

การจัดตารางสอนของโรงเรียนแบบอัตโนมัติโดยจีเนติก อัลกอริทึม

AUTOMATIC SCHOOL TIMETABLE SCHEDULING  
USING  
GENETIC ALGORITHM



วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาค้นคว้าตามหลักสูตรปริญญาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต  
สาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า  
บัณฑิตวิทยาลัย

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

พ.ศ. 2541

ISBN 974-622-126-4

การจัดตารางสอนของโรงเรียนแบบอัตโนมัติโดยจีเนติก อัลกอริทึม

AUTOMATIC SCHOOL TIMETABLE SCHEDULING  
USING  
GENETIC ALGORITHM



กาญจณี วงศ์วิภาพร

KANCHANEE VONGVIPAPORN

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต  
สาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า  
บัณฑิตวิทยาลัย

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

เอกสารนี้ 14 เอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

พ.ศ. 2541

30954

ISBN 974-622-126-4

น.ป. 54 ก.ธ. 2541

**AUTOMATIC SCHOOL TIMETABLE SCHEDULING  
USING  
GENETIC ALGORITHM**



**KANCHANEE VONGVIPAPORN**

**A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT  
OF THE REQUIREMENTS FOR THE DEGREE  
MASTER OF ENGINEERING IN ELECTRICAL ENGINEERING  
SCHOOL OF GRADUATE STUDIES  
KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG**

**1998**

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอก **ISBN 974-622-126-4** ของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



**COPYRIGHT 1998**

**SCHOOL OF GRADUATE STUDIES**

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

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์ไว้เพื่อใช้ในการศึกษาและการวิจัยเท่านั้น การคัดลอกหรือการนำเอกสารนี้ไปใช้ในการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

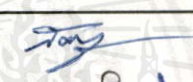

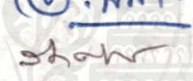

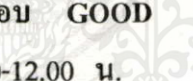
**บัณฑิตวิทยาลัย**  
**สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง**  
**ใบรับรองวิทยานิพนธ์**

**หัวข้อวิทยานิพนธ์**      การจัดการการสอนของโรงเรียนแบบอัตโนมัติโดยจีเนติก อัลกอริทึม  
 AUTOMATIC SCHOOL TIMETABLE SCHEDULING USING  
 GENETIC ALGORITHM

**ชื่อนักศึกษา**      นางสาวกาญจน์ วงศ์วิภาพร รหัสประจำตัว 34620034

**หลักสูตร**              วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต      สาขาวิชา      วิศวกรรมไฟฟ้า

**อาจารย์ผู้ควบคุมวิทยานิพนธ์**      รศ.ดร.กิตติ      ไพฑูรย์วัฒนกิจ

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์		ลายมือชื่อ
รศ.ดร.กิตติ	ไพฑูรย์วัฒนกิจ	
รศ.ดร.จร	สุรวัดน์ปัญญา	
ดร.เอื้อน	ปิ่นเงิน	
รศ.ดร.รัตติกร	วราวุฒศิริพันธุ์	
รศ.มณฑล	ลีลาจินดาไกรฤกษ์	

ค่าระดับคะแนนที่ผ่านเป็นเอกฉันท์จากคณะกรรมการสอบ      **GOOD**

วัน/เดือน/ปี ที่สอบ      22 เมษายน 2541 เวลา 10.00-12.00 น.

สถานที่สอบ      ห้องสอบวิทยานิพนธ์ คณะวิศวกรรมศาสตร์ ตึก 12 ชั้น ชั้น 4 ห้อง (E12-404)

**บัณฑิตวิทยาลัยรับรองแล้ว**  
  
 (รศ.ดร.มณฑล ลีลาจินดาไกรฤกษ์)  
**คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย**

วันที่..... 1 .....เดือน..... เมษายน..... พ.ศ. 2541

**หมายเหตุ** การวัดผลวิทยานิพนธ์ให้ใช้ค่าระดับคะแนนดังนี้

ค่าระดับคะแนน	ผลการศึกษา
O	Outstanding (ดีเยี่ยม)
G	Good (ดี)
P	Pass (ผ่าน)
F	Fail (ไม่ผ่าน)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้เพื่อการศึกษานั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอกหรือเผยแพร่ข้อมูลใดๆถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หัวข้อวิทยานิพนธ์

นักศึกษา

อาจารย์ผู้ควบคุมวิทยานิพนธ์

หลักสูตร

สาขาวิชา

พ.ศ.

การจัดตารางสอนของโรงเรียนแบบอัตโนมัติโดยจินตนิมิต อัลกอริทึม

นางสาวกาญจณี วงศ์วิภาพร

รศ.ดร.กิตติ ไพฑูรย์วัฒนกิจ

วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต

วิศวกรรมไฟฟ้า

2541

### บทคัดย่อ

การจัดตารางสอนเป็นงานส่วนหนึ่งที่ต้องตรวจสอบข้อกำหนด เงื่อนไขต่าง ๆ ตลอดเวลา และต้องอาศัยผู้มีประสบการณ์ความชำนาญเป็นพิเศษ ดังนั้นวิทยานิพนธ์ฉบับนี้จึงได้เสนอแนวคิดทางการจัดตารางสอนของโรงเรียนแบบอัตโนมัติ ซึ่งเป็นการสร้างตารางสอนที่สามารถตรวจสอบและปรับปรุงรูปแบบตารางสอนให้ดีขึ้นตามเงื่อนไขที่กำหนด โดยอาศัยหลักการทฤษฎีจินตนิมิต อัลกอริทึมที่จำลองวิวัฒนาการธรรมชาติทางชีววิทยาคือ กระบวนการคัดเลือกรหัสทางธรรมชาติและกระบวนการทางพันธุศาสตร์ สำหรับประยุกต์ใช้สร้างวิวัฒนาการหาคำตอบในการแก้ปัญหาต่าง ๆ การใช้จินตนิมิต อัลกอริทึมจัดตารางสอนทำได้โดยแปลงค่าตัวแปรต่าง ๆ เช่น ครู ชั้นเรียน หรือคาบเรียนที่จัดสอนให้อยู่ในรูปโครงสร้างโครโมโซม เพื่อสร้างกลุ่มตารางสอนต้นแบบที่จะถูกคัดเลือกตามความเหมาะสมจากการตรวจสอบเงื่อนไขที่กำหนด สำหรับแลกเปลี่ยนในส่วนการจัดตารางสอนที่ดี ในระหว่างโครโมโซมตารางสอนรูปแบบต่าง ๆ ซึ่งจะทำให้เกิดวิวัฒนาการตารางสอนที่ดีขึ้นได้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

THESIS TITLE	AUTOMATIC SCHOOL TIMETABLE SCHEDULING USING GENETIC ALGORITHM
STUDENT	Ms. KANCHANEE VONGVIPAPORN
THESIS ADVISOR	ASSOC. PROF. DR. KITTI PAITONWATANAKIT
DEGREE	MASTER OF ENGINEERING IN ELECTRICAL ENGINEERING
YEAR	1998

### ABSTRACT

The timetable is one job in the school by using more experience people in scheduling for checking many constraints and conditions. This thesis presents the automatic school timetable scheduling that automatic generates the timetable and checks each predefined condition. It applies Genetic Algorithms to emulate the natural biological evolution of natural selection and employ the genetic operation theories. In this application, the timetable parameters; teachers, classes and periods of teaching are coded into the chromosome structure. The initial chromosomes are generated for natural selection to calculate the fitness value by checking all of the constraints in each chromosome table and select the high fitness value for genetic operation. The recombination of chromosomes will create the new group for each generation. The evolution processes will generate the better chromosome timetable.

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	I
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	II
กิตติกรรมประกาศ.....	III
สารบัญ.....	IV
สารบัญตาราง.....	VII
สารบัญภาพ.....	VIII
บทที่ 1 บทนำ.....	1
ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	1
วัตถุประสงค์ของการวิจัย.....	1
แนวคิดที่ใช้ในการวิจัย.....	2
ขอบเขตของการวิจัยและวิธีที่ใช้ในการวิจัย.....	2
บทที่ 2 ความรู้พื้นฐานเกี่ยวกับจินตนิมิต อลัทธิทิม.....	3
พันธุศาสตร์ทางชีววิทยา.....	3
จินตนิมิต อลัทธิทิมเบื้องต้น.....	7
ฟังก์ชันเป้าหมายกับฟังก์ชันความเหมาะสม.....	9
รูปแบบโครโมโซม.....	10
วิฤจักรจินตนิมิต อลัทธิทิม.....	10
พันธุศาสตร์ทางชีววิทยา กับ จินตนิมิต อลัทธิทิม.....	12
จินตนิมิต อลัทธิทิมแบบง่าย.....	14
การประยุกต์จินตนิมิต อลัทธิทิมแบบง่าย.....	24
สรุป.....	32
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้	
บทที่ 3 จินตนิมิต อลัทธิทิมกับปัญหาแบบต่าง ๆ.....	33
ปัญหาฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์.....	33

## สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
ปัญหาทายคำ.....	39
โคร โม โชมของปัญหาทายคำ.....	39
ฟังก์ชันเป้าหมายของปัญหาทายคำ.....	40
ตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์สำหรับปัญหาทายคำ.....	40
ผลลัพธ์ GA สำหรับปัญหาทายคำ.....	41
ปัญหาทาว์นเวอร์ออฟฮานอย (THP) .....	43
โคร โม โชมของ THP.....	43
ฟังก์ชันเป้าหมายของ THP.....	44
ตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์สำหรับ THP.....	45
ผลลัพธ์ GA สำหรับ THP.....	45
ปัญหาการหาเส้นทางที่ระยะทางสั้นที่สุด (TSP) .....	47
โคร โม โชมของ TSP.....	47
ฟังก์ชันเป้าหมายของ TSP.....	48
ตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์สำหรับ TSP .....	49
ผลลัพธ์ GA สำหรับ TSP .....	51
ปัญหาการจัดตารางสอนแบบจำลอง (TTP) .....	54
โคร โม โชมของ TTP.....	55
ฟังก์ชันเป้าหมายของ TTP.....	56
ตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์สำหรับ TTP.....	56
ผลลัพธ์ GA สำหรับ TTP แบบจำลอง.....	59
สรุป.....	62
<b>บทที่ 4 การปรับปรุงสมรรถนะ จีเนติก อัลกอริทึม.....</b>	<b>63</b>
รูปแบบการคัดเลือกต้นแบบ.....	63
วิธีการสุ่มต้นแบบ.....	73
เทคนิคการรีโพรดักชัน.....	75
การปรับปรุงสมรรถนะ GA สำหรับ THP.....	77

## สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
การปรับปรุงสมรรถนะ GA สำหรับ TSP.....	80
การปรับปรุงสมรรถนะ GA สำหรับ TTP แบบจำลอง.....	83
สรุป.....	86
<b>บทที่ 5 การจัดการการสอนโรงเรียนแบบอัตโนมัติของ GA.....</b>	<b>87</b>
การจัดการการสอนของ GA.....	87
โครโมโซมการสอน.....	89
การกำหนดรหัสค่าบิต.....	90
ฟังก์ชันเป้าหมาย.....	93
ข้อมูลในการจัดการการสอน.....	96
ขั้นตอนการทำงาน.....	99
ผลลัพธ์.....	99
สรุป.....	115
<b>บทที่ 6 สรุปและวิจารณ์.....</b>	<b>116</b>
เอกสารอ้างอิง.....	118
ภาคผนวก .....	121
ภาคผนวก ก. การจัดการการสอนของ โรงเรียน.....	122
ภาคผนวก ข. ข้อมูลโรงเรียนตัวอย่าง.....	135
ภาคผนวก ค. โปรแกรมต้นฉบับ.....	139
ภาคผนวก ง. การแก้ปัญหาคณิตศาสตร์เชิงตัวเลขด้วยคอมพิวเตอร์.....	148
ภาคผนวก จ. บทความและผลงานวิจัยที่ได้รับการตีพิมพ์.....	153

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
**ประวัติผู้เขียน..... 154**  
 ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2.1 แสดงคำศัพท์ทางพันธุศาสตร์ กับ ทางจินตคณิต อัลกอริทึม.....	13
2.2 การกำหนด SGA พารามิเตอร์เปรียบเทียบผลการทำงาน ในการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน $y = x^n$ ที่ $n=10$ .....	29
3.1 ตัวอย่างฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์.....	35
3.2 การกำหนดค่าบิตของโครโมโซมปัญหาหาค่า.....	39
3.3 การกำหนดค่าบิตของโครโมโซม THP.....	43
3.4 การกำหนดค่าบิตของโครโมโซม TSP.....	48
3.5 การกำหนดค่าบิตของโครโมโซม TTP.....	55
4.1 ผลการปรับปรุงสมรรถนะ GA สำหรับปัญหา THP.....	78
4.2 ผลการปรับปรุงสมรรถนะ GA สำหรับปัญหา TSP.....	80
4.3 ผลการปรับปรุงสมรรถนะ GA สำหรับปัญหา TTP แบบจำลอง.....	84
5.1 ตัวอย่างโครงสร้างโครโมโซมตารางสอนของ GA.....	90

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## สารบัญญภาพ

ภาพที่	หน้า
2.1 แสดงโครโมโซมทางพันธุศาสตร์.....	4
2.2 แสดงการแบ่งตัวของเซลล์ทางพันธุศาสตร์.....	5
2.3 แสดงการครอสโอเวอร์ทางพันธุศาสตร์.....	6
2.4 แสดงการมิวเตชันทางพันธุศาสตร์.....	7
2.5 แสดงหลักการเบื้องต้นของ GA.....	8
2.6 แสดงวัฏจักรจีเนติก อัลกอริทึม.....	11
2.7 แสดงรายละเอียดทางพันธุศาสตร์ กับ จีเนติก อัลกอริทึม.....	13
2.8 แสดงไดอะแกรมการทำงานของ จีเนติก อัลกอริทึมแบบง่าย.....	14
2.9 ครอสโอเวอร์แบบ 1 จุด.....	19
2.10 ไบนารีมิวเตชัน.....	20
2.11 รายละเอียดผลการทำงานของ SGA ในการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน $y = x^n$ ที่ $n = 10$ ....	22
2.12 แสดงกราฟค่าความเหมาะสมสูงสุดของ SGA.....	24
2.13 รีโพรดักชันแบบรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี.....	25
2.14 ครอสโอเวอร์แบบ 2 จุด.....	26
2.15 อินเวอร์ชัน.....	27
2.16 ผลการทำงานโดยสรุปของ GA ในการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน $y = x^n$ ที่ $n=10$ .....	30
3.1 แสดงกราฟของตัวอย่างฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์.....	34
3.2 รายละเอียดการทำงานของ GA สำหรับปัญหาฟังก์ชัน $y_1$ .....	37
3.3 ผลการทำงานโดยสรุปของ GA สำหรับปัญหาฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์.....	37
3.4 ครอสโอเวอร์แบบหลายจุด.....	40
3.5 รายละเอียดการทำงานของ GA สำหรับปัญหาทายค่า.....	42
3.6 ผลการทำงานโดยสรุปของ GA สำหรับปัญหาทายค่า.....	42
3.7 ปัญหา THP.....	43
3.8 การเคลื่อนย้ายวงแหวนของโครโมโซม THP (1323).....	44
3.9 GA สำหรับปัญหา THP จำนวน 4 วงแหวน.....	46

## สารบัญญภาพ (ต่อ)

ภาพที่	หน้า
3.10 GA สำหรับปัญหา THP จำนวน 5 วงแหวน.....	46
3.11 ปัญหา TSP.....	47
3.12 ครอสโอเวอร์โดยตารางเส้นเชื่อมต่อ.....	50
3.13 GA สำหรับปัญหา TSP (10 node) .....	52
3.14 GA สำหรับปัญหา TSP (12 node) .....	53
3.15 GA สำหรับปัญหา TSP (16 node) .....	53
3.16 ความสัมพันธ์ของข้อมูลตารางสอน .....	54
3.17 GA สำหรับปัญหา TTP.....	61
4.1 การปรับสัดส่วนค่าความเหมาะสมแบบเชิงเส้น.....	67
4.2 การอ้างอิงลำดับแบบเชิงเส้น.....	71
4.3 รีโพรดักชันแบบทั่วไป.....	75
4.4 รีโพรดักชัน โดยรักษาโครโมโซมที่ดีที่สุด.....	76
4.5 รีโพรดักชัน โดยรักษาสถานะแบบซ้ำ.....	76
4.6 รีโพรดักชัน โดยรักษาสถานะแบบไม่ซ้ำ.....	77
4.7 กราฟแสดงรายละเอียดการหาคำตอบของ GA สำหรับปัญหา THP .....	79
4.8 แผนการเคลื่อนย้ายวงแหวนที่ดีที่สุดของ GA ในการหาคำตอบ THP.....	80
4.9 กราฟแสดงรายละเอียดการหาคำตอบของ GA สำหรับปัญหา TSP .....	82
4.10 เส้นทางการเดินทางที่สั้นที่สุดของ GA สำหรับปัญหา TSP .....	83
4.11 กราฟแสดงรายละเอียดการหาคำตอบของ GA สำหรับปัญหา TTP แบบจำลอง.....	85
4.12 ตารางเรียนที่ดีที่สุดของ GA สำหรับปัญหา TTP แบบจำลอง.....	86
5.1 แสดงไดอะแกรมการจัดตารางสอนแบบอัตโนมัติโดย GA.....	88
5.2 รูปแบบการจับคียบเรียนตารางสอนของ GA.....	90
5.3 การกำหนดรหัสค่าบิตของการจับคียบเรียน .....	91
5.4 รหัสคียบคิกกันของตารางสอนของ GA.....	92
5.5 รูปแบบข้อมูลที่ใช้ในการจัดตารางสอนของ GA.....	95
5.6 เพิ่มข้อมูลการจัดตารางสอนโดย GA.....	96

## สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่	หน้า
5.7 โครงสร้างเพิ่มข้อมูลการจัดตารางสอน โดย GA.....	97
5.8 ผลการจัดตารางสอน 7 ชั้นเรียน 1 แผนการเรียน โดยสรุปของ GA .....	101
5.9 ผลลัพธ์ตารางสอนรวมของ 7 ชั้นเรียน 1 แผนการเรียน.....	101
5.10 ผลลัพธ์ตารางสอนรวมครูของ 7 ชั้นเรียน 1 แผนการเรียน.....	102
5.11 ผลการจัดตารางสอน 7 ชั้นเรียน 3 แผนการเรียน โดยสรุปของ GA.....	104
5.12 ผลลัพธ์ตารางสอนรวมของ 7 ชั้นเรียน 3 แผนการเรียน.....	104
5.13 ผลลัพธ์ตารางสอนรวมครูของ 7 ชั้นเรียน 3 แผนการเรียน.....	105
5.14 รูปแบบการกำหนดข้อมูลการเรียนการสอนวิชากลุ่มของ 14 ชั้นเรียน 4 แผนการเรียน....	109
5.15 ผลการจัดตารางสอน 14 ชั้นเรียน 4 แผนการเรียน โดยสรุปของ GA.....	109
5.16 ผลลัพธ์ตารางสอนรวมของ 14 ชั้นเรียน 4 แผนการเรียน.....	110
5.17 ผลลัพธ์ตารางสอนรวมครูของ 7 ชั้นเรียน 4 แผนการเรียน.....	111

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

# บทที่ 1

## บทนำ

### ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

เนื่องจากการจัดตารางสอนเป็นหน้าที่ของผู้บริหาร หรือฝ่ายวิชาการของโรงเรียน และการบริหารงานวิชาการจะบรรลุผลสำเร็จมากน้อยเพียงใด จะขึ้นอยู่กับการจัดตารางสอนด้วย การจัดตารางสอนนั้นเป็นงานที่จะต้องทำในแต่ละภาคเรียนที่ต้องใช้เวลา ความพยายามและความพิถีพิถันพอสมควร เพราะเมื่อปฏิบัติงานจริง ๆ แล้วจะมีข้อจำกัดหลายประการ เช่น แต่ละคาบเรียนครูแต่ละคนจะถูกจัดสอนเพียงวิชาเดียว เป็นต้น เงื่อนไขต่าง ๆ เหล่านี้จะต้องพิจารณาตรวจสอบตลอดเวลาการจัดตารางสอน ซึ่งในปัจจุบันยังคงต้องอาศัยบุคลากรที่มีประสบการณ์ และความเชี่ยวชาญเพียงพอเป็นพิเศษ ประกอบกับวิศวกรรมทางคอมพิวเตอร์ปัจจุบันนี้สามารถประยุกต์เขียนแบบและลดงานทางพฤติกรรมของมนุษย์ ซึ่งจะปรับวิธีการเพื่อช่วยงานการจัดตารางสอนได้

### วัตถุประสงค์ของการวิจัย

คอมพิวเตอร์ซึ่งปัจจุบันนี้เป็นปัจจัยหลักของการทำงานของแต่ละองค์กร หากสามารถนำมาช่วยจัดตารางสอนได้ ก็จะเป็นการแบ่งเบาภาระการทำงานของโรงเรียน ซึ่งถึงแม้แต่เดิมจะมีการนำคอมพิวเตอร์เข้ามาช่วยงานจัดตารางสอน ก็เพียงแค่ช่วยในการตรวจสอบความถูกต้องของตารางสอน ที่ถูกจัดเรียบร้อยแล้วเท่านั้น หากตารางสอนนั้นยังมีความผิดพลาด หรือผิดข้อกำหนดแล้ว ผู้จัดก็จะต้องเป็นผู้พิจารณาแก้ไขเองเพื่อนำไปตรวจสอบใหม่ ดังนั้นหากสามารถประยุกต์วิธีวิศวกรรมทางคอมพิวเตอร์ด้วยทฤษฎีที่เหมาะสมเพื่อใช้คอมพิวเตอร์สร้างตารางสอนแบบอัตโนมัติ คือ ให้คอมพิวเตอร์ดำเนินการสร้างตารางสอนรูปแบบต่าง ๆ พร้อมกับตรวจสอบเงื่อนไขตามข้อกำหนดที่ระบุ และปรับปรุงแก้ไขตารางสอนให้ดีขึ้นเองโดยอัตโนมัติแล้ว จะทำให้ช่วยเพิ่มประสิทธิภาพการทำงานของบุคลากร พร้อมกับจะทำให้การบริหารงานวิชาการเป็นไปอย่างมีประสิทธิภาพมากขึ้น

งานไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นอนุญาติให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## แนวคิดที่ใช้ในการวิจัย

จินตนิทัศน์ อัลกอริทึม เป็นทฤษฎีที่จำลองกระบวนการวิวัฒนาการทางธรรมชาติ คือ การคัดเลือกทางธรรมชาติ และอาศัยพื้นฐานความคิดทางพันธุกรรมในการถ่ายทอดลักษณะต่าง ๆ ไปยังลูกหลาน ที่สามารถนำมาพัฒนาใช้หาคำตอบที่ใกล้เคียงหรือดีที่สุดของปัญหา จินตนิทัศน์ อัลกอริทึม เป็นวิธีการหาคำตอบโดยพิจารณา และดำเนินการจากกลุ่มคำตอบของปัญหาที่ถูกสร้างขึ้นโดยการเข้ารหัส (Coding) คือแปลงค่าตัวแปรหรือพารามิเตอร์ต่าง ๆ ของปัญหาให้อยู่ในรูปโครงสร้างของโครโมโซมตามที่กำหนด เพื่อคัดเลือกโครโมโซมคำตอบที่เหมาะสม สำหรับสร้างวิวัฒนาการคำตอบให้ดีขึ้น ตามกระบวนการทางพันธุศาสตร์โดยแลกเปลี่ยนค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ ระหว่างโครโมโซมที่ถูกคัดเลือก อันจะทำให้คำตอบถูกปรับปรุงให้ดีขึ้น ในทำนองเดียวกันการใช้จินตนิทัศน์ อัลกอริทึมในการจัดตารางสอน โดยสร้างกลุ่มรูปแบบตารางสอนจากการแปลงตัวแปรต่าง ๆ คือ ครู ชั้นเรียน คาบเรียน หรือวิชาที่จัดสอน เป็นต้น ให้อยู่ในรูปโครงสร้างโครโมโซมตารางสอน เพื่อคัดเลือกโดยวิเคราะห์ค่าความเหมาะสมจากการตรวจสอบตามเงื่อนไข ข้อกำหนดที่ระบุ เช่น ในแต่ละคาบเรียนครูจะต้องถูกจัดสอนเพียงวิชาเดียว เป็นต้น และปรับปรุงรูปแบบของตารางสอนให้ดีขึ้น ด้วยการแลกเปลี่ยนหรือสลับค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ ของโครโมโซมตารางสอนที่ถูกคัดเลือก ซึ่งจะทำให้เกิดวิวัฒนาการคำตอบรูปแบบตารางสอนที่ต้องการ

## ขอบเขตของการวิจัยและวิธีที่ใช้ในการวิจัย

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้มีวัตถุประสงค์ที่จะศึกษาวิจัย เพื่อเสนอแนวทางการสร้างโปรแกรมคอมพิวเตอร์จัดตารางสอนของโรงเรียนแบบอัตโนมัติ คือ สร้างตารางสอนต้นแบบและตรวจสอบเงื่อนไข พร้อมปรับปรุงแก้ไขตารางสอนให้ดีขึ้นตามข้อกำหนดที่ระบุ จากการประยุกต์ใช้จินตนิทัศน์ อัลกอริทึม ซึ่งเป็นทฤษฎีใหม่ที่มีความยืดหยุ่นสำหรับใช้แก้ปัญหาต่าง ๆ โดยจำลองการแก้ปัญหาต่าง ๆ บนเครื่องไมโครคอมพิวเตอร์ 80486/100 Mhz และ Pentium 133 Mhz ด้วยการใช้ภาษา C และ PASCAL ในการสร้างโปรแกรม รายละเอียดของวิทยานิพนธ์ฉบับนี้จึงแยกออกเป็น ส่วน ๆ คือ จะกล่าวถึงความรู้พื้นฐานเกี่ยวกับจินตนิทัศน์ อัลกอริทึม ลำดับขั้นตอนในกระบวนการต่าง ๆ ตัวอย่างการประยุกต์ใช้จินตนิทัศน์ อัลกอริทึมหาคำตอบกับปัญหาแบบต่าง ๆ เพื่อศึกษารายละเอียดและเป็นแนวทางกำหนดขอบเขตวิธีการประยุกต์ใช้กับปัญหาอื่น ๆ รวมถึงรูปแบบและวิธีการสำหรับปรับปรุงสมรรถนะการหาคำตอบของจินตนิทัศน์ อัลกอริทึม ในส่วนการประยุกต์ใช้ในการจัดตารางสอนจะกล่าวถึงหลักเกณฑ์ วิธีการประยุกต์ใช้จินตนิทัศน์ อัลกอริทึมในส่วนรูปแบบข้อมูลนำเข้าของการจัดตารางสอน และการกำหนดรูปแบบในแต่ละส่วนองค์ประกอบจินตนิทัศน์ อัลกอริทึม รวมถึงการสรุปผลและแนวทางในการพัฒนาปรับปรุงการดำเนินการต่อไป

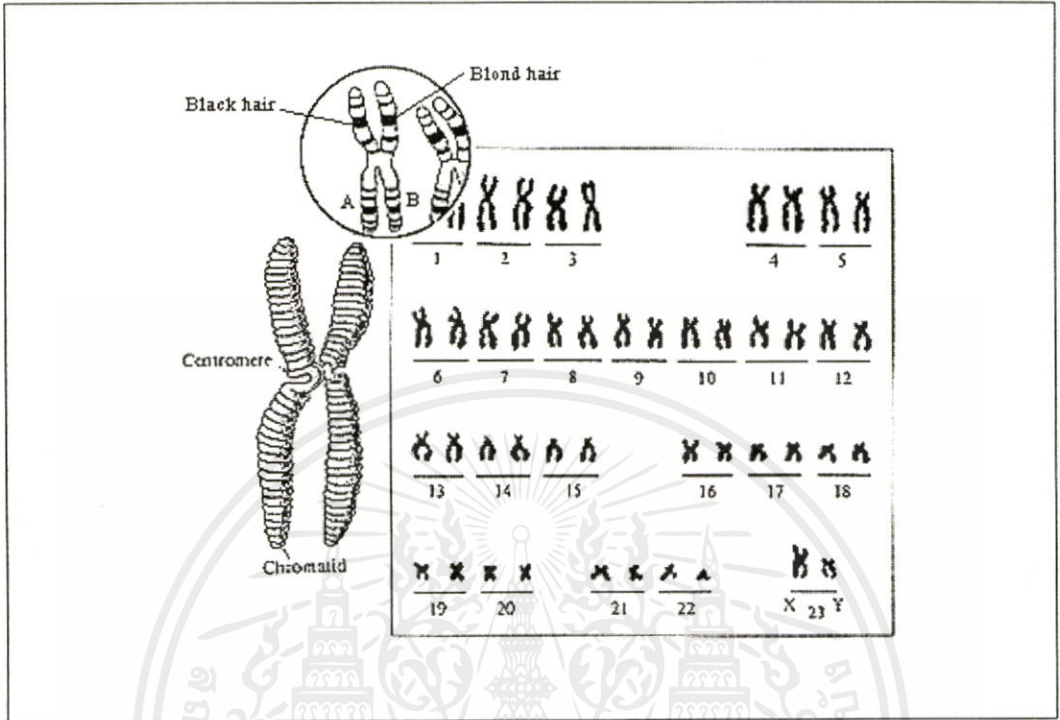
## บทที่ 2

### ความรู้พื้นฐานเกี่ยวกับจินตคณิต อัลกอริทึม

ในปัจจุบันนี้ปัญหาที่ต้องการคำตอบที่ดีที่สุด (Optimal Solution) ทางวิทยาศาสตร์ วิศวกรรมศาสตร์ คอมพิวเตอร์ หรือในการทำงานต่าง ๆ ที่เกิดขึ้นมากมายนั้น สามารถหาคำตอบได้หลาย ๆ วิธี ซึ่งแตกต่างกันไปตามชนิดของปัญหา ความคิด เทคนิค วิธีการวิเคราะห์ปัญหานั้น ๆ และความแพร่หลายในการพัฒนาศักยภาพของคอมพิวเตอร์ให้รู้จักเรียนรู้เพื่อช่วยหาคำตอบหรือช่วยตัดสินใจคำตอบในขั้นต้นมีมากขึ้น โดยปัจจุบันนี้นักวิทยาศาสตร์ได้เริ่มนำความรู้เกี่ยวกับทฤษฎีหรือกฎเกณฑ์ทางธรรมชาติมาช่วยในการศึกษาวิจัย เช่น นิวรอลเน็ตเวิร์ค (Neural Network) ฟัซซี่ลอจิก (Fuzzy Logic) เป็นต้น จินตคณิต อัลกอริทึมเป็นอีกวิธีการหนึ่งที่กำลังลงรูปแบบวิธีการทางชีววิทยา ในการให้กำเนิดประชากรรุ่นใหม่หรือขยายเผ่าพันธุ์ในรุ่นลูก รุ่นหลานต่อไป ซึ่งอาศัยพื้นฐานความคิดของวิวัฒนาการทางธรรมชาติถ่ายทอดลักษณะต่าง ๆ ทางพันธุกรรม โดยปฏิบัติตามกระบวนการทางพันธุศาสตร์ เพื่อจะใช้ในการหาคำตอบที่ดีที่สุดหรือใกล้เคียงที่สุดของปัญหาโดยคอมพิวเตอร์

#### พันธุศาสตร์ทางชีววิทยา

เมนเดล (Mendel) บิดาแห่งวิชาพันธุศาสตร์ ค้นพบว่า ยีนส์ (Genes) หน่วยเก็บลักษณะทางกรรมพันธุ์เป็นตัวกำหนดลักษณะภายนอก ซึ่งยีนส์หลาย ๆ ยีนส์จะเรียงตัวกันอยู่บนเส้นโครโมโซม (Chromosome) อีกทีหนึ่งในเซลล์ของสิ่งมีชีวิตโดยจะอยู่กันเป็นคู่ ๆ แต่จะแตกต่างกันที่ค่าลักษณะต่าง ๆ ในแต่ละยีนส์เรียกว่าแอลลีล (Allele) ซึ่งแบบต่าง ๆ ของยีนส์ที่มีแอลลีลต่างกันในแต่ละตำแหน่งยีนส์เดียวกันเรียกว่า ยีนโนไทป์ (Genotype) สำหรับลักษณะภายนอกที่ปรากฏออกมาให้เห็นเรียกว่า ฟีนโนไทป์ (Phenotype) เช่น ในคนจะมีโครโมโซม 23 คู่ 46 โครโมโซม ซึ่งแต่ละโครโมโซมจะประกอบด้วยยีนส์ต่าง ๆ กันราว 1250 ยีนส์ ตัวอย่างคู่โครโมโซมที่ 1 ในคนดังรูปที่ 2.1 ซึ่งประกอบด้วยยีนส์ลักษณะสีผม สีผิว สีตา และอื่น ๆ อีกประมาณ 1247 ลักษณะ และโครโมโซม 1A มีแอลลีลของยีนส์ลักษณะสีผมคือ ผมสีดำ ส่วนโครโมโซม 1B มีแอลลีลของยีนส์ลักษณะสีผมคือ ผมสีบลอนด์ [34] [35]

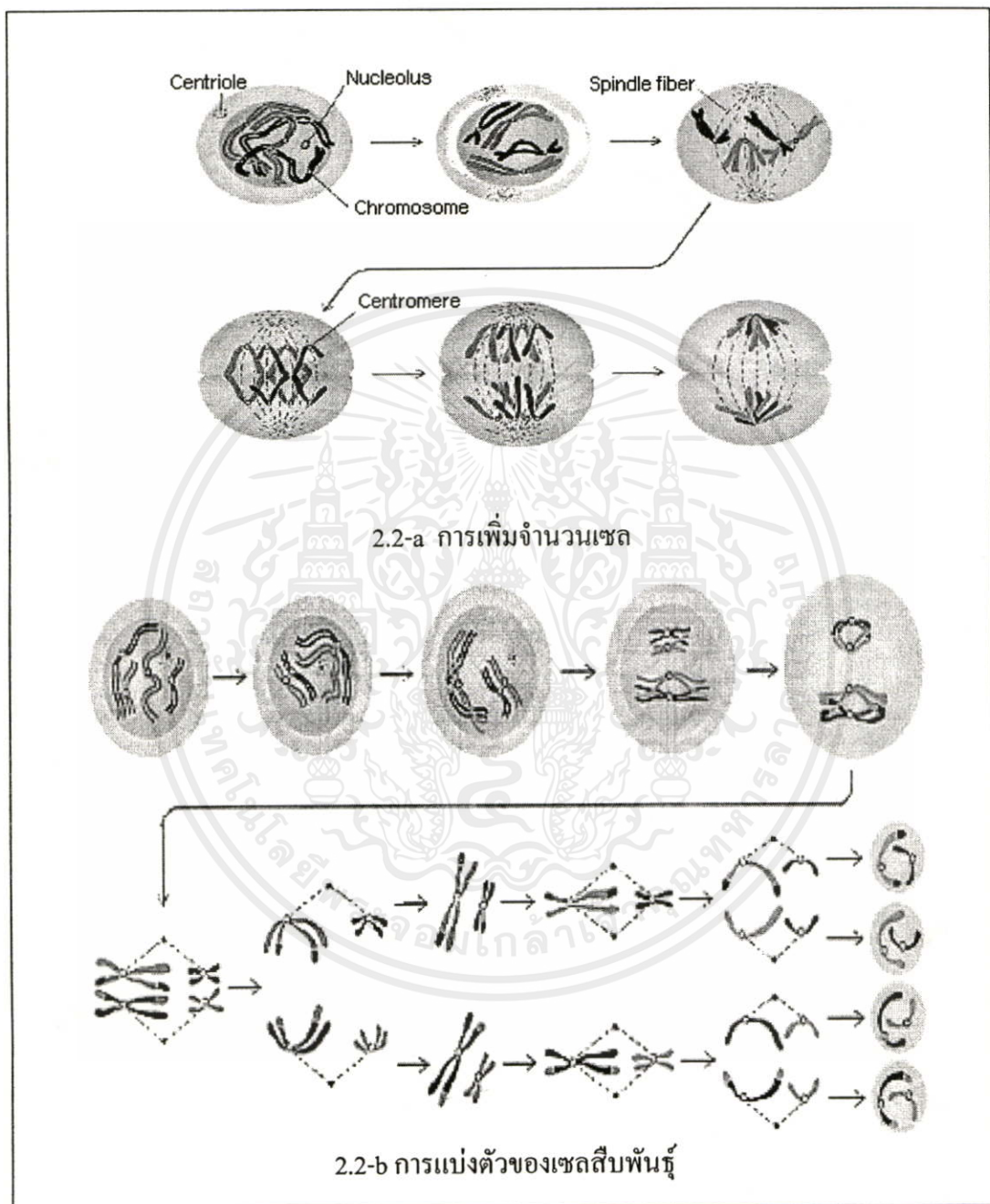


รูปที่ 2.1 แสดงโครโมโซมทางพันธุศาสตร์

การถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมเป็นการถ่ายทอดลักษณะต่าง ๆ ของสิ่งมีชีวิตที่เกิดขึ้นเมื่อมีการแบ่งตัวของเซลล์สิ่งมีชีวิต ซึ่งมี 2 แบบ คือ

(1) การเพิ่มจำนวนเซลล์ เป็นการแบ่งตัวแบบไมโทซิส (Mitosis) โดยโครโมโซมแต่ละตัวจะขยายตัวเพิ่มจำนวนตัวเองขึ้นเป็นสอง และเยื่อหุ้มนิวเคลียส (Nucleous) จะสลายลงเพื่อดึงแยกโครโมโซมที่เพิ่ม จำนวนขึ้นออกจากโครโมโซมเดิมเป็นสองด้าน แล้วเยื่อหุ้มนิวเคลียสจะถูกสร้างขึ้นใหม่กลายเป็นเซลล์ใหม่ 2 เซลล์ ที่มีโครโมโซมเหมือนเดิม ดังรูปที่ 2.2-a

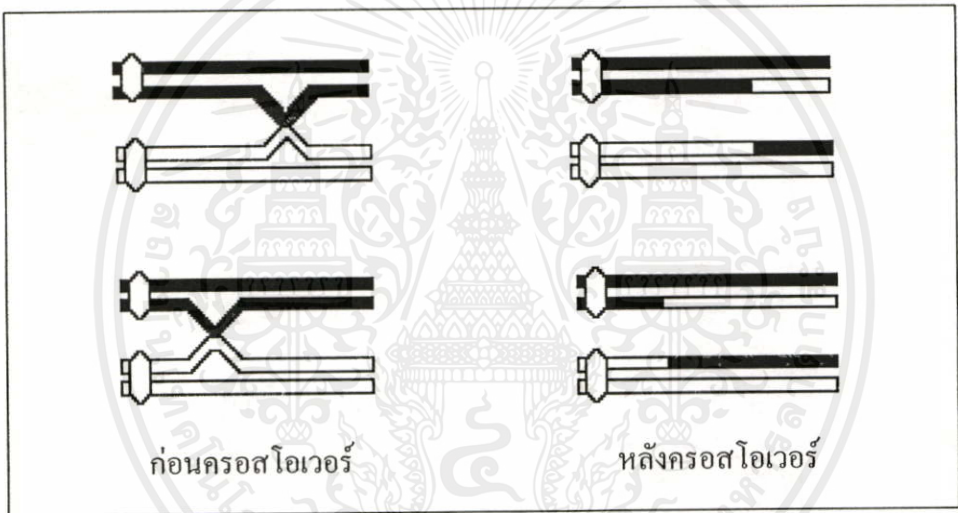
(2) การแบ่งตัวของเซลล์สืบพันธุ์ เป็นการแบ่งตัวแบบไมโอซิส (Meiosis) โดยโครโมโซมจากเซลล์พ่อ 1 โครโมโซมและโครโมโซมจากเซลล์แม่ 1 โครโมโซม จะเริ่มจับคู่กันที่โครโมโซมชนิดเดียวกัน ในขณะที่เดียวกันโครโมโซมแต่ละตัวทั้งที่มาจากพ่อและมาจากแม่ ต่างก็จำลองแบบของตนเพิ่มขึ้นมาอีกแต่ละโครโมโซม ทำให้ได้จำนวนโครโมโซมทั้งหมดเพิ่มขึ้นเป็นสองเท่า และดำเนินการทางพันธุกรรมจนถึงระยะแบ่งตัว โครโมโซมพ่อพร้อมกับแบบจำลองและโครโมโซมแม่พร้อมกับแบบจำลองที่ได้ จะแยกคู่ไปรวมกันเป็น 2 นิวเคลียส กลายเป็นเซลล์ใหม่ 2 เซลล์ ซึ่งจะแบ่งตัวต่อทันที โดยแต่ละโครโมโซมพ่อแยกตัวออกจากแบบจำลอง และโครโมโซมแม่ก็แยกตัวออกจากแบบจำลองรวมกันเป็นเซลล์ใหม่ 4 เซลล์ ดังรูปที่ 2.2-b



รูปที่ 2.2 แสดงการแบ่งตัวของเซลล์ทางพันธุศาสตร์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณี วิธีการทางพันธุศาสตร์ในระหว่างที่เกิดการแบ่งตัวของไมโอซิสนั้น โครโมโซมจะมีโอกาส  
แลกเปลี่ยนส่วนบางส่วนซึ่งกันและกัน อันเป็นสาเหตุที่ทำให้เกิดปรากฏการณ์ที่เรียกว่า ครอสโอ  
เวอร์ (Crossover) ของลักษณะต่าง ๆ ขึ้น ซึ่งการครอสโอเวอร์นั้นเกิดขึ้นขณะที่มีการจำลอง

แบบเพิ่มขึ้น และเกิดขึ้นระหว่างโครโมโซมพ่อกับโครโมโซมแม่ ไม่ใช่เกิดขึ้นระหว่างโครโมโซมพ่อกับแบบจำลอง ซึ่งการครอสโอเวอร์จะทำให้เกิดการแลกเปลี่ยนลักษณะของยีนส์ต่าง ๆ ของคู่โครโมโซมพ่อกับแม่ โดยเนื่องจากยีนส์แต่ละยีนส์เรียงตัวกันบนเส้นโครโมโซมนั้นไม่ได้อยู่กันอย่างหนาแน่น แต่มีระยะห่างกันอย่างไม่สม่ำเสมอ เพราะคุณสมบัติของยีนส์นั้นเป็นโมเลกุลของสารโปรตีนประกอบตัวกันทางเคมี ช่องว่างระหว่างยีนส์นี่เองจะเป็นตำแหน่งที่แตกออกมาได้เวลาจะครอสโอเวอร์ และแลกเปลี่ยนยีนส์ของโครโมโซมโดยส่วนที่อยู่หลังรอยแตก โดยจะถูกย้ายไปอยู่อีกโครโมโซมหนึ่งทั้งหมด นอกจากนี้ยังสามารถแตกอีกที่แห่งก็ได้ ซึ่งผลนั้นขึ้นอยู่กับความสามารถที่จะเชื่อมกันมากน้อยเพียงไรของช่องว่างระหว่างยีนส์ดังรูปที่ 2.3

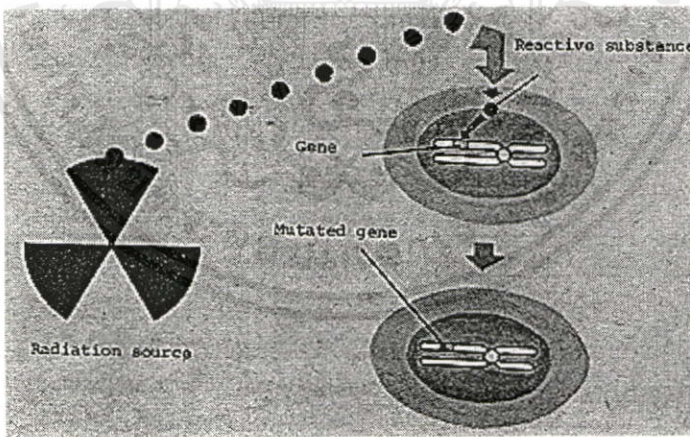


รูปที่ 2.3 แสดงการครอส โอเวอร์ทางพันธุศาสตร์

ประโยชน์ที่เกิดจากครอสโอเวอร์ที่เราจะเห็นได้คือทำให้มีโอกาสที่จะได้ลักษณะต่าง ๆ กันมาอยู่รวมกันได้หลายแบบมากขึ้น ทำให้สิ่งมีชีวิตรุ่นลูกที่เกิดขึ้นมามีความหลากหลายมากขึ้น และอาจทำให้มีโอกาสเกิดสิ่งมีชีวิตที่มีลักษณะต่าง ๆ ที่ดีพอเหมาะรวมอยู่ด้วยกันได้อย่างพอดี เหมาะสมกับสิ่งแวดล้อม ถ้าการเกิดเซลล์ใหม่โดยถ่ายทอดโครโมโซมไม่มีการครอสโอเวอร์แล้ว โครโมโซมใดเคยมียีนส์ลักษณะใดก็จะมีลักษณะนั้นอยู่เรื่อย ๆ รุ่นลูกก็จะมีลักษณะเช่นเดียวกัน โอกาสที่สิ่งมีชีวิตนั้นจะเจริญ หรือปรับตัวให้ดีขึ้นย่อมมิได้ยากกว่าการเปลี่ยนแปลงลักษณะยีนส์ใหม่ หลาย ๆ แบบมากขึ้น

ลักษณะต่าง ๆ ของสิ่งมีชีวิตจะสามารถอยู่รอดได้โดยการคัดเลือกทางธรรมชาติคือ คัดเลือกโครโมโซมที่มีลักษณะที่ทำให้สิ่งมีชีวิตแข็งแรงเพียงพอ หรือเหมาะสมต่อสภาพแวดล้อม ซึ่งจะสามารถอยู่รอดและถ่ายทอดไปยังลูกหลาน ดังนั้นการคัดเลือกของธรรมชาติเพื่อถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม เป็นเพียงส่วนประกอบของการเปลี่ยนแปลงของสิ่งมีชีวิตเท่านั้น มิเวคัน

(Mutation) หรือการผ่าเหล่า คือการเปลี่ยนแปลงลักษณะของยีนส์ไปจากเดิมที่ควรเป็นไปตามการถ่ายทอด ซึ่งเป็นต้นเหตุของการเกิดลักษณะที่แปลก ๆ ออกไปมากมายสำหรับสิ่งมีชีวิตหนึ่ง ๆ ซึ่งเท่ากับเป็นการให้โอกาสแก่ธรรมชาติในการที่จะเลือกลักษณะแปลก ๆ มากขึ้น เนื่องจากขบวนการวิวัฒนาการโดยธรรมชาติเองนั้นช้ามาก เพราะกว่าที่ธรรมชาติจะปรับสภาพแวดล้อมให้สิ่งมีชีวิตค่อย ๆ ปรับตัวเองให้เหมาะสมนั้นมีโอกาสน้อยมาก การผ่าเหล่านั้นทุกลักษณะในแต่ละยีนส์ย่อมมีโอกาสที่จะเกิดความเปลี่ยนแปลงไปจากเดิมได้พอ ๆ กัน และถ้าเหมาะสมกับสภาพแวดล้อมขณะนั้นก็จะคงอยู่ต่อไป แต่ถ้าการเปลี่ยนแปลงเป็นลักษณะใดเกิดผิดจังหวะคือไม่เหมาะกับสภาพขณะนั้น ๆ ก็จะไม่ถูกคัดเลือกและหายไป ซึ่งข้อสรุปนี้ได้จากการทดลองโดยการนำเอายีนส์ของแบคทีเรียมาผสมกัน และจัดสภาพแวดล้อมที่ไม่อำนวยต่อการผสมกันแล้ว ยีนส์จะปรับตัวเองเพื่อเร่งขบวนการผสมพันธุ์จนได้ผลดีในรุ่นหลัง ๆ ตัวอย่างของการผ่าเหล่าในอดีตคือการกำเนิดของปลาทองนั้น มีต้นกำเนิดมาจากการกลายพันธุ์หรือผ่าเหล่าของปลาซิว และในปัจจุบันลักษณะใหม่ที่เกิดจากการผ่าเหล่าก็ยังคงมีให้เห็นอยู่ เช่น ความสามารถของเชื้อโรคแบคทีเรียในการต้านทานต่อยาฆ่าเชื้อ หรือเซลล์ผิดปกติอันเกิดจากกัมมันตภาพรังสีต่าง ๆ ซึ่งมีผลต่อสารภายในเซลล์ทำให้ลักษณะของยีนส์ในเซลล์เปลี่ยนไป ซึ่งแสดงดังรูปที่ 2.4 เป็นต้น



รูปที่ 2.4 แสดงการมิวเตชันทางพันธุศาสตร์

### จีเนติก อัลกอริทึมเบื้องต้น

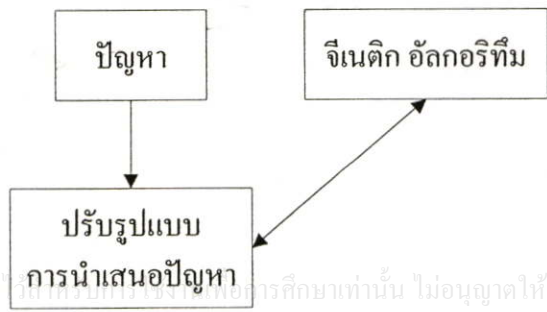
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการเรียนการสอนเท่านั้น ไม่สามารถนำไปใช้ประโยชน์อื่น ๆ ได้โดยไม่ได้รับความยินยอมจากผู้จัดทำเอกสารนี้  
 ปี ค.ศ. 1975 John Holland [13] เริ่มสนใจศึกษาในทฤษฎีวิวัฒนาการทางธรรมชาติ (Natural Evolution) ในการกำเนิดประชากร (Population) สิ่งมีชีวิตในรุ่นต่อ ๆ ไป โดยกระบวนการธรรมชาติทางชีววิทยาประกอบด้วยคัดเลือกทางธรรมชาติ (Natural Selection) คือสิ่งมีชีวิตใดแข็งแรงกว่าย่อมมีโอกาสอยู่รอดได้มากกว่านั้นหมายถึงการมีโครโมโซมซึ่งประกอบด้วยยีนส์ต่างๆ

ๆ ที่มีลักษณะที่ดี นั้นจะมีโอกาสอยู่รอดได้มากกว่า โครโมโซมที่สามารถอยู่รอดได้ก็จะถูกถ่ายทอด ยีนส์ที่มีลักษณะที่ดีเหล่านั้นไปยังลูกหลานได้มากกว่าเช่นกัน และกระบวนการทางพันธุศาสตร์ (Genetic Operation) คือการกำเนิดโครโมโซมใหม่โดยการผสมพันธ์เพื่อถ่ายทอดยีนส์จากโครอสโอ เวอร์ หรือกลายพันธุ์จากมิวเตชัน

จากความเชื่อในวิวัฒนาการทางธรรมชาติ ที่แสดงถึงคุณลักษณะที่เป็นอยู่ของสิ่งมีชีวิตโดยการถ่ายทอดลักษณะต่าง ๆ บนโครโมโซมนั้นมีคุณสมบัติทั่วไปที่ยอมรับกันคือ [23] [25]

- (1) วิวัฒนาการเป็นผลที่เกิดขึ้นเนื่องจากความเปลี่ยนแปลงบนโครโมโซม ที่เป็นอยู่ซึ่งแสดงลักษณะของสิ่งมีชีวิตนั้น ๆ
- (2) ธรรมชาติทางการคัดเลือกมีความสัมพันธ์กับโครโมโซมที่แสดงถึงประสิทธิภาพของโครงสร้างที่ดี ที่จะคัดเลือกเพื่อถ่ายทอดส่วนของโครงสร้างที่ดี
- (3) การถ่ายทอดในขณะที่เกิดวิวัฒนาการนั้น โครโมโซมพ่อแม่ มีการแลกเปลี่ยนส่วนโครงสร้างกันเพื่อสร้างโครโมโซมลูก และเหตุผลที่ทำให้เกิดโครโมโซมลูกที่แตกต่างออกไปคือขบวนการผ่าเหล่า
- (4) วิวัฒนาการทางธรรมชาติมิได้เป็นสิ่งที่เกิดจากความจดจำ แต่เป็นกระบวนการที่เกิดจากโครงสร้างต่าง ๆ ในโครโมโซมที่เหมาะสมกับสภาพแวดล้อมที่เกิดขึ้นในขณะนั้น

Holland คิดว่าแนวความคิดจากคุณสมบัติเหล่านี้ น่าจะนำมาปรับใช้กับคอมพิวเตอร์ให้ช่วยแก้ปัญหาที่ย่างยากต่าง ๆ ในการหาคำตอบที่ดีที่สุดหรือใกล้เคียงที่สุด เขาจึงได้ทำการวิจัยโดยจำลองแบบเพื่อทดลองกับปัญหาแบบต่าง ๆ โดยมีจุดมุ่งหมายที่จะศึกษาระบบปรับปรุงการประมวลผลเอง (self adaptive process) และเพื่อสร้างโปรแกรมระบบผู้เชี่ยวชาญ (artificial system software) เพื่อแก้ปัญหา โดยอาศัยแนวความคิดของระบบทางธรรมชาติ และค้นพบวิธีการใหม่ซึ่งเรียกว่า จีเนติก อัลกอริทึม (Genetic Algorithms : GA) [7] [8] [9]



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับใช้เพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นอนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รูปที่ 2.5 แสดงหลักการเบื้องต้นของ GA

รูปที่ 2.5 [18] แสดงหลักการเบื้องต้นในการใช้ GA แก้ปัญหา โดยจะต้องมีการปรับปรุงรูปแบบปัญหาในการนำเสนอ GA ในลักษณะที่เหมาะสม เพราะ GA เป็นวิธีการค้นหาคำตอบโดยอาศัยวิธีการเลียนแบบการคัดเลือกทางธรรมชาติ และธรรมชาติทางพันธุกรรมโดยการรวมกันหรือสลับเปลี่ยนตัวแปรต่าง ๆ อันเป็นองค์ประกอบโครงสร้างของปัญหาที่ให้คำตอบที่ต้องการ ซึ่งอาศัยหลักการสุ่ม เพื่อปรับปรุงความสามารถในการค้นหาคำตอบที่ดีขึ้น การค้นหาคำตอบจากรุ่นหนึ่งไปรุ่นถัดไปตามวิวัฒนาการทางธรรมชาตินั้น คำตอบในรุ่นใหม่เกิดขึ้นจากการสร้างความสัมพันธ์ของโครงสร้างต่าง ๆ ที่ประกอบด้วยค่าตัวแปรที่เหมาะสมดีในรุ่นก่อน ดังนั้นจึงทำให้ได้คำตอบที่ดีขึ้น จะเห็นได้ว่าวิธีการพื้นฐานของ GA เป็นแบบการสุ่ม แต่มีหลักการและประสิทธิภาพจากการคาดเดาคำตอบใหม่จากสถิติคำตอบเดิมที่ดี ซึ่งแตกต่างจากวิธีการทั่วไปคือ

- (1) GA ค้นหาคำตอบภายใต้โครงสร้างของปัญหาอันเกิดจากการกำหนดรหัส (coding) รูปแบบโครงสร้างจากกลุ่มตัวแปรต่าง ๆ ของปัญหานั้น ไม่ใช่ค้นหาคำตอบจากค่าของกลุ่มตัวแปรนั้น
- (2) GA ค้นหาคำตอบโดยพิจารณาจากประชากรคำตอบ หรือกลุ่มคำตอบ ไม่ใช่พิจารณาจากคำตอบใดคำตอบหนึ่ง
- (3) GA ค้นหาคำตอบจากผลลัพธ์ของกลุ่มค่าตัวแปรที่เป็นฟังก์ชันเป้าหมายของปัญหา
- (4) GA ค้นหาคำตอบโดยอาศัยการถ่วงน้ำหนักความเหมาะสมของแต่ละคำตอบจากกลุ่มคำตอบนั้น ๆ

### ฟังก์ชันเป้าหมายกับฟังก์ชันความเหมาะสม

การหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาของ GA มีพื้นฐานอยู่บนผลลัพธ์จากการหาคำตอบที่ผ่านมา วิธีการของ GA จะไม่พิจารณาจากขั้นตอนของการแก้ปัญหา แต่จะพิจารณาโดยตัดสินใจคำตอบใหม่ที่ได้รับดีขึ้นหรือไม่ หรือเป็นคำตอบที่ใกล้เคียงคำตอบที่ต้องการหรือไม่ จากฟังก์ชันเป้าหมาย (Object Function :  $f$ ) เนื่องจากแต่ละปัญหาจะสามารถกำหนดฟังก์ชันเป้าหมายซึ่งเป็นฟังก์ชันที่แสดงความสัมพันธ์ของแต่ละตัวแปร พารามิเตอร์ เงื่อนไข หรือข้อกำหนดต่าง ๆ ของปัญหานั้น ๆ ที่ระบุคำตอบใดคำตอบหนึ่งที่สามารถเป็นไปได้ ณ ค่าพารามิเตอร์ เงื่อนไข หรือข้อกำหนดชุดดังกล่าว สำหรับฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function :  $F$ ) เป็นฟังก์ชันที่กำหนดค่าความเหมาะสม (fitness) ของแต่ละโครโมโซมเปรียบเสมือนค่าความสามารถในการอยู่รอดของแต่ละโครโมโซม และเป็นฟังก์ชันที่กำหนดโอกาส หรือสัดส่วนที่แต่ละโครโมโซมเหมาะสมจะถูกคัดเลือกมากขึ้นเพียงใด นั่นคือฟังก์ชันความเหมาะสมจะเป็นฟังก์ชันที่แสดงถึงคำตอบที่เกิดขึ้นจากชุดตัวแปรของปัญหาของโครโมโซมนั้นดีเพียงใด โดยทั่วไปแล้วเรามักใช้ฟังก์ชันเป้าหมายเป็นฟังก์ชันความ

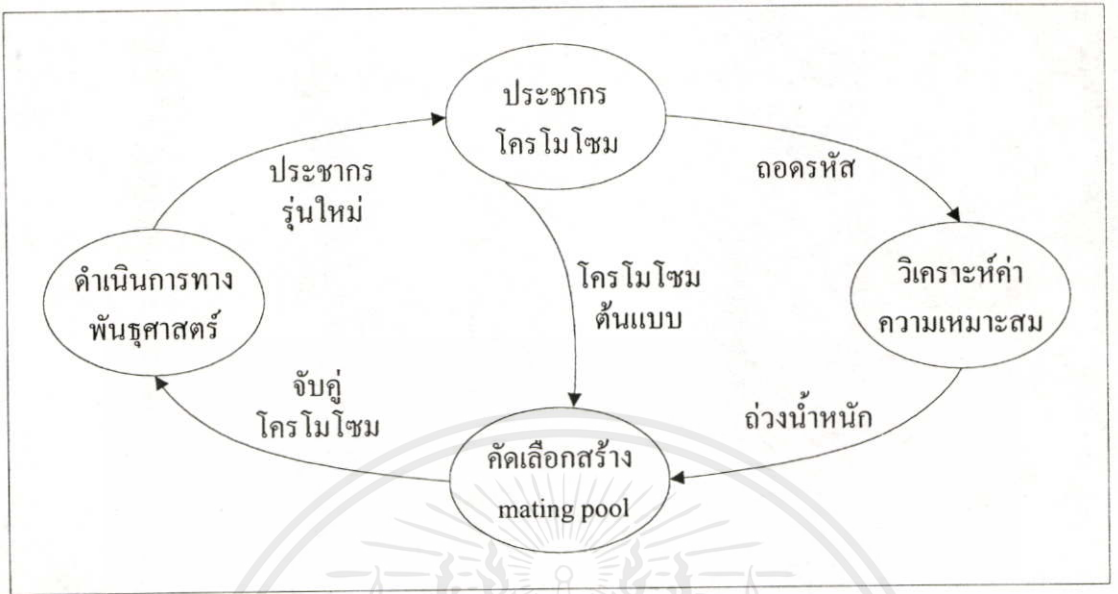
เหมาะสม หรืออาจใช้ฟังก์ชันเป้าหมายที่ถูกปรับให้เหมาะสมกับการนำเสนอ GA เป็นฟังก์ชันความเหมาะสมก็ได้

## รูปแบบโครโมโซม

เราทราบกันแล้วว่าวิวัฒนาการทางธรรมชาติชีววิทยานั้นเป็นความเปลี่ยนแปลงต่าง ๆ ของสิ่งมีชีวิตเกิดขึ้นในโครโมโซม ดังนั้นจุดเริ่มต้นของการจำลองแบบทางธรรมชาติของ GA เพื่อใช้แก้ปัญหาจึงเริ่มจากการมองปัญหาเทียบเท่ากับโครโมโซมชนิดหนึ่ง ประกอบด้วยยีนส์ลักษณะต่าง ๆ ซึ่งหมายถึงลำดับข้อมูลต่าง ๆ ที่จะแปลความหมายแล้วให้ค่าคำตอบของปัญหาค่าหนึ่ง การมองภาพยีนส์ของ GA ให้ถือเสมือนยีนส์ทางพันธุกรรมที่แสดงความหมายหรือเป็นตัวแทนคำตอบใดคำตอบหนึ่ง หรือลักษณะใดลักษณะหนึ่งทางกรรมพันธุ์ ในทางพันธุศาสตร์นั้นยีนส์เป็นตัวแสดงลักษณะที่อยู่รอดในสภาพแวดล้อมขณะนั้น สำหรับ GA นั้นยีนส์เป็นตัวแสดงค่าคำตอบของปัญหาที่แปรผันไปตามการประยุกต์ใช้งาน ซึ่งโดยทั่วไปยีนส์หมายถึงตัวแปร พารามิเตอร์ เงื่อนไข หรือข้อกำหนดต่าง ๆ ที่เป็นองค์ประกอบของปัญหา ดังนั้นการกำหนดรูปแบบโครโมโซมของแต่ละปัญหาโดยการแปลงตัวแปร พารามิเตอร์ เงื่อนไข หรือข้อกำหนดต่าง ๆ ให้อยู่ในรูปลำดับของยีนส์บนโครโมโซม หรือเรียกว่าสตริง (string) อันประกอบด้วยบิต (bit) หรือเรียกว่าอักขระ (character) ซึ่งลักษณะต่าง ๆ ที่เป็นได้ของแต่ละยีนส์คือค่าของบิต (bit Value) หรือค่าตัวแปร พารามิเตอร์ ต่าง ๆ ที่เป็นไปได้ และรูปแบบของค่าบิตที่จัดเรียงบนโครโมโซมคือ ยีนไทป์ (genotype) ที่จะแสดงถึงค่าของตัวแปร พารามิเตอร์ต่าง ๆ ที่เป็นไปได้ชุดหนึ่งหรือฟีโนไทป์ (phenotype) นั่นเอง การกำหนดรูปแบบโครโมโซมของปัญหาให้เป็นตามแบบธรรมชาติ โดยกำหนดรหัสในรูปแบบตัวเลขหรือตัวอักษรในช่วงที่จำกัดตามค่าตัวแปรหรือพารามิเตอร์ และประกอบรวมกันในจำนวนยีนส์หรือความยาวของโครโมโซมที่คงที่ เช่น หากต้องการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์  $y = x^2$  ที่  $x$  เป็นจำนวนเต็มอยู่ในช่วง  $[0,31]$  แล้ว วิธีการของ GA ในการแก้ปัญหาโดยกำหนดรูปแบบโครโมโซมจากการกำหนดรหัสตัวแปร  $x$  เป็นตัวเลขไบนารี 0 หรือ 1 จำนวน 5 ตำแหน่ง ซึ่ง  $x$  จะมีค่าตั้งแต่ 00000 ถึง 11111 เป็นค่า 0 ถึง 31 ตามต้องการ เป็นต้น

## วัฏจักรจินตนาการ อัลกอริทึม

เมื่อกำหนดรูปแบบโครโมโซมและฟังก์ชันความเหมาะสมของปัญหาแล้ว GA จะสามารถประมวลผลหาคำตอบของปัญหาได้ โดยสร้างวิวัฒนาการกลุ่มคำตอบในรุ่นต่อไปตามวัฏจักรการทำงานของ GA (Genetic Algorithm Cycle) ดังรูปที่ 2.6 ซึ่งมี 4 ขั้นตอน คือ



รูปที่ 2.6 แสดงวัฏจักรจีเนติก อัลกอริทึม

(1) สร้างประชากรโครโมโซมรุ่นเก่าตามรูปแบบโครโมโซมที่กำหนดไว้ โดยประชากรต้นกำเนิด (Initial Population) เกิดจากการสร้างชุดโครโมโซมต้นกำเนิด จากการสุ่มสร้างค่าแต่ละบิตของแต่ละโครโมโซม

(2) วิเคราะห์ค่าความเหมาะสมแต่ละโครโมโซม โดยถอดรหัสค่าตัวแปร พารามิเตอร์ต่างๆ ของแต่ละบิตในโครโมโซม และคำนวณค่าความเหมาะสมจากฟังก์ชันความเหมาะสมที่กำหนดไว้

(3) สร้าง mating pool คือชุดโครโมโซมต้นแบบหรือชุดโครโมโซมพ่อ-แม่ ที่สามารถอยู่รอดเป็นต้นแบบ ซึ่งอาศัยการจำลองการคัดเลือกทางธรรมชาติ โดยพิจารณาถ่วงน้ำหนักจากค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม หากโครโมโซมใดมีค่าความเหมาะสมมากก็จะมีโอกาสถูกคัดเลือกเป็นต้นแบบมาก

(4) ดำเนินการทางพันธุศาสตร์โดยสุ่มจับคู่โครโมโซมต้นแบบใน mating pool เพื่อสร้างประชากรโครโมโซมรุ่นใหม่ ซึ่งตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์ประกอบด้วย ครอสโอเวอร์ โดยการแลกเปลี่ยนค่าบิตบางส่วนของโครโมโซมซึ่งกันและกัน หรือมิวเตชัน โดยสุ่มเปลี่ยนค่าบิตบางบิตของแต่ละโครโมโซม เป็นต้น

การค้นหาคำตอบของ GA จะประมวลผลซ้ำตามวัฏจักร GA จนกว่าจะได้รับคำตอบที่พอใจตามกฎเกณฑ์ที่ตั้งไว้ หรือในระยะเวลาตามจำนวนรุ่นที่ดำเนินการที่ต้องการ ซึ่งแสดงอัลกอริทึมการทำงานของ GA [18] ดังนี้

## อัลกอริทึม GA

BEGIN

t := 0;

// สร้างประชากร โครโมโซมต้นกำเนิดโดยการสุ่ม

Initpopulation P(t);

// วิเคราะห์ค่าความเหมาะสมแต่ละโครโมโซมประชากรต้นกำเนิด

Evaluate P(t);

// ตรวจสอบเงื่อนไขความพอใจ (เช่น เวลา, ค่าความเหมาะสม เป็นต้น)

while not terminate

begin

t := t+1;

// คัดเลือกโครโมโซมต้นแบบจากประชากรรุ่นก่อน

P'(t) := Selectparents P(t-1);

// แลกเปลี่ยนส่วนยีนส์ภายในโครโมโซมต้นแบบ

Recombine P'(t);

// มิวเตชันโครโมโซมต้นแบบ

Mutate P'(t);

// วิเคราะห์ค่าความเหมาะสมของประชากรรุ่นใหม่

Evaluate P'(t);

// ประชากรรุ่นใหม่กลายเป็นประชากรรุ่นเก่าต่อไป

P(t) := P'(t);

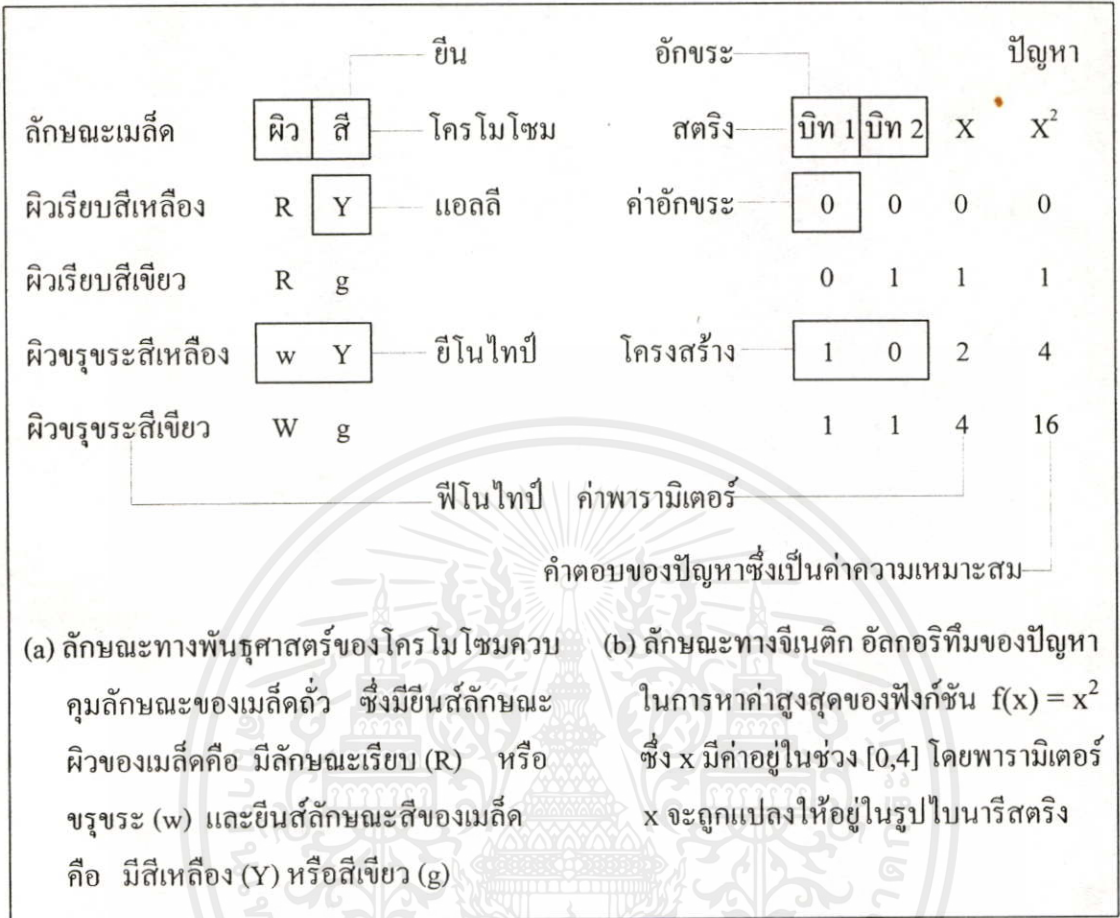
end;

END.

## พันธุศาสตร์ทางชีววิทยา กับ จีเนติก อัลกอริทึม

เพื่อเปรียบเทียบลักษณะโครงสร้างทางพันธุศาสตร์ กับ จีเนติก อัลกอริทึม แล้วเรากล่าว

โดยสรุปได้คือ ในทางพันธุศาสตร์ แต่ละโครโมโซม ประกอบด้วยหน่วยเก็บลักษณะ หรือยีนส์ ซึ่ง  
 เก็บค่าแสดงลักษณะ หรือแอลลี และแต่ละแบบของชุดยีนส์เรียกว่ายีนไทป์ ซึ่งแสดงลักษณะภาย  
 นอกที่ปรากฏเรียกว่า ฟีนไทป์ ดังรูปที่ 2.7-a



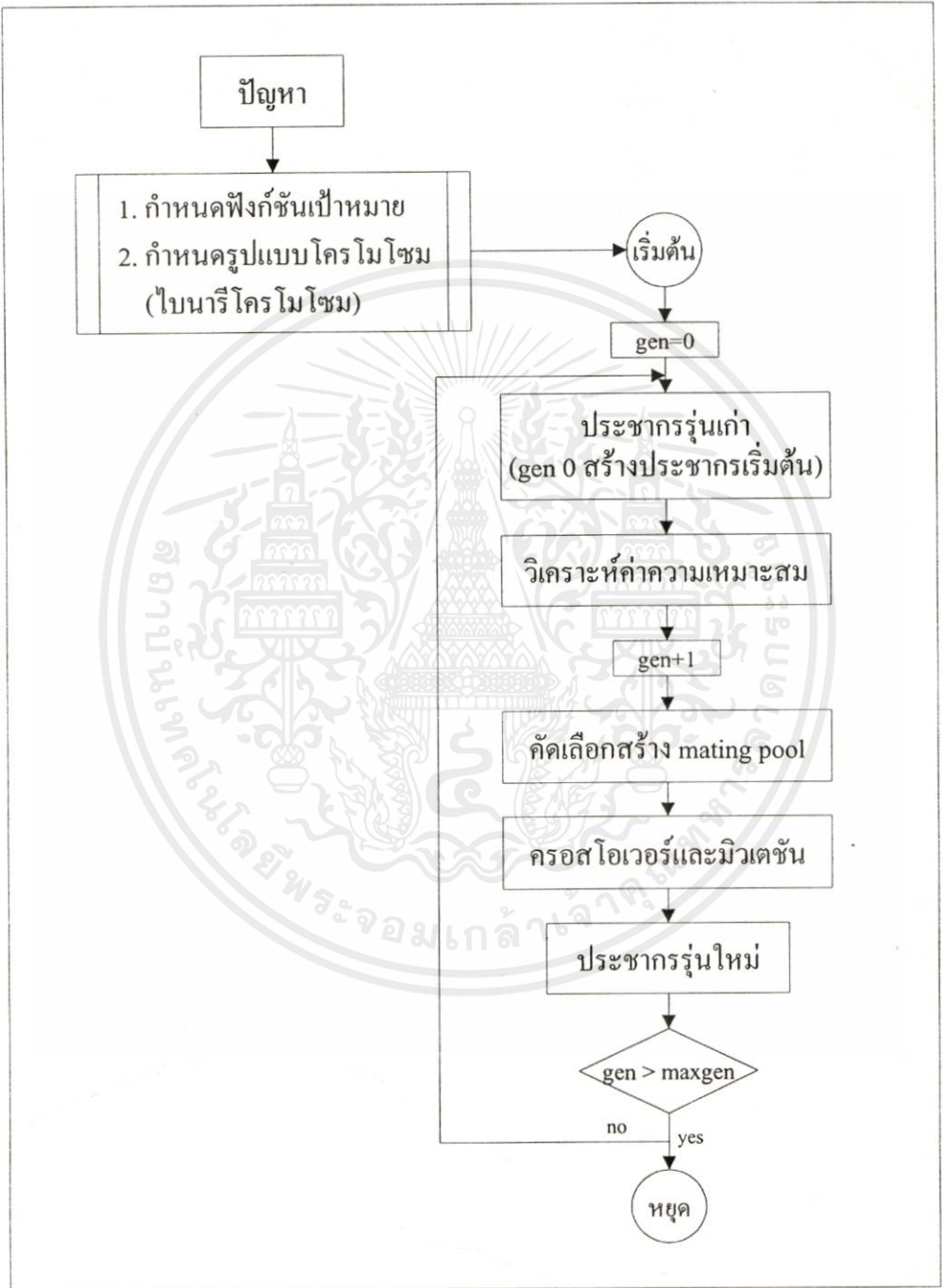
รูปที่ 2.7 แสดงรายละเอียดทางพันธุศาสตร์ กับ จีเนติก อัลกอริทึม

สำหรับในทางจีเนติก อัลกอริทึม ตัวแปรหรือพารามิเตอร์ของปัญหาจะถูกแปลงให้อยู่ในรูปของสตริง ซึ่งมักเรียกกันว่าโครโมโซม ประกอบด้วยอักขระ หรือบิต แต่ละตำแหน่งของโครโมโซมจะเก็บค่าอักขระ หรือ ค่าของบิต ที่แสดงถึงโครงสร้างของแต่ละโครโมโซมที่มีค่าตัวแปรหรือพารามิเตอร์ของปัญหาแตกต่างกัน และเป็นตัวกำหนดค่าความเหมาะสมตามฟังก์ชันความเหมาะสมของแต่ละปัญหา ดังรูปที่ 2.7-b ซึ่งสรุปความหมายเปรียบเทียบคำศัพท์ ที่ใช้ทางพันธุศาสตร์กับทางจีเนติก อัลกอริทึม ดังตารางที่ 2.1

Natural Genetic	Genetic Algorithm
chromosome	string
gene	character, bit
allele	character value, bit value
locus	string position
genotype	structure
phenotype	a decode structure

ตารางที่ 2.1 แสดงคำศัพท์ทางพันธุศาสตร์ กับ ทางจีเนติก อัลกอริทึม

## จีเนติก อัลกอริทึมแบบง่าย



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น รูปที่ 2.8 แสดงไคอะแกรมการทำงานของ จีเนติก อัลกอริทึมแบบง่าย

GA ในยุคเริ่มแรกของ Holland นั่นคือ จีเนติก อัลกอริทึมแบบง่าย (Simple Genetic Algorithm : SGA) [9] ซึ่งมีขั้นตอนพื้นฐานที่มีกระบวนการไม่มากนักและง่ายในการศึกษาความเข้าใจแต่ละขั้นตอนการทำงานของ GA เพื่อแก้ปัญหาในการหาคำตอบ แสดงดังไดอะแกรมในรูปที่ 2.8 แบ่งออกเป็น 2 ส่วนคือ ขั้นตอนเตรียมการและขั้นตอนการทำงาน

สำหรับในส่วนของขั้นตอนเตรียมการนั้นเป็นส่วนของการปรับรูปแบบของปัญหาให้เหมาะสมสำหรับการนำเสนอ GA เพื่อใช้ในการแก้ปัญหาที่นั้น ๆ ประกอบด้วย

1. กำหนดฟังก์ชันความเหมาะสม เพื่อความสะดวกและง่ายต่อความเข้าใจในขั้นตอนการทำงานต่าง ๆ จะกำหนดตัวอย่างปัญหาสำหรับอธิบายรายละเอียดการหาคำตอบของ SGA คือ ปัญหาการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y = x^2$  ที่  $x$  มีค่าระหว่างจำนวนเต็ม  $I[0,31]$  ดังนั้น

ตัวอย่าง : ฟังก์ชันเป้าหมาย คือ

$$f = x^2$$

และกำหนดให้ฟังก์ชันความเหมาะสม คือ

$$F = x^2$$

ซึ่งคำตอบที่ดีที่สุด คือ ค่า  $x$  ที่มีค่าความเหมาะสมสูงสุด (MAX(F))

2. กำหนดรูปแบบโครโมโซม รูปแบบโครโมโซมของ SGA นั้นเป็นแบบไบนารี โดยค่าตัวแปรหรือพารามิเตอร์ของปัญหาจะถูกแปลงให้อยู่ในรูปของไบนารีโครโมโซม คือประกอบด้วยบิตที่มีค่าเป็น 0 หรือ 1 ซึ่งเป็นค่าในเลขฐานสอง และมีความยาว (Chromosome Length : lchrom) ตามแต่จะกำหนด ซึ่งแสดงด้วยสัญลักษณ์ได้ดังนี้

$B_1$	$B_2$	$B_3$	$\dots$	$B_{lchrom}$
-------	-------	-------	---------	--------------

ซึ่ง  $B_i \in I [0, 1]$

ตัวอย่าง : วิธีการเข้ารหัสแบบไบนารีโดยแปลงค่าพารามิเตอร์  $x$  ให้อยู่ในรูปไบนารีบิต 5 บิต (lchrom = 5) ดังนั้นโครโมโซมของปัญหาจะมีค่าอยู่ในช่วง 00000 ถึง 11111 ซึ่งเมื่อถอดรหัสแล้วจะทำให้  $x$  มีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 31 ตามที่ต้องการ

ในส่วนของรายละเอียดขั้นตอนการทำงานของ SGA จะเป็นขั้นตอนพื้นฐานเบื้องต้นแบบง่ายประกอบด้วย

1. ประชากรรุ่นเก่า (Old Population) เป็นชุดโครโมโซมที่จะถูกคัดเลือกไปเป็นต้นแบบสำหรับสร้างประชากรรุ่นใหม่ (New Population) ในวิวัฒนาการรุ่น (generation : gen) ต่อไป โดยประชากรเริ่มต้นที่  $gen=0$  จะถูกสร้างขึ้นโดยการสุ่มตามจำนวนโครโมโซมในแต่ละรุ่น (Population Size : popsize) ที่กำหนด

ตัวอย่าง :	ลำดับ	โครโมโซม	
	1	01110	ชุดโครโมโซมในรุ่นเริ่มต้นนี้เป็นชุดโครโมโซมที่กำหนดให้
	2	11001	ในแต่ละรุ่นประกอบด้วย 4 โครโมโซม ซึ่งแต่ละโครโมโซม
	3	01000	เกิดจากการสุ่มค่าไบนารี 0 หรือ 1 จำนวน 5 ครั้ง
	4	10011	

2. วิเคราะห์ค่าความเหมาะสม เป็นขั้นตอนของการถอดรหัสจากรูปแบบโครโมโซมที่กำหนดไว้ เพื่อคำนวณค่าความเหมาะสมตามฟังก์ชันความเหมาะสมของปัญหาของแต่ละโครโมโซม ในที่นี้ฟังก์ชันเป้าหมายหรือฟังก์ชันความเหมาะสม คือ  $F = x^2$  ดังนั้นการวิเคราะห์ค่าความเหมาะสมของ SGA โดยถอดรหัสเลขฐาน 2 ของแต่ละโครโมโซมเป็นค่าของตัวแปร  $x$  และคำนวณค่าความเหมาะสมคือค่า  $x^2$

ตัวอย่าง :	ลำดับ	โครโมโซม	$x$	ค่าความเหมาะสม	
	1	01110	14	196	ชุดโครโมโซมในรุ่นเริ่มต้นมีค่า
	2	11001	25	625	ความเหมาะสมเป็น 196, 625,
	3	01000	8	64	64 และ 361 ตามลำดับ
	4	10011	19	361	

3. การคัดเลือก เป็นขั้นตอนที่จำลองแบบการคัดเลือกทางธรรมชาติเพื่อสร้าง mating pool โดยคัดเลือกชุดโครโมโซมรุ่นเก่าให้เป็นโครโมโซมต้นแบบหรือโครโมโซมพ่อ-แม่ เพื่อใช้สร้างโครโมโซมลูกเป็นรุ่นต่อไป สำหรับการคัดเลือกของ SGA เป็นแบบอ้างอิงค่าความเหมาะสม (Fitness-based Selection) โดยพิจารณาค่าความเหมาะสมเป็นตัวตัดสินว่า โครโมโซมใดในรุ่นเก่ามีโอกาสจะถูกเลือกเป็นโครโมโซมพ่อ-แม่มากขึ้นเพียงใด โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีจะถูกกำหนดน้ำหนักค่าความน่าจะเป็นที่จะถูกเลือกแต่ละครั้งสูง การกำหนดค่าความน่าจะเป็นที่จะถูกเลือกต่อการสุ่มเลือกแต่ละครั้ง (Probability of Selected Value :  $p_{select}$ ) ของแต่ละโครโมโซม โดยกำหนดจากค่าความเหมาะสม เทียบกับผลรวมของค่าความเหมาะสมทั้งหมด ดังสมการที่ 2.1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้ง  $F_i$  จะมีให้ลดลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$p_{select_i} = \frac{F_i}{\sum F} \quad (2.1)$$

ซึ่งสามารถคำนวณค่าที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ (Expected Value : E) ของแต่ละโครโมโซมในแต่ละรุ่น ดังสมการที่ 2.2

$$E_i = p_{select_i} * popsize = \frac{F_i}{F} \tag{2.2}$$

สำหรับวิธีการสุ่มโครโมโซมต้นแบบของ SGA เป็นแบบจำลองการหมุนวงล้อถ่วงน้ำหนัก (Roulette Wheel : RW) ซึ่งกำหนดขนาดแต่ละช่องของวงล้อนั้นตามค่าความน่าจะเป็นที่จะสุ่มได้ในแต่ละครั้ง ของแต่ละโครโมโซม ซึ่งมีวิธีการดังนี้

- (1) หาค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม
- (2) หาค่าความน่าจะเป็นที่จะสุ่มได้ในแต่ละครั้งของแต่ละโครโมโซม
- (3) หาค่าความถี่สะสม (q) ของค่าความน่าจะเป็นของแต่ละโครโมโซมดังสมการที่ 2.3

$$q_i = \sum_{j=1}^i p_{select_j} \tag{2.3}$$

- (4) สร้างเลขสุ่มจำนวนจริง (r) มีค่าอยู่ในช่วง [0.0 , 1.0]
- (5) เลือกโครโมโซมลำดับที่ r ซึ่ง r มีค่าอยู่ระหว่าง  $q_{i-1}$  และ  $q_i$

ตัวอย่าง :

ลำดับ	โครโมโซม	x	ค่าความเหมาะสม (F)	ค่าความน่าจะเป็น (pselect <sub>i</sub> )	จำนวนที่คาดหวัง (E <sub>i</sub> )	จำนวนที่สุ่มได้จาก RW
1	0 1 1 1 0	14	196	0.157	0.628	1
2	1 1 0 0 1	25	625	0.502	2.008	2
3	0 1 0 0 0	8	64	0.051	0.204	0
4	1 0 0 1 1	19	361	0.290	1.160	1
รวม			1246	1.000	4.000	
ค่าเฉลี่ย			312	0.250	1.000	
ค่าสูงสุด			625	0.502	2.008	

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์การใช้งานเพื่อศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้ไปเผยแพร่ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตัวอย่างการกำหนดค่าความน่าจะเป็น โดยกำหนดจากค่าความเหมาะสม เทียบกับผลรวมของค่าความเหมาะสมทั้งหมด จะเห็นได้ว่าในการคัดเลือกโครโมโซมต้นแบบจาก 4 โครโมโซมนี้ โอกาสที่จะสุ่มได้โครโมโซมลำดับที่ 1 ต่อการสุ่มแต่ละครั้งเท่ากับ 0.157 และโอกาสที่จะสุ่มได้โครโมโซมลำดับที่ 2,3,4 ต่อการสุ่มแต่ละครั้งเท่ากับ 0.502, 0.051 และ 0.290 ตามลำดับ และจำนวนโครโมโซมต้นแบบที่สุ่มได้โดยจำลองการหมุนวงล้อดังนี้

ลำดับโครโมโซม	1	2	3	4
ค่าความเหมาะสม (F)	196	625	64	361
ค่าความน่าจะเป็นที่สุ่มได้แต่ละครั้ง (pselect <sub>i</sub> )	0.157	0.502	0.051	0.290
ความถี่สะสมค่าความน่าจะเป็น (q <sub>i</sub> )	0.157	0.659	0.710	1.000
สร้างเลขสุ่มในการหมุนวงล้อแต่ละครั้ง (r)	0.333	0.844	0.456	0.128
ลำดับโครโมโซมที่ถูกเลือก (q <sub>i-1</sub> ≤ r ≤ q <sub>i</sub> )	2	4	2	1

ซึ่งจำนวนที่สุ่มได้เป็นโครโมโซมต้นแบบใน mating pool ของแต่ละโครโมโซมเป็น 1, 2, 0 และ 1 ตามลำดับ จะเห็นได้ว่าโครโมโซมลำดับที่ 2 มีค่าความเหมาะสมสูงที่สุดจะมีโอกาสถูกคัดเลือกในจำนวนที่มากที่สุด ส่วนโครโมโซมลำดับที่ 3 มีค่าความเหมาะสมต่ำมากจึงมีโอกาสนี้จะไม่ถูกคัดเลือกเลย

4. ดำเนินการทางพันธุศาสตร์ เป็นขั้นตอนที่จำลองแบบธรรมชาติทางพันธุกรรม ซึ่งตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์ของ SGA คือ คrossover และ mutation ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

4.1 crossover เป็นตัวดำเนินการในการแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซมพ่อแม่ ตามการกำหนดอัตราความน่าจะเป็นของการ crossover (Probability of Crossover : P<sub>c</sub>) เพื่อสร้างชุดโครโมโซมรุ่นใหม่หรือโครโมโซมลูก มีขั้นตอนการทำงานคือ

ขั้นตอนแรก : สุ่มจับคู่โครโมโซมพ่อแม่ใน mating pool ที่สร้างไว้จากการคัดเลือก

ขั้นตอนที่สอง : สร้างเลขสุ่มจำนวนจริง (r) มีค่าอยู่ในช่วง [0.0 , 1.0] โดยถ้า r ≤ P<sub>c</sub> แล้ว

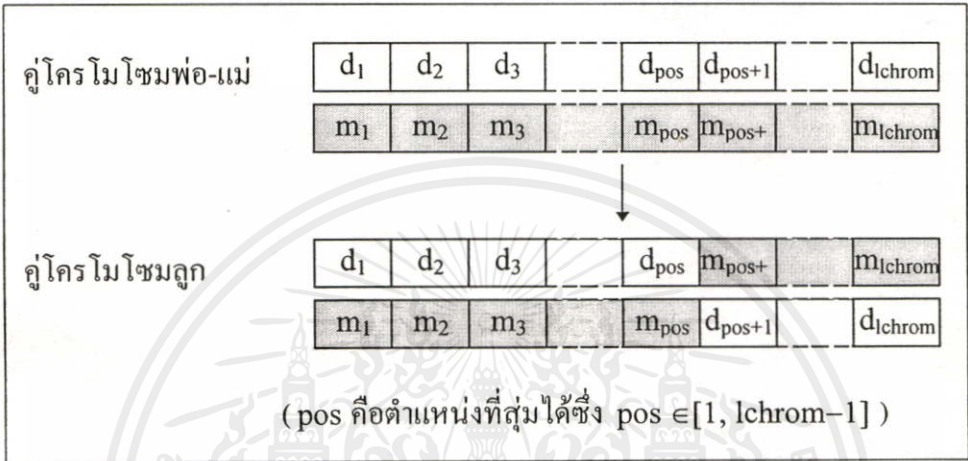
โครโมโซมพ่อแม่เหล่านั้นจึงมีการ crossover

ขั้นตอนที่สาม : crossover โดยแลกเปลี่ยนส่วนของคู่โครโมโซมพ่อแม่เหล่านั้น ซึ่งการ crossover

ของ SGA เป็นการ crossover แบบ 1 จุด (One-point Crossover) แสดงดังรูปที่

2.9 ดังนี้

- สุ่มเลือกตำแหน่ง pos เป็นตำแหน่งที่จะครอสโอเวอร์ ซึ่ง pos มีค่าอยู่ในช่วง [1, lchrom-1]
- แลกเปลี่ยนค่าในแต่ละบิตของโครโมโซมพ่อ-แม่ตั้งแต่ตำแหน่งที่ pos+1 ถึง lchrom ซึ่งจะทำให้เกิดโครโมโซมลูกใหม่ 2 โครโมโซม



รูปที่ 2.9 ครอสโอเวอร์แบบ 1 จุด

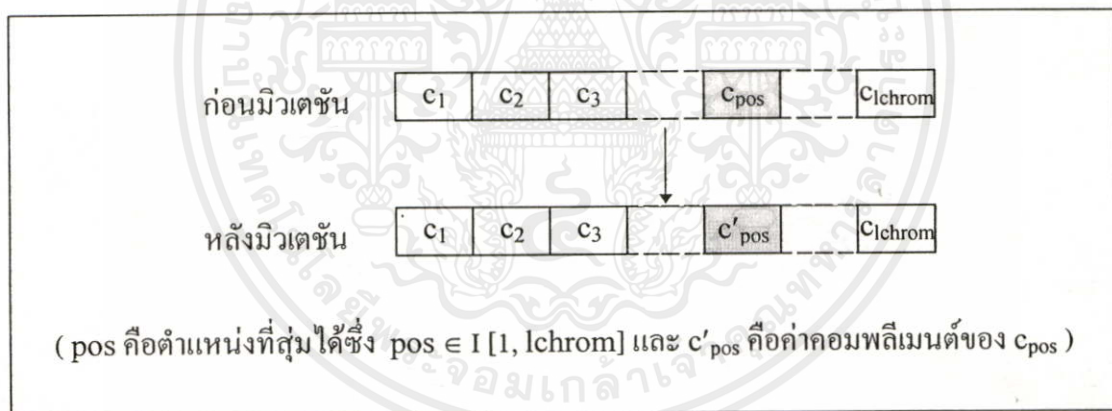
จำนวนการครอสโอเวอร์ในแต่ละรุ่นดำเนินการขึ้นอยู่กับกำหนัดค่า  $P_c$  ซึ่งแตกต่างกันในแต่ละปัญหา เช่น ถ้าจำนวนประชากรแต่ละรุ่น popsize เท่ากับ 30 โครโมโซม และกำหนดให้  $P_c = 0.6$  แล้วจำนวนการครอสโอเวอร์ในแต่ละรุ่นเท่ากับ  $P_c * (popsize / 2) = 0.6 * (30 / 2) = 9$  ครั้ง (การครอสโอเวอร์ 1 ครั้ง เกิดจากโครโมโซม 2 โครโมโซม)

ตัวอย่าง : กำหนด  $P_c = 0.5$  โครโมโซมพ่อ-แม่ใน mating pool จากการคัดเลือกครอสโอเวอร์ดังนี้

ลำดับที่คัดเลือก	mating pool	สุ่มจับคู่พ่อ-แม่	เลขสุ่ม (r)	ก่อนครอสโอเวอร์	สุ่มตำแหน่ง (pos)	หลังครอสโอเวอร์	x	ค่าความเหมาะสม (F)	ลำดับลูกโครโมโซม	
2	11001	1,2	0.321	01110	2	01001	9	81	1	
4	10011		$\leq 0.5$	11001		11110	30	900	2	
2	11001	2,4	0.654	ไม่ครอสโอเวอร์		11001	25	625	3	
1	01110		$> 0.5$	การทำงานเพื่อการศึกษาเท่านั้น		10011	19	361	4	
รวม								1967	นำเข้าไปใช้	
ค่าเฉลี่ย								492		
ค่าสูงสุด								900		

จากการสุ่มจับคู่โครโมโซมพ่อ-แม่ใน mating pool ได้โครโมโซมลำดับที่ 1 คู่ลำดับที่ 2 และลำดับที่ 2 คู่กับลำดับที่ 4 แต่เฉพาะโครโมโซมคู่แรกจะเกิดครอสโอเวอร์ เนื่องจากเลขสุ่ม  $r \leq 0.5$  ตามอัตราการครอสโอเวอร์ที่กำหนด โดยตำแหน่งในการครอสโอเวอร์ที่สุ่มได้คือ  $pos = 2$  จะเห็นได้ว่าโครโมโซมลูกลำดับที่ 2 ที่เกิดขึ้นหลังจากครอสโอเวอร์มีค่าความเหมาะสมดีขึ้นกว่าโครโมโซมพ่อ-แม่ทั้งหมดในรุ่นก่อนเป็น 900 ซึ่งแสดงให้เห็นถึงการจำลองแบบกระบวนการครอสโอเวอร์ตามธรรมชาติทางพันธุศาสตร์ของ SGA ช่วยสร้างคำตอบที่ดีขึ้น

4.2 มิวเตชัน เป็นตัวดำเนินการผ่าเหล่าตัวหนึ่งที่สามารถช่วยให้โครโมโซม มีค่าความเหมาะสมดีขึ้นหลังจากครอสโอเวอร์ โดยกลับค่าของบิตเป็นค่าใหม่ในตำแหน่งบิตที่สุ่มได้ ตามอัตราความน่าจะเป็นของการมิวเตชันในแต่ละบิต (Probability of Mutation :  $P_m$ ) ที่กำหนด สำหรับการมิวเตชันของ SGA นั้นเป็นแบบไบนารีมิวเตชัน (Binary Mutation) โดยกลับค่าบิตเป็นค่าคอมพลีเมนต์คือจาก 0 เป็น 1 หรือจาก 1 เป็น 0 ดังรูปที่ 2.10



รูปที่ 2.10 ไบนารีมิวเตชัน

จำนวนการมิวเตชันในแต่ละรุ่นขึ้นอยู่กับค่าที่กำหนดค่า  $P_m$  ซึ่งแตกต่างกันในแต่ละปัญหา เช่น ถ้าจำนวนประชากรแต่ละรุ่น  $popsize$  เท่ากับ 30 โครโมโซม ซึ่งแต่ละโครโมโซมประกอบด้วย 5 บิต และกำหนดให้  $P_m = 0.02$  แล้ว จำนวนการมิวเตชันในแต่ละรุ่นเท่ากับ  $P_m * popsize * lchrom = 0.02 * 30 * 5 = 3$  บิต

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ตัวอย่าง : กำหนด  $P_m = 0.1$  ดำเนินการมิวเตชันโครโมโซมลูกที่ได้จากการครอสโอเวอร์ดังนี้

ลำดับ	ก่อน มิวเตชัน	เลขสุ่ม (r)					หลัง มิวเตชัน	x	ค่าความ เหมาะสม (F)
1	0 1 0 0 1	0.581	0.346	0.062	0.785	0.401	0 1 1 0 1	13	169
2	1 1 1 1 0	0.829	0.534	0.947	0.308	0.277	1 1 1 1 0	30	900
3	1 1 0 0 1	0.398	0.646	0.494	0.765	0.029	0 1 0 0 0	24	576
4	1 0 0 1 1	0.175	0.335	0.837	0.577	0.308	1 1 1 1 0	19	361
รวม								2006	
ค่าเฉลี่ย								502	
ค่าสูงสุด								900	

จากการสุ่มตำแหน่งที่จะมิวเตชันโดยสร้างเลขสุ่ม r ของแต่ละตำแหน่งบิตในแต่ละโครโมโซมแล้ว ตำแหน่งบิตที่ 3 ของโครโมโซมลำดับที่ 1 และตำแหน่งบิตที่ 4 ของโครโมโซมลำดับที่ 3 เป็นตำแหน่งที่  $r \leq 0.1$  ตามอัตราการที่กำหนดจึงเกิดมิวเตชัน ทำให้โครโมโซมมีค่าความเหมาะสมจาก 81 และ 625 เป็น 169 และ 576 ตามลำดับ จะเห็นได้ว่ามิวเตชันเป็นตัวดำเนินการที่อาจทำให้โครโมโซมมีค่าความเหมาะสมสูงขึ้นหรือลดลงได้ แต่อย่างไรก็ตามค่าเฉลี่ยของค่าความเหมาะสมดีขึ้นจาก 492 เป็น 502 แสดงถึงการหาคำตอบของ SGA โดยส่วนมากดีขึ้น และความสำคัญของการหาคำตอบของ GA นั้นเป็นความต้องการได้คำตอบโดยพิจารณาจากคำตอบที่ดีขึ้นเกิดขึ้น ซึ่งจะมีโอกาสอยู่รอดเพื่อถ่ายทอดส่วนที่ดีในรุ่นต่อไป

5. ประชากรรุ่นใหม่ เป็นชุดโครโมโซมลูกที่เกิดจากขั้นตอนของวิวัฒนาการต่าง ๆ ทั้งหมด ซึ่งประชากรรุ่นใหม่ทั้งหมดที่เกิดขึ้น จะถูกถ่ายทอดกลายเป็นประชากรรุ่นเก่าสำหรับวิวัฒนาการในรุ่นถัดไป ซึ่งเรียกวิวัฒนาการแบบนี้ว่า การถ่ายทอดแบบทั่วไปหรือรีโพรดักชันแบบทั่วไป (General Reproduction) กระบวนการต่าง ๆ จะถูกปฏิบัติซ้ำ ๆ จนกระทั่งถึงรุ่นที่มากที่สุด (max generation : maxgen) ที่ต้องการ

การทดลองเพื่อทดสอบการทำงานของ SGA จะทดสอบโดยใช้ในการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y = x^n$  ที่ x มีค่าระหว่าง  $[1, 2^{-1}]$  ซึ่ง n คือ จำนวนบิตของโครโมโซม ด้วยวิธีการของ SGA กำหนดให้ฟังก์ชันเป้าหมาย คือ  $f = x^n$  เพื่อความสะดวกในการวิเคราะห์การทำงานของ SGA จึงปรับให้ค่าความเหมาะสมอยู่ในช่วง  $[0, 1]$  ซึ่งคำตอบที่ดีที่สุดจะมีค่าความเหมาะสมเป็น 1 ดังนั้น

ฟังก์ชันความเหมาะสม คือ

$$F = \left( \frac{x}{2^l - 1} \right)^n$$

SGA Parameters

Population size (popsize) = 30  
 Chromosome length (l) = 30  
 Maximum # of generation (maxgen) = 80  
 Crossover probability (Pc) = 8.0000000000E-01  
 Mutation probability (Pm) = 3.3300000000E-02  
 Initial Generation Statistics

Initial population max fitness = 9.4811791207E-01  
 Initial population average fitness = 1.0300239870E-01  
 Initial population minimum fitness = 5.3711099438E-21  
 Initial population sum fitness = 3.0900719609E+00

Population Report

#	string	Generation 0		pos		string	Generation 1	
		x	fitness	# parents	1 2		x	fitness
1)	111111101010001111000110101100	1.068E+09	0.9481	1)	(1, 2)	5 30	111001101010001111000110101100	9.674E+08 0.3523
2)	111101110011111100110101101111	1.037E+09	0.7062	2)	(1, 2)	5 30	111101111011111100110101100101	1.039E+09 0.7206
3)	111011000011011100101110001111	9.908E+08	0.4474	3)	(3, 3)	16 30	111101000011011110101110001111	1.024E+09 0.6243
4)	111000111100010110000110110010	9.553E+08	0.3109	4)	(3, 3)	16 30	111011000011011100101110001111	9.908E+08 0.4474
5)	110111111011000110101100100001	9.382E+08	0.2595	5)	(1, 4)	18 30	111111101010001111000110101100	1.068E+09 0.9481
6)	110101110011111110111010110111	9.028E+08	0.1766	6)	(1, 4)	18 30	101000111100010110000110110010	6.869E+08 0.0115
7)	110011101000000001101110001010	8.661E+08	0.1166	7)	(3, 6)	13 30	111011000011011100101110000111	9.908E+08 0.4474
8)	10111110100010111110001000111	8.002E+08	0.0528	8)	(3, 6)	13 30	110100110011111110111101011011	8.860E+08 0.1464
9)	10110000001000111110111000110	7.388E+08	0.0238	9)	(6, 4)	11 30	110101110011111110111000110111	9.028E+08 0.1766
10)	101100000000011001111010011111	7.383E+08	0.0236	10)	(6, 4)	11 30	111000111100010110000110110010	9.553E+08 0.3109
11)	10100101000101011110101101000	6.924E+08	0.0124	11)	(2, 5)	1 30	111101110011111101110101101111	1.037E+09 0.7062
12)	100111101011111001111001110110	6.658E+08	0.0084	12)	(2, 5)	1 30	110111110011000110101100100001	9.361E+08 0.2538
13)	10000101011100110111111111001	5.597E+08	0.0015	13)	(3, 7)	12 30	111010001010111001011101011111	9.761E+08 0.3853
14)	011111101001000100110100101001	5.309E+08	0.0009	14)	(3, 7)	12 30	110011101010000001101110001010	8.667E+08 0.1173
15)	011111000000010111110010010010	5.202E+08	0.0007	15)	(6, 1)	6 30	110101110011111110111010110111	9.028E+08 0.1766
16)	011101010011100101000001001100	4.917E+08	0.0004	16)	(6, 1)	6 30	111111101010001111000110101100	1.068E+09 0.9481
17)	011011100111010100101011110010	4.633E+08	0.0002	17)	(1, 1)	15 30	11111111010001111000110101100	1.072E+09 0.9860
18)	010010110000111100001010010000	3.148E+08	0.0000	18)	(1, 1)	15 30	111111101010001111000110101101	1.068E+09 0.9481
19)	001111001001000101110001110000	2.540E+08	0.0000	19)	(1, 2)	5 30	111111101010001111000110101100	1.068E+09 0.9481
20)	001101110101001001011100010111	2.320E+08	0.0000	20)	(1, 2)	5 30	111101110001110110011010111111	1.037E+09 0.7057
21)	0011001100110100000110111111011	2.148E+08	0.0000	21)	(3, 6)	1 30	111011000011011100101110001111	9.908E+08 0.4474
22)	001100110010111111100110001111	2.147E+08	0.0000	22)	(3, 6)	1 30	110101110011111110111010111111	9.028E+08 0.1766
23)	001100010110001010001010100100	2.071E+08	0.0000	23)	(1, 3)	18 30	111110101010001111000110101100	1.051E+09 0.8093
24)	001011100001100001101101110000	1.933E+08	0.0000	24)	(1, 3)	18 30	111011000011011100101110011111	9.908E+08 0.4474
25)	000111110110001111101001100111	1.317E+08	0.0000	25)	(1, 4)	3 30	111111101100001111000110110100	1.069E+09 0.9528
26)	000100101101001000001110111011	7.894E+07	0.0000	26)	(1, 4)	3 30	111000111100010110000010110010	9.553E+08 0.3109
27)	000011010100111011000000000011	5.582E+07	0.0000	27)	(1, 5)	1 30	111111101010001111000110101100	1.068E+09 0.9481
28)	000001100001110011011100000010	2.564E+07	0.0000	28)	(1, 5)	1 30	110111111111000110101100100001	9.393E+08 0.2624
29)	00000101101101100111011100010	2.396E+07	0.0000	29)	(6, 2)	21 30	110101110011111110111010110111	9.028E+08 0.1766
30)	000000100110011111101101101111	1.009E+07	0.0000	30)	(6, 2)	21 30	111101110011111100110101100111	1.037E+09 0.7062

Note: Generation 1 & Accumulated Statistics: max=0.9860, min=0.0115, avg=0.5199, sum=15.5984, nmutation=32, ncross= 12

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้ (a) วัตถุประสงค์ที่ 1 ไม่นอนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 ไม่สามารถแก้ไขเปลี่ยนแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รูปที่ 2.11 รายละเอียดผลการทำงานของ SGA ในการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y = x^n$  ที่  $n = 10$

## Population Report

#	string	Generation 5			pos		Generation 6			
		x	fitness	# parents	1	2	string	x	fitness	
1)	111111111010001111000110101100	1.072E+09	0.9860	1)	( 4,20)	1	30	111001111010001111000110101100	9.716E+08	0.3679
2)	111111111010001111000110101100	1.072E+09	0.9860	2)	( 4,20)	1	30	011111001000011111000010101010	5.223E+08	0.0007
3)	111111111010001111000110101100	1.072E+09	0.9860	3)	(18, 3)	27	30	111110100010000111000110101100	1.049E+09	0.7930
4)	111111111010001111000110101100	1.072E+09	0.9860	4)	(18, 3)	27	30	111111111010001111000110101100	1.072E+09	0.9860
5)	111111111000001111100100101101	1.072E+09	0.9812	5)	(16, 6)	11	30	111111000011011010101110000110	1.058E+09	0.8616
6)	111111111000001111000110101101	1.072E+09	0.9812	6)	(16, 6)	11	30	011111111000001111000110101100	5.348E+08	0.0009
7)	111111111000001111000110001101	1.072E+09	0.9812	7)	(21, 5)	20	30	11111000010001101000100101000	1.058E+09	0.8590
8)	111111110100101110101010101100	1.071E+09	0.9728	8)	(21, 5)	20	30	111111111000001111110100100101	1.072E+09	0.9812
9)	111111101100001111000100100101	1.069E+09	0.9528	9)	(26,16)	7	30	111011000011011110101110000110	9.908E+08	0.4474
10)	111111101010001011000110100100	1.068E+09	0.9480	10)	(26,16)	7	30	011111000010011010101110000110	5.207E+08	0.0007
11)	111111101000101111000110101101	1.068E+09	0.9446	11)	(26, 4)	5	30	111011000011011110101111000110	9.908E+08	0.4474
12)	111111101100001111000111011010	1.063E+09	0.9071	12)	(26, 4)	5	30	111111111010001111000110101100	1.072E+09	0.9860
13)	111111001010001111001100111000	1.060E+09	0.8762	13)	( 1, 2)	14	30	111111111010001111000110101100	1.072E+09	0.9860
14)	111111001010001111001100101000	1.060E+09	0.8762	14)	( 1, 2)	14	30	111111111100001111000110101100	1.073E+09	0.9957
15)	111111001010001110011100101000	1.060E+09	0.8762	15)	(17,12)	1	30	111110101011000111000110101100	1.051E+09	0.8110
16)	111111000011011010101110000110	1.058E+09	0.8616	16)	(17,12)	1	30	11111011000001111000111101100	1.063E+09	0.9071
17)	11111010101000111000110101100	1.051E+09	0.8110	17)	(15,21)	27	30	11111001010001110011100101000	1.060E+09	0.8762
18)	111110100010000111000110101100	1.049E+09	0.7930	18)	(15,21)	27	30	111101000010001111001100101000	1.024E+09	0.6223
19)	111110010011101000110101011111	1.045E+09	0.7648	19)	( 1,14)	6	30	111111111010001111000110100100	1.072E+09	0.9860
20)	111101001000011111000010101000	1.026E+09	0.6323	20)	( 1,14)	6	30	111101001010001111001100101000	1.026E+09	0.6351
21)	111101000010001111001100101000	1.024E+09	0.6223	21)	(21,29)	7	30	111101000010001111001100101010	1.024E+09	0.6223
22)	11110000100010111100000101100	1.009E+09	0.5365	22)	(21,29)	7	30	111001000111011100101110001011	9.583E+08	0.3205
23)	111011101101001111000101100100	1.002E+09	0.4994	23)	(21,13)	22	30	111101000010101111001100101000	1.024E+09	0.6231
24)	111011101000001111000100101101	1.000E+09	0.4929	24)	(21,13)	22	30	110111001010101111001100111000	9.256E+08	0.2265
25)	111011011000001111000111001100	9.962E+08	0.4726	25)	(13, 6)	22	30	11111001010001111001100111000	1.060E+09	0.8762
26)	11101100001011110101110000110	9.908E+08	0.4474	26)	(13, 6)	22	30	111111111000001111001110101101	1.072E+09	0.9812
27)	111011000011011100101110000110	9.908E+08	0.4474	27)	(19,11)	5	30	111110010011111000110101011111	1.045E+09	0.7653
28)	111010111110010110010110100010	9.894E+08	0.4414	28)	(19,11)	5	30	111111101000101111000110101101	1.068E+09	0.9446
29)	111001000111011100101110001011	9.583E+08	0.3205	29)	(19, 3)	1	30	111110010011101000110101011111	1.045E+09	0.7648
30)	011001101101001111001101101100	4.313E+08	0.0001	30)	(19, 3)	1	30	111110111010001111000110101000	1.055E+09	0.8422

Note: Generation 6 & Accumulated Statistics: max=0.9957, min=0.0007, avg=0.6839, sum=20.5181, nmutation=185, ncross= 74

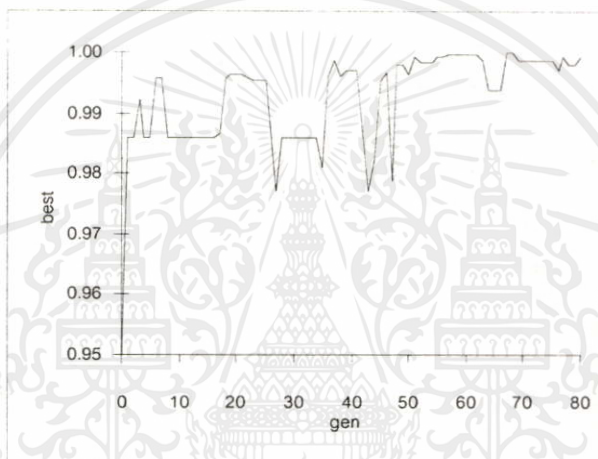
## (b) วิวัฒนาการรุ่นที่ 6

รูปที่ 2.11 (ต่อ) รายละเอียดผลการทำงานของ SGA ในการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y = x^n$  ที่  $n = 10$

ผลการทดสอบการทำงานของ SGA ในการหาค่าตอบ เมื่อกำหนดให้  $n = 10$  และกำหนดค่า SGA พารามิเตอร์คือ  $l = 30$ ,  $popsiz = 30$ ,  $maxgen = 30$ ,  $P_c = 0.8$  และ  $P_m = 0.0333$  จะเห็นว่าในรุ่นเริ่มต้น ( $gen = 0$ ) ซึ่งประชากรโครโมโซมเกิดจากการสุ่มนั้นคำตอบที่ดีที่สุดคือ 0.9481 ดังรูปที่ 2.11-a และผลการหาค่าตอบของ SGA ในรุ่นที่ 1 ซึ่งแสดงรายละเอียดการจับคู่โครโมโซมพ่อ-แม่ในคู่ลำดับของ parents และตำแหน่งในการครอสโอเวอร์แลกเปลี่ยนค่าบิตตั้งแต่ตำแหน่ง pos1 ที่สุ่มได้ถึง pos2 = 30 ซึ่งหาก pos1 มีค่าเป็น 1 และ pos2 มีค่าเป็น 30 นั้นหมายถึงคู่โครโมโซมพ่อ-แม่คู่นั้นไม่มีการครอสโอเวอร์ จะเห็นว่าการครอสโอเวอร์ทำให้โครโมโซมมีความเปลี่ยนแปลงรูปแบบของบิตให้คล้ายกันมากขึ้นในแบบของโครโมโซมที่ดีซึ่งมีค่าความเหมาะสมสูง และแสดงผล

จำนวนการครอสโอเวอร์และจำนวนบิตที่เกิดมิวเตชันทั้งหมดคือ  $n_{cross}$  และ  $n_{mutation}$  ตามลำดับ รวมทั้งสรุปผลค่าความเหมาะสมสูงสุด ต่ำสุด และ ค่าเฉลี่ย คือ  $max$ ,  $min$  และ  $avg$  ตามลำดับ ซึ่งในรุ่นที่ 1 นี้ SGA สามารถหาค่าตอบที่ดีที่สุดคือ  $max$  เท่ากับ 0.9860 รูปที่ 2.11-b แสดงผลวิวัฒนาการของ SGA ในรุ่นที่ 6 จะเห็นได้ว่า รูปแบบโครโมโซมที่ดีที่สุดเกิดมากยิ่งขึ้น และ SGA สามารถหาค่าตอบได้ดีขึ้นเป็น 0.9957

### การประยุกต์จีเนติก อัลกอริทึมแบบง่าย



รูปที่ 2.12 แสดงกราฟค่าความเหมาะสมสูงสุดของ SGA

ในการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y = x^n$  ที่  $n = 10$

เมื่อวิเคราะห์การทำงานของ SGA ซึ่งเป็น GA ในยุคแรก ๆ แล้วจะเห็นว่า วิธีการของ GA เป็นการหาค่าตอบแบบสุ่ม ซึ่งเป็นวิธีการที่ไม่มีการบันทึกหรือจดจำคำตอบที่ดีที่สุดของรุ่นก่อน จึงทำให้การหาค่าตอบของ SGA ได้คำตอบที่ดีที่สุดมากขึ้นหรือน้อยลงได้ ดังรูปที่ 2.12 แสดงกราฟค่าความเหมาะสมสูงสุดแต่ละรุ่นภายใน 30 รุ่นในการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y = x^n$  ที่  $n = 10$  จะเห็นได้ว่าคำตอบค่าความเหมาะสมสูงสุดของ SGA มีค่าสูงขึ้นและลดลงด้วยวิธีการทำงานที่อาศัยการสุ่ม ดังนั้นหากสามารถพัฒนาวิธีการค้นหาคำตอบของ GA ให้ดีขึ้นแล้วก็จะเป็นการปรับปรุงสมรรถนะของ GA ยิ่งขึ้น สำหรับหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y = x^n$  เราปรับปรุงการค้นหาคำตอบของ GA โดย

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ลำดับ	โครโมโซม รุ่นเก่า	ค่าความ เหมาะสม	จำนวนที่ สุ่มได้	โครโมโซม รุ่นใหม่	ค่าความ เหมาะสม
1.) สร้างโครโมโซมรุ่นใหม่ทั้งหมด					
			โครอสโอเวอร์	มิวเตชัน	ค่าความเหมาะสม
			pos	pos	
1	0 1 1 1 0	196	1 — 0 1 1 1 0	0 1 0 0 1	81
2	1 1 0 0 1	625	2 — 1 1 0 0 1	1 1 1 1 0	400
3	0 1 0 0 0	64	0 — 1 0 0 1 1	1 1 0 0 1	289
4	1 0 0 1 1	361	1 — 1 1 0 0 1	1 0 0 1 1	361
					<b>1 1 0 0 1</b>
					<b>625</b>
2.) คัดลอกโครโมโซมรุ่นเก่าลำดับที่ 2					

(a) รักษาความเหมาะสมที่ดี 1 โครโมโซม

ลำดับ	โครโมโซม รุ่นเก่า	ค่าความ เหมาะสม	จำนวนที่ สุ่มได้	โครโมโซม รุ่นใหม่	ค่าความ เหมาะสม
1.) คัดลอกโครโมโซมรุ่นเก่าลำดับที่ 2 และ 4					
			โครอสโอเวอร์	มิวเตชัน	ค่าความเหมาะสม
			pos	pos	
1	0 1 1 1 0	196	1 — 0 1 1 1 0	0 1 0 0 1	81
2	1 1 0 0 1	625	2 — 1 1 0 0 1	1 1 1 1 0	400
3	0 1 0 0 0	64	0 — 1 0 0 1 1	1 1 0 0 1	289
4	1 0 0 1 1	361	1 — 1 1 0 0 1	1 0 0 1 1	361
					<b>1 1 0 0 1</b>
					<b>625</b>
2.) สร้างโครโมโซมรุ่นใหม่ทั้งหมด					

(b) รักษาความเหมาะสมที่ดี 2 โครโมโซม

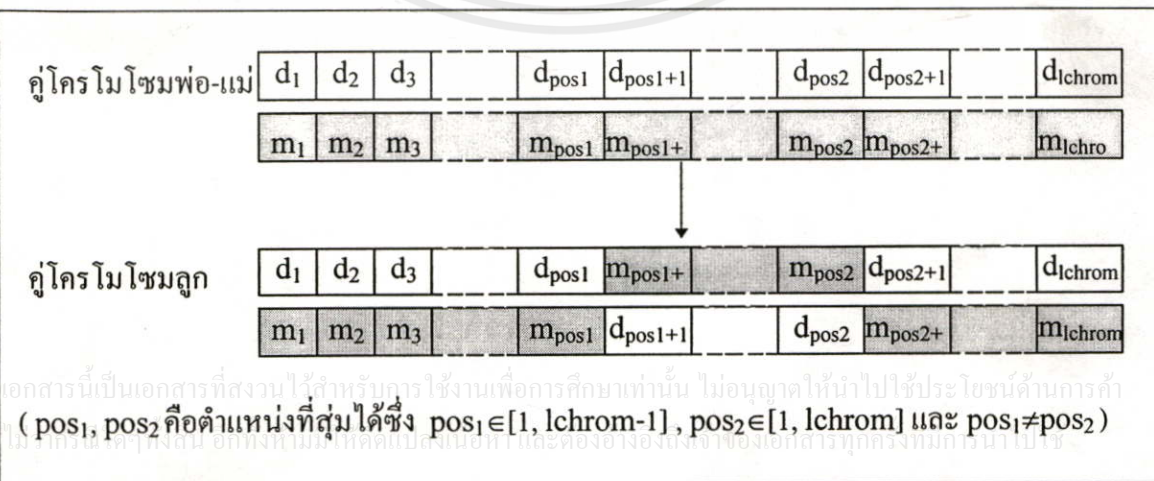
รูปที่ 2.13 วิธีพรตักซ์แบบรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี

1. รีโพรดักชันแบบรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี เนื่องจากในการค้นหาคำตอบของ SGA นั้น มีโอกาสที่จะสูญเสียโครโมโซมในรุ่นเก่า ที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีไปได้ ซึ่งจะทำให้คำตอบในรุ่นถัดไปนั้นดีมากขึ้นหรือน้อยลง ดังนั้นหากปรับปรุง SGA ให้ควบคุมการค้นหาคำตอบ โดยรักษาโครโมโซมที่ดีไว้แล้ว จะช่วยให้วิวัฒนาการคำตอบในรุ่นถัดไปดีขึ้นเรื่อย ๆ โดยมีวิธีการดังนี้ [7]

- กำหนดจำนวนโครโมโซมที่ดีที่สุด (# best) ของรุ่นเก่าที่ต้องการรักษา เป็น 1,2,4,...
- ถ้าจำนวนโครโมโซมที่กำหนดเป็น 1 ให้สร้างชุดโครโมโซมรุ่นใหม่ทั้งหมด แล้วจึงคัดลอก (copy) โครโมโซมที่ดีที่สุดของรุ่นเก่า มาแทนที่โครโมโซมรุ่นใหม่ที่มีค่าความเหมาะสมน้อยที่สุด
- ถ้าจำนวนโครโมโซมที่กำหนดเป็น 2, 4,... ให้คัดลอกโครโมโซมที่ดีที่สุดในรุ่นเก่า ตามจำนวนที่กำหนดมาเป็นโครโมโซมรุ่นใหม่ แล้วจึงสร้างโครโมโซมรุ่นใหม่ส่วนที่เหลือต่อไป

ดังรูปที่ 2.13-a แสดงวิธีการรีโพรดักชันแบบรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี 1 โครโมโซม และรูปที่ 2.13-b แสดงวิธีการรีโพรดักชันแบบรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี 2 โครโมโซม

2. ครอสโอเวอร์แบบ 2 จุด การแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซมพ่อแม่ นั้น บางครั้งหากแลกเปลี่ยนค่าบิตเพียงบางช่วงของโครโมโซมแล้วจะสร้างโครโมโซมที่ดีกว่า เช่น การหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y=x_2$  ของคู่โครโมโซมพ่อแม่ 01110 และ 11001 ซึ่งมีค่าความเหมาะสมเป็น 196 และ 625 หากแลกเปลี่ยนค่าบิตตำแหน่งที่ 3 และ 4 เท่านั้นจะทำให้เกิดโครโมโซมลูกคือ 01000 และ 11111 มีค่าความเหมาะสมเป็น 64 และ 961 ซึ่งโครโมโซม 11111 เป็นโครโมโซมที่ให้คำตอบที่ดีที่สุดที่ต้องการ ดังนั้นการประยุกต์ SGA โดยพัฒนาตัวดำเนินการครอสโอเวอร์ให้เป็นแบบ 2 จุด (Two-point Crossover) จะทำให้ SGA ค้นหาคำตอบที่ดีขึ้นได้ ดังรูปที่ 2.14 มีวิธีการดังนี้

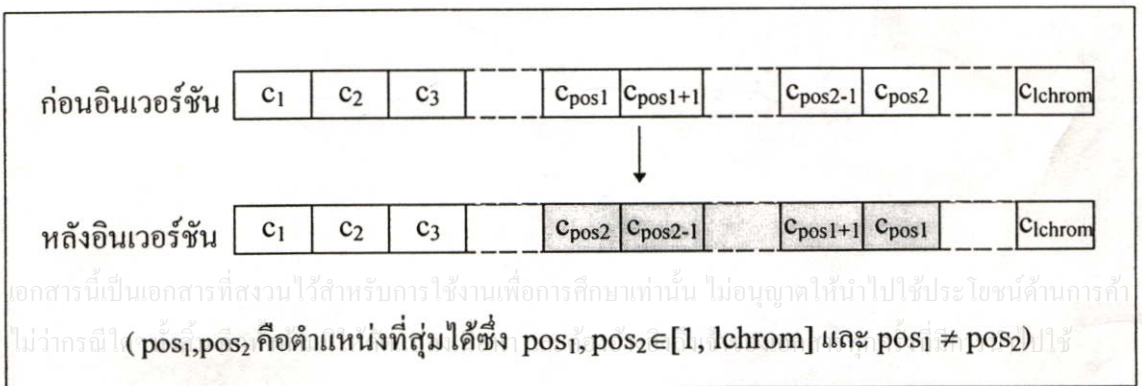


รูปที่ 2.14 ครอสโอเวอร์แบบ 2 จุด

- สุ่มเลือกตำแหน่ง  $pos_1, pos_2$  คือตำแหน่งเริ่มต้นและตำแหน่งสุดท้ายที่จะครอสโอเวอร์ตามลำดับ ซึ่ง  $pos_1$  มีค่าอยู่ในช่วง  $[1, lchrom-1]$  และ  $pos_2$  มีค่าอยู่ในช่วง  $[1, lchrom]$  โดยที่  $pos_1$  มีค่าน้อยกว่า  $pos_2$
- แลกเปลี่ยนค่าในแต่ละบิตของโครโมโซมพ่อแม่ตั้งแต่ตำแหน่งที่  $pos_1+1$  ถึง  $pos_2$

3. โบนารีมิวเตชันแบบกำหนดค่าบิต เนื่องจากการหาคำตอบของ SGA นั้น กระบวนการโบนารีมิวเตชันอาจทำให้โครโมโซมที่เปลี่ยนแปลงไปให้คำตอบที่ลดลงและทำให้สูญเสียโครโมโซมที่ดีไป เช่น โครโมโซม 11110 มีความเหมาะสมเป็น 900 หากสุ่มได้บิตตำแหน่งที่ 1 เกิดมิวเตชันแล้ว โครโมโซมที่เกิดขึ้นจากการมิวเตชันคือ 01110 ทำให้มีความเหมาะสมลดลงเป็น 196 แต่ในบางครั้งข้อดีหรือจุดเด่นของปัญหาจะสามารถนำมาปรับให้เข้ากับการค้นหาคำตอบที่ดีขึ้นได้ สำหรับในการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y = x^n$  นี้ค่าบิตของโครโมโซมที่เป็น 1 จะทำให้ค่าความเหมาะสมสูงขึ้นเสมอ ดังนั้นหากปรับปรุงโบนารีมิวเตชันให้เป็นแบบกำหนดค่าแน่นอนให้กับบิตที่เกิดมิวเตชัน โดยกำหนดให้บิตที่เกิดมิวเตชันมีค่าบิตเป็น 1 เสมอจะช่วยปรับแนวทางการค้นหาคำตอบของ SGA ดีขึ้น เช่น หากประยุกต์โบนารีมิวเตชันที่กำหนดค่าบิตให้เป็น 1 เสมอกับโครโมโซม 11110 ในตำแหน่งที่ 1 แล้วโครโมโซมที่เกิดขึ้นจะเหมือนเดิม และยังเป็นการรักษาโครโมโซมที่มีความเหมาะสมที่ดีไว้ด้วย

4. อินเวอร์ชัน (Inversion) เป็นตัวดำเนินการที่ประยุกต์เพิ่มเติมใน SGA โดยจำลองแบบลักษณะของการอินเวอร์ชันในทางพันธุศาสตร์ที่เป็นลักษณะของการกลับหัวกลับหางส่วนของยีนส์ภายในโครโมโซม ที่อาจช่วยให้เกิดโครโมโซมที่ดีขึ้นได้ โดยการกลับส่วนค่าบิตภายในช่วงตำแหน่งของโครโมโซมที่สุ่มได้ตามอัตราค่าความน่าจะเป็นของการอินเวอร์ชันแต่ละโครโมโซม (Probability of Inversion :  $P_i$ ) ที่กำหนด ดังรูปที่ 2.15 มีขั้นตอนดังนี้ [7]



รูปที่ 2.15 อินเวอร์ชัน

- สุ่มเลือกตำแหน่ง  $pos_1, pos_2$  คือตำแหน่งเริ่มต้นและตำแหน่งสุดท้ายที่จะอินเวอร์ชันตามลำดับ ซึ่ง  $pos_1$  และ  $pos_2$  มีค่าอยู่ในช่วง  $[1, lchrom]$  โดยที่  $pos_1$  มีค่าน้อยกว่า  $pos_2$
- กลับค่าบิตในช่วงของตำแหน่งที่  $pos_1$  ถึง  $pos_2$  ของโครโมโซม โดยสลับค่าบิต  $pos_1$  กับ  $pos_2, pos_1+1$  กับ  $pos_2-1, pos_1+2$  กับ  $pos_2-2, \dots$

เช่น สุ่มโครโมโซมที่จะอินเวอร์ชันคือ 01010 มีค่าความเหมาะสมเป็น 100 โดยสุ่มตำแหน่ง  $pos_1 = 1$  และ  $pos_2 = 4$  แล้ว จะเห็นว่าการอินเวอร์ชันทำให้เกิดโครโมโซม 10100 ซึ่งมีค่าความเหมาะสมดีขึ้นเป็น 400 เป็นต้น สำหรับจำนวนการอินเวอร์ชันในแต่ละรุ่นขึ้นอยู่กับข้อกำหนดค่า  $P_i$  ซึ่งแตกต่างกันในแต่ละปัญหา เช่น ถ้าจำนวนประชากรแต่ละรุ่น  $popsiz$  เท่ากับ 30 โครโมโซม และกำหนดให้  $P_i = 0.1$  แล้ว จำนวนการอินเวอร์ชันในแต่ละรุ่นเท่ากับ  $P_i * popsiz = 0.1 * 30 = 3$  ครั้ง

ผลการทำงานโดยสรุปของการประยุกต์ SGA ในการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y = x^n$  ที่  $n=10$  ภายใน 30 รุ่น ซึ่งกำหนดค่า SGA พารามิเตอร์ต่าง ๆ เปรียบเทียบดังตารางที่ 2.2 แสดงดังรูปที่ 2.16-a ถึง 2.16-g โดยเปรียบเทียบการหาค่าตอบที่มีกำหนดให้มีการมิวเตชันในรูปที่ 2.16-b นั้นดีกว่าการหาค่าตอบเพียงครอสโอเวอร์เท่านั้นในรูปที่ 2.16-a และจะเห็นได้ว่า SGA สามารถหาค่าตอบได้ดีขึ้นเมื่อมีการปรับปรุงวิธีการต่าง ๆ คือ หากใช้รีโพรดักชันแบบรักษาค่าที่ดีจำนวน 4 โครโมโซม และครอสโอเวอร์แบบ 2 ตำแหน่งในรูปที่ 2.16-e แล้ว ผลการทำงานของ SGA สามารถหาค่าตอบที่ดีที่สุดเท่ากับ 1.0 ได้ ซึ่งดีกว่าในรูปที่ 2.16-d เมื่อรีโพรดักชันแบบรักษาค่าที่ดีจำนวน 1 โครโมโซม ที่สามารถหาค่าตอบได้เป็น 0.9999 และดีกว่าการรีโพรดักชันแบบทั่วไปในรูปที่ 2.16-a, 2.16-b, 2.16-c และ 2.16-d ที่ยังไม่สามารถหาค่าตอบที่ดีที่สุดได้ภายในการดำเนินการ 30 รุ่น สำหรับในรูปที่ 2.16-f นั้นเมื่อเพิ่มตัวดำเนินการอินเวอร์ชันแล้ว ผลการดำเนินงานนั้นสามารถหาค่าตอบที่ดีที่สุดเท่ากับ 1.0 ได้เร็วขึ้นในรุ่นที่ 20 และเมื่อเพิ่มเทคนิคการกำหนดค่าบิตของการมิวเตชันให้เป็น 1 เสมอแล้ว ก็ยังทำให้ SGA ทำงานได้ดียิ่งขึ้น โดยสามารถหาค่าตอบที่ดีที่สุดได้เมื่อดำเนินงานผ่านไปเพียง 9 รุ่นเท่านั้น ดังในรูปที่ 2.16-g

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รูปที่	$P_c$	$P_m$	$P_i$	จำนวนการรักษา โครโมโซมรุ่นเก่า (# best)	จำนวนตำแหน่งใน การครอสโอเวอร์ ( pt. cross)	การกำหนดค่า บิตมิวเตชัน (fix value)
2.16-a	0.8000	0.0000	0.0000	0	1	0 -> 1 และ 1 -> 0
2.16-b	0.8000	0.0333	0.0000	0	1	0 -> 1 และ 1 -> 0
2.16-c	0.8000	0.0333	0.0000	0	2	0 -> 1 และ 1 -> 0
2.16-d	0.8000	0.0333	0.0000	4	2	0 -> 1 และ 1 -> 0
2.16-e	0.8000	0.0333	0.0000	1	2	0 -> 1 และ 1 -> 0
2.16-f	0.8000	0.0333	0.3000	4	2	0 -> 1 และ 1 -> 0
2.16-g	0.8000	0.0333	0.3000	4	2	0, 1 -> 1

ตารางที่ 2.2 การกำหนด SGA พารามิเตอร์เปรียบเทียบผลการทำงาน  
ในการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y = x^n$  ที่  $n=10$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

= 30 Pc = 0.8000 # best = 0 Chrom.length = 30 Pm = 0.0333 pt.crs = 1 Max.gen = 30 Pi = 0.0000 fix.val. = 2				= 30 Pc = 0.8000 # best = 0 Chrom.length = 30 Pm = 0.0333 pt.crs = 2 Max.gen = 30 Pi = 0.0000 fix.val. = 2				= 30 Pc = 0.8000 # best = 1 Chrom.length = 30 Pm = 0.0333 pt.crs = 2 Max.gen = 30 Pi = 0.0000 fix.val. = 2			
generation	max	avg	min	generation	max	avg	min	generation	max	avg	min
0	0.9481	0.1030	0.0000	0	0.9481	0.1030	0.0000	0	0.9481	0.1030	0.0000
1	0.9481	0.5498	0.1166	1	0.9860	0.5199	0.0115	1	0.9575	0.5875	0.0238
2	0.9481	0.7032	0.1766	2	0.9860	0.5905	0.0150	2	0.9957	0.5741	0.0009
3	0.9481	0.7352	0.3109	3	0.9921	0.5721	0.1563	3	0.9969	0.7093	0.0358
4	0.9481	0.8152	0.4474	4	0.9860	0.6123	0.0009	4	0.9960	0.7531	0.2475
5	0.9481	0.8819	0.4474	5	0.9860	0.7462	0.0001	5	0.9971	0.7064	0.0008
6	0.9481	0.9153	0.4474	6	0.9957	0.6839	0.0007	6	0.9971	0.8505	0.0330
7	0.9481	0.9320	0.7062	7	0.9957	0.6596	0.0007	7	0.9770	0.7278	0.0001
8	0.9481	0.9401	0.7062	8	0.9860	0.5824	0.0000	8	0.9911	0.7542	0.0002
9	0.9481	0.9401	0.7062	9	0.9859	0.6774	0.0553	9	0.9911	0.7146	0.0007
10	0.9481	0.9481	0.9481	10	0.9859	0.6368	0.0000	10	0.9952	0.7890	0.0009
11	0.9481	0.9481	0.9481	11	0.9859	0.7170	0.0007	11	0.9960	0.7329	0.0000
12	0.9481	0.9481	0.9481	12	0.9859	0.8187	0.3933	12	0.9956	0.8780	0.3621
13	0.9481	0.9481	0.9481	13	0.9859	0.7007	0.0006	13	0.9956	0.7700	0.0000
14	0.9481	0.9481	0.9481	14	0.9859	0.6491	0.0007	14	0.9956	0.7285	0.0501
15	0.9481	0.9481	0.9481	15	0.9860	0.8273	0.0455	15	0.9958	0.7667	0.0009
16	0.9481	0.9481	0.9481	16	0.9860	0.8119	0.0009	16	0.9958	0.7655	0.0003
17	0.9481	0.9481	0.9481	17	0.9865	0.8549	0.0205	17	0.9958	0.7429	0.0006
18	0.9481	0.9481	0.9481	18	0.9957	0.8328	0.0005	18	0.9957	0.7776	0.0007
19	0.9481	0.9481	0.9481	19	0.9963	0.8734	0.2569	19	0.9982	0.7790	0.0009
20	0.9481	0.9481	0.9481	20	0.9963	0.8912	0.2354	20	0.9982	0.7279	0.0009
21	0.9481	0.9481	0.9481	21	0.9963	0.7875	0.0089	21	0.9982	0.7525	0.0432
22	0.9481	0.9481	0.9481	22	0.9957	0.7705	0.0002	22	0.9982	0.7452	0.0009
23	0.9481	0.9481	0.9481	23	0.9954	0.8397	0.0009	23	0.9982	0.7096	0.0002
24	0.9481	0.9481	0.9481	24	0.9954	0.7015	0.0002	24	0.9976	0.8281	0.2434
25	0.9481	0.9481	0.9481	25	0.9953	0.7313	0.0009	25	0.9861	0.6068	0.0000
26	0.9481	0.9481	0.9481	26	0.9883	0.7610	0.0000	26	0.9923	0.8072	0.0009
27	0.9481	0.9481	0.9481	27	0.9771	0.7299	0.0000	27	0.9887	0.7854	0.0006
28	0.9481	0.9481	0.9481	28	0.9860	0.7715	0.0001	28	0.9958	0.7924	0.0005
29	0.9481	0.9481	0.9481	29	0.9859	0.8475	0.2015	29	0.9959	0.8595	0.4295
30	0.9481	0.9481	0.9481	30	0.9859	0.7080	0.0005	30	0.9959	0.7752	0.0008

(a)

(b)

(c)

(d)

รูปที่ 2.16 ผลการทำงานโดยสรุปของ GA ในการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y = x^n$  ที่  $n=10$

Pop.size = 30 Pc = 0.8000 # best = 4  
 Chrom.length = 30 Pm = 0.0333 pt.crs = 2  
 Max.gen = 30 Pl = 0.2000 fix.val. = 1

generation	max	avg	min	generation	max	avg	min
0	0.9481	0.1030	0.0000	0	0.9481	0.1030	0.0000
1	0.9575	0.5857	0.0005	1	0.9481	0.5959	0.0156
2	0.9967	0.6655	0.0009	2	0.9860	0.8297	0.0862
3	0.9963	0.7556	0.0524	3	0.9860	0.8738	0.1108
4	0.9963	0.7705	0.0524	4	0.9860	0.9068	0.6612
5	0.9963	0.8069	0.0524	5	0.9951	0.9356	0.7049
6	0.9975	0.7939	0.0009	6	0.9951	0.9670	0.7062
7	0.9975	0.8738	0.0454	7	0.9956	0.9723	0.7062
8	0.9975	0.8026	0.0001	8	0.9997	0.9875	0.9481
9	0.9987	0.8697	0.2170	9	<b>1.0000</b>	0.9818	0.8139
10	0.9987	0.7446	0.0002	10	1.0000	0.9484	0.0427
11	0.9997	0.8911	0.0347	11	1.0000	0.9837	0.9521
12	0.9997	0.8241	0.0005	12	1.0000	0.9572	0.5236
13	0.9997	0.8020	0.0000	13	1.0000	0.9582	0.5236
14	0.9998	0.9362	0.2589	14	1.0000	0.9702	0.5496
15	0.9998	0.8406	0.0000	15	1.0000	0.9574	0.5496
16	0.9998	0.7955	0.0546	16	1.0000	0.9374	0.5496
17	0.9998	0.8405	0.0010	17	1.0000	0.9078	0.5245
18	0.9998	0.9286	0.2590	18	1.0000	0.9413	0.3657
19	0.9998	0.7849	0.0007	19	1.0000	0.9774	0.4798
20	0.9998	0.8373	0.0007	20	1.0000	0.9799	0.4798
21	0.9998	0.8608	0.0008	21	1.0000	0.9884	0.6714
22	0.9998	0.8767	0.0010	22	1.0000	0.9595	0.5245
23	0.9998	0.7984	0.0010	23	1.0000	0.9621	0.5030
24	0.9998	0.8458	0.0456	24	1.0000	0.9678	0.6714
25	0.9998	0.8151	0.0010	25	1.0000	0.9794	0.8543
26	0.9998	0.8314	0.0002	26	1.0000	0.9754	0.8543
27	0.9998	0.8100	0.0527	27	1.0000	0.9801	0.8543
28	0.9998	0.9182	0.0475	28	1.0000	0.9796	0.8543
29	<b>1.0000</b>	0.6918	0.0000	29	1.0000	0.9817	0.8543
30	1.0000	0.8837	0.0010	30	1.0000	0.9625	0.0456

(g)

Pop.size = 30 Pc = 0.8000 # best = 4  
 Chrom.length = 30 Pm = 0.0333 pt.crs = 2  
 Max.gen = 30 Pl = 0.2000 fix.val. = 2

generation	max	avg	min	generation	max	avg	min
0	0.9481	0.1030	0.0000	0	0.9481	0.1030	0.0000
1	0.9648	0.5539	0.0001	1	0.9648	0.5905	0.0004
2	0.9648	0.6905	0.0004	2	0.9803	0.7530	0.0009
3	0.9803	0.7530	0.0009	3	0.9803	0.7691	0.0224
4	0.9803	0.7691	0.0224	4	0.9900	0.7140	0.0004
5	0.9900	0.7140	0.0004	5	0.9900	0.7182	0.0042
6	0.9900	0.7182	0.0042	6	0.9900	0.7613	0.0350
7	0.9900	0.7613	0.0350	7	0.9997	0.7830	0.0009
8	0.9997	0.7830	0.0009	8	0.9997	0.7269	0.0009
9	0.9997	0.7269	0.0009	9	0.9998	0.8061	0.0352
10	0.9998	0.8061	0.0352	10	0.9998	0.7000	0.0181
11	0.9998	0.7000	0.0181	11	0.9998	0.7294	0.0455
12	0.9998	0.7294	0.0455	12	0.9998	0.8265	0.0563
13	0.9998	0.8265	0.0563	13	0.9998	0.8679	0.0009
14	0.9998	0.8679	0.0009	14	0.9998	0.8829	0.0236
15	0.9998	0.8829	0.0236	15	0.9998	0.8733	0.0006
16	0.9998	0.8733	0.0006	16	0.9998	0.7911	0.0010
17	0.9998	0.7911	0.0010	17	0.9998	0.8801	0.0009
18	0.9998	0.8801	0.0009	18	0.9998	0.8065	0.0009
19	0.9998	0.8065	0.0009	19	<b>1.0000</b>	0.8335	0.0009
20	<b>1.0000</b>	0.8335	0.0009	20	1.0000	0.8084	0.0006
21	1.0000	0.8084	0.0006	21	1.0000	0.8212	0.0009
22	1.0000	0.8212	0.0009	22	1.0000	0.8201	0.0008
23	1.0000	0.8201	0.0008	23	1.0000	0.8541	0.1786
24	1.0000	0.8541	0.1786	24	1.0000	0.8065	0.0202
25	1.0000	0.8065	0.0202	25	1.0000	0.8479	0.0559
26	1.0000	0.8479	0.0559	26	1.0000	0.8045	0.0008
27	1.0000	0.8045	0.0008	27	1.0000	0.7436	0.0003
28	1.0000	0.7436	0.0003	28	1.0000	0.7853	0.0028
29	1.0000	0.7853	0.0028	29	1.0000	0.8771	0.0008
30	1.0000	0.8771	0.0008	30	1.0000	0.8771	0.0008

(f)

Pop.size = 30 Pc = 0.8000 # best = 4  
 Chrom.length = 30 Pm = 0.0333 pt.crs = 2  
 Max.gen = 30 Pl = 0.0000 fix.val. = 2

generation	max	avg	min	generation	max	avg	min
0	0.9481	0.1030	0.0000	0	0.9481	0.1030	0.0000
1	0.9575	0.5857	0.0005	1	0.9575	0.5857	0.0005
2	0.9967	0.6655	0.0009	2	0.9967	0.6655	0.0009
3	0.9963	0.7556	0.0524	3	0.9963	0.7556	0.0524
4	0.9963	0.7705	0.0524	4	0.9963	0.7705	0.0524
5	0.9963	0.8069	0.0524	5	0.9963	0.8069	0.0524
6	0.9975	0.7939	0.0009	6	0.9975	0.7939	0.0009
7	0.9975	0.8738	0.0454	7	0.9975	0.8738	0.0454
8	0.9975	0.8026	0.0001	8	0.9975	0.8026	0.0001
9	0.9987	0.8697	0.2170	9	0.9987	0.8697	0.2170
10	0.9987	0.7446	0.0002	10	0.9987	0.7446	0.0002
11	0.9997	0.8911	0.0347	11	0.9997	0.8911	0.0347
12	0.9997	0.8241	0.0005	12	0.9997	0.8241	0.0005
13	0.9997	0.8020	0.0000	13	0.9997	0.8020	0.0000
14	0.9998	0.9362	0.2589	14	0.9998	0.9362	0.2589
15	0.9998	0.8406	0.0000	15	0.9998	0.8406	0.0000
16	0.9998	0.7955	0.0546	16	0.9998	0.7955	0.0546
17	0.9998	0.8405	0.0010	17	0.9998	0.8405	0.0010
18	0.9998	0.9286	0.2590	18	0.9998	0.9286	0.2590
19	0.9998	0.7849	0.0007	19	0.9998	0.7849	0.0007
20	0.9998	0.8373	0.0007	20	0.9998	0.8373	0.0007
21	0.9998	0.8608	0.0008	21	0.9998	0.8608	0.0008
22	0.9998	0.8767	0.0010	22	0.9998	0.8767	0.0010
23	0.9998	0.7984	0.0010	23	0.9998	0.7984	0.0010
24	0.9998	0.8458	0.0456	24	0.9998	0.8458	0.0456
25	0.9998	0.8151	0.0010	25	0.9998	0.8151	0.0010
26	0.9998	0.8314	0.0002	26	0.9998	0.8314	0.0002
27	0.9998	0.8100	0.0527	27	0.9998	0.8100	0.0527
28	0.9998	0.9182	0.0475	28	0.9998	0.9182	0.0475
29	<b>1.0000</b>	0.6918	0.0000	29	<b>1.0000</b>	0.6918	0.0000
30	1.0000	0.8837	0.0010	30	1.0000	0.8837	0.0010

(e)

รูปที่ 2.16 (ต่อ) ผลการทำงานโดยสรุปของ GA ในการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y = x^n$  ที่  $n=10$

## สรุป

GA เป็นทฤษฎีที่เลียนแบบกระบวนการวิวัฒนาการทางธรรมชาติ ที่นำมาประยุกต์ใช้กับคอมพิวเตอร์เพื่อช่วยแก้ปัญหาในการหาคำตอบต่าง ๆ ซึ่งมีพื้นฐานการทำงานเบื้องต้นเป็นจินตคณิต อัลกอริทึมแบบง่าย โดยมีรูปแบบโครโมโซมเป็นแบบไบนารี และตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์คือการครอสโอเวอร์และมิวเตชันที่ไม่ซับซ้อน แต่สามารถปรับปรุงให้เข้ากับปัญหา เพื่อช่วยให้ GA มีแนวทางการค้นหาคำตอบที่ดีขึ้น ในบทความต่อไปจะกล่าวถึงการประยุกต์ใช้ GA ในการแก้ปัญหาในรูปแบบต่าง ๆ โดยจะต้องมีวิธีการปรับรูปแบบโครโมโซม หรือตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์เพื่อให้เหมาะสมกับแต่ละปัญหา ซึ่งจะเป็นแนวทางในการประยุกต์ใช้ GA แก้ปัญหาอื่น ๆ ต่อไป



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

### บทที่ 3

#### จินตคณิต อัลกอริทึมกับปัญหาแบบต่าง ๆ

GA เป็นวิธีการค้นหาคำตอบที่เลียนแบบกระบวนการทางธรรมชาติ จึงจะต้องมีการปรับรูปแบบการนำเสนอปัญหาและขั้นตอนต่าง ๆ ที่แตกต่างกันขึ้นอยู่กับลักษณะของแต่ละปัญหา ตัวอย่างการประยุกต์ใช้ GA แก่ปัญหาแบบต่าง ๆ ที่จะกล่าวถึงคือ ปัญหาฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์ ปัญหาการทายค่า ปัญหาทาว์นเวอร์ออฟชานอย ปัญหาการหาเส้นทางที่ระยะทางสั้นที่สุด และปัญหาการจัดตารางสอนแบบจำลอง เพื่อเป็นแนวทางในการประยุกต์ใช้ GA แก่ปัญหาอื่น ๆ ต่อไป

#### ปัญหาฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์

การวิเคราะห์ปัญหาต่าง ๆ โดยส่วนมากมักอยู่ในรูปฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์ โดยเป็นการหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหา (Optimization) คือ หาค่าสูงสุดหรือต่ำสุดของฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์นั้น ๆ ดังนั้นการนำ GA มาใช้แก้ปัญหาดังกล่าวจะเป็นแนวทางสำหรับการใช้ GA ช่วยแก้ปัญหาดังกล่าวต่อไปได้เป็นอย่างดี ฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์ประกอบด้วยตัวแปรต่าง ๆ คือ  $y = f(x_1, x_2, \dots, x_k)$  โดยที่  $x_i \in D_i$  ซึ่ง  $D_i = [\min_i, \max_i] \subseteq R$  และ  $R$  คือโดเมนจำนวนจริง การหาคำตอบที่ดีที่สุดของฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์มักจะอยู่บนความต้องการหาค่า  $x_i$  ที่ทำให้  $y$  มีค่า สูงสุดหรือต่ำสุด ดังนั้นการประยุกต์ใช้ GA แก่ปัญหาจะพิจารณาฟังก์ชัน  $y = f(x_1, x_2, \dots, x_k)$  คือ ฟังก์ชันเป้าหมายของปัญหา และรูปแบบโครโมโซมจะพิจารณาจากความละเอียดในความถูกต้องของจำนวนหลักทศนิยมของค่าตัวแปร  $x_i$  ที่ต้องการเพื่อแบ่งช่วงระยะของแต่ละค่า  $x_i$  ระหว่างค่าต่ำสุด  $\min_i$  และค่าสูงสุด  $\max_i$  ในขอบเขตที่ต้องการ เพื่อกำหนดกลุ่มคำตอบที่เป็นไปได้ทั้งหมดในการหาคำตอบของ GA โดยหากต้องการความถูกต้องของทศนิยม  $n$  ตำแหน่ง จะต้องแบ่งช่วงระยะของค่า  $x_i$  ออกเป็นจำนวน  $(\max_i - \min_i) * 10^n$  ค่า และกำหนดรูปแบบโครโมโซมแบบไบนารีจำนวน  $l_i$  บิต ซึ่งคำนวณค่า  $l_i$  จากสมการที่ 3.1 [18]

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นอนุญาติให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณี  $(\max_i - \min_i) * 10^n \leq 2^{l_i} - 1$  บิต และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีกา (3.1) ใช้

แล้วจะทำให้ได้ค่า  $x_i$  ถูกต้องตามที่ต้องการ โดยคำนวณค่า  $x_i$  ตามสมการที่ 3.2

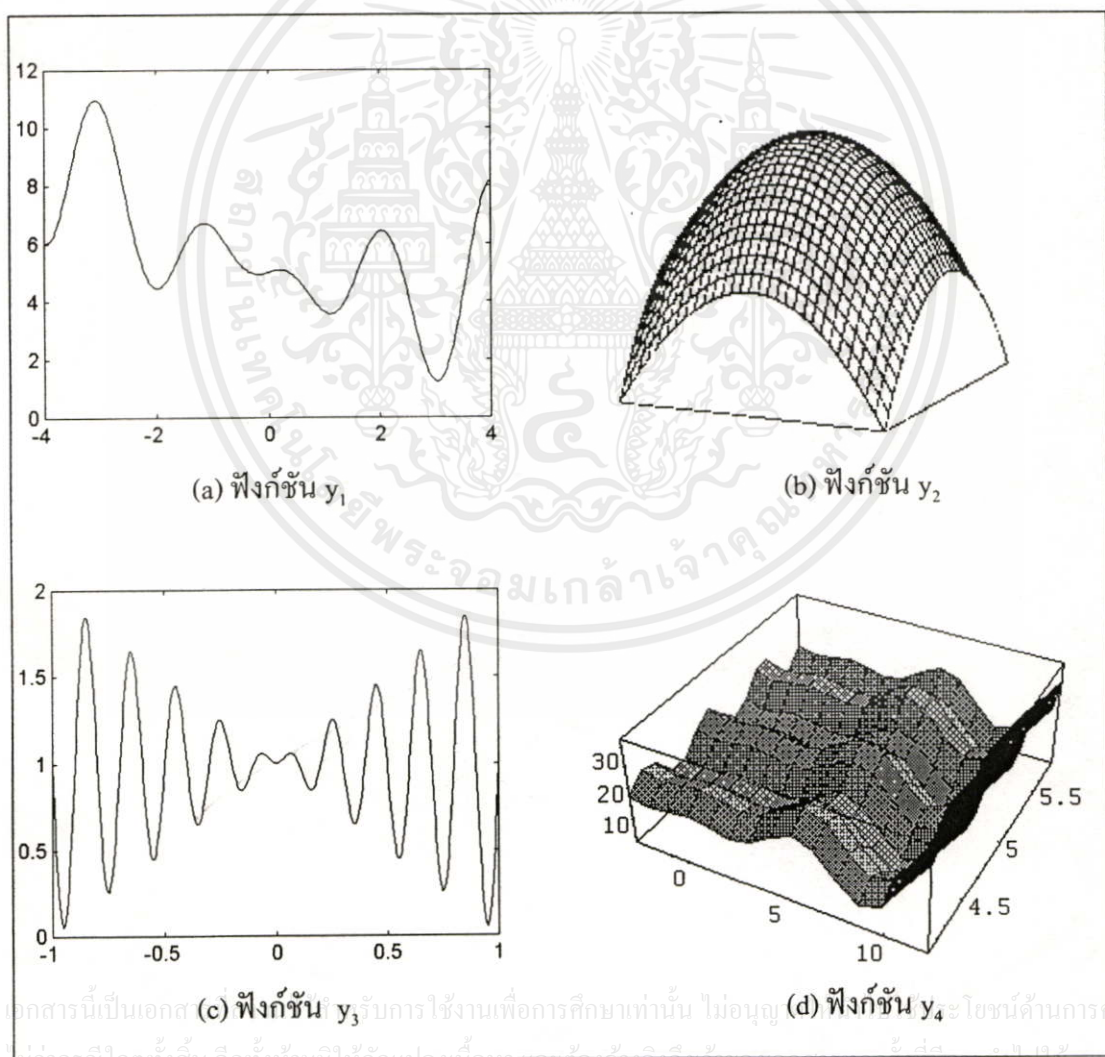
$$x_i = \min_i + \frac{\min_i + (\max_i - \min_i)}{2^{l_i} - 1} * \text{ค่าที่ถอดรหัสฐานสองของโครโมโซม } x_i \quad (3.2)$$

และจำนวนบิตทั้งหมดของโครโมโซม (lchrom) คำนวณดังสมการที่ 3.3

$$lchrom = \sum_{i=1}^k l_i \quad (3.3)$$

โดยที่  $l_1$  ทำให้สมการที่ 3.1 เป็นจริงในช่วงของ  $[\min_1, \max_1]$  ,

$l_2$  ทำให้สมการที่ 3.1 เป็นจริงในช่วงของ  $[\min_2, \max_2]$  , ... ตามลำดับ



รูปที่ 3.1 แสดงกราฟของตัวอย่างฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์

สำหรับฟังก์ชันตัวอย่างในการใช้ GA หากคำตอบมี 4 ฟังก์ชัน ดังตารางที่ 3.1 ซึ่งแสดงกราฟของแต่ละฟังก์ชันดังรูปที่ 3.1 [9][21]

ฟังก์ชัน	ขอบเขต
$y_1 = 4.0 + x \cdot \cos(\pi x) + \exp(-.45 \cdot x)$	$x \in [-4, 4]$
$y_2 = \sum_{i=1}^3 x_i^2$	$x_i \in [-5.12, 5.12]$
$y_3 = x \cdot \sin(10\pi \cdot x) + 1.0$	$x \in [-1, 1]$
$y_4 = 21.5 + x_1 \cdot \sin(4\pi x_1) + x_2 \cdot \sin(20\pi x_2)$	$x_1 \in [-3.0, 12.1], x_2 \in [4.1, 5.8]$

ตารางที่ 3.1 ตัวอย่างฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์

ถ้ากำหนดให้หาค่าสูงสุดและค่าต่ำสุดของแต่ละฟังก์ชันโดยพิจารณาทศนิยม 6 ตำแหน่ง ดังนั้นการกำหนดจำนวนบิตของโครโมโซมสำหรับ GA ของแต่ละฟังก์ชันดังนี้

ฟังก์ชัน	ตัวแปร	จำนวนการแบ่งช่วงค่า x	จำนวนบิตทั้งหมดของโครโมโซม
Y1	$x \in [-4, 4]$	$8 \cdot 10^6 \leq 2^{23}$	23
Y2	$x_i \in [-5.12, 5.12]$	$10.24 \cdot 10^6 \leq 2^{24}$	72
Y3	$x \in [-1, 1]$	$2 \cdot 10^6 \leq 2^{21}$	21
Y4	$x_1 \in [-3.0, 12.1]$	$15.1 \cdot 10^6 \leq 2^{24}$	48
	$x_2 \in [4.1, 5.8]$	$1.7 \cdot 10^6 \leq 2^{21}$	

ผลการทำงานของ GA ในการหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์ โดยกำหนด  $\text{popsize}=10$ ,  $P_c=0.4$  และ  $P_m=0.05$  โดยรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี 1 โครโมโซมแล้ว สำหรับการหาค่าต่ำสุดของฟังก์ชัน  $y_1$  นั้นคำตอบที่ดีที่สุดที่เริ่มต้น (gen 0) คือ 1.276562 และ GA สามารถค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ในรุ่นที่ 55 เป็น 1.238454 ที่  $x$  มีค่าเป็น 3.036864 ซึ่งมีค่าเฉลี่ยของคำตอบที่ดีขึ้นด้วย สำหรับการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y_1$  นั้น GA สามารถหาค่าสูงสุดของฟังก์ชันได้ในรุ่นที่ 600 คือ 10.984224 ที่  $x$  มีค่าเป็น -3.091797 ดังรายละเอียดผลการทำงานในรูป 3.2 และสรุปผลคำตอบของ GA ในรูป 3.3-a สำหรับการหาคำตอบที่ดีที่สุดของฟังก์ชัน  $y_2$  นั้น GA สามารถหาค่าต่ำสุดและสูงสุดได้ในรุ่นที่ 500 และ 2400 คือ  $y_2$  มีค่าต่ำสุดเป็น 0.000000 ที่  $x_1$

$= 0.000012$  ,  $x_2 = -0.000052$  ,  $x_3 = -0.000041$  และ  $y_2$  มีค่าสูงสุดเป็น 78.643200 ที่  $x_1 = -5.120000$  ,  $x_2 = 5.120000$  ,  $x_3 = 5.120000$  ดังรูปที่ 3.3-b สำหรับค่าต่ำสุดและสูงสุดฟังก์ชัน  $y_3$  สามารถหาคำตอบได้ในรุ่นที่ 100 และ 50 คือ  $y_3$  มีค่าต่ำสุดเป็น 0.049467 ที่  $x = -0.951059$  และ  $y_3$  มีค่าสูงสุดเป็น 1.850595 ที่  $x = 0.851199$  ดังรูปที่ 3.3-c และสำหรับค่าต่ำสุดและสูงสุดฟังก์ชัน  $y_4$  สามารถหาคำตอบได้ในรุ่นที่ 3500 และ 600 คือ  $y_4$  มีค่าต่ำสุดเป็น 3.849711 ที่  $x_1 = 11.875532$  ,  $x_2 = 5.775046$  และ  $y_4$  มีค่าสูงสุดเป็น 38.850294 ที่  $x_1 = -11.625533$  ,  $x_2 = 5.725050$  ดังรูปที่ 3.3d จะเห็นได้ว่าคำตอบของ GA นั้นเป็นคำตอบที่เกิดจากการปรับปรุงกลุ่มคำตอบที่เป็นไปได้ ซึ่งจะแตกต่างจากวิธีการแก้ปัญหาคณิตศาสตร์เชิงตัวเลขด้วยคอมพิวเตอร์แบบอื่น เช่น วิธีไบเซกชัน (Bisection Method) หรือวิธีของนิวตัน (Newton's Method) [40] ดังแสดงในภาคผนวก ง. เป็นต้น



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

MATHMETIC Parameters					
Total Bit	(lbit)	=	23		
fn no.	(fn_no)	=	1		
xmini	(xmini)	=	-4.000000000000000E+0000		
xmaxi	(xmaxi)	=	4.000000000000000E+0000		
GA Parameters					
Type of object func.	(ttypobjfn)	=	MIN FN.		
Maximum # of generation	(maxgen)	=	1000		
Population size	(popsize)	=	10		
Prob. of crossover	(pcross)	=	4.000000000000000E-0001		
Prob. of mutation	(pmutate)	=	5.000000000000000E-0002		
# best	(elitist)	=	1		
Population Report					
# parents	Generation 0 chromosome	fitness	# parents	Generation 1 chromosome	fitness
1)	( 0, 0) 10010110101000001101101	5.411761	1)	( 4, 3) 1100111111101111100110	5.943535
2)	( 0, 0) 11000011011100001110000	8.305741	2)	( 4, 3) 1110010001100111000111	4.826349
3)	( 0, 0) 11101100011001100001110	5.143090	3)	( 3, 2) 1110110001100001110000	8.304548
4)	( 0, 0) 1100111101101011100110	5.991060	4)	( 3, 2) 11000011011001110001110	5.142857
5)	( 0, 0) 100011001011111000010100	9.129615	5)	( 7, 7) 0010000110001101000111	1.276562
6)	( 0, 0) 11100000110010110000111	<b>6.381643</b>	6)	( 7, 7) 0010000101000110100011	9.128019
7)	( 0, 0) 00100001110001101000111	<b>1.276562</b>	7)	( 4, 5) 0000111101111100010100	5.991613
8)	( 0, 0) 01000001010010100010000	6.891831	8)	( 4, 5) 100011000110101100110	9.129615
9)	( 0, 0) 00110100110110010110110	5.461076	9)	( 5, 1) 1000110011111100010100	5.129615
10)	( 0, 0) 00000010011110110000110	6.462514	10)	( 5, 1) 110101101000001101101	5.411770
Note Generation 1					
best	=	1.27618798884941E+0000			
average	=	5.64310556953569E+0000			
worst	=	9.12961492025352E+0000			
sumobject	=	5.64310556953424E+0001			
standard deviation	=	2.65900146102649E+0000			
Population Report					
# parents	Generation 54 chromosome	fitness	# parents	Generation 55 chromosome	fitness
1)	( 2, 4) 01011111011100101000111	1.486805	1)	( 3, 3) 0111111011110010100111	1.486820
2)	( 2, 4) 01111111011100000000111	1.255351	2)	( 3, 3) 01111110011110010100111	1.486343
3)	( 4, 4) 0111111101110010100111	1.486820	3)	( 3, 3) 0111111011110010100111	1.486820
4)	( 4, 4) 0110111111110010100111	1.487747	4)	( 3, 3) 0111111011110010100111	1.486820
5)	( 3, 0) 01111111011100100000111	1.238502	5)	( 4, 4) 0110111111110000000111	1.251432
6)	( 5, 4) 01111111011100010100111	1.471764	6)	( 4, 4) 0110111111011000000111	1.302142
7)	( 2, 6) 01111111011011010000111	1.242584	7)	( 5, 5) 010111101111001000111	1.238502
8)	( 2, 6) 011101011110000000111	1.255382	8)	( 5, 0) 0111111011110010000111	1.486820
9)	( 5, 3) 0111100111010101000111	1.499027	9)	( 3, 5) 0111111011110010100111	1.486820
10)	( 5, 3) 0111111011101010000111	1.238946	10)	( 3, 5) 0111111011010010000111	<b>1.238454</b>
Note Generation 55					
best	=	1.23845422711383E+0000			
average	=	1.39519003015266E+0000			
worst	=	1.48774680962742E+0000			
sumobject	=	1.39519003015303E+0001			
standard deviation	=	1.13534963306847E-0001			

รูปที่ 3.2 รายละเอียดการทำงานของ GA สำหรับปัญหาฟังก์ชัน  $y_1$

MIN FN. gen	x	(y) best	avg	worst
0	0010000110001101000111	3.086797	1.276562	6.045489
10	10101011010010001000111	3.067099	1.252323	2.062955
20	00101110010000001000111	3.063100	1.249871	3.633059
30	00001010010000010000111	3.031815	1.238871	2.559590
40	11101011000001010000111	3.039268	1.238529	1.484851
50	0111111101110010000111	3.038817	1.238502	2.227548
60	<b>0111111011010010000111</b>	<b>3.036864</b>	<b>1.238454</b>	3.432918
70	1100111011010010000111	3.036976	1.238454	2.276203
80	1100111011010010000111	3.036976	1.238454	1.581406
90	1100111011010010000111	3.036976	1.238454	2.172328
100	1010111111010010000111	3.037100	1.238454	2.130068
				5.561710
				5.177990
MAX FN. gen	x	(y) best	avg	worst
0	10001100101111100010100	-2.719436	9.129615	6.045489
10	1000100000110110111000	-3.071273	10.977753	7.543688
20	10010000001010010111000	-3.088858	10.984078	4.711704
30	1001001010100010111000	-3.090506	10.984192	9.906122
40	1001001010100010111000	-3.090506	10.984192	7.414446
50	10000000100100010111000	-3.091552	10.984222	8.789499
60	00000000100100010111000	-3.091553	10.984222	9.917907
70	<b>00000000100010111000</b>	<b>-3.091797</b>	<b>10.984224</b>	4.932643
80	0000000000100010111000	-3.091797	10.984224	8.884088
90	0000000000100010111000	-3.091797	10.984224	10.208646
100	0000000000100010111000	-3.091797	10.984224	5.911194
				6.663146

(a) ฟังก์ชัน  $y_1$

รูปที่ 3.3 ผลการทำงานโดยสรุปของ GA สำหรับปัญหาฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี การนำเอกสารนี้ไปใช้โดยไม่ได้รับอนุญาตถือว่าผิดกฎหมาย

MIN FN.	x1	x2	x3	(y) best	avg	worst
0	10000000011010010101001	0.847188	001010000100001001100100	-3.074831	011111100100011110000011	0.157890
100	010110010110000000000001	0.002282	11011111000001111111111110	-0.004846	0101001000101011111111110	-0.006830
200	110110000101000000000001	0.001599	11010110111111111111111110	-0.000691	11010110111111111111111110	0.000003
300	110011000101000000000001	0.001594	11001011011111111111111110	-0.000691	11010110111111111111111110	0.000003
400	110011000101000000000001	0.001594	11001011011111111111111110	-0.000691	11010110111111111111111110	0.000003
500	110011000101000000000001	0.002012	11010101011111111111111110	-0.000565	10111101111111111111111110	0.000000
600	110011000000000000000001	0.000012	11111101111111111111111110	-0.000039	11011011111111111111111110	0.000000
700	110011000000000000000001	0.000000	11111101111111111111111110	-0.000039	11011011111111111111111110	0.000000
800	000000000000000000000001	0.000000	11111101111111111111111110	-0.000000	11111101111111111111111110	0.000000
900	000000000000000000000001	0.000000	11111101111111111111111110	-0.000000	11111101111111111111111110	0.000000
1000	000000000000000000000001	0.000000	11111101111111111111111110	-0.000000	11111101111111111111111110	0.000000
MAX FN.	x1	x2	x3	(y) best	avg	worst
0	001001011001110100101000011	-4.290994	1000011010010101010000111	3.946466	0011011000100101010101111	4.691385
100	1101010001000000000000000	-5.119349	10010111111111111111111111	5.119987	1010101111111111111111111	5.119037
200	1101010001000000000000000	-5.119976	11011111111111111111111111	5.119990	1010111111111111111111111	5.119994
300	1101010001000000000000000	-5.119986	11011111111111111111111111	5.120003	1010111111111111111111111	5.120000
400	1101010001000000000000000	-5.119997	11011111111111111111111111	5.119999	1011111111111111111111111	5.119999
500	1101010001000000000000000	-5.119997	11011111111111111111111111	5.119999	1011111111111111111111111	5.119999
600	1101010001000000000000000	-5.119998	11011111111111111111111111	5.120000	1011111111111111111111111	5.119999
700	0000000000000000000000000	-5.120000	11111111111111111111111111	5.120000	1111111111111111111111111	5.119999
800	0000000000000000000000000	-5.120000	11111111111111111111111111	5.120000	1111111111111111111111111	5.120000
900	0000000000000000000000000	-5.120000	11111111111111111111111111	5.120000	1111111111111111111111111	5.120000
1000	0000000000000000000000000	-5.120000	11111111111111111111111111	5.120000	1111111111111111111111111	5.120000

(b) ฟังก์ชัน y2

MIN FN.	x	(y) best	avg	worst	x1	x2	(y) best	avg	worst
0	1000110100001101000000	-0.954909	0.881832	1.574975	0	10010101000000110101011	9.918825	1000011011000001110000111	5.398434
20	10110111110001000000	-0.949481	0.345591	0.610277	1000	11111111111111111111111111	11.864062	1011111011100001111111111	5.775046
40	11111011110001000000	-0.951203	0.524269	1.308818	1000	11111111111111111111111111	11.864062	1011111011100001111111111	5.775046
60	001000110001000000	-0.950985	0.293111	1.048759	1500	11111111111111111111111111	11.864062	0011011011000011111111111	5.775044
80	00110010001001000000	-0.951099	0.195761	1.324888	2000	11111111111111111111111111	11.864062	0011011011000011111111111	5.775044
100	01101100010011000000	-0.951059	0.526930	1.678772	2500	1111111111110100001111111	11.875122	00000000011110000111111	5.775046
120	01001100001001000000	-0.951063	0.107111	1.217621	3000	10100011000100000111111	11.875531	10100000011110000111111	5.775046
140	01001100001001000000	-0.951063	0.668181	0.959537	3500	11100011000100001111111	11.875532	00000000011110000111111	5.775046
160	01001100001001000000	-0.951063	0.576591	1.501298	4000	11100011000100000111111	11.875532	00000000011110000111111	5.775046
180	00001110000100100000	-0.951065	0.291584	1.012727	4500	11100011000100000111111	11.875532	00000000011110000111111	5.775046
200	00001110000100100000	-0.951065	0.594825	1.384825	5000	11100011000100000111111	11.875532	00000000011110000111111	5.775046
MAX FN.	x	(y) best	avg	worst	x1	x2	(y) best	avg	worst
0	111001101000110010111	0.824562	0.881832	1.574975	0	1100001000000101100100011	8.614453	01110111110100110110110	4.829118
10	11000101110001000000	-0.852554	1.106571	0.847413	100	101000100000111111111111111	11.624501	000011001001010101010	5.524892
20	1100000111100110111	0.851325	0.847070	0.674070	200	0001000000011111111111111	11.626290	110101100100101010101	5.524931
30	1100000011100110111	1.850598	1.489295	0.640661	300	0010100011011111111111111	11.625995	111010100101001010101	5.724948
40	1100010001100110111	1.850598	1.473106	0.862347	400	1011101001011111111111111	11.625531	10001000001101101001011	5.725061
50	01000011100110111	1.850595	1.220081	0.538837	500	1011101001011111111111111	11.625531	10001000001101101001011	5.725061
60	00000011100110111	1.850595	1.068211	0.266239	600	1111101001011111111111111	11.625533	0000101010100101011	5.725050
70	00000011100110111	1.850595	1.188604	0.952517	700	1111101001011111111111111	11.625533	0000101010100101011	5.725049
80	00000011100110111	1.850595	1.204255	0.963322	800	0101101001011111111111111	11.625528	000000010101100100111	5.725047
90	00000011100110111	1.850595	1.775591	1.617179	900	1101101001011111111111111	11.625529	000000010101100100111	5.725047
100	00000011100110111	1.850595	1.336018	0.471602	1000	1101101001011111111111111	11.625529	000000010101100100111	5.725047

(c) ฟังก์ชัน y3

รูปที่ 3.3 (ต่อ) ผลการทำงานของโปรแกรมโดยสรุปของ GA สำหรับปัญหาฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์

(d) ฟังก์ชัน y4

## ปัญหาทายคำ

ปัญหาการทายคำ (Word Guessing Problem) [19] [31] เป็นการเล่นเกมทายตัวอักษร เช่น การทายคำศัพท์ที่มีเงื่อนไขเป็นจำนวนครั้งในการทาย เพื่อตรวจสอบตัวอักษรทุกตัวในคำนั้นจะต้องถูกต้องตามคำที่ต้องการ

## โครโมโซมของปัญหาทายคำ

ค่าบิต	อักษร	ค่าบิต	อักษร
1	a	27	A
2	b	28	B
:	:	:	:
26	z	52	Z

ตารางที่ 3.2 การกำหนดค่าบิตของโครโมโซมปัญหาทายคำ

ลักษณะโครโมโซมของปัญหาทายคำประกอบด้วยบิตที่เป็นตัวอักษร (character) ภายในคำที่ต้องการหาคำตอบ ดังนั้นรูปแบบโครโมโซมของปัญหาทายคำจึงเป็นการกำหนดรหัสค่าบิตของตัวอักษรแทนด้วยตัวเลขดังตารางที่ 3.2 คือ อักษร a ถึง z มีค่าอยู่ในช่วง 1 ถึง 26 และอักษร A ถึง Z มีค่าอยู่ช่วง 27 ถึง 52 และจำนวนบิตทั้งหมดของโครโมโซมจะเท่ากับจำนวนตัวอักษรทั้งหมด ( $c$ ) ของคำที่ต้องการหาคำตอบ ซึ่งลักษณะโครโมโซมของปัญหาทายคำคือ

character <sub>1</sub>	character <sub>2</sub>	character <sub>3</sub>	character <sub>4</sub>	character <sub>c-5</sub>
H	E	L	L	O

ซึ่งแสดงในรูปของสัญลักษณ์ได้ดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สละจนไว้สำหรับคลังงานเพื่อการศึกษาเท่านั้น กรุณาอย่าไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 $B_1 B_2 B_3 \dots B_c$  ซึ่ง  $B_i \in I[1,52]$   
 ไม่ว่าจะฉีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

### ฟังก์ชันเป้าหมายของปัญหาทายค่า

ฟังก์ชันเป้าหมายของปัญหาทายค่าเป็นฟังก์ชันตรวจสอบความถูกต้องของแต่ละตัวอักษรของคำที่ต้องการหาคำตอบโดยไม่คำนึงถึงตัวอักษรพิมพ์เล็ก (uppercase) หรือตัวอักษรพิมพ์ใหญ่ (lowercase) แสดงดังสมการที่ 3.4

$$f = \sum_{i=1}^c \text{correct}(\text{chr}_i) \quad (3.4)$$

โดยที่  $c$  = จำนวนตัวอักษรทั้งหมด

$\text{correct}(x) = 1$  ถ้า uppercase(x) หรือ lowercase(x) ถูกต้อง

$0$  ถ้า uppercase(x) หรือ lowercase(x) ไม่ถูกต้อง

ดังนั้นคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาทายค่าคือคำที่มีตัวอักษรถูกต้องทั้งหมด ( $\text{MAX}(f)$ )

### ตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์สำหรับปัญหาทายค่า

1. **ครอสโอเวอร์แบบหลายจุด (Multiple-point Crossover)** โดยกำหนดจำนวนจุดในการแลกเปลี่ยนส่วน (Crossover point : CP) ถ้า CP=1 หรือ 2 นั่นคือการครอสโอเวอร์แบบ 1 หรือ 2 จุดนั่นเอง มีขั้นตอนดังนี้

- สุ่มตำแหน่ง  $\text{pos}_i$  ซึ่ง  $i = 1, 2, \dots, \text{CP}$  คือตำแหน่งที่จะครอสโอเวอร์ ซึ่ง  $\text{pos}_i$  มีค่าอยู่ในช่วง  $[1, \text{lchrom}-1]$
- แลกเปลี่ยนค่าแต่ละบิตของโครโมโซมพ่อแม่ในแต่ละช่วงเว้นช่วงของตำแหน่งเหล่านี้ ซึ่งจะทำให้เกิดโครโมโซมลูก 2 โครโมโซม ดังรูปที่ 3.4

#### โครโมโซมพ่อแม่

$d_1 d_2 \dots d_{\text{pos}_1} d_{\text{pos}_1+1} \dots d_{\text{pos}_2} d_{\text{pos}_2+1} \dots d_{\text{pos}_3} d_{\text{pos}_3+1} \dots d_{\text{pos}_4} d_{\text{pos}_4+1} \dots d_{\text{pos}_{\text{CP}}} d_{\text{pos}_{\text{CP}}+1} \dots d_{\text{lchrom}}$   
 $m_1 m_2 \dots m_{\text{pos}_1} m_{\text{pos}_1+1} \dots m_{\text{pos}_2} m_{\text{pos}_2+1} \dots m_{\text{pos}_3} m_{\text{pos}_3+1} \dots m_{\text{pos}_4} m_{\text{pos}_4+1} \dots m_{\text{pos}_{\text{CP}}} m_{\text{pos}_{\text{CP}}+1} \dots m_{\text{lchrom}}$

#### โครโมโซมลูก

$d_1 d_2 \dots d_{\text{pos}_1} m_{\text{pos}_1+1} \dots m_{\text{pos}_2} d_{\text{pos}_2+1} \dots d_{\text{pos}_3} m_{\text{pos}_3+1} \dots m_{\text{pos}_4} d_{\text{pos}_4+1} \dots d_{\text{pos}_{\text{CP}}} m_{\text{pos}_{\text{CP}}+1} \dots m_{\text{lchrom}}$   
 $m_1 m_2 \dots m_{\text{pos}_1} d_{\text{pos}_1+1} \dots d_{\text{pos}_2} m_{\text{pos}_2+1} \dots m_{\text{pos}_3} d_{\text{pos}_3+1} \dots d_{\text{pos}_4} m_{\text{pos}_4+1} \dots m_{\text{pos}_{\text{CP}}} d_{\text{pos}_{\text{CP}}+1} \dots d_{\text{lchrom}}$

( $\text{pos}_i$  คือตำแหน่งที่สุ่มได้ซึ่ง  $\text{pos}_i \in [1, \text{lchrom}-1]$  และ  $\text{pos}_i \neq \text{pos}_j$  ถ้า  $i \neq j$ )

รูปที่ 3.4 ครอสโอเวอร์แบบหลายจุด

2. **มิวเตชันแบบตัวเลข (Interger Mutation)** โดยการกลับค่าบิตเดิมเป็นค่าใหม่ที่สามารถเป็นไปได้ของตำแหน่งบิตนั้น เช่น ถ้าค่าบิตเดิมที่จะทำการมิวเตชันมีค่าเป็น 1 ให้กลับค่าเป็น 2 หรือ 3 หรือ 4 ,... โดยการสุ่ม

รวมทั้งตัวดำเนินการอินเวอร์ชันที่กล่าวมาแล้วในบทที่ 2

### ผลลัพธ์ GA สำหรับปัญหาทายคำ

ผลการทำงานของ GA ในปัญหา โดยทดสอบให้ทายคำ 'GENETICAlgorithm' และกำหนด  $\text{popsize}=10$  ,  $P_c=0.3$  มีจำนวนตำแหน่งในการครอสโอเวอร์เป็น 4 ตำแหน่ง  $P_m=0.1$  ,  $P_i=0.2$  และรักษาค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุด 1 โครโมโซมแล้ว GA สามารถทายคำได้ถูกต้องในรุ่นที่ 715 เป็น 'gENeTICAlGorIThm' ดังรูปที่ 3.5 ที่แสดงรายละเอียดการทำงานของ GA และสรุปผลการทายคำของ GA ดังรูปที่ 3.6-a ที่เปรียบเทียบกับการกำหนด  $P_c=0.3$  มีจำนวนตำแหน่งในการครอสโอเวอร์เป็น 2 ตำแหน่ง ซึ่งได้คำตอบในรุ่นที่ 827 เป็น 'gEnETICALGORITHM' ซึ่งเป็นอีกคำตอบที่ดีที่สุดอีกคำตอบหนึ่งในรูปที่ 3-6b

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

WORD GUESSING Parameters							
#Character	(lbit)	= 16					
WORD	(hword)	= GENETICAlgorithm					
GA Parameters							
Chromosome length	(lchrom)	= 16					
Population size	(popsize)	= 10					
Prob. of crossover	(pcross)	= 3.00000000000000E-0001					
Prob. of mutation	(pmutate)	= 1.00000000000000E-0001					
Prob. of inversion	(pinverse)	= 2.00000000000000E-0001					
#Point of crossover	(ptcrs)	= 4					
#best	(elitist)	= 1					
Initial Generation Statistics							
Initial population best	objective	= 1.00000000000000E+0000					
Initial population average	objective	= 5.00000000000000E-0001					
Initial population worst	objective	= 0.00000000000000E+0000					
Initial population sum	objective	= 5.00000000000000E+0000					
Population Report							
Generation 0			Generation 1				
#	parents	chromosome	objective	#	parents	chromosome	objective
1)	( 0, 0)	OesrKvnrJEqcOdcQ	1.0000	1)	( 1, 2)	Oesr2vnrOEqcOdcQ	1.0000
2)	( 0, 0)	rtvOYEaZQwPbJMIK	0.0000	2)	( 1, 0)	OesrKvnrJEqcOdcQ	1.0000
3)	( 0, 0)	sahBSUCdrwhkPcWy	1.0000	3)	( 5, 2)	MUUDoZTTpuTXaMVM	1.0000
4)	( 0, 0)	daWbEoedLsjjDsPG	1.0000	4)	( 5, 2)	ruvOYEaZQwPbJMIK	0.0000
5)	( 0, 0)	MUUDoZTTpuSxaMVM	1.0000	5)	( 5, 3)	MUUDoZTTpuSxaMVM	1.0000
6)	( 0, 0)	KxSZjqULonHoGCjY	0.0000	6)	( 5, 3)	wahBSUCdrwhkPcWy	1.0000
7)	( 0, 0)	gMsSckDrpyIEfOia	1.0000	7)	( 3, 4)	sTHBSUCdrwhkPcWy	1.0000
8)	( 0, 0)	dVbPmWnNhIwXIpY	0.0000	8)	( 3, 4)	saWbpoedLsjjDsPG	1.0000
9)	( 0, 0)	ftOvGgDKuXtDHPA	0.0000	9)	( 3, 2)	sahBSUCdrwhkPcWy	1.0000
10)	( 0, 0)	zAcjFBjHyhdHEwNE	0.0000	10)	( 3, 2)	rxvOYEaZQwPbJMIK	0.0000
Note Generation 1							
best	= 1.00000000000000E+0000						
average	= 8.00000000000000E-0001						
worst	= 0.00000000000000E+0000						
sumobject	= 8.00000000000000E+0000						
standard deviation	= 4.00000000000000E-0001						
Population Report							
Generation 714			Generation 715				
#	parents	chromosome	objective	#	parents	chromosome	objective
1)	( 2, 5)	NENeIqCaxHoryTmm	9.0000	1)	( 2, 0)	gNeTICaIGorITWm	15.0000
2)	( 1, 0)	gNeTICaIGorITWm	15.0000	2)	( 3, 7)	gEeITCaIGorITBc	10.0000
3)	( 4, 5)	gknRTICaGHorIThm	12.0000	3)	( 3, 4)	gNeTIRAeLoCITem	10.0000
4)	( 4, 5)	gNeTIRAeLoCITem	11.0000	4)	( 3, 4)	gEXRrICaGHorIThm	11.0000
5)	( 1, 2)	gNeTMTCSiHorITWm	10.0000	5)	( 3, 3)	gkIRTIcAGhorIThm	11.0000
6)	( 1, 2)	gNeTICaIGorITmx	13.0000	6)	( 3, 3)	bkNRTIcAGhorIThm	11.0000
7)	( 2, 2)	gNeTICaIGorITBc	11.0000	7)	( 3, 2)	gknRTIcAGhorITWm	9.0000
8)	( 2, 2)	gNeTICrSkIaITmm	8.0000	8)	( 3, 2)	gNeTICaIGorIThm	16.0000
9)	( 4, 4)	gbnRTICaGHorIThp	11.0000	9)	( 1, 4)	NINbIqCaxHoryTmm	7.0000
10)	( 4, 4)	gbURTIcAGhoCXehm	8.0000	10)	( 1, 4)	gNeTIRAeLoCITem	11.0000
Note Generation 715							
best	= 1.60000000000000E+0001						
average	= 1.11000000000000E+0001						
worst	= 7.00000000000000E+0000						
sumobject	= 1.11000000000000E+0002						
standard deviation	= 2.50798724079868E+0000						

รูปที่ 3.5 รายละเอียดการทำงานของ GA สำหรับปัญหาทายคำ

GA Parameters				
Chromosome length	(lchrom)	=	16	
Population size	(popsize)	=	10	
Prob. of crossover	(pcross)	=	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	JEeTICALGorMITq	9.0000	5.9000	2.0000
150	JEeTICALGorMITt	10.0000	5.5000	3.0000
200	qNeTICALGoOIMtb	11.0000	5.7000	2.0000
250	gNeTICALGoCIMTt	12.0000	7.8000	2.0000
300	gNeTICALGoXIFSt	12.0000	4.5000	2.0000
350	gNeTICALGoXIFFT	12.0000	6.3000	3.0000
400	gNeTICALGoXivIG	12.0000	7.7000	5.0000
450	gNeTICALGoXivIG	12.0000	5.6000	3.0000
500	gNeTICALGoXivIG	12.0000	9.5000	7.0000
550	gNeTICALGorITYG	14.0000	6.7000	3.0000
600	gNeTICALGorITYG	14.0000	8.6000	4.0000
650	gNeTICALGorITYG	14.0000	9.1000	7.0000
700	gNeTICALGorITYL	14.0000	7.9000	3.0000
715	gNeTICALGorIThm	16.0000	11.1000	7.0000

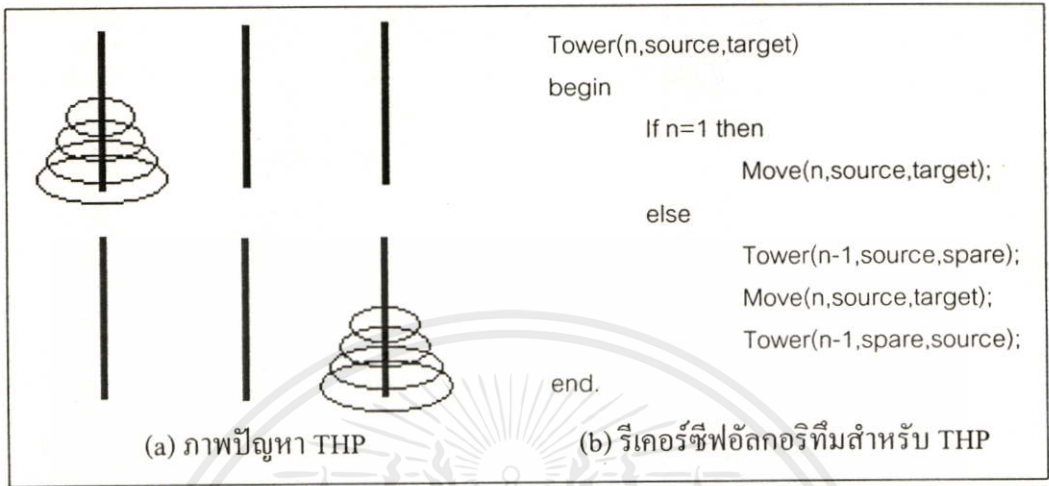
GA Parameters				
Chromosome length	(lchrom)	=	16	
Population size	(popsize)	=	10	
Prob. of crossover	(pcross)	=	0.6	
Prob. of mutation	(pmutate)	=	0.1	
Prob. of inversion	(pinverse)	=	0.2	
#Point of crossover	(ptcrs)	=	2	
#best	(elitist)	=	1	
gen	word	best	avg	worst
0	OesrKvnrJEqcOdcQ	1.0000	0.5000	0.0000
50	sEneDICgVhJKUIhy	6.0000	4.9000	3.0000
100	zEneVICwduoHTThe	8.0000	5.1000	3.0000
150	nEneWICAdgyRgThM	11.0000	7.1000	4.0000
200	yEneZICAdGgRBThM	11.0000	6.0000	1.0000
250	gEneUICAKGgRjThM	12.0000	6.9000	4.0000
300	gEneTICAEgFRjThM	13.0000	8.0000	2.0000
350	gEneTICAEgFRjThM	13.0000	9.5000	4.0000
400	gEneTICAKGIRIThM	14.0000	9.3000	4.0000
450	VEneTICAGORIThm	14.0000	5.9000	2.0000
500	VEneTICAGORIThm	14.0000	12.1000	9.0000
550	VEneTICAGORIThm	14.0000	8.7000	6.0000
600	VEneTICAGORIThm	14.0000	8.0000	5.0000
650	EeNeTICAGORIThm	15.0000	11.4000	4.0000
700	EeNeTICAGORIThm	15.0000	10.0000	4.0000
750	EeNeTICAGORIThm	15.0000	10.0000	6.0000
800	kEneTICAGORIThm	15.0000	9.6000	7.0000
827	gNeTICALGorIThm	16.0000	11.4000	4.0000

(a)  $P_c=0.3$  ครอสโอเวอร์ 4 ตำแหน่ง

(b)  $P_c=0.1$  ครอสโอเวอร์ 2 ตำแหน่ง

รูปที่ 3.6 ผลการทำงานโดยสรุปของ GA สำหรับปัญหาทายคำ

## ปัญหาทาว์นเวอร์ออฟฮานอย (THP)



รูปที่ 3.7 ปัญหา THP

ปัญหาทาว์นเวอร์ออฟฮานอย (Tower of Hanoi Problem :THP) [17] เป็นการเล่นเกมสัจชนิดหนึ่งซึ่งประกอบด้วยแกนหลัก 3 แกนบนกระดาน และกลุ่มของวงแหวนกลม ขนาดต่างกัน โดยวงแหวนทั้งหมดถูกวางอยู่ในแกนหลักเริ่มต้นจากขนาดเล็กถึงขนาดใหญ่โดยลำดับจากบนลงล่าง วิธีการเล่นเกมส์โดยการเคลื่อนย้าย (step) วงแหวนทั้งหมดไปยังแกนเป้าหมายที่ต้องการ ซึ่งการเรียงลำดับของวงแหวนลงเหมือนเดิมดังรูปที่ 3.7-a โดยเงื่อนไขในการเคลื่อนย้ายแต่ละครั้งคือเคลื่อนย้ายครั้งละ 1 วงแหวนและวงแหวนที่มีขนาดใหญ่กว่าห้ามวางบนวงแหวนที่มีขนาดเล็กกว่า การเล่นที่ดีที่สุดคือจำนวนครั้งในการเคลื่อนย้ายวงแหวนตามเงื่อนไขน้อยที่สุด ซึ่งสำหรับวงแหวนจำนวน  $r$  วงแหวน จำนวนการเคลื่อนย้ายที่น้อยที่สุดเท่ากับ  $2^r - 1$  ครั้ง วิธีการแก้ปัญหา THP โดยวิธีรีเคอร์ซีฟมีอัลกอริทึมดังรูป 3.7-b GA เป็นอีกวิธีการหนึ่งที่น่าสนใจเพื่อใช้ทดสอบในการแก้ปัญหานี้

### โครโมโซมของ THP

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

ตารางที่ 3.3 การกำหนดค่าบิตของโครโมโซม THP

ลักษณะโครโมโซมของ THP ประกอบด้วยบิตที่แสดงถึงวิธีการเคลื่อนย้ายวงแหวนแต่ละครั้งดังตารางที่ 3.3 โดยพิจารณาจากขนาดของวงแหวนบนสุดของแต่ละแกนคือ ขนาดใหญ่ (max:M), ขนาดกลาง (median:=) และขนาดเล็ก (min:m) หากแกนใดไม่มีวงแหวนเลยให้ถือเป็นแกนที่มีวงแหวนขนาดใหญ่ที่สุด ซึ่งแสดงตัวอย่างการเคลื่อนย้ายวงแหวนจำนวน 4 วงแหวนของโครโมโซม 1323 โดยใช้สัญลักษณ์ตัวเลข 1 ถึง 4 แทนขนาดของวงแหวน ดังรูปที่ 3.8

	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 3.8 การเคลื่อนย้ายวงแหวนของโครโมโซม THP (1323)

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

step 1	step 2	step 3		step $2^i - 1$
3	2	3		1

ซึ่งแสดงในรูปของสัญลักษณ์ได้ดังนี้

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

**ฟังก์ชันเป้าหมายของ THP**

ฟังก์ชันเป้าหมายของ THP เป็นฟังก์ชันวัดค่าของแผนการโดยพิจารณาผลลัพธ์จำนวนวงแหวนและขนาดของวงแหวนที่อยู่ในแกนเป้าหมาย รวมถึงพิจารณารูปแบบหลังการเคลื่อนย้ายแต่ละครั้งไม่ควรจะซ้ำกัน ดังสมการที่ 1 เป็นฟังก์ชันเป้าหมายซึ่งเจาะจงแกนเป้าหมายที่ต้องการคือแกน p

$$f = 1 + r_p + \dim(p) + \sum_{s=1}^{2^r-1} \text{notred} \left( \sum_{i=1}^s \text{dup}(\text{patt}[s], \text{patt}[i]) \right) \quad (3.5)$$

โดยที่	$p$	=	แกนเป้าหมายที่ต้องการ
	$r$	=	จำนวนวงแหวนทั้งหมด
	$r_p$	=	จำนวนวงแหวนที่อยู่ในแกน $p$
	$\dim(x)$	=	$\sum_{i=1}^{r_p} i \cdot d_i$ ซึ่ง $d_i$ = ขนาดของวงแหวนลำดับที่ $i$ 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 $x \neq 1$

ดังนั้นคำตอบที่ดีที่สุดของ THP คือ แผนการเคลื่อนย้ายวงแหวนที่มีค่าฟังก์ชันเป้าหมายสูงสุด (MAX(f))

### ตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์สำหรับ THP

ตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์สำหรับ THP ประกอบด้วย ครอสโอเวอร์แบบหลายจุด มิวเทชันแบบตัวเลข และอินเวอร์ชัน ตามที่กล่าวมาแล้ว

### ผลลัพธ์ GA สำหรับ THP

ผลการทำงานของ GA ในการแก้ปัญหา THP โดยทดสอบกับวงแหวนจำนวน 4 วง ซึ่งค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดคือ 50 ที่กำหนด  $\text{popsize}=40$ ,  $P_c=0.6$  ครอสโอเวอร์แบบ 1 จุด  $P_m=0.03$ ,  $P_i=0.8$  และรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี 1 โครโมโซมแล้ว GA สามารถหาแผนการเคลื่อนย้ายวงแหวนได้ในรุ่นที่ 142 ซึ่งแสดงผลคำตอบโดยสรุปดังรูปที่ 3.9-a และแผนการเคลื่อนย้ายที่ดีที่สุดดังรูปที่ 3.9-b สำหรับการค้นหาคำตอบของวงแหวนจำนวน 5 วง ซึ่งค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดคือ 92 ที่กำหนดให้  $P_c=0.7$  แล้ว GA สามารถหาแผนการเคลื่อนย้ายวงแหวนได้ในรุ่นที่ 2183 ซึ่งแสดงผลคำตอบโดยสรุปดังรูปที่ 3.10-a และแผนการเคลื่อนย้ายที่ดีที่สุดดังรูปที่ 3.10-b

Tower of Hanoi Parameters

RING (ring) = 4  
BEST FITNESS (bestfit) = 50

GA Parameters

Chromosome length (lchrom) = 15  
Population size (popsize) = 40  
Prob. of crossover (pcross) = 0.6  
Prob. of mutation (pmutate) = 0.03  
Prob. of inversion (pinverse) = 0.8  
#Point of crossover (pcrsc) = 1  
#best (elitist) = 1

gen	best	avg	worst
0	24	0.000	11.0750
1	24	0.000	11.0750
2	41	0.000	15.0250
3	41	0.000	16.2000
4	41	0.000	14.7000
5	48	0.000	20.7750
6	48	0.000	16.2750
7	48	0.000	19.0750
8	48	0.000	21.2750
9	50	0.000	18.3000
10	50	0.000	18.3000

(a) ผลการทำงานโดยสรุป

(b) แผนการเคลื่อนย้ายวงแหวน

รูปที่ 3.9 GA สำหรับปัญหา THP จำนวน 4 วงแหวน

Tower of Hanoi Parameters

RING (ring) = 5  
BEST FITNESS (bestfit) = 92

GA Parameters

Chromosome length (lchrom) = 31  
Population size (popsize) = 40  
Prob. of crossover (pcross) = 0.7  
Prob. of mutation (pmutate) = 0.03  
Prob. of inversion (pinverse) = 0.8  
#Point of crossover (pcrsc) = 1  
#best (elitist) = 1

gen	best	avg	worst
0	46	0.000	20.4750
1	46	0.000	25.0500
2	72	0.000	22.5250
3	72	0.000	30.2500
4	80	0.000	34.0250
5	81	0.000	29.0000
6	84	0.000	37.2750
7	88	0.000	26.9250
8	90	0.000	34.0500
9	90	0.000	31.9500
10	90	0.000	32.3750
11	92	0.000	38.1750

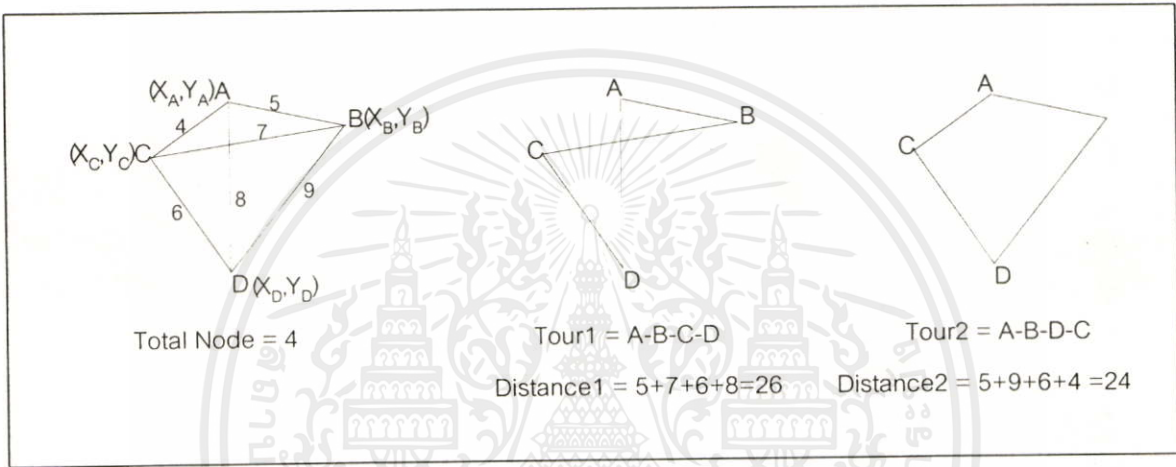
(a) ผลการทำงานโดยสรุป

(b) แผนการเคลื่อนย้ายวงแหวน

รูปที่ 3.10 GA สำหรับปัญหา THP จำนวน 5 วงแหวน

## ปัญหาการหาเส้นทางที่ระยะทางสั้นที่สุด (TSP)

ปัญหาเส้นทางที่สั้นที่สุด (Travelling Saleman Problem : TSP) เป็นปัญหาในการหาเส้นทางการเดินทาง (tour) ที่ผ่านจุด (node) ทุกจุดและผ่านจุดละครั้ง โดยที่ระยะทางรวมของการเดินทาง (distance) สั้นที่สุด ตัวอย่างแสดงดังรูปที่ 3.11 ซึ่ง TSP เป็นปัญหาพื้นฐานของการจัดตาราง (Schedule) เบื้องต้น ที่สามารถประยุกต์ใช้ GA หาคำตอบได้ [12]



รูปที่ 3.11 ปัญหา TSP

### 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  $\text{node}_1 = A$ ,  $\text{node}_2 = B$ , ...) การกำหนดค่าบิตแสดงดังตารางที่ 3.4

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้拿去ใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ลำดับ	จุด
1	node <sub>1</sub> (A)
2	node <sub>2</sub> (B)
3	node <sub>3</sub> (C)
4	node <sub>4</sub> (D)
:	:
n	node <sub>n</sub> (N)

ตารางที่ 3.4 การกำหนดลำดับของโครโมโซม TSP

ดังนั้นจำนวนบิตของโครโมโซม TSP เท่ากับ  $n$  และลักษณะโครโมโซมของ TSP คือ

order 1	order 2	order 3	order n
node <sub>2</sub>	node <sub>10</sub>	node <sub>4</sub>	node <sub>7</sub>

ซึ่งแสดงในรูปของสัญลักษณ์ได้ดังนี้

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

ตัวอย่างโครโมโซมของเส้นทางในรูปที่ 3.14 คือ  $\text{Tour}_1 = A-B-C-D$  จะมีโครโมโซมเป็น 1234 และ

$\text{Tour}_2 = A-B-D-C$  จะมีโครโมโซมเป็น 1243

### ฟังก์ชันเป้าหมายของ TSP

ฟังก์ชันเป้าหมายของ TSP เป็นฟังก์ชันหาค่าระยะทางรวมของเส้นทางการเดินทาง ดังสมการที่ 4

$$f = \sum_{i=1}^n d_{B_i, B_{i+1}} \quad (3.6)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นอนุญาติให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอกเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยที่  $n$  = จำนวน node ทั้งหมด

$B_i$  = node ในลำดับที่  $i$  ของเส้นทาง

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

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

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

ดังนั้นคำตอบที่ดีที่สุดของ TSP คือ เส้นทางที่ระยะทางรวมสั้นที่สุดหรือเส้นทางที่มีค่าฟังก์ชันเป้าหมายต่ำสุด (MIN(f))

### ตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์สำหรับ TSP

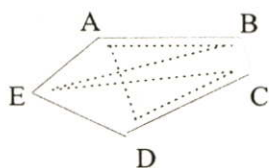
เนื่องจากโครโมโซมของ TSP นั้นมีความสัมพันธ์ของบิตเป็นแบบลำดับ ซึ่งหากใช้ตัวดำเนินการแบบเดิมจะทำให้เกิดโครโมโซมใหม่ซึ่งไม่ตรงตามเงื่อนไขของปัญหา TSP เช่น หากครอสโอเวอร์แบบ 1 จุด ดังนี้



จะเห็นว่าคู่โครโมโซมที่เกิดขึ้นใหม่นั้นไม่ตรงตามเงื่อนไขของ TSP คือเส้นทางผ่านไม่ครบทุกจุดและเดินทางผ่านบางจุดมากกว่า 1 ครั้ง ดังนั้นตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์ของ GA ที่เหมาะสมสำหรับ TSP ที่นิยมใช้คือ ครอสโอเวอร์โดยตารางเส้นเชื่อมต้อ (Edge Recombination Crossover : ER) ซึ่งแสดงรายละเอียดดังรูปที่ 3.12 มีขั้นตอนการทำงานดังนี้ [7] [27]

- (1) สร้างตาราง edge map ซึ่งมี edge list คือกลุ่ม node ที่มีเส้นเชื่อมต่อกับ node นั้น ๆ
- (2) สร้างโครโมโซมลูกที่ 1 โดยเลือก node เริ่มต้นจาก node แรกของโครโมโซมพ่อ
- (3) ตัด node ที่ถูกเลือกออกจาก edge list
- (4) ณ. node ที่ถูกเลือกนั้น ถ้าไม่มี edge list เหลือ ข้ามไปยังขั้นตอนที่ 6
- (5) เลือก node ที่ edge list น้อยที่สุด ถ้ามากกว่า 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

ไม่ผ่านการพิจารณาเพื่อใช้ในการเรียนการสอนเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า



edge ของโครโมโซมพ่อ = ABCDE

edge ของโครโมโซมแม่ = BECDA

รายละเอียดการทำงาน	edge map	
	node	edge list
1) - สร้างตาราง edge map	A B C D E	B D E A C E B D E A C E A B C D E
2) - เลือก node เริ่มต้นของโครโมโซมพ่อ คือ node A - ตัด node A ออกจาก edge list	A B C D E	B D E C E B D E C E B C D E
3) - พิจารณาที่ node ใน edge list ของ node A คือ B, D, E - เลือก node ที่มีจำนวน edge list น้อยที่สุด ถ้ามีมากกว่า 1 node ให้สุ่มเลือก (B และ D มี edge list น้อยที่สุดเท่ากับ 2 node ดังนั้นสุ่มเลือกได้ node D) - ตัด node D ออกจาก edge list	A B C D E	B E C E B E C E B C E
4) - พิจารณาที่ node ใน edge list ของ node D คือ C และ E - เลือก node ที่มีจำนวน edge list น้อยที่สุด ถ้ามีมากกว่า 1 node ให้สุ่มเลือก (C และ E มี edge list เท่ากันคือ 2 node ดังนั้นสุ่มเลือกได้ node E) - ตัด node E ออกจาก edge list	A B C D E	B C B C B C
5) - พิจารณาที่ node ใน edge list ของ node E คือ B และ C - เลือก node ที่มีจำนวน edge list น้อยที่สุด ถ้ามีมากกว่า 1 node ให้สุ่มเลือก (B และ C มี edge list เท่ากันคือ 1 node ดังนั้นสุ่มเลือกได้ node B) - ตัด node B ออกจาก edge list	A B C D E	C C C C
6) - node สุดท้ายที่ถูกเลือกคือ node C ดังนั้น โครโมโซมลูกที่ 1 คือ <b>ADEBC</b>		
7) - ปฏิบัติตามขั้นตอนเดิมโดยเลือก node เริ่มต้นของโครโมโซมแม่ ดังนั้น โครโมโซมลูกที่ 2 คือ <b>BCDAE</b>		

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้  
รูปที่ 3.12 ครอสโอเวอร์โดยตารางเส้นเชื่อมต่อ

## ผลลัพธ์ GA สำหรับ TSP

ผลการทำงานของ GA ในการแก้ปัญหา TSP โดยทดสอบหาเส้นทางของ 10 node ที่กำหนด popsize=10 ,  $P_c=0.8$  และรักษาค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุด 1 โครโมโซมแล้ว GA สามารถหาเส้นทางที่ระยะทางสั้นที่สุดได้ในรุ่นที่ 15 เป็นระยะทาง 4.1502 ซึ่งแสดงผลคำตอบโดยสรุปดังรูปที่ 3.13-a และเส้นทางที่ดีที่สุดที่สุดในแต่ละรุ่นของ GA แสดงดังรูปที่ 3.13-b และเมื่อทดสอบหาเส้นทางของ 12 node และ 16 node ที่กำหนด popsize=30 และ 60 ,  $P_c=0.7$  แล้ว GA ก็สามารถหาเส้นทางที่ระยะทางสั้นที่สุดได้ในรุ่นที่ 47 และ 31 ตามลำดับ ซึ่งผลคำตอบและเส้นทางที่ดีที่สุดในแต่ละรุ่นดังรูปที่ 3.14 และ 3.15



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Travelling Salesman Parameters

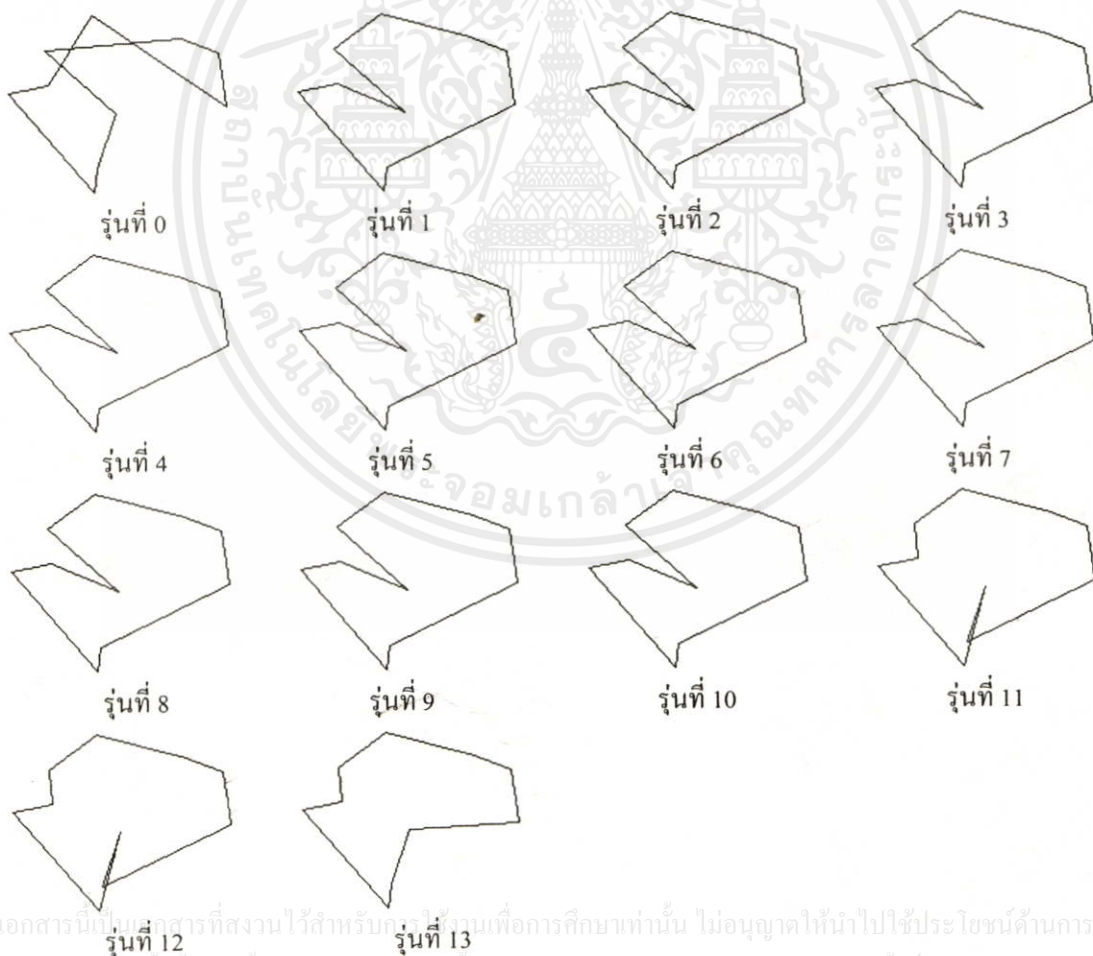
Node (node) = 10  
 Node file (node\_file) = city.dat  
 (59,116) (116,19) (29,48) (73,66) (3,53) (140,28) (145,62) (27,26) (58,4) (61,101)

GA Parameters

Chromosome length (lchrom) = 10  
 Maximum # of generation (maxgen) = 15  
 Population size (popsize) = 20  
 Prob. of crossover (pcross) = 8.00000000000000E-0001  
 #best (elitist) = 1

gen	best	avg	worst
0	5.30390098975971E+0002	7.56790666234890E+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	6.34011797096381E+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	5.66662835028023E+0002	6.78915172507986E+0002

(a) ผลการทำงานโดยสรุป



(b) เส้นทางที่ระยะทางสั้นที่สุด

รูปที่ 3.13 GA สำหรับปัญหา TSP (10 node)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับครูอาจารย์เท่านั้น ไม่อนุญาตให้拿去ใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอกไปเผยแพร่ซ้ำโดยไม่ได้รับอนุญาตของเอกสารทุกครั้งที่มีกรนำไปใช้

## Travelling Salesman Parameters

```

Node (node) = 12
Node file (node file) = city.dat
(66,10) (99,43) (93,24) (75,5) (105,16) (40,34) (51,48) (94,51) (7,68) (100,67) (24,13) (39,61)

```

## GA Parameters

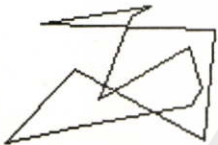
```

Chromosome length (lchrom) = 12
Maximum # of generation (maxgen) = 30
Population size (popsize) = 30
Prob. of crossover (pcross) = 7.000000000000000E-0001
#best (elitist) = 1

```

gen	best	avg	worst
0	5.17321181825362E+0002	6.40197437584400E+0002	7.47718091420829E+0002
5	4.58338537547737E+0002	5.71566306833178E+0002	6.85105869844556E+0002
10	4.01448637765367E+0002	4.84471565476619E+0002	6.04154410563409E+0002
15	3.58029816607945E+0002	4.52892971982714E+0002	5.52826015121303E+0002
20	3.48835645686369E+0002	4.39308894481044E+0002	5.28610006889328E+0002
25	3.48835645686369E+0002	4.30154943179805E+0002	4.95093398590572E+0002
30	3.31813265535980E+0002	3.97129732795991E+0002	4.56396114545874E+0002
45	3.31813265535980E+0002	3.74104042205494E+0002	4.55570817206986E+0002
50	3.22010186492931E+0002	3.71855325259268E+0002	4.53076142088044E+0002

## (a) ผลการทำงานโดยสรุป



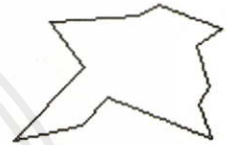
รุ่นที่ 0



รุ่นที่ 20



รุ่นที่ 40



รุ่นที่ 47

## (b) เส้นทางที่ระยะทางสั้นที่สุด

รูปที่ 3.14 GA สำหรับปัญหา TSP (12 node)

## Travelling Salesman Parameters

```

Node (node) = 16
Node file (node file) = city.dat
(59,13) (45,95) (126,76) (76,9) (34,81) (117,91) (93,11) (29,65) (104,102) (109,19) (30,48)

```

## GA Parameters

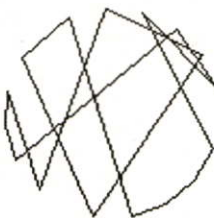
```

Chromosome length (lchrom) = 10
Maximum # of generation (maxgen) = 40
Population size (popsize) = 60
Prob. of crossover (pcross) = 7.000000000000000E-0001
#best (elitist) = 1

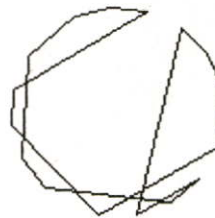
```

gen	best	avg	worst
0	8.34108126793057E+0002	1.07576740616933E+0003	1.33500924401172E+0003
5	7.56685046384111E+0002	8.83107336212881E+0002	1.13874927576445E+0003
10	6.09555819287896E+0002	7.70714932125993E+0002	9.05566918020137E+0002
15	5.46389357540756E+0002	7.09182603764348E+0002	9.29956560396589E+0002
20	3.98286952063907E+0002	5.99055911241099E+0002	7.56642606738023E+0002
25	3.97087449842598E+0002	4.93859693266917E+0002	5.86721127561294E+0002
30	3.45950994064100E+0002	4.23940587142017E+0002	4.91683472140692E+0002
35	3.11892054285854E+0002	3.96942559143528E+0002	4.61492179129738E+0002
40	3.11892054285854E+0002	3.68382906742860E+0002	4.29364686545916E+0002

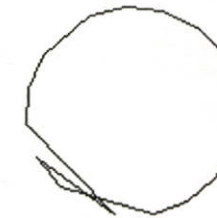
## (a) ผลการทำงานโดยสรุป



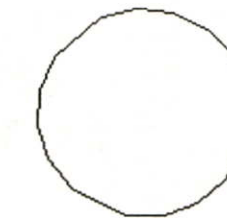
รุ่นที่ 0



รุ่นที่ 10



รุ่นที่ 20

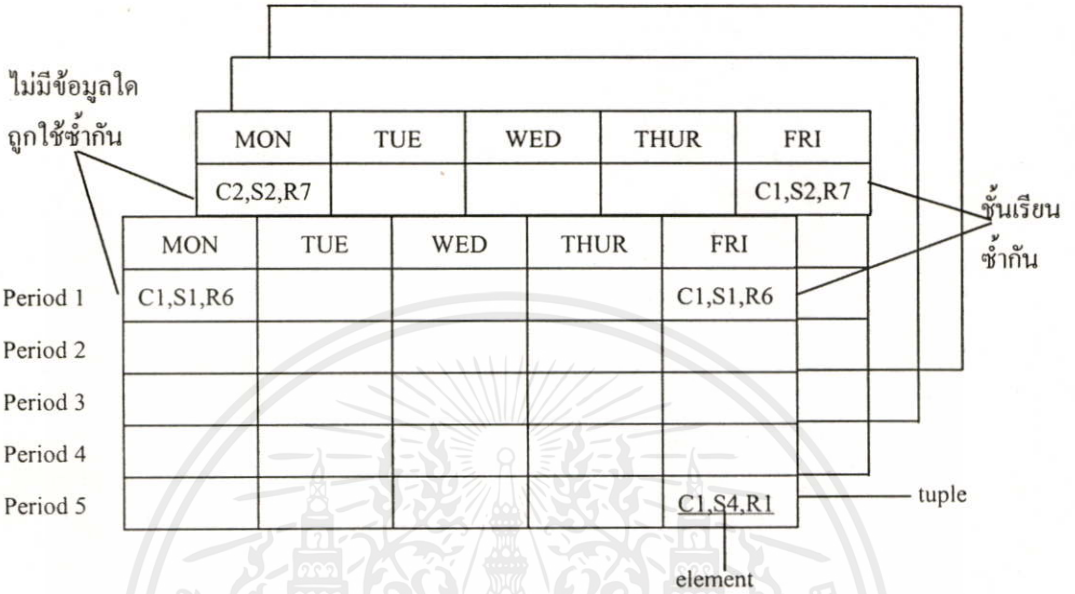


รุ่นที่ 31

## (b) เส้นทางที่ระยะทางสั้นที่สุด

รูปที่ 3.15 GA สำหรับปัญหา TSP (16 node)

ปัญหาการจัดตารางสอนแบบจำลอง (TTP)



รูปที่ 3.16 ความสัมพันธ์ของข้อมูลตารางสอน

ปัญหาการจัดตารางสอน (Time Table Problem : TTP) [1] เป็นปัญหาในการจัดตารางเรียน คือ จัดตารางข้อมูลต่าง ๆ เช่น ชั้นเรียน (C), ห้องเรียน (R), วิชาเรียน (S) ฯลฯ ที่จะต้องไม่มีข้อมูลใดถูกใช้ซ้ำกันในแต่ละคาบเรียน ดังรูปที่ 3.16 ความสัมพันธ์ของชั้นเรียน, ครู, วิชาเรียนเรียกว่า element (E) เช่น  $E_1 = C_1, S_1, R_6$  ให้กับคาบเรียนให้ถูกต้อง ซึ่ง element และความสัมพันธ์ต่าง ๆ ในแต่ละคาบเรียน (P) เรียกว่า tuple ซึ่งเราสามารถแสดงสัญลักษณ์ของตารางเรียนได้ดังนี้

$$\text{Timetable} = \{ (\text{tuple1} : C_1, S_1, R_6, P_1), (\text{tuple2} : C_1, S_2, R_7, P_4), \dots \}$$

โดย tuple1 เป็นความสัมพันธ์ของ C1, S1, R6 ในคาบเรียนที่ 1, tuple2 เป็นความสัมพันธ์ของ C1, S2, R7 ในคาบเรียนที่ 4,

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้ ดังนั้นการจัดตารางสอนของ GA จึงเป็นการจัดแต่ละ element ให้กับแต่ละคาบเรียน โดยต้องไม่มีการซ้ำกันในแต่ละข้อมูลของ element

### โครโมโซมของ TTP แบบจำลอง

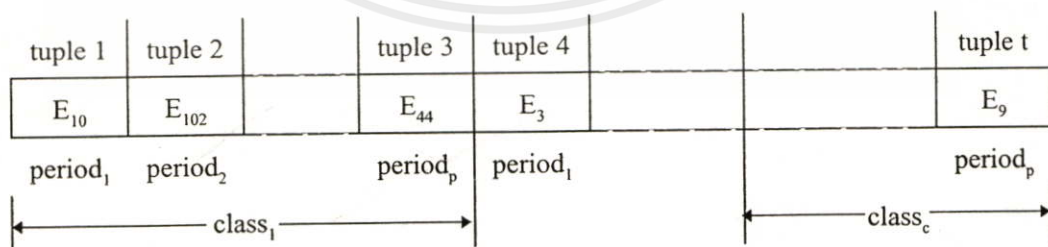
ลำดับ	Element : E
1	$E_1(C_1, S_1, R_6)$
2	$E_2(C_1, S_2, R_7)$
3	$E_3(C_1, S_3, R_4)$
:	:
t	$E_t(C_t, S_t, R_t)$

ตารางที่ 3.5 การกำหนดลำดับของโครโมโซม TTP

ลักษณะโครโมโซม TTP ของ GA ที่ใช้ในการจัดการตารางสอนแบบจำลอง จึงเป็นการจัดลำดับ tuple ของตารางสอน ซึ่งเรียงลำดับของคาบเรียนในแต่ละชั้นเรียน ดังนั้นโครโมโซมจึงประกอบด้วยบิต หรือ tuple ที่แสดงถึง element ที่มีความสัมพันธ์แบบลำดับ โดยการกำหนดค่าบิตตามตารางที่ 3.5 ซึ่งจำนวนบิตของโครโมโซม TTP จะเท่ากับจำนวน tuple (t) ทั้งหมด คือ

$$\text{จำนวน tuple} = \text{จำนวนชั้นเรียน} * \text{จำนวนคาบเรียนใน 1 สัปดาห์}$$

และลักษณะของโครโมโซม TTP คือ



ซึ่งแสดงในรูปของสัญลักษณ์ได้ดังนี้

เอ็กซ์ เรนเป็นเอ็กซ์เรย์ที่ส่งผ่าน เวสต์ ทรอบการ ใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นอญาคาให้เข้าไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

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

### ฟังก์ชันเป้าหมายของ TTP

ฟังก์ชันเป้าหมายของ TTP เป็นฟังก์ชันในการตรวจสอบหาข้อมูลที่ถูกใช้ซ้ำกันในแต่ละคาบเรียน ดังสมการที่ 3.5

$$f = \sum_{p=1}^P \sum_{c=1}^C \text{bound}(\text{count}(c_c, p)) + \sum_{p=1}^P \sum_{s=1}^S \text{bound}(\text{count}(s_s, p)) + \sum_{p=1}^P \sum_{r=1}^R \text{bound}(\text{count}(r_r, p)) \quad (3.7)$$

โดยที่ S	= จำนวนวิชาเรียน
C	= จำนวนชั้นเรียน
R	= จำนวนห้องเรียน
P	= จำนวนคาบเรียนใน 1 สัปดาห์
count(x,p)	= จำนวนครั้งที่ค่า x เกิดขึ้นในคาบเรียนที่ p
bound(x)	= 0 ; $x \leq 1$ 1 ; $x > 1$

ดังนั้นคำตอบที่ดีที่สุดของ TTP คือ การจัดข้อมูลต่าง ๆ ในแต่ละคาบเรียนที่จำนวนข้อมูลถูกใช้ซ้ำกันน้อยที่สุด (MIN(f))

### ตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์สำหรับ TTP

1. ครอสโอเวอร์แบบอ้างอิงลำดับ (Order base Crossover) มีขั้นตอนการทำงานดังนี้ [7]

[16]

(1) สุ่มตำแหน่ง tuple ที่จะดำเนินการ

CH1 (โครโมโซมต้นแบบที่1)

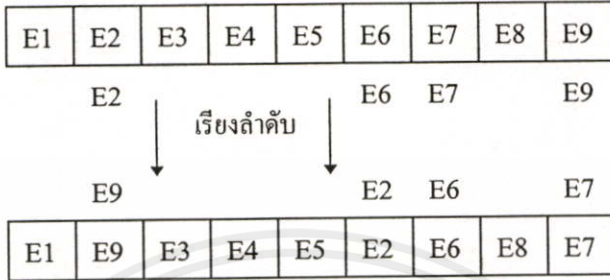
E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9
----	----	----	----	----	----	----	----	----

\* \* \* \*

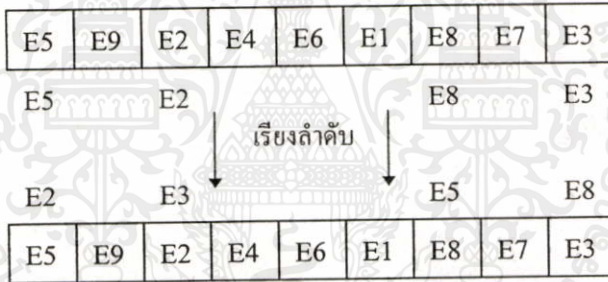
CH2 (โครโมโซมต้นแบบที่2)

E5	E9	E2	E4	E6	E1	E8	E7	E3
----	----	----	----	----	----	----	----	----

(2) สร้างโครโมโซมใหม่จากโครโมโซมต้นแบบที่ 1 โดยเรียงลำดับ tuple ของ CH1 ที่มีค่าตรงกับ tuple ที่สุ่มได้ตามลำดับของ CH2 จะได้โครโมโซมลำดับที่ 1

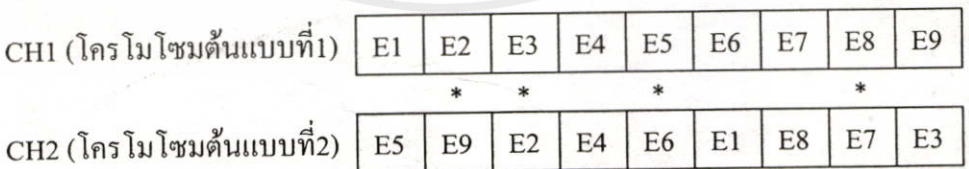


(3) สร้างโครโมโซมใหม่จากโครโมโซมต้นแบบที่ 2 โดยเรียงลำดับ tuple ของ CH2 ที่มีค่าตรงกับ tuple ที่สุ่มได้ตามลำดับของ CH1 จะได้โครโมโซมลำดับที่ 2

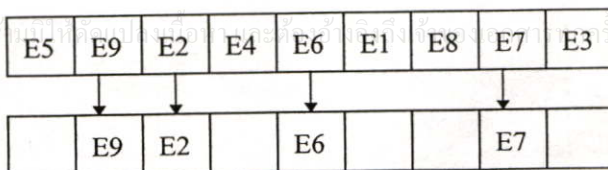


2. คrossover แบบอ้างอิงตำแหน่ง (Position base Crossover) มีขั้นตอนดังนี้

(1) สุ่มตำแหน่ง tuple ที่จะดำเนินการ

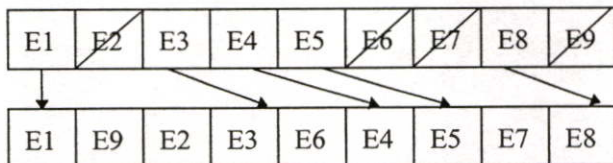


(2) สร้างโครโมโซมใหม่ลำดับที่ 1 โดยใส่ค่า tuple ที่มีค่าตรงกับตำแหน่งที่สุ่มได้ของ CH2 ให้กับโครโมโซมใหม่

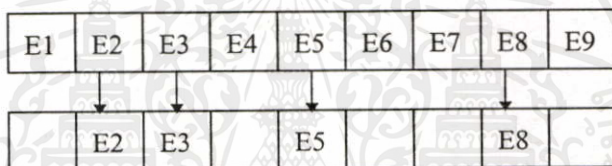


เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามทำซ้ำหรือดัดแปลงในเชิงพาณิชย์โดยไม่ขออนุญาตจากสำนักพิมพ์ที่มีการนำไปใช้

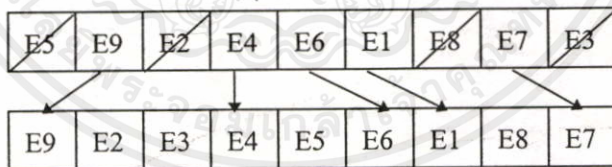
(3) ตัด tuple ที่มีค่าตรงกับตำแหน่งที่สุ่มได้ของ CH2 ออกจาก CH1 และใส่ค่า tuple ที่เหลือลงในตำแหน่งว่างตามลำดับ จะได้โครโมโซมใหม่ลำดับที่ 1



(4) สร้างโครโมโซมใหม่ลำดับที่ 2 โดยใส่ค่า tuple ที่มีค่าตรงกับตำแหน่งที่สุ่มได้ของ CH1 ให้กับโครโมโซมใหม่

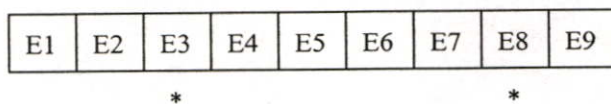


(5) ตัด tuple ที่มีค่าตรงกับตำแหน่งที่สุ่มได้ของ CH1 ออกจาก CH2 และใส่ค่า tuple ที่เหลือลงในตำแหน่งว่างตามลำดับ จะได้โครโมโซมใหม่ลำดับที่ 2

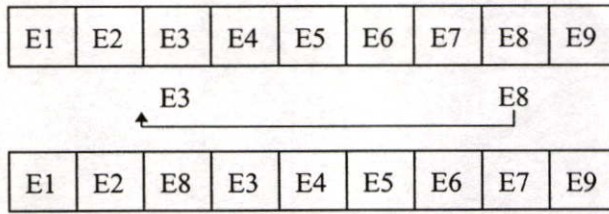


### 3. มิวเตชันแบบอ้างอิงลำดับ (Order base Mutation)

(1) สุ่มตำแหน่ง tuple ที่จะดำเนินการ 2 ตำแหน่ง

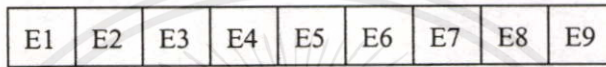


เอกสารนี้เป็นเอกสาร(2) นำค่า tuple ที่สองใส่ไว้หน้า tuple แรกที่สุ่มได้จะได้โครโมโซมใหม่ลำดับที่ 1  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

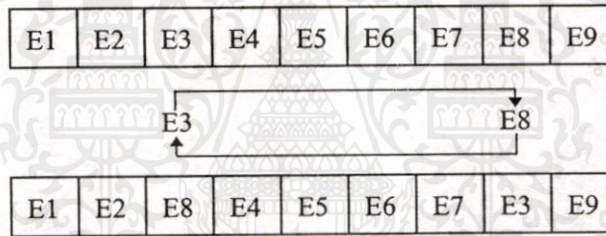


#### 4. มิวเตชันแบบอ้างอิงตำแหน่ง (Position base Mutation)

(1) สุ่มตำแหน่ง tuple ที่จะดำเนินการ 2 ตำแหน่ง



(2) สลับค่า tuple ทั้งสองตำแหน่งที่สุ่มได้จะได้โครโมโซมใหม่ลำดับที่ 2



#### ผลลัพธ์ GA สำหรับ TTP แบบจำลอง

การแก้ปัญหาของ GA สำหรับการจัดการตารางสอนแบบจำลองโดยกำหนดให้มี 5 ชั้นเรียน (C) มีจำนวนวิชาที่เรียนเหมือนกัน 10 วิชา (S) แต่ละวิชาสอน โดยครู 1 คน จำนวน 25 คาบเรียนใน 1 สัปดาห์ และจำนวนห้องเรียน (R) ทั้งหมด 11 ห้อง โดยกำหนดให้

<u>C<sub>i</sub></u>	<u>ชั้นเรียน</u>	<u>R<sub>i</sub></u>	<u>ห้องเรียน</u>	<u>S<sub>i</sub></u>	<u>วิชา</u>	<u>จำนวนคาบ</u>	<u>ห้องเรียน</u>
C1	ม 4/1	Rc	ห้องประจำชั้นเรียน	S1	ฟิสิกส์	3	R6
C2	ม 4/2		(R1, R2, R3, R4, R5)	S2	เคมี	3	R7
C3	ม 4/3	R6	ห้องปฏิบัติการฟิสิกส์	S3	ชีววิทยา	3	R8
C4	ม 4/4	R7	ห้องปฏิบัติการเคมี	S4	คณิตศาสตร์	3	Rc
C5	ม 4/5	R8	ห้องปฏิบัติการชีววิทยา	S5	ภาษาอังกฤษ	3	Rc
		R9	ห้องศิลปะ	S6	ศิลปะ	3	R9
		R10	สนามกีฬา	S7	ภาษาไทย	2	Rc
		R11	ศูนย์คอมพิวเตอร์	S8	สังคมศึกษา	2	Rc
				S9	พลศึกษา	2	R10
				S10	คอมพิวเตอร์	1	R11
					รวม	25	คาบ

ซึ่งจะประกอบด้วย 125 element ดังนี้

Ei	ความสัมพันธ์	Ei	ความสัมพันธ์	Ei	ความสัมพันธ์	Ei	ความสัมพันธ์	Ei	ความสัมพันธ์
E1	C1,S1,R6	E26	C2,S1,R6	E51	C3,S1,R6	E76	C4,S1,R6	E101	C5,S1,R6
E2	C1,S1,R6	E27	C2,S1,R6	E52	C3,S1,R6	E77	C4,S1,R6	E102	C5,S1,R6
E3	C1,S2,R7	E28	C2,S2,R7	E53	C3,S2,R7	E78	C4,S2,R7	E103	C5,S2,R7
E4	C1,S2,R7	E29	C2,S2,R7	E54	C3,S2,R7	E79	C4,S2,R7	E104	C5,S2,R7
E5	C1,S2,R7	E30	C2,S2,R7	E55	C3,S2,R7	E80	C4,S2,R7	E105	C5,S2,R7
E6	C1,S3,R8	E31	C2,S3,R8	E56	C3,S3,R8	E81	C4,S3,R8	E106	C5,S3,R8
E7	C1,S3,R8	E32	C2,S3,R8	E57	C3,S3,R8	E82	C4,S3,R8	E107	C5,S3,R8
E8	C1,S3,R8	E33	C2,S3,R8	E58	C3,S3,R8	E83	C4,S3,R8	E108	C5,S3,R8
E9	C1,S4,R1	E34	C2,S4,R2	E59	C3,S4,R3	E84	C4,S4,R4	E109	C5,S4,R5
E10	C1,S4,R1	E35	C2,S4,R2	E60	C3,S4,R3	E85	C4,S4,R4	E110	C5,S4,R5
E11	C1,S4,R1	E36	C2,S4,R2	E61	C3,S4,R3	E86	C4,S4,R4	E111	C5,S4,R5
E12	C1,S5,R1	E37	C2,S5,R2	E62	C3,S5,R3	E87	C4,S5,R4	E112	C5,S5,R5
E13	C1,S5,R1	E38	C2,S5,R2	E63	C3,S5,R3	E88	C4,S5,R4	E113	C5,S5,R5
E14	C1,S5,R1	E39	C2,S5,R2	E64	C3,S5,R3	E89	C4,S5,R4	E114	C5,S5,R5
E15	C1,S6,R9	E40	C2,S6,R9	E65	C3,S6,R9	E90	C4,S6,R9	E115	C5,S6,R9
E16	C1,S6,R9	E41	C2,S6,R9	E66	C3,S6,R9	E91	C4,S6,R9	E116	C5,S6,R9
E17	C1,S6,R9	E42	C2,S6,R9	E67	C3,S6,R9	E92	C4,S6,R9	E117	C5,S6,R9
E18	C1,S7,R1	E43	C2,S7,R2	E68	C3,S7,R3	E93	C4,S7,R4	E118	C5,S7,R5
E19	C1,S7,R1	E44	C2,S7,R2	E69	C3,S7,R3	E94	C4,S7,R4	E119	C5,S7,R5
E20	C1,S8,R1	E45	C2,S8,R2	E70	C3,S8,R3	E95	C4,S8,R4	E120	C5,S8,R5
E21	C1,S8,R1	E46	C2,S8,R2	E71	C3,S8,R3	E96	C4,S8,R4	E121	C5,S8,R5
E22	C1,S9,R10	E47	C2,S9,R10	E72	C3,S9,R10	E97	C4,S9,R10	E122	C5,S9,R10
E23	C1,S9,R10	E48	C2,S9,R10	E73	C3,S9,R10	E98	C4,S9,R10	E123	C5,S9,R10
E24	C1,S10,R11	E49	C2,S10,R11	E74	C3,S10,R11	E99	C4,S10,R11	E124	C5,S10,R11
E25	C1,S10,R11	E50	C2,S10,R11	E75	C3,S10,R11	E100	C4,S10,R11	E125	C5,S10,R11

กำหนด popsize=30 ,  $P_c=0.8$  ,  $P_m=0.3$  โดยครอสโอเวอร์แบบอ้างตำแหน่งและมิวเตชันแบบอ้างอิงลำดับ และรักษาค่าความเหมาะสมที่ดี 1 โครโมโซมแล้ว GA สามารถหาจัดตารางสอนตามต้องการโดยไม่มีการเรียนการสอนที่ครู ชั้นเรียนหรือวิชาเรียนซ้ำกันในแต่ละคาบเรียนได้ในรุ่นที่ 4605 ซึ่งแสดงผลคำตอบโดยสรุปผังรูปที่ 3.17-a และตารางสอนของ GA แสดงผังรูปที่ 3.17-b

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้拿去ใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอกเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## Time Table Parameters

```

-----
Subject per class      (subj)      = 10
# Class                (class)     = 5
# Room                 (room)      = 11
# Period               (period)    = 25

```

## GA Parameters

```

-----
Chromosome length      (lchrom)   = 125
Population size        (popsize)  = 30
Prob. of crossover     (pcross)   = 8.000000000000000E-0001
Prob. of mutation      (pmutate)  = 3.000000000000000E-0001
#Point of crossover    (ptcrs)   = 1
#best                   (elitist)    = 1

```

```

gen      best      avg      worst
----      -
0        134.0000  154.2000 186.0000
400      51.0000  120.1667 167.0000
800      38.0000  65.1667  132.0000
1200     27.0000  73.9667  127.0000
1600     20.0000  39.8667  109.0000
2000     14.0000  62.8333  141.0000
2400     12.0000  56.8667  132.0000
2800     8.0000   16.5667  31.0000
3200     4.0000   15.1667  81.0000
3600     4.0000   58.2333  125.0000
4000     4.0000   42.6000  122.0000
4400     4.0000   16.9000  115.0000
4605     0.0000   9.0667   24.0000

```

## (a) ผลการทำงานโดยสรุปของ GA

GENERATION : 4605 best objective = 0.0000

C1	MON	TUE	WED	THUR	FRI	C2	MON	TUE	WED	THUR	FRI
	S 8,R 1	S 1,R 6	S 5,R 1	S 4,R 1	S 8,R 1		S 1,R 6	S 2,R 7	S 2,R 7	S 6,R 9	S 3,R 8
	S 9,R10	S 5,R 1	S 1,R 6	S 9,R10	S 7,R 1		S10,R11	S 6,R 9	S 2,R 7	S 5,R 2	S 9,R10
	S 3,R 8	S 2,R 7	S 7,R 1	S 3,R 8	S10,R11		S 4,R 2	S 3,R 8	S 1,R 6	S 4,R 2	S 8,R 2
	S 5,R 1	S 4,R 1	S 3,R 8	S 6,R 9	S 1,R 6		S 9,R10	S 6,R 9	S 7,R 2	S 5,R 2	S 5,R 2
	S 2,R 7	S 6,R 9	S 2,R 7	S 4,R 1	S 6,R 9		S 7,R 2	S 3,R 8	S 4,R 2	S 1,R 6	S 8,R 2
C3	MON	TUE	WED	THUR	FRI	C4	MON	TUE	WED	THUR	FRI
	S 3,R 8	S 8,R 3	S 3,R 8	S 3,R 8	S 1,R 6		S 4,R 4	S 6,R 9	S 6,R 9	S 8,R 4	S 4,R 4
	S 4,R 3	S 9,R10	S 5,R 3	S 2,R 7	S 2,R 7		S 5,R 4	S 2,R 7	S 7,R 4	S 1,R 6	S 5,R 4
	S 1,R 6	S10,R11	S 4,R 3	S 7,R 3	S 5,R 3		S 9,R10	S 9,R10	S 5,R 4	S 2,R 7	S 6,R 9
	S 6,R 9	S 1,R 6	S 6,R 9	S 8,R 3	S 6,R 9		S 2,R 7	S 3,R 8	S 1,R 6	S 4,R 4	S 8,R 4
	S 4,R 3	S 9,R10	S 7,R 3	S 5,R 3	S 2,R 7		S 1,R 6	S10,R11	S 3,R 8	S 7,R 4	S 3,R 8
C5	MON	TUE	WED	THUR	FRI						
	S 5,R 5	S 4,R 5	S 1,R 6	S 2,R 7	S 9,R10						
	S 1,R 6	S 7,R 5	S 6,R 9	S 8,R 5	S 8,R 5						
	S10,R11	S 7,R 5	S 3,R 8	S 9,R10	S 4,R 5						
	S 3,R 8	S 5,R 5	S 4,R 5	S 2,R 7	S 3,R 8						
	S 6,R 9	S 2,R 7	S 5,R 5	S 6,R 9	S 1,R 6						

## (b) ตารางสอนแบบจำลองของ GA

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับครูผู้สอนเพื่อใช้ในการสอนเท่านั้น ไม่ควรนำเอาไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 รูปที่ 3.17 GA สำหรับปัญหา TTP  
 ไม่ว่าจะผิดใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## สรุป

การประยุกต์ใช้ GA ในการแก้ปัญหาต่าง ๆ โดยการพัฒนาจินตคณิต อัลกอริทึมแบบง่ายนั้น จะประกอบด้วย การกำหนดรูปแบบโครโมโซมของปัญหาให้กับ GA โดยการพิจารณาจากสภาพของปัญหาหรือตัวแปรต่าง ๆ ที่เป็นองค์ประกอบของปัญหา และกำหนดฟังก์ชันเป้าหมายให้กับ GA เพื่อใช้ในการประมวลผลให้ได้แนวทางการหาคำตอบที่ดีขึ้น รวมถึงตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์ที่เหมาะสมกระบวนการต่าง ๆ ของ GA ซึ่งรูปแบบของโครโมโซม ฟังก์ชันเป้าหมาย หรือตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์ในแต่ละปัญหาอาจจะกำหนดในรูปแบบอื่น ๆ ที่แตกต่างกันออกไปได้ อย่างไรก็ตามการปรับปรุงจินตคณิต อัลกอริทึมแบบง่ายเพื่อหาคำตอบของปัญหาต่าง ๆ นั้น ยังคงให้ประสิทธิภาพที่ไม่ดีนัก จากผลการทดสอบกับปัญหาต่าง ๆ ที่กล่าวมา จะเห็นได้ว่า ในบางปัญหา เช่น ปัญหาการจัดตารางสอนแบบจำลองนั้นจะต้องกำหนดจำนวนรุ่นในการค้นหาคำตอบของ GA ให้มาก ซึ่งทำให้ระยะเวลาที่ใช้ในการประมวลผลมากขึ้นเช่นกัน ในบทต่อไปจะกล่าวถึงเทคนิควิธีการต่าง ๆ ที่จะช่วยปรับปรุงสมรรถนะการค้นหาคำตอบของ GA ให้ดีขึ้น

## บทที่ 4

### การปรับปรุงสมรรถนะ จีเนติก อัลกอริทึม

การประยุกต์ใช้ GA ในการหาคำตอบของปัญหาต่าง ๆ นั้น ประสิทธิภาพการค้นหาคำตอบของ GA นั้นแตกต่างกัน หากปัญหาใดมีข้อกำหนด เงื่อนไขที่ซับซ้อนมากแล้ว การดำเนินการของ GA ก็จะมีค่ามากและใช้เวลานานในการค้นหาคำตอบ ซึ่ง GA อาจจะไม่สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ภายในขอบเขตระยะเวลาการดำเนินการที่กำหนดได้ ดังนั้นจึงต้องปรับปรุงขั้นตอนการทำงานของ GA โดยอาศัยเทคนิคการปรับปรุงสมรรถนะ GA ในส่วนของการคัดเลือกซึ่งประกอบด้วยรูปแบบการคัดเลือกต้นแบบในการสร้าง mating pool และวิธีการสุ่มโครโมโซมต้นแบบ รวมถึงในส่วนของวิธีการปรับค่าด้วยการรักษาโครโมโซมที่ดีแบบต่าง ๆ โดยใช้ตัวอย่างปัญหาต่าง ๆ คือ THP, TSP และ TTP จากบทที่ 3 เพื่อแสดงการปรับปรุงสมรรถนะ

#### รูปแบบการคัดเลือกต้นแบบ

ปัญหาต่าง ๆ โดยทั่วไปแบ่งออกเป็น 2 แบบคือ การหาคำตอบของปัญหาที่ให้ประโยชน์สูงสุด (Maximize Utility Function) และการหาคำตอบของปัญหาที่ใช้ค่าใช้จ่ายต่ำสุด (Minimize Cost Function) ซึ่งหากประยุกต์ใช้ GA ช่วยหาคำตอบนั้นจะเป็นการหาคำตอบที่ต้องการค่าฟังก์ชันเป้าหมายมากที่สุด (Maximization Objective Function :  $MAX(f)$ ) และการหาคำตอบที่ให้ค่าฟังก์ชันเป้าหมายน้อยที่สุด (Minimization Objective Function :  $MIN(f)$ ) โดยทั่วไปมักใช้ฟังก์ชันเป้าหมายของปัญหาเป็นฟังก์ชันความเหมาะสมที่ให้ค่าข้อมูลดิบ (raw fitness) เป็นค่าความเหมาะสม การวิเคราะห์ค่าความเหมาะสมแต่ละโครโมโซมของ GA นั้นโครโมโซมที่ดี (best) ควรมีค่าความเหมาะสมสูง ส่วนโครโมโซมที่ไม่ดี (worst) ควรมีค่าความเหมาะสมต่ำ เพื่อเป็นตัวตัดสินใจในการคัดเลือกโครโมโซมต้นแบบของ mating pool ซึ่งเป็นลักษณะเดียวกับคำตอบการหาค่าสูงสุดของปัญหา แต่สำหรับการหาค่าต่ำสุดของปัญหานั้นหากใช้ฟังก์ชันเป้าหมายเป็นฟังก์ชันความเหมาะสมแล้วโครโมโซมที่ดีจะเป็นโครโมโซมที่มีค่าข้อมูลดิบต่ำทำให้ค่าความเหมาะสมต่ำ และโครโมโซมที่ไม่ดีจะเป็นโครโมโซมที่มีค่าข้อมูลดิบสูงทำให้ค่าความเหมาะสมสูง ดังนั้นจึงต้องปรับปรุงฟังก์ชันเป้าหมายให้เป็นแบบที่ถูกต้องสำหรับการวัดประสิทธิภาพแต่ละโครโมโซมของ GA ซึ่งวิธีการปรับ

ฟังก์ชันเป้าหมายให้เป็นฟังก์ชันความเหมาะสมสำหรับการหาค่าต่ำสุดของปัญหาแสดงดังสมการที่ 4.1 [15]

$$F = \begin{cases} f & \text{สำหรับ MAX}(f) \\ 1/(1+f) & \text{สำหรับ MIN}(f) \end{cases} \quad (4.1)$$

ค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมจะถูกพิจารณาในการคัดเลือกสร้าง mating pool ซึ่งวิธีการคัดเลือกต้นแบบโดยทั่วไปของ GA มี 2 รูปแบบคือ

1. แบบอ้างอิงค่าความเหมาะสม (fitness-based) เป็นรูปแบบการคัดเลือกที่กล่าวมาแล้วในบทที่ 2 และ 3 ที่คัดเลือกโครโมโซมต้นแบบโดยวัดประสิทธิภาพของแต่ละโครโมโซมจากค่าความเหมาะสมโดยตรง คือ โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมสูง จะมีโอกาสถูกเลือกเป็นต้นแบบมากกว่าโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ และเนื่องจากการดำเนินการของ GA นั้น โครโมโซมในรุ่นแรก ๆ ส่วนใหญ่เป็นโครโมโซมที่ไม่ดี แต่บางครั้งอาจมีโครโมโซมที่ดีเกินไป (Superchromosome) เกิดขึ้น ซึ่งทำให้ค่าคาดหวังที่จะสุ่มได้ของโครโมโซมนั้นสูงมากกว่าโครโมโซมอื่น ๆ มาก และทำให้โครโมโซมนั้นถูกสุ่มเป็นต้นแบบในจำนวนที่มากเกินไป อันเป็นสาเหตุให้เกิด จุดจบก่อน (Premature Convergence) คือ GA จะหาคำตอบได้ก่อนซึ่งไม่ใช่คำตอบที่ดีที่สุด หรือในกรณีการดำเนินการของ GA ในรุ่นหลัง ๆ โครโมโซมต่าง ๆ เริ่มดีขึ้น ความแตกต่างของแต่ละโครโมโซมน้อยลงมาก จนทำให้ค่าคาดหวังที่จะสุ่มได้ของแต่ละโครโมโซมใกล้เคียงกันมาก นั่นหมายถึงจำนวนโครโมโซมต้นแบบของแต่ละโครโมโซมก็จะใกล้เคียงกัน มีผลทำให้ความสามารถในการค้นหาคำตอบของ GA นั้นลดลงจนเหมือนกับการค้นหาคำตอบแบบสุ่ม ดังนั้นควรปรับปรุงฟังก์ชันความเหมาะสมโดยปรับสัดส่วนค่าความเหมาะสม (Scaling Fitness) เพื่อปรับค่าคาดหวังที่จะสุ่มได้ของแต่ละโครโมโซมให้พอเหมาะมากขึ้น โดยทั่วไปมี 3 วิธี คือ

1.1 แบบหน้าต่าง (Windowing) เป็นวิธีการปรับค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมโดยพิจารณาจากค่าความเหมาะสมที่ไม่ดี ดังสมการที่ 4.2

$$F = \begin{cases} f - f'_{\text{worst}} & \text{สำหรับ MAX}(f) \\ f'_{\text{worst}} - f & \text{สำหรับ MIN}(f) \end{cases} \quad (4.2)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า เช่น ในการหาคำตอบที่ต้องการค่าสูงสุดของปัญหา ซึ่งประกอบด้วยโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมคือ 105, 115, 110, 140 โดยกำหนด  $f'_{\text{worst}} = 100$  แล้วคำนวณค่า psect; ตามสมการที่ 2.1 และค่า  $E_i$ ; ตามสมการที่ 2.2 เปรียบเทียบการปรับสัดส่วนและไม่ปรับสัดส่วนดังนี้

ลำดับ โครโมโซม	ไม่ปรับสัดส่วน			ปรับสัดส่วน		
	ค่าความ เหมาะสม (F=f)	ค่าความ น่าจะเป็น (pselect <sub>i</sub> )	จำนวนที่ คาดหวัง (E <sub>i</sub> )	ค่าความ เหมาะสม (F-f <sub>worst</sub> )	ค่าความ น่าจะเป็น (pselect <sub>i</sub> )	จำนวนที่ คาดหวัง (E <sub>i</sub> )
1	105	0.2234	0.8936	105-100=5	0.0714	0.2857
2	115	0.2447	0.9787	115-100=15	0.2143	0.8571
3	110	0.2340	0.9362	110-100=10	0.1429	0.5714
4	140	0.2979	1.1915	140-100=40	0.5714	2.2857
รวม	470			70		

จะเห็นได้ว่าค่าความเหมาะสมของแต่ละ โครโมโซมทำให้จำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้เป็น 0.8936, 0.9787, 0.9362 และ 1.1915 ซึ่งมีค่าใกล้เคียงกันมากก็จะทำให้จำนวนต้นแบบใน mating pool ของแต่ละโครโมโซมประมาณ 1 โครโมโซม แต่หากปรับสัดส่วนโดยกำหนดให้  $f_{\text{worst}} = 100$  แล้วค่าความเหมาะสมจะมีค่าลดลงเป็น 5, 15, 10 และ 40 ซึ่งปรับจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้เป็น 0.2857, 0.8571, 0.5714 และ 2.2857 โดยโครโมโซมลำดับที่ 4 มีจำนวนที่คาดหวังสูงขึ้นเป็น 2 เท่าจากเดิม ทำให้มีโอกาสถูกคัดเลือกเป็นต้นแบบมากขึ้นเพียงพอ ในทำนองเดียวกันการหาค่าต่ำสุดของปัญหาซึ่งประกอบด้วยโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสม คือ 100, 135, 125, 140 โดยกำหนด  $f_{\text{worst}} = 150$  แล้ว เปรียบเทียบการปรับสัดส่วนและไม่ปรับสัดส่วนดังนี้

ลำดับ โครโมโซม	ไม่ปรับสัดส่วน				ปรับสัดส่วน		
	ค่าความ เหมาะสม (F=f)	ค่าความ เหมาะสม (F=1/1+f)	ค่าความ น่าจะเป็น (pselect <sub>i</sub> )	จำนวนที่ คาดหวัง (E <sub>i</sub> )	ค่าความ เหมาะสม (f <sub>worst</sub> -F)	ค่าความ น่าจะเป็น (pselect <sub>i</sub> )	จำนวนที่ คาดหวัง (E <sub>i</sub> )
1	100	0.0099	0.3067	1.2268	150-100=50	0.5000	2.0000
3	135	0.0074	0.2278	0.9111	150-135=15	0.1500	0.6000
2	125	0.0079	0.2458	0.9834	150-125=25	0.2500	1.0000
4	140	0.0071	0.2197	0.8788	150-140=10	0.1000	0.4000
รวม	500	0.0323			100		

เอกสารนี้เป็นเอกสารสงวนลิขสิทธิ์การใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นอนุ 100 หน้าไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

จะเห็นได้ว่าค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมทำให้จำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้เป็น 1.2268, 0.9111, 0.9834 และ 0.8788 ซึ่งหากปรับสัดส่วนโดยกำหนดให้  $f_{\text{worst}} = 150$  แล้วค่าความเหมาะสมจะมีค่าเป็น 50, 15, 25 และ 10 ทำให้ปรับจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้เป็น 2.0, 0.6, 1.0 และ 0.4 โดยโครโมโซมลำดับที่ 1 มีจำนวนที่คาดหวังสูงขึ้นและสามารถเป็นต้นแบบได้เพียงพอ

โดยทั่วไปมักใช้ค่าต่ำสุดของการหาค่าสูงสุดหรือค่าสูงสุดของการหาค่าต่ำสุดของปัญหาเป็นค่า  $f_{\text{worst}}$  แต่ในการค้นหาคำตอบของ GA นั้นจะไม่สามารถระบุค่าต่ำสุดของปัญหาได้ ดังนั้นวิธีการกำหนด  $f_{\text{worst}}$  ของ GA โดยกำหนดให้

$f_{\text{worst}}$  = ค่าที่ไม่ดีที่สุดของโครโมโซมทั้งหมดในรุ่นนั้น

$w$  = ขนาดหน้าต่าง (window size) หรือจำนวนรุ่นที่ผ่านมาที่ต้องการ

$f_{\text{worst}} = f_{\text{worst}}$  ในรุ่นเริ่มต้น และจะเปลี่ยนแปลงเมื่อเกิดค่า  $f_{\text{worst}}$  ที่ดีขึ้น ถ้า  $w = 0$

$f_{\text{worst}}$  ของ  $w$  รุ่นที่ผ่านมา - ถ้า  $w > 0$

การกำหนดขนาดหน้าต่างนั้นแตกต่างกันไปในแต่ละปัญหา โดยส่วนมากแล้วขนาดหน้าต่างจะอยู่ในช่วง 1 ถึง 10 รุ่นที่ผ่านมา ( $1 \leq w \leq 10$ ) [10]

1.2 แบบเชิงเส้น (Linear) เป็นวิธีการปรับค่าความเหมาะสมโดยกำหนดให้โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมเฉลี่ยจะต้องมีจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้เป็นต้นแบบเท่ากับจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ของค่าข้อมูลดิบเฉลี่ย และควบคุมค่าคาดหวังว่าจะสุ่มได้โครโมโซมที่ดีที่สุดเป็นจำนวนเท่าของโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมเฉลี่ย แล้วปรับค่าความเหมาะสมของโครโมโซมอื่น ๆ ในลักษณะเชิงเส้นดังสมการที่ 4.3

$$F = af + b \quad (4.3)$$

โดยที่  $a, b$  = ค่าคงที่คำนวณโดยกำหนดให้  $F_{\text{avg}} = f_{\text{avg}}$  และ  $F_{\text{best}} = C_{\text{mult}} * f_{\text{avg}}$  ซึ่ง

$f_{\text{avg}}$  คือค่าความข้อมูลดิบเฉลี่ย,  $f_{\text{best}}$  คือค่าข้อมูลดิบที่ดีที่สุด,

$F_{\text{avg}}$  คือค่าความเหมาะสมเฉลี่ย,  $F_{\text{best}}$  คือค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุด และ

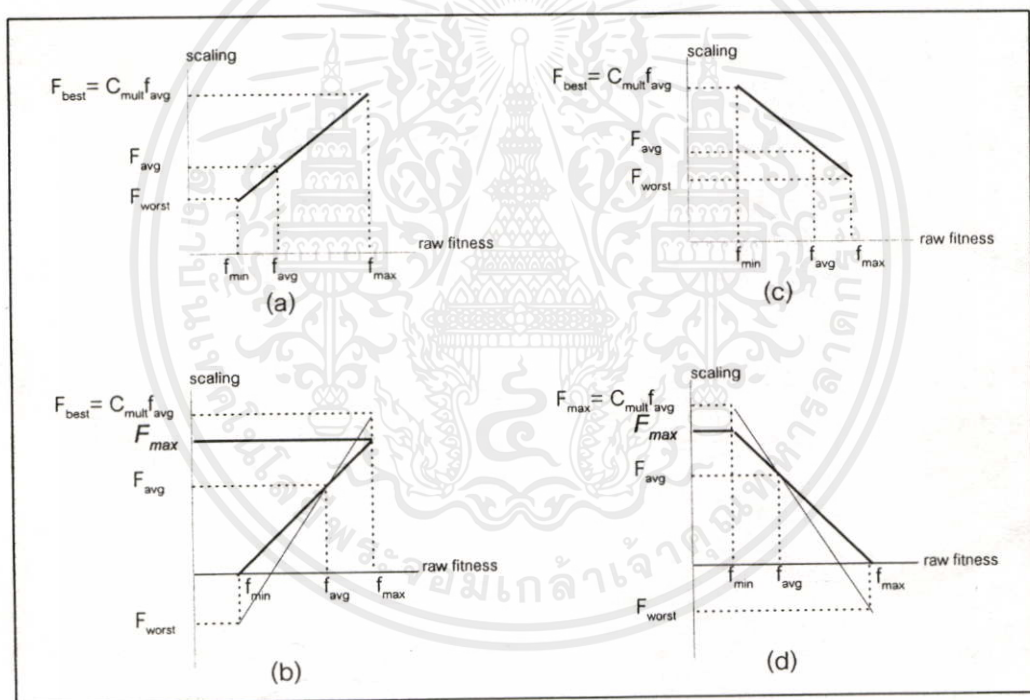
$C_{\text{mult}}$  คือ จำนวนเท่าของโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมเฉลี่ย

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งยังมิให้คัดลอกเนื้อหามาเผยแพร่โดยไม่ได้รับอนุญาตจากผู้นั้นที่ถือลิขสิทธิ์  
การปรับสัดส่วนแบบเชิงเส้นของ GA สำหรับการหาค่าสูงสุดของปัญหานั้น จะเห็นได้ว่าการดำเนินการในรุ่นแรก ๆ ถ้าเกิดโครโมโซมที่ดีเกินไปแล้ว จะถูกปรับสัดส่วนให้มีค่าความเหมาะสม

ลดลง และโครโมโซมที่ไม่ดีจะถูกปรับค่าความเหมาะสมให้สูงขึ้น ดังรูปที่ 4.1-a ซึ่งทำให้ไม่เกิดจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้แต่ละโครโมโซมไม่แตกต่างกันมากจนเกินไป ซึ่งค่า a และ b คำนวณดังสมการ 4.4 และ 4.5

$$a = \frac{(C_{\text{mult}} - 1) * f_{\text{avg}}}{f_{\text{best}} - f_{\text{avg}}} \quad (4.4)$$

$$b = \frac{f_{\text{avg}} * (f_{\text{best}} - C_{\text{mult}} f_{\text{avg}})}{f_{\text{best}} - f_{\text{avg}}} \quad (4.5)$$



รูปที่ 4.1 การปรับสัดส่วนค่าความเหมาะสมแบบเชิงเส้น

เช่นการหาค่าสูงสุดของปัญหาซึ่งประกอบด้วยโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมคือ 500, 15, 20, และ 90 ซึ่งโครโมโซมลำดับที่ 1 มีค่าความเหมาะสมสูงมากกว่าโครโมโซมอื่น และมีจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้เป็น 3.2 ซึ่งทำให้โอกาสที่จะสุ่มได้โครโมโซมอื่นน้อยมาก ดังนั้นหากปรับสัดส่วนแบบเชิงเส้น โดยกำหนดให้จำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้เป็นสองเท่าของค่าความเหมาะสมเฉลี่ย ( $C_{\text{mult}}=2.0$ ) แล้วปรับสัดส่วนแบบเชิงเส้นดังนี้

ลำดับ โครโมโซม	ไม่ปรับสัดส่วน			ปรับสัดส่วน		
	ค่าความ เหมาะสม (F=f)	ค่าความ น่าจะเป็น (pselect <sub>i</sub> )	จำนวนที่ คาดหวัง (E <sub>i</sub> )	ค่าความ เหมาะสม (F=af+b)	ค่าความ น่าจะเป็น (pselect <sub>i</sub> )	จำนวนที่ คาดหวัง (E <sub>i</sub> )
1	500	0.8000	3.2000	312.5000	0.5000	2.0000
2	15	0.0240	0.0960	92.0455	0.1473	0.5891
3	20	0.0320	0.1280	94.3182	0.1509	0.6036
4	90	0.1440	0.5760	126.1364	0.2018	0.8073
รวม	625					
f <sub>avg</sub>	156.25			a=0.45		
f <sub>best</sub>	500			b=85.23		

จะเห็นว่าโครโมโซมลำดับที่ 1 ถูกปรับค่าความเหมาะสมลดลงเป็น 312.5 มีจำนวนที่คาดหวังว่าจะ  
 สุ่มได้ลดลงเป็น 2.0 เป็นการปรับจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ของโครโมโซมอื่นให้มีโอกาสที่จะ  
 ถูกสุ่มได้มากขึ้นอีก และเมื่อการดำเนินการของ GA ผ่านไปในรุ่นหลัง ๆ โครโมโซมส่วนใหญ่จะ  
 เป็นโครโมโซมที่ดีมีค่าความเหมาะสมใกล้เคียงกัน แต่อาจมีบางโครโมโซมที่ไม่ดีซึ่งแตกต่างจาก  
 โครโมโซมส่วนใหญ่มาก การปรับสัดส่วนอาจให้ค่าความเหมาะสมมีค่าเป็นลบได้แสดงดังรูปที่  
 4.1-b จึงต้องแก้ไขโดยการปรับให้  $F_{\text{worst}}=0$  ก่อนจึงค่อยปรับสัดส่วนค่าความเหมาะสมของ  
 โครโมโซมอื่น ๆ ในลักษณะเชิงเส้นต่อไป ซึ่งค่า  $a'$  และ  $b'$  คำนวณดังสมการ 4.6 และ 4.7

$$a' = \frac{f_{\text{avg}}}{f_{\text{avg}} - f_{\text{min}}} \quad (4.6)$$

$$b' = \frac{-f_{\text{min}} * f_{\text{avg}}}{f_{\text{avg}} - f_{\text{min}}} \quad (4.7)$$

เช่นการหาค่าสูงสุดของปัญหาในรุ่นหลัง ๆ ซึ่งประกอบด้วยโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมคือ  
 900, 240, 575, และ 570 ซึ่งโครโมโซมลำดับที่ 2 มีค่าความเหมาะสมต่ำกว่าโครโมโซมอื่นเกินไป  
 และซึ่งปรับสัดส่วนแบบเชิงเส้น โดยกำหนดให้  $C_{\text{limit}}=2.0$  ดังนั้นอนุญาตให้ไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ลำดับ	ไม่ปรับสัดส่วน			ปรับสัดส่วน				
	ค่าความ เหมาะสม (F=f)	ค่าความ น่าจะเป็น (pselect <sub>i</sub> )	จำนวนที่ คาดหวัง (E <sub>i</sub> )	ค่าความ เหมาะสม (F=af+b)	ค่าความ น่าจะเป็น (pselect <sub>i</sub> )	ค่าความ เหมาะสม (F=a'f+b')	ค่าความ น่าจะเป็น (pselect <sub>i</sub> )	จำนวนที่ คาดหวัง (E <sub>i</sub> )
1	900	0.3939	1.5755	1142.5000	0.5000	1138.1887	0.4981	1.9925
2	240	0.1050	0.4201	-4.3441	-0.0019	0.0000	0.0000	0.0000
3	575	0.2516	1.0066	577.7662	0.2529	577.7170	0.2528	1.0113
4	570	0.2495	0.9978	569.0779	0.2490	569.0943	0.2491	0.9962
รวม	2285.00							
f <sub>avg</sub>	571.25			a=1.74		a'= 1.72		
f <sub>best</sub>	900.00			b= -421.38		b'= -413.89		
f <sub>worst</sub>	240.00							

จะเห็นว่าเมื่อปรับสัดส่วนแล้วโครโมโซมลำดับที่ 2 จะมีค่าความเหมาะสมเป็นค่าลบ จึงปรับให้มีค่าความเหมาะสมเป็น 0 และปรับสัดส่วนโครโมโซมอื่นแบบเชิงเส้นต่อไป สำหรับการหาค่าค่าสุดของปัญหาจะเป็นลักษณะเดียวกันดังรูปที่ 4.1-c และ 4.1-d ตามลำดับ ซึ่งค่าคงที่สัมประสิทธิ์ a, b จะถูกคำนวณในการดำเนินการแต่ละรุ่น และค่า C<sub>mult</sub> เป็นจำนวนเท่าของค่าความเหมาะสมเฉลี่ยที่ต้องการ โดยทั่วไปควรมีค่าอยู่ในช่วง [1.2, 2.0] ขึ้นอยู่กับการประยุกต์ใช้ในแต่ละปัญหา[9] [11]

1.3 แบบตัดส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (Sigma Truncation) เนื่องจากวิธีปรับสัดส่วนแบบเชิงเส้นนั้นอาจทำให้เกิดค่าความเหมาะสมที่เป็นลบในรุ่นหลัง ๆ ของการดำเนินการ ดังนั้นสามารถแก้ไขโดยตัดโครโมโซมที่แตกต่างจากโครโมโซมส่วนใหญ่ทิ้งไป ซึ่งพิจารณาจากค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ( $\sigma$ ) ดังสมการที่ 4.8

$$F = \begin{cases} f - (f_{\text{avg}} - c\sigma) & \text{สำหรับ MAX}(f) & \text{ถ้า } F < 0 \text{ กำหนดให้ } F = 0 \\ (f_{\text{avg}} + c\sigma) - f & \text{สำหรับ MIN}(f) & \text{ถ้า } F < 0 \text{ กำหนดให้ } F = 0 \end{cases} \quad (4.8)$$

โดยที่ c = จำนวนเท่าของส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่กำหนด

$\sigma$  = ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของประชากรในรุ่นนั้น ๆ

$$= \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{\text{popsize}} (f_i - f_{\text{avg}})^2}{\text{popsize}}}$$

วิธีการปรับสัดส่วนแบบตัดส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานเป็นการปรับค่าความเหมาะสมให้ลดลงเป็นระยะ  $c$  เท่าของส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานจากค่าความเหมาะสมเฉลี่ย ดังนั้นจึงเป็นการพิจารณาโครโมโซมที่ไม่ดีเฉพาะโครโมโซมที่ไม่แตกต่างจากโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมเฉลี่ยเกินกว่าระยะ  $c$  เท่าของส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ซึ่งโครโมโซมที่ไม่ดีที่เบี่ยงเบนไปจากค่าความเหมาะสมเฉลี่ยมากเกินไปหรือแตกต่างจากโครโมโซมส่วนใหญ่มาก ๆ จะถูกตัดทิ้งโดยกำหนดให้มีค่าความเหมาะสมเป็น 0 ซึ่งจะทำให้การปรับค่าความเหมาะสมไม่มีค่าเป็นลบเกิดขึ้น สำหรับการกำหนดค่า  $c$  ที่ดีควรมีค่าอยู่ในช่วง  $[1.0, 3.0]$  ขึ้นอยู่กับการประยุกต์ใช้แต่ละปัญหา [9] [22] เช่น การหาค่าสูงสุดของปัญหาซึ่งประกอบด้วยโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมคือ 900, 615, 320, และ 595 ซึ่งกำหนดให้  $c = 1.2$  แล้วปรับสัดส่วนแบบตัดส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานดังนี้

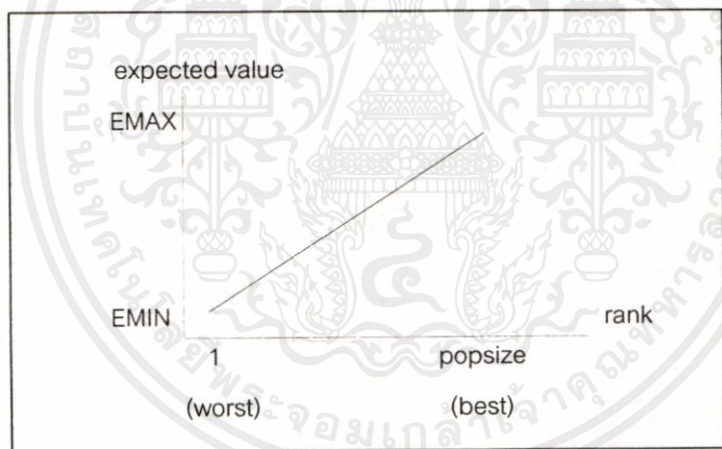
ลำดับ	ไม่ปรับสัดส่วน			ปรับสัดส่วน				
	ค่าความเหมาะสม ( $F=f$ )	ค่าความน่าจะเป็น ( $p_{select_i}$ )	จำนวนที่คาดหวัง ( $E_i$ )	ค่าความเหมาะสม ( $F=f-(f_{avg}-\sigma)$ )	ค่าความน่าจะเป็น ( $p_{select_i}$ )	ค่าความเหมาะสม ( $F=f-(f_{avg}+\sigma)$ )	ค่าความน่าจะเป็น ( $p_{select_i}$ )	จำนวนที่คาดหวัง ( $E_i$ )
1	900	0.3704	1.4815	576.8308	0.5072	576.8308	0.5058	2.0231
2	615	0.2531	1.0123	291.8308	0.2566	291.8308	0.2559	1.0235
3	320	0.1317	0.5267	-3.1692	-0.0028	0.0000	0.0000	0.0000
4	595	0.2449	0.9794	271.8308	0.2390	271.8308	0.2383	0.9534
รวม	2430					1140.4924		
$f_{avg}$	607.5							
$\sigma$	236.9423							

จะเห็นว่าโครโมโซมลำดับที่ 3 มีค่าความเหมาะสมที่ต่ำกว่าค่าความเหมาะสมเฉลี่ยเกินกว่า 1.2 เท่าของส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ซึ่งทำให้ค่าความเหมาะสมที่ถูกปรับมีค่าเป็นลบจึงตัดโครโมโซมนี้ออก โดยกำหนดเป็นจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้โครโมโซมอื่นแทนต่อไป

2. การคัดเลือกแบบอ้างอิงลำดับ (Ranking-based) เป็นอีกวิธีในการคัดเลือกโครโมโซมต้นแบบเพื่อสร้าง mating pool ที่จะช่วยลดการเกิดจุดจบก่อนที่เป็นสาเหตุจากโครโมโซมที่ดีเกินไป โดยการควบคุมการจัดสรรจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ของแต่ละโครโมโซม ที่จะช่วยไม่ให้มีโครโมโซมใดถูกจัดสรรจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ในจำนวนที่มากเกินไป วิธีการของการคัดเลือกแบบอ้างอิงลำดับนั้น จะไม่พิจารณาค่าความเหมาะสมโดยตรง แต่จะกำหนดให้แต่ละ

โครโมโซมมีจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้จากการพิจารณาลำดับความสำคัญ (rank) ของค่าความเหมาะสมของโครโมโซมในแต่ละรุ่น หลักการกำหนดจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ควรจัดสรรในลักษณะจำนวนที่เพิ่มขึ้นตามประสิทธิภาพของค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม และผลรวมจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ควรเท่ากับจำนวนโครโมโซมที่จะเกิดขึ้นในรุ่นถัดไป ซึ่งโดยทั่วไปวิธีการคัดเลือกแบบอ้างอิงลำดับมี 2 วิธีคือ

2.1 แบบเชิงเส้น (Linear) เป็นวิธีการกำหนดจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ของแต่ละโครโมโซมที่กำหนดสัดส่วนจากการอ้างอิงลำดับค่าความเหมาะสม วิธีการโดยเรียงลำดับความสำคัญของโครโมโซมที่ดีที่สุดให้เป็นลำดับที่ 1 (rank=1) โครโมโซมที่ดีขึ้นกำหนดให้มีลำดับที่สูงขึ้น และกำหนดจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้โครโมโซมที่ดีที่สุดที่ต้องการ ซึ่งควรมีค่าอยู่ในช่วง  $[1.0, 2.0]$  แล้วจึงจัดสรรจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ของแต่ละโครโมโซมในลักษณะเชิงเส้น ดังรูปที่ 4.2 [3] [26]



รูปที่ 4.2 การอ้างอิงลำดับแบบเชิงเส้น

ดังนั้นจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ของแต่ละโครโมโซมคำนวณได้ดังสมการที่ 4.9

$$E_i = E_{MIN} + (E_{MAX} - E_{MIN}) * \frac{\text{rank}_i - 1}{\text{popsize} - 1} \quad (4.9)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

โดยที่  $E_{MAX}$  = จำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้โครโมโซมที่ดีที่สุด ( $1 \leq E_{MAX} \leq 2$ )

$E_{MIN}$  =  $2 - E_{MAX}$

$\text{rank}_i$  = ลำดับความสำคัญของโครโมโซมที่  $i$

เช่น การหาค่าสูงสุดของปัญหาซึ่งประกอบด้วยโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมคือ 500, 20, 90 และ 15 ซึ่งกำหนดให้  $EMAX = 1.5$  แล้วเปรียบเทียบการอ้างอิงค่าความเหมาะสมกับการอ้างอิงลำดับความสำคัญค่าความเหมาะสมดังนี้

ลำดับโครโมโซม	อ้างอิงค่าความเหมาะสม			อ้างอิงลำดับค่าความเหมาะสม	
	ค่าความเหมาะสม (F=f)	ค่าความน่าจะเป็น (pselect <sub>i</sub> )	จำนวนที่คาดหวัง (E <sub>i</sub> )	ลำดับความสำคัญ (rank)	จำนวนที่คาดหวัง (E <sub>i</sub> )
1	500	0.8000	3.2000	4	1.5000
2	20	0.0320	0.1280	2	0.8333
3	90	0.1440	0.5760	3	1.1667
4	15	0.0240	0.0960	1	0.5000
รวม	625				

จะเห็นว่าโครโมโซมลำดับที่ 1 จะมีจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ลดลงจาก 3.2 เป็น 1.5 หากอ้างอิงลำดับความสำคัญของค่าความเหมาะสมแทนซึ่งช่วยลดจำนวนค้นแบบใน mating pool ลงได้

2.2 แบบไม่เชิงเส้น (Nonlinear) เป็นวิธีการกำหนดจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ของแต่ละโครโมโซมจากการกำหนดค่าความน่าจะเป็นที่จะสุ่มได้โครโมโซมที่ดีที่สุดมีค่าอยู่ในช่วง  $[0.0, 1.0]$  โดยเรียงลำดับความสำคัญของโครโมโซมที่ดีที่สุดคือลำดับที่ 1 และโครโมโซมที่ไม่ดีมีลำดับสูงขึ้น ซึ่งจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้แต่ละโครโมโซมคำนวณได้ดังสมการที่ 4.10 [18]

$$E_i = \text{popsize} * q * (1 - q)^{\text{rank}_i - 1} \quad (4.10)$$

โดยที่  $\text{rank}_i$  = ลำดับความสำคัญของโครโมโซมที่  $i$

$q$  = ค่าความน่าจะเป็นที่จะสุ่มได้โครโมโซมที่ดีที่สุดในแต่ละครั้ง

ค่า  $q$  เป็นค่าที่กำหนดความน่าจะเป็นที่จะสุ่มได้โครโมโซมที่ดีที่สุดในแต่ละครั้ง ซึ่งขึ้นอยู่กับวิธีการประยุกต์ใช้ในแต่ละปัญหา เช่น หากกำหนดให้  $q = 0.04$  ซึ่ง  $\text{popsize} = 50$  และจัดลำดับความสำคัญของโครโมโซมได้เป็น (5, 11, 2, ...) ดังนั้นค่า  $E_i$  ของแต่ละโครโมโซม คือ  $E_1 = 50 \times 0.04 \times 0.96^{(5-1)} = 1.70$ ,  $E_2 = 50 \times 0.04 \times 0.96^{(11-1)} = 1.33$ ,  $E_3 = 50 \times 0.04 \times 0.96^{(2-1)} = 1.92$ , ...

## วิธีการสุ่มต้นแบบ

ในการสร้าง mating pool โดยสุ่มเลือกโครโมโซมต้นแบบตามค่าความน่าจะเป็นที่จะสุ่มได้แต่ละโครโมโซม ซึ่งควรสุ่มให้ได้จำนวนโครโมโซมต้นแบบให้ถูกต้องตามจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้แต่ละโครโมโซม โดยทั่วไปมี 3 วิธีคือ [9] [18] [15]

1. จำลองแบบการหมุนวงล้อ ซึ่งเป็นวิธีการสุ่มของ GA ในยุคแรก ๆ ที่กล่าวมาแล้วในบทที่ 2 ที่อาจทำให้จำนวนโครโมโซมต้นแบบของแต่ละโครโมโซมที่เกิดขึ้นใน mating pool นั้นคลาดเคลื่อนจากจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ของแต่ละโครโมโซมที่ต้องการ ซึ่งอาจมีผลทำให้โอกาสในการสร้างโครโมโซมที่ดีขึ้นกว่ารุ่นเก่าลดลงได้

2. สุ่มทศนิยมแบบคืนกลับ (Stochastic Remainder Sampling with Replacement : SR) เนื่องจากค่าจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ที่ต้องการมักจะมีค่าไม่เป็นจำนวนเต็ม ดังนั้นการเพิ่มความถูกต้องของการสุ่มในการสร้าง mating pool สามารถปรับปรุงด้วยวิธีการสุ่มทศนิยมแบบคืนกลับมีขั้นตอนดังนี้

ขั้นตอนแรก : กำหนดให้แต่ละโครโมโซมถูกจัดสรรให้เป็นโครโมโซมต้นแบบเป็นจำนวนเท่ากับค่าจำนวนเต็มของจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ของแต่ละโครโมโซม

ขั้นตอนที่สอง : mating pool ส่วนที่เหลือจะเป็นโครโมโซมที่ได้จากการสุ่มจากค่าทศนิยมของค่าจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ของแต่ละโครโมโซมนั้นด้วยวิธีการจำลองแบบการหมุนวงล้อที่แต่ละช่วงของวงล้อกำหนดตามค่าทศนิยมนั้น ๆ

เช่น สุ่มโครโมโซมต้นแบบของโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมเป็น 900, 240, 575 และ 570 ดังนี้

ลำดับโครโมโซม	ค่าความเหมาะสม (F=f)	ค่าความน่าจะเป็น (pselect <sub>i</sub> )	จำนวนที่คาดหวัง (E <sub>i</sub> )	จำนวนต้นแบบจากค่าจำนวนเต็ม	จำนวนต้นแบบจากการสุ่มค่าทศนิยม	จำนวนต้นแบบใน mating pool
1	900	0.3939	1.5755	1	1	2
2	240	0.1050	0.4201	0	0	0
3	575	0.2516	1.0066	1	0	1
4	570	0.2495	0.9978	0	1	1
รวม	2285					

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า จำนวนโครโมโซมต้นแบบใน mating pool ของโครโมโซมลำดับที่ 1 และ 4 จากจำนวนเต็มของค่าจำนวนที่คาดหวังเป็น 1 โครโมโซม และสุ่มอีก 2 โครโมโซมโดยสุ่มค่าทศนิยมของค่าจำนวนที่คาดหวังของแต่ละโครโมโซมโดยวิธีการหมุนวงล้อดังนี้

ลำดับโครโมโซม	1	2	3	4
ค่าทศนิยม	0.5755	0.4201	0.0066	0.9978
ค่าความน่าจะเป็นที่สุ่มได้แต่ละครั้ง (pselect <sub>i</sub> )	0.2813	0.2120	0.0033	0.5034
ความถี่สะสมค่าความน่าจะเป็น (q <sub>i</sub> )	0.2813	0.4933	0.4966	1.000
สร้างเลขสุ่มในการหมุนวงล้อแต่ละครั้ง (r)	0.8331	0.1446		
ลำดับโครโมโซมที่ถูกเลือก (q <sub>i-1</sub> ≤ r ≤ q <sub>i</sub> )	4	1		

จำนวนโครโมโซมต้นแบบใน mating pool ที่เหลือ โดยสุ่มค่าทศนิยมด้วยวิธีการหมุนวงล้อได้โครโมโซมลำดับที่ 4 และ 1 ทำให้จำนวนโครโมโซมต้นแบบทั้งหมดเป็น 2, 0, 1 และ 1 โครโมโซมตามลำดับ

3. สุ่มทศนิยมแบบไม่คืนกลับ (Stochastic Remainder Sampling without Replacement : SRW/O) ลักษณะคล้ายกับการสุ่มทศนิยมแบบคืนกลับคือ กำหนดให้แต่ละโครโมโซมในรุ่นเก่าถูกจัดสรรให้เป็นโครโมโซมต้นแบบเป็นจำนวนเท่ากับค่าจำนวนเต็มของค่าจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้แต่ละโครโมโซม แต่ mating pool ส่วนที่เหลือจะได้จากการสุ่มโครโมโซม ที่กำหนดให้อัตราค่าความน่าจะเป็นที่จะสุ่มได้แต่ละครั้งของแต่ละโครโมโซม เท่ากับค่าทศนิยมของค่าจำนวนที่คาดหวังของแต่ละโครโมโซม เช่น การสุ่มโครโมโซมต้นแบบของโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมเป็น 900, 240, 575 และ 570 ดังนี้

ลำดับโครโมโซม	ค่าความเหมาะสม (F=f)	ค่าความน่าจะเป็น (pselect <sub>i</sub> )	จำนวนที่คาดหวัง (E <sub>i</sub> )	จำนวนต้นแบบจากค่าจำนวนเต็ม	จำนวนต้นแบบจากการสุ่มค่าทศนิยม	จำนวนต้นแบบใน mating pool
1	900	0.3939	1.5755	1	0	1
2	240	0.1050	0.4201	0	1	1
3	575	0.2516	1.0066	1	0	1
4	570	0.2495	0.9978	0	1	1
รวม	2285					

โดยสุ่มค่าทศนิยมของค่าจำนวนที่คาดหวังของแต่ละโครโมโซมอีก 2 โครโมโซมจากอัตราค่าความน่าจะเป็นในการสุ่มเท่ากับค่าทศนิยมของค่าที่คาดหวังดังนี้

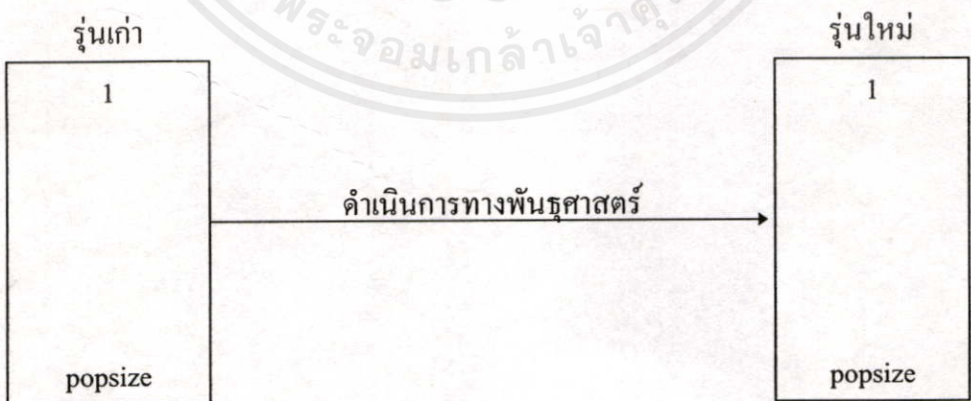
ลำดับโครโมโซม	1	2	3	4
ค่าทศนิยม	0.5755	0.4201	0.0066	0.9978
สร้างเลขสุ่มจำนวนจริง ( $r$ )	0.1446	0.8331	0.0017	0.9989
โครโมโซมจะถูกเลือกถ้าเลขสุ่ม $r$ ตกอยู่ในช่วง	ไม่ถูกเลือก	ถูกเลือก	ไม่ถูกเลือก	ถูกเลือก
อัตราความน่าจะเป็นที่จะสุ่มได้ (ค่าทศนิยม $\leq r$ )				

จำนวนโครโมโซมต้นแบบใน mating pool ที่เหลือ โดยสุ่มค่าทศนิยมแบบไม่คืนกลับทำให้จำนวนโครโมโซมต้นแบบทั้งหมดเป็นลำดับละ 1 โครโมโซม

### เทคนิคการรีโพรดักชัน

การรีโพรดักชันเป็นกระบวนการเกิดประชากรรุ่นใหม่จากการถ่ายทอดโครโมโซมรุ่นเก่าที่ผ่านขั้นตอนต่าง ๆ มีหลายวิธี คือ [14] [24]

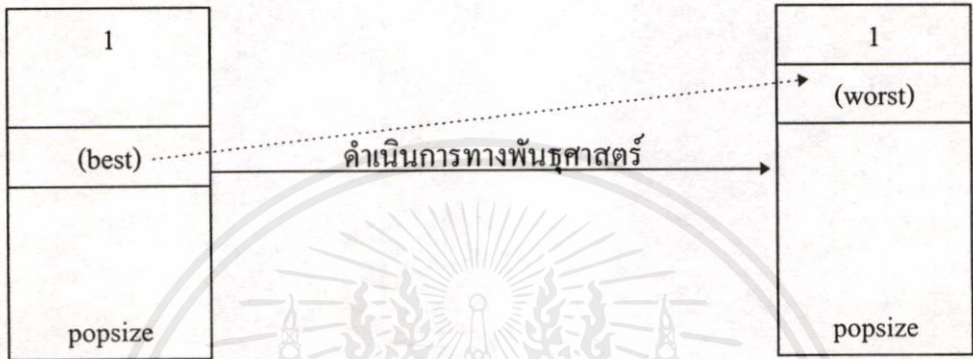
1. รีโพรดักชันแบบทั่วไป เป็นการรีโพรดักชันของ GA ในยุคแรกทีกล่าวมาแล้วในบทที่ 2 โดยการถ่ายทอดโครโมโซมรุ่นเก่าที่ผ่านขั้นตอนต่าง ๆ ทั้งหมดกลายเป็นประชากรรุ่นใหม่ตามจำนวนประชากรแต่ละรุ่นที่กำหนดดังรูปที่ 4.3 ซึ่งชุดโครโมโซมรุ่นใหม่อาจมีค่าดอปที่ไม่ดีเท่าชุดโครโมโซมรุ่นเก่าเนื่องจากการดำเนินการของ GA ไม่มีการบันทึกโครโมโซมที่ดีไว้ ดังนั้นการรีโพรดักชันแบบนี้อาจทำให้สูญเสียโครโมโซมที่ดี ๆ ที่สามารถใช้เป็นต้นแบบในการสร้างโครโมโซมที่ดีขึ้นได้



รูปที่ 4.3 รีโพรดักชันแบบทั่วไป

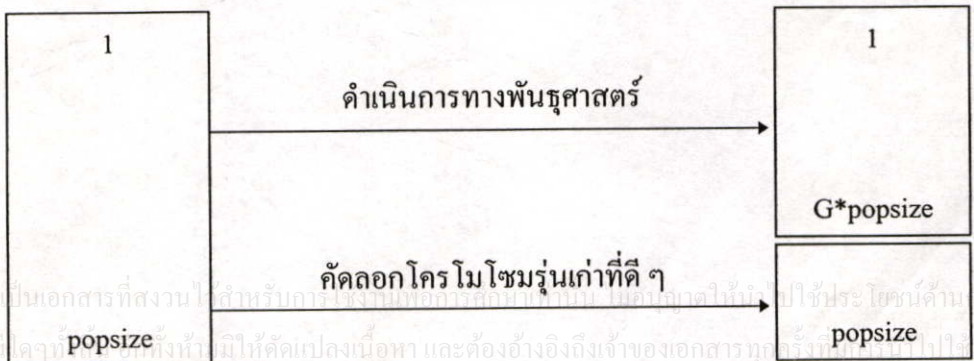
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับความลับของงานวิจัยของคณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง ไม่ควรเผยแพร่โดยไม่ได้รับอนุญาตจากเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2. รีโพรดักชันโดยรักษาโครโมโซมที่ดีที่สุด (Elitism) เป็นการปรับปรุงการรีโพรดักชันแบบทั่วไปด้วยการรักษาโครโมโซมที่ดีที่สุดในรอบเก่าที่กล่าวมาแล้วในบทที่ 3 โดยทำการรีโพรดักชันแบบทั่วไปแล้วจึงคัดลอกโครโมโซมที่ดีที่สุดของรุ่นเก่ามาไว้ในรุ่นใหม่ด้วยโดยแทนที่โครโมโซมที่ไม่ดีที่สุดของรุ่นใหม่ที่ตั้งรูปที่ 4.4



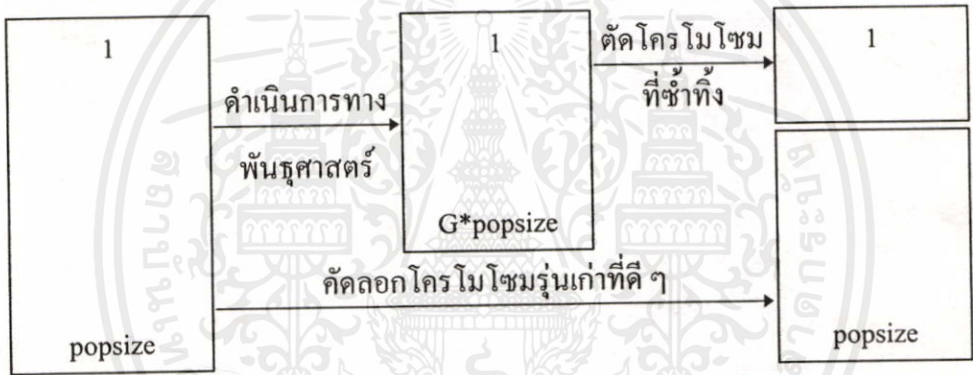
รูปที่ 4.4 รีโพรดักชันโดยรักษาโครโมโซมที่ดีที่สุด

3. รีโพรดักชันโดยรักษาสถานะคงที่แบบซ้ำ (Steady State with Duplicate Reproduction : SS) โดยการกำหนดอัตราการสร้างโครโมโซมรุ่นใหม่ (Generation Gap :  $G$ ) โดยที่  $0 < G \leq 1$  สำหรับการกำหนดค่า  $G$  ที่เหมาะสมนั้นขึ้นอยู่กับแต่ละปัญหา [10] ซึ่งจำนวนโครโมโซมที่จะถูกสร้างขึ้นใหม่โดยผ่านขั้นตอนต่าง ๆ จะเท่ากับ  $\text{popsize} * G$  (ถ้า  $G = 1$  คือการรีโพรดักชันแบบทั่วไป) และโครโมโซมส่วนที่เหลือเกิดจากการคัดลอกกลุ่มโครโมโซมที่ดีในรอบเก่าตามลำดับความสำคัญของโครโมโซม ซึ่งจะทำให้โครโมโซมต่าง ๆ ที่ดีในรอบเก่ามีโอกาสอยู่รอดจากรุ่นหนึ่งไปยังอีกรุ่นหนึ่งเพื่อเป็นโครโมโซมต้นแบบได้มากขึ้นดังรูปที่ 4.5



รูปที่ 4.5 รีโพรดักชันโดยรักษาสถานะแบบซ้ำ

4. รีโพรดักชันโดยรักษาสถานะคงที่แบบไม่ซ้ำ (Steady State without Duplicate Reproduction : SS W/O) เนื่องจากในการดำเนินการของ GA นั้น โครโมโซมรุ่นใหม่ที่เกิดขึ้นจากขั้นตอนต่าง ๆ แต่ละโครโมโซมนั้นมีโอกาสเป็นโครโมโซมที่เหมือนกันหรือซ้ำกับโครโมโซมรุ่นเก่าได้ นั่นคือจำนวนที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ของโครโมโซมนั้นจะเพิ่มขึ้นทวีคูณตามจำนวนที่เหมือนกันหรือซ้ำกัน ซึ่งทำให้ GA จะต้องใช้เวลาดำเนินการกับโครโมโซมที่ซ้ำกันเหล่านั้นตลอด ดังนั้นการรีโพรดักชันโดยรักษาสถานะคงที่แบบไม่ซ้ำจะช่วยให้การค้นหาคำตอบของ GA เกิดรูปแบบโครโมโซมต่าง ๆ มากขึ้น วิธีการคล้ายกับรีโพรดักชันโดยรักษาสถานะคงที่แบบซ้ำคือ รักษากลุ่มโครโมโซมที่ดีในรุ่นเก่าและตัดโครโมโซมที่เกิดขึ้นใหม่ที่ซ้ำกับโครโมโซมรุ่นเก่าที่คัดลอกมา ดังนั้นโครโมโซมในแต่ละรุ่นที่สร้างขึ้นจะไม่ซ้ำกันเลขดังรูปที่ 4.6



รูปที่ 4.6 รีโพรดักชัน โดยรักษาสถานะแบบไม่ซ้ำ

#### การปรับปรุงสมรรถนะ GA สำหรับ THP

ตารางที่ 4.1 แสดงผลลัพธ์คำตอบโดยสรุป ในการทดสอบการปรับปรุงสมรรถนะ GA สำหรับปัญหา THP โดยทดสอบกับวงแหวนจำนวน 5 วง ซึ่งคำตอบที่ดีที่สุดคือ 92 ที่กำหนด  $\text{popsize}=80$ ,  $P_c=0.6$  ครอสโอเวอร์แบบ 1 จุด  $P_m=0.03$ ,  $P_f=0.8$  และเปรียบเทียบภายในการดำเนินการ 2000 รุ่น ซึ่งผลลัพธ์รายละเอียดการดำเนินการแต่ละรุ่นแสดงเปรียบเทียบดังกราฟในรูปที่ 4.7 คือกรณีการดำเนินการแบบเดิมโดยคัดเลือกต้นแบบที่อ้างอิงค่าความเหมาะสมแบบไม่มีการปรับสัดส่วน และสุ่มแบบจำลองการหมุนวงล้อและรีโพรดักชันแบบทั่วไปในรูป 4.7-a แล้วภายในการดำเนินการ 2000 รุ่นจะหาคำตอบได้เพียง 81 แต่หากปรับปรุงสมรรถนะโดยใช้วิธีการสุ่มแบบทศนิยมคืนกลับแล้วจะทำให้หาคำตอบได้ดีขึ้นเป็น 85 แต่ยังไม่เป็นคำตอบที่ดีที่สุด สำหรับวิธีการสุ่มแบบทศนิยมไม่คืนกลับนั้น จะหาคำตอบได้เท่ากับแบบจำลองการหมุนวงล้อแต่ได้คำตอบเร็วกว่า อย่างไรก็ตามเมื่อเปรียบเทียบกับการสุ่มแบบทศนิยมคืนกลับในการรีโพรดักชันโดยกำหนดค่า

G ต่าง ๆ ดังตารางที่ 4.1 แล้วจะเห็นว่า การสุ่มแบบทศนิยม ไม่คืนกลับ ให้ผลที่น่าพอใจมากกว่า และในรูป 4.7-b แสดงให้เห็นว่า เมื่อปรับสัดส่วนแบบเชิงเส้นและรีโพรดักชันแบบรักษาสถานะคงที่แบบซ้ำ ที่  $G=0.5$  แล้วจะสามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ โดยหากกำหนด  $C_{mult} = 2.0$  จะหาคำตอบได้เร็วกว่า  $C_{mult} = 1.75$  และในรูป 4.7-c แสดงการปรับสัดส่วนแบบตัดส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานและรีโพรดักชันแบบรักษาสถานะคงที่แบบไม่ซ้ำที่  $G=0.7$  นั้นการค้นหาคำตอบยังมีสมรรถนะมากขึ้นคือ ที่  $\sigma=2.5$  สามารถหาคำตอบได้ในการดำเนินงานเพียง 153 รุ่นเท่านั้น สำหรับผลลัพธ์แผนการเคลื่อนย้ายวงแหวนที่ดีที่สุดนั้นแสดงดังรูปที่ 4.8

G		1.0	0.7		0.5		0.3		
รีโพรดักชัน		ELITIS T	SS	SS W/O	SS	SS W/O	SS	SS W/O	
การสุ่ม	RW	NOT SCALE	81	75	75	73	81	73	76
	SR	NOT SCALE	85	88	81	85	92 <sup>(1545)</sup>	81	76
	SR W/O	NOT SCALE	81	88	92 <sup>(469)</sup>	85	92 <sup>(1076)</sup>	90	90
		w = 3	-	85	88	92 <sup>(1672)</sup>	88	-	-
		w = 5	-	81	92 <sup>(1663)</sup>	92 <sup>(1409)</sup>	81	-	-
		$C_{mult} = 1.5$	-	82	92 <sup>(650)</sup>	92 <sup>(1407)</sup>	85	-	-
		$C_{mult} = 1.75$	-	92 <sup>(1736)</sup>	90	92 <sup>(1822)</sup>	88	-	-
		$C_{mult} = 2.0$	-	92 <sup>(660)</sup>	90	92 <sup>(1349)</sup>	88	-	-
		$\sigma = 1.5$	-	90	92 <sup>(565)</sup>	92 <sup>(1754)</sup>	88	-	-
		$\sigma = 2.5$	-	81	92 <sup>(753)</sup>	92 <sup>(1486)</sup>	92 <sup>(1474)</sup>	-	-
$\sigma = 3.0$	-	761	92 <sup>(453)</sup>	92 <sup>(191)</sup>	88	-	-		

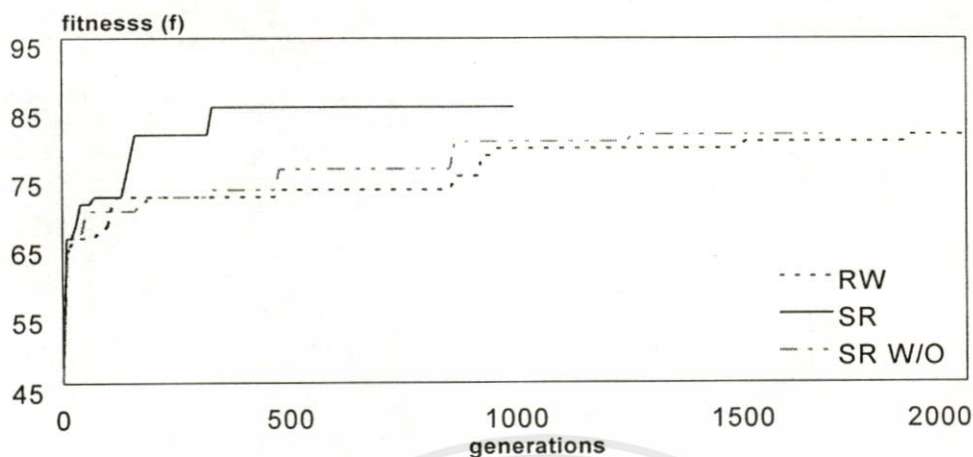
หมายเหตุ fitness<sup>(generation)</sup> : fitness คือ ค่าฟังก์ชันเป้าหมาย

generation คือ จำนวนรุ่นดำเนินการที่ให้ค่า fitness

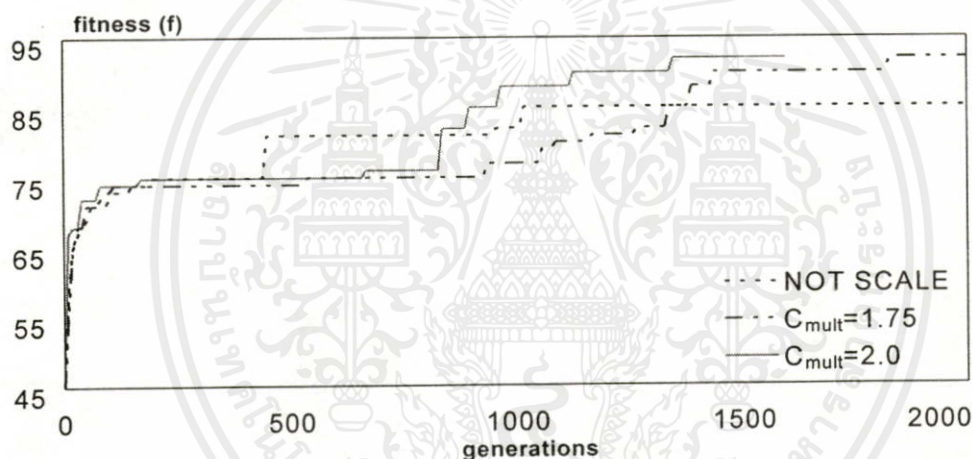
(หากไม่ระบุ generation=2000)

#### ตารางที่ 4.1 ผลการปรับปรุงสมรรถนะ GA สำหรับปัญหา THP

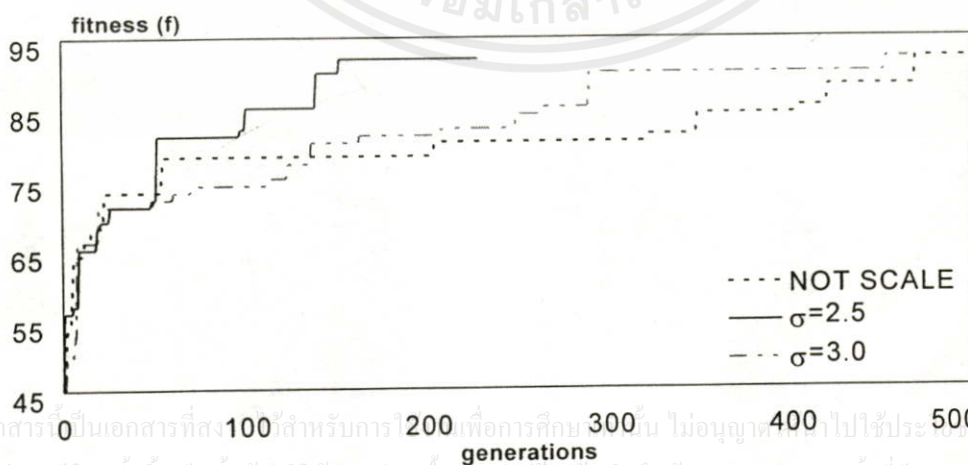
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



(a) การคัดเลือกโดยอ้างอิงค่าความเหมาะสมที่ไม่ปรับสัดส่วน ซึ่งรีโพรดักชันแบบทั่วไป โดยเปรียบเทียบการสุ่มแบบ RW กับ SR และ SR W/O



(b) การคัดเลือกโดยอ้างอิงค่าความเหมาะสม ซึ่งสุ่มแบบ SR W/O และรีโพรดักชันแบบ SS ที่  $G=0.5$  โดยเปรียบเทียบการไม่ปรับสัดส่วน กับ การปรับสัดส่วนแบบเชิงเส้นที่  $C_{mult}=1.75$  และ 2.0



(c) การคัดเลือกโดยอ้างอิงค่าความเหมาะสม ซึ่งสุ่มแบบ SR W/O และรีโพรดักชันแบบ SS W/O ที่  $G=0.7$  โดยเปรียบเทียบการไม่ปรับสัดส่วน กับ การปรับสัดส่วนแบบตัดส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่  $\sigma=2.5$  และ 3.0

chromosome		2	3	1	3	2	3	1	3	1	3	1	3	2	3	1	
pattern		1															
Steategy	start	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	
chromosome		3	2	3	1	3	2	3	1	3	1	3	1	3	2	3	1
pattern		1														1	
steategy		16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31

รูปที่ 4.8 แผนการเคลื่อนย้ายวงแหวนที่ดีที่สุดของ GA ในการหาคำตอบ THP

### การปรับปรุงสมรรถนะ GA สำหรับ TSP

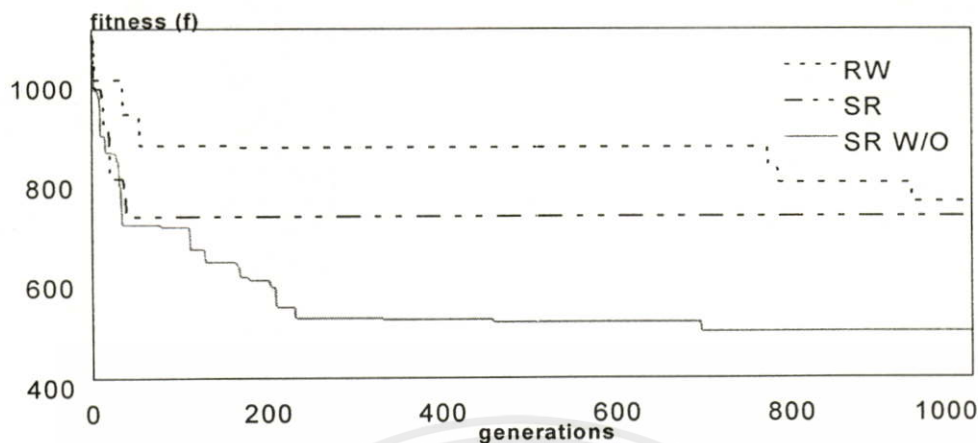
G			1.0	0.7		0.5		0.3	
รีโพรดักชัน			-	SS	SS W/O	SS	SS W/O	SS	SS W/O
การสุ่ม	RW	NOT SCALE	863.6109	686.4776	683.5495	621.4376	562.3362	564.1548	705.0138
	SR	NOT SCALE	724.2539	470.8692	600.4400	513.4125	528.4657	473.6294	598.4860
	SR W/O	NOT SCALE	511.5486	429.3304	425.9368	436.2560	429.3304	432.2508	433.6439
		$C_{mult} = 1.2$	-	<b>423.9116</b>	424.4642	446.5265	437.1834	434.5970	443.1859
		$C_{mult} = 1.3$	-	<b>423.9116</b>	424.6353	438.7094	437.0123	438.3565	443.1859
		EMAX = 1.2	-	<b>423.9490</b>	<b>423.9490</b>	427.0128	426.6098	428.6917	435.8956
		EMAX = 1.3	-	430.8971	<b>423.7405</b>	428.0388	424.4642	436.1598	435.7306
		EMAX = 2.0	-	430.5172	443.2978	434.7279	443.0348	448.1932	444.7704
		p = 0.001	-	431.7103	437.6944	435.4365	424.9526	451.6492	456.0405
p = 0.002		-	423.9490	428.7506	453.3188	429.1878	430.1987	431.5991	

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น

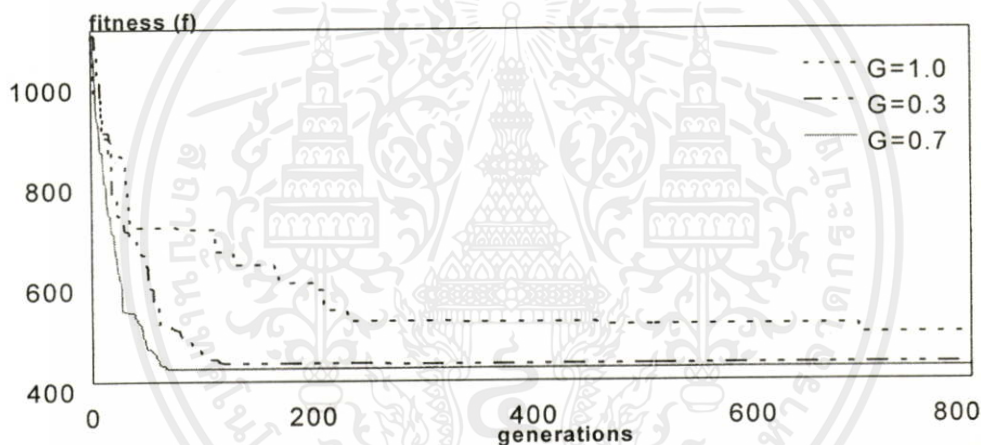
ตารางที่ 4.2 ผลการปรับปรุงสมรรถนะ GA สำหรับปัญหา TSP ซึ่งมีการนำไปใช้

ผลลัพธ์คำตอบในการประยุกต์ใช้ GA หาคำตอบของ TSP โดยสรุปดังตารางที่ 4.2 ซึ่งทดสอบกับจุดต่าง ๆ 30 จุด คือ (54,67) (54,62) (37,84) (41,94) (2,99) (7,64) (25,62) (22,60) (18,54) (4,50) (13,40) (18,40) (24,42) (25,38) (44,35) (41,26) (45,21) (58,35) (62,32) (82,7) (91,38) (83,46) (71,44) (64,60) (68,58) (83,69) (87,76) (74,78) (71,71) (58,69) ที่กำหนด  $\text{popsize}=250$  ,  $P_c=0.9$   $\text{maxgen}=1000$  ซึ่งรายละเอียดการดำเนินการแต่ละรุ่นแสดงเปรียบเทียบดังกราฟในรูปที่ 4.9 คือในการคัดเลือกแบบอ้างอิงค่าความเหมาะสมที่ไม่ปรับสัดส่วน ซึ่งรีโพรดักชันแบบทั่วไปแล้ว การสุ่มแบบทศนิยมคืนกลับและการสุ่มแบบทศนิยมไม่คืนกลับ จะทำให้หาคำตอบได้ดีกว่าแบบจำลองการหมุนวงล้อดังในรูป 4.9-a และเมื่อปรับปรุงการรีโพรดักชันเป็นแบบรักษาสถานะคงที่แบบไม่ซ้ำโดยกำหนด  $G$  เท่ากับ 0.3 และ 0.7 ที่สุ่มแบบทศนิยมคืนกลับแล้ว การค้นหาคำตอบนั้นดีขึ้นดังในรูป 4.9-b และเมื่อทดสอบการคัดเลือกแบบอ้างอิงลำดับแบบเชิงเส้นที่ EMAX เท่ากับ 2.0 จะหาคำตอบได้ไม่ดีกว่าการไม่ปรับสัดส่วน แต่หากกำหนด EMAX เท่ากับ 1.3 แล้วจะทำให้การค้นหาคำตอบมีประสิทธิภาพมากกว่ามากดังในรูป 4.9-c ซึ่งแผนภาพเส้นการเดินทางที่ดีขึ้นนั้นได้แสดงตัวอย่างเปรียบเทียบดังรูปที่ 4.10

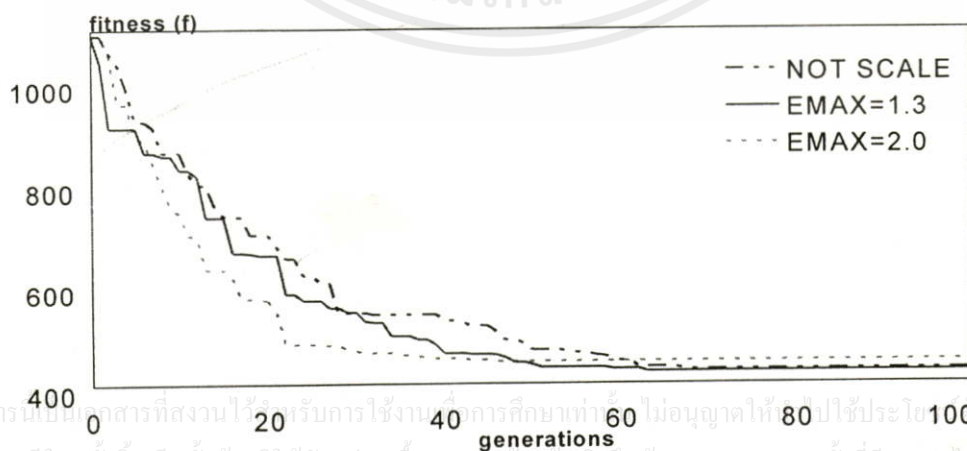
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



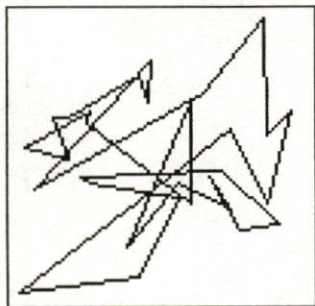
(a) การคัดเลือกโดยอ้างอิงค่าความเหมาะสมที่ไม่ปรับสัดส่วน ซึ่งรีโพรดักชันแบบทั่วไป โดยเปรียบเทียบการสุ่มแบบ RW กับ SR และ SR W/O



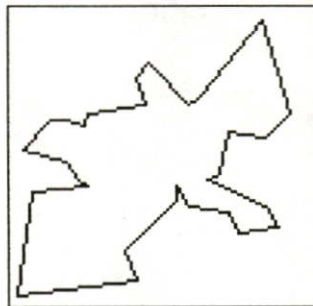
(b) การคัดเลือกโดยอ้างอิงค่าความเหมาะสมที่ไม่ปรับสัดส่วน ซึ่งสุ่มแบบ SR W/O โดยเปรียบเทียบการรีโพรดักชันแบบทั่วไป กับ การรีโพรดักชันแบบ SS W/O ที่  $G=0.3$  และ  $0.7$



(c) การสุ่มแบบ SR W/O และรีโพรดักชันแบบ SS W/O ที่  $G=0.7$  โดยเปรียบเทียบ การคัดเลือกด้วยอ้างอิงค่าความเหมาะสม กับ อ้างอิงลำดับแบบเชิงเส้นที่  $EMAX=1.3$  และ  $2.0$



(a) อ้างอิงค่าความเหมาะสมโดยสุ่มแบบ RW และรีโพรดักชันแบบทั่วไป



(b) อ้างอิงลำดับแบบเชิงเส้นที่  $EMAX=1.3$  โดยสุ่มแบบ SR W/O และรีโพรดักชันแบบ SS W/O ที่  $G=0.7$

### รูปที่ 4.10 เส้นทางการเดินทางที่สั้นที่สุดของ GA สำหรับปัญหา TSP

#### การปรับปรุงสมรรถนะ GA สำหรับ TTP แบบจำลอง

ผลลัพธ์คำตอบในการประยุกต์ใช้ GA หาคำตอบของ TTP แบบจำลองโดยสรุปแสดงดังตารางที่ 4.3 ที่กำหนด  $popsize=30$ ,  $P_c=0.8$ ,  $P_m=0.3$  โดยโครอสโอเวอร์แบบอ้างลำดับและมิวเตชันแบบอ้างลำดับ จำนวน 10 ตำแหน่ง และ  $maxgen=3000$  ซึ่งรายละเอียดการดำเนินการแต่ละรุ่นแสดงเปรียบเทียบดังกราฟในรูปที่ 4.11 คือในการคัดเลือกแบบอ้างอิงค่าความเหมาะสมที่ไม่ปรับสัดส่วน ซึ่งรีโพรดักชันแบบทั่วไปแล้วการสุ่มแบบทศนิยมคืนกลับและทศนิยมไม่คืนกลับ จะทำให้หาคำตอบได้ดีกว่าการสุ่มแบบจำลองการหมุนวงล้อโดยการสุ่มแบบทศนิยมไม่คืนกลับจะค้นหาคำตอบได้เร็วกว่า ดังในรูป 4.11-a และเมื่อปรับปรุงโดยเพิ่มการปรับสัดส่วนแบบหน้าต่างร่วมกับวิธีการรีโพรดักชันแบบรักษาสถาณะคงที่แบบซ้ำ ที่  $G$  เท่ากับ 0.5 ทำให้การค้นหาคำตอบดีขึ้น ดังในรูป 4.11-b และหากปรับสัดส่วนแบบตัดส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่  $\sigma$  เท่ากับ 2.0 ร่วมกับการรีโพรดักชันที่  $G$  เท่ากับ 0.7 แล้วจะยิ่งทำให้สมรรถนะการทำงานดียิ่งขึ้นมาก คือสามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้เมื่อดำเนินการเพียง 833 รุ่นเท่านั้นดังรูป 4.11-c และตารางเรียนที่ดีที่สุดแสดงดังรูปที่

4.12

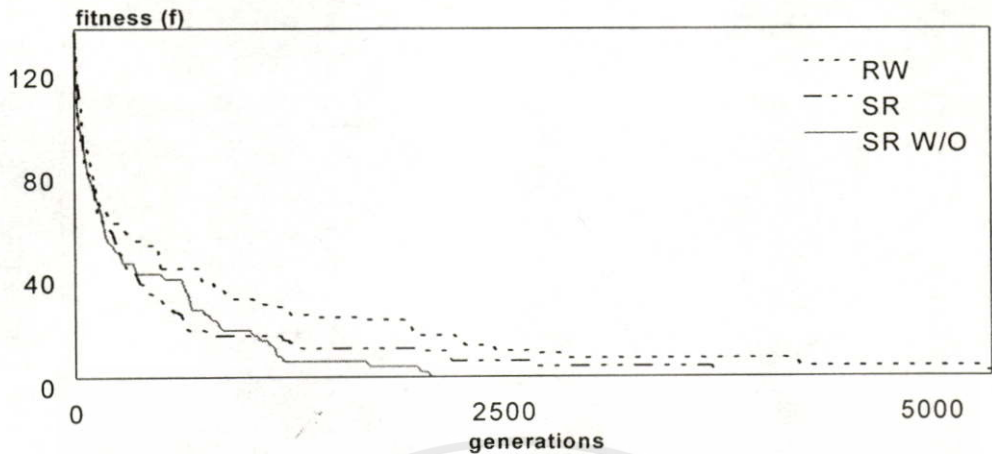
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

G		1.0	0.7		0.5		0.3		
รีโพรดักชัน		-	SS	SS W/O	SS	SS W/O	SS	SS W/O	
การสุ่ม	RW	NOT SCALE	7	55	4	60	6	78	12
	SR	NOT SCALE	4	4	4	0 <sup>(1506)</sup>	4	4	4
	SR W/O	NOT SCALE	0 <sup>(2050)</sup>	0 <sup>(2913)</sup>	8	0 <sup>(2509)</sup>	4	0 <sup>(2544)</sup>	13
		w = 3	-	4	-	0 <sup>(2342)</sup>	-	4	-
		w = 5	-	0 <sup>(2775)</sup>	-	0 <sup>(1781)</sup>	-	0 <sup>(2844)</sup>	-
		w = 10	-	0 <sup>(2279)</sup>	-	0 <sup>(1553)</sup>	-	0 <sup>(2447)</sup>	-
		C <sub>mult</sub> = 1.5	-	4	-	4	-	0 <sup>(1648)</sup>	-
		C <sub>mult</sub> = 1.7	-	0 <sup>(1034)</sup>	-	4	-	4	-
		C <sub>mult</sub> = 2.0	-	4	-	4	-	0 <sup>(2811)</sup>	-
		$\sigma$ = 1.01	-	0 <sup>(2224)</sup>	-	0 <sup>(2914)</sup>	-	4	-
		$\sigma$ = 2	-	0 <sup>(833)</sup>	-	0 <sup>(2726)</sup>	-	4	-
		$\sigma$ = 2.5	-	0 <sup>(2525)</sup>	-	0 <sup>(2205)</sup>	-	0 <sup>(2112)</sup>	-

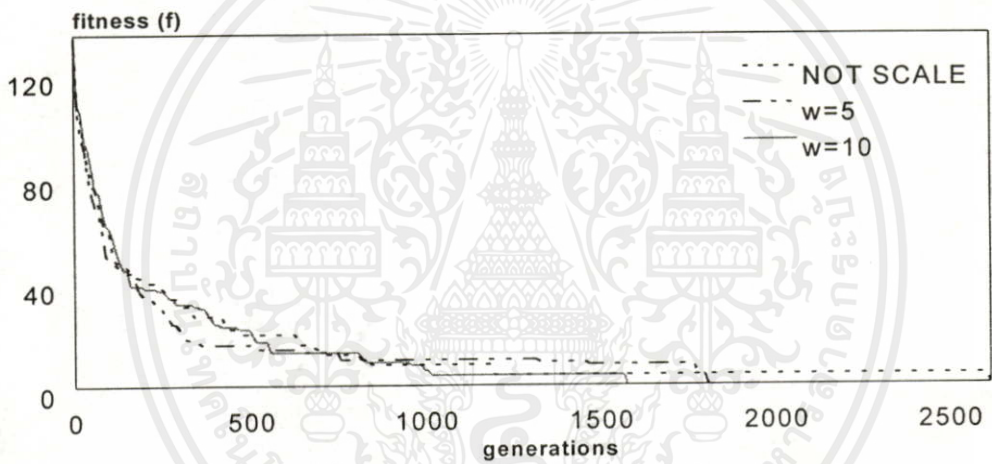
หมายเหตุ fitness<sup>(generation)</sup> : fitness คือ ค่าฟังก์ชันเป้าหมาย  
generation คือ จำนวนรุ่นดำเนินการที่ให้ค่า fitness  
(หากไม่ระบุ generation=3000)

ตารางที่ 4.3 ผลการปรับปรุงสมรรถนะ GA สำหรับปัญหา TTP แบบจำลอง

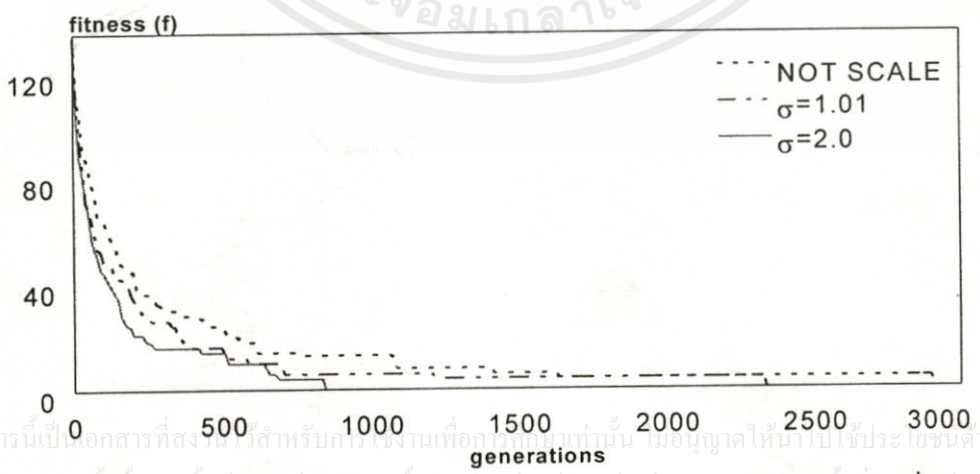
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



(a) การคัดเลือกโดยอ้างอิงค่าความเหมาะสมที่ไม่ปรับสัดส่วน ซึ่งรีโพรดักชันแบบทั่วไป โดยเปรียบเทียบการสุ่มแบบ RW กับ SR และ SR W/O



(b) การคัดเลือกโดยอ้างอิงค่าความเหมาะสม ซึ่งสุ่มแบบ SR W/O และรีโพรดักชันแบบ SS ที่  $G=0.7$  โดยเปรียบเทียบการไม่ปรับสัดส่วน กับ การปรับสัดส่วนแบบหน้าต่างที่  $w=5$  และ  $10$



(c) การคัดเลือกโดยอ้างอิงค่าความเหมาะสม ซึ่งสุ่มแบบ SR W/O และรีโพรดักชันแบบ SS ที่  $G=0.7$  โดยเปรียบเทียบการไม่ปรับสัดส่วน กับ การปรับสัดส่วนแบบสัดส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่  $\sigma=1.01$  และ  $2.0$

C1	C2
MON   TUE   WED   THUR   FRI	MON   TUE   WED   THUR   FRI
S4,R1   S4,R1   S6,R9   S10,R11   S8,R1	S7,R2   S1,R6   S1,R6   S5,R2   S3,R8
S7,R1   S6,R9   S2,R7   S8,R1   S3,R8	S10,R11   S9,R10   S8,R2   S4,R2   S6,R9
S3,R8   S4,R1   S5,R1   S2,R7   S2,R7	S2,R7   S2,R7   S3,R8   S7,R2   S6,R9
S1,R6   S9,R10   S1,R6   S5,R1   S1,R6	S4,R2   S4,R2   S6,R9   S3,R8   S9,R10
S7,R1   S6,R9   S3,R8   S5,R1   S9,R10	S8,R2   S5,R2   S1,R6   S2,R7   S5,R2
C3	C4
MON   TUE   WED   THUR   FRI	MON   TUE   WED   THUR   FRI
S2,R7   S5,R3   S5,R3   S6,R9   S4,R3	S1,R6   S2,R7   S9,R10   S3,R8   S5,R4
S1,R6   S4,R3   S7,R3   S5,R3   S2,R7	S6,R9   S3,R8   S3,R8   S9,R10   S8,R4
S9,R10   S6,R9   S8,R3   S3,R8   S7,R3	S10,R11   S1,R6   S2,R7   S4,R4   S8,R4
S3,R8   S2,R7   S4,R3   S9,R10   S10,R11	S7,R4   S6,R9   S7,R4   S6,R9   S5,R4
S1,R6   S8,R3   S6,R9   S1,R6   S3,R8	S5,R4   S1,R6   S4,R4   S4,R4   S2,R7
C5	
MON   TUE   WED   THUR   FRI	
S5,R5   S9,R10   S7,R5   S9,R10   S1,R6	
S2,R7   S5,R5   S1,R6   S7,R5   S4,R5	
S4,R5   S8,R5   S1,R6   S6,R9   S4,R5	
S2,R7   S8,R5   S3,R8   S2,R7   S6,R9	
S3,R8   S3,R8   S5,R5   S6,R9   S10,R11	

รูปที่ 4.12 ตารางเรียนที่ดีที่สุดของ GA สำหรับปัญหา TTP แบบจำลอง

## สรุป

การพัฒนาจีเนติก อัลกอริทึมแบบง่ายโดยเพิ่มเทคนิคต่าง ๆ ที่ได้กล่าวมานี้ สามารถปรับปรุงสมรรถนะการทำงานของ GA ได้เป็นอย่างดี ซึ่งจากผลการทดสอบกับ GA พารามิเตอร์ชุดต่าง ๆ กับปัญหา THP, TSP และ TTP ทั้ง 3 ปัญหา พบว่าโดยเฉลี่ยแล้วการรีโพรดักชันที่กำหนด ให้  $G=0.5$  หรือ  $0.7$  จะทำให้การค้นหาคำตอบของ GA ดีขึ้นโดยส่วนมาก เพราะจำนวนโครโมโซมที่ถูกสร้างขึ้นใหม่และจำนวนโครโมโซมที่ดีในรุ่นเก่าที่รักษาไว้เป็นสัดส่วนที่เหมาะสมกับปัญหาเหล่านี้ สำหรับการปรับสัดส่วนค่าความเหมาะสมไม่ว่าจะโดยวิธีใดก็ตามแล้ว โดยเฉลี่ยก็ช่วยให้การทำงานของ GA ดีขึ้นกว่าการไม่ปรับสัดส่วนเช่นกัน ในบทความต่อไปจะกล่าวถึงแนวทางการประยุกต์ใช้ GA ในการจัดตารางสอน ซึ่งเป็นปัญหาที่ซับซ้อนมากขึ้นต่อไป

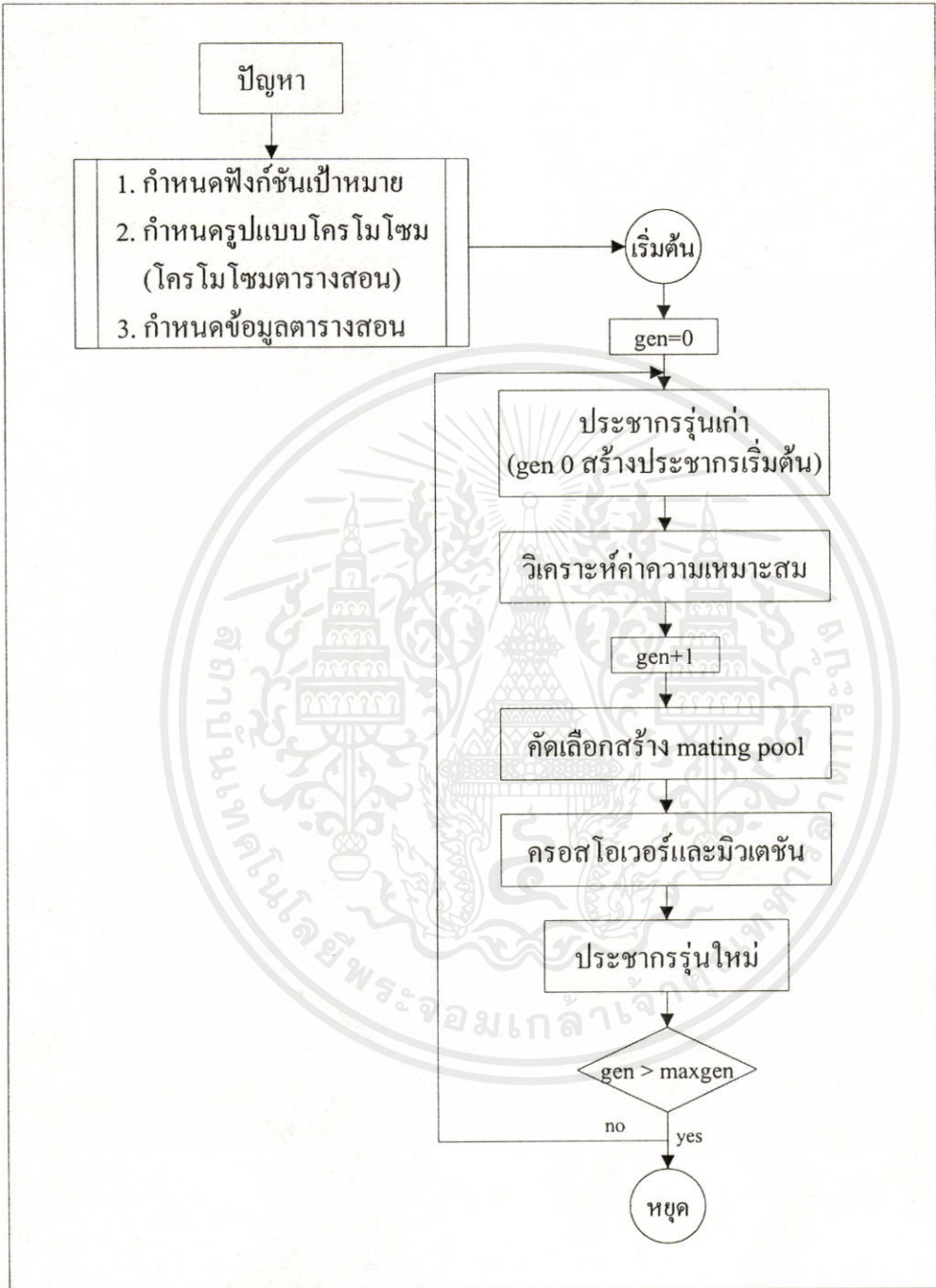
## บทที่ 5

### การจัดตารางสอนโรงเรียนแบบอัตโนมัติของ GA

การจัดตารางสอนเป็นงานฝ่ายวิชาการของผู้บริหาร ที่จะต้องทำในแต่ละภาคเรียน และต้องใช้ เวลา ความพยายามและความเชี่ยวชาญพอสมควร เพื่อตรวจสอบเงื่อนไขต่าง ๆ ตลอดเวลาการจัด เพิ่มเติมข้อมูล ซึ่งสามารถประยุกต์ใช้คอมพิวเตอร์จัดตารางสอนแบบอัตโนมัติ โดยอาศัยกระบวนการของ GA เพื่อสร้างตารางสอนรูปแบบต่าง ๆ พร้อมทั้งตรวจสอบและแก้ไขข้อผิดพลาดต่าง ๆ เองโดยอัตโนมัติ

#### การจัดตารางสอนของ GA

การจัดตารางสอนหรือตารางเรียน คือการจัดตารางกำหนดการนัดหมายระหว่างครูกับนักเรียน หรือตารางกำหนดวัน เวลา วิชา และกลุ่มผู้เรียน ซึ่งการจัดตารางสอนของโรงเรียนจะต้อง พิจารณารายละเอียดหลักสูตร การจัดแผนการเรียนและรายวิชาต่าง ๆ ของแต่ละโรงเรียนที่จัดการ เรียนการสอน รูปแบบ หลักการและวิธีการของการจัดตารางสอนของโรงเรียนในภาคผนวก ก. [33] การจัดตารางสอนของโรงเรียนโดยทั่วไปเป็นการจัดข้อมูลวิชาเรียน ชั้นเรียน ครู ในแต่ละคาบเรียน โดยต้องตรวจสอบการจัดการเรียนการสอนