการบวกค่าเข้าไป ซึ่งถ้า $x_i(k) = x_i^{new}$ ก็จะทำให้ได้ค่า $x_i(k+m)$ โดยที่ค่า $m \in \{-1, 1\}$ ถ้าเป็นตัวแปรแบบต่อเนื่องจะได้ค่า $x_i^{new} + (\text{rand}() * bw)$ โดยที่ค่า bw คือค่าแบนด์วิธ และ $\text{rand}()$ คือฟังก์ชันสำหรับการสุ่มค่าระหว่าง 0 และ 1

ตัวอย่างการสร้างฮาร์โมนีเช่น เมื่อพิจารณาตัวแปรของฮาร์โมนีทุกตัวและจะทำการเปรียบเทียบกับค่าของ HMCR ซึ่งถ้ามีค่ามากกว่าจะไม่มีพิจารณาหลังจากนั้นจะเปรียบเทียบกับค่า PAR ซึ่งถ้ามีค่ามากกว่าจะไม่มีพิจารณาเช่นกัน จากตัวอย่างเมื่อทำการพิจารณาตัวแปรตัวที่ 1 ของฮาร์โมนีทุกตัวจะได้ค่าตัวแปรของฮาร์โมนีตัวที่ 2 ซึ่งมีค่าเท่ากับ -3.081427868847 และเมื่อทำการสุ่มค่าเพื่อเปรียบเทียบกับ ค่า PAR แล้วมีค่าน้อยกว่า ก็จะเข้าสู่ขั้นตอนการปรับค่าโดยจะเริ่มต้นด้วยการหาค่าแบนด์วิธซึ่งหาได้จาก

$$\text{แบนด์วิธ} = 10\% * \text{ค่าสุ่มระหว่าง } (-5.12 \text{ ถึง } 5.12) = -0.4376199$$

ดังนั้นค่าของตัวแปรตัวที่ 1 ของฮาร์โมนีตัวที่ 2 มีค่าเท่ากับ

$$-3.780794891687 + (-0.4376199) = -3.519047737121$$

ต่อมาก็จะเป็นการพิจารณาค่าตัวแปรตัวที่ 2 ก็จะมีวิธีการเหมือนกับที่กล่าวมา เมื่อพิจารณาจนครบทุกตัวแปรจะทำให้ได้ฮาร์โมนีใหม่คือ -3.519047737121 และ -0.217824280262] โดยมีค่า

cost เท่ากับ 12.431144393212

2.4.4 การปรับปรุงฮาร์โมนีใน HM

ถ้าเวกเตอร์ฮาร์โมนีตัวใหม่ $x^{new} = (x_1^{new}, \dots, x_n^{new})$ มี cost ต่ำกว่าเวกเตอร์ฮาร์โมนีตัวที่แย่ที่สุดใน HM จะทำการเพิ่มเวกเตอร์ฮาร์โมนีตัวใหม่ใน HM และเอาฮาร์โมนีตัวที่แย่ที่สุดออกจาก HM

จากตัวอย่างที่ผ่านมาจะทำการเปรียบเทียบ cost ของฮาร์โมนีใน HM กับ ฮาร์โมนีใหม่

ตารางที่ 2.12 ตัวอย่างฮาร์โมนีใน HM และฮาร์โมนีที่สร้างใหม่

	x	y	cost
ฮาร์โมนี 1	-1.751076835	3.566982903	15.78963711
ฮาร์โมนี 2	-3.081427869	-3.508880471	21.80743987
ฮาร์โมนี 3	4.497299766	4.828521824	43.54032819
ฮาร์โมนี 4	-2.963524298	0.289552024	8.866316637
ฮาร์โมนีใหม่	-3.519047737	-0.21782428026	12.431144393

ตารางที่ 2.13 ตัวอย่างฮาร์โมนีใน HM หลังจากคัดฮาร์โมนีตัวแย่ที่สุดออกไป

	x	y	Cost
ฮาร์โมนี 1	-1.751076835	3.566982903	15.78963711
ฮาร์โมนี 2	-3.081427869	-3.508880471	21.80743987
ฮาร์โมนี 3	-3.519047737	-0.21782428026	12.431144393
ฮาร์โมนี 4	-2.963524298	0.289552024	8.866316637

ตารางที่ 2.14 ตัวอย่างฮาร์โมนีใน HM หลังจากรอบที่ 2

	x	Y	Cost
ฮาร์โมนี 1	2.931262006	3.223207192	18.98136155
ฮาร์โมนี 2	-3.519047737	-0.21782428	12.43114439
ฮาร์โมนี 3	-2.963524298	0.289552024	8.866316637
ฮาร์โมนี 4	-0.426478386	-1.317389131	1.917397935

ตารางที่ 2.15 ตัวอย่างฮาร์โมนีใน HM หลังจากรอบที่ 3

	x	y	Cost
ฮาร์โมนี 1	-3.519047737	-0.21782428	12.43114439
ฮาร์โมนี 2	-2.963524298	0.289552024	8.866316637
ฮาร์โมนี 3	-0.426478386	-1.317389131	1.917397935
ฮาร์โมนี 4	-0.426478386	0.370800197	0.3193766

ตารางที่ 2.16 ตัวอย่างฮาร์โมนีใน HM ในรอบสุดท้าย

	x	Y	Cost
ฮาร์โมนี 1	-0.426478386	0.370800197	0.3193766
ฮาร์โมนี 2	0.331988543	0.421823651	0.288151585
ฮาร์โมนี 3	0.331988543	0.370800197	0.247709179
ฮาร์โมนี 4	0.321950614	-0.070437104	0.108613584

2.4.5 การตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน

อัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีจะหยุดการทำงานเมื่อตรงกับเงื่อนไขหยุดการทำงานคือครบรอบการทำงานที่ตั้งไว้ แต่ถ้าไม่ตรงกับเงื่อนไข ก็จะทำซ้ำตามขั้นตอนที่ 3 และ 4 ตามลำดับสำหรับตัวแปรในรูปที่ 2.14 ในขั้นตอนที่ 3 ได้แก่

- 1.NHV คือ ฮาร์โมนีตัวใหม่
- 2.rand() คือ การสุ่มค่าระหว่าง 0 ถึง 1
- 3.randV() คือ การสุ่มค่าโดยการกำหนดค่าต่ำสุดและสูงสุด
- 4.lbound คือ ขอบเขตค่าต่ำสุด
- 5.ubound คือ ขอบเขตค่าสูงสุด

2.5 การค้นหาแบบเมตาฮีริสติก (Metaheuristics)

เป็นขั้นตอนวิธีหาคำตอบที่ดีที่สุดโดยอาศัยหลักการประมาณคำตอบที่ดีที่สุด ตัวอย่างขั้นตอนวิธีต่างๆ ในกลุ่มนี้ได้แก่ ซิมูเลตเตดแอนนิลลิ่ง (Simulated Annealing), การค้นหาแบบทาบู (Taboo Search), โครงข่ายประสาทเทียม (Neural Network), เจเนติกอัลกอริทึม, Ant Colony Optimization และ Particle Swarm Optimization เป็นต้น ขั้นตอนการทำงานหลักของขั้นตอนวิธีใน

กลุ่มนี้คือการสร้างกลุ่มของวิธีการค้นหาคำตอบ โดยมีฟังก์ชันของการค้นหาที่รวมกันระหว่างการค้นหาแบบ Stochastic และปัญญาประดิษฐ์ โดยขั้นตอนค้นหาดังกล่าวจะถูกทำซ้ำไปมาจนตรงกับเงื่อนไขหยุดการทำงาน ตัวอย่างงานวิจัยการทำงานร่วมกันระหว่างเจเนติกอัลกอริทึมและวิธีการแบบเมตาฮิวริสติกแบบอื่น เช่น

2.5.1 A Hybrid Real-parameter Genetic Algorithm for Function Optimization

A Hybrid Real-parameter Genetic Algorithm for Function Optimization (Hwang, S. and He, R., 2005) เป็นการนำจุดเด่นของเจเนติกอัลกอริทึมและซิมูเลทเตดแอนนิลลิ่งมาทำงานร่วมกันและปรับเปลี่ยนกระบวนการเพื่อให้มั่นใจว่าจะทำให้ได้คำตอบที่ดีและปรับปรุงความเร็วของกระบวนการในการเคลื่อนที่เข้าสู่คำตอบที่เป็นค่าที่ดีที่สุด

สำหรับขั้นตอนการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมนั้นจะใช้ค่าจริงเพื่อลดเวลาสำหรับขั้นตอนการเข้ารหัสหรือถอดรหัส และจะทำการปรับเปลี่ยนการทำงานในส่วนของเจเนติกอัลกอริทึมคือการครอสโอเวอร์และการกลายพันธุ์ ซึ่งสำหรับขั้นตอนการครอสโอเวอร์ของเจเนติกอัลกอริทึมนั้นจะมีรูปแบบของการครอสโอเวอร์ทั้งหมด 4 แบบและผสมการทำงานเข้ากับซิมูเลทเตดแอนนิลลิ่ง โดยการแบ่งโครโมโซมออกเป็น 2 ส่วนเท่าๆกัน โดยครึ่งหนึ่งจะเข้าสู่การครอสโอเวอร์ตามขั้นตอนทางเจเนติกอัลกอริทึม และเข้าสู่ขั้นตอนการกลายพันธุ์ด้วยซิมูเลทเตดแอนนิลลิ่ง ส่วนอีกครึ่งหนึ่งเข้าสู่ขั้นตอนการกลายพันธุ์ของเจเนติกอัลกอริทึม หลังจากนั้นก็ทำการหาค่า cost ของโครโมโซมทั้งหมดและเข้าสู่ขั้นตอนของซิมูเลทเตดแอนนิลลิ่ง และจะมีการเปรียบเทียบค่าของความน่าจะเป็นของการครอสโอเวอร์และการกลายพันธุ์ในแต่ละรอบตามลำดับ เพื่อหาค่าความน่าจะเป็นที่สอดคล้องกับขอบเขตของการค้นหาในแต่ละรอบการทำงาน ผลจากการทดลองหาค่าที่ดีที่สุดของสมการจากฟังก์ชันที่ใช้ทดสอบ โดยใช้การทำงานร่วมกันระหว่างเจเนติกอัลกอริทึมและซิมูเลทเตดแอนนิลลิ่งเปรียบเทียบกับการทำงานโดยใช้เจเนติกอัลกอริทึมเพียงอย่างเดียว สามารถหาคำตอบได้ใกล้เคียงค่าที่ดีที่สุดเพิ่มมากขึ้น ใช้เวลาในการเคลื่อนที่ค่าที่ดีที่สุดเร็วขึ้น และเพิ่มความสามารถในการเคลื่อนที่ออกจากพื้นที่เฉพาะได้

2.5.2 A Genetic Algorithm with Tabu Search for Multimodal and Multiobjective Function Optimization

A Genetic Algorithm with Tabu Search for Multimodal and Multiobjective Function Optimization (Takahashi, M. and Kurahashi, S., 2007) สำหรับงานวิจัยนี้นำเสนออัลกอริทึมใหม่ ซึ่งแตกต่างจากการรวมการทำงานแบบเก่าระหว่างเจเนติกอัลกอริทึมและการค้นหาแบบทาบู ซึ่งใช้เจเนติกอัลกอริทึมสำหรับการค้นหาในพื้นที่ทั่วไปและใช้การค้นหาแบบทาบูทำการค้นหาในพื้นที่

เฉพาะ งานวิจัยนี้ใช้การเก็บค่าที่ดีที่สุดที่ได้ในแต่ละรอบของการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมเก็บไว้ในทาบูลิสต์ ซึ่งทาบูลิสต์จะทำการจัดขวางคำตอบที่มีค่าเหมือนกันที่อาจถูกเลือกขึ้นมาได้อีก กล่าวคือป้องกันการค้นหาซ้ำในพื้นที่ที่เคยทำการค้นหาและให้ค่าที่ดีที่สุดมาแล้ว ถึงแม้ว่าการทำงานดูเหมือนจะง่าย แต่ก็สามารถทำงานได้กับปัญหาที่เป็นฟังก์ชันหลายรูปแบบและหลายวัตถุประสงค์ด้วยวิธีการเดียวกัน

สำหรับแนวคิดการทำงานแบบพื้นฐานของอัลกอริทึมนี้คือการเก็บค่าที่ดีที่สุดในแต่ละรอบการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมเก็บไว้ในทาบูลิสต์แบบระยะยาวและทาบูลิสต์ระยะสั้น ซึ่งจะจัดขวางการถูกเลือกขึ้นมาเป็นคำตอบในหลายๆครั้ง ทาบูลิสต์หรือข้อจำกัดทาบูลิสต์จะช่วยลดความน่าจะเป็นในการเคลื่อนที่เข้าสู่พื้นที่เฉพาะในรอบของการทำงานในช่วงแรกๆ ซึ่งจะทำให้การค้นหาสามารถเคลื่อนที่ไปยังพื้นที่ต่างๆที่อาจจะให้คำตอบที่เป็นค่าที่ดีกว่าหรือคำตอบที่หลากหลายกว่า ซึ่งผลลัพธ์สุดท้ายจะถูกรวมเก็บไว้ในทาบูลิสต์ นั้นหมายความว่า จะได้คำตอบที่ดีจากพื้นที่ที่หลากหลาย ซึ่งจะถูกเก็บไว้เป็นสำหรับปัญหาแบบหลายวัตถุประสงค์และปัญหาที่เป็นฟังก์ชันหลายรูปแบบ

สำหรับผลการทดลองเมื่อเปรียบเทียบกับการทำงานแบบเจเนติกอัลกอริทึมเพียงอย่างเดียว โดยใช้ฟังก์ชัน Sin, ฟังก์ชัน Rastrigin, ฟังก์ชัน FM sound parameter และฟังก์ชัน Multiobjective สำหรับผลของการทำงานกับเจเนติกอัลกอริทึมเพียงอย่างเดียวพบว่าค่าที่ได้ขาดความหลากหลาย และมีแนวโน้มที่จะได้คำตอบที่เป็นค่าที่ดีที่สุดเฉพาะพื้นที่ ในขณะที่ผลของการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมที่ประยุกต์กับการค้นหาแบบทาบูลิสต์สามารถค้นหาได้ในพื้นที่ที่กว้างขึ้นและสามารถหลีกเลี่ยงจากการติดอยู่กับพื้นที่เฉพาะได้ ซึ่งทำให้ประสิทธิภาพในการหาค่าที่ดีที่สุดเพิ่มขึ้น

2.5.3 การประยุกต์ใช้เทคนิคซัพเฟิลพรอกลิปิงเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการทำงานของมีมีติกอัลกอริทึม

