การจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการทางเจเนติก

Generating Special Project Examination Schedule using Genetic Programming

วราภรณ์ สวรรค์ดอน

สุกัญญา นิลแก้ว

ปัญหาพิเศษนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
ปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต (วิทยาการคอมพิวเตอร์)
ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาศาสตร์
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
ปีการศึกษา 2560

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Generating Special Project Examination Schedule using Genetic Programming

WARAPRON SAWANDON

SUKANYA NILKAEW

A SPECIAL PROJECT SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT OF

THE REQUIREMENT FOR

THE DEGREE OF BACHELOR OF SCIENCE (COMPUTER SCIENCE)

DEPARTMENT OF COMPUTER SCIENCE, FACULTY OF SCIENCE

KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

ACADEMIC YEAR 2017

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หัวข้อปัญหาพิเศษ	การจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการทางเจเนติก Generating Special Project Examination Schedule using Genetic Programming
ชื่อนักศึกษา	นางสาววราภรณ์ สวรรค์ดอน รหัสนักศึกษา 57050323 นางสาวสุกัญญา นิลแก้ว รหัสนักศึกษา 57050343
ปริญญา	วิทยาศาสตรบัญฑิต (วิทยาการคอมพิวเตอร์)
ภาควิชา	วิทยาการคอมพิวเตอร์
ปีการศึกษา	2560
อาจารย์ที่ปรึกษา	อ.สันธนะ อู่อุดมยิ่ง

คณะวิทยาศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง อนุมัติให้ปัญหาพิเศษนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรบัญฑิต (วิทยาการคอมพิวเตอร์) ประจำปีการศึกษา 2560

คณะกรรมการสอบ	ลายมือชื่อ
รศ.ดร.จีรพร วีระพันธุ์ ประธานกรรมการ	
ดร.กุลสวัสดิ์ จิตขจรวานิช กรรมการ	
อ.สันธนะ อู่อุดม กรรมการและอาจารย์ที่ปรึกษา	

ลิขสิทธิ์ของคณะวิทยาศาสตร์
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หัวข้อโครงงานพิเศษ การจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการทางเจเนติก
ชื่อนักศึกษา นางสาววราภรณ์ สวรรค์ดอน 57050323
นางสาวสุกัญญา นิลแก้ว 57050343
ปริญญา วิทยาศาสตรบัณฑิต
ภาควิชา วิทยาการคอมพิวเตอร์
คณะ วิทยาศาสตร์
มหาวิทยาลัย สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง (สจล.)
ปีการศึกษา 2560
อาจารย์ที่ปรึกษา อาจารย์สันธนะ อู่อุดมยิ่ง

บทคัดย่อ

ปัญหาการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษเป็นปัญหาที่ซับซ้อน แม้การใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์ประมวลผลก็ใช้เวลานานในการจัด การจัดตารางสอบนั้นต้องจัดสรรทรัพยากรที่มีอยู่ เช่น จำนวนห้อง ช่วงเวลาที่จัดสอบ ให้มีความเหมาะสมและถูกต้องตามเงื่อนไขของคณาจารย์มากที่สุด กล่าวคือใช้เวลาในการสอบน้อยที่สุด ผู้จัดทำจึงได้นำเอาวิธีการเชิงพันธุกรรม (Genetic algorithm) มาประยุกต์ใช้ในการพัฒนาโปรแกรมด้วยภาษาจาวาเพื่อค้นหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดสำหรับการจัดตารางสอบ ผลที่คาดหวัง คือ เพื่ออำนวยความสะดวกในการจัดตารางสอบให้เป็นไปด้วยความรวดเร็ว มีประสิทธิภาพและลดความผิดพลาดในการจัดตารางสอบให้ตรงตามเงื่อนไขที่กำหนดขึ้น

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Title	Generating Special Project Examination Schedule using Genetic Programming
Students	Miss Warapron Sawandon 57050323
	Miss Sukanya Nilkaew 57050343
Degree	Bachelor of Science (Computer Science)
Department	Computer Science
Faculty	Science
University	King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang (KMITL)
Academic Year	2017
Advisor	Suntana Oudomying

Abstract

Room scheduling for Special Projects' students' examinations requires a high time complexity to solve. The schedule must comply to the constrain which no time and room conflict for any instructor. In particular, the algorithm should least number of days. The authors implement a genetic algorithm solution using Java language. The result is expected to provide an effective schedule for users compared to manually schedule.

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

กิตติกรรมประกาศ

โครงงานปัญหาพิเศษเรื่องการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการทางเจเนติกนั้น สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี โดยได้รับความช่วยเหลือและการสนับสนุนจาก อาจารย์สันธนะ อู่อุดมยิ่ง อาจารย์ที่ปรึกษาโครงงานปัญหาพิเศษ โดยได้ให้คำแนะนำ แนวคิด ข้อเสนอแนะ และการแก้ไขข้อผิดพลาดที่เกิดขึ้นระหว่างการทำงานมาโดยตลอด ทำให้โครงงานปัญหาพิเศษนี้เสร็จสมบูรณ์ ผู้จัดทำจึงขอขอบพระคุณเป็นอย่างสูง

ผู้จัดทำหวังเป็นอย่างยิ่งว่า โครงงานปัญหาพิเศษเล่มนี้จะสามารถเป็นประโยชน์กับผู้ที่ต้องการจัดตารางสอบโดยอัตโนมัติ และได้รับตารางสอบที่มีประสิทธิภาพและมีความรวดเร็วมากขึ้นกว่าการจัดตารางสอบด้วยมือ และหวังว่าในอนาคตโครงงานเล่มนี้จะสามารถช่วยต่อยอดในการศึกษาเพื่อพัฒนางานวิจัยให้มีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น

คณะผู้จัดทำ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อภาษาไทย ..... ก

บทคัดย่อภาษาอังกฤษ..... ข

กิตติกรรมประกาศ..... ค

สารบัญ..... ง

สารบัญตาราง..... ช

สารบัญรูป ..... ฎ

บทที่ 1 บทนำ..... 1

1.1 ที่มาและความสำคัญของปัญหา 1

1.2 วัตถุประสงค์ของปัญหาพิเศษ 1

1.3 ขอบเขตของปัญหาพิเศษ 2

1.4 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ..... 2

1.5 ขั้นตอนการดดำเนินงาน 2

1.6 เครื่องมือและอุปกรณ์ที่ใช้ในการดำเนินงาน 3

บทที่ 2 ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง..... 4

2.1 ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm)..... 4

2.1.1 การเข้ารหัสโครโมโซม (Chromosome Encoding)..... 6

2.1.1.1 การเข้ารหัสแบบไบนารี (Binary Encoding) 6

2.1.1.2 การเข้ารหัสแบบค่าต่าง ๆ (Value Encoding) 6

2.1.1.3 การเข้ารหัสแบบเพอมิวเตชั่น (Permutation Encoding) 7

2.1.2 การสร้างประชากรเริ่มต้น (Population Initialization)..... 7

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญ (ต่อ)

หน้า

2.1.3 การประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness Function) 7
2.1.4 การดำเนินการขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Operations) 8
2.1.4.1 การคัดเลือก (Selection)..... 8
2.1.4.2 การสลับสายพันธุ์ (Crossover)..... 9
2.1.4.3 การกลายพันธุ์ (Mutation) 11
2.1.4.4 การแทนที่ (Replacement)..... 12
2.1.4.5 การตรวจสอบจำนวนรอบการสิ้นสุดการทำงาน..... 12
2.2 ตัวอย่างในการใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm)..... 12
2.3 การจัดตารางสอบ 15
2.3.1 ความหมายของการจัดตารางสอบ..... 15
2.3.2 กำหนดขอบเขตของปัญหาการจัดตารางสอบ 16
2.3.1 กำหนดเงื่อนไขของปัญหาการจัดตารางสอบ..... 16
2.4 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง..... 16
2.5 ซอฟแวร์ที่ใช้ในการพัฒนา..... 20
2.5.1 Windows 10 Pro..... 20
2.5.2 Eclipse 20
2.5.3 ภาษา Java..... 21
บทที่ 3 วิธีการดำเนินงาน..... 23
3.1 ความแตกต่างระหว่างขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบ Classic และ Duplication 23
3.2 ขั้นตอนการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษทั้งหมด 25

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญ (ต่อ)

หน้า

3.2.1 กำหนดปัจจัยในการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ 25
3.2.2 การกำหนดเงื่อนไข 25
3.2.3 การจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการทางเจเนติก 25
3.3 ขั้นตอนการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษทั้งหมด 27
3.3.1 ปัจจัยที่เป็นข้อมูลคงที่ 27
3.3.1.1 ข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบทั้งหมด 27
3.3.1.2 ข้อมูลโครงงานปัญหาพิเศษ 27
3.3.2 ปัจจัยที่กำหนดขึ้นเอง 28
3.3.2.1 ข้อมูลช่วงเวลา 28
3.3.2.2 ข้อมูลห้องสอบ 29
3.3.2.2 จำนวนวันที่ใช้ในการสอบ 29
3.4 การกำหนดเงื่อนไขข้อบังคับที่ใช้ในการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ 31
3.4.1 เงื่อนไขบังคับ (Hard Constraint) 32
3.4.2 เงื่อนไขผ่อนปรน (Soft Constraint) 32
3.5 การประยุกต์ขั้นตอนวิธีเจเนติกแบบ Duplication ในการจัดตารางสอบ 32
โครงงานปัญหาพิเศษ .....
3.5.1 การกำหนดรูปแบบโครโมโซม (Chromosome Representation) 33
3.5.2 การสร้างประชากรเริ่มต้น (Initial Populations) 34
3.5.3 การคำนวณหาค่าความเหมาะสม 35
3.5.4 การตรวจสอบเงื่อนไขการจบการทำงาน 45

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญ (ต่อ)

หน้า

3.5.5 การคัดเลือก (Selection) 45

3.5.6 การ Duplication 46

3.5.7 การสลับสายพันธุ์ (Crossover) 48

3.5.8 การกลายพันธุ์ (Mutation) 53

3.6 การแสดงตารางเวลาสอบโครงงานปัญหาพิเศษ 58

บทที่ 4 ผลการทดลอง 60

4.1 ทดสอบค่า fitness 60

4.2 ทดลอบค่า Accuracy 65

4.3 ทดสอบ GA classic กับ GA duplication ด้วยข้อมูล 40 โครงงานปัญหาพิเศษ 70

บทที่ 5 บทสรุปและข้อเสนอแนะ 72

5.1 บทสรุป 72

5.2 ข้อเสนอแนะ 72

บรรณานุกรม 73

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญตาราง

ตารางที่ **หน้า**

3.1 ตัวอย่างข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ 27

3.2 ตัวอย่างข้อมูลโครงงานปัญหาพิเศษ 28

3.3 ตัวอย่างข้อมูลช่วงเวลา 28

3.4 ตัวอย่างข้อมูลห้องสอบ 29

3.5 ตัวอย่างข้อมูลวัน 31

3.6 ตารางแสดงการสร้างประชากรโดยการสุ่ม 35

3.7 แสดงโครโมโซมที่ 1 ที่นำมาคิดเงื่อนไขบังคับ 35

3.8 แสดงการหาค่าขัดแย้งกับเงื่อนไขบังคับ (C_{hard}) ที่ 1 ของโครโมโซมที่ 1 36

3.9 แสดงการหาค่าขัดแย้งกับเงื่อนไขบังคับ (C_{hard}) ที่ 2 ของโครโมโซมที่ 1 36

3.10 ตารางแสดงการคำนวณค่าความขัดแย้งกับเงื่อนไขบังคับ (C_{hard}) 38

3.11 แสดงการหาค่าขัดแย้งกับเงื่อนรอง (C_{soft}) ของโครโมโซมที่ 1 39

3.12 ตารางแสดงการคำนวณค่าความขัดแย้งกับเงื่อนไขรอง (C_{soft}) 40

3.13 ตารางแสดงการคำนวณค่าความเหมาะสม 42

3.14 ตารางแสดงการคำนวณค่าความถูกต้อง 44

3.15 ตารางสรุปตัวแปร 45

3.16 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกคัดเลือกด้วยวิธี Elitist 46

3.17 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกทั้งหมด 47

3.18 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกคัดลอก 48

3.19 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกแทนที่ 48

3.20 ตารางแสดงประชากรที่ได้จากการ Duplication 48

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่ **หน้า**

3.21 แสดงโครโมโซมที่ได้จากการสลับสายพันธุ์รอบที่ 1 50

3.22 ตารางแสดงโครโมโซมและจุดตัดที่สุ่มได้ก่อนทำการสลับสายพันธุ์ของรอบที่ 2 50

3.23 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการสลับสายพันธุ์จากรอบที่ 2 50

3.24 ตารางแสดงโครโมโซมและจุดตัดที่สุ่มได้ก่อนทำการสลับสายพันธุ์จากของที่ 3..... 51

3.25 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการสลับสายพันธุ์จากรอบที่ 3 51

3.26 แสดงโครโมโซมที่ได้จากการสลับสายพันธุ์รอบที่ 4..... 51

3.27 แสดงโครโมโซมที่ได้จากการสลับสายพันธุ์รอบที่ 5..... 51

3.28 ตารางแสดงโครโมโซมและจุดตัดที่สุ่มได้ก่อนทำการสลับสายพันธุ์ของรอบที่ 6..... 52

3.29 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการสลับสายพันธุ์จากรอบที่ 6 52

3.30 ตารางแสดงโครโมโซมและจุดตัดที่สุ่มได้ก่อนทำการสลับสายพันธุ์ของรอบที่ 7 52

3.31 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการสลับสายพันธุ์จากรอบที่ 7 52

3.32 ตารางแสดงโครโมโซมและจุดตัดที่สุ่มได้ก่อนทำการสลับสายพันธุ์ของรอบที่ 8 52

3.33 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการสลับสายพันธุ์จากรอบที่ 8 53

3.34 ตารางแสดงโครโมโซมและจุดตัดที่สุ่มได้ก่อนทำการสลับสายพันธุ์ของรอบที่ 9 53

3.35 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการสลับสายพันธุ์จากรอบที่ 9 53

3.36 ตารางแสดงโครโมโซมและจุดตัดที่สุ่มได้ก่อนทำการสลับสายพันธุ์จากของที่ 10..... 53

3.37 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการสลับสายพันธุ์จากรอบที่ 10 53

3.38 ตารางแสดงโครโมโซมที่ได้ทั้งหมดหลังทำการสลับสายพันธุ์ 54

3.39 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกนำมาทำการกลายพันธุ์ของรอบที่ 1 55

3.40 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการกลายพันธุ์จากรอบที่ 1 56

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่ **หน้า**

3.41 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกนำมาทำการกลายพันธุ์ของรอบที่ 2 56

3.42 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการกลายพันธุ์จากรอบที่ 2..... 56

3.43 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกนำมาทำการกลายพันธุ์ของรอบที่ 3 56

3.44 แสดงโครโมโซมที่ได้จากการกลายพันธุ์รอบที่ 3..... 56

3.45 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกนำมาทำการกลายพันธุ์ของรอบที่ 4 57

3.46 แสดงโครโมโซมที่ได้จากการกลายพันธุ์รอบที่ 4..... 57

3.47 แสดงโครโมโซมที่ได้จากการกลายพันธุ์รอบที่ 5..... 57

3.48 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกนำมาทำการกลายพันธุ์ของรอบที่ 6 57

3.49 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการกลายพันธุ์จากรอบที่ 6 57

3.50 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกนำมาทำการกลายพันธุ์ของรอบที่ 7 58

3.51 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการกลายพันธุ์จากรอบที่ 7..... 58

3.52 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกนำมาทำการกลายพันธุ์ของรอบที่ 8 58

3.53 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการกลายพันธุ์จากรอบที่ 8..... 58

3.54 แสดงโครโมโซมที่ได้จากการกลายพันธุ์รอบที่ 9..... 58

3.55 ตารางแสดงโครโมโซมที่ได้ทั้งหมดหลังทำการกลายพันธุ์ 59

3.56 ตารางแสดงโครโมโซมที่จะไปคำนวณค่าความเหมาะสมในขั้นตอนที่ 3.5.3..... 59

3.57 ตารางตัวอย่างข้อมูลการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ 60

3.58 ตารางตัวอย่างข้อมูลการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษโดยเรียงตามอาจารย์..... 60

4.1 ตารางค่า fitness ที่เป็นคำตอบในแต่ละครั้งการทดลอง..... 61

4.2 ตารางค่า Accuracy 67

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญรูป

รูปที่ **หน้า**

2.1 Flow Chart การทำงานของวิธีการทางเจเนติก 5

2.2 แสดงการเข้ารหัสแบบไบนารี 6

2.3 แสดงการเข้ารหัสแบบค่าต่างๆ 6

2.4 แสดงการเข้ารหัสแบบเพอมิวเตชั่น 7

2.5 แสดงการสลับสายพันธุ์แบบหนึ่งส่วน 10

2.6 แสดงการสลับสายพันธุ์แบบสองส่วน 10

2.7 แสดงการสลับสายพันธุ์แบบหลายส่วน 11

2.8 แสดงการเดินทางของพนักงาน 13

2.9 แสดงการสุ่มของโครโมโซม 13

2.10 แสดงการสลับสายพันธุ์แบบแบบหนึ่งส่วน 15

2.11 แสดงการกลายพันธุ์ 15

2.12 แสดงผลลัพธ์การกลายพันธุ์ 15

3.1 Flow Chart การทำงานของ วิธีการทางเจเนติก แบบ Duplication 24

3.2 แสดงขั้นตอนการทำงานของการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ 25

3.3 แสดงรูปแบบโครโมโซม 26

3.4 Flow Chart การทำงานการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษโดยวิธีการทางเจเนติก .. 33

3.5 ภาพแสดงโครโมโซมต้นแบบ 33

3.6 แสดงโครโมโซม 34

4.1 แสดงกราฟเส้นคำตอบในแต่ละครั้งการทดลองของ GA classic และ GA duplication .. 65

4.2 แสดงกราฟเส้นแสดงค่าเฉลี่ยของแต่ละ Generation จากการทดลอง 100 ครั้ง 65

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญรูป

รูปที่ **หน้า**

4.3 แสดงกราฟเส้นแสดงค่าที่ดีที่สุดในแต่ละ Generation ของการทดลอง 100 ครั้ง..... 66

4.4 กราฟแสดงแนวโน้มค่าความถูกต้องของ GA Classic และ GA Duplication 70

4.5 กราฟแสดงแนวโน้มค่าความถูกต้อง (Accuracy) ของ GA Classic และ..... 71

GA Duplication แบบ 40 โครงงานปัญหาพิเศษ.....

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ที่มาและความสำคัญของปัญหา

การจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษเป็นปัญหาที่เกิดขึ้นเป็นประจำในทุกปีการศึกษาของสาขาวิทยาการคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง เนื่องจากปัญหาการจัดตารางสอบเป็นปัญหาประเภท NP-Complete คือ มีหลักตามธรรมชาติ ที่อาจไม่สามารถแก้ปัญหาหรือหาทางออกได้ ภายใต้เงื่อนไขของเวลาในการหาคำตอบ กล่าวคือเมื่อมีขนาดของปัญหาที่เพิ่มขึ้นถึงแม้ว่าจะมีเพียงเล็กน้อย เวลาที่ใช้ในการแก้ปัญหาก็จะเพิ่มมากขึ้น การจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษต้องมีการจัดทรัพยากรที่มีอยู่อย่างจำกัดให้มีประสิทธิภาพและเกิดประโยชน์มากที่สุด ต้องมีการพิจารณาเงื่อนไขต่างๆด้วย เช่น จำนวนห้องจำกัด ช่วงเวลาที่จัดสอบ เป็นต้น เงื่อนไขต่างๆเหล่านี้เป็นองค์ประกอบสำคัญในการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษของภาควิชา

วิธีการเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) เป็นวิธีการค้นหาคำตอบที่เหมาะสมสำหรับการแก้ปัญหา Multiple constraint โดยการเลียนแบบวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตตามธรรมชาติหรือการอยู่รอดของสิ่งมีชีวิต คือ สิ่งมีชีวิตที่เหมาะสมที่สุดถึงจะอยู่รอด และมีกระบวนการคัดเลือกสิ่งมีชีวิตเพื่อเปลี่ยนแปลงสิ่งมีชีวิตให้เหมาะสมยิ่งขึ้น โดยการดำเนินการทางพันธุกรรม คือ การสลับสายพันธุ์ (Crossover) การกลายพันธุ์ (Mutation) การแทนที่ (Replacement) ซึ่งจะทำซ้ำไปเรื่อยๆ จนกว่าจะพบคำตอบที่เหมาะสมที่สุดตามเงื่อนไขหรือวัตถุประสงค์ของแต่ละปัญหาตามที่ต้องการ โดยวิธีการเชิงพันธุกรรมได้เปรียบกว่าแนวคิดการค้นหา (search problem) ทั้งด้านการใช้เวลาในการหาคำตอบ และด้านขนาดของหน่วยความจำที่ต้องใช้

ผู้จัดทำจึงได้มีการนำวิธีการเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) มาประยุกต์ใช้ในการพัฒนาโปรแกรมด้วยภาษาจาวาเพื่อช่วยในการแก้ปัญหาจัดตารางสอบโครงงานวิชาพิเศษของภาควิชา โดยมีวัตถุประสงเพื่อเป็นการอำนวยความสะดวกในการจัดตารางสอบให้เป็นไปด้วยความรวดเร็ว มีประสิทธิภาพ และเหมาะสมตามเงื่อนไขข้อบังคับและข้อจำกัดต่างๆที่กำหนดขึ้น เพื่อให้ได้ตารางของการจัดสอบโครงงานปัญหาพิเศษที่ดีที่สุด

1.2 วัตถุประสงค์ของปัญหาพิเศษ

1) เพื่ออำนวยความสะดวกการจัดตารางสอบให้เป็นไปโดยอัตโนมัติ อีกทั้งยังเป็นการลดความผิดพลาดที่อาจเกิดขึ้น

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2) เพื่อศึกษาวิธีการเชิงพันธุกรรมและนำมาประยุกต์ใช้สำหรับการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษเพื่อให้ได้ตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษที่เหมาะสมที่สุดและพัฒนาโปรแกรมด้วยภาษาจาวา

1.3 ขอบเขตของปัญหาพิเศษ

ปัญหาพิเศษนี้เป็นการนำเสนอการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการทางเจเนติกตามข้อบังคับและเงื่อนไขที่กำหนด ซึ่งมีขอบเขตการวิจัย ดังนี้

1) พัฒนาโปรแกรมเพื่อทดสอบทฤษฎีที่ใช้ในการแก้ปัญหาการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษด้วยภาษาจาวา
2) ทำการทดลองโดยการปรับเปลี่ยนค่าประชากรเริ่มต้น อัตราการสลับสายพันธุ์ และอัตราการกลายพันธุ์ เพื่อหาคำตอบที่ดีที่สุด

1.4 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1) ด้านผู้ใช้งาน
   - ผู้ใช้งานสามารถสร้างตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษได้สะดวกและรวดเร็ว
   - ผู้ใช้งานสามารถสร้างตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษได้ถูกต้องตามข้อมูลและเงื่อนไขที่กำหนด
2) ด้านผู้พัฒนา
   - เสริมสร้างทักษะและกระบวนการพัฒนาโปรแกรมด้วยภาษาจาวา
   - เรียนรู้และเข้าใจวิธีการเชิงพันธุกรรมในการแก้ปัญหาการสร้างตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ

1.5 ขั้นตอนการดำเนินงาน

1) กำหนดและเลือกหัวข้อโครงงาน
2) ค้นคว้าและรวบรวมข้อมูลต่างๆของตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ
3) ศึกษาภาษาที่ใช้ในการพัฒนาโปรแกรม
4) ทำการวิเคราะห์และออกแบบขอบเขตของงาน
5) ศึกษาวิธีการเชิงพันธุกรรมที่ใช้ในการแก้ไขปัญหา
6) ทำการศึกษาและเรียนรู้เครื่องมือที่ใช้ในการพัฒนาโปรแกรม
7) ทำการพัฒนาโปรแกรม
8) ทำการทดสอบกระบวนการทำงานทั้งหมดว่าถูกต้องตามที่ออกแบบไว้ และดำเนินการปรับปรุงให้เสร็จแล้วอย่างสมบูรณ์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

1.6 เครื่องมือและอุปกรณ์ที่ใช้ในการทำปัญหาพิเศษ

1) อุปกรณ์

- Notebook Dell รุ่น inspiron 5558
    - หน่วยประมวลผล : Intel Core i7
    - หน่วยความจำ : 8 GB
    - ฮาร์ดดิสก์ : 1 TB
- Notebook Dell รุ่น inspiron 5447
    - หน่วยประมวลผล : Intel Core i5
    - หน่วยความจำ : 8 GB
    - ฮาร์ดดิสก์ : 1 TB

2) ซอฟท์แวร์

- ระบบปฏิบัติการ windows 10 pro 64 bit
- โปรแกรม Eclipse

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 2
ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

เนื้อหาในบทที่ 2 นี้ จะกล่าวถึงขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm), งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง, การจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ, ปัญหาที่มีผลกระทบต่อการจัดตารางสอบ, เงื่อนไขต่างๆของการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ และโปรแกรมที่ใช้ เพื่อนำข้อมูลเหล่านี้ประยุกต์ใช้ในปัญหาการจัดตารางสอบโครงการปัญหาพิเศษ

2.1 ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm)

ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) เป็นกระบวนการที่มีลักษณะการทำงานโดยมีหลักการมาจากการคัดเลือกตามธรรมชาติของชาลส์ ดาร์วิน (Charles Darwin) จากนั้นจอห์น ฮอลแลนด์ (John Holland) ได้นำมาประยุกต์ใช้เป็นวิธีการแก้ปัญหา โดยเป็นวิธีการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาโดยเลียนแบบวิวัฒนาการทางธรรมชาติ คือ ผู้ที่แข็งแกร่งกว่าและมีลักษณะที่ดีกว่าย่อมมีโอกาสในการอยู่รอดมากกว่าและมีโอกาสในการสืบพันธุ์และถ่ายทอดลักษณะที่แข็งแกร่งไปยังรุ่นลูกรุ่นหลานเพื่อดำรงเผ่าพันธุ์ จึงได้นำขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) มาใช้ในการค้นหาคำตอบจากจำนวนคำตอบที่สามารถเป็นไปได้ทั้งหมดในการแก้ปัญหานั้นๆ เพื่อให้ได้คำตอบที่เหมาะสมกับปัญหาที่สุดตามเงื่อนไขที่กำหนดไว้

ขั้นตอนการค้นหาคำตอบด้วยวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) มีขั้นตอน ดังนี้

2.1.1 การเข้ารหัสโครโมโซม (Chromosome Encoding)

2.1.2 การสร้างประชากรเริ่มต้น (Population Initialization)

2.1.3 การประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness Function)

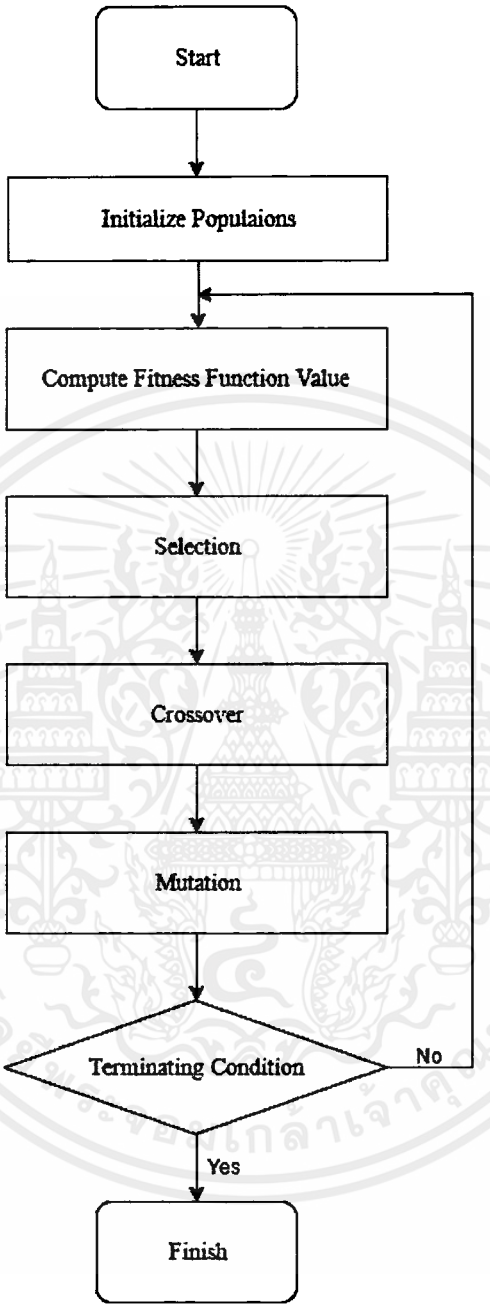
2.1.4 การดำเนินการขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Operations) ประกอบด้วย

- 2.1.4.1 การคัดเลือก (Selection) เพื่อเป็นประชากรในรุ่นต่อไป
- 2.1.4.2 การสลับสายพันธุ์ (Crossover)
- 2.1.4.3 การกลายพันธุ์ (Mutation)
- 2.1.4.4 การแทนที่ (Replacement)

2.1.5 การตรวจสอบจำนวนรอบการสิ้นสุดการทำงาน (Termination Condition)

ซึ่ง Flowchart การทำงานของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) จะมีการทำงาน ดังรูปที่ 2.1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 2.1 Flow Chart การทำงานของวิธีการทางเจเนติก

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

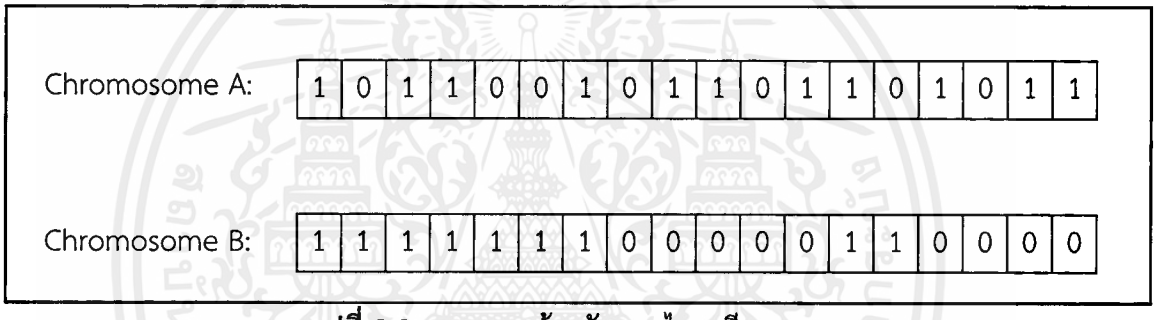
2.1.1 การเข้ารหัสโครโมโซม (Chromosome Encoding)

การเข้ารหัสหรือการได้มาซึ่งโครโมโซม เป็นวิธีการที่ใช้ในการนำเสนอทางเลือกที่สามารถเป็นไปได้ของแต่ละปัญหา จึงทำให้รูปแบบของโครโมโซมมีความแตกต่างกันออกไปตามปัญหานั้นๆ โดยจะมีความหมาย ดังนี้

- Chromosome หมายถึง ชุดคำตอบหนึ่งของปัญหา
- Gene หมายถึง ค่าที่เป็นตัวแทนของตัวแปรที่ใช้ในการตัดสินใจ

2.1.1.1 การเข้ารหัสแบบไบนารี (Binary Encoding)

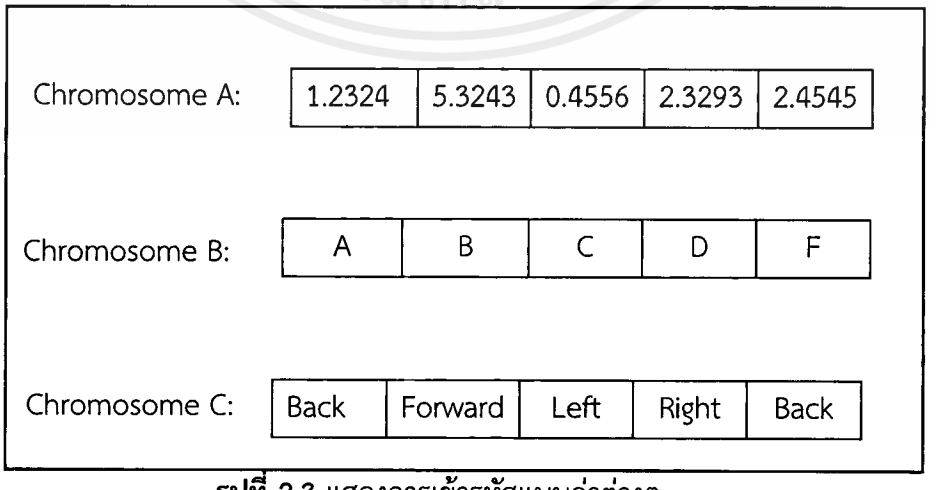
ลักษณะของ Binary Encoding คือ ทุกตำแหน่งของยีนของโครโมโซมจะมีค่าเป็น 0 หรือ 1 โดย 1 แทนการเลือก และ 0 แทนไม่เลือก รูปแบบโครโมโซมแบบนี้เป็นเรื่องธรรมดาที่สุด ยกตัวอย่างดังรูปที่ 2.2



รูปที่ 2.2 แสดงการเข้ารหัสแบบไบนารี

2.1.1.2 การเข้ารหัสแบบค่าต่าง ๆ (Value Encoding)

ทุกตำแหน่งของยีนใน โครโมโซมจะแทนด้วยค่าต่าง ๆ โดยมีรูปแบบ เช่น ตัวอักษร จำนวนจริง แลคำสั่งต่าง ๆ เป็นต้น ซึ่งรูปแบบโครโมโซมแบบนี้สามารถใช้ได้กับปัญหาที่ค่อนข้างซับซ้อน ยกตัวอย่างดังรูปที่ 2.3

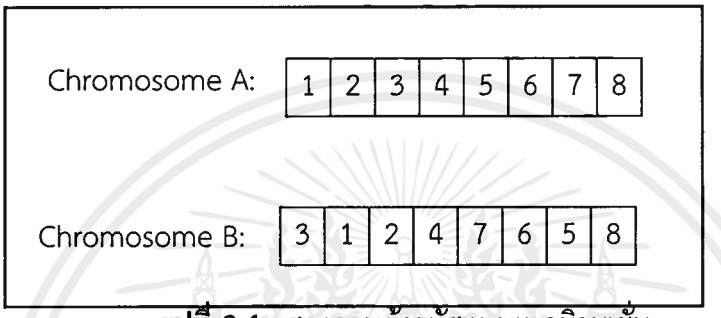


รูปที่ 2.3 แสดงการเข้ารหัสแบบค่าต่างๆ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.1.1.3 การเข้ารหัสแบบเพอมิวเตชั่น (Permutation Encoding)

ทุกตำแหน่งของยีนในโครโมโซมจะเป็นค่าของจำนวนนับของตำแหน่งในแต่ละลำดับ เป็นการกระทำดับแรกก่อนที่จะเข้ากระบวนการของ ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) ประชากรที่เกิดจากการสุ่ม Random เพื่อนำประชากรเข้าไปในกระบวน ในการสุ่มจะต้องสุ่มให้ได้จำนวนเท่ากับขนาดของรุ่นที่ได้กำหนดไว้โดยที่ยังไม่มีการสนใจค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม ซึ่งเป็นวิธีการที่เหมาะกับการนำไปใช้สำหรับการลำดับตำแหน่งของปัญหา เช่น ปัญหาของ Traveling Salesman Problem หรือ ปัญหาของ Scheduling Problem ดังรูปที่ 2.4



รูปที่ 2.4 แสดงการเข้ารหัสแบบเพอมิวเตชั่น

2.1.2 การสร้างประชากรเริ่มต้น (Population Initialization)

การสร้างประชากรเริ่มต้นเป็นขั้นตอนถัดไปหลังจากเลือกรูปแบบการเข้ารหัสโครโมโซมได้แล้ว การสุ่มเลือกเพื่อสร้างประชากรต้นแบบขึ้นมาเพื่อใช้เป็นจุดเริ่มต้นของขั้นตอนการวิวัฒนาการ ขั้นตอนนี้จะเป็นขั้นตอนแรกที่เกิดขึ้นก่อนที่จะเริ่มเข้ากระบวนการของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) โดยประชากร กลุ่มแรกจะเกิดจากการสุ่ม (Random) ค่าขึ้นมาจากกลุ่มข้อมูลที่มีอยู่ เพื่อนำประชากรเข้าสู่กระบวนการ โดยในการสุ่มจะต้องสุ่มให้ได้จำนวนเท่ากับขนาดประชากร (Population Size) ที่ได้กำหนดไว้ คือจะสุ่มเลือกขึ้นมาจากกลุ่มของประชากรทั้งหมดที่มีอยู่ โดยยังไม่มีการสนใจค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม

2.1.3 การประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness Function)

Fitness Function เป็นการกำหนดค่าความเหมาะสมเพื่อให้คะแนนสำหรับคำตอบต่างๆ ที่เป็นไปได้ของปัญหา โครโมโซมทุกตัวจะบ่งบอกถึงความเหมาะสมของตัวเองเพื่อใช้ สำหรับพิจารณาว่าโครโมโซมตัวนั้นเหมาะสมหรือไม่ที่จะนำมาใช้ในการสืบทอดพันธุกรรมสำหรับสร้างโครโมโซมรุ่นใหม่ เมื่อเทียบกับโครโมโซมอื่นๆ ที่มีอยู่ในกลุ่มประชากร โดยวิธีการสำหรับคิดค่าความเหมาะสมนั้นจะใช้สมการที่สอดคล้องกับแต่ละปัญหา

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.1.4 การดำเนินการขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Operations)

เป็นวิธีการปรับเปลี่ยนองค์ประกอบของข้อมูลทุกขั้นตอนทางวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) ซึ่งมีกระบวนการพื้นฐานที่สำคัญ มี 3 ส่วน ดังนี้

2.1.4.1 การคัดเลือก (Selection)

ตัวดำเนินการคัดเลือกสายพันธุ์ (Selection) เพื่อให้เกิดการอยู่รอดของสิ่งมีชีวิตนั้น โดยคัดเลือกมาเป็นโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่ หรือที่เรียกว่า Parents ในการสืบสายพันธุ์ โดยเลือกโครโมโซมที่ดีที่สุด หมายถึง ส่วนที่ทำให้เกิดการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาในแต่ละรุ่นของจำนวนโครโมโซมทั้งหมด กล่าวคือ เราจะกำหนดจำนวนโครโมโซมของปัญหาเป็นรุ่น (Generation) แล้วมีการเลือกโครโมโซมที่ดีที่สุดในรุ่นมาเป็นตัวกำเนิดโครโมโซมในรุ่นต่อๆไป ทำให้เกิดปัญหาว่าจะทำอย่างไรให้เกิดจากคัดเลือกโครโมโซมที่น่าพอใจเพื่อที่จะเกิดการอยู่รอดของสิ่งมีชีวิตตามทฤษฎีของ Charles Darwin จึงทำให้เกิดรูปแบบมากมายในการเลือกโครโมโซมที่น่าพอใจที่สุดเพื่อนำไปสืบสายพันธุ์ ทำให้เกิดรูปแบบการคัดเลือกมากมายเพื่อให้เกิดผลลัพธ์น่าพอใจที่สุด ยกตัวอย่างเช่น การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel), การคัดเลือกแบบเฟ้นสุ่มสากล (Stochastic Universal Sampling Selection), การคัดเลือกแบบจัดอันดับ (Ranking), การคัดเลือกแบบการแข่งขัน (Tournament) และการคัดเลือกแบบ Elitist เป็นต้น

2.1.4.1.1) การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel Selection)

เป็นวิธีการคัดเลือกที่มีหลักการจากการเลียนแบบการเล่นรูเล็ต คือ โครโมโซมที่มีคาดว่าเหมาะสมที่ดีกว่ามีโอกาสถูกเลือกมากกว่าโครโมโซมที่ด้อยกว่าซึ่งขนาดพื้นที่ของวงล้อเสี่ยงโชคหรือความกว้างของช่องแต่ละช่องของวงล้อรูเล็ตได้จากค่าความความเหมาะสมของสมาชิกแต่ละตัว จากนั้นกำหนดตัวชี้ตำแหน่งตายตัว (Fixed Point) และทำการหมุนวงล้อรูเล็ต เมื่อวงล้อหยุดหมุนจะเลือกสมาชิกของกลุ่มประชากรที่มีตัวชี้ตำแหน่งชี้อยู่ทำเช่นนี้ซ้ำจนได้สมาชิกของกลุ่มประชากรครบตามจำนวนในหนึ่งรุ่น ซึ่งวิธีนี้จะมีความลำเอียง (Bias Roulette Wheel) ในการเลือกค่อนข้างมาก เนื่องจากถ้าโครโมโซม (สมาชิกของกลุ่มประชากรตัวใด) ที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีกว่าจะมีโอกาสถูกเลือกซ้ำหลายครั้งทำให้สมาชิกของกลุ่มประชากร ภายในรุ่นถัดไปของการทำงานมีลักษณะของสมาชิกของกลุ่มประชากรตัวนั้นๆ หลายตัวตามภาพ เมื่อมีการหมุนวงล้อรูเล็ตโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากจะถูกเลือกได้บ่อยกว่า โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อย

2.1.4.1.2) การคัดเลือกแบบเฟ้นสุ่มสากล (Stochastic Universal Sampling Selection)

จะมีหลักการคัดเลือกเหมือนกับการคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ตต่างกันที่หลังจากกำหนดจุดชี้ตำแหน่งโดยการสุ่มในครั้งแรกแล้ว ทำการเลือกสมาชิกของกลุ่มประชากร ที่มีตัวชี้ตำแหน่งชี้อยู่เป็นตัวแรกต่อจากนั้นทำการเลื่อนตัวชี้ตำแหน่งจากจุดเดิมทีละขั้น โดยที่แต่ละขั้นนั้นจะเท่ากับ 360 องศาต่อจำนวนสมาชิกของกลุ่มประชากร แล้วทำการเลือกสมาชิกของกลุ่มประชากรที่มีตัวชี้ตำแหน่งชี้อยู่จนครบตามจำนวนสมาชิกของกลุ่มประชากรในหนึ่งรุ่น ดังนั้นการคัดเลือกพันธุ์แบบการสุ่มเลือก

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตัวอย่างแบบเฟ้นสุ่มสากลนี้สามารถลดความลำเอียงในการคัดเลือกได้เนื่องจากโอกาสที่สมาชิกของกลุ่มประชากรตัวใดจะถูกเลือกซ้ำหลาย ๆ ครั้งจะเกิดขึ้นต่อเมื่อสมาชิกของกลุ่มประชากรตัวนั้น ๆ มีค่าความแข็งแรงสูงมาก ๆ

2.1.4.1.3) การคัดเลือกแบบจัดอันดับ (Ranking Selection)

เป็นวิธีการคัดเลือกแบบจัดอันดับจะให้ค่าของโอกาสในการถูกคัดเลือกที่ไม่แปรผันไปตามขนาดของค่าความเหมาะสมซึ่งจะทำให้โครโมโซมทุกตัวมีโอกาสที่จะได้รับการ คัดเลือกเป็นประชากรในรุ่นต่อไปมากขึ้นเพื่อที่ใช้ในกรณีที่โครโมโซมบางโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดเด่นกว่าโครโมโซม การใช้วิธี Rank Selection เพื่อที่จะให้การคัดเลือกโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ด้อยได้มี โอกาสได้รับการคัดเลือก

2.1.4.1.4) การคัดเลือกแบบการแข่งขัน (Tournament Selection)

เป็นวิธีที่ใช้ในการคัดเลือกโครโมโซมพ่อและแม่พันธุ์ที่ดีเป็นวิธีการที่เหมือนกับการแข่งขันกีฬาโดยจะทำได้โดยการสุ่มแบ่งกลุ่มคัดเลือกโครโมโซมแล้วเลือกเอาโครโมโซมที่ดีที่สุดในกลุ่มนั้นเพื่อหาโครโมโซมผู้ชนะเป็นผู้ต้นกำเนิดสายพันธุ์ต่อไป คือ เป็นวิธีการที่เหมือนกับการแข่งขันโดยทั่วไปโดยจะแบ่งกลุ่มประชากรออกเป็น 2 กลุ่มแบบสุ่ม แล้วทำการแข่งขันกันโดย คัดเลือกโครโมโซมที่มีความเหมาะสมสูงที่สุดในกลุ่มโครโมโซมที่สุ่มขึ้นมา วิธีการนี้เหมาะสมในการทำให้ปัญหาความเหลื่อมล้าของค่าความเหมาะสมของโครโมโซมหมดไป นอกจากนั้นแล้ว วิธีจัดการแข่งขันยังเขียนโปรแกรมได้ง่ายและทำงานเป็นแบบขนานด้วย วิธีนี้ทำให้ช่วยลดปัญหาเรื่องความลำเอียง (Bias) ออกไป

2.1.4.1.5) การคัดเลือกแบบ Elitist

เป็นแนวคิดที่ป้องกันการหาของเส้นทางที่ดีที่สุดหมายความว่ามีการคัดลอกโครโมโซมที่ดีที่สุดไว้ก่อน ส่วนประชากรส่วนที่เหลือจะที่จะต้องคัดเลือกจะใช้วิธีการเลือกแบบอื่นๆ

2.1.4.2 การสลับสายพันธุ์ (Crossover)

เป็นการเปลี่ยนถ่ายยีนจากโครโมโซมพ่อแม่ไปสู่ลูก ซึ่งอัลกอริทึมพยายามสร้างทางเลือกที่ดีขึ้นโดย การรวมลักษณะที่ดีของแต่ละโครโมโซมเข้าด้วยกัน โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมสูงกว่ามักจะถูกเลือกมาสลับสายพันธุ์บ่อยครั้งกว่าส่งผลให้มีโอกาสในการรอดไปยังรุ่นต่อ ๆ ไปมากขึ้น

ขั้นตอนในการการสลับสายพันธุ์ (Crossover) คือ จะนำสมาชิกของประชากรที่ผ่านการคัดเลือกมาเป็นคู่ๆ กำหนดให้เป็นสมาชิกรุ่นพ่อกับสมาชิกรุ่นแม่ (Parent Individual) มาผสมกันเพื่อให้ได้โครโมโซมใหม่ขึ้นมาจากนั้น ทำการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างสมาชิกรุ่นพ่อกับสมาชิกรุ่นแม่จากนั้นคัดลอกโครโมโซมที่อยู่หน้าตำแหน่งที่สุ่มได้จากโครโมโซมพ่อและคัดลอกโครโมโซมที่อยู่หลังตำแหน่งที่สุ่มได้จากโครโมโซมแม่แล้วนำโครโมโซมที่ได้ทั้งสองมารวมกันเป็น โครโมโซมลูกตัวที่ 1 ส่วนลูกตัวที่สองทำในลักษณะเดียวกันแต่สลับตำแหน่งระหว่างพ่อและแม่ และใช้กระบวนการเดียวกันนี้กับโครโมโซมที่เหลืออยู่จนได้โครโมโซมลูกครบตามจำนวนประชากรเดิม โดยทั่วไปแล้วการ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สลับสายพันธุ์จะไม่ได้เกิดขึ้นกับทุกโครโมโซมพ่อแม่ที่เลือกมา แต่ว่าการสุ่มเลือกสมาชิกรุ่นพ่อกับสมาชิกรุ่นแม่มาทำการสลับสายพันธุ์จะถูกกำหนดโดยความน่าจะเป็นในการสลับสายพันธ์ (Crossover Probability) ซึ่งโดยทั่วไปแล้วจะมีค่าอยู่ในช่วง 0.7 ถึง 0.9 โดยหากไม่เกิดการสลับสายพันธุ์ (Crossover) จะทำให้โครโมโซมลูกที่ได้มีลักษณะเหมือนโครโมโซมพ่อแม่ทุกประการ วิธีการสลับสายพันธุ์มีอยู่ด้วยกันหลายวิธี เช่น การสลับสายพันธุ์แบบหนึ่งส่วน (One-Point Crossover) , การสลับสายพันธุ์แบบสองส่วน (Two-Point Crossover) , การสลับสายพันธุ์แบบหลายส่วน (N-Point Crossover) เป็นต้น

2.1.4.2.1) การสลับสายพันธุ์แบบหนึ่งส่วน (One-Point Crossover)

ใช้วิธีสุ่มจุดตัดขึ้นมาหนึ่งจุดเพื่อใช้เป็นจุดที่ใช้ในการสลับโครโมโซม ซึ่งโครโมโซมใหม่ที่ได้จะเกิดจากบางส่วนก่อนจุดตัด ในโครโมโซมพ่อ (Parent A) ผสมกับบางส่วนหลังจุดตัดในโครโมโซมแม่ (Parent B) ดังรูปที่ 2.5

Parent A	Parent B	Offspring (1)	Offspring(2)
10110011	11010100	10110100	11010011

รูปที่ 2.5 แสดงการสลับสายพันธุ์แบบหนึ่งส่วน

2.1.4.2.2) การสลับสายพันธุ์แบบสองส่วน (Two-Point Crossover)

ใช้วิธีสุ่มจุดตัดขึ้น มา 2 จุดเพื่อใช้เป็นจุดในการสลับโดยโครโมโซมใหม่ที่ได้จะเกิดจากยีนก่อนจุดตัดที่ 1 และยีนหลังจุดตัดที่ 2 ในโครโมโซมพ่อ (Parent A) ผสมกับยีนที่อยู่ระหว่างจุดตัดที่ 1 และจุดตัดที่ 2 ใน โครโมโซมแม่ (Parent B) ดังรูปที่ 2.6

Parent A	Parent B	Offspring (1)	Offspring(2)
10110011	11010100	10010011	11110100

รูปที่ 2.6 แสดงการสลับสายพันธุ์แบบสองส่วน

2.1.4.2.3) การสลับสายพันธุ์แบบหลายส่วน (N-Point Crossover)

เป็นลักษณะเช่นเดียวกัน กับการไขว้ข้ามแบบสองจุดแต่เพิ่มจำนวนจุดของการสลับสายพันธุ์มากขึ้น จะพิจารณาการแยกเปลี่ยนยีนระหว่างโคโมโซมพ่อและแม่ทีละอัลลีล (Allele) หรือที่ละบิตของเลขฐานสอง โดยใช้วิธีการสุ่มหาค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลียนอัลลีลคู่นั้นๆ หากอัลลีลหรือบิตใดๆ ได้รับอนุญาตให้ทำการแลกเปลี่ยนได้ อัลลีลของโครโมโซมที่เป็นตัวพ่อก็จะถูกนำมาแทนที่อัลลีลของโครโมโซมที่เป็นตัวแม่ และอัลลีลของโครโมโซมที่เป็นตัวแม่ก็จะถูกนำมาแทนที่อัลลีลของโครโมโซมที่เป็นตัวพ่อ ดังรูปที่ 2.7

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Parent A	Parent B	Offspring (1)	Offspring(2)
10110011	11010100	11110001	10010110

รูปที่ 2.7 แสดงการสลับสายพันธุ์แบบหลายส่วน

2.1.4.3 การกลายพันธุ์ (Mutation)

เป็นการนำโครโมโซมมาสุ่มแก้ไขหรือดัดแปลงบางส่วนของโครโมโซมให้เป็นบิตตรงข้ามทำให้สายพันธุ์ใหม่เปลี่ยนไปจากเดิม ซึ่งมีโอกาสที่จะเป็นโครโมโซมที่ดีหรือแย่กว่าเดิมก็ได้ หากโครโมโซมที่ได้ใหม่นั้นเป็นโครโมโซมที่แย่ลง โครโมโซมที่ได้นี้จะถูกคัดออกไปในขั้นตอนการถูกคัดเลือกเอง วัตถุประสงค์ของการกลายพันธุ์คือ เพื่อประกันการสูญหายของข้อมูล และสร้างความหลากหลายของข้อมูล ขั้นตอนในการกลายพันธุ์โดยทั่วไป คือ ทำการสุ่มตำแหน่งที่ต้องการการกลายพันธุ์ขึ้นมาภายใต้ความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ (Probability of Mutation)) ซึ่งได้ทำการกำหนดไว้ในช่วงของการเริ่มกระบวนการโดยจะทำหน้าที่เปลี่ยนแปลงค่าบางส่วนของสมาชิกของกลุ่มประชากรเพื่อให้สมาชิกของกลุ่มประชากรมีความหลากหลายมากขึ้นและเทคนิคในการกลายพันธุ์ส่วนมากจะขึ้นกับการเข้ารหัสโครโมโซม ความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ระหว่าง 0 ถึง 0.1

การกลายพันธุ์ (Mutation) เป็นกระบวนการที่เกิดขึ้นหลังกระบวนการสลับสายพันธุ์ จะทำหน้าที่เปลี่ยนแปลงค่าบางส่วนของสมาชิกของกลุ่มประชากรเพื่อให้สมาชิกของกลุ่มประชากรมีความหลากหลายมากขึ้น

2.1.4.4 การแทนที่ (Replacement)

การแทนที่เป็นขั้นตอนที่เมื่อผ่านขั้นตอนของการสลับสายพันธุ์และกลายพันธุ์จะทำให้เกิดโครโมโซมลูกหลานเรียบร้อยแล้วและนำโครโมโซมลูกหลานใหม่นี้ไปแทนที่ประชากรรุ่นเก่า จุดประสงค์ในการแทนที่นั้นค่อนข้างชัดเจน คือการนำโครโมโซมลูกหลานมาแทนที่ประชากร รุ่นก่อน ทำให้ประชากรรุ่นใหม่ เป็นโครโมโซมที่ดีกว่าเพราะได้สายพันธุ์ที่ดีจากต้นกำเนิดสายพันธุ์ที่ผ่านการคัดเลือกแล้ววิธีในการคัดเลือกว่าโครโมโซมไหนจะถูกแทนที่มีด้วยกัน 2 วิธีคือ

2.1.4.4.1 การแทนที่ประชากรทั้งรุ่น (Generational Genetic Algorithm)

ลูกหลานไปแทนที่ประชากรรุ่นเก่าทั้งหมด ดังนั้นถ้าในระบบหนึ่งมีจำนวน ประชากรเท่ากับN จำนวนของโครโมโซมลูกหลานที่จะมาแทนที่จะต้องมีขนาด N เช่นกัน วิธีนี้เป็นวิธีที่ง่าย เนื่องมาจากไม่จำเป็นจะต้องมีขั้นตอนของการคัดเลือกว่าประชากรส่วนไหนจะถูกแทนที่ แต่มีข้อเสียคือโครโมโซมที่ดีในรุ่นก่อนจะถูกแทนที่ไปด้วย ซึ่งวิธีแก้อย่างง่ายคือก่อนที่จะทำการแทนที่ให้คัดเลือกเก็บโครโมโซมที่ดีที่สุด2-3 ตัวแรกเอาไว้โดยอาจจะใช้วิธีการคัดเลือกหัวกระทิ (Elitist Strategy) กล่าวคือถ้าไม่มีโครโมโซมใหม่ที่ดีกว่าเกิดขึ้น โครโมโซมที่ดีที่สุดจาก รุ่นก่อนก็จะถูกเก็บไว้อยู่ตลอดไป และไม่

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ก่อให้เกิดการเปลี่ยนแปลงใดๆขึ้น ทำให้ Genetic Algorithm ไม่สามารถวิวัฒนาการโครโมโซมใหม่ขึ้นมาได้ ถึงแม้ว่าผลของโครโมโซมหัวกระทิจะมีโอกาสเกิดขึ้นมาได้แต่วิธีนี้ก็จำให้ระบบโดยรวมดีขึ้น

2.1.4.4.2 การแทนที่ประชากรแบบบางส่วน (Partial Genetic Algorithm)

เป็นการนำเอาประชากรลูกหลานไปแทนที่ประชากรเดิมเพียงบางส่วนเท่านั้นโดยมีการคัดเลือกประชากรที่จะถูกแทนที่ซึ่งจะพิจารณาจากค่าความเหมาะสมของ โครโมโซม โครโมโซมเก่าจะถูกแทนที่ด้วยโครโมโซมใหม่เพียง 1 หรือ 2 ตัวเท่านั้น วิธีในการแทนที่มีอยู่หลายวิธี เช่น การแทนที่ประชากรที่ด้อยที่สุด หรือการแทนที่ประชากรโดยการสุ่มเลือก เป็นต้น

2.1.5 การตรวจสอบจำนวนรอบการสิ้นสุดการทำงาน (Termination Condition)

เมื่อถึงขั้นตอนการแทนที่ประชากร (Population Replacement) จากนั้นเป็นขั้นตอนการตรวจสอบว่าจบกระบวนการแล้วหรือยังการทำงานของ Genetic Algorithm เป็นวัฏจักรหมุนเวียนอยู่เช่นนั้นจนกระทั่งถึงจุดหนึ่งตามเงื่อนไขโดยอาจสิ้นสุดเมื่อถึงเงื่อนไขที่กำหนด ซึ่งมีวิธีการจบกระบวนการได้หลายวิธี เช่น

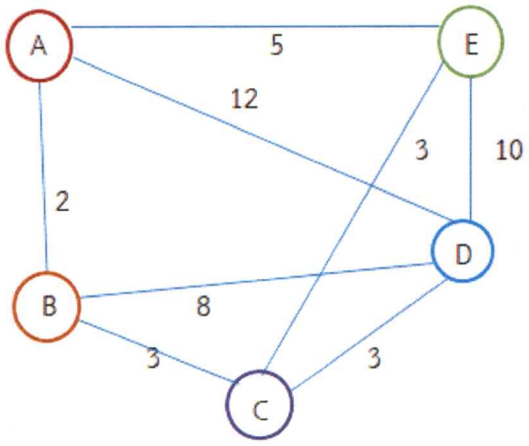
1) การหยุดการทำงานโดยการพบว่าคำตอบที่ดีที่สุดตามที่ต้องการ
2) การหยุดการทำงานเมื่อทำงานถึงรอบที่กำหนด เช่น 1000 รอบ เป็นต้น
3) การหยุดการทำงานเมื่อครบเวลาที่กำหนด
4) การหยุดการทำงานเมื่อคำตอบที่ได ไมมีการเปลี่ยนแปลงภายในจำนวนรุ่นการทำงานตามที่กำหนด
5) การหยุดการทำงานเมื่อคำตอบที่ได ไมมีการเปลี่ยนแปลงภายในเวลาที่กำหนด ซึ่งหากไมเขาเงื่อนไขดังที่กล่าวมาแล้วก็ให้กลับไปที่ขั้นตอนการสร้างต้นแบบแล้วทำงานซ้ำกระบวนการจนกว่าจะพบเงื่อนไขจบการทำงาน

