

ระบบตรวจสอบลายเซ็นแบบออนไลน์ โดยใช้จีเนติกอัลกอริทึม

ON-LINE SIGNATURE VERIFICATION SYSTEM
BY GENETIC ALGORITHM



วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของวารสารศึกษาศาสตร์ปริชญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์และเทคโนโลยีสารสนเทศ

บัณฑิตวิทยาลัย

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

พ.ศ. 2542

ISBN 974-622-515-4

สำนักหอสมุดกลาง พระจอมเกล้าลาดกระบัง

ระบบตรวจสอบลายเซ็นแบบออนไลน์โดยใช้จีเนติกอัลกอริทึม

ON-LINE SIGNATURE VERIFICATION SYSTEM
BY GENETIC ALGORITHM



วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์และเทคโนโลยีสารสนเทศ
บัณฑิตวิทยาลัย
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
พ.ศ. 2542

ISBN 974 - 622 - 515 - 4

เลขหมู่.....
เลขทะเบียน..... 33334
วัน, เดือน, ปี..... 21 ธ.ค. 2542

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่จัดทำขึ้นเพื่อการเรียนการสอนเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
โดยไม่ได้รับอนุญาตจากทางสำนักหอสมุดกลางให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

**ON-LINE SIGNATURE VERIFICATION SYSTEM
BY GENETIC ALGORITHM**



**A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT
OF THE REQUIREMENT FOR THE DEGREE OF
MASTER OF SCIENCE IN COMPUTER SCIENCE AND INFORMATION
TECHNOLOGY
SCHOOL OF GRADUATE STUDIES
KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG**

1999

ISBN 974 - 622 - 515 - 4

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



COPYRIGHT 1999

SCHOOL OF GRADUATE STUDIES

KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บัณฑิตวิทยาลัย
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
ใบรับรองวิทยานิพนธ์

หัวข้อวิทยานิพนธ์ ระบบตรวจสอบลายเซ็นแบบออนไลน์ โดยใช้จีเนติก อัลกอริทึม
ON-LINE SIGNATURE VERIFICATION SYSTEM BY GENETIC
ALGORITHM
ชื่อนักศึกษา นายวีระศักดิ์ วัฒนาษากร
รหัสประจำตัว 35628015
ปริญญา วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชา วิทยาการคอมพิวเตอร์และเทคโนโลยีสารสนเทศ
อาจารย์ผู้ควบคุมวิทยานิพนธ์ ผศ.ดร.เอื้อน ปิ่นเงิน

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์	ลายมือชื่อ
ผศ.ดร.เอื้อน ปิ่นเงิน	
รศ.ดร.ชม กิมปาน	
ดร.อาริต ธรรมโน	
ดร.นพพร โชติคำธรร	

วัน/เดือน/ปี ที่สอบ 29 เมษายน 2542 เวลา 13.00 น. เป็นต้นไป
สถานที่สอบ ณ ห้องบรรยาย 234 ชั้น 2 คณะเทคโนโลยีสารสนเทศ

บัณฑิตวิทยาลัยรับรองแล้ว

(รศ.ดร.มนตรี สังวรทิลป)

คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

วันที่ 30 เดือน พฤษภาคม พ.ศ. 2542

หัวข้อวิทยานิพนธ์	ระบบตรวจสอบลายเซ็นแบบออนไลน์โดยใช้จินตคณิตอัลกอริทึม
นักศึกษา	นายวีระศักดิ์ วัฒนายากร
รหัสประจำตัว	35628015
ปริญญา	วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต
สาขาวิชา	วิทยาการคอมพิวเตอร์และเทคโนโลยีสารสนเทศ
พ.ศ.	2542
อาจารย์ผู้ควบคุมวิทยานิพนธ์	ผศ.ดร. เอื้อน ปิ่นเงิน

บทคัดย่อ

วิทยานิพนธ์นี้ได้นำเสนอแนวคิดการตรวจสอบความถูกต้องของลายเซ็นแบบออนไลน์ โดยประยุกต์ใช้จินตคณิตอัลกอริทึม ซึ่งเลียนแบบการคัดเลือกทางธรรมชาติและกระบวนการทางพันธุศาสตร์มาใช้แก้ปัญหา ตัวอย่างลายเซ็นจะถูกเก็บไว้ในฐานข้อมูลลายเซ็น สำหรับใช้ในการเปรียบเทียบกับลายเซ็นที่ต้องการตรวจสอบ โดยลักษณะเด่นที่ใช้ตรวจสอบลายเซ็น คือ ลำดับการเซ็น ความยาว การเปลี่ยนแปลงของพิกัดในแนวนอน การเปลี่ยนแปลงของพิกัดในแนวตั้ง ความเร็ว ความเร่ง และ ทิศทางของลายเซ็น จินตคณิตอัลกอริทึมสามารถสร้างกลุ่มของลายเซ็นใหม่จากลายเซ็นที่อ้างอิงในฐานข้อมูล เปรียบเทียบตามเงื่อนไขที่กำหนด เพื่อหาลายเซ็นที่คล้ายกันมากที่สุด ซึ่งจะมีความยืดหยุ่นต่อความคลาดเคลื่อนของเจ้าของลายเซ็นเอง และแสดงผลการตรวจสอบว่าเป็นลายเซ็นจริงหรือเป็นลายเซ็นปลอม จากผลการทดลองเบื้องต้นสามารถตรวจสอบลายเซ็นจำนวน 300 ลายเซ็น ได้ถูกต้องประมาณ 89 เปอร์เซ็นต์ อัตราความผิดพลาดในการยอมรับลายเซ็นปลอมประมาณ 9 เปอร์เซ็นต์ และอัตราความผิดพลาดในการปฏิเสธลายเซ็นจริงประมาณ 11 เปอร์เซ็นต์

Thesis Title	On-Line Signature Verification System By Genetic Algorithm
Student	Mr. Wccerasak Wattanayakorn
Student ID.	35628015
Drgree	Master of Science Program in Computer Science and Information Technology
Programme	Mathematics and Computer Science
Year	1999
Thesis Advisor	Asst. Prof. Dr. Ouen Pin-ngern

ABSTRACT

This thesis presents an on-line signature verification by Genetic Algorithm which adapt the natural selection and genetic operation theories to solving the problems. Reference signatures are kept in the database to compare with inspected signature. Feature extraction methods are sequence, length, pen tip position in x axis, pen tip position in y axis, velocity, acceleration and direction. Genetic Algorithm is generated the initial signatures from reference database to verify with the constraints to search the optimal signature and display the result – genuine or forgery. This method is flexible the intrapersonal variability of each signature. According to the experiment using 300 signatures, the system can correctly verify about 89 %. Type I Error is 9 % and Type II Error is 11 %.

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลงได้ด้วยดี เพราะความช่วยเหลือจากอาจารย์ที่ปรึกษา ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. เอื้อน ปิ่นเงิน ที่ได้ให้โอกาส กำแนะนำ ช่วยเหลือและแก้ไขปัญหาดังต่าง ๆ ในการทำวิจัย รวมทั้งตรวจสอบความถูกต้องตลอดการดำเนินงาน ผู้วิจัยรู้สึกเคารพและซาบซึ้งในความกรุณาเป็นอย่างยิ่ง ขอขอบพระคุณเป็นอย่างสูง

ขอกราบขอบพระคุณอาจารย์ผู้สอนในสาขาวิทยาการคอมพิวเตอร์และเทคโนโลยีสารสนเทศและอาจารย์ประจำทุกท่าน ที่ได้ให้วิชาความรู้ทุก ๆ วิชา อันเป็นประโยชน์ต่อการนำมาใช้ในงานวิจัยนี้

ขอขอบพระคุณ คุณแม่ และน้อง ๆ ที่คอยห่วงใย และให้กำลังใจอย่างใกล้ชิดมาตลอด ขอขอบคุณพี่บุญช่วย ชาติทอง และเจ้าหน้าที่คณะเทคโนโลยีสารสนเทศทุกท่าน ที่คอยช่วยดำเนินการต่าง ๆ และให้ความสะดวกเป็นอย่างดีในระหว่างการศึกษา รวมทั้งเพื่อน ๆ พี่ ๆ ที่ให้กำลังใจอย่างมาก และให้คำแนะนำต่าง ๆ ตลอดมา

สุดท้ายนี้ขอขอบคุณ มูลนิธิเพื่อการศึกษาคอมพิวเตอร์และการสื่อสาร (C&C) ที่ได้ให้ทุนสนับสนุนการศึกษาตลอดระยะเวลา 2 ปี

คุณค่าและประโยชน์อันพึงมีจากวิทยานิพนธ์นี้ ขอมอบแด่ผู้มีพระคุณทุกท่าน

วีระศักดิ์ วัฒนายากร

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	I
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	II
กิตติกรรมประกาศ.....	III
สารบัญ.....	IV
สารบัญตาราง.....	VI
สารบัญรูป.....	VII
บทที่ 1 บทนำ.....	1
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	1
1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย.....	2
1.3 แนวคิดที่ใช้ในการวิจัย.....	2
1.4 ขอบเขตของการวิจัย.....	2
1.5 วิธีการดำเนินการโดยย่อ.....	3
1.6 ข้อจำกัดของระบบ.....	4
บทที่ 2 ความรู้พื้นฐานเกี่ยวกับจีเนติก อัลกอริทึม.....	5
2.1 พันธุศาสตร์ทางชีววิทยา.....	5
2.2 จีเนติก อัลกอริทึม.....	7
2.3 ฟังก์ชันเป้าหมายและฟังก์ชันความเหมาะสม.....	8
2.4 รูปแบบโครโมโซม.....	9
2.5 การทำงานของจีเนติก อัลกอริทึม.....	9
บทที่ 3 จีเนติกอัลกอริทึมกับปัญหาประเภทต่าง ๆ.....	21
3.1 ปัญหาทายคำ.....	21
3.2 ปัญหาทาว์นเวอร์ออฟชานอย (THP).....	24
3.3 ปัญหาการหาเส้นทางที่สั้นที่สุด (TSP).....	28

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
บทที่ 4 ระบบตรวจสอบลายเซ็น.....	34
4.1 องค์ประกอบของระบบตรวจสอบลายเซ็น.....	34
4.2 อุปกรณ์ที่ใช้รับข้อมูลลายเซ็น.....	37
4.3 ลักษณะของข้อมูลลายเซ็น.....	38
4.4 ฐานข้อมูลลายเซ็นที่ใช้ในงานวิจัย.....	42
4.5 ลักษณะเด่นที่ใช้ในการตรวจสอบลายเซ็น.....	53
4.6 โครโมโซมลายเซ็น.....	56
4.7 การดำเนินการทางพันธุศาสตร์.....	56
4.8 ขั้นตอนการทำงาน.....	58
บทที่ 5 การเปรียบเทียบลายเซ็น.....	59
5.1 ความแตกต่างของลายเซ็น.....	59
5.2 ค่าขอบเขตในการตัดสินใจ.....	61
5.3 วิธีการทดลอง.....	61
5.4 ผลการทดลอง.....	63
บทที่ 6 สรุป วิเคราะห์ และข้อเสนอแนะ.....	72
6.1 สรุปผลการทำงาน.....	72
6.2 ข้อเสนอแนะ.....	72
เอกสารอ้างอิง.....	74
ภาคผนวก บทความและผลงานวิจัยที่ได้รับการตีพิมพ์.....	75
ประวัติผู้เขียน.....	84

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2.1 แสดงคำศัพท์ที่ใช้ทางพันธุศาสตร์กับจีเนติก อัลกอริทึม.....	10
3.1 การกำหนดค่าบิตของโครโมโซมสำหรับปัญหาทายคำ.....	21
3.2 การกำหนดค่าบิตของโครโมโซมสำหรับปัญหา (THP).....	25
3.3 การกำหนดค่าบิตของโครโมโซมสำหรับปัญหา (TSP).....	29
4.1 แสดงรูปแบบข้อมูลของกระดาดอิเล็กทรอนิกส์.....	37
4.2 ลักษณะเด่นที่คำนวณได้ของลายเซ็นที่ตรวจสอบ.....	56
5.1 แสดงผลการตรวจสอบลายเซ็น.....	64
5.2 แสดงการเปรียบเทียบอัตราความผิดพลาดทั้ง 2 กลุ่ม.....	64
5.3 แสดงการเปรียบเทียบความน่าจะเป็นในการยอมรับลายเซ็นจริง และปฏิเสธลายเซ็นปลอมของทั้ง 2 กลุ่ม.....	65

สารบัญรูป

รูปที่	หน้า
2.1 แสดงลักษณะทางพันธุศาสตร์ของโครโมโซมทั้ง 23 คู่ของมนุษย์.....	5
2.2 แสดงก่อนและหลังการครอสโอเวอร์ของโครโมโซม.....	6
2.3 แสดงการเกิดมิวเตชันของโครโมโซม.....	7
2.4 แสดงหลักการเบื้องต้นของ จีเนติก อัลคอรินทีม.....	8
2.5 การทำงานของจีเนติก อัลคอรินทีม.....	9
2.6 แสดงวิธีรีโพรดักชันแบบรักษาค่าที่ 1 โครโมโซม.....	18
2.7 แสดงวิธีรีโพรดักชันแบบรักษาค่าที่ 2 โครโมโซม.....	18
2.8 การครอสโอเวอร์ แบบ 2 จุด.....	19
2.9 การอินเวอร์ชัน.....	20
3.1 การครอสโอเวอร์ แบบหลายจุด.....	23
3.2 ผลการทำงานโดยสรุปของปัญหาทายค่า.....	24
3.3 ภาพปัญหาทาว์นเวอร์ออฟฮานอย.....	25
3.4 รีเคอร์ซีฟอัลคอรินทีมของทาว์นเวอร์ออฟฮานอย.....	25
3.5 การเคลื่อนย้ายวงแหวนของโครโมโซม THP.....	26
3.6 ผลการทำงานโดยสรุปของปัญหา THP.....	28
3.7 ภาพปัญหาการหาเส้นทางที่ระยะทางสั้นที่สุด.....	29
3.8 การครอสโอเวอร์ ตารางสั้นเชื่อมต่อ.....	32
3.9 ผลการทำงานโดยสรุปของปัญหา TSP.....	32
4.1 องค์ประกอบของระบบตรวจสอบลายเซ็น.....	35
4.2 ผังการทำงานของระบบตรวจสอบลายเซ็น.....	36
4.3 แสดงตำแหน่งพิกัดจุดบนกระดาษอิเล็กทรอนิกส์.....	38
4.4 ผังการอ่านข้อมูลและควบคุม กระดาษอิเล็กทรอนิกส์.....	39
4.5 แสดง Detail A ส่วนการรับและถอดรหัสข้อมูล.....	40
4.6 แสดง Detail B ส่วนโปรแกรมย่อยรับข้อมูล.....	41
4.7 แสดงตัวอย่างลายเซ็น.....	42
4.8 แสดงตัวอย่างลายเซ็นในฐานะข้อมูล.....	42
4.9 แสดงการจัดเก็บข้อมูลลายเซ็นทุกพิกัดจุด.....	43

สารบัญญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
4.10 แสดงการจัดเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 2 จุด.....	45
4.11 แสดงการจัดเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 3 จุด.....	47
4.12 แสดงการจัดเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 4 จุด.....	48
4.13 แสดงการจัดเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 5 จุด.....	49
4.14 แสดงการจัดเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 6 จุด.....	50
4.15 แสดงการจัดเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 8 จุด.....	51
4.16 แสดงการจัดเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 10 จุด.....	51
4.17 แสดงการจัดเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 20จุด.....	52
4.18 การปรับลายเซ็นให้อยู่ในกรอบอ้างอิง.....	52
4.19 การเปลี่ยนแปลงของพิกัดจุด.....	53
4.20 การกำหนดทิศทางการเซ็น.....	55
4.21 โครโมโซม ลายเซ็น.....	56
5.1 แสดงการแบ่งประเภทของความแตกต่างในทางทฤษฎี.....	59
5.2 แสดงการแบ่งประเภทของความแตกต่างในทางปฏิบัติ.....	60
5.3 ลายเซ็นจริงจากเจ้าของลายเซ็น.....	61
5.4 ลายเซ็นปลอมที่เหมือน.....	62
5.5 ลายเซ็นปลอมที่ไม่เหมือน.....	62
5.6 กราฟความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนคนที่เซ็นกับจำนวนลายเซ็นในกลุ่มแรก.....	65
5.7 กราฟความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนคนที่เซ็นกับจำนวนลายเซ็นในกลุ่มที่สอง.....	65
5.8 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างการเลือกค่า T_0 สำหรับแบ่งความแตกต่างระหว่างกลุ่มกับอัตราความผิดพลาด.....	66
5.9 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าขอบเขตกับเปอร์เซ็นต์ความถูกต้อง.....	66
5.10 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องในกลุ่มแรก..	67
5.11 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องในกลุ่มที่ 2...67	67
5.12 กราฟแสดงการเปรียบเทียบระหว่างจำนวนลายเซ็นกับเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องทั้ง 2 กลุ่ม..68	68
5.13 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับความน่าจะเป็นในการปฏิเสธลายเซ็นปลอม ω'_2	68

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา แะ VIII อ่างอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
5.14 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับความน่าจะเป็นในการยอมรับลายเซ็นจริง ω_1	69
5.15 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างผู้เซ็นกับความน่าจะเป็นการปฏิเสธลายเซ็นปลอม ω_2 ...	69
5.16 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างผู้เซ็นกับความน่าจะเป็นในการยอมรับลายเซ็นจริง ω_1 ..	70
5.17 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับอัตราความผิดพลาดในการยอมรับลายเซ็นปลอม (Type II Error) และอัตราความผิดพลาดในการปฏิเสธลายเซ็นจริง (Type I Error) ในกลุ่มที่ปลอมลายเซ็นอย่างดี.....	70
5.18 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับอัตราความผิดพลาดในการยอมรับลายเซ็นปลอม (Type II Error) และอัตราความผิดพลาดในการปฏิเสธลายเซ็นจริง (Type I Error) ในกลุ่มที่ปลอมลายเซ็นไม่ดี.....	71
5.19 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับอัตราความผิดพลาดในการยอมรับลายเซ็นปลอม (Type II Error) ของทั้ง 2 กลุ่ม.....	71

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความสำคัญและความเป็นมาของปัญหา

ลายเซ็น (Signature) เป็นสัญลักษณ์ใช้แทนตัวบุคคลที่นิยมใช้กันเป็นอย่างมาก ในการยื่นเอกสารต่าง ๆ และถือว่าเป็นหลักฐานอ้างอิงที่สำคัญมากอย่างหนึ่ง โดยทั่วไปการตรวจสอบลายเซ็นยังคงใช้สายตาเปรียบเทียบความเหมือน ซึ่งอาจมีข้อผิดพลาดเกิดขึ้นได้ เนื่องจากการเซ็นลายเซ็นมักจะไม่วางที่เหมือนกันทุกครั้งและมีการเปลี่ยนแปลงเกิดขึ้นได้เสมอ ซึ่งบางครั้งเกิดจากความคลาดเคลื่อนของเจ้าของลายเซ็นเอง หรืออาจถูกปลอมแปลงจากบุคคลอื่น และมีผลทำให้เกิดความเสียหายต่อเจ้าของลายเซ็นได้ โดยเฉพาะผู้ปลอมแปลงที่มีเจตนาไม่ดีและมีความชำนาญในการปลอมลายเซ็นอย่างแนบเนียน และปัจจุบันนี้เทคโนโลยีสารสนเทศกำลังพัฒนาไปอย่างรวดเร็ว โดยเฉพาะการติดต่อสื่อสารระหว่างกันในด้านการค้าขายซึ่งต้องมีการตกลงธุรกิจระหว่างกันในรูปแบบที่เรียกว่า การพาณิชย์อิเล็กทรอนิกส์ (Electronic Commerce) ซึ่งบุคคลทั้งสองฝ่ายอาจจะไม่รู้จักรักกันมาก่อน และการดำเนินการบางอย่างอาจไม่มีเอกสารเข้ามาเกี่ยวข้องเลยก็ได้ เช่น ธุรกิจการค้าบนเครือข่ายอินเทอร์เน็ตในระบบเปิด (Open Environment) เป็นต้น ดังนั้นส่วนสำคัญที่ทำให้ธุรกิจการค้าเกิดการไว้วางใจกันก็คือ ลายมือชื่อหรือลายเซ็นนั่นเอง ซึ่งเป็นสิ่งที่ใช้ยืนยันความสมบูรณ์ของการทำธุรกิจระหว่างกันได้ [12] ดังนั้น ระบบตรวจสอบความถูกต้องของลายเซ็นจึงมีส่วนสำคัญในการช่วยมนุษย์ตรวจสอบ เพื่อแยกแยะความแตกต่างระหว่างลายเซ็นปลอมกับลายเซ็นจริงให้ได้ โดยเฉพาะการทำงานที่ต้องเกี่ยวข้องกับสถาบันการเงิน สถานที่ราชการ และการดำเนินธุรกิจการค้าต่าง ๆ ซึ่งจะช่วยเพิ่มความถูกต้อง สะดวกรวดเร็ว และน่าเชื่อถือมากขึ้น

วิธีการรับข้อมูลลายเซ็นเข้ามาตรวจสอบมีอยู่ 2 วิธีคือ วิธีการรับข้อมูลแบบออฟไลน์ (Off-line) ซึ่งเซ็นไว้บนแผ่นกระดาษ และอ่านข้อมูลลายเซ็นโดยสแกนเนอร์ หรือกล้องดิจิทัล เพื่อแปลงข้อมูลให้อยู่ในรูปแบบของไบนารี หรือระดับภาพสีเทา แล้วจึงนำข้อมูลนั้นมาคำนวณโดยอาศัยแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ ซึ่งการเซ็นลายเซ็นไว้บนเอกสารนี้ทำให้มีการปลอมแปลงได้ง่ายเพราะมีลายเซ็น ปรากฏให้เห็นอยู่ทั่วไป ส่วนการรับข้อมูลลายเซ็นอีกวิธีคือ การรับข้อมูลแบบออนไลน์ (On-line) ซึ่งเป็นวิธีที่จะใช้ในวิทยานิพนธ์นี้ โดยรับข้อมูลลายเซ็นผ่านทางกระดาษอิเล็กทรอนิกส์ (Digital Tablet) และปากกาแสง (Light Pen) วิธีนี้จะทำให้ทราบข้อมูลลำดับก่อนหลังของการเซ็นทิศทาง ความเร็ว ความแรง แรงที่ใช้กดปากกา และมีข้อมูลเวลาเข้ามาเกี่ยวข้องทำให้การตรวจสอบทำได้ถูกต้องมากขึ้น

1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย

การตรวจสอบความถูกต้อง (Verification) ของลายเซ็นนับว่ามีความสำคัญมาก เพราะลายเซ็นเป็นสิ่งที่ใช้ยืนยันความสมบูรณ์ของข้อมูล รวมทั้งเป็นหลักฐานที่แสดงว่าบุคคลใดเป็นเจ้าของเอกสาร (Identification) ในงานวิจัยนี้มุ่งเน้นที่การวิเคราะห์ลายเซ็น เพื่อแยกความแตกต่างระหว่างลายเซ็นจริงและลายเซ็นปลอม โดยประยุกต์ใช้จินตคณิตอัลกอริทึม (Genetic Algorithm) ซึ่งเป็นการเลียนแบบการคัดเลือกทางธรรมชาติและกระบวนการทางพันธุศาสตร์ นำมาแก้ปัญหาการตรวจสอบลายเซ็น โดยให้คอมพิวเตอร์ดำเนินการสร้างลายเซ็นแบบต่าง ๆ จากลายเซ็นที่อ้างอิงไว้ พร้อมกับตรวจสอบเงื่อนไขตามข้อกำหนด เพื่อเปรียบเทียบกับลายเซ็นที่ต้องการตรวจสอบ อันจะสามารถทำให้ตรวจสอบแยกความแตกต่างระหว่างลายเซ็นจริงและลายเซ็นปลอมได้

1.3 แนวคิดที่ใช้ในการวิจัย

จินตคณิตอัลกอริทึมเป็นทฤษฎีที่จำลองกระบวนการทางธรรมชาติ คือการคัดเลือกทางธรรมชาติ และอาศัยพื้นฐานความคิดทางพันธุกรรมในการถ่ายทอดลักษณะต่าง ๆ จากพ่อ-แม่ ไปยังลูกหลานที่สามารถนำมาพัฒนาใช้หาคำตอบที่ใกล้เคียง หรือดีที่สุดของปัญหา จินตคณิตอัลกอริทึมเป็นวิธีการค้นหาคำตอบ โดยพิจารณาจากกลุ่มคำตอบของปัญหาที่ถูกสร้างขึ้น และใช้วิธีการเข้ารหัส (Coding) คือ การแปลงค่าตัวแปร หรือพารามิเตอร์ต่าง ๆ ของปัญหา ให้อยู่ในรูปโครงสร้างของโครโมโซมตามที่กำหนด เพื่อคัดเลือกโครโมโซมคำตอบที่เหมาะสมสำหรับสร้างวิวัฒนาการคำตอบให้ดีขึ้น ตามกระบวนการทางพันธุศาสตร์ โดยการแลกเปลี่ยนค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ ระหว่างโครโมโซมที่ถูกคัดเลือก จะทำให้คำตอบของปัญหาถูกปรับปรุงให้ดีขึ้น ในทำนองเดียวกัน การใช้จินตคณิตอัลกอริทึมในการตรวจสอบลายเซ็น ทำได้โดยสร้างกลุ่มรูปแบบลายเซ็นจากการแปลงค่าตัวแปรต่าง ๆ ให้อยู่ในรูปโครงสร้างโครโมโซมที่กำหนด เพื่อคัดเลือกโดยวิเคราะห์ค่าความเหมาะสมจากการตรวจสอบตามเงื่อนไขและข้อกำหนดที่ระบุ และปรับปรุงรูปแบบของลายเซ็นด้วยการแลกเปลี่ยนหรือสลับค่าพารามิเตอร์ของโครโมโซมลายเซ็นที่ถูกคัดเลือก ซึ่งจะทำให้เกิดวิวัฒนาการคำตอบตามรูปแบบของลายเซ็นที่ต้องการ

1.4 ขอบเขตของการวิจัย

วิทยานิพนธ์นี้นำเสนอการตรวจสอบลายมือชื่อหรือลายเซ็นแบบออนไลน์ คือ รับข้อมูลลายเซ็นจากกระดาดยอิเล็กทรอนิกส์และปากกาแสง และแสดงผลการตรวจสอบลายเซ็นว่าเป็นลายเซ็นจริงหรือลายเซ็นปลอม จากการคำนวณค่าความเหมาะสมเปรียบเทียบกับฐานข้อมูลลายเซ็น ไม่ได้เป็นการค้นหาหรือระบุตัวบุคคล โดยจำลองการทำงานต่าง ๆ บนเครื่องไมโครคอมพิวเตอร์ ซีพียูเพนเทียมความเร็ว 233 Mhz หน่วยความจำ 32 MB และสร้างโปรแกรมด้วยภาษา Turbo Pascal บน

Window รายละเอียดของวิทยานิพนธ์ฉบับนี้แยกออกเป็นส่วนตัวต่าง ๆ คือ กล่าวถึงความรู้พื้นฐานเกี่ยวกับจินตคณิตอัลกอริทึม ตัวอย่างการใช้จินตคณิตอัลกอริทึมในการแก้ปัญหาต่าง ๆ การประยุกต์ใช้จินตคณิตอัลกอริทึมในการตรวจสอบลายเซ็น การเปรียบเทียบลายเซ็นและตัดสินใจ รวมถึงสรุปผลที่ได้และแนวทางในการปรับปรุงพัฒนาการดำเนินการให้มีประสิทธิภาพต่อไป

1.5 วิธีการดำเนินการวิจัย

การตรวจสอบลายเซ็นของลายเซ็นแบบออนไลน์ จะรับตัวอย่างข้อมูลลายเซ็นและนำไปเก็บไว้อ้างอิงในฐานะข้อมูลลายเซ็น เพื่อใช้ในการเปรียบเทียบกับลายเซ็นที่จะตรวจสอบ จากนั้นเมื่อต้องการตรวจสอบลายเซ็นจึงส่งลงบนกระดาศอิล็กทรอนิกส์ แล้วนำข้อมูลไปคำนวณหาค่าความเหมาะสมเปรียบเทียบกับลายเซ็นในฐานะข้อมูล และแสดงผลว่าลายเซ็นนั้นเป็นลายเซ็นจริงหรือลายเซ็นปลอม โดยมีขั้นตอนดังนี้

1.5.1 เชื่อมต่ออุปกรณ์สนับสนุน

การรับข้อมูลลายเซ็นผ่านกระดาศอิล็กทรอนิกส์และปากกาแสง จะต้องเตรียมเชื่อมต่อกระดาศอิล็กทรอนิกส์เข้ากับเครื่องคอมพิวเตอร์ และจัดทำโปรแกรมควบคุมการทำงานให้เป็นไปตามความต้องการ

1.5.2 การประมวลผลเบื้องต้น

เมื่อรับข้อมูลจากกระดาศอิล็กทรอนิกส์แล้ว จะนำข้อมูลที่ได้นำมาประมวลผลเบื้องต้นเพื่อขจัดสัญญาณรบกวนรวมทั้งข้อมูลที่ไม่เกี่ยวข้องออกไป และปรับลายเซ็นให้อยู่ในกรอบอ้างอิงเพื่อให้ลายเซ็นอยู่ในขนาดมาตรฐาน และการทำงานขั้นต่อไป จะสะดะควรวัดเร็วยิ่งขึ้น

1.5.3 การเลือกลักษณะเด่น

เมื่อผ่านการประมวลผลเบื้องต้นมาแล้วจะนำข้อมูลที่ได้นำมาเลือกลักษณะเด่นที่เหมาะสมกับวิธีการตรวจสอบลายเซ็นแบบออนไลน์ เพื่อจะใช้แทนข้อมูลลายเซ็นในการตรวจสอบความถูกต้อง และนำไปวิเคราะห์ในขั้นต่อไป

1.5.4 การคำนวณค่าความเหมาะสม

นำลักษณะเด่นต่าง ๆ ของลายเซ็นที่เลือกไว้มาคำนวณค่าความเหมาะสม เพื่อใช้สำหรับเปรียบเทียบระหว่าง ลายเซ็นที่จะตรวจสอบกับลายเซ็นตัวอย่างในฐานะข้อมูล

1.5.5 การเปรียบเทียบลายเซ็น

ผลที่ได้จากการคำนวณค่าความเหมาะสมจะเป็นข้อมูลในการตัดสินใจในการยอมรับหรือปฏิเสธลายเซ็นที่ตรวจสอบ ถ้าค่าที่ได้มีความแตกต่างจากลายเซ็นในฐานะข้อมูล ระบบจะทดลองสร้างลายเซ็นใหม่แบบต่าง ๆ โดยกระบวนการของจินตคณิตอัลกอริทึม เพื่อเปรียบเทียบและค้นหาหาลายเซ็นที่คล้ายกับฐานข้อมูลมากที่สุด

1.5.6 การตัดสินใจ

ประเมินผลที่ได้จากการเปรียบเทียบลายเซ็น โดยอาศัยเงื่อนไขและขอบเขตที่กำหนด เพื่อตัดสินใจยอมรับหรือปฏิเสธลายเซ็นที่ตรวจสอบ

1.6 ข้อจำกัดของระบบ

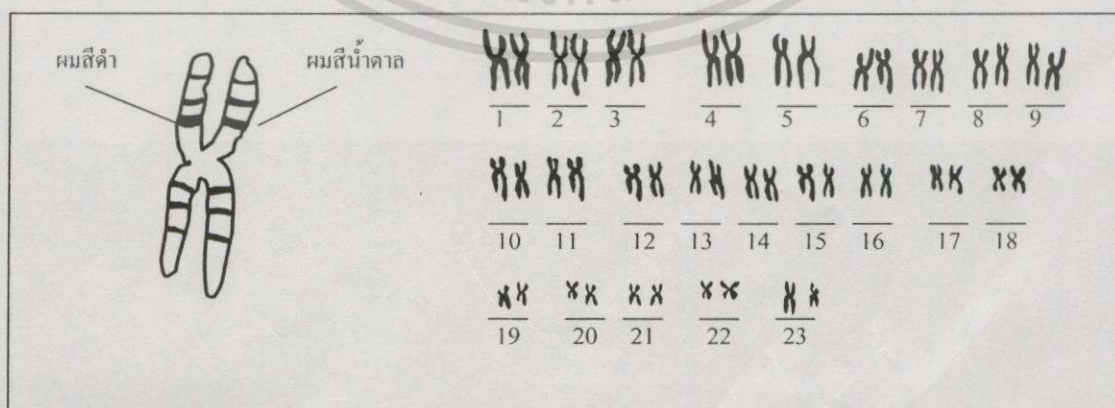
ระบบตรวจสอบลายเซ็นแบบออนไลน์ที่ใช้ในวิทยานิพนธ์นี้ จะไม่พิจารณาแรงกดจากปากกาในขณะที่เซ็น เนื่องจากกระดาษอิเล็กทรอนิกส์ที่ใช้ในการวิจัยไม่มีคุณลักษณะในด้านนี้ และถือว่าลายเซ็นแต่ละบุคคลจะมีขนาดใกล้เคียงกัน ถ้าลายเซ็นที่ตรวจสอบมีการผิดขนาด หรือมีขนาดแตกต่างจากฐานข้อมูลมากเกินไป ผลการเปรียบเทียบลายเซ็นอาจมีการปฏิเสธลายเซ็นจริงได้ ความเอียงของลายเซ็นก็มีผลต่อการตรวจสอบความถูกต้องเช่นกัน เพราะถ้าลายเซ็นมีความเอียงมาก ทำให้มีความแตกต่างจากลายเซ็นในฐานข้อมูล ก็จะถือว่าเป็นคนละลายเซ็นกัน ส่วนการเซ็นด้วยความเร็วสูงมากอาจจะทำให้ข้อมูลที่ได้รับจากกระดาษอิเล็กทรอนิกส์มีข้อผิดพลาดได้ ทำให้การตรวจสอบลายเซ็นได้ผลไม่ถูกต้อง ทำให้ต้องเริ่มเซ็นใหม่ โดยทั่วไปความถี่ของสัญญาณที่ใช้ในการเซ็นแบบออนไลน์ มีค่าไม่เกิน 20 Hz. [9]

ความรู้พื้นฐานเกี่ยวกับจีเนติกอัลกอริทึม

ปัญหาที่ต้องการคำตอบที่ดีที่สุด (Optimal Solution) ในทางวิทยาศาสตร์ สามารถหาคำตอบได้หลายวิธีซึ่งแตกต่างกันไปตามชนิดของปัญหา โดยมีการนำทฤษฎีที่เกี่ยวข้องกับการเลียนแบบทางธรรมชาติมาช่วยในการวิจัย เช่น การประมวลผลภาษาธรรมชาติ (Natural Language Processing) ระบบผู้เชี่ยวชาญ (Expert System) ฟัซซีลอจิก (Fuzzy Logic) นิวรอลเน็ตเวิร์ค (Neural Network) เป็นต้น จีเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm) เป็นอีกทฤษฎีที่จำลองการทำงานทางชีววิทยาในการให้กำเนิดประชากรรุ่นใหม่ ซึ่งอาศัยพื้นฐานของการวิวัฒนาการทางพันธุกรรมในการถ่ายทอดลักษณะต่าง ๆ ไปยังรุ่นลูกหลาน โดยปฏิบัติตามหลักการทางพันธุศาสตร์ นำมาประยุกต์ใช้ในการแก้ปัญหา เพื่อหาคำตอบที่ดีที่สุดหรือใกล้เคียงที่สุด

2.1 พันธุศาสตร์ทางชีววิทยา

ยีนส์ (Genes) เป็นหน่วยเก็บลักษณะทางกรรมพันธุ์ ซึ่งค้นพบโดยนักวิทยาศาสตร์ที่ชื่อ เมนเดล (Mendel) และเป็นตัวกำหนดรูปร่างลักษณะภายนอกของสิ่งมีชีวิต ซึ่งยีนส์จะเรียงตัวกันอยู่บนโครโมโซม (Chromosome) อีกที ในเซลล์ของสิ่งมีชีวิตโครโมโซมจะจับกันอยู่เป็นคู่ๆ แต่จะแตกต่างกันที่ค่าลักษณะต่าง ๆ ในแต่ละยีนส์เรียกว่า แอลลีล (Allele) ซึ่งแบบต่าง ๆ ของยีนส์ที่มีแอลลีลต่างกันในแต่ละตำแหน่งเรียกว่า ยีนไทป์ (Genotype) สำหรับลักษณะภายนอกที่ปรากฏออกมาให้เห็นเรียกว่า ฟีนไทป์ (Phenotype) ตัวอย่างคู่โครโมโซมทั้ง 23 คู่ของมนุษย์ ดังแสดงในรูปที่ 2.1 ซึ่งประกอบด้วยยีนส์ที่มีลักษณะสีผม และอื่น ๆ [10]



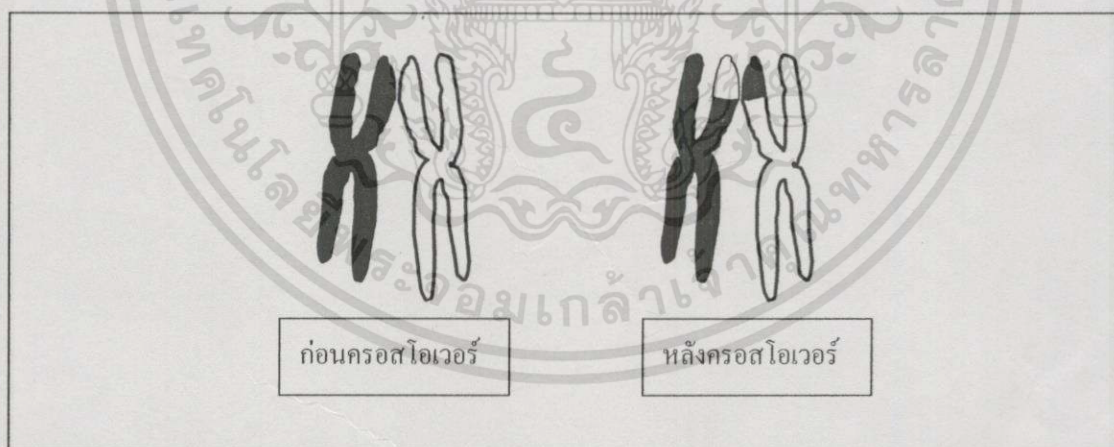
รูปที่ 2.1 แสดงลักษณะทางพันธุศาสตร์ของโครโมโซมทั้ง 23 คู่ของมนุษย์

การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมเป็นการถ่ายทอดลักษณะต่าง ๆ ของสิ่งมีชีวิตที่เกิดขึ้นเมื่อมีการแบ่งตัวของเซลล์ ซึ่งมี 2 แบบคือ

1. การแบ่งตัวแบบไมโทซิส (Mitosis) เป็นการเพิ่มจำนวนเซลล์ โดยโครโมโซมแต่ละตัวจะเพิ่มจำนวนตัวเองเป็นสอง และเชื้อหุ้มนิวเคลียสจะสลายลงเพื่อแยกโครโมโซมที่เพิ่มจำนวนขึ้นออกจากโครโมโซมเดิมแล้วเชื้อหุ้มนิวเคลียสจะถูกสร้างขึ้นใหม่เป็น 2 เซลล์