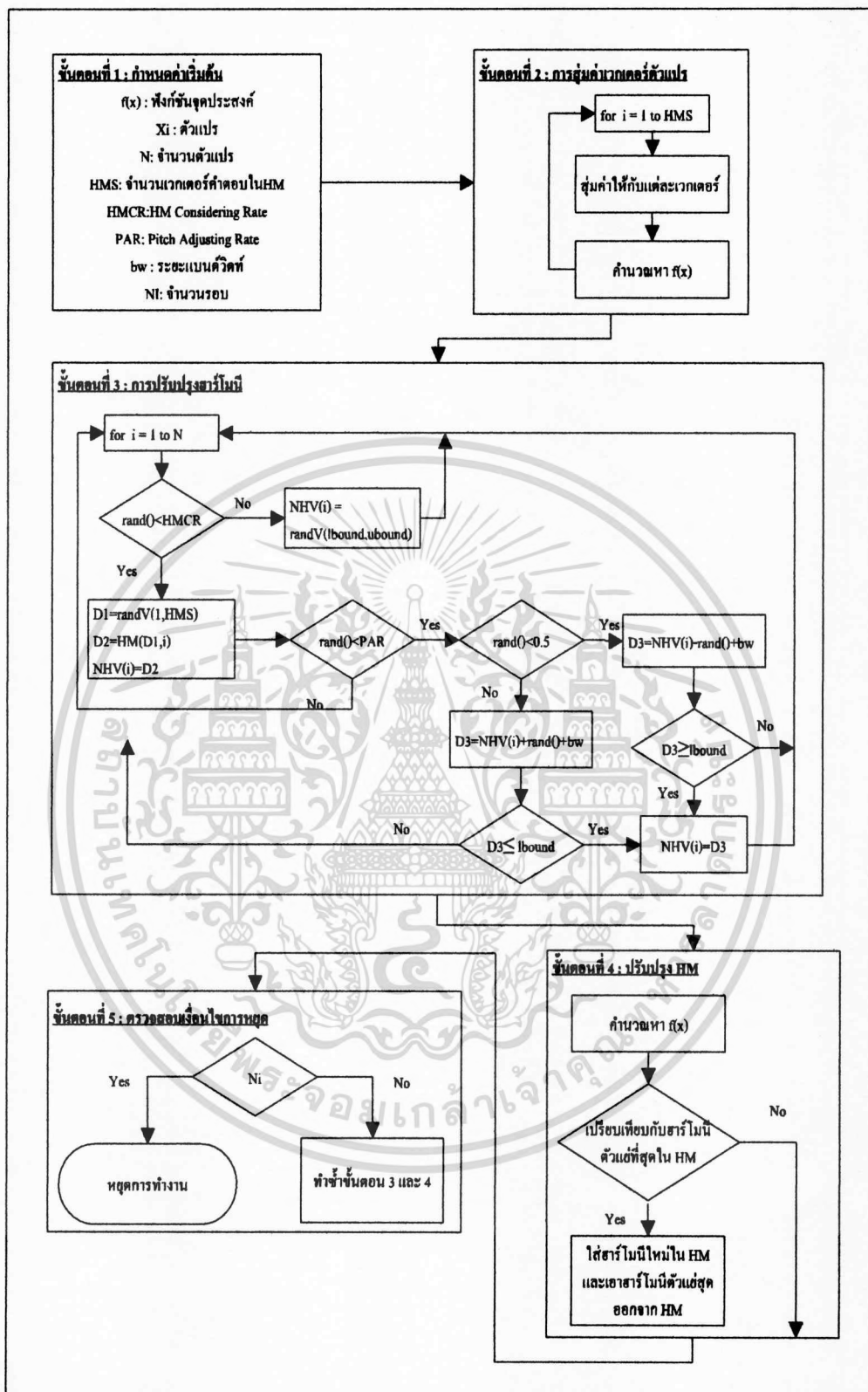
การประยุกต์ใช้เทคนิคซัพเฟิลพรอกลิปิงเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการทำงานของมีมีติกอัลกอริทึม (สุภคานดา ชมพูนิง และคณะ, 2550) เป็นการศึกษาเพื่อพัฒนาประสิทธิภาพให้กับขั้นตอนวิธีมีมีติก (Memetic Algorithm: MA) โดยการใช้เทคนิคการค้นหาแบบเฉพาะที่คือเทคนิคซัพเฟิลพรอกลิปิงเข้ากับเจเนติกอัลกอริทึม เพื่อปรับปรุงคุณภาพของคำตอบให้มีค่าที่ดีขึ้นเข้าใกล้ค่าที่ดีที่สุดมากขึ้น

สำหรับขั้นตอนการทำงานของเทคนิคซัพเฟิลพรอกลิปิงเป็นวิธีการศึกษาและคัดสรรความแข็งแรงของกบ และจะทำหลังจากขั้นตอนการกลายพันธุ์ของเจเนติกอัลกอริทึม เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการทำงาน โดยจะเริ่มจากการกำหนดจำนวนของกบ และกำหนดค่าความแข็งแรงของ

กบ และเรียงลำดับความแข็งแรงของกบแต่ละตัวจากมากไปน้อย จากนั้นจึงแบ่งกลุ่มของกบเป็นกลุ่มย่อยๆ ซึ่งเรียกว่ามีมีเพล็ก (Memeplex) โดยแต่ละมีมีเพล็ก จะถูกจัดสรรจำนวนกบลงไปในกลุ่มนั้นก็จะทำการหาค่าความแข็งแรงของกบในแต่ละมีมีเพล็ก แล้วเรียงลำดับความแข็งแรงของกบในแต่ละมีมีเพล็ก ต่อจากนั้นก็ทำการปรับปรุงกบที่มีความแข็งแรงน้อยที่สุดในแต่ละมีมีเพล็กแล้วตรวจสอบความแข็งแรง ถ้ายังมีความแข็งแรงน้อยที่สุดก็จะทำการกำจัดกบตัวนั้นออกไปจากมีมีเพล็ก และจะซ้ำตามกระบวนการจนตรงกับเงื่อนไขหยุดการทำงาน

ผลจากการทำงานกับสมการพาราโบลา (Parabolic function) ซึ่งเป็นสมการ 3 ตัวแปรและสมการโพลิโนเมียล (Polynomial function) 2 ตัวแปร และนำผลที่ได้ไปวิเคราะห์ค่าทางสถิติเพื่อหาค่าพารามิเตอร์ที่มีผลต่อการหาค่าที่ดีที่สุด ผลจากการศึกษาเปรียบเทียบประสิทธิภาพกับเจเนติกอัลกอริทึม พบว่าขั้นตอนวิธีที่ศึกษามีประสิทธิภาพในการหาค่าตอบได้ดีกว่า โดยพิจารณาจากค่าตอบที่ได้เป็นค่าที่ใกล้เคียงกับค่าที่ดีที่สุดมากกว่าการใช้เจเนติกอัลกอริทึมเพียงอย่างเดียว แต่ใช้ระยะเวลาในการประมวลผลนานมากกว่าเล็กน้อย





รูปที่ 2.14 ขั้นตอนการทำงานของอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนิอย่างละเอียด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 3

วิธีการดำเนินการศึกษาการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึม

อัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

สำหรับการศึกษาและพัฒนาโครงการได้แยกการพัฒนาออกเป็น 3 ส่วนคือ

1. การศึกษาและพัฒนาโปรแกรมตามหลักการของเจเนติกอัลกอริทึม และทดสอบการทำงานโดยการหาค่าที่ดีที่สุดจากสมการของฟังก์ชันไม่เชิงเส้น
2. การศึกษาและพัฒนาโปรแกรมตามหลักการของอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีและทดสอบการทำงานโดยการหาค่าที่ดีที่สุดจากสมการของฟังก์ชันไม่เชิงเส้น
3. การศึกษาและพัฒนาเจเนติกอัลกอริทึม โดยการปรับปรุงการทำงานด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี และทดสอบการทำงานโดยการหาค่าที่ดีที่สุดจากสมการของฟังก์ชันไม่เชิงเส้น

โดยที่เป้าหมายหลักของโครงการนี้คือ การศึกษาหลักการของเจเนติกอัลกอริทึมและปรับปรุงประสิทธิภาพการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี โดยทำการทดสอบการทำงาน โดยการหาค่าที่ดีที่สุดจากสมการของฟังก์ชันไม่เชิงเส้น

3.1 การทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมเพื่อการหาค่าที่ดีที่สุดของฟังก์ชันไม่เชิงเส้น

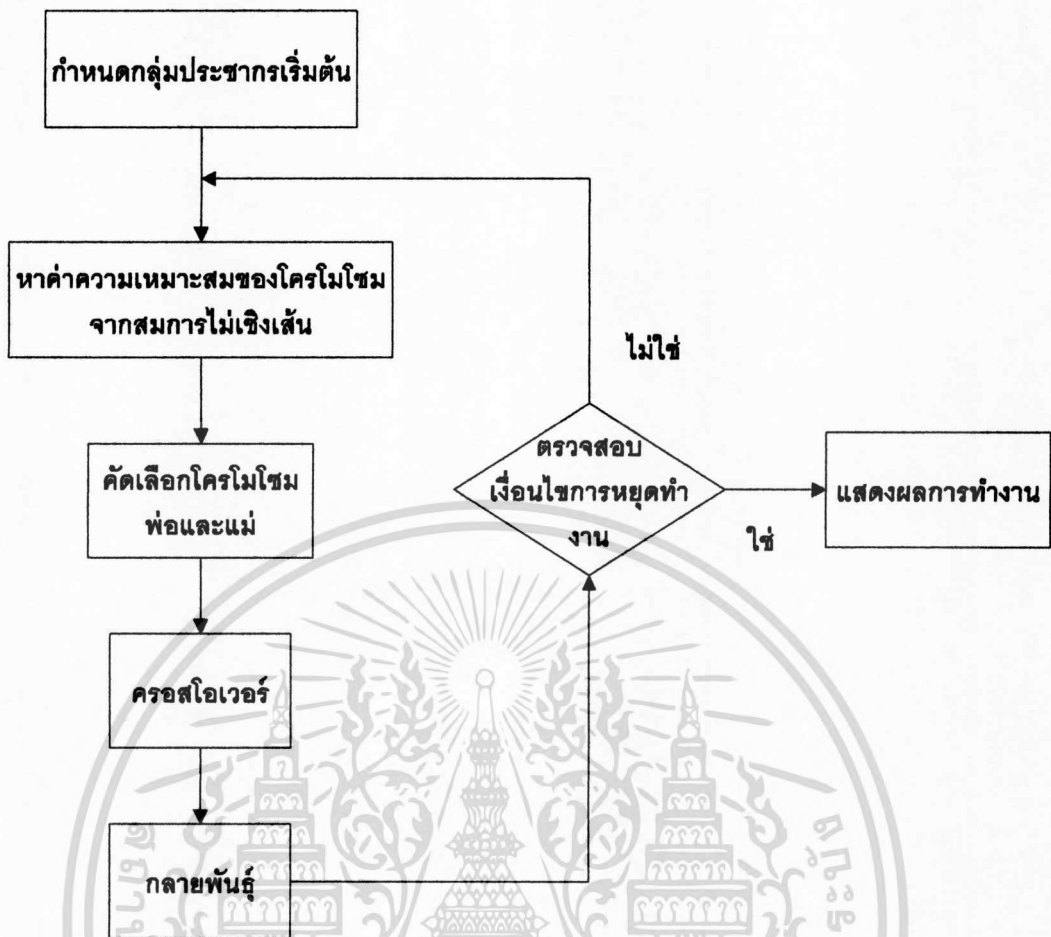
3.1.1 การกำหนดฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function) และค่าพารามิเตอร์

ฟังก์ชันความเหมาะสมในที่นี้ก็คือ ฟังก์ชันไม่เชิงเส้น ซึ่งกำหนดจุดประสงค์ให้หาค่าของตัวแปรที่ทำให้ค่าตอบจากสมการมีค่าที่ดีที่สุดคือค่าต่ำที่สุด โดยกำหนดฟังก์ชันไว้ 6 ฟังก์ชัน ได้แก่

1. ฟังก์ชัน Rastrigin
2. ฟังก์ชัน Sphere
3. ฟังก์ชัน Griewank
4. ฟังก์ชัน Rosenbrock
5. ฟังก์ชัน Schwefel
6. ฟังก์ชัน Michalewicz

และกำหนดค่าอัตราการครอสโอเวอร์เท่ากับ 0.8 , อัตราการกลายพันธุ์เท่ากับ 0.05, จำนวนประชากรเท่ากับ 20, จุดการครอสโอเวอร์เท่ากับ 1 และจำนวนรอบของวิวัฒนาการเท่ากับ 2000

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 3.1 ขั้นตอนการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึม

3.1.2 การกำหนดรูปแบบของโครโมโซม

ใช้การเข้ารหัสโดยใช้ค่าจริง (Value Encoding) โดยการกำหนดจำนวนจริงแทนค่าของตัวแปร เช่น

โครโมโซม 1 = {0.790540631185, 0.400424974151, -0.991379316314}

โครโมโซม 2 = {0.0423243403631, -0.991379316314, -1.89911991446}

3.1.3 การสร้างประชากรเริ่มต้น

การกำหนดประชากรเริ่มต้น เริ่มต้นจากการสร้างโครโมโซมและขึ้นตามจำนวนที่กำหนด และทำการสุ่มค่าจำนวนจริงให้กับยีนของแต่ละโครโมโซม ตัวอย่างเช่น กำหนดให้มีประชากรตั้งต้นเท่ากับ 20 และมีจำนวนตัวแปรเท่ากับ 3 จะได้โครโมโซมดังนี้

ตารางที่ 3.1 ตัวอย่างการกำหนดประชากรเริ่มต้น

X1	X2	X2	cost
0.04232434	3.948911981	-1.899119914	19.20235363
4.678264565	-2.213358086	-4.370205679	45.88381103
-3.720907516	-0.657577241	-4.916356339	38.44812022
2.752781743	-1.262581328	-2.947836737	17.86166036
-2.444190358	0.348662622	-4.358775482	25.09455583
-3.133962883	0.88133837	-3.043857893	19.86355155
2.358048299	-0.991379316	-0.403421533	6.705973665
-0.015934842	0.766019824	3.778817663	14.86650322
-4.754839492	2.583683909	4.126231594	46.3097083
2.314886173	-4.693297143	-4.866005845	51.06374895
1.6230562	-3.461538395	-3.606921248	27.62644038
0.790540631	-2.257696155	0.400424974	5.882486579
3.218873347	3.737148012	3.856719088	39.20170302
2.646284059	-3.608321761	-2.025989455	24.12743853
0.646487119	-4.940051837	4.938789215	49.21369666
0.574873765	-2.445570029	0.43492182	6.500449602
-2.585366863	3.266758689	-0.100937011	17.36602243
-3.35473597	0.991109264	-1.951112441	16.04339076
4.432939329	-5.061740818	-1.937107843	49.024558
-0.557937577	4.313104057	0.322958005	19.01846282

3.1.4 การคัดเลือกโครโมโซมพ่อและแม่

สำหรับการคัดเลือกโครโมโซมพ่อและแม่ ขั้นตอนแรกจะทำการจัดเรียงลำดับของโครโมโซมตั้งต้นตามค่าความเหมาะสม โดยโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมดีที่สุดจะมีโอกาสในการถูกคัดเลือกเพื่อเป็นโครโมโซมพ่อและแม่มากที่สุด รายละเอียดของกระบวนการทำงานมีดังนี้

1. การจัดเรียงลำดับโครโมโซมตามความเหมาะสม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

เป็นการจัดเรียงลำดับของโครโมโซมตามจุดประสงค์ของฟังก์ชันค่าเหมาะสม ซึ่งในที่นี้คือการหาค่าต่ำสุด ดังนั้นจะทำการจัดเรียงลำดับโครโมโซมจากค่าต่ำสุดไปหาค่าสูงสุด

ตารางที่ 3.2 ค่าโครโมโซมหลังจากจัดเรียงลำดับตามความเหมาะสม

X1	X2	X3	Cost
0.790541	-2.2577	0.400425	5.882487
0.574874	-2.44557	0.434922	6.50045
2.358048	-0.99138	-0.40342	6.705974
-0.01593	0.76602	3.778818	14.8665
-3.35474	0.991109	-1.95111	16.04339
-2.58537	3.266759	-0.10094	17.36602
2.752782	-1.26258	-2.94784	17.86166
-0.55794	4.313104	0.322958	19.01846
0.042324	3.948912	-1.89912	19.20235
-3.13396	0.881338	-3.04386	19.86355
2.646284	-3.60832	-2.02599	24.12744
-2.44419	0.348663	-4.35878	25.09456
1.623056	-3.46154	-3.60692	27.62644
-3.72091	-0.65758	-4.91636	38.44812
3.218873	3.737148	3.856719	39.2017
4.678265	-2.21336	-4.37021	45.88381
-4.75484	2.583684	4.126232	46.30971
4.432939	-5.06174	-1.93711	49.02456
0.646487	-4.94005	4.938789	49.2137
2.314886	-4.6933	-4.86601	51.06375

2. การกำหนดค่าความน่าจะเป็นในการถูกเลือกให้แก่แต่ละโครโมโซม โดยคำนวณจาก

$$\text{ค่าความน่าจะเป็นในการถูกเลือก} = \frac{\text{ค่าความเหมาะสมของโครโมโซม/ผลรวมค่าความเหมาะสมของโครโมโซมทั้งหมด}}{\quad} \quad (3.1)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.3 ตัวอย่างช่วงของความน่าจะเป็นในการถูกเลือกของโครโมโซม

โครโมโซม ลำดับที่	ช่วงของค่าความน่าจะเป็นในการถูกเลือก
Chromosome1	0-0.148621503
Chromosome2	0.148621504-0.283114355
Chromosome3	0.283114356-0.413485284
Chromosome4	0.413485285-0.472292943
Chromosome5	0.472292944-0.526786666
Chromosome6	0.526786667-0.577130041
Chromosome7	0.577130042-0.626076447
Chromosome8	0.626076448-0.672045682
Chromosome9	0.672045683-0.717574696
Chromosome10	0.717574697-0.761588181
Chromosome11	0.761588182-0.797823441
Chromosome12	0.797823442-0.832662229
Chromosome13	0.83266223-0.864308148
Chromosome14	0.864308149-0.887046946
Chromosome15	0.887046947-0.909348634
Chromosome16	0.909348635-0.928402502
Chromosome17	0.928402503-0.947281135
Chromosome18	0.947281136-0.965114321
Chromosome19	0.965114322-0.982878969
Chromosome20	0.98287897-1

3.1.5 การครอสโอเวอร์

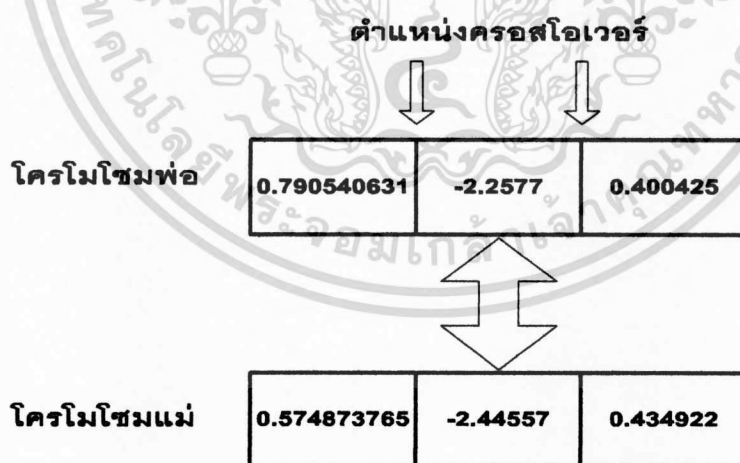
เริ่มจากการสุ่มค่าเพื่อใช้ในการเปรียบเทียบกับค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์ สมมติว่ากำหนดค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์เท่ากับ 0.8 ถ้าสุ่มค่าได้เท่ากับ 0.245868992145 เมื่อเปรียบเทียบกับ 0.8 ซึ่งมีค่าน้อยกว่า แสดงว่ามีการครอสโอเวอร์เกิดขึ้น และจะทำการเปรียบเทียบในทุกๆคู่ของโครโมโซมพ่อและแม่

ขั้นตอนต่อมาเป็นการสุ่มค่าเพื่อหาตำแหน่งครอสโอเวอร์ ซึ่งมีความสัมพันธ์กับจำนวนตำแหน่งที่จะ ครอสโอเวอร์ ตัวอย่างกำหนดให้จำนวนตำแหน่งที่จะครอสโอเวอร์มีค่าเท่ากับ 2 จะเริ่มจากการสุ่มค่าขึ้นมา 2 ค่าเพื่อเป็นตำแหน่งที่จะครอสโอเวอร์ จากตัวอย่างที่ผ่านมาจำนวนตัวแปรที่มีค่าเท่ากับ 3 ดังนั้นตำแหน่งที่จะทำการครอสโอเวอร์จะมีค่าเท่ากับตำแหน่งที่ 1 และ 2



รูปที่ 3.2 ตำแหน่งที่ทำการครอสโอเวอร์

ส่วนที่เป็นสีดำคือส่วนที่จะทำการครอสโอเวอร์ซึ่งในที่นี้คือ ค่าของตัวแปรตัวที่ 2 ตัวอย่างการครอสโอเวอร์ ที่ตำแหน่ง 1 และ 2



รูปที่ 3.3 ตัวอย่างการครอสโอเวอร์ที่ตำแหน่ง 1 และ 2

จะได้ค่าของตัวแปรใหม่ หลังจากครอสโอเวอร์ดังนี้

โครโมโซมพ่อ	0.790540631	<u>-2.44557</u>	0.400425
โครโมโซมแม่	0.574873765	<u>-2.2577</u>	0.434922

รูปที่ 3.4 ค่าของโครโมโซมที่เปลี่ยนไปหลังจากครอสโอเวอร์

3.1.6 การกลายพันธุ์

เริ่มจากการสุ่มค่าเพื่อเปรียบเทียบค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ ถ้าค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ที่ได้จากการสุ่มมีค่าน้อยกว่าค่าที่กำหนด ก็จะทำการกลายพันธุ์ขึ้นหรือตัวแปรนั้น โดยการสุ่มค่าใหม่ให้กับตัวแปรนั้นๆ แต่ถ้าค่าที่สุ่มมีค่ามากกว่าจะไม่มีการกลายพันธุ์ ตัวอย่างเช่น สมมติกำหนดค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์เท่ากับ 0.005 แล้วสุ่มค่าความน่าจะเป็นได้ 0.00012 ซึ่งเมื่อเปรียบเทียบกับ 0.005 แล้วมีค่าน้อยกว่า ดังนั้นจะทำการกำหนดค่าใหม่เพื่อกำหนดให้กับตัวแปรนั้น ซึ่งค่าใหม่หาได้จาก

$$\text{ค่าใหม่} = \text{ค่าสุ่มในช่วง } (\pm 5\% \text{ ของค่าโครโมโซมเก่า} + \text{ค่าโครโมโซมเก่า}) \quad (3.2)$$

ก่อนกลายพันธุ์	-3.13396288	0.88133837	-3.04385789	ค่าใหม่หลังจาก กลายพันธุ์
หลังกลายพันธุ์	-3.13396288	0.88133837	-3.10473505	

รูปที่ 3.5 ตัวอย่างค่าของโครโมโซมหลังจากผ่านการกลายพันธุ์

จะเห็นว่าตรงตำแหน่งที่ 3 ค่าของตัวแปรได้เปลี่ยนไป

3.1.7 การคัดเลือกประชากรรุ่นถัดไป

หลังจากผ่านการกลายพันธุ์แล้วจะได้จำนวนโครโมโซมทั้งหมดเท่ากับจำนวนโครโมโซมเก่าบวกด้วยจำนวนโครโมโซมที่เกิดจากการครอสโอเวอร์ จากนั้นจะทำการจัดเรียงลำดับตามค่าความเหมาะสมและคัดเลือกจำนวนโครโมโซมที่เหลือเท่ากับจำนวนประชากรที่ตั้งไว้

ตารางที่ 3.4 ตัวอย่างลักษณะของโครโมโซมในรุ่นถัดไป

X1	X2	X3	Cost
0.790540631	-0.991379316	0.400424974	1.768127598
0.04232434	-0.991379316	-1.899119914	4.591280748
0.574873765	-2.213358086	0.43492182	5.418590853
0.790540631	-2.257696155	0.400424974	5.882486579
0.574873765	-2.445570029	0.43492182	6.500449602
2.358048299	-0.991379316	-0.403421533	6.705973665
2.358048299	-2.257696155	-0.403421533	10.82033265
2.358048299	2.273601554	-0.403421533	10.89240474
1.42598482	3.266758689	-0.100937011	12.71533332
-0.015934842	0.766019824	3.778817663	14.86650322
-0.015934842	0.88133837	3.778817663	15.05647417
-3.35473597	0.991109264	-1.951112441	16.04339076
-3.35473597	0.991109264	-1.951112441	16.04339076
-3.35473597	0.991109264	-1.951112441	16.04339076
-3.35473597	-1.262581328	-1.951112441	16.65520479
2.752781743	-0.657577241	-2.947836737	16.69995658
2.752781743	0.991109264	-2.947836737	17.24984632
-2.585366863	3.266758689	-0.100937011	17.36602243
-2.585366863	3.266758689	-0.100937011	17.36602243
2.752781743	-1.262581328	-2.947836737	17.86166036

3.1.8 เงื่อนไขการหยุดทำงาน

เป็นการตรวจสอบตามเงื่อนไขของการหยุด โดยการกำหนดไว้เป็นรอบของวิวัฒนาการ ค่าๆนี้เป็นค่าที่รับจากผู้ใช้ ถ้ายังไม่ตรงเงื่อนไขคือครบตามรอบการทำงานที่กำหนดไว้ ก็จะใช้โครโมโซมที่ได้จากขั้นตอนที่ผ่านมาเป็นประชากรตั้งต้นและทำซ้ำตามกระบวนการต่อไป จนครบจำนวนรอบที่ตั้งไว้

3.2 อัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

สำหรับการทำงานของอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี มีแนวคิดมาจากการแต่งเพลงของนักดนตรี เพื่อหาเสียงดนตรีที่เหมาะสมของเครื่องดนตรีแต่ละชนิดในการเล่นพร้อมกันเป็นวงดนตรี ในการประยุกต์ใช้สำหรับการหาค่าที่ดีที่สุดของฟังก์ชันไม่เชิงเส้น จะทำการแทนค่าตัวแปรแต่ละตัวด้วยเสียงดนตรี และจะทำการปรับปรุงเสียงดนตรีแต่ละแบบจนได้ค่าที่ดีที่สุด ซึ่งเปรียบเทียบกับได้กับเป้าหมายของฟังก์ชันจุดประสงค์เช่นการหาค่าน้อยสุดหรือมากที่สุดจากสมการของฟังก์ชันไม่เชิงเส้นนั่นเอง รายละเอียดของกระบวนการทำงานของอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีสำหรับการหาค่าที่ดีที่สุดของฟังก์ชันไม่เชิงเส้นมีขั้นตอนดังนี้

3.2.1 การกำหนดฟังก์ชันจุดประสงค์และค่าพารามิเตอร์

สำหรับฟังก์ชันจุดประสงค์ก็คือสมการของฟังก์ชันไม่เชิงเส้น โดยมีเป้าหมายการทำงานโดยการหาค่าต่ำสุดจากสมการ โดยสมการของฟังก์ชันที่ใช้ในการทดสอบการทำงานมีทั้งหมด 6 สมการด้วยกันตามหัวข้อที่ 3.1 ส่วนค่าพารามิเตอร์สำหรับการค้นหาแบบฮาร์โมนีกำหนดค่า HMCR มีค่าเท่ากับ 0.9 และค่า PAR มีค่าเท่ากับ 0.3

3.2.2 การสุ่มค่าให้กับตัวแปรเริ่มต้นใน HM

การกำหนดค่าให้กับตัวแปรเริ่มต้น จะทำการสุ่มค่าในช่วงที่กำหนดจากสมการไม่เชิงเส้น ตัวอย่างเช่น จากสมการจากฟังก์ชันของ Sphere กำหนดค่าในช่วง -5.12 ถึง 5.12 และกำหนดจำนวนของตัวแปรเท่ากับ 20 จะทำให้ค่าตัวแปรเริ่มต้นตามตารางที่ 3.5

3.2.3 การสร้างฮาร์โมนี

เริ่มต้นจากการเปรียบเทียบค่าของ HMCR โดยทำการสุ่มค่าระหว่าง 0 ถึง 1 ถ้าค่าที่สุ่มได้มีค่ามากกว่าค่า HMCR ก็จะทำการสร้างฮาร์โมนีใหม่จากการสุ่มค่าในช่วงที่กำหนด

แต่ถ้าค่าที่สุ่มได้มีค่าน้อยกว่า HMCR เช่น สุ่มได้ค่า 0.8 ซึ่งน้อยกว่าค่าของ HMCR ก็จะเข้าสู่กระบวนการดังนี้คือ

1. สุ่มค่าระหว่าง 1 ถึงจำนวนฮาร์โมนีทั้งหมดใน HM

เช่น จำนวนฮาร์โมนีมีค่า 20 ตัว ก็จะทำการสุ่มค่าระหว่าง 1 ถึง 20 สมมติสุ่มได้ 5 เก็บค่านี้ไว้ในหน่วยความจำชั่วคราว

2. เลือกค่าของตัวแปรจาก HM โดยการดูจากตัวแปรที่กำลังทำการพิจารณาและตัวแปรที่สุ่มได้จากขั้นตอนที่ 1 เช่น จากขั้นตอน 1 ที่สุ่มค่าเท่ากับ 5 และตัวแปรที่ทำการพิจารณาคือตัวที่ 1 ดังนั้นค่าใหม่ที่ได้อาจจะมีค่าเท่ากับค่าของตัวแปรตัวที่ 1 ในฮาร์โมนีตัวที่ 5

ขั้นตอนต่อมาเป็นการปรับค่าเสียงในฮาร์โมนีหรือการปรับค่าตัวแปรในฮาร์โมนี จะเริ่มต้นจากการทำการสุ่มค่าเพื่อทำการเปรียบเทียบกับค่า PAR ถ้าค่าที่สุ่มได้มีค่าน้อยกว่าหรือเท่ากับ PAR ก็จะทำการปรับค่าตัวแปรนั้น ๆ โดยการปรับค่าตัวแปรใหม่จะมีค่าพารามิเตอร์ที่เกี่ยวข้องคือค่าแบนด์วิดท์ ซึ่งมีค่าเท่ากับ

$$\text{แบนด์วิดท์} = \text{ค่าสุ่มในช่วง } (\pm 5\% \text{ ของค่าตัวแปรเก่า} + \text{ค่าตัวแปรเก่า}) \quad (3.3)$$

การปรับค่าเสียงในฮาร์โมนีมีขั้นตอนการทำงานดังนี้

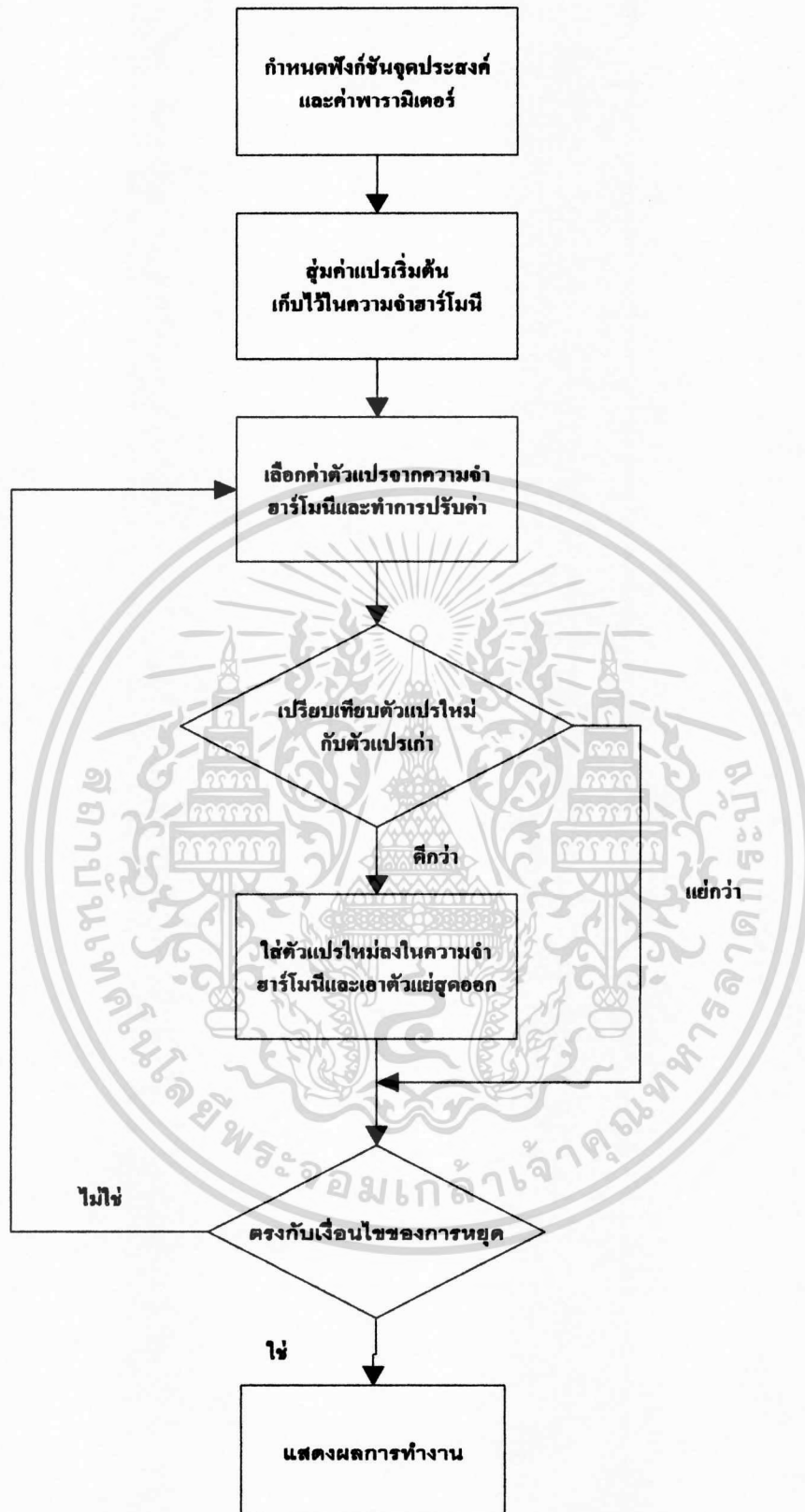
1. ทำการสุ่มค่าระหว่าง 0 ถึง 1 แล้วทำการเปรียบเทียบกับค่า 0.5 ถ้าค่าที่สุ่มได้มีค่าน้อยกว่า 0.5 และค่าตัวแปรเก่าบวกด้วยค่าแบนด์วิดท์มีค่ามากกว่าหรือเท่ากับค่าต่ำสุดที่เป็นไปได้ของตัวแปร ทำให้แปรใหม่มีค่าเท่ากับ

$$\text{ค่าตัวแปรใหม่} = \text{ค่าตัวแปรเก่า} - \text{ค่าแบนด์วิดท์} \quad (3.4)$$

2. ถ้าค่าที่สุ่มได้มีค่ามากกว่าหรือเท่ากับ 0.5 และค่าตัวแปรเก่าบวกด้วยค่าแบนด์วิดท์มีค่าน้อยกว่าหรือเท่ากับค่าต่ำสุดที่เป็นไปได้ของตัวแปร ทำให้ตัวแปรใหม่มีค่าเท่ากับ

$$\text{ค่าตัวแปรใหม่} = \text{ค่าตัวแปรเก่า} + \text{ค่าแบนด์วิดท์} \quad (3.5)$$

3. ขั้นตอนทั้งหมดจะทำซ้ำจนครบตามจำนวนตัวแปรที่ทำการพิจารณา



รูปที่ 3.6 ขั้นตอนการทำงานอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.5 ตัวอย่างค่าของตัวแปรของฮาร์โมนี

X1	X2	X3	cost
1.693279913260	-2.203469375205	-0.286375072135	7.804484834061
-0.606244037433	-2.761824940537	0.201783907507	8.035925580425
-2.989044655761	0.914161408373	-1.039612215049	10.850872592373
3.227451086044	1.329570055007	0.198062762618	12.223425901918
3.227451132846	-2.352206758163	0.113759405665	15.962258650443
-1.938307646223	1.329570100926	3.5764455788100	18.315756162876
3.348182777533	3.166593312307	-0.310930507327	21.334318897709
-1.363037646451	4.466481060677	-0.544444172635	22.103744148151
-4.166238879713	1.843881557846	-1.779957474106	23.925694211830
-3.730925845453	2.882249683291	-1.431698787879	24.276932320319
-0.654065373248	1.074865444207	-4.796574568597	24.590264827752
1.311596205845	4.932304477604	0.031177995219	26.048884134368
3.348182678222	-3.648129701614	-1.431698799133	26.568939017991
-3.591880444768	-0.074037306343	3.863319472681	27.832324000242
4.978906764918	-1.740987661695	-1.619676259318	30.443901796925
4.896760463714	2.882249593734	-0.310930520296	32.382303548034
4.569390749674	2.657839158818	2.367186130195	33.547010992356
1.206079128350	-3.608314680349	-4.401196174286	33.845089460823
1.860545891197	2.785020717487	4.959295964166	35.812587870281
-4.552427468035	3.789498533583	2.141426909967	39.670604198483

ตัวอย่างเช่น สุ่มได้ค่า 0.8 ซึ่งมีค่าน้อยกว่า HMCR และตัวแปรที่ทำการพิจารณาคือ 3.3481827775339 และค่าเบนควัดคือ 0.02368033 และค่าที่สุ่มอีกครั้งมีค่ามากกว่า 0.5 ดังนั้นค่าของตัวแปรใหม่จะมีค่าเท่ากับ

$$\text{ตัวแปรใหม่} = 3.348182777533 + 0.02368033 = 3.371863107533$$

และเมื่อทำการพิจารณาทุกตัวแปรในฮาร์โมนีจะทำให้ได้ฮาร์โมนีใหม่ดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.6 ตัวอย่างฮาร์โมนีใหม่

X1	X2	X3	cost
3.371862888336	1.074865460395	0.109722070395	12.536834028422

3.2.4 การปรับปรุง HM

เป็นการปรับปรุงฮาร์โมนีใน HM โดยเริ่มจากการหาฮาร์โมนีที่มีค่า cost ต่ำสุดใน HM และทำการเปรียบเทียบกับ cost ของฮาร์โมนีตัวใหม่ ถ้า cost ฮาร์โมนีตัวใหม่มีค่าน้อยกว่าก็จะเอาฮาร์โมนีตัวใหม่ใส่ไปใน HM และเอาฮาร์โมนีตัวที่แย่ที่สุดออกจาก HM

เช่น จากขั้นตอนที่ 3 ได้ cost ของฮาร์โมนีตัวใหม่เท่ากับ 12.536834028422 และ cost ของฮาร์โมนีตัวที่แย่ที่สุดในความจำของฮาร์โมนีมีค่าเท่ากับ 39.670604198483

ตารางที่ 3.7 ตัวอย่างฮาร์โมนีใหม่และฮาร์โมนีตัวที่แย่ที่สุดในความจำฮาร์โมนี

X1	X2	X3	cost
3.3718628883361	1.074865460395	0.109722070395	12.536834028422
-4.552427468035	3.789498533583	2.141426909967	39.670604198483

จะเห็นว่า cost ของฮาร์โมนีตัวใหม่มีค่าน้อยกว่าฮาร์โมนีตัวที่แย่ที่สุด ดังนั้นจะทำการเพิ่มฮาร์โมนีตัวใหม่ใน HM และทำการตัดฮาร์โมนีตัวที่แย่ที่สุดออกจาก HM จะทำให้ได้ความจำฮาร์โมนีใหม่ดังตารางที่ 3.8

ตารางที่ 3.8 ตัวอย่างฮาร์โมนีหลังจากการปรับปรุง

X1	X2	X3	cost
1.693279913260	-2.203469375205	-0.286375072135	7.804484834061
-0.606244037433	-2.761824940537	0.201783907507	8.035925580425
-2.989044655761	0.914161408373	-1.039612215049	10.850872592373
3.227451086044	1.329570055007	0.1980627626180	12.223425901918
3.371862888336	1.074865460395	0.1097220703959	12.536834028422
3.227451132846	-2.352206758163	0.113759405665	15.962258650443
-1.938307646223	1.329570100926	3.57644557881	18.315756162876

ตารางที่ 3.8 (ต่อ)

3.348182777533	3.166593312307	-0.310930507327	21.334318897709
-1.363037646451	4.466481060677	-0.544444172635	22.103744148151
-4.166238879713	1.843881557846	-1.779957474107	23.925694211830
-3.730925845453	2.882249683291	-1.431698787879	24.276932320319
-0.654065373248	1.074865444207	-4.796574568597	24.590264827752
1.311596205845	4.932304477604	0.031177995219	26.048884134368
3.348182678222	-3.648129701614	-1.431698799133	26.568939017991
-3.591880444768	-0.074037306343	3.863319472681	27.832324000242
4.978906764918	-1.740987661695	-1.619676259318	30.443901796925
4.896760463714	2.882249593734	-0.3109305202961	32.382303548034
4.569390749674	2.657839158819	2.367186130195	33.547010992356
1.206079128350	-3.60831468035	-4.4011961742868	33.845089460823
1.860545891197	2.785020717487	4.959295964166	35.81258787028

3.2.5 การตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน

เป็นการตรวจสอบตามเงื่อนไขของการหยุด โดยการกำหนดไว้เป็นรอบการทำงาน ค่านี้เป็นค่าที่รับจากผู้ใช้ ถ้ายังไม่ตรงเงื่อนไขคือครบตามรอบการทำงานที่กำหนดไว้ก็จะใช้ฮาร์โมนีที่อยู่ในความจำฮาร์โมนีในการทำซ้ำตามกระบวนการจนครบตามจำนวนรอบที่ตั้งไว้

3.3 การปรับปรุงประสิทธิภาพของเจเนติกอัลกอริทึมด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

การนำเอาอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีเพื่อปรับปรุงการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึม โดยจะใช้อัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีทำการค้นหาคำตอบในพื้นที่รอบ ๆ จุดที่เป็นคำตอบที่ได้จากเจเนติกอัลกอริทึม โดยกระบวนการทำงานของอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีจะเริ่มขึ้นหลังการตรวจสอบเงื่อนไขการหยุดของเจเนติกอัลกอริทึม ซึ่งถ้าหากไม่ตรงกับเงื่อนไขการหยุด ก็จะเข้ากระบวนการค้นหาแบบฮาร์โมนี โดยที่โครโมโซมจากเจเนติกอัลกอริทึมก็คือฮาร์โมนี และผลจากการค้นหาแบบฮาร์โมนีก็จะกลายเป็นโครโมโซมตั้งต้นของเจเนติกอัลกอริทึมในรอบถัดไป โดยรายละเอียดขั้นตอนการทำงานแต่ละส่วนมีดังนี้

3.3.1 การกำหนดฟังก์ชันจุดประสงค์และค่าพารามิเตอร์ตั้งต้นสำหรับเจเนติกอัลกอริทึมและอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

สำหรับฟังก์ชันจุดประสงค์ใช้ฟังก์ชันเดียวกันกับที่กำหนดในหัวข้อ 3.1 และจุดประสงค์คือการหาค่าต่ำสุดจากสมการของฟังก์ชันไม่เชิงเส้นตามที่ได้กำหนด ส่วนค่าพารามิเตอร์สำหรับอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีคือ HMCR เท่ากับ 0.9 และ PAR มีค่าเท่ากับ 0.3 ส่วนค่าพารามิเตอร์สำหรับเจเนติกอัลกอริทึมกำหนดค่าอัตราการครอสโอเวอร์เท่ากับ 0.8, อัตราการกลายพันธุ์เท่ากับ 0.05, จำนวนประชากรเท่ากับ 20, จุดการครอสโอเวอร์เท่ากับ 1 และจำนวนรอบของวิวัฒนาการเท่ากับ 2000

3.3.2 การกำหนดรูปแบบโครโมโซม

ใช้การเข้ารหัสโครโมโซมโดยค่าจริง เป็นจำนวนจริง

3.3.3 สร้างกลุ่มประชากรเริ่มต้น

โดยการสร้างประชากรตามที่กำหนด และทำการสุ่มค่าจำนวนจริงภายใต้เงื่อนไขที่กำหนดจากสมการของฟังก์ชันไม่เชิงเส้น ตัวอย่างเช่น กำหนดให้มีประชากรตั้งต้นเท่ากับ 20 และมีจำนวนตัวแปรเท่ากับ 3 จะได้โครโมโซมดังตารางที่ 3.9

ตารางที่ 3.9 ตัวอย่างการกำหนดประชากรเริ่มต้น

X1	X2	X3	cost
-1.317179864	-0.600600422	3.662968549	15.51302225
-3.101645397	0.97902993	-3.55813703	23.2390429
1.973496717	-0.703606828	3.631239266	17.57565046
-5.107604656	3.706678604	-0.901755331	40.64025428
-0.971897414	4.039990873	1.100712908	18.47767974
-4.786297302	-3.580033731	1.747652601	38.77957299
0.455149472	-2.917013773	-4.196115288	26.32351391
2.889334058	3.383111052	3.154679503	29.74569445
-1.433702386	-0.651135838	-3.000802096	11.48429363
-3.379486846	0.525288785	1.700592259	14.58887368
4.475588374	2.808736762	-3.276160521	38.65312125
-1.986658448	-2.110346721	3.968679504	24.15079208

ตารางที่ 3.9 (ต่อ)

3.271927194	4.671153173	-2.689835905	39.76039672
2.589693941	2.522762827	-4.806741485	36.1756107
-1.950977572	0.712650535	-2.072519125	8.609519793
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
-2.929976353	2.565223569	-3.751673674	29.24018874
2.793355082	1.901398467	1.770539397	14.5529585
-2.851621488	0.913486078	1.136288527	10.25735354
-4.611710953	3.452056989	-3.489834232	45.36351834

3.3.4 การคัดเลือกโครโมโซมพ่อและแม่

ขั้นตอนนี้เป็นการจัดเรียงโครโมโซมตามค่าความเหมาะสม และกำหนดค่าความน่าจะเป็นในการถูกเลือกเพื่อใช้เป็นโครโมโซมพ่อและแม่ให้กับโครโมโซมแต่ละตัว โดยที่ค่าความน่าจะเป็นในการถูกเลือกเพื่อใช้เป็นโครโมโซมพ่อและแม่จะถูกคำนวณจาก

$$\text{ค่าความน่าจะเป็นในการถูกเลือก} = (\text{ค่าความเหมาะสมของโครโมโซม} / \text{ผลรวมค่าความเหมาะสมของโครโมโซมทั้งหมด}) \quad (3.6)$$

ตารางที่ 3.10 ตัวอย่างการเรียงลำดับโครโมโซมตามค่าความเหมาะสม

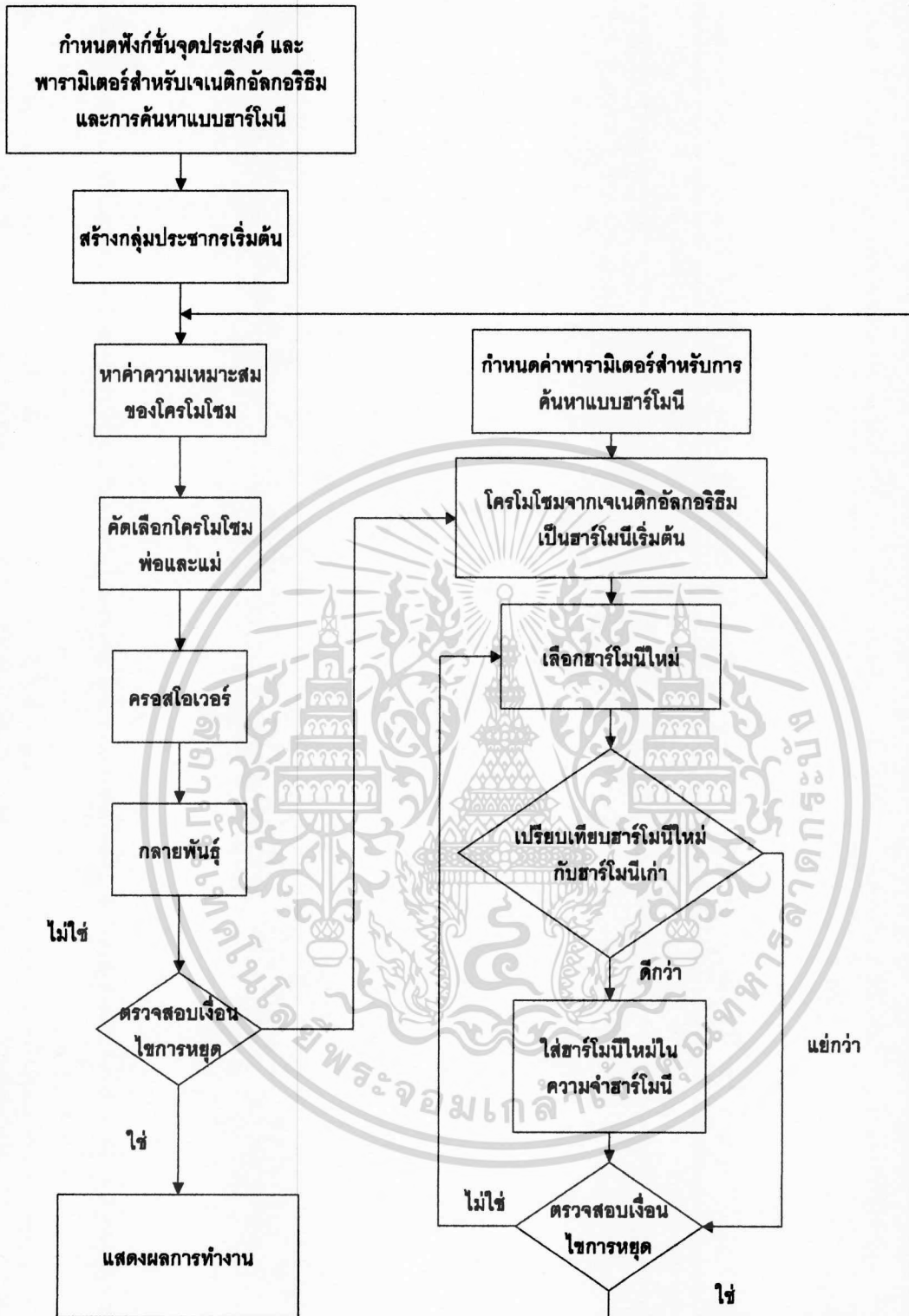
X1	X2	X3	cost
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
-1.950977572	0.712650535	-2.072519125	8.609519793
-2.851621488	0.913486078	1.136288527	10.25735354
-1.433702386	-0.651135838	-3.000802096	11.48429363
2.793355082	1.901398467	1.770539397	14.5529585
-3.379486846	0.525288785	1.700592259	14.58887368
-1.317179864	-0.600600422	3.662968549	15.51302225
1.973496717	-0.703606828	3.631239266	17.57565046
-0.971897414	4.039990873	1.100712908	18.47767974

ตารางที่ 3.10 (ต่อ)

-3.101645397	0.97902993	-3.55813703	23.2390429
-1.986658448	-2.110346721	3.968679504	24.15079208
0.455149472	-2.917013773	-4.196115288	26.32351391
-2.929976353	2.565223569	-3.751673674	29.24018874
2.889334058	3.383111052	3.154679503	29.74569445
2.589693941	2.522762827	-4.806741485	36.1756107
4.475588374	2.808736762	-3.276160521	38.65312125
-4.786297302	-3.580033731	1.747652601	38.77957299
3.271927194	4.671153173	-2.689835905	39.76039672
-5.107604656	3.706678604	-0.901755331	40.64025428
-4.611710953	3.452056989	-3.489834232	45.36351834

3.3.5 การครอสโอเวอร์

การครอสโอเวอร์จะเริ่มจากการสุ่มค่าเพื่อเปรียบเทียบกับค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์ ถ้าค่าที่สุ่มได้มีค่าน้อยกว่าค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์ ก็จะทำให้การครอสโอเวอร์ระหว่างโครโมโซมพ่อและแม่ที่ถูกเลือก และจะทำการเปรียบเทียบในทุกๆคู่ของโครโมโซมพ่อและแม่ที่ถูกเลือก หลังจากนั้นจะเป็นการสุ่มหาตำแหน่งในการเลือกตามจำนวนตำแหน่งการครอสโอเวอร์ที่กำหนดไว้



รูปที่ 3.7 ขั้นตอนการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมที่ถูกปรับปรุงโดยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

ตารางที่ 3.11 ตัวอย่างช่วงของความน่าจะเป็นในการถูกเลือกของโครโมโซม

โครโมโซม ลำดับที่	ช่วงของค่าความน่าจะเป็นในการถูกเลือก
Chromosome1	0-0.5190557361064
Chromosome2	0.519055736106 - 0.577562071844
Chromosome3	0.577562071844-0.626669422331
Chromosome4	0.626669422331-0.670530322413
Chromosome5	0.670530322413-0.705142628603
Chromosome6	0.7051426286038-0.739669725525
Chromosome7	0.739669725525-0.772139959073
Chromosome8	0.772139959073-0.800799578618
Chromosome9	0.800799578618-0.828060114714
Chromosome10	0.828060114714-0.849735338509
Chromosome11	0.849735338509-0.870592271647
Chromosome12	0.870592271647-0.889727690169
Chromosome13	0.889727690169-0.906954372939
Chromosome14	0.906954372939-0.923888301190
Chromosome15	0.92388830119-0.937812363449
Chromosome16	0.937812363449-0.95084394898
Chromosome17	0.950843948980-0.963833041348
Chromosome18	0.96383304134-0.976501714125
Chromosome19	0.976501714125-0.988896111368
Chromosome20	0.988896111368-1

ตารางที่ 3.12 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากการครอสโอเวอร์

X1	X2	X3	Cost
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
-1.950977572	0.712650535	-2.072519125	8.609519793
-2.851621488	0.913486078	1.136288527	10.25735354

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.12 (ต่อ)

-1.433702386	-0.651135838	-3.000802096	11.48429363
2.793355082	1.901398467	1.770539397	14.5529585
-3.379486846	0.525288785	1.700592259	14.58887368
-1.317179864	-0.600600422	3.662968549	15.51302225
1.973496717	-0.703606828	3.631239266	17.57565046
-0.971897414	4.039990873	1.100712908	18.47767974
-3.101645397	0.97902993	-3.55813703	23.2390429
-1.986658448	-2.110346721	3.968679504	24.15079208
0.455149472	-2.917013773	-4.196115288	26.32351391
-2.929976353	2.565223569	-3.751673674	29.24018874
2.889334058	3.383111052	3.154679503	29.74569445
2.589693941	2.522762827	-4.806741485	36.1756107
4.475588374	2.808736762	-3.276160521	38.65312125
-4.786297302	-3.580033731	1.747652601	38.77957299
3.271927194	4.671153173	-2.689835905	39.76039672
-5.107604656	3.706678604	-0.901755331	40.64025428
-4.611710953	3.452056989	-3.489834232	45.36351834
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
-2.851621488	0.525288785	1.136288527	9.698825037
-3.379486846	0.913486078	1.700592259	15.14740219
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.703606828	-0.147042782	0.869558368
1.973496717	-0.771972983	3.631239266	17.67653018
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.12 (ต่อ)

0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	4.039990873	-0.147042782	16.69602205
-0.971897414	-0.771972983	1.100712908	2.752095776

3.3.6 การกลายพันธุ์

การกลายพันธุ์จะเริ่มจากการสุ่มค่าเพื่อเปรียบเทียบกับค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ ถ้าค่าที่สุ่มได้มีค่าน้อยกว่าค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ก็จะทำการกลายพันธุ์ขึ้นหรือตัวแปรนั้นๆ การเปรียบเทียบจะทำทุกๆปีหรือตัวแปรในโครโมโซมโดยค่าใหม่หาได้จาก

$$\text{ค่าใหม่} = \text{ค่าสุ่มในช่วง } (\pm 5\% \text{ ของค่าโครโมโซมเก่า} + \text{ค่าโครโมโซมเก่า}) \quad (3.7)$$

ในตารางที่ 3.13 ค่าของตัวแปรที่เป็นตัวเอียงหนาเป็นตัวแปรที่ถูกการกลายพันธุ์

ตารางที่ 3.13 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากการกลายพันธุ์

X1	X2	X3	Cost
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
-1.950977572	0.712650535	-2.072519125	8.609519793
-2.851621488	0.913486078	1.136288527	10.25735354
-1.433702386	-0.651135838	-3.000802096	11.48429363
2.793355082	1.901398467	1.770539397	14.5529585
-3.379486846	0.525288785	1.700592259	14.58887368
-1.317179864	-0.600600422	3.662968549	15.51302225
1.9382363	-0.703606828	3.631239266	17.43772095
-0.971897414	4.039990873	1.100712908	18.47767974
-3.101645397	0.97902993	-3.518546	22.95886637
-1.986658448	-2.110346721	3.968679504	24.15079208

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.13 (ต่อ)

0.455149472	-2.917013773	-4.196115288	26.32351391
-2.929976353	2.565223569	-3.751673674	29.24018874
2.889334058	3.383111052	3.154679503	29.74569445
2.589693941	2.522762827	-4.806741485	36.1756107
4.475588374	2.808736762	-3.276160521	38.65312125
-4.786297302	-3.580033731	1.747652601	38.77957299
3.271927194	4.671153173	-2.689835905	39.76039672
-5.107604656	3.706678604	-0.901755331	40.64025428
-4.611710953	3.452056989	-3.489834232	45.36351834
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
-2.851621488	0.525288785	1.136288527	9.698825037
-3.379486846	0.913486078	1.700592259	15.14740219
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.703606828	-0.147042782	0.869558368
1.973496717	-0.771972983	3.631239266	17.67653018
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	4.039990873	-0.147042782	16.69602205
-0.971897414	-0.771972983	1.100712908	2.752095776

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.3.7 การตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน

เป็นการตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงานคือจำนวนรอบ หรือเปอร์เซ็นต์การเหมือนกันของโครโมโซม ถ้าไม่ตรงกับเงื่อนไขหยุดการทำงานจะเข้าสู่กระบวนการอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

3.3.8 การกำหนดค่าเริ่มต้นให้กับฮาร์โมนีใน HM

โดยที่ฮาร์โมนีใน HM คือโครโมโซมที่ผ่านขั้นตอนทางเจเนติกอัลกอริทึมและคัดเลือกโครโมโซมให้เหลือตามจำนวนประชากรที่ตั้งไว้ จะทำให้ได้ฮาร์โมนีเริ่มต้น

ตารางที่ 3.14 ตัวอย่างฮาร์โมนีใน HM

X1	X2	X3	cost
0.594032171	-0.703606828	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
-0.971897414	-0.771972983	1.100712908	2.752095776
-1.950977572	0.712650535	-2.072519125	8.609519793
-2.851621488	0.525288785	1.136288527	9.698825037
-2.851621488	0.913486078	1.136288527	10.25735354
-1.433702386	-0.651135838	-3.000802096	11.48429363
2.793355082	1.901398467	1.770539397	14.5529585
-3.379486846	0.525288785	1.700592259	14.58887368
-3.379486846	0.913486078	1.700592259	15.14740219

3.3.9 การสร้างฮาร์โมนี

การสร้างฮาร์โมนีมีขั้นตอนการทำงานดังนี้

1. เริ่มต้นจากการพิจารณา HMCR โดยการสุ่มค่าหว่าง 0 ถึง 1 แล้วเปรียบเทียบกับค่า HMCR ถ้าค่าที่สุ่มได้มีค่าน้อยกว่า HMCR ก็จะทำการสร้างฮาร์โมนีใหม่จาก HM แต่ถ้าค่าที่สุ่มได้มีค่ามากกว่า ก็จะทำการสุ่มค่าในช่วงที่กำหนดให้กับฮาร์โมนีตัวใหม่

2. การปรับค่าเสียงจะเริ่มจากการสุ่มค่าตัวเลขระหว่าง 0 ถึง 1 และทำการเปรียบเทียบกับค่า PAR ถ้าค่าที่สุ่มได้มีค่ามากกว่าก็จะไม่มีการปรับค่าเสียง แต่ถ้ามีค่าน้อยกว่าหรือเท่ากับค่า PAR ก็จะทำการปรับค่าฮาร์โมนีใหม่ที่ได้จากขั้นตอนที่ 1 โดยการรวมกับค่าเบนควัดท์ ตามเงื่อนไข

$$\text{ค่าของตัวแปรใหม่} = \text{ตัวแปรเก่า} \pm \text{เบนควัดท์} \quad (3.8)$$

โดยที่เบนควัดท์หาได้จาก

$$\text{เบนควัดท์} = \text{ค่าสุ่ม} (\pm 5\% \text{ค่าตัวแปรเก่า}) \quad (3.9)$$

3.3.10 การปรับปรุง HM

เป็นการเปรียบเทียบ cost ของฮาร์โมนีใหม่กับค่าฮาร์โมนีตัวแยที่สุ่มใน HM ถ้า cost ของฮาร์โมนีใหม่มีค่าน้อยกว่าก็จะทำการใส่ฮาร์โมนีใหม่ใน HM และทำการเอาฮาร์โมนีตัวที่แยที่สุ่มออกจาก HM

ตารางที่ 3.15 ตัวอย่างฮาร์โมนีหลังจากการปรับค่าตัวแปร

X1	X2	X3	Cost
0.594032171	-0.703606828	-0.147042782	0.869558368
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.15 (ต่อ)

0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
0.594032171	-0.771972983	-0.147042782	0.970438087
-0.971897414	-0.771972983	1.100712908	2.752095776
0.114291698	0.525288761	1.770539403	3.423800652
-1.950977572	0.712650535	-2.072519125	8.609519793
-2.851621389	0.913486063	-0.147042781	8.987822916
-2.851621488	0.525288785	1.136288527	9.698825037
-2.851621488	0.913486078	1.136288527	10.25735354
-1.433702386	-0.651135838	-3.000802096	11.48429363
2.793355082	1.901398467	1.770539397	14.5529585

3.3.11 ตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน

เป็นการตรวจสอบจำนวนรอบของการทำงานในอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี ถ้าไม่ครบรอบการทำงานก็จะทำซ้ำตั้งแต่ขั้นตอนที่ 3.9 แต่ถ้าครบรอบการทำงานค่าของฮาร์โมนีใน HM จะกลายเป็นค่าของโครโมโซมเริ่มต้นของเจเนติกอัลกอริธึม

บทที่ 4

ผลการทดลอง

4.1 เครื่องมือที่ใช้ในการพัฒนาโปรแกรม

4.1.1 ฮาร์ดแวร์

ในการพัฒนาโปรแกรมใช้เครื่องคอมพิวเตอร์ที่มีคุณสมบัติดังนี้

- เครื่องคอมพิวเตอร์ส่วนบุคคล
- CPU : Intel® Core™ 2 Duo CPU P8700 @ 2.53GHz
- Ram : 4 GB
- Hard disk : 100 GB

4.1.2 ซอฟต์แวร์

ในการพัฒนาโปรแกรมใช้ซอฟต์แวร์ดังนี้

- ระบบปฏิบัติการ Windows 7 64 bits
- โปรแกรม Microsoft Visual Studio 2008
- Microsoft .NET Framework รุ่น 3.5 SP1

4.2 โปรแกรม และรายละเอียดการใช้งาน

ในการศึกษาโครงงานนี้ได้ออกแบบและพัฒนาโปรแกรม โดยใช้โปรแกรม Microsoft Visual Studio 2008 และภาษา C# .net เป็นเครื่องมือในการพัฒนาโปรแกรม มีการทำงานดังนี้

เมื่อเริ่มการใช้งาน โปรแกรมจะปรากฏหน้าจอดังรูปที่ 4.1

รูปที่ 4.1 หน้าจอหลักของ โปรแกรม

โดยที่หน้าจอแบ่งเป็นส่วนต่างๆดังนี้

1. Population ใช้กำหนดจำนวนประชากร
 - Init Population คือ จำนวนประชากร
2. Bound ใช้กำหนดขอบเขตของตัวแปร
 - Min คือค่าต่ำสุดของตัวแปร
 - Max คือค่าสูงสุดของตัวแปร
3. GA Parameters ใช้กำหนดค่าพารามิเตอร์ต่างๆของเจเนติกอัลกอริทึม
 - Crossover Rate คืออัตราการครอสโอเวอร์
 - Mutate Rate คืออัตราการกลายพันธุ์
 - Crossover point คือจำนวนจุดครอสโอเวอร์
4. GA Ending Conditions ใช้กำหนดเงื่อนไขหยุดการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึม
 - Stop Criteria (Round) คือจำนวนรอบของวิวัฒนาการ มีหน่วยเป็นรอบ
 - %Chromosome similar คือเปอร์เซ็นต์ความเหมือนกันของโครโมโซมในแต่ละรุ่น
5. HS Parameters ใช้กำหนดค่าพารามิเตอร์สำหรับอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- Harmony memory consider rate (HMCR) คืออัตราการพิจารณาการเลือกฮาร์โมนีจาก Harmony memory (HM)
- Pitch adjusting rate คืออัตราการปรับค่าฮาร์โมนี

6. HS Ending Conditions ใช้กำหนดเงื่อนไขหยุดการทำงานของอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

- Stop Criteria (Round) คือจำนวนรอบของการพิจารณาฮาร์โมนี

7. Problem ใช้กำหนดฟังก์ชันจุดประสงค์และจำนวนตัวแปรของสมการ

- Number of variable คือจำนวนตัวแปร
- Benchmark function คือสมการ ไม่เชิงเส้นที่ต้องการหา โดยสามารถเลือกได้จากฟังก์ชันที่มีอยู่ 6 ฟังก์ชัน ได้แก่
 - ฟังก์ชันของ Sphere
 - ฟังก์ชันของ Rastrigin
 - ฟังก์ชันของ Griewank
 - ฟังก์ชันของ Schwefel
 - ฟังก์ชันของ Ackley
 - ฟังก์ชันของ Rosenbrock

8. Equation ใช้แสดงสมการของฟังก์ชัน ไม่เชิงเส้นจากผู้ใช้

4.3 ฟังก์ชันไม่เชิงเส้น

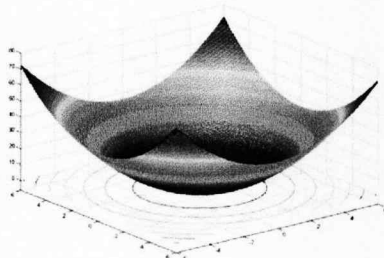
สมการไม่เชิงเส้นที่ใช้ในการทดลองเพื่อหาค่าที่ดีที่สุด ในโครงการนี้มี 6 ฟังก์ชัน และมีรายละเอียดของแต่ละฟังก์ชันดังนี้

1. ฟังก์ชัน Sphere

มีรูปแบบสมการคือ

$$F(x) = \sum_{i=1}^n x_i^2 \quad (4.1)$$

โดยสมการนี้มีขอบเขตการการค้นหาคู่ $-5.12 \leq X_i \leq 5.12$ โดยที่ $i = 1, 2, 3, \dots, n$ และมีค่าต่ำสุดที่จุดกำเนิด และมีค่าความเหมาะสมของฟังก์ชันที่จุดนี้เท่ากับศูนย์



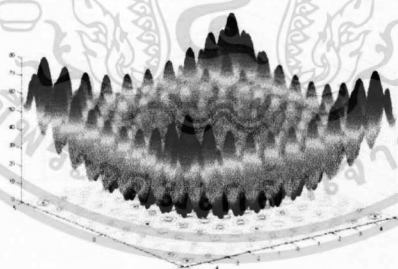
รูปที่ 4.2 กราฟ 2 มิติฟังก์ชัน Sphere

2. ฟังก์ชัน Rastrigin

มีรูปแบบสมการคือ

$$F(x) = \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i) + 10) \quad (4.2)$$

โดยสมการนี้มีขอบเขตการการค้นหาคู่ $-5.12 \leq X_i \leq 5.12$ โดยที่ $i = 1, 2, 3, \dots, n$ และมีค่าต่ำสุดที่จุดกำเนิด และมีค่าความเหมาะสมของฟังก์ชันที่จุดนี้เท่ากับศูนย์



รูปที่ 4.3 กราฟ 2 มิติฟังก์ชัน Rastrigin

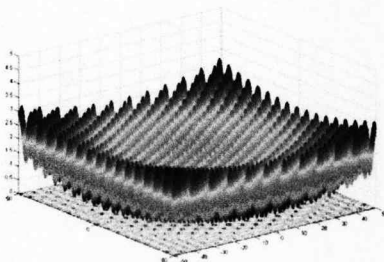
3. ฟังก์ชัน Griewank

มีรูปแบบสมการคือ

$$F(x) = \frac{1}{4000} \sum_{i=1}^n x_i^2 - \prod_{i=1}^n \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) + 1 \quad (4.3)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยสมการนี้มีขอบเขตการการค้นหาอยู่ $-600.0 \leq X_i \leq 600.0$ โดยที่ $i = 1, 2, 3, \dots, n$ และมีค่าต่ำสุดที่จุดกำเนิด และมีค่าความเหมาะสมของฟังก์ชันที่จุดนี้เท่ากับศูนย์



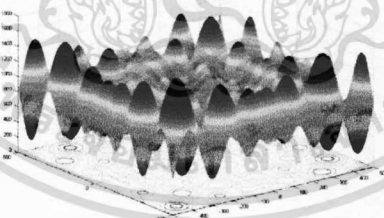
รูปที่ 4.4 กราฟ 2 มิติฟังก์ชัน Greiwank

4. ฟังก์ชัน Schwefel

มีรูปแบบสมการคือ

$$F(x) = 418.9829n - \sum_{i=1}^n (x_i \sin \sqrt{|x_i|}) \quad (4.4)$$

โดยสมการนี้มีขอบเขตการการค้นหาอยู่ $-500.0 \leq X_i \leq 500.0$ โดยที่ $i = 1, 2, 3, \dots, n$ และมีค่าต่ำสุดที่จุด $(1, \dots, 1)$ และมีค่าความเหมาะสมของฟังก์ชันที่จุดนี้เท่ากับศูนย์



รูปที่ 4.5 กราฟ 2 มิติฟังก์ชัน Schwefel

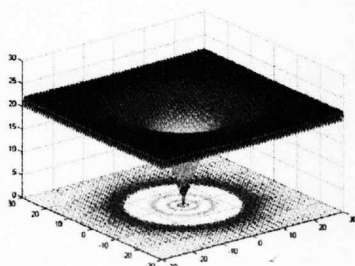
5. ฟังก์ชัน Ackley

มีรูปแบบสมการคือ

$$F(x) = 20 + e - 20 \exp(-0.2 \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i^2}) - \exp(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \cos(2\pi x_i)) \quad (4.6)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยสมการนี้มีขอบเขตการการค้นหาอยู่ $-32 \leq X_i \leq 32$ โดยที่ $i = 1, 2, 3, \dots, n$ ค่าต่ำสุดของสมการนี้อยู่ที่จุดกำเนิด และมีค่าความเหมาะสมของฟังก์ชันที่จุดนี้เท่ากับศูนย์



รูปที่ 4.6 กราฟ 2 มิติฟังก์ชัน Ackley

6. ฟังก์ชัน Rosenbrock
มีรูปแบบสมการคือ

$$F(x) = \sum_{i=1}^{n-1} (100(x_{i+1} - x_i)^2 + (x_i - 1)^2) \quad (4.6)$$

โดยสมการนี้มีขอบเขตการการค้นหาอยู่ $-30.0 \leq X_i \leq 30.0$ โดยที่ $i = 1, 2, 3, \dots, n$ และมีค่าต่ำสุดที่จุด $(1, \dots, 1)$ และมีค่าความเหมาะสมของฟังก์ชันที่จุดนี้เท่ากับศูนย์



รูปที่ 4.7 กราฟ 2 มิติฟังก์ชัน Rosenbrock

4.4 ผลการทดลองการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมก่อนและหลังการปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

สำหรับการทดลองจะเป็นการหาค่าของตัวแปรที่ทำให้ค่าดีที่สุดในของสมการไม่เชิงเส้นมีค่าต่ำสุดนั้น ซึ่งได้กำหนดค่าพารามิเตอร์ต่างๆดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

1.พารามิเตอร์สำหรับเจเนติกอัลกอริทึม

- จำนวนตัวแปรเท่ากับ 20
- อัตราการครอสโอเวอร์เท่ากับ 0.8
- อัตราการกลายพันธุ์เท่ากับ 0.05
- จำนวนประชากรเริ่มต้นเท่ากับ 20
- จำนวนตำแหน่งครอสโอเวอร์เท่ากับ 1
- เงื่อนไขการหยุดการค้นหาคือเปอร์เซ็นต์ความเหมือนกันของโครโมโซม 80 เปอร์เซ็นต์หรือรอบของวิวัฒนาการเท่ากับ 2,000 รอบ

2.พารามิเตอร์สำหรับอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

- จำนวนรอบเท่ากับ 100 รอบ
- HMCR เท่ากับ 0.9
- PAR เท่ากับ 0.3

การแสดงผลการทดลองจะแสดงในรูปแบบตารางโดยแสดงค่าที่ได้และเวลาที่ใช้ในแต่ละครั้งที่ทำการทดลอง โดยจะผลการทำงานเปรียบเทียบกันระหว่างเจเนติกอัลกอริทึมก่อนและหลังการปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี ซึ่งแต่ละรอบการทำงานมีจุดเริ่มต้นการทำงานที่จุดเดียวกัน

4.4.1 ผลการทำงานกับฟังก์ชัน Sphere

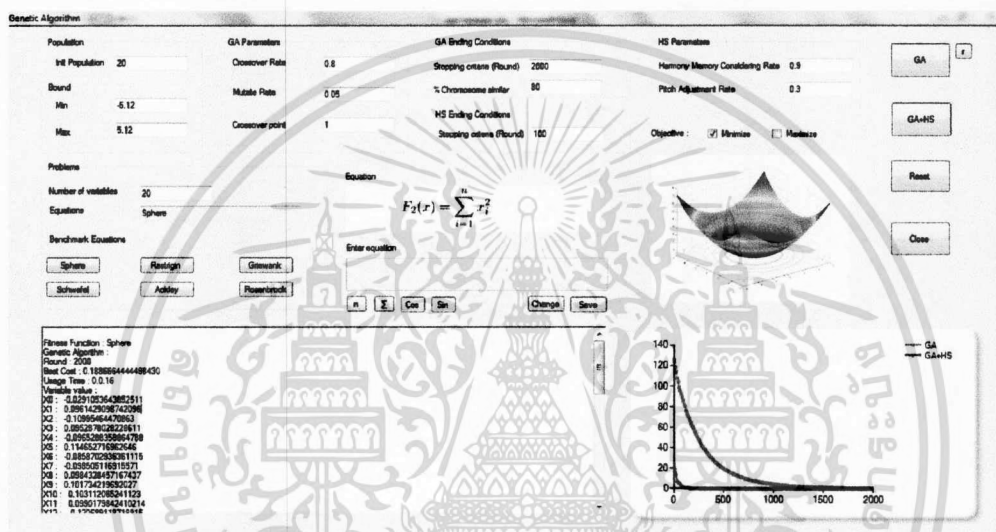
ตารางที่ 4.1 ผลของการทำงานของโปรแกรมกับฟังก์ชัน Sphere

ครั้งที่	เจเนติกอัลกอริทึม		เจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี	
	ค่าที่ได้	เวลาที่ใช้ (วินาที)	ค่าที่ได้	เวลาที่ใช้ (วินาที)
1	0.188666444449	16	0.000579907205	167
2	0.210953393085	20	0.000973343174	185
3	0.120053340097	20	0.000569486721	186
4	0.181186534479	20	0.000305883247	188

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.1 (ต่อ)

5	0.143461537553	20	0.000535711631	192
6	0.150938690084	20	0.000505460989	190
7	0.110948182399	20	0.000611872631	191
8	0.180534317153	20	0.000301070528	190
9	0.173971785553	20	0.000485561909	189
10	0.120075747586	20	0.000624126707	191



รูปที่ 4.8 หน้าจอแสดงผลการทำงานกับฟังก์ชัน Sphere

4.4.2 ผลการทำงานกับฟังก์ชัน Rastrigin

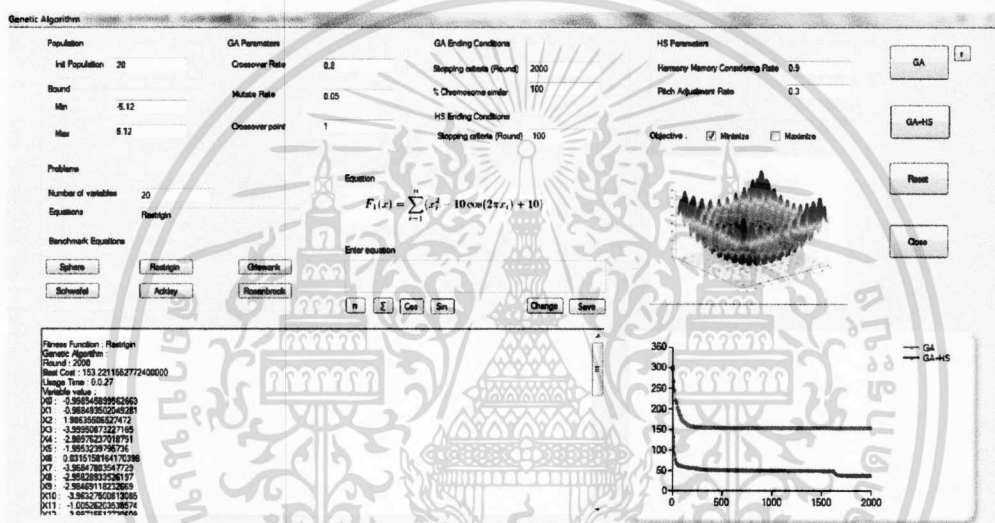
ตารางที่ 4.2 ผลของการทำงานของโปรแกรมกับฟังก์ชัน Rastrigin

ครั้งที่	เจเนติกอัลกอริทึม		เจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี	
	ค่าที่ได้	เวลาที่ใช้ (วินาที)	ค่าที่ได้	เวลาที่ใช้ (วินาที)
1	153.22115527724	27	39.327254485285	319
2	140.229583888776	26	38.34862957361	319
3	152.763154290129	26	27.073939816071	316

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.2 (ต่อ)

4	113.563715009846	26	35.831543319443	317
5	153.24796772607	27	49.33164724252	317
6	133.000442385477	26	35.827103903149	318
7	133.564321548104	26	34.324550722586	317
8	141.614922817499	27	32.412350133646	317
9	72.493248186389	27	29.391417758013	317
10	79.355182881812	27	15.443183459417	318



รูปที่ 4.9 หน้าจอแสดงผลการทำงานกับฟังก์ชัน Rastrigin

4.4.3 ผลการทำงานกับฟังก์ชัน Griewank

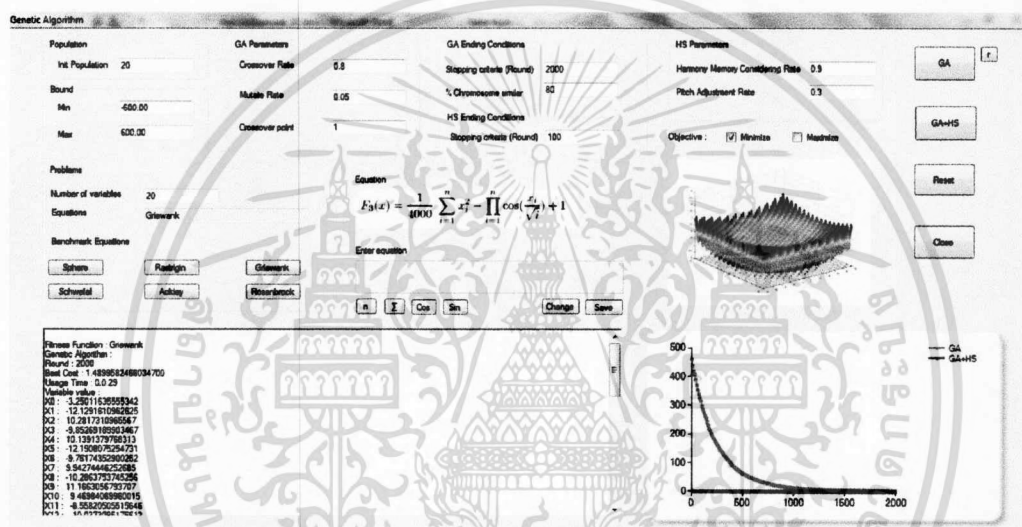
ตารางที่ 4.3 ผลของการทำงานของโปรแกรมกับฟังก์ชัน Griewank

ครั้งที่	เจเนติกอัลกอริทึม		เจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี	
	ค่าที่ได้	เวลาที่ใช้ (วินาที)	ค่าที่ได้	เวลาที่ใช้ (วินาที)
1	1.280642840015	25	0.016488944234	312
2	1.016881447957	24	0.004799982761	300
3	1.275001850436	29	0.022756534552	358

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.3 (ต่อ)

4	1.443994095641	29	0.006282223006	359
5	0.899812769235	28	0.016850230418	357
6	1.345295365904	28	0.02621217403	359
7	1.351424413814	28	0.029219961094	358
8	1.489958246603	29	0.023798167667	295
9	1.137537899064	25	0.051768320384	324
10	1.513011690979	26	0.01068794249	317



รูปที่ 4.10 หน้าจอแสดงผลการทำงานกับฟังก์ชัน Griewank

4.4.4 ผลการทำงานกับฟังก์ชัน Schwefel

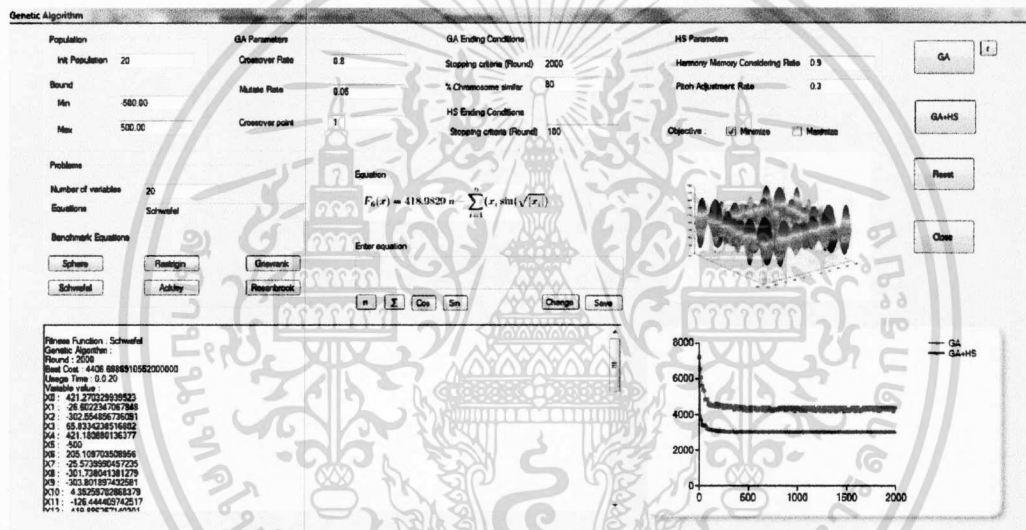
ตารางที่ 4.4 ผลของการทำงานของโปรแกรมกับฟังก์ชัน Schwefel

ครั้งที่	เจเนติกอัลกอริธึม		เจเนติกอัลกอริธึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริธึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี	
	ค่าที่ได้	เวลาที่ใช้ (วินาที)	ค่าที่ได้	เวลาที่ใช้ (วินาที)
1	4,406.6986910552	20	3,068.716094042	204
2	4,609.69413495486	18	3,308.66885101983	197

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีกรนำมาใช้

ตารางที่ 4.4 (ต่อ)

3	3,054.65923153211	18	2,493.8253497085	199
4	2,878.06261991991	19	3,030.70288833573	262
5	4,493.0055747731	25	3,148.16785170893	274
6	3,895.36728238732	24	2,554.07853978206	266
7	3,183.98909854988	25	2,965.94876058371	277
8	3,530.26383057974	24	3,382.6998418692	265
9	2,900.35123626445	24	2,577.56223305459	270
10	3,396.22232353044	25	3,676.04536874784	261



รูปที่ 4.11 หน้าจอแสดงผลการทำงานกับฟังก์ชัน Schwefel

4.4.5 ผลการทำงานกับฟังก์ชัน Ackley

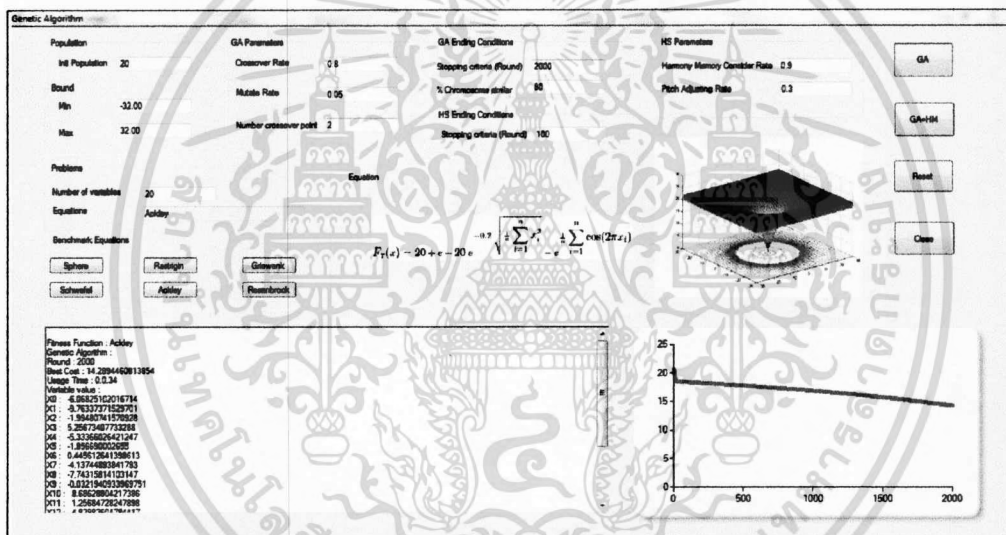
ตารางที่ 4.5 ผลของการทำงานของโปรแกรมกับฟังก์ชัน Ackley

ครั้งที่	เจเนติกอัลกอริทึม		เจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี	
	ค่าที่ได้	เวลาที่ใช้ (วินาที)	ค่าที่ได้	เวลาที่ใช้ (วินาที)
1	3.539289927936	26	3.450760009872	272

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.5 (ต่อ)

2	3.975841523179	19	3.478903874684	270
3	3.819138121473	19	3.815191302022	277
4	3.182713087127	27	3.297574920685	326
5	3.994049178561	25	3.993946087074	321
6	3.773611202508	27	3.354407933453	318
7	3.743733720724	27	3.707709319207	291
8	3.432589357711	27	3.419271146911	293
9	3.866925927546	25	3.775622679546	297
10	3.534748400259	28	3.5783803129	314



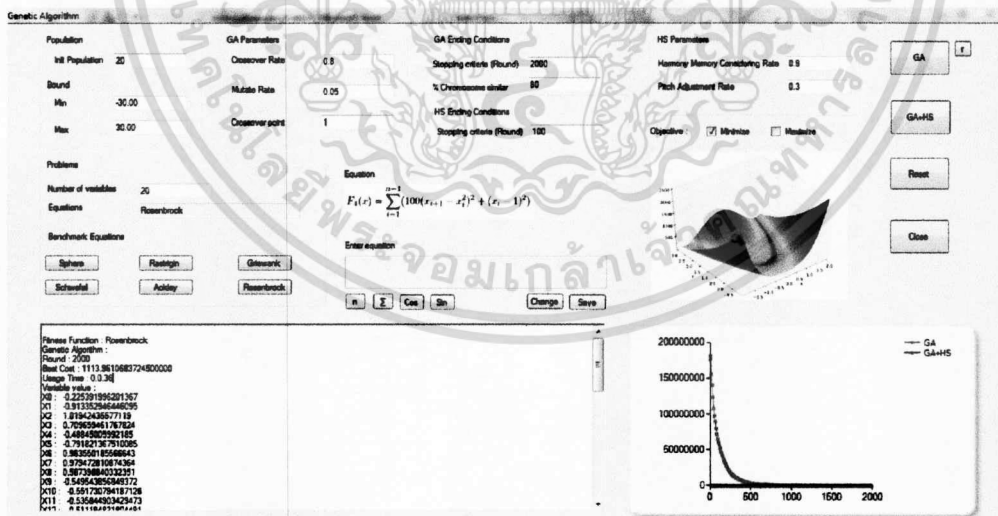
รูปที่ 4.12 หน้าจอแสดงผลการทำงานกับฟังก์ชัน Ackley

4.4.6 ผลการทำงานกับฟังก์ชัน Rosenbrock

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.6 ผลของการทำงานของโปรแกรมกับฟังก์ชัน Rosenbrock

ครั้งที่	เจเนติกอัลกอริทึม		เจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนิก	
	ค่าที่ได้	เวลาที่ใช้ (วินาที)	ค่าที่ได้	เวลาที่ใช้ (วินาที)
1	1113.96106837245	36	20.95207933706	479
2	932.710378439829	34	23.913294817578	479
3	668.802024471575	34	20.16436167831	483
4	700.415646567177	35	20.746830689414	485
5	354.033387749016	35	20.029030220963	472
6	467.37693404482	35	50.984895635747	484
7	706.189427566033	34	20.215254372682	491
8	858.143211788018	34	21.748043811563	490
9	636.452181839975	35	19.757492805414	491
10	628.320891509366	35	20.41263963975	488



รูปที่ 4.13 หน้าจอแสดงผลการทำงานกับฟังก์ชัน Rosenbrock

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.7 เปรียบเทียบค่าที่ได้เฉลี่ยและเวลาเฉลี่ยที่ใช้ในการหาค่าที่ดีที่สุดระหว่างเจเนติก อัลกอริทึมก่อนและหลังการปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

ฟังก์ชัน	เจเนติกอัลกอริทึม		เจเนติกอัลกอริทึมปรับปรุงด้วย อัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี	
	ค่าที่ได้	เวลาที่ใช้ (วินาที)	ค่าที่ได้	เวลาที่ใช้ (วินาที)
Sphere	0.158078997243	19.6	0.000549242474	186.9
Rastrigrin	127.305369401134	26.5	33.731162041374	317.5
Griewank	1.2753560619648	27.1	0.0208864480636	333.9
Schwefel	3,634.8314023547	22.2	3,020.64157788524	247.5
Ackley	3.6862640447024	25	3.5871767586354	297.9
Rosenbrock	706.640515234826	34.7	23.8923923008481	484.2

4.6 วิเคราะห์ผลการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

การปรับปรุงประสิทธิภาพการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมในโครงการนี้ เป็นการนำเอาอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี เข้ามาช่วยในการค้นหาค่าตอบในพื้นที่รอบ ๆ ค่าตอบที่ได้จากเจเนติกอัลกอริทึม โดยการเพิ่มอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีเข้าหลังจากขั้นตอนการตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงานของ เจเนติกอัลกอริทึม เพื่อช่วยแก้ปัญหาคำตอบของเจเนติกอัลกอริทึมที่ได้ในแต่ละรอบอาจมีระยะห่างเพิ่มขึ้นจากค่าที่ดีที่สุดจากรอบการทำงานที่ผ่านมา

ผลการทำงานแสดงให้เห็นถึงทิศทางการเคลื่อนที่หรือแนวโน้มของตัวแปรในการเข้าสู่ค่าดีที่สุดเมื่อใช้เจเนติกอัลกอริทึมกับอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีเปรียบเทียบกับแนวโน้มของตัวแปรที่ใช้เจเนติกอัลกอริทึมเพียงอย่างเดียวจะเห็นได้ว่า ตัวแปรมีแนวโน้มการเข้าสู่ค่าที่ดีที่สุดเร็วขึ้น และมีแนวโน้มที่จะได้ค่าดีที่สุดมากกว่าใช้เจเนติกอัลกอริทึมเพียงอย่างเดียว โดยที่กำหนดฟังก์ชันไม่เชิงเส้นและค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ ดังนี้

1. ฟังก์ชันที่ใช้ทดสอบคือฟังก์ชัน Sphere

มีรูปแบบสมการคือ

$$F(x) = \sum_{i=1}^n x_i^2 \quad (4.7)$$

โดยสมการนี้มีขอบเขตการการค้นหาอยู่ $-5.12 \leq X_i \leq 5.12$ โดยที่ $i = 1, 2, 3, \dots, n$ และมีค่าต่ำสุดที่จุดกำเนิด และมีค่าความเหมาะสมของฟังก์ชันที่จุดนี้เท่ากับศูนย์

2. พารามิเตอร์สำหรับเจเนติกอัลกอริทึม

- จำนวนตัวแปรเท่ากับ 2
- อัตราการครอสโอเวอร์เท่ากับ 0.8
- อัตราการกลายพันธุ์เท่ากับ 0.05
- จำนวนประชากรเริ่มต้นเท่ากับ 4
- จำนวนตำแหน่งครอสโอเวอร์เท่ากับ 1
- รอบของวิวัฒนาการเท่ากับ 100 รอบ

3. พารามิเตอร์สำหรับอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

- จำนวนรอบเท่ากับ 100 รอบ
- HMCR เท่ากับ 0.9
- PAR เท่ากับ 0.3

โดยกระบวนการทำงานจะเปรียบเทียบการทำงานระหว่างเจเนติกอัลกอริทึมเพียงอย่างเดียว และเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงการทำงานด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี โดยกำหนดค่าเริ่มต้นของตัวแปรของแต่ละวิธีที่จุดเดียวกัน

4.6.1 ผลการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมและเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

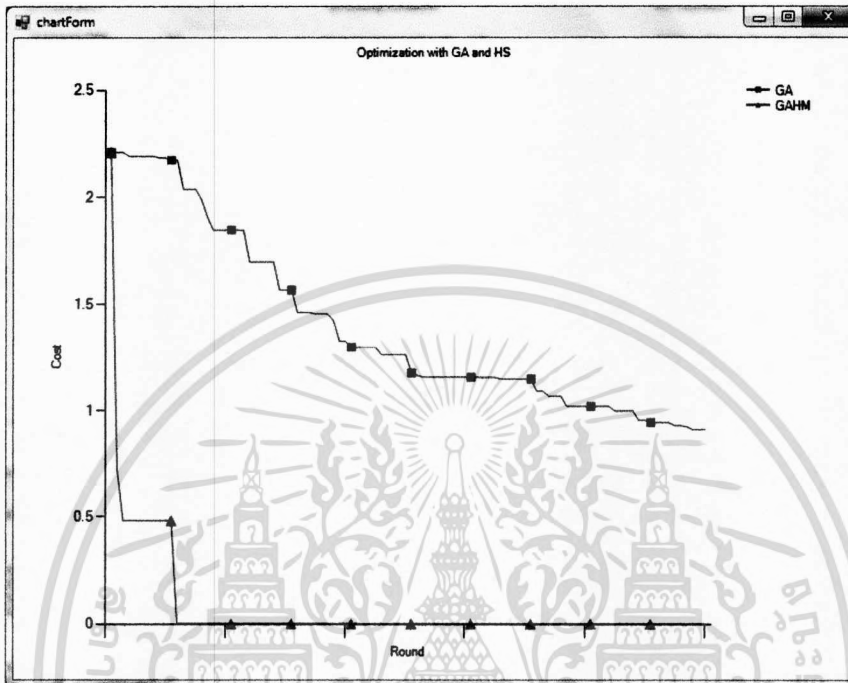
โดยการแสดงผลในตารางที่ 4.17 เปรียบเทียบค่าของตัวแปรที่ให้ค่า cost ที่ดีที่สุดในแต่ละรอบการทำงาน ส่วนค่าของโครโมโซมทุกโครโมโซมในแต่ละรอบการทำงานแสดงอยู่ในภาคผนวก

ตารางที่ 4.8 ตัวอย่าง โครโมโซมเริ่มต้น

X0	X1	cost
-1.79707916581867	-5.11090615272099	29.3508552301408
2.39923591487074	-1.97488529058866	13.3436586225068

ตารางที่ 4.8 (ต่อ)

3.21564412505163	-2.20256605489299	15.1916643651459
-2.95411439317936	0.851682045856343	9.45215415522349



รูปที่ 4.14 เปรียบเทียบผลการทำงานระหว่างเจเนติกอัลกอริทึมและเจเนติกอัลกอริทึมที่ผ่านการปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

ตารางที่ 4.9 ตัวอย่างโครโมโซมในแต่ละรอบการทำงานของเงินเดบิตออลอริทึมก่อนและหลังการปรับด้วยออลอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

รอบการทำงาน	เงินเดบิตออลอริทึม			เงินเดบิตออลอริทึมที่ปรับด้วยออลอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี		
	X0	X1	Cost	X0	X1	Cost
1	-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506	-0.497002273798	-0.693567276001	0.728046826500
2	-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506	-0.042825698853	-0.693567276001	0.482869606822
3	-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506	-0.041565244661	-0.693567276001	0.482763235903
4	-0.478583084549	-1.402579544244	2.196271146748	-0.041565244661	-0.693567276001	0.482763235903
5	-0.478583084549	-1.402579544244	2.196271146748	-0.041565244661	-0.693567276001	0.482763235903
10	-0.478583084549	-1.399827419292	2.18858572618	-0.041565243155	-0.693567276001	0.482763235778
20	-0.466735544528	-1.276533712450	1.847380387547	-0.040423958498	-0.017297981649	0.001933316590
30	-0.466735544528	-1.161256950474	1.566359773550	-0.038943129140	-0.015835651047	0.001767335151
40	-0.459044943464	-1.056098208294	1.326065685681	-0.037999650270	-0.015244318804	0.001676362676
50	-0.459044943464	-1.024889775746	1.261121312549	-0.037999648601	-0.013462954961	0.001625224450
60	-0.436362450843	-0.982254259165	1.155235618155	-0.037999648601	-0.013462954961	0.001625224450
70	-0.435139519161	-0.978652378118	1.147106878331	-0.035119315192	-0.013035765304	0.001403297477
80	-0.435139519161	-0.911491625699	1.020163384855	-0.034916232213	-0.013035764918	0.001389074439
90	-0.435139519161	-0.876158941167	0.957000891323	-0.033999449516	-0.013035764918	0.001325893734
100	-0.418400669882	-0.858241159319	0.911637008107	-0.031087002208	-0.012605529186	0.001125301072

บทที่ 5

สรุปผลและข้อเสนอแนะ

จากการศึกษาการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี และการปรับปรุงประสิทธิภาพของเจเนติกอัลกอริทึมด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี สามารถสรุปผลการดำเนินงาน ผลการทดลอง รวมถึงข้อเสนอแนะ ดังต่อไปนี้

5.1 สรุปผลการดำเนินงาน

โครงการนี้ได้ศึกษาหลักการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึม รวมถึงการศึกษาแนวทางในการปรับปรุงประสิทธิภาพการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึม ซึ่งจากการศึกษาการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมพบว่าคำตอบที่ได้จากการทำงานในแต่ละรอบ อาจมีการเคลื่อนที่ห่างออกไปจากจุดที่อาจจะเป็นค่าที่ดีที่สุด ทำให้ไม่สามารถค้นหาค่าที่ดีที่สุดได้หรืออาจทำให้การค้นหาค่าที่ดีที่สุดช้ามาก และเมื่อนำอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีเข้ามาช่วยค้นหาคำตอบในพื้นที่รอบ ๆ จุดที่เป็นคำตอบที่ได้จากจากขั้นตอนทางเจเนติกอัลกอริทึม สามารถเพิ่มประสิทธิภาพในการหาคำตอบของเจเนติกอัลกอริทึมได้มากขึ้น โดยดูจากผลการทดลองในการวัดประสิทธิภาพการทำงานด้วยการหาค่าที่ดีที่สุดจากสมการของฟังก์ชันไม่เชิงเส้น เจเนติกอัลกอริทึมที่ผ่านการปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีสามารถค้นหาคำตอบที่เป็นค่าที่ดีที่สุดได้เร็วกว่าเจเนติกอัลกอริทึมก่อนการปรับปรุง

5.2 สรุปผลการทดลอง

ผลจากการทดลองการหาค่าที่ดีที่สุดของสมการไม่เชิงเส้น โดยใช้เจเนติกอัลกอริทึม และเจเนติกอัลกอริทึมที่ผ่านการปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี พบว่าเจเนติกอัลกอริทึมที่ผ่านการปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีสามารถเพิ่มประสิทธิภาพในการค้นหาค่าที่ดีที่สุดของแต่ละฟังก์ชันได้ และค่าที่ดีที่สุดที่เป็นค่าต่ำสุดทั่วไปของแต่ละฟังก์ชันมีค่าเท่ากับศูนย์ ดังนั้นค่าที่หาได้ลดลงหมายความว่าประสิทธิภาพการทำงานดีขึ้น ซึ่งสามารถหาค่าเป็นเปอร์เซ็นต์ของแต่ละฟังก์ชันได้ดังตารางที่ 5.1 และแสดงค่าของเวลาที่เพิ่มขึ้นเป็นเปอร์เซ็นต์ดังตารางที่ 5.2

ตารางที่ 5.1 เปรียบเทียบค่าที่ได้จากการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมก่อนและหลังการปรับปรุง
ด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

ฟังก์ชัน	เจเนติกอัลกอริทึม	เจเนติกอัลกอริทึมที่ ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึม การค้นหาแบบฮาร์โมนี	ค่าลดลง(%)
	ค่าที่ได้	ค่าที่ได้	
Sphere	0.158078997243	0.000549242474	99.652552
Rastrigrin	127.305369401134	33.731162041374	73.50374
Griewank	1.2753560619648	0.0208864480636	98.362305
Schwefel	3,634.8314023547	3,020.64157788524	16.89734
Ackley	3.6862640447024	3.5871767586354	2.6880138
Rosenbrock	706.640515234826	23.8923923008481	96.618876

ตารางที่ 5.2 เปรียบเทียบเวลาที่ใช้ในการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมก่อนและหลังการปรับปรุง
ด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

ฟังก์ชัน	เจเนติก อัลกอริทึม	เจเนติกอัลกอริทึมที่ ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึม การค้นหาแบบฮาร์โมนี	เวลาเพิ่มขึ้น(%)
	เวลาที่ใช้(วินาที)	เวลาที่ใช้ (วินาที)	
Sphere	19.6	186.9	853.5714286
Rastrigrin	26.5	317.5	1098.113208
Griewank	27.1	333.9	1132.103321
Schwefel	22.2	247.5	1014.864865
Ackley	25	297.9	1091.6
Rosenbrock	34.7	484.2	1295.389049

5.3 ข้อเสนอแนะ

จากผลการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี จะเห็นว่าอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีสามารถเพิ่มประสิทธิภาพการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมได้ และเพื่อให้ประสิทธิภาพของเจเนติกอัลกอริทึมเพิ่มขึ้น อาจจะเปลี่ยนลำดับการทำงานของอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีในขั้นตอนของเจเนติกอัลกอริทึมเช่น หลังจากการครอสโอเวอร์ หรือหลังจากการกลายพันธุ์ ซึ่งอาจทำให้ประสิทธิภาพการทำงานเพิ่มขึ้น และอาจเพิ่มเติมในส่วนของคุณภาพอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีเช่นการเปลี่ยนค่า HMCR, PAR หรือแบนด์วิดท์ที่สอดคล้องกับคำตอบที่ได้รับจากเจเนติกอัลกอริทึมในแต่ละรอบการทำงาน ซึ่งอาจทำให้ประสิทธิภาพการทำงานของเจเนติกอัลกอริทึมยิ่งเพิ่มมากขึ้น ส่งผลให้สามารถค้นหาค่าที่ดีที่สุดเร็วขึ้น และทำให้ได้ค่าที่ดีที่สุดที่ได้เป็นค่าต่ำสุดหรือสูงสุดทั่วไป



บรรณานุกรม

สุภัคกานดา ชมภูมิ่ง ,ประพล อิทธิพงษ์ และภูพงษ์ พงษ์เจริญ.2550. “การประยุกต์ใช้เทคนิคซัพเฟิล ฟรอกลิปปิงเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการทำงานของมีมิดิกอัลกอริทึม”.หน้า 162-174. ใน การประชุมวิชาการด้านการวิจัยดำเนินงานแห่งชาติ ประจำปี 2550.กรุงเทพฯ: มหาวิทยาลัยรามคำแหง.

Fesanghary, M. Mahdavi, M. Minary, M. and Alizadeh, Y. 2008. **Hybridizing Harmony Search Algorithm with Sequential Quadratic Programming for Engineering Optimization problems.** [Online] .Available : <http://www.sciencedirect.com>

Hamzacebi, C. 2007. **Improving Genetic Algorithm' Performance by Local Search for Continuous Function Optimization.** [Online]. Available : <http://www.sciencedirect.com>

Idoumghar, L. Melkemi, M. and Schott , R. 2009. **A Novel Hybrid Evolutionary Algorithm for Multi-Modal Function Optimization and Engineering Application.** [Online] .Available : <http://www.loria.fr/~schott/lhassaneasc09.pdf>

John R. Koza. 1998. **Genetic Programming On the Programming of Computers by Means of Natural Selection.** London : The MIT Press

Mahdavi, M. Fesanghary, M. and Damangir, E. 2006. **An Improved Harmony Search Algorithm for Solving Optimization Problems.** [Online] .Available : <http://www.sciencedirect.com>

Melanie, M. 1999. **An Introduction to Genetic Algorithm.** London. 2nd ed : MIT Press

Quen-Ke Pan, Suganthan, P.N. Fatih, M. and Liang ,J.J. 2010. **A Self-Adaptive Global best Harmony Search Algorithm for Continuous Optimization Problems.** [Online]. Available : <http://www.sciencedirect.com>

Randy, L. and Ellen, S. 2004. **Practical Genetic Algorithm.** New Jersey: John Wiley and Sons

Shun-Fa Hwang and Rong-Song He. 2005 . **A Hybrid Real-Parameter Genetic Algorithm for Function Optimization.** [Online]. Available : <http://www.sciencedirect.com>

Takahashi, M. and Kurahashi, S. 2007, “Tabu Search Algorithm for Multimodal and Multi-Objective Function Optimizations”. **International Journal of Computer Science and Network Security.** 7(10) : 257-264

Zong Woo Gem. 2008. **Novel Derivative of Harmony Search Algorithm for Discrete**

Design Variables. [Online]. Available : <https://sites.google.com/a/hydrateq.com/www/>

Zong Woo Gem. 2008. **State-of-the-Art in the Structure of Harmony Search Algorithm.**

[Online]. Available : <https://sites.google.com/a/hydrateq.com/www/>



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ภาคผนวก

แสดงค่าของโครโมโซมแต่ละตัวตามรอบการทำงานจากตารางที่ 4.17 โดยแบ่งออกเป็น 2 ส่วน
ได้แก่

1. ค่าของโครโมโซมเมื่อทำการทดลองด้วยเจนดิกอัลกอริธึมเพียงอย่างเดียว

ตารางที่ 1 ตัวอย่างโครโมโซมเริ่มต้น

X0	X1	cost
-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506
1.037552273757	3.811832794534	15.606583974262
-4.406187934543	2.555750883816	25.946354694638
-0.657182252713	-3.352643484246	11.672106845740

ตารางที่ 2 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากผ่านเจนดิกอัลกอริธึมในรอบที่ 1

X0	X1	cost
-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506
-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506
-0.517317613697	-1.402579544244	2.234846891372
-0.657182252713	-1.402579544244	2.399117891212

ตารางที่ 3 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากผ่านเจนดิกอัลกอริธึมในรอบที่ 2

X0	X1	cost
-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506
-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506
-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506
-0.517317613697	-1.402579544244	2.234846891372

ตารางที่ 4 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากผ่านเจเนติกอัลกอริทึมในรอบที่ 3

X0	X1	cost
-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506
-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506
-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506
-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506

ตารางที่ 5 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากผ่านเจเนติกอัลกอริทึมในรอบที่ 4

X0	X1	cost
-0.478583084549	-1.402579544244	2.196271146748
-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506
-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506
-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506

ตารางที่ 6 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากผ่านเจเนติกอัลกอริทึมในรอบที่ 5

X0	X1	cost
-0.478583084549	-1.402579544244	2.196271146748
-0.478583084549	-1.402579544244	2.196271146748
-0.478583084549	-1.402579544244	2.196271146748
-0.478583084549	-1.402579544244	2.196271146748

ตารางที่ 7 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากผ่านเจเนติกอัลกอริทึมในรอบที่ 10

X0	X1	cost
-0.478583084549	-1.399827419292	2.188558572618
-0.478583084549	-1.399827419292	2.188558572618
-0.478583084549	-1.402579544244	2.196271146748
-0.478583084549	-1.402579544244	2.196271146748

ตารางที่ 8 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากผ่านเจเนติกอัลกอริทึมในรอบที่ 20

X0	X1	cost
-0.466735544528	-1.276533712450	1.847380387547
-0.466735544528	-1.276533712450	1.847380387547
-0.466735544528	-1.276533712450	1.847380387547
-0.466735544528	-1.276533712450	1.847380387547

ตารางที่ 9 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากผ่านเจเนติกอัลกอริทึมในรอบที่ 30

X0	X1	cost
-0.466735544528	-1.161256950474	1.566359773550
-0.466735544528	-1.161256950474	1.566359773550
-0.466735544528	-1.161256950474	1.566359773550
-0.466735544528	-1.216525130430	1.697775461494

ตารางที่ 10 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากผ่านเจเนติกอัลกอริทึมในรอบที่ 40

X0	X1	cost
-0.459044943464	-1.056098208294	1.326065685681
-0.459044943464	-1.056098208294	1.326065685681
-0.459044943464	-1.056098208294	1.326065685681
-0.459044943464	-1.101428845253	1.423867761275

ตารางที่ 11 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากผ่านเจเนติกอัลกอริทึมในรอบที่ 50

X0	X1	cost
-0.459044943464	-1.024889775746	1.261121312549
-0.459044943464	-1.024889775746	1.261121312549
-0.459044943464	-1.024889775746	1.261121312549
-0.459044943464	-1.024889775746	1.261121312549

ตารางที่ 12 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากผ่านเจเนติกอัลกอริทึมในรอบที่ 60

X0	X1	cost
-0.436362450843	-0.982254259165	1.155235618155
-0.436362450843	-0.982254259165	1.155235618155
-0.436362450843	-0.982254259165	1.155235618155
-0.436362450843	-0.982254259165	1.155235618155

ตารางที่ 13 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากผ่านเจเนติกอัลกอริทึมในรอบที่ 70

X0	X1	cost
-0.435139519161	-0.978652378118	1.147106878331
-0.435139519161	-0.978652378118	1.147106878331
-0.435139519161	-0.978652378118	1.147106878331
-0.435139519161	-0.978652378118	1.147106878331

ตารางที่ 14 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากผ่านเจเนติกอัลกอริทึมในรอบที่ 80

X0	X1	cost
-0.435139519161	-0.911491625699	1.020163384855
-0.435139519161	-0.911491625699	1.020163384855
-0.435139519161	-0.911491625699	1.020163384855
-0.435139519161	-0.911491625699	1.020163384855

ตารางที่ 15 ตัวอย่างโครโมโซมหลังจากผ่านเจเนติกอัลกอริทึมในรอบที่ 90

X0	X1	cost
-0.435139519161	-0.876158941167	0.957000891323
-0.435139519161	-0.876158941167	0.957000891323
-0.435139519161	-0.876158941167	0.957000891323
-0.435139519161	-0.900218322695	0.999739429652

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 16 ตัวอย่าง โครโมโซมหลังจากผ่านเจเนติกอัลกอริทึมในรอบที่ 100

X0	X1	cost
-0.418400669882	-0.858241159319	0.911637008107
-0.418400669882	-0.858241159319	0.911637008107
-0.418400669882	-0.858241159319	0.911637008107
-0.418400669882	-0.858241159319	0.911637008107

2. ค่าของโครโมโซมเมื่อทำการทดลองด้วยเจเนติกอัลกอริทึมที่ทำการปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

ตารางที่ 17 ตัวอย่าง โครโมโซมเริ่มต้นของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนี

X0	X1	cost
-0.497002275222	-1.402579544244	2.214240639506
1.037552273757	3.811832794534	15.606583974262
-4.406187934543	2.555750883816	25.946354694638
-0.657182252713	-3.352643484246	11.672106845740

ตารางที่ 18 ตัวอย่าง โครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีในรอบที่ 1

X0	X1	cost
-0.497002273798	-0.693567276001	0.728046826500
-0.497002273798	-0.693567276001	0.728046826500
-0.497002273798	-0.693567276001	0.728046826500
1.037552237511	0.015444934368	1.076753191561

ตารางที่ 19 ตัวอย่างโครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีในรอบที่ 2

X0	X1	cost
-0.042825698853	-0.693567276001	0.482869606822
-0.042825698853	-0.693567276001	0.482869606822
-0.497002273798	-0.693567276001	0.728046826500
-0.497002273798	-0.693567276001	0.728046826500

ตารางที่ 20 ตัวอย่างโครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีในรอบที่ 3

X0	X1	cost
-0.041565244661	-0.693567276001	0.482763235903
-0.042825698853	-0.693567276001	0.482869606822
-0.042825698853	-0.693567276001	0.482869606822
-0.042825698853	-0.693567276001	0.482869606822

ตารางที่ 21 ตัวอย่างโครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีในรอบที่ 4

X0	X1	cost
-0.041565244661	-0.693567276001	0.482763235903
-0.041565244661	-0.693567276001	0.482763235903
-0.042825698853	-0.693567276001	0.482869606822
-0.042825698853	-0.693567276001	0.482869606822

ตารางที่ 22 ตัวอย่างโครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีในรอบที่ 5

X0	X1	cost
-0.041565244661	-0.693567276001	0.482763235903
-0.041565244661	-0.693567276001	0.482763235903

ตารางที่ 22 (ต่อ)

-0.041565244661	-0.693567276001	0.482763235903
-0.041565244661	-0.693567276001	0.482763235903

ตารางที่ 23 ตัวอย่างโครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีในรอบที่ 10

X0	X1	cost
-0.041565243155	-0.693567276001	0.482763235778
-0.041565243155	-0.693567276001	0.482763235778
-0.041565243155	-0.693567276001	0.482763235778
-0.041565243155	-0.693567276001	0.482763235778

ตารางที่ 24 ตัวอย่างโครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีในรอบที่ 20

X0	X1	cost
-0.040423958498	-0.017297981649	0.001933316590
-0.040423958498	-0.017297981649	0.001933316590
-0.040423958498	-0.017297981649	0.001933316590
-0.040423958498	-0.017849624074	0.001952705500

ตารางที่ 25 ตัวอย่างโครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบฮาร์โมนีในรอบที่ 30

X0	X1	cost
-0.038943129140	-0.015835651047	0.001767335151
-0.038943129140	-0.015835651047	0.001767335151
-0.038943129140	-0.016616157902	0.001792664011
-0.038943130523	-0.016616158187	0.001792664128

ตารางที่ 26 ตัวอย่างโครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบ
ฮาร์โมนีในรอบที่ 40

X0	X1	cost
-0.037999650270	-0.015244318804	0.001676362676
-0.037999650270	-0.015244318804	0.001676362676
-0.037999650270	-0.015244318804	0.001676362676
-0.037999650270	-0.015244318804	0.001676362676

ตารางที่ 27 ตัวอย่างโครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบ
ฮาร์โมนีในรอบที่ 50

X0	X1	cost
-0.037999648601	-0.013462954961	0.001625224450
-0.037999648601	-0.013462954961	0.001625224450
-0.037999648601	-0.013462954961	0.001625224450
-0.037999648601	-0.013462954961	0.001625224450

ตารางที่ 28 ตัวอย่างโครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบ
ฮาร์โมนีในรอบที่ 60

X0	X1	cost
-0.037999648601	-0.013462954961	0.001625224450
-0.037999648601	-0.013462954961	0.001625224450
-0.037999648601	-0.013462954961	0.001625224450
-0.037999648601	-0.013462954961	0.001625224450

ตารางที่ 29 ตัวอย่างโครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบ
ฮาร์โมนีในรอบที่ 70

X0	X1	cost
-0.035119315192	-0.013035765304	0.001403297477
-0.035750520698	-0.013462954961	0.001459350886

ตารางที่ 29 (ต่อ)

-0.036824631905	-0.013035765304	0.001525984692
-0.036824631905	-0.013035765304	0.001525984692

**ตารางที่ 30 ตัวอย่างโครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบ
ฮาร์โมนีในรอบที่ 80**

X0	X1	cost
-0.034916232213	-0.013035764918	0.001389074439
-0.034916232213	-0.013035764918	0.001389074439
-0.034916232213	-0.013035764918	0.001389074439
-0.034916232213	-0.013035764918	0.001389074439

**ตารางที่ 31 ตัวอย่างโครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบ
ฮาร์โมนีในรอบที่ 90**

X0	X1	cost
-0.033999449516	-0.013035764918	0.001325893734
-0.034240908921	-0.013035764918	0.001342371011
-0.034240908921	-0.013035764918	0.001342371011
-0.034240908921	-0.013035764918	0.001342371011

**ตารางที่ 32 ตัวอย่างโครโมโซมของเจเนติกอัลกอริทึมที่ปรับปรุงด้วยอัลกอริทึมการค้นหาแบบ
ฮาร์โมนีในรอบที่ 100**

X0	X1	cost
-0.031087002208	-0.012605529186	0.001125301072
-0.031087002208	-0.013035764918	0.001136332873
-0.031087002208	-0.013035764918	0.001136332873
-0.031087002208	-0.013035764918	0.001136332873

ประวัติผู้เขียน

ชื่อผู้เขียน

นายฉัตรพันธ์ บุญประสพ

วันเดือนปีเกิด

6 พฤศจิกายน 2525

สถานที่เกิด

จังหวัดกระบี่

ประวัติการศึกษา

คณะวิศวกรรมศาสตร์ ภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์
มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้