

การปรับปรุงอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชสำหรับการ
การเรียนรู้โครงข่ายประสาทเทียมเพื่อการจำแนกประเภทข้อมูล

AN IMPROVED INVASIVE WEED OPTIMIZATION AS THE
LEARNING PROCEDURE FOR NEURAL NETWORK CLASSIFIER



วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาเทคโนโลยีสารสนเทศ

คณะเทคโนโลยีสารสนเทศ

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

พ.ศ. 2556

KMITL-2013-IT-M-001-003

ห้องสมุดคณะเทคโนโลยีสารสนเทศ พระจอมเกล้าลาดกระบัง

การปรับปรุงอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชสำหรับ
การเรียนรู้โครงข่ายประสาทเทียมเพื่อการจำแนกประเภทข้อมูล

AN IMPROVED INVASIVE WEED OPTIMIZATION AS THE
LEARNING PROCEDURE FOR NEURAL NETWORK CLASSIFIER



เลขหมู่.....
เลขทะเบียน.....7165
วัน,เดือน,ปี...1.7.ค. 2556

12559080
i.....

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาเทคโนโลยีสารสนเทศ

คณะเทคโนโลยีสารสนเทศ

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

พ.ศ. 2556

KMITL-2013-IT-M-001-003

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

**AN IMPROVED INVASIVE WEED OPTIMIZATION AS THE LEARNING
PROCEDURE FOR NEURAL NETWORK CLASSIFIER**



**A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT
OF THE REQUIREMENT FOR THE DEGREE OF
MASTER OF SCIENCE IN INFORMATION TECHNOLOGY
FACULTY OF INFORMATION TECHNOLOGY
KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG**

2013

KMITL-2013-IT-M-001-003

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



COPYRIGHT 2013

FACULTY OF INFORMATION TECHNOLOGY


KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

คณะเทคโนโลยีสารสนเทศ
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
ใบรับรองวิทยานิพนธ์

หัวข้อวิทยานิพนธ์ การปรับปรุงอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชสำหรับการเรียนรู้โครงข่ายประสาทเทียม
เพื่อการจำแนกประเภทข้อมูล
An improved invasive weed optimization as the learning procedure for neural network classifier

นักศึกษา นางสาวจันทร์ทิมา ศรีสุรัตน์
รหัสประจำตัว 52660409
ปริญญา วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชา เทคโนโลยีสารสนเทศ
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ รองศาสตราจารย์ ดร.อาริต ธรรมโน

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์	ลายมือชื่อ
รองศาสตราจารย์ ดร.วรพจน์ กริสุระเดช	
รองศาสตราจารย์ ดร.นุชรี เปรมชัยสวัสดิ์	
รองศาสตราจารย์ ดร.พรฤดี เนติโสภาคกุล	
รองศาสตราจารย์ ดร.อาริต ธรรมโน	
ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.กันต์พงษ์ วรรณปัญญา	

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

วัน/เดือน/ปี ที่สอบ วันอังคารที่ 9 เมษายน 2556 เวลา 11.00 น.

สถานที่สอบ ณ ห้อง 335 (ชั้น 3) คณะเทคโนโลยีสารสนเทศ

คณะเทคโนโลยีสารสนเทศรับรองแล้ว



(รองศาสตราจารย์ ดร.จันทร์บูรณ์ สัตตวิริยวงศ์)

คณบดีคณะเทคโนโลยีสารสนเทศ

วันที่ 14 เดือน พฤษภาคม พ.ศ. 2556

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การปรับปรุงอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชสำหรับการเรียนรู้โครงข่ายประสาทเทียมเพื่อการจำแนกประเภทข้อมูล
นักศึกษา	นางสาวจันทร์ทิมา ศรีสุรัตน์
รหัสนักศึกษา	52660409
ปริญญา	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชา	เทคโนโลยีสารสนเทศ
แขนงวิชา	เทคโนโลยีระบบสารสนเทศ
พ.ศ.	2556
อาจารย์ที่ปรึกษา	รศ. ดร. อาริต ธรรมโน

บทคัดย่อ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้นำเสนออัลกอริทึมที่เกิดจากการปรับปรุงอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชเพื่อในการปรับปรุงค่าถ่วงน้ำหนักของโครงข่ายเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าโดยอัลกอริทึมที่นำเสนอได้มีการปรับปรุงขั้นตอนการทำงานของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิม ดังนี้ 1) ประชากรวัชพืชทั้งหมดจะถูกแบ่งออกเป็นกลุ่ม เพื่อเพิ่มความสามารถในการค้นหาของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิม และ 2) การปรับปรุงแนวคิดในการแพร่กระจายเมล็ดของวัชพืช โดยการใช้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่แตกต่างกัน การทดลองในงานวิจัยนี้ได้วัดประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอด้วยชุดข้อมูลมาตรฐานจำนวน 10 ชุดข้อมูล และได้เปรียบเทียบผลการทดลองกับอัลกอริทึม 4 อัลกอริทึม คือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และจีเนติกอัลกอริทึม

Thesis	AnImproved Invasive Weed Optimization as the Learning Procedure for Neural Network Classifier
Student	Miss JanthimaSrisurat
Student ID.	52660409
Degree	Master of Science
Program	Information Technology
Major	Information SystemTechnology
Year	2013
Thesis Advisor	Assoc. Prof. Dr. Arit Thammano

ABSTRACT

This Thesis proposes an improved version of Invasive Weed Optimization (IWO), for adjusting the weights and biases of the feed-forward artificial neural network. The proposed algorithm is an improvement over the original IWO algorithm in two concepts. Firstly, the entire population of weeds is divided into groups to improve the search ability of the original IWO. Secondly, the concept of dispersing the seeds is modified by utilizing the different standard deviations to each weed. The experimental results on ten benchmark problems support the validity of this proposed approach and compared with 4 other algorithms which are algorithm proposed by Mehrabian et al., 2006, algorithm proposed by Giri et al., 2010, algorithm proposed by Zhang et al., 2010 and Genetic algorithm.

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จได้อย่างดีด้วยคำแนะนำ คำปรึกษา และการแก้ปัญหาต่าง ๆ จาก รศ.ดร.อาริต ธรรมโน ซึ่งเป็นอาจารย์ผู้ควบคุมวิทยานิพนธ์ ข้าพเจ้าขอขอบพระคุณท่านอาจารย์เป็นอย่างสูง

ขอขอบพระคุณคณาจารย์คณะเทคโนโลยีสารสนเทศ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบังทุก ๆ ท่านที่ได้ประสิทธิ์ประสาทวิชาให้กับข้าพเจ้า

ขอขอบคุณเพื่อน ๆ พี่ ๆ น้อง ๆ ในคณะเทคโนโลยีสารสนเทศ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง ทุกคนที่ให้คำแนะนำต่างๆ และคอยให้กำลังใจเสมอมา

ขอขอบคุณบัณฑิตศึกษา และบัณฑิตวิทยาลัย คณะเทคโนโลยีสารสนเทศที่ให้ความช่วยเหลือในเรื่องต่าง ๆ

ขอขอบคุณสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบังที่ให้ทุนสนับสนุนการทำวิทยานิพนธ์

สุดท้ายนี้ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณ บิดา มารดา และครอบครัวของข้าพเจ้าที่เป็นกำลังใจ และให้การสนับสนุนในทุกเรื่อง ๆ ทำให้ข้าพเจ้าสามารถทำวิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงด้วยดี

คุณค่าและประโยชน์อันพึงมาจากวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ ข้าพเจ้าขอบแต่ผู้มีพระคุณทุกท่าน

จันทร์ทิมา ศรีสุรัตน์

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย	I
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	II
กิตติกรรมประกาศ	III
สารบัญ	IV
สารบัญตาราง	VII
สารบัญรูป	XII
บทที่ 1 บทนำ	1
1.1 ความเป็นมาของปัญหา	1
1.2 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย	2
1.3 ขอบเขตการวิจัย	2
1.4 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	2
1.5 ขั้นตอนการทำวิจัย	2
บทที่ 2 ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	4
2.1 การจำแนกกลุ่ม	4
2.2 โครงข่ายประสาทเทียม (Artificial Neural Network)	5
2.2.1 โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าหลายชั้น	5
2.2.2 วิธีการเรียนรู้แบบแพร่กระจายย้อนกลับ	6
2.3 วัชพืช	10
2.3.1 พื้นฐานทางชีววิทยาของวัชพืช	10
2.3.2 การขยายพันธุ์ของวัชพืช	11
2.3.3 การกระจายตัวของวัชพืชในสังคมพืช	12
2.3.4 การแพร่กระจายของเมล็ดวัชพืช	13
2.3.5 การแข่งขันระหว่างพืช	14
2.4 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	15
บทที่ 3 การปรับปรุงอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชสำหรับปัญหา การจำแนกกลุ่มข้อมูล	31
3.1 แนวคิดที่นำเสนอสำหรับปรับปรุงอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช	31
3.1.1 การแบ่งกลุ่ม	31

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
3.1.2 การปรับปรุงการกระจายเชิงพื้นที่	32
3.1.2.1 วิธีการกระจายเชิงพื้นที่ของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักร ของวัชพืชแบบดั้งเดิม	32
3.1.2.2 วิธีการกระจายเชิงพื้นที่ของอัลกอริทึมที่นำเสนอ	34
3.2 โครงสร้างการทำงานของอัลกอริทึมที่นำเสนอ	36
3.3 วิธีการของอัลกอริทึมที่นำเสนอสำหรับการจำแนกกลุ่มข้อมูล	38
3.3.1 แบบจำลองการจำแนกกลุ่มข้อมูล	38
3.3.2 โครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้า	38
3.3.3 การจัดเตรียมข้อมูล	39
3.3.4 ขั้นตอนการเรียนรู้	40
3.3.5 ขั้นตอนการทดสอบ	46
3.4 ตัวอย่างการทำงาน	48
บทที่ 4 การทดลองและผลการทดลอง	62
4.1 การวัดประสิทธิภาพความถูกต้อง	62
4.2 ชุดข้อมูลที่ใช้ในการทดลอง	62
4.2.1 ชุดข้อมูลมาตรฐาน	62
4.2.2 ฟังก์ชันมาตรฐานสำหรับปัญหาออฟติไมเซชันเชิงตัวเลข	65
4.3 การออกแบบการทดลอง	67
4.4 การทดสอบอัลกอริทึมที่นำเสนอสำหรับปัญหาการจำแนกประเภทข้อมูล	68
4.4.1 การทดลองที่ 1	68
4.4.2 การทดลองที่ 2	91
4.4.3 สรุปผลการทดลอง	114
4.4.3.1 การทดลองที่ 1	115
4.4.3.2 การทดลองที่ 2	117
4.5 การทดสอบอัลกอริทึมที่นำเสนอสำหรับปัญหาออฟติไมเซชันเชิงตัวเลข	119
บทที่ 5 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ	126
5.1 สรุปผลงานวิจัย	126
5.2 จุดเด่นของงานวิจัย	127

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษายเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
5.3 ปัญหาที่พบในงานวิจัย	128
บรรณานุกรม	129
ภาคผนวก	131
ประวัติผู้เขียน	138



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศีกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
3.1	ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชในรอบการทำงานที่แตกต่างกัน.....33
3.2	ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชแต่ละต้นในรอบการทำงานที่แตกต่างกัน35
3.3	แสดงตัวอย่างชุดข้อมูลสมมติที่จะนำมาใช้ในการจำแนกกลุ่ม48
3.4	แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอ49
3.5	ค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของประชากรเริ่มต้น50
3.6	แสดงค่าความผิดพลาดของวัชพืชแต่ละต้น51
3.7	การเรียงลำดับวัชพืชตามค่าความผิดพลาดจากน้อยไปมาก.....52
3.8	การแบ่งกลุ่มวัชพืช.....53
3.9	วัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดที่น้อยที่สุดและวัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดที่มากที่สุด ของในแต่ละกลุ่ม53
3.10	จำนวนเมล็ดของวัชพืชแต่ละต้น55
3.11	แสดงค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชแต่ละต้น57
3.12	แสดงค่าความผิดพลาดของวัชพืชและค่าความผิดพลาดของเมล็ดจากทั้ง 4 กลุ่ม.....58
3.13	การเรียงลำดับประชากรวัชพืชตามค่าความผิดพลาดจากน้อยไปมากจากทั้ง 4 กลุ่ม.....59
3.14	ประชากรวัชพืชในรุ่นต่อไป60
4.1	การแบ่งข้อมูลเพื่อใช้ในการฝึกสอนและทดสอบของโมเดลการจำแนกประเภทข้อมูล67
4.2	แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม69
4.3	ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Haberman's Survival69
4.4	ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Haberman's Survival70
4.5	แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม71
4.6	ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Balance Scale72
4.7	ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Balance Scale.....72
4.8	แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม73
4.9	ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Iris Plants74

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่	หน้า
4.10 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Iris Plants	75
4.11 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	76
4.12 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ecoli	76
4.13 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Ecoli	77
4.14 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	78
4.15 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Seeds	78
4.16 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Seeds	79
4.17 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	80
4.18 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Pima Indians Diabetes	81
4.19 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Pima Indians Diabetes	81
4.20 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	82
4.21 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Breast Cancer Wisconsin	83
4.22 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Breast Cancer Wisconsin	84
4.23 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	85
4.24 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Wine	85

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่	หน้า
4.25 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Wine.....	86
4.26 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	87
4.27 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Zoo	88
4.28 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Zoo.....	88
4.29 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	89
4.30 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ionosphere	90
4.31 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Ionosphere	90
4.32 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	92
4.33 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Haberman's Survival	92
4.34 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Haberman's Survival	93
4.35 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	94
4.36 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Balance Scale	95
4.37 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Balance Scale.....	95
4.38 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	96
4.39 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Iris Plants	97

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่	หน้า
4.40 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Iris Plants	97
4.41 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	99
4.42 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ecoli	99
4.43 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Ecoli	100
4.44 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	101
4.45 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Seeds	101
4.46 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Seeds	102
4.47 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	103
4.48 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Pima Indians Diabetes	104
4.49 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Pima Indians Diabetes	104
4.50 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	105
4.51 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Breast Cancer Wisconsin	106
4.52 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Breast Cancer Wisconsin	107
4.53 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	108
4.54 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Wine	108

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่	หน้า
4.55 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Wine.....	109
4.56 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	110
4.57 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Zoo	111
4.58 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Zoo.....	111
4.59 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม	112
4.60 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ionosphere	113
4.61 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และ ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Ionosphere	114
4.62 สรุปผลการทดลองที่ 1.....	116
4.63 สรุปผลการทดลองที่ 2.....	118
4.64 การกำหนดค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม	119
4.65 ผลการทดลองของอัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม	120
4.66 การกำหนดค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม	122
4.67 ผลการทดลองของ อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม	122
4.68 การกำหนดค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม	124
4.69 ผลการทดลองของ อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม	124

สารบัญรูป

รูปที่	หน้า
2.1	สถาปัตยกรรมโครงข่ายประสาทเทียม.....5
2.2	สถาปัตยกรรมโครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กระจายย้อนกลับ 7
2.3	การกระจายตัวของวัชพืชทั้ง 4 รูปแบบ 12
2.4	อัตราการอยู่รอดและการแพร่กระจายของวัชพืช 14
2.5	ขั้นตอนการผลิตเมล็ดในอาณาจักรวัชพืช 15
2.6	กระบวนการครอสโอเวอร์ระหว่าง W_{ij} และ W_{ji} เพื่อสร้าง trial vector (\hat{W}_{ij}).....30
3.1	วิธีการจัดสรรกลุ่มให้กับวัชพืช..... 32
3.2	โครงสร้างการทำงานของอัลกอริทึมที่นำเสนอ 37
3.3	แบบจำลองการจำแนกกลุ่มข้อมูล..... 38
3.4	โครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้า 41
3.5	การแปลงค่าในแต่ละตำแหน่งจากวัชพืชให้อยู่ในรูปแบบของถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอส ของโครงข่ายประสาทเทียม 42
3.6	วิธีการแบ่งกลุ่มวัชพืช 43
3.7	ขั้นตอนในการเรียนรู้ของโครงข่ายประสาทเทียม 47
3.8	แบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียม 49
3.9	รูปแบบของวัชพืช 1 ต้น..... 50
3.10	รูปแบบตำแหน่งใหม่ของเมล็ด 58
4.1	กราฟของ Sphere Function..... 65
4.3	กราฟของ Griewank Function..... 66
4.3	กราฟของ Rastrigin Function 66
4.4	กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองของทั้ง 3 อัลกอริทึม 121
4.5	กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองที่ดีที่สุดของทั้ง 3 อัลกอริทึม..... 121
4.6	กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองของทั้ง 3 อัลกอริทึม 123
4.7	กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองที่ดีที่สุดของทั้ง 3 อัลกอริทึม..... 123
4.8	กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองของทั้ง 3 อัลกอริทึม 125
4.9	กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองที่ดีที่สุดของทั้ง 3 อัลกอริทึม..... 125

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความเป็นมาของปัญหา

การจำแนกประเภทข้อมูล (Data Classification) เป็นเทคนิคหนึ่งของการสืบค้นความรู้บนฐานข้อมูลขนาดใหญ่ เป็นกระบวนการสร้างโมเดลจัดการข้อมูลให้อยู่ในกลุ่มที่กำหนด เพื่อให้เกิดความแตกต่างระหว่างกลุ่มของข้อมูล เพื่อนำไปใช้ในการทำนายว่าข้อมูลที่ได้อาจจะจัดไปอยู่ในกลุ่มใด โดยเทคนิคการจำแนกประเภทข้อมูลนี้ได้ถูกนำไปประยุกต์ใช้กับงานหลายด้าน ยกตัวอย่างเช่น การจัดกลุ่มลูกค้าทางการตลาด การวิเคราะห์พฤติกรรมของลูกค้าต่อการขึ้นช้อปสินค้า การวิเคราะห์ทางการแพทย์ และการวิเคราะห์กลุ่มงานภายในห้องสมุด เป็นต้น ทั้งนี้เครื่องมือที่ใช้ในการสร้างแบบจำลองการจำแนกประเภทข้อมูลมีอยู่หลากหลายชนิด อาทิเช่น ต้นไม้ตัดสินใจ (Decision tree classifier) การใช้กฎ (Rule-based classifier) โครงข่ายประสาทเทียม (Neural networks) ซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน (Support vector machine) และ Naïve Bayes classifiers เป็นต้น

ได้มีงานวิจัยมากมายที่กล่าวถึงการใช้โครงข่ายประสาทเทียมในการจำแนกประเภทข้อมูล ทั้งโครงข่ายประสาทเทียมแบบมีผู้ฝึกสอน (Supervised learning) และโครงข่ายประสาทเทียมแบบเรียนรู้ด้วยตัวเอง (Unsupervised learning) โดยทั่วไปมักจะใช้โครงข่ายประสาทเทียมแบบมีผู้ฝึกสอน ซึ่งโครงข่ายประสาทเทียมที่นิยมใช้และเป็นที่ยอมรับกันดีคือ โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้า (Feed Forward Neural Networks) โดยใช้วิธีการเรียนรู้แบบแพร่กระจายย้อนกลับ (Backpropagation Algorithm) ในการปรับปรุงค่าถ่วงน้ำหนักของโครงข่ายประสาทเทียม (network weight) ซึ่งวิธีการเรียนรู้แบบแพร่กระจายย้อนกลับจะนำค่าผลลัพธ์ที่คำนวณได้จากโครงข่ายประสาทเทียม (Output) ไปเปรียบเทียบกับค่าผลลัพธ์จริง (Target) เพื่อคำนวณหาค่าความคลาดเคลื่อน (error) ซึ่งค่าความคลาดเคลื่อนจะถูกนำไปคำนวณเพื่อปรับค่าถ่วงน้ำหนัก (Weights) ในแต่ละเส้นเชื่อมต่อระหว่างโหนดในโครงข่ายประสาทเทียม เพื่อให้ค่าความคลาดเคลื่อนมีค่าน้อยที่สุด แต่ข้อเสียของวิธีการเรียนรู้แบบแพร่กระจายย้อนกลับคือมักจะเกิดปัญหาการลู่เข้าสู่จุดที่เหมาะสมที่สุดแบบเฉพาะที่ (local minimum) ซึ่งจะทำให้ค่าถ่วงน้ำหนักที่ได้จากการเรียนรู้จะไม่ใช่ค่าที่ถูกต้อง

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้จึงได้นำเสนออัลกอริทึมที่เกิดจากการปรับปรุงขั้นตอนการทำงานของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช (Invasive Weed Optimization) ซึ่งเป็นอัลกอริทึมที่เกิดจากการเลียนแบบพฤติกรรมในการสร้างอาณาจักรของวัชพืช โดยการปรับปรุงอัลกอริทึมให้มีประสิทธิภาพในการค้นหามากยิ่งขึ้น สำหรับนำมาสร้างเป็นวิธีการเรียนรู้ในการปรับปรุงค่าถ่วง

น้ำหนักและค่าไบแอสของโครงข่ายประสาทเทียม เพื่อให้โครงข่ายประสาทเทียมสามารถจำแนกกลุ่มของข้อมูลได้อย่างถูกต้องและมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น

1.2 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อ 1) ปรับปรุงขั้นตอนการทำงานของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช สำหรับแก้ปัญหาการจำแนกประเภทข้อมูล โดยนำอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช มาประยุกต์ใช้ร่วมกับโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้า 2) เพื่อปรับปรุงค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของโครงข่ายประสาทเทียมให้มีค่าเหมาะสมที่สุดกับข้อมูล และทำให้โครงข่ายประสาทเทียมสามารถจำแนกกลุ่มของข้อมูลได้อย่างถูกต้องมากยิ่งขึ้น

1.3 ขอบเขตการวิจัย

- 1) ปรับปรุงขั้นตอนการทำงานของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิม
- 2) ปรับปรุงค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของโครงข่ายประสาทเทียม โดยใช้อัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชที่นำเสนอ
- 3) ข้อมูลที่ใช้สำหรับฝึกสอนและข้อมูลที่ใช้สำหรับทดสอบจะต้องเป็นข้อมูลที่สามารถจำแนกกลุ่มได้

1.4 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

- 1) ทราบถึงบทความงานวิจัยต่างๆ ที่เกี่ยวข้องกับงานวิจัยครั้งนี้
- 2) เป็นพื้นฐานในการจำแนกประเภทข้อมูล เพื่อใช้ในการพัฒนาต่อไปในอนาคตให้เหมาะสมกับการใช้งานจริง

1.5 ขั้นตอนการทำวิจัย

- 1) ศึกษาอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช
- 2) ศึกษาอัลกอริทึมโครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กระจายย้อนกลับ
- 3) ศึกษาวิธีการจำแนกประเภทข้อมูล โดยใช้โครงข่ายประสาทเทียม
- 4) ศึกษาและทดลองปรับแนวคิดของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช
- 5) ศึกษาและทดลองปรับแนวคิดของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชกับโครงข่ายประสาทเทียม
- 6) ออกแบบโครงสร้างและกระบวนการการจำแนกประเภทข้อมูลตามวิธีที่ได้ศึกษามา
- 7) ทดสอบแบบจำลองการจำแนกประเภทข้อมูลกับข้อมูลแบบต่างๆ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- 8) เปรียบเทียบผลการทดลองของอัลกอริทึมที่นำเสนอกับอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบ
- 9) สรุปผลการทดลอง



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 2

ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

ในบทนี้จะกล่าวถึงทั้งหมด 3 ส่วน ส่วนแรกคือวิธีการจำแนกประเภทข้อมูล ส่วนที่สองคือทฤษฎีพื้นฐานที่เกี่ยวข้องกับงานวิจัยนี้ และส่วนที่สามคือรายละเอียดของงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 การจำแนกประเภทข้อมูล

การจำแนกประเภทข้อมูล (Data Classification) เป็นเทคนิคหนึ่งที่สำคัญของการสืบค้นความรู้บนฐานข้อมูลขนาดใหญ่ (Knowledge Discovery from very large Database: KDD) หรือ ค้าด้าไมน์นิง (Data Mining) จุดประสงค์ของการจำแนกประเภทข้อมูลคือ การสร้างแบบจำลองเพื่อนำไปใช้ในการทำนายกลุ่มของข้อมูล และพิจารณาความแตกต่างระหว่างกลุ่มของข้อมูล โดยพิจารณาจากคุณสมบัติต่างๆ ของข้อมูล ซึ่งแต่ละข้อมูลจะถูกกำหนดกลุ่มของข้อมูลไว้ก่อนหน้าแล้ว กระบวนการจำแนกข้อมูลจะเริ่มจากการสร้างแบบจำลองจากกลุ่มข้อมูลฝึกสอน (Training data) ซึ่งจะจำแนกข้อมูลที่มีความคล้ายคลึงกันไว้ในกลุ่มเดียวกัน จากนั้นนำข้อมูลฝึกสอนมาผ่านกระบวนการเรียนรู้แบบมีผู้สอน (Supervised learning) ซึ่งแบบจำลองจะทำการเรียนรู้จากค่าเป้าหมาย (Target output) ที่ถูกกำหนดไว้แล้ว ผลลัพธ์ที่ได้จากการเรียนรู้ คือแบบจำลองการจำแนกประเภทข้อมูล (Classifier model) ซึ่งแบบจำลองนี้สามารถแทนได้ในหลายรูปแบบ เช่น Rule-based classifier ต้นไม้ตัดสินใจ (Decision tree classifier) ซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน (Support vector machine) และโครงข่ายประสาทเทียม (Neural networks) เป็นต้น ในส่วนของการเรียนรู้นี้สามารถทำการปรับเปลี่ยนแบบจำลองจนกว่าจะได้ค่าความถูกต้องในระดับที่น่าพอใจ จากนั้นเป็นการทดสอบความถูกต้องของแบบจำลอง โดยนำแบบจำลองที่ได้จากการเรียนรู้ ไปใช้ทดสอบกับข้อมูลสำหรับทดสอบ (Testing data) โดยที่ข้อมูลสำหรับทดสอบจะเป็นข้อมูลที่ไม่ได้ถูกนำไปใช้ในขั้นตอนของการสร้างแบบจำลอง ถ้าความถูกต้องของแบบจำลองมีความถูกต้องมากพอที่ยอมรับได้ แบบจำลองดังกล่าวจะถูกนำไปใช้ในการจำแนกประเภทข้อมูลต่อไป

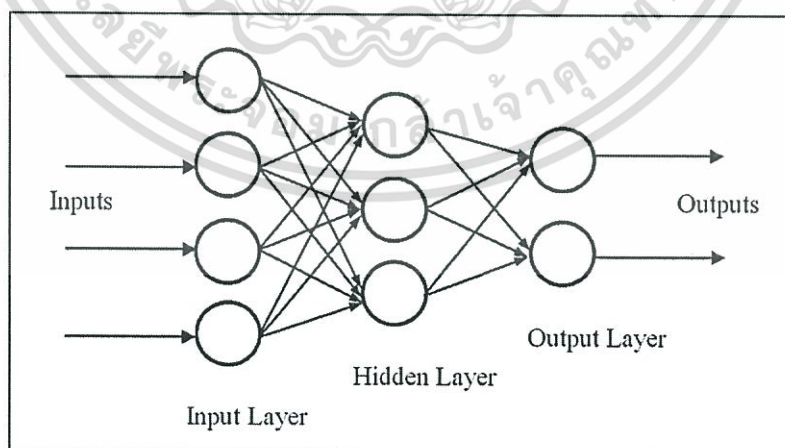
ปัจจุบันมีงานวิจัยจำนวนมากได้ให้ความสำคัญกับปัญหาที่ต้องการวิธีการจำแนกประเภทข้อมูลที่ถูกต้อง แม่นยำ และรวดเร็ว โดยได้พยายามพัฒนาและนำเสนอวิธีการต่างๆ เพื่อให้แบบจำลองมีประสิทธิภาพมากขึ้น เนื่องจากคุณภาพของการจำแนกประเภทข้อมูลที่ดีนั้นมีความสำคัญกับงานในด้านต่างๆ ที่ต้องระบุความน่าจะเป็นในแต่ละรูปแบบที่เป็นไปได้ เช่น การรู้จำ (Recognition) และ การพยากรณ์ (Forecasting) เป็นต้น ซึ่งเทคนิคหนึ่งที่มีการยอมรับและนำมาใช้กันอย่างแพร่หลาย คือ การจำแนกประเภทข้อมูลโดยใช้โครงข่ายประสาทเทียม

2.2 โครงข่ายประสาทเทียม (Artificial Neural Network)

โครงข่ายประสาทเทียม (Artificial Neural Network : ANN) คือแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ที่เกิดจากการนำแนวคิดการทำงานของเซลล์ประสาทของมนุษย์ มาประยุกต์ใช้ร่วมกับความสามารถของคอมพิวเตอร์ เพื่อให้คอมพิวเตอร์มีความสามารถในการเรียนรู้ การจดจำรูปแบบ และการทำนายอนาคตได้เช่นเดียวกับความสามารถที่มีในสมองมนุษย์ ซึ่งสถาปัตยกรรมของโครงข่ายประสาทเทียมมี 2 แบบ คือแบบป้อนไปข้างหน้า (Feed-Forward Network) และแบบป้อนกลับ (Recurrent Network) ส่วนประกอบของโครงข่ายประสาทเทียมจะประกอบไปด้วย ค่านำเข้า (Input) ค่าถ่วงน้ำหนักประสาท (Weight) ค่าไบแอส (Bias) เซลล์ประสาท (Neural) หรือ โหนด (Node) ฟังก์ชันถ่ายโอน (Transfer Function) และค่าผลลัพธ์ (Output)

2.2.1 โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าหลายชั้น

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าหลายชั้น (Multilayer Feed-Forward Neural Networks) เป็นโครงข่ายประสาทเทียมประเภทหนึ่งที่เป็นที่นิยม เพราะสามารถนำไปใช้ได้กับปัญหาประเภทต่างๆ เช่น งานที่มีปัญหาซับซ้อนมากๆ การรู้จำรูปแบบที่ยาก ปัญหาการพยากรณ์ และปัญหาการจำแนกประเภทข้อมูล เป็นต้น ลักษณะโครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียมจะประกอบไปด้วย ชั้นอินพุต (Input Layer) หนึ่งชั้น ชั้นเอาต์พุต (Output Layer) หนึ่งชั้น และชั้นฮิดเดน (Hidden Layer) อีกอย่างน้อยหนึ่งชั้น ซึ่งลักษณะของโครงข่ายประสาทเทียมนั้นไม่มีข้อจำกัดทางทฤษฎีต่อจำนวนของชั้นฮิดเดน แต่โดยทั่วไปมักจะมีเพียงหนึ่งชั้นหรือสองชั้นเท่านั้น แต่ละชั้นเชื่อมต่อกับชั้นที่อยู่ถัดไป ดังแสดงในรูปที่ 2.1



รูปที่ 2.1 สถาปัตยกรรมโครงข่ายประสาทเทียม

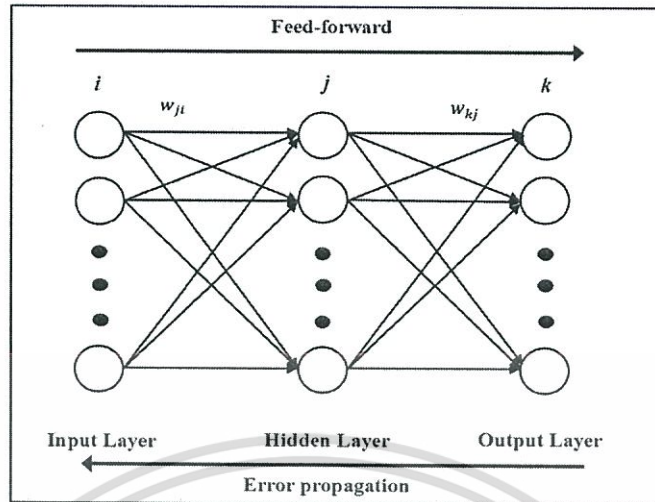
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ลักษณะของโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าหลายชั้น

- 1) โครงข่ายประสาทเทียมจะประกอบด้วยชั้นต่างๆ คือ ชั้นอินพุต ชั้นเอาต์พุต และชั้นฮิดเดน ซึ่งจะอยู่ระหว่างชั้นอินพุตและชั้นเอาต์พุต
- 2) การเชื่อมต่อระหว่างชั้นต่างๆ นั้น จะมีลักษณะที่ทุกๆ โหนดในชั้นอินพุตจะส่งสัญญาณไปยังทุกๆ โหนดในชั้นฮิดเดน และทุกๆ โหนดในชั้นฮิดเดนจะส่งสัญญาณต่อไปยังทุกๆ โหนดในชั้นเอาต์พุต
- 3) การทำงานของชั้นต่างๆ นั้น ในชั้นอินพุตจะไม่มีกระบวนการผลใดๆ ทั้งสิ้น จะทำหน้าที่เพียงแค่รับสัญญาณหรือข้อมูลเข้าแล้วกระจายออกไปยังแต่ละโหนดในชั้นฮิดเดน ส่วนชั้นฮิดเดนและชั้นเอาต์พุตนั้นจะเป็นชั้นที่มีการประมวลผล

2.2.2 วิธีการเรียนรู้แบบแพร่กระจายย้อนกลับ

วิธีการเรียนรู้แบบแพร่กระจายย้อนกลับ (Backpropagation algorithm) เป็นวิธีการเรียนรู้ของโครงข่ายประสาทเทียมอีกวิธีหนึ่ง ที่ใช้สำหรับปรับค่าถ่วงน้ำหนักของโครงข่ายประสาทเทียมให้มีค่าที่เหมาะสม โดยมีกระบวนการเรียนรู้และปรับปรุงแก้ไขด้วยตนเอง ซึ่งถ้าโครงข่ายประสาทเทียมให้คำตอบที่ผิด ค่าถ่วงน้ำหนักจะถูกปรับจนกว่าค่าความผิดพลาด (Error) จะน้อยลง หรืออยู่ในเกณฑ์ที่ยอมรับได้ ทำให้ค่าผลลัพธ์ที่ได้ในครั้งถัดไปจะมีความถูกต้องมากยิ่งขึ้น เมื่อโครงข่ายประสาทเทียมได้รับค่าอินพุตของข้อมูลเข้ามาในชั้นอินพุต แต่ละโหนดในชั้นอินพุตจะส่งข้อมูลไปยังทุกๆ โหนดในชั้นฮิดเดน จากนั้นแต่ละโหนดในชั้นฮิดเดนจะคำนวณค่าผลรวมของค่าถ่วงน้ำหนักกับค่าอินพุตของข้อมูล และส่งไปยังชั้นเอาต์พุต ค่าผลลัพธ์ที่ได้จากชั้นเอาต์พุตจะถูกเปรียบเทียบกับค่าผลลัพธ์เป้าหมายที่กำหนดไว้ เพื่อคำนวณหาค่าความผิดพลาด เมื่อได้ค่าความผิดพลาด โครงข่ายประสาทเทียมจะปรับค่าความผิดพลาดนั้นจากชั้นเอาต์พุต และแพร่ย้อนกลับไปยังชั้นฮิดเดน จากนั้นจึงแพร่ย้อนกลับไปยังชั้นอินพุตตามลำดับ ดังแสดงในรูปที่ 2.2



รูปที่ 2.2 สถาปัตยกรรมโครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กระจายย้อนกลับ

การเรียนรู้แบบแพร่กระจายย้อนกลับ สามารถแบ่งเป็นขั้นตอนดังต่อไปนี้

1) กำหนดจำนวนโหนดในชั้นอินพุต (N) จำนวนโหนดในชั้นเอาต์พุต (P) และจำนวนโหนดในชั้นฮิดเดน (M) นอกจากนั้นจะต้องมีการกำหนดข้อมูลอินพุตและข้อมูลเอาต์พุตเป้าหมาย ค่าความผิดพลาดที่ยอมรับได้และกำหนดจำนวนรอบสูงสุดที่จะทำการเรียนรู้ (R)

1) กำหนดพารามิเตอร์ของอัตราการเรียนรู้ (η) อยู่ในช่วง $[0,1]$

2) สุ่มค่าน้ำหนักเริ่มต้นให้กับทุกๆ เส้นเชื่อมโยงภายในโครงข่ายประสาทเทียม โดยให้มีค่าอยู่ระหว่าง $[-1,1]$

3) รับค่าอินพุตของข้อมูลชุดแรก เพื่อใช้ในการคำนวณหาผลลัพธ์ของโครงข่ายประสาทเทียม

4) คำนวณค่าผลรวมของค่าถ่วงน้ำหนักกับค่าอินพุตของข้อมูล สำหรับแต่ละโหนดในชั้นฮิดเดน หลังจากนั้นจะนำค่าผลรวมที่ได้ไปปรับค่าด้วย Transfer function โดยในการศึกษาครั้งนี้จะเลือกใช้ Sigmoid function โดยมีรายละเอียดดังสมการที่ 2.1 – 2.3

ค่าผลรวมของค่าถ่วงน้ำหนักกับค่าอินพุตของข้อมูลในชั้นฮิดเดน คำนวณได้ดังสมการที่

2.1

$$\text{net}_j = \sum_{i=1}^N x_i w_{ji} \quad (2.1)$$

เมื่อ x_i คือข้อมูลจากโหนดที่ i ในชั้นอินพุต

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

w_{ji} คือค่าถ่วงน้ำหนักระหว่างชั้นอินพุตกับชั้นฮิดเดน
ค่าผลลัพธ์ของโหนดในชั้นฮิดเดนหลังผ่านการปรับค่าด้วย Transfer function คำนวณได้
ดังสมการที่ 2.2

$$y_j = f(\text{net}_j) \quad (2.2)$$

$$f(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}} \quad (2.3)$$

เมื่อ y_j คือค่าผลลัพธ์ของโหนดที่ j ในชั้นฮิดเดน

5) นำค่าผลลัพธ์ที่ได้จากชั้นฮิดเดนมาคำนวณหาผลลัพธ์ในชั้นเอาต์พุต โดยใช้สมการที่
2.4 - 2.5

ค่าผลลัพธ์ของโหนดในชั้นเอาต์พุต คำนวณได้ดังสมการที่ 2.4

$$\text{net}_k = \sum_{j=1}^M y_j w_{kj} \quad (2.4)$$

เมื่อ w_{kj} คือค่าถ่วงน้ำหนักระหว่างชั้นฮิดเดนกับชั้นเอาต์พุต

ค่าผลลัพธ์ของโหนดในชั้นเอาต์พุตหลังผ่านการปรับค่าด้วย Transfer function แสดงดัง
สมการที่ 2.5

$$o_k = f(\text{net}_k) \quad (2.5)$$

เมื่อ o_k คือค่าผลลัพธ์ของโหนดที่ k ในชั้นเอาต์พุต

6) หาค่าความผิดพลาดของโหนดในชั้นเอาต์พุตและทำการปรับค่าถ่วงน้ำหนัก ซึ่ง
สามารถทำได้โดยนำค่าผลลัพธ์ที่คำนวณได้จริงมาเปรียบเทียบกับค่าผลลัพธ์เป้าหมายที่ได้กำหนดไว้
ค่าความแตกต่างที่ได้นั้นคือ ค่าความผิดพลาดสำหรับแต่ละโหนดในชั้นเอาต์พุต ดังนั้นค่าถ่วง
น้ำหนักของการเชื่อมโยงที่ไปยังชั้นเอาต์พุตจะถูกปรับ และค่าถ่วงน้ำหนักของการเชื่อมโยง
ที่ไปยังชั้นฮิดเดนจะถูกปรับเช่นกัน กระบวนการนี้จะดำเนินไปจนกระทั่งถึงชั้นอินพุต

ค่าความผิดพลาด คำนวณได้ดังสมการที่ 2.6

$$e = \sum_{k=1}^P (t_k - o_k)^2 \quad (2.6)$$

- เมื่อ e คือค่าความผิดพลาด
 t_k คือค่าผลลัพธ์เป้าหมายของโหนดที่ k ในชั้นเอาต์พุต
 o_k คือค่าผลลัพธ์จริงที่ได้จากโหนดที่ k ในชั้นเอาต์พุต