2. การแบ่งตัวแบบไมโอซิส (Meiosis) เป็นการแบ่งตัวของเซลล์สืบพันธุ์ โดยโครโมโซมจากเซลล์พ่อแม่และแม่ อย่างละ 1 โครโมโซม จับคู่กันและด่างก็จำลองแบบของคนที่เพิ่มมาอีก ทำให้ได้โครโมโซมทั้งหมดเพิ่มขึ้นเป็น 2 เท่า โครโมโซมพ่อแม่และแม่พร้อมทั้งแบบจำลองจะแยกคู่ไปรวมกันเป็น 2 นิวเคลียสกลายเป็นเซลล์ใหม่ 2 เซลล์ ซึ่งแบ่งตัวต่อไป โดยโครโมโซมพ่อแม่และแม่แยกตัวออกจากแบบจำลอง ทำให้ได้เซลล์ใหม่ 4 เซลล์

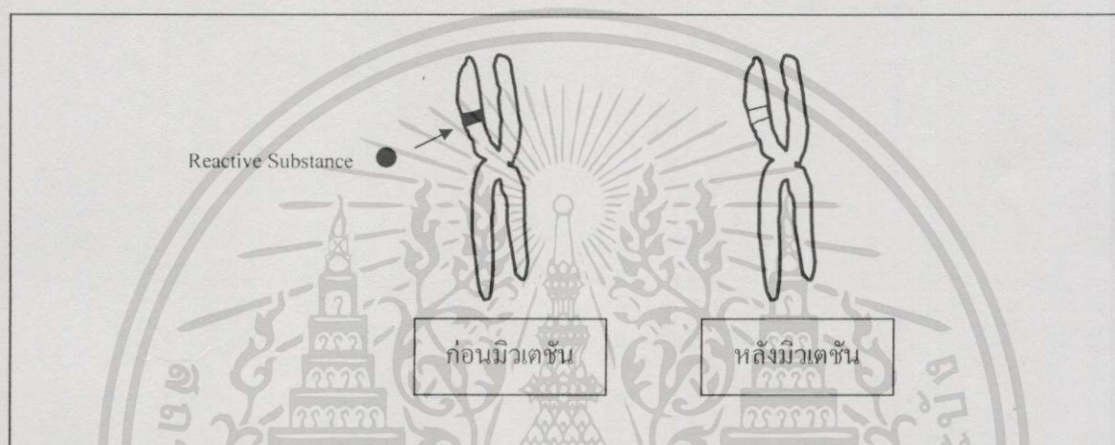
วิธีการแบบไมโอซิสโครโมโซมจะมีโอกาสแลกเปลี่ยนบางส่วนซึ่งกันและกัน เรียกว่าครอสโอเวอร์ (Crossover) การครอสโอเวอร์จะเกิดขึ้นระหว่างโครโมโซมพ่อกับโครโมโซมแม่ เนื่องจากยีนส์แต่ละยีนส์ที่เรียงตัวกันบนโครโมโซมไม่ได้ยู่กันอย่างหนาแน่น และมีระยะห่างไม่สม่ำเสมอ ช่องว่างระหว่างยีนส์นี้เองที่สามารถแตกออกมาได้ขณะที่มีการครอสโอเวอร์ และมีการแลกเปลี่ยนยีนส์ของโครโมโซม โดยส่วนที่อยู่หลังรอยแตกทั้งหมดจะถูกย้ายไปอยู่อีกโครโมโซม นอกจากนี้ยังสามารถแตกอีกที่หนึ่งก็ได้ ซึ่งขึ้นอยู่กับความสามารถที่จะเชื่อมกัน ได้มากน้อยเพียงไร ดังแสดงในรูปที่ 2.2



รูปที่ 2.2 แสดงก่อนและหลังการครอสโอเวอร์ของโครโมโซม

ประโยชน์ที่เกิดจากการครอสโอเวอร์คือ ได้ลักษณะต่าง ๆ มาอยู่รวมกัน ทำให้สิ่งมีชีวิตรุ่นลูกหลานมีความหลากหลายและอาจทำให้เกิดโอกาสเกิดสิ่งมีชีวิตที่มีลักษณะที่ตีรวมกันอยู่ได้อย่างพอเหมาะ ถ้าเซลล์เกิดใหม่โดยไม่มีการครอสโอเวอร์แล้ว โครโมโซมใดที่เคยมียีนส์ลักษณะใดก็จะมีลักษณะนั้นอยู่เรื่อย ๆ โอกาสที่สิ่งมีชีวิตนั้นจะปรับตัวให้ดีขึ้นย่อมมีได้ยากกว่า นอกจากนี้ยัง

มีการผ่าเหล่า (Mutation) คือการเปลี่ยนแปลงของยีนส์ที่มีลักษณะต่างไปจากเดิมที่ควรจะเป็น ซึ่งเป็นต้นเหตุให้เกิดลักษณะที่แปลกออกไป เท่ากับเป็นโอกาสในการเลือกลักษณะแปลก ๆ มากขึ้น เนื่องจากขบวนการวิวัฒนาการทางธรรมชาตินั้นซ้ำมาก เพราะกว่าที่ธรรมชาติจะปรับสภาพแวดล้อมให้สิ่งมีชีวิตค่อย ๆ ปรับตัวเองให้เหมาะสมนั้นมีโอกาสน้อยมาก การผ่าเหล่านั้นทุกลักษณะในแต่ละยีนส์ย่อมมีโอกาสที่จะเกิดการเปลี่ยนแปลงไปจากเดิมได้พอ ๆ กัน และถ้าเหมาะสมกับสภาพแวดล้อมในขณะนั้นก็จะคงอยู่ต่อไป แต่ถ้าการเปลี่ยนแปลงใดเกิดผิดจังหวะ คือไม่เหมาะสมกับสภาพแวดล้อมขณะนั้น ๆ ก็จะไม่ถูกคัดเลือกและหายไปในที่สุด ดังรูปที่ 2.3



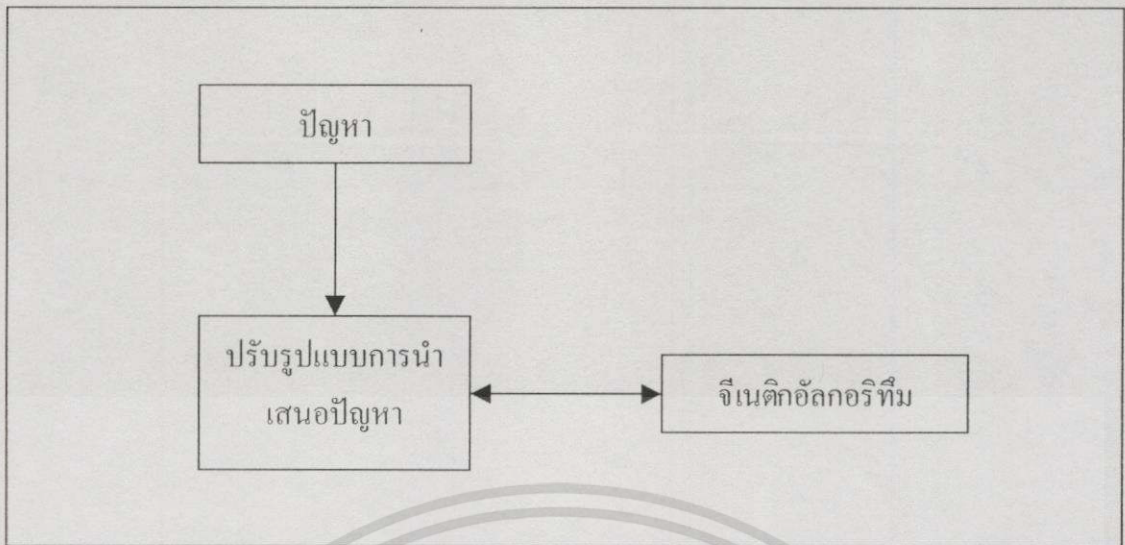
รูปที่ 2.3 แสดงการเกิดมิวเตชันของโครโมโซม

2.2 จีเนติกอัลกอริทึม

ปี ค.ศ. 1975 John Holland [3] ได้ศึกษาทฤษฎีที่เกี่ยวข้องกับวิวัฒนาการทางธรรมชาติ (Natural Evolution) ในการให้กำเนิดประชากรสิ่งมีชีวิตในรุ่นต่อ ๆ ไปโดยกระบวนการทางชีววิทยาประกอบด้วย การคัดเลือกทางธรรมชาติ (Natural Selection) คือ สิ่งมีชีวิตที่แข็งแรงกว่า ย่อมมีโอกาสอยู่รอดได้มากกว่าสิ่งมีชีวิตที่อ่อนแอ นั่นคือโครโมโซมที่ประกอบด้วยยีนส์ต่าง ๆ ที่มีลักษณะที่ดีสามารถอยู่รอดได้มากกว่า โครโมโซมที่อยู่รอดได้ก็จะถ่ายทอดยีนส์ที่มีลักษณะที่ดีเหล่านั้นไปยังลูกหลานได้มากกว่าเช่นกัน และกระบวนการทางพันธุศาสตร์ (Genetic Operation) คือการกำเนิดโครโมโซมใหม่เพื่อถ่ายทอดยีนส์จากการครอสโอเวอร์ หรือมิวเตชัน

จากแนวคิดดังกล่าว Holland จึงได้นำมาปรับใช้กับคอมพิวเตอร์เพื่อช่วยแก้ปัญหาในการหาคำตอบที่ดีที่สุดหรือใกล้เคียงที่สุด โดยมีจุดมุ่งหมายที่จะศึกษาระบบปรับปรุงการประมวลผลเอง (Self Adaptive Process) และสร้างระบบผู้เชี่ยวชาญ (Artificial System) โดยอาศัยแนวคิดของระบบการคัดเลือกทางธรรมชาติเรียกว่า จีเนติก อัลกอริทึม (Genetic Algorithms : GA) เพื่อปรับปรุงการหาคำตอบที่ดีขึ้น หลักการเบื้องต้นในการใช้จีเนติกอัลกอริทึมแก้ปัญหา คือ ต้องปรับปรุงรูปแบบปัญหาให้เหมาะสมกับการนำเสนอของจีเนติกอัลกอริทึม ดังรูปที่ 2.4

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 2.4 แสดงหลักการเบื้องต้นของจีเนติกอัลกอริทึม

จีเนติกอัลกอริทึมเป็นวิธีการค้นหาคำตอบ โดยการเลียนแบบการคัดเลือกทางธรรมชาติ และธรรมชาติทางพันธุกรรมซึ่งอาศัยหลักการสุ่ม เพื่อปรับปรุงความสามารถในการค้นหาคำตอบที่ดีขึ้น โดยมีวิธีการคือ

1. จีเนติกอัลกอริทึม ค้นหาคำตอบภายใต้โครงสร้างของปัญหา อันเกิดจากการกำหนดรหัส (Coding) รูปแบบแบบโครงสร้างจากกลุ่มตัวแปรต่าง ๆ ของปัญหานั้น ไม่ใช่ค้นหาคำตอบจากค่าของกลุ่มตัวแปรนั้น
2. จีเนติกอัลกอริทึม ค้นหาคำตอบโดยพิจารณาจากประชากรคำตอบ หรือกลุ่มคำตอบ ไม่ใช่จากค่าของกลุ่มตัวแปร
3. จีเนติกอัลกอริทึม ค้นหาคำตอบจากผลลัพธ์ของกลุ่มค่าตัวแปรที่เป็นฟังก์ชันเป้าหมายของปัญหา
4. จีเนติกอัลกอริทึม ค้นหาคำตอบโดยอาศัยการถ่วงน้ำหนักความเหมาะสมของแต่ละคำตอบจากกลุ่มคำตอบนั้น ๆ

2.3 ฟังก์ชันเป้าหมายกับฟังก์ชันความเหมาะสม

จีเนติกอัลกอริทึมจะพิจารณาคำตอบที่ผ่านมามีใกล้เคียงกับคำตอบที่ต้องการหรือไม่ จากฟังก์ชันเป้าหมาย (Objective Function : f) เนื่องจากปัญหาสามารถกำหนดฟังก์ชันเป้าหมาย ซึ่งแสดงความสัมพันธ์ของแต่ละตัวแปร พารามิเตอร์ เงื่อนไข หรือ ข้อกำหนดต่าง ๆ สำหรับฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function : F) เป็นฟังก์ชันที่ใช้เป็นตัวกำหนดค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมว่ามีโอกาสจะถูกคัดเลือกมากน้อยเพียงใด โดยทั่วไปมักใช้ฟังก์ชันเป้าหมายเป็นฟังก์ชันความเหมาะสม หรืออาจใช้ฟังก์ชันเป้าหมายที่ถูกปรับให้เป็นฟังก์ชันความเหมาะสมก็ได้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

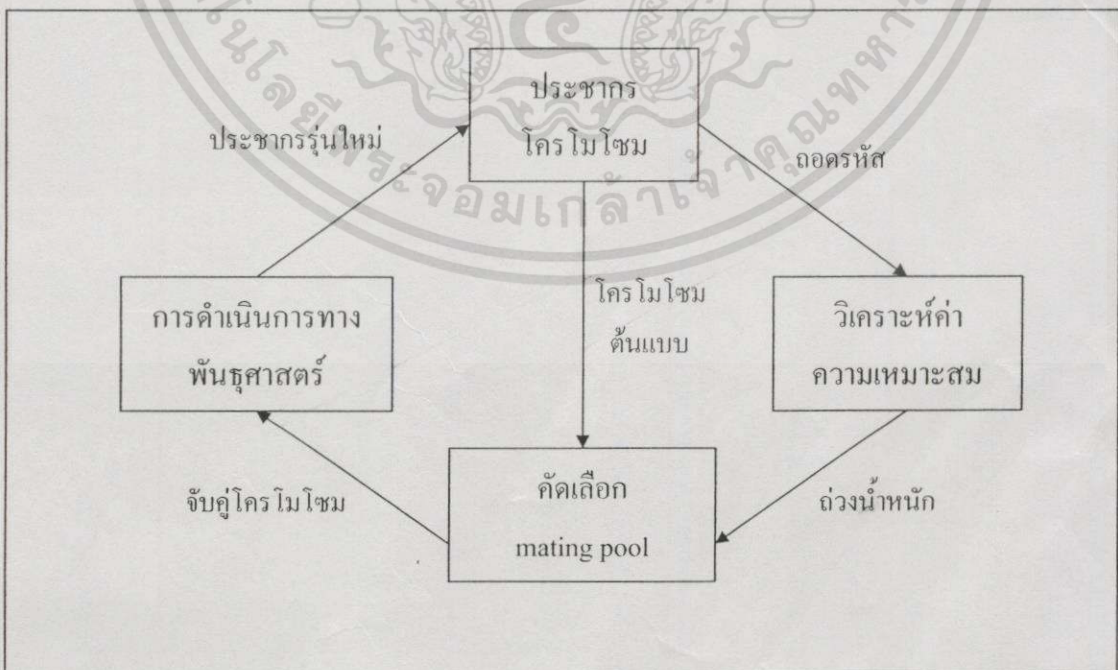
2.4 รูปแบบโครโมโซม

สำหรับจีเนติกอัลกอริทึม ยีนส์ซึ่งเป็นตัวแสดงค่าคำตอบของปัญหาที่เปลี่ยนไปตามการประยุกต์ใช้งาน ซึ่งโดยทั่วไปยีนส์หมายถึงตัวแปร พารามิเตอร์ เงื่อนไขหรือข้อกำหนดต่าง ๆ ลำดับของยีนส์บนโครโมโซมจะอยู่ในรูปแบบสตริง (string) ประกอบด้วยบิต (bit) ซึ่งลักษณะที่เป็นไปได้เรียกว่า ค่าของบิต (bit value) รูปแบบค่าบิตที่จัดเรียงบนโครโมโซมคือ ยีนไทป์ (genotype) ที่แสดงถึงค่าของตัวแปร พารามิเตอร์ต่าง ๆ ที่เป็นไปได้ชุดหนึ่ง หรือฟีโนไทป์ (phenotype) นั้นเอง

2.5 การทำงานของจีเนติกอัลกอริทึม

เมื่อกำหนดรูปแบบโครโมโซมและฟังก์ชันความเหมาะสมได้แล้วจีเนติกอัลกอริทึม จะสร้างวิวัฒนาการกลุ่มคำตอบในรุ่นต่อ ๆ ไปโดยมีการทำงาน ดังรูปที่ 2.5 ซึ่งมี 4 ขั้นตอน คือ

1. สร้างประชากรโครโมโซมรุ่นเก่า ตามรูปแบบที่กำหนดไว้ โดยประชากรต้นกำเนิด (Initial Population) เกิดจากการสร้างชุดโครโมโซมโดยสุ่มค่าแต่ละบิต
2. วิเคราะห์ค่าความเหมาะสมแต่ละ โครโมโซม โดยถอดรหัสค่าตัวแปร พารามิเตอร์ต่าง ๆ ของแต่ละบิต และคำนวณค่าความเหมาะสม
3. สร้าง mating pool คือชุดโครโมโซมต้นแบบหรือโครโมโซมพ่อแม่ที่สามารถอยู่รอดเป็นต้นแบบ โดยพิจารณาถ่วงน้ำหนักจากค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม
4. ดำเนินการทางพันธุศาสตร์ โดยสุ่มจับคู่โครโมโซมต้นแบบใน mating pool เพื่อสร้างประชากรรุ่นใหม่ ซึ่งตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์ประกอบด้วยครอสโอเวอร์หรือมิวเตชัน



รูปที่ 2.5 การทำงานของ จีเนติกอัลกอริทึม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

การค้นหาคำตอบของจีเนติกอัลกอริทึมจะประมวลผลซ้ำ ๆ จนกว่าจะได้รับคำตอบที่พอใจตามเงื่อนไขที่ได้ตั้งไว้ หรือในระยะเวลาตามจำนวนรุ่นที่ต้องการ ซึ่งแสดงอัลกอริทึมการทำงานของจีเนติกอัลกอริทึมดังนี้

Simple Genetic Algorithm

Begin

Initial population;

Evaluate population;

While termination criterion not reached

Begin

Select solution for next population;

Crossover;

Mutation;

Evaluate population;

End;

End;

สำหรับจีเนติกอัลกอริทึม ตัวแปรหรือพารามิเตอร์ของปัญหาจะถูกแปลงให้อยู่ในรูปของสตริง ซึ่งมักเรียกว่าโครโมโซม ประกอบด้วยอักขระหรือบิต แต่ละตำแหน่งของโครโมโซมประกอบด้วยค่าของอักขระหรือค่าของบิต ที่แสดงถึงโครงสร้างของแต่ละโครโมโซมที่มีค่าตัวแปรหรือพารามิเตอร์ของปัญหาที่แตกต่างกัน และเป็นตัวกำหนดค่าความเหมาะสมตามฟังก์ชันความเหมาะสมของแต่ละปัญหา ซึ่งในตารางที่ 2.1 อธิบายคำศัพท์เปรียบเทียบที่ใช้ทางพันธุศาสตร์กับจีเนติกอัลกอริทึม

ตารางที่ 2.1 แสดงคำศัพท์ที่ใช้ทางพันธุศาสตร์ กับ จีเนติกอัลกอริทึม

Natural Genetic	Genetic Algorithm
Chromosome	String
Gene	Character, Bit
Allele	Character value, Bit value
Locus	String position
Genotype	Structure
Phenotype	Decode structure

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

จินตคติอัลกอริทึมในยุคเริ่มแรกของ Holland [3] นั้น คือ จินตคติอัลกอริทึมแบบง่าย (Simple Genetic Algorithm : SGA) ซึ่งมีขั้นตอนพื้นฐานไม่มากนัก แบ่งออกเป็น 2 ส่วนคือการเตรียมการและการทำงาน

สำหรับในส่วนการเตรียมการนี้เป็นขั้นตอนการปรับรูปแบบของปัญหาให้เหมาะสมสำหรับการนำเสนอเพื่อใช้สำหรับแก้ปัญหานั้น ๆ ประกอบด้วย

1. กำหนดฟังก์ชันความเหมาะสม เพื่อความสะดวกและง่ายต่อการเข้าใจ จะกำหนดตัวอย่างการหาคำตอบของปัญหาการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน $y = 2x^2$ ที่ x มีค่าระหว่างจำนวนเต็ม $I [0,63]$

ตัวอย่าง ฟังก์ชันเป้าหมายคือ $f = 2x^2$

กำหนดฟังก์ชันความเหมาะสม คือ $F = 2x^2$

ซึ่งคำตอบที่ดีที่สุดคือ ค่า x ที่มีค่าความเหมาะสมสูงสุด $MAX(F)$

2. กำหนดรูปแบบโครโมโซม โดยค่าตัวแปรหรือพารามิเตอร์ของปัญหาจะถูกแปลงให้อยู่ในรูปแบบไบนารีโครโมโซม และมีความยาว (Chromosome Length : lchrom) ตามที่กำหนด เช่น

$B_1 B_2 B_3 \dots B_{lchrom}$ ซึ่ง $B_i \in I[0,1]$

ตัวอย่าง วิธีแปลงค่าพารามิเตอร์ x ให้อยู่ในรูปแบบไบนารี 6 บิต (lchrom = 6) ดังนั้น โครโมโซมของปัญหาจะมีค่าอยู่ในช่วง 000000 ถึง 111111 ซึ่งเมื่อถอดรหัสแล้วจะมีค่าอยู่ช่วง 0 ถึง 63

สำหรับในส่วนการทำงานจะประกอบด้วย

1. ประชากรรุ่นเก่า (Old Population) เป็นชุดโครโมโซมที่ถูกคัดเลือกไปเป็นโครโมโซมต้นแบบสำหรับสร้างประชากรรุ่นใหม่ (New Population) ในวิวัฒนาการรุ่น (generation : gen) ต่อไปโดยประชากรเริ่มต้นที่ $gen = 0$ และจะถูกสร้างขึ้นโดยการสุ่มตามจำนวนโครโมโซม ในแต่ละรุ่น (Population Size : popsize) ที่กำหนด

ตัวอย่าง

ลำดับ	โครโมโซม
1	101110
2	111001
3	101000
4	110011

ชุดโครโมโซมเริ่มต้นนี้เป็นชุดโครโมโซมที่กำหนดให้ในแต่ละรุ่น จะประกอบด้วย 4 โครโมโซม ซึ่งแต่ละโครโมโซม เกิดจากการสุ่มค่าไบนารีจำนวน 6 ครั้ง

2. การวิเคราะห์ค่าความเหมาะสม เป็นขั้นตอนการถอดรหัส จากโครงสร้างโครโมโซมที่กำหนดไว้ เพื่อกำหนดค่าความเหมาะสมตามฟังก์ชันความเหมาะสมของปัญหา ในที่นี้ฟังก์ชันความเหมาะสม คือ $F = 2x^2$

ตัวอย่าง	ลำดับ โครโมโซม	x	ค่าความเหมาะสม (F)
1	101110	46	4232
2	111001	57	6498
3	101000	40	3200
4	110011	51	5202

3. การคัดเลือก เป็นขั้นตอนการคัดเลือกโครโมโซมต้นแบบเพื่อสร้าง mating pool โดยโครโมโซมรุ่นเก่าเป็นโครโมโซมต้นแบบหรือโครโมโซมพ่อ-แม่ เพื่อใช้ในการสร้างโครโมโซมรุ่นลูก-หลานต่อไป โครโมโซม ที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีจะถูกกำหนดน้ำหนักค่าความน่าจะเป็นที่จะถูกเลือกสูง การกำหนดค่าความน่าจะเป็นที่จะถูกเลือกแต่ละครั้ง (Probability of Selected Value : pselect) ของแต่ละโครโมโซม โดยกำหนดจากค่าความเหมาะสมเทียบกับผลรวมของค่าความเหมาะสมทั้งหมด ดังสมการที่ 2.1

$$pselect_i = F_i / \sum F \quad (2.1)$$

ซึ่งสามารถคำนวณค่าคาดหวังที่จะสุ่มได้ (Expected Value : E) ของแต่ละโครโมโซมในแต่ละรุ่นดังสมการที่ 2.2

$$E_i = pselect_i * popsize = F_i / \bar{F} \quad (2.2)$$

สำหรับวิธีการสุ่มโครโมโซมต้นแบบ เป็นการจำลองการหมุนวงล้อถ่วงน้ำหนัก (Roulette Wheel : RW) ซึ่งกำหนดขนาดแต่ละช่องของวงล้อตามความน่าจะเป็นที่จะสุ่มได้ในแต่ละครั้งของโครโมโซม ซึ่งมีวิธีการดังนี้

1. หาค่า ความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม
2. หาค่าความน่าจะเป็นที่จะสุ่มได้ในแต่ละครั้งของแต่ละโครโมโซม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3. หาคความถี่สะสม (q_i) ของค่าความน่าจะเป็นของแต่ละโครโมโซมดังสมการที่ 2.3

$$q_i = \sum_{j=1}^i p_{select_j} \quad (2.3)$$

4. สร้างเลขสุ่มจำนวนจริง (r) ที่มีค่าอยู่ในช่วง $[0.0, 1.0]$

5. เลือกโครโมโซมลำดับที่ r ซึ่งมีค่าอยู่ระหว่าง q_{i-1} และ q_i

ตัวอย่าง	ลำดับ โครโมโซม	x	ค่าความ เหมาะสม F	ค่าความ น่าจะเป็น pselect _i	จำนวนที่ คาดหวัง E _i	จำนวนที่ สุ่มได้จาก RW
1	101110	46	4232	0.221	0.885	1
2	101101	57	6498	0.340	1.359	2
3	101000	40	3200	0.167	0.669	0
4	110011	51	5202	0.272	1.088	1
	รวม		19132	1.000	4.000	
	ค่าเฉลี่ย		4783	0.250	1.000	
	ค่าสูงสุด		6498	0.340	1.359	

ตัวอย่างการกำหนดค่าความน่าจะเป็น โดยกำหนดค่าความเหมาะสมเทียบกับผลรวมของค่าความเหมาะสมทั้งหมด จะเห็นได้ว่าการคัดเลือกโครโมโซมต้นแบบจาก 4 โครโมโซมนี้ โอกาสที่จะสุ่มได้โครโมโซมลำดับที่ 1, 2, 3, 4 ต่อการสุ่มแต่ละครั้งเท่ากับ 0.221, 0.340, 0.167, และ 0.272 ตามลำดับ และจำนวนโครโมโซมต้นแบบที่สุ่มได้จากการหมุนวงล้อมีดังนี้

ลำดับโครโมโซม	1	2	3	4
ค่าความเหมาะสม (F)	4232	6498	3200	5202
ค่าความน่าจะเป็นที่สุ่มได้แต่ละครั้ง (pselect _i)	0.221	0.340	0.167	0.272
ความถี่สะสมค่าความน่าจะเป็น (q_i)	0.221	0.561	0.728	1.000
เลขสุ่มจากการหมุนวงล้อแต่ละครั้ง (r)	0.333	0.844	0.456	0.128
ลำดับโครโมโซมที่ถูกเลือก ($q_{i-1} \leq r \leq q_i$)	2	4	2	1

ซึ่งจำนวนที่สุ่มได้เป็นโครโมโซมต้นแบบใน mating pool ของแต่ละโครโมโซมเป็น 1, 2, 0 และ 1 ตามลำดับ จะเห็นว่าโครโมโซมลำดับที่ 2 มีค่าความเหมาะสมสูงที่สุดจะมีโอกาสถูกเลือกมากที่สุด

4. การดำเนินการทางพันธุศาสตร์ เป็นขั้นตอนการจำลองแบบทางพันธุกรรม ซึ่งมีตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์คือ การครอสโอเวอร์ และ การมิวเตชัน โดยมีรายละเอียดดังนี้

การครอสโอเวอร์ เป็นตัวดำเนินการในการแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซมพ่อ-แม่ ตามอัตราความน่าจะเป็นของการครอสโอเวอร์ (Probability of Crossover : P_c) เพื่อสร้างชุดโครโมโซมรุ่นใหม่ มีขั้นตอนการทำงานคือ

ขั้นตอนที่ 1 จับคู่โครโมโซม พ่อ-แม่ ใน mating pool ที่สร้างไว้จากการคัดเลือก

ขั้นตอนที่ 2 สร้างเลขสุ่มจำนวนจริง (r) ที่มีค่าอยู่ในช่วง $[0.0, 1.0]$ โดยถ้า $r \leq P_c$ แล้วโครโมโซมพ่อ-แม่ นั้นจึงมีการครอสโอเวอร์

ขั้นตอนที่ 3 ครอสโอเวอร์โดยแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซมพ่อ-แม่นั้น ซึ่งการครอสโอเวอร์ของจีเนติกอัลกอริทึมแบบง่ายเป็นแบบ 1 จุด (One-point Crossover) ดังนี้

คู่โครโมโซมพ่อ-แม่ $d_1 d_2 d_3 \dots d_{pos} d_{pos+1} \dots d_{lchrom}$
 $m_1 m_2 m_3 \dots m_{pos} m_{pos+1} \dots m_{lchrom}$

ทำการครอสโอเวอร์โดยสุ่มเลือกตำแหน่ง pos เป็นตำแหน่งที่จะครอสโอเวอร์ ซึ่งมีค่าอยู่ในช่วง $[1, lchrom]$ และแลกเปลี่ยนค่าในแต่ละบิตของคู่โครโมโซมพ่อ-แม่ ตั้งแต่ตำแหน่งที่ $pos+1$ ถึง $lchrom$ ซึ่งจะทำให้เกิดโครโมโซมลูก 2 โครโมโซมคือ

คู่โครโมโซมลูก $d_1 d_2 d_3 \dots d_{pos} m_{pos+1} \dots m_{lchrom}$
 $m_1 m_2 m_3 \dots m_{pos} d_{pos+1} \dots d_{lchrom}$

จำนวนการครอสโอเวอร์ในแต่ละรุ่นขึ้นอยู่กับค่า P_c ซึ่งแตกต่างกันในแต่ละปัญหา เช่น ถ้าจำนวนประชากรในแต่ละรุ่น $popsize$ เท่ากับ 40 โครโมโซม และกำหนดให้ $P_c = 0.6$ แล้วจำนวนการครอสโอเวอร์ในแต่ละรุ่นเท่ากับ $P_c * (popsize / 2) = 0.6 * (40 / 2) = 12$ ครั้ง (การครอสโอเวอร์ 1 ครั้งเกิดจาก 2 โครโมโซม)

ตัวอย่าง กำหนด $P_c = 0.5$ โครโมโซม พ่อ-แม่ ใน mating pool จากการครอสโอเวอร์ดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ลำดับ ที่คัด เลือก	mating pool	คู่จับคู่ พ่อ-แม่	เลขคู่ (r)	ก่อนครอส โอเวอร์	ตำแหน่ง pos	หลังครอส โอเวอร์	x	F	ลำดับ โครโมโซม ลูก
2	111001	1,2	0.321	101 110	3	101 001	41	3362	1
4	110011		≤ 0.5	111 001		111 110	62	7688	2
2	111001	2,4	0.654	ไม่ครอสโอเวอร์		111001	57	6498	3
1	101110		≤ 0.5			110011	51	5202	4
รวม							22750		
ค่าเฉลี่ย							5688		
ค่าสูงสุด							7688		

จากการจับคู่ใน mating pool ได้ โครโมโซมลำดับที่ 1 คู่กับโครโมโซมลำดับที่ 2 และลำดับที่ 1 คู่กับลำดับที่ 4 แต่เฉพาะ โครโมโซม คู่แรกที่มี การครอสโอเวอร์ เพราะค่า $r \leq 0.5$ โดยตำแหน่งที่มีการครอสโอเวอร์คือ $pos = 3$ หลังจากการครอสโอเวอร์มีค่าความเหมาะสมดีกว่าโครโมโซมพ่อ-แม่ทั้งหมด คือ 7688 ซึ่งแสดงให้เห็นว่าการจำลองกระบวนการครอสโอเวอร์ตามธรรมชาติช่วยสร้างคำตอบที่ดีขึ้นได้

การมิวเตชัน เป็นการดำเนินการผ่าเหล่าตัวหนึ่งที่ทำให้โครโมโซม มีค่าความเหมาะสมดีขึ้น หลังการครอสโอเวอร์ โดยกลับค่าบิตที่สุ่มได้ตามอัตราความน่าจะเป็นของการมิวเตชัน (Probability of Mutation : P_m) ที่กำหนด เช่น

ก่อนการมิวเตชัน $c_1, c_2, c_3, \dots, c_{pos}, \dots, c_{lchrom}$

สำหรับ การมิวเตชัน ของ SGA เป็นแบบไบนารีมิวเตชัน คือการกลับค่าคอมพลีเมนต์จาก 0 เป็น 1 ดังนั้นจะได้โครโมโซมใหม่คือ

หลังการมิวเตชัน $c_1, c_2, c_3, \dots, c'_{pos}, \dots, c_{lchrom}$

จำนวน การมิวเตชัน ในแต่ละรุ่นขึ้นอยู่กับค่า P_m ซึ่งแตกต่างกันในแต่ละปัญหา เช่น ถ้าจำนวนประชากรในแต่ละรุ่น popsize เท่ากับ 40 โครโมโซม แต่ละโครโมโซมประกอบด้วย 6 บิต

และ กำหนดให้ $P_m = 0.02$ แล้ว จำนวนการมิวเตชันเท่ากับ $P_m * \text{popsize} * \text{lchrom} = 0.02 * 40 * 6 = 5$ บิต

ตัวอย่าง กำหนด $P_m = 0.1$ การดำเนินการมิวเตชันโครโมโซมลูกที่ได้จากการครอสโอเวอร์ดังนี้

ลำดับ	ก่อน มิวเตชัน	เลขสุ่ม	หลัง มิวเตชัน	x	F
1	101001	0.896, 0.254, 0.753, 0.062 , 0.351, 0.684	101101	45	4050
2	111110	0.984, 0.421, 0.564, 0.241, 0.958, 0.547	111110	62	7688
3	111001	0.552, 0.637, 0.258, 0.491, 0.746, 0.029	111000	56	6272
4	110011	0.951, 0.874, 0.464, 0.829, 0.648, 0.214	110011	51	5202
รวม					23212
ค่าเฉลี่ย					5803
ค่าสูงสุด					7688

จากการสุ่มตำแหน่งที่จะมีการมิวเตชัน โดยสร้างเลขสุ่ม r ของแต่ละบิตโครโมโซมแล้ว ตำแหน่งที่ 3 ของโครโมโซมที่ 1 และตำแหน่งที่ 4 ของโครโมโซมที่ 3 เป็นตำแหน่งที่ค่า $r \leq 0.1$ ตามอัตราการมิวเตชัน ทำให้ค่าความเหมาะสมจาก 3362 และ 6498 เป็น 4050 และ 6272 ตามลำดับ จะเห็นได้ว่าการมิวเตชันเป็นตัวดำเนินการที่ทำให้เกิดค่าความเหมาะสมสูงขึ้นหรือต่ำลงก็ได้ แต่อย่างไรก็ตามค่าเฉลี่ยของความเหมาะสมดีขึ้นจาก 5688 เป็น 5803 แสดงถึงการหาค่าตอบของ จีเนติกอัลกอริทึมแบบง่ายดีขึ้น

5. ประชากรรุ่นใหม่ เป็นชุดโครโมโซมลูกที่เกิดจากการวิวัฒนาการต่าง ๆ ทั้งหมด ซึ่ง ประชากรรุ่นใหม่ที่เกิดขึ้นจะถูกถ่ายทอดกลายเป็นประชากรรุ่นเก่าสำหรับวิวัฒนาการในรุ่นต่อไป ซึ่งเรียกวิวัฒนาการแบบนี้ว่า การรีโพรดักชัน (Reproduction) กระบวนการต่าง ๆ จะถูกปฏิบัติซ้ำ ๆ จนกระทั่งถึงรุ่นที่มากที่สุด (Max generation : maxgen) ที่ต้องการ

จะเห็นได้ว่าจีเนติกอัลกอริทึมเป็นวิวัฒนาการทางธรรมชาติที่นำมาประยุกต์ใช้กับปัญหาต่าง ๆ ซึ่งมีการทำงานเบื้องต้นเป็นจีเนติกอัลกอริทึมแบบง่าย โดยมีโครโมโซมเป็นแบบไบนารีและมีตัวดำเนินการทาง พันธุศาสตร์ คือ การครอสโอเวอร์ และการมิวเตชัน จะเห็นว่าค่าความเหมาะสมของจีเนติกอัลกอริทึมแบบง่าย มีค่าสูงขึ้นและลดลงได้ด้วยวิธีการสุ่ม เพื่อช่วยให้จีเนติกอัลกอริทึมสามารถหาค่าตอบที่ดีที่สุดได้โดยปรับปรุงการทำงานของจีเนติกอัลกอริทึม ดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

1. รีโพรคชันแบบรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี เนื่องจากการค้นหาคำตอบของจีเนติกอัลกอริทึมแบบง่าย นั้นมีโอกาสที่จะสูญเสียโครโมโซมในรุ่นเก่าที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีไปได้ ซึ่งจะทำให้คำตอบในรุ่นถัดไปมีค่าความเหมาะสมดึกขึ้นหรือน้อยลงได้ ดังนั้นหากปรับปรุงจีเนติกอัลกอริทึมแบบง่ายให้ควบคุมการหาคำตอบโดยรักษาโครโมโซมที่ดีไว้แล้วจะช่วยให้วิวัฒนาการในการหาคำตอบในรุ่นถัดไปดีขึ้นเรื่อย ๆ โดยมีวิธีการดังนี้[1]

- กำหนดจำนวนโครโมโซมที่ดีที่สุด (# best) ของรุ่นเก่าที่ต้องการรักษาเป็น 1, 2, 4, ...
- ถ้าจำนวนโครโมโซมที่กำหนดเป็น 1 ให้สร้างชุดโครโมโซมรุ่นใหม่ทั้งหมด แล้วจึงคัดลอก (copy) โครโมโซมที่ดีที่สุดของรุ่นเก่า มาแทนที่โครโมโซมรุ่นใหม่ที่มีค่าความเหมาะสมน้อยที่สุด

- ถ้าจำนวนโครโมโซมที่กำหนดเป็น 2, 4, ... ให้คัดลอกโครโมโซมที่ดีที่สุดในรุ่นเก่าตามจำนวนที่กำหนดมาเป็นโครโมโซมรุ่นใหม่ แล้วจึงสร้างโครโมโซมรุ่นใหม่ส่วนที่เหลือต่อไป

ดงรูปที่ 2.6 แสดงวิธีการรีโพรคชันแบบรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี 1 โครโมโซม และรูปที่ 2.7 แสดงวิธีการรีโพรคชันแบบรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี 2 โครโมโซม

2. การครอสโอเวอร์แบบ 2 จุด การแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซมพ่อ-แม่นั้น บางครั้งหากแลกเปลี่ยนเพียงบางช่วงของโครโมโซมแล้วจะสร้างโครโมโซมที่ดีกว่าเช่น การหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน $y = 2x^2$ ของคู่โครโมโซมพ่อ-แม่ 101110 และ 111001 ซึ่งมีค่าความเหมาะสมเป็น 4232 และ 6498 หากแลกเปลี่ยนค่าบิตตำแหน่งที่ 4 และ 5 เท่านั้น จะทำให้เกิดโครโมโซมลูกคือ 101000 และ 111111 มีค่าความเหมาะสมเป็น 3200 และ 7938 ซึ่งโครโมโซม 111111 เป็นโครโมโซมที่ให้คำตอบที่ดีที่สุดที่ต้องการ ดังนั้นการพัฒนาตัวดำเนินการครอสโอเวอร์เป็นแบบ 2 จุด (Two-point Crossover) จะทำให้จีเนติกอัลกอริทึมแบบง่ายค้นหาคำตอบที่ดีขึ้นได้ ดงรูปที่ 2.8 มีวิธีการดังนี้

- สุ่มเลือกตำแหน่ง pos_1, pos_2 คือตำแหน่งเริ่มต้นและตำแหน่งสุดท้ายที่จะครอสโอเวอร์ตามลำดับ ซึ่ง pos_1 มีค่าอยู่ระหว่าง $[1, lchrom-1]$ และ pos_2 มีค่าอยู่ระหว่าง $[1, lchrom]$ โดยที่ pos_1 น้อยกว่า pos_2

- แลกเปลี่ยนค่าในแต่ละบิตของคู่โครโมโซมพ่อ-แม่ ตั้งแต่ตำแหน่งที่ pos_1+1 ถึง pos_2

ลำดับ โครโมโซม ค่าความ จำนวนที่
รุ่นเก่า เหมาะสม สุ่มได้

โครโมโซม ค่าความ
รุ่นใหม่ เหมาะสม

1. สร้างโครโมโซมรุ่นใหม่ทั้งหมด

	โครอสโอเวอร์			มิวเตชัน		ค่าความเหมาะสม		
	pos			pos				
1	101110	4232	1	101110	101001	3362		
2	111001	6498	2	111001	111110	5408	110100	5408
3	101000	3200	0	110011	111001	4802	110001	4802
4	110011	5202	1	111001	110011	5202	110011	5202
2. คัดลอกโครโมโซมรุ่นเก่าลำดับที่ 2							111001	6498

รูปที่ 2.6 การรีโพรดักชันรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี 1 โครโมโซม

ลำดับ โครโมโซม ค่าความ จำนวนที่
รุ่นเก่า เหมาะสม สุ่มได้

โครโมโซม ค่าความ
รุ่นใหม่ เหมาะสม

1. สร้างโครโมโซมรุ่นเก่าลำดับที่ 2 และ 4

	โครอสโอเวอร์			มิวเตชัน		ค่าความเหมาะสม		
	pos			pos				
1	101110	4232	1					
2	111001	6498	2					
3	101000	3200	0	101110	101001	3362	101001	3362
4	110011	5202	1	111001	111110	5408	110100	5408

2. สร้างโครโมโซมรุ่นใหม่ทั้งหมด

รูปที่ 2.7 การรีโพรดักชันรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี 2 โครโมโซม

คูโครโมโซมพ่อ-แม่	$d_1 d_2 d_3 \dots d_{pos_1} d_{pos_1+1} \dots d_{pos_2} d_{pos_2+1} \dots d_{lchrom}$
	$m_1 m_2 m_3 \dots m_{pos_1} m_{pos_1+1} \dots m_{pos_2} m_{pos_2+1} \dots m_{lchrom}$
คูโครโมโซมลูก	$d_1 d_2 d_3 \dots d_{pos_1} m_{pos_1+1} \dots m_{pos_2} d_{pos_2+1} \dots d_{lchrom}$
	$m_1 m_2 m_3 \dots m_{pos_1} d_{pos_1+1} \dots d_{pos_2} m_{pos_2+1} \dots m_{lchrom}$

(pos_1, pos_2 คือตำแหน่งที่สุ่มได้ซึ่ง $pos_1 \in [1, lchrom-1], pos_2 \in [1, lchrom]$ และ $pos_1 \neq pos_2$)

รูปที่ 2.8 การครอสโอเวอร์แบบ 2 จุด

3. ไบนารีมิวเตชันแบบกำหนดค่าบิต เนื่องจากการหาคำตอบของจีเนติกอัลกอริทึมแบบง่ายนั้น กระบวนการไบนารีมิวเตชันอาจทำให้โครโมโซมที่เปลี่ยนแปลงไปให้คำตอบที่ลดลงและทำให้สูญเสียโครโมโซมที่ดีไป เช่น โครโมโซม 111110 มีค่าความเหมาะสมเป็น 7688 หากสุ่มได้บิตตำแหน่งที่ 1 เกิดมิวเตชันแล้ว โครโมโซมที่เกิดขึ้นจากการมิวเตชันคือ 011110 ทำให้มีค่าความเหมาะสมลดลงเป็น 1800 แต่ในบางครั้งข้อดีหรือจุดเด่นของปัญหาจะสามารถนำมาปรับให้เข้ากับการค้นหาคำตอบที่ดีขึ้นได้ สำหรับการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน $y = 2x^2$ นี้ค่าบิตของโครโมโซมที่เป็น 1 จะทำให้ค่าความเหมาะสมสูงขึ้นเสมอ ดังนั้นหากปรับรูปร่างไบนารีมิวเตชันให้เป็นแบบกำหนดค่าแน่นอนให้กับบิตที่เกิดมิวเตชัน โดยกำหนดให้บิตที่เกิดมิวเตชันมีค่าบิตเป็น 1 เสมอจะช่วยปรับแนวทางการค้นหาคำตอบของจีเนติกอัลกอริทึมแบบง่ายดีขึ้น เช่น หากประยุกต์ไบนารีมิวเตชันที่กำหนดค่าบิตให้เป็น 1 เสมอกับโครโมโซม 111110 ในตำแหน่งที่ 1 แล้วโครโมโซมที่เกิดขึ้นจะเหมือนเดิม และยังเป็นการรักษาโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีไว้ด้วย

4. อินเวอร์ชัน (Inversion) เป็นตัวดำเนินการที่ประยุกต์เพิ่มเติมในจีเนติกอัลกอริทึมแบบง่าย โดยจำลองแบบลักษณะของการอินเวอร์ชันในทางพันธุศาสตร์ ที่เป็นลักษณะของการกลับหัวกลับหางส่วนของยีนส์ภายในโครโมโซมที่อาจช่วยให้เกิดโครโมโซมที่ดีขึ้นได้ โดยการกลับส่วนค่าบิตภายในช่วงตำแหน่งของโครโมโซมที่สุ่มได้ตามอัตราค่าความน่าจะเป็นของการอินเวอร์ชันแต่ละโครโมโซม (Probability of Inversion : P_i) ที่กำหนด ดังรูปที่ 2.9 มีขั้นตอนดังนี้ [1]

- สุ่มเลือกตำแหน่ง pos_1, pos_2 คือตำแหน่งเริ่มต้นและตำแหน่งสุดท้ายที่จะอินเวอร์ชันตามลำดับ ซึ่ง pos_1 และ pos_2 มีค่าอยู่ในช่วง $[1, lchrom]$ โดยที่ pos_1 มีค่าน้อยกว่า pos_2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- กลับค่าบิตในช่วงของตำแหน่งที่ pos_1 ถึง pos_2 ของโครโมโซม โดยสลับค่าบิต pos_1 กับ pos_2 , pos_1+1 กับ pos_2-1 , pos_1+2 กับ pos_2-2 ,...

ก่อนอินเวอร์ชัน	$c_1 c_2 c_3 \dots c_{pos_1} c_{pos_1+1} \dots c_{pos_2-1} c_{pos_2} \dots c_{lchrom}$
หลังอินเวอร์ชัน	$c_1 c_2 c_3 \dots c_{pos_2} c_{pos_2-1} \dots c_{pos_1+1} c_{pos_1} \dots c_{lchrom}$

(pos_1, pos_2 คือตำแหน่งที่สุ่มได้ซึ่ง $pos_1, pos_2 \in [1, lchrom]$ และ $pos_1 \neq pos_2$)

รูปที่ 2.9 การอินเวอร์ชัน

เช่น สุ่มโครโมโซมที่จะอินเวอร์ชันคือ 101010 มีความเหมาะสมเป็น 3528 โดยสุ่มตำแหน่ง pos_1 เท่ากับ 2 และ pos_2 เท่ากับ 5 แล้ว จะเห็นว่าการอินเวอร์ชันทำให้เกิดโครโมโซม 110100 ซึ่งมีค่าความเหมาะสมดีขึ้นเป็น 5408 เป็นต้น สำหรับจำนวนการอินเวอร์ชันในแต่ละรุ่นขึ้นอยู่กับข้อกำหนดค่า P_i ซึ่งแตกต่างกันในแต่ละปัญหา เช่น ถ้าจำนวนประชากรแต่ละรุ่น popsize เท่ากับ 40 โครโมโซม และกำหนดให้ $P_i = 0.1$ แล้ว จำนวนการอินเวอร์ชันในแต่ละรุ่นเท่ากับ $P_i * popsize = 0.1 * 40 = 4$ ครั้ง

จะเห็นว่าจีเนติกอัลกอริทึม เป็นการเลียนแบบการวิวัฒนาการทางธรรมชาติที่สามารถนำมาประยุกต์ใช้กับคอมพิวเตอร์ เพื่อช่วยแก้ปัญหาในการหาคำตอบต่าง ๆ ซึ่งมีพื้นฐานการทำงานเบื้องต้นเป็นจีเนติกอัลกอริทึมแบบง่าย โดยมีรูปแบบโครโมโซมเป็นไบนารี และตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์ที่สำคัญคือ การครอสโอเวอร์ และการมิวเตชันที่ไม่ซับซ้อน แต่สามารถปรับปรุงให้เข้ากับปัญหา เพื่อช่วยให้จีเนติกอัลกอริทึมมีการค้นหาคำตอบที่ดีขึ้นได้

บทที่ 3

จินตคณิตที่เกี่ยวกับปัญหาประเภทต่าง ๆ

จินตคณิตที่เป็นการค้นหาคำตอบที่เลียนแบบกระบวนการทางธรรมชาติ ดังนั้นจะต้องมีการปรับรูปแบบการนำเสนอปัญหาและขั้นตอนต่าง ๆ ที่แตกต่างกัน ขึ้นอยู่กับลักษณะของแต่ละปัญหา ตัวอย่างการประยุกต์ใช้จินตคณิตที่เกี่ยวกับปัญหาประเภทต่าง ๆ ที่จะกล่าวถึงคือ ปัญหาการทายคำ ปัญหาทาวเวอร์ออฟฮานอย ปัญหาการหาเส้นทางที่สั้นที่สุด เพื่อเป็นแนวทางในการประยุกต์ใช้กับปัญหาอื่น ๆ ต่อไป

3.1 ปัญหาการทายคำ

ปัญหาการทายคำ (Word Guessing Problem) [8] เป็นการเล่นเกมสัททายคำตัวอักษร เช่น การทายคำศัพท์ที่มีเงื่อนไขเป็นจำนวนครั้งในการทาย และตรวจสอบตัวอักษรทุกตัวในคำนั้นจะต้องถูกต้องตามคำศัพท์ที่ต้องการ

3.1.1 โครโมโซมของปัญหาทายคำ

ลักษณะโครโมโซมของปัญหาทายคำประกอบด้วยบิตที่เป็นตัวอักษร (Charactor) ภายในคำที่ต้องการคำตอบ ดังนั้นรูปแบบโครโมโซมของปัญหาทายคำจึงเป็นการกำหนดรหัสค่าบิตของตัวอักษรแทนด้วยตัวเลขดังตารางที่ 3.1 คือ อักษร a ถึง z มีค่าอยู่ในช่วง 1 ถึง 26 และตัวอักษร A ถึง Z มีค่าอยู่ในช่วง 27 ถึง 52 และจำนวนบิตทั้งหมดของโครโมโซมจะเท่ากับจำนวนตัวอักษรทั้งหมด (Charactor_n) ของคำที่ต้องการหาคำตอบ

ตารางที่ 3.1 การกำหนดค่าบิตของโครโมโซมปัญหาทายคำ

ค่าบิต	ตัวอักษร	ค่าบิต	ตัวอักษร
1	a	27	A
2	b	28	B
⋮	⋮	⋮	⋮
26	z	52	Z

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ซึ่งลักษณะโครโมโซมของปัญหาทายคำ คือ

character ₁	character ₂	character ₃	character ₄	character _{n=5}
H	O	U	S	E

แสดงในรูปสัญลักษณ์ได้ดังนี้

$$B_1 B_2 B_3 \dots B_n \quad \text{ซึ่ง} \quad B_i \in I[1, 52]$$

3.1.2 ฟังก์ชันเป้าหมายของปัญหาทายคำ

ฟังก์ชันเป้าหมายของปัญหาทายคำเป็นฟังก์ชันตรวจสอบความถูกต้องของแต่ละตัวอักษรของคำที่ต้องการ โดยไม่คำนึงถึงตัวพิมพ์เล็ก (lowercase) หรือตัวพิมพ์ใหญ่ (uppercase) ดังสมการที่ 3.1

$$f = \sum_{i=1}^n \text{correct}(\text{character}_i) \quad (3.1)$$

โดยที่ n = จำนวนตัวอักษรทั้งหมด

$$\begin{aligned} \text{correct}(x) &= 1 \text{ ถ้า } \text{uppercase}(x) \text{ หรือ } \text{lowercase}(x) \text{ ถูกต้อง} \\ &= 0 \text{ ถ้า } \text{uppercase}(x) \text{ หรือ } \text{lowercase}(x) \text{ ไม่ถูกต้อง} \end{aligned}$$

ดังนั้น คำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาทายคำคือ คำที่มีอักษรถูกต้องทั้งหมด $\text{MAX}(f)$

3.1.3 ตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์สำหรับปัญหาทายคำ

การครอสโอเวอร์แบบหลายจุด (Multiple-point Crossover) โดยกำหนดจำนวนจุดในการแลกเปลี่ยนส่วน (Crossover point : CP) เช่น ถ้า $CP = 2$ นั่นคือ การครอสโอเวอร์แบบ 2 จุด มีขั้นตอนดังนี้

1. สุ่มตำแหน่ง pos_i ซึ่ง $i = 1, 2, \dots, CP$ คือ ตำแหน่งที่จะครอสโอเวอร์ ซึ่ง pos_i มีค่าอยู่ในช่วง $[1, \text{chrom}-1]$
2. แลกเปลี่ยนค่าแต่ละบิตของโครโมโซมพ่อ-แม่ ในแต่ละช่วงของตำแหน่งเหล่านั้น ซึ่งจะทำให้เกิดโครโมโซมลูก 2 โครโมโซม ดังรูปที่ 3.1

คู่โครโมโซมพ่อ-แม่

$$d_1 \ d_2 \ \dots \ d_{pos1} \ d_{pos1+1} \ \dots \ d_{pos2} \ d_{pos2+1} \ \dots \ d_{poscp} \ d_{poscp+1} \ \dots \ d_{lchrom}$$

$$m_1 \ m_2 \ \dots \ m_{pos1} \ m_{pos1+1} \ \dots \ m_{pos2} \ m_{pos2+1} \ \dots \ m_{poscp} \ m_{poscp+1} \ \dots \ m_{lchrom}$$

คู่โครโมโซมลูก

$$d_1 \ d_2 \ \dots \ d_{pos1} \ m_{pos1+1} \ \dots \ m_{pos2} \ d_{pos2+1} \ \dots \ d_{poscp} \ m_{poscp+1} \ \dots \ m_{lchrom}$$

$$m_1 \ m_2 \ \dots \ m_{pos1} \ d_{pos1+1} \ \dots \ d_{pos2} \ m_{pos2+1} \ \dots \ m_{poscp} \ d_{poscp+1} \ \dots \ d_{lchrom}$$

(pos_i คือ ตำแหน่งที่สุ่มได้ ซึ่ง $pos_i \in [1, lchrom-1]$ และ $pos_i \neq pos_j$ ถ้า $i \neq j$)

รูปที่ 3.1 การครอสโอเวอร์แบบหลายจุด

มิวเตชันแบบตัวเลข (Integer Mutation) โดยการก่บค่าบิตเดิมเป็นค่าใหม่ที่สามารถเป็นไปได้อิงตำแหน่งบิตนั้น เช่น ถ้าบิตเดิมที่จะทำการมิวเตชันเป็น 1 ให้กลับค่าเป็น 2 หรือ 3 โดยวิธีการสุ่ม

3.1.4 ผลลัพธ์ของจีเนติกอัลกอริทึมสำหรับปัญหาหาค่า

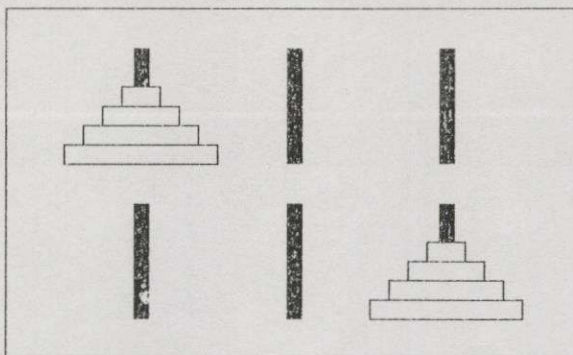
ผลการทำงานของจีเนติกอัลกอริทึมในปัญหาหาค่าโดยทดสอบให้หาค่าว่า 'GENETIC algorithm' และกำหนด $popsize = 10$, $P_c = 0.3$ มี จำนวนตำแหน่งในการครอสโอเวอร์เป็น 4 ตำแหน่ง $P_m = 0.1$ $P_i = 0.2$ และรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี 1 โครโมโซมแล้วจีเนติกอัลกอริทึมสามารถหาค่าได้ถูกต้องในรุ่นที่ 715 เป็น 'gNeTICalGorlThm' และ สรุปผลการหาค่าของจีเนติกอัลกอริทึมดังรูปที่ 3.2

GA Parameters				
Chromosome length	(lchrom)	=	16	
Population size	(popsize)	=	10	
Prob. of cross over	(pcrosss)	=	0.3	
Prob. of mutation	(pmutate)	=	0.1	
Prob. of inversion	(pinverse)	=	0.2	
#Point of crossover	(ptcrs)	=	4	
#best	(elitist)	=	1	
gen	word	best	avg	worst
0	OesrKvnrJEqcOdcQ	1.0000	0.5000	0.0000
50	jeUetrCkLGoFdBTq	7.0000	4.8000	2.0000
100	jEUeTwCALGorMITq	9.0000	5.9000	2.0000
150	jEEeTICALGorMITt	10.0000	5.5000	3.0000
200	qENeTICALGoOIMGd	11.0000	5.7000	2.0000
250	qENeTICALGoCIMTT	12.0000	7.8000	2.0000
300	qENeTICALGoxIFST	12.0000	4.5000	2.0000
350	qENeTICALGoxIFFT	12.0000	6.3000	3.0000
400	qENeTICALGoxIvIG	12.0000	7.7000	5.0000
450	qENeTICALGoxIvIG	12.0000	5.6000	3.0000
500	qENeTICALGoxIvIG	12.0000	9.5000	7.0000
550	qENeTICALGorITYG	14.0000	6.7000	3.0000
600	qENeTICALGorITYG	14.0000	8.6000	4.0000
650	qENeTICALGorITYG	14.0000	9.1000	7.0000
700	qENeTICALGorITYL	14.0000	7.9000	3.0000
715	qENeTICALGorIThm	16.0000	11.1000	7.0000

รูปที่ 3.2 ผลการทำงานโดยสรุปของปัญหาหาคำ

3.2 ปัญหาทาวเวอร์ออฟฮานอย

ปัญหาทาวเวอร์ออฟฮานอย (Tower of Hanoi Problem : THP) [7] เป็นการเล่นเกมชนิดหนึ่งซึ่งประกอบด้วยแกนหลัก 3 แกนบนกระดาน และกลุ่มของวงแหวนกลมขนาดต่างกัน โดยวงแหวนทั้งหมดถูกวางอยู่ในแกนหลักเริ่มต้นจากขนาดเล็กถึงขนาดใหญ่โดยลำดับจากบนลงล่าง วิธีการเล่นเกมนี้โดยการเคลื่อนย้าย (step) วงแหวนทั้งหมดไปยังแกนเป้าหมายที่ต้องการ ซึ่งการเรียงลำดับของวงแหวนคงเหมือนเดิมดังรูปที่ 3.3 โดยเงื่อนไขในการเคลื่อนย้ายแต่ละครั้งคือ เคลื่อนย้ายครั้งละ 1 วงแหวนและวงแหวนที่มีขนาดใหญ่กว่าห้ามวางบนวงแหวนที่มีขนาดเล็กกว่า การเล่นที่ดีที่สุดคือจำนวนครั้งในการเคลื่อนย้ายวงแหวนตามเงื่อนไขน้อยที่สุด ซึ่งสำหรับวงแหวนจำนวน r วงแหวน จำนวนการเคลื่อนย้ายที่น้อยที่สุดเท่ากับ $2^r - 1$ ครั้ง วิธีการแก้ปัญหา THP โดยวิธีรีเคอร์ซีฟมีอัลกอริทึม ดังรูปที่ 3.4 อัลกอริทึมนี้เป็นอีกวิธีการหนึ่งที่น่าเสนอเพื่อใช้ทดสอบในการแก้ปัญหานี้



รูปที่ 3.3 ภาพปัญหาทาวเวอร์ออฟฮานอย

```

Tower (n, source, target)
Begin
  If n = 1 then
    Move (n, source, target)
  Else
    Tower (n-1, source, spare)
    Move (n, source, target)
    Tower (n-1, spare, source)
  End

```

รูปที่ 3.4 รีเคอร์ซีฟอัลกอริทึมของทาวเวอร์ออฟฮานอย

3.2.1 โครโมโซมของ THP

ลักษณะโครโมโซมของ THP ประกอบด้วยบิตที่แสดงถึงวิธีการเคลื่อนย้ายวงแหวนแต่ละครั้งดังแสดงในตารางที่ 3.2 โดยพิจารณาจากขนาดของวงแหวนบนสุดของแต่ละแกนคือ ขนาดใหญ่ (max:M) ขนาดกลาง (median:=) และขนาดเล็ก (min:m) หากแกนใดไม่มีวงแหวนเลยให้ถือเป็นแกนที่มีวงแหวนขนาดใหญ่ที่สุด ซึ่งแสดงตัวอย่างการเคลื่อนย้ายวงแหวนจำนวน 4 วงแหวนของโครโมโซม 1323 โดยใช้สัญลักษณ์ตัวเลข 1 ถึง 4 แทนขนาดของวงแหวน ดังรูปที่ 3.5

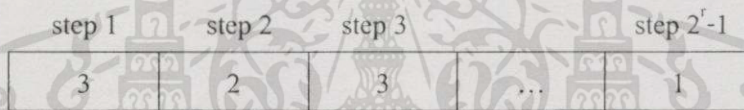
ตารางที่ 3.2 การกำหนดค่าบิตของโครโมโซม THP

ค่าบิต	(From , To)	ความหมาย
1	(m , M)	ย้ายวงแหวนขนาดเล็กไปบนวงแหวนขนาดใหญ่
2	(m , =)	ย้ายวงแหวนขนาดเล็กไปบนวงแหวนขนาดกลาง
3	(= , M)	ย้ายวงแหวนขนาดกลางไปบนวงแหวนขนาดใหญ่

	1					
	2	2				
	3	3	3	3	1	1
แผนการเคลื่อนย้าย	4	4 1	4 1 2	4 2	4 3 2	
ขนาดวงแหวนบนสุด	m M M	= m M	M m =	= M m	M = m	
โครโมโซม	start	1 (m,M)	3 (=,M)	2 (m,=)	3 (=,M)	

รูปที่ 3.5 การเคลื่อนย้ายวงแหวนของโครโมโซม THP (1323)

ดังนั้นจำนวนบิตของโครโมโซมของ THP เท่ากับ $2^r - 1$ และลักษณะโครโมโซมของ THP คือ



ซึ่งแสดงในรูปของสัญลักษณ์ได้ดังนี้

$$B_1 B_2 B_3 \dots B_{2^r-1} \quad \text{เมื่อ } B_i \in I[1, 3]$$

3.2.2 ฟังก์ชันเป้าหมายของ THP

ฟังก์ชันเป้าหมายของ THP เป็นฟังก์ชันวัดค่าของแผนการ โดยพิจารณาผลลัพธ์จำนวนวงแหวนและขนาดของวงแหวนที่อยู่ในแกนเป้าหมาย รวมถึงพิจารณารูปแบบหลังการเคลื่อนย้ายแต่ละครั้งไม่ควรจะซ้ำกัน ดังสมการที่ 3.2 เป็นฟังก์ชันเป้าหมายซึ่งเจาะจงแกนเป้าหมายที่ต้องการคือแกน p

$$f = 1 + r_p + \dim(p) + \sum_{s=1}^{2^r-1} \text{notred} \left(\sum_{i=1}^{2^r-1} \text{dup}(\text{patt}[s], \text{patt}[i]) \right) \quad (3.2)$$

- โดยที่ p = แกนเป้าหมายที่ต้องการ
- r = จำนวนวงแหวนทั้งหมด
- r_p = จำนวนวงแหวนที่อยู่ในแกน p

$$\dim(x) = \sum_{i=1}^r i \cdot d_i \quad \text{ซึ่ง } d_i = \text{ขนาดของวงแหวนลำดับที่ } i \text{ ในแกน } x$$

s = ลำดับที่เคลื่อนย้าย

$\text{Patt}(x)$ = รูปแบบหลังการเคลื่อนย้ายลำดับที่ x

$\text{dup}(\text{Patt}[x1], \text{Patt}[x2]) = 1$ ถ้า $\text{Patt}[x1] = \text{Patt}[x2]$

0 ถ้า $\text{Patt}[x1] \neq \text{Patt}[x2]$

$\text{notred}(x) = 1$ ถ้า $x = 1$

0 ถ้า $x \neq 0$

ดังนั้นคำตอบที่ดีที่สุดของ THP คือ แผนการเคลื่อนย้ายวงแหวนที่มีค่าฟังก์ชันเป้าหมายสูงสุด $\text{MAX}(f)$

3.2.3 ตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์สำหรับ THP

ตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์สำหรับ THP ประกอบด้วย การครอสโอเวอร์แบบหลายจุด การมิวเตชันแบบตัวเลข และการอินเวอร์ชัน ตามที่กล่าวมาแล้ว

3.2.4 ผลลัพธ์ของจีเนติกอัลกอริทึมสำหรับ THP

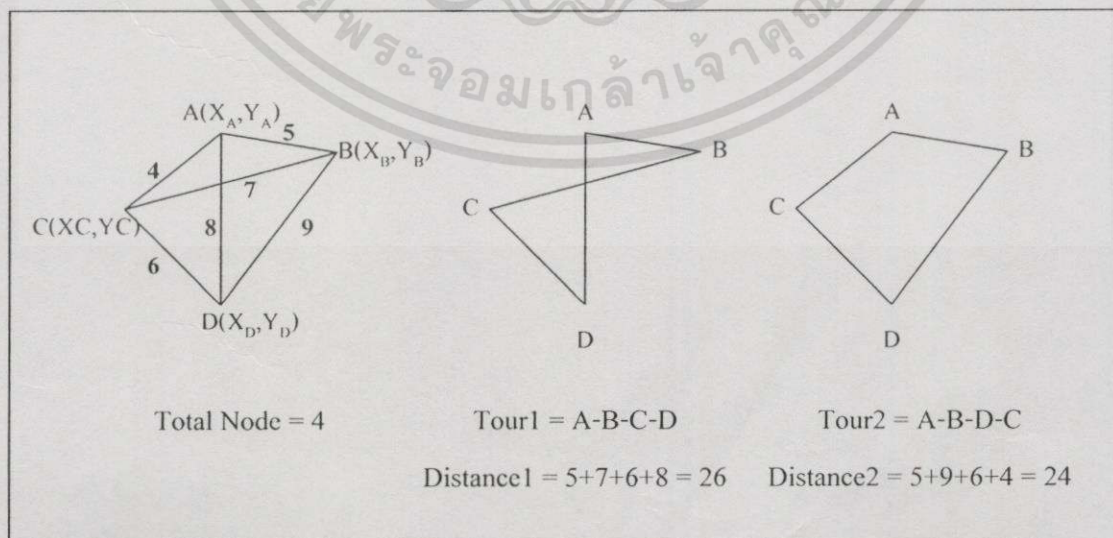
ผลการทำงานของจีเนติกอัลกอริทึมในการแก้ปัญหา THP โดยทดสอบกับวงแหวนจำนวน 4 วง ซึ่งค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดคือ 50 ที่กำหนด $\text{popsize} = 40$ ครอสโอเวอร์แบบ 1 จุด $P_c = 0.6$ $P_m = 0.03$, $P_i = 0.8$ และรักษาค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุด 1 โครโมโซม แล้วจีเนติกอัลกอริทึมสามารถหาแผนการเคลื่อนย้ายวงแหวนได้ในรุ่นที่ 142 ซึ่งแสดงผลคำตอบโดยสรุปดังรูปที่ 3.6

Tower of Hanoi Parameters			
RING	(ring)	=	4
BEST FITNESS	(bestfit)	=	50
GA Parameters			
Chromosome length	(lchrom)	=	15
Population size	(popsize)	=	40
Prob. of cross over	(pcrosss)	=	0.6
Prob. of mutation	(pmutate)	=	0.03
Prob. of inversion	(pinverse)	=	0.8
#Point of crossover	(ptcrs)	=	1
#best	(elitist)	=	1
gen	best	avg	worst
0	24.0000	11.0750	3.0000
20	41.0000	15.0250	5.0000
40	41.0000	16.2000	7.0000
60	41.0000	14.7000	4.0000
80	48.0000	20.7750	6.0000
100	48.0000	16.2750	5.0000
120	48.0000	19.0750	4.0000
140	48.0000	21.2750	3.0000
142	50.0000	18.3000	3.0000

รูปที่ 3.6 ผลการทำงาน โดยสรุปของปัญหาทาวเวอร์ออฟฮานอย

3.3 ปัญหาการหาเส้นทางที่ระยะทางสั้นที่สุด (TSP)

ปัญหาเส้นทางที่สั้นที่สุด (Travelling Saleman Problem : TSP) เป็นปัญหาในการหาเส้นทางการเดินทาง (tour) ที่ผ่านจุด (node) ทุกจุดและผ่านจุดละหนึ่งครั้ง โดยที่ระยะทางรวมของการเดินทาง (distance) ที่สั้นที่สุด ตัวอย่างแสดงดังรูปที่ 3.7 ซึ่ง TSP เป็นปัญหาพื้นฐานของการจัดตาราง (Schedule) เบื้องต้น ที่สามารถประยุกต์ใช้กับเทคนิคอัลกอริทึมหาคำตอบได้ [4]



รูปที่ 3.7 ภาพปัญหาการหาเส้นทางที่สั้นที่สุด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.3.1 โครโมโซมของ TSP

ลักษณะโครโมโซมของ TSP คือเส้นทางของการเดินทางที่เกิดจากการจัดลำดับจุดต่าง ๆ ในการเดินทาง คือ

$$\text{Tour} \in \text{Permutation of } (\text{node}_1, \text{node}_2, \dots, \text{node}_n)$$

ดังนั้นโครโมโซมของ TSP จึงประกอบด้วยบิตที่แสดงถึงจุดต่าง ๆ ในการเดินทางซึ่งแต่ละบิตมีความสัมพันธ์เป็นแบบลำดับ (order) นั้นหมายถึงถ้ามีจำนวนจุดทั้งหมด n จุด (เช่น $\text{node}_1 = A, \text{node}_2 = B, \dots$) การกำหนดค่าบิตแสดงดังตารางที่ 3.3

ตารางที่ 3.3 การกำหนดค่าบิตของโครโมโซม TSP

ค่าบิต	จุด
1	node ₁ (A)
2	node ₂ (B)
3	node ₃ (C)
4	node ₄ (D)
:	:
n	node _n (N)

ดังนั้นจำนวนบิตของโครโมโซม TSP เท่ากับ n และลักษณะของโครโมโซมของ TSP คือ

order 1	order 2	order 3	...	order n
Node ₂	Node ₁₀	Node ₄	...	Node ₇

ซึ่งแสดงในรูปของสัญลักษณ์ได้ดังนี้

$$B_1 B_2 B_3 \dots B_n \quad \text{ซึ่ง} \quad B_i \in I[1, n] \text{ และ } B_i \neq B_j \text{ ถ้า } i \neq j$$

ตัวอย่างโครโมโซมของเส้นทางในรูปที่ 3.7 คือ $\text{Tour}_1 = A-B-C-D$ จะมีโครโมโซมเป็น 1234 และ $\text{Tour}_2 = A-B-D-C$ จะมีโครโมโซมเป็น 1243

3.3.2 ฟังก์ชัน เป้าหมายของ TSP

ฟังก์ชันเป้าหมายของ TSP เป็นฟังก์ชันหาค่าระยะทางรวมของเส้นทางการเดินทาง ดังสมการที่ 3.3

$$f = \sum_{i=1}^n d_{B_i, B_{i+1}} \quad (3.3)$$

โดยที่ n = จำนวน node ทั้งหมด

B_i = node ในลำดับที่ i ของเส้นทาง

$d_{B_i, B_{i+1}}$ = ระยะทางระหว่าง node ในลำดับที่ i และ $i+1$ (กำหนดให้ $i+1 = 1$ ถ้า $i = n$)

ซึ่ง (x_{B_i}, y_{B_i}) คือคู่ลำดับของ node ในลำดับที่ i เท่ากับ

$$\sqrt{(x_{B_i} - x_{B_{i+1}})^2 + (y_{B_i} - y_{B_{i+1}})^2}$$

ดังนั้นคำตอบที่ดีที่สุดของ TSP คือ เส้นทางที่ระยะทางรวมสั้นที่สุดหรือเส้นทางที่มีค่าฟังก์ชันเป้าหมายต่ำสุด $\text{MIN}(f)$

3.3.3 ตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์สำหรับ TSP

เนื่องจากโครโมโซมของ TSP นั้นมีความสัมพันธ์ของบิตเป็นแบบลำดับ ซึ่งหากใช้ตัวดำเนินการแบบเดิมจะทำให้เกิดโครโมโซมใหม่ซึ่งไม่ตรงตามเงื่อนไขของปัญหา TSP เช่น หากครอสโอเวอร์แบบ 1 จุด ดังนี้

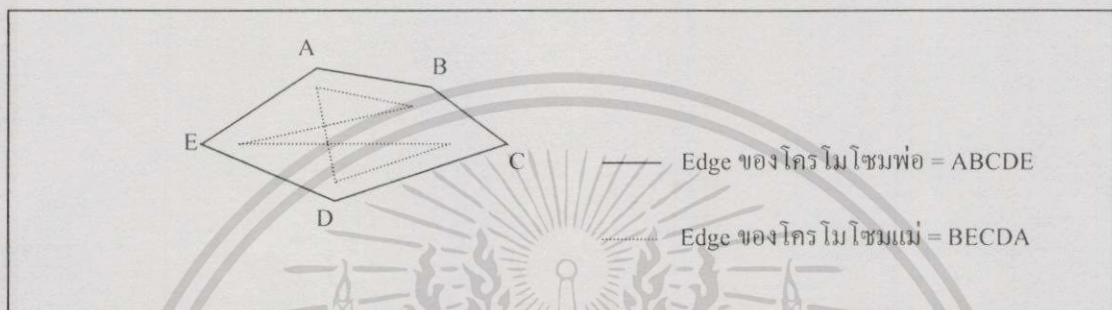
คู่โครโมโซมพ่อ-แม่	คู่โครโมโซมลูก
AB CDE	AB CDA
BE CDA	BE CDE
$\xrightarrow{\text{ครอสโอเวอร์}}$	
ตำแหน่งที่ 2	

จะเห็นว่าคู่โครโมโซมที่เกิดขึ้นใหม่นั้นไม่ตรงตามเงื่อนไขของ TSP คือเส้นทางผ่านไม่ครบทุกจุดและเดินทางผ่านบางจุดมากกว่า 1 ครั้ง ดังนั้นตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์ของ GA ที่เหมาะสมสำหรับ TSP ที่นิยมใช้คือ ครอสโอเวอร์โดยตารางเส้นเชื่อมต่อ (Edge Recombination Crossover : ER) ซึ่งแสดงรายละเอียดดังรูปที่ 3.8 มีขั้นตอนการทำงานดังนี้ [1]

- 1) สร้างตาราง edge map ซึ่งมี edge list คือกลุ่ม node ที่มีเส้นเชื่อมต่อกับ node นั้น ๆ
- 2) สร้างโครโมโซมลูกที่ 1 โดยเลือก node เริ่มต้นจาก node แรกของโครโมโซมพ่อ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- 3) ตัด node ที่ถูกเลือกจาก edge list
- 4) ณ node ที่ถูกเลือกนั้น ถ้าไม่มี edge list เหลือข้ามไปยังขั้นตอนที่ 6
- 5) เลือก node ที่ edge list น้อยที่สุด ถ้ามีมากกว่า 1 node ให้สุ่ม 1 node และกลับไปข้อ (3)
- 6) ถ้ายังมี node ที่ยังไม่ถูกเลือกเหลืออยู่ใน edge map ให้สุ่มเลือก node ที่เหลือ 1 node และกลับไปยังขั้นตอนที่ 3
- 7) สร้างโครโมโซมลูกที่ 2 โดยเลือก node เริ่มต้นจาก node แรกของโครโมโซมแม่



รายละเอียดการทำงาน	edge map	
	node	edge list
1) - สร้างตาราง edge map	A	B D E
	B	A C E
	C	B D E
	D	A C E
	E	A B C D E
2) - เลือก node เริ่มต้นของโครโมโซมพ่อ คือ node A	A	B D E
- ตัด node A ออกจาก edge list	B	C E
	C	B D E
	D	C E
	E	B C D E
3) - พิจารณาที่ node ใน edge list ของ node A คือ B, D, E	A	B E
- เลือก node ที่มีจำนวน edge list น้อยที่สุด ถ้ามีมากกว่า 1 node ให้สุ่มเลือก	B	C E
(B และ D มี edge list น้อยที่สุดเท่ากับ 2 node ดังนั้นสุ่มเลือกได้ node D)	C	B E
- ตัด node D ออกจาก edge list	D	C E
	E	B C E
4) - พิจารณาที่ node ใน edge list ของ node D คือ C และ E	A	B
- เลือก node ที่มีจำนวน edge list น้อยที่สุด ถ้ามีมากกว่า 1 node ให้สุ่มเลือก	B	C
(C และ E มี edge list เท่ากันคือ 2 node ดังนั้นสุ่มเลือกได้ node E)	C	B
- ตัด node E ออกจาก edge list	D	C
	E	B C

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- 5) - พิจารณาที่ node ใน edge list ของ node E คือ B และ C A
- เลือก node ที่มีจำนวน edge list น้อยที่สุด ถ้ามีมากกว่า 1 node ให้สุ่มเลือก B C
- (B และ C มี edge list เท่ากันคือ 1 node ดังนั้นสุ่มเลือกได้ node B) C
- ตัด node B ออกจาก edge list D C
- E C*
-
- 6) - node สุดท้ายที่ถูกเลือกคือ node C ดังนั้น โครโมโซมลูกที่ 1 คือ *ADEBC*

- 7) - ปฏิบัติตามขั้นตอนเดิมโดยเลือก node เริ่มต้นของโครโมโซมแม่ ดังนั้น โครโมโซมลูกที่ 2 คือ *BCDAE*

รูปที่ 3.8 การครอส โอเวอร์ โดยตารางเส้นเชื่อมต่อ

3.3.4 ผลลัพธ์ของจีเนติกอัลกอริทึมสำหรับ TSP

ผลการทำงานของจีเนติกอัลกอริทึมในการแก้ปัญหา TSP โดยทดสอบหาเส้นทางของ 10 node ที่กำหนด popsize = 10, $P_c = 0.8$ และรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี 1 โครโมโซม แล้ว จีเนติกอัลกอริทึมสามารถหาเส้นทางที่ระยะทางสั้นที่สุดได้ในรุ่นที่ 15 เป็นระยะทาง 4.1502 ซึ่งแสดงผลคำตอบโดยสรุปดังรูปที่ 3.9

Travelling Saleman Paramaters				
Node	(node)	= 10		
Node file	(node_file)	= city.dat		
(59, 116) (116, 19) (29, 48) (73, 66) (3, 53) (140, 28) (145, 62) (27, 26) (58, 4) (61, 101)				
GA Parameters				
Chromosome length	(lchrom)	= 10		
Maximum # of generation	(maxgen)	= 15		
Population size	(popsize)	= 20		
Prob. of cross over	(pcrosss)	= 8.000000000000000E-0001		
#best	(elitist)	= 1		
gen	best	avg	worst	
0	5.30390098975971E+0002	7.56790663234890E+0002	8.99730551766232E+0002	
1	4.84929977358319E+0002	6.93972367621027E+0002	8.30158607026562E+0002	
2	4.84929977358319E+0002	6.95957480587997E+0002	8.53523753825575E+0002	
3	4.84929977358319E+0002	7.08224266089499E+0002	7.72013068060391E+0002	
4	4.84929977358319E+0002	7.18896017929539E+0002	8.73031100286171E+0002	
5	4.84929977358319E+0002	7.05633376610465E+0002	8.73031100287102E+0002	
6	4.84929977358319E+0002	6.34017970963381E+0002	7.49051454443485E+0002	
7	4.84929977358319E+0002	5.95923082331195E+0002	6.97078940957785E+0002	
8	4.84929977358319E+0002	5.78532909277827E+0002	6.86372706613503E+0002	
9	4.84929977358319E+0002	6.11137765947729E+0002	6.97078940957785E+0002	
10	4.84929977358319E+0002	5.97892552977428E+0002	6.99962383721955E+0002	
11	4.72312513472512E+0002	6.14588098699227E+0002	7.33127622856759E+0002	
12	4.72312513472512E+0002	5.86857590126805E+0002	6.78915172507986E+0002	
13	4.15021170747001E+0002	5.84521970050409E+0002	6.78915172507986E+0002	
14	4.15021170747001E+0002	5.84952955218032E+0002	6.78915172507986E+0002	
15	4.15021170747001E+0002	5.6662835028023E+0002	6.78915172507986E+0002	

รูปที่ 3.9 ผลการทำงานโดยสรุปของปัญหาการหาระยะทางที่สั้นที่สุด

การประยุกต์ใช้จินตคณิตอรรถิทธิมในการแก้ปัญหาคณิตศาสตร์ต่าง ๆ โดยการพัฒนจินตคณิตอรรถิทธิมแบบง่ายนั้นจะประกอบด้วย การกำหนดรูปแบบโครโมโซมของปัญหาให้กับจินตคณิตอรรถิทธิม โดยการพิจารณาจากสภาพของปัญหาหรือตัวแปรต่าง ๆ ที่เป็นองค์ประกอบของปัญหา และกำหนดฟังก์ชันเป้าหมายให้กับจินตคณิตอรรถิทธิม เพื่อใช้ในการประมวลผลให้ได้แนวทางการหาคำตอบที่ดีขึ้น รวมถึงตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์ที่เหมาะสมกับกระบวนการต่าง ๆ ของจินตคณิตอรรถิทธิม ซึ่งรูปแบบของโครโมโซม ฟังก์ชันเป้าหมาย หรือ ตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์ในแต่ละปัญหาอาจจะกำหนดในรูปแบบอื่น ๆ ที่แตกต่างกันออกไปได้



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

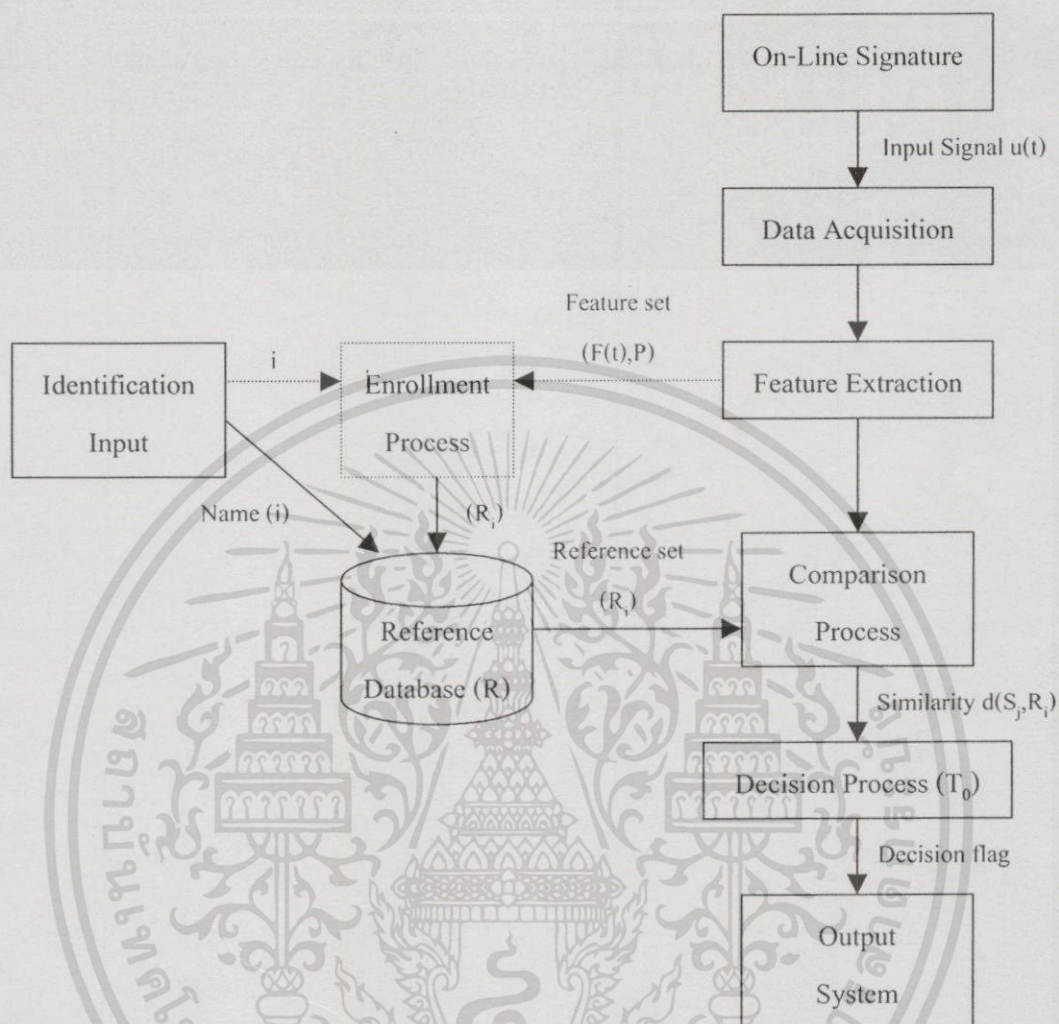
ระบบตรวจสอบลายเซ็น

ลายเซ็น เป็นสัญลักษณ์ที่ใช้ในการยืนยันความเป็นเจ้าของเอกสารต่าง ๆ ไม่ว่าจะเป็นการติดต่อกับสถาบันการเงิน หรือสถานที่ราชการต่าง ๆ การตรวจสอบลายเซ็นด้วยสายตาซึ่งต้องอาศัยความชำนาญพอสมควรเพื่อเปรียบเทียบกับลายเซ็นที่อ้างอิงไว้ บางครั้งอาจมีความผิดพลาดเกิดขึ้นได้เมื่อมีการเปรียบเทียบลายเซ็นจำนวนมาก ซึ่งปกติการเซ็นชื่อมักจะไม่คงที่เหมือนกันทุกครั้ง หรือเอกสารที่มีตัวอย่างลายเซ็นเกิดสูญหาย และลายเซ็นมีการปลอมแปลงอย่างเนบเนียนจากบุคคลอื่น ทำให้การตรวจสอบความถูกต้องทำได้ยากยิ่งขึ้น ปัจจุบันเทคโนโลยีสารสนเทศได้พัฒนาไปมาก และได้มีการนำคอมพิวเตอร์เข้ามาช่วยเพิ่มความสะดวกในการทำงาน ข้อมูลต่าง ๆ ถูกจัดเก็บลงในดิสก์มากกว่าเอกสาร ดังนั้นรูปแบบการทำงานจึงแตกต่างกันออกไป การตรวจสอบลายเซ็นที่เซ็นลงบนแผ่นกระดาษซึ่งบางครั้งก็ยากในการตรวจสอบความถูกต้อง เมื่อผู้ปลอมแปลงมีความชำนาญในการปลอมลายเซ็น สำหรับการตรวจสอบลายเซ็นแบบออนไลน์จะรับข้อมูลลายเซ็นผ่านทางกระดาษอิเล็กทรอนิกส์และปากกาแสง ทำให้ได้ข้อมูลเวลาในการเซ็น ซึ่งจะช่วยเพิ่มความถูกต้องในการตรวจสอบลายเซ็นมากขึ้น

4.1 องค์ประกอบของระบบตรวจสอบลายเซ็น

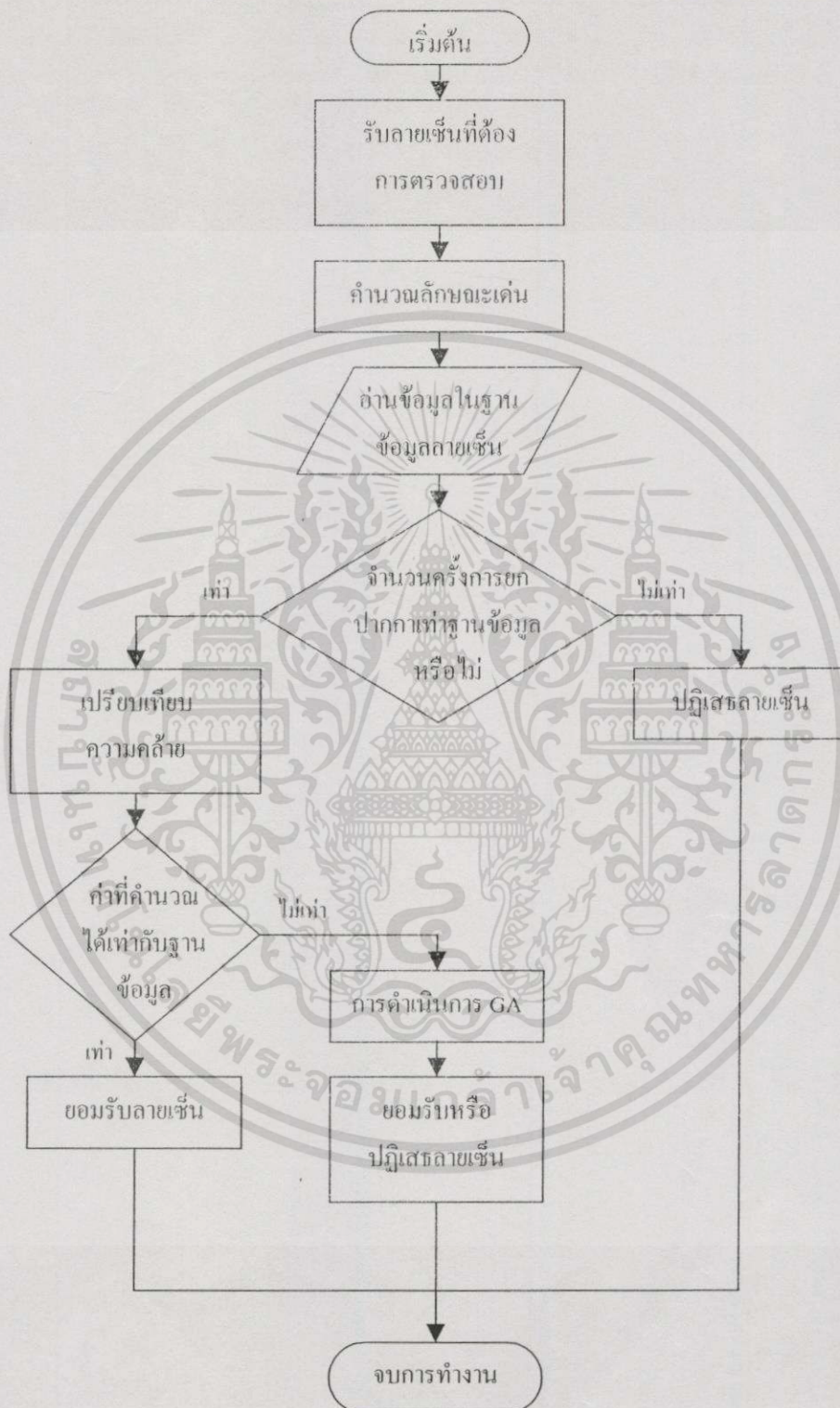
การตรวจสอบลายเซ็น โดยการวิเคราะห์ลายมือเขียน เป็นกรเปรียบเทียบลักษณะเฉพาะของลายเซ็นที่ตรวจสอบกับลายเซ็นในฐานข้อมูลประกอบด้วยองค์ประกอบหลัก ๆ 5 ส่วนคือ การรับข้อมูล (Data Aquisition) การประมวลผลเบื้องต้น (Preprocessing) การเลือกลักษณะเด่น (Feature Extraction) การเปรียบเทียบลายเซ็น (Comparision Process) และ การประเมินผล (Performance Evaluation) [9] ดังแสดงในรูปที่ 4.1

ข้อมูลดิบ (Raw Data) ที่ได้จากการรับข้อมูลผ่านทางกระดาษอิเล็กทรอนิกส์จะส่งไปประมวลผลเบื้องต้น เพื่อจัดสัญญาณรบกวนหรือปรับรูปแบบและตรวจสอบความถูกต้องของการรับข้อมูล จากนั้นจะนำข้อมูลไปแยกลักษณะเด่น (Feature Extraction) โดยกำหนดให้อยู่ในรูปฟังก์ชัน $F(t)$ หรือ พารามิเตอร์ (P) เพื่อใช้ในแทนลายเซ็น ก่อนขั้นตอนการเปรียบเทียบลายเซ็น จะต้องมีการเตรียมสร้างฐานข้อมูลเพื่ออ้างอิง (R_i) ซึ่งสร้างโดยเจ้าของลายเซ็น (i) เชื่อมโยงกับฐานข้อมูลโดยใช้ชื่อ (Name) เป็นตัวค้นหาลายเซ็น จากนั้นจึงทำการเปรียบเทียบลายเซ็นที่ตรวจสอบ (S_j) กับลายเซ็นในฐานข้อมูล (R_i) และใช้ค่า T_0 เป็นตัวตัดสินใจในการยอมรับหรือปฏิเสธลายเซ็น



รูปที่ 4.1 องค์ประกอบของการตรวจสอบลายเซ็น

เมื่อต้องการตรวจสอบลายเซ็นจึงเซ็นลงบนกระดาษอิเล็กทรอนิกส์ แล้วนำลักษณะเด่นที่ได้ไปคำนวณเปรียบเทียบความคล้ายกับฐานข้อมูลลายเซ็น ถ้าลายเซ็นที่ตรวจสอบไม่คล้ายกับฐานข้อมูล อาจเนื่องมาจากความคลาดเคลื่อนต่าง ๆ หรือมีการปลอมแปลงเกิดขึ้น ระบบจะสร้างโครโมโซมลายเซ็นจากฐานข้อมูลและวิเคราะห์หาค่าความเหมาะสม เพื่อนำไปคัดเลือกสร้างโครโมโซมลายเซ็นแบบต่าง ๆ แล้วนำไปเปรียบเทียบความคล้ายกับลายเซ็นที่ตรวจสอบเพื่อแสดงผลว่าลายเซ็นนั้นเป็นลายเซ็นจริงหรือลายเซ็นปลอม โดยอยู่ในเงื่อนไขและขอบเขตที่กำหนด ดังแสดงผังการทำงานในรูปที่ 4.2 นอกจากนี้ยังมีข้อมูลจำนวนครั้งในการยกปากกานำมาพิจารณาด้วย คือ จำนวนครั้งในการยกปากกาของลายเซ็นที่ตรวจสอบควรใกล้เคียงกับจำนวนครั้งของการยกปากกาในฐานข้อมูล เพื่อลดการเปรียบเทียบลายเซ็นเบื้องต้นลงได้[11]



รูปที่ 4.2 ผังการทำงานของระบบตรวจสอบลายเซ็นแบบออนไลน์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4.2 อุปกรณ์ที่ใช้ในการรับข้อมูล

4.2.1 กระจายอิเล็กทรอนิกส์

กระจายอิเล็กทรอนิกส์ (Digitizer) เป็นอุปกรณ์รับข้อมูลชนิดหนึ่ง ที่มีลักษณะเป็นกระดานสี่เหลี่ยมพร้อมปากกาแสง (Stylus pen) โดยแปลงข้อมูลจากกราฟฟิกเป็นดิจิทัล มีอัตราการส่งข้อมูลอยู่ระหว่าง 75 – 19,200 baud มีรูปแบบข้อมูลดังตารางที่ 4.1

ตารางที่ 4.1 แสดงรูปแบบข้อมูลของกระจายอิเล็กทรอนิกส์

	Start MSB								LSB	Stop	Transmission
Bit	8	7	6	5	4	3	2	1	0	Bit	Sequence
1	P	PH	PR	0	Sx	Sy	Fc	Fb	Fa	0	1 st byte
1	P	0	X6	X5	X4	X3	X2	X1	X0	0	2 nd byte
1	P	0	X13	X12	X11	X10	X9	X8	X7	0	3 rd byte
1	P	0	Y6	Y5	Y4	Y3	Y2	Y1	Y0	0	4 th byte
1	P	0	Y13	Y12	Y11	Y10	Y9	Y8	Y7	0	5 th byte

โดยที่

- LSB คือ บิตที่มีนัยสำคัญน้อยสุด (Least Significant Bit)
- MSB คือ บิตที่มีนัยสำคัญมากที่สุด (Most Significant Bit)
- F คือ บิตเฟลคที่ใช้ในการระบุว่า ปุ่มบนตัวปากกากำลังถูกกดอยู่ ซึ่งมีค่าได้ต่าง ๆ กัน
- Sx และ Sy คือ บิตเครื่องหมายสำหรับแกน x และแกน y ตามลำดับ ถ้ามีค่า 1 จะเป็นค่าบวก แต่ถ้า 0 จะเป็นค่าลบ
- PR คือ บิตที่บอกสถานะของปากกาที่สามารถทำให้กระจายอิเล็กทรอนิกส์ รายงานตำแหน่งที่ถูกต้องหรือไม่ ถ้ามีค่าเป็น 0 แสดงว่าอยู่ในขอบเขต ถ้ามีค่าเป็น 1 แสดงว่าอยู่นอกขอบเขต
- PH คือ บิตเฟส ซึ่งถูกเซตค่าเป็น 1
- P คือ บิตพาริตี ซึ่งจะมีหรือไม่มีก็ได้ ถ้ามีก็จะมีในทุกไบต์ของข้อมูลและเป็นพาริตีคู่
- X0 ถึง X13 คือ บิตที่ให้ค่าพิกัดในแนวแกน x
- Y0 ถึง Y13 คือ บิตที่ให้ค่าพิกัดในแนวแกน y

นอกจากนี้ยังมีบิตเริ่มต้น ซึ่งมีค่าเป็น 1 และบิตสิ้นสุดมีค่าเป็น 0 ในทุกข้อมูลทุกไบต์ เพื่อใช้ในการแยกข้อมูลแต่ละไบต์ออกจากกัน การทำงานของกระจายอิเล็กทรอนิกส์แสดงไว้ตามผังงานผังรูปที่ 4.4 รูปที่ 4.5 และรูปที่ 4.6

4.2.2 กระดาษอิเล็กทรอนิกส์ ที่ใช้ในการวิจัย

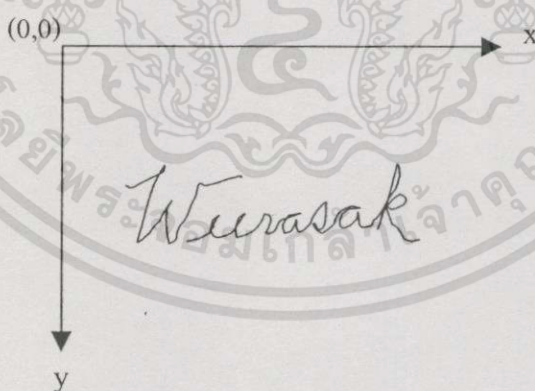
กระดาษอิเล็กทรอนิกส์ ที่ใช้คือ Genius EasyPen Tablet เชื่อมต่อกับคอมพิวเตอร์ผ่าน Serial Port Com1 หรือ Com2 ติดตั้งผ่าน Microsoft Window โดยมีคุณลักษณะดังนี้

ขนาด (Dimension)	3.5 x 5.5 x 0.375 นิ้ว
พื้นที่ใช้งาน (Working Area)	3 x 4 นิ้ว
ความละเอียดสูงสุด (Resolution)	2540 LPI
ความแม่นยำ (Accuracy)	+/- 0.001 นิ้ว

การทำงานของกระดาษอิเล็กทรอนิกส์มีการทำงานอยู่ 2 โหมด คือ โหมดการทำงานปกติ (Normal Request) ซึ่งเป็นโหมดที่กำหนดให้ส่งค่าข้อมูลของจุดกลับมาตลอดเวลา และโหมดควบคุม (Remote Request) เป็น โหมดที่กระดาษอิเล็กทรอนิกส์จะให้ค่าข้อมูลก็ต่อเมื่อคอมพิวเตอร์ส่งมาเท่านั้น

4.3 ลักษณะของข้อมูลลายเซ็น

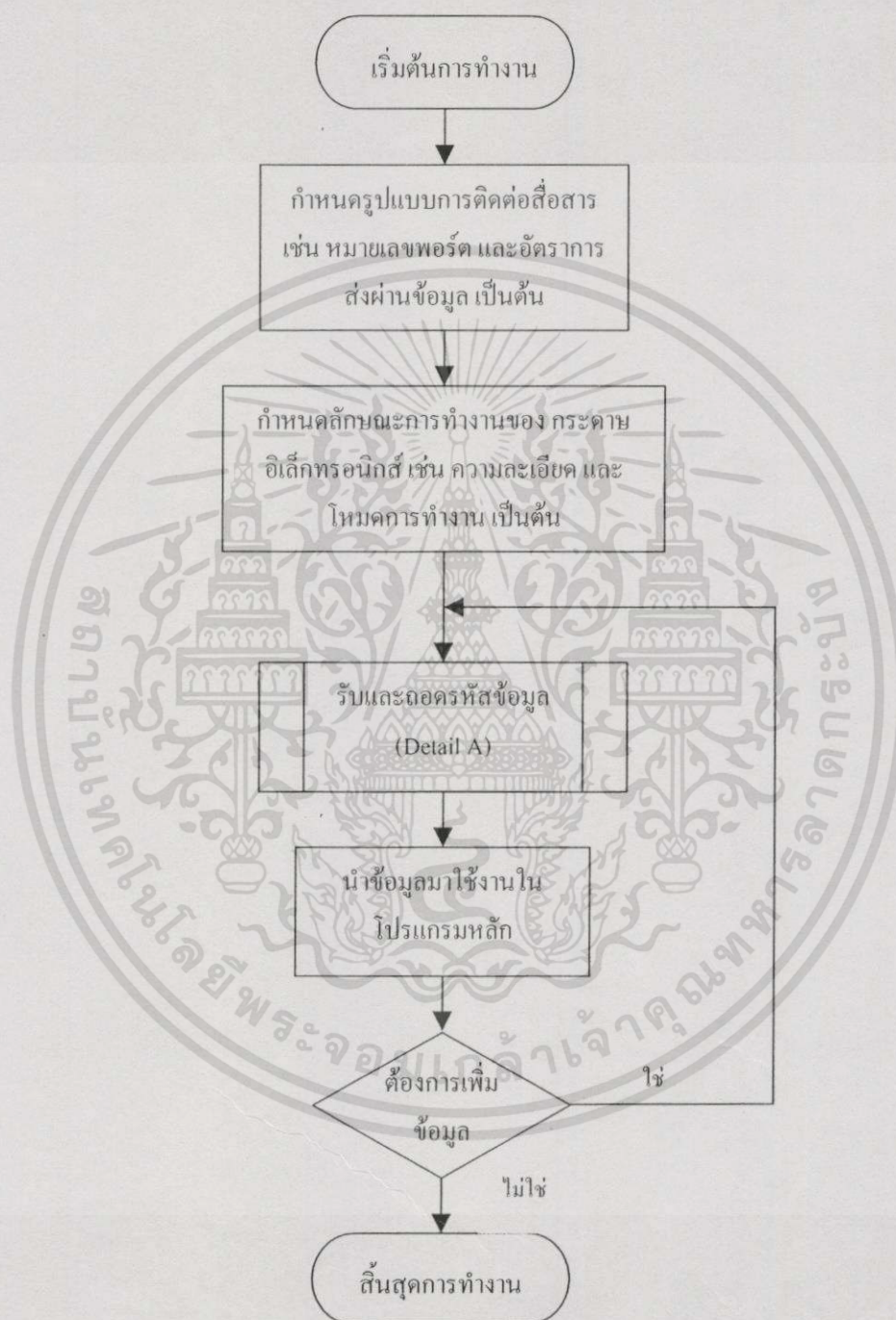
ข้อมูลลายเซ็นที่ได้จากกระดาษอิเล็กทรอนิกส์อยู่ในรูปค่าพิกัด (Coordinate) X,Y โดยกระดาษอิเล็กทรอนิกส์จะมีการทำงานแบบ Absoulte Mode คือ ค่าพิกัดน้อยสุด (0,0) จะอยู่ตรงมุมบนซ้ายของจอภาพ และค่าพิกัดมากที่สุด Max(X),Max(Y) จะอยู่ตรงมุมล่างขวาของจอภาพ เมื่อกดปากกาลงบนกระดาษอิเล็กทรอนิกส์ จะมีการส่งค่าพิกัดนั้นกลับมา ดังในรูปที่ 4.3



รูปที่ 4.3 แสดงตำแหน่งพิกัดจุดบนกระดาษอิเล็กทรอนิกส์

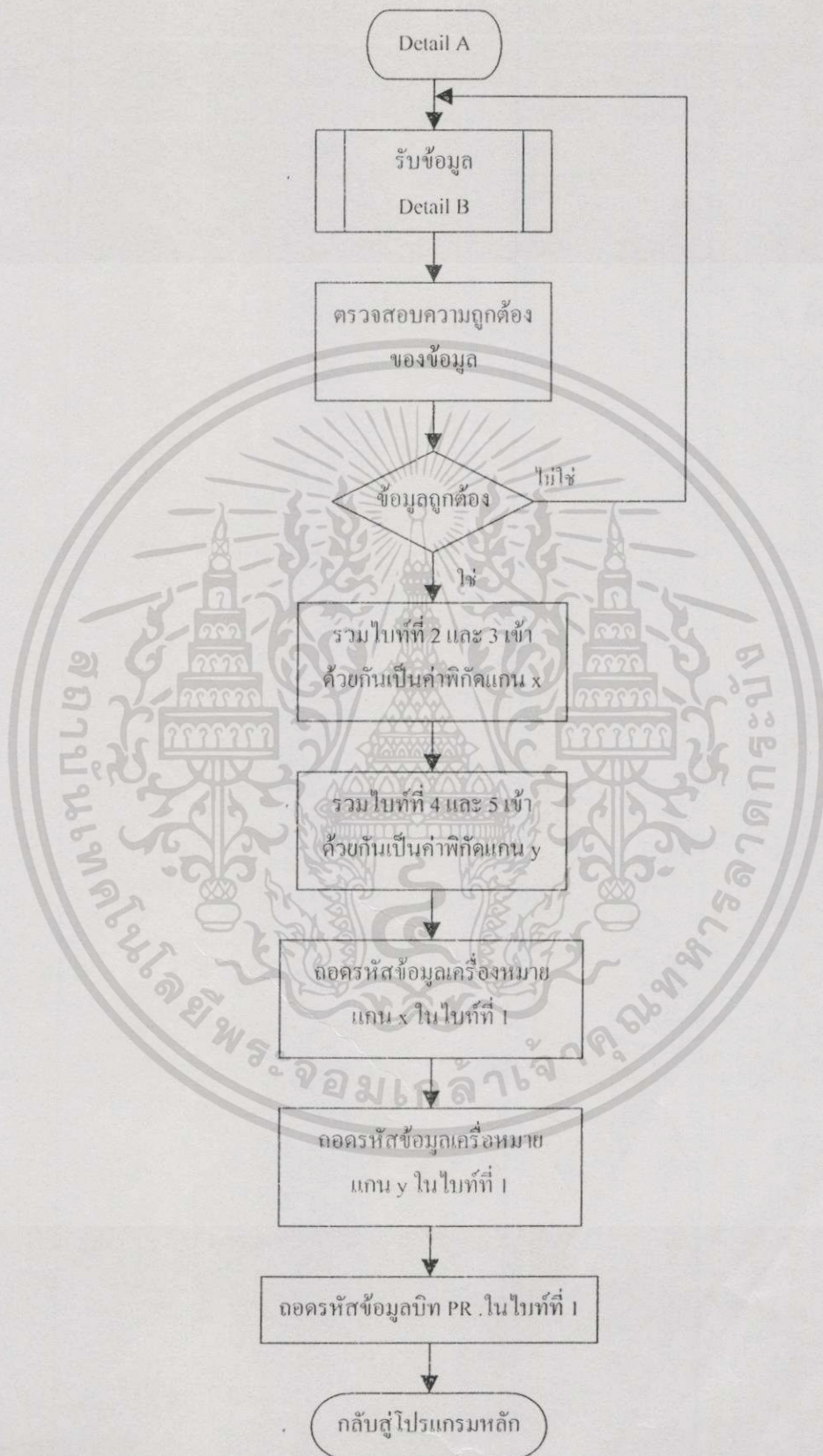
นอกจากค่าพิกัดของลายเซ็นซึ่งได้จากกระดาษอิเล็กทรอนิกส์แล้ว ข้อมูลที่สำคัญอีกอย่างคือ เวลาในการเซ็น โดยเก็บค่าเวลาไว้รวมกับค่าพิกัดของลายเซ็น เมื่อมีการกดปากกาบนกระดาษอิเล็กทรอนิกส์แต่ละครั้งจะถือว่าเป็นเวลาเริ่มต้นเท่ากับ 0.0000 วินาที โดยมีความละเอียด 1/100 วินาที เพราะเวลาในการเซ็นส่วนใหญ่ใช้เวลาไม่มาก

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



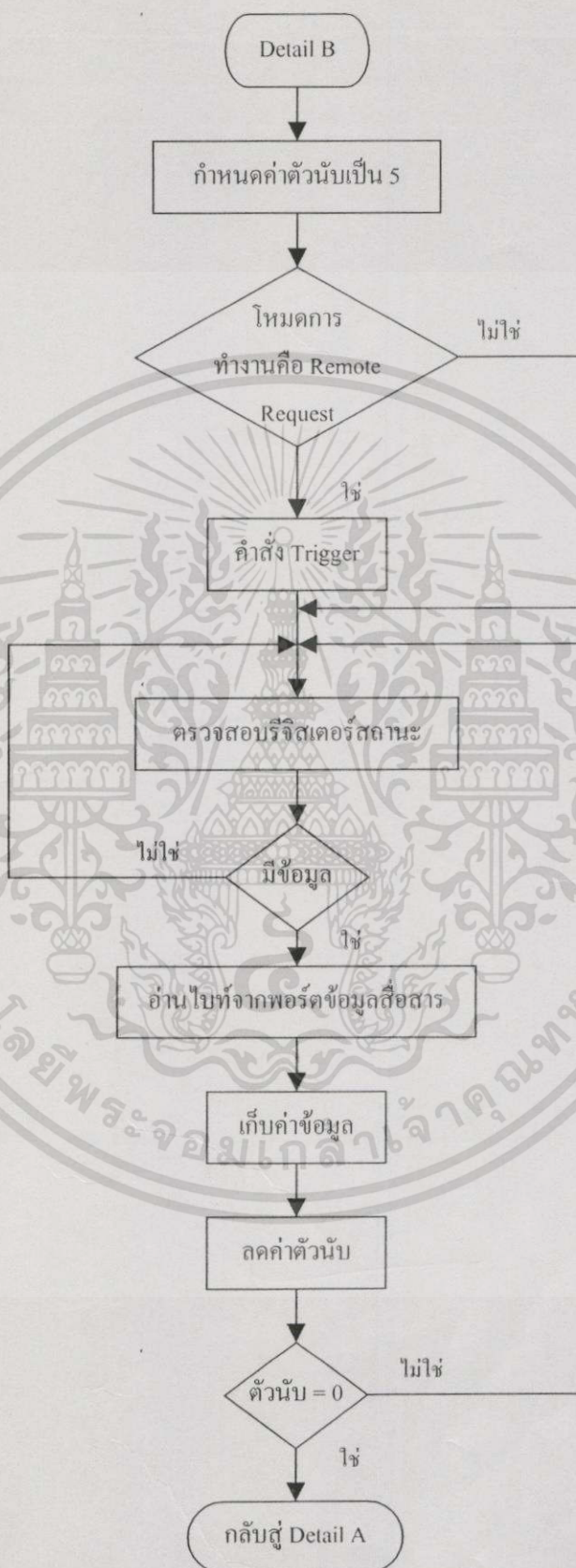
รูปที่ 4.4 ฟังก์ชันอ่านข้อมูลและควบคุมกระจายอิเล็กทรอนิกส์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.5 แสดง Detail A ส่วนการรับและถอดรหัสข้อมูล

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

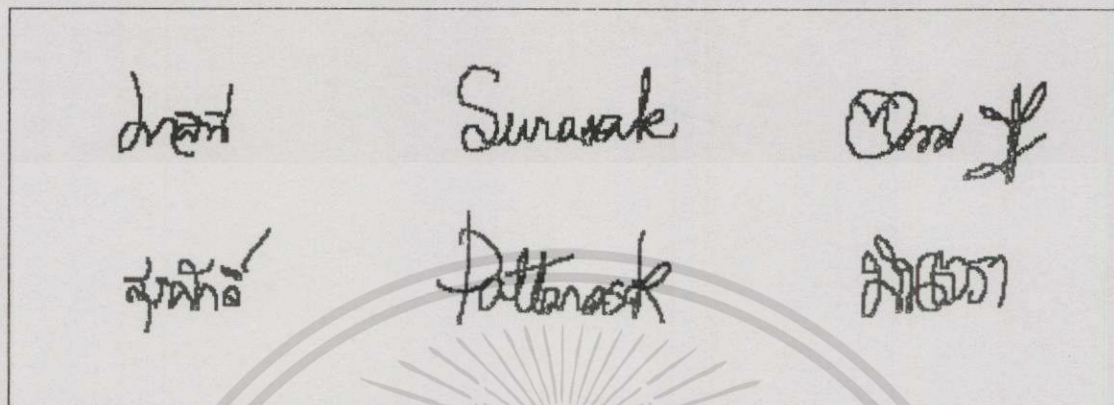


รูปที่ 4.6 แสดง Detail B ส่วน โปรแกรมย่อยรับข้อมูล

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4.4 ฐานข้อมูลลายเซ็นที่ใช้ในงานวิจัย

ข้อมูลลายเซ็นที่อยู่ในฐานข้อมูลจะได้จากตำแหน่งพิกัดจุดในการคลากปากกา จัดเก็บจะเป็นเท็กซ์ไฟล์ไว้สำหรับอ้างอิงคนละ 20 ลายเซ็น ดังตัวอย่างลายเซ็นในรูปที่ 4.7



รูปที่ 4.7 แสดงตัวอย่างลายเซ็น

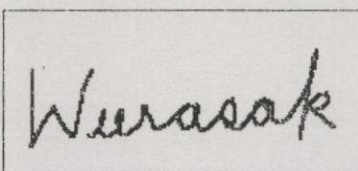
จะได้ข้อมูลลายเซ็นในฐานข้อมูลซึ่งประกอบด้วย 3 ส่วน คือ ส่วนแรกเป็นชื่อเจ้าของลายเซ็นมีความยาว 25 ตัวอักษร ส่วนที่สองเป็นจำนวนครั้งการยกปากกา และส่วนถัดไปเป็นชุดของค่าพิกัดจุดและเวลาในการเซ็น (x,y,t) ดังรูปที่ 4.8

c:\code\fullsign.dat							
weerasak	wattanakorn	2	218	138	0,	218	145
weerasak	wattanakorn	2	214	131	5,	214	136
weerasak	wattanakorn	2	217	129	0,	218	130
weerasak	wattanakorn	2	218	132	5,	218	142
weerasak	wattanakorn	2	217	129	10,	217	139
weerasak	wattanakorn	2	222	136	5,	221	152
weerasak	wattanakorn	2	216	150	0,	215	163
weerasak	wattanakorn	2	214	135	5,	214	148
weerasak	wattanakorn	2	221	128	0,	221	134
weerasak	wattanakorn	2	215	126	0,	214	138
weerasak	wattanakorn	2	218	127	5,	216	139

รูปที่ 4.8 แสดงตัวอย่างข้อมูลลายเซ็นในฐานข้อมูล

การเก็บข้อมูลลายเซ็น โดยเก็บทุกพิกัดจุดจะต้องใช้เนื้อที่สำหรับจัดเก็บเป็นจำนวนมากดังตัวอย่างลายเซ็นในรูปที่ 4.9 เปรียบเทียบกับการเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 2 จุดในรูปที่ 4.10 เก็บทุก 3 จุดในรูปที่ 4.11 เก็บทุก 4 จุดในรูปที่ 4.12 เก็บทุก 5 จุดในรูปที่ 4.13 เก็บทุก 6 จุดในรูปที่ 4.14 เก็บทุก 8 จุดในรูปที่ 4.15 เก็บทุก 10 จุดในรูปที่ 4.16 และเก็บทุก 20 จุดในรูปที่ 4.17 ตามลำดับ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



weerasak wattanayakorn 2 221 129 0, 221 129 0, 221 129 0, 221 129 5, 221 129 5,
 221 130 5, 221 132 5, 221 134 5, 221 136 10, 221 139 10, 221 142 10, 220 146
 10, 220 149 10, 220 152 10, 220 155 16, 220 158 16, 220 160 16, 220 161 16, 220
 162 16, 220 163 21, 221 163 21, 220 163 21, 220 161 21, 221 160 21, 222 158 21,
 222 155 27, 223 153 27, 224 151 27, 226 148 27, 227 146 27, 228 144 27, 229 143
 32, 230 142 32, 230 142 32, 231 142 32, 232 143 38, 232 144 38, 232 145 38, 233
 147 38, 234 149 38, 235 151 38, 236 152 43, 237 154 43, 238 155 43, 238 156 43,
 238 156 43, 239 156 49, 240 156 49, 240 155 49, 241 153 49, 242 151 49, 243 149
 49, 244 146 54, 245 144 54, 246 140 54, 247 137 54, 248 134 54, 250 131 60, 251
 129 60, 252 126 60, 252 124 60, 254 123 60, 254 123 60, 256 123 65, 256 124 65,
 244 156 0, 244 157 0, 245 158 0, 246 158 0, 248 158 0, 249 158 5, 251 157 5,
 252 156 5, 254 155 5, 255 154 5, 256 152 5, 257 151 10, 258 150 10, 258 149
 10, 257 148 10, 258 148 10, 257 148 10, 256 148 16, 256 148 16, 255 148 16, 255
 148 21, 255 149 21, 255 149 21, 254 151 21, 254 152 21, 254 153 21, 254 154 27,
 254 156 27, 254 157 27, 254 157 27, 255 158 27, 256 159 27, 257 160 32, 257 160
 32, 258 160 32, 259 160 32, 260 159 32, 261 159 32, 262 158 38, 263 157 38, 265
 155 38, 266 155 38, 267 154 38, 268 152 38, 268 152 43, 268 151 43, 268 150 43,
 268 149 49, 268 148 49, 268 147 49, 268 147 54, 268 148 54, 267 148 54, 267 149
 54, 267 149 54, 267 150 60, 267 151 60, 267 152 60, 266 153 60, 266 154 60, 266
 155 65, 266 156 65, 266 156 65, 266 156 65, 267 157 65, 267 158 71, 268 158 71,
 268 158 71, 269 158 71, 269 158 71, 270 158 76, 271 159 76, 271 158 76, 272 159
 76, 273 158 76, 274 157 82, 275 156 82, 276 156 82, 277 155 82, 278 153 82, 279
 151 82, 280 149 87, 281 148 87, 281 147 87, 281 147 87, 282 147 93, 282 148 93,
 283 148 98, 284 150 98, 283 151 98, 284 153 98, 284 155 98, 284 156 104, 284 157
 104, 284 158 104, 283 159 104, 284 160 104, 284 160 109, 285 161 109, 286 161 109,
 287 159 109, 288 158 109, 289 157 115, 290 157 115, 291 156 115, 292 154 115, 294
 153 115, 296 152 115, 297 151 120, 298 150 120, 300 149 120, 300 148 120, 300 148
 120, 301 147 120, 301 146 126, 301 146 126, 301 146 126, 301 145 131, 301 145 131,
 301 145 131, 300 145 131, 300 145 131, 299 145 137, 298 145 137, 298 146 137, 297
 146 137, 296 147 137, 295 148 137, 295 149 142, 295 150 142, 294 152 142, 294 153
 142, 294 154 142, 294 156 142, 294 156 148, 294 157 148, 295 157 148, 295 158 148,

รูปที่ 4.9 แสดงการจัดเก็บข้อมูลลายเซ็นทุกพิภพจุด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

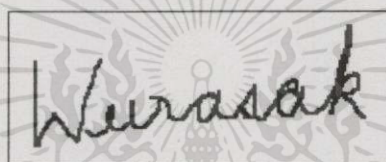
295 158 153, 296 158 153, 297 158 153, 298 158 153, 299 157 153, 300 155 153, 300
 154 159, 300 152 159, 301 151 159, 301 150 159, 301 149 159, 301 149 159, 301 149
 164, 301 149 164, 301 149 164, 302 149 164, 302 150 170, 302 151 170, 302 152 170,
 302 153 170, 302 154 170, 302 156 170, 302 156 175, 302 157 175, 302 158 175, 303
 159 175, 304 159 175, 304 159 181, 305 159 181, 306 159 181, 307 158 181, 308 157
 181, 309 156 181, 310 155 186, 312 154 186, 314 152 186, 315 151 186, 317 149 186,
 318 148 186, 319 147 192, 319 146 192, 320 146 192, 320 146 192, 320 145 192, 321
 145 192, 321 146 197, 321 146 197, 321 146 197, 322 146 197, 322 147 197, 322 148
 203, 322 149 203, 322 150 203, 322 152 203, 322 153 203, 322 154 208, 322 155 208,
 322 155 208, 321 155 208, 321 156 208, 320 156 208, 319 156 214, 319 156 214, 318
 156 214, 317 155 214, 316 155 214, 316 154 214, 316 153 219, 316 152 219, 316 151
 219, 316 151 219, 316 151 219, 316 151 225, 316 152 225, 316 152 225, 316 152 230,
 316 153 230, 316 153 230, 316 154 230, 317 155 230, 317 155 236, 318 156 236, 318
 156 236, 318 156 236, 318 156 241, 318 157 241, 318 158 241, 319 158 241, 320 158
 247, 320 158 247, 321 158 247, 322 158 247, 323 158 247, 324 158 247, 325 158 252,
 327 157 252, 329 157 252, 330 156 252, 331 155 252, 332 154 252, 333 153 258, 334
 151 258, 335 150 258, 335 149 258, 336 148 258, 336 147 263, 336 146 263, 336 145
 263, 336 145 263, 336 144 263, 336 144 269, 336 144 269, 336 144 269, 336 144 269,
 335 144 269, 334 144 274, 334 145 274, 333 146 274, 332 146 274, 332 147 274, 332
 148 274, 332 148 280, 332 149 280, 331 151 280, 331 153 280, 331 154 280, 331 156
 280, 331 156 285, 331 157 285, 332 157 285, 332 156 285, 333 156 291, 334 156 291,
 335 155 291, 336 154 291, 337 153 291, 337 151 291, 338 150 296, 338 148 296, 338
 147 296, 338 146 296, 338 146 302, 338 145 302, 338 145 302, 338 146 302, 338 147
 307, 338 148 307, 338 149 307, 338 150 307, 338 152 307, 338 153 313, 339 154 313,
 340 155 313, 340 156 313, 341 156 313, 342 156 313, 343 156 318, 344 155 318, 345
 155 318, 346 154 318, 348 153 318, 349 151 318, 350 150 324, 352 148 324, 353 147
 324, 355 145 324, 356 142 324, 358 140 329, 359 137 329, 360 136 329, 360 134 329,
 361 133 329, 361 131 329, 362 130 335, 362 128 335, 362 127 335, 362 126 335, 362
 125 335, 362 125 340, 362 125 340, 362 126 340, 361 126 340, 360 127 346, 360 128
 346, 360 128 346, 359 129 346, 359 131 346, 358 132 346, 358 134 351, 357 136 351,
 356 138 351, 356 140 351, 355 142 351, 355 144 357, 355 145 357, 355 147 357, 354
 149 357, 353 151 357, 353 152 357, 353 153 362, 353 154 362, 353 154 362, 353 154
 362, 352 154 362, 352 154 362, 352 155 368, 352 155 368, 352 155 368, 352 154 368,
 352 154 373, 352 153 373, 352 152 373, 352 152 373, 352 151 378, 352 151 378, 353

รูปที่ 4.9 (ต่อ)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

150 378, 353 150 378, 353 149 378, 354 148 384, 354 148 384, 354 147 384, 355 146
 384, 356 145 384, 357 144 384, 358 144 389, 359 143 389, 360 143 389, 360 143 389,
 361 143 389, 362 143 389, 363 143 395, 363 143 395, 364 144 395, 363 144 395, 364
 144 395, 363 144 400, 363 145 400, 363 145 400, 361 146 400, 360 146 400, 359 147
 406, 358 147 406, 357 147 406, 356 147 406, 355 147 406, 354 147 406, 354 147 411,
 354 147 411, 355 147 411, 355 147 411, 355 147 411, 356 147 417, 357 148 417, 357
 149 417, 358 150 417, 358 152 417, 359 154 417, 360 155 422, 362 156 422, 363 157
 422, 364 158 422, 366 159 422, 367 160 428, 368 161 428, 369 162 428, 369 162 428,
 370 162 428, 370

รูปที่ 4.9 (ต่อ)



weerasak wattanayakorn 2 217 127 0, 217 128 5, 217 130 5, 217 134 5, 217 139 10,
 217 144 10, 217 148 10, 217 153 16, 217 157 16, 217 161 16, 217 164 21, 217 165
 21, 217 167 27, 217 167 27, 217 169 32, 217 169 32, 217 169 38, 217 169 38, 218
 169 43, 219 168 43, 219 166 43, 220 163 49, 221 161 49, 224 157 54, 226 155 54,
 226 153 54, 227 153 60, 227 153 65, 227 153 65, 227 153 65, 227 154 71, 228 155
 76, 230 157 76, 232 160 82, 234 163 82, 236 164 82, 236 165 87, 237 165 87, 237
 165 93, 237 165 93, 237 165 98, 237 166 104, 238 166 104, 238 167 109, 238 167
 109, 238 166 115, 239 164 120, 239 161 120, 240 159 120, 241 156 126, 241 151 126,
 242 146 126, 244 141 131, 246 136 131, 247 130 131, 249 128 137, 249 127 137, 250
 126 142, 243 162 5, 244 162 5, 245 163 10, 245 163 10, 247 164 16, 249 163 16,
 251 162 16, 253 161 21, 254 158 21, 255 155 21, 256 153 27, 256 151 27, 256 150
 32, 256 149 32, 255 150 38, 254 150 38, 254 151 43, 254 152 43, 253 153 49, 253
 156 49, 254 158 54, 255 159 54, 256 160 54, 256 160 60, 257 161 60, 258 161 65,
 259 161 65, 260 161 65, 261 160 71, 261 160 71, 263 158 71, 264 158 76, 265 156
 76, 266 154 76, 266 152 82, 266 151 82, 266 149 82, 266 148 87, 266 147 87, 266
 147 93, 265 147 93, 265 148 98, 265 150 98, 265 152 98, 265 154 104, 265 156 104,
 266 157 104, 266 159 109, 267 159 109, 268 160 109, 269 160 115, 270 160 120, 272
 159 120, 272 159 120, 273 158 126, 273 158 126, 274 157 131, 275 156 131, 275 156
 131, 275 155 137, 277 153 137, 278 151 137, 279 149 142, 279 147 142, 279 145 148,
 278 145 148, 276 145 153, 275 145 153, 277 145 159, 279 145 159, 280 145 159, 282

รูปที่ 4.10 แสดงการเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 2 จุด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

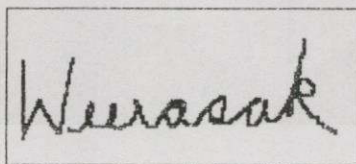
146 164, 283 148 164, 284 149 170, 284 151 170, 284 153 170, 284 155 175, 285 155
 175, 286 155 181, 286 156 181, 288 156 186, 288 156 186, 290 156 192, 291 155 192,
 292 154 192, 293 152 197, 294 151 197, 295 149 197, 296 149 203, 298 147 203, 300
 145 203, 302 144 208, 303 144 208, 305 144 214, 305 144 214, 306 144 214, 307 145
 219, 308 145 219, 308 146 219, 309 147 225, 309 147 230, 308 145 230, 307 144 236,
 306 143 236, 304 143 241, 302 144 241, 301 144 241, 300 145 247, 299 148 247, 299
 150 252, 299 152 252, 299 154 252, 299 156 258, 300 156 258, 301 157 263, 303 156
 263, 304 155 263, 306 153 269, 306 151 269, 308 147 274, 309 144 274, 309 143 274,
 309 142 280, 309 142 285, 308 144 291, 308 145 291, 308 147 291, 308 148 296, 308
 149 296, 308 151 302, 308 152 302, 309 153 307, 310 154 307, 311 155 307, 312 155
 313, 313 155 313, 314 155 318, 316 155 318, 317 154 318, 318 152 324, 319 150 324,
 320 149 324, 322 147 329, 323 145 329, 325 142 329, 327 140 335, 327 140 335, 327
 140 340, 327 139 340, 327 140 346, 327 141 351, 327 143 351, 327 146 351, 327 149
 357, 327 150 357, 327 152 357, 327 155 362, 327 155 362, 326 155 362, 325 155 368,
 324 155 373, 322 154 373, 321 152 373, 320 151 378, 320 149 378, 320 149 384, 320
 149 384, 321 150 389, 322 151 389, 322 152 389, 324 154 395, 325 155 395, 327 155
 395, 327 155 400, 329 155 400, 330 156 406, 331 156 406, 333 153 406, 334 151 411,
 336 149 411, 337 147 411, 340 144 417, 342 142 417, 344 141 417, 345 141 422, 346
 141 422, 346 141 428, 347 142 428, 348 144 433, 348 144 433, 348 143 439, 348 142
 439, 348 139 444, 348 137 444, 347 136 444, 346 136 450, 344 137 450, 343 138 450,
 341 139 455, 340 141 455, 339 142 461, 339 145 461, 339 148 461, 339 150 466, 340
 153 466, 341 153 466, 342 154 472, 343 154 472, 345 154 472, 346 152 477, 348 149
 477, 349 146 477, 350 144 483, 351 141 483, 351 140 488, 351 141 494, 351 141 494,
 351 144 499, 350 145 499, 350 148 499, 351 150 505, 352 151 505, 353 153 505, 354
 153 510, 355 153 510, 357 153 516, 358 153 516, 358 152 521, 361 150 521, 362 149
 521, 363 147 527, 365 144 527, 366 142 527, 368 139 532, 369 136 532, 371 132 532,
 372 128 538, 373 125 538, 374 122 538, 374 120 543, 375 117 543, 375 114 543, 375
 113 549, 375 111 549, 375 109 554, 375 109 554, 375 109 554, 375 109 560, 374 109
 560, 374 111 565, 373 112 565, 373 115 565, 373 118 571, 372 122 571, 370 128 571,
 369 133 576, 368 138 576, 368 142 576, 367 146 582, 366 149 582, 366 149 587, 366
 151 587, 366 153 587, 366 153 593, 365 153 593, 365 153 598, 365 153 598, 365 152
 604, 366 150 604, 366 148 604, 368 146 609, 369 142 609, 370 139 609, 372 136 615,
 373 135 615, 374 134 615, 376 134 620, 377 133 620, 378 133 626, 379 135 626, 379
 135 626, 379 137 631, 379 139 631, 379 140 637, 377 141 637, 376 142 637, 374 143

รูปที่ 4.10 (ต่อ)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

642, 373 143 642, 371 143 642, 369 141 648, 368 140 648, 369 140 653, 370 142 653,
371 143 659, 373 145 659, 376 147 659, 377 148 664, 378 151 664, 380 153 664, 382
155 670, 383

รูปที่ 4.10 (ต่อ)



weerasak wattanayakorn 2 214 131 5, 214 136 5, 214 142 10, 214 149 10, 214 156
16, 214 162 16, 214 165 21, 214 167 27, 214 169 27, 214 170 32, 214 170 38, 214
167 43, 217 161 49, 220 156 49, 221 152 54, 222 151 54, 223 151 60, 223 151 65,
223 153 65, 224 155 71, 226 158 76, 228 162 76, 230 164 82, 230 164 82, 231 165
87, 231 165 93, 231 166 98, 231 166 98 232 167 104, 232 167 104, 233 166 115, 233
163 115, 234 160 120, 234 155 120, 235 150 126, 236 144 126, 237 138 131, 238 133
131, 239 130 137, 237 165 0, 239 166 5, 242 166 10, 244 164 10, 247 161 16, 248
156 16, 249 154 21, 249 152 27, 249 152 27, 248 152 32, 247 155 32, 246 156 38,
246 158 38, 247 161 43, 248 163 43, 249 164 49, 250 164 54, 252 164 54, 254 164
60, 256 163 60, 258 161 65, 260 157 71, 260 155 71, 260 153 76, 260 153 82, 259
153 82, 258 154 87, 258 156 87, 258 159 93, 257 161 93, 258 164 98, 259 164 104,
260 164 109, 261 165 115, 263 164 115, 265 163 120, 267 163 126, 269 160 126, 270
158 131, 271 155 131, 271 153 137, 271 151 142, 271 151 142, 270 151 148, 271 152
153, 272 153 159, 273 155 159, 273 158 164, 274 159 164, 274 161 170, 276 162 175,
276 163 175, 278 164 181, 280 164 181, 281 162 186, 283 159 186, 285 156 192, 287
154 192, 289 153 197, 291 153 197, 292 154 203, 293 153 208, 293 151 214, 292 151
214, 289 151 219, 289 151 225, 287 153 225, 286 156 230, 286 158 230, 287 162 236,
288 164 236, 289 164 241, 291 162 241, 293 158 247, 295 154 247, 295 152 252, 294
151 258, 293 151 258, 293 151 263, 293 153 269, 293 157 269, 293 160 274, 295 161
274, 296 162 280, 297 163 280, 298 163 285, 299 163 285, 301 162 291, 302 160 296,
304 157 296, 307 154 302, 309 152 302, 312 150 307, 313 149 307, 315 149 313, 315
150 318, 315 153 318, 314 156 324, 314 158 329, 313 160 329, 311 160 335, 310 160
340, 309 159 340, 308 158 346, 308 156 351, 308 156 357, 308 156 362, 308 157 362,
308 158 368, 308 158 373, 308 160 378, 310 161 378, 311 162 384, 312 162 389, 315
162 395, 317 162 395, 319 160 400, 321 159 400, 323 157 406, 325 155 411, 327 154
411, 329 152 417, 331 151 417, 333 151 422, 334 151 422, 335 151 428, 336 153 433,

รูปที่ 4.11 แสดงการเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 3 จุด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

336 153 433, 336 153 439, 336 151 444, 334 151 450, 333 150 450, 331 150 455, 330
 151 455, 328 152 461, 328 155 461, 327 158 466, 327 161 466, 327 163 472, 329 163
 472, 331 162 477, 334 158 483, 335 155 483, 336 152 488, 335 151 494, 335 151 505,
 335 154 505, 335 156 510, 336 157 510, 336 159 516, 337 160 521, 338 161 521, 339
 161 527, 341 160 532, 342 159 532, 344 156 538, 346 154 538, 347 151 543, 349 148
 543, 349 145 549, 351 142 549, 351 138 554, 352 135 554, 353 132 560, 353 129 560,
 354 127 565, 355 125 565, 355 122 571, 355 121 576, 355 120 582, 355 122 587, 355
 125 587, 353 129 593, 353 135 593, 351 140 598, 351 145 598, 349 150 604, 349 154
 604, 349 156 609, 348 157 609, 347 158 615, 347 158 615, 347 158 620, 347 157 626,
 347 154 631, 348 151 637, 349 149 637, 350 145 642, 353 141 642, 353 140 648, 356
 140 648, 357 140 653, 359 142 659, 360 143 664, 359 147 664, 358 148 670, 356 148
 670, 353 148 675, 353 148 675, 352 146 681, 351 146 686, 351 144 686, 351 145 692,
 351 147 697, 353 149 697, 354 152 703, 356 154 708, 357 156 708, 360 159 714, 362
 159 714, 362 161 719, 364 162 719, 365 163 725, 366 164 730, 367 164 730, 368 165
 736, 369 165 741, 369 165 746, 370 166 752, 370 166 757, 371 166 763, 371 167 768,
 371 166 779, 370

รูปที่ 4.11 (ต่อ)

Wurasak

weerasak wattanayakorn 2 218 138 0, 218 145 5, 218 153 10, 217 159 10, 217 162
 16, 217 166 21, 217 167 21, 217 168 32, 217 168 38, 217 168 49, 217 165 54, 220
 160 54, 224 155 60, 226 152 65, 228 151 71, 228 152 76, 230 154 82, 232 159 82,
 235 163 87, 235 164 93, 236 166 98, 237 166 104, 237 164 109, 239 159 115, 239 153
 120, 240 147 126, 243 139 126, 243 134 131, 244 131 137, 246 128 137, 245 163 5, 248
 163 5, 252 160 10, 256 154 16, 257 149 16, 257 149 27, 256 151 27, 255 154 32,
 255 158 38, 255 164 38, 257 166 43, 261 165 49, 264 163 49, 267 159 54, 268 155
 60, 268 153 65, 268 152 71, 267 152 82, 266 153 82, 265 156 87, 266 160 93, 268
 162 98, 270 164 104, 271 164 104, 273 163 109, 274 162 115, 276 160 115, 278 158
 120, 280 155 126, 282 151 131, 280 150 131, 279 150 137, 282 152 142, 283 155 148,
 283 159 153, 284 161 153, 286 163 159, 287 164 164, 290 162 170, 293 159 170, 296
 155 175, 299 150 181, 302 150 186, 304 151 186, 304 153 197, 304 151 203, 302 149
 203, 299 150 208, 297 152 214, 296 155 214, 296 159 219, 297 161 225, 299 162 230,

รูปที่ 4.12 แสดงการเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 4 จุด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้拿去ไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

302 159 230, 303 155 236, 304 150 241, 304 151 247, 304 154 252, 304 157 258, 304
 160 258, 306 162 263, 309 162 269, 311 159 274, 314 158 274, 317 153 280, 321 149
 285, 323 147 291, 323 146 291, 324 149 296, 324 153 302, 324 158 302, 323 161 307,
 322 163 313, 321 160 318, 320 157 324, 317 155 324, 317 157 340, 319 157 346, 319
 159 351, 321 160 351, 322 161 357, 325 163 362, 328 162 368, 332 159 368, 334 157
 373, 339 151 378, 344 151 384, 347 153 384, 348 157 389, 348 153 395, 347 150 400,
 345 149 406, 342 148 406, 341 149 411, 339 153 417, 339 157 417, 339 160 422, 341
 161 428, 342 162 433, 345 160 439, 347 156 439, 349 150 444, 349 148 450, 349 149
 455, 348 150 461, 348 154 466, 348 159 472, 349 161 472, 350 162 483, 351 161 488,
 352 162 494, 355 161 499, 357 160 505, 359 158 505, 364 154 510, 367 150 516, 368
 146 521, 371 141 521, 374 135 527, 375 129 532, 376 124 532, 377 120 538, 377 117
 543, 377 117 554, 377 119 554, 375 124 560, 373 130 565, 371 136 571, 370 145 571,
 367 150 576, 366 155 582, 366 159 582, 365 159 587, 365 160 593, 365 157 604, 364
 157 609, 365 156 615, 367 153 615, 368 149 620, 371 145 626, 374 145 631, 377 146
 637, 378 148 637, 378 151 642, 375 152 648, 373 152 653, 372 152 659, 370 152 659,
 369 150 664, 369 151 675, 369 151 675, 370 154 686, 372 156 686, 373 159 692, 375
 161 697, 377 164 697, 378 165 703, 380 166 714, 382 167 719, 382 166 736, 381

รูปที่ 4.12 (ต่อ)

weerasak

weerasak wattanayakorn 2 218 132 5, 218 142 10, 218 151 10, 218 157 16, 218 160
 21, 219 163 32, 218 164 49, 220 159 54, 225 148 60, 231 142 65, 232 143 76, 233
 149 82, 237 156 87, 238 158 93, 238 156 104, 239 150 109, 242 139 115, 244 128
 120, 246 122 126, 249 120 131, 245 156 5, 249 155 10, 254 151 16, 260 143 16, 261
 140 27, 259 142 32, 258 145 38, 259 151 43, 261 153 49, 264 156 54, 267 155 60,
 272 150 65, 273 147 71, 273 144 82, 271 144 87, 271 145 98, 271 149 109, 273 152
 115, 274 154 120, 277 155 126, 279 156 131, 281 154 137, 283 152 142, 285 149 142,
 286 146 148, 288 143 153, 287 142 164, 288 143 175, 289 146 175, 290 149 181, 290
 151 186, 290 154 192, 292 154 197, 296 154 203, 299 152 208, 303 148 214, 305 145
 219, 308 145 225, 311 146 230, 311 148 236, 312 145 241, 310 143 247, 307 143 252,
 304 145 258, 303 150 263, 305 155 269, 307 156 274, 311 151 280, 312 145 280, 311
 145 291, 311 147 296, 311 153 302, 313 155 307, 317 156 313, 319 154 318, 322 151
 318, 326 146 324, 329 142 335, 332 140 335, 333 141 340, 333 144 346, 333 150 351,

รูปที่ 4.13 แสดงการจัดเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 5 จุด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

333 153 357, 330 154 362, 328 152 368, 327 147 373, 326 147 378, 326 149 384, 329
 152 389, 331 154 389, 334 154 395, 337 152 400, 338 147 406, 340 145 411, 343 143
 417, 347 143 422, 349 146 428, 349 147 433, 348 143 444, 346 142 450, 344 143 450,
 342 145 455, 342 149 461, 342 152 466, 344 152 472, 346 152 477, 348 148 483, 349
 143 488, 348 143 499, 348 146 505, 347 151 505, 350 153 510, 352 152 516, 356 150
 521, 358 146 527, 361 140 532, 365 133 538, 368 126 538, 369 120 543, 370 117 554,
 369 118 560, 368 123 560, 366 131 565, 363 141 571, 362 148 576, 361 154 582, 360
 156 587, 360 156 593, 361 150 598, 364 143 604, 367 138 609, 370 138 615, 372 141
 620, 372 143 620, 369 146 626, 366 146 631, 365 145 637, 364 145 648, 367 148 653,
 369 152 659, 372 156 664, 374 158 670, 377

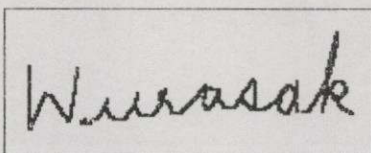
รูปที่ 4.13 (ต่อ)

Wurasak

weerasak wattanayakorn 2 216 135 5, 215 149 10, 215 161 16, 215 168 21, 214 169
 32, 216 163 43, 221 153 49, 223 150 54, 224 154 65, 230 160 71, 234 166 76, 234
 166 93, 235 158 98, 237 145 104, 240 134 109, 243 130 120, 241 163 5, 247 162 10,
 250 156 16, 250 153 27, 249 153 38, 248 154 43, 248 153 54, 248 157 60, 248 161
 65, 251 163 71, 254 162 82, 259 157 87, 261 152 93, 260 152 104, 259 155 109, 260
 158 115, 262 161 120, 263 161 126, 264 162 131, 266 161 142, 268 159 148, 270 157
 153, 272 153 159, 272 150 164, 271 151 170, 274 154 181, 274 159 186, 276 162 192,
 279 160 203, 283 155 208, 286 152 214, 290 152 219, 289 152 230, 285 150 236, 283
 155 241, 284 160 247, 288 162 252, 292 154 258, 291 150 269, 291 154 280, 293 160
 285, 296 161 291, 300 160 296, 303 155 302, 307 150 307, 309 148 318, 309 153 324,
 309 160 329, 306 158 340, 303 155 346, 302 155 351, 303 157 357, 308 161 362, 312
 161 368, 317 159 378, 321 153 384, 325 150 389, 329 152 395, 330 154 400, 330 151
 406, 326 148 411, 322 149 417, 321 154 428, 322 158 433, 324 161 439, 328 160 444,
 330 152 450, 330 150 455, 330 152 466, 330 154 472, 329 155 483, 332 158 488, 333
 159 499, 336 158 505, 340 154 510, 341 147 516, 343 140 521, 344 133 532, 345 127
 538, 345 125 549, 345 127 560, 344 135 565, 343 147 571, 341 155 576, 341 157 582,
 341 159 587, 341 156 598, 343 150 604, 348 143 609, 354 142 615, 357 143 620, 356
 147 626, 351 150 631, 348 148 637, 344 147 642, 344 147 653, 345 149 659, 348 150
 670, 353 155 675, 359 159 681, 361 159 686, 363 160 697, 363

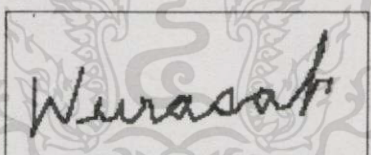
รูปที่ 4.14 แสดงการจัดเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 6 จุด

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



weerasak wattanayakorn 2 215 131 10, 215 147 16, 215 160 27, 215 162 38, 216 160
 60, 220 151 65, 223 144 71, 226 145 93, 232 154 98, 235 157 109, 234 158 120, 235
 158 131, 237 147 142, 239 132 148, 243 157 0, 241 158 10, 245 159 27, 251 154 32,
 254 147 38, 254 147 54, 253 150 65, 255 155 71, 258 157 82, 262 157 87, 268 149
 98, 269 144 104, 268 148 120, 268 151 131, 270 154 137, 273 155 153, 277 154 159, 281
 149 170, 283 142 181, 280 144 192, 280 146 197, 285 149 208, 286 153 219, 290 154
 225, 296 148 236, 303 140 241, 308 142 247, 308 142 269, 306 141 274, 303 142 291,
 302 148 296, 303 152 307, 304 152 318, 307 149 329, 310 142 340, 310 147 351, 313
 151 362, 318 150 368, 323 142 378, 327 137 384, 328 139 395, 328 149 400, 326 151
 411, 322 147 422, 321 147 433, 326 151 439, 332 152 450, 338 148 455, 344 140 466,
 349 142 472, 349 142 488, 346 140 494, 341 143 499, 340 151 510, 344 154 516, 349
 144 521, 349 138 532, 348 144 543, 349 153 549, 355 152 560, 360 144 565, 366 132
 571, 369 118 582, 369 114 587, 367 121 598, 364 133 604, 363 145 615, 362 151 620,
 362 153 631, 362 150 642, 364 144 653, 368 138 664, 372 138 670, 374 142 681, 370
 146 686, 367 144 697, 365 142 708, 368 146 719, 372 151 725, 377 154 736, 377

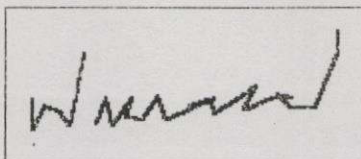
รูปที่ 4.15 แสดงการจัดเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 8 จุด



weerasak wattanayakorn 2 217 135 10, 217 157 21, 216 164 32, 217 160 49, 224 146
 60, 225 145 71, 229 153 82, 233 157 93, 235 151 109, 241 130 120, 239 157 0, 248
 154 10, 250 145 27, 248 150 38, 253 156 49, 258 154 60, 261 146 71, 261 146 82,
 261 154 93, 265 157 104, 267 155 120, 272 149 131, 271 145 142, 275 146 159, 276 152
 164, 277 157 175, 283 153 186, 292 144 197, 295 147 208, 290 144 219, 284 150 230,
 290 155 241, 295 144 247, 294 149 263, 297 156 274, 304 152 285, 311 143 296, 316
 140 307, 316 151 318, 312 153 329, 307 148 340, 309 150 351, 313 152 362, 313 153
 395, 318 151 406, 322 146 417, 330 142 428, 334 141 439, 337 145 444, 337 142 461,
 331 140 472, 328 146 483, 331 152 488, 335 145 499, 336 141 516, 337 146 521, 340
 150 538, 345 148 543, 353 137 554, 361 123 565, 363 111 576, 361 115 587, 357 131
 598, 354 144 604, 352 151 615, 351 153 626, 353 148 637, 359 136 648, 366 135 659,

รูปที่ 4.16 แสดงการเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 10 จุด

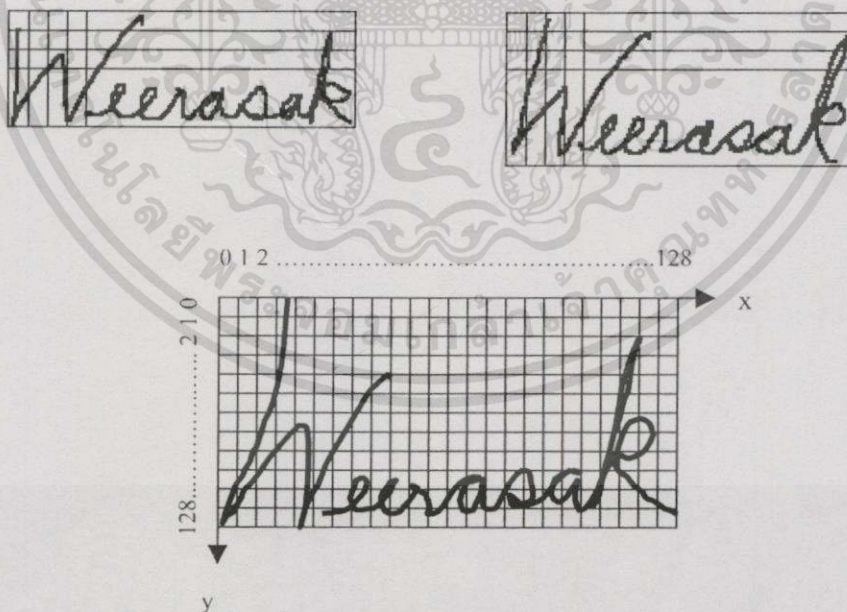
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



weerasak wattanayakorn 2 217 148 27, 217 163 49, 223 151 76, 231 154 104, 236 161
 142, 243 125 159, 249 160 16, 254 147 38, 257 161 60, 267 147 82, 264 156 104, 272
 158 126, 280 146 153, 284 158 175, 293 154 197, 308 147 219, 296 151 241, 307 149
 263, 308 155 285, 322 146 307, 329 141 335, 323 152 351, 324 153 373, 337 147 395,
 347 147 417, 340 145 439, 346 151 461, 349 152 483, 359 151 499, 370 124 521, 370
 114 543, 36

รูปที่ 4.17 แสดงการเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 20 จุด

จะเห็นว่า การเก็บข้อมูลลายเซ็นทุก 5 จุดจะลดปริมาณการจัดเก็บลงได้มาก และไม่ทำให้เสียลักษณะที่สำคัญของลายเซ็นไป ดังนั้นการวิจัยนี้จึงเลือกเก็บข้อมูลทุก 5 จุดเพราะสามารถคงรูปร่างของลายเซ็นโดยรวมไว้ได้ การนำข้อมูลลายเซ็นที่ได้นำมาประมวลผลให้อยู่ในขนาดมาตรฐาน จะทำให้สามารถตรวจสอบลายเซ็นที่มีขนาดไม่เท่ากันได้ โดยกำหนดกรอบให้ลายเซ็นอยู่ในกรอบอ้างอิงที่มีขนาด 128 x 128 ช่อง ดังในรูปที่ 4.18



รูปที่ 4.18 การปรับลายเซ็นให้อยู่ในกรอบอ้างอิง

4.5 ลักษณะเด่นที่ใช้ในการตรวจสอบลายเซ็น

การเลือกลักษณะเด่นในการตรวจสอบลายเซ็นเป็นส่วนที่สำคัญมาก เนื่องจากลักษณะเด่นเหล่านี้จะใช้เป็นข้อมูลในการตรวจสอบลายเซ็นที่พิจารณาอยู่ และนำไปเปรียบเทียบกับลักษณะเด่นในฐานข้อมูล ดังนั้น การเลือกลักษณะเด่นจำเป็นต้องทำอย่างระมัดระวัง เพื่อให้ได้ลักษณะเด่นที่ค่อนข้างคงที่และสามารถใช้แทนรูปแบบของลายเซ็นได้ ลักษณะเด่นที่จะใช้ขึ้นอยู่กับความปลอดภัยของระบบ งานที่ต้องการความปลอดภัยสูงควรเลือกลักษณะเด่นที่สามารถแยกแยะความแตกต่างของลายเซ็นได้อย่างละเอียด ส่วนมากจะใช้ลักษณะเด่นหลาย ๆ อย่างประกอบกัน ลักษณะเด่นที่นิยมใช้มีด้วยกันหลายอย่างเช่น ตำแหน่งของลายเซ็น ขนาดของลายเซ็น แรงกดของนิ้วที่กดลงบนปากกา แรงกดของปากกาที่กดลงบนกระดาษอิเล็กทรอนิกส์ ความเร็ว ความเร่ง [9] และเส้นเวอร์ชวลสไตรค์ คือ เส้นที่เกิดจากกรวยปากกาขึ้น-ลง เป็นต้น ในวิทยานิพนธ์นี้เลือกใช้ลักษณะเด่น คือ ขนาดของลายเซ็น การเปลี่ยนแปลงของพิกัดในแนวนอน การเปลี่ยนแปลงของพิกัดในแนวตั้ง ความเร็ว ความเร่ง และทิศทางของลายเซ็น ส่วนแรงกดและเส้นเวอร์ชวลสไตรค์ไม่สามารถตรวจสอบได้เนื่องจาก กระดาษอิเล็กทรอนิกส์ที่ใช้ไม่มีคุณลักษณะการรับข้อมูลในด้านนี้ดังมีรายละเอียด คือ

4.5.1 ความยาวของลายเซ็น

ขนาดหรือความยาวของลายเซ็น พิจารณาจากระยะทางในแต่ละจุดของลายเซ็นดังรูปที่ 4.19 เนื่องจากลายเซ็นที่มาจากบุคคลคนเดียวกัน การเปลี่ยนแปลงขนาดของลายเซ็นควรมีค่าใกล้เคียงกัน



รูปที่ 4.19 การเปลี่ยนแปลงของพิกัดจุด

$$\text{ดังนั้นการเปลี่ยนแปลงของระยะทางคือ } S = \sqrt{(x_2 - x_1)^2 + (y_2 - y_1)^2} \quad (4.1)$$

4.5.2 การเปลี่ยนแปลงพิกัดในแนวนอน

พิจารณาจากการเปลี่ยนแปลงพิกัดจุดในแนวแกน x โดยหาได้จาก

$$\Delta y = |y_2 - y_1| \quad (4.2)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4.5.3 การเปลี่ยนแปลงพิกัดในแนวตั้ง

พิจารณาจากการเปลี่ยนแปลงพิกัดจุดในแนวแกน y โดยหาได้จาก

$$\Delta x = |(x_2 - x_1)| \quad (4.3)$$

4.5.4 ความเร็ว

โดยพิจารณาจากการเปลี่ยนแปลงของความเร็วยกกับเวลาในการเซ็น จะได้

$$V = \Delta S / \Delta t \quad ; t \in [0, T] \quad (4.4)$$

เมื่อ V คือ ความสัมพันธ์ระหว่างความเร็วและเวลา

ΔS คือ การเปลี่ยนแปลงของระยะทาง

Δt คือ การเปลี่ยนแปลงของเวลา

T คือ เวลาทั้งหมดที่ใช้ในการเซ็น

4.5.5 ความเร่ง

โดยพิจารณาจากการเปลี่ยนแปลงของความเร่งยกกับเวลาในการเซ็น จะได้

$$a = \Delta V / \Delta t \quad ; t \in [0, T] \quad (4.5)$$

เมื่อ a คือ ความสัมพันธ์ระหว่างความเร่งและเวลา

ΔV คือ การเปลี่ยนแปลงของความเร็ว

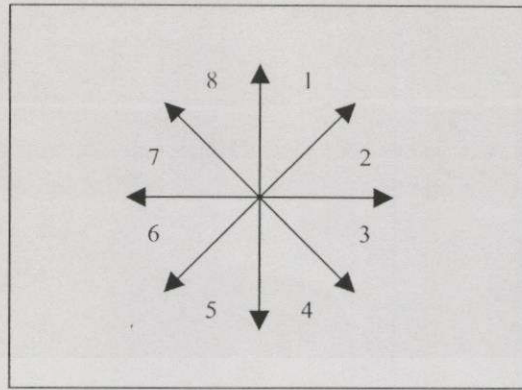
Δt คือ การเปลี่ยนแปลงของเวลา

T คือ เวลาทั้งหมดที่ใช้ในการเซ็น

4.5.6 ทิศทาง

พิจารณาจากการเปลี่ยนแปลงของทิศทางในการเคลื่อนที่ของปากกาแบ่งเป็น 8 ทิศทางคือ

ช่วงที่ 1 ความชัน 46 - 90 องศา	ช่วงที่ 2 ความชัน 0 - 45 องศา
ช่วงที่ 3 ความชัน 316 - 360 องศา	ช่วงที่ 4 ความชัน 271 - 315 องศา
ช่วงที่ 5 ความชัน 226 - 270 องศา	ช่วงที่ 6 ความชัน 181 - 225 องศา
ช่วงที่ 7 ความชัน 136 - 180 องศา	ช่วงที่ 8 ความชัน 91 - 135 องศา ค้างในรูปที่ 4.20



รูปที่ 4.20 การกำหนดทิศทางการเซ็น

ตัวอย่างลายเซ็นที่ตรวจสอบมีลักษณะดังนี้

Weerasak

ข้อมูลลายเซ็นที่ได้ในคือ

weerasak wattanayakorn 3,216,131 5,224,126 10,226,127 16,225,133 21,221,143
 27,220,151 32,219,152 38,219,154 49,224,149 54,230,141 54,235,137 60,235
 138 71,236,146 76,237,151 82,237,152 87,238,151 98,242,140 104,248,129 109,
 250,126 109,252,128 120,244,149 5,245,149 10,249,152 16,253,150 21,258,147
 27,261,142 32,259,140 38,257,140 43,256,144 49,257,150 54,260,152 60,263
 150 65,269,143 71,270,139 76,268,139 87,267,141 93,266,146 93,267,150 98,
 269,151 104,272,151 109,276,148 115,282,139 120,281,136 126,282,137 131,284
 142 137,283,148 142,284,151 148,287,152 153,290,150 159,295,144 164,299,141
 170,304,139 175,306,139 181,304,139 186,300,141 192,297,145 197,296,149 203,
 300,148 208,306,143 214,306,139 219,305,145 225,305,148 230,310,148 236,316
 141 241,320,137 247,322,138 252,321,144 258,318,146 258,316,146 269,315,146
 274,315,146 285,314,147 291,312,148 296,313,148 313,313,147 324,313,144 329,
 313,140 335,313,141 346,315,147 346,318,147 351,322,147 357,324,144 368,327
 142 373,332,139 378,339,139 5,337,137 10,332,138 16,330,144 21,331,148 27,
 335,145 32,340,137 32,340,139 43,341,144 49,345,143 49,350,137 54,357,124
 60,358,117 65,359,111 71,359,112 76,356,120 82,352,133 87,347,144 87,346
 147 98,345,147 104,346,145 109,348,143 120,351,138 120,358,132 126,363,131
 131,363,136 137,362,139 142,356,139 148,355,137 153,354,137 159,356,141 170,
 361,146 175,364,148 181,276,172 5,278,172 10,285,173 16,301,169 21,325,166
 27,340,165 32,349,165 32,355,166 38,354,167 43,375

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

เมื่อคำนวณค่าลักษณะเด่นต่าง ๆ ของลายเซ็นได้ดังตารางที่ 4.2

ตารางที่ 4.2 ลักษณะเด่นที่คำนวณได้ของลายเซ็นที่ตรวจสอบ

ลักษณะเด่น	ค่าที่คำนวณได้
ความยาว	6.1649005176E+02
การเปลี่ยนแปลงในแนวนอน	2.0200000000E+02
การเปลี่ยนแปลงในแนวตั้ง	1.5000000000E-01
ความเร็ว	7.3997569866E-01
ความเร่ง	1.4216281896E-01
ทิศทาง	5588172342511814788291775482774554184771242 1121343837211238113632481447252144567846317 448511744815588771224812784241598811119

4.6 โครโมโซมลายเซ็น

การตรวจสอบลายเซ็นแบบออนไลน์ ค่าพิกัดจุดและเวลาของทั้งลายเซ็นในฐานะข้อมูลจะถูกแปลงให้อยู่ในรูปของโครโมโซม [2] โดยอยู่ในรูปของสตริง ดังแสดงในรูปที่ 4.21

	< --- Part 1 --- >		< --- Part 2 --- >		< --- Part 3 --- >		...		< --- Part n --- >	
1	x_1, y_1, t_1	x_2, y_2, t_2	x_3, y_3, t_3	...	x_n, y_n, t_n					
:										
2	x_1, y_1, t_1	x_2, y_2, t_2	x_3, y_3, t_3	...	x_n, y_n, t_n					
:										
i	x_1, y_1, t_1	x_2, y_2, t_2	x_3, y_3, t_3	...	x_n, y_n, t_n					

รูปที่ 4.21 โครโมโซมลายเซ็น

โดยที่ x_1, y_1, t_1 คือ พิกัดจุด (x,y) และเวลา (t) ในการเซ็นจุดที่ 1
 x_2, y_2, t_2 คือ พิกัดจุด (x,y) และเวลา (t) ในการเซ็นจุดที่ 2
 x_n, y_n, t_n คือ พิกัดจุด (x,y) และเวลา (t) ในการเซ็นจุดที่ n
 i คือ คนที่เซ็น

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4.7 การดำเนินการทางพันธุศาสตร์

4.7.1 การครอสโอเวอร์

การครอสโอเวอร์เป็นตัวดำเนินการแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซมพ่อแม่ ตามอัตราความน่าจะเป็น (Probability of Crossover : P_c) และเป็นการครอสโอเวอร์แบบอ้างอิงตำแหน่ง (Position base Crossover) ตัวอย่างเช่น

S1(โครโมโซมที่ 1) คือ

Part 1	Part 2	Part 3	Part 4	Part 5	...	Part n
--------	--------	--------	--------	--------	-----	--------

ตำแหน่งการครอสโอเวอร์ -> * *

S2(โครโมโซมที่ 2) คือ

Part a	Part b	Part c	Part d	Part e	...	Part m
--------	--------	--------	--------	--------	-----	--------

ตำแหน่งการครอสโอเวอร์ -> * *

เมื่อทำการครอสโอเวอร์แล้วจะมีการแลกเปลี่ยนค่าในแต่ละบิตของโครโมโซม ทำให้เกิดโครโมโซมใหม่คือ

CH1(โครโมโซมใหม่ลำดับที่ 1)

Part 1	Part 2	Part c	Part 4	Part e	...	Part n
--------	--------	--------	--------	--------	-----	--------

CH2(โครโมโซมใหม่ลำดับที่ 2)

Part a	Part b	Part 3	Part d	Part 5	...	Part m
--------	--------	--------	--------	--------	-----	--------

4.7.2 การมิวเตชัน

การเป็นตัวดำเนินการผ่าเหล่า ซึ่งอาจช่วยให้โครโมโซมมีค่าความเหมาะสมมากขึ้น หลังการครอสโอเวอร์ โดยการสลับค่าบิต ตามอัตราความน่าจะเป็นของการมิวเตชัน (Probability of Mutation : P_m) และเป็นการมิวเตชันแบบอ้างอิงตำแหน่ง (Position base Mutation) ตัวอย่างเช่น

S1(โครโมโซมที่ 1) คือ

Part 1	Part 2	Part 3	Part 4	Part 5	...	Part n
--------	--------	--------	--------	--------	-----	--------

ตำแหน่งการมิวเตชัน -> * *

เมื่อทำการมิวเตชันแล้วจะมีการสลับค่าของบิต และจะได้โครโมโซมใหม่ คือ

CH1(โครโมโซมใหม่ลำดับที่ 1)

Part 1	Part 2	Part 4	Part 3	Part 5	...	Part n
--------	--------	--------	--------	--------	-----	--------

4.8 ขั้นตอนการทำงาน

1. สร้างประชากรรุ่นเก่า คือโครโมโซมหลายเส้นเริ่มต้น กำหนดจากหลายเส้นในฐานข้อมูล โดยกำหนดรูปแบบตามลักษณะที่กล่าวไว้
2. วิเคราะห์ค่าความเหมาะสม โดยคำนวณค่าความคล้ายของหลายเส้นจากฐานข้อมูลเทียบกับหลายเส้นที่ตรวจสอบ มีฟังก์ชันเป้าหมายคือ

$$f = \sum_{i=1}^n d_i = \sum_{i=1}^n \sqrt{F_u^2 - F_l^2} \quad (4.6)$$

เมื่อ d_i คือ ค่าความคล้ายของหลายเส้น

F_u คือ ค่าลักษณะเด่นต่าง ๆ ของหลายเส้นในฐานข้อมูล

F_l คือ ค่าลักษณะเด่นต่าง ๆ ของหลายเส้นที่ตรวจสอบ

n คือ จำนวนหลายเส้นทั้งหมด

3. คัดเลือกสร้าง mating pool โดยอาศัยสุ่มค่าคัดเลือกสร้างโครโมโซมหลายเส้นพ่อแม่ จากฐานข้อมูลหลายเส้น เพื่อสร้างโครโมโซมหลายเส้นลูกหลานต่อไป
 4. ดำเนินการทางพันธุศาสตร์ โดยการครอสโอเวอร์และมิวเตชัน
- ขั้นตอนต่าง ๆ จะถูกปฏิบัติซ้ำ ๆ จนกระทั่งถึงเงื่อนไขและรุ่นที่กำหนด หรือค่าความเหมาะสมมีค่ามากกว่าค่าขอบเขตในการยอมรับหลายเส้น

บทที่ 5

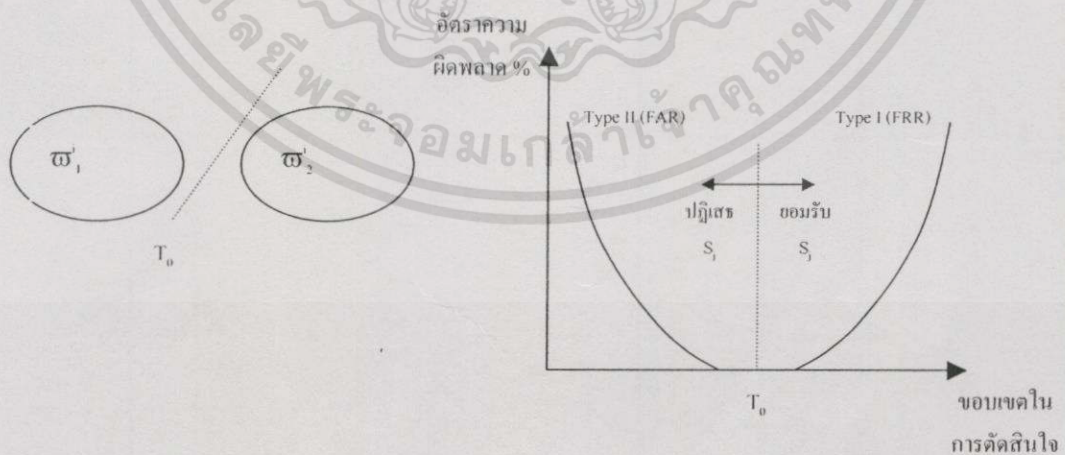
การเปรียบเทียบลายเซ็น

5.1 ความแตกต่างของลายเซ็น

ถึงแม้ว่าลายเซ็นมีการเขียนอยู่เป็นประจำ แต่ก็มีความไม่แน่นอนหรือความคลาดเคลื่อนเกิดขึ้นได้เสมอซึ่งอาจเกิดจากความคลาดเคลื่อนของเจ้าของลายเซ็นเอง หรือผู้อื่นปลอมแปลงขึ้น ดังนั้น การพิจารณาตรวจสอบความถูกต้องของลายเซ็นจะมีอยู่ 2 ประเภทคือ ลายเซ็นที่เป็นลายเซ็นจริง (\mathcal{C}_1) และลายเซ็นที่เป็นลายเซ็นปลอม (\mathcal{C}_2) โดยมีการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นอยู่ 2 อย่าง คือ

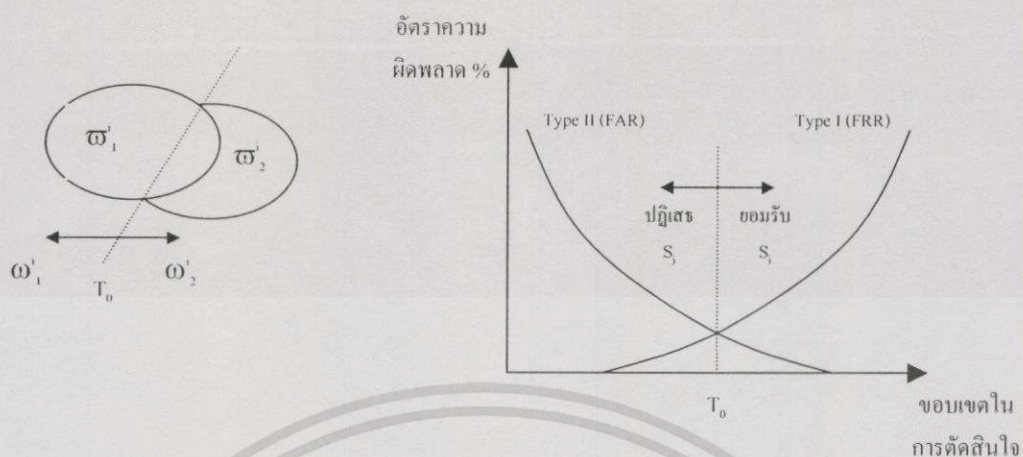
1. การเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นภายในกลุ่ม (Intraclass or Intrapersonal variability : V_{wi}) คือ การเปลี่ยนแปลงที่เกิดจากลายเซ็นจริง (\mathcal{C}_1) จากบุคคล (i) คนเดียวกัน
2. การเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นระหว่างกลุ่ม (Interclass or Interpersonal variability : V_{bi}) คือ การเปลี่ยนแปลงที่เกิดจากความแตกต่างระหว่างลายเซ็นจริง (\mathcal{C}_1) และ (\mathcal{C}_2) จากบุคคล (i) และบุคคล (j)

ในทางทฤษฎี การเปลี่ยนแปลงหรือความแตกต่างที่เกิดขึ้นภายในกลุ่ม (V_{wi}) ต้องมีค่าน้อยสุด เท่าที่จะเป็นไปได้ และการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นระหว่างกลุ่ม (V_{bi}) ต้องมีค่ามากที่สุดเท่าที่จะแบ่งแยกความแตกต่างได้ แต่ในทางปฏิบัติไม่สามารถแยกการเปลี่ยนแปลงทั้ง 2 ประเภทนี้ได้อย่างชัดเจน ดังในรูปที่ 5.1 และ 5.2



รูปที่ 5.1 แสดงการแบ่งประเภทของความแตกต่างระหว่างกลุ่มในทางทฤษฎี

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 5.2 แสดงการแบ่งประเภทของความแตกต่างระหว่างกลุ่มในทางปฏิบัติ

จะเห็นว่า การตรวจสอบลายเซ็นจะมีโอกาสยอมรับและปฏิเสธลายเซ็นในกรณีต่อไปนี้

1. การยอมรับลายเซ็นจริง (ω_1) คือ การยอมรับลายเซ็นที่ตรวจสอบ (S_j) ซึ่งเป็นลายเซ็นเดียวกับลายเซ็นในฐานข้อมูล (R_j) คือ $d(S_j, R_j) > T_0$ เมื่อ $j = i$
2. การยอมรับลายเซ็นปลอม (FA) คือ การยอมรับลายเซ็นที่ตรวจสอบ (S_j) ซึ่งมีความคล้ายกับลายเซ็นในฐานข้อมูล (R_j) คือ $d(S_j, R_j) > T_0$ เมื่อ $j \neq i$
3. การปฏิเสธลายเซ็นจริง (FR) คือ การปฏิเสธลายเซ็นที่ตรวจสอบ (S_j) ซึ่งมีความแตกต่างกับลายเซ็นในฐานข้อมูล (R_j) แต่เป็นการเซ็นของบุคคลคนเดียวกัน คือ $d(S_j, R_j) < T_0$ เมื่อ $j = i$
4. การปฏิเสธลายเซ็นปลอม (ω_2) คือ การปฏิเสธลายเซ็นที่ตรวจสอบ (S_j) ซึ่งเป็นลายเซ็นเดียวกับฐานข้อมูล (R_j) และเกิดจากการเซ็นคนละบุคคลกัน คือ $d(S_j, R_j) < T_0$ เมื่อ $j \neq i$

โดยที่ $d(S_j, R_j)$ คือ ค่าความคล้ายระหว่างลายเซ็นที่ต้องการตรวจสอบกับลายเซ็นในฐานข้อมูล และ T_0 คือ ค่าขอบเขตในการยอมรับลายเซ็น

ดังนั้น ความน่าจะเป็นในการยอมรับลายเซ็นจริง ω_1 คือ

$$\omega_1 = \omega_1 + FA - FR$$

ความน่าจะเป็นในการปฏิเสธลายเซ็นปลอม ω_2 คือ

$$\omega_2 = \omega_2 + FR - FA$$

การประเมินประสิทธิภาพความถูกต้องของระบบวัดจากอัตราการผลิต 2 ประเภทที่เกิดขึ้นคือ การปฏิเสธลายเซ็นจริง Type I Error : FRR (False Rejection error Rates) และ การยอมรับลายเซ็นปลอม Type II Error : FAR (False Acceptation error Rates)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

5.2 กำขอบเขตที่ใช้ในการตัดสินใจ

การตัดสินใจยอมรับลายเซ็นจริงหรือปฏิเสธลายเซ็นปลอม โดยอาศัยค่าขอบเขต T_0 เป็นเกณฑ์ในการตัดสินใจ และพิจารณาจากความคล้ายของลายเซ็นในฐานข้อมูลโดย

ยอมรับลายเซ็นจริง เมื่อ

$$d(S_j, R_i) > T_0$$

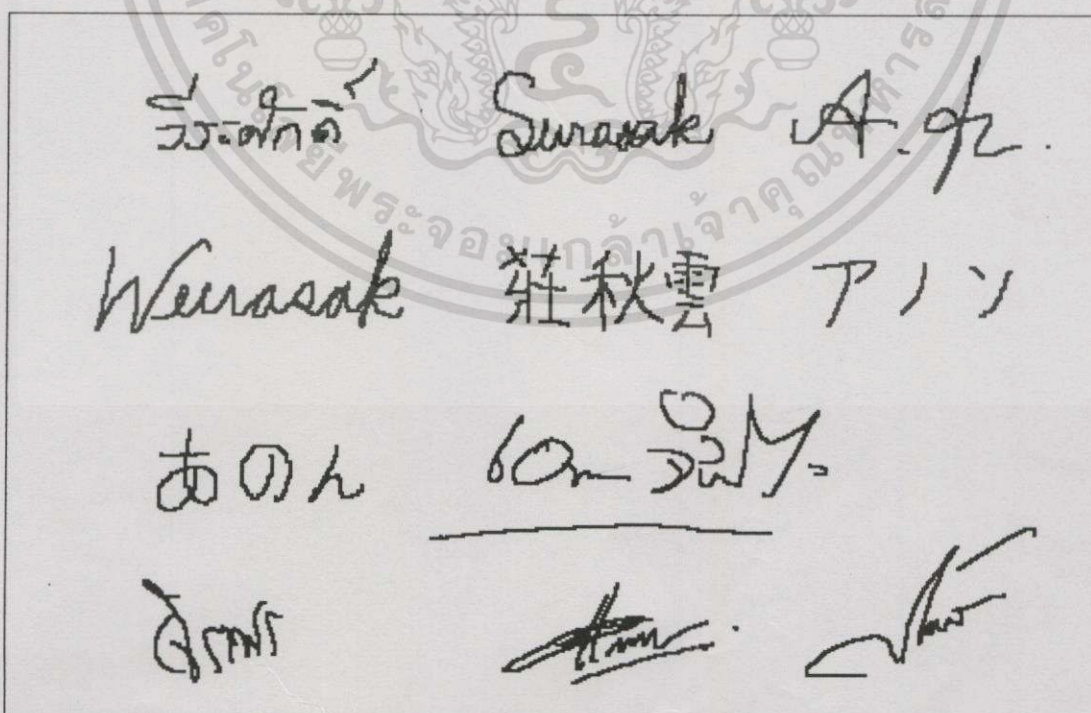
และปฏิเสธลายเซ็นปลอม เมื่อ

$$d(S_j, R_i) < T_0$$

ซึ่งค่า T_0 ขึ้นอยู่กับงานแต่ละประเภท งานที่ต้องการความปลอดภัยมาก ต้องเลือกใช้ค่า T_0 สูง เพื่อให้มีโอกาสการปฏิเสธลายเซ็นปลอมสูง ส่วนงานบางอย่างที่ไม่ต้องการความปลอดภัยมากนัก อาจเลือกค่า T_0 ต่ำลงมา ทำให้โอกาสการปฏิเสธลายเซ็นปลอมต่ำลงไปด้วย

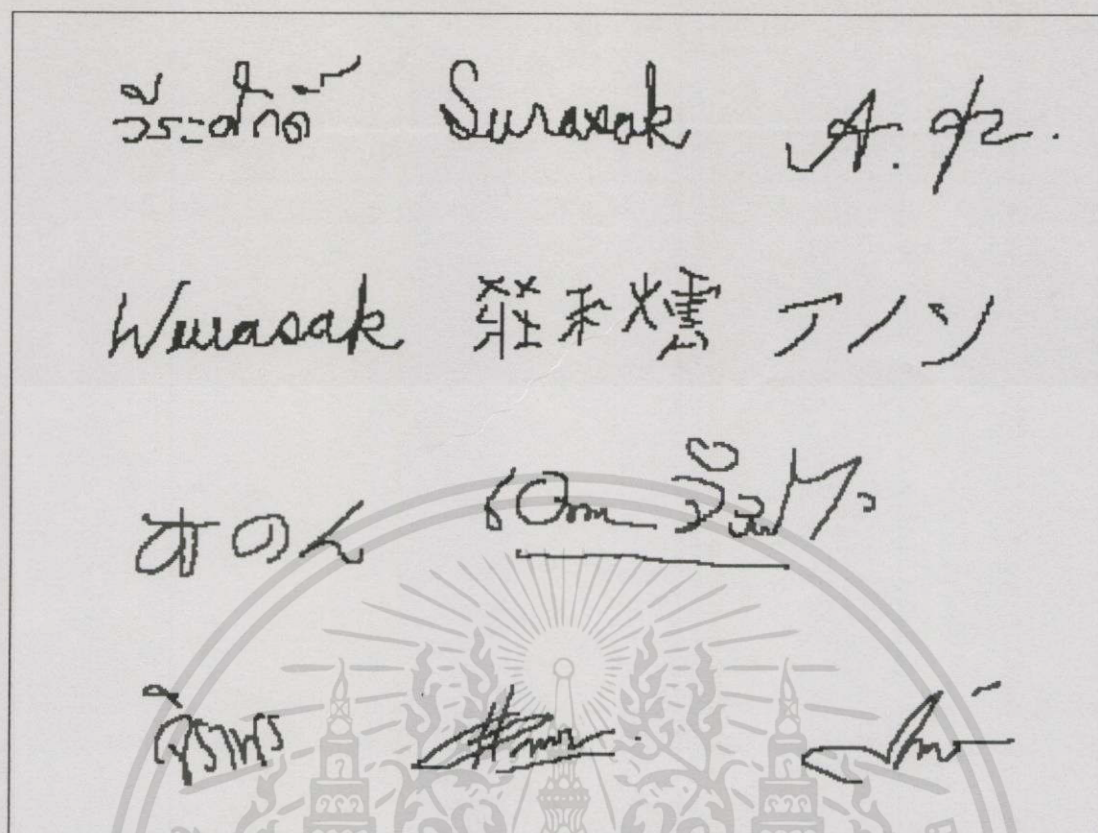
5.3 วิธีการทดลอง

การทดลองในเบื้องต้นได้ทดลองใช้ผู้เซ็นจำนวน 20 คน เซ็นชื่อเก็บไว้ในฐานข้อมูลคนละ 20 ลายเซ็น จากนั้นทดลองเซ็นจากเจ้าของลายเซ็น เพื่อตรวจสอบคนละ 5 ครั้งจำนวน 100 ลายเซ็น ดังรูปที่ 5.3 และทดลองให้ผู้อื่นปลอมลายเซ็น โดยแบ่งเป็น 2 กลุ่มคือผู้ที่มีความชำนาญในการปลอมลายเซ็น ทดลองเซ็นคนละ 5 ครั้งจำนวน 100 ลายเซ็น ดังรูปที่ 5.4 และผู้ที่ไม่มีความชำนาญในการปลอมลายเซ็น ทดลองเซ็นคนละ 5 ครั้งจำนวน 100 ลายเซ็นเช่นกัน ดังรูปที่ 5.5 โดยวิธีการปลอมลายเซ็นให้เจ้าของลายเซ็น เซ็นให้ดูเป็นตัวอย่าง

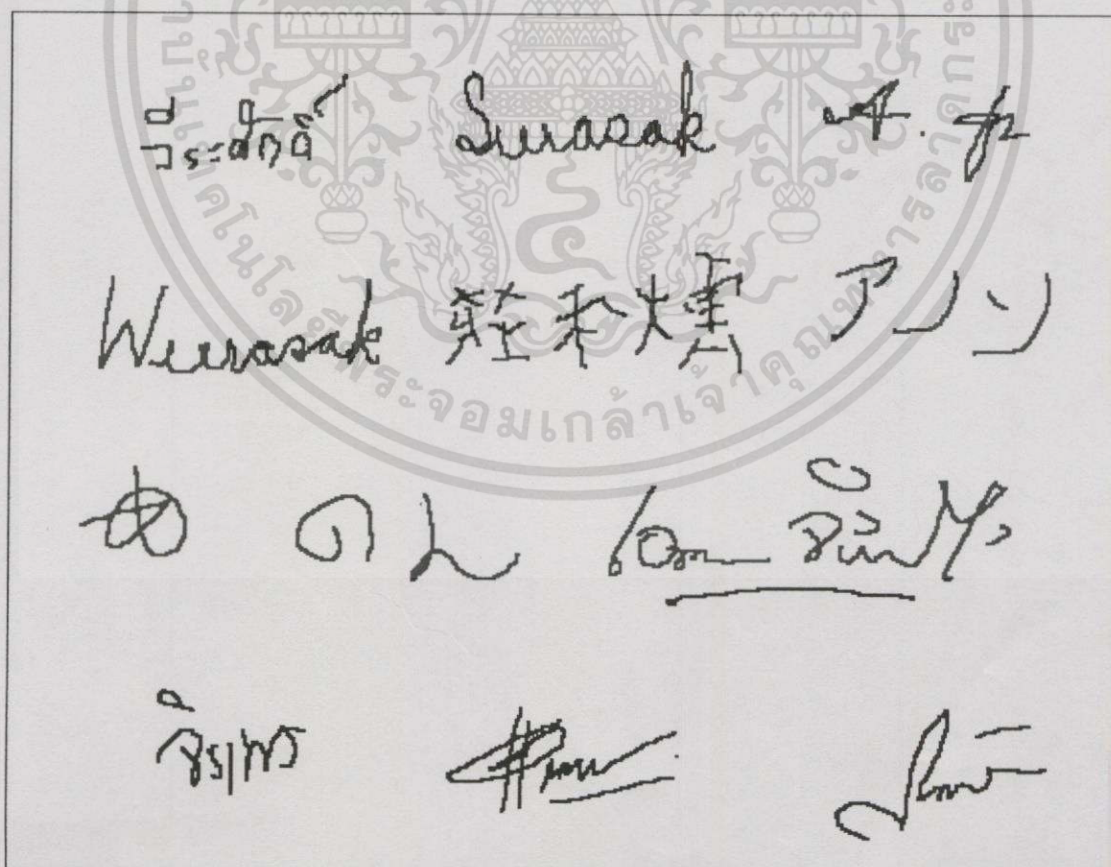


รูปที่ 5.3 ลายเซ็นจริงจากเจ้าของลายเซ็น

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 5.4 ลายเซ็นปลอมที่เหมือน



รูปที่ 5.5 ลายเซ็นปลอมที่ไม่เหมือน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

5.4 ผลการทดลอง

จินตคณิตคอร์ทิมสามารถสร้างโครโมโซมลายเซ็นใหม่ ซึ่งเกิดจากลายเซ็นเดิมในฐานะข้อมูล สำหรับตรวจสอบลายเซ็นที่เกิดจากความคลาดเคลื่อนของเจ้าของลายเซ็นเอง โดยใช้ค่าอัตราความน่าจะเป็นสำหรับการครอสโอเวอร์ (P_c) เท่ากับ 0.6 ค่าอัตราความน่าจะเป็นสำหรับการมิวเตชัน (P_m) เท่ากับ 0.003 เลือกใช้ค่าขอบเขตในการยอมรับลายเซ็นที่ $T_0 = 0.7$ คือ ความผิดพลาดในการปฏิเสธลายเซ็นจริง (Type I Error) เท่ากับความผิดพลาดในการยอมรับลายเซ็นปลอม (Type II Error) ผลการทดลองเบื้องต้นพบว่าจากลายเซ็นทั้งหมดจำนวน 300 ลายเซ็น ยอมรับลายเซ็นจริง 89 ลายเซ็น ปฏิเสธลายเซ็นปลอมที่เหมือน 91 ลายเซ็น และปฏิเสธลายเซ็นปลอมที่ไม่เหมือน 96 ลายเซ็น ดังแสดงในตารางที่ 5.1

ความผิดพลาดในการปฏิเสธลายเซ็นจริงในกลุ่มที่มีการปลอมลายเซ็นเหมือน เท่ากับ 11 เปอร์เซ็นต์ ความผิดพลาดในการยอมรับลายเซ็นปลอม เท่ากับ 9 เปอร์เซ็นต์ ความผิดพลาดในการปฏิเสธลายเซ็นจริงในกลุ่มที่มีการปลอมลายเซ็นไม่เหมือน เท่ากับ 11 เปอร์เซ็นต์ และความผิดพลาดในการยอมรับลายเซ็นปลอม เท่ากับ 4 เปอร์เซ็นต์ ดังแสดงในตารางที่ 5.2 ความน่าจะเป็นในการยอมรับลายเซ็นจริง (ω_1) ในกลุ่มลายเซ็นที่ปลอมเหมือนเท่ากับ 0.87 ในกลุ่มลายเซ็นที่ปลอมไม่เหมือนเท่ากับ 0.82 ส่วนความน่าจะเป็นในการปฏิเสธลายเซ็นปลอม (ω_2) ในกลุ่มลายเซ็นที่ปลอมเหมือนเท่ากับ 0.93 ในกลุ่มลายเซ็นที่ปลอมไม่เหมือนเท่ากับ 1.03 ดังแสดงในตารางที่ 5.3

โดยกราฟความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนคนที่เซ็นกับจำนวนลายเซ็นในกลุ่มแรก และกลุ่มที่สอง แสดงในรูปที่ 5.6 และ 5.7 กราฟความสัมพันธ์ระหว่างอัตราความผิดพลาดทั้ง 2 ประเภทกับค่าขอบเขตที่ใช้เลือกในการตัดสินใจ แสดงในรูปที่ 5.8 การเลือกค่าขอบเขตที่มีค่าสูงจะทำให้การตรวจสอบลายเซ็นมีความน่าเชื่อถือและปลอดภัยมากกว่า แต่ก็จะมีผลทำให้การปฏิเสธลายเซ็นจริงมากขึ้นตามไปด้วย ดังกราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าขอบเขตที่เลือกกับเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องในรูปที่ 5.9

ความถูกต้องของระบบตรวจสอบลายเซ็นในกลุ่มแรกเท่ากับ 91 เปอร์เซ็นต์ และในกลุ่มที่สองเท่ากับ 96 เปอร์เซ็นต์ ดังกราฟในรูปที่ 5.10 และ 5.11 เปรียบเทียบความถูกต้องของระบบตรวจสอบลายเซ็นของทั้ง 2 กลุ่ม ดังกราฟในรูปที่ 5.12 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับความน่าจะเป็นในการปฏิเสธลายเซ็นปลอมของทั้ง 2 กลุ่ม แสดงดังรูปที่ 5.13 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับความน่าจะเป็นในการยอมรับลายเซ็นจริงของทั้ง 2 กลุ่ม แสดงดังรูปที่ 5.14

ความสัมพันธ์ระหว่างคนที่เซ็นกับความน่าจะเป็นในการปฏิเสธลายเซ็นปลอมและความน่าจะเป็นในการยอมรับลายเซ็นจริงแสดงในรูปที่ 5.15 และ รูปที่ 5.16 สรุptyกกราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับอัตราความผิดพลาดทั้ง 2 ประเภทในกลุ่มแรก กลุ่มที่ 2 และทั้ง 2 กลุ่มเปรียบเทียบกัน แสดงดังรูปที่ 5.17 รูปที่ 5.18 และรูปที่ 5.19 ตามลำดับ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 5.1 แสดงผลการตรวจสอบลายเซ็น

ผู้เซ็นคนที่	ยอมรับลายเซ็นจริง	ปฏิเสธลายเซ็น ปลอมที่เหมือน	ปฏิเสธลายเซ็น ปลอมที่ไม่เหมือน
1	5	4	4
2	4	5	5
3	5	5	5
4	4	5	5
5	5	4	5
6	5	4	5
7	3	5	5
8	5	4	4
9	4	5	5
10	5	4	5
11	4	5	5
12	5	4	4
13	5	4	5
14	4	5	5
15	5	5	4
16	3	4	5
17	4	5	5
18	4	5	5
19	5	4	5
20	5	5	5
รวม	89	91	96

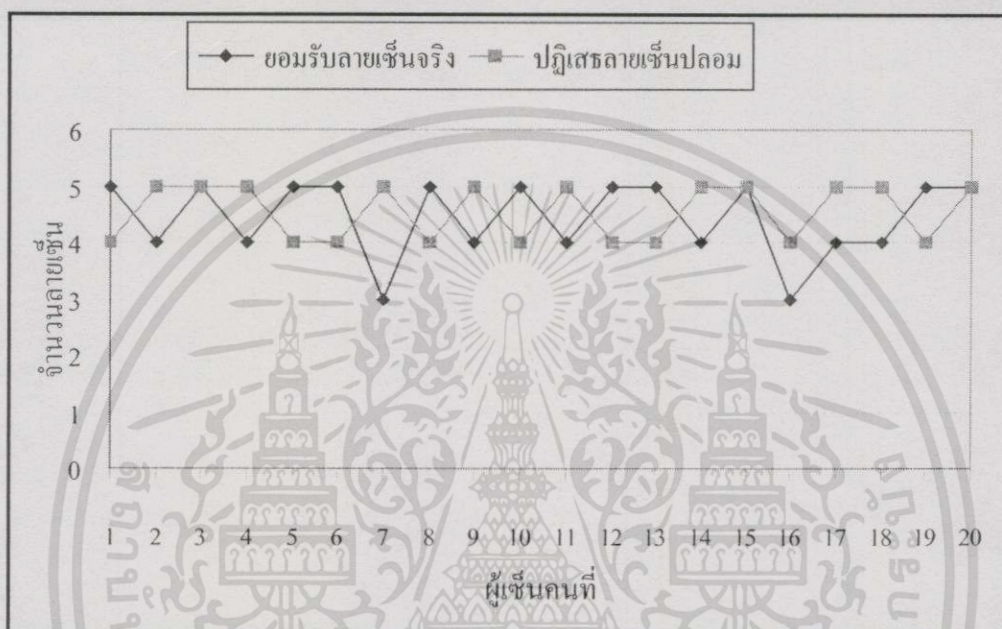
ตารางที่ 5.2 แสดงการเปรียบเทียบอัตราความผิดพลาดทั้ง 2 กลุ่ม

อัตราความผิดพลาด	ลายเซ็นปลอมที่เหมือน	ลายเซ็นที่ปลอมที่ไม่เหมือน
Type I Error	0.11	0.11
Type II Error	0.09	0.04

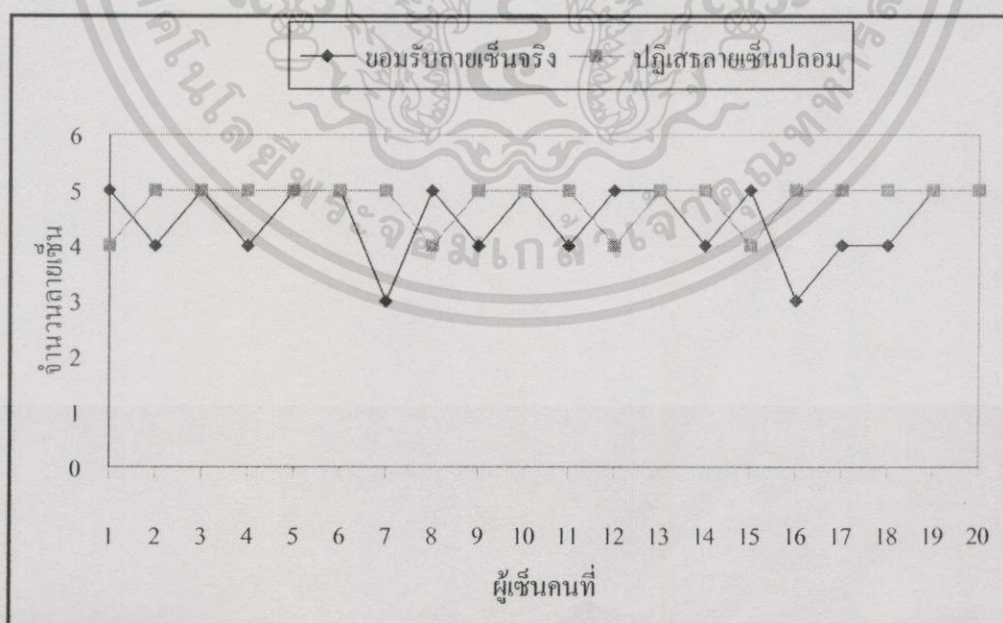
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 5.3 แสดงการเปรียบเทียบความน่าจะเป็นในการยอมรับลายเซ็นจริง และปฏิเสธลายเซ็นปลอมของทั้ง 2 กลุ่ม

ความน่าจะเป็น	ลายเซ็นปลอมที่เหมือน	ลายเซ็นปลอมที่ไม่เหมือน
ยอมรับลายเซ็นจริง	0.87	0.82
ปฏิเสธลายเซ็นปลอม	0.93	1.03

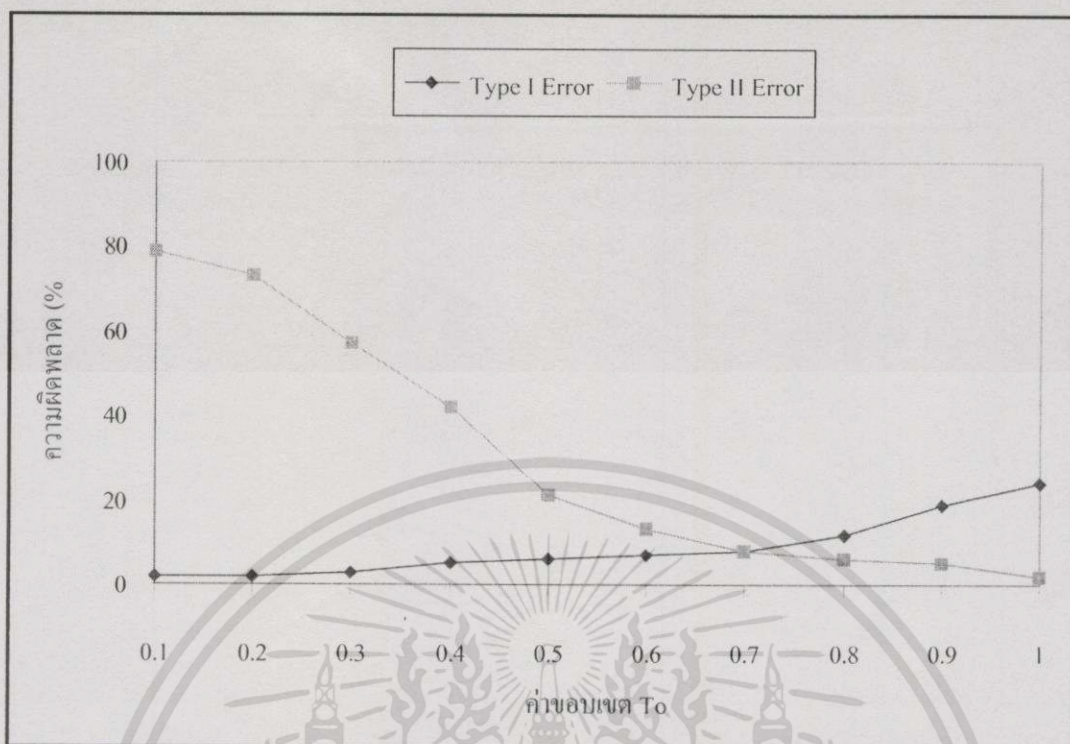


รูปที่ 5.6 กราฟความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนคนที่เซ็นกับจำนวนลายเซ็นในกลุ่มแรก

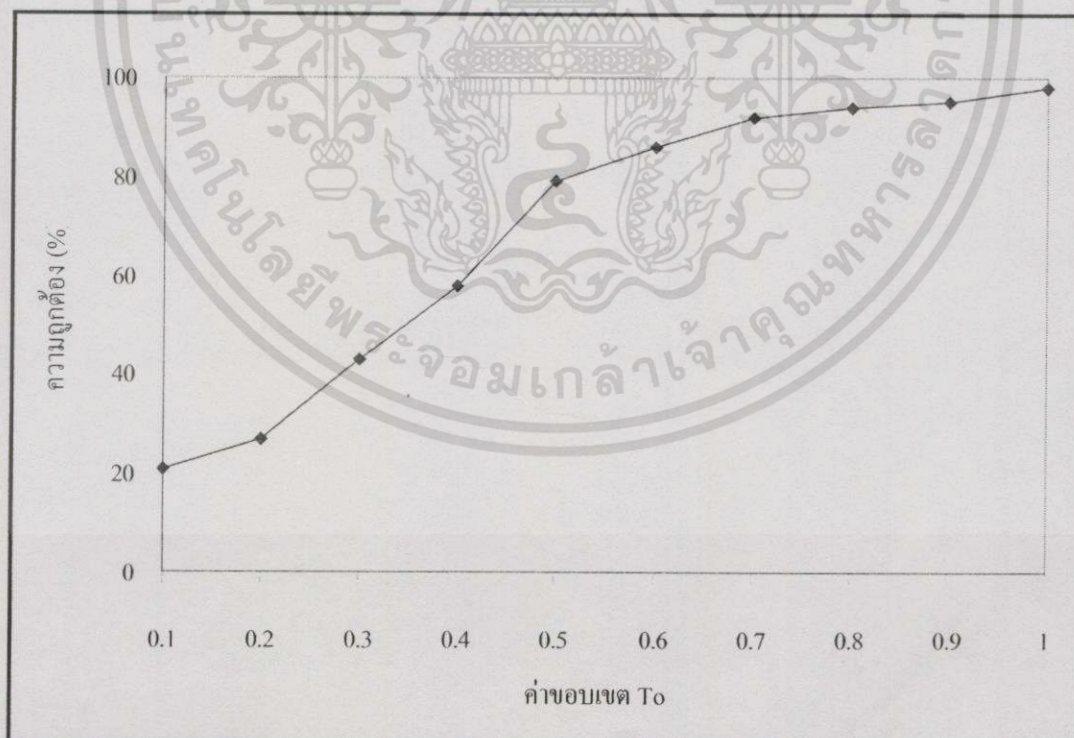


รูปที่ 5.7 กราฟความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนคนที่เซ็นกับจำนวนลายเซ็นในกลุ่มที่สอง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

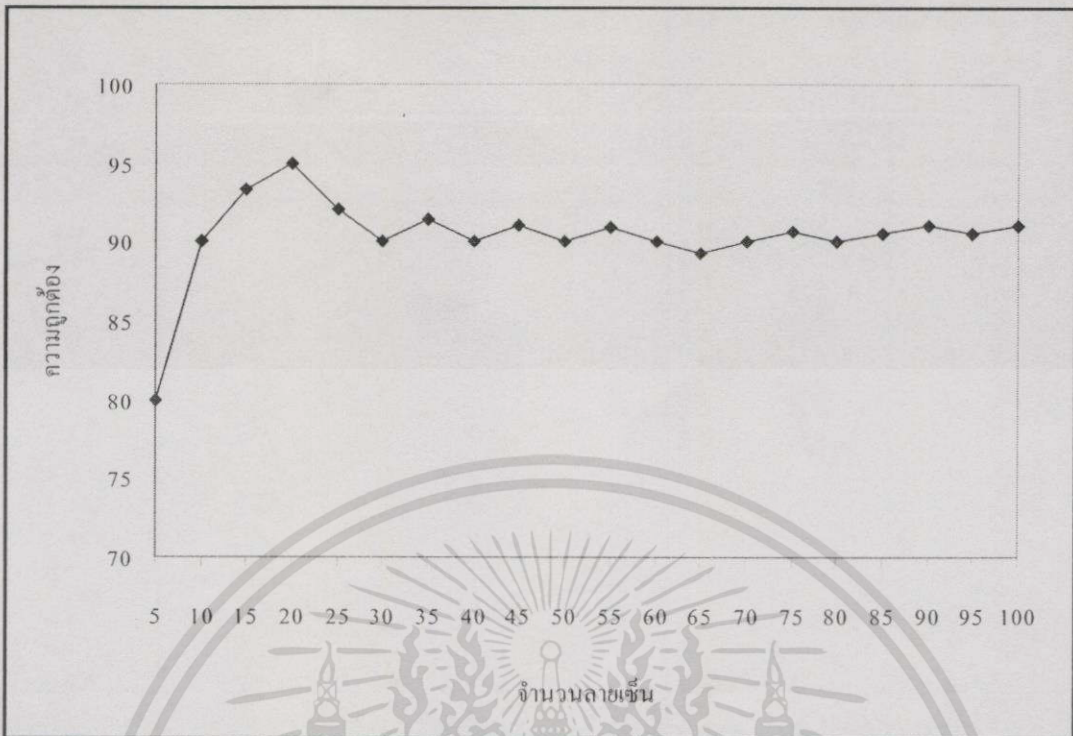


รูปที่ 5.8 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างการเลือกค่า T_0 สำหรับแบ่งความแตกต่างระหว่างกลุ่มกับอัตราความผิดพลาด

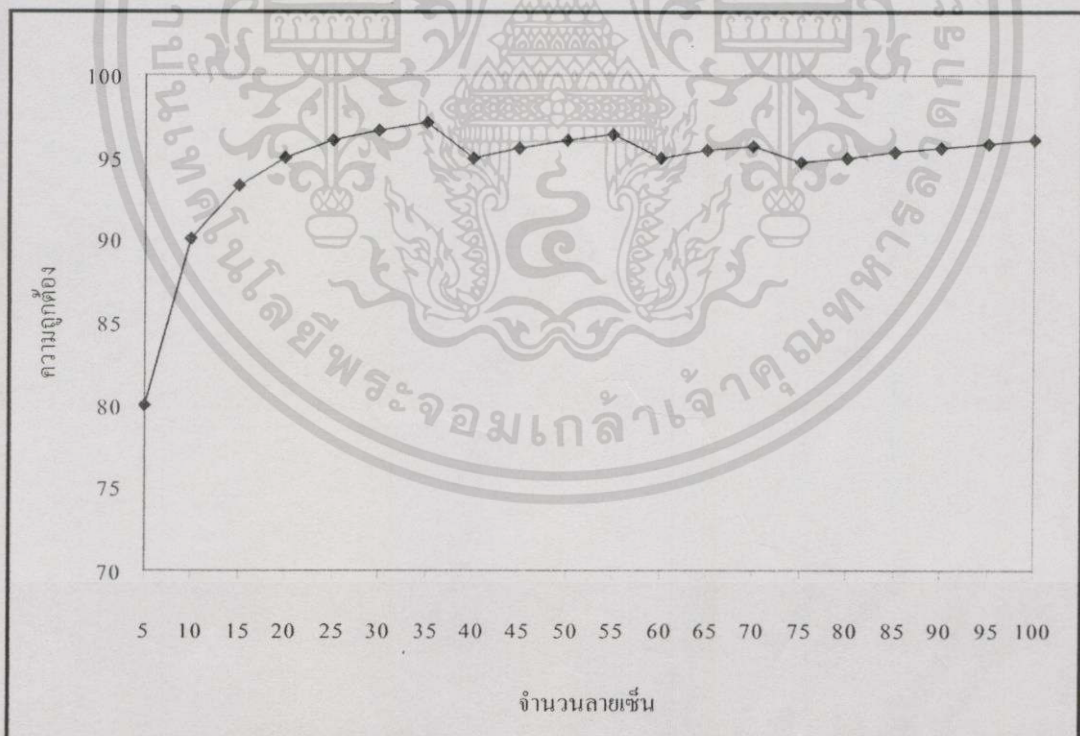


รูปที่ 5.9 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าขอบเขตกับเปอร์เซ็นต์ความถูกต้อง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

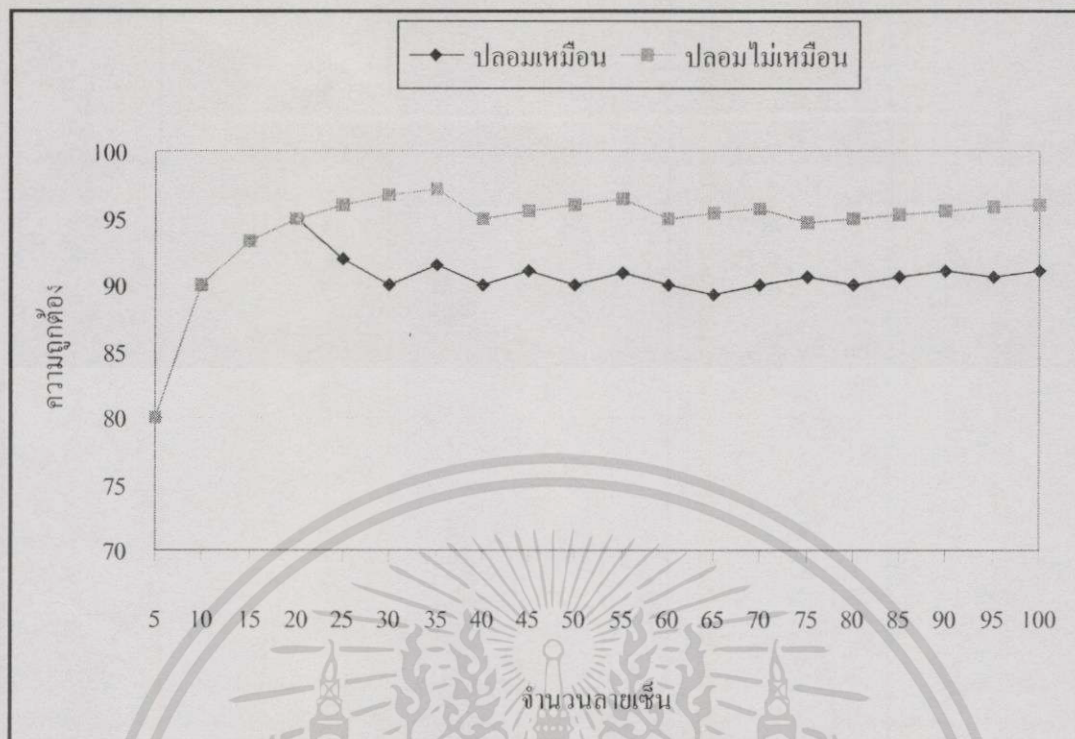


รูปที่ 5.10 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องในกลุ่มแรก

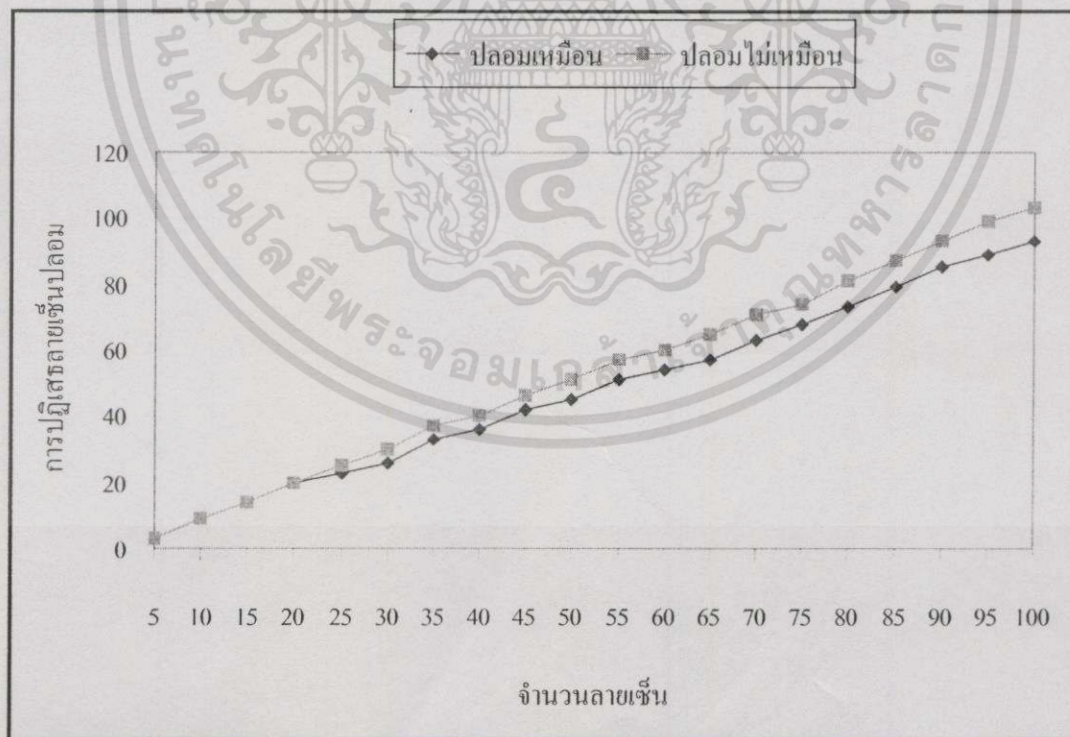


รูปที่ 5.11 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องในกลุ่มที่ 2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

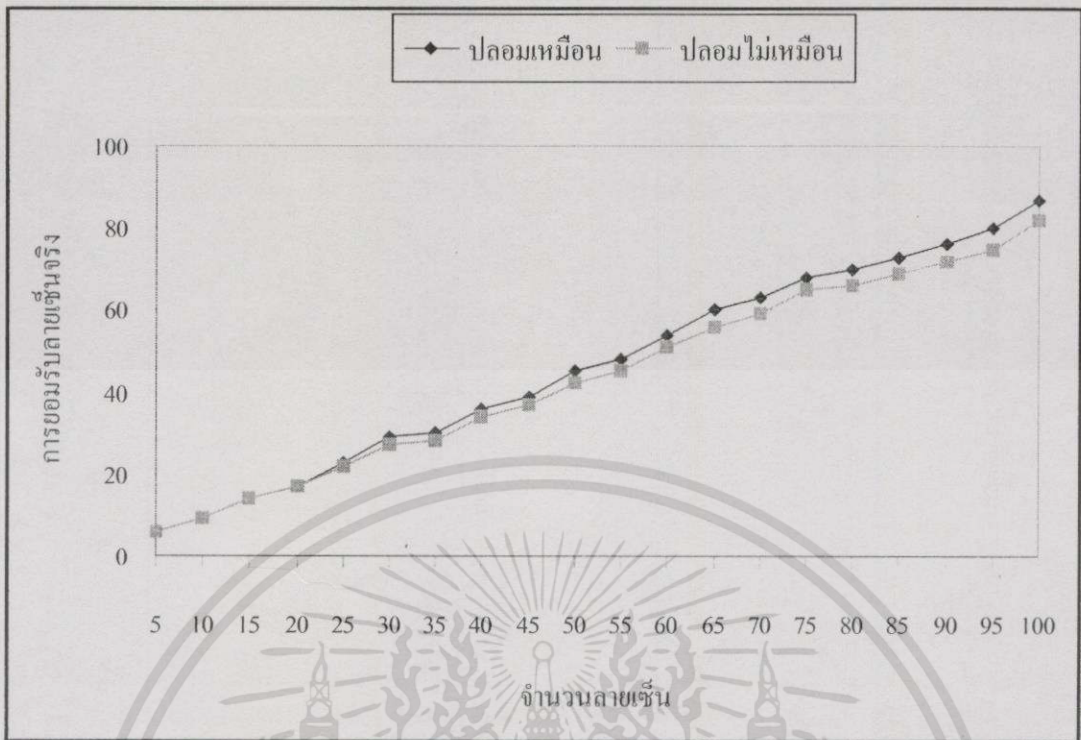


รูปที่ 5.12 กราฟแสดงการเปรียบเทียบระหว่างจำนวนล่ายเซ็นกับเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องทั้ง 2 กลุ่ม

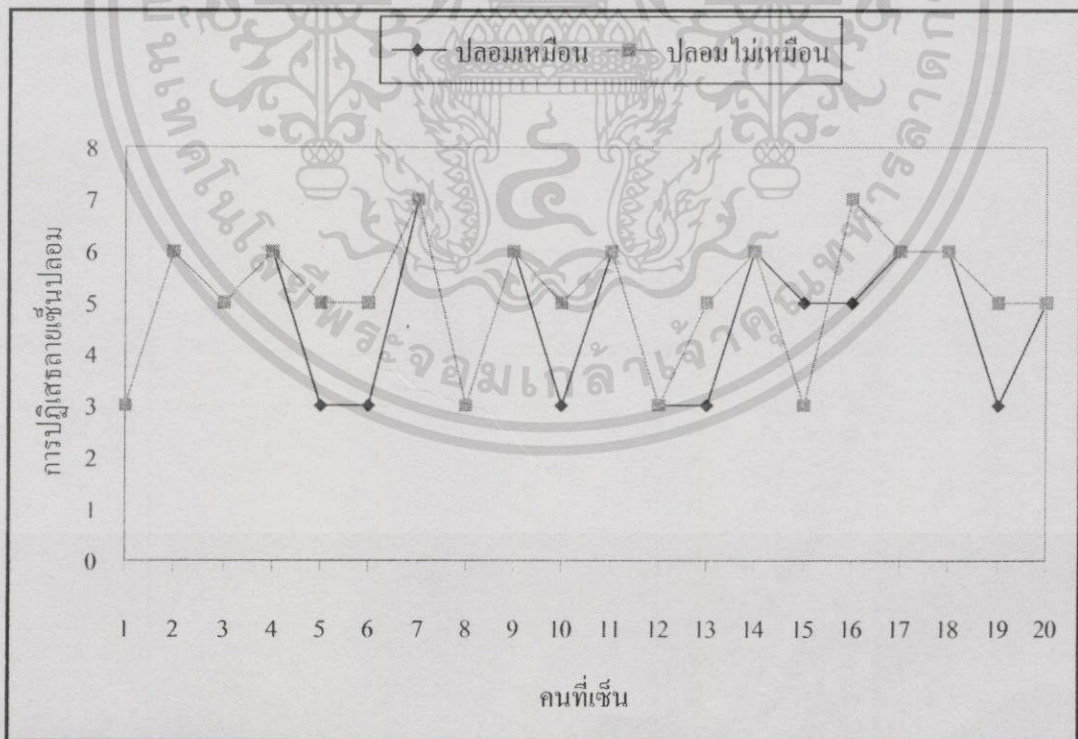


รูปที่ 5.13 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนล่ายเซ็นกับความน่าจะเป็นในการปฏิเสธล่ายเซ็นปลอม ω_2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

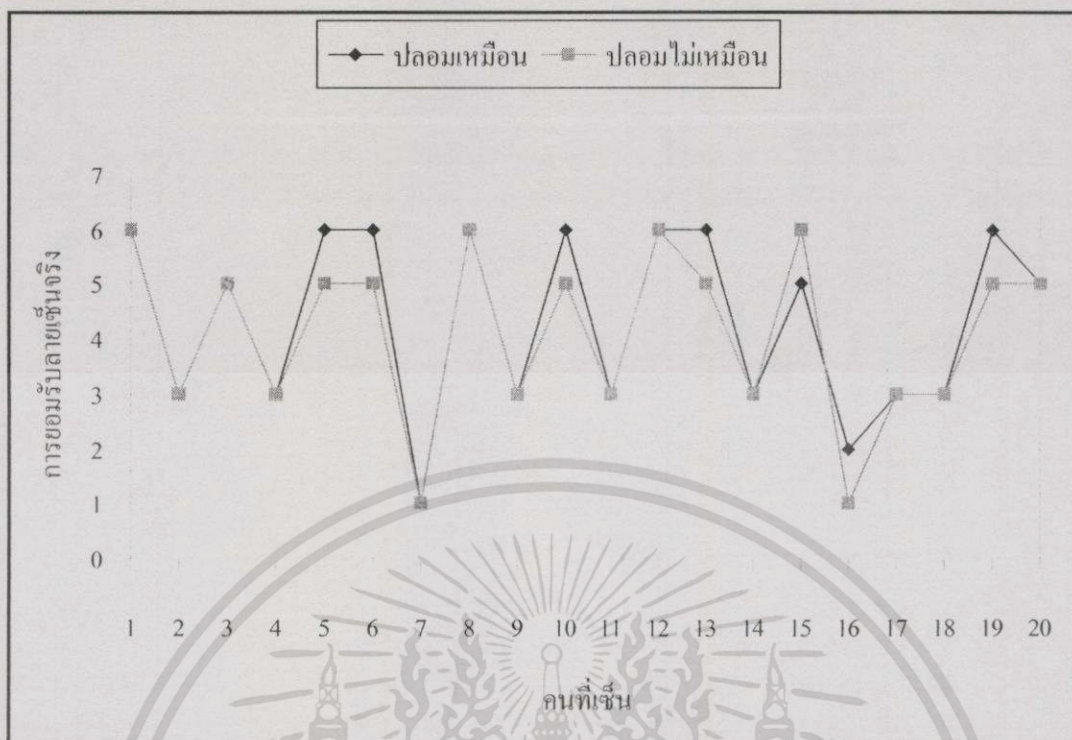


รูปที่ 5.14 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับความน่าจะเป็นในการยอมรับลายเซ็นจริง ω_1

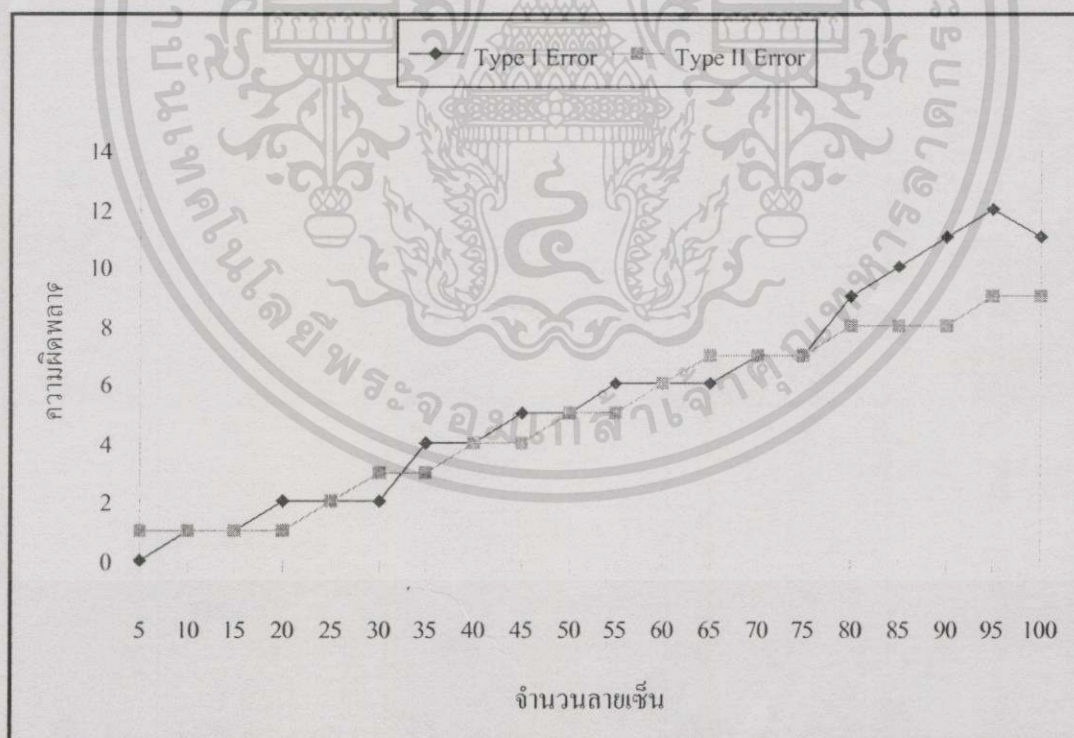


รูปที่ 5.15 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างผู้เซ็นกับความน่าจะเป็นการปฏิเสธลายเซ็นปลอม ω_2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

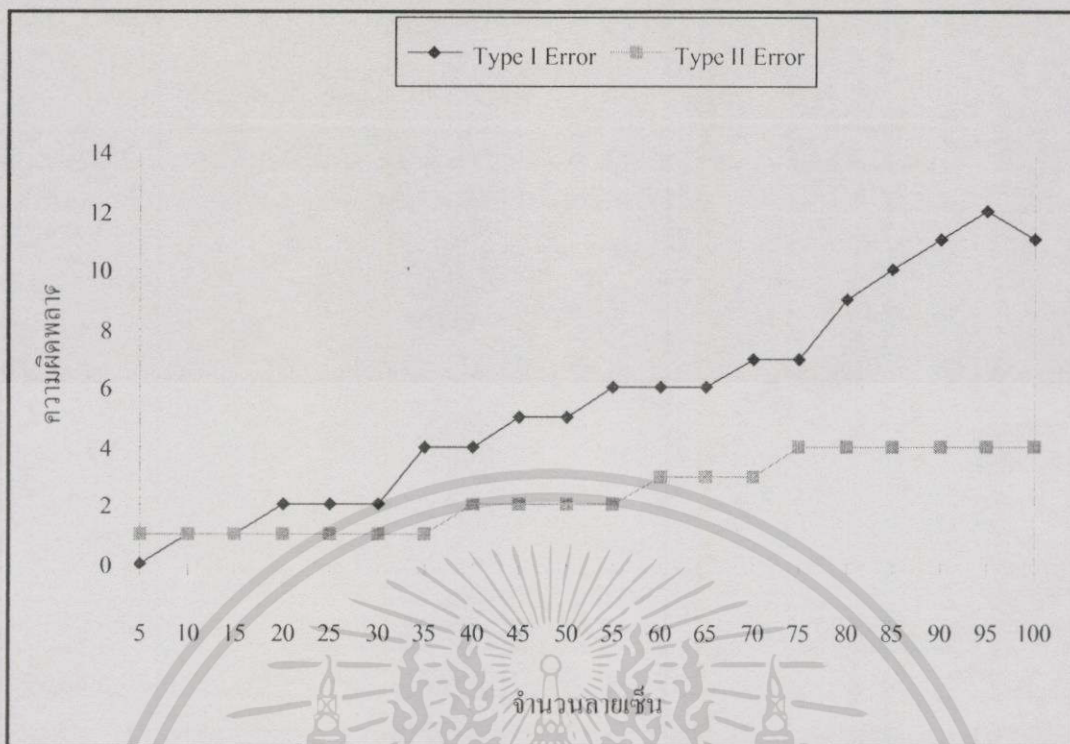


รูปที่ 5.16 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างผู้เชื่อกับความน่าจะเป็นในการยอมรับลายเซ็นจริง ω' ,

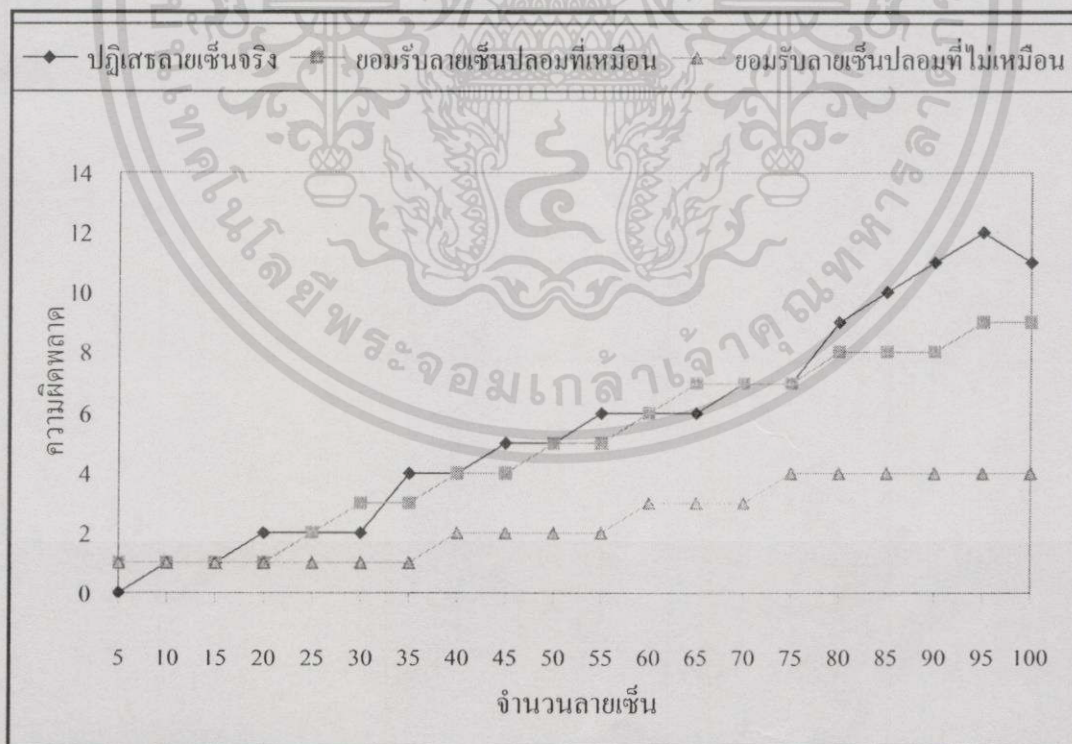


รูปที่ 5.17 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับอัตราความผิดพลาดในการยอมรับลายเซ็นปลอม (Type II Error) และอัตราความผิดพลาดในการปฏิเสธลายเซ็นจริง (Type I Error) ในกลุ่มที่ปลอมลายเซ็นเหมือน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 5.18 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับอัตราความผิดพลาดในการยอมรับลายเซ็นปลอม (Type II Error) และอัตราความผิดพลาดในการปฏิเสธลายเซ็นจริง (Type I Error) ในกลุ่มที่ปลอมลายเซ็นไม่เหมือน



รูปที่ 5.19 กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับความผิดพลาดในการยอมรับลายเซ็นปลอม (Type II Error) ของทั้งสองกลุ่ม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 6

สรุปและข้อเสนอแนะ

6.1 สรุปผลการทำงาน

จากผลการทดลองในเบื้องต้น พบว่าเจเนติกอัลกอริทึมเป็นทฤษฎีที่จำลองการวิวัฒนาการทางธรรมชาติ โดยอาศัยกระบวนการทางพันธุศาสตร์มาพิจารณาคำตอบที่ดีที่สุดหรือใกล้เคียงที่สุด สามารถนำมาใช้แก้ไขปัญหาคอมพิวเตอร์ตรวจสอบลายเซ็นได้ โดยปรับรูปแบบของปัญหาให้อยู่ในรูปแบบของโครโมโซม การประยุกต์ใช้เจเนติกอัลกอริทึมกับระบบตรวจสอบความถูกต้องของลายเซ็นแบบออนไลน์สามารถทำได้ดีพอสมควร โดยตรวจสอบลายเซ็นปลอมได้เกือบทั้งหมด แต่ก็มีกรณีปฏิเสธลายเซ็นจริงอยู่บ้าง ลักษณะเด่นที่มีผลต่อยอมรับหรือปฏิเสธลายเซ็น ในการตรวจสอบแบบออนไลน์นั่นก็คือ ความเร็วและความแรงในการเซ็น ดังนั้นการเลือกลักษณะเด่นที่ซับซ้อนและยากต่อการเลียนแบบจากบุคคลอื่น จะทำให้การตรวจสอบลายเซ็นมีความถูกต้องมากยิ่งขึ้น

ส่วนปัญหาที่พบคือ ความไม่คุ้นเคยในการใช้กระดาษอิเล็กทรอนิกส์และปากกาแสง ลายมือเขียนหรือลายเซ็นที่เขียนลงบนกระดาษอิเล็กทรอนิกส์จะสั้นกว่าปกติ ไม่เหมือนกับการเขียนหรือเซ็นบนกระดาษทั่วไป และบนปากกาแสงมีปุ่มสำหรับคลิกขวาทำให้การจับปากกาไม่ถนัดเท่าที่ควร มีผลทำให้การเซ็นทำได้ไม่คล่อง การเซ็นด้วยปากกาแสงไม่สามารถเซ็นด้วยความเร็วที่สูงมากเหมือนที่เซ็นบนกระดาษได้ เพราะข้อมูลลายเซ็นที่รับจากกระดาษอิเล็กทรอนิกส์อาจมีข้อผิดพลาดเกิดขึ้นได้ ปัญหาที่พบอีกประการคือ ระบบไม่สามารถตรวจสอบลายเซ็นที่มีการบิดขนาดหรือมีความเอียงจากเดิมมากได้ ถึงแม้จะเป็นลายเซ็นจริงจากบุคคลคนเดียวก็ตาม เพราะถือว่ามีแตกต่างจากฐานข้อมูลลายเซ็นมากเกินไป

6.2 ข้อเสนอแนะ

1. ในการวิจัยต่อไปในอนาคต ควรเลือกใช้กระดาษอิเล็กทรอนิกส์และปากกาแสงที่มีความทันสมัยมากขึ้น เพื่อเพิ่มความสะดวกแก่ผู้ใช้ และสามารถตรวจสอบลักษณะเด่นต่าง ๆ ที่ซับซ้อนมากขึ้นมาพิจารณาร่วมด้วยเช่น แรงกดปากกา และเส้นเวอร์ชวลสโตรค เป็นต้น
2. กลุ่มตัวอย่างที่ใช้สำหรับตรวจสอบลายเซ็นควรมีจำนวนมากว่านี้ และครอบคลุมถึงกลุ่มบุคคลที่ไม่มีความคุ้นเคยด้านคอมพิวเตอร์ เพื่อให้มีความหลากหลายมากขึ้น
3. ควรให้กลุ่มตัวอย่างที่จะใช้ตรวจสอบลายเซ็น ทดลองเซ็นเพื่อสร้างความคุ้นเคยกับการใช้ กระดาษอิเล็กทรอนิกส์และปากกาแสงก่อน

4. เพิ่มลักษณะเด่นอื่น ๆ ที่ซับซ้อนและยากต่อการเลียนแบบ เพื่อให้การตรวจสอบลายเซ็นถูกต้องมากที่สุด

5. เลือกค่าความน่าจะเป็นสำหรับการตรวจสอบโอเวอร์ P_c และค่าความน่าจะเป็นสำหรับการผิดพลาด P_m รวมถึงค่าขอบเขตในการตัดสินใจ T_0 ให้เหมาะสมกับปัญหาและการใช้งาน

6. ปรับปรุงการทำงานของจีเนติกอัลกอริทึมให้มีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น หรืออาจใช้ทฤษฎีจีเนติกอัลกอริทึมแบบขนานมาช่วยในการคำนวณ

7. ควรนำทฤษฎีขั้นสูงในด้านการรู้จำ เช่น Pattern Recognition, Neural Network หรือ Fuzzy Logic มาประกอบการวิเคราะห์ เพื่อให้ระบบการตรวจสอบที่ถูกต้องมากยิ่งขึ้น



เอกสารอ้างอิง

- [1] Davis, L. **Handbook of Genetic Algorithms.** : Van Nostrand Reinhold. New York. 1991.
- [2] Furuhashi, T., Nakaoka, K., and Uchikawa, Y. "A New Approach to Genetic Base Machine learning and on Efficient Finding of Fuzzy Rules." Proc. of IEEE Nagaya Univ. world Wisemen/Woman Workshop. (WWW'94), 1994, pp.114-122.
- [3] Goldberg, D. E., **Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning.** : Addison Wesley Publishing Company. 1989.
- [4] Grefenstette, J., Gopal, R., and Gucht, D.V., "Genetic Algorithms for Traveling Salesman Problem.", Proceeding of the First International Conference on Genetic Algorithms, Lawrence Erlbaum Associations, Hilldale, NJ, 1985, pp. 160-169.
- [5] Grefenstette, J. J., Baker, J.E., "How Genetic Algorithms Work : A Critical Look at Implicit Parallelism.", Proceeding of the Third International Conference on Genetic algorithms, Morgan Kaufmann Pblishers, Los Altos, CA, 1989, pp.20-26.
- [6] Koza, J.R., **Genetic Programming.** Cambridge MA. : MIT Press. 1991. pp.94-97.
- [7] Margarita, S., "The Tower of Hanoi : A New Apporach," AI EXPERT. 1993, pp. 22-27.
- [8] Morrow, M., "Genetic Algorithms." Dr. Dobb's Journal. April 1991, pp.26-31.
- [9] Plamondon, R., Lorelette, G., "Automatic Signature Verificant and Writer Identification -The State of Art." Pattern Recognition. 1989, Vol 22, No. 2, pp 107-131.
- [10] กาญจนี วงศ์วิภาพร. "การจัดตารางสอนของโรงเรียนแบบอัตโนมัติโดยจีเนติก อัลกอริทึม." วิทยานิพนธ์ วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิศวกรรมไฟฟ้า. บัณฑิตวิทยาลัย, สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง. 2541.
- [11] ปิยะมาศ ไ้วมณี และบุญวัฒน์ อัดชู. "การวิเคราะห์ลายเซ็นภาษาไทย." การประชุมทางวิศวกรรมไฟฟ้า ครั้งที่ 17, 2537. หน้า 394 – 399.
- [12] กฤษณะ ช่างกล่อม. **กฎหมายลายมือชื่อดิจิทัล.** โครงการพัฒนากฎหมายเทคโนโลยีสารสนเทศ. สำนักงานเลขาธิการคณะกรรมการเทคโนโลยีสารสนเทศแห่งชาติ. กรุงเทพฯ. 2542.

ระบบตรวจสอบลายเซ็นแบบออนไลน์โดยใช้จีเนติกอัลกอริทึม On-Line Signature Verification System Using Genetic Algorithm

วีระศักดิ์ วัฒนายากร * เอื้อน ปิ่นเงิน**

บทคัดย่อ

งานวิจัยนี้ได้นำเสนอแนวทางการตรวจสอบความถูกต้องของลายเซ็น แบบออนไลน์ โดยประยุกต์ใช้จีเนติกอัลกอริทึมมาช่วยค้นหาลายเซ็นที่คล้ายกับตัวอย่างลายเซ็นในฐานข้อมูลมากที่สุด โดยลักษณะเด่นที่ใช้ตรวจสอบลายเซ็น คือ ลำดับการเซ็น ความยาว การเปลี่ยนแปลงของพิกัดในแนวนอน การเปลี่ยนแปลงของพิกัดในแนวตั้ง ความเร็ว ความเร่ง และ ทิศทางของลายเซ็น จากการทดลองพบว่าจีเนติกอัลกอริทึมสามารถสร้างกลุ่มของลายเซ็นใหม่จากลายเซ็นที่อ้างอิงในฐานข้อมูล เพื่อใช้เปรียบเทียบกับลายเซ็นที่ตรวจสอบ ซึ่งจะมีความยืดหยุ่นต่อความคลาดเคลื่อนของเจ้าของลายเซ็นเอง และแสดงผลลัพธ์ว่า เป็นลายเซ็นจริงหรือลายเซ็นปลอม จากผลการทดลองเบื้องต้นสามารถตรวจสอบลายเซ็นจำนวน 200 ลายเซ็น ได้ถูกต้องประมาณ 89 เปอร์เซ็นต์ อัตราความผิดพลาดในการยอมรับลายเซ็นปลอมประมาณ 9 เปอร์เซ็นต์ และอัตราความผิดพลาดในการปฏิเสธลายเซ็นจริงประมาณ 11 เปอร์เซ็นต์

ABSTRACT

This research presents an on-line signature verification by using Genetic Algorithm to search the optimal signature. Reference signatures are kept in the database to compare with inspected signature. Features extracted are sequence, length, pen tip position in x axis, pen tip position in y axis, velocity, acceleration and direction. Genetic Algorithm generates the initial signatures from reference database to verify and display the result – genuine or forgery. This method is flexible the intrapersonal variability of each signature. According to the experiment using 200 signatures, the system can correctly verify about 89 %. Type I Error is 9 % and Type II Error is 11 %.

* สาขาวิทยาการคอมพิวเตอร์และเทคโนโลยีสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

** ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ คณะวิศวกรรมศาสตร์
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

1. บทนำ

ลายเซ็น เป็นสัญลักษณ์ที่ใช้แทนบุคคลที่นิยมใช้กันในการยื่นเอกสารต่าง ๆ และถือว่าเป็นหลักฐานอ้างอิงที่สำคัญมากอย่างหนึ่ง โดยทั่วไปการเซ็นชื่อมักจะไม่วางที่เหมือนกันทุกครั้ง และการตรวจสอบลายเซ็นยังใช้การเปรียบเทียบกับลายเซ็น ซึ่งอาจถูกปลอมแปลงหรือลอกเลียนแบบจากบุคคลอื่นทำให้มีข้อผิดพลาดเกิดขึ้นคือ มีการยอมรับลายเซ็นปลอม ทำให้เกิดความเสียหายต่อเจ้าของลายเซ็นได้ โดยเฉพาะผู้ปลอมแปลงที่มีเจตนาไม่ดีและมีความชำนาญในการปลอมลายเซ็น ดังนั้นการนำระบบตรวจสอบความถูกต้องของลายเซ็นมาช่วยตรวจสอบ เพื่อแยกแยะลายเซ็นปลอมออกจากและลายเซ็นจริงให้ได้ โดยเฉพาะการทำงานที่ต้องเกี่ยวข้องกับสถาบันการเงิน สถานีราชการ และการธุรกิจการค้าต่าง ๆ ซึ่งจะช่วยเพิ่มความสะดวกรวดเร็วและความน่าเชื่อถือมากขึ้น

การรับลายเซ็นเข้ามาตรวจสอบมีอยู่ 2 วิธีคือ วิธีการตรวจสอบแบบออนไลน์ (On-line) โดยการใช้กระดาษอิเล็กทรอนิกส์ (Digital Tablet) และ ปากกาแสง (Light Pen) เชื่อมต่อกับคอมพิวเตอร์เพื่อรับข้อมูลลายเซ็น วิธีนี้จะได้ข้อมูลลำดับก่อนหลังของการเซ็น เวลา ทิศทาง ความเร็ว ความแรง แรงแกดปากกา ส่วนอีกวิธีคือ การตรวจสอบแบบออฟไลน์ (Off-line) โดยเซ็นชื่อไว้บนแผ่นกระดาษ และอ่านข้อมูลลายเซ็นโดยสแกนเนอร์ หรือกล้องดิจิทัล เพื่อแปลงข้อมูลให้อยู่ในรูปของไบนารี วิธีนี้จะปลอมแปลงได้ง่ายกว่าเพราะมีลายเซ็นปรากฏให้เห็นอยู่ทั่วไป

2. หลักการของจีเนติกอัลกอริทึม

2.1 ลักษณะทั่วไปของจีเนติกอัลกอริทึม

John Holland^[1] ได้ศึกษาทฤษฎีวิวัฒนาการทางธรรมชาติในการให้กำเนิดประชากรสิ่งมีชีวิตในรุ่นต่อ

ไปโดยกระบวนการทางชีววิทยาประกอบด้วย การคัดเลือกทางธรรมชาติ คือสิ่งมีชีวิตที่แข็งแรงกว่าย่อมมีโอกาสอยู่รอดได้มากกว่า และกระบวนการทางพันธุศาสตร์ (Genetic Operation) คือการกำเนิดโครโมโซมใหม่ เพื่อถ่ายทอดยีนส์จากการครอสโอเวอร์ (Cross-over) หรือมิวเตชัน (Mutation) จากแนวคิดดังกล่าวจึงได้นำมาปรับใช้กับคอมพิวเตอร์เพื่อช่วยแก้ปัญหาในการหาคำตอบที่ดีที่สุดหรือใกล้เคียงที่สุด เรียกว่า จีเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithms : GA) ซึ่งอาศัยหลักการสุ่มเพื่อปรับปรุงการหาคำตอบที่ดีขึ้น โดยมีหลักการคือ

1. GA ค้นหาคำตอบภายใต้โครงสร้างของปัญหา อันเกิดจากการกำหนดรหัส (Coding) รูปแบบโครงสร้างจากกลุ่มตัวแปรต่าง ๆ ของปัญหานั้น ไม่ใช่ค้นหาคำตอบจากค่าของกลุ่มตัวแปรนั้น
2. GA ค้นหาคำตอบโดยพิจารณาจากประชากรคำตอบ หรือกลุ่มคำตอบ ไม่ใช่จากค่าของกลุ่มตัวแปร
3. GA ค้นหาคำตอบจากผลลัพธ์ของกลุ่มคำตอบที่เป็นฟังก์ชันเป้าหมายของปัญหา
4. GA ค้นหาคำตอบโดยอาศัยการถ่วงน้ำหนักความเหมาะสมของแต่ละคำตอบจากกลุ่มคำตอบนั้น

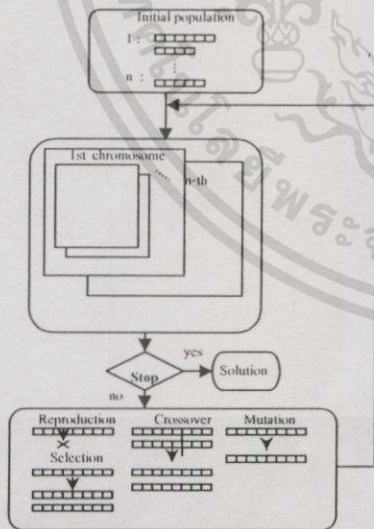
2.2 ฟังก์ชันเป้าหมายและฟังก์ชันความเหมาะสม

GA จะพิจารณาคำตอบที่ผ่านมามีใกล้เคียงกับคำตอบที่ต้องการหรือไม่ จากฟังก์ชันเป้าหมาย (Objective Function : f) เนื่องจากปัญหาสามารถกำหนดฟังก์ชันเป้าหมาย ซึ่งแสดงความสัมพันธ์ของแต่ละตัวแปร พารามิเตอร์ เงื่อนไข หรือ ข้อกำหนดต่าง ๆ สำหรับฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function : F) เป็นฟังก์ชันที่กำหนดค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมว่ามีโอกาสจะถูกคัดเลือกมากน้อยเพียงใด

2.3 การทำงานของจีเนติกอัลกอริทึม

เมื่อกำหนดรูปแบบโครโมโซม และฟังก์ชันความเหมาะสมได้แล้วจีเนติกอัลกอริทึมจะสร้างวิวัฒนาการกลุ่มของคำตอบในรุ่นต่อไปตามการทำงานของจีเนติกอัลกอริทึม มีขั้นตอนสรุปได้ตามรูปที่ 1 ดังนี้

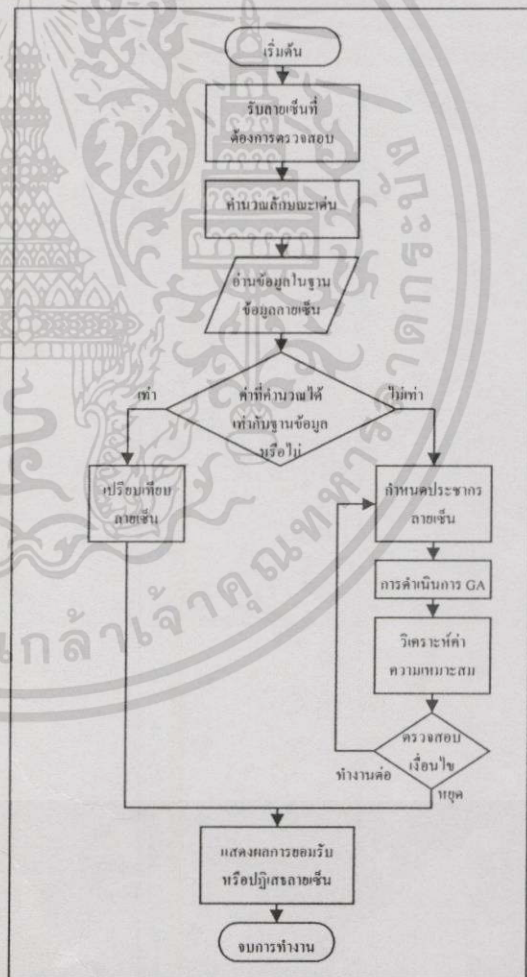
1. สร้างประชากรโครโมโซมรุ่นแรกตามรูปแบบที่กำหนดไว้ โดยประชากรต้นกำเนิดจากการสร้างชุดโครโมโซมโดยสุ่มค่าแต่ละบิต
2. วิเคราะห์ความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม โดยถอดรหัสค่าตัวแปร พารามิเตอร์ต่าง ๆ ของแต่ละบิตและคำนวณค่าความเหมาะสม
3. สร้าง mating pool คือชุดโครโมโซมต้นแบบที่สามารถอยู่รอดเป็นต้นแบบโดยพิจารณาอ่าวงน้ำหนักจากค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม
4. ดำเนินการทางพันธุศาสตร์ เพื่อสร้างประชากรรุ่นใหม่ ซึ่งประกอบด้วยการครอสโอเวอร์และมิวเตชัน



รูปที่ 1 การทำงานของจีเนติกอัลกอริทึม

3. ระบบตรวจสอบลายเซ็น

ระบบตรวจสอบลายเซ็นแบบออนไลน์จะรับข้อมูลลายเซ็นโดยผ่านทางกระดาษอิเล็กทรอนิกส์และปากกาแสง เพื่อนำลักษณะต่าง ๆ ที่ได้จากเข้าของลายเซ็นไปเก็บเป็นตัวอย่างอ้างอิงในฐานะข้อมูลลายเซ็น จากนั้นเมื่อต้องการตรวจสอบลายเซ็น จะเซ็นลงบนกระดาษอิเล็กทรอนิกส์ แล้วนำไปคำนวณเปรียบเทียบความคล้ายกับฐานข้อมูลลายเซ็น เพื่อตรวจสอบว่าลายเซ็นนั้นเป็นลายเซ็นจริงหรือลายเซ็นปลอม ดังผังงานในรูปที่ 2



รูปที่ 2 ผังการทำงานของระบบตรวจสอบลายเซ็นแบบออนไลน์

4. หลักการวิเคราะห์หลายเซ็น

4.1 ฐานข้อมูลหลายเซ็น

การเก็บข้อมูลหลายเซ็นในฐานข้อมูล จะจัดเก็บหลายเซ็นตัวอย่างไว้อ่างอิงคนละ 20 หลายเซ็นโดยจัดเก็บเป็นเท็กซ์ไฟล์ ดังตัวอย่างการรับข้อมูลหลายเซ็นในรูปแบบที่ 3



รูปที่ 3 ตัวอย่างการรับข้อมูลหลายเซ็น

การจัดเก็บข้อมูลจะเก็บชื่อเจ้าของหลายเซ็น จำนวนครั้งในการยกปากกา และค่าพิกัดจุด (x,y) พร้อมทั้งเวลา (t) ในการเซ็น ลักษณะการเก็บค่าพิกัดนั้นจะจัดเก็บข้อมูลทุก ๆ 5 จุด เพราะถ้าเก็บข้อมูลทุก ๆ จุดจะต้องใช้เนื้อที่ในการเก็บจำนวนมาก การเก็บทุก ๆ 5 จุดจะไม่เสียรูปร่างของหลายเซ็นโดยรวมไป ดังตัวอย่างหลายเซ็นข้างต้นจะได้ข้อมูลในเท็กซ์ไฟล์ดังแสดงในรูปที่ 4

weerasak wattanayakorn 2	256 147	10, 253 159	10, 246
185	16, 239 205	21, 237 213	27, 237 213
212	49, 240 207	54, 248 196	60, 259 182
179	71, 264 183	76, 263 194	82, 262 206
212	93, 261 212	104, 264 207	109, 272 189
169	120, 297 155	126, 275 206	0, 283 201
192	10, 289 190	16, 287 191	16, 284 197
203	27, 287 207	32, 293 205	38, 299 198
191	49, 305 191	54, 302 193	60, 301 198
203	71, 301 205	76, 304 206	82, 307 206
202	93, 316 198	98, 319 191	104, 319 190
193	120, 319 199	126, 319 203	131, 322 205
201	142, 334 193	148, 338 192	153, 340 191
192	164, 330 198	170, 328 204	175, 330 204
197	186, 342 188	186, 341 193	192, 339 200
			197, 340

201	203, 346 198	208, 353 189	214, 358 185	219, 358
190	230, 354 198	236, 351 203	241, 350 201	241, 349
194	247, 349 191	252, 350 191	258, 351 196	263, 354
198	269, 359 198	274, 366 192	280, 373 188	285, 377
187	291, 377 187	296, 373 187	302, 368 191	307, 365
199	313, 366 203	318, 371 196	324, 377 186	329, 377
188	335, 374 198	340, 378 198	346, 385 189	346, 393
176	351, 402 160	357, 409 147	362, 412 140	368, 409
144	373, 401 159	378, 389 181	384, 381 198	389, 375
211	389, 375 212	395, 379 204	400, 386 195	406, 395
185	411, 403 183	417, 403 187	422, 399 190	422, 391
190				

รูปที่ 4 ตัวอย่างฐานข้อมูลหลายเซ็น

4.2 ลักษณะเด่นที่ใช้ในการตรวจสอบหลายเซ็น

4.2.1 การเปลี่ยนพิกัดจุดของหลายเซ็น

ค่าพิกัดจุดของหลายเซ็นพิจารณาความเปลี่ยนแปลงพิกัดของแต่ละจุดของหลายเซ็นในแนวนอนและแนวตั้ง ดังสมการที่ 1 และสมการที่ 2

$$\Delta x = |x_2 - x_1| \tag{1}$$

$$\Delta y = |y_2 - y_1| \tag{2}$$

เมื่อ x, y คือ ค่าพิกัดจุดของหลายเซ็น

4.2.2 ความเร็ว

โดยพิจารณาจากการเปลี่ยนแปลงของความเร็วเทียบกับเวลาในการเซ็น จะได้ดังสมการที่ 3

$$V = \Delta S / \Delta t \quad ; t \in [0, T] \tag{3}$$

เมื่อ V คือ ความสัมพันธ์ระหว่างความเร็วและเวลา
 ΔS คือ การเปลี่ยนแปลงของระยะทาง
 Δt คือ การเปลี่ยนแปลงของเวลา
 T คือ เวลาทั้งหมดที่ใช้ในการเซ็น

4.2.3 ความเร่ง

โดยพิจารณาจากการเปลี่ยนแปลงของความเร็วเทียบกับเวลาในการเซ็น จะได้ดังสมการที่ 4

$$a = \Delta V / \Delta t \quad ; t \in [0, T] \tag{4}$$

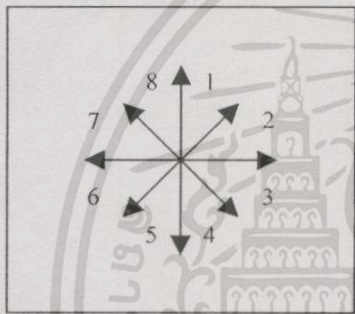
เมื่อ a คือ ความสัมพันธ์ระหว่างความเร่งและเวลา
 ΔV คือ การเปลี่ยนแปลงของความเร็ว
 Δt คือ การเปลี่ยนแปลงของเวลา
 T คือ เวลาทั้งหมดที่ใช้ในการเซ็น

4.2.4 ทิศทาง

โดยพิจารณาจากการเปลี่ยนแปลงของทิศทางในการเคลื่อนของปากกา แบ่งเป็น 8 ทิศทาง โดยมีช่วงของความชันดังนี้

- ช่วงที่ 1 46 - 90 องศา ช่วงที่ 2 0 - 45 องศา
- ช่วงที่ 3 316 - 360 องศา ช่วงที่ 4 271 - 315 องศา
- ช่วงที่ 5 226 - 270 องศา ช่วงที่ 6 181 - 225 องศา
- ช่วงที่ 7 136 - 180 องศา ช่วงที่ 8 91 - 135 องศา

ดังแสดงในรูปที่ 5



รูปที่ 5 การกำหนดทิศทางการเขียน

4.3 โครโมโซมลายเส้น

การตรวจสอบลายเส้นแบบออนไลน์ ถ้าพิกัดจุดรวมทั้งหมดของลายเส้นในฐานะข้อมูล จะถูกแปลงให้อยู่ในรูปของโครโมโซม โดยอยู่ในรูปแบบของสตริงดังแสดงในรูปที่ 6

< --Part 1 -> < -- Part 2 -> < -- Part 3 -> ... < -- Part n ->

x_1, y_1, t_1	x_2, y_2, t_2	x_3, y_3, t_3	...	x_n, y_n, t_n
-----------------	-----------------	-----------------	-----	-----------------

:

x_1, y_1, t_1	x_2, y_2, t_2	x_3, y_3, t_3	...	x_n, y_n, t_n
-----------------	-----------------	-----------------	-----	-----------------

:

x_1, y_1, t_1	x_2, y_2, t_2	x_3, y_3, t_3	...	x_n, y_n, t_n
-----------------	-----------------	-----------------	-----	-----------------

รูปที่ 6 โครโมโซมลายเส้น

โดยที่ x_1, y_1, t_1 คือ พิกัดจุด (x,y) และเวลา (t) ในการเขียนจุดที่ 1

x_2, y_2, t_2 คือ พิกัดจุด (x,y) และเวลา (t) ในการเขียนจุดที่ 2

...

x_n, y_n, t_n คือ พิกัดจุด (x,y) และเวลา (t) ในการเขียนจุดที่ n

4.4 การดำเนินการของจีเนติกอัลกอริทึม

4.4.1 การครอสโอเวอร์

การครอสโอเวอร์เป็นตัวดำเนินการแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซม พ่อ-แม่ ตามอัตราความน่าจะเป็น (Probability of Crossover : P_c) และเป็นการครอสโอเวอร์แบบอ้างอิงตำแหน่ง (Position base Crossover)^[4] ตัวอย่างเช่น

S1(โครโมโซมที่ 1) คือ

Name(1)	Tstroke	Part 1	Part 2	Part 3	...
---------	---------	--------	--------	--------	-----

ตำแหน่งการครอสโอเวอร์->

S2(โครโมโซมที่ 2) คือ

Name(1)	Tstroke	Part a	Part b	Part c	...
---------	---------	--------	--------	--------	-----

ตำแหน่งการครอสโอเวอร์->

เมื่อทำการครอสโอเวอร์แล้วจะมีการแลกเปลี่ยนค่าในแต่ละบิตของโครโมโซม ทำให้เกิดโครโมโซมใหม่คือ

CH1(โครโมโซมใหม่ลำดับที่ 1)

Name(1)	Tstroke	Part a	Part 2	Part c	...
---------	---------	--------	--------	--------	-----

CH2(โครโมโซมใหม่ลำดับที่ 2)

Name(1)	Tstroke	Part 1	Part b	Part 3	...
---------	---------	--------	--------	--------	-----

4.4.2 การมิวเตชัน

การเป็นตัวดำเนินการผ่าเหล่าซึ่งอาจช่วยให้โครโมโซมมีความเหมาะสมมากขึ้นหลังการครอสโอเวอร์ โดยสลับค่าบิตตามอัตราความน่าจะเป็นของการ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

มิวเตชัน (Probability of Mutation : P_m) และเป็นการมิวเตชันแบบอ้างอิงตำแหน่ง (Position base Mutation) ตัวอย่างเช่น

SI(โครโมโซมที่1) คือ

Name(1)	Tstroke	Part 1	Part 2	Part 3	...
---------	---------	--------	--------	--------	-----

ตำแหน่งการมิวเตชัน -> * *

เมื่อทำการมิวเตชันแล้วจะมีการสลับค่าของบิต และจะได้โครโมโซมใหม่ คือ

CH1(โครโมโซมใหม่ลำดับที่1)

Name(1)	Tstroke	Part 3	Part 2	Part 1	...
---------	---------	--------	--------	--------	-----

4.4.3 ขั้นตอนการทำงาน

1. สร้างประชากรรุ่นเก่า คือโครโมโซมหลายเส้น เริ่มต้นกำหนดจากสายเส้นในฐานะข้อมูล โดยกำหนดรูปแบบตามลักษณะที่กล่าวไว้

2. วิเคราะห์ค่าความเหมาะสม โดยคำนวณค่าความคล้ายของสายเส้นจากฐานข้อมูล เทียบกับสายเส้นที่ตรวจสอบ มีฟังก์ชันเป้าหมายคือ

$$f = \sum_{i=1}^n d_i = \sum_{i=1}^n \sqrt{F_d^2 - F_f^2} \quad (5)$$

เมื่อ d_i คือ ค่าความคล้ายของสายเส้น

F_d คือ ค่าลักษณะเด่นต่าง ๆ ของสายเส้นในฐานะข้อมูล

F_f คือ ค่าลักษณะเด่นต่าง ๆ ของสายเส้น ที่จะตรวจสอบ

n คือ จำนวนสายเส้นทั้งหมด

3. คัดเลือกสร้าง mating pool โดยอาศัยผู้คุมค่าคัดเลือกสร้างโครโมโซมหลายเส้นพ่อแม่ จากฐานข้อมูลสายเส้น เพื่อสร้างโครโมโซมหลายเส้นลูกหลานต่อไป

4. ดำเนินการทางพันธุศาสตร์ โดยการครอสโอเวอร์และมิวเตชัน

ขั้นตอนต่าง ๆ จะถูกปฏิบัติซ้ำ ๆ จนกระทั่งถึงรุ่นที่กำหนด หรือค่าความเหมาะสมมากกว่าค่าขอบเขตในการยอมรับสายเส้น

5. การเทียบสายเส้น

การพิจารณาสายเส้น^[2] จะมีอยู่ 2 ประเภทคือ สายเส้นจริง (\mathbb{C}) และสายเส้นปลอม (\mathbb{C}') โดยมีการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นอยู่ 2 อย่าง คือ

1. การเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นภายในกลุ่ม (Intra-class or Intrapersonal variability) คือการเปลี่ยนแปลงที่เกิดจากสายเส้นจริง (\mathbb{C}) จากบุคคล (i) คนเดียวกัน
2. การเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นระหว่างกลุ่ม (Inter-class or Interpersonal variability) คือการเปลี่ยนแปลงที่เกิดจากความแตกต่างระหว่างสายเส้นจริง (\mathbb{C}) และ (\mathbb{C}') จากบุคคล (i) และบุคคล (j)

จะเห็นว่าการตรวจสอบสายเส้นจะมีโอกาสยอมรับและปฏิเสธสายเส้นในกรณีต่อไปนี้

1. การยอมรับสายเส้นจริง (\mathbb{C}) คือ การยอมรับสายเส้นที่ตรวจสอบ (S_j) ซึ่งเป็นสายเส้นเดียวกับสายเส้นในฐานะข้อมูล (R_i) คือ $d(S_j, R_i) > T_0$ เมื่อ $j = i$
2. การยอมรับสายเส้นปลอม (FA) คือ การยอมรับสายเส้นที่ตรวจสอบ (S_j) ซึ่งมีความคล้ายกับสายเส้นในฐานะข้อมูล (R_i) คือ $d(S_j, R_i) > T_0$ เมื่อ $j \neq i$
3. การปฏิเสธสายเส้นจริง (FR) คือ การปฏิเสธสายเส้นที่ตรวจสอบ (S_j) ซึ่งมีความแตกต่างกับสายเส้นในฐานะข้อมูล (R_i) แต่เกิดจากการเซ็นของบุคคลคนเดียวกัน คือ $d(S_j, R_i) < T_0$ เมื่อ $j = i$
4. การปฏิเสธสายเส้นปลอม (\mathbb{C}') คือ การปฏิเสธสายเส้นที่ตรวจสอบ (S_j) ซึ่งเป็นสายเส้นเดียวกับฐานข้อมูล (R_i) และเกิดจากการเซ็นคนละบุคคลกัน คือ

$d(S_j, R_j) < T_0$ เมื่อ $j \neq i$

โดยที่ $d(S_j, R_j)$ คือ ค่าความคล้ายระหว่างลายเซ็นที่
ต้องการตรวจสอบกับลายเซ็นในฐานข้อมูล

T_0 คือ ค่าขอบเขตในการยอมรับลายเซ็น

ดังนั้น ความน่าจะเป็นในการยอมรับลายเซ็นจริง ω'_1

$$\omega'_1 = \omega'_1 + FA - FR \tag{6}$$

และ ความน่าจะเป็นในการปฏิเสธลายเซ็นปลอม ω'_2

$$\omega'_2 = \omega'_2 + FR - FA \tag{7}$$

การประเมินประสิทธิภาพความถูกต้องของระบบ
วัดจากอัตราการผลิตทั้ง 2 ประเภทที่เกิดขึ้น คือ
การปฏิเสธลายเซ็นจริง Type I Error : FRR (False
Rejection error Rates) และ การยอมรับลายเซ็นปลอม
Type II Error : FAR (False Acceptation error Rates)

6. การทดลอง

6.1 อุปกรณ์ที่ใช้ในการทดลอง

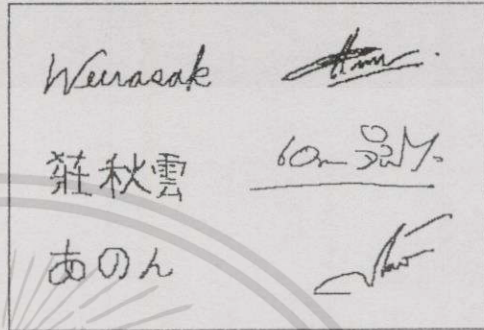
ในการทดลองนี้ได้จำลองการทำงาน บนเครื่อง
ไมโครคอมพิวเตอร์ที่ใช้ซีพียู Pentium ความเร็ว 233
Mhz และใช้ภาษา Turbo Pascal for Window สร้าง
โปรแกรม เชื่อมต่อกับกระดานอิเล็กทรอนิกส์ ที่มีคุณ
ลักษณะดังนี้

ขนาด (กว้าง x ยาว x สูง)	3.5 x 5.5 x 0.375 นิ้ว
พื้นที่ใช้งาน	3 x 4 นิ้ว
ความละเอียดสูงสุด	2540 LPI
ความแม่นยำ	+/- 0.001 นิ้ว

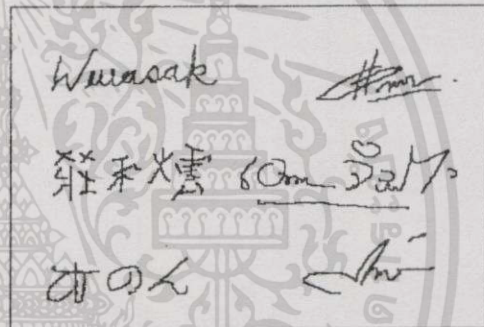
6.2 วิธีกรทดลอง

การทดลองในเบื้องต้นได้ทดลองใช้ผู้เซ็นจำนวน
20 คน เช่นชื่อเก็บไว้ในฐานข้อมูลคนละ 20 ลายเซ็น
จากนั้นทดลองตรวจสอบลายเซ็น ด้วยเซ็นลายเซ็นจริง
ลายเซ็นละ 5 ครั้ง ดังแสดงในรูปที่ 7 และทดลองให้ผู้

อื่นปลอมลายเซ็น ลายเซ็นละ 5 ครั้งเช่นกัน โดยให้เจ้า
ของลายเซ็น เซ็นให้ดูเป็นตัวอย่าง ดังแสดงในรูปที่ 8



รูปที่ 7 ตัวอย่างลายเซ็นจริง



รูปที่ 8 ตัวอย่างลายเซ็นปลอม

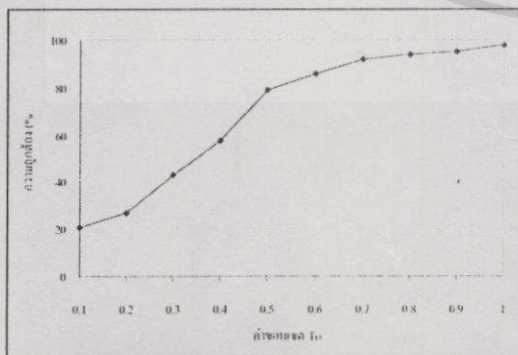
7. ผลการทดลอง

จินตนิทัศน์ที่สามสามารถสร้าง โครโมโซมลาย
เซ็นใหม่ ซึ่งเกิดจากลายเซ็นเดิมในฐานข้อมูล สำหรับ
ตรวจสอบลายเซ็นที่เกิดจากความคลาดเคลื่อนของเจ้า
ของลายเซ็นเอง โดยใช้ค่าอัตราความน่าจะเป็นสำหรับ
การครอสโอเวอร์เท่ากับ 0.6 ค่าอัตราความน่าจะเป็น
สำหรับการมิวเตชันเท่ากับ 0.003 และใช้ค่าขอบเขต
ในการยอมรับลายเซ็นเท่ากับ 0.7 พบว่าระบบตรวจ
สอบลายเซ็นสามารถวิเคราะห์ได้ถูกต้องประมาณ 89
เปอร์เซ็นต์ ความผิดพลาดในการปฏิเสธลายเซ็นจริง
(Type I Error) เท่ากับ 11 เปอร์เซ็นต์ และความผิด
พลาดในการยอมรับลายเซ็นปลอม (Type II Error)
เท่ากับ 9 เปอร์เซ็นต์ สรุปผลได้ดังตารางที่ 1

ผู้เข้า คนที่	ยอมรับลายเซ็น	
	จริง	ปลอม
1	5	4
2	4	5
3	5	5
4	4	5
5	5	4
6	5	4
7	3	5
8	5	4
9	4	5
10	5	4
11	4	5
12	5	4
13	5	4
14	4	5
15	5	5
16	3	4
17	4	5
18	4	5
19	5	4
20	5	5
รวม	89	91

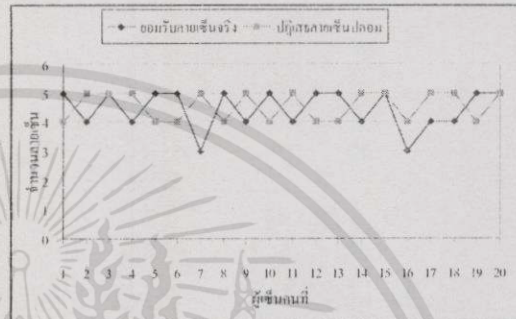
ตารางที่ 1 ผลการตรวจสอบลายเซ็น

การเลือกค่าขอบเขตที่สูง จะทำให้ความผิดพลาดมีมากขึ้น แต่ก็จะมีปฏิเสธลายเซ็นจริงมากขึ้นตามไปด้วย ดังกราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าขอบเขตที่ใช้กับเปอร์เซ็นต์ความถูกต้อง ในรูปที่ 9



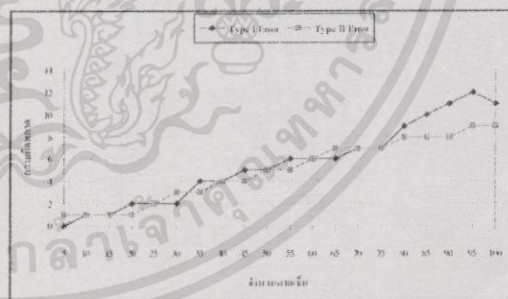
รูปที่ 9 กราฟแสดงค่าขอบเขตกับความถูกต้อง

กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างอัตราการยอมรับลายเซ็นจริงและอัตราการปฏิเสธลายเซ็นปลอม กับผู้เข้าทั้งหมด 20 คน ที่ทดลองเซ็นลายเซ็นจริงและปลอม ลายเซ็นอย่างละ 5 ครั้ง แสดงดังรูปที่ 10



รูปที่ 10 กราฟแสดงคนที่เซ็นกับจำนวนลายเซ็น

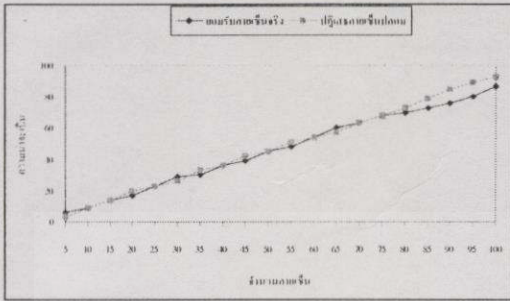
กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างความผิดพลาดในการยอมรับลายเซ็นปลอม (Type II Error) และการปฏิเสธลายเซ็นจริง (Type I Error) กับจำนวนลายเซ็นที่ได้จากการทดลอง แสดงดังรูปที่ 11



รูปที่ 11 ความผิดพลาดทั้ง 2 ประเภทกับจำนวนลายเซ็น

ความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับความน่าจะเป็นในการปฏิเสธลายเซ็นปลอม ω' และความน่าจะเป็นในการยอมรับลายเซ็นจริง ω'' ดังรูปที่ 12

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 12 กราฟจำนวนลายเซ็นเทียบกับ ω' และ ω''

การตรวจสอบลายเซ็น แบบออนไลน์ในเบื้องต้นนี้ สามารถวิเคราะห์ลายเซ็น ได้ถูกต้องประมาณ 89 % โดยความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนลายเซ็นกับอัตราความถูกต้อง แสดงดังรูปที่ 13



รูปที่ 13 กราฟจำนวนลายเซ็นกับความถูกต้อง

8. สรุปและข้อเสนอแนะ

จากผลการทดลองพบว่าจินตคณิตอัลกอริทึมซึ่งอาศัยกระบวนการทางพันธุศาสตร์ มาพิจารณาหาผลลัพธ์ที่ดีที่สุดหรือใกล้เคียงที่สุด นำมาประยุกต์ใช้กับระบบตรวจสอบความถูกต้องของลายเซ็น ได้ดีพอสมควร และสามารถยอมรับความคลาดเคลื่อนที่เกิดจากเจ้าของลายเซ็นเองได้ ลักษณะเด่นที่มีผลต่อการตรวจสอบลายเซ็นมากที่สุดคือ ความเร็ว และความแรง

ปัญหาที่พบคือ ความไม่คุ้นเคยกับการใช้กระดาษอิเล็กทรอนิกส์และปากกาแสง การเซ็นชื่อไม่สามารถเซ็นด้วยความเร็วที่สูงมากเหมือนที่เซ็นบนกระดาษทั่ว

ไปได้ เพราะจะทำให้การอ่านข้อมูลลายเซ็นมีข้อผิดพลาดได้ และระบบจะปฏิเสธลายเซ็นที่มีการผิดขนาดหรือมีความเอียงมากเกินไป ถึงแม้จะเป็นการเซ็นจากคนคนเดียวก็ตาม เพราะถือว่ามีความแตกต่างจากฐานข้อมูลมากเกินไป

สำหรับการพัฒนาต่อไปในอนาคตควรเพิ่มจำนวนลายเซ็นในฐานข้อมูลและหาลักษณะเด่นที่ใช้ตรวจสอบลายเซ็นที่มีความซับซ้อนและยากต่อการเลียนแบบให้มากขึ้น รวมทั้งใช้ทฤษฎีการรู้จำประกอบการวิเคราะห์ ให้การตรวจสอบความถูกต้องมีประสิทธิภาพที่ดีขึ้นต่อไป

9. เอกสารอ้างอิง

[1] D. Goldberg, "Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning", Addison-Wesley Publishing Company, 1989.
 [2] R. Plamondon, G. Lorelette, "Automatic Signature Verifcant and Writer Identification -The State of Art", Pattern Recog., Vol22, No.2, pp 107-131, 1989.
 [3] T. Furuhashi, K. Nakaoka, Y. Uchikawa. "A New Approach to Genetic Base Machine Learning and on Efficient Finding of Fuzzy Rules", Proc. of IEEE Nagaya Univ. world Wisemen/Woman Workshop (WWW'94), pp.114-122, 1994.
 [4] กาญจนี วงศ์วิภาพร, "การจัดตารางสอนของโรงเรียนแบบอัตโนมัติโดยจินตคณิตอัลกอริทึม", วิทยานิพนธ์ วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต, สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง, 2541.
 [5] ปิยะมาศ ไ้วมณี และบุญวัฒน์ อัครู, "การวิเคราะห์ลายเซ็นภาษาไทย", การประชุมทางวิศวกรรมไฟฟ้า ครั้งที่ 17, หน้า 394 - 399, 2537.

ประวัติผู้เขียน

นายวีระศักดิ์ วัฒนายากร เกิดเมื่อวันที่ 13 ตุลาคม พ.ศ. 2513 สำเร็จการศึกษา
 วิทยาศาสตรบัณฑิตสาขาวิทยาการคอมพิวเตอร์ จากมหาวิทยาลัยกรุงเทพ ปีการศึกษา 2535 บท
 ความที่ได้รับการตีพิมพ์คือ “ระบบตรวจสอบลายเซ็นแบบออนไลน์โดยใช้เทคนิคอัลกอริทึม” ใน
 วารสารเนคเทคและได้รับทุนจากมูลนิธิเพื่อการศึกษาคอมพิวเตอร์และการสื่อสาร (C&C)



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้