2.2 ตัวอย่างในการใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm)

เป็นการใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมในการแก้ไขปัญหาการเดินทางของพนักงานขาย (traveling salesman problem : TSP) ซึ่งประกอบด้วยพนักงานขายและเซตของเมืองต่างๆ พนักงานขายจะต้องเดินทางไปแต่ละเมืองโดยเริ่มจากเมืองหนึ่ง (เช่น บ้านเกิด) และกลับมายังเมืองเดิม ความท้าทายของปัญหานี้ คือ การเดินทางของพนังงานขายจะต้องลดระยะทางรวมของการเดินทาง

ยกตัวอย่างเช่น ดังรูปที่ 2.8

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 2.8 แสดงการเดินทางของพนักงาน

ปัญหาคือการหาเส้นทางที่น้อยที่สุดที่ผ่านเมืองทั้งหมดเพียงครั้งเดียว ยกตัวอย่างเช่น เส้นทางที่ 1 {A,B,C,D,E,A} และเส้นทางที่ 2 {A,B,C,E,D,A} ผ่านเมืองทั้งหมดแต่เส้นทางที่ 1 มีระยะทางรวม 24 และเส้นทางที่ 2 มีระยะทางรวม 31

วิธีการ

การที่มีเซตของเมือง (จุด) ในระนาบ 2 แต่ละเมืองมีถนนไปในแต่ละเมือง ซึ่งจำเป็นต้องค้นหาเส้นทางที่จะวนไปในแต่ละเมืองเพียงครั้งเดียงและมีระยะทางน้อยที่สุด

ขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรม คือ ลำดับการดำเนินการต่อไปนี้

1) สร้างประชากรแบบสุ่มและหาระยะทางของเส้นทาง
2) หาค่าความน่าจะเป็น (Probabilities) สำหรับการเลือกโครโมโซม
3) เตรียมการสำหรับการสลับสายพันธุ์ (Crossover) ตามความน่าจะเป็น
4) ทำการสลับสายพันธุ์ (Crossover)
5) ทำการกลายพันธุ์ (Mutation)

ขั้นตอนที่ 1 สร้างประชากรเริ่มต้นด้วยการสุ่ม

ทำให้มีเส้นทางมากมายที่มีระยะทางแตกต่างกัน เส้นทางสามารถทำการสลับสายพันธุ์กับเส้นทางอื่นและทำการกลายพันธุ์ได้ เส้นทางทั้งหมดจะถูกบันทึกไว้ ดังรูปที่ 2.9

A	E	C	B	D	เส้นทางที่ 1
E	A	D	B	C	เส้นทางที่ 2
D	C	E	A	B	เส้นทางที่ 3
C	B	A	D	E	เส้นทางที่ 4
B	D	C	E	A	เส้นทางที่ 5
A	D	E	C	B	เส้นทางที่ 6

รูปที่ 2.9 แสดงการสุ่มของโครโมโซม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

มีประชากรทั้งหมด 6 เส้นทาง ขนาดของประชากร (population size) เท่ากับ 6 สำหรับ 5 เมือง

ขั้นตอนที่ 2 การประเมินค่าความเหมาะสม (fitness evaluation)

F(x) = 1/d

d = ระยะทางระหว่างแต่ละเมือง

ขั้นตอนที่ 3 การเลือกสำหรับการสลับสายพันธ์

สำหรับกรณีนี้ได้ใช้การทำงานแบบ Roulette wheel อย่างแรกคือต้องคำนวณความน่าจะเป็นคือการนำค่าความเหมาะสมของเส้นทางแต่ละเส้นทางมาหารด้วยผลบอกของค่าความเหมาะสมของเส้นทางทั้งหมด

$$p_i = \frac{\frac{1}{d}}{\sum_i \frac{1}{d}}$$

p_i คือ ความน่าจะเป็นของเส้นทาง i สำหรับนำมาสลับสายพันธ์

d_i คือ ระยะทางของเส้นทาง i

- ยกตัวอย่างเช่น ถ้ามี 6 เส้นทาง เส้นทางที่ 1,2,3,4,5 และ 6
- มีความน่าจะเป็น เท่ากับ 0.04,0.04,0.06,0.4,0.06 และ 0.4 ตามลำดับ

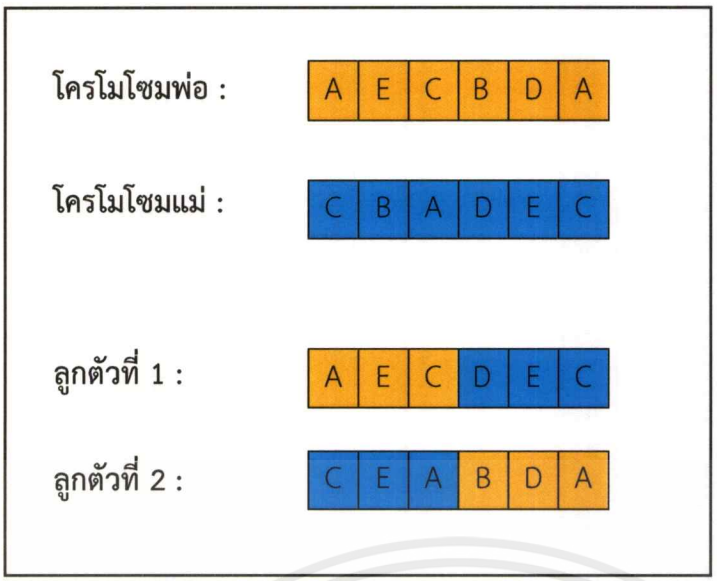
จากนั้นใช้การทำงานแบบ Roulette wheel มาใช้สำหรับการเลือกเพื่อนำมาสลับสายพันธุ์ ยกตัวอย่าง ได้เส้นทาง 1,4,3,4,5,4 จะเห็นได้ว่า ได้เส้นทาง 4 บ่อยที่สุดและเส้นทาง1,3 และ5 รองลงมา ส่วนเส้นทางที่ไม่ได้ถูกเลือกที่เหลือจะถูกจำกัด เนื่องจากการทำงานแบบ Roulette wheel เส้นทางที่มีความน่าจะเป็นสูงจะมีโอกาสที่จะถูกเลือกสูงตามไปด้วย แต่ทั้งหมดนี้คือการสุ่ม หลังจากนั้นจะได้คู่ในการสลับสายพันธุ์ คือ

- 1 และ 4 (ได้ลูก 2 โครโมโซม)
- 3 และ 4 (ได้ลูก 2 โครโมโซม)
- 5 และ 4 (ได้ลูก 2 โครโมโซม)

ขั้นตอนที่ 4 การสลับสายพันธุ์ (crossover)

โดยกรณีนี้จะใช้การสลับสายพันธุ์แบบหนึ่งส่วน(One-Point Crossover) ยกตัวอย่างเช่น รูปที่ 2.10

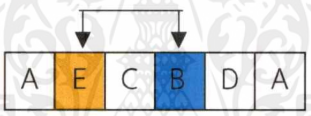
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 2.10 แสดงการสลับสายพันธุ์แบบแบบหนึ่งส่วน

ขั้นตอนที่ 5 การกลายพันธุ์ (mutation)

ใช้การกลายพันธุ์แบบ การเลือกสุ่ม 2 เมือง ยกตัวอย่างเช่น ดังรูปที่ 2.11



รูปที่ 2.11 แสดงการกลายพันธุ์

ผลที่ได้ คือ ดังรูปที่ 2.12

รูปที่ 2.12 แสดงผลลัพธ์การกลายพันธุ์

ทำขั้นตอนที่ 2 ถึง ขั้นตอนที่ 5 ซ้ำจนกว่าจะได้คำตอบที่เหมาะสมที่สุดหรือถึงเงื่อนไขการจบการทำงาน

2.3 การจัดตารางสอบ

มีรายละเอียดที่เกี่ยวข้องกับการจัดตารางสอบ มีดังนี้

2.3.1 ความหมายของการจัดตารางสอบ

การจัดตารางเวลาสอบ คือ การนำหัวข้อโครงงานปัญหาพิเศษของนักศึกษาปี4 แต่ละกลุ่ม, อาจารย์ที่ปรึกษา และกรรมการคุมสอบ 2 ท่าน มาจัดสรรตามเงื่อนไขที่กำหนดให้ได้ห้องและเวลาที่เหมาะสมตามเป้าหมายที่วางไว้มากที่สุด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.3.2 กำหนดขอบเขตของปัญหาการจัดตารางสอบ

การกำหนดขอบเขตของปัญหาการจัดตารางสอบ จะมีปัญหาที่เกี่ยวข้องกับเงื่อนไขต่างๆ ดังนี้

1) ห้อง (Room) คือ ห้องที่ใช้การสอบ
2) ช่วงเวลา (Time-Period) คือ ช่วงเวลาในการสอบ
3) นักศึกษา (Student) คือ นักศึกษาที่จะสอบโครงงานปัญหาพิเศษในห้องและช่วงเวลานั้นๆ
4) อาจารย์ที่ปรึกษา (advisor) คือ อาจารย์ที่เป็นที่ปรึกษาโครงงานปัญหาพิเศษให้กับนักศึกษากลุ่มนั้นๆ
5) ประธานกรรมการคุมสอบ (Chairman) คือ อาจารย์คุมสอบโครงงานปัญหาพิเศษ
6) กรรมการคุมสอบ (Committee) คือ อาจารย์คุมสอบโครงงานปัญหาพิเศษ

โดยปัญหาที่เกี่ยวข้องในการจัดตารางสอบแต่ละประเภทจะมีเงื่อนไขข้อบังคับที่แตกต่างกันสำหรับการพิจารณาการจัดตารางสอบ

2.3.3 กำหนดเงื่อนไขของปัญหาการจัดตารางสอบ

การจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษจะมีเงื่อนไขอยู่ 2 ประเภทที่นำมาพิจารณาในปัญหาในการจัดตารางสอบ คือ เงื่อนไขหลัก (Hard Constraint) และเงื่อนไขรอง (Soft Constraint) โดยจะมีรายละเอียดดังนี้

1) เงื่อนไขหลัก (Hard Constraint) คือ เงื่อนไขพื้นฐานที่ไม่สามารถละเมิดได้ หากมีการละเมินตารางสอบจะไม่สามารถใช้งาน
2) เงื่อนไขรอง (Soft Constraint) คือ เงื่อนไขที่สามารถละเมิดได้และไม่ส่งผลกระทบต่อการจัดตารางสอบ แต่จะช่วยให้ตารางสอบมีความเหมาะสม ดังนั้นจึงต้องมีการละเมิดที่น้อยที่สุด

2.4 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

จากการศึกษางานวิจัยที่เกี่ยวข้องพบว่ามีงานวิจัยหลายงานที่ได้ทำการศึกษาและเรียบเรียงทำการวิจัยเกี่ยวกับการแก้ปัญหาการจัดตารางเวลาโดยนำวิธีการทางเจเนติกมาประยุกต์ใช้ด้วยรูปแบบที่แตกต่างกันไป เช่น

สุรเดช ตรีวิทยากรานต์ (2540) ได้ทำการพัฒนาโปรแกรมที่สามารถช่วยจัดตารางเวลาสอบหัวข้อวิจัยได้โดยอาศัยวิธีการทางเจเนติก และทำการทดสอบประสทธิภาพของโปรแกรมโดยใช้ข้อมูลจริงจากคณะเทคโนโลยีสารสนเทศ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี โดยจะทำการหาคำตอบของตารางทีละช่วงเวลาเริ่มจากการเตรียมข้อมูลต่างๆและกำหนดปัจจัยที่มีผลกระทบต่อการจัดตารางสอบ โดยรูปแบบของโครโมโซมจะเท่ากับเวลาสอบ 1 ช่วงเวลาและในแต่ละช่วงเวลาจะ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ประกอบไปด้วยจำนวนห้องที่ต้องใช้ และทำการสุ่มหัวข้อวิจัยและอาจารย์ที่จะเข้าสอบเข้าไปโดยอาจารย์ที่สุ่มได้นั้นจะต้องเป็นอาจารย์ที่มีความรู้เฉพาะด้านเกี่ยวกับหัวข้อวิจัยที่ทำการสอบ หลังจากนั้นทำการตรวจสอบประสิทธิภาพของโครโมโซมโดยคำนวณจากค่าความเหมาะสมตามน้ำหนักของเงื่อนไขแต่ละข้อที่กำหนดแล้วนำค่าที่คำนวณได้มารวมกันจะได้ค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม ขั้นตอนต่อไปนำโครโมโซมเหล่านั้นไปทำการคัดเลือกเพื่อสร้างประชากรชุดใหม่ในรุ่นถัดไป โดยเลือกตามจำนวนขนาดของประชากรที่กำหนดต่อรุ่น และทำการกลายพันธุ์ตามอัตราที่กำหนด โดยในงานวิจัยนี้กำหนดอัตราการกลายพันธุ์เท่ากับ 10 เปอร์เซ็นต์ และทำการสลับสายพันธุ์โดยกำหนดอัตรา 40 เปอร์เซ็นต์ โดยเลือกจากจำนวนโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมสูงที่สุดตามลำดับ และทำการคัดเลือกโครโมโซมที่มีประสิทธิภาพที่ดีที่สุดเพียง 1 ตัวจากประชากรทั้งหมดโดยพิจารณาจากค่าความเหมาะสมที่สูงที่สุด และโครโมโซมตัวที่ได้คัดเลือกจะถูกนำมาปรับปรุงให้เหมาะสมมากขึ้นก่อนจะนำไปเป็นตารางเวลาสอบของช่วงเวลานั้น หลังจากนั้นทำซ้ำไปเรื่อยๆจนกว่าจะได้ตารางเวลาแต่ละช่วงครบตามจำนวนช่วงเวลาที่กำหนดในตารางสอบ

จากผลการทดสอบโปรแกรมที่ได้พัฒนาขึ้น โปรแกรมค่อนข้างมีประสิทธิภาพภายใต้ปัจจัยที่กำหนดไว้ พบว่าช่วยลดเวลาในการจัดตารางและสามารถค้นหาคำตอบได้อย่างรวดเร็ว

ณัฏสกนธ์ แซ่จัง (2554) ได้ทำการพัฒนาโปรแกรมการจัดตารางสอนด้วยวิธีเจเนติก โดยนำหลักสูตรของนักศึกษาปีที่ 1 สาขาวิทยาการคอมพิวเตอร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบังมาเป็นกรณีศึกษา และทำการทดลองเปรียบเทียบกับการจัดตารางสอนด้วยมือ และทดลองหาความสัมพันธ์ระหว่างค่าพารามิเตอร์และค่าความขัดแย้งกับเงื่อนไข โดยเริ่มจากการสร้างโครโมโซมตามรูปแบบตารางเรียนทั่วไป 1 โครโมโซมประกอบด้วยวิชาที่ถูกสุ่มลงมาในช่วงวันเวลาและภายใน 1 วันมีการสอน 2 ช่วงเวลา ดังนั้น 1 โครโมโซมจะประกอบไปด้วยยีนที่เหมือนกันทุกวันในสัปดาห์ และทำการกำหนดเงื่อนไขหลักเพียงอย่างเดียว จากนั้นทำการสร้างประชากรเริ่มต้นโดยการสุ่ม แล้วทำการหาค่าความขัดแย้งกับเงื่อนไขโดยค่าที่ผิดจะเพิ่มขึ้นทีละ 1 ค่าและทำการคัดเลือกโครโมโซมพ่อแม่ที่จะนำไปแลกเปลี่ยนพันธุกรรมจากค่าความเหมาะสมที่คำนวณได้จาก ผลรวมของค่าความขัดแย้งกับเงื่อนไขของทุกโครโมโซมลบด้วยค่าความขัดแย้งกับเงื่อนไขของโครโมโซมนั้นๆและหารด้วยผลรวมของค่าความขัดแย้งกับเงื่อนไขของทุกโครโมโซมที่คูณกับจำนวนของโครโมโซมทั้งหมดในการเลือกลบด้วย 1 และทั้งหมดคูณด้วย 100 โดยโครโมโซมที่ค่าความขัดแย้งน้อยจะมีโอกาสถูกเลือกมากกว่าโครโมโซมที่มีค่าความขัดแย้งมาก หลังจากนั้นนำไปทำการสลับสายพันธุ์โดยกำหนดอัตราเท่ากับ 100 และสุ่มตำแหน่งการสลับสายพันธุ์โดยไม่ใช้หลักเกณฑ์ใดๆ และนำไปกลายพันธุ์ หลังจากนั้นนำโครโมโซมไปแทนเป็นรุ่นพ่อ-แม่ โดยทำการเลือกโครโมโซมที่มีค่าความขัดแย้งกับเงื่อนไขน้อยที่สุด 80 เปอร์เซ็นต์ และทำการสุ่มที่เหลืออีก 20 เปอร์เซ็นต์ หลังจากนั้นทำการตรวจสอบจำนวนรอบว่าถึงตามที่กำหนดไว้หรือไม่ ถ้ายังไม่ถึงตามที่กำหนดไว้จะนำไปทำวิธีการทางเจเนติกซ้ำจนกว่าจะครบตามจำนวนรอบ และเมื่อครบแล้วทำการเลือกคำตอบที่ดีที่สุด ซึ่งก็คือโครโมโซมที่มีค่าความขัดแย้งกับเงื่อนไขน้อยที่สุด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หลังจากทำการทดลองพบว่าผลการใช้ขั้นตอนวิธีเจเนติกในการจัดตาราสอนนั้นเป็นที่น่าพอใจกว่าการจัดตารางสอนด้วยมือ แต่เนื่องจากอาศัยหลักการสุ่มเป็นหลัก คำตอบที่ได้ในแต่ละครั้งอาจแตกต่างกันไปโดยมีทั้งดีและไม่ดี และจากการทดลองหาความสัมพันธ์เมื่อเปลี่ยนค่าพารามิเตอร์พบว่าเปอร์เซ็นต์ในการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมของโครโมโซมมีผลทำให้ค่าความขัดแย้งกับเงื่อนไขลดน้อยลง และตารางสอนมีลักษณะที่ดีขึ้น

ผกาวดี แสงสุวรรณ (2555) ได้ทำการแก้ปัญหาการจัดตารางสอนด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบหลายวัตถุประสงค์ที่มีวิวัฒนาการทำงานร่วมกัน โดยกำหนดเงื่อนไขข้อบังคับในการจัดตารางสอนเป็น 2 แบบ คือ เงื่อนไขหลักและเงื่อนไขรอง รูปแบบโครโมโซมจะประกอบด้วยหลายหน่วยพันธุกรรม โดย 1 โครโมโซม จะแสดงตารางสอนรวมของกลุ่มผู้เรียนหรือกลุ่มผู้สอนทุกกลุ่ม เริ่มจากกลุ่มที่ 1 จนถึงกลุ่มสุดท้ายลำดับที่ n การสร้างโครโมโซมจะเริ่มต้นจากการอ่านข้อมูลขึ้นมาครั้งละ 1 เรคคอร์ด คือ ข้อมูลของกลุ่มผู้สอนหรือกลุ่มผู้เรียนทีละกลุ่มและทำการตรวจสอบข้อมูลกับข้อบังคับเงื่อนไขหลักและเงื่อนไขรองที่ได้กำหนดไว้ แล้วทำการแบ่งโครโมโซมและแยกประชากรเป็นกลุ่มหรือตระกูล หาค่าความเหมาะสมจากเงื่อนไขที่กำหนดขึ้นมาซึ่งเป็นฟังก์ชันแบบหลายจุดประสงค์ (Multi-Objectives Function) โดยค่าการผิดเงื่อนไขเพิ่มขึ้นครั้งละ 1 ค่า และนำไปหาหาค่าความเหมาะสมภายในตระกูล (Fitness Function) ประชากรที่มีค่าความเหมาะสมน้อยจะเป็นประชากรที่ดีที่สุดในตระกูล ค่าความเหมาะสมหาได้จากการนำค่าจุดประสงค์ที่หาได้มารวมกันและกำหนด
f(x) = totalObjective โดยที่ totalObjective คือ ผลรวมของค่าจุดประสงค์ของโครโมโซมแต่ละตัว จากนั้นนำโครโมโซมแต่ละตัวของทุกตระกูลไปต่อรวมกับโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดของตระกูลอื่นๆ เพื่อหาค่าความเหมาะสมแบบมีวิวัฒนาการร่วมกันและทำการตรวจสอบการผิดเงื่อนไขหลักด้วยวิธี Penalty Value ค่าการผิดเงื่อนไขจะเพิ่มขึ้นครั้งละ 1 ค่า เมื่อทำการตรวจสอบเสร็จแล้วจะนำค่าความเหมาะสมของโครโมโซมทุกตัวรวมกับค่าการผิดเงื่อนไขจะได้โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่มีวิวัฒนาการทำงานร่วมกันที่ผ่านการตรวจการผิดเงื่อนไขหลักกับโครโมโซมตัวที่ดีที่สุดในตระกูลอื่นๆ และทำการคัดเลือกด้วยวิธีการคัดเลือกตามสัดส่วน หลังจากนั้นนำไปทำการสลับสายพันธุ์ที่อัตรา 0.5 และใช้วิธีการสลับสายพันธุ์แบบหนึ่งส่วน และกลายพันธุ์แบบ Re-Generation V.II แล้วจะได้โครโมโซมลูกชุดใหม่ที่มีค่าความเหมาะสมแตกต่างกันไป โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยหรือดีที่สุดจะมีโอกาสถูกเลือกไปเป็นประชากรในรุ่นถัดไป เมื่อทำงานจนครบตามจำนวนรอบที่กำหนด การแทนที่ประชากรในรอบสุดท้ายจะทำการเลือกเอาโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะดีที่สุดของแต่ละตระกูลมา 1 โครโมโซมเพื่อจะนำโครโมโซมไปสร้างเป็นตารางสอน หากพบว่าโครโมโซมมีค่าความเหมาะสมดีที่สุดเท่ากันจะต้องทำการสุ่มเลือกมา 1 โครโมโซมเท่านั้น ทำการตรวจสอบกับเงื่อนไขหรือข้อบังคับหลักที่ได้กำหนดไว้ข้างต้น หากพบว่ายังมีการผิดเงื่อนไขข้อบังคับอยู่ จะนำโครโมโซมตารางสอนนั้นเข้าสู่กระบวนการปรับปรุงและซ่อมแซมตารางสอนเพื่อปรับปรุงคุณภาพของตารางสอนเพื่อให้ได้ตารางสอนที่มีประสิทธิภาพ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยในงานวิจัยนี้ได้ทำการทดลองแบ่งกลุ่มประชากรออกเป็น 2 แบบ คือ แบ่งตามผู้สอนและผู้เรียน จำนวนรุ่นในการทดลอง 200 500 และ 1,000 และกำหนดขนาดของประชากรเป็น 200 และ 500 จากการทดลองพบว่าค่าจุดประสงค์ของแต่ละจำนวนรุ่นในแต่ละกลุ่มมีค่าที่ดีขึ้นเป็นที่น่าพอใจ การแบ่งกลุ่มประชากรตามกลุ่มผู้เรียนจะมีค่าจุดประสงค์ที่ดีขึ้นตามลำดับและจะมีการลู่เข้าหาคำตอบที่ดีที่สุดดีกว่าการแบ่งกลุ่มประชากรตามกลุ่มผู้สอน

ลิขิต แจ่มอุทัยและ สมบูรณ์ เอนกฤทธิ์มงคล (2559) ได้นำเสนอการแก้ปัญหาการจัดตารางสอบด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมขึ้นมา และทำการหาประสิทธิภาพที่ดีที่สุดในด้านความเร็วและความถูกต้องของผลลัพธ์ โดยปรับค่า Crossover Rate และ Mutation Rate เพื่อทำการทดลองหาจุดที่มีประสิทธิภาพที่ดีที่สุด โดยกำหนดเงื่อนไข 2 ประเภทคือเงื่อนไขบังคับและเงื่อนไขผ่อนปรน และรูปแบบของโครโมโซมประกอบด้วยห้องแต่ละห้องเรียงต่อกันไป โดยใน 1 ห้องประกอบด้วย วันทั้ง 5 วัน และ ในแต่ละวันจะประกอบด้วย 2 Timeslots และในแต่ละ Timeslots จะบ่งบอกถึงช่วงเวลาที่ใช้สอบอยู่ซ้ำกันไปเรื่อยๆ ดังนั้น 1 ห้อง จึงมีจำนวน Timeslots ทั้งหมด 10 Timeslots และในแต่ละ Timeslots จะประกอบด้วยยีน ซึ่งภายในแต่ละยีนประกอบด้วย Timeslots Number รหัสวิชา ชื่อวิชา กลุ่มนักศึกษา จำนวนนักศึกษา อาจารย์ผู้คุมสอบ และทำการสุ่มประชากรเริ่มต้นแล้วทำการหาค่าความเหมาะสมโดยเมื่อละเมิดเงื่อนไขในแต่ละเงื่อนไข จะเก็บค่าน้ำหนักไว้ในตัวแปร H1 – H6 และ S1 - S2 แล้วบวกคะแนนสะสมไว้ในแต่ละรอบ และนำไปคำนวณคะแนนรวมหาค่าความเหมาะสมด้วยสูตร ค่าความเหมาะสม = 100000 - (H1+H2+H3+H4+H5+H6+S1+S2) และใช้การคัดเลือกแบบ Elitist โดยการคัดลอกโครโมโซมที่ดีที่สุดไว้ก่อน ส่วนประชากรส่วนที่เหลือ จะใช้การคัดเลือกแบบ Roulette คือ โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีกว่า มีโอกาสถูกเลือกมากกว่า โดยจะนำค่าความเหมาะสมของโครโมโซมแต่ละตัวมาคำนวณหาสัดส่วนจาก 100% โดยมีสูตรการคำนวณคือ ค่าความเหมาะสม * 100 / ค่าความเหมาะสมรวม และนำมาคำนวณผลรวมสะสม เมื่อได้ค่าผลรวมสะสมแล้วจะทำการสุ่มค่าตั้งแต่ 0 ถึง 100 หากสุ่มค่าแล้วได้ค่าในพื้นที่ของโครโมโซมใดจะคัดเลือกโครโมโซมนั้น และใช้การสลับสายพันธุ์แบบวัฏจักรและทำการกลายพันธุ์ แล้วหาค่าความเหมาะสมรอบสอง และหยุดกระบวนการหาคำตอบ เมื่อค่าคะแนน Best Score มีค่าคะแนนเดิมไม่เพิ่มขึ้นติดต่อกันจำนวน 50 รอบ เป็นการหยุดการทำงานเมื่อผ่านเงื่อนไขที่กำหนด หรือจนกว่าจะครบ 1000 รอบ จึงจะหยุดการทำงาน

หลังจากนั้นนำไปทดลอง ทำการปรับเปลี่ยนพารามิเตอร์โดยแบ่งออกเป็น 9 การทดลองหลักตามขนาดของประชากรเริ่มต้น ซึ่งผลลัพธ์ที่มีประสิทธิภาพดีที่สุด คือ ใช้เวลาในการผ่านเงื่อนไขบังคับน้อย มีค่าคะแนนสูงและมีข้อผิดพลาดต่ำ โดยอยู่ที่อัตราการสลับสายพันธุ์ 20% และอัตราการกลายพันธุ์ที่ 50% โดยมีประชากรเริ่มต้นที่ 100

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Eclipse เมื่อเรา download มาครั้งแรกก็คือองค์ประกอบที่เรียกว่า Java Development Toolkit (JDT) ซึ่งเป็นเครื่องมือในการเขียนและ Debug โปรแกรมภาษา Java

ข้อดีของโปรแกรม Eclipse คือ ติดตั้งง่าย สามารถใช้ได้กับ J2SDK ได้ทุกเวอร์ชั่น รองรับภาษาต่างประเทศอีกหลายภาษา มี plugin ที่ใช้เสริมประสิทธิภาพของโปรแกรม สามารถทำงานได้กับไฟล์หลายชนิด เช่น HTML, Java, C, JSP, EJB, XML และ GIF และที่สำคัญเป็นฟรีแวร์ (ให้ใช้งานได้ 90 วัน ถ้าจะใช้งานเต็มประสิทธิภาพต้องเสียค่าใช้จ่ายภายหลัง) ใช้งานได้กับระบบปฏิบัติการ Windows, Linux และ Mac OS

2.5.3 ภาษา Java

Java หรือ Java programming language คือภาษาโปรแกรมเชิงวัตถุ พัฒนาโดย เจมส์ กอสลิง และวิศวกรคนอื่นๆ ที่บริษัท ซัน ไมโครซิสเต็มส์ ภาษานี้มีจุดประสงค์เพื่อใช้แทนภาษาซีพลัสพลัส C++ โดยรูปแบบที่เพิ่มเติมขึ้นคล้ายกับภาษาอ็อบเจกต์ทีฟซี (Objective-C) แต่เดิมภาษานี้เรียกว่า ภาษาโอ๊ก (Oak) ซึ่งตั้งชื่อตามต้นโอ๊กใกล้ที่ทำงานของ เจมส์ กอสลิง แล้วภายหลังจึงเปลี่ยนไปใช้ชื่อ "จาวา" ซึ่งเป็นชื่อกาแฟแทน จุดเด่นของภาษา Java อยู่ที่ผู้เขียนโปรแกรมสามารถใช้หลักการของ Object-Oriented Programming มาพัฒนาโปรแกรมของตนด้วย Java ได้

ภาษา Java เป็นภาษาสำหรับเขียนโปรแกรมที่สนับสนุนการเขียนโปรแกรมเชิงวัตถุ (OOP : Object-Oriented Programming) โปรแกรมที่เขียนขึ้นถูกสร้างภายในคลาส ดังนั้นคลาสคือที่เก็บเมทอด (Method) หรือพฤติกรรม (Behavior) ซึ่งมีสถานะ (State) และรูปพรรณ (Identity) ประจำพฤติกรรม (Behavior)

2.5.3.1) ข้อดีของ ภาษา Java

ภาษา Java เป็นภาษาที่สนับสนุนการเขียนโปรแกรมเชิงวัตถุแบบสมบูรณ์ ซึ่งเหมาะสำหรับพัฒนาระบบที่มีความซับซ้อน การพัฒนาโปรแกรมแบบวัตถุจะช่วยให้เราสามารถใช้คำหรือชื่อ ต่าง ๆ ที่มีอยู่ในระบบงานนั้นมาใช้ในการออกแบบโปรแกรมได้ ทำให้เข้าใจได้ง่ายขึ้น

- โปรแกรมที่เขียนขึ้นโดยใช้ภาษา Java จะมีความสามารถทำงานได้ในระบบปฏิบัติการที่แตกต่างกัน ไม่จำเป็นต้องดัดแปลงแก้ไขโปรแกรม เช่น หากเขียนโปรแกรมบนเครื่อง Sun โปรแกรมนั้นก็สามารถถูก compile และ run บนเครื่องพีซีธรรมดาได้

-ภาษาจาวามีการตรวจสอบข้อผิดพลาดทั้งตอน compile time และ runtime ทำให้ลดข้อผิดพลาดที่อาจเกิดขึ้นในโปรแกรม และช่วยให้ debug โปรแกรมได้ง่าย

- ภาษาจาวามีความซับซ้อนน้อยกว่าภาษา C++ เมื่อเปรียบเทียบ code ของโปรแกรมที่เขียนขึ้นโดยภาษา Java กับ C++ พบว่า โปรแกรมที่เขียนโดยภาษา Java จะมีจำนวน code น้อยกว่าโปรแกรมที่เขียนโดยภาษา C++ ทำให้ใช้งานได้ง่ายกว่าและลดความผิดพลาดได้มากขึ้น

- ภาษาจาวาถูกออกแบบมาให้มีความปลอดภัยสูงตั้งแต่แรก ทำให้โปรแกรมที่เขียนขึ้นด้วยจาวามีความปลอดภัยมากกว่าโปรแกรมที่เขียนขึ้น ด้วยภาษาอื่น เพราะ Java มี security ทั้ง low level

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

และ high level ได้แก่ electronic signature, public and private key management, access control และ certificates

- มี IDE, application server, และ library ต่าง ๆ มากมายสำหรับจาวาที่เราสามารถใช้งานได้โดยไม่ต้องเสียค่าใช้จ่าย ทำให้เราสามารถลดค่าใช้จ่ายที่ต้องเสียไปกับการซื้อ tool และ s/w ต่าง ๆ

2.5.3.2) ข้อเสียของ ภาษา Java

ทำงานได้ช้ากว่า native code (โปรแกรมที่ compile ให้อยู่ในรูปของภาษาเครื่อง) หรือโปรแกรมที่เขียนขึ้นด้วยภาษาอื่น อย่างเช่น C หรือ C++ ทั้งนี้ก็เพราะว่าโปรแกรมที่เขียนขึ้นด้วยภาษาจาวาจะถูกแปลงเป็นภาษากลาง ก่อน แล้วเมื่อโปรแกรมทำงานคำสั่งของภาษากลางนี้จะถูกเปลี่ยนเป็นภาษาเครื่องอีก ทีหนึ่ง ทีล่ะคำสั่ง (หรือกลุ่มของคำสั่ง) ณ runtime ทำให้ทำงานช้ากว่า native code ซึ่งอยู่ในรูปของภาษาเครื่องแล้วตั้งแต่ compile โปรแกรมที่ต้องการความเร็วในการทำงานจึงไม่นิยมเขียนด้วยจาวา

- tool ที่มีในการใช้พัฒนาโปรแกรมจาวามักไม่ค่อยเก่ง ทำให้หลายอย่างโปรแกรมเมอร์จะต้องเป็นคนทำเอง ทำให้ต้องเสียเวลาทำงานในส่วนที่ tool ทำไม่ได้ ถ้าเราดู tool ของ MS จะใช้งานได้ง่ายกว่า และพัฒนาได้เร็วกว่า (แต่เราต้องซื้อ tool ของ MS และก็ต้องรันบน platform ของ MS)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 3
วิธีการดำเนินงาน

ในบทที่ 3 นี้จะกล่าวถึงวิธีการดำเนินงานการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษตั้งแต่ขั้นตอนแรกเริ่มตลอดจนการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเจเนติก

3.1 ความแตกต่างระหว่างขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) แบบ Classic และ Duplication

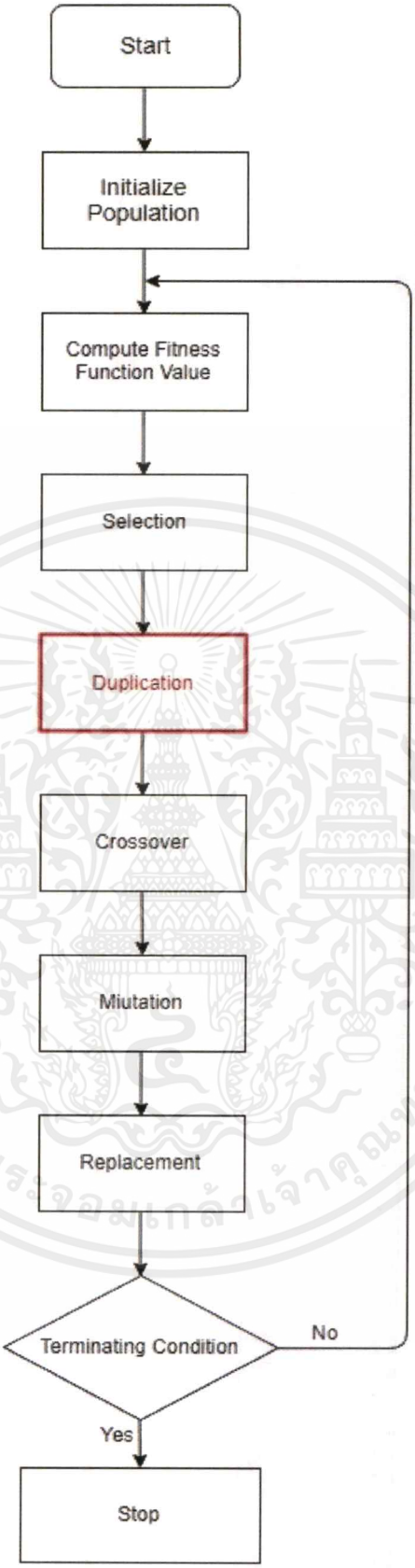
จากบทที่ 2 เป็นการอธิบายวิธีการทำงานของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) แบบ Classic ซึ่งเป็นวิธีปกติโดยทั่วไป แต่ส่วนนี้เป็นขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) แบบ Duplication เป็นขั้นตอนการสืบพันธุ์ที่จะสร้างโครโมโซมจากโครโมโซมที่ดีที่สุดตามเปอร์เซ็นต์ที่กำหนดและนำมาแทนที่ในโครโมโซมที่แย่ที่สุดเพื่อที่จะสืบพันธุ์ต่อไป ความแตกต่างระหว่างขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) แบบ Classic กับ Duplication คือ แบบ Classic เมื่อเลือกโครโมโซมที่จะนำมาสืบพันธุ์ในรุ่นถัดไป โครโมโซมที่ดีที่สุดสามารถที่จะใช้ในการสืบพันธุ์ได้เพียงโครโมโซมเดียวเท่านั้น แต่สำหรับวิธีการแบบ Duplication โครโมโซมที่ดีที่สุดจะสามารถถูกคัดลอกได้หลายโครโมโซมเพื่อนำไปสืบพันธุ์เพื่อรุ่นถัดไป ดังนั้นจึงมีโอกาสที่จะพบคำตอบที่ดีที่สุดมากยิ่งขึ้น

ขั้นตอนการทำงานของ วิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) แบบ Duplication

1. ตามขั้นตอนวิธีการทางพันธุกรรมโดยทั่วไป คือ
    - 1.1 การสร้างประชากรเริ่มต้น (Population Initialization)
    - 1.2 การประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness Function)
    - 1.3 การคัดเลือก (Selection)
2. ขั้นตอนที่เพิ่มมา คือ
    - 2.1 การนำโครโมโซมที่ดีที่สุดมาคัดลอกตามอัตราที่กำหนดไว้ ซึ่งอัตราการคัดลอกจะถูกกำหนดไว้เป็นเปอร์เซ็นต์ต่อขนาดของประชากร
    - 2.2 การนำโครโมโซมที่ถูกคัดลอกมาแทนที่โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยที่สุดในประชากรรุ่นนั้นๆ
3. นำประชาการที่ได้มาดำเนินการขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Operations)
    - 3.1 การสลับสายพันธุ์ (Crossover)
    - 3.2 การกลายพันธุ์ (Mutation)
    - 3.3 การแทนที่ (Replacement)

4 ตรวจสอบจำนวนรอบการสิ้นสุดการทำงาน (Termination Condition)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

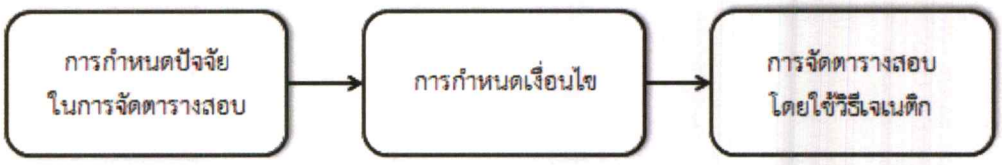


รูปที่ 3.1 Flow Chart การทำงานของ วิธีการทางเจเนติก แบบ Duplication

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.2 ขั้นตอนการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษทั้งหมด

การจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษมีขั้นตอนทั้งหมด 3 ขั้นตอน ดังนี้



รูปที่ 3.2 แสดงขั้นตอนการทำงานของการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ

3.2.1 กำหนดปัจจัยในการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ

1) ปัจจัยที่เป็นข้อมูลคงที่ ได้แก่
   - ข้อมูลอาจารย์
   - ข้อมูลโครงงานปัญหาพิเศษ
2) ปัจจัยที่กำหนดขึ้นเอง ได้แก่
   - ข้อมูลช่วงเวลา
   - ข้อมูลห้องสอบ
   - ข้อมูลวันสอบ

3.2.2 การกำหนดเงื่อนไข

กำหนดเงื่อนไขเพื่อนำไปคำนวณหาค่าความเหมาะสม โดยมีเงื่อนไข 2 ประเภท คือ

1) เงื่อนไขบังคับ
2) เงื่อนไขผ่อนปรน

ค่าความเหมาะสมหาได้จากการผิดเงื่อนไข ถ้ามีการผิดเงื่อนไขบังคับ 1 ครั้ง จะนับเป็น 1 และเพิ่มขึ้นทีละ 1 ค่าตามจำนวนที่ผิด โดยคำตอบของตารางสอบจะเลือกจากค่าความเหมาะสมของเงื่อนไขบังคับที่เท่ากับ 0

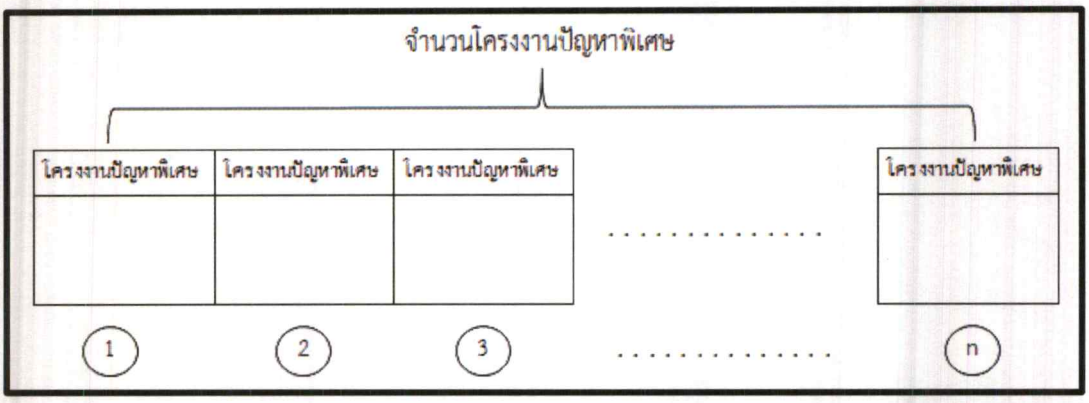
3.2.3 การจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการทางเจเนติก

โดยจะมีขั้นตอนทั้งหมด 7 ขั้นตอน ดังนี้

1) การสร้างโครโมโซม

งานวิจัยนี้ใช้วิธีการเข้ารหัสแบบเพอมิวเตชั่น และมีรูปแบบโครโมโซมดังรูปที่ 3.2 โดยจำนวนของยีนในแต่ละโครโมโซมจะเท่ากับจำนวนของโครงงานปัญหาพิเศษและในแต่ละยีนจะมีข้อมูลของ วัน เวลา ห้อง ที่ถูกสุ่มลงมา

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 3.3 แสดงรูปแบบโครโมโซม

2) สร้างประชากรเริ่มต้น

เป็นการสร้างประชากรรุ่นแรกตามรูปแบบโครโมโซมที่ได้กำหนดไว้ โดยการสุ่มจำนวนที่ถูกสุ่มขึ้นมาจะเท่ากับจำนวนประชากรต่อรุ่นที่กำหนด กำหนดให้ Num_{pop} เป็นตัวแปรของจำนวนประชากร

3) หาค่าความเหมาะสมตามเงื่อนไขที่กำหนด

4) เลือกคำตอบตามเงื่อนไขที่กำหนด

ถ้ายังเลือกคำตอบไม่ได้ให้ทำตามขั้นตอนต่อไปเรื่อยๆจนกว่าจะได้คำตอบ

5) เลือกโครโมโซม

ทำการคัดเลือกโครโมโซมเพื่อนำไปเข้าสู่กระบวนการ Duplication โดยการเลือกจะขึ้นอยู่กับวิธีการที่ใช้และจำนวนโครโมโซมที่ได้จะขึ้นอยู่กับการกำหนดในโปรแกรม ซึ่งในงานวิจัยนี้ทำการเลือกแบบแข่งขัน (Tournament) และกำหนดเลือกจำนวน 10 โครโมโซม

6) การ Duplication

นำโครโมโซมที่ดีที่สุดในประชากรที่เลือกมาทำการคัดลอกโครโมโซม โดยจำนวนที่คัดลอกจะขึ้นอยู่กับเปอร์เซ็นต์ต่อประชากรที่ผู้วิจัยกำหนด และนำโครโมโซมที่ถูกคัดลอกมาแทนที่โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยที่สุดในประชากรรุ่นนั้นๆ โดยกำหนดให้ Pd เป็นตัวแปรของอัตราการ Duplication

7) การสลับสายพันธุ์

ทำการสลับสายพันธุ์แบบหนึ่งส่วน และตามอัตราที่กำหนด (Crossover Rate) โดยกำหนดให้ Pc เป็นตัวแปรของอัตราการสลับสายพันธุ์

8) การกลายพันธุ์

ทำการกลายพันธุ์แบบเรียงสับเปลี่ยน และตามอัตราที่กำหนด (Mutation Rate) โดยกำหนดให้ Pm เป็นตัวแปรของอัตราการกลายพันธุ์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.3 การกำหนดปัจจัยที่มีผลกระทบต่อการจัดตารางสอบ

โดยปัจจัยที่มีผลกระทบต่อการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษสามารถแบ่งออกได้เป็น 2 ประเภท ดังนี้

3.3.1 ปัจจัยที่เป็นข้อมูลคงที่

ปัจจัยนี้เป็นข้อมูลต่างๆที่ผู้ทำการจัดตารางสอบมีอยู่ โดยเป็นข้อมูลที่กำหนดขึ้นเองหรือมีอยู่ในฐานข้อมูลโดยที่ไม่ต้องทำการคำนวณหา ได้แก่

3.3.1.1 ข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบทั้งหมด

เป็นข้อมูลรายชื่อและจำนวนของอาจารย์ทั้งหมดที่จะเข้าร่วมคุมสอบโครงงานปัญหาพิเศษของนักศึกษา รายชื่อของอาจารย์แต่ละท่านจะแทนด้วยรหัสที่ไม่ซ้ำกัน ทั้งนี้รหัสของอาจารย์จะใช้อ้างอิงสำหรับโครงงานปัญหาพิเศษของนักศึกษาในรายชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา ประธานและกรรมการที่คุมสอบ ซึ่งอาจารย์แต่ละท่านสามารถมีตำแหน่งได้มากกว่า 1 ตำแหน่งและทำการจัดเก็บข้อมูลดังตารางที่ 3.1

ตารางที่ 3.1 ตัวอย่างข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ

รหัส	ชื่อ-นามสกุล
I1	A
I2	B
I3	C
I4	D
I5	E
I6	F
I7	G
I8	H

3.3.1.2 ข้อมูลโครงงานปัญหาพิเศษ

เป็นรายชื่อโครงงานปัญหาพิเศษทั้งหมดที่มีการสอบ โดยรายชื่อแต่ละโครงงานปัญหาพิเศษจะแทนด้วยรหัสที่ไม่ซ้ำกัน โดยทำการจัดเก็บรหัส ชื่อ และรหัสอาจารย์ที่เข้าคุมสอบ 3 ท่าน ประกอบไปด้วย ประธาน กรรมการ และอาจารย์ที่ปรึกษาที่เข้าสอบในแต่ละโครงงานปัญหาพิเศษ และทำการจัดเก็บข้อมูลดังตารางที่ 3.2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.2 ตัวอย่างข้อมูลโครงงานปัญหาพิเศษ

รหัส	ชื่อโครงงานปัญหาพิเศษ	อาจารย์ที่ปรึกษา	ประธาน	กรรมการ
P1	ก	I1	I2	I3
P2	ข	I2	I5	I1
P3	ค	I3	I6	I4
P4	ง	I4	I3	I1
P5	จ	I1	I4	I7
P6	ฉ	I2	I8	I3
P7	ช	I3	I7	I1
P8	ซ	I5	I8	I4
P9	ฌ	I3	I4	I5
P10	ญ	I6	I7	I8
P11	ฎ	I1	I8	I2
P12	ฏ	I7	I6	I3
P13	ฐ	I8	I1	I5
P14	ฑ	I2	I7	I8
P15	ฒ	I2	I7	I6

3.3.2 ปัจจัยที่กำหนดขึ้นเอง

เป็นปัจจัยที่ผู้จัดตารางสอบทำการกำหนดขึ้นเอง สามารถมีการเปลี่ยนแปลงแก้ไขได้ โดยตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษที่จะแสดงออกมาจะขึ้นอยู่กับการกำหนดปัจจัยที่กำหนดขึ้นเอง ดังนี้

3.3.2.1 ข้อมูลช่วงเวลา

เป็นข้อมูลเวลาที่ใช้ในการสอบใน 1 วัน ซึ่งผู้จัดตารางสอบกำหนดขึ้นมาเองตามเวลาที่สะดวกและเห็นสมควร และทำการจัดเก็บข้อมูลดังตารางที่ 3.3

ตารางที่ 3.3 ตัวอย่างข้อมูลช่วงเวลา

รหัส	เวลา
T1	13.0 – 14.00 น.
T2	14.00 – 15.00 น.
T3	15.00 – 16.00 น.

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.3.2.2 ข้อมูลห้องสอบ

เป็นจำนวนห้องที่จะใช้สอบโครงงานปัญหาพิเศษใน 1 วัน ซึ่งผู้ใช้สามารถกำหนดจำนวนห้องสอบได้ตามที่ต้องการที่ผู้ใช้สะดวกและเห็นสมควร และทำการจัดเก็บข้อมูลดังตารางที่ 3.4

ตารางที่ 3.4 แสดงข้อมูลห้องสอบ

รหัส	ห้อง
R1	303
R2	304

3.3.2.3 จำนวนวันที่ใช้ในการสอบ

จำนวนวันที่ใช้ในการสอบก่อนจะทำการคำนวณได้นั้นจะต้องคำนวณหาค่าของ Day' และ Day'' ก่อน หลังจากนั้นจึงนำมาเข้าสมการด้านล่างโดยค่าใดที่มีค่ามากกว่าจะถูกเลือกเป็นคำตอบ และในกรณีที่มีค่าเท่ากันทั้งสองค่าจะเลือกค่าใดค่าหนึ่งมาเป็นคำตอบ

$$n_{DayofExam} = max\ (Day', Day'')$$

<u>การคำนวณหาจำนวนวันในแบบที่ 1</u>

เนื่องจากการจัดตารางสอบจะต้องจัดให้การสอบโครงงานปัญหาพิเศษนั้นจบลงเร็วที่สุดและใช้จำนวนห้องกับจำนวนเวลาที่มีอยู่ในแต่ละวันให้คุ้มค่าที่สุด การคำนวณหาจำนวนวันในแบบที่ 1 จึงสามารถคำนวณได้ตามสมการ ดังนี้

$$Day' = \frac{n_{Project}}{n_{Room} \times n_{Timeslot}}$$

โดยที่ $n_{Project}$ คือ จำนวนโครงงานปัญหาพิเศษ

n_{Room} คือ จำนวนห้อง ที่ใช้ในการสอบต่อวัน

$n_{Timeslot}$ คือ จำนวนช่วงเวลาที่ใช้ในการสอบต่อวัน

สำหรับค่าที่คำนวณได้ถ้ามีค่าเป็นเศษจะทำการปัดเศษขึ้นเป็น 1 วัน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตัวอย่างการคำนวณ

ผลรวมของจำนวนโครงงานปัญหาพิเศษ เท่ากับ 15

ผลรวมของจำนวนห้อง เท่ากับ 2

ผลรวมของจำนวนเวลา เท่ากับ 3

แทนในสมการ จะได้

$$Day' = \frac{15}{2 \times 3}$$

$$= 2.5$$

ดังนั้น จำนวนวันในแบบที่ 2 มีค่าเท่ากับ 3 วัน

<u>การคำนวณหาจำนวนวันในแบบที่ 2</u>

สมการการคำนวณหาจำนวนวันในแบบที่ 2 จะช่วยให้จำนวนวันมีความครอบคลุมมากยิ่งขึ้น เนื่องจากใน 1 วันอาจารย์ 1 ท่านสามารถเข้าสอบได้แค่ช่วงเวลาละ 1 โครงงานปัญหาพิเศษเท่านั้น ถ้าใน 1 วันมี 3 ช่วงเวลา ดังนั้น อาจารย์ 1 ท่านสามารถเข้าคุมสอบได้มากสุด 3 โครงงานปัญหาพิเศษ ยกตัวอย่างเช่น ถ้ามีจำนวนวันสอบ 3 วัน เท่ากับว่าอาจารย์หนึ่งท่านสามารถเข้าคุมสอบโครงงานปัญหาพิเศษได้มากสุด 9 จำนวน และในกรณีที่อาจารย์ท่านนั้นๆมีรายชื่อคุมสอบโครงงานปัญหาพิเศษมากกว่า 9 จำนวน ก็จะใช้สมการเพื่อตรวจสอบว่าจำนวนโครงงานปัญหาพิเศษที่อาจารย์ท่านหนึ่งๆคุมสอบมากที่สุดนั้นเพียงพอต่อจำนวนวันที่หาได้จากการคำนวณหาจำนวนวันในแบบที่ 1 หรือไม่ โดยสามารถคำนวณได้ตามสมการ ดังนี้

$$Day'' = \frac{max(np_{Instructor_i})}{n_{Timeslot}}$$

โดยที่ $max(np_{Instructor_i})$ คือ จำนวนโครงงานปัญหาพิเศษอาจารย์ที่คุมสอบมากที่สุด

$n_{Timeslot}$ คือ จำนวนช่วงเวลาที่ใช้ในการสอบต่อวัน

สำหรับค่าที่คำนวณได้ถ้ามีค่าเป็นเศษจะทำการปัดเศษขึ้นเป็น 1 วัน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตัวอย่างการคำนวณ

จำนวนโครงงานปัญหาพิเศษของอาจารย์ที่คุมสอบมากที่สุด เท่ากับ 7

ผลรวมของจำนวนเวลา เท่ากับ 3

แทนในสมการ จะได้

$$Day'' = \frac{7}{3}$$

$$= 2.3$$

ดังนั้น จำนวนวันในแบบที่ 2 มีค่าเท่ากับ 3 วัน

เมื่อได้คำตอบของจำนวนวันในแบบที่ 1 และ 2 แล้ว ให้นำมาแทนในสมการการหาจำนวนวัน จะได้

$$n_{DayofExam} = max\ (3,3)$$

ในกรณีนี้จำนวนวันในแบบที่ 1 และ 2 มีค่าเท่ากันจึงเลือกค่าใดค่าหนึ่งมาเป็นคำตอบ ดังนั้นจำนวนวันจึงมีค่าเท่ากับ 3 และทำการจัดเก็บข้อมูล ดังตารางที่ 3.5

ตารางที่ 3.5 ตัวอย่างข้อมูลวัน

รหัส	วัน
D1	วันที่ 1
D2	วันที่ 2
D3	วันที่ 3

3.4 การกำหนดเงื่อนไขข้อบังคับที่ใช้ในการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ

ในโครงงานปัญหาพิเศษนี้ได้กำหนดเงื่อนไขข้อบังคับของการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษขึ้นมาทั้งหมด 2 แบบด้วยกัน คือ การกำหนดเงื่อนไขบังคับ ซึ่งเป็นเงื่อนไขที่โครโมโซมที่ถูกเลือกมาเป็นคำตอบทั้งหมดนั้นจะต้องมีคุณสมบัติที่ผ่านเงื่อนไขบังคับทั้งหมดจึงจะนำมาเป็นคำตอบของตารางสอบได้ และเงื่อนไขผ่อนปรน ซึ่งเป็นเงื่อนไขรองที่ช่วยให้ตารางสอบที่โปรแกรมหาได้มีความเหมาะสมมากยิ่งขึ้น ดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.4.1 เงื่อนไขบังคับ (Hard Constraint)

กำหนดให้ C_{hard} เท่ากับจำนวนรวมของเงื่อนไขบังคับ โดยเงื่อนไขบังคับมีดังต่อไปนี้

1) ในแต่ละโครงงานปัญหาพิเศษไม่สามารถมีวัน เวลา และห้องที่ใช้ในการสอบตรงกันทั้งหมดกับโครงงานปัญหาพิเศษอื่นๆได้ โดยจะพิจารณา Dx : Tx : Rx ห้ามตรงกันในโครโมโซมนั้นๆ

โดยที่ Dx คือ รหัสของวัน

Tx คือ รหัสของเวลา

Rx คือ รหัสของห้อง

x คือ จำนวนเลขที่เป็นรหัสของข้อมูลนั้นๆ

ในกรณีที่มีการตรงกัน ค่า C_{hard} จะเพิ่มค่าไป 1 ค่า

2) อาจารย์ที่เข้าสอบในทุกๆโครงงานปัญหาพิเศษจะต้องไม่เข้าสอบในวันและเวลาที่ซ้ำกัน โดยจะพิจารณาโครงงานปัญหาพิเศษที่มี Dx : Tx ตรงกันว่าในโครงงานปัญหาพิเศษนั้นมีอาจารย์ที่มีรายชื่อซ้ำกันหรือไม่

โดยที่ Dx คือ รหัสของวัน

Tx คือ รหัสของเวลา

x คือ จำนวนเลขที่เป็นรหัสของข้อมูลนั้นๆ

เช่นเดียวกับกรณีข้างต้น ในกรณีที่มีการตรงกัน ค่า C_{hard} จะเพิ่มค่าไป 1 ค่า

3.4.2 เงื่อนไขผ่อนปรน (Soft Constraint)

กำหนดให้ C_{soft} เท่ากับผลรวมของเงื่อนไขผ่อนปรน ซึ่งหมายถึงผลรวมของวันที่อาจารย์แต่ละท่านที่มีการคุมสอบในแต่ละโครโมโซม โดยจะพิจารณาอาจารย์แต่ละท่านว่าคุมสอบในโครงงานปัญหาพิเศษใดบ้าง ซึ่งเปรียบยีนเป็นโครงงานปัญหาพิเศษ ดังนั้น จึงพิจารณาโดยตรวจว่าในยีนที่อาจารย์ท่านนั้นๆคุมสอบมี Dx เท่ากับวันใดบ้างและรวมกันออกมาเป็นจำนวนวันและพิจารณาอาจารย์ไปจนครบทุกท่านและจะได้ค่าของ C_{soft} ออกมา โดยค่าของ C_{soft} ที่ดีจะมีค่าเข้าใกล้ $D_{bestfit}$ และค่า C_{soft} ที่ไม่ดีจะมีค่าเข้าใกล้ D_{worst} ซึ่งวิธีการคำนวณของค่าทั้งสองจะอธิบายไว้อย่างละเอียดในหัวข้อการคำนวณหาค่าความเหมาะสมที่ 3.5.3

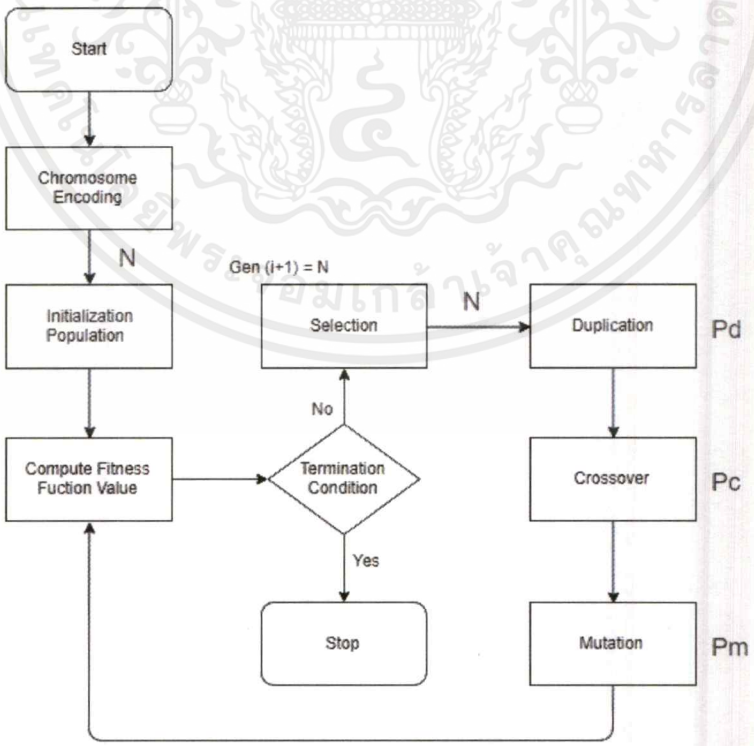
3.5 การประยุกต์ขั้นตอนวิธีเจเนติก แบบ Duplication ในการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ

ขั้นตอนนี้เป็นการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ โดยการนำข้อมูลและปัจจัยต่างๆที่กำหนดขึ้นมาในข้อ 3.2 มาประมวลผลโดยประยุกต์ใช้กับขั้นตอนวิธีเจเนติก เพื่อให้ได้คำตอบของ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษที่ตรงกับเงื่อนไขที่กำหนดใน 3.3 และเหมาะสมที่สุด โดยสามารถแบ่งขั้นตอนการทำงานได้ตาม Flow Chart ในรูปที่ 3.4 ดังนี้

1) กำหนดรูปแบบโครโมโซม
2) ทำการสร้างประชากรต้นกำเนิดหรือโครโมโซมเริ่มต้น โดยกำหนดจำนวนโครโมโซมเริ่มต้นตามที่ต้องการ (Num_{pop})
3) คำนวณหาค่าความเหมาะสม
4) เลือกคำตอบตามเงื่อนไขที่กำหนด ถ้ายังเลือกไม่ได้ให้ดำเนินการต่อไปที่ขั้นตอนที่ 5). และทำซ้ำไปเรื่อยๆจนกว่าจะได้คำตอบ
5) เลือกโครโมโซมที่จะนำไปเข้าสู่กระบวนการ Duplication
6) นำโครโมโซมมาทำการ Duplication คือ
    6.1 นำโครโมโซมที่ดีที่สุดในประชากรที่เลือกมาทำการคัดลอกโครโมโซม โดยจำนวนที่คัดลอกจะขึ้นอยู่กับเปอร์เซ็นต์ต่อประชากรที่ผู้วิจัยกำหนด
    6.2 นำโครโมโซมที่ถูกคัดลอกมาแทนที่โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมแย่ที่สุดในประชากรรุ่นนั้นๆ
7) นำโครโมโซมมาทำการสลับสายพันธุ์ตามอัตราการสลับสายพันธุ์ (Pc) ที่กำหนด
8) การกลายพันธุ์ตามอัตราการกลายพันธุ์ (Pm) ที่กำหนด

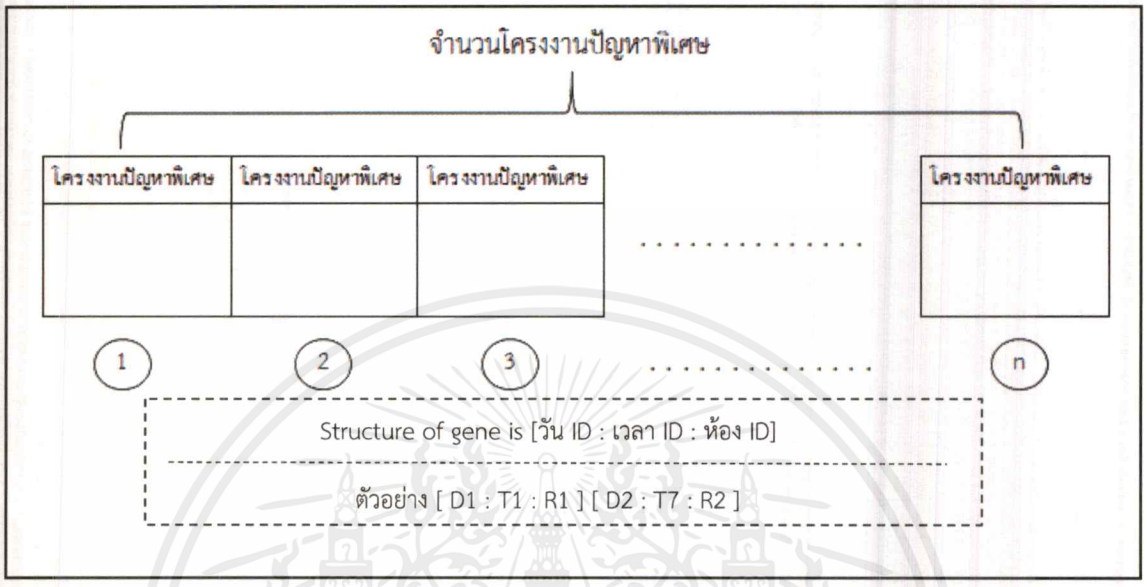


รูปที่ 3.4 Flow Chart การทำงานการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษโดยวิธีการทางเจเนติก

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.5.1 การกำหนดรูปแบบโครโมโซม (Chromosome Representation)

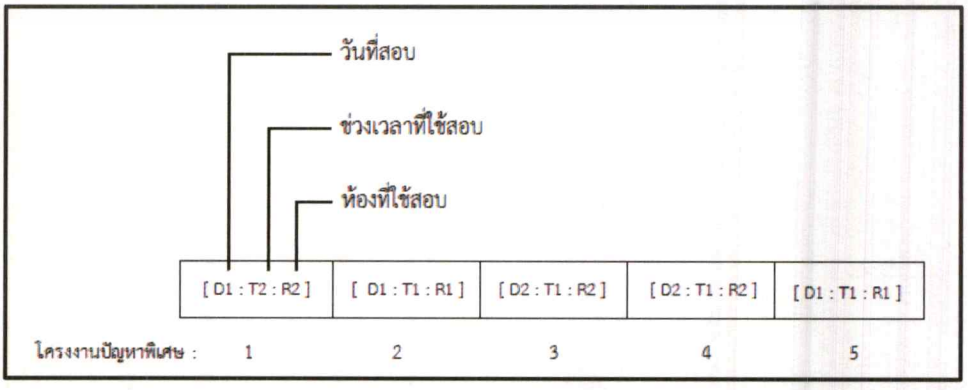
โครโมโซมเป็นสิ่งแรกที่ต้องคำนึงถึงในขบวนการวิธีการทางเจเนติกซึ่งเป็นสมาชิกตัวหนึ่งของประชากรที่เป็นคำตอบ โดยการออกแบบโครงสร้างโครโมโซมขึ้นอยู่กับเงื่อนไขในการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษนั้นๆ ดังรูปที่ 3.3



รูปที่ 3.5 ภาพแสดงโครโมโซมต้นแบบ

จากรูปเป็นตัวอย่างโครงสร้างของโครโมโซมเพื่อใช้ในการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ โดยโครโมโซมจะประกอบด้วยหลายหน่วยพันธุกรรมหรือที่เรียกว่า ยีน โดยมีจำนวนยีนตามจำนวนเรื่องโครงงานปัญหาพิเศษ ในแต่ละหน่วยพันธุกรรมจะประกอบไปด้วย โครงงานปัญหาพิเศษ วันที่ เวลาที่ ห้องที่ใช้สอบ ที่ถูกสุ่มลงมา

การสร้างโครโมโซมจะอ้างอิงรูปโครโมโซมต้นแบบโดยจำนวนของพันธุกรรมหรือยีนในแต่ละโครโมโซมจะมีจำนวนเท่ากับจำนวนโครงงานปัญหาพิเศษซึ่งในตัวอย่างนี้คือ 5 โครงงานปัญหาพิเศษเท่ากับมี 5 ยีน และในแต่ละยีนจะประกอบด้วยรหัส วัน เวลา และห้องที่ใช้สอบโครงงานปัญหาพิเศษโดยโปรแกรมจะทำการสุ่มมาลง ดังรูปที่ 3.4



รูปที่ 3.6 แสดงโครโมโซม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.5.2 การสร้างประชากรเริ่มต้น (Initial Populations)

ขั้นตอนนี้เป็นขั้นตอนการสร้างกลุ่มของโครโมโซมเพื่อจะเป็นประชากรตั้งต้นที่จะนำไปใช้ประมวลผลในการหาคำตอบ หลักการที่ใช้ในการสร้างประชากรจะใช้การสุ่มเป็นหลัก โดยหลักการสุ่มจะไม่คำนึงถึงเงื่อนไขใดๆของการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ สำหรับจำนวนประชากรต่อ 1 รอบนั้น จะมีจำนวนเท่ากับที่กำหนดไว้ เช่น กำหนดจำนวนประชากรต่อ 1 รอบเท่ากับ 6 จะได้โครโมโซมตั้งต้นทั้งหมด 6 โครโมโซม เมื่อขั้นตอนการสร้างประชากรเริ่มต้นเสร็จสมบูรณ์แล้วจะได้โครโมโซมตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษตามขนาดของประชากรที่กำหนด ซึ่งโครโมโซมตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษนั้นจะต้องเป็น Feasible Timetable ที่ไม่มีการละเมิดเงื่อนไขบังคับ ตามที่ได้กำหนดไว้ อย่างไรก็ตามหากโครโมโซมตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษที่ได้ยังมีการละเมิดเงื่อนไขบังคับในบางข้อก็ยังถือว่าโครโมโซมนั้นยังไม่สามารถนำไปใช้งานได้จริง

โดยในตัวอย่างนี้กำหนดจำนวนประชากรต่อ 1 รอบเท่ากับ 10 จะได้โครโมโซมตั้งต้นทั้งหมด 10 โครโมโซม โดยในแต่ละโครโมโซมจะประกอบไปด้วยยีนและในแต่ละยีนจะประกอบไปด้วยรหัสวัน เวลา ห้อง ที่ถูกสุ่มลงมา ดังตารางที่ 3.6

ตารางที่ 3.6 ตารางแสดงการสร้างประชากรโดยการสุ่ม

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
1	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	D3:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2
2	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1
3	D1:T3:R1	D2:T1:R2	D2:T3:R2	D3:T2:R2	D2:T2:R2	.....	D3:T2:R2	D3:T3:R2	D1:T3:R1	D1:T1:R2
4	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1
5	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1
6	D2:T2:R2	D3:T3:R2	D1:T1:R2	D1:T2:R1	D3:T1:R2	.....	D3:T1:R2	D1:T2:R2	D3:T3:R1	D1:T2:R2
7	D2:T1:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R2	D2:T1:R2	D3:T2:R2	.....	D1:T1:R2	D3:T3:R2	D3:T2:R2	D2:T1:R2
8	D1:T3:R1	D3:T3:R2	D2:T3:R2	D2:T2:R2	D2:T3:R1	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D2:T2:R2	31:T3:R1
9	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D3:T3:R2	D3:T1:R1	D2:T1:R1	.....	D1:T1:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R1	D3:T1:R1
10	D3:T1:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R2	D2:T1:R2	D1:T1:R1	.....	D2:T1:R1	D1:T3:R2	D3:T1:R2	D1:T1:R1

3.5.3 การคำนวณหาค่าความเหมาะสม

การหาค่าความเหมาะสมจะคิดจากการผิดเงื่อนไขบังคับและเงื่อนไขรองในแต่ละโครโมโซม โดยเงื่อนไขบังคับและเงื่อนไขผ่อนปรนมีการคำนวณหาค่าความเหมาะสมที่แตกต่างกันไป ดังนี้

เงื่อนไขบังคับ

1. ในแต่ละโครงงานปัญหาพิเศษไม่สามารถมีวัน เวลา และห้องที่ใช้ในการสอบกับโครงงานปัญหาพิเศษอื่นๆได้ โดยจะพิจารณา Dx : Tx : Rx ห้ามตรงกันในโครโมโซมนั้นๆ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2. อาจารย์ที่เข้าสอบในทุกๆโครงงานปัญหาพิเศษจะต้องไม่เข้าสอบในวันและเวลาที่ซ้ำกัน โดยจะพิจารณาโครงงานปัญหาพิเศษที่มี Dx : Tx ตรงกันว่าในโครงงานปัญหาพิเศษนั้นมีอาจารย์ที่มีรายชื่อซ้ำกันหรือไม่

หมายเหตุ : เนื่องจากเงื่อนไขที่กำหนดเป็นเงื่อนไขบังคับเพราะฉะนั้นถ้าโปรแกรมยังไม่ได้โครโมโซมที่มีค่าผิดเงื่อนไขเท่ากับ 0 จะถือว่าโครโมโซมนั้นใช้ไม่ได้ เมื่อมีค่าผิดเงื่อนไขโปรแกรมจะทำการเพิ่มค่าผิดเงื่อนไขทีละ 1 ครั้ง

ตัวอย่างการคำนวณ

<u>เงื่อนไขบังคับที่ 1</u> ในแต่ละโครงงานปัญหาพิเศษไม่สามารถมีวัน เวลา และห้องที่ใช้ในการสอบตรงกันทั้งหมดกับโครงงานปัญหาพิเศษอื่นๆได้

หมายความว่าในแต่ละหน่วยพันธุกรรมต้องไม่มีรหัสพันธุกรรม DX : TX : RX ที่ซ้ำกัน

ตารางที่ 3.7 แสดงโครโมโซมที่ 1 ที่นำมาคิดเงื่อนไขบังคับ

1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
D2:T1:R2	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D1:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2

เมื่อนำมาขยายทั้ง 15 หน่วยพันธุกรรมจะได้ดังนี้

ตารางที่ 3.8 แสดงการหาค่าขัดแย้งกับเงื่อนไขบังคับ (C_{hard}) ที่ 1 ของโครโมโซมที่ 1

1	D2:T1:R2
2	D2:T3:R1
3	D2:T2:R2
4	D3:T1:R1
5	D3:T1:R2
6	D2:T1:R1
7	D2:T3:R2
8	D1:T2:R2
9	D2:T2:R2
10	D2:T1:R2
11	D2:T3:R1
12	D2:T1:R1
13	D3:T3:R1
14	D1:T2:R2
15	D2:T3:R2

จากตารางที่ 3.8 จะมีค่าขัดแย้งกับเงื่อนไขบังคับที่ 1 เท่ากับ 6 เนื่องจากเอาหน่วยพันธุกรรมหรือยีนตัวแรกเป็นตัวตั้งและนับจำนวนตัวที่ซ้ำ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

<u>เงื่อนไขบังคับที่ 2</u> อาจารย์ที่เข้าสอบในทุกๆโครงงานปัญหาพิเศษต้องไม่เข้าสอบในวัน เวลาที่ซ้ำกัน

หมายความว่าในแต่ละหน่วยพันธุกรรมหรือยีนที่มีรหัสพันธุกรรม DX : TX เท่ากันจะต้องไม่มีรายชื่อของอาจารย์ที่ซ้ำกัน

ตารางที่ 3.9 แสดงการหาค่าขัดแย้งกับเงื่อนไขบังคับ (C_{hard}) ที่ 2 ของโครโมโซมที่ 1

1	D2:T1:R2
2	D2:T3:R1
3	D2:T2:R2
4	D3:T1:R1
5	D3:T1:R2
6	D2:T1:R1
7	D2:T3:R2
8	D1:T2:R2
9	D2:T2:R2
10	D2:T1:R2
11	D2:T3:R1
12	D2:T1:R1
13	D3:T3:R1
14	D1:T2:R2
15	D2:T3:R2

จากตารางที่ 3.9 จะมีค่าขัดแย้งกับเงื่อนไขเท่ากับ 5 มีรายละเอียด ดังนี้

- พิจารณาหน่วยพันธุกรรมที่มี D2 : T1

  หน่วยพันธุกรรมที่ 1 มีข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ = I1 , I2 , I3

  หน่วยพันธุกรรมที่ 6 มีข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ = I2 , I8 , I3

  หน่วยพันธุกรรมที่ 10 มีข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ = I6 , I7 , I8

  หน่วยพันธุกรรมที่ 12 มีข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ = I7 , I6 , I3

  โดยพิจารณาอาจารย์ในแต่ละท่าน ดังนี้

  รหัส I1 ไม่ซ้ำ

  รหัส I2 หน่วยพันธุกรรมที่ 1,6 ซ้ำกัน

  รหัส I3 หน่วยพันธุกรรมที่ 1,7,12 ซ้ำกัน

  รหัส I6 หน่วยพันธุกรรมที่ 10,12 ซ้ำกัน

  รหัส I7 หน่วยพันธุกรรมที่ 10,12 ซ้ำกัน

  รหัส I8 หน่วยพันธุกรรมที่ 6,10 ซ้ำกัน

- พิจารณาหน่วยพันธุกรรมที่มี D2 : T3

  หน่วยพันธุกรรมที่ 2 มีข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ = I2 , I5 , I1

  หน่วยพันธุกรรมที่ 7 มีข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ = I3 , I7 , I1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หน่วยพันธุกรรมที่ 11 มีข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ = I1 , I8 , I2

หน่วยพันธุกรรมที่ 15 มีข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ = I2 , I7 , I6

โดยพิจารณาอาจารย์ในแต่ละท่าน ดังนี้

รหัส I1 หน่วยพันธุกรรมที่ 2,7,11 ซ้ำกัน

รหัส I2 หน่วยพันธุกรรมที่ 2,11,15 ซ้ำกัน

รหัส I3 ไม่ซ้ำ

รหัส I5 ไม่ซ้ำ

รหัส I6 ไม่ซ้ำ

รหัส I7 หน่วยพันธุกรรมที่ 7,15 ซ้ำกัน

รหัส I8 ไม่ซ้ำ

- พิจารณาหน่วยพันธุกรรมที่มี D2 : T2

หน่วยพันธุกรรมที่ 3 มีข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ = I3 , I6 , I4

หน่วยพันธุกรรมที่ 9 มีข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ = I3 , I4 , I5

โดยพิจารณาอาจารย์ในแต่ละท่าน ดังนี้

รหัส I3 หน่วยพันธุกรรมที่ 3,9 ซ้ำกัน

รหัส I4 หน่วยพันธุกรรมที่ 3,9 ซ้ำกัน

รหัส I5 ไม่ซ้ำ

รหัส I6 ไม่ซ้ำ

- พิจารณาหน่วยพันธุกรรมที่มี D1 : T1

หน่วยพันธุกรรมที่ 4 มีข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ = I4 , I3 , I1

หน่วยพันธุกรรมที่ 5 มีข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ = I1 , I4 , I7

โดยพิจารณาอาจารย์ในแต่ละท่าน ดังนี้

รหัส I1 หน่วยพันธุกรรมที่ 4,5 ซ้ำกัน

รหัส I3 ไม่ซ้ำ

รหัส I4 หน่วยพันธุกรรมที่ 4,5 ซ้ำกัน

รหัส I7 ไม่ซ้ำ

- พิจารณาหน่วยพันธุกรรมที่มี D1 : T2

หน่วยพันธุกรรมที่ 8 มีข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ = I5 , I8 , I4

หน่วยพันธุกรรมที่ 14 มีข้อมูลอาจารย์ที่เข้าสอบ = I2 , I7 , I8

โดยพิจารณาอาจารย์ในแต่ละท่าน ดังนี้

รหัส I2 ไม่ซ้ำ

รหัส I4 ไม่ซ้ำ

รหัส I5 ไม่ซ้ำ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รหัส I7 ไม่ซ้ำ

รหัส I8 ไม่ซ้ำ

หลังจากนั้นนำค่าผิดเงื่อนไขบังคับในแต่ละเงื่อนไขมารวมกัน จะได้ค่าความขัดแย้งเงื่อนไขบังคับของโครโมโซมนั้นๆ จากโครโมโซมที่ 1 จะมีค่าขัดแย้งกับเงื่อนไขบังคับ 6+15 = 21 และทำการคำนวณค่าความขัดแย้งกับเงื่อนไขบังคับไปเรื่อยๆให้ครบทุกโครโมโซมในรุ่น จะได้ตารางที่มีค่าความขัดแย้งกับเงื่อนไขบังคับ ดังตารางที่ 3.10

ตารางที่ 3.10 ตารางแสดงการคำนวณค่าความขัดแย้งกับเงื่อนไขบังคับ (C_{hard})

P / N	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15	C_{hard}
1	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	D3:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2	21
2	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1	12
3	D1:T3:R1	D2:T1:R2	D2:T3:R2	D3:T2:R2	D2:T2:R2	.....	D3:T2:R2	D3:T3:R2	D1:T3:R1	D1:T1:R2	17
4	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1	9
5	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1	11
6	D2:T2:R2	D3:T3:R2	D1:T1:R2	D1:T2:R1	D3:T1:R2	.....	D3:T1:R2	D1:T2:R2	D3:T3:R1	D1:T2:R2	14
7	D2:T1:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R2	D2:T1:R2	D3:T2:R2	.....	D1:T1:R2	D3:T3:R2	D3:T2:R2	D2:T1:R2	20
8	D1:T3:R1	D3:T3:R2	D2:T3:R2	D2:T2:R2	D2:T3:R1	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D2:T2:R2	31:T3:R1	14
9	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D3:T3:R2	D3:T1:R1	D2:T1:R1	.....	D1:T1:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R1	D3:T1:R1	19
10	D3:T1:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R2	D2:T1:R2	D1:T1:R1	.....	D2:T1:R1	D1:T3:R2	D3:T1:R2	D1:T1:R1	20

เงื่อนไขผ่อนปรน

ทำการนับจำนวนวันที่อาจารย์แต่ละท่านต้องมาคุมสอบโครงงานปัญหาพิเศษทั้งหมด และนำจำนวนวันที่ต้องมาคุมสอบโครงงานปัญหาพิเศษของอาจารย์ทุกท่านมาบวกกัน

ตัวอย่างการคำนวณ

ตารางที่ 3.11 แสดงการหาค่าขัดแย้งกับเงื่อนไขผ่อนปรน (C_{soft}) ของโครโมโซมที่ 1

1	D2:T1:R2
2	D2:T3:R1
3	D2:T2:R2
4	D3:T1:R1
5	D3:T1:R2
6	D2:T1:R1
7	D2:T3:R2
8	D1:T2:R2
9	D2:T2:R2
10	D2:T1:R2
11	D2:T3:R1
12	D2:T1:R1
13	D3:T3:R1
14	D1:T2:R2
15	D2:T3:R2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

จากตารางที่ 3.11 จะมีค่าจำนวนรวมของวันที่อาจารย์แต่ละท่านมีการคุมสอบเท่ากับ 21 โดยพิจารณาอาจารย์ในแต่ละโครงงานปัญหาพิเศษเป็นรายบุคคล ดังนี้

- รหัส I1 อยู่ในโครงงานปัญหาพิเศษที่ 1,2,4,5,7,11,13 มีจำนวนวันที่คุมสอบ 3 วัน
- รหัส I2 อยู่ในโครงงานปัญหาพิเศษที่ 1,2,6,8,911,14,15 มีจำนวนวันที่คุมสอบ 2 วัน
- รหัส I3 อยู่ในโครงงานปัญหาพิเศษที่ 1,3,4,6,7,9,12 มีจำนวนวันที่คุมสอบ 3 วัน
- รหัส I4 อยู่ในโครงงานปัญหาพิเศษที่ 3,4,5,9 มีจำนวนวันที่คุมสอบ 3 วัน
- รหัส I5 อยู่ในโครงงานปัญหาพิเศษที่ 2,8,9,13 มีจำนวนวันที่คุมสอบ 3 วัน
- รหัส I6 อยู่ในโครงงานปัญหาพิเศษที่ 3,10,12,15 มีจำนวนวันที่คุมสอบ 2 วัน
- รหัส I7 อยู่ในโครงงานปัญหาพิเศษที่ 5,7,8,10,12,14,15 มีจำนวนวันที่คุมสอบ 2 วัน
- รหัส I8 อยู่ในโครงงานปัญหาพิเศษที่ 6,10,11,13,14 มีจำนวนวันที่คุมสอบ 3 วัน

หลังจากนั้นทำการคำนวณไปเรื่อยๆให้ครบทุกโครโมโซมจะได้ข้อมูล ดังตารางที่ 3.12

ตารางที่ 3.12 ตารางแสดงการคำนวณค่าความขัดแย้งกับเงื่อนไขผ่อนปรน (C_{soft})

N \ P	1	2	3	4	.....	13	14	15	C_{hard}	C_{soft}
1	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	.....	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2	21	21
2	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	.....	D1:T2:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1	12	22
3	D1:T3:R1	D2:T1:R2	D2:T3:R2	D3:T2:R2	.....	D3:T3:R2	D1:T3:R1	D1:T1:R2	17	21
4	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	.....	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1	9	22
5	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	.....	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1	11	21
6	D2:T2:R2	D3:T3:R2	D1:T1:R2	D1:T2:R1	.....	D1:T2:R2	D3:T3:R1	D1:T2:R2	14	22
7	D2:T1:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R2	D2:T1:R2	.....	D3:T3:R2	D3:T2:R2	D2:T1:R2	20	23
8	D1:T3:R1	D3:T3:R2	D2:T3:R2	D2:T2:R2	.....	D3:T3:R1	D2:T2:R2	31:T3:R1	14	20
9	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D3:T3:R2	D3:T1:R1	.....	D2:T1:R1	D1:T1:R1	D3:T1:R1	19	21
10	D3:T1:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R2	D2:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D3:T1:R2	D1:T1:R1	20	21

โดยคำตอบของเงื่อนไขผ่อนปรนที่ดีที่สุดจะลู่เข้าหา $D_{bestfit}$ ตามสมการ ดังนี้

$$D_{bestfit} = \sum_{i=1}^{n} \frac{np_{Instructor_i}}{n_{Timeslot}}$$

โดยที่ $D_{bestfit}$ คือ จำนวนวันรวมที่ใช้ในการสอบที่ดีที่สุดของอาจารย์

$np_{Instructor_i}$ คือ จำนวนวันที่อาจารย์แต่ละท่านคุมสอบ

$n_{Timeslot}$ คือ จำนวนช่วงเวลาที่ใช้ในการสอบต่อวัน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตัวอย่างการคำนวณ

ผลรวมของจำนวนเวลา เท่ากับ 3

โดยพิจารณาอาจารย์เป็นรายบุคคล

- รหัส I1 คุมสอบ 7 เรื่อง จะได้ 7/3 = 2.33 เป็น 3 วัน
- รหัส I2 คุมสอบ 7 เรื่อง จะได้ 7/3 = 2.33 เป็น 3 วัน
- รหัส I3 คุมสอบ 7 เรื่อง จะได้ 7/3 = 2.33 เป็น 3 วัน
- รหัส I4 คุมสอบ 4 เรื่อง จะได้ 4/3 = 1.33 เป็น 2 วัน
- รหัส I5 คุมสอบ 4 เรื่อง จะได้ 4/3 = 1.33 เป็น 2 วัน
- รหัส I6 คุมสอบ 4 เรื่อง จะได้ 4/3 = 1.33 เป็น 2 วัน
- รหัส I7 คุมสอบ 7 เรื่อง จะได้ 7/3 = 2.33 เป็น 3 วัน
- รหัส I8 คุมสอบ 5 เรื่อง จะได้ 5/3 = 1.67 เป็น 2 วัน

ดังนั้น จะได้ $D_{bestfit}$ = 3+3+3+2+2+2+3+2 = 20

ค่าความเหมาะสม (Fitness)

หลังจากที่ได้ค่าของเงื่อนไขหลักและเงื่อนไขผ่อนปรนแล้ว ให้นำค่าทั้งสองมาคำนวณหาค่าความเหมาะสมของโครโมโซมตามสมการ ดังนี้

$$Fitness = \frac{1}{(C_{hard} \times D_{worst}) + C_{soft}}$$

โดยที่ C_{hard} *คือ เงื่อนไขบังคับ*

C_{soft} คือ เงื่อนไขผ่อนปรน

D_{worst} คือ ผลรวมจำนวนวันที่ใช้ในการสอบที่แย่ที่สุดของอาจารย์แต่ละท่าน

ซึ่งจำนวนวันที่ใช้ในการสอบที่แย่ที่สุดของอาจารย์สามารถคำนวณได้ตามสมการ ดังนี้

$$D_{worst} = n_{Instructor} \times Day$$

โดยที่ $n_{Instructor}$ คือ จำนวนอาจารย์

Day คือ จำนวนวันที่ใช้ในการสอบ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยนำ D_{worst} มาคูณกับเงื่อนไขหลักเพื่อให้ค่าของเงื่อนไขหลักมีน้ำหนักมากกว่าค่าของเงื่อนไขผ่อนปรน และเมื่อนำค่าของเงื่อนไขหลักและเงื่อนไขผ่อนปรนมาบวกกันแล้วค่าที่น้อยที่สุดถือว่าเป็นค่าที่ดีที่สุด หลังจากนั้นจึงนำ 1 มาหาร เพื่อทำให้ค่าความเหมาะสมที่มากที่สุดเป็นค่าที่มีความเหมาะสมและดีที่สุด

ตัวอย่างการคำนวณ

ผลรวมของจำนวนอาจารย์ เท่ากับ 8

จำนวนวันที่ใช้ในการสอบ เท่ากับ 3

แทนในสมการ จะได้

$$D_{worst} = 8 \times 3$$
$$= 24$$

ดังนั้น ผลรวมจำนวนวันที่ใช้ในการสอบที่แย่ที่สุดของอาจารย์ทุกท่าน มีค่าเท่ากับ 24 วัน

เมื่อได้ค่า D_{worst} ค่ารวมเงื่อนไขหลัก (C_{hard}) และค่ารวมเงื่อนไขรอง (C_{soft}) ครบแล้วก็ทำการคำนวณหาค่าความเหมาะสมของโครโมโซม

ตัวอย่างการคำนวณ

เงื่อนไขหลัก มีค่า 21

เงื่อนไขรอง มีค่า 21

ผลรวมจำนวนวันที่ใช้ในการสอบที่แย่ที่สุดของอาจารย์ มีค่า 24

แทนในสมการจะได้

$$Fitness = \frac{1}{(21 \times 24) + 21}$$

$$= 0.001904$$

ดังนั้น ค่าความเหมาะสมของโครโมโซมที่ 1 มีค่าเท่ากับ 0.001904

และทำการคำนวณค่าความเหมาะสมให้ครบทุกโครโมโซมจะได้ข้อมูลดังตารางที่ 3.13

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.13 ตารางแสดงการคำนวณค่าความเหมาะสม

N \ P	1	2	3	4	.....	13	14	15	C_{hard}	C_{soft}	f
1	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	.....	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2	21	21	0.001904
2	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	.....	D1:T2:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1	12	22	0.003225
3	D1:T3:R1	D2:T1:R2	D2:T3:R2	D3:T2:R2	.....	D3:T3:R2	D1:T3:R1	D1:T1:R2	17	21	0.002331
4	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	.....	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1	9	22	0.004201
5	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	.....	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1	11	21	0.003508
6	D2:T2:R2	D3:T3:R2	D1:T1:R2	D1:T2:R1	.....	D1:T2:R2	D3:T3:R1	D1:T2:R2	14	22	0.002793
7	D2:T1:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R2	D2:T1:R2	.....	D3:T3:R2	D3:T2:R2	D2:T1:R2	20	23	0.001988
8	D1:T3:R1	D3:T3:R2	D2:T3:R2	D2:T2:R2	.....	D3:T3:R1	D2:T2:R2	31:T3:R1	14	20	0.002808
9	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D3:T3:R2	D3:T1:R1	.....	D2:T1:R1	D1:T1:R1	D3:T1:R1	19	21	0.002096
10	D3:T1:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R2	D2:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D3:T1:R2	D1:T1:R1	20	21	0.001996

ซึ่งค่าของ $Fitness$ ที่ดีที่สุดจะมีค่าเข้าใกล้ $Fitness_{bestfit}$ ซึ่งเป็นค่าที่มีผลรวมของเงื่อนไขบังคับเท่ากับ 0 และเงื่อนไขรองที่เป็น $D_{bestfit}$ แล้วหาร 1 สามารถคำนวณได้ตามสมการ ดังนี้

$$Fitness_{bestfit} = \frac{1}{(C_{hard} \times D_{worst}) + D_{bestfit}}$$

ตัวอย่างการคำนวณ

เงื่อนไขบังคับ เท่ากับ 0

ผลรวมจำนวนวันที่ใช้ในการสอบที่ดีที่สุดของอาจารย์ เท่ากับ 20

ผลรวมจำนวนวันที่ใช้ในการสอบที่แย่ที่สุดของอาจารย์ เท่ากับ 24

แทนในสมการ จะได้

$$Fitness_{bestfit} = \frac{1}{(0\times24)+20}$$

$$= 0.05$$

ดังนั้น ค่าของ $Fitness_{bestfit}$ มีค่าเท่ากับ 0.05

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ค่าความถูกต้อง (Accuracy)

เนื่องจากค่าความเหมาะสมที่คำนวณได้นั้นไม่ได้มีค่าอยู่ในช่วง 0-1 จึงทำให้นำมาวิเคราะห์คำตอบยากจึงได้มีการทำให้ค่าความเหมาะสมอยู่ในช่วง 0-1 คำนวณได้ตามสมการ ดังนี้

$$Accuracy = \frac{100 + D_{bestfit}}{100 + C_{hard} + C_{soft}}$$

โดยที่ C_{hard} คือ เงื่อนไขบังคับ

C_{soft} คือ เงื่อนไขผ่อนปรน

$D_{bestfit}$ คือ จำนวนวันรวมที่ใช้ในการสอบที่ดีที่สุดของอาจารย์

ตัวอย่างการคำนวณ

เงื่อนไขบังคับ เท่ากับ 21

เงื่อนไขรอง เท่ากับ 21

ผลรวมจำนวนวันที่ใช้ในการสอบที่ดีที่สุดของอาจารย์ เท่ากับ 20

แทนในสมการ จะได้

$$Accuracy = \frac{100+20}{100+21+21}$$

$$= 0.8450$$

ดังนั้น ค่าของ $Accuracy$ มีค่าเท่ากับ 0.8450

เมื่อคำนวณไปจนครบทุกโครโมโซมจะได้ดังตารางที่ 3.14

ตารางที่ 3.14 ตารางแสดงการคำนวณค่าความถูกต้อง

N \ P	1	2	3	4	.....	14	15	C_{hard}	C_{soft}	f	Accuracy
1	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	.....	D1:T2:R2	D2:T3:R2	21	21	0.001904	0.8450
2	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	.....	D1:T2:R2	D2:T2:R1	12	22	0.003225	0.8955
3	D1:T3:R1	D2:T1:R2	D2:T3:R2	D3:T2:R2	.....	D1:T3:R1	D1:T1:R2	17	21	0.002331	0.8695
4	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D2:T3:R1	9	22	0.004201	0.9160
5	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	.....	D2:T2:R1	D2:T2:R1	11	21	0.003508	0.9090
6	D2:T2:R2	D3:T3:R2	D1:T1:R2	D1:T2:R1	.....	D3:T3:R1	D1:T2:R2	14	22	0.002793	0.8823
7	D2:T1:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R2	D2:T1:R2	.....	D3:T2:R2	D2:T1:R2	20	23	0.001988	0.8391
8	D1:T3:R1	D3:T3:R2	D2:T3:R2	D2:T2:R2	.....	D2:T2:R2	31:T3:R1	14	20	0.002808	0.8955
9	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D3:T3:R2	D3:T1:R1	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	19	21	0.002096	0.8571
10	D3:T1:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R2	D2:T1:R2	.....	D3:T1:R2	D1:T1:R1	20	21	0.001996	0.8510

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยตัวแปรที่ใช้ในการคำนวณสูตรทั้งหมดที่ได้กล่าวมาข้างต้นนั้น จะนำมาสรุปเป็นตารางสรุปตัวแปรเทียบระหว่างตัวแปรในเล่มโครงงานปัญหาพิเศษกับตัวแปรในโปรแกรมที่ผู้จัดทำได้พัฒนาขึ้นเพื่อให้ผู้ที่ต้องการศึกษาหรือต้องการนำโครงงานปัญหาพิเศษนี้ไปพัฒนาต่อยอดให้สามารถเข้าใจเนื้อหาได้ง่ายยิ่งขึ้น ดังต่อไปนี้

สรุปตัวแปร

เนื่องจากตัวแปรในเล่มและโปรแกรมบางตัวมีความแตกต่างกัน ดังนั้นจึงมีตารางสรุปตัวแปรเพื่อให้ง่ายต่อการเข้าใจมากยิ่งขึ้น โดยตารางสรุปตัวแปรจะแบ่งออกเป็น 3 ส่วนด้วยกันโดยส่วนแรกจะระบุตัวแปรที่กล่าวไว้ในเล่มโครงงานปัญหาพิเศษและส่วนที่ 2 จะเป็นตัวแปรที่อยู่ในโปรแกรมที่ผู้จัดทำได้พัฒนาขึ้นซึ่งอาจมีความเหมือนและแตกต่างกันไปในแต่ละตัวแปร และส่วนสุดท้ายจะกล่าวถึงตัวแปรในกรณีที่ตัวแปรในโปรแกรมนั้นอาจไปตรงกับชื่อเดิม โดยแสดงได้ดังตารางที่ 3.15

ตารางที่ 3.15 ตารางสรุปตัวแปร

เล่ม	โปรแกรม	หมายเหตุ (กรณีที่โปรแกรมตรงกับชื่อเดิม)
Num_{pop}	POPULATION_SIZE	
Pd	IDUPLICATION_PERCENT	DDUPLICATION_PERCENT
Pc	CROSSOVER_RATE	
Pm	MUTATION_RATE	
$n_{DayofExam}$	Day	
Day'	day	day1
Day''	dayy	day2
C_{hard}	numbOfConflicts	
C_{soft}	numbOfSecondary	
$D_{bestfit}$	Doptimal	
$Fitness$	fitness	
D_{worst}	Dworst	
$Fitness_{bestfit}$	FitnessOptimal	
$Accuracy$	Accuracy	

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.5.4 การตรวจสอบเงื่อนไขการจบการทำงาน

ขั้นตอนนี้เป็นขั้นตอนการคัดเลือกโครโมโซมที่มีประสิทธิภาพที่ดีที่สุดเพียง 1 โครโมโซมจากประชากรที่คำนวณหาค่าความเหมาะสมได้ในขั้นตอนที่ 3.5.3 มาเป็นคำตอบ โดยปัญหาพิเศษนี้กำหนดให้โครโมโซมที่เหมาะสมสำหรับการไปเป็นคำตอบจะต้องมีค่าความเหมาะสมที่เท่ากับหรือเข้าใกล้ค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุด โดยในโปรแกรมทำการกำหนดไว้ว่าถ้าเจอโครโมโซมใดมีค่าเท่ากับ 0 แล้ว จะให้ประมวลผลโปรแกรมต่อไปอีก 2000 Generation เพื่อดูว่าเงื่อนไขผ่อนปรนมีค่าลดลงไหม แต่ถึงอย่างไรก็ตามถ้าเงื่อนไขผ่อนปรนไม่มีค่าลดลงแต่โครโมโซมที่เป็นคำตอบที่ได้จากการประมวลผลของโปรแกรมก็ถือว่าถูกต้องและสามารถนำไปใช้งานได้แล้ว เนื่องจากมีค่าความขัดแย้งของเงื่อนไขหลักเท่ากับ 0 นั่นหมายความว่า ไม่มีอาจารย์ท่านใดเข้าสอบโครงงานปัญหาพิเศษมากกว่า 1 เรื่องในเวลาเดียวกัน

3.5.5 การคัดเลือก (Selection)

ขั้นตอนนี้จะเป็นการคัดเลือกโครโมโซม โครโมโซมที่ถูกคัดเลือกจะถูกนำมาใช้เป็นประชากรเพื่อที่จะนำไปเข้าสู่กระบวนการสลับสายพันธุ์ โดยเลือกประชากรตามขนาดที่กำหนดซึ่งในตัวอย่างนี้จะกำหนดให้มีขนาดเท่ากับ num_{pop} เริ่มแรกจะทำการคัดเลือกแบบ Elitist ขึ้นมาก่อน 1 โครโมโซม และประชากรที่เหลือจะถูกคัดเลือกด้วยวิธีการแบบแข่งขัน (Tournament Selection) ซึ่งโครโมโซมที่ถูกคัดเลือกไว้ 1 โครโมโซมด้วยวิธีแบบ Elitist นั้น จะอยู่รอดไปจนถึงขั้นตอนการกลายพันธุ์ ซึ่งการคัดเลือกแบบนี้เป็นแนวคิดที่ป้องกันการสูญหายของเส้นทางที่ดีที่สุด และโครโมโซมที่ถูกคัดเลือกแบบ Elitist นั้น จะถูกนำไปคัดลอกในขั้นตอนการ Duplication ที่ 3.5.6 ด้วย โครโมโซมที่ถูกเลือกแสดงได้ดังตารางที่ 3.15

ตารางที่ 3.16 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกคัดเลือกด้วยวิธี Elitist

N \ P	1	2	3	4	.....	14	15	C_{hard}	C_{soft}	f	Accuracy
4	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D2:T3:R1	9	22	0.004201	0.9160

ทำการคัดเลือกโครโมโซมที่เหลือแบบแข่งขัน(Tournament Selection) โดยการสุ่มจับคู่เปรียบเทียบจากกลุ่มประชากรและคัดเลือกผู้ชนะจากการเปรียบเทียบนั้น วิธีการของการคัดเลือกแบบแข่งขันจะเหมือนกับการแข่งขันกีฬาโดยจะทำได้โดยการสุ่มแบ่งกลุ่มคัดเลือกโครโมโซม แล้วเลือกเอาโครโมโซมที่ดีที่สุดในกลุ่มนั้นเพื่อหาโครโมโซมผู้ชนะ ซึ่งโครโมโซมที่ถูกเลือกมาแข่งขันแล้วสามารถถูกเลือกซ้ำได้อีก เมื่อเลือกเสร็จแล้วนำมารวมกับประชากรที่คัดเลือกไว้ด้วยวิธี Elitist จะได้ประชากรที่ถูกคัดเลือกทั้งหมดดังตารางที่ 3.16

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.17 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกทั้งหมด

N \ P	1	2	3	4	.....	14	15	C_{hard}	C_{soft}	f	Accuracy
1	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	.....	D1:T2:R2	D2:T3:R2	21	21	0.001904	0.8450
2	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	.....	D1:T2:R2	D2:T2:R1	12	22	0.003225	0.8955
3	D1:T3:R1	D2:T1:R2	D2:T3:R2	D3:T2:R2	.....	D1:T3:R1	D1:T1:R2	17	21	0.002331	0.8695
4	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D2:T3:R1	9	22	0.004201	0.9160
5	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	.....	D2:T2:R1	D2:T2:R1	11	21	0.003508	0.9090
6	D2:T2:R2	D3:T3:R2	D1:T1:R2	D1:T2:R1	.....	D3:T3:R1	D1:T2:R2	14	22	0.002793	0.8823
7	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D2:T3:R1	20	23	0.001988	0.8391
8	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	.....	D2:T2:R1	D2:T2:R1	14	20	0.002808	0.8955
9	D2:T2:R2	D3:T3:R2	D1:T1:R2	D1:T2:R1	.....	D3:T3:R1	D1:T2:R2	19	21	0.002096	0.8571
10	D3:T1:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R2	D2:T1:R2	.....	D3:T1:R2	D1:T1:R1	20	21	0.001996	0.8510

3.5.6 การ Duplication

การ Duplication เป็นการคัดลอกโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีสุดมาทำการคัดลอกตามอัตราที่กำหนดต่อขนาดประชากร (Num_{pop}) และนำโครโมโซมที่เกิดจากการคัดลอกมาแทนที่โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยที่สุดในประชากรรุ่นนั้นๆ

ขั้นตอนการ Duplication

1) ทำการกำหนดอัตราการสลับสายพันธุ์ (Pc) โดยในตัวอย่างนี้ได้กำหนดให้อัตราการ Duplication (Pd) เท่ากับ 0.1
2) เลือกโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมดีที่สุดมาคัดลอก โดยจำนวนที่คัดลอกจะคิดตามอัตราการ Duplication ต่อขนาดของประชากร ยกตัวอย่างเช่น ขนาดของประชากร (Num_{pop}) เท่ากับ 10 และอัตราการ Duplication (Pd) เท่ากับ 0.1 ดังนั้น จำนวนที่คัดลอกจากโครโมโซมที่ดีที่สุดจะเท่ากับ 1 โครโมโซม
3) นำโครโมโซมที่ถูกคัดลอกมาแทนที่โครโมโซมที่ค่าความเหมาะสมแย่ที่สุดในประชากรในรุ่นนั้นๆ
4) นำประชากรที่โครโมโซมที่แย่ที่สุดถูกแทนที่แล้วมาทำกระบวนการในขั้นตอนถัดไป

ตัวอย่าง

- จำนวนประชากรที่ถูกเลือกจากกระบวนการการคัดเลือก ซึ่งถูกเรียงจากโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุดไปยังโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยที่สุด ดังตารางที่ 3.14
- เลือกโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมดีที่สุดมาคัดลอก โดยอัตราการ Duplication เท่ากับ 0.1 และ โครโมโซมที่ถูกคัดเลือกมีขนาด เท่ากับ 5 โครโมโซม ดังนั้น จำนวนโครโมโซมที่เกิดจากการคัดลอกจากโครโมโซมที่ดีที่สุดจะคำนวณได้จาก ขนาดประชากรที่ถูกคัดเลือกคูณด้วยอัตราการ Duplication เท่ากับ 10 * 0.1 = 1 หากมีเศษให้ปัดขึ้น ดังนั้นโครโมโซมที่

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

เกิดจากการถูกคัดลอกจากโครโมโซมที่ดีที่สุดจะมีจำนวน 1 โครโมโซม โดยโครโมโซมที่ถูกคัดลอกในตัวอย่างนี้จะแสดงดังตารางที่ 3.17

ตารางที่ 3.18 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกคัดลอก

N \ P	1	2	3	4	.....	14	15	C_{hard}	C_{soft}	f	Accuracy
4	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D2:T3:R1	9	22	0.004201	0.9160

นำโครโมโซมที่ถูกคัดลอกมาแทนที่โครโมโซมที่ค่าความเหมาะสมแย่ที่สุดในประชากรในรุ่นนั้นๆ ดังตารางที่ 3.18

ตารางที่ 3.19 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกแทนที่

N \ P	1	2	3	4	.....	14	15	C_{hard}	C_{soft}	f	Accuracy
1	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D2:T3:R1	9	22	0.004201	0.9160
2	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	.....	D1:T2:R2	D2:T2:R1	12	22	0.003225	0.8955
3	D1:T3:R1	D2:T1:R2	D2:T3:R2	D3:T2:R2	.....	D1:T3:R1	D1:T1:R2	17	21	0.002331	0.8695
4	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D2:T3:R1	9	22	0.004201	0.9160
5	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	.....	D2:T2:R1	D2:T2:R1	11	21	0.003508	0.9090
6	D2:T2:R2	D3:T3:R2	D1:T1:R2	D1:T2:R1	.....	D3:T3:R1	D1:T2:R2	14	22	0.002793	0.8823
7	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D2:T3:R1	20	23	0.001988	0.8391
8	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	.....	D2:T2:R1	D2:T2:R1	14	20	0.002808	0.8955
9	D2:T2:R2	D3:T3:R2	D1:T1:R2	D1:T2:R1	.....	D3:T3:R1	D1:T2:R2	19	21	0.002096	0.8571
10	D3:T1:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R2	D2:T1:R2	.....	D3:T1:R2	D1:T1:R1	20	21	0.001996	0.8510

เรียงโครโมโซมจากค่าความเหมาะสมมากไปน้อย ดังตารางที่ 3.19

ตารางที่ 3.20 ตารางแสดงประชากรที่ได้จากการ Duplication

N \ P	1	2	3	4	.....	14	15	C_{hard}	C_{soft}	f	Accuracy
1	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D2:T3:R1	9	22	0.004201	0.9160
2	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D2:T3:R1	9	22	0.004201	0.9160
3	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	.....	D2:T2:R1	D2:T2:R1	11	21	0.003508	0.9090
4	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	.....	D1:T2:R2	D2:T2:R1	12	22	0.003225	0.8955
5	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	.....	D2:T2:R1	D2:T2:R1	14	20	0.002808	0.8955
6	D2:T2:R2	D3:T3:R2	D1:T1:R2	D1:T2:R1	.....	D3:T3:R1	D1:T2:R2	14	22	0.002793	0.8823
7	D1:T3:R1	D2:T1:R2	D2:T3:R2	D3:T2:R2	.....	D1:T3:R1	D1:T1:R2	17	21	0.002331	0.8695
8	D2:T2:R2	D3:T3:R2	D1:T1:R2	D1:T2:R1	.....	D3:T3:R1	D1:T2:R2	19	21	0.002096	0.8571
9	D3:T1:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R2	D2:T1:R2	.....	D3:T1:R2	D1:T1:R1	20	21	0.001996	0.8510
10	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D2:T3:R1	20	23	0.001988	0.8391

หลังจากนั้นนำประชากรที่ได้จากการกระบวนการ Duplication ไปดำเนินการในขั้นตอนถัดไป

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.5.7 การสลับสายพันธุ์ (Crossover)

การสลับสายพันธุ์จะเป็นการสร้างโครโมโซมชุดใหม่ที่เรียกว่าโครโมโซมลูกจากโครโมโซมพ่อแม่ 2 โครโมโซม โดยจะทำการกำหนดอัตราการสลับสายพันธุ์ (Pc) โดยมีค่าระหว่าง 0.00 – 1.00 และจะดำเนินการจำนวนรอบตามขนาดของประชากร (Num_{pop}) ที่กำหนดใน 3.5.2 โดยในแต่ละรอบจะทำการสุ่มโครโมโซมที่คัดเลือกมาจาก 3.5.6 จำนวน 2 โครโมโซม โดยโครโมโซมที่ถูกสุ่มเลือกในการสลับสายพันธุ์นั้นสามารถสุ่มโดนตัวเดิมได้เนื่องจากการสุ่มแต่ละครั้งเป็นการสุ่มจากกลุ่มประชากรเดียวกัน หลังจากนั้นทำการสุ่มตัวเลขขึ้นมาเพื่อบ่งชี้ว่ารอบนั้นๆจะมีการดำเนินการสลับสายพันธุ์เกิดขึ้นหรือไม่ โดยการสลับสายพันธุ์จะเกิดขึ้นต่อเมื่อค่าที่สุ่มได้มีค่าน้อยกว่าอัตราการสลับสายพันธุ์ที่กำหนด ถ้าเกิดไม่มีการสลับสายพันธุ์เกิดขึ้นโปรแกรมจะนำโครโมโซมที่ถูกสุ่มเลือกจำนวน 2 โครโมโซมนั้นมาเป็นโครโมโซมในรุ่นถัดไปเลย ซึ่งในตัวอย่างนี้กำหนดให้จำนวนประชากร (Num_{pop}) เท่ากับ 10 ดังนั้นจำนวนรอบในการดำเนินการสลับสายพันธุ์จะเท่ากับ 10 รอบ เมื่อดำเนินการจนครบรอบตามขนาดประชากร(Num_{pop}) ที่กำหนดแล้วจะได้โครโมโซมมาทั้งหมดจำนวน 20 โครโมโซม และได้ทำการกำหนดค่าอัตราการสลับสายพันธุ์ไว้ที่ 0.9 นั้นคือถ้ารอบที่ 1 สุ่มเลขได้ 0.85 แสดงว่ารอบที่ 1 จะมีการสลับสายพันธุ์เกิดขึ้น และทำซ้ำไปเรื่อยๆจนครบ 10 รอบ ซึ่งจากงานวิจัยที่ศึกษามาโดยเฉลี่ยของแต่ละระบบงานได้กำหนดอัตราการสลับสายพันธุ์ (Pc) อยู่ที่ 0.25 ถึง 1.00 ซึ่งโดยทั่วไปแล้วได้กำหนดให้อัตราการสลับสายพันธุ์มีค่าที่สูงๆเพื่อให้การสลับสายพันธุ์มีโอกาสเกิดขึ้นเป็นจำนวนมาก เนื่องจากการสลับสายพันธุ์จะทำให้ได้ประชากรที่หลากหลายซึ่งส่งผลดีต่อกระบวนการทางเจนเติก

ขั้นตอนการสลับสายพันธุ์

1) ทำการกำหนดอัตราการสลับสายพันธุ์ (Pc) โดยในตัวอย่างนี้ได้กำหนดให้อัตราการสลับสายพันธุ์ (Pc) เท่ากับ 0.90
2) ทำการสุ่มโครโมโซมขึ้นมาจำนวน 2 โครโมโซม
3) ทำการสุ่มเลขจากระบบ ถ้าได้น้อยกว่าให้กระทำในข้อที่ 4) แต่ถ้าได้มากกว่าให้เก็บโครโมโซม 2 โครโมโซมที่สุ่มเลือกขึ้นมาในข้อ 2) เป็นคำตอบเลย และวนกลับไปทำที่ข้อ 1) คือทำการสุ่มเลขต่อไปเรื่อยๆจนครบรอบจึงจะถือว่าจบการทำงานของการสลับสายพันธุ์
4) ทำการสุ่มจุดตัดที่จะสลับสายพันธุ์ของโครโมโซมขึ้นมา โดยจำนวนจุดตัดที่จะสุ่มนั้นจะขึ้นอยู่กับวิธีการสลับสายพันธุ์ที่กำหนดและทำการสลับสายพันธุ์ โดยในตัวอย่างนี้จะใช้วิธีการสลับสายพันธุ์แบบหนึ่งส่วน ดังนั้น ตำแหน่งการสลับสายพันธุ์จะมี 1 จุด
5) ทำการสลับสายพันธุ์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตัวอย่าง

รอบที่ 1

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 2 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 1 และ 3
- สุ่มเลขได้ 0.90 ไม่มีการสลับสายพันธุ์เกิดขึ้น

ให้ทำรอบต่อไปเลย และจะได้ประชากร 2 ตัว ดังตารางที่ 3.20

ตารางที่ 3.21 แสดงโครโมโซมที่ได้จากการสลับสายพันธุ์รอบที่ 1

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
1	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1
2	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1

รอบที่ 2

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 2 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 2 และ 3
- สุ่มเลขได้ 0.82 มีการสลับสายพันธุ์เกิดขึ้น
- สุ่มตำแหน่งสลับสายพันธุ์ได้ตำแหน่งที่ 2

จะได้การสลับสายพันธุ์ดังตารางที่ 3.21 และ ตารางที่ 3.22

ตารางที่ 3.22 ตารางแสดงโครโมโซมและจุดตัดที่สุ่มได้ก่อนทำการสลับสายพันธุ์ของรอบที่ 2

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
2	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	D3:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2
3	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1

ตารางที่ 3.23 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการสลับสายพันธุ์จากรอบที่ 2

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
3	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1
4	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	D3:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2

รอบที่ 3

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 2 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 1 และ 4
- สุ่มเลขได้ 0.02 มีการสลับสายพันธุ์เกิดขึ้น
- สุ่มตำแหน่งสลับสายพันธุ์ได้ตำแหน่งที่ 13

จะได้การสลับสายพันธุ์ดังตารางที่ 3.23 และ ตารางที่ 3.24

ตารางที่ 3.24 ตารางแสดงโครโมโซมและจุดตัดที่สุ่มได้ก่อนทำการสลับสายพันธุ์ของรอบที่ 3

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
1	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1
4	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.25 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการสลับสายพันธุ์จากรอบที่ 3

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
5	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1
6	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1

รอบที่ 4

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 2 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 2 และ 5
- สุ่มเลขได้ 0.95 ไม่มีการสลับสายพันธุ์เกิดขึ้น

ให้ทำรอบต่อไปเลย และจะได้ประชากร 2 ตัว ดังตารางที่ 3.25

ตารางที่ 3.26 แสดงโครโมโซมที่ได้จากการสลับสายพันธุ์รอบที่ 4

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
7	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	D3:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2
8	D1:T3:R1	D3:T3:R2	D2:T3:R2	D2:T2:R2	D2:T3:R1	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D2:T2:R2	31:T3:R1

รอบที่ 5

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 2 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 1 และ 4
- สุ่มเลขได้ 0.92 ไม่มีการสลับสายพันธุ์เกิดขึ้น

ให้ทำรอบต่อไปเลย และจะได้ประชากร 2 ตัว ดังตารางที่ 3.26

ตารางที่ 3.27 แสดงโครโมโซมที่ได้จากการสลับสายพันธุ์รอบที่ 5

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
9	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1
10	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1

รอบที่ 6

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 2 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 4 และ 5
- สุ่มเลขได้ 0.59 มีการสลับสายพันธุ์เกิดขึ้น
- สุ่มตำแหน่งสลับสายพันธุ์ได้ตำแหน่งที่ 5

จะได้การสลับสายพันธุ์ดังตารางที่ 3.27 และ ตารางที่ 3.28

ตารางที่ 3.28 ตารางแสดงโครโมโซมและจุดตัดที่สุ่มได้ก่อนทำการสลับสายพันธุ์ของรอบที่ 6

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
4	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1
5	D1:T3:R1	D3:T3:R2	D2:T3:R2	D2:T2:R2	D2:T3:R1	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D2:T2:R2	31:T3:R1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.29 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการสลับสายพันธุ์จากรอบที่ 6

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
11	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D2:T2:R2	31:T3:R1
12	D1:T3:R1	D3:T3:R2	D2:T3:R2	D2:T2:R2	D2:T3:R1	.....	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1

รอบที่ 7

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 2 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 3 และ 4
- สุ่มเลขได้ 0.23 มีการสลับสายพันธุ์เกิดขึ้น
- สุ่มตำแหน่งสลับสายพันธุ์ได้ตำแหน่งที่ 1

จะได้การสลับสายพันธุ์ดังตารางที่ 3.29 และ ตารางที่ 3.30

ตารางที่ 3.30 ตารางแสดงโครโมโซมและจุดตัดที่สุ่มได้ก่อนทำการสลับสายพันธุ์ของรอบที่ 7

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
3	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1
4	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1

ตารางที่ 3.31 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการสลับสายพันธุ์จากรอบที่ 7

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
13	D2:T3:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1
14	D3:T1:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1

รอบที่ 8

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 2 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 1 และ 2
- สุ่มเลขได้ 0.33 มีการสลับสายพันธุ์เกิดขึ้น
- สุ่มตำแหน่งสลับสายพันธุ์ได้ตำแหน่งที่ 3

จะได้การสลับสายพันธุ์ดังตารางที่ 3.31 และ ตารางที่ 3.32

ตารางที่ 3.32 ตารางแสดงโครโมโซมและจุดตัดที่สุ่มได้ก่อนทำการสลับสายพันธุ์ของรอบที่ 8

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
1	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1
2	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	D3:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2

ตารางที่ 3.33 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการสลับสายพันธุ์จากรอบที่ 8

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
15	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	D3:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2
16	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รอบที่ 9

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 2 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 10 และ 8
- สุ่มเลขได้ 0.88 มีการสลับสายพันธุ์เกิดขึ้น
- สุ่มตำแหน่งสลับสายพันธุ์ได้ตำแหน่งที่ 14

จะได้การสลับสายพันธุ์ดังตารางที่ 3.33 และ ตารางที่ 3.34

ตารางที่ 3.34 ตารางแสดงโครโมโซมและจุดตัดที่สุ่มได้ก่อนทำการสลับสายพันธุ์ของรอบที่ 9

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
10	D2:T1:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R2	D2:T1:R2	D3:T2:R2	.....	D1:T1:R2	D3:T3:R2	D3:T2:R2	D2:T1:R2
8	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D3:T3:R2	D3:T1:R1	D2:T1:R1	.....	D1:T1:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R1	D3:T1:R1

ตารางที่ 3.35 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการสลับสายพันธุ์จากรอบที่ 9

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
17	D2:T1:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R2	D2:T1:R2	D3:T2:R2	.....	D1:T1:R2	D3:T3:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R1
18	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D3:T3:R2	D3:T1:R1	D2:T1:R1	.....	D1:T1:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R1	D2:T1:R2

รอบที่ 10

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 2 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 1 และ 3
- สุ่มเลขได้ 0.80 มีการสลับสายพันธุ์เกิดขึ้น
- สุ่มตำแหน่งสลับสายพันธุ์ได้ตำแหน่งที่ 12

จะได้การสลับสายพันธุ์ดังตารางที่ 3.35 และ ตารางที่ 3.36

ตารางที่ 3.36 ตารางแสดงโครโมโซมและจุดตัดที่สุ่มได้ก่อนทำการสลับสายพันธุ์ของรอบที่ 10

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
1	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1
3	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1

ตารางที่ 3.37 แสดงโครโมโซมที่ได้จากการสลับสายพันธุ์รอบที่ 10

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
19	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1
20	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1

และเมื่อทำครบทั้ง 10 รอบแล้วจะได้โครโมโซมทั้งหมด 20 โครโมโซม ดังตารางที่ 3.37

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.38 ตารางแสดงโครโมโซมที่ได้ทั้งหมดหลังทำการสลับสายพันธุ์

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
1	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1
2	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1
3	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1
4	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	D3:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2
5	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1
6	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1
7	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	D3:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2
8	D1:T3:R1	D3:T3:R2	D2:T3:R2	D2:T2:R2	D2:T3:R1	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D2:T2:R2	31:T3:R1
9	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1
10	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1
11	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D2:T2:R2	31:T3:R1
12	D1:T3:R1	D3:T3:R2	D2:T3:R2	D2:T2:R2	D2:T3:R1	.....	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1
13	D2:T3:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1
14	D3:T1:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1
15	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	D3:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2
16	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1
17	D2:T1:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R2	D2:T1:R2	D3:T2:R2	.....	D1:T1:R2	D3:T3:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R1
18	D1:T3:R2	D1:T2:R1	D3:T3:R2	D3:T1:R1	D2:T1:R1	.....	D1:T1:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R1	D2:T1:R2
19	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1
20	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1

3.5.8 การกลายพันธุ์ (Mutation)

การกลายพันธุ์เป็นกระบวนการที่เกิดขึ้นหลังจากการสลับสายพันธุ์หมายความว่าได้โครโมโซมรุ่นลูกที่เกิดจากการสลับสายพันธุ์จากรุ่นพ่อแม่แล้ว จึงนำโครโมโซมรุ่นลูกมาดำเนินการกลายพันธุ์ โดยจะทำการกำหนดอัตรากลายพันธุ์ (Pm) โดยมีค่าระหว่าง 0.00 – 1.00 หลังจากนั้นทำการสุ่มโครโมโซมขึ้นมา 1 ตัว โดยโครโมโซมที่ถูกสุ่มเลือกในการกลายพันธุ์นั้นสามารถสุ่มโดนตัวเดิมได้เนื่องจากการสุ่มแต่ละครั้งเป็นการสุ่มจากกลุ่มประชากรเดียวกัน และจะดำเนินการไปทีละยีนโดยทำการสุ่มตัวเลขขึ้นมา 1 ค่า และการกลายพันธุ์จะเกิดขึ้นต่อเมื่อค่าที่สุ่มได้มีค่าน้อยกว่าอัตราการกลายพันธุ์ที่กำหนดและทำไปเรื่อยๆจนครบตามขนาดของประชากร (Num_{pop}) ลบ 1 ที่ต้องดำเนินการลบ 1 เนื่องจากการกลายพันธุ์ในแต่รอบจะได้จำนวนโครโมโซมใหม่ 1 โครโมโซมและเราได้เก็บโครโมโซมที่ดีที่สุดไว้ขั้นตอนที่3.5.5 เมื่อจบขั้นตอนนี้เราจะนำโครโมโซมที่เก็บไว้ในขั้นตอนที่ 3.5.5 มารวมและนำไปคำนวณค่าความเหมาะสม ซึ่งในตัวอย่างนี้กำหนดให้ขนาดของประชากร (Num_{pop}) มีค่าเท่ากับ 10 ดังนั้นจะทำการกลายพันธุ์จำนวน 10-1 = 9 รอบ กำหนดค่าอัตราการกลายพันธุ์ไว้ที่ 0.1 ถ้าครั้งที่ 1 สุ่มเลขได้ 0.05 แสดงว่าครั้งที่ 1 จะมีการกลายพันธุ์เกิดขึ้น และทำซ้ำไปเรื่อยๆจนครบ 10 รอบ และถ้าในรอบใดๆไม่มีการกลายพันธุ์เกิดขึ้นโปรแกรมจะนำโครโมโซมที่ถูกสุ่มเลือกจำนวน 1 โครโมโซมนั้นมาเป็นโครโมโซมในรุ่นถัดไปเลย ซึ่งจากงานวิจัยที่ศึกษามาโดยเฉลี่ย

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ของแต่ละระบบงานได้กำหนดอัตราการกลายพันธุ์ (Pm) อยู่ที่ 0.00 ถึง 0.10 และโดยปกติแล้วอัตราการกลายพันธุ์จะถูกกำหนดให้เป็นค่าน้อยๆ เนื่องจากตามทฤษฎีของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนั้นการเกิดการกลายพันธุ์กับยีนในเซลล์ต่างๆของร่างกายอาจมีผลทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงของร่างกายไปจากเดิม เช่น เกิดเนื้องอก มะเร็ง เป็นต้น

ขั้นตอนการกลายพันธุ์

1) ทำการสุ่มเลือกโครโมโซมขึ้นมาจำนวน 1 โครโมโซม
2) ทำการกำหนดอัตราการกลายพันธุ์ (Pm) โดยในตัวอย่างนี้ได้กำหนดให้อัตราการกลายพันธุ์ (Pm) เท่ากับ 0.10
3) ดำเนินการไปทีละยีนโดยทำการสุ่มเลขจากระบบขึ้นมาถ้าได้น้อยกว่าให้กระทำในข้อที่ 4) แต่ถ้าได้มากกว่าแสดงว่ายีนนั้นไม่มีการกลายพันธุ์เกิดขึ้นเมื่อทำครบทุกยีนแล้วจะได้โครโมโซมใหม่ขึ้นมา 1 โครโมโซม และวนกลับไปทำที่ข้อ 1) คือทำการสุ่มเลขต่อไปเรื่อยๆจนครบรอบจึงจะถือว่าจบการทำงานของการกลายพันธุ์
4) ทำการสุ่มจุดตัดที่จะกลายพันธุ์ของโครโมโซมขึ้นมา โดยจำนวนจุดตัดที่จะสุ่มนั้นจะขึ้นอยู่กับวิธีการกลายพันธุ์ที่กำหนด โดยในตัวอย่างนี้จะใช้วิธีการกลายพันธุ์แบบเรียงสับเปลี่ยน ดังนั้นตำแหน่งการสลับสายพันธุ์จะมี 2 จุด
5) ทำการกลายพันธุ์

<u>ตัวอย่าง</u>

รอบที่ 1

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 1 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 2
- ในยีนที่ 2 และ 5 สุ่มเลขได้ 0.05 0.02 ตามลำดับ มีการกลายพันธุ์เกิดขึ้น
- โปรแกรมทำการสุ่มตำแหน่งกลายพันธุ์ Dx : Tx : Rx ให้อัตโนมัติ

จะได้การกลายพันธุ์ดังตารางที่ 3.38 และ ตารางที่ 3.39

ตารางที่ 3.39 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกนำมาทำการกลายพันธุ์ของรอบที่ 1

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
2	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1

ตารางที่ 3.40 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการกลายพันธุ์จากรอบที่ 1

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
1	D2:T3:R2	D3:T3:R1	D3:T2:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รอบที่ 2

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 1 โครโมโซม ได้โครโมโซมที่ 20
- ในยีนที่ 5 และ 12 สุ่มเลขได้ 0.02 0.03 ตามลำดับ มีการกลายพันธุ์เกิดขึ้น
- โปรแกรมทำการสุ่มตำแหน่งกลายพันธุ์ Dx : Tx : Rx ให้อัตโนมัติ

จะได้การกลายพันธุ์ดังตารางที่ 3.40 และ ตารางที่ 3.41

ตารางที่ 3.41 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกนำมาทำการกลายพันธุ์ของรอบที่ 2

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
20	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1

ตารางที่ 3.42 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการกลายพันธุ์จากรอบที่ 2

N	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
2	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D2:T3:R2	.....	D2:T1:R2	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1

รอบที่ 3

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 1 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 17
- ในยีนที่ 1 และ สุ่มเลขได้ 0.02 มีการกลายพันธุ์เกิดขึ้น
- โปรแกรมทำการสุ่มตำแหน่งกลายพันธุ์ Dx : Tx : Rx ให้อัตโนมัติ

จะได้การกลายพันธุ์ดังตารางที่ 3.42 และ ตารางที่ 3.43

ตารางที่ 3.43 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกนำมาทำการกลายพันธุ์ของรอบที่ 3

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
17	D2:T1:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R2	D2:T1:R2	D3:T2:R2	.....	D1:T1:R2	D3:T3:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R1

ตารางที่ 3.44 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการกลายพันธุ์จากรอบที่ 3

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
3	D2:T3:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R2	D2:T1:R2	D3:T2:R2	.....	D1:T1:R2	D3:T3:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R1

รอบที่ 4

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 1 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 15
- ในยีนที่ 4 5 และ 15 สุ่มเลขได้ 0.02 0.01 0.03 ตามลำดับ มีการกลายพันธุ์เกิดขึ้น
- โปรแกรมทำการสุ่มตำแหน่งกลายพันธุ์ Dx : Tx : Rx ให้อัตโนมัติ

จะได้การกลายพันธุ์ดังตารางที่ 3.44 และ ตารางที่ 3.45

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.45 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกนำมาทำการกลายพันธุ์ของรอบที่ 4

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
15	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	D3:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2

ตารางที่ 3.46 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการกลายพันธุ์จากรอบที่ 4

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
4	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	D3:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2

รอบที่ 5

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 1 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 11
- สุ่มเลขได้มากกว่า 0.1 ในทุกๆยีน ไม่มีการกลายพันธุ์เกิดขึ้น

จะได้โครโมโซมดังตารางที่ 3.46

ตารางที่ 3.47 แสดงโครโมโซมที่ได้จากการกลายพันธุ์รอบที่ 5

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
5	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D2:T2:R2	D1:T3:R1

รอบที่ 6

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 1 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 2
- ในยีนที่ 5 สุ่มเลขได้ 0.09 มีการกลายพันธุ์เกิดขึ้น
- โปรแกรมทำการสุ่มตำแหน่งกลายพันธุ์ Dx : Tx : Rx ให้อัตโนมัติ

จะได้การกลายพันธุ์ดังตารางที่ 3.47 และ ตารางที่ 3.48

ตารางที่ 3.48 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกนำมาทำการกลายพันธุ์ของรอบที่ 6

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
2	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1

ตารางที่ 3.49 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการกลายพันธุ์จากรอบที่ 6

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
6	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T3:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1

รอบที่ 7

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 1 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 5
- ในยีนที่ 13 14 15 สุ่มเลขได้ 0.09 0.08 0.3 ตามลำดับ มีการกลายพันธุ์เกิดขึ้น
- โปรแกรมทำการสุ่มตำแหน่งกลายพันธุ์ Dx : Tx : Rx ให้อัตโนมัติ

จะได้การกลายพันธุ์ดังตารางที่ 3.49 และ ตารางที่ 3.50

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.50 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกนำมาทำการกลายพันธุ์ของรอบที่ 7

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
5	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T2:R2	D2:T2:R1

ตารางที่ 3.51 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการกลายพันธุ์จากรอบที่ 7

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
7	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T3:R2	D3:T1:R2	D1:T1:R2

รอบที่ 8

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 1 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 1
- ในยีนที่ 1 และ 15 สุ่มเลขได้ 0.08 0.5 ตามลำดับ มีการกลายพันธุ์เกิดขึ้น
- โปรแกรมทำการสุ่มตำแหน่งกลายพันธุ์ Dx : Tx : Rx ให้อัตโนมัติ

จะได้การกลายพันธุ์ดังตารางที่ 3.51 และ ตารางที่ 3.52

ตารางที่ 3.52 ตารางแสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกนำมาทำการกลายพันธุ์ของรอบที่ 8

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
1	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1

ตารางที่ 3.53 ตารางแสดงโครโมโซมหลังทำการกลายพันธุ์จากรอบที่ 8

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
8	D2:T1:R1	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R1	D2:T1:R1	D1:T3:R1	D1:T2:R1

รอบที่ 9

- สุ่มโครโมโซมขึ้นมา 1 โครโมโซม ได้ โครโมโซมที่ 3
- สุ่มเลขได้มากกว่า 0.1 ในทุกๆยีน ไม่มีการกลายพันธุ์เกิดขึ้น

จะได้โครโมโซมดังตารางที่ 3.53

ตารางที่ 3.54 แสดงโครโมโซมที่ได้จากการกลายพันธุ์รอบที่ 9

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
9	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1

และเมื่อทำครบทั้ง 9 รอบแล้วจะได้โครโมโซมทั้งหมด 9 โครโมโซม ดังตารางที่ 3.51

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.55 ตารางแสดงโครโมโซมที่ได้ทั้งหมดหลังทำการกลายพันธุ์

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
1	D2:T3:R2	D3:T3:R1	D3:T2:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1
2	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D2:T3:R2	.....	D2:T1:R2	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1
3	D2:T3:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R2	D2:T1:R2	D3:T2:R2	.....	D1:T1:R2	D3:T3:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R1
4	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	D3:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2
5	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D2:T2:R2	D1:T3:R1
6	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T3:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1
7	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T3:R2	D3:T1:R2	D1:T1:R2
8	D2:T1:R1	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R1	D2:T1:R1	D1:T3:R1	D1:T2:R1
9	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1

หลังจากนั้นนำโครโมโซมที่ถูกเลือกเก็บไว้ 1 โครโมโซมในขั้นตอนที่ 3.5.5 มารวมจะได้เป็นจำนวน 10 โครโมโซม โดยลำดับที่ 10 คือโครโมโซมที่ถูกเลือกไว้ ดังตารางที่ 3.53

ตารางที่ 3.56 ตารางแสดงโครโมโซมที่จะไปคำนวณค่าความเหมาะสมในขั้นตอนที่ 3.5.3

N \ P	1	2	3	4	5	.....	12	13	14	15
1	D2:T3:R2	D3:T3:R1	D3:T2:R1	D2:T1:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1
2	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D2:T3:R2	.....	D2:T1:R2	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1
3	D2:T3:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R2	D2:T1:R2	D3:T2:R2	.....	D1:T1:R2	D3:T3:R2	D3:T2:R2	D3:T1:R1
4	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D3:T1:R1	D3:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D1:T2:R2	D2:T3:R2
5	D3:T1:R2	D1:T3:R2	D3:T3:R2	D3:T3:R1	D2:T1:R2	.....	D2:T1:R1	D3:T3:R1	D2:T2:R2	D1:T3:R1
6	D2:T3:R2	D2:T1:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T3:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1
7	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T3:R2	D3:T1:R2	D1:T1:R2
8	D2:T1:R1	D2:T3:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R1	D2:T1:R1	D1:T3:R1	D1:T2:R1
9	D2:T1:R2	D2:T3:R1	D3:T2:R1	D3:T3:R1	D1:T1:R2	.....	D2:T3:R2	D1:T2:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R1
10	D1:T3:R1	D2:T2:R1	D2:T2:R2	D1:T1:R2	D3:T1:R2	.....	D1:T1:R1	D3:T1:R1	D1:T3:R2	D2:T3:R1

เมื่อจบการกลายพันธุ์และ ให้วนกลับไปดำเนินการที่ขั้นตอน 3.5.3 และไปที่ขั้นตอน 3.5.4 เพื่อตรวจสอบว่าในรอบนั้นๆได้คำตอบแล้วหรือไม่ ถ้าได้แล้วจะหยุดการทำงานของโปรแกรมแต่ถ้าไม่ให้ทำในขั้นตอนที่ 3.5.5 และทำต่อไปเรื่อยๆจนกว่าจะได้คำตอบ

3.6 การแสดงตารางเวลาสอบโครงงานปัญหาพิเศษ

แสดงตารางเวลาสอบโครงงานปัญหาพิเศษจะแสดงหลังจากที่ผ่านการประมวลผลขั้นตอนวิธีการทางเจเนติกแล้วดังตารางที่ 3.51 โดยมีรายละเอียดดังนี้

1) โครงงานปัญหาพิเศษ
2) อาจารย์ในตำแหน่งประธานสอบ
3) อาจารย์ในตำแหน่งกรรมการสอบ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4) อาจารย์ที่ปรึกษาโครงงานปัญหาพิเศษ

5) วันสอบ

6) ช่วงเวลาสอบ

7) ห้องที่ใช้ในการสอบห้อง

ตารางที่ 3.57 ตารางตัวอย่างข้อมูลการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ

ลำดับ	โครงงานปัญหาพิเศษ	ประธาน	กรรมการ	อาจารย์ที่ปรึกษา	วัน	เวลา	ห้อง
1							
2							
3							
4							
5							
6							
7							
8							
9							
10							

และตารางที่แสดงผลรายชื่อโครงงานปัญหาพิเศษที่ต้องเข้าสอบของอาจารย์แต่ละท่าน ดังตารางที่ 3.52

โดยมีรายละเอียดดังนี้

1) โครงงานปัญหาพิเศษ

2) วันสอบ

3) ช่วงเวลาสอบ

4) ห้องที่ใช้ในการสอบห้อง

5) ตำแหน่งของอาจารย์ในโครงงานปัญหาพิเศษนั้นๆ

ตารางที่ 3.58 ตารางตัวอย่างข้อมูลการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษโดยเรียงตามอาจารย์

ลำดับ	โครงงานปัญหาพิเศษ	วัน	เวลา	ห้อง	ตำแหน่ง
1					
2					

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 4
ผลการทดลอง

ในบทนี้จะกล่าวถึงผลการทดลองประสิทธิภาพของการจัดตารางเวลาโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการแบบเจเนติกทั่วไป (GA classic) และเจเนติกแบบคัดลอกโครโมโซม (GA duplication)

โดยมีการเปรียบเทียบการจัดตารางโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการ GA classic กับ GA duplication โดยใช้โครงงานปัญหาพิเศษจำนวน 15 โครงงานเป็นข้อมูลในการทดลองจะได้ผลการทดลอง ดังนี้

4.1 ทดสอบค่า fitness

ผลของการทดสอบ มีดังต่อไปนี้

ตารางที่ 4.1 ตารางค่า fitness ที่เป็นคำตอบในแต่ละครั้งการทดลอง

ครั้งที่	ค่า fitness	
	GA classic	GA duplication
1	0.047619048	0.047619048
2	0.045454545	0.047619048
3	0.047619048	0.047619048
4	0.045454545	0.045454545
5	0.05	0.05
6	0.05	0.045454545
7	0.045454545	0.045454545
8	0.05	0.045454545
9	0.045454545	0.047619048
10	0.047619048	0.047619048
11	0.045454545	0.045454545
12	0.05	0.05
13	0.047619048	0.045454545
14	0.05	0.047619048
15	0.045454545	0.047619048

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

16	0.047619048	0.045454545
17	0.047619048	0.045454545
18	0.045454545	0.05
19	0.047619048	0.045454545
20	0.047619048	0.045454545
21	0.05	0.047619048
22	0.047619048	0.047619048
23	0.05	0.045454545
24	0.05	0.045454545
25	0.047619048	0.05
26	0.047619048	0.05
27	0.047619048	0.047619048
28	0.047619048	0.047619048
29	0.045454545	0.05
30	0.045454545	0.047619048
31	0.045454545	0.045454545
32	0.045454545	0.05
33	0.045454545	0.05
34	0.045454545	0.047619048
35	0.047619048	0.05
36	0.047619048	0.045454545
37	0.045454545	0.047619048
38	0.045454545	0.045454545
39	0.047619048	0.047619048
40	0.045454545	0.047619048
41	0.05	0.045454545
42	0.047619048	0.047619048
43	0.05	0.05
44	0.047619048	0.045454545
45	0.047619048	0.047619048
46	0.047619048	0.047619048
47	0.043478261	0.05

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

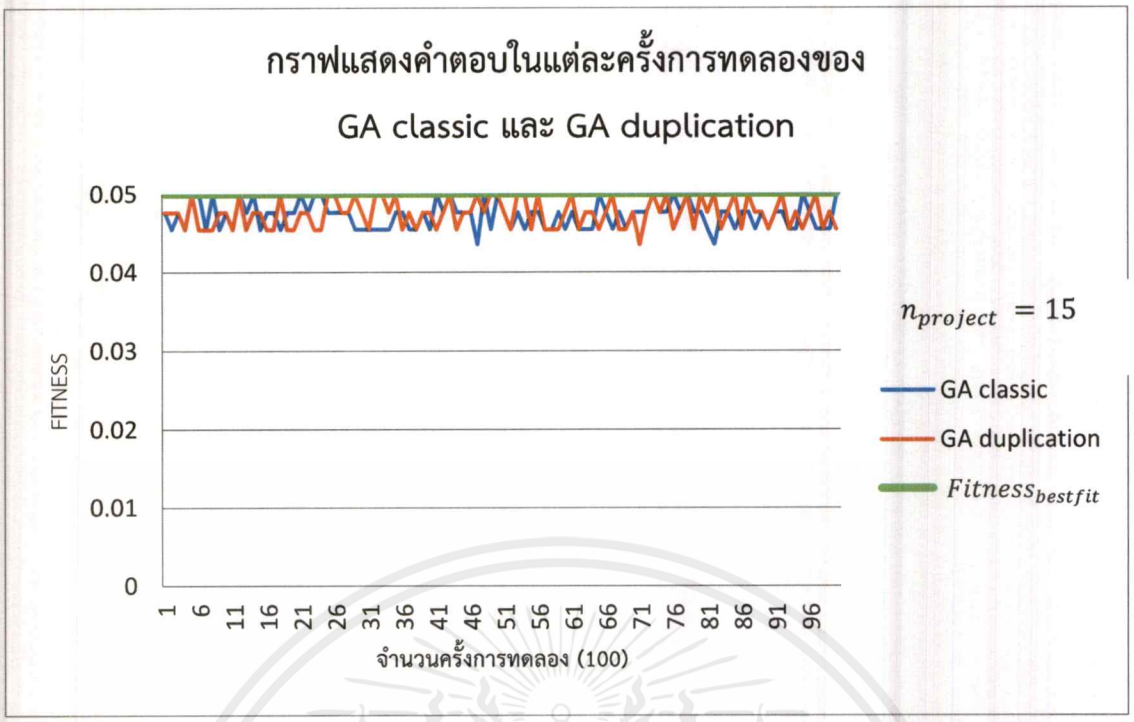
48	0.05	0.047619048
49	0.045454545	0.05
50	0.05	0.05
51	0.047619048	0.047619048
52	0.045454545	0.045454545
53	0.047619048	0.05
54	0.045454545	0.05
55	0.047619048	0.045454545
56	0.047619048	0.05
57	0.045454545	0.045454545
58	0.045454545	0.045454545
59	0.047619048	0.045454545
60	0.045454545	0.045454545
61	0.047619048	0.05
62	0.045454545	0.045454545
63	0.045454545	0.047619048
64	0.045454545	0.047619048
65	0.05	0.045454545
66	0.047619048	0.047619048
67	0.045454545	0.05
68	0.047619048	0.045454545
69	0.045454545	0.045454545
70	0.047619048	0.047619048
71	0.047619048	0.043478261
72	0.047619048	0.047619048
73	0.05	0.05
74	0.047619048	0.047619048
75	0.047619048	0.05
76	0.047619048	0.045454545
77	0.047619048	0.047619048
78	0.05	0.05
79	0.047619048	0.045454545

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

80	0.047619048	0.05
81	0.045454545	0.04761904
82	0.043478261	0.05
83	0.047619048	0.045454545
84	0.047619048	0.047619048
85	0.045454545	0.05
86	0.047619048	0.045454545
87	0.047619048	0.05
88	0.045454545	0.047619048
89	0.047619048	0.047619048
90	0.045454545	0.045454545
91	0.047619048	0.047619048
92	0.047619048	0.05
93	0.045454545	0.045454545
94	0.045454545	0.047619048
95	0.05	0.045454545
96	0.047619048	0.047619048
97	0.045454545	0.05
98	0.045454545	0.045454545
99	0.045454545	0.047619048
100	0.045454545	0.045454545
ค่าเฉลี่ย	0.047185583	0.047462921

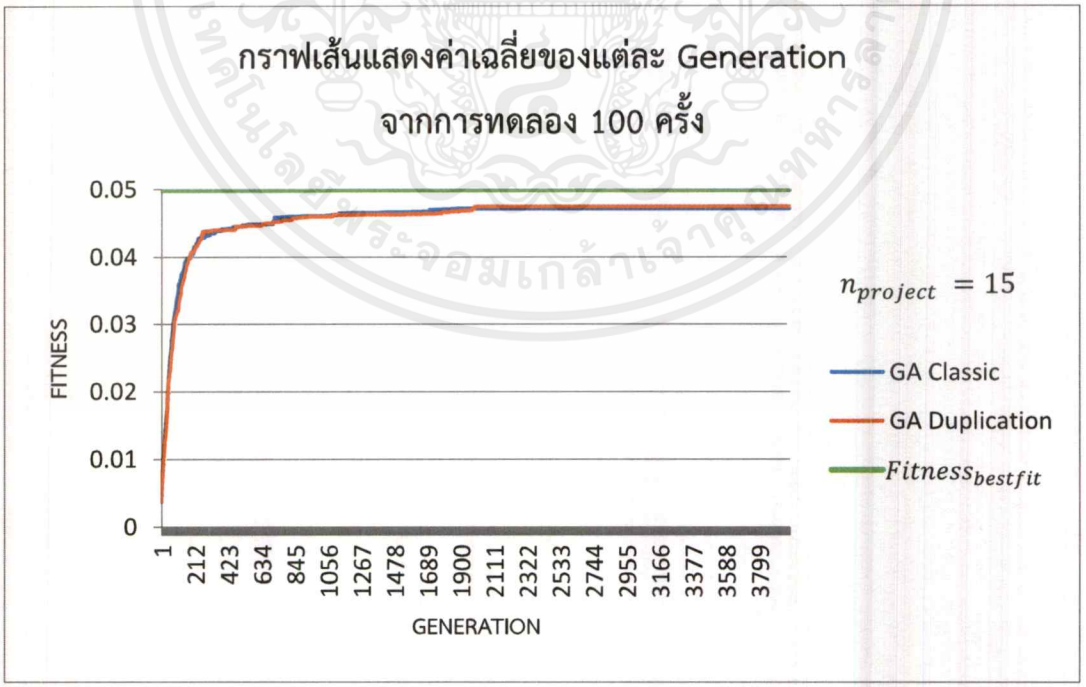
ตารางที่ 4.1 จะแสดงคำตอบของการทดลองทั้งหมด 100 ครั้ง และนำคำตอบจากการทดลองนั้นมาหาค่าเฉลี่ย เพื่อเปรียบเทียบการจัดตารางโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการ GA classic กับ GA duplication จะเห็นได้ว่าการจัดตารางสอบด้วยวิธี แบบ GA duplication มีค่าเฉลี่ยความเหมาะสมมากกว่า และคำตอบในแต่ละครั้งการทดลองสามารถแสดงเป็นกราฟเส้นได้ ดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.1 แสดงกราฟเส้นคำตอบในแต่ละครั้งการทดลองของ GA classic และ GA duplication

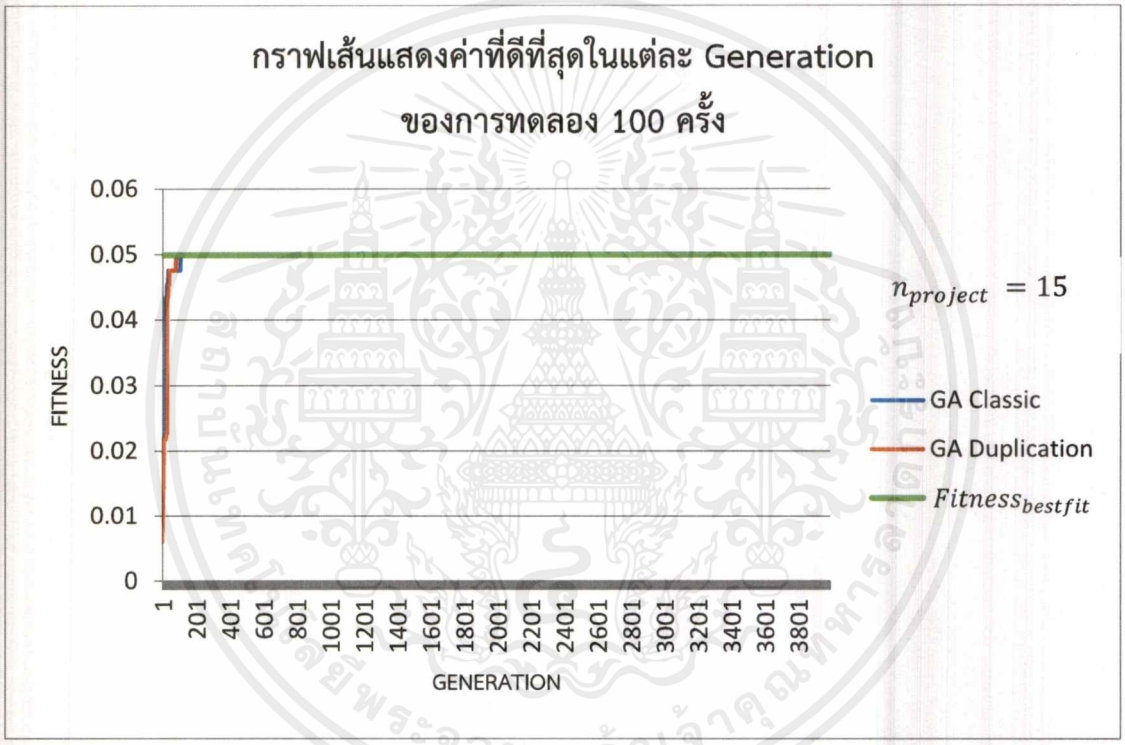
รูปที่ 4.1 จะแสดงคำตอบหรือค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดของ GA classic และ GA - duplication จากการเก็บข้อมูล 100 ครั้ง โดยค่าความเหมาะสมจะมีทิศทางลู่เข้าค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุด ($Fitness_{bestfit}$) ซึ่งข้อมูลที่นำมาทดลองนี้มีค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดเท่ากับ 0.05



รูปที่ 4.2 แสดงกราฟเส้นแสดงค่าเฉลี่ยของแต่ละ Generation จากการทดลอง 100 ครั้ง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รูปที่ 4.2 จะแสดงค่าเฉลี่ยของคำตอบในแต่ละ Generation จากการทดลองจำนวน 100 ครั้ง โดยคำตอบสุดท้ายเมื่อหยุดโปรแกรมแล้ว การจัดตารางโครงงานปัญหาพิเศษแบบ GA classic มีค่าเฉลี่ยอยู่ที่ 0.047185 และการจัดตารางโครงงานปัญหาพิเศษแบบ GA duplication มีค่าเฉลี่ยอยู่ที่ 0.047462 ซึ่งกราฟทั้งสองมีค่าเฉลี่ยของคำตอบที่ใกล้เคียงกัน โดย GA duplication มีค่ามากกว่าอยู่เพียงเล็กน้อย ซึ่งจากกราฟเส้นในรูปที่ 4.2 จะเห็นได้ว่า กราฟเส้นของ GA duplication มีแนวโน้มการลู่เข้าหาค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุด ($Fitness_{bestfit}$) เร็วกว่า GA classic อยู่เพียงเล็กน้อยด้วย



รูปที่ 4.3 แสดงกราฟเส้นแสดงค่าที่ดีที่สุดในแต่ละ Generation ของการทดลอง 100 ครั้ง

รูปที่ 4.3 จะแสดงกราฟหลังจากนำคำตอบที่ดีที่สุดในแต่ละ Generation จากการทดลองจำนวน 100 ครั้งมาแสดงกราฟเส้น พบว่าการจัดตารางโครงงานปัญหาพิเศษแบบ GA duplication เจอคำตอบที่ดีที่สุดก่อนการจัดตารางโครงงานปัญหาพิเศษแบบ GA classic โดยเจอในประชากรรุ่นที่ 83 ดังรูปที่ 4.3

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4.2 ทดสอบค่า Accuracy

ค่า Accuracy จะค่าอยู่ในช่วง 0-1 โดยที่ยิ่งค่า Accuracy เข้าใกล้ 1 มากเท่าใด ตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษก็จะมีประสิทธิภาพมากขึ้นเท่านั้น โดยผลของการทดสอบ มีดังต่อไปนี้

ตารางที่ 4.2 ค่า Accuracy

ครั้งที่	Accuracy	
	GA classic	GA duplication
1	0.983198457	0.990722435
2	0.998176157	0.982989647
3	0.982711051	0.98226687
4	0.981078956	0.991137534
5	0.996392305	0.987129755
6	0.98943019	0.983379345
7	0.994122538	0.991165382
8	0.983321233	0.998601532
9	0.986711949	0.9912455
10	0.990722903	0.989235745
11	0.990612023	0.998126344
12	0.985967436	0.990947964
13	0.988580454	0.983060282
14	0.998276401	0.990810675
15	0.991219762	0.999238042
16	0.991004135	0.983114563
17	0.989067073	0.999154148
18	0.989067073	0.983033282
19	0.98326302	0.983055528
20	0.983263776	0.991367386
21	0.991188725	0.990139035
22	0.988953709	0.996296777
23	0.997160937	0.989349485
24	0.983306379	0.983556146
25	0.99317547	0.997988276

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

26	0.990097216	0.982735696
27	0.986741383	0.991151693
28	0.996735863	0.982201301
29	0.982545446	0.982903248
30	0.980208239	0.990317989
31	0.990428283	0.990960674
32	0.993468302	0.98165368
33	0.990480851	0.991350213
34	0.989355797	0.983396825
35	0.990188577	0.983209758
36	0.996705156	0.982877277
37	0.988460415	0.999562162
38	0.989478633	0.988265268
39	0.980425063	0.997289163
40	0.990703288	0.983397191
41	0.999123012	0.994669007
42	0.990457304	0.983220165
43	0.988949708	0.999337003
44	0.982236376	0.982999808
45	0.991306804	0.99921119
46	0.990557335	0.988702022
47	0.983029291	0.989941344
48	0.99029112	0.987129755
49	0.995419877	0.989118228
50	0.999210483	0.991120367
51	0.991208831	0.983115694
52	0.983083355	0.990511295
53	0.987884365	0.990990436
54	0.983163638	0.982721038
55	0.991248167	0.989386429
56	0.983159864	0.979302806
57	0.990605988	0.989969947

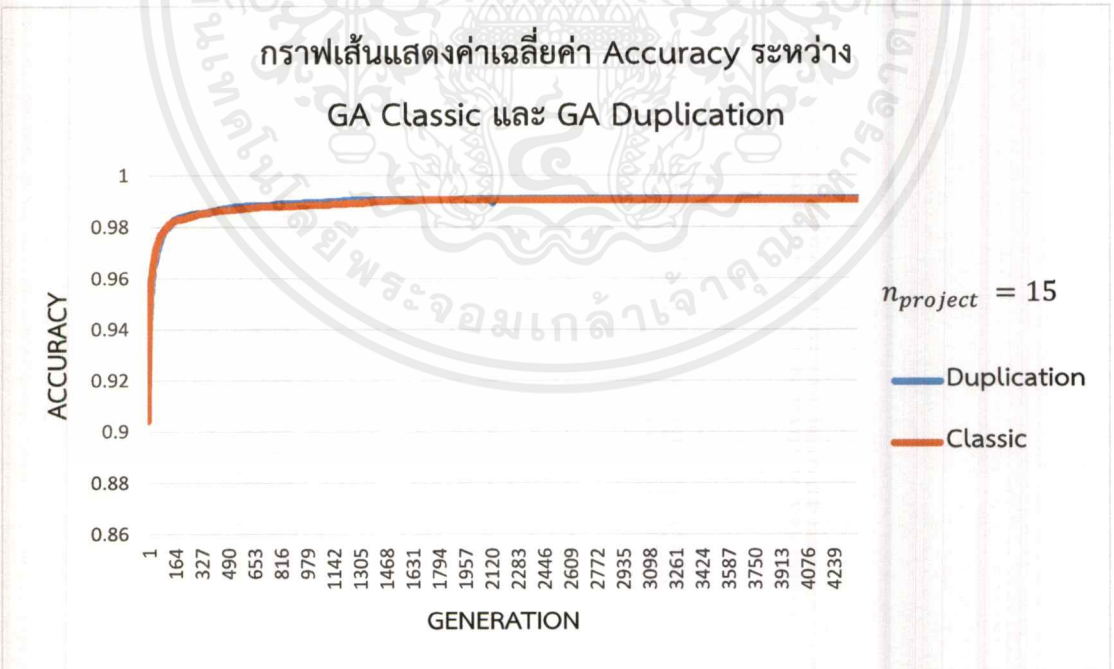
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

58	0.99912408	0.982797397
59	0.983270075	0.990934194
60	0.990010177	0.990852894
61	0.99798478	0.998811319
62	0.99092647	0.988359243
63	0.983355205	0.990394447
64	0.981239311	0.999158847
65	0.983315018	0.982841656
66	0.983373637	0.982416377
67	0.988710378	0.99142175
68	0.998800281	0.994772629
69	0.980628358	0.983214882
70	0.998651036	0.985527279
71	0.975210266	0.999435527
72	0.991110597	0.991479309
73	0.996791877	0.990323069
74	0.990609095	0.990638647
75	0.989765586	0.991038673
76	0.991410355	0.991070355
77	0.991100782	0.990586474
78	0.988459118	0.990480786
79	0.998011427	0.989796885
80	0.99119574	0.994963427
81	0.985990996	0.99243341
82	0.982757436	0.989402763
83	0.982353957	0.995744018
84	0.983222877	0.987355091
85	0.989538675	0.9829623
86	0.994093203	0.986845775
87	0.991230202	0.991235288
88	0.991483379	0.983136738
89	0.991141155	0.990827094

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

90	0.982701253	0.99084968
91	0.996238228	0.990509344
92	0.990803214	0.997289163
93	0.982430702	0.989883035
94	0.983195898	0.983165633
95	0.9903823	0.999291252
96	0.982429809	0.991148048
97	0.983199642	0.99077646
98	0.99683772	0.996296777
99	0.982202156	0.98972381
100	0.998564923	0.98782701
ค่าเฉลี่ย	0.989047058	0.989578491

วิธีการ GA classic กับ GA duplication โดยค่าความถูกต้องจะลู่เข้าหา 1 จะแสดงเป็นกราฟเส้น ได้ดังนี้



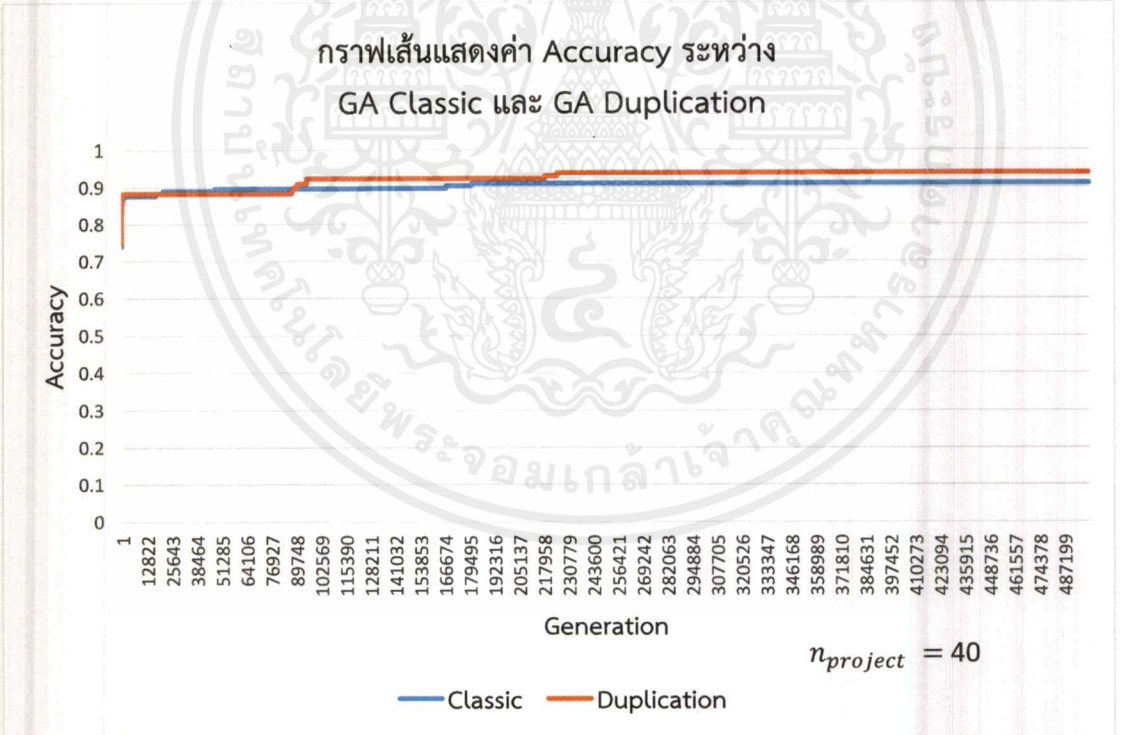
รูปที่ 4.4 กราฟแสดงแนวโน้มค่าความถูกต้องของ GA Classic และ GA Duplication

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รูปที่ 4.4 จะแสดงกราฟคำตอบหรือค่าความถูกต้อง (Accuracy) ของ GA classic กับ GA duplication จากการเก็บข้อมูล 100 ครั้ง โดยค่าความถูกต้องจะมีทิศทางลู่เข้าหา 1 ซึ่งจะเป็นการลู่เข้าหาตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษที่มีความเหมาะสมมากที่สุด จะเห็นได้ว่ากราฟของ GA ทั้ง 2 วิธีนั้นมีความใกล้เคียงกันมาก แต่เมื่อพิจารณาค่าเฉลี่ยความถูกต้องเมื่อหยุดโปรแกรมแล้ว การจัดตารางโครงงานปัญหาพิเศษแบบ GA duplication มีค่าเฉลี่ยความถูกต้องอยู่ที่ 0.989578491 และการจัดตารางโครงงานปัญหาพิเศษแบบ GA classic มีค่าเฉลี่ยความถูกต้องอยู่ที่ 0.989191573 ซึ่งมีความแตกต่างกันเพียงแค่เล็กน้อยเท่านั้น ดังตารางที่ 4.1 ซึ่งแสดงผลการทดลองในการเก็บข้อมูล 100 ครั้ง เพื่อเปรียบเทียบการจัดตารางโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการ GA classic กับ GA duplication แต่ก็ถือว่าผลที่ออกมา GA duplication มีค่าเฉลี่ยที่ดีกว่า

4.3 ทดสอบ GA classic กับ GA duplication ด้วยข้อมูล 40 โครงงานปัญหาพิเศษ

เป็นการทดสอบโดยใช้ข้อมูลจำนวน 40 โครงงานปัญหาพิเศษ ผลที่ได้ออกมาดังรูปที่ 4.5



รูปที่ 4.5 กราฟแสดงแนวโน้มค่าความถูกต้อง (Accuracy) ของ GA Classic และ GA Duplication แบบ 40 โครงงานปัญหาพิเศษ

จากรูปที่ 4.5 เมื่อทดสอบ GA classic และ GA duplication โดยใช้ข้อมูลโครงงานปัญหาพิเศษทั้งหมด 40 โครงงาน และจบการทำงานที่ประชากรรุ่นที่ 500000 ผลการทดสอบตามกราฟที่

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ผลที่ได้คือ GA duplication มีค่าความขัดแย้งเป็น 0 เร็วกว่า GA classic โดย GA duplication มีค่าความขัดแย้ง (Conflict) เป็น 0 ที่ประชากรรุ่นที่ 194 และ GA classic มีค่าความขัดแย้ง (Conflict) เป็น 0 ที่ประชากรรุ่นที่ 448 และเมื่อทดสอบจนถึงประชากรรุ่นที่ 500000 GA duplication ยังมีจำนวนรวมของวันที่อาจารย์แต่ละท่านมีการเข้ามาคุมสอบที่ดีกว่า ที่ดีกว่า GA classic โดย GA duplication มีจำนวนวันอยู่ที่ 30 วัน และ GA classic มีจำนวนวันอยู่ที่ 36 วัน และค่าความถูกต้อง (Accuracy) ของ GA classic และ GA duplication จะมีค่าอยู่ที่ 0.910447761194029 และ 0.938461538461538 ตามลำดับ โดยจะเห็นได้จากกราฟว่า GA duplication มีทิศทางกราฟที่ลู่เข้าหา 1 มากกว่า GA classic จากการทดสอบดังกล่าวนี้จึงสามารถสรุปได้ว่า การจัดตารางโครงงานปัญหาพิเศษแบบ GA duplication มีประสิทธิภาพมากกว่า ดังนั้น จึงเลือกใช้ GA duplication มาช่วยในการจัดตารางโครงงานปัญหาพิเศษ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 5
บทสรุปและข้อเสนอแนะ

5.1 บทสรุป

โครงงานปัญหาพิเศษนี้ได้นำเสนอการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการทางเจเนติก โดยได้ดำเนินการด้วยกันทั้งหมด 2 วิธี คือ วิธีการแบบเจเนติกทั่วไป (GA classic) และเจเนติกแบบคัดลอกโครโมโซม (GA duplication) โดยจัดทำโปรแกรมของวิธีการทางเจเนติกทั้ง 2 วิธี และนำมาทดสอบด้วยข้อมูลชุดเดียวกันและเปรียบเทียบเพื่อวัดประสิทธิภาพ

ผู้จัดทำได้นำเสนอตัวแปรต่างๆพร้อมวิธีการหาค่าของตัวแปรเหล่านั้น เพื่อให้เป็นมาตรฐานของค่าที่ต้องใช้ในการแก้ปัญหาการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ

ซึ่งในการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของวิธีการแบบเจเนติกทั่วไป (GA classic) และแบบคัดลอกโครโมโซม (GA duplication) ทั้ง 2 วิธีนั้นมีความใกล้เคียงกันมาก แต่อย่างไรก็ตามทั้ง 2 วิธีสามารถให้คำตอบของตารางได้อย่างถูกต้องและสามารถนำไปใช้ได้จริงเนื่องจากโปรแกรมสามารถหาคำตอบที่ไร้ความขัดแย้งกับเงื่อนไขหลักที่ระบุไว้ได้ทุกรอบของการทดลองประมวลผล และโปรแกรมสามารถให้ตารางที่ใช้เวลาของกรรมการสอบได้อย่างมีประสิทธิภาพขึ้นเรื่อยๆ โดยเฉพาะอย่างยิ่งค่าเวลาที่กรรมการใช้สอบที่ได้จากโปรแกรมนั้นดีกว่าตารางที่จัดโดยมนุษย์

5.2 ข้อเสนอแนะ

การจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการทางเจเนติก คำตอบที่ได้รับมีความถูกต้องและสามารถนำไปใช้ได้จริงในทุกครั้งที่ทดสอบโปรแกรม แต่ในบางกรณีคำตอบที่ถูกต้องก็ยังไม่ใช่คำตอบที่ดีที่สุด เนื่องจากเงื่อนไขรอง หรือ $D_{bestfit}$ ที่กล่าวไว้ในบทที่ 3 ดังนั้น ในการพัฒนาในครั้งต่อไปก็จะพัฒนาให้การทดสอบโปรแกรมได้รับคำตอบที่ดีและถูกต้องที่สุดในทุกครั้งที่ใช้โปรแกรม

โครงงานนี้สามารถได้รับการพัฒนาต่อเพื่อปรับปรุงเวลาในการหาคำตอบ เช่น การปรับปรุงขั้นตอน selection หรือหาสูตรเพื่อประเมินค่า $D_{bestfit}$ ได้ เนื่องจากขอบเขตของโครงงานนี้ไม่ได้ครอบคลุมถึงการหา $D_{bestfit}$ จริง เพื่อประโยชน์ในการวัดประสิทธิภาพของตาราง นอกจากนี้การสร้าง GUI เพื่อให้ผู้ใช้สามารถใช้งานได้จริง เช่น การพัฒนาเว็บแอพพลิเคชั่น เพื่อเป็นบริการให้ได้ใช้อย่างกว้างขวาง สุดท้ายนี้ควรนำโปรแกรมนี้ไปทดลองกับข้อมูลที่หลากหลาย เพื่อพิสูจน์สูตรต่างๆที่ผู้จัดทำได้คิดขึ้นสำหรับปัญหาการจัดตารางสอบวิชาปัญหาพิเศษนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 5
บทสรุปและข้อเสนอแนะ

5.1 บทสรุป

โครงงานปัญหาพิเศษเล่มนี้ได้นำเสนอการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการทางเจเนติก โดยได้ดำเนินการด้วยกันทั้งหมด 2 วิธี คือ วิธีการแบบเจเนติกทั่วไป (GA classic) และวิธีการเจเนติกแบบคัดลอกโครโมโซม (GA duplication) โดยผู้จัดทำได้ดำเนินการจัดทำโปรแกรมข่องวิธีการเจเนติกทั้ง 2 วิธี และนำมาทดสอบด้วยข้อมูลชุดเดียวกันและเปรียบเทียบเพื่อวัดประสิทธิภาพ

ผู้จัดทำได้นำเสนอตัวแปรต่างๆพร้อมวิธีการหาค่าของตัวแปรเหล่านั้น เพื่อให้เป็นมาตรฐานของค่าที่ต้องใช้ในการแก้ปัญหาการจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษ

ซึ่งในการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของวิธีการแบบเจเนติกทั่วไป (GA classic) และแบบคัดลอกโครโมโซม (GA duplication) ทั้ง 2 วิธีนั้นมีความใกล้เคียงกันมาก แต่อย่างไรก็ตามทั้ง 2 วิธีสามารถให้คำตอบของตารางได้อย่างถูกต้องและสามารถนำไปใช้ได้จริงเนื่องจากโปรแกรมสามารถหาคำตอบที่ไร้ความขัดแย้งกับเงื่อนไขหลักที่ระบุไว้ได้ทุกรอบของการทดลองประมวลผล และโปรแกรมสามารถให้ตารางที่ใช้เวลาของกรรมการสอบได้อย่างมีประสิทธิภาพขึ้นเรื่อยๆ โดยเฉพาะอย่างยิ่งค่าเวลาที่กรรมการใช้สอบที่ได้จากโปรแกรมนั้นมีค่าดีกว่าตารางที่จัดโดยมนุษย์

5.2 ข้อเสนอแนะ

การจัดตารางสอบโครงงานปัญหาพิเศษด้วยวิธีการทางเจเนติก คำตอบที่ได้รับมีความถูกต้องและสามารถนำไปใช้ได้จริงในทุกครั้งที่ทดสอบโปรแกรม แต่ในบางกรณีคำตอบที่ถูกต้องก็ยังไม่ใช่คำตอบที่ดีที่สุด เนื่องจากเงื่อนไขรอง หรือ $D_{bestfit}$ ที่กล่าวไว้ในบทที่ 3 ดังนั้น ในการพัฒนาในครั้งต่อไปก็จะพัฒนาให้การทดสอบโปรแกรมได้รับคำตอบที่ดีและถูกต้องที่สุดในทุกครั้งที่ใช้โปรแกรม

โครงงานนี้สามารถได้รับการพัฒนาต่อเพื่อปรับปรุงเวลาในการหาคำตอบ เช่น การปรับปรุงขั้นตอน selection หรือหาสูตรเพื่อประเมินค่า $D_{bestfit}$ ได้ เนื่องจากขอบเขตของโครงงานนี้ไม่ได้ครอบคลุมถึงการหา $D_{bestfit}$ จริง เพื่อประโยชน์ในการวัดประสิทธิภาพของตาราง นอกจากนี้การสร้าง GUI เพื่อให้ผู้ใช้สามารถใช้งานได้จริง เช่น การพัฒนาเว็บแอพพลิเคชั่น เพื่อเป็นบริการให้ได้ใช้อย่างกว้างขวาง สุดท้ายนี้ควรนำโปรแกรมนี้ไปทดลองกับข้อมูลที่หลากหลาย เพื่อพิสูจน์สูตรต่างๆที่ผู้จัดทำได้คิดขึ้นสำหรับปัญหาการจัดตารางสอบวิชาปัญหาพิเศษนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บรรณานุกรม

[1] ณัฐสกนธ์ แซ่จัง. 2554. “การจัดตารางสอนด้วยวิธีการเจเนติก.” วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรบัณฑิต สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์, สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง.

[2] ธันยพัฒน์ วงศ์รัตน์. 2556. คู่มือเขียนโปรแกรมภาษา Java. กรุงเทพฯ : สวัสดีไอที, บจก.

[3] ผกาวดี แสงสุวรรณ. 2555. “ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบหลายวัตถุประสงค์ที่มีวิวัฒนาการทำงานร่วมกันสำหรับแก้ปัญหาการจัดตารางสอน.” วิทยานิพนธ์วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาสถิติประยุกต์และเทคโนโลยีสารสนเทศ, สถาบันบัณฑิตพัฒนบริหารศาสตร์.

[4] รุณี ไกรทอง. 2557. “ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่มีวิวัฒนาการทางานร่วมกันเพื่อสร้างกลยุทธ์การซื้อขายหลักทรัพย์.” วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิทยาการคอมพิวเตอร์และระบบสารสนเทศ, สถาบันบัณฑิตพัฒนบริหารศาสตร์.

[5] ลิขิต แจ่มอุทัย และสมบูรณ์ อเนกฤทธิ์มงคล. 2559. “ การแก้ปัญหาการจัดตารางสอบด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม สำหรับคณะบริหารธุรกิจและเทคโนโลยีสารสนเทศ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลสุวรรณภูมิ.” การประชุมวิชาการระดั บชาติ มหาวิทยาลั ยรังสิต : 432-440

[6] สุรเดช ตรีวิทยากรานต์. 2540. “การจัดตารางเวลาสอบหัวข้อวิจัยโดยอาศัยเทคนิค GENETIC ALGORITHM” วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาเทคโนโลยีสารสนเทศ, มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี.

[7] P.-C. Chang, Y.-W. Wang, and C.-H. Liu 2005. “New Operators for Faster Convergence and Better Solution Quality in Modified Genetic Algorithm.” 983-991. Springer-Verlag Berlin Heidelberg.

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหาและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้