การปรับค่าถ่วงน้ำหนักระหว่างโหนดในชั้นฮิดเดนและชั้นเอาต์พุต คำนวณได้ดังสมการที่

2.7 - 2.8

$$\delta_{ok} = (t_k - o_k) f'(net_k) \quad (2.7)$$

- เมื่อ net_k คือค่าผลรวมของโหนดในชั้นเอาต์พุต
 δ_{ok} คือค่าความคลาดเคลื่อนของโหนดที่ k ในชั้นเอาต์พุต
 t_k คือค่าผลลัพธ์เป้าหมายที่โหนด k ในชั้นเอาต์พุต
 o_k คือค่าผลลัพธ์จริงที่ได้จากเอาต์พุตโหนดที่ k

$$w_{kj}(new) = w_{kj} + \eta \delta_{ok} y_j \quad (2.8)$$

- เมื่อ η แทนค่าอัตราการเรียนรู้ (Learning Rate)
 $w_{kj}(new)$ คือค่าถ่วงน้ำหนักใหม่ระหว่างโหนดในชั้นฮิดเดนและชั้นเอาต์พุต

การปรับค่าถ่วงน้ำหนักระหว่างโหนดในชั้นอินพุตและชั้นฮิดเดน คำนวณได้ดังสมการที่

2.9 - 2.10

$$\delta_{yj} = f'(net_j) \sum_{k=1}^P \delta_{ok} w_{kj} \quad (2.9)$$

- เมื่อ δ_{yj} คือค่าความคลาดเคลื่อนของโหนด j ในชั้นฮิดเดน
 net_j คือค่าผลรวมของโหนดในชั้นฮิดเดน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$w_{ji}(\text{new}) = w_{ji} + \eta \delta_{yj} x_i \quad (2.10)$$

เมื่อ $w_{ji}(\text{new})$ คือค่าถ่วงน้ำหนักใหม่ระหว่างโหนดในชั้นอินพุตและชั้นฮิดเดน

8) คำนวณค่าผลรวมกำลังสองของค่าความผิดพลาด (Sum Squared Error : SSE) ในทุกๆ แถวข้อมูล โดยนำค่าความผิดพลาดของแต่ละแถวของชุดข้อมูลมารวมกัน เพื่อใช้ในการตรวจสอบว่าค่าผลลัพธ์ของทุกๆ ข้อมูลในแต่ละรอบนั้นมีค่าน้อยกว่าค่าความผิดพลาดที่ยอมรับได้ในทุกๆ แถวข้อมูลหรือไม่ โดยถ้าค่าความผิดพลาดยอมรับได้จึงหยุดการเรียนรู้ แต่ถ้าค่าผลรวมกำลังสองของค่าความผิดพลาดมากกว่าค่าที่ยอมรับได้ให้ตรวจสอบว่าได้ทำการเรียนรู้ครบตามจำนวนรอบที่กำหนดไว้หรือไม่ ถ้าครบแล้วจึงหยุดการเรียนรู้ แต่ถ้ายังไม่ครบให้กลับไปซ้ำในขั้นตอนที่ (4) – (7) ค่าผลรวมกำลังสองของค่าความผิดพลาด ดังแสดงในสมการที่ 2.11

$$SSE = \sum_{q=1}^Q \sum_{k=1}^P (t_k^q - o_k^q)^2 \quad (2.11)$$

เมื่อ Q คือจำนวนข้อมูลทั้งหมด

2.3 วัชพืช

2.3.1 พื้นฐานทางชีววิทยาของวัชพืช

วัชพืช (weeds) ในความหมายทางเกษตรกรรม หมายถึง พืชที่ขึ้นผิดที่หรือพืชที่ขึ้นในที่ที่ไม่ต้องการให้ขึ้นและทำให้มีผลกระทบต่อระบบการผลิตทางเกษตรในด้านที่เป็นโทษมากกว่าเป็นประโยชน์ ในทางนิเวศน์วิทยาวัชพืชหมายถึง พืชที่ขึ้นและปรับตัวเข้ากับบริเวณที่ถูกรบกวนโดยมนุษย์หรือปรากฏการณ์ธรรมชาติต่างๆ วัชพืชในปัจจุบันเมื่อได้ศึกษาประวัติย้อนหลังพบว่ามันมีมาอยู่ 3 ทาง คือ 1) จากพืชปลูกที่ถูกละทิ้งโดยมนุษย์และได้ปรับตัวผ่านสภาวะต่างๆ จนมีชีวิตอยู่รอดได้ 2) จากพืชป่าที่อยู่ตามธรรมชาติแล้วถูกนำเข้ามาอยู่ในสังคมมนุษย์จะโดยธรรมชาติหรือมนุษย์เป็นผู้พามาก็ตาม แล้วสามารถอยู่รอดในระบบการเกษตรได้ และ 3) เป็นลูกผสมระหว่างพืชปลูกและพืชป่า จึงสรุปได้ว่าวัชพืชก็คือพืชชนิดหนึ่งที่มีความสามารถในการรุกราน อยู่รอด เพิ่มจำนวนประชากรและครอบครองพื้นที่การเกษตรได้อย่างรวดเร็ว ด้วยความสามารถพิเศษในการอยู่รอดทำให้วัชพืชได้รับความสนใจนำมาศึกษาว่าปัจจัยใดที่เป็นเหตุให้ วัชพืชมีคุณสมบัติเช่นนั้นได้

พืชที่ถูกจัดว่าเป็นวัชพืช จะมีลักษณะแตกต่างจากพืชปลูกโดยทั่วไป โดยวัชพืชจะมีการปรับตัว (adaptation) และมีวิวัฒนาการ (evolution) ไปสู่สภาพที่จะอยู่รอดมากขึ้น เช่น

1) สามารถขยายพันธุ์ได้ง่าย และรวดเร็ว โดยสามารถขยายพันธุ์ได้ที่ละจำนวนมากๆ มีระยะการออกดอกและผลิตเมล็ดนาน สามารถผลิตเมล็ดได้ในสภาพแวดล้อมที่อาจจะไม่อุดมสมบูรณ์มากนัก

2) เมล็ดและส่วนขยายพันธุ์มีความแข็งแรงและทนทานต่อสภาพแวดล้อมที่ไม่เหมาะสม เมล็ดของวัชพืชบางชนิดมีระยะพักตัวเพื่อหลีกเลี่ยงสภาพแวดล้อมที่ไม่เหมาะสมต่างๆ

3) วัชพืชมีความแข็งแรงและมีลักษณะทางสัณฐานวิทยาและสรีรวิทยาที่สามารถแก่งแย่งปัจจัยเพื่อการเจริญเติบโตกับพืชอื่นๆ ได้ ไม่ว่าจะเป็นพืชที่ปลูกหรือวัชพืชด้วยกันและบางชนิดสามารถปล่อยสารที่เป็นอันตรายกับพืชอื่น (allelochemicals) ได้ด้วย

4) มีความทนทานต่อการควบคุมและกำจัด เช่น มีราก เหง้า หัวหรือลำต้นใต้ดิน และมีลักษณะทางสัณฐานวิทยา หรือสรีรวิทยาอื่นๆ ที่ทำให้การกำจัดทำได้ลำบากและต้องลงทุนสูง

5) เป็นอันตรายต่อคนและสัตว์ ทำให้การกำจัดโดยคนหรือโดยสัตว์เป็นไปได้ลำบากมากยิ่งขึ้น

วัชพืชทุกชนิดได้ผ่านกระบวนการในการปรับตัวเพื่อตอบสนองต่อการรบกวนจากมนุษย์และพืชข้างเคียง ผลจากความสำเร็จของวิวัฒนาการของวัชพืช สามารถพิสูจน์ได้จากจำนวนประชากร ความสามารถในการขยายพันธุ์ การผลิตเมล็ดและส่วนขยายพันธุ์อื่นๆ อาณาบริเวณที่วัชพืชเหล่านั้นเข้าครอบครอง และศักยภาพของวัชพืชที่จะสืบทอดลูกหลานต่อไปอย่างไม่มีที่สิ้นสุด

2.3.2 การขยายพันธุ์ของวัชพืช

วัชพืชส่วนใหญ่มีความสามารถที่จะครอบครองและแผ่ขยายอาณาจักร (Colonize) ของตัวเองได้เป็นอย่างดี ด้วยสาเหตุนี้ทำให้นักพันธุศาสตร์ของพืชเกิดความสนใจว่าวัชพืชมีวิวัฒนาการความเป็นมาอย่างไรจึงประสบความสำเร็จได้อย่างสูงเช่นนี้ ตามธรรมชาติของวัชพืชสามารถที่จะขยายพันธุ์ได้ 2 วิธี คือ 1) การขยายพันธุ์โดยใช้เพศ (sexual reproduction) 2) การขยายพันธุ์โดยไม่อาศัยเพศ (asexual หรือ vegetative reproduction)

1) การขยายพันธุ์โดยใช้เพศ

วัชพืชหลายชนิดที่สามารถผสมตัวเอง (inbreeding) ได้เป็นอย่างดี ขณะเดียวกันก็สามารถผสมข้ามสายพันธุ์ (outcrossing) ได้เป็นครั้งคราว เพื่อการสร้างโครงสร้างพันธุกรรมใหม่ขึ้นมา อันเป็นผลให้วัชพืชสามารถครอบครองสภาพแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงไปจากเดิมได้ตลอดไป การที่วัชพืชผสมตัวเองช่วยให้วัชพืชสามารถขยายพันธุ์และแพร่กระจายออกไปในพื้นที่กว้างขวางมากขึ้นจากจำนวนประชากรเล็กๆ เพียงไม่กี่ต้น ขณะที่การผสมข้ามสายพันธุ์ของวัชพืชช่วยให้ได้วัชพืชที่มีโครงสร้างทางพันธุกรรมใหม่ๆ ขึ้นมา วัชพืชต้นที่เกิดจากการผสมข้ามสายพันธุ์จะมี

ความสามารถในการปรับตัวและอยู่รอดได้ในสภาพแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงได้ดีกว่า เช่น การถูกไฟไหม้และการได้รับสารกำจัดวัชพืช เป็นต้น

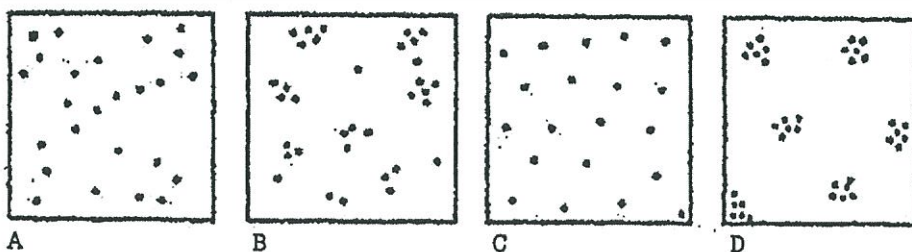
ส่วนสำคัญของวัชพืชสำหรับการขยายพันธุ์โดยใช้เพศคือ เมล็ด (seed) กลไกแห่งการอยู่รอดประการสำคัญของวัชพืชคือ ความสามารถในการผลิตเมล็ด โดยทั่วไปวัชพืชต้นหนึ่งสามารถที่จะผลิตเมล็ดได้จำนวนมากหรือน้อยจะขึ้นอยู่กับความแข็งแรงของวัชพืชต้นนั้น ถ้าต้นวัชพืชมีความแข็งแรงมากก็จะสามารถผลิตเมล็ดได้จำนวนมาก ส่วนต้นวัชพืชที่อ่อนแอกว่าก็จะผลิตเมล็ดได้จำนวนน้อยกว่า

2) การขยายพันธุ์โดยไม่อาศัยเพศ

วัชพืชทั้งในระบบการเกษตรและป่าไม้ล้วนมีคุณสมบัติในการขยายพันธุ์โดยไม่ใช้เพศซึ่งมักพบมากในวัชพืชหลายฤดู การประเมินอายุจริงของวัชพืชหลายฤดูจึงเป็นไปได้ยากมากเพราะต้นอ่อนสามารถเจริญมาจากส่วนใดส่วนหนึ่งของลำต้นได้ เรียกต้นอ่อนพวกนี้ว่า รามเมท (ramet) และต้นอ่อนนี้จะมีโครงสร้างทางพันธุกรรมเหมือนต้นแม่ทุกประการ ดังนั้นรามเมท จึงแตกต่างจากต้นอ่อนที่เกิดจากเมล็ดที่มาจากการผสมพันธุ์โดยใช้เพศ

2.3.3 การกระจายตัวของวัชพืชในสังคมพืช

พืชทั่วไปมีการกระจายตัวทั้งในแนวตั้ง (Vertical dispersal) และ แนวนราบ (Horizontal dispersal) โดยทั่วไปวัชพืชต่างชนิดกันย่อมมีคุณสมบัติที่แตกต่างกัน การแพร่กระจายแนวตั้งนั้นมักขึ้นอยู่กับอิทธิพลของแสงอาทิตย์ ทำให้ส่วนของต้นพืชที่ด้านบนได้รับแสงแดดเต็มที่และมากกว่า ส่วนพืชบริเวณที่อยู่ส่วนล่างๆ ลงมาเนื่องจากถูกบดบังจากแสงอาทิตย์ จนทำให้พืชที่อยู่บริเวณพื้นผิวแทบไม่ได้รับแสงเลย โดยเฉพาะเมื่อพื้นที่นั้นถูกปกคลุมด้วยต้นไม้ที่มีเรือนพุ่มชิดกัน การแพร่กระจายในแนวนานั้นยังมีความซับซ้อนมากกว่าการแพร่ในแนวตั้งหลายเท่า รูปแบบการแพร่กระจายในแนวนราบสามารถแบ่งได้เป็น 4 รูปแบบ 1) การกระจายตัวแบบสุ่ม 2) การกระจายตัวแบบเป็นกลุ่มอย่างไม่เป็นระเบียบ 3) การกระจายตัวอย่างสม่ำเสมอ และ 4) การกระจายตัวแบบกลุ่มอย่างสม่ำเสมอ ดังแสดงในรูปที่ 2.3



รูปที่ 2.3 การกระจายตัวของวัชพืชทั้ง 4 รูปแบบ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

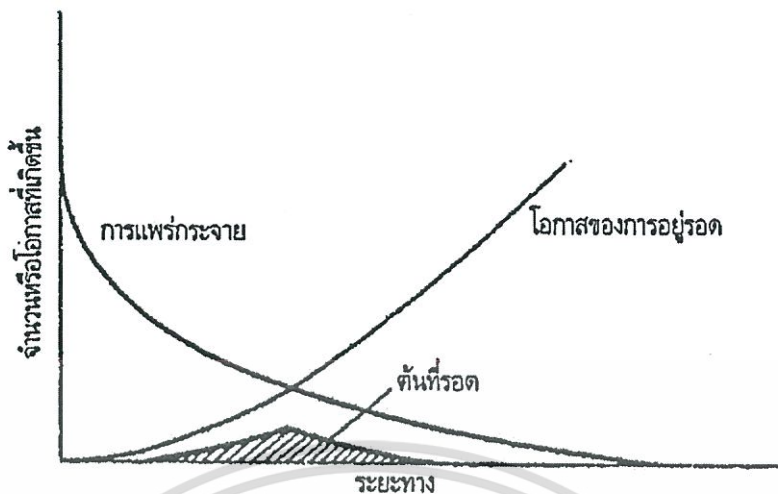
ในธรรมชาติมักพบการแพร่กระจายของวัชพืชเป็นแบบสุ่ม (2.3A) เป็นส่วนใหญ่ ส่วนการกระจายตัวอย่างสม่ำเสมอ (2.3C) นั้นพบมากในพืชปลูกในระบบการเกษตร แต่พบน้อยมากในวัชพืช ส่วนการกระจายตัวแบบเป็นกลุ่มอย่างไม่เป็นระเบียบ (2.3B) และการกระจายตัวแบบกลุ่มอย่างสม่ำเสมอ (2.3D) เป็นการขยายจำนวนประชากรมาจากต้นพืชต้นหนึ่งๆ โดยเฉพาะการขยายพันธุ์โดยไม่อาศัยเพศ

2.3.4 การแพร่กระจายของเมล็ดวัชพืช

การแพร่กระจายของวัชพืชนั้นแบ่งได้ทั้งที่เป็นการย้ายเข้ามาและการอพยพออกไป การขยายพันธุ์ของวัชพืชส่วนใหญ่เกิดขึ้นในพื้นที่ที่พ่อแม่หรือบรรพบุรุษอาศัยอยู่เพื่อรักษาสายพันธุ์ให้คงอยู่ตลอดไป รวมทั้งบางส่วนที่แพร่กระจายมาจากที่อื่นๆ แต่ก็มีพืชบางชนิดที่มีส่วนขยายพันธุ์ที่มักจะอพยพออกไปจากถิ่นเดิมเพื่อไปสร้างอาณาจักรใหม่เช่นกัน การแพร่กระจายของวัชพืชสามารถพิจารณาได้ทั้งในทางพื้นที่ (dispersal in space) และทางเวลา (dispersal through time)

1) การแพร่กระจายของเมล็ดทางพื้นที่

เกี่ยวข้องกับการเคลื่อนย้ายทางกายภาพของเมล็ด จากพื้นที่หนึ่งไปอีกบริเวณหนึ่ง จำนวนเมล็ดที่ร่วงลงพื้นที่ใดๆ จะมากหรือน้อยเพียงใดขึ้นอยู่กับ 1) ความสูงและระยะทางจากแหล่งที่ผลิตเมล็ดนั้น 2) จำนวนเมล็ดที่ผลิตได้จากแหล่งผลิต 3) ความสามารถในการแพร่กระจายของเมล็ด และ 4) ตัวนำพา เช่น ลม น้ำ สัตว์และมนุษย์ ซึ่งการแพร่กระจายของเมล็ดวัชพืชเป็นจุดเริ่มต้นของการเข้ารุกรานพื้นที่ต่างๆ โดยเฉพาะพื้นที่เกษตรกรรม ที่มีสภาพที่เหมาะสมต่อการเจริญเติบโตของวัชพืช การแพร่กระจายเชิงพื้นที่เป็นไปได้ทั้งในแนวราบและในแนวตั้ง พบว่าเมล็ดวัชพืชส่วนใหญ่มักจะร่วงอยู่ในบริเวณที่ใกล้กับแหล่งผลิต และจำนวนประชากรเมล็ดมักจะค่อยๆ ลดลงตามระยะทางที่ห่างไกลออกไป แต่มักพบว่าการอยู่รอดของต้นอ่อนที่อกในบริเวณใกล้ต้นแม่จะมีอัตราการอยู่รอดต่ำที่สุดและจะค่อยๆ เพิ่มขึ้น เมื่อห่างไกลจากแหล่งที่ต้นแม่อาศัยอยู่ ดังรูปที่ 2.4



รูปที่ 2.4 อัตราการอยู่รอดและการแพร่กระจายของวัชพืช

2) การแพร่กระจายทางเวลา

การแพร่กระจายทางเวลา หมายถึง การพักตัวของเมล็ดในช่วงเวลาหนึ่ง การที่เมล็ดวัชพืชพักตัวช่วยให้เมล็ดวัชพืชรอเวลาที่เหมาะสมสำหรับการงอกเมื่อสภาพแวดล้อมเอื้อต่อการงอกและไม่มีอุปสรรคในการตั้งตัวเป็นต้นอ่อนและพัฒนาต่อไป ทั้งนี้ถ้าเมล็ดวัชพืชไม่มีกลไกการพักตัวนี้ จะทำให้เมล็ดงอกในเวลาที่ไม่เหมาะสม ซึ่งอาจทำให้วัชพืชไม่สามารถมีชีวิตอยู่รอดได้

2.3.5 การแข่งขันระหว่างพืช

การแข่งขันระหว่างพืช จะเกิดขึ้นเมื่อพืชที่ครอบครองพื้นที่ในบริเวณเดียวกัน มีความต้องการทรัพยากรต่างๆ เหมือนกัน และทรัพยากรนั้นมีไม่เพียงพอต่อความต้องการ ความรุนแรงของการแก่งแย่งแข่งขันมักรุนแรงยิ่งขึ้นเมื่อมีความขาดแคลนในทรัพยากรนั้นมากขึ้น พืชชนิดใดที่มีความสามารถเหนือกว่าในการที่จะได้มาซึ่งทรัพยากรนั้นๆ จะขยายพันธุ์ได้ดีกว่าและจะเข้าครอบครองพื้นที่ทั้งหมด ส่วนพืชที่มีความสามารถด้อยกว่าก็จะถูกกำจัดไป

การแข่งขันระหว่างพืช เป็นกลไกการควบคุมจำนวนประชากรไม่ให้มีจำนวนมากเกินไป หรือเป็นการลดจำนวนประชากร เพื่อไม่ให้เกิดความหนาแน่นในพื้นที่ ที่มีการแก่งแย่งทรัพยากรซึ่งกันและกัน

2.4 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.4.1 A novel numerical optimization algorithm inspired from weed colonization (A. R. Mehrabian and C. Lucas. 2006)

งานวิจัยนี้นำเสนออัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช ซึ่งเป็นอัลกอริทึมที่เกิดจากการเลียนแบบพฤติกรรมในการสร้างอาณาจักรของวัชพืช โดยที่วัชพืชจะรุกรานพื้นที่ทางการเกษตรหรือพื้นที่ที่มีทรัพยากรที่อุดมสมบูรณ์ เพื่อหาสถานที่ที่เหมาะสมสำหรับการเจริญเติบโตและการขยายพันธุ์ การทำงานของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช จะกำหนดให้วัชพืชแต่ละต้นเป็นตัวแทนของคำตอบของระบบที่ต้องการค้นหา

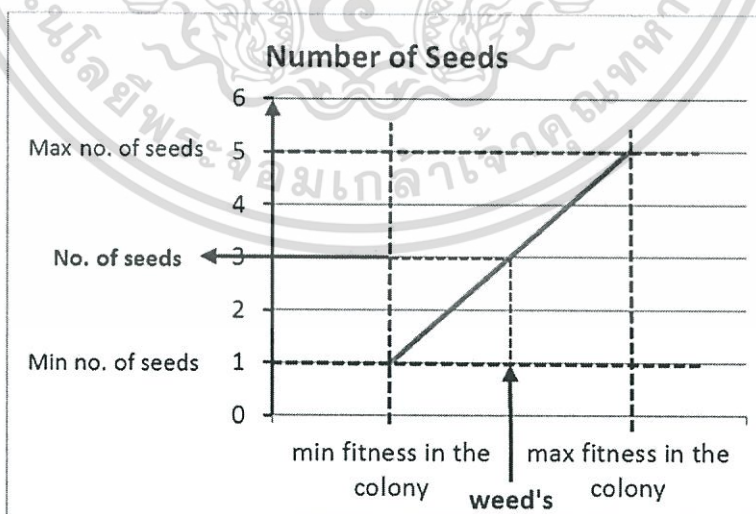
อัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช ประกอบด้วยขั้นตอนหลัก ดังนี้

1) ขั้นตอนการกำหนดประชากรเริ่มต้น (Initialize population process)

เริ่มจากเมล็ดวัชพืช (ประชากรเริ่มต้น) จะถูกสุ่มกระจายไปยังพื้นที่การค้นหา (search area) จากนั้นเมื่อได้ตำแหน่งที่เมล็ดกระจายไปตกแล้ว ให้คำนวณค่าฟิตเนสและทำการจัดเรียงประชากรเริ่มต้นตามค่าฟิตเนสที่คำนวณได้

2) ขั้นตอนการขยายพันธุ์ (Reproduction process)

เมื่อเมล็ดวัชพืชเจริญเติบโตเป็นต้นวัชพืชจะผลิตเมล็ดพันธุ์ขึ้นมาใหม่เพื่อทำการขยายพันธุ์ ซึ่งจำนวนของเมล็ดที่วัชพืชแต่ละต้นผลิตได้จะขึ้นอยู่กับค่าฟิตเนสของวัชพืช โดยวัชพืชต้นที่มีค่าฟิตเนสที่แย่ที่สุดจะมีจำนวนเมล็ดน้อยที่สุด และเพิ่มขึ้นเป็นเส้นตรง ไปจนถึงจำนวนสูงสุดของจำนวนเมล็ดที่สามารถผลิตได้ ดังแสดงในรูปที่ 2.5



รูปที่ 2.5 ขั้นตอนการผลิตเมล็ดในอาณาจักรวัชพืช

3) ขั้นตอนการแพร่กระจายทางพื้นที่ (Spatial dispersal process)

ในขั้นตอนนี้เมล็ดที่ผลิตได้จากวัชพืชแต่ละต้น จะถูกสุ่มแพร่กระจายไปยังพื้นที่การค้นหา โดยเป็นการสุ่มกระจายแบบปกติ (Normal Distribution) ที่มีค่าเฉลี่ย (Mean) เท่ากับศูนย์ แต่มีค่าความแปรปรวน (variance) ที่แตกต่างกัน โดยที่ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (Standard deviation : σ) จะมีค่าลดลงจากค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานเริ่มต้น (σ_{initial}) ที่กำหนดไว้ ไปจนถึงค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานสุดท้าย (σ_{final}) เมื่อจำนวนรอบการทำงานเพิ่มขึ้น ในการคำนวณค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชในแต่ละรอบการทำงาน แสดงได้ดังสมการที่ 2.12

$$\sigma_{\text{iter}} = \sigma_{\text{final}} + \left[\frac{\text{iter}_{\text{max}} - \text{iter}}{\text{iter}_{\text{max}}} \right]^n \times (\sigma_{\text{initial}} - \sigma_{\text{final}}) \quad (2.12)$$

เมื่อ	σ_{iter}	คือค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชในแต่ละรอบการทำงาน
	σ_{initial}	คือค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานเริ่มต้น
	σ_{final}	คือค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานสุดท้าย
	iter_{max}	คือจำนวนรอบสูงสุดของการทำซ้ำ
	n	คือค่า Nonlinear modulation index

4) ขั้นตอนการคัดเลือกประชากรโดยการแข่งขัน (Competitive exclusion process)

เมื่อเมล็ดวัชพืชกระจายไปตกยังตำแหน่งต่างๆ ในพื้นที่การค้นหา ค่าฟิตเนสของเมล็ดวัชพืชจะถูกนำมาจัดลำดับร่วมกับค่าฟิตเนสของต้นวัชพืช การแข่งขันเพื่อความอยู่รอดระหว่างวัชพืชจะเกิดขึ้น เมื่อจำนวนของประชากรวัชพืชทั้งหมดมีมากกว่าจำนวนสูงสุดของประชากรวัชพืชที่กำหนดไว้ (P_{max}) วัชพืชต้นที่มีค่าฟิตเนสที่แย่จะถูกกำจัดออกไปจนได้จำนวนของประชากรวัชพืชเท่ากับจำนวนสูงสุดของประชากรวัชพืชที่กำหนดไว้

5) ทำซ้ำขั้นตอนที่ 2-4 จนกระทั่งจำนวนรอบการทำงานครบตามที่กำหนดไว้ จึงหยุดการเรียนรู้

เมื่อจบการทำงานวัชพืชที่ให้ค่าฟิตเนสที่ดีที่สุด ในประชากรวัชพืชรุ่นสุดท้าย จะเป็นผลลัพธ์ที่เหมาะสมที่สุดในการเรียนรู้ครั้งนี้

ในงานวิจัยนี้อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ถูกนำมาทดสอบกับปัญหาหลากหลายรูปแบบ เพื่อแสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพการทำงานของอัลกอริทึม โดยในส่วนแรกจะเป็นการทดสอบความสามารถของอัลกอริทึมที่นำเสนอในการหาค่าที่น้อยที่สุดแบบวงกว้าง (global minimum) ของ

ฟังก์ชันมาตรฐาน 3 ฟังก์ชัน ได้แก่ 1) Sphere function 2) Griewank function และ 3) Rastrigin function เพื่อแสดงให้เห็นว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอสามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดแบบวงกว้างได้ โดยผลลัพธ์ที่ได้จากการทดสอบจะถูกนำมาเปรียบเทียบกับผลลัพธ์ที่ได้จากจีเนติกอัลกอริทึม (genetic algorithm) ในส่วนที่สอง อัลกอริทึมที่นำเสนอจะถูกนำไปใช้ในการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดของ Rastrigin function ที่มี 30 มิติ ($d = 30$) โดยจะมีการวิเคราะห์ผลลัพธ์ที่ได้จากการปรับค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอ เพื่อหาค่าที่เหมาะสมที่สุดสำหรับฟังก์ชันแบบต่อเนื่อง (Continuous functions) ส่วนที่สาม อัลกอริทึมที่นำเสนอจะถูกนำไปเปรียบเทียบกับ จีเนติกอัลกอริทึม (Genetic algorithm) มีเมติกอัลกอริทึม (Memetic algorithm) อัลกอริทึมพาร์ติเคิล- สวอร์มออปติไมเซชัน (Particle swarm optimization) และ อัลกอริทึมการกระโดดของกบ (shuffled frog leaping algorithm) โดยจะทดสอบกับ Griewank function ($d = 10, 20, 50, 100$) และ EF10 function และในส่วนสุดท้าย ประสิทธิภาพการทำงานของอัลกอริทึมที่นำเสนอ จะถูกนำไปเปรียบเทียบกับ อัลกอริทึมซิมเพล็กซ์ซิมูเลเทดแอนนิลลิง (Simplex simulated annealing) และ อัลกอริทึมไคเรกเสิร์ชซิมูเลเทดแอนนิลลิง (Direct search simulated annealing) โดยแบบจำลองจะดำเนินการเพื่อหาค่าที่เหมาะสมที่สุดสำหรับ Easom function และ Griewank function

ผลที่ได้จากการทดลอง สรุปได้ดังนี้ ในส่วนแรก ซึ่งเป็นการทดสอบความสามารถของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชในการหาคำตอบที่ดีที่สุดแบบวงกว้าง สำหรับปัญหาในการหาค่าที่น้อยที่สุดแบบวงกว้างของฟังก์ชันมาตรฐาน 3 ฟังก์ชัน และนำผลลัพธ์ที่ได้มาเปรียบเทียบกับผลลัพธ์ที่ได้จากจีเนติกอัลกอริทึม ผลที่ได้จากการทดลองคือ อัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าจีเนติกอัลกอริทึม ในทั้ง 3 ฟังก์ชันมาตรฐาน ส่วนที่สอง เป็นการวิเคราะห์ผลลัพธ์จากการปรับค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอ ในการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดสำหรับ Rastrigin function พบว่าการปรับค่าพารามิเตอร์ต่างๆ ในอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช มีผลต่อเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของผลลัพธ์ที่ได้จากการทดลอง ส่วนที่สามเป็นการเปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำงานของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช กับ จีเนติกอัลกอริทึม มีเมติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมพาร์ติเคิล- สวอร์มออปติไมเซชัน และ อัลกอริทึมการกระโดดของกบ โดยทดสอบกับ Griewank function และ EF10 function จากผลการทดลองพบว่าอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชให้ผลลัพธ์ที่ดีที่สุด และในส่วนสุดท้ายเป็นการเปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำงานของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช กับ อัลกอริทึมซิมเพล็กซ์ซิมูเลเทดแอนนิลลิง และ อัลกอริทึมไคเรกเสิร์ชซิมูเลเทดแอนนิลลิง ในการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดสำหรับ Easom function และ Griewank function ผลการทดลองคือ อัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช มีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของผลลัพธ์ที่ดีกว่า อัลกอริทึมซิมเพล็กซ์ซิมูเลเทดแอนนิลลิง และ อัลกอริทึมไคเรกเสิร์ชซิมูเลเทดแอนนิลลิง

จากการศึกษางานวิจัยนี้สามารถวิเคราะห์จุดเด่นที่สำคัญได้ว่า อัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชมีความหลากหลายของประชากร และมีประสิทธิภาพสูงในการค้นหาคำตอบสำหรับปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด ส่วนจุดด้อยของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชคือการใช้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่าเท่ากันสำหรับวัชพืชทั้งหมดในแต่ละรอบการทำงาน ซึ่งอาจจะนำไปสู่การลู่เข้าสู่ค่าที่เหมาะสมที่สุดแบบเฉพาะที่

2.4.2 A modified invasive weed optimization algorithm for training of feedforward neural networks (Ritwik Giri, Aritra Chowdhury, Arnob Ghosh, Swagatam Das, Ajith Abraham and Vaclav Snasel. 2010)

งานวิจัยนี้ได้นำเสนอโมเดลใหม่ที่เกิดจากการปรับปรุงอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิม เพื่อใช้สำหรับการปรับปรุงค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้า โดยเสนอแนวคิดในการใช้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่าแตกต่างกันสำหรับวัชพืชแต่ละต้นในการแพร่กระจายเมล็ดไปยังพื้นที่การค้นหา ซึ่งค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานนี้จะขึ้นอยู่กับค่าฟิตเนสของวัชพืช โดยวัชพืชต้นที่มีค่าฟิตเนสที่ดีจะมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่าน้อย เพื่อทำให้เกิดการแพร่กระจายของเมล็ดอยู่ในบริเวณรอบๆ ตำแหน่งที่เหมาะสม ส่วนวัชพืชต้นที่มีค่าฟิตเนสที่แย่งจะมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่ามาก เพื่อทำให้เกิดการแพร่กระจายของเมล็ดออกไปได้ไกลจากตำแหน่งที่ไม่เหมาะสม

รายละเอียดของ โมเดลที่นำเสนอในการปรับปรุงค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของโครงข่ายประสาทเทียมมีดังนี้

- 1) กำหนดประชากรเริ่มต้นของวัชพืช โดยที่วัชพืชแต่ละต้นจะได้อมาจากการสุ่มค่าเริ่มต้นของค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของโครงข่ายประสาทเทียม
- 2) วัชพืชแต่ละต้นจะทำการขยายพันธุ์โดยการผลิตเมล็ด จำนวนเมล็ดที่ผลิตได้ จะขึ้นอยู่กับค่าฟิตเนสของวัชพืชแต่ละต้น
- 3) เมล็ดที่ผลิตได้จะถูกสุ่มแพร่กระจายไปในพื้นที่การค้นหา โดยที่ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่ใช้สำหรับการแพร่กระจายเมล็ดจะขึ้นอยู่กับค่าฟิตเนสของวัชพืชแต่ละต้น คำนวณได้ดังสมการที่ 2.13

$$\sigma_i = \sigma_{\text{final}} + (1 - e^{-\Delta f_i}) \times (\sigma_{\text{initial}} - \sigma_{\text{final}}) \quad (2.13)$$

โดยที่

$$\Delta f_i = |f(W_i) - f(W_{\text{best}})| \quad (2.14)$$

ดังนั้นเมื่อ $\Delta f_i \rightarrow 0$ แล้ว $\sigma_i \rightarrow \sigma_{\text{final}}$

เมื่อ σ_i คือค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชต้นที่ i
 Δf_i คือค่าสัมบูรณ์ของค่าพิตเนสระหว่างวัชพืชต้นที่ i กับวัชพืชต้นที่ดีที่สุด
 $f(W_i)$ คือค่าค่าพิตเนสของวัชพืชต้นที่ i
 $f(W_{\text{best}})$ คือค่าพิตเนสของวัชพืชต้นที่ดีที่สุด

4) การแข่งขันเพื่อความอยู่รอดระหว่างวัชพืชจะเกิดขึ้นเมื่อจำนวนของประชากรวัชพืชทั้งหมดมีมากกว่าจำนวนสูงสุดของประชากรวัชพืชที่กำหนด โดยวัชพืชต้นที่มีค่าพิตเนสที่แย่จะถูกกำจัดออกไป จนได้จำนวนของประชากรวัชพืชเท่ากับจำนวนที่กำหนด

5) ทำซ้ำขั้นตอนที่ 2-4 จนกระทั่งจำนวนรอบการทำงานครบตามที่กำหนดไว้ จึงหยุดการทำงาน วัชพืชที่มีค่าพิตเนสที่ดีที่สุด จะเป็นผลลัพธ์ของชุดค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสที่เหมาะสมที่สุดของโครงข่ายประสาทเทียม

ในงานวิจัยนี้ โมเดลที่นำเสนอได้ถูกนำมาทดลองกับปัญหา 2 รูปแบบ คือ 1) การประมาณค่าของฟังก์ชัน (Function Approximation) ในปัญหานี้จะใช้ Measurement of Mean Square Error (MSEREG) เป็นตัววัดประสิทธิภาพ และ 2) การรู้จำรูปแบบ (Pattern Recognition) ในปัญหานี้จะใช้ Classification Error Percentage (CEP) เป็นตัววัดประสิทธิภาพ และทำการเปรียบเทียบผลการทดลองของโมเดลที่นำเสนอกับอัลกอริทึมดังต่อไปนี้ 1) อัลกอริทึมดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน (Differential Evolution algorithm) 2) Back propagation algorithm with an adaptive learning rate (TRAINGDX) 3) One step secant learning method (TRAINOSS) และ 4) Resilient back propagation algorithm (TRAINRP)

การทดลองที่ 1 เป็นการทดสอบกับปัญหาการประมาณค่าของฟังก์ชัน $\sin(x)$ โดยโครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียมประกอบด้วย ชั้นอินพุตหนึ่งชั้น ชั้นฮิดเดนหนึ่งชั้น และชั้นเอาต์พุตหนึ่งชั้น ซึ่งในแต่ละชั้นมีจำนวนโหนดเท่ากับ 1, 5, 1 ตามลำดับ โดยโครงข่ายประสาทเทียมจะใช้ tansig-tansig-tansig เป็น Transfer function ซึ่งผลการทดลองจะแสดงค่าเฉลี่ย ค่าสูงสุด และต่ำสุดของ MSEREG ที่ได้จากการทดลองจำนวน 50 ครั้ง ผลจากการทดลองสรุปได้ดังนี้ โมเดลที่นำเสนอให้ผลที่ดีกว่าอัลกอริทึมดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน แต่ให้ผลที่ต่ำกว่าอัลกอริทึม TRAINGDX และอัลกอริทึม TRAINOSS

การทดลองที่ 2 เป็นการทดสอบปัญหาการรู้จำรูปแบบ โดยใช้ชุดข้อมูลทดสอบจำนวน 3 ชุดข้อมูล ซึ่งประกอบด้วย ชุดข้อมูล Diabetes ชุดข้อมูล Cancer และชุดข้อมูล Glass โครงข่ายประสาทเทียมจะใช้ purelin-tansig-tansig เป็น Transfer function ซึ่งผลการทดลองจะแสดงค่าเฉลี่ย

ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่าที่ดีที่สุดและค่าที่แย่ที่สุดของ CEP ที่ได้จากการทดลองจำนวน 50 ครั้ง ผลจากการทดลองคือ โมเดลที่นำเสนอให้ผลที่ดีที่สุด ในส่วนของขั้นตอนการทดสอบ นั่นคือ มีค่าความผิดพลาดน้อยที่สุดเมื่อเปรียบเทียบกับอัลกอริทึมอื่น ดังนั้นจากผลการทดลองกับชุดข้อมูลทั้งหมด สามารถสรุปได้ว่า โมเดลที่นำเสนอมีประสิทธิภาพและประสิทธิผลในการฝึกการเรียนรู้ของโครงข่ายประสาทเทียมเพื่อใช้สำหรับปัญหาการรู้จำรูปแบบ

จากการศึกษางานวิจัยนี้สามารถวิเคราะห์จุดเด่นที่สำคัญได้ว่า โมเดลที่นำเสนอสามารถช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการค้นหาของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิมให้ดียิ่งขึ้น แต่อย่างไรก็ตาม โมเดลที่นำเสนอยังมีจุดด้อยในส่วนของเวลาที่ใช้ในการเข้าสู่จุดที่เหมาะสมที่สุด ซึ่งถ้าในกรณีที่ชุดข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบมีขนาดใหญ่ โมเดลที่นำเสนอจะใช้เวลานานในการเข้าสู่จุดที่เหมาะสมที่สุด

2.4.3 Concentric circular antenna array synthesis using a differential invasive weed optimization algorithm (Siddharth Pal, Aniruddha Basak, Swagatam Das, Ajith Abraham and Ivan Zelinka. 2010)

งานวิจัยนี้นำเสนอโมเดล Differential Invasive Weed Optimization (DIWO) ซึ่งเกิดจากการผสมผสานกันระหว่างการปรับปรุงอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช (Modifications of IWO algorithm : M-IWO) และอัลกอริทึมดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพให้กับ Concentric Circular Antenna Array (CCAA) โดยงานวิจัยนี้ได้นำเสนอแนวคิดทั้งหมด 2 ส่วน คือ 1) การปรับปรุงอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิม (M-IWO) และ 2) การผสมผสานอัลกอริทึม M-IWO กับอัลกอริทึมดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน

2.4.3.1 อัลกอริทึมดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน

อัลกอริทึมดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน (Differential Evolution algorithm, DE) ถูกคิดค้นขึ้นโดย Price และ Storn หลักการทำงานของอัลกอริทึมดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชันคือการจำลองกลุ่มประชากรเลียนแบบโครโมโซมและดำเนินการกับกลุ่มประชากรด้วยกระบวนการทางพันธุศาสตร์ ได้แก่ กระบวนการ การมิวเตชัน (mutation) การครอสโอเวอร์ (crossover) และ การคัดเลือก (selection) โดยขั้นตอนการทำงานของอัลกอริทึมดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชันมีดังนี้

1. กำหนดค่าเริ่มต้น

กำหนดขอบเขตบนและขอบเขตล่างของตัวแปรการตัดสินใจแต่ละตัว โดยต้องแน่ใจว่าขอบเขตนี้จะครอบคลุมจุดที่ให้คำตอบที่ดีที่สุด จากนั้นให้สุ่มหาคำตอบที่เป็นไปได้เริ่มต้น (Initial population) โดยกำหนดให้โอกาสที่จะถูกเลือกของคำตอบมีค่าสม่ำเสมอ (Uniform probability)

distribution) โดยแต่ละคำตอบซึ่งเรียกว่า decision vector มีมิติเท่ากับ D และจำนวนคำตอบที่เป็นไปได้เริ่มต้นเท่ากับ NP จากนั้นคำนวณค่าฟิตเนสของแต่ละคำตอบเริ่มต้นที่เป็นไปได้

2) การมิวเตชัน

จาก target vector $(X_{i,G})$ โดยที่ $i = 1, 2, 3, \dots, NP$ ทำการสุ่มเลือก 3 เวกเตอร์จากคำตอบที่เป็นไปได้เริ่มต้น $(X_{r1,G}, X_{r2,G}, X_{r3,G})$ โดยเวกเตอร์ที่ได้จากสุ่มจะต้องไม่ซ้ำกับ target vector จากนั้นคำนวณหา mutant vector $(V_{i,G+1})$ จากความสัมพันธ์ดังสมการที่ 2.15

$$V_{i,G+1} = X_{r1,G} + F(X_{r2,G} - X_{r3,G}) \quad (2.15)$$

เมื่อ F คือ weighing factor มีค่าอยู่ระหว่าง 0 ถึง 2

3) การครอสโอเวอร์

การครอสโอเวอร์เป็นกระบวนการที่ช่วยเพิ่มความหลากหลายให้กับคำตอบ โดยในที่นี้จะใช้ non-uniform crossover ระหว่าง target vector กับ mutant vector ผลลัพธ์ที่ได้คือ trial vector $(U_{i,G+1})$ ดังแสดงในสมการที่ 2.16

$$U_{ji,G+1} = \begin{cases} V_{ji,G+1} & \text{if } (\text{randb}(j) \leq CR) \text{ or } j = \text{rnbr}(j) \\ X_{ji,G} & \text{if } (\text{randb}(j) > CR) \text{ or } j \neq \text{rnbr}(j) \end{cases} \quad (2.16)$$

เมื่อ $U_{ji,G+1}$ คือ Trial vector

$V_{ji,G+1}$ คือ Mutant vector

$X_{ji,G}$ คือ Target vector

$\text{randb}(j)$ คือการสุ่มตัวเลขจำนวนจริงที่มีค่าระหว่าง 0 ถึง 1 ครั้งที่ j

CR คือ Crossover Constant มีค่าเป็นเลขจำนวนจริงระหว่าง 0 ถึง 1

$\text{rnbr}(i)$ คือค่า Index จากการสุ่มเลือก มีค่าเป็นเลขจำนวนเต็มระหว่าง $0, 1, \dots, D-1$

j คือมิติ มีค่าตั้งแต่ $0, 1, \dots, D - 1$

4) การคัดเลือก

การคัดเลือกเป็นกระบวนการคัดสรรคำตอบ ซึ่งเวกเตอร์ที่ให้คำตอบที่ดีกว่าจะอยู่รอดต่อไป วิธีการคือเปรียบเทียบค่าฟิตเนสของ trial vector กับ target vector ในกรณีที่ trial vector ให้ค่าฟิตเนสที่ดีกว่า ก็จะแทนที่ target vector ในประชากรรุ่นถัดไป (next generation) ทำซ้ำขั้นตอนที่

(2) – (4) จนครบทุกเวกเตอร์ในประชากรรุ่นปัจจุบัน (current generation) จากนั้นแทนที่ประชากรรุ่นปัจจุบันด้วยประชากรรุ่นถัดไป แล้วทำซ้ำกระบวนการทั้งหมดจนถึงเกณฑ์การหยุดการเรียนรู้

2.4.3.2 การปรับปรุงอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของว้ชพีช

งานวิจัยนี้ได้นำเสนอแนวคิดในการปรับปรุงค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานสำหรับว้ชพีชในการแพร่กระจายเมล็ดไปยังพื้นที่การค้นหา ซึ่งค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานจะขึ้นอยู่กับค่าฟิตเนสของว้ชพีชแต่ละต้น โดยขั้นตอนในการปรับปรุงค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานมีรายละเอียดดังนี้

- 1) คำนวณหาค่าฟิตเนสของว้ชพีชทั้งหมด
- 2) เรียงลำดับค่าฟิตเนสจากน้อยไปมาก (สำหรับปัญหาการหาค่าที่น้อยที่สุด)
- 3) หาค่าฟิตเนสที่มีตำแหน่งอยู่กึ่งกลางของค่าฟิตเนสทั้งหมด (F_{median})
- 4) คำนวณหาค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของว้ชพีชแต่ละต้น โดยใช้สมการที่ 2.17

$$\sigma_{i,t} = \begin{cases} \left(1 + 0.5 \times \frac{f(\bar{X}_{i,t}) - F_{\text{median},t}}{F_{\text{worst},t} - F_{\text{median},t}}\right) \times \sigma_t & \text{if } f(\bar{X}_{i,t}) \geq F_{\text{median},t} \\ \left(1 - 0.5 \times \frac{F_{\text{median},t} - f(\bar{X}_{i,t})}{F_{\text{median},t} - F_{\text{best},t}}\right) \times \sigma_t & \text{if } f(\bar{X}_{i,t}) < F_{\text{median},t} \end{cases} \quad (2.17)$$

เมื่อ $\sigma_{i,t}$ คือค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของว้ชพีชต้นที่ i ในรอบการทำงานที่ t
 $f(\bar{X}_{i,t})$ คือค่าฟิตเนสของว้ชพีชต้นที่ i ในรอบการทำงานที่ t
 F_{median} คือค่าฟิตเนสที่มีตำแหน่งอยู่กึ่งกลางของค่าฟิตเนสทั้งหมด
 $F_{\text{best},t}$ คือค่าฟิตเนสที่ดีที่สุดในรอบการทำงานที่ t
 $F_{\text{worst},t}$ คือค่าฟิตเนสที่แย่ที่สุดในรอบการทำงานที่ t

จากสมการที่ 2.17 อธิบายได้ว่า ว้ชพีชต้นที่มีค่าฟิตเนสน้อยกว่าค่า F_{median} จะมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่าน้อยกว่าว้ชพีชต้นที่มีค่าฟิตเนสมากกว่าค่า F_{median}

2.4.3.3 การผสมผสานอัลกอริทึม M-IWO กับ อัลกอริทึมดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน

เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการค้นหาของอัลกอริทึม M-IWO งานวิจัยนี้จึงได้นำเสนอแนวคิดในการนำกระบวนการทางพันธุศาสตร์ได้แก่กระบวนการมิวเตชัน และครอส โอเวอร์ ของอัลกอริทึมดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน มาประยุกต์ใช้ร่วมกับกระบวนการในอัลกอริทึม M-IWO ซึ่งเรียกโมเดลใหม่นี้ว่า Differential Invasive Weed Optimization (DIWO)

ขั้นตอนการทำงานของโมเดล DIWO ประกอบด้วยขั้นตอนหลัก ดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- 1) ขั้นตอนการกำหนดประชากรเริ่มต้นของวัชพืช
เริ่มจากเมล็ดวัชพืช m เมล็ดถูกสุ่มกระจายไปยังพื้นที่การค้นหา ที่มีมิติเท่ากับ D ซึ่งวัชพืชทั้งหมดแทนด้วย $X_t = (\bar{x}_{1,t}, \bar{x}_{2,t}, \dots, \bar{x}_{m,t})$
- 2) ขั้นตอนการขยายพันธุ์
วัชพืชแต่ละต้นจะผลิตเมล็ดพันธุ์ขึ้นมาใหม่ โดยจำนวนของเมล็ดที่วัชพืชแต่ละต้นสามารถผลิตได้จะขึ้นอยู่กับค่าฟิตเนสของวัชพืชแต่ละต้น แสดงดังสมการที่ 2.18

$$s_i = \text{floor}\left(\frac{F_{\max} - f(\bar{x}_i)}{F_{\max} - F_{\min}}\right) s_{\max} \quad (2.18)$$

- เมื่อ s_i คือจำนวนเมล็ดที่วัชพืชต้นที่ i ผลิตได้
 s_{\max} คือจำนวนที่มากที่สุดของเมล็ดที่วัชพืชสามารถผลิตได้
 F_{\max} คือค่าฟิตเนสที่มากที่สุด
 F_{\min} คือค่าฟิตเนสที่น้อยที่สุด
 $\text{floor}(x)$ คือฟังก์ชันที่ทำให้ x เป็นจำนวนเต็ม โดยปัดค่า x ให้เป็นจำนวนเต็มที่ใกล้ x ไปทาง $-\infty$

- 3) ขั้นตอนการแพร่กระจายทางพื้นที่
ในแต่ละรอบการทำงาน วัชพืชแต่ละต้นจะมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ($\sigma_{i,t}$) ที่ใช้สำหรับการแพร่กระจายเมล็ด โดยคำนวณได้จากสมการที่ (2.17)
- 4) ในขั้นตอนนี้จะเป็นการนำกระบวนการมิวเตชันและการครอสโอเวอร์ของอัลกอริทึมดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน เข้ามาปรับปรุงประชากรก่อนที่จะเข้าสู่ขั้นตอนของการคัดเลือกประชากรวัชพืชในรุ่นถัดไป

โดยที่ประชากรวัชพืชและเมล็ดทั้งหมดจะถูกสร้างขึ้นมาใหม่ กำหนดให้เป็น intermediate population ซึ่งมีจำนวนประชากรเท่ากับ n แทนด้วย $\bar{v}_{i,t}$ โดยที่ $i=1,2,3,\dots,n$ หลังจากนั้นกระบวนการของการมิวเตชัน (สร้าง mutant vector) และ การครอสโอเวอร์ จะถูกนำมาใช้กับแต่ละ $\bar{v}_{i,t}$ เพื่อสร้าง another population (z_i) ซึ่ง z_i ได้มาจากกระบวนการดังต่อไปนี้

กระบวนการมิวเตชัน แสดงได้ดังสมการที่ 2.19

$$\bar{y}_{i,t} = \bar{v}_{\alpha_1,t} + F(\bar{v}_{\alpha_2,t} - \bar{v}_{\alpha_3,t}) \quad (2.19)$$

- เมื่อ $\bar{y}_{i,t}$ คือ mutant vector

F คือ weighing factor มีค่าอยู่ระหว่าง 0 ถึง 2
 $\alpha_1, \alpha_2, \alpha_3$ คือตัวเลขจำนวนเต็มที่ได้จากการสุ่มเลือกในช่วง $[1, n]$

กระบวนการครอสโอเวอร์ แสดงได้ดังสมการที่ 2.20

$$z_{j,i,t} = \begin{cases} y_{j,i,t} & \text{if } (\text{rand}(0,1) \leq P_{Cr}) \cup (j = j_{\text{rand}}) \\ v_{j,i,t} & \text{if } \text{rand}(0,1) > P_{Cr}, j \in [1, 2, \dots, D] \end{cases} \quad (2.20)$$

เมื่อ Cr คือ Crossover Constant มีค่าเป็นตัวเลขจำนวนจริงที่มีค่าระหว่าง 0 ถึง 1
 j คือตำแหน่งของเวกเตอร์ มีค่าตั้งแต่ 0, 1, ..., D - 1

จากสมการที่ 2.20 อธิบายได้ว่า $z_{j,i,t}$ ถูกสร้างมาจาก $y_{j,i,t}$ และ $v_{j,i,t}$ โดยมีเงื่อนไขคือ ถ้าค่าที่ได้จากการสุ่มในครั้งที่ j มีค่าน้อยกว่าหรือเท่ากับค่า Cr แล้วตำแหน่งที่ j ของ $y_{j,i,t}$ จะกลายเป็นค่าในตำแหน่งที่ j ของ $z_{j,i,t}$ แต่ถ้าค่าที่ได้จากการสุ่มมีค่ามากกว่าค่า Cr แล้วตำแหน่งที่ j ของ $v_{j,i,t}$ จะกลายเป็นค่าในตำแหน่งที่ j ของ $z_{j,i,t}$ แทน กระบวนการข้างต้นจะถูกดำเนินการจนครบทุกตำแหน่งของ $z_{j,i,t}$

5) การคัดเลือกประชากรโดยใช้วิธีของอัลกอริทึมดิวเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน

โดยในขั้นตอนการคัดเลือกนี้ จะกำหนดให้ P_i คือประชากรที่ถูกคัดเลือกให้เป็นประชากรในรุ่นต่อไป โดยที่ $i=1, 2, 3, \dots, n$ ซึ่ง P_i ได้มาจากการเปรียบเทียบค่าฟิตเนสของ $z_{i,t}$ กับ $v_{i,t}$ ในกรณีที่ $z_{i,t}$ ให้ค่าฟิตเนสที่ดีกว่า $v_{i,t}$ แล้ว $z_{i,t}$ ก็จะถูกเลือกให้เป็นประชากรในรุ่นต่อไป แต่ถ้า $v_{i,t}$ ให้ค่าฟิตเนสที่ดีกว่า $z_{i,t}$ แล้ว $v_{i,t}$ ก็จะถูกเลือกให้เป็นประชากรในรุ่นต่อไป แสดงได้ดังสมการที่ 2.21

$$\bar{P}_i = \begin{cases} \bar{z}_i, & \text{if } f(\bar{z}_i) \leq f(\bar{v}_i) \\ \bar{v}_i, & \text{if } f(\bar{z}_i) > f(\bar{v}_i) \end{cases} \quad (2.21)$$

6) การคัดเลือกประชากรโดยใช้วิธีของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวฬพีช

จัดเรียงค่าฟิตเนสของประชากร P จากค่าฟิตเนสที่ดีที่สุดไปยังค่าฟิตเนสที่ย่ำที่สุด จากนั้น วฬพีชทั้งหมด m ดัน จะได้รับการคัดเลือกให้เป็นประชากรในรุ่นต่อไป

ทำซ้ำขั้นตอนที่ 2 ถึง 6 จนถึงเกณฑ์การหยุดการเรียนรู้

ในงานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อลดระดับของ sidelobe (MSLL) และ primary lobe Beamwidth (BWFN) ให้มีค่าน้อยที่สุด โดยฟังก์ชันวัตถุประสงค์ที่ใช้คือ ค่าผลรวมของค่าถ่วงน้ำหนักของ MSLL และ BWFN ดังสมการที่ 2.22

$$F = w_1 \text{MSLL} + w_2 \text{BWFN} \quad (2.22)$$

เมื่อ F คือฟังก์ชันวัตถุประสงค์

ในการทดลองนี้ จะเปรียบเทียบโมเดล DIWO ที่นำเสนอกับสามอัลกอริทึมเชิงวิวัฒนาการ ได้แก่ อัลกอริทึมพาร์ทิเคิลสวอร์มออปติไมเซชัน อัลกอริทึมดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน และอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวชิชแบบดั้งเดิม ในการทดลองจะใช้ 2 กรณีทดสอบเพื่อทำการเปรียบเทียบ โดยกำหนดให้ $w_1 = 1$ และ $w_2 = 1$

ซึ่งผลการทดลองที่ 1 สรุปได้ว่า โมเดล DIWO มีค่า BWFN และ ค่า MSLL ที่น้อยที่สุด (ดีที่สุด) เมื่อเปรียบเทียบกับอัลกอริทึมอื่นๆ และผลการทดลองที่ 2 สรุปได้ว่า โมเดล DIWO ให้ค่า beamwidth และค่า MSLL ที่ดีที่สุด เมื่อเปรียบเทียบกับอัลกอริทึมอื่นๆ

จากการศึกษางานวิจัยนี้สามารถวิเคราะห์จุดเด่นที่สำคัญได้ว่า โมเดล DIWO ที่นำเสนอมีความพยายามในการปรับปรุงประสิทธิภาพอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวชิช (M-IWO) โดยการใช้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่าแตกต่างกันสำหรับวชิชแต่ละต้นในแต่ละรอบการทำงาน และได้นำกระบวนการมิวเตชัน และการครอสโอเวอร์ ของอัลกอริทึมดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน มาประยุกต์ใช้ร่วมกับกระบวนการในอัลกอริทึม M-IWO ซึ่งแนวคิดนี้จะช่วยเพิ่มความหลากหลายให้กับประชากรและยังช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการค้นหาของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวชิชแบบดั้งเดิม ส่วนจุดด้อยของโมเดล DIWO คือ ความซับซ้อนของขั้นตอนวิธี ที่มีการเพิ่มขั้นตอนของการมิวเตชันและการครอสโอเวอร์เข้ามา ซึ่งอาจจะเพิ่มเวลาที่ใช้ในการเข้าสู่จุดที่เหมาะสมที่สุด เช่น ถ้าในกรณีที่ชุดข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบมีขนาดใหญ่อาจจะทำให้ใช้เวลานานในการเข้าสู่จุดที่เหมาะสมที่สุด

2.4.4 A hybrid IWO/PSO algorithm for fast and global optimization (Hossein Hajimirsadeghi, 2009)

งานวิจัยนี้นำเสนอโมเดล IWO/PSO ซึ่งเกิดจากการผสมผสานระหว่างคุณลักษณะที่ดีของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวชิชและอัลกอริทึมพาร์ทิเคิลสวอร์มออปติไมเซชันเข้าด้วยกัน เพื่อปรับปรุงความเร็วในการเข้าสู่จุดที่เหมาะสมที่สุด และเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการค้นหา

คำตอบที่เหมาะสมที่สุดแบบวงกว้าง สำหรับการแก้ปัญหาออปติไมเซชัน โดยโมเดล IWO/PSO ได้นำแนวคิดของทั้งสองอัลกอริทึม ได้แก่ แนวคิดแบบปัญญารวมหมู่ (Swarm Intelligence) และการสื่อสารกันภายในกลุ่มของอัลกอริทึมพาร์ทิเคิลสวอร์มออปติไมเซชัน มาประยุกต์ใช้ร่วมกับแนวคิดการขยายพันธุ์และการแก่งแย่งแข่งขันของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช

2.4.4.1 อัลกอริทึมพาร์ทิเคิลสวอร์มออปติไมเซชัน

อัลกอริทึมพาร์ทิเคิลสวอร์มออปติไมเซชันเป็นวิธีการค้นหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุด ถูกนำเสนอเป็นครั้งแรกโดย Kennedy และ Eberhart ในปี 1995 การทำงานของอัลกอริทึมพาร์ทิเคิลสวอร์มเลียนแบบมาจากพฤติกรรมทางสังคมของฝูงนกที่มักจะออกหาอาหารพร้อมๆ กันเป็นฝูง และมักจะมีตัวหนึ่งเป็นผู้นำฝูง หรือที่เรียกว่าจ่าฝูง โดยนกในฝูงทุกตัวจะบินตามจ่าฝูงในการหาอาหาร เมื่อนำมาเปรียบเทียบกับอัลกอริทึมพาร์ทิเคิลสวอร์ม ฝูงนกในอัลกอริทึมพาร์ทิเคิลสวอร์ม ซึ่งถูกเรียกว่า Swarm แท้จริงแล้วคือ กลุ่มของพาร์ทิเคิล (Particles) ในพื้นที่การค้นหาหลายมิติ (Dimensional space) ซึ่งพาร์ทิเคิลแต่ละตัวจะต้องเก็บข้อมูลเวกเตอร์สองเวกเตอร์ ได้แก่ เวกเตอร์ระบุตำแหน่ง (X_i) และเวกเตอร์ระบุความเร็วในการบิน (V_i) สมมติให้ฝูงพาร์ทิเคิลบินอยู่ในพื้นที่การค้นหาหลายมิติ ในทุกๆ รอบการทำงาน (t) ตัวพาร์ทิเคิลแต่ละตัวในฝูงจะต้องจำตำแหน่งที่ดีที่สุดของตัวเอง (P_i) และตำแหน่งที่ดีที่สุดของพาร์ทิเคิลทั้งหมด (P_g) สมาชิกในฝูงจะทำการสื่อสารข้อมูลของตำแหน่งกับสมาชิกตัวอื่น และทำการเปลี่ยนความเร็วและเคลื่อนที่ไปยังตำแหน่งใหม่เพื่อให้เข้าใกล้ตำแหน่งที่ดีที่สุดมากยิ่งขึ้น ความเร็วของพาร์ทิเคิลแต่ละตัวที่เปลี่ยนแปลงไปคำนวณได้ดังสมการที่ 2.23

$$V_i(t+1) = \omega V_i(t) + c_1 \varphi_1 (P_i(t) - X_i(t)) + c_2 \varphi_2 (P_g(t) - X_i(t)) \quad (2.23)$$

และตำแหน่งใหม่ของพาร์ทิเคิลแต่ละตัว คำนวณได้ดังสมการที่ 2.24

$$X_i(t+1) = X_i(t) + V_i(t+1) \quad (2.24)$$

เมื่อ	c_1, c_2	คือค่าคงที่ที่มีค่าเป็นบวก
	φ_1, φ_2	คือค่าตัวเลขที่ทำการสุ่มขึ้นมา มีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 1
	ω	คือค่าน้ำหนักแรงเฉื่อย

2.4.4.2 การผสมผสานระหว่างอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของว้ชพีชและอัลกอริทึมพาร์ทิเคิลสวอร์มออฟดิโมเซชัน (The Hybrid IWO/PSO Algorithm)

อัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของว้ชพีชและอัลกอริทึมพาร์ทิเคิลสวอร์มออฟดิโมเซชัน เป็นวิธีการที่มีความแตกต่างกันสำหรับการเพิ่มประสิทธิภาพในการค้นหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุด จุดเด่นของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของว้ชพีชคือ มีความหลากหลายของประชากรและมีประสิทธิภาพสูงในการค้นหา ส่วนจุดเด่นของอัลกอริทึมพาร์ทิเคิลสวอร์มออฟดิโมเซชันคือ มีการเคลื่อนที่เป็นกลุ่มและมีการส่งสัญญาณเพื่อสื่อสารกันภายในกลุ่ม งานวิจัยนี้จึงได้นำจุดเด่นของทั้งสองอัลกอริทึมนี้มาผสมผสานกัน

แนวความคิดหลักของโมเดล IWO/PSO คือการปรับปรุงตำแหน่งของเมล็ดก่อนการแพร่กระจาย โดยใช้สมการในอัลกอริทึมพาร์ทิเคิลสวอร์มออฟดิโมเซชัน นั่นคือหลังจากที่ว้ชพีชผลิตเมล็ดขึ้นมาแล้ว ความเร็วในการบิน (V_i) จะถูกปรับปรุงด้วยสมการที่ (2.25) ตำแหน่งชั่วคราวของเมล็ด (X_i) จะถูกปรับปรุงด้วยสมการที่ (2.26) และสุดท้ายเมล็ดทั้งหมดจะถูกสุ่มแพร่กระจายไปยังพื้นที่การค้นหาเช่นเดียวกับกระบวนการที่ใช้ในอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของว้ชพีช เพื่อคัดเลือกประชากรในรุ่นต่อไป

โดยขั้นตอนการทำงานของโมเดล IWO/PSO ที่นำเสนอ มีรายละเอียดดังนี้

- 1) กำหนดว้ชพีชเริ่มต้นโดยการสุ่ม โดยว้ชพีชแต่ละต้นประกอบด้วยค่าตำแหน่ง $X_i = (X_{i1}, X_{i2}, X_{i3}, \dots, X_{in})$ และค่าความเร็วในการเคลื่อนที่ $V_i = (V_{i1}, V_{i2}, V_{i3}, \dots, V_{in})$
- 2) กำหนดค่าฟิตเนสของว้ชพีชทั้งหมด
- 3) กำหนดค่าฟิตเนสที่สูงสุดและต่ำสุดจากว้ชพีชทั้งหมด
- 4) กำหนดค่า P_g เมื่อ P_g แทนตำแหน่งที่ดีที่สุดของว้ชพีช จากว้ชพีชทั้งหมด
- 5) กำหนดค่า P_i เมื่อ P_i แทนตำแหน่งที่ดีที่สุดของว้ชพีชต้นที่ i
- 6) กำหนดจำนวนของเมล็ดโดยขึ้นอยู่กับค่าฟิตเนสของว้ชพีชแต่ละต้น
- 7) ปรับค่าความเร็วของแต่ละเมล็ด จากสมการที่ 2.25

$$V_{i,s}(t+1) = \omega V_i(t) + c_1 \phi_{1,s}(P_i(t) - X_i(t)) + c_2 \phi_{2,s}(P_g(t) - X_i(t)) \quad (2.25)$$

เมื่อ $V_{i,s}$ คือค่าความเร็วของเมล็ดลำดับที่ i

- 8) ปรับค่าตำแหน่งของแต่ละเมล็ด จากสมการที่ 2.26

$$X_{i,s}(t+1) = X_i(t) + V_{i,s}(t+1) \quad (2.26)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

เมื่อ $X_{i,s}$ คือค่าตำแหน่งของเมล็ดลำดับที่ i

9) สุ่มแพร่กระจายเมล็ดทั้งหมดไปยังพื้นที่การค้นหา โดยเป็นการสุ่มกระจายแบบปกติ

10) ค่าฟิตเนสของเมล็ดจะถูกนำมาจัดลำดับร่วมกับค่าฟิตเนสของต้นวัชพืช ถ้าจำนวนของประชากรวัชพืชทั้งหมดมีมากกว่าจำนวนสูงสุดของประชากรวัชพืชที่กำหนดไว้ วัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่แย่จะถูกกำจัดออกไปจนได้จำนวนของประชากรวัชพืชเท่ากับจำนวนสูงสุดของประชากรวัชพืชที่กำหนดไว้

11) ทำซ้ำขั้นตอนที่ 2-10 จนกระทั่งจำนวนรอบการทำงานครบตามที่กำหนดไว้ จึงหยุดการทำงาน

งานวิจัยนี้ได้แบ่งการทดลองเป็น 2 ส่วนคือ ส่วนแรกทดสอบ Griewank function ระหว่างโมเดล IWO/PSO กับอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิม อัลกอริทึมพาร์ทิเคิล-สวอรัมออฟดีไมเซชันแบบมาตรฐาน จีเนติกอัลกอริทึม มีเมติกอัลกอริทึม และอัลกอริทึมการกระโดดของกบ ผลการทดลองสรุปได้ว่า โมเดล IWO/PSO ที่นำเสนอให้ค่าเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องในการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดมากกว่าอัลกอริทึมอื่นที่นำมาเปรียบเทียบ

ส่วนการทดลองที่สองเป็นการทดสอบ Rastrigin function ระหว่างโมเดล IWO/PSO กับ 1) Standard type PSO (SPSO) 2) Construction type PSO (CPSO) 3) Optimized Particle Swarm Optimization (OPSO) และ 4) Fast Particle Swarm Optimization (FPSO) ผลการทดลองสรุปได้ว่า โมเดล IWO/PSO ที่นำเสนอมีประสิทธิภาพในการค้นหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดมากกว่าอัลกอริทึมอื่นที่นำมาเปรียบเทียบ

จากการศึกษางานวิจัยนี้สามารถวิเคราะห์จุดเด่นที่สำคัญได้ว่า โมเดลที่นำเสนอสามารถเข้าสู่จุดที่เหมาะสมที่สุดได้อย่างรวดเร็วและมีประสิทธิภาพในการค้นหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดแบบวงกว้าง แต่อย่างไรก็ตาม โมเดลนี้ยังมีจุดด้อยคือ ความซับซ้อนของขั้นตอนวิธีและการคำนวณที่เพิ่มมากขึ้น

2.4.5 A modified invasive weed optimization with crossover operation (Xuncai Zhang, Ying Niu, Guangzhao Cui and Yanfeng Wang, 2010)

งานวิจัยนี้นำเสนอโมเดล MIWO ซึ่งเกิดจากการผสมผสานกันระหว่างอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชและอัลกอริทึมเชิงวิวัฒนาการ แนวความคิดหลักของโมเดล MIWO คือการนำกระบวนการครอสโอเวอร์มาช่วยเพิ่มความหลากหลายให้กับประชากรวัชพืช โดยมีรายละเอียดดังนี้

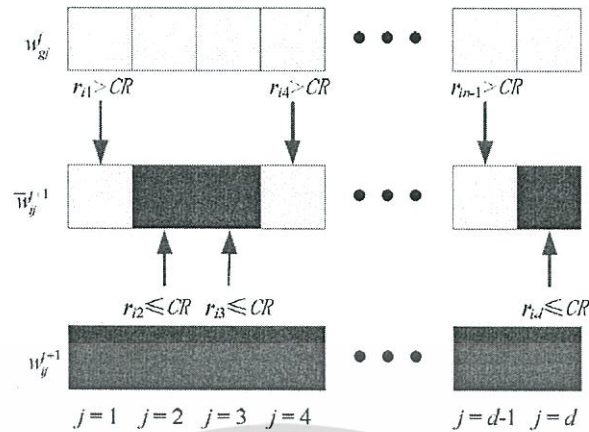
- 1) ทำการสร้างประชากรเริ่มต้นของวัชพืช และสุมกระจายประชากรเริ่มต้นไปยังพื้นที่การค้นหาค่า n มิติ โดยวัชพืชแต่ละต้นประกอบด้วยค่าตำแหน่ง $W_i = (w_{i1}, w_{i2}, \dots, w_{in})$ และกำหนดให้ W_g แทนวัชพืชต้นที่มีค่าฟิตเนสที่ดีที่สุดจากจำนวนวัชพืชทั้งหมด
- 2) ทำการครอสโอเวอร์ ระหว่าง W_{ij} และ W_g เพื่อสร้าง trial vector (\hat{W}_{ij}) โดยมีเงื่อนไขดังนี้

$$\hat{W}_{ij}^{t+1} = \begin{cases} W_{ij}^{t+1} & \text{if } r_{ij} \leq CR \\ W_g^t & \text{otherwise} \end{cases}, \quad (2.27)$$

- เมื่อ \hat{W}_{ij}^{t+1} คือ trial vector
 r_{ij} คือการสุ่มตัวเลขจำนวนจริงที่มีค่าระหว่าง 0 ถึง 1 ครั้งที่ j
 CR คืออัตราการครอสโอเวอร์ที่กำหนดไว้ มีค่าระหว่าง 0 ถึง 1
 j คือตำแหน่งของมิติ มีค่าตั้งแต่ 1, 2, ..., n

จากสมการที่ 2.27 อธิบายได้ว่า \hat{W}_{ij}^{t+1} ถูกสร้างมาจาก W_{ij}^{t+1} และ W_g^t โดยมีเงื่อนไขคือถ้าค่าที่ได้จากการสุ่ม (r_{ij}) ในครั้งที่ j มีค่าน้อยกว่าหรือเท่ากับอัตราการครอสโอเวอร์ (CR) แล้วตำแหน่งที่ j ของ W_{ij}^{t+1} จะกลายเป็นค่าในตำแหน่งที่ j ของ \hat{W}_{ij}^{t+1} แต่ถ้าค่าที่ได้จากการสุ่ม มีค่ามากกว่าอัตราการครอสโอเวอร์ ตำแหน่งที่ j ของ W_g^t จะกลายเป็นค่าในตำแหน่งที่ j ของ \hat{W}_{ij}^{t+1} แทน ดำเนินการจนครบทุกตำแหน่งของ \hat{W}_{ij}^{t+1}

- 3) ดำเนินการครอสโอเวอร์จนครบทุกประชากรวัชพืช
- 4) คำนวณจำนวนของเมล็ด โดยขึ้นอยู่กับค่าฟิตเนสของวัชพืชแต่ละต้น
- 5) สุมแพร่กระจายเมล็ดทั้งหมดไปยังพื้นที่การค้นหาค่า โดยเป็นการสุ่มกระจายแบบปกติ
- 6) คัดเลือกประชากรวัชพืชเท่ากับจำนวนสูงสุดของประชากรวัชพืชที่กำหนดไว้
- 7) ทำซ้ำขั้นตอนที่ 2 - 6 จนกระทั่งจำนวนรอบการทำงานครบตามที่กำหนดไว้ จึงหยุดการทำงาน



รูปที่ 2.6 กระบวนการครอสโอเวอร์ระหว่าง W_{ij} และ W_{gj}^t เพื่อสร้าง trial vector (\hat{W}_{ij})

ในการงานวิจัยนี้ จะเปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำงานของโมเดล MIWO ที่นำเสนอ โดยเปรียบเทียบกับอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวชิชแบบดั้งเดิม และอัลกอริทึมพาร์ทิเคิลสวอร์มออปติไมเซชัน โดยเป็นการทดสอบกับฟังก์ชันมาตรฐาน 4 ฟังก์ชัน ได้แก่ 1) Sphere function 2) Griewank function 3) Rosenbrock function และ 4) Shubert function ในการทดลองทั้งหมดจะการใช้การตั้งค่าพารามิเตอร์พื้นฐานที่เหมือนกัน และในแต่ละฟังก์ชันมาตรฐานจะทำการทดลองจำนวน 50 ครั้ง ผลจากการทดลองสรุปได้ดังนี้ โมเดล MIWO ที่นำเสนอให้ค่าเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องในการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดมากกว่าอัลกอริทึมอื่นที่นำมาเปรียบเทียบ

จากการศึกษางานวิจัยนี้สามารถวิเคราะห์จุดเด่นที่สำคัญได้ว่า โมเดล MIWO ที่นำเสนอมีความพยายามในการปรับปรุงประสิทธิภาพในการค้นหาของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวชิชแบบดั้งเดิม โดยการประยุกต์ใช้การดำเนินการครอสโอเวอร์ร่วมกับอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวชิช ซึ่งการดำเนินการครอสโอเวอร์จะช่วยเพิ่มความหลากหลายให้กับประชากรและเพิ่มความสามารถในการค้นหาของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวชิช ส่วนจุดด้อยของโมเดลที่นำเสนอคือ ในการดำเนินการครอสโอเวอร์ประชากรวชิชกับประชากรวชิชที่ดีที่สุด ในบางครั้งอาจจะนำไปสู่การลู่เข้าสู่จุดที่เหมาะสมที่สุดแบบเฉพาะที่ แทนการลู่เข้าสู่จุดที่เหมาะสมที่สุดแบบวงกว้าง

บทที่ 3

การปรับปรุงอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชสำหรับการเรียนรู้โครงข่ายประสาทเทียมเพื่อการจำแนกประเภทข้อมูล

ในการศึกษาครั้งนี้ได้นำเสนออัลกอริทึมที่เกิดจากการปรับปรุงขั้นตอนการทำงานของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิม เพื่อให้มีประสิทธิภาพมากขึ้น สำหรับปัญหาการจำแนกประเภทข้อมูล โดยแบบจำลองการจำแนกประเภทข้อมูลจะใช้หลักการของ โครงข่ายประสาทเทียมร่วมกับอัลกอริทึมที่นำเสนอ

3.1 แนวคิดที่นำเสนอสำหรับปรับปรุงอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช

อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ปรับปรุงขั้นตอนการทำงานของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิม เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการค้นหาของอัลกอริทึม ซึ่งได้เสนอสองแนวคิดที่มีรายละเอียดดังนี้

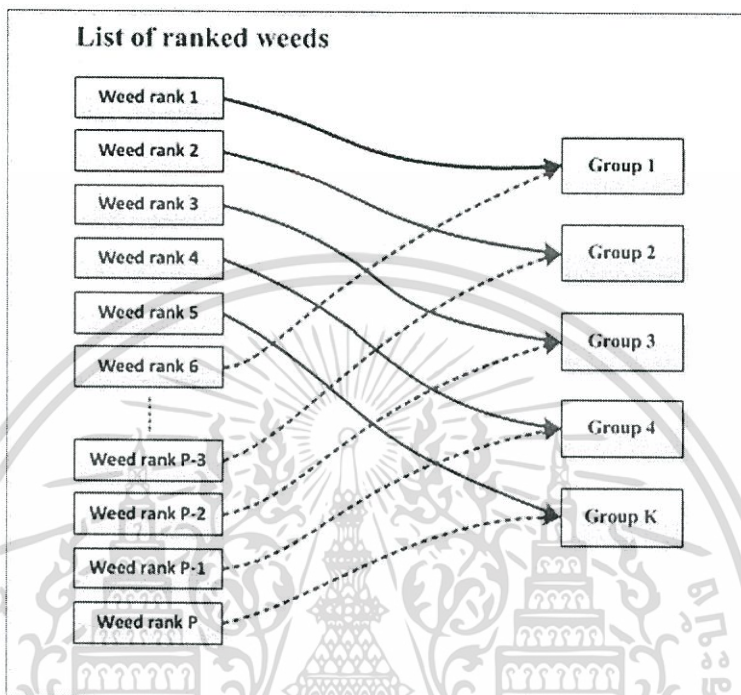
3.1.1 การแบ่งกลุ่ม

เนื่องจากอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิม ในขั้นตอนของการขยายพันธุ์วัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่ดีกว่าจะผลิตเมล็ดได้จำนวนที่มากกว่าวัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่แย่กว่า ด้วยหลักการนี้จึงทำให้มีประชากรที่เกิดจากประชากรที่มีค่าฟิตเนสที่ดีเพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่อง ส่งผลให้การค้นหาของอัลกอริทึมมีความเข้มข้นมากขึ้นเรื่อยๆ ประชากรที่มีค่าฟิตเนสที่ดีกว่า แทนการค้นหารอบๆ ประชากรที่มีค่าฟิตเนสที่แย่ ซึ่งมักจะพบว่าการค้นหารอบๆ ประชากรที่มีค่าฟิตเนสที่ดีมีโอกาสในบางทีอาจจะนำไปสู่การลู่เข้าก่อนกำหนด หรือการติดอยู่ในตำแหน่งที่เหมาะสมที่สุดแบบเฉพาะที่ (local optimum) ดังนั้นในงานวิจัยนี้ วิธีการแบ่งกลุ่มจะถูกนำมาใช้เพื่อแก้ปัญหาดังกล่าว ซึ่งขั้นตอนการแบ่งกลุ่มวัชพืชจะถูกเพิ่มเข้าไปในอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิม โดยขั้นตอนนี้จะดำเนินการก่อนขั้นตอนการขยายพันธุ์ของวัชพืช

หลักการที่สำคัญของวิธีนี้คือ การใช้ค่าฟิตเนสเป็นตัวกำหนดกลุ่มให้กับวัชพืช โดยประชากรวัชพืชทั้งหมดจะถูกแบ่งออกเป็นหลายๆ กลุ่ม ตามการจัดเรียงค่าฟิตเนสของวัชพืชแต่ละต้น ซึ่งในแต่ละกลุ่มจะมีทั้งวัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่ดีและวัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่แย่ วิธีการในการแบ่งกลุ่มสรุปได้ดังนี้

หลังจากการประเมินค่าฟิตเนสของวัชพืชทั้งหมดในอาณาจักร และเรียงลำดับวัชพืชตามค่าฟิตเนสจากค่าฟิตเนสที่ดีไปยังค่าฟิตเนสที่แย่แล้ว วัชพืชทั้งหมดจะถูกแบ่งออกเป็นหลายๆ กลุ่ม กำหนดให้ k เท่ากับจำนวนกลุ่มที่ต้องการ วิธีการจัดสรรกลุ่มให้กับวัชพืชคือ กำหนดให้วัชพืชที่มี

ค่าพิตเนตที่ดีเป็นลำดับที่หนึ่งจัดให้อยู่ในกลุ่มที่หนึ่ง วัชพืชที่มีค่าพิตเนตที่ดีเป็นลำดับที่สองจัดให้อยู่ในกลุ่มที่สอง วัชพืชที่มีค่าพิตเนตลำดับที่ k จัดให้อยู่ในกลุ่มที่ k และวัชพืชที่มีค่าพิตเนตลำดับที่ $k + 1$ จะจัดให้วนกลับไปอยู่ในกลุ่มที่หนึ่ง ดังแสดงในรูปที่ 3.1



รูปที่ 3.1 วิธีการจัดสรรกลุ่มให้กับวัชพืช

จากรูปที่ 3.1 แสดงวิธีการในการแบ่งกลุ่มวัชพืชออกเป็นหลายๆ กลุ่ม ซึ่งในแต่ละกลุ่มจะเห็นได้ว่ามีความหลากหลายของประชากร นั่นคือมีทั้งวัชพืชที่มีค่าพิตเนตที่ดี และวัชพืชที่มีค่าพิตเนตที่แยรวมอยู่ด้วยกัน ซึ่งข้อดีของวิธีการแบ่งกลุ่มคือ 1) การแบ่งกลุ่มจะช่วยเพิ่มความหลากหลายให้กับประชากรวัชพืช ลดความเสี่ยงที่อัลกอริทึมจะลู่เข้าสู่คำตอบก่อนกำหนด 2) การแบ่งกลุ่มจะช่วยลดความแตกต่างของค่าพิตเนตของประชากรโดยรวม และ 3) เพิ่มโอกาสให้กับวัชพืชที่มีค่าพิตเนตที่แยได้มีโอกาสในขยายพันธุ์มากขึ้น (ผลิตเมล็ดได้จำนวนมากขึ้น)

3.1.2 การปรับปรุงการกระจายเชิงพื้นที่

3.1.2.1 วิธีการกระจายเชิงพื้นที่ของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิม

ในขั้นตอนการกระจายเชิงพื้นที่ของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิมได้นำเสนอฟังก์ชันการแจกแจงแบบปกติ (Normal distribution function) ที่มีค่าเฉลี่ยเท่ากับศูนย์แต่มีส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานดังสมการที่ 3.1 เพื่อใช้ในการแพร่กระจายเมล็ดวัชพืชไปยังพื้นที่การค้นหาค่า ซึ่งในอัลกอริทึมนี้มีสององค์ประกอบที่สำคัญได้แก่ ความหลากหลายของประชากร ซึ่งใช้

ในการค้นหาแบบวงกว้าง (global search) และความหนาแน่นของประชากร ซึ่งใช้ในการค้นหาแบบเฉพาะที่ (local search)

$$\sigma_i(\text{iter}) = \sigma_{\text{final}} + \left[\left(\frac{\text{iter}_{\text{max}} - \text{iter}}{\text{iter}_{\text{max}}} \right)^n \times (\sigma_{\text{initial}} - \sigma_{\text{final}}) \right] \quad (3.1)$$

จากสมการที่ 3.1 อธิบายได้ว่าในรอบการทำงานช่วงเริ่มต้น อัลกอริทึมนี้จะใช้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่ามากในการแพร่กระจายเมล็ด เพื่อให้เมล็ดกระจายไปตกในพื้นที่ที่มีระยะทางที่ห่างไกลจากต้นแม่วัชพืช จากนั้นค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานจะค่อยๆ ลดลง เพื่อลดการแพร่กระจายเมล็ดให้อยู่ในบริเวณ ใกล้เคียงกับต้นแม่วัชพืชในรอบการทำงานช่วงสุดท้าย

จุดค้อยของขั้นตอนนี้คือ การใช้ฟังก์ชันการแจกแจงแบบปกติสำหรับการแพร่กระจายเมล็ดไปยังพื้นที่การค้นหา ซึ่งในแต่ละรอบการทำงานอัลกอริทึมจะใช้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่าเท่ากันสำหรับวัชพืชทั้งหมดในอาณาจักร นั่นคือ วัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่ดีจะมีความสามารถในการกระจายเมล็ดได้เช่นเดียวกับวัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่แย่ ซึ่งต่างจากความเป็นจริงที่วัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่แย่กว่าย่อมจำเป็นที่จะต้องมีการเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มากกว่า เพื่อให้สามารถแพร่กระจายเมล็ดออกไปในพื้นที่ที่ห่างไกลจากตำแหน่งปัจจุบันเพื่อไปยังพื้นที่ที่มีความเหมาะสมมากกว่า

ตัวอย่างที่ 1 ในรอบที่ 1, 50 และ 100 กำหนดให้มีวัชพืชทั้งหมด 10 ต้น ค่า σ_{initial} เท่ากับ 2 ค่า σ_{final} เท่ากับ 0.01 ค่า iter_{max} เท่ากับ 100 ค่า P_{max} เท่ากับ 10 และค่า n เท่ากับ 3 ใช้สมการที่ (3.1) คำนวณค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชทุกต้น โดยค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่ได้แสดงดังตารางที่ 3.1

ตารางที่ 3.1 ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชในรอบการทำงานที่แตกต่างกัน

วัชพืช (ต้นที่)	รอบการทำงานที่ 1		รอบการทำงานที่ 50		รอบการทำงานที่ 100	
	ค่าฟิตเนส	ค่าส่วนเบี่ยงเบน มาตรฐาน	ค่าฟิตเนส	ค่าส่วนเบี่ยงเบน มาตรฐาน	ค่าฟิตเนส	ค่าส่วนเบี่ยงเบน มาตรฐาน
1	226.3964	1.9409	45.3959	0.2588	44.7319	0.0100
2	226.9654	1.9409	45.4227	0.2588	44.7326	0.0100
3	227.3541	1.9409	45.4263	0.2588	44.7336	0.0100
4	227.9117	1.9409	45.4332	0.2588	44.7337	0.0100
5	229.0278	1.9409	45.4389	0.2588	44.7344	0.0100
6	229.2734	1.9409	45.4487	0.2588	44.7345	0.0100
7	231.0393	1.9409	45.4535	0.2588	44.7345	0.0100

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.1 (ต่อ) ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชในรอบการทำงานที่แตกต่างกัน

วัชพืช (ต้นที่)	รอบการทำงานที่ 1		รอบการทำงานที่ 50		รอบการทำงานที่ 100	
	ค่าฟิตเนส	ค่าส่วนเบี่ยงเบน มาตรฐาน	ค่าฟิตเนส	ค่าส่วนเบี่ยงเบน มาตรฐาน	ค่าฟิตเนส	ค่าส่วนเบี่ยงเบน มาตรฐาน
8	231.7253	1.9409	45.4599	0.2588	44.7347	0.0100
9	233.4451	1.9409	45.4673	0.2588	44.7349	0.0100
10	233.9775	1.9409	45.4761	0.2588	44.7351	0.0100

จากตารางที่ 3.1 แสดงค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชแต่ละต้นในรอบการทำงานที่แตกต่างกัน จะเห็นได้ว่าวัชพืชทุกต้นจะแพร่กระจายเมล็ดด้วยค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่าเท่ากัน โดยที่ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานจะมีค่าลดลงจากค่า σ_{initial} ที่กำหนดไว้ ไปจนถึงค่า σ_{final} เมื่อจำนวนรอบการทำงานเพิ่มขึ้น

3.1.2.2 วิธีการกระจายเชิงพื้นที่ของอัลกอริทึมที่นำเสนอ

เพื่อปรับปรุงประสิทธิภาพในการค้นหาของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิม งานวิจัยนี้จึงได้นำเสนอแนวคิดในการปรับปรุงค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานด้วยค่าฟิตเนสของวัชพืชแต่ละต้น โดยแนวคิดที่นำเสนอคือ ในแต่ละรอบการทำงาน ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่ใช้สำหรับการแพร่กระจายเมล็ดไปยังพื้นที่การค้นหาของวัชพืชทั้งหมดในอาณาจักรจะมีค่าที่แตกต่างกัน ดังแสดงในสมการที่ 3.2 – 3.3

$$\sigma_{\text{iter}} = \sigma_{\text{final}} + \left(\frac{\text{iter}_{\text{max}} - \text{iter}}{\text{iter}_{\text{max}}} \right) \times \left(e^{-\Delta f_i} \right) \times (\sigma_{\text{initial}} - \sigma_{\text{final}}) \quad (3.2)$$

โดยที่

$$\Delta f_i = |f(W_i) - f(W_w)| \quad (3.3)$$

เมื่อ $\sigma_i(\text{iter})$ คือค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชต้นที่ i

Δf_i คือค่าสัมบูรณ์ของค่าฟิตเนสระหว่างวัชพืชต้นที่ i กับวัชพืชต้นที่แย่ที่สุด

$f(W_i)$ คือค่าฟิตเนสของวัชพืชต้นที่ i

$f(W_w)$ คือค่าฟิตเนสของวัชพืชต้นที่แย่ที่สุด

จากสมการที่ 3.2 – 3.3 แสดงให้เห็นว่าค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานจะมีการเปลี่ยนแปลงขึ้นอยู่กับค่าฟิตเนสของวัชพืชแต่ละต้น โดยวัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่ดี จะมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ที่มีค่าน้อย และวัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่แย่ จะมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่ามาก โดยที่ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานจะมีค่าอยู่ระหว่างค่า σ_{initial} กับ σ_{final} จึงอธิบายได้ว่า วัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่ดีจะกระจายเมล็ดที่ผลิตได้อยู่ในบริเวณที่ใกล้เคียงหรือรอบๆ กับต้นแม่วัชพืช ส่วนวัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่แย่จะกระจายเมล็ดที่ผลิตได้ไปยังพื้นที่ที่ห่างไกลจากต้นแม่วัชพืช ข้อดีของแนวคิดนี้คือ 1) วัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่แย่จะได้รับโอกาสมากขึ้นในกระจายเมล็ดไปตกยังพื้นที่ที่มีความเหมาะสมมากกว่า และ 2) ช่วยให้อัลกอริทึมสำรวจพื้นที่การค้นหาได้อย่างมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น

ตัวอย่างที่ 2 ในรอบที่ 1,50 และ 100 กำหนดให้มีวัชพืชทั้งหมด 10 ต้น ค่า σ_{initial} เท่ากับ 2 ค่า σ_{final} เท่ากับ 0.01 ค่า iter_{max} เท่ากับ 100 และค่า P_{max} เท่ากับ 10 ใช้สมการที่ (3.2) – (3.3) คำนวณค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชทุกต้น ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่ได้แสดงดังตารางที่ 3.2

ตารางที่ 3.2 ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชแต่ละต้นในรอบการทำงานที่แตกต่างกัน

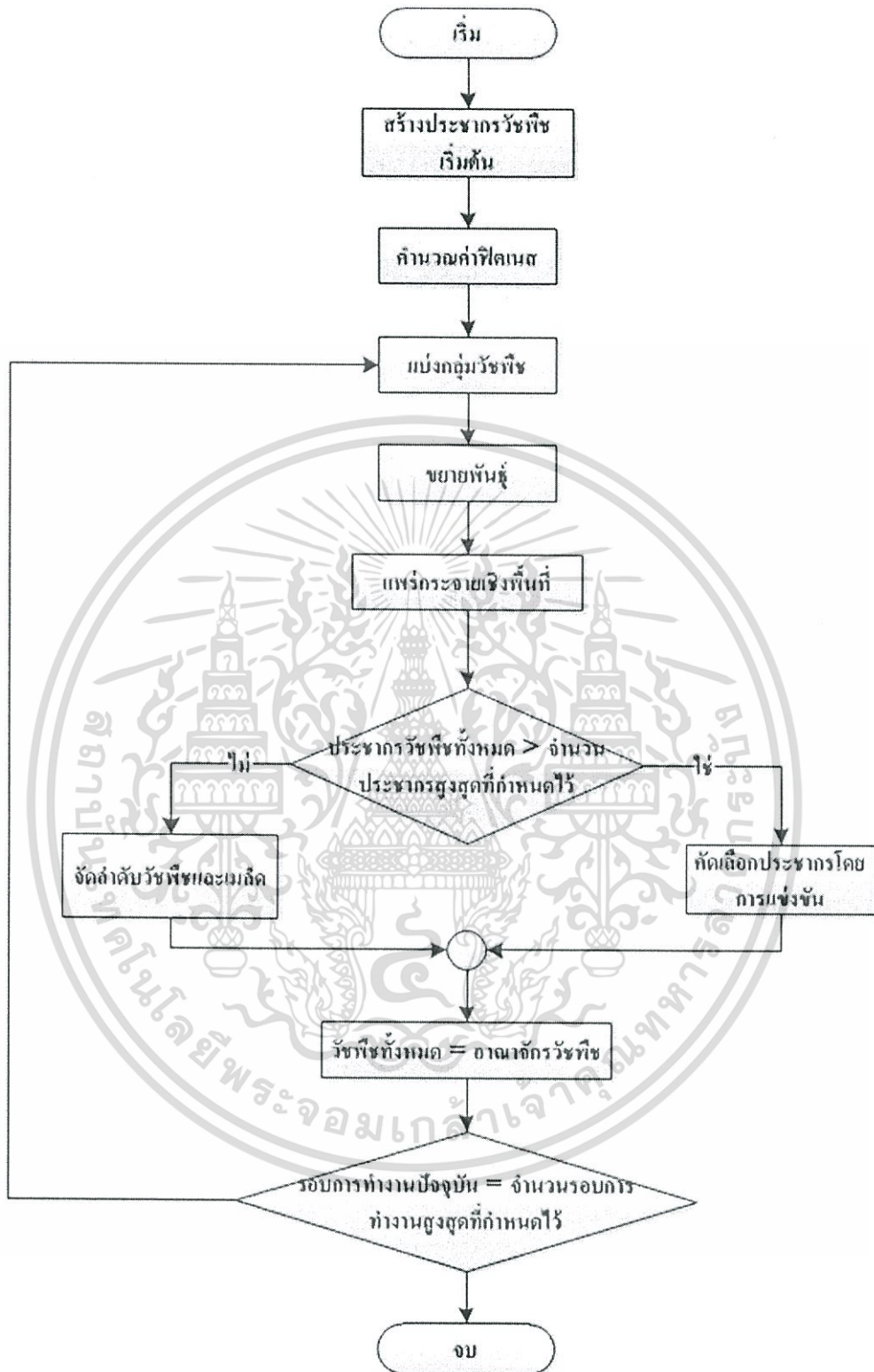
วัชพืช (ต้นที่)	รอบการทำงานที่ 1		รอบการทำงานที่ 50		รอบการทำงานที่ 100	
	ค่าฟิตเนส	ค่าส่วนเบี่ยงเบน มาตรฐาน	ค่าฟิตเนส	ค่าส่วนเบี่ยงเบน มาตรฐาน	ค่าฟิตเนส	ค่าส่วนเบี่ยงเบน มาตรฐาน
1	220.4194	0.0100	43.1269	0.2643	41.2157	0.0100
2	221.3691	0.0100	43.2791	0.3061	41.2158	0.0100
3	222.7382	0.0100	43.6381	0.4340	41.2161	0.0100
4	225.1937	0.0104	43.7412	0.4801	41.2162	0.0100
5	226.2796	0.0110	43.7989	0.5080	41.2169	0.0100
6	226.9149	0.0120	43.9313	0.5785	41.2170	0.0100
7	228.6454	0.0212	44.2558	0.7964	41.2171	0.0100
8	229.8292	0.0465	44.2872	0.8215	41.2174	0.0100
9	229.8670	0.0479	44.4488	0.9638	41.2177	0.0100
10	233.8188	1.9801	44.4709	0.9851	41.2179	0.0100

จากตารางที่ 3.2 แสดงค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชแต่ละต้นในรอบการทำงานที่แตกต่างกัน จะเห็นได้ว่าวัชพืชแต่ละต้นจะแพร่กระจายเมล็ดด้วยค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่แตกต่างกัน โดยวัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่ดีที่สุด จะมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่าน้อยที่สุด และวัชพืชที่มีค่าฟิตเนสที่แย่ที่สุด จะมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่ามากที่สุด โดยที่ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานจะลดลงจากค่า σ_{initial} ที่กำหนดไว้ ไปจนถึงค่า σ_{final} เมื่อจำนวนรอบการทำงานเพิ่มขึ้น

3.2 โครงสร้างการทำงานของอัลกอริทึมที่นำเสนอ

อัลกอริทึมที่นำเสนอได้มีการเพิ่มขั้นตอนการทำงานขึ้นอีก 1 ขั้นตอนได้แก่ ขั้นตอนการแบ่งกลุ่ม ดังนั้นโครงสร้างการทำงานของอัลกอริทึมที่นำเสนอจึงประกอบไปด้วยขั้นตอนหลัก 5 ขั้นตอน ดังแสดงในรูปที่ 3.2 ประกอบด้วย

- 1) ขั้นตอนการกำหนดวัชพืชเริ่มต้น ซึ่งวัชพืชแต่ละต้นจะเป็นตัวแทนของผลลัพธ์ (Solution) โดยวัชพืชจะถูกสุ่มกระจายไปทั่วๆ พื้นที่การค้นหา
- 2) ขั้นตอนการแบ่งกลุ่มวัชพืช โดยการใช้ค่าฟิตเนสเป็นตัวกำหนดกลุ่มให้กับวัชพืชทั้งหมด
- 3) ขั้นตอนการขยายพันธุ์ ขั้นตอนนี้วัชพืชในแต่ละกลุ่มจะทำการผลิตเมล็ด โดยจำนวนของเมล็ดที่ผลิตได้ จะขึ้นอยู่กับค่าฟิตเนสของวัชพืชแต่ละต้น ค่าฟิตเนสที่ดีที่สุดและค่าฟิตเนสที่แย่ที่สุดของในแต่ละกลุ่ม
- 4) ขั้นตอนการแพร่กระจายเชิงพื้นที่ ขั้นตอนนี้เมล็ดที่ผลิตได้จากวัชพืชในแต่ละกลุ่ม จะถูกสุ่มแพร่กระจายไปยังพื้นที่การค้นหา โดยใช้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่แตกต่างกัน
- 5) ขั้นตอนการคัดเลือกโดยการแข่งขัน ขั้นตอนนี้ในแต่ละกลุ่ม ค่าฟิตเนสของเมล็ดจะถูกนำมาจัดลำดับร่วมกับค่าฟิตเนสของต้นแม่วัชพืช จากนั้นคัดเลือกวัชพืชจากแต่ละกลุ่มด้วยจำนวนที่เท่าๆกัน โดยให้จำนวนรวมของประชากรทั้งหมดเท่ากับจำนวน P_{max} ให้ทำซ้ำขั้นตอนที่ 2-5 จนครบจำนวนรอบที่กำหนดไว้



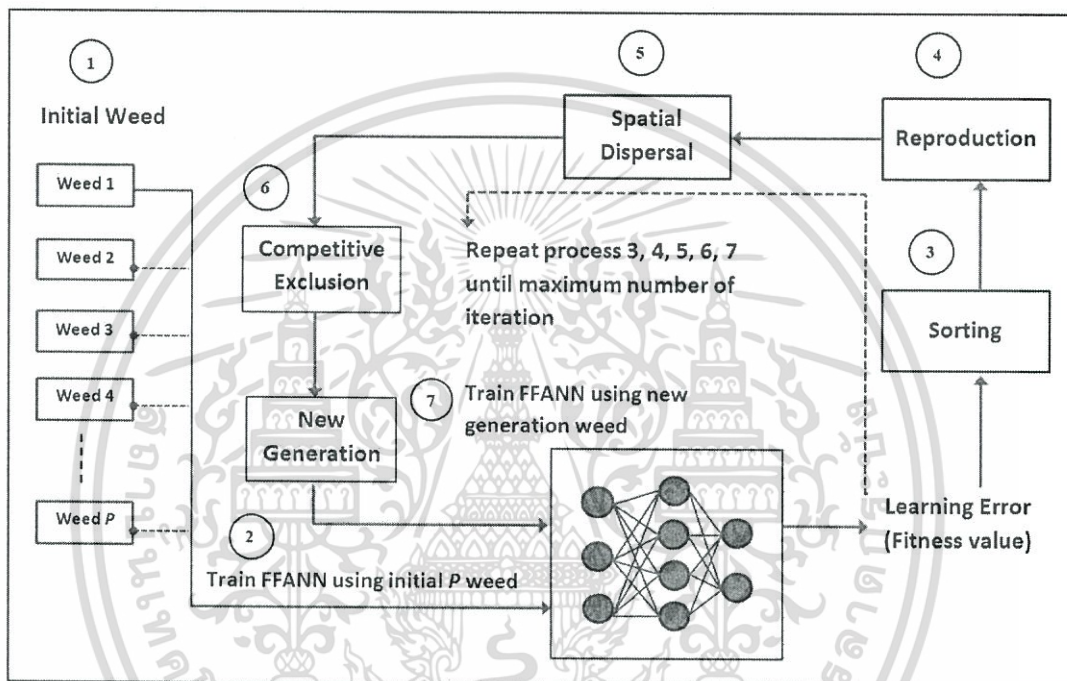
รูปที่ 3.2 โครงสร้างการทำงานของอัลกอริทึมที่นำเสนอ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.3 วิธีการของอัลกอริทึมที่นำเสนอสำหรับการจำแนกประเภทข้อมูล

3.3.1 แบบจำลองการจำแนกประเภทข้อมูล

แบบจำลองการจำแนกประเภทข้อมูลจะใช้หลักการของโครงข่ายประสาทเทียมร่วมกับอัลกอริทึมที่นำเสนอ โดยอัลกอริทึมที่นำเสนอจะใช้เพื่อปรับปรุงค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้า เพื่อหาชุดของค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสที่เหมาะสมที่สุดสำหรับแบบจำลองในการจำแนกประเภทข้อมูล



รูปที่ 3.3 แบบจำลองการจำแนกประเภทข้อมูล

3.3.2 โครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้า

โครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้า โดยกำหนดให้มีจำนวนชั้น 3 ชั้น ซึ่งประกอบไปด้วยชั้นอินพุต ชั้นฮิดเดนและ ชั้นเอาต์พุต

1) ชั้นอินพุต

เป็นชั้นที่รับข้อมูลเข้าสู่โครงข่ายประสาทเทียม ในชั้นอินพุตนี้จะประกอบไปด้วย อินพุต โหนด ที่มีขนาดเท่ากับจำนวนแอททริบิวต์ (Attribute) ของข้อมูลนำเข้า โดยแต่ละโหนดในชั้นอินพุตจะเชื่อมต่อกับทุกโหนดในชั้นฮิดเดน

2) ชั้นฮิดเดน

ชั้นฮิดเดน มีหน้าที่ประมวลผลข้อมูลตามค่าน้ำหนักความสัมพันธ์ระหว่างชั้นอินพุตและชั้นฮิดเดนซึ่งแต่ละโหนดในชั้นฮิดเดน จะคำนวณหาผลรวมของการคูณกันของค่าถ่วงน้ำหนักและ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ค่าข้อมูลนำเข้า จากนั้นจะนำค่าผลรวมที่ได้ไปทำการปรับค่าใน Transfer function โดยจะใช้ Sigmoid function เป็น Transfer function เพื่อหาค่าผลลัพธ์ในชั้นฮิดเดน
ค่าผลลัพธ์ของโหนดในชั้นฮิดเดน แสดงดังสมการที่ 3.6

$$y_h = f(b_h + \sum_{a=1}^N x_a v_{ha}) \quad (3.6)$$

เมื่อ y_h คือค่าผลลัพธ์ของโหนดที่ h ในชั้นฮิดเดน
 x_a คือข้อมูลจากโหนดที่ a ในชั้นอินพุต
 v_{ha} คือค่าถ่วงน้ำหนักระหว่างชั้นอินพุตกับชั้นฮิดเดน
 b_h คือค่าไบแอสของชั้นฮิดเดน

3) ชั้นเอาต์พุต

ชั้นเอาต์พุตจะประกอบด้วยเอาต์พุตโหนด ซึ่งมีจำนวนเท่ากับจำนวนกลุ่ม (Class) ของข้อมูลนำเข้า การหาค่าผลลัพธ์ในชั้นเอาต์พุตจะใช้ Sigmoid function เป็น Transfer function เช่นเดียวกับในชั้นฮิดเดน

ค่าผลลัพธ์ของโหนดในชั้นเอาต์พุต แสดงดังสมการที่ 3.7

$$z_u = f(b_u + \sum_{h=1}^M y_h v_{uh}) \quad (3.7)$$

เมื่อ z_u คือค่าผลลัพธ์ของโหนดที่ u ในชั้นเอาต์พุต
 y_h คือค่าผลลัพธ์จากโหนดที่ h ในชั้นฮิดเดน
 v_{uh} คือค่าถ่วงน้ำหนักระหว่างชั้นฮิดเดนกับชั้นเอาต์พุต
 b_u คือค่าไบแอสของชั้นเอาต์พุต

3.3.3 การจัดเตรียมข้อมูล

การจัดเตรียมข้อมูลเพื่อป้อนเข้าสู่โครงข่ายประสาทเทียม จะต้องมีการแปลงข้อมูล (Normalization) ให้มีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 1 เพื่อให้ข้อมูลที่จะนำเข้านั้นสอดคล้องกับฟังก์ชันที่ใช้ในโครงข่ายประสาทเทียม โดยใช้ Min-Max Normalization ดังสมการที่ 3.8

$$x' = \left(\frac{x - \min_x}{\max_x - \min_x} \right) \times (D - C) + C \quad (3.8)$$

เมื่อ x' คือข้อมูลที่ผ่านการแปลงให้มีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 1 แล้ว

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- max_ x คือค่าสูงสุดของชุดข้อมูล
 min_ x คือค่าต่ำสุดของชุดข้อมูล
 D คือค่าข้อมูลที่ต้องการให้มีค่ามากที่สุด
 C คือค่าข้อมูลที่ต้องการให้มีค่าน้อยที่สุด

นำข้อมูลที่ได้จากการแปลงให้มีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 1 มาแบ่งออกเป็น 2 ชุด คือชุดข้อมูลที่ใช้ในการฝึกสอน และชุดข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบ โดยแบ่งข้อมูลออกเป็นชุดข้อมูลที่ใช้ในการฝึกสอนจำนวนร้อยละ 80 ของข้อมูลทั้งหมดและชุดข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบ จำนวนร้อยละ 20 ของข้อมูลทั้งหมด โดยที่ชุดข้อมูลที่ใช้ในการฝึกสอนจะใช้ในการค้นหาชุดของค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสที่เหมาะสมกับแบบจำลอง ส่วนชุดข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบ ใช้ในการตรวจสอบประสิทธิภาพการจำแนกประเภทข้อมูลของแบบจำลอง

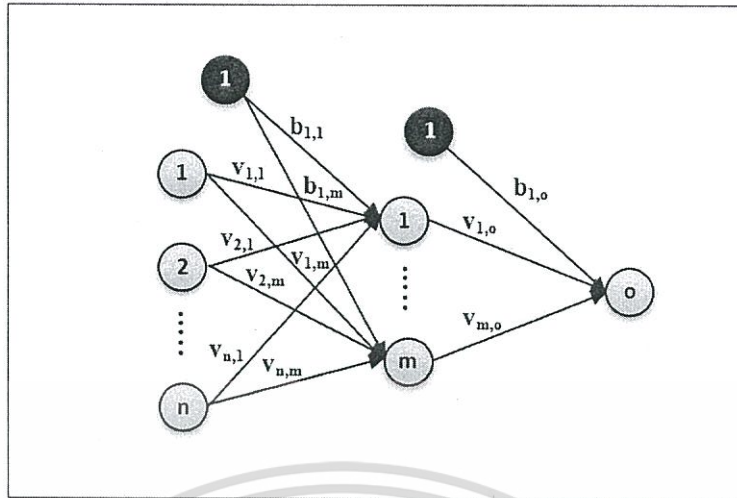
3.3.4 ขั้นตอนการเรียนรู้

ในขั้นตอนนี้อัลกอริทึมที่นำเสนอจะถูกนำมาใช้เพื่อปรับค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อน ไปข้างหน้า เพื่อค้นหาชุดของค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสที่มีค่าเหมาะสมมากที่สุดสำหรับโครงข่ายประสาทเทียมเพื่อใช้ในการจำแนกประเภทข้อมูล ซึ่งขั้นตอนในการเรียนรู้แสดงได้ดังรูปที่ 3.8 โดยจะกำหนดให้วัชพีชแต่ละต้นแทนค่าคำตอบของปัญหา

ขั้นตอนการเรียนรู้ของโครงข่ายประสาทเทียมโดยใช้อัลกอริทึมที่นำเสนอในการปรับค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของโครงข่ายประสาทเทียมมีขั้นตอนการทำงานดังนี้

1) ขั้นตอนการกำหนดประชากรเริ่มต้น

กำหนดประชากรวัชพีชเริ่มต้นเท่ากับ P ต้น ซึ่งวัชพีชแต่ละต้นเกิดจากการสุ่มค่าตัวเลขในช่วง $[-1, 1]$ โดยค่าในแต่ละตำแหน่งของวัชพีชแต่ละต้น (W_i) จะแทนค่าของค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของแต่ละเส้นเชื่อมโยงระหว่างโหนด (connection link) ที่มีการเชื่อมโยงถึงกันภายในโครงข่ายประสาทเทียมดังแสดงในรูปที่ 3.4 โดยวัชพีชแต่ละต้นแสดงได้ดังสมการที่ 3.9



รูปที่ 3.4 โครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้า

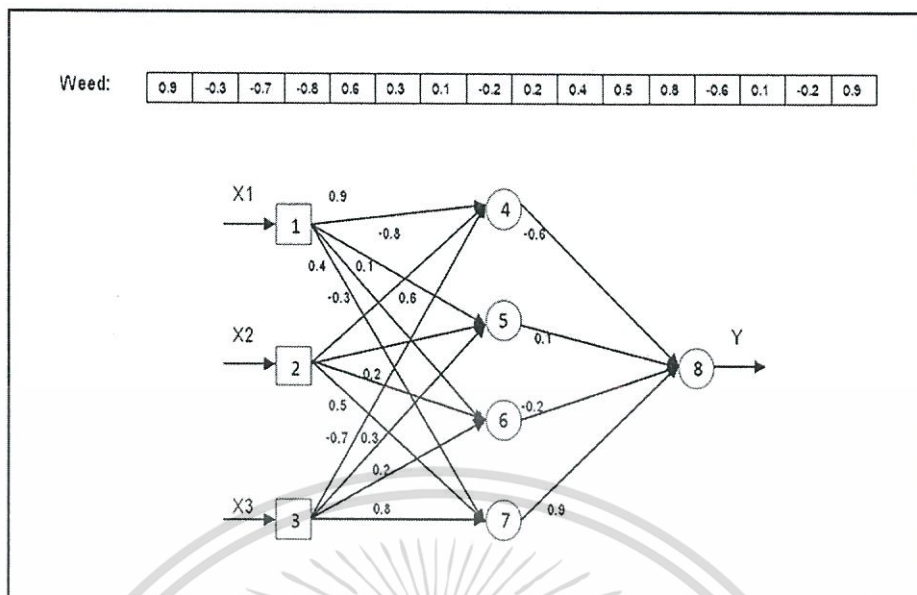
$$W_i = [v_{i,1}, v_{i,2}, \dots, v_{i,c}, b_{i,1}, b_{i,2}, \dots, b_{i,g}] \tag{3.9}$$

เมื่อ

- W_i คือเวกซ์พีชต้นที่ i
- $v_{i,c}$ คือค่าถ่วงน้ำหนัก
- $b_{i,g}$ คือค่าไบแอส
- n คือจำนวนอินพุตโหนด
- m คือจำนวนฮิดเดนโหนด
- o คือจำนวนเอาต์พุตโหนด
- c คือจำนวนเส้นเชื่อม โยงระหว่างโหนดในชั้นอินพุตกับชั้นฮิดเดนและโหนดในชั้นฮิดเดนกับชั้นเอาต์พุต มีค่าตั้งแต่ $1, 2, \dots, (n \times m) + (m \times o)$
- g คือจำนวนเส้นเชื่อม โยงระหว่างโหนดไบแอสกับโหนดในชั้นฮิดเดนและโหนดในชั้นเอาต์พุต มีค่าตั้งแต่ $1, 2, \dots, m + o$
- i คือลำดับของเวกซ์พีช มีค่าตั้งแต่ $1, 2, \dots, P$

เมื่อสร้างประชากรเวกซ์พีชเริ่มต้นขึ้นมาแล้ว ค่าในแต่ละตำแหน่งที่อยู่ในเวกซ์พีชแต่ละต้นจะถูกนำมาแปลงให้อยู่ในรูปแบบของค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของโครงข่ายประสาทเทียม ดังแสดงในรูปที่ 3.5

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 3.5 การแปลงค่าในแต่ละตำแหน่งจากวัชพืชให้อยู่ในรูปแบบของถ่วงน้ำหนัก และค่าไบแอสของโครงข่ายประสาทเทียม

2) ขั้นตอนการคำนวณค่าฟิตเนส

การคำนวณค่าฟิตเนส เป็นการประเมินค่าความเหมาะสมของประชากรในแต่ละรุ่นว่ามีความเหมาะสมที่จะถูกเลือกไปเป็นประชากรรุ่นถัดไปหรือไม่ ซึ่งค่าฟิตเนสที่ใช้ในการประเมินค่าความเหมาะสมของประชากร วัชพืชทั้งหมด คือค่าความผิดพลาดในการเรียนรู้ของโครงข่ายประสาทเทียม ซึ่งค่าความผิดพลาดจะได้มาจากการนำชุดข้อมูลที่ใช้ในการฝึกสอนมาป้อนเป็นข้อมูลนำเข้าสำหรับฝึกสอนโครงข่ายประสาทเทียม โดยคำนวณค่าเอาต์พุตที่ได้มาจากโครงข่ายประสาทเทียมจากสมการที่ (3.6) และ (3.7) จากนั้นค่าเอาต์พุตที่คำนวณได้จะถูกนำมาเปรียบเทียบกับค่าเอาต์พุตเป้าหมาย เพื่อคำนวณหาค่าความผิดพลาด โดยค่าความผิดพลาดที่น้อยที่สุด หมายถึงมีความถูกต้องที่มากที่สุด และในการวัดค่าความผิดพลาดของโครงข่ายประสาทเทียมนี้ จะใช้ค่าผลรวมกำลังสองของค่าความผิดพลาด (Sum Squared Error) ดังแสดงในสมการที่ 3.10

$$SSE = \sum_{q=1}^Q \sum_{u=1}^U (t_u^q - z_u^q)^2 \tag{3.10}$$

$$Fitness = SSE \tag{3.11}$$

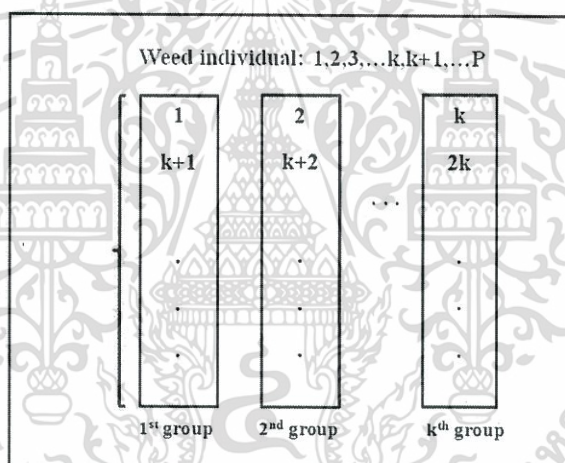
- เมื่อ SSE คือค่าผลรวมกำลังสองของค่าความผิดพลาด
- t_u^q คือค่าเอาต์พุตเป้าหมาย

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- z_i^q คือค่าเอาท์พุทที่ได้จาก โครงข่ายประสาทเทียม
 Q คือจำนวนข้อมูลทั้งหมด
 O คือจำนวน โหนดในชั้นเอาท์พุท

3) ขั้นตอนการแบ่งกลุ่ม

ทำการเรียงลำดับวัชพืชตามค่าความผิดพลาดจากน้อยไปมาก จากนั้นแบ่งวัชพืชทั้งหมดออกเป็น k กลุ่ม โดยในแต่ละกลุ่มจะถูกจัดสรรวัชพืชลงไปจำนวน q ต้น จากจำนวนประชากรวัชพืชทั้งหมด P ต้น ซึ่งวัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดน้อยที่สุดเป็นลำดับที่หนึ่งจะจัดให้อยู่ในกลุ่มที่หนึ่ง วัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดน้อยเป็นลำดับที่สองจัดให้อยู่ในกลุ่มที่สอง วัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดน้อยลำดับที่ k จัดให้อยู่ในกลุ่มที่ k และวัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดน้อยลำดับที่ $k+1$ จะจัดให้วนกลับไปอยู่ในกลุ่มที่หนึ่ง ดำเนินการจนครบทุกกลุ่ม ดังแสดงในรูปที่ 3.6



รูปที่ 3.6 วิธีการแบ่งกลุ่มวัชพืช

โดยในแต่ละกลุ่ม วัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดน้อยที่สุดจะแทนให้เป็น W_{best} และวัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดมากที่สุดจะแทนให้เป็น W_{worst}

4) ขั้นตอนการขยายพันธุ์

วัชพืชในแต่ละกลุ่มจะขยายพันธุ์โดยการผลิตเมล็ด ซึ่งจำนวนของเมล็ดที่วัชพืชแต่ละต้นผลิตได้ จะขึ้นอยู่กับค่าความผิดพลาดของวัชพืชต้นนั้นกับค่าความผิดพลาดที่มากที่สุด และค่าความผิดพลาดที่น้อยที่สุดในกลุ่ม เมื่อพิจารณาจากค่าความผิดพลาดจะได้ว่าวัชพืชต้นที่มีค่าความผิดพลาดที่น้อยกว่าจะสามารถผลิตเมล็ดได้จำนวนที่มากกว่า วัชพืชต้นที่มีค่าความผิดพลาดที่

มากกว่า โดยมีการกำหนดจำนวนเมล็ดที่มากที่สุด และจำนวนเมล็ดที่น้อยที่สุดที่วัชพืชแต่ละต้นสามารถผลิตได้

ซึ่งจำนวนเมล็ดที่วัชพืชแต่ละต้นจากในแต่ละกลุ่มสามารถผลิตได้ คำนวณได้ดังสมการที่

3.12

$$\text{Num_Seed}_i^j(\text{iter}) = \left[\left(\frac{f(W_i^j) - f(W_{\text{worst}}^j)}{f(W_{\text{best}}^j) - f(W_{\text{worst}}^j)} \right) \times (S_{\text{max}} - S_{\text{min}}) \right] + S_{\text{min}} \quad (3.12)$$

เมื่อ Num_Seed_i^j คือจำนวนเมล็ดที่ผลิตได้จากวัชพืชต้นที่ i ในกลุ่มที่ j

$f(W_i^j)$ คือค่าความผิดพลาดของวัชพืชต้นที่ i ในกลุ่มที่ j

$f(W_{\text{best}}^j)$ คือค่าความผิดพลาดที่น้อยที่สุดในกลุ่มที่ j

$f(W_{\text{worst}}^j)$ คือค่าความผิดพลาดที่มากที่สุดในกลุ่มที่ j

S_{max} คือจำนวนเมล็ดที่มากที่สุดที่วัชพืชสามารถผลิตได้

S_{min} คือจำนวนเมล็ดที่น้อยที่สุดที่วัชพืชสามารถผลิตได้

i คือลำดับของวัชพืช มีค่าตั้งแต่ $1, 2, \dots, P$

j คือลำดับของกลุ่ม มีค่าตั้งแต่ $1, 2, \dots, k$

5) ขั้นตอนการแพร่กระจายเชิงพื้นที่

ขั้นตอนนี้เป็นขั้นตอนที่สำคัญอีกขั้นตอนหนึ่งในการทำงานของอัลกอริทึมที่นำเสนอ ซึ่งวัชพืชในแต่ละกลุ่มจะแพร่กระจายเมล็ดที่ผลิตได้ไปยังพื้นที่การค้นหาด้วยค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่แตกต่างกัน โดยที่ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชในแต่ละกลุ่มจะขึ้นอยู่กับค่าความผิดพลาดที่มากที่สุดในกลุ่ม และค่าความผิดพลาดของวัชพืชแต่ละต้น ซึ่งค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่แตกต่างกันของวัชพืชแต่ละต้น คำนวณได้ดังสมการที่ 3.13 – 3.14

$$\sigma_i^j(\text{iter}) = \sigma_{\text{final}} + \left[\left(\frac{\text{iter}_{\text{max}} - \text{iter}}{\text{iter}_{\text{max}}} \right) \times \left(e^{-\Delta f_i^j} \right) \times (\sigma_{\text{initial}} - \sigma_{\text{final}}) \right] \quad (3.13)$$

โดยที่

$$\Delta f_i^j = \left| f(W_i^j) - f(W_{\text{worst}}^j) \right| \quad (3.14)$$

เมื่อ σ_i^j คือค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชต้นที่ i ในกลุ่มที่ j

Δf_i^j คือค่าสัมบูรณ์ของค่าความผิดพลาดระหว่างวัชพืชต้นที่ i กับวัชพืชต้นที่แย่ที่สุด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$f(W_i^j)$ คือค่าความผิดพลาดของวัชพืชต้นที่ i ในกลุ่มที่ j
 $f(W_{\text{worst}}^j)$ คือค่าความผิดพลาดของวัชพืชต้นที่แย่ที่สุดในกลุ่มที่ j

จากสมการที่ 3.15 จะเห็นได้ว่าค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานจะแปรผันตามค่าความผิดพลาดของวัชพืชแต่ละต้น โดยวัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดน้อย จะมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่าน้อย จึงมีการแพร่กระจายเมล็ดที่ผลิตได้ออยู่ในบริเวณใกล้เคียงกับต้นแม่วัชพืช ส่วนวัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดมาก จะมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่ามาก จึงมีการแพร่กระจายเมล็ดออกไปได้ห่างไกลจากต้นแม่วัชพืช

เมื่อเมล็ดทั้งหมดแพร่กระจายไปตกในพื้นที่การค้นหา ตำแหน่งใหม่ของเมล็ด จะคำนวณได้ดังสมการที่ 3.15

$$S_{ir}^j(\text{iter}) = W_i^j + (\sigma_r^j(\text{iter}) \times \text{Randn}(0,1)) \quad (3.15)$$

เมื่อ S_{ir}^j คือตำแหน่งใหม่ของเมล็ดที่ r ที่เกิดจากวัชพืชต้นที่ i ในกลุ่มที่ j
 W_i^j คือตำแหน่งของต้นแม่วัชพืชต้นที่ i ในกลุ่มที่ j
 r คือลำดับของเมล็ด มีค่าตั้งแต่ 1, 2, ..., SN

หลังจากได้ตำแหน่งใหม่ของเมล็ดทั้งหมดแล้ว ทำการคำนวณหาค่าความผิดพลาดของเมล็ดทั้งหมดจากสมการที่ (3.6), (3.7) และ (3.10) ตามลำดับ

6) ขั้นตอนการคัดเลือกโดยการแข่งขัน

ในขั้นตอนนี้จะทำการคัดเลือกประชากรที่ดีจากในแต่ละกลุ่มเพื่อไปเป็นประชากรในรุ่นถัดไป โดยการนำค่าความผิดพลาดของเมล็ดที่ผลิตจากวัชพืชในแต่ละกลุ่ม มาจัดลำดับร่วมกับค่าความผิดพลาดของต้นแม่วัชพืช โดยเรียงลำดับค่าความผิดพลาดจากน้อยไปมาก จากนั้นทำการคัดเลือกประชากรวัชพืชจากแต่ละกลุ่มเท่ากับ Num_{pop} โดยจำนวนประชากรวัชพืชทั้งหมดที่ถูกคัดเลือกจากทุกกลุ่มจะมีจำนวนเท่ากับจำนวนสูงสุดของประชากรวัชพืชที่กำหนดไว้ ซึ่ง Num_{pop} คำนวณได้จากสมการที่ 3.16

$$\text{Num}_{\text{pop}} = \frac{P_{\text{max}}}{k} \quad (3.16)$$

เมื่อ Num_{pop} คือจำนวนของประชากรวัชพืชที่ถูกคัดเลือกจากแต่ละกลุ่ม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

k คือจำนวนกลุ่มทั้งหมด

ทำซ้ำขั้นตอนที่ 2 – 6 จนกระทั่งจำนวนรอบการทำงานครบตามที่กำหนดไว้ จึงหยุดการทำงาน

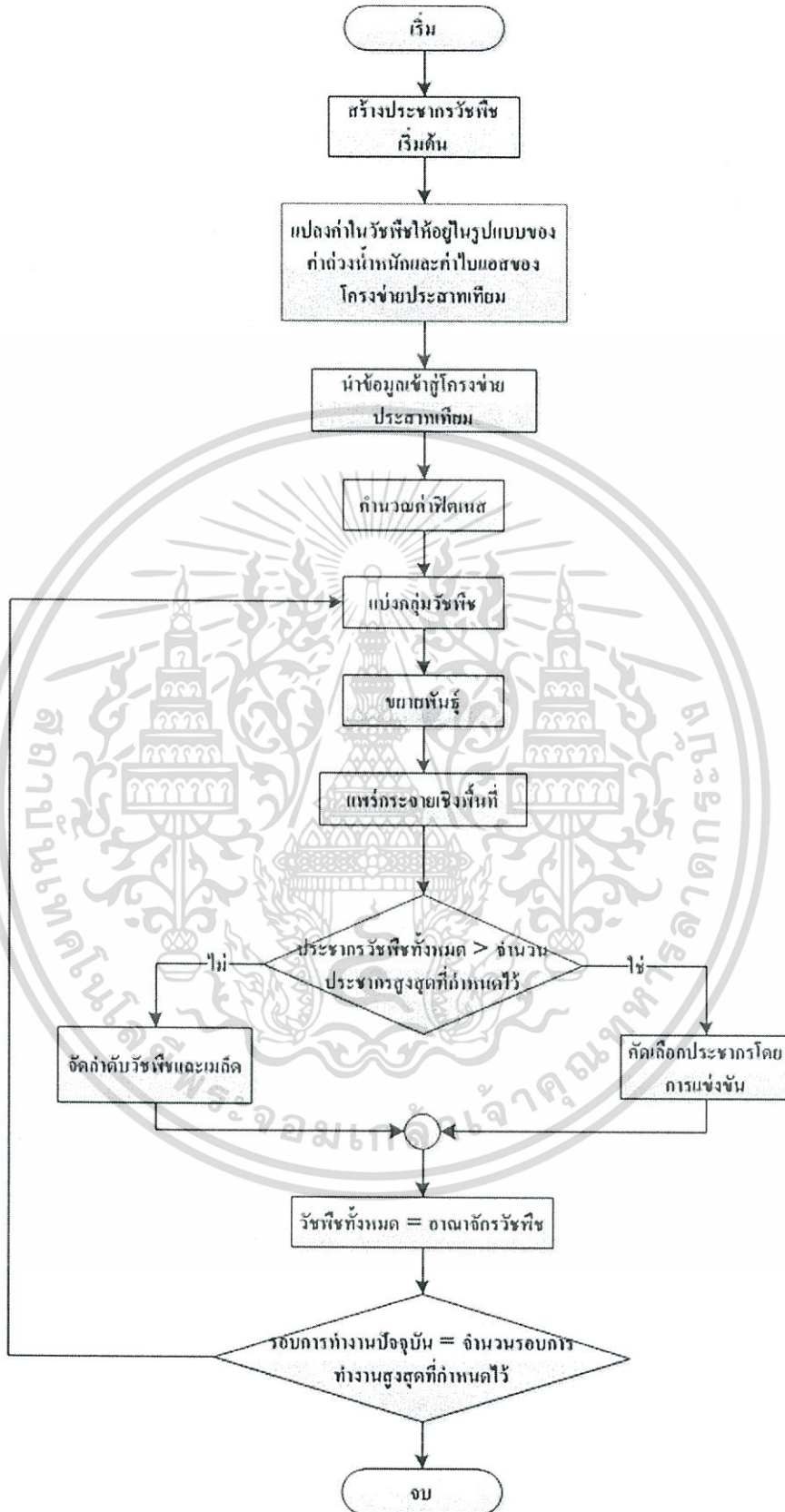
เมื่อจบการทำงานวิธีพีชที่ให้ค่าความผิดพลาดที่น้อยที่สุดในประชากรวิธีพีชรุ่นสุดท้าย จะเป็นชุดของค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสที่เหมาะสมที่สุดในการเรียนรู้ครั้งนี้

3.3.5 ขั้นตอนการทดสอบ

เมื่อผ่านขั้นตอนการเรียนรู้ของโครงข่ายประสาทเทียมแล้ว จะได้ชุดของค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสที่เหมาะสมที่สุดสำหรับนำมาใช้การจำแนกประเภทข้อมูล โดยในขั้นตอนนี้จะนำชุดของค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสที่ได้จากการเรียนรู้ มาทดสอบกับชุดข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบ เพื่อวัดประสิทธิภาพของแบบจำลองว่ามีความสามารถในการจำแนกประเภทข้อมูลได้ถูกต้องหรือไม่ โดยใช้การวัดค่าความถูกต้องเป็นตัววัดประสิทธิภาพในการจำแนกประเภทข้อมูล ดังแสดงในสมการที่ 3.17

$$\text{Accuracy} = \frac{\text{TC}}{\text{TN}} \times 100 \quad (3.17)$$

เมื่อ Accuracy คือค่าความถูกต้องในการจำแนกประเภทข้อมูล
 TC คือจำนวนข้อมูลที่จำแนกกลุ่มได้ถูกต้อง
 TN คือจำนวนข้อมูลทั้งหมด



รูปที่ 3.7 ขั้นตอนในการเรียนรู้ของโครงข่ายประสาทเทียม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.4 ตัวอย่างการทำงาน

1) การเตรียมข้อมูล

ในการเตรียมข้อมูลที่ใช้ในการเรียนรู้นี้ ได้มีการสร้างชุดข้อมูลสมมติที่จะนำมาใช้ในการจำแนกประเภทข้อมูล โดยชุดข้อมูลที่นำมาใช้ได้ทำการแปลงให้มีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 1 แล้ว ดังแสดงในตารางที่ 3.3

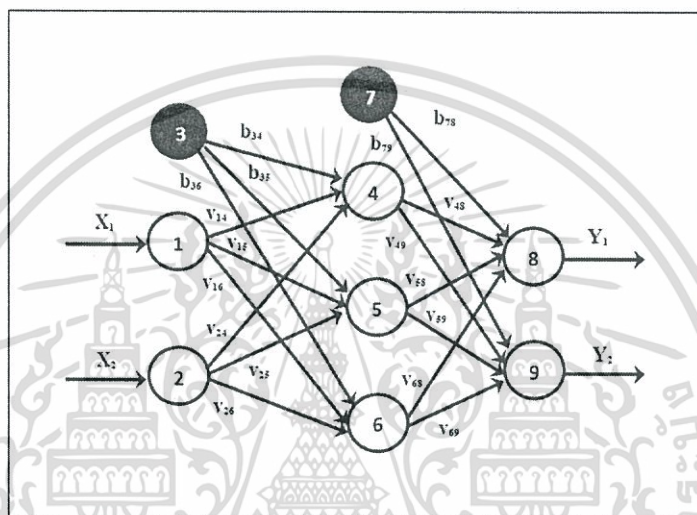
ตารางที่ 3.3 แสดงตัวอย่างชุดข้อมูลสมมติที่จะนำมาใช้ในการจำแนกประเภทข้อมูล

Pattern	Inputs		Class
	x_1	x_2	
1	0.683537	0.525	1
2	0.610366	0.390854	1
3	0.537195	0.268902	1
4	0.622561	0.317683	2
5	0.707927	0.378659	2
6	0.585976	0.366463	1
7	0.57378	0.403049	1
8	0.54939	0.403049	1
9	0.671341	0.293293	2
10	0.695732	0.317683	2
11	0.720122	0.342073	2
12	0.805488	0.366463	2
13	0.57378	0.366463	1
14	0.695732	0.47622	1
15	0.671341	0.317683	2

โดยรายละเอียดของชุดข้อมูลมีดังนี้ ข้อมูลสามารถจำแนกกลุ่มได้ 2 กลุ่มคือ กลุ่มที่ 1 และกลุ่มที่ 2 มีจำนวนแอททริบิวต์เท่ากับ 3 แอททริบิวต์ และมีจำนวนข้อมูลทั้งหมด 15 ตัวอย่าง

2) สร้างแบบจำลองการจำแนกประเภทข้อมูล

ออกแบบโครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียม โดยกำหนดให้มีจำนวนชั้นทั้งหมด 3 ชั้น คือ ชั้นอินพุต ประกอบด้วยอินพุตโหนดจำนวน 2 โหนด สำหรับ x_1 และ x_2 และไบแอสโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นถัดมาเป็นชั้นฮิดเดนประกอบด้วยฮิดเดนโหนดจำนวน 3 โหนด และไบแอสโหนดจำนวน 1 โหนด และสุดท้ายคือชั้นเอาต์พุต ซึ่งกำหนดให้มีเอาต์พุตโหนดจำนวน 2 โหนด (เท่ากับจำนวนกลุ่ม) ดังแสดงในรูปที่ 3.8



รูปที่ 3.8 แบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียม

3) ขั้นตอนการเรียนรู้

3.1 การกำหนดพารามิเตอร์

ในขั้นตอนการเรียนรู้นี้ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่น่าเสนอ ดังแสดงในตารางที่ 3.4

ตารางที่ 3.4 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่น่าเสนอ

พารามิเตอร์	จำนวน
P_0	15
P_{\max}	40
$iter_{\max}$	100
S_{\max}	4
S_{\max}	1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.4 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอ

พารามิเตอร์	จำนวน
σ_{initial}	2
σ_{final}	0.01
k	4

3.2 ขั้นตอนการสร้างประชากรเริ่มต้น

ในขั้นตอนนี้จะทำการสร้างประชากรวัชพืชเริ่มต้น (W) จำนวน 15 ต้น โดยที่วัชพืชแต่ละต้นจะได้อามาจากการสุ่มค่าตัวเลขในช่วง $[-1, 1]$ ดังแสดงในรูปที่ 3.9

Weed

0.8	-0.7	0.9	0.3	-0.4	-0.1	0.2	0.8	-0.5	0.2	-0.9	-0.7	0.5	-0.8	-0.2	0.7	-0.8
-----	------	-----	-----	------	------	-----	-----	------	-----	------	------	-----	------	------	-----	------

รูปที่ 3.9 รูปแบบของวัชพืช 1 ต้น

เมื่อสร้างประชากรวัชพืชเริ่มต้นขึ้นมาแล้ว ค่าในแต่ละตำแหน่งที่อยู่ในวัชพืชแต่ละต้นจะถูกนำมาแปลงให้อยู่ในรูปแบบของค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของโครงข่ายประสาทเทียม ได้ดังตารางที่ 3.5

ตารางที่ 3.5 ค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของประชากรเริ่มต้น

วัชพืช	ค่าถ่วงน้ำหนัก												ค่าไบแอส				
	V_{14}	V_{15}	V_{16}	V_{24}	V_{25}	V_{26}	V_{48}	V_{49}	V_{58}	V_{59}	V_{68}	V_{69}	b_{34}	b_{35}	b_{36}	b_{78}	b_{79}
W_1	0.6	-0.7	0.4	0.8	0.5	-0.3	-0.8	0.2	-0.8	-0.7	-0.2	-0.7	0.1	-0.4	-0.6	1.0	-0.8
W_2	0.8	-0.2	-0.9	-0.1	-0.5	-0.6	-0.9	-0.5	0.9	0.7	-0.9	0.9	-0.4	0.2	-0.4	-0.1	-0.5
W_3	-0.7	0.8	-0.4	0.3	0.9	-0.5	0.1	0.3	-1.0	0.2	0.8	0.9	0.5	0.7	-0.1	-0.8	0.6
W_4	0.8	0.6	-0.9	0.4	0.4	0.2	0.6	0.4	0.5	0.1	0.9	0.2	-0.6	0.6	-0.5	-0.5	-0.9
W_5	0.3	0.9	-0.8	0.5	0.8	-0.1	0.9	0.5	0.6	-0.7	0.7	-0.9	0.4	0.6	0.7	-0.2	0.9
W_6	-0.8	0.3	0.6	-0.4	0.9	-0.3	-0.7	-0.1	0.7	0.7	0.6	-0.5	-0.6	0.3	-0.6	0.2	0.5
W_7	-0.4	-0.9	0.4	0.4	0.1	0.7	0.1	-0.8	-0.8	0.2	-0.3	-0.3	-0.3	-0.2	-0.5	-0.5	-0.3
W_8	0.1	0.7	-0.4	0.3	-0.7	0.2	-0.1	-0.5	-0.2	-0.3	0.8	0.6	0.3	0.6	-0.7	0.2	0.2
W_9	0.9	0.9	0.9	-0.7	-0.7	0.1	-1.0	0.8	-0.5	0.0	-0.3	-1.0	0.6	0.1	-0.5	0.4	-0.5

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.5 (ต่อ) ค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของประชากรเริ่มต้น

วัชพืช	ค่าถ่วงน้ำหนัก												ค่าไบแอส				
	V ₁₄	V ₁₅	V ₁₆	V ₂₄	V ₂₅	V ₂₆	V ₄₈	V ₄₉	V ₅₈	V ₅₉	V ₆₈	V ₆₉	b ₃₄	b ₃₅	b ₃₆	b ₇₈	b ₇₉
W ₁₀	0.9	0.4	-0.9	-0.8	-0.5	0.8	-0.3	-0.7	0.6	-0.2	-0.8	-0.9	-0.8	-0.3	-0.1	-0.6	-0.1
W ₁₁	-0.7	0.5	-0.1	-0.3	0.7	-0.4	-0.7	0.7	-0.1	-0.8	0.6	-0.7	0.9	0.9	-0.4	-0.8	0.9
W ₁₂	0.9	0.5	-0.2	0.9	-0.5	0.5	0.6	0.1	0.8	-0.5	-0.2	0.3	0.6	0.8	0.8	-0.4	0.1
W ₁₃	0.9	-0.2	0.5	-0.3	0.6	0.5	-0.4	0.6	-0.6	-0.8	-0.5	0.5	0.0	0.1	-0.1	-0.4	0.8
W ₁₄	0.0	0.3	0.6	0.2	-0.5	-0.2	0.1	-0.8	-0.5	-0.6	-0.2	0.3	-0.1	0.2	-0.6	-0.2	-0.5
W ₁₅	0.6	-0.7	-0.6	-0.6	0.9	0.1	-0.7	-0.1	-0.7	-0.5	-0.8	-0.1	-0.1	0.2	0.8	-0.2	0.6

3.3 ขั้นตอนการคำนวณค่าความผิดพลาด

นำข้อมูลจากตารางที่ 3.3 มาป้อนเป็นข้อมูลนำเข้าสำหรับฝึกสอนโครงข่ายประสาทเทียม และนำประชากรวัชพืชเริ่มมาเป็นค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของโครงข่ายประสาทเทียม โดยค่าผลลัพธ์ที่ได้มาจากโครงข่ายประสาทเทียมคำนวณได้จากสมการที่ (3.6)- (3.7) จากนั้นค่าผลลัพธ์ที่คำนวณได้จะถูกนำมาเปรียบเทียบกับค่าผลลัพธ์เป้าหมาย เพื่อคำนวณหาค่าความผิดพลาดจากสมการที่ (3.10) ซึ่งค่าความผิดพลาดของวัชพืชแต่ละต้นแสดงดังตารางที่ 3.6

ตารางที่ 3.6 แสดงค่าความผิดพลาดของวัชพืชแต่ละต้น

วัชพืช (ต้นที่)	ค่าความผิดพลาด
W ₁	14.6934
W ₂	15.0617
W ₃	15.4929
W ₄	14.7180
W ₅	14.8059
W ₆	15.0639
W ₇	15.1024
W ₈	14.8862
W ₉	14.9761
W ₁₀	15.0196

ตารางที่ 3.6 แสดงค่าความผิดพลาดของวัชพืชแต่ละต้น

วัชพืช (ต้นที่)	ค่าความผิดพลาด
W_{11}	15.3885
W_{12}	14.9331
W_{13}	15.3294
W_{14}	14.8343
W_{15}	15.1650

3.4 ขั้นตอนการแบ่งกลุ่ม

- ทำการเรียงลำดับวัชพืชตามค่าความผิดพลาดจากน้อยไปมาก

ตารางที่ 3.7 การเรียงลำดับวัชพืชตามค่าความผิดพลาดจากน้อยไปมาก

ลำดับที่	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด
1	W_1	14.6934
2	W_4	14.7180
3	W_5	14.8059
4	W_{14}	14.8343
5	W_8	14.8862
6	W_{12}	14.9331
7	W_9	14.9761
8	W_{10}	15.0196
9	W_2	15.0617
10	W_6	15.0639
11	W_7	15.1024
12	W_{15}	15.1650
13	W_{13}	15.3294
14	W_{11}	15.3885
15	W_3	15.4929

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- จากนั้นแบ่งวัชพืชทั้งหมดออกเป็น 4 กลุ่ม ($k = 4$) โดยวัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดน้อยที่สุดเป็นลำดับที่หนึ่งจะจัดให้อยู่ในกลุ่มที่หนึ่ง วัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดน้อยเป็นลำดับที่สองจัดให้อยู่ในกลุ่มที่สอง วัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดลำดับที่ k จัดให้อยู่ในกลุ่มที่ k และวัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดลำดับที่ $k + 1$ จะจัดให้วนกลับไปอยู่ในกลุ่มที่หนึ่ง ดำเนินการจนครบทุกกลุ่ม ดังแสดงในตารางที่ 3.8

ตารางที่ 3.8 การแบ่งกลุ่มวัชพืช

กลุ่มที่ 1		กลุ่มที่ 2		กลุ่มที่ 3		กลุ่มที่ 4	
วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด
W_1	14.6934	W_4	14.7180	W_5	14.8059	W_{14}	14.8343
W_8	14.8862	W_{12}	14.9331	W_9	14.9761	W_{10}	15.0196
W_2	15.0617	W_6	15.0639	W_7	15.1024	W_{15}	15.1650
W_{13}	15.3294	W_{11}	15.3885	W_3	15.4929	-	-

- โดยในแต่ละกลุ่ม วัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดน้อยที่สุดจะแทนให้เป็น W_{best} และวัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดมากที่สุดจะแทนให้เป็น W_{worst}

ตารางที่ 3.9 วัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดที่น้อยที่สุดและวัชพืชที่มีค่าความผิดพลาดที่มากที่สุดของแต่ละกลุ่ม

วัชพืช	กลุ่มที่ 1		กลุ่มที่ 2		กลุ่มที่ 3		กลุ่มที่ 4	
	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด
W_{best}	W_1	14.6934	W_4	14.7180	W_5	14.8059	W_{14}	14.8343
W_{worst}	W_{13}	15.3294	W_{11}	15.3885	W_3	15.4929	W_{15}	15.1650

3.5 ขั้นตอนการขยายพันธุ์

ในขั้นตอนนี้จะทำการคำนวณหาจำนวนของเมล็ดที่วัชพืชแต่ละต้นสามารถผลิตได้ ซึ่ง

จำนวนของเมล็ดจะขึ้นอยู่กับค่าความผิดพลาดของวัชพืชแต่ละต้น โดยจำนวนเมล็ดที่มากที่สุดที่เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

วัชพืชสามารถผลิตได้เท่ากับ 4 เมล็ด ($S_{\max} = 4$) และจำนวนเมล็ดที่น้อยที่สุดที่วัชพืชสามารถผลิตได้เท่ากับ 1 เมล็ด ($S_{\min} = 1$)

ซึ่งจำนวนเมล็ดที่วัชพืชแต่ละต้นจากในแต่ละกลุ่มสามารถผลิตได้ คำนวณได้ดังสมการที่ (3.12)

$$\text{Num_Seed}_i^j(\text{iter}) = \left[\left(\frac{f(W_i^j) - f(W_{\text{worst}}^j)}{f(W_{\text{best}}^j) - f(W_{\text{worst}}^j)} \right) \times (S_{\max} - S_{\min}) \right] + S_{\min}$$

ตัวอย่าง การคำนวณจำนวนเมล็ดของวัชพืชในกลุ่มที่ 1

- วัชพืชต้นที่ 1

$$\text{Num_Seed}_1^1(1) = \left[\left(\frac{14.6934 - 15.3294}{14.6934 - 15.3294} \right) \times (4 - 1) \right] + 1$$

$$\text{Num_Seed}_1^1(1) = 4$$

ดังนั้นวัชพืชต้นที่ 1 จะสามารถผลิตได้จำนวน 4 เมล็ด

- วัชพืชต้นที่ 2

$$\text{Num_Seed}_2^1(1) = \left[\left(\frac{14.8862 - 15.3294}{14.6934 - 15.3294} \right) \times (4 - 1) \right] + 1$$

$$\text{Num_Seed}_2^1(1) = 3$$

ดังนั้นวัชพืชต้นที่ 2 จะสามารถผลิตได้จำนวน 3 เมล็ด

- วัชพืชต้นที่ 3

$$\text{Num_Seed}_3^1(1) = \left[\left(\frac{15.0617 - 15.3294}{14.6934 - 15.3294} \right) \times (4 - 1) \right] + 1$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\text{Num_Seed}_3^1(1) = 2$$

ดังนั้นวัชพืชต้นที่ 3 จะสามารถผลิตได้จำนวน 2 เมล็ด

- วัชพืชต้นที่ 4

$$\text{Num_Seed}_4^1(1) = \left[\left(\frac{15.3294 - 15.3294}{14.6934 - 15.3294} \right) \times (4 - 1) \right] + 1$$

$$\text{Num_Seed}_4^1(1) = 1$$

ดังนั้นวัชพืชต้นที่ 4 จะสามารถผลิตได้จำนวน 1 เมล็ด

และตารางที่ 3.14 แสดงจำนวนของเมล็ดที่วัชพืชแต่ละต้นสามารถผลิตได้

ตารางที่ 3.10 จำนวนเมล็ดของวัชพืชแต่ละต้น

กลุ่มที่ 1		กลุ่มที่ 2		กลุ่มที่ 3		กลุ่มที่ 4	
วัชพืช	จำนวนเมล็ด	วัชพืช	จำนวนเมล็ด	วัชพืช	จำนวนเมล็ด	วัชพืช	จำนวนเมล็ด
W_1	4	W_4	4	W_5	4	W_{14}	4
W_8	3	W_{12}	3	W_9	3	W_{10}	2
W_2	2	W_6	2	W_7	3	W_{15}	1
W_{13}	1	W_{11}	1	W_3	1	-	-

3.6 ขั้นตอนการแพร่กระจายเชิงพื้นที่

- วัชพืชในแต่ละกลุ่มจะแพร่กระจายเมล็ดที่ผลิตได้ไปยังพื้นที่การค้นหาค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่คำนวณได้จากสมการที่ (3.13) – (3.14)

$$\sigma_i^j(\text{iter}) = \sigma_{\text{final}} + \left[\left(\frac{\text{iter}_{\text{max}} - \text{iter}}{\text{iter}_{\text{max}}} \right) \times \left(e^{-\Delta f_i^j} \right) \times (\sigma_{\text{initial}} - \sigma_{\text{final}}) \right]$$

โดยที่

$$\Delta f_i^j = \left| f(W_i^j) - f(W_{\text{worst}}^j) \right|$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตัวอย่าง การคำนวณค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชในกลุ่มที่ 1

- วัชพืชต้นที่ 1

$$\Delta f_1^1 = |14.6934 - 15.3294|$$

$$\Delta f_1^1 = 0.6360$$

$$\sigma_1^1(1) = 0.01 + \left[\left(\frac{100-1}{100} \right) \times \left(e^{-0.6360} \right) \times (2 - 0.01) \right]$$

$$\sigma_1^1(1) = 1.0530$$

ดังนั้นวัชพืชต้นที่ 1 จะมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานในการแพร่กระจายเมล็ดเท่ากับ 1.0530

- วัชพืชต้นที่ 2

$$\Delta f_2^1 = |14.8862 - 15.3294|$$

$$\Delta f_2^1 = 0.4432$$

$$\sigma_2^1(1) = 0.01 + \left[\left(\frac{100-1}{100} \right) \times \left(e^{-0.4432} \right) \times (2 - 0.01) \right]$$

$$\sigma_2^1(1) = 1.2748$$

ดังนั้นวัชพืชต้นที่ 2 จะมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานในการแพร่กระจายเมล็ดเท่ากับ 1.2748

- วัชพืชต้นที่ 3

$$\Delta f_3^1 = |15.0617 - 15.3294|$$

$$\Delta f_3^1 = 0.2677$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\sigma_3^1(1) = 0.01 + \left[\left(\frac{100-1}{100} \right) \times (e^{-0.2677}) \times (2 - 0.01) \right]$$

$$\sigma_3^1(1) = 1.5174$$

ดังนั้นวัชพืชต้นที่ 3 จะมีค่าส่วนเบี่ยงมาตรฐานในการแพร่กระจายเมล็ดเท่ากับ 1.5174

- วัชพืชต้นที่ 4

$$\Delta f_4^1 = |15.3294 - 15.3294|$$

$$\Delta f_4^1 = 0$$

$$\sigma_4^1(1) = 0.01 + \left[\left(\frac{100-1}{100} \right) \times (e^{-0}) \times (2 - 0.01) \right]$$

$$\sigma_4^1(1) = 1.9801$$

ดังนั้นวัชพืชต้นที่ 4 จะมีค่าส่วนเบี่ยงมาตรฐานในการแพร่กระจายเมล็ดเท่ากับ 1.9801

ซึ่งค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่แตกต่างกันของวัชพืชแต่ละต้น แสดงดังตารางที่ 3.11

ตารางที่ 3.11 แสดงค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวัชพืชแต่ละต้น

กลุ่มที่ 1		กลุ่มที่ 2		กลุ่มที่ 3		กลุ่มที่ 4	
วัชพืช	ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	วัชพืช	ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	วัชพืช	ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	วัชพืช	ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน
W ₁	1.0530	W ₄	1.0176	W ₅	1.0011	W ₁₄	1.4254
W ₈	1.2748	W ₁₂	1.2594	W ₉	1.1851	W ₁₀	1.7136
W ₂	1.5174	W ₆	1.4340	W ₇	1.3432	W ₁₅	1.9801
W ₁₃	1.9801	W ₁₁	1.9801	W ₃	1.9801	-	-

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- คำนวณหาตำแหน่งใหม่ของเมล็ด จากสมการที่ (3.15) ซึ่งตัวอย่างรูปแบบตำแหน่งใหม่ของเมล็ด แสดงดังรูปที่ 3.10

Seed

0.5	-0.9	-0.2	0.3	-0.3	-0.1	0.0	0.8	-0.5	0.2	0.9	-0.5	0.5	-0.1	0.2	-0.6	-0.3
-----	------	------	-----	------	------	-----	-----	------	-----	-----	------	-----	------	-----	------	------

รูปที่ 3.10 รูปแบบตำแหน่งใหม่ของเมล็ด

- เมื่อได้ตำแหน่งใหม่ของเมล็ดทุกเมล็ดแล้ว จากนั้นคำนวณค่าความผิดพลาดของเมล็ดทั้งหมดจากสมการที่ (3.6), (3.7) และ (3.10) ตามลำดับ และตารางที่ 3.12 แสดงค่าความผิดพลาดของวัชพืชและค่าความผิดพลาดของเมล็ดจากทั้ง 4 กลุ่ม

ตารางที่ 3.12 แสดงค่าความผิดพลาดของวัชพืชและค่าความผิดพลาดของเมล็ดจากทั้ง 4 กลุ่ม

กลุ่มที่ 1		กลุ่มที่ 2		กลุ่มที่ 3		กลุ่มที่ 4	
วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด
W_1	14.6934	W_4	14.7180	W_5	14.8059	W_{14}	14.8343
W_8	14.8862	W_{12}	14.9331	W_9	14.9761	W_{10}	15.0196
W_2	15.0617	W_6	15.0639	W_7	15.1024	W_{15}	15.1650
W_{13}	15.3294	W_{11}	15.3885	W_3	15.4929	$S_{14,1}$	15.6023
$S_{1,1}$	14.7237	$S_{4,1}$	14.5327	$S_{5,1}$	15.4856	$S_{14,2}$	15.3028
$S_{1,2}$	14.9602	$S_{4,2}$	15.0941	$S_{5,2}$	15.3941	$S_{14,3}$	15.6889
$S_{1,3}$	14.6065	$S_{4,3}$	14.8790	$S_{5,3}$	15.3787	$S_{14,4}$	15.0940
$S_{1,4}$	14.3548	$S_{4,4}$	15.1552	$S_{5,4}$	15.1484	$S_{10,1}$	14.0571
$S_{8,1}$	14.7666	$S_{12,1}$	15.6214	$S_{9,1}$	15.0679	$S_{10,2}$	14.9815
$S_{8,2}$	14.3600	$S_{12,2}$	14.1572	$S_{9,2}$	15.8681	$S_{15,1}$	14.8135
$S_{8,3}$	14.2234	$S_{12,3}$	14.8434	$S_{9,3}$	14.8950	-	-
$S_{2,1}$	14.9587	$S_{6,1}$	14.8840	$S_{7,1}$	14.7138	-	-

กลุ่มที่ 1		กลุ่มที่ 2		กลุ่มที่ 3		กลุ่มที่ 4	
วัชพืช	ค่าความ ผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความ ผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความ ผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความ ผิดพลาด
S _{2,2}	15.1823	S _{6,2}	15.1847	S _{7,2}	14.9184	-	-
S _{13,1}	15.3912	S _{11,1}	15.4215	S _{7,3}	14.1559	-	-
-	-	-	-	S _{3,1}	14.0917	-	-

3.7 ขั้นตอนการคัดเลือกโดยการแข่งขัน

- ในขั้นตอนนี้จะทำการคัดเลือกประชากรที่ดีจากในแต่ละกลุ่มเพื่อไปเป็นประชากรในรอบต่อไป โดยการนำค่าความผิดพลาดของเมล็ดที่ผลิตจากวัชพืชในแต่ละกลุ่ม มาจัดลำดับร่วมกับค่าความผิดพลาดของต้นแม่วัชพืช โดยเรียงลำดับค่าความผิดพลาดจากน้อยไปมาก ดังแสดงในตารางที่ 3.13

ตารางที่ 3.13 การเรียงลำดับประชากรวัชพืชตามค่าความผิดพลาดจากน้อยไปมากจากทั้ง 4 กลุ่ม

กลุ่มที่ 1		กลุ่มที่ 2		กลุ่มที่ 3		กลุ่มที่ 4	
วัชพืช	ค่าความ ผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความ ผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความ ผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความ ผิดพลาด
S _{8,3}	14.2234	S _{12,2}	14.1572	S _{3,1}	14.0917	S _{10,1}	14.0571
S _{1,4}	14.3548	S _{4,1}	14.5327	S _{7,3}	14.1559	S _{15,1}	14.8135
S _{8,2}	14.3600	W ₄	14.7180	S _{7,1}	14.7138	W ₁₄	14.8343
S _{1,3}	14.6065	S _{12,3}	14.8434	W ₅	14.8059	S _{10,2}	14.9815
W ₁	14.6934	S _{6,1}	14.8840	S _{9,3}	14.8950	W ₁₀	15.0196
S _{1,1}	14.7237	S _{4,3}	14.8790	S _{7,2}	14.9184	S _{14,4}	15.0940
S _{8,1}	14.7666	W ₁₂	14.9331	W ₉	14.9761	W ₁₅	15.1650
W ₈	14.8862	W ₆	15.0639	S _{9,1}	15.0679	S _{14,2}	15.3028
S _{2,1}	14.9587	S _{4,2}	15.0941	W ₇	15.1024	S _{14,1}	15.6023
S _{1,2}	14.9602	S _{4,4}	15.1552	S _{5,4}	15.1484	S _{14,3}	15.6889

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.13 (ต่อ) การเรียงลำดับประชากรวัชพืชตามค่าความผิดพลาดจากน้อยไปมากจากทั้ง 4 กลุ่ม

กลุ่มที่ 1		กลุ่มที่ 2		กลุ่มที่ 3		กลุ่มที่ 4	
วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด
W ₂	15.0617	S _{6,2}	15.1847	S _{5,3}	15.3787	-	-
S _{2,2}	15.1823	W ₁₁	15.3885	S _{5,2}	15.3941	-	-
W ₁₃	15.3294	S _{11,1}	15.4215	S _{5,1}	15.4856	-	-
S _{13,1}	15.3912	S _{12,1}	15.6214	W ₃	15.4929	-	-
-	-	-	-	S _{9,2}	15.8681	-	-

- จากนั้นทำการคัดเลือกประชากรวัชพืชจากแต่ละกลุ่มเท่ากับ Num_{pop} ซึ่ง Num_{pop} คำนวณได้จากสมการที่ (3.16)

$$\text{Num}_{\text{pop}} = \frac{P_{\text{max}}}{k}$$

$$\text{Num}_{\text{pop}} = \frac{40}{4}$$

$$\text{Num}_{\text{pop}} = 10$$

ดังนั้นจำนวนประชากรวัชพืชที่จะถูกคัดเลือกจากในแต่ละกลุ่มจะเท่ากับ 10 ต้น และประชากรที่จะไปเป็นประชากรในรุ่นต่อไป แสดงดังตารางที่ 3.14

ตารางที่ 3.14 ประชากรวัชพืชในรุ่นต่อไป

กลุ่มที่ 1		กลุ่มที่ 2		กลุ่มที่ 3		กลุ่มที่ 4	
วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความผิดพลาด
S _{8,3}	14.2234	S _{12,2}	14.1572	S _{3,1}	14.0917	S _{10,1}	14.0571
S _{1,4}	14.3548	S _{4,1}	14.5327	S _{7,3}	14.1559	S _{15,1}	14.8135

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 3.14 (ต่อ) ประชากรวัชพืชในรุ่นต่อไป

กลุ่มที่ 1		กลุ่มที่ 2		กลุ่มที่ 3		กลุ่มที่ 4	
วัชพืช	ค่าความ ผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความ ผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความ ผิดพลาด	วัชพืช	ค่าความ ผิดพลาด
S _{8,2}	14.3600	W ₄	14.7180	S _{7,1}	14.7138	W ₁₄	14.8343
S _{1,3}	14.6065	S _{12,3}	14.8434	W ₅	14.8059	S _{10,2}	14.9815
W ₁	14.6934	S _{6,1}	14.8840	S _{9,3}	14.8950	W ₁₀	15.0196
S _{1,1}	14.7237	S _{4,3}	14.8790	S _{7,2}	14.9184	S _{14,4}	15.0940
S _{8,1}	14.7666	W ₁₂	14.9331	W ₉	14.9761	W ₁₅	15.1650
W ₈	14.8862	W ₆	15.0639	S _{9,1}	15.0679	S _{14,2}	15.3028
S _{2,1}	14.9587	S _{4,2}	15.0941	W ₇	15.1024	S _{14,1}	15.6023
S _{1,2}	14.9602	S _{4,4}	15.1552	S _{5,4}	15.1484	S _{14,3}	15.6889

ทำซ้ำขั้นตอนที่ 3.2 – 3.7 จนกระทั่งจำนวนรอบการทำงานครบตามที่กำหนดไว้ จึงหยุดการทำงาน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 4

การทดลองและผลการทดลอง

ในบทนี้จะกล่าวถึงการทดลอง โดยแบ่งเป็น 2 โมเดล คือ อัลกอริทึมที่นำเสนอเพื่อใช้ในการแก้ปัญหาการจำแนกประเภทข้อมูลด้วยโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้า และอัลกอริทึมที่นำเสนอเพื่อใช้ในการแก้ปัญหาออปติไมเซชันเชิงตัวเลข ซึ่งชุดข้อมูลที่ใช้ในการทดลองประกอบไปด้วยชุดข้อมูลมาตรฐานจำนวน 10 ชุดข้อมูลสำหรับปัญหาการจำแนกประเภทข้อมูล และฟังก์ชันมาตรฐานสำหรับปัญหาออปติไมเซชันเชิงตัวเลข 3 ฟังก์ชัน

4.1 การวัดประสิทธิภาพความถูกต้อง

การวัดประสิทธิภาพในการจำแนกประเภทของข้อมูลจะใช้การวัดค่าความถูกต้องเป็นตัววัดประสิทธิภาพในการจำแนกประเภทข้อมูล แสดงดังสมการที่ 4.1

$$\text{Accuracy} = \frac{\text{TC}}{\text{TN}} \times 100 \quad (4.1)$$

เมื่อ Accuracy คือค่าความถูกต้องในการจำแนกประเภทข้อมูล
TC คือจำนวนข้อมูลที่จำแนกกลุ่มได้ถูกต้อง
TN คือจำนวนข้อมูลทั้งหมด

4.2 ชุดข้อมูลที่ใช้ในการทดลอง

4.2.1 ชุดข้อมูลมาตรฐาน

ชุดข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอ สำหรับแก้ปัญหาการจำแนกประเภทข้อมูล ประกอบไปด้วยชุดข้อมูลมาตรฐานทั้งหมด 10 ชุดข้อมูล ได้แก่

1) Haberman's Survival data set

ชุดข้อมูลผู้ป่วยโรคมะเร็งเต้านมที่มีชีวิตอยู่รอดหลังจากได้รับการผ่าตัดมะเร็งเต้านม โดยชุดข้อมูลประกอบด้วยแอททริบิวต์จำนวน 3 แอททริบิวต์ ข้อมูลทั้งหมดจำนวน 306 ข้อมูล จำแนกข้อมูลออกเป็น 2 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มผู้ป่วยที่รอดชีวิต 5 ปีหรือมากกว่า จำนวน 225 คน และกลุ่มผู้ป่วยเสียชีวิตภายใน 5 ปี จำนวน 81 คน ดังนั้นจำนวนกลุ่มของชุดข้อมูลชุดนี้คือ 2

2) Balance Scale data set

ชุดข้อมูลการวัดความสมดุลของการชั่ง โดยชุดข้อมูลประกอบด้วยแอททริบิวต์จำนวน 4 แอททริบิวต์ ข้อมูลทั้งหมดจำนวน 625 ข้อมูล จำแนกข้อมูลออกเป็น 3 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่ม L (Left) จำนวน 288 ข้อมูล กลุ่ม B (Balanced) จำนวน 49 ข้อมูล และ กลุ่ม R (Right) จำนวน 288 ข้อมูล ดังนั้นจำนวนกลุ่มของชุดข้อมูลชุดนี้คือ 3

3) Iris Plants data set

ชุดข้อมูลดอกไอริส เป็นชุดข้อมูลที่รวบรวมข้อมูลของดอกไอริส 3 สายพันธุ์ จาก 4 คุณสมบัติ คือ ความกว้างและความยาวของกลีบเลี้ยงและ ความกว้างและความยาวของกลีบดอก โดยชุดข้อมูลประกอบด้วย แอททริบิวต์จำนวน 4 แอททริบิวต์ ข้อมูลทั้งหมดจำนวน 150 ข้อมูล จำแนกข้อมูลออกเป็น 3 กลุ่ม ได้แก่ Iris setosa จำนวน 50 ข้อมูล Iris virginica จำนวน 50 ข้อมูล และ Iris versicolor จำนวน 50 ข้อมูล ดังนั้น จำนวนกลุ่มของชุดข้อมูลชุดนี้คือ 3

4) Ecoli data set

ชุดข้อมูลแบคทีเรียในกลุ่มโคลิฟอร์ม เป็นชุดข้อมูลที่รวบรวมข้อมูลของแบคทีเรียชนิดหนึ่ง ซึ่งอาศัยอยู่ในส่วนต่างๆ ของมนุษย์และสัตว์ โดยชุดข้อมูลประกอบด้วย แอททริบิวต์จำนวน 8 แอททริบิวต์ ซึ่งแอททริบิวต์แรกคือชื่อของแบคทีเรีย ข้อมูลทั้งหมดจำนวน 336 ข้อมูล จำแนกข้อมูลออกเป็น 8 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่ม cp (cytoplasm) จำนวน 143 ข้อมูล กลุ่ม im (inner membrane without signal sequence) จำนวน 77 ข้อมูล กลุ่ม pp (periplasm) จำนวน 52 ข้อมูล กลุ่ม imU (inner membrane, uncleavable signal sequence) จำนวน 35 ข้อมูล กลุ่ม om (outer membrane) จำนวน 20 ข้อมูล กลุ่ม omL (outer membrane lipoprotein) จำนวน 5 ข้อมูล กลุ่ม imL (inner membrane lipoprotein) จำนวน 2 ข้อมูล และ กลุ่ม imS (inner membrane, cleavable signal sequence) จำนวน 2 ข้อมูล ดังนั้น จำนวนกลุ่มของชุดข้อมูลชุดนี้คือ 8

5) Seeds data set

ชุดข้อมูลข้าวสาลี (Wheat) เป็นชุดข้อมูลที่รวบรวมข้อมูลของเมล็ดข้าวสาลี 3 สายพันธุ์ โดยชุดข้อมูลประกอบด้วย แอททริบิวต์จำนวน 7 แอททริบิวต์ ข้อมูลทั้งหมดจำนวน 210 ข้อมูล จำแนกข้อมูลออกเป็น 3 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มสายพันธุ์ Kama จำนวน 70 ข้อมูล กลุ่มสายพันธุ์ Rosa จำนวน 70 ข้อมูล และ กลุ่มสายพันธุ์ Canadian จำนวน 70 ข้อมูล ดังนั้น จำนวนกลุ่มของชุดข้อมูลชุดนี้คือ 3

6) Pima Indians Diabetes data set

ชุดข้อมูลคนไข้โรคเบาหวาน จากคลังข้อมูล UCI machine learning เป็นชุดข้อมูลสำหรับตรวจสอบว่าคนไข้ป่วยเป็นโรคเบาหวานหรือไม่ ชุดข้อมูลประกอบด้วยแอททริบิวต์จำนวน 8 แอททริบิวต์ ข้อมูลทั้งหมดจำนวน 768 ข้อมูล โดยจำแนกข้อมูลเป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มคนไข้ที่เป็นโรคเบาหวาน จำนวน 268 คน และ กลุ่มคนไข้ที่ไม่เป็นโรคเบาหวาน จำนวน 500 คน ดังนั้นจำนวนกลุ่มของชุดข้อมูลชุดนี้คือ 2

7) Breast Cancer Wisconsin data set

ชุดข้อมูลคนไข้โรคมะเร็งเต้านม จากคลังข้อมูล UCI machine learning เป็นชุดข้อมูลสำหรับตรวจสอบว่าคนไข้ป่วยเป็นโรคมะเร็งเต้านมในระดับใด ชุดข้อมูลประกอบด้วยแอททริบิวต์จำนวน 9 แอททริบิวต์ ข้อมูลทั้งหมดจำนวน 699 ข้อมูล โดยจำแนกข้อมูลเป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่เป็นเนื้องอก (Benign) จำนวน 458 คน และ กลุ่มที่เป็นมะเร็ง (Malignant) จำนวน 241 คน ดังนั้นจำนวนกลุ่มของชุดข้อมูลชุดนี้คือ 2

8) Wine data set

ชุดข้อมูลผลของการวิเคราะห์ทางเคมีของไวน์ในภูมิภาคเดียวกันในอิตาลี แต่มาจากสามประเภทที่แตกต่างกัน โดยชุดข้อมูลประกอบด้วยแอททริบิวต์จำนวน 13 แอททริบิวต์ ข้อมูลทั้งหมดจำนวน 178 ข้อมูล จำแนกข้อมูลออกเป็น 3 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มไวน์ประเภทแรก จำนวน 59 ข้อมูล กลุ่มไวน์ประเภทที่สองจำนวน 71 ข้อมูล และ กลุ่มไวน์ประเภทที่สามจำนวน 48 ข้อมูล ดังนั้นจำนวนกลุ่มของชุดข้อมูลชุดนี้คือ 3

9) Zoo data set

ชุดข้อมูลฐานข้อมูลสวนสัตว์ โดยชุดข้อมูลประกอบด้วยแอททริบิวต์จำนวน 17 แอททริบิวต์ ข้อมูลทั้งหมดจำนวน 101 ข้อมูล จำแนกข้อมูลออกเป็น 7 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มสัตว์ประเภทที่หนึ่ง จำนวน 41 ตัว กลุ่มสัตว์ประเภทที่สองจำนวน 20 ตัว กลุ่มสัตว์ประเภทที่สามจำนวน 5 ตัว กลุ่มสัตว์ประเภทที่สี่จำนวน 13 ตัว กลุ่มสัตว์ประเภทที่ห้าจำนวน 4 ตัว กลุ่มสัตว์ประเภทที่หกจำนวน 8 ตัว และกลุ่มสัตว์ประเภทที่เจ็ดจำนวน 10 ตัว ดังนั้นจำนวนกลุ่มของชุดข้อมูลชุดนี้คือ 7

10) Ionosphere data set

ชุดข้อมูลชั้นบรรยากาศของโลกชั้นไอโอโนสเฟียร์ จากคลังข้อมูล UCI machine learning ชุดข้อมูลประกอบด้วยแอททริบิวต์จำนวน 34 แอททริบิวต์ ข้อมูลทั้งหมดจำนวน 351 ข้อมูล

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยจำแนกข้อมูลออกเป็น 2 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มที่มีสภาพบรรยากาศที่ดีจำนวน 123 ข้อมูล และกลุ่มที่มีสภาพบรรยากาศที่ไม่ดี จำนวน 24 ข้อมูล ดังนั้นจำนวนกลุ่มของชุดข้อมูลชุดนี้คือ 2

4.2.2 ฟังก์ชันมาตรฐานสำหรับปัญหาอพติไมเซชันเชิงตัวเลข

ฟังก์ชันมาตรฐานที่ใช้ในการทดสอบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอ สำหรับแก้ปัญหาอพติไมเซชันเชิงตัวเลข ประกอบไปด้วยฟังก์ชันมาตรฐานทั้งหมด 3 ฟังก์ชันได้แก่

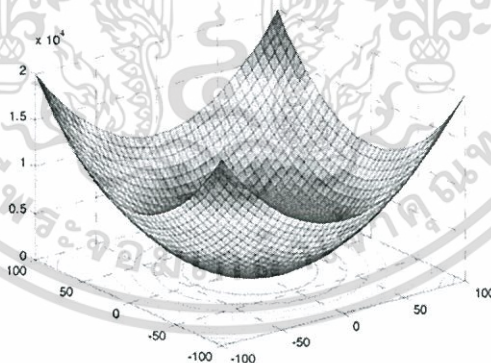
1) Sphere Function

ฟังก์ชันนี้เป็นฟังก์ชันสำหรับการหาค่าต่ำสุด (minimization problem) แสดงดังสมการ

ที่ 4.2

$$f(x) = \sum_{i=1}^n x_i^2 \quad (4.2)$$

เมื่อ x_i มีค่าอยู่ในช่วง $[-5.12, 5.12]$ โดยที่มีค่าฟังก์ชันที่ต่ำที่สุดเท่ากับ 0 กราฟของฟังก์ชันนี้แสดงดังรูปที่ 4.1



รูปที่ 4.1 กราฟของ Sphere Function

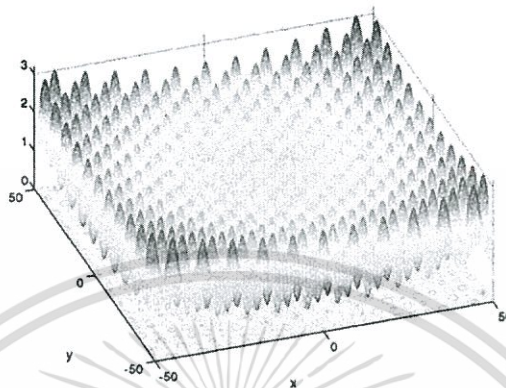
2) Griewank Function

ฟังก์ชันนี้เป็นฟังก์ชันสำหรับการหาค่าต่ำสุด แสดงดังสมการที่ 4.3

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

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

เมื่อ x_i มีค่าอยู่ในช่วง $[-600, 600]$ และ n คือจำนวนมิติของปัญหา โดยที่ฟังก์ชันนี้มีค่าที่ต่ำที่สุดเท่ากับ 0 และมีคำตอบที่เหมาะสมที่สุดคือ $\vec{x}^* = (0, \dots, 0)$ กราฟของฟังก์ชันนี้แสดงดังรูปที่ 4.2



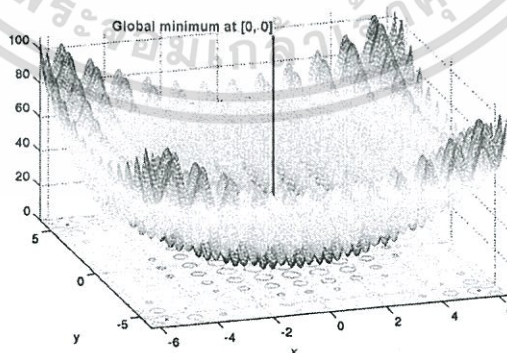
รูปที่ 4.2 กราฟของ Griewank Function

3) Rastrigin Function

ฟังก์ชันนี้เป็นฟังก์ชันสำหรับการหาค่าต่ำสุด แสดงดังสมการที่ 4.4

$$f(x) = 10n + \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i)) \quad (4.4)$$

เมื่อ x_i มีค่าอยู่ในช่วง $[-5.12, 5.12]$ และ n คือจำนวนมิติของปัญหา โดยที่ฟังก์ชันนี้มีค่าที่ต่ำที่สุดเท่ากับ 0 และมีคำตอบที่เหมาะสมที่สุดคือ $\vec{x}^* = (0, \dots, 0)$ กราฟของฟังก์ชันนี้แสดงดังรูปที่ 4.3



รูปที่ 4.2 กราฟของ Rastrigin Function

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4.3 การออกแบบการทดลอง

การทดลองทำบนเครื่องคอมพิวเตอร์โปรเซสเซอร์ความเร็ว 2.80 GHz หน่วยความจำ 4 กิกะไบต์ ใช้ระบบปฏิบัติการ Windows XP Professional และใช้โปรแกรม MATLAB เวอร์ชัน 7.6.0.324

โมเดลที่ 1 อัลกอริทึมที่นำเสนอเพื่อใช้ในการแก้ปัญหาการจำแนกประเภทข้อมูล การทดลองใช้ชุดข้อมูลมาตรฐานจำนวน 10 ชุดข้อมูล ทุกชุดข้อมูลจะถูกแบ่งออกเป็น 2 ส่วน คือชุดข้อมูลที่ใช้ในการฝึกสอนจำนวนร้อยละ 80 ของข้อมูลทั้งหมด และชุดข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบจำนวนร้อยละ 20 ของข้อมูลทั้งหมด โดยชุดข้อมูลทั้งหมดที่ได้ถูกแปลงให้มีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 1 ซึ่งชุดข้อมูลที่ใช้ในการฝึกสอนจะใช้ในการค้นหาชุดของค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสที่เหมาะสมกับแบบจำลอง ส่วนชุดข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบ ใช้ในการตรวจสอบประสิทธิภาพการจำแนกประเภทข้อมูลของโมเดล ตารางที่ 4.1 แสดงการแบ่งข้อมูลที่ใช้ในการฝึกสอนและทดสอบของโมเดลการจำแนกประเภทข้อมูล

ตารางที่ 4.1 การแบ่งข้อมูลเพื่อใช้ในการฝึกสอนและทดสอบของโมเดลการจำแนกประเภทข้อมูล

ชุดข้อมูล	ข้อมูลทั้งหมด	ข้อมูลฝึกสอน	ข้อมูลทดสอบ
Haberman's Survival	306	245	61
Balance Scale	625	500	125
Iris	150	120	30
Ecoli	336	269	67
Seeds	210	168	42
Pima Indians Diabetes	768	614	154
Breast Cancer Wisconsin	699	559	140
Wine	178	142	36
Zoo	101	81	20
Ionosphere	351	281	70

ข้อมูลสำหรับการฝึกสอนและทดสอบแต่ละชุดจะถูกนำไปใช้เป็นข้อมูลนำเข้าสำหรับฝึกสอนโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้า ซึ่งอธิบายในหัวข้อที่ 3.3 โดยที่โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าจะใช้วิธีการเรียนรู้ด้วยอัลกอริทึมที่นำเสนอเปรียบเทียบกับโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าที่ใช้วิธีการเรียนรู้ด้วยอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย

Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และจีเนติกอัลกอริทึม โดยแบ่งเป็น 2 การทดลอง คือ

- การทดลองที่ 1 อัลกอริทึมที่นำเสนอเปรียบเทียบกับ 4 อัลกอริทึม โดยจะใช้ค่าพารามิเตอร์ที่เหมือนกันในการทดลอง โดยแต่ละชุดข้อมูลจะทดลองทั้งหมด 10 ครั้ง

- การทดลองที่ 2 อัลกอริทึมที่นำเสนอเปรียบเทียบกับ 4 อัลกอริทึม โดยเลือกค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมที่สุดของแต่ละอัลกอริทึมมาทดลอง โดยแต่ละชุดข้อมูลจะทดลองทั้งหมด 10 ครั้ง

จากนั้นจึงนำผลการทดลองทั้งหมดของทุกชุดข้อมูล มาเปรียบเทียบประสิทธิภาพเพื่อหาอัลกอริทึมที่ชนะสำหรับชุดข้อมูลนั้นๆ โดยวัดจากค่าความถูกต้องในการจำแนกประเภทข้อมูล อัลกอริทึมที่ให้ค่าความถูกต้องในการจำแนกประเภทข้อมูลมากที่สุด จะถูกเลือกเป็นอัลกอริทึมที่ชนะสำหรับแต่ละชุดข้อมูล

โมเดลที่ 2 อัลกอริทึมที่นำเสนอเพื่อใช้ในการแก้ปัญหาค่าความถูกต้องในการทดลองใช้ฟังก์ชันออฟติไมเซชันจำนวน 3 ฟังก์ชัน ได้แก่

- 1) Sphere function
- 2) Griewank function
- 3) Rastigin function

อัลกอริทึมที่นำมาใช้ในการเปรียบเทียบมี 2 อัลกอริทึมคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม โดยอัลกอริทึมแต่ละตัวมีการรันจำนวน 10 ครั้งต่อหนึ่งฟังก์ชัน

4.4 การทดสอบอัลกอริทึมที่นำเสนอสำหรับปัญหาการจำแนกประเภทข้อมูล

การทดลองเพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำงานระหว่าง อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และจีเนติกอัลกอริทึม โดยใช้ข้อมูลทดสอบจำนวน 10 ชุดข้อมูล ได้แก่ Haberman's Survival data set, Balance Scale data set, Iris Plants data set, Ecoli data set, Seeds data set, Pima Indians Diabetes data set, Breast Cancer Wisconsin data set, Wine data set, Zoo data set และ Ionosphere data set ได้ผลการทดลองดังนี้

4.4.1 การทดลองที่ 1

อัลกอริทึมที่นำเสนอเปรียบเทียบกับ 4 อัลกอริทึม โดยใช้ค่าพารามิเตอร์ที่เหมือนกันในการทดลอง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

1) Haberman's Survival data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Haberman's Survival กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบไปด้วย อินพุตโหนดจำนวน 3 โหนด ไฮแอสโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบไปด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 6 โหนด ไฮแอสโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบไปด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 2 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.2

ตารางที่ 4.2 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จินตึก อัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	200
P_{max}	200	200	200	200	-
$iter_{max}$	1000	1000	1000	1000	2000
S_{max}	8	8	8	8	-
S_{min}	2	2	2	2	-
$\sigma_{initial}$	4.90	4.90	4.90	4.90	-
σ_{final}	0.01	0.01	0.01	0.01	-
n	1	1	-	1	-
k	10	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.8	0.8
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Haberman's Survival แสดงดังตารางที่ 4.3

ตารางที่ 4.3 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Haberman's Survival

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จินตึกอัลกอริทึม
1	80.3279	72.1311	73.7705	75.4098	73.7705
2	77.0492	72.1311	73.7705	72.1311	73.7705
3	78.6885	73.7705	72.1311	73.7705	73.7705
4	75.4098	73.7705	72.1311	73.7705	73.7705

ตารางที่ 4.3(ต่อ) ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Haberman's Survival

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
5	78.6885	72.1311	72.1311	73.7705	73.7705
6	77.0492	73.7705	72.1311	73.7705	75.4098
7	78.6885	70.4918	72.1311	72.1311	73.7705
8	75.4098	75.4098	73.7705	73.7705	73.7705
9	80.3279	72.1311	72.1311	70.4918	73.7705
10	77.0492	72.1311	72.1311	73.7705	75.4098

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.4

ตารางที่ 4.4 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Haberman's Survival

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	77.8689	80.3279	75.4098	1.7707
Mehrabian et al., 2006	72.7869	75.4098	70.4918	1.3824
Giri et al., 2010	72.6229	73.7705	72.1311	0.7919
Zhang et al., 2010	73.2787	75.4098	70.4918	1.3496
จีเนติกอัลกอริทึม	74.0984	75.4098	73.7705	0.6912

จากตารางที่ 4.4 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอมีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 80.3279% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Zhang et al., 2010 จีเนติกอัลกอริทึม และอัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 6.1225%, 6.1225%, 6.1225% และ 8.1633% ตามลำดับ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ 77.8689% รองลงมาคือ จีเนติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 4.8421%, 5.8948%, 6.5264% และ 6.7370% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

จีเนติกอัลกอริทึม มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และอัลกอริทึมที่นำเสนอ ตามลำดับ

2) Balance Scale data set

โครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Balance Scale กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบด้วย อินพุตโหนดจำนวน 4 โหนด ไฮเอสโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 6 โหนด ไฮเอสโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 3 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.5

ตารางที่ 4.5 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
P_0	20	20	20	20	100
P_{max}	100	100	100	100	-
$iter_{max}$	2000	2000	2000	2000	4000
S_{max}	7	7	7	7	-
S_{min}	2	2	2	2	-
$\sigma_{initial}$	1	1	1	1	-
σ_{final}	0.001	0.001	0.001	0.001	-
n	1	1	-	1	-
k	5	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.7	0.7
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านอื่นๆ

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Balance Scale แสดงดังตารางที่ 4.6

ตารางที่ 4.6 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Balance Scale

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy (%)				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จินตริกอัลกอริทึม
1	94.4000	92.0000	88.8000	92.8000	90.4000
2	92.8000	93.6000	88.8000	93.6000	94.4000
3	95.2000	92.8000	88.8000	94.4000	92.0000
4	93.6000	92.8000	88.8000	91.2000	90.4000
5	93.6000	93.6000	88.0000	93.6000	92.8000
6	92.8000	93.6000	89.6000	94.4000	93.6000
7	93.6000	92.0000	90.4000	92.8000	89.6000
8	93.6000	93.6000	88.8000	92.8000	93.6000
9	93.6000	92.8000	88.0000	93.6000	92.0000
10	94.4000	90.4000	88.0000	93.6000	92.0000

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.7

ตารางที่ 4.7 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Balance Scale

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	93.7600	95.2000	92.8000	0.7351
Mehrabian et al., 2006	92.7200	93.6000	90.4000	1.0293
Giri et al., 2010	88.8000	90.4000	88.0000	0.7542
Zhang et al., 2010	93.2800	94.4000	91.2000	0.9390
จินตริกอัลกอริทึม	92.0800	94.4000	89.6000	1.5754

จากตารางที่ 4.7 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอมีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 95.20% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 จีเนติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 0.8403%, 0.8403%, 1.6807% และ 5.0420% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ 93.76% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 จีเนติกอัลกอริทึม และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 0.5119%, 1.1092%, 1.7918% และ 5.2901%

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคืออัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม ตามลำดับ

3) Iris Plants data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Iris Plants กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบไปด้วย อินพุตโหนดจำนวน 4 โหนด ไฮแอสโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบไปด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 6 โหนด ไฮแอสโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบไปด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 3 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.8

ตารางที่ 4.8 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติก อัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	200
P_{max}	200	200	200	200	-
$iter_{max}$	500	500	500	500	-
S_{max}	5	5	5	5	-

ตารางที่ 4.8(ต่อ) แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติก อัลกอริทึม
S_{min}	1	1	1	1	-
$\sigma_{initial}$	2.5	2.5	2.5	2.5	-
σ_{final}	0.001	0.001	0.001	0.001	-
n	1	1	-	1	-
k	10	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.7	0.7
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Iris Plants แสดงดังตารางที่ 4.9

ตารางที่ 4.9 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Iris Plants

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy (%)				จีเนติกอัลกอริทึม
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	
1	96.6667	96.6667	90.0000	96.6667	93.3333
2	100.000	96.6667	90.0000	96.6667	96.6667
3	96.6667	96.6667	93.3333	96.6667	90.0000
4	100.000	96.6667	90.0000	90.0000	93.3333
5	96.6667	93.3333	80.0000	96.6667	93.3333
6	96.6667	96.6667	90.0000	96.6667	93.3333
7	96.6667	96.6667	86.6667	93.3333	100.0000
8	96.6667	93.3333	90.0000	93.3333	96.6667
9	100.000	96.6667	90.0000	96.6667	96.6667
10	96.6667	96.6667	93.3333	96.6667	93.3333

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมา
เปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.10

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.10 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Iris Plants

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	97.6667	100.0000	96.6667	1.6101
Mehrabian et al., 2006	96.0000	96.6667	93.3333	1.4055
Giri et al., 2010	89.3333	93.3333	80.0000	3.7843
Zhang et al., 2010	95.3334	96.6667	90.0000	2.3307
จินตริกอัลกอริทึม	94.6667	100.0000	90.0000	2.8109

จากตารางที่ 4.10 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ และจินตริกอัลกอริทึม มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มเท่ากับคือ 100% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าทั้ง 2 อัลกอริทึม ประมาณ 3.3333%, 3.3333% และ 6.6667% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ 97.67% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 จินตริกอัลกอริทึม และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอ ประมาณ 1.7065%, 2.3890%, 3.0717% และ 8.5325% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 จินตริกอัลกอริทึม และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 ตามลำดับ

4) Ecoli data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Ecoli กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบไปด้วย อินพุตโหนดจำนวน 7 โหนด ไปแอสโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบไปด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 12 โหนด ไปแอสโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบไปด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 8 โหนด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.11

ตารางที่ 4.11 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
P_0	20	20	20	20	100
P_{max}	100	100	100	100	-
$iter_{max}$	1000	1000	1000	1000	2000
S_{max}	8	8	8	8	-
S_{min}	2	2	2	2	-
$\sigma_{initial}$	3	3	3	3	-
σ_{final}	0.01	0.01	0.01	0.01	-
n	1	1	-	1	-
k	5	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.7	0.7
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ecoli แสดงดังตารางที่ 4.12

ตารางที่ 4.12 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ecoli

การทดสอบครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
1	88.06	77.6119	80.5970	83.5821	77.6119
2	88.06	79.1045	80.5970	79.1045	77.6119
3	83.58	82.0896	80.5970	79.1045	83.5821
4	80.60	79.1045	80.5970	74.6269	85.0746
5	88.06	77.6119	80.5970	83.5821	77.6119
6	82.09	79.1045	80.5970	79.1045	77.6119
7	83.58	82.0896	80.5970	79.1045	83.5821
8	83.58	79.1045	80.5970	74.6269	85.0746
10	82.09	77.6119	80.5970	80.5970	82.0896

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.13

ตารางที่ 4.13 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ecoli

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	84.7760	88.0600	80.6000	2.9683
Mehrabian et al., 2006	80.2985	83.5821	77.6119	2.3123
Giri et al., 2010	80.4478	80.5970	79.1045	0.4720
Zhang et al., 2010	79.8490	83.5800	74.6300	2.7472
จินตริกอัลกอริทึม	80.5970	85.0746	76.1194	2.9851

จากตารางที่ 4.13 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 88.06% รองลงมาคือ จินตริกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 3.3902%, 5.0851%, 5.0874% และ 8.4749% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 84.7760% รองลงมาคือ จินตริกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอ ประมาณ 4.9295%, 5.1055%, 5.2816% และ 5.8118% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอ และจินตริกอัลกอริทึม ตามลำดับ

5) Seeds data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Seeds กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบไปด้วย อินพุตโหนดจำนวน 7 โหนด ไซแอสโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบไปด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 10 โหนด ไซแอสโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบไปด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 3 โหนด

ผลการทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.14

ตารางที่ 4.14 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติก อัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	150
P_{max}	150	150	150	150	-
$iter_{max}$	2000	2000	2000	2000	4000
S_{max}	5	5	5	5	-
S_{min}	1	1	1	1	-
$\sigma_{initial}$	2	2	2	2	-
σ_{final}	0.005	0.005	0.005	0.005	-
n	1	1	-	1	-
k	5	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.7	0.7
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Seeds แสดงดังตารางที่ 4.15

ตารางที่ 4.15 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Seeds

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
1	92.8571	90.4762	76.1905	88.0952	88.0952
2	92.8571	92.8571	76.1905	88.0952	83.3333
3	95.2381	88.0952	73.8095	90.4762	88.0952
4	92.8571	88.0952	69.0476	85.7143	85.7143

ตารางที่ 4.15(ต่อ) ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Seeds

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
5	92.8571	88.0952	76.1905	88.0952	88.0952
6	90.4762	90.4762	76.1905	88.0952	85.7143
7	90.4762	92.8571	76.1905	88.0952	88.0952
8	95.2381	92.8571	76.1905	90.4762	80.9524
9	95.2381	90.4762	78.5714	90.4762	90.4762
10	95.2381	92.8571	73.8095	88.0952	85.7143

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.16

ตารางที่ 4.16 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Seeds

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	93.3333	95.2381	90.4762	1.8781
Mehrabian et al., 2006	90.7143	92.8571	88.0952	2.0847
Giri et al., 2010	75.2381	78.5714	69.0476	2.5595
Zhang et al., 2010	88.5714	90.4762	85.7143	1.5059
จีเนติกอัลกอริทึม	86.4286	90.4762	80.9524	2.7607

จากตารางที่ 4.16 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 95.2381% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 จีเนติกอัลกอริทึม และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 2.50%, 5%, 5% และ 17.50% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ

93.3333% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอเอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดย Zhang et al., 2010 จีเนติกอัลกอริทึม และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอ ประมาณ 2.8061%, 5.1020%, 7.3979% และ 19.3877% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 และจีเนติกอัลกอริทึม ตามลำดับ

6) Pima Indians Diabetes data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Pima Indians Diabetes กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบไปด้วย อินพุตโหนดจำนวน 8 โหนด ไซแนปส์โหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบไปด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 11 โหนด ไซแนปส์โหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบไปด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 2 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.17

ตารางที่ 4.17 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	200
P_{max}	200	200	200	200	-
$iter_{max}$	2000	2000	2000	2000	4000
S_{max}	6	6	6	6	-
S_{min}	2	2	2	2	-
$\sigma_{initial}$	0.8	0.8	0.8	0.8	-
σ_{final}	0.05	0.05	0.05	0.05	-
n	1	1	-	1	-
k	10	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.7	0.7
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Pima Indians Diabetes แสดงดังตารางที่ 4.18

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.18 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Pima Indians Diabetes

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
1	80.5195	79.8701	76.6234	76.6234	77.9221
2	80.5195	76.6234	79.2208	78.5714	77.9221
3	79.8701	75.3247	78.5714	77.2727	77.2727
4	77.9221	75.9740	77.2727	74.6753	74.0260
5	77.2727	77.2727	78.5714	72.0779	75.3247
6	78.5714	77.2727	74.6753	77.9221	79.2208
7	77.9221	75.9740	76.6234	74.6753	74.0260
8	77.9221	76.6234	78.5714	75.9740	79.8701
9	80.5195	77.2727	77.9221	77.9221	79.8701
10	79.8701	79.2208	77.9221	78.5714	75.3247

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.19

ตารางที่ 4.19 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Pima Indians Diabetes

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	79.0900	80.5200	77.2700	1.2928
Mehrabian et al., 2006	77.1429	79.8701	75.3247	1.4292
Giri et al., 2010	77.5974	79.2208	74.6753	1.3430
Zhang et al., 2010	76.4286	78.5714	72.0779	2.0997
จีเนติกอัลกอริทึม	77.0779	79.8701	74.0260	2.2712

จากตารางที่ 4.19 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 80.5200%

รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 จีเนติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นิยมนำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

นำเสนอโดย Giri et al., 2010 และ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอ ประมาณ 0.8071%, 0.8071%, 1.6135% และ 2.4200% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ 79.09% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 จีเนติกอัลกอริทึม และ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอ ประมาณ 1.8872%, 2.4619 %, 2.5441% และ 3.3650% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และจีเนติกอัลกอริทึม ตามลำดับ

7) Breast Cancer Wisconsin data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Breast Cancer Wisconsin กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบไปด้วย อินพุตโหนดจำนวน 9 โหนด ไฮเอสโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบไปด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 12 โหนด ไฮเอสโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบไปด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 2 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.20

ตารางที่ 4.20 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	200
P_{max}	200	200	200	200	-
$iter_{max}$	1000	1000	1000	1000	2000
S_{max}	7	7	7	7	-
S_{min}	2	2	2	2	-
$\sigma_{initial}$	2	2	2	2	-

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.20(ต่อ) แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติก อัลกอริทึม
n	1	1	-	1	-
k	10	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.8	0.7
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

การจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Breast Cancer Wisconsin data set แสดงดังตารางที่ 4.21

ตารางที่ 4.21 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Breast Cancer Wisconsin

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
1	97.1429	94.2857	93.5714	93.5714	95.7143
2	97.1429	92.8571	93.5714	92.8571	94.2857
3	95.7143	95.0000	94.2857	94.2857	94.2857
4	94.2857	92.1429	93.5714	92.8571	94.2857
5	95.0000	92.1429	94.2857	93.5714	93.5714
6	95.0000	92.8571	93.5714	92.8571	95.7143
7	97.1429	94.2857	93.5714	94.2857	95.0000
8	97.1429	95.0000	95.0000	93.5714	94.2857
9	95.0000	94.2857	95.0000	94.2857	93.5714
10	95.7143	93.5714	95.0000	94.2857	92.8571

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมา
เปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.22

ตารางที่ 4.22 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Breast Cancer Wisconsin

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	95.9286	97.1429	94.2857	1.1193
Mehrabian et al., 2006	93.6429	95.0000	92.1429	1.0885
Giri et al., 2010	94.1428	95.0000	93.5714	0.6564
Zhang et al., 2010	93.6428	94.2857	92.8571	0.6254
จีเนติกอัลกอริทึม	94.3571	95.7143	92.8571	0.9191

จากตารางที่ 4.22 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 97.1429% รองลงมาคือ จีเนติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 และ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 1.4706%, 2.2059%, 2.2059% และ 2.9412% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ 95.9286% รองลงมาคือ จีเนติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 1.6382%, 1.8616%, 2.3827% และ 2.3828% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 จีเนติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และอัลกอริทึมที่นำเสนอ ตามลำดับ

8) Wine data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Wine กำหนดให้มี

โครงสร้างจำนวนชั้น 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบด้วย อินพุตโหนดจำนวน 13 โหนด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ไบแอสโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบไปด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 18 โหนด ไบแอสโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบไปด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 3 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.23

ตารางที่ 4.23 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	100
P_{max}	100	100	100	100	-
$iter_{max}$	10000	10000	10000	10000	20000
S_{max}	5	5	5	5	-
S_{min}	1	1	1	1	-
$\sigma_{initial}$	0.55	0.55	0.55	0.55	-
σ_{final}	0.01	0.01	0.01	0.01	-
n	1	1	-	1	-
k	5	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.7	0.7
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มข้อมูลชุดข้อมูล Wine แสดงดังตารางที่ 4.24

ตารางที่ 4.24 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Wine

การทดสอบครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
1	91.6667	91.6667	86.1111	83.3333	97.2222
2	91.6667	88.8889	83.3333	88.8889	94.4444
3	91.6667	80.5556	83.3333	83.3333	94.4444
4	97.2222	83.3333	83.3333	83.3333	94.4444
5	91.6667	91.6667	77.7778	83.3333	97.2222
6	91.6667	86.1111	86.1111	75.0000	91.6667
7	97.2222	88.8889	83.3333	80.5556	91.6667

ตารางที่ 4.24(ต่อ) ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Wine

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จินตริกอัลกอริทึม
8	91.6667	83.3333	86.1111	80.5556	91.6667
9	94.4444	88.8889	83.3333	83.3333	100.0000
10	91.6667	83.3333	83.3333	86.1111	91.6667

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.25

ตารางที่ 4.25 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Wine

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	93.0556	97.2222	91.6667	2.3606
Mehrabian et al., 2006	86.6667	91.6667	80.5556	3.8845
Giri et al., 2010	83.6111	86.1111	77.7778	2.4322
Zhang et al., 2010	82.7778	88.8889	75.0000	3.6571
จินตริกอัลกอริทึม	94.4444	100.0000	91.6667	2.9280

จากตารางที่ 4.25 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

จินตริกอัลกอริทึมมีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 100% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าจินตริกอัลกอริทึม ประมาณ 2.7778%, 8.3333%, 11.1111% และ 13.8889% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

จินตริกอัลกอริทึมมีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ 94.4444% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่า

ความถูกต้องน้อยกว่าจีเนติกอัลกอริทึมประมาณ 1.4705%, 8.2352%, 11.4760% และ 12.3529% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม น้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 จีเนติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 ตามลำดับ

9) Zoo data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Zoo กำหนดให้มี โครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบด้วย อินพุตโหนดจำนวน 16 โหนด ไปแอส โหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 20 โหนด ไปแอสโหนด จำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 7 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดัง ตารางที่ 4.26

ตารางที่ 4.26 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติก อัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	100
P_{max}	100	100	100	100	-
$iter_{max}$	5000	5000	5000	5000	10000
S_{max}	5	5	5	5	-
S_{min}	1	1	1	1	-
$\sigma_{initial}$	0.25	0.25	0.25	0.25	-
σ_{final}	0.001	0.001	0.001	0.001	-
n	1	1	-	1	-
k	5	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.7	0.7
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Zoo แสดงดังตารางที่ 4.27

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.27 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Zoo

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จินตริกอัลกอริทึม
1	95.2381	90.4762	71.4286	90.4762	90.4762
2	95.2381	95.2381	80.9524	95.2381	85.7143
3	95.2381	95.2381	80.9524	95.2381	85.7143
4	95.2381	95.2381	71.4286	95.2381	95.2381
5	95.2381	90.4762	76.1905	95.2381	95.2381
6	95.2381	95.2381	76.1905	90.4762	90.4762
7	90.4762	95.2381	71.4286	95.2381	90.4762
8	95.2381	95.2381	80.9524	90.4762	80.9524
9	95.2381	95.2381	76.1905	95.2381	80.9524
10	95.2381	95.2381	71.4286	95.2381	85.7143

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.28

ตารางที่ 4.28 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Zoo

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	94.7619	95.2381	90.4762	1.5058
Mehrabian et al., 2006	94.2857	95.2381	90.4762	2.0078
Giri et al., 2010	75.7143	80.9524	71.4286	4.1695
Zhang et al., 2010	94.7619	95.2381	90.4762	1.5058
จินตริกอัลกอริทึม	88.0953	95.2381	80.9524	5.1434

จากตารางที่ 4.28 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และจินตริกอัลกอริทึม มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มเท่ากัน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

คือ 95.2381% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าทั้ง 4 อัลกอริทึมประมาณ 15%

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มเท่ากันคือ 94.7619% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 จีเนติกอัลกอริทึม และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าทั้ง 2 อัลกอริทึมประมาณ 0.5025%, 7.0351% และ 20.1005% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 และจีเนติกอัลกอริทึม ตามลำดับ

10) Ionosphere data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Ionosphere กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบไปด้วย อินพุตโหนดจำนวน 34 โหนด ไซแนปส์โหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบไปด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 36 โหนด ไซแนปส์โหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบไปด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 2 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.29

ตารางที่ 4.29 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	100
P_{max}	100	100	100	100	-
$iter_{max}$	1000	1000	1000	1000	2000
S_{max}	5	5	5	5	-
S_{min}	1	1	1	1	-
$\sigma_{initial}$	1.5	1.5	1.5	1.5	-
σ_{final}	0.01	0.01	0.01	0.01	-
n	1	1	-	1	-
k	5	-	-	-	-

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.29(ต่อ) แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติก อัลกอริทึม
Crossover rate	-	-	-	0.7	0.7
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ionosphere แสดงดังตารางที่ 4.30

ตารางที่ 4.30 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ionosphere

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
1	94.2857	92.8571	87.1429	88.5714	87.1429
2	95.7143	94.2857	88.5714	90.0000	91.4286
3	97.1429	95.7143	87.1429	91.4286	88.5714
4	94.2857	91.4286	88.5714	94.2857	87.1429
5	92.8571	94.2857	90.0000	91.4286	91.4286
6	94.2857	92.8571	87.1429	92.8571	88.5714
7	92.8571	94.2857	88.5714	92.8571	90.0000
8	94.2857	88.5714	90.0000	94.2857	90.0000
9	95.7143	95.7143	90.0000	88.5714	85.7143
10	95.7143	95.7143	90.0000	91.4286	85.7143

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.31

ตารางที่ 4.31 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ionosphere

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	94.7143	97.1429	92.8571	1.3553
Mehrabian et al., 2006	93.5714	95.7143	88.5714	2.2588
Giri et al., 2010	88.7143	90.0000	87.1429	1.2508

ตารางที่ 4.31(ต่อ) ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ionosphere

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
Zhang et al., 2010	91.5714	94.2857	88.5714	2.0702
จินตริกอัลกอริทึม	88.5714	91.4286	85.7143	2.1296

จากตารางที่ 4.31 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 97.1429% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 จินตริกอัลกอริทึม และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอ ประมาณ 1.4706%, 2.9412%, 5.8824% และ 7.3530% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 94.7143% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 และจินตริกอัลกอริทึม มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอ ประมาณ 1.2067%, 3.3183%, 6.3348% และ 6.4857% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 จินตริกอัลกอริทึม และ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 ตามลำดับ

4.4.2 การทดลองที่ 2

ในการทดลองนี้ อัลกอริทึมที่นำเสนอเปรียบเทียบกับอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม โดยเลือกค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมที่สุดของแต่ละอัลกอริทึมมาทดลอง

1) Haberman's Survival data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Haberman's Survival กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น คือ ชั้นอินพุต ประกอบไปด้วย อินพุตโหนดจำนวน 3 โหนด เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ไบแอสโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบไปด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 6 โหนด ไบแอสโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบไปด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 2 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.32

ตารางที่ 4.32 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	200
P_{max}	200	200	200	200	-
$iter_{max}$	1000	1000	1000	1000	2000
S_{max}	8	8	5	8	-
S_{min}	2	1	1	2	-
$\sigma_{initial}$	4.90	4.10	5.50	4.50	-
σ_{final}	0.01	0.01	0.01	0.01	-
n	1	3	-	1	-
k	10	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.8	0.8
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Haberman's Survival แสดงดังตารางที่ 4.33

ตารางที่ 4.33 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Haberman's Survival

การทดสอบครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
1	80.3279	77.0492	72.1311	75.4098	73.7705
2	80.3279	73.7705	73.7705	73.7705	72.1311
3	78.6885	75.4098	75.4098	75.4098	75.4098
4	75.4098	77.0492	72.1311	75.4098	73.7705
5	78.6885	75.4098	75.4098	75.4098	75.4098
6	77.0492	75.4098	72.1311	73.7705	75.4098
7	78.6885	75.4098	75.4098	75.4098	73.7705

ตารางที่ 4.33(ต่อ) ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Haberman's Survival

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
8	75.4098	73.7705	73.7705	73.7705	77.0492
9	77.0492	75.4098	73.7705	73.7705	77.0492
10	77.0492	75.4098	75.4098	77.0492	77.0492

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.34

ตารางที่ 4.34 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม Haberman's Survival

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	77.8689	80.3279	75.4098	1.7707
Mehrabian et al., 2006	75.4098	77.0492	73.7705	1.0929
Giri et al., 2010	73.9344	75.4098	72.1311	1.4354
Zhang et al., 2010	74.9180	77.0492	73.7705	1.1065
จีเนติกอัลกอริทึม	75.0820	77.0492	72.1311	1.6931

จากตารางที่ 4.34 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอมีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 80.3279% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 จีเนติกอัลกอริทึม และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 4.0816%, 4.0816%, 4.0816% และ 6.1225% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ 77.8689% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 จีเนติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มี

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 3.1580%, 3.5790%, 3.7896% และ 5.0527% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 จีเนติกอัลกอริทึม และอัลกอริทึมที่นำเสนอ ตามลำดับ

2) Balance Scale data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Balance Scale กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบด้วย อินพุตโหนดจำนวน 4 โหนด ไปแอสโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 6 โหนด ไปแอสโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 3 โหนด

ผลการทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.35

ตารางที่ 4.35 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
P_0	20	20	20	20	100
P_{max}	100	100	100	100	-
$iter_{max}$	2000	2000	2000	2000	4000
S_{max}	7	7	7	7	-
S_{min}	2	2	2	2	-
$\sigma_{initial}$	1	0.80	2.15	0.95	-
σ_{final}	0.001	0.001	0.01	0.001	-
n	1	3	-	3	-
k	5	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.8	0.8
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Balance Scale แสดงดังตารางที่ 4.36

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.36 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Balance Scale

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy (%)				จินตติกอัลกอริทึม
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	
1	94.4000	92.0000	89.6000	93.6000	93.6000
2	92.8000	93.6000	90.4000	92.8000	92.8000
3	95.2000	93.6000	89.6000	92.0000	90.4000
4	93.6000	93.6000	89.6000	94.4000	91.2000
5	93.6000	92.8000	89.6000	94.4000	94.4000
6	92.8000	93.6000	88.0000	93.6000	89.6000
7	93.6000	93.6000	88.0000	93.6000	93.6000
8	93.6000	93.6000	88.0000	93.6000	93.6000
9	93.6000	92.8000	88.8000	93.6000	91.2000
10	94.4000	91.2000	88.0000	94.4000	92.0000

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.37

ตารางที่ 4.37 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Balance Scale

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	93.7600	95.2000	92.8000	0.7351
Mehrabian et al., 2006	93.0400	93.6000	91.2000	0.8475
Giri et al., 2010	88.9600	90.4000	88.0000	0.9082
Zhang et al., 2010	93.6000	94.4000	92.0000	0.7542
จินตติกอัลกอริทึม	92.2400	94.4000	89.6000	1.6022

จากตารางที่ 4. 37 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอมีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 95.20% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 จินตติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการ

จำแนกกลุ่มน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 0.8403%, 0.8403%, 1.6807% และ 5.0420% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ 93.76% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 จีเนติกอัลกอริทึม และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 0.1706%, 0.7679%, 1.6212% และ 5.1195%

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคืออัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 และจีเนติกอัลกอริทึม ตามลำดับ

3) Iris Plants data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Iris Plants กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบด้วย อินพุตโหนดจำนวน 4 โหนด ไซแอสโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 6 โหนด ไซแอสโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 3 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.38

ตารางที่ 4.38 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติก อัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	200
P_{max}	200	200	200	200	-
$iter_{max}$	500	500	500	500	-
S_{max}	5	7	8	8	-
S_{min}	1	1	2	2	-
$\sigma_{initial}$	2.50	4	4.60	4.50	-
σ_{final}	0.001	0.1	0.001	0.001	-
n	1	3	-	3	-

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.38(ต่อ) แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติก อัลกอริทึม
k	10	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.7	0.7
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Iris Plants แสดงดังตารางที่ 4.39

ตารางที่ 4.39 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Iris Plants

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy (%)				จีเนติกอัลกอริทึม
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	
1	96.6667	96.6667	96.6667	96.6667	96.6667
2	100.0000	96.6667	96.6667	96.6667	96.6667
3	96.6667	96.6667	96.6667	96.6667	96.6667
4	100.0000	96.6667	100.0000	96.6667	96.6667
5	96.6667	96.6667	96.6667	100.0000	100.0000
6	96.6667	96.6667	96.6667	93.3333	96.6667
7	96.6667	96.6667	96.6667	96.6667	96.6667
8	96.6667	96.6667	96.6667	96.6667	96.6667
9	100.0000	93.3333	96.6667	96.6667	93.3333
10	96.6667	100.0000	100.0000	96.6667	96.6667

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมา
เปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.40

ตารางที่ 4.40 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด
และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม Iris Plants data set

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	97.6667	100.0000	96.6667	1.6101
Mehrabian et al., 2006	96.6667	100.0000	93.3333	1.5714

ตารางที่ 4.40(ต่อ) ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม Iris Plants data set

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
Giri et al., 2010	97.3334	100.0000	96.6667	1.4054
Zhang et al., 2010	96.6667	100.0000	93.3333	1.5714
จีเนติกอัลกอริทึม	96.6667	100.0000	93.3333	1.5714

จากตารางที่ 4.40 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 และจีเนติกอัลกอริทึม มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มเท่ากันคือ 100%

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ 97.6667% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 จีเนติกอัลกอริทึม มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอ ประมาณ 0.3413% และ 1.0239% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 จีเนติกอัลกอริทึม และ อัลกอริทึมที่นำเสนอตามลำดับ

4) Ecoli data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Ecoli กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบไปด้วย อินพุตโหนดจำนวน 7 โหนด ไซแนปส์โหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบไปด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 12 โหนด ไซแนปส์โหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบไปด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 8 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.41

ตารางที่ 4.41 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
P_0	20	20	20	20	100
P_{max}	100	100	100	100	-
$iter_{max}$	1000	1000	1000	1000	2000
S_{max}	8	5	8	8	-
S_{min}	2	1	1	2	-
$\sigma_{initial}$	3	2	3	2	-
σ_{final}	0.01	0.01	0.01	0.01	-
n	1	3	-	1	-
k	5	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.7	0.7
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ecoli แสดงดังตารางที่ 4.42

ตารางที่ 4.42 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ecoli

การทดสอบครั้งที่	Testing Accuracy				จีเนติกอัลกอริทึม
	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	
1	88.06	85.0746	80.5970	85.0746	85.0746
2	88.06	82.0896	80.5970	85.0746	83.5821
3	83.58	82.0896	77.6119	79.1045	80.5970
4	80.60	85.0746	80.5970	85.0746	85.0746
5	88.06	79.1045	80.5970	82.0896	82.0896
6	82.09	85.0746	82.0896	80.5970	86.5672
7	83.58	83.5821	79.1045	86.5672	82.0896
8	83.58	85.0746	80.5970	85.0746	85.0746
9	88.06	82.0896	80.5970	85.0746	83.5821
10	82.09	82.0896	77.6119	79.1045	80.5970

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.43

ตารางที่ 4.43 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม Ecoli data set

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	84.7760	88.0600	80.6000	2.9683
Mehrabian et al., 2006	82.6866	85.0746	79.1045	2.0148
Giri et al., 2010	80.0000	82.0900	77.6100	1.2610
Zhang et al., 2010	82.5373	86.5672	71.6418	4.5625
จีเนติกอัลกอริทึม	83.1343	86.5672	80.5970	1.9963

จากตารางที่ 4.43 สรุปผลการทดลอง ได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 88.06% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 จีเนติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 1.6952%, 1.6952%, 3.3902% และ 6.7795% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ 84.7760% รองลงมาคือ จีเนติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอ ประมาณ 1.9365%, 2.4646%, 2.6407% และ 5.6337% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ จีเนติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอ และ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 ตามลำดับ

5) Seeds data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Seeds กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบไปด้วย อินพุตโหนดจำนวน 7 โหนด ไปแอสโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบไปด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 10 โหนด ไปแอสโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบไปด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 3 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.44

ตารางที่ 4.44 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จินตติก อัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	150
P_{max}	150	150	150	150	-
$iter_{max}$	2000	2000	2000	2000	4000
S_{max}	5	5	5	5	-
S_{min}	1	1	1	1	-
$\sigma_{initial}$	2	0.8	1.2	2	-
σ_{final}	0.005	0.001	0.01	0.001	-
n	1	3	-	3	-
k	5	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.7	0.7
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Seeds แสดงดังตารางที่ 4.45

ตารางที่ 4.45 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Seeds

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จินตติกอัลกอริทึม
1	92.8571	92.8571	88.0952	90.4762	85.7143
2	92.8571	95.2381	90.4762	90.4762	90.4762
3	95.2381	90.4762	88.0952	92.8571	85.7143
4	92.8571	95.2381	90.4762	90.4762	83.3333

ตารางที่ 4.45(ต่อ) ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม ชุดข้อมูล Seeds

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จินตริกอัลกอริทึม
5	92.8571	92.8571	85.7143	92.8571	90.4762
6	90.4762	92.8571	90.4762	90.4762	83.3333
7	90.4762	95.2381	90.4762	90.4762	90.4762
8	95.2381	90.4762	90.4762	90.4762	85.7143
9	95.2381	92.8571	92.8571	90.4762	90.4762
10	95.2381	92.8571	92.8571	90.4762	92.8571

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.46

ตารางที่ 4.46 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Seeds

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	93.3333	95.2381	90.4762	1.8781
Mehrabian et al., 2006	93.0952	95.2381	90.4762	1.7568
Giri et al., 2010	90.0000	92.8571	85.7143	2.1879
Zhang et al., 2010	90.9524	92.8571	90.4762	1.0039
จินตริกอัลกอริทึม	87.8571	92.8571	83.3333	3.4503

จากตารางที่ 4.46 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มเท่ากันคือ 95.2381% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และ จินตริกอัลกอริทึม มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าอัลกอริทึมทั้ง 2 อัลกอริทึมเท่ากันประมาณ 2.50%

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ

93.3333% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอเอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดย Zhang et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 และ จีเนติกอัลกอริทึม มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอ ประมาณ 0.2551%, 2.5510%, 3.5714% และ 5.8674% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Giri et al., 2010 และจีเนติกอัลกอริทึม ตามลำดับ

6) Pima Indians Diabetes data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Pima Indians Diabetes กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบด้วย อินพุตโหนดจำนวน 8 โหนด ไฮแอตโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 11 โหนด ไฮแอตโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 2 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.47

ตารางที่ 4.47 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	200
P_{max}	200	200	200	200	-
$iter_{max}$	2000	3000	3000	3000	4000
S_{max}	6	8	6	6	-
S_{min}	2	1	2	2	-
$\sigma_{initial}$	0.80	0.65	0.75	0.65	-
σ_{final}	0.05	0.05	0.05	0.01	-
n	1	1	-	3	-
k	10	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.7	0.80
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Pima Indians Diabetes แสดงดังตารางที่ 4.48

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.48 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Pima Indians Diabetes

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จินตติกอัลกอริทึม
1	80.5195	76.6234	79.2208	80.5195	77.9221
2	80.5195	76.6234	80.5195	78.5714	81.1688
3	79.8701	77.9221	78.5714	75.3247	78.5714
4	77.9221	77.9221	77.2727	78.5714	80.5195
5	77.2727	77.2727	77.9221	78.5714	79.8701
6	78.5714	79.8701	76.6234	76.6234	78.5714
7	77.9221	77.2727	76.6234	77.2727	77.9221
8	77.9221	79.8701	77.2727	78.5714	78.5714
9	80.5195	80.5195	75.9740	78.5714	77.2727
10	79.8701	77.2727	76.6234	77.9221	79.2208

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.49

ตารางที่ 4.49 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้อง ในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Pima Indians Diabetes

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	79.0900	80.5200	77.2700	1.2928
Mehrabian et al., 2006	78.1169	80.5195	76.6234	1.4374
Giri et al., 2010	77.6623	80.5195	75.9740	1.4094
Zhang et al., 2010	78.0519	80.5195	75.3247	1.3961
จินตติกอัลกอริทึม	78.9610	81.1688	77.2727	1.2321

จากตารางที่ 4.49 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

จินตติกอัลกอริทึม มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 81.1688% รองลงมา

คือ อัลกอริทึมที่นำเสนอ และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าเงินดิกอัลกอริทึมเท่ากันประมาณ 0.7993% และ 0.7999% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ 79.09% รองลงมาคือ เงินดิกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอ ประมาณ 0.1631%, 1.2304 %, 1.3126% และ 1.8052% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ เงินดิกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 ตามลำดับ

7) Breast Cancer Wisconsin data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Breast Cancer Wisconsin กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบด้วย อินพุตโหนดจำนวน 9 โหนด ไฮแอตโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 12 โหนด ไฮแอตโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 2 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.50

ตารางที่ 4.50 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	เงินดิกอัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	200
P_{max}	200	200	200	200	-
$iter_{max}$	1000	1000	1000	1000	2000
S_{max}	7	7	7	7	-
S_{min}	2	2	2	2	-
$\sigma_{initial}$	2	3	4	2	-
σ_{final}	0.01	0.01	0.01	0.01	-

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.50(ต่อ) แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติก อัลกอริทึม
n	1	3	-	3	-
k	10	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.8	0.8
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Breast Cancer Wisconsin แสดงดังตารางที่ 4.51

ตารางที่ 4.51 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Breast Cancer Wisconsin

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
1	97.1429	96.4286	95.7143	95.7143	94.2857
2	97.1429	95.7143	95.0000	95.0000	96.4286
3	95.7143	94.2857	95.0000	94.2857	95.0000
4	94.2857	93.5714	95.0000	94.2857	94.2857
5	95.0000	95.0000	95.0000	95.0000	93.5714
6	95.0000	92.8571	94.2857	92.8571	95.0000
7	97.1429	92.1429	94.2857	94.2857	96.4286
8	97.1429	92.8571	93.5714	95.0000	94.2857
9	95.0000	93.5714	93.5714	93.5714	94.2857
10	95.7143	96.4286	93.5714	92.8571	94.2857

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมา
เปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.52

ตารางที่ 4.52 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Breast Cancer Wisconsin

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	95.9286	97.1429	94.2857	1.1193
Mehrabian et al., 2006	94.2857	96.4286	92.1429	1.5430
Giri et al., 2010	94.5000	95.7143	93.5714	0.7567
Zhang et al., 2010	94.2857	95.7143	92.8571	0.9524
จีเนติกอัลกอริทึม	94.7857	96.4286	93.5714	0.9554

จากตารางที่ 4.52 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 97.1429% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มเท่ากัน และ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และจีเนติกอัลกอริทึม มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มเท่ากัน นั่นคือ มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 0.7353% และ 1.4706% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ 95.9286% รองลงมาคือ จีเนติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอประมาณ 1.1914%, 1.4892%, 1.7126% และ 1.7126% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 จีเนติกอัลกอริทึม อัลกอริทึมที่นำเสนอ และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 ตามลำดับ

8) Wine data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Wine กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบไปด้วย อินพุตโหนดจำนวน 13 โหนด ไซแอส

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบไปด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 18 โหนด ไปแอสโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นเอาต์พุต ประกอบไปด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 3 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.53

ตารางที่ 4.53 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จินตริกอัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	100
P_{max}	100	100	100	100	-
$iter_{max}$	10000	10000	10000	10000	20000
S_{max}	5	5	5	5	-
S_{min}	1	1	1	1	-
$\sigma_{initial}$	0.55	0.50	0.70	0.60	-
σ_{final}	0.01	0.01	0.01	0.01	-
n	1	3	-	1	-
k	5	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.8	0.8
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Wine แสดงดังตารางที่ 4.54

ตารางที่ 4.54 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Wine

การทดสอบครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จินตริกอัลกอริทึม
1	91.6667	91.6667	86.1111	83.3333	94.4444
2	91.6667	94.4444	86.1111	91.6667	94.4444
3	91.6667	94.4444	86.1111	86.1111	100.0000
4	97.2222	91.6667	83.3333	83.3333	91.6667
5	91.6667	88.8889	86.1111	83.3333	100.0000
6	91.6667	88.8889	83.3333	80.5556	94.4444
7	97.2222	86.1111	83.3333	83.3333	91.6667

ตารางที่ 4.54(ต่อ) ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Wine

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จินตริกอัลกอริทึม
8	91.6667	94.4444	86.1111	91.6667	100.0000
9	94.4444	94.4444	86.1111	80.5556	91.6667
10	91.6667	94.4444	80.5556	88.8889	97.2222

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.55

ตารางที่ 4.55 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Wine

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	93.0556	97.2222	91.6667	2.3606
Mehrabian et al., 2006	91.9444	94.4444	86.1111	3.0569
Giri et al., 2010	84.7222	86.1111	80.5556	1.9642
Zhang et al., 2010	85.2778	91.6667	80.5556	4.1512
จินตริกอัลกอริทึม	95.5556	100.0000	91.6667	3.5136

จากตารางที่ 4.55 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

จินตริกอัลกอริทึมมีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 100% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าจินตริกอัลกอริทึมประมาณ 2.7778%, 5.5556%, 8.3333% และ 13.8889% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

จินตริกอัลกอริทึมมีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด คือ 95.5556% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่า

ความถูกต้องน้อยกว่าจีเนติกอัลกอริทึมประมาณ 2.6163%, 3.7792%, 10.7558% และ 11.3373% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 จีเนติกอัลกอริทึม และ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 ตามลำดับ

9) Zoo data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Zoo กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบไปด้วย อินพุตโหนดจำนวน 16 โหนด ไซแอสโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบไปด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 20 โหนด ไซแอสโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นสุดท้ายคือชั้นเอาต์พุต ประกอบไปด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 7 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.56

ตารางที่ 4.56 แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติก อัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	100
P_{max}	100	100	100	100	-
$iter_{max}$	5000	5000	5000	5000	10000
S_{max}	5	5	5	5	-
S_{min}	1	1	1	1	-
$\sigma_{initial}$	0.25	0.50	0.45	0.35	-
σ_{final}	0.001	0.001	0.001	0.001	-
n	1	3	-	3	-
k	5	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.8	0.8
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Zoo แสดงดังตารางที่ 4.57

ตารางที่ 4.57 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Zoo

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
1	95.2381	95.2381	71.4286	90.4762	90.4762
2	95.2381	95.2381	80.9524	95.2381	95.2381
3	95.2381	95.2381	80.9524	95.2381	85.7143
4	95.2381	95.2381	76.1905	95.2381	85.7143
5	95.2381	95.2381	76.1905	95.2381	90.4762
6	95.2381	95.2381	76.1905	95.2381	95.2381
7	90.4762	95.2381	76.1905	95.2381	90.4762
8	95.2381	95.2381	71.4286	95.2381	80.9524
9	95.2381	95.2381	76.1905	95.2381	95.2381
10	95.2381	90.4762	76.1905	95.2381	90.4762

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.58

ตารางที่ 4.58 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Zoo

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	94.7619	95.2381	90.4762	1.5058
Mehrabian et al., 2006	94.7619	95.2381	90.4762	1.5058
Giri et al., 2010	76.1905	80.9524	71.4286	3.1746
Zhang et al., 2010	94.7619	95.2381	90.4762	1.5058
จีเนติกอัลกอริทึม	90.0000	95.2381	80.9524	4.7354

จากตารางที่ 4.58 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และจินตริกอัลกอริทึม มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มเท่ากันคือ 95.2381% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าทั้ง 4 อัลกอริทึมประมาณ 15%

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มเท่ากันคือ 94.7619% รองลงมาคือ จินตริกอัลกอริทึม และ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าทั้ง 3 อัลกอริทึมประมาณ 5.0251% และ 19.5980% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 และจินตริกอัลกอริทึม ตามลำดับ

10) Ionosphere data set

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าสำหรับชุดข้อมูล Ionosphere กำหนดให้มีโครงสร้างจำนวน 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นอินพุต ประกอบไปด้วย อินพุตโหนดจำนวน 34 โหนด ไปแอสโหนดจำนวน 1 โหนด ชั้นฮิดเดนประกอบไปด้วย ฮิดเดนโหนดจำนวน 36 โหนด ไปแอสโหนดจำนวน 1 โหนด และชั้นสุดท้ายคือชั้นเอาต์พุต ประกอบไปด้วยเอาต์พุตโหนดจำนวน 2 โหนด

การทดลองของทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้มีการกำหนดพารามิเตอร์ของแต่ละอัลกอริทึม แสดงดังตารางที่ 4.59

ตารางที่ 4.59(ต่อ) แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จินตริกอัลกอริทึม
P_0	50	50	50	50	100
P_{max}	100	100	100	100	-
$iter_{max}$	1000	1000	1000	1000	2000
S_{max}	5	5	5	5	-
S_{min}	1	1	1	1	-
$\sigma_{initial}$	1.50	0.80	1.80	0.90	-

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้拿去ไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.59(ต่อ) แสดงค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอทั้ง 5 อัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติก อัลกอริทึม
σ_{final}	0.01	0.001	0.01	0.01	-
n	1	3	-	3	-
k	5	-	-	-	-
Crossover rate	-	-	-	0.8	0.8
Mutation rate	-	-	-	-	0.05

ผลการทดลองการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ionosphere แสดงดังตารางที่ 4.60

ตารางที่ 4.60 ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม Ionosphere data set

การทดสอบ ครั้งที่	Testing Accuracy				
	อัลกอริทึมที่ นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	Giri et al., 2010	Zhang et al., 2010	จีเนติกอัลกอริทึม
1	94.2857	95.7143	87.1429	95.7143	91.4286
2	95.7143	92.8571	91.4286	91.4286	88.5714
3	97.1429	94.2857	90.0000	95.7143	91.4286
4	94.2857	92.8571	88.5714	94.2857	87.1429
5	92.8571	94.2857	88.5714	95.7143	87.1429
6	94.2857	94.2857	88.5714	95.7143	87.1429
7	92.8571	95.7143	90.0000	95.7143	91.4286
8	94.2857	95.7143	87.1429	94.2857	88.5714
9	95.7143	94.2857	90.0000	95.7143	90.0000
10	95.7143	90.0000	90.0000	91.4286	90.0000

ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำมา
เปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.61

ตารางที่ 4.61 ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้อง ค่าความถูกต้องที่มากที่สุด ค่าความถูกต้องที่น้อยที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มชุดข้อมูล Ionosphere

อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	94.7143	97.1429	92.8571	1.3553
Mehrabian et al., 2006	94.0000	95.7143	90.0000	1.7561
Giri et al., 2010	89.1429	91.4286	87.1429	1.3801
Zhang et al., 2010	94.5714	95.7143	91.4286	1.7561
จีเนติกอัลกอริทึม	89.2857	91.4286	87.1429	1.8133

จากตารางที่ 4.61 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

- กรณีของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 97.1429% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 จีเนติกอัลกอริทึม และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอ ประมาณ 1.4706%, 1.4706%, 5.8824% และ 5.8824% ตามลำดับ

- กรณีของค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดคือ 94.7143% รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 จีเนติกอัลกอริทึม และ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 มีค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอ ประมาณ 0.1509%, 0.7542%, 5.7316% และ 5.8823% ตามลำดับ

- กรณีของค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

อัลกอริทึมที่นำเสนอ มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มน้อยที่สุด รองลงมาคือ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และจีเนติกอัลกอริทึม ตามลำดับ

4.4.3 สรุปผลการทดลอง

จากการทำการทดลองเปรียบเทียบประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่นำเสนอ และอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบทั้ง 4 อัลกอริทึม สรุปผลการทดลอง ได้ดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4.4.3.1 การทดลองที่ 1

1) Haberman's Survival data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ค่าความถูกต้องและค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด แต่ในทางกลับกันจินตริกอัลกอริทึม ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

2) Balance Scale data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ค่าความถูกต้องและค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

3) Iris Plants data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอ และจินตริกอัลกอริทึมได้ให้ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่มากที่สุดเท่ากัน แต่อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ให้ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด โดยที่อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

4) Ecoli data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ค่าความถูกต้องและค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด แต่ในทางกลับกันอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

5) Seeds data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ค่าความถูกต้องและค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด แต่ในทางกลับกันอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

6) Pima Indians Diabetes data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ค่าความถูกต้องและค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

7) Breast Cancer Wisconsin data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ค่าความถูกต้องและค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด แต่ในทางกลับกันอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

8) Wine data set

จินตริกอัลกอริทึมได้ค่าความถูกต้องและค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่ม

มากที่สุด แต่ในทางกลับกันอัลกอริทึมที่นำเสนอ ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

9) Zoo data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และจินตริกอัลกอริทึม ได้ให้ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่มากที่สุดเท่ากัน โดยที่อัลกอริทึมที่นำเสนอและอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 ได้ให้ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดเท่ากัน และอัลกอริทึมที่นำเสนอ และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุดเท่ากัน

10) Ionosphere data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ค่าความถูกต้องและค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด แต่ในทางกลับกันอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

ตารางที่ 4.62 สรุปผลการทดลองที่ 1

Data set	Testing Accuracy	
	Best	Mean
Haberman's Survival data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	อัลกอริทึมที่นำเสนอ
Balance Scale data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	อัลกอริทึมที่นำเสนอ
Iris Plants data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ จินตริกอัลกอริทึม	อัลกอริทึมที่นำเสนอ
Ecoli data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	อัลกอริทึมที่นำเสนอ
Seeds data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	อัลกอริทึมที่นำเสนอ
Pima Indians Diabetes data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	อัลกอริทึมที่นำเสนอ
Breast Cancer Wisconsin data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	อัลกอริทึมที่นำเสนอ
Wine data set	จินตริกอัลกอริทึม	จินตริกอัลกอริทึม
Zoo data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ Mehrabian et al., 2006 Zhang et al., 2010 จินตริกอัลกอริทึม	อัลกอริทึมที่นำเสนอ Zhang et al., 2010
Ionosphere data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	อัลกอริทึมที่นำเสนอ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4.4.3.1 การทดลองที่ 2

1) Haberman's Survival data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ค่าความถูกต้องและค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด แต่ในทางกลับกันอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

2) Balance Scale data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ค่าความถูกต้องและค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

3) Iris Plants data set

อัลกอริทึมทั้ง 5 อัลกอริทึม ได้ให้ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่มากที่สุดเท่ากัน แต่อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ให้ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด โดยที่อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

4) Ecoli data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ค่าความถูกต้องและค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด แต่ในทางกลับกันอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

5) Seeds data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอ และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 ได้ให้ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด โดยที่อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ให้ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด แต่ในทางกลับกันอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

6) Pima Indians Diabetes data set

จินตริกอัลกอริทึมได้ให้ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด โดยที่อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ให้ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด

7) Breast Cancer Wisconsin data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ค่าความถูกต้องและค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด แต่ในทางกลับกันอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

8) Wine data set

จินตริกอัลกอริทึมได้ค่าความถูกต้องและค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด แต่ในทางกลับกันอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

9) Zoo data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และจินตริกอัลกอริทึมได้ให้ค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่มากที่สุดเท่ากัน โดยที่อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 ได้ให้ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุดเท่ากัน และอัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 ได้ให้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุดเท่ากัน

10) Ionosphere data set

อัลกอริทึมที่นำเสนอได้ค่าความถูกต้องและค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มมากที่สุด และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกกลุ่มที่น้อยที่สุด

ตารางที่ 4.63 สรุปผลการทดลองที่ 2

Data set	Testing Accuracy	
	Best	Mean
Haberman's Survival data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	อัลกอริทึมที่นำเสนอ
Balance Scale data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	อัลกอริทึมที่นำเสนอ
Iris Plants data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ Mehrabian et al., 2006 Giri et al., 2010 Zhang et al., 2010 จินตริกอัลกอริทึม	อัลกอริทึมที่นำเสนอ
Ecoli data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	อัลกอริทึมที่นำเสนอ
Seeds data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ Mehrabian et al., 2006	อัลกอริทึมที่นำเสนอ
Pima Indians Diabetes data set	จินตริกอัลกอริทึม	อัลกอริทึมที่นำเสนอ
Breast Cancer Wisconsin data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	อัลกอริทึมที่นำเสนอ
Wine data set	จินตริกอัลกอริทึม	จินตริกอัลกอริทึม

ตารางที่ 4.63 (ต่อ) สรุปผลการทดลองที่ 2

Data set	Testing Accuracy	
	Best	Mean
Zoo data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ Mehraban et al., 2006 Zhang et al., 2010 จินติกอัลกอริทึม	อัลกอริทึมที่นำเสนอ Mehraban et al., 2006 Zhang et al., 2010
Ionosphere data set	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	อัลกอริทึมที่นำเสนอ

4.5 การทดสอบอัลกอริทึมที่นำเสนอสำหรับปัญหาออฟติไมเซชันเชิงตัวเลข

การทดสอบเพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำงานระหว่างอัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehraban et al., 2006 และจินติกอัลกอริทึม สำหรับปัญหาออฟติไมเซชันเชิงตัวเลข ได้ทำการทดสอบกับฟังก์ชันออฟติไมเซชันจำนวน 3 ฟังก์ชัน คือ 1) Sphere function 2) Griewank function และ 3) Rastigin function โดยในแต่ละฟังก์ชันได้ใช้ชุดข้อมูลเริ่มต้นชุดเดียวกัน เพื่อให้สามารถเปรียบเทียบผลการทดลองร่วมกันได้ ทั้ง 3 อัลกอริทึม มีการรันจำนวน 10 ครั้งต่อหนึ่งฟังก์ชัน ผลการทดลองที่ได้มีการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของทั้ง 3 อัลกอริทึมด้วย 4 ตัวชี้วัด คือ 1) ค่าคำตอบที่ดีที่สุด 2) ค่าคำตอบที่แย่ที่สุด 3) ค่าเฉลี่ยของคำตอบทั้งหมดและ 4) ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ผลการทดลองแสดงดังนี้

1) Sphere function

อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehraban et al., 2006 และจินติกอัลกอริทึม ได้มีการกำหนดค่าพารามิเตอร์ต่างๆ แสดงดังตารางที่ 4.64

ตารางที่ 4.64 การกำหนดค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehraban et al., 2006 และจินติกอัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehraban et al., 2006	จินติกอัลกอริทึม
P_0	10	10	-
P_{max}	30	30	30
$iter_{max}$	1000	1000	3000
S_{max}	5	5	-

ตารางที่ 4.64(ต่อ) การกำหนดค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	จีเนติกอัลกอริทึม
S_{min}	2	0	-
$\sigma_{initial}$	0.9	4	-
σ_{final}	0.001	0.001	-
n	3	3	-
k	3	-	-
Crossover rate	-	-	0.7
Mutation rate	-	-	0.05

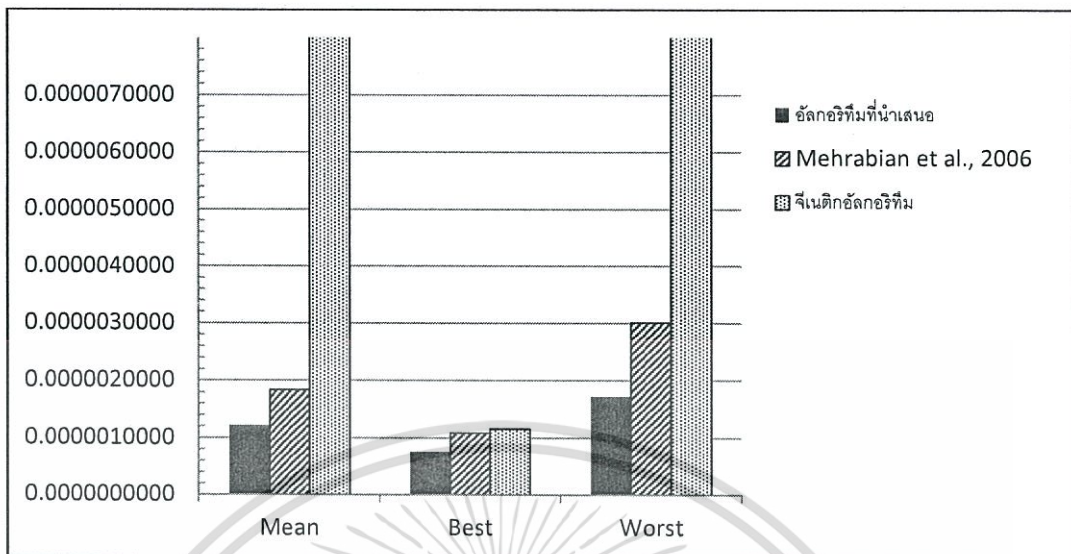
ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของทั้ง 3 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.65

ตารางที่ 4.65 ผลการทดลองของอัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม

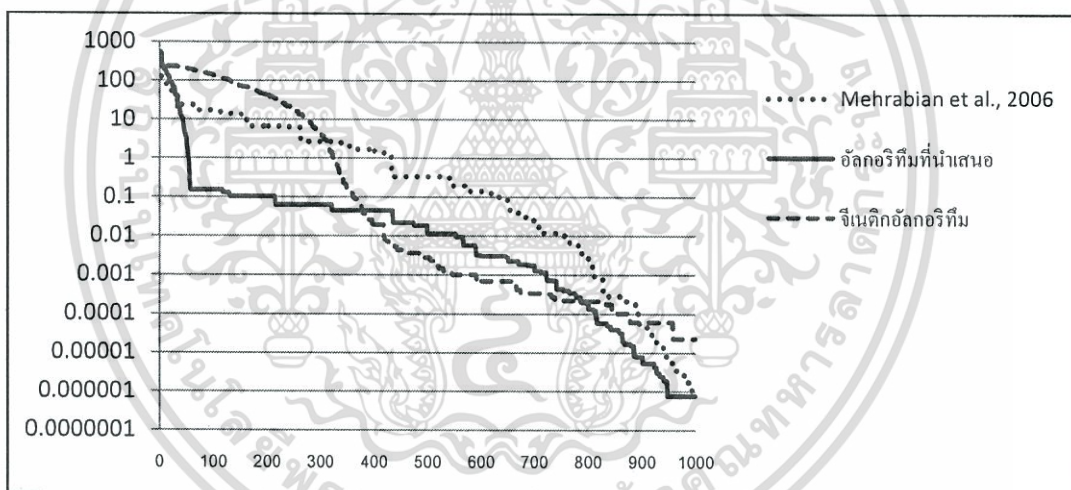
อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	0.0000012159	0.0000007610	0.0000017300	0.0000003690
Mehrabian et al., 2006	0.0000018410	0.0000010900	0.0000030100	0.0000005979
จีเนติกอัลกอริทึม	0.0000332040	0.0000011600	0.0000730000	0.0000243894

จากตารางที่ 4.65 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

อัลกอริทึมที่นำเสนอสามารถค้นหาคำตอบได้ค่าที่ต่ำที่สุด (Sphere function เป็นฟังก์ชันสำหรับการหาค่าต่ำสุด) รวมทั้งยังได้ค่าคำตอบที่แย่ที่สุดและค่าคำตอบเฉลี่ยที่ต่ำกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม นอกจากนี้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของอัลกอริทึมที่นำเสนอยังมีค่าที่ต่ำที่สุดอีกด้วย แสดงได้ดังรูปที่ 4.4



รูปที่ 4.4 กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองของทั้ง 3 อัลกอริทึม



รูปที่ 4.5 กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองที่ดีที่สุดของทั้ง 3 อัลกอริทึม

จากรูปที่ 4.5 กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองที่ดีที่สุดของทั้ง 3 อัลกอริทึม แสดงให้เห็นว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอสามารถค้นหาคำตอบได้ค่าที่ต่ำที่สุด ในจำนวนรอบการทำงานที่เท่ากัน

2) Griewank function

อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehribian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม ได้มีการกำหนดค่าพารามิเตอร์ต่างๆ แสดงดังตารางที่ 4.66

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.66 การกำหนดค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	จีเนติกอัลกอริทึม
P_0	10	10	-
P_{max}	30	30	30
$iter_{max}$	1000	1000	2000
S_{max}	5	5	-
S_{min}	2	1	-
$\sigma_{initial}$	5	3	-
σ_{final}	0.1	0.1	-
n	3	3	-
k	3	-	-
Crossover rate	-	-	0.7
Mutation rate	-	-	0.01

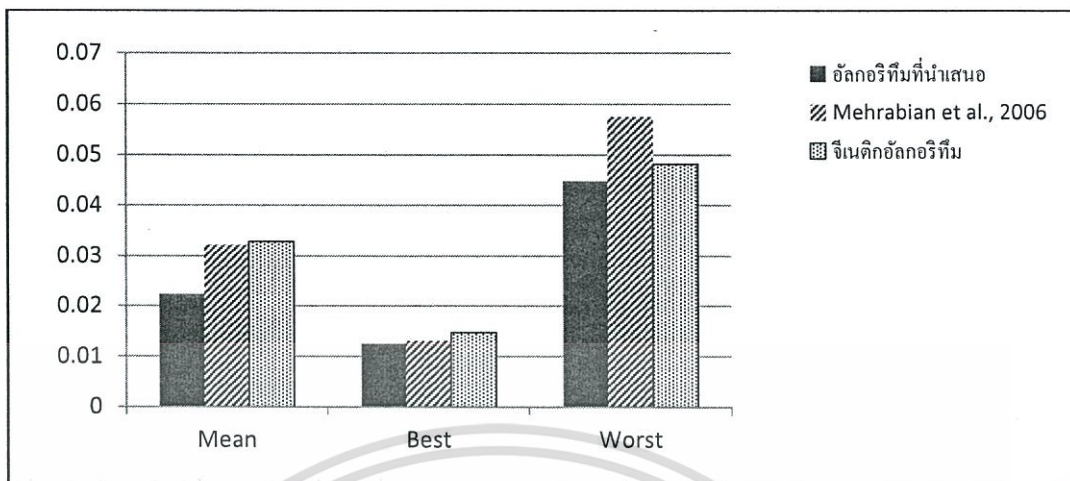
ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของทั้ง 3 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.67

ตารางที่ 4.67 ผลการทดลองของ อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม

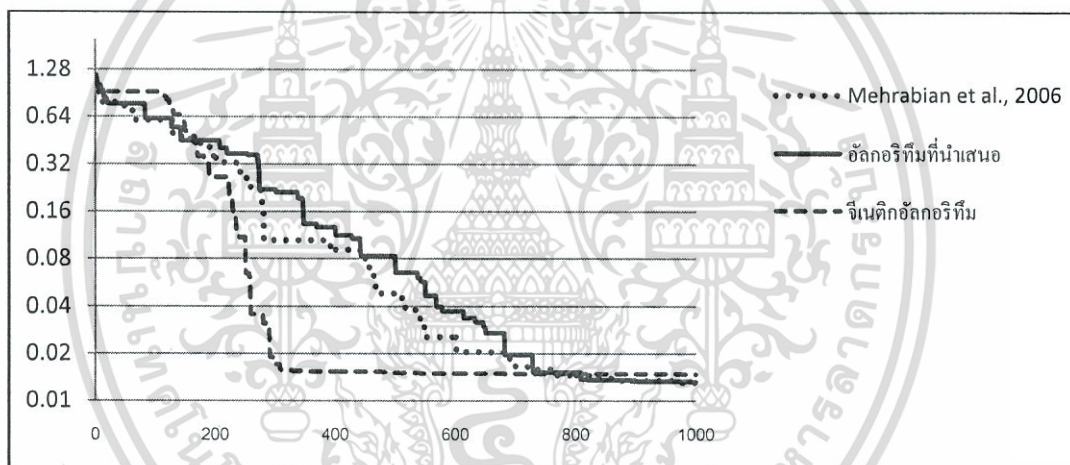
อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	0.0223872140	0.0125246700	0.0448900310	0.0099511166
Mehrabian et al., 2006	0.0321518144	0.0131187800	0.0575115170	0.0155874112
จีเนติกอัลกอริทึม	0.0328700419	0.0147886530	0.0482135490	0.0108145748

จากตารางที่ 4.67 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

อัลกอริทึมที่นำเสนอสามารถค้นหาคำตอบได้ค่าที่ต่ำที่สุด (Griewank function เป็นฟังก์ชันสำหรับการหาค่าต่ำสุด) รวมทั้งยังได้ค่าคำตอบที่แย่ที่สุดและค่าคำตอบเฉลี่ยที่ต่ำกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม นอกจากนี้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของอัลกอริทึมที่นำเสนอยังมีค่าที่ต่ำที่สุดอีกด้วย แสดงได้ดังรูปที่ 4.6



รูปที่ 4.6 กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองของทั้ง 3 อัลกอริทึม



รูปที่ 4.7 กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองที่ดีที่สุดของทั้ง 3 อัลกอริทึม

จากรูปที่ 4.7 กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองที่ดีที่สุดของทั้ง 3 อัลกอริทึม แสดงให้เห็นว่าทั้ง 3 อัลกอริทึมสามารถค้นหาค่าตอบได้ค่าที่ต่ำที่สุดได้ค่าใกล้เคียงกัน ในจำนวนรอบการทำงานที่เท่ากัน

3) Rastigin function

อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Mehrabian et al., 2006 และจินตริกอัลกอริทึม ได้มีการกำหนดค่าพารามิเตอร์ต่างๆ แสดงดังตารางที่ 4.68

ตารางที่ 4.68 การกำหนดค่าพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม

พารามิเตอร์	อัลกอริทึมที่นำเสนอ	Mehrabian et al., 2006	จีเนติกอัลกอริทึม
P_0	10	10	-
P_{max}	30	30	30
$iter_{max}$	1000	1000	2000
S_{max}	5	5	-
S_{min}	2	0	-
$\sigma_{initial}$	5	5	-
σ_{final}	0.001	0.001	-
n	3	3	-
k	3	-	-
Crossover rate	-	-	0.7
Mutation rate	-	-	0.01

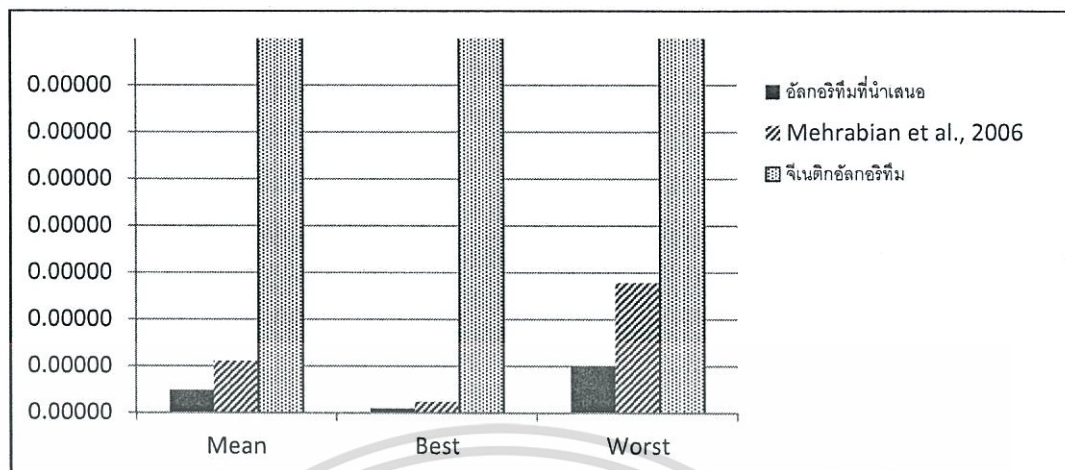
ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของทั้ง 3 อัลกอริทึม แสดงได้ดังตารางที่ 4.69

ตารางที่ 4.69 ผลการทดลองของ อัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม

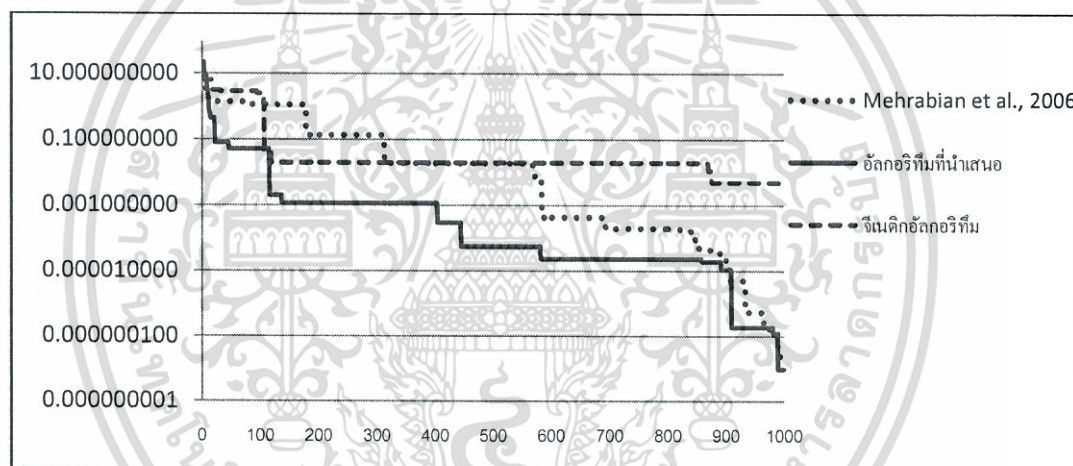
อัลกอริทึม	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D
อัลกอริทึมที่นำเสนอ	0.0000000486	0.0000000096	0.0000001010	0.0000000379
Mehrabian et al., 2006	0.0000001112	0.0000000243	0.0000002780	0.0000000856
จีเนติกอัลกอริทึม	0.0000332040	0.0000011600	0.0000730000	0.0000243894

จากตารางที่ 4.69 สรุปผลการทดลองได้ดังนี้

อัลกอริทึมที่นำเสนอสามารถค้นหาคำตอบได้ค่าที่ต่ำที่สุด (Rastigin function เป็นฟังก์ชันสำหรับการหาค่าต่ำสุด) รวมทั้งยังได้ค่าคำตอบที่แย่ที่สุดและค่าคำตอบเฉลี่ยที่ต่ำกว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอ โดย Mehrabian et al., 2006 และจีเนติกอัลกอริทึม นอกจากนี้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของอัลกอริทึมที่นำเสนอยังมีค่าที่ต่ำที่สุดอีกด้วย แสดงได้ดังรูปที่ 4.8



รูปที่ 4.8 กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองของทั้ง 3 อัลกอริทึม



รูปที่ 4.9 กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองที่ดีที่สุดของทั้ง 3 อัลกอริทึม

จากรูปที่ 4.9 กราฟแสดงการเปรียบเทียบผลการทดลองที่ดีที่สุดของทั้ง 3 อัลกอริทึม แสดงให้เห็นว่าอัลกอริทึมที่นำเสนอสามารถค้นหาคำตอบได้ค่าที่ต่ำที่สุด ในจำนวนรอบการทำงานที่เท่ากัน

บทที่ 5

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

5.1 สรุปผลงานวิจัย

งานวิจัยนี้ได้นำเสนออัลกอริทึมที่เกิดจากการปรับปรุงอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืช เพื่อใช้ในการปรับปรุงค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของโครงข่ายเทียมแบบป้อนไปข้างหน้า โดยอัลกอริทึมที่นำเสนอได้มีการปรับปรุงขั้นตอนการทำงานของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิม ดังนี้ 1) การแบ่งกลุ่มวัชพืช โดยประชากรวัชพืชทั้งหมดจะถูกแบ่งออกเป็นหลายๆ กลุ่ม เพื่อเพิ่มความสามารถในการค้นหาของอัลกอริทึมการสร้างอาณาจักรของวัชพืชแบบดั้งเดิม และ 2) การปรับปรุงแนวคิดในการแพร่กระจายเมล็ดของวัชพืช โดยการใช้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่แตกต่างกันในการแพร่กระจายเมล็ดไปยังพื้นที่การค้นหา

หลักการดำเนินงานโดยย่อของอัลกอริทึมที่นำเสนอในการปรับปรุงค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของโครงข่ายประสาทเทียม เริ่มต้นจากการกำหนดประชากรวัชพืชเริ่มต้นซึ่งวัชพืชแต่ละต้นจะแทนค่าของค่าถ่วงน้ำหนักและค่าไบแอสของแต่ละเส้นเชื่อมโยงระหว่าง โหนดที่มีการเชื่อมโยงถึงกันภายในโครงข่ายประสาทเทียม นำชุดข้อมูลที่ใช้ในการฝึกสอนมาป้อนเป็นข้อมูลนำเข้าสำหรับฝึกสอนโครงข่ายประสาทเทียม เพื่อคำนวณหาค่าความผิดพลาด และค่าความถูกต้องในการจำแนกประเภทข้อมูล ขั้นตอนถัดไปจะทำการแบ่งกลุ่มวัชพืช โดยการใช้ค่าความผิดพลาดเป็นตัวกำหนดกลุ่มให้กับวัชพืชทั้งหมด เมื่อแบ่งกลุ่มให้กับวัชพืชทั้งหมดแล้ว วัชพืชในแต่ละกลุ่มจะทำการผลิตเมล็ด โดยจำนวนของเมล็ดที่ผลิตได้ จะขึ้นอยู่กับค่าความผิดพลาดของวัชพืชแต่ละต้น จากนั้นเมล็ดที่ผลิตได้จากวัชพืชในแต่ละกลุ่มจะถูกกลุ่มแพร่กระจายไปยังพื้นที่การค้นหา โดยใช้ค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่มีค่าแตกต่างกัน เมื่อได้ตำแหน่งใหม่ของเมล็ดแล้ว จะทำการคำนวณหาค่าความผิดพลาดของแต่ละเมล็ด จากนั้นในแต่ละกลุ่ม จะนำค่าความผิดพลาดของเมล็ดมาจัดลำดับร่วมกับค่าความผิดพลาดของต้นวัชพืช แล้วทำการคัดเลือกวัชพืชจากแต่ละกลุ่มด้วยจำนวนที่เท่ากัน โดยให้จำนวนรวมของประชากรวัชพืชทั้งหมดเท่ากับจำนวนสูงสุดของประชากรวัชพืชที่กำหนดไว้ ซึ่งขั้นตอนทั้งหมดจะทำซ้ำจนกระทั่งจำนวนรอบการทำงานครบตามที่กำหนดไว้จึงหยุดการเรียนรู้

การทดลองแบ่งเป็น 2 โมเดล คือ

1) อัลกอริทึมที่นำเสนอเพื่อใช้ในการแก้ปัญหาการจำแนกประเภทข้อมูลด้วยโครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้า โดยข้อมูลที่นำมาใช้ในการทดลองนำมาจากฐานข้อมูล UCI จำนวน 10 ชุดข้อมูล แบ่งการทดลองออกเป็น 2 การทดลอง โดยผลการทดลองที่ได้จาก อัลกอริทึม

ที่นำเสนอจะนำไปเปรียบเทียบกับอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และจินตริกอัลกอริทึม เมื่อเปรียบเทียบผลการทดลองแล้วพบว่า

- ในการทดลองที่ 1 อัลกอริทึมที่นำเสนอให้ค่าความถูกต้องในการจำแนกประเภทข้อมูลมากที่สุด ดีกว่าอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบทั้ง 4 อัลกอริทึมจำนวน 7 ชุดข้อมูล ให้ค่าความถูกต้องในการจำแนกประเภทข้อมูล เท่ากับอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบจำนวน 2 ชุดข้อมูล ให้ค่าความถูกต้องในการจำแนกประเภทข้อมูลน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบจำนวน 1 ชุดข้อมูล และให้ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกประเภทข้อมูลมากที่สุดดีกว่าทั้ง 4 อัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบจำนวน 8 ชุดข้อมูล

- ในการทดลองที่ 2 อัลกอริทึมที่นำเสนอให้ค่าความถูกต้องในการจำแนกประเภทข้อมูลมากที่สุดดีกว่าทั้ง 4 อัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบจำนวน 5 ชุดข้อมูล ให้ค่าความถูกต้องในการจำแนกประเภทข้อมูลเท่ากับอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบจำนวน 3 ชุดข้อมูล ให้ค่าความถูกต้องในการจำแนกประเภทข้อมูลน้อยกว่าอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบจำนวน 2 ชุดข้อมูล และให้ค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องในการจำแนกประเภทข้อมูลมากที่สุดดีกว่าอัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบจำนวน 8 ชุดข้อมูล และ

2) อัลกอริทึมที่นำเสนอเพื่อใช้ในการแก้ปัญหาออปติไมเซชันเชิงตัวเลข โดยในการทดลองใช้ฟังก์ชันมาตรฐานสำหรับปัญหาออปติไมเซชันเชิงตัวเลข 3 ฟังก์ชัน ผลการทดลองที่ได้จากอัลกอริทึมที่นำเสนอไปเปรียบเทียบกับอัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 และจินตริกอัลกอริทึม เมื่อเปรียบเทียบผลการทดลองแล้วพบว่า อัลกอริทึมที่นำเสนอสามารถค้นหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดได้ดีกว่าทั้ง 2 อัลกอริทึมที่นำมาเปรียบเทียบ ทั้ง 3 ฟังก์ชัน

5.2 จุดเด่นของงานวิจัย

1) การแบ่งกลุ่มประชากรจะช่วยเพิ่มความหลากหลายให้กับประชากรวิหพีช ลดความเสี่ยงที่อัลกอริทึมจะลู่เข้าสู่คำตอบก่อนกำหนด

2) การแบ่งกลุ่มจะช่วยลดความแตกต่างของค่าฟิตเนสของประชากรโดยรวม และเพิ่มโอกาสให้กับวิหพีชที่มีค่าฟิตเนสที่แย่ได้มีโอกาสในขยายพันธุ์มากขึ้น (ผลิตเมล็ดได้จำนวนมากขึ้น)

3) การปรับปรุงแนวคิดในการแพร่กระจายเมล็ดของวิหพีช ทำให้วิหพีชที่มีค่าฟิตเนสที่แย่ได้รับโอกาสมากขึ้นในกระจายเมล็ดไปตกยังพื้นที่ที่มีความเหมาะสมมากกว่า

4) การปรับปรุงแนวคิดในการแพร่กระจายเมล็ดของวิหพีช ช่วยให้อัลกอริทึมที่นำเสนอสามารถสำรวจพื้นที่การค้นหาได้อย่างมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น

5.3 ปัญหาที่พบในงานวิจัย

โครงข่ายประสาทเทียมแบบป้อนไปข้างหน้าที่ใช้วิธีการเรียนรู้ด้วยอัลกอริทึมที่นำเสนอ อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010 และจีเนติกอัลกอริทึม ในจำนวนรอบการทำงานที่เท่ากัน เมื่อเปรียบเทียบเวลาที่ใช้ในการเรียนรู้แล้ว อัลกอริทึมที่นำเสนอใช้เวลาในการเรียนรู้นานกว่า อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Mehrabian et al., 2006 อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Giri et al., 2010 และจีเนติกอัลกอริทึม เพราะมีการคำนวณที่มีความซับซ้อนมากกว่า แต่ใช้เวลาในการเรียนรู้น้อยกว่า อัลกอริทึมที่นำเสนอโดย Zhang et al., 2010



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บรรณานุกรม

- [1] Alba, E. and Chicano, J.F. 2004. "Training Artificial Neural Networks with GA Hybrid Algorithm." in **Genetic and Evolutionary Computation (GECCO)**.
- [2] Basak, A., Pal, S., Das, S. and Abraham, A. 2010. "Circular Antenna Array Synthesis with a Differential Invasive Weed Optimization Algorithm." 153-158. in **10th International Conference on Hybrid Intelligent Systems**.
- [3] Chronopoulos, A.T. and Sarangapani, J. 2002. "A distributed discrete-time neural network architecture for pattern allocation and control." 204-211. in **16th International Parallel and Distributed Processing Symposium (IPDPS'02)**.
- [4] Dorsey, R.E., Johnson, J.D. and Mayer, W.J. 1994. "A Genetic Algorithm for the Training of Feedforward Neural Networks." 93-111. **Advances in Artificial Intelligence in Economics, Finance and Management**.
- [5] Frank, A. and Asuncion, A. 2010. UCI Machine Learning Repository, University of California, School of Information and Computer Science. [Online]. Available : <http://archive.ics.uci.edu/ml>.
- [6] Fausett, L.V. 1994. **Fundamentals of Neural Networks : Architecture, Algorithms, and Applications**. New Jersey : Prentice Hall.
- [7] Giri, R., Chowdhury, A., Ghosh, A., Das, S., Abraham, A. and Snasel, V. 2010. "A modified invasive weed optimization algorithm for training of feed forward neural networks." 3166-3173. in **IEEE International Conference on Systems Man and Cybernetics (SMC)**.
- [8] Giri, R., Chowdhury, A., Ghosh, A., Panigrahi, B.K. and Mohapatra, A. 2010. "Electricity Price Forecasting: A Hybrid Wavelet Transform and Evolutionary- ANN Approach." 1-6. in **Power Electronics, Drives and Energy Systems (PEDES) & 2010 Power India**.
- [9] Hajimirsadeghi, H. and Lucas, C. 2009. "A hybrid IWO/PSO algorithm for fast and global optimization." 1964-1971. in **IEEE EUROCON 2009**.
- [10] Hamey, L.G.C. 1998. "XOR has No Local Minima: A case study in neural network error surface Analysis." 669-681. in **Neural Networks**. 11(4).

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- [11] Karimkashi, S. and Kishk, A.A. 2010. "Invasive Weed Optimization and its Features in Electromagnetics." 1269-1278. in **IEEE TRANSACTIONS ON ANTENNAS AND PROPAGATION**.
- [12] Kim, D., Kim, H. and Chung, D. 2005. "A Modified Genetic Algorithm for Fast Training Neural Networks." 660-665. in **Advances in Neural Networks-ISNN**.
- [13] Lane, K.M. and Neidinger, R.D. 1995, March. "Neural networks from idea to implementation." **ACM Sigapl APL Quote Quad**. 25(3) : 27-37.
- [14] Mehrabian, A.R. and Lucas, C. 2006. "A novel numerical optimization algorithm inspired from weed colonization." 355-366. in **Ecological Informatics**.
- [15] Pal, S., Das, S., Abraham, A. and Zelinka, I. 2010. "Concentric circular antenna array synthesis using a differential invasive weed optimization algorithm." 395-400. in **International Conference of Soft Computing and Pattern Recognition (SoCPaR)**.
- [16] Rad, H.S. and Lucas, C. 2007. "A recommender system based on invasive weed optimization algorithm." 4297-4304. in **IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC 2007)**.
- [17] Rahimi, A., Ahangaran, M., Ramezani, P. and Kashkooli, T. 2011. "An improved artificial weed colony for continuous optimization." 1-5. in **5th European Symposium on Computer Modeling and Simulation**.
- [18] Seiffert, U. 2006. "Training of Large-Scale Feed Forward Neural Networks." 5324-5329. in **International Joint Conference on Neural Networks (IJCNN '06)**.
- [19] Wei, G. 2007. "Study of Evolutionary Neural Network based on Ant Colony Optimization." 3-6. in **International Conference on Computational Intelligence and Security Workshops**.
- [20] Yao, X. 1999. "Evolving Artificial Neural Networks." 1423-1447. in **Proceedings of the IEEE**. 87(9).
- [21] Zhang, X., Niu, Y., Cui, G. and Wang, Y. 2010. "A modified invasive weed optimization with crossover operation." 11-14. in **8th World Congress on Intelligent Control and Automation (WCICA)**.

ภาคผนวก ก.

ผลงานวิจัยที่ได้รับการตีพิมพ์เผยแพร่

Arit Thammano and Janthima Srisurat. "An Improved Invasive Weed Optimization as the Learning Procedure for Neural Network Classifier". **Proceedings of the 27th International Technical Conference on Circuits/Systems, Computers and Communications (ITC-CSCC2012)**. Sapporo, Japan, 2012.



ITC-CSCC2012

The 27th International Technical Conference on
Circuits/Systems, Computers and Communications

July 15 - 18, 2012 Sapporo Convention Center, Sapporo, Japan

MENU

- Home
- Message
- Organizing Committee
- Important Dates
- General Information
- Plenary Lectures
- Tutorial
- **Program at a glance**
- Information for Presenters
(Timetable as of June 27)
- Venue
- Access Information

· Abstract and Paper submission

· Registration

· IEEK Award of ITC-CSCC2012

· Call for Papers

· Call for Papers in Special Sessions

· Accommodation

· Social Program

· Information of Applying Japan Entry Visa

· Link



NEWS

Jul. 9, 2012	Social Program is updated.	^
Jun. 29, 2012	On-line registration and Hotel Reservation has been closed.	
Jun. 29, 2012	Venue page is updated.	
Jun. 27, 2012	Information for Presenters page is available.	
Jun. 25, 2012	Program at a glance is updated.	
Jun. 22, 2012	Program at a glance is updated.	
Jun. 22, 2012	On-line registration and Hotel Reservation are now available.	
Jun. 21, 2012	Social Program page is updated.	
Jun. 18, 2012	Program at a glance is updated.	v

ITC-CSCC2012 International Organizing Committee has received the following ISBN numbers for the proceeding and its abstract.

- (1) Abstract Book : ISBN 978-4-88552-272-7 C3055
- (2) CD-ROM Proceeding : ISBN 978-4-88552-273-4 C3055

Date

July 15 (Sunday) - 18 (Wednesday), 2012

Venue

[Sapporo Convention Center](#)

General Secretary

Shingo YOSHIZAWA
Faculty of Engineering,
Kitami Institute of Technology
165, Koen-cho, Kitami,
090-8507 Japan
E-mail: itc-cscc2012@ien.ist.hokudai.ac.jp

Conference Secretariat

c/o Kinki Nippon Tourist Hokkaido Co., Ltd.
Sapporo Corporate Travel Branch
North 3, West 1, Chuo-ku, Sapporo,
060-0003 JAPAN
Phone: +81-11-280-8855 Fax: +81-11-280-2732
E-mail: g-convention-5@or.knt-h.co.jp



ITC-CSCC2012 All Rights Reserved

041171

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Abstract of ITC-CSCC 2012

International Technical Conference
on Circuits/Systems, Computers
and Communication



July 15 – 19, 2012
Soro Convention Center
Sapporo, Japan



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

F-M1 Artificial Intelligence

Monday, 16 July, 13:00-15:00, Room F (Oral Session)

Chair : Hiroshi Ishikawa, Niigata University of International and Information Studies, Japan

F-M1-01 Data Pattern Discovery on Natural Disaster News

Carlos E Gutierrez, *University of the Ryukyus, Japan*
 Mohamad Reza Alsharif, *University of the Ryukyus, Japan*
 Rafael Villa, *Regional Public Goods, InterAmerican Development Bank, USA*
 Kusumi Yamashita, *Osaka Prefecture University, Japan*
 Hayao Miyagi, *University of the Ryukyus, Japan*

After a natural disaster, many aspects and events are described by newspapers online. Analyzing them by data mining methods may allow us to discover variables dynamic and patterns. Text sources are considered high dimensional data, therefore it is needed a method not only to discover patterns but to reduce the dimensionality of the data set. We use Principal Component Analysis (PCA) to present the news sequentially, as a movie, where at each step the meaning of the most relevant pattern is shown, describing data patterns evolution.

F-M1-02 Applying a Temporal Difference Learning System for an Adaptive Battle Tank in Robocode

Peerayut Kiatpakdee, *King Mongkut's University of Technology Thonburi (KMUTT), Thailand*
 Jitpol Polvichai, *King Mongkut's University of Technology Thonburi (KMUTT), Thailand*

In Robocode, most of battle tanks are programmed by hand-coded and by genetic programming (GP). However, there are weaknesses from these two approaches. For hand-coded, there is no capability of learning. For GP, it has no guarantee that GP tanks evolve to the better generation due to the randomness of GP. Then, this work, temporal difference learning (TD-learning) algorithm is applied to solve this task more effectively. A TD-learning battle tank learns to move and shoot rationally. The results of TD-learning are showed to adapt and outperform most of hand-coded tanks selected from an official ranking website of Robocode.

F-M1-03 An Improved Invasive Weed Optimization for Classification Problems

Arit Thammano, *King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang (KMUTL), Thailand*
 Jantima Srisurat, *King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang (KMUTL), Thailand*

This paper proposes a new learning algorithm, which is based on the concept of Invasive Weed Optimization (IWO), for adjusting the weights and biases of the feed-forward artificial neural network. This modified version of the IWO algorithm increases the search ability of the original IWO. Moreover, the proposed algorithm is able to avoid the local optima and reach the global optimum faster than the original IWO. The experimental results on five benchmark problems support the validity of this proposed approach.

An Improved Invasive Weed Optimization for Classification Problems

Arit Thammano¹ and Jantima Srisurat²

Computational Intelligence Laboratory

Faculty of Information Technology

King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang

Bangkok, 10520 Thailand

Tel: (662)723-4964, Fax: (662)723-4910

E-mail: ¹arit@it.kmitl.ac.th and ²s2066409@kmitl.ac.th

Abstract— This paper proposes a new learning algorithm, which is based on the concept of Invasive Weed Optimization (IWO), for adjusting the weights and biases of the feed-forward artificial neural network. This modified version of the IWO algorithm increases the search ability of the original IWO. Moreover, the proposed algorithm is able to avoid the local optima and reach the global optimum faster than the original IWO. The experimental results on five benchmark problems support the validity of this proposed approach.

I. INTRODUCTION

Classification is one of the most active research and application areas of the artificial neural network (ANN). Among various kinds of ANNs, feed-forward artificial neural networks (FFANNs) are considered to be powerful tools in the areas of pattern classification and function approximation [1]. The technique involves training the FFANN with a large sample of representative data and testing the FFANN by using the data not included in the training with the aim of predicting the class of a sample based on its attributes. The process of training an ANN is concerned with adjusting the weights of the connections between each pair of neurons and the biases of the neurons until a close approximation of the desired output is achieved. Backpropagation (BP) algorithm is by far the most commonly used algorithm for training FFANN. The BP algorithm is a trajectory driven technique, which is analogous to an error minimizing process [2]. In spite of its highly regarded performance, the BP learning algorithm has the following major drawbacks: 1) the learning process is slow, 2) it can be stuck in local minima, and 3) the transfer function of a neuron should be differentiable. Moreover, BP is also known to be sensitive to the initial weight setting; the neural network may not converge at all if the initial weights are not selected properly [3]. To overcome the shortcomings of BP in training the FFANN, various efficient weight initialization techniques have been proposed to lessen such a possibility [4, 5, 6]. In addition to the BP training algorithm, evolutionary algorithms can also be used to train the FFANN. The genetic algorithm (GA) is the most widely used evolutionary algorithm for training the FFANN [7, 8, 9]. Besides the genetic algorithm, the particle swarm optimization (PSO) and the differential evolution (DE) have gained a lot of attention from researchers in the field.

In the recent past, Mehrabian and Lucas [10] proposed the Invasive Weed Optimization (IWO), a novel numerical stochastic search algorithm mimicking the process of weeds colonization and distribution in an ecosystem. The weed invasion, in general, consists of 4 processes: dispersal, colonization, enduring occupation, and extinction. To begin with, invasive weeds disperse into opportunity spaces in a particular locality, followed by colonization and enduring occupation of the field [11]. The weeds reproduce rapidly by making seeds and raise their population. Their behavior changes with time as the colony become dense leaving lesser opportunity of life for the ones with lower fitness. Since its inception, IWO has been very successful in solving many practical optimization problems. In this paper, a modified IWO is proposed and used as a method to train the FFANN for the purpose of data classification. This is done by encoding the connection weights and the biases of the neurons in the hidden and output layers of the FFANN model into the weeds. Then the proposed procedure is performed on an entire population of weeds to minimize the training error, so that the classification capability of the FFANN comes out to be accurate and efficient.

The rest of the paper is organized as follows: the proposed model with a detailed description of each step is presented in section II. Section III explains the experimental methodology and discusses the experimental results. Finally, the conclusions will be discussed in section IV.

II. PROPOSED METHODOLOGY

The detailed procedure of the improved invasive weed optimization is presented as follows:

A. Initialization

In a D-dimension optimization problem, an initial population of P virtual weeds is randomly created in the search space. For the training purpose of the FFANN (Fig. 1), each weed consists of a string of network weights followed by network biases. So the i^{th} weed (W_i) can be represented as

$$W_i = [w_{i,1}, w_{i,2}, \dots, w_{i,m}, b_{i,1}, b_{i,2}, \dots, b_{i,m}]. \quad (1)$$

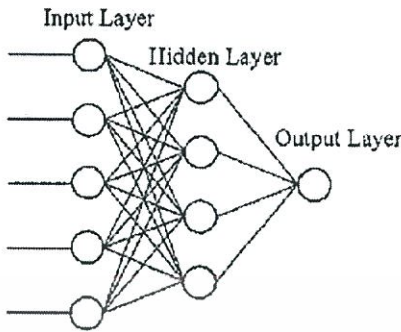


Fig. 1. FFANN architecture.

where $w_{i,p}$ is the p^{th} weight term of the network. $b_{i,q}$ is the q^{th} bias term of the network. n and m are the total number of weights and biases respectively.

B. Sorting

Weeds are sorted in an ascending order based on their fitness values; then the entire population is divided into k groups, each containing q weeds (i.e., $P = k \times q$). The first weed is distributed to the first group, the second weed to the second, the k weed to the k group, and the $(k+1)$ weed to the first group, etc.

C. Reproduction

Within each group, weeds with the best and the worst fitness are identified as W_b and W_w respectively. Weeds in each group are allowed to produce seeds depending on its own, as well as the highest and the lowest fitness of each group, such that the number of seeds produced by a weed increases linearly from lowest possible for a weed with worst fitness to the maximum number of seeds for a weed with best fitness. The number of seeds of the i^{th} weed (S_i) is calculated by (2).

$$S_i = S_{\min} + \frac{(F(W_i) - F_{\text{worst}})}{(F_{\text{best}} - F_{\text{worst}})} \times (S_{\max} - S_{\min}). \quad (2)$$

where S_{\min} is the minimum number of seeds, S_{\max} is the maximum number of seeds. Both S_{\min} and S_{\max} are predefined by the user. F_{worst} is the fitness value of W_w , F_{best} is the fitness value of W_b .

D. Spatial Dispersal

In this step, the generated seeds in each group are randomly distributed over the entire search space by normally distributed random numbers with zero mean and a standard deviation equal to σ_i^j . It should be noted that the value of the standard deviation is a function of the fitness value of the weed ($f(W_i^j)$) and the iteration number ($iter$). That is, the standard deviation is reduced in each iteration until the iteration number reaches $iter_{\max}$.

$$\sigma_i^j = \sigma_{fin} + \left(\frac{iter_{\max} - iter}{iter_{\max}} \right)^{pow} (e^{-\Delta f_i^j}) (\sigma_{ini} - \sigma_{fin}). \quad (3)$$

$$\Delta f_i^j = |f(W_i^j) - f(W_w^j)|. \quad (4)$$

where $j = 1, 2, \dots, k$, $iter_{\max}$ is the maximum number of iterations. σ_{ini} is the initial value of the standard deviation. σ_{fin} is the final value of the standard deviation. pow is the nonlinear modulation index. According to (3) and (4), if the i^{th} weed is in close proximity of the optima, then the standard deviation of the weed becomes very small, resulting in dispersal of the corresponding seeds within a small neighborhood around the optima.

E. Competitive exclusion

In this last step, the fitness of the seeds in each group is calculated. Next, the members of each group are sorted in ascending order based on their fitness values. Then select the seeds from each group equal to Num_Pop_j . Num_Pop_j is calculated from the following equation:

$$Num_Pop_j = P_{\max} / k. \quad (5)$$

The selected seeds from all groups are combined and arranged in ascending order based on their fitness values.

Steps B to E are repeated until the maximum number of iterations, $iter_{\max}$, has been reached.

III. EXPERIMENTAL RESULTS

In this research, the experiments were conducted on 5 datasets from UCI machine learning repository [12], namely

Dataset 1: Breast Cancer Wisconsin

Dataset 2: Wine

Dataset 3: Haberman's survival

Dataset 4: Iris

Dataset 5: Zoo

Eighty percent of the entire datasets has been used for training purpose and the rest twenty percent has been used for testing purpose. The performance of the proposed IWO algorithm is compared with that of the original IWO. The parameter values used in the experiments are shown in Table I.

TABLE I
PARAMETER VALUES USED IN THE EXPERIMENTS

	Dataset				
	1	2	3	4	5
P	50	50	50	50	50
P_{\max}	200	200	200	200	200
S_{\max}	14	15	8	10	10
S_{\min}	3	5	5	4	4
pow	1	1	1	1	1
σ_{ini}	2	2	8	5	1
σ_{fin}	0.01	0.01	0.01	0.001	0.1

For each benchmark function, both algorithms are run 10 times. Each run starts with a different initial population and stops when the number of iterations is equal to the predefined number. The performance of the two algorithms is measured in terms of classification accuracy, thus the higher the score the better the performance. The experimental results of the proposed IWO algorithm and the original IWO algorithm are shown in Tables II and III respectively. In Tables II and III, the mean of all 10 runs along with the standard deviation, the best and the worst accuracy are reported.

TABLE II
EXPERIMENTAL RESULTS OBTAINED FROM THE PROPOSED IWO

Datasets	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D.
Breast Cancer Wisconsin	95.4286	97.1429	94.2857	0.7678
Wine	89.7222	94.4444	83.3333	3.4768
Haberman's Survival	77.0492	80.3279	75.4098	1.7280
Iris	97.6667	100.000	96.6667	1.6101
Zoo	92.8572	95.2381	90.4782	2.5097

TABLE III
EXPERIMENTAL RESULTS OBTAINED FROM THE ORIGINAL IWO

Datasets	Testing Accuracy			
	Mean	Best	Worst	S.D.
Breast Cancer Wisconsin	94.2143	96.4286	91.4286	1.2800
Wine	81.3889	88.8889	75.0000	5.4070
Haberman's Survival	75.4098	77.0492	73.7705	0.7728
Iris	96.6667	100.0000	90.0000	2.7217
Zoo	90.4762	95.2381	85.7143	3.1746

The experimental results show that the best, the worst, the mean, and the standard deviation of the results obtained from the proposed IWO are better than those obtained from the original IWO in all benchmark functions.

IV. CONCLUSIONS

This paper presents a new evolutionary algorithm, which is an improved version of the IWO, for training feed-forward artificial neural networks. In this proposed algorithm, two new concepts are introduced to the original IWO: 1) the entire population of weeds is divided into groups to improve the search ability of the original IWO, and 2) the concept of dispersing the seeds is modified. The performance of the proposed algorithm is evaluated against the original IWO. The experimental results show that the proposed algorithm outperforms the original IWO algorithm on all benchmark test functions.

REFERENCES

- [1] U. Seifert, "Training of large-scale feed-forward neural networks," *Proceedings of the International Joint Conference on Neural Networks*, 2006, pp. 5324-5329.
- [2] R. Giri, A. Chowdhury, A. Ghosh, S. Das, A. Abraham, and V. Swaseel, "A modified invasive weed optimization algorithm for training of feed-forward neural networks," *Proceedings of the IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics*, 2010, pp. 3166-3173.
- [3] D. K. Chaturvedi, *Soft Computing: Techniques and Its Applications in Electrical Engineering*, Springer-Verlag, 2008.
- [4] L. Fausett, *Fundamentals of Neural Network: Architecture, Algorithms, and Applications*, Prentice Hall, New Jersey, 1994.
- [5] L. G. C. Haune, "XOR has no local minima: a case study in neural network error surface analysis," *Neural Networks*, 11(4), pp. 669-681, 1998.
- [6] G. Wei, "Study of evolutionary neural network based on ant colony optimization," *Proceedings of the International Conference on Computational Intelligence and Security Workshops*, 2007, pp. 3-6.
- [7] D. Kim, H. Kim, and D. Chung, "A modified genetic algorithm for fast training neural networks," *Proceedings of the 2nd International Symposium on Neural Networks*, 2005, pp. 660-665.
- [8] E. Alba and J. F. Chicano, "Training neural networks with GA hybrid algorithm," *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO)*, 2004, pp. 852-863.
- [9] R. E. Dorsey, J. D. Johnson, and W. J. Mayer, "A genetic algorithm for the training of feedforward neural networks," *Advances in Artificial Intelligence in Economics, Finance and Management*, 1994, pp. 93-111.
- [10] A. R. McBratian and C. Lucas, "A novel numerical optimization algorithm inspired from weed colonization," *Ecological Informatics*, 1(4), pp. 355-366, 2006.
- [11] J. Dekker, *The Evolutionary Ecology of Weeds and Invasive Plants*, Iowa State University, 2010.
- [12] A. Frank and A. Asuncion, *UCI Machine Learning Repository* [<http://archive.ics.uci.edu/ml/>], University of California, School of Information and Computer Science, 2010.

ประวัติผู้เขียน

นางสาวจันทร์ทิมา ศรีสุรัตน์ เกิดเมื่อวันที่ 23 พฤษภาคม พ.ศ.2529 ที่จังหวัดปัตตานี สำเร็จการศึกษาปริญญาตรีวิทยาศาสตร์บัณฑิต สาขาเทคโนโลยีสารสนเทศ คณะเทคโนโลยีและสิ่งแวดล้อม จากมหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตภูเก็ต ในปีการศึกษา 2551 และเข้าศึกษาต่อในระดับปริญญาโท หลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาเทคโนโลยีสารสนเทศ แขนงวิชาเทคโนโลยีระบบสารสนเทศ คณะเทคโนโลยีสารสนเทศ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง ในปีการศึกษา 2552



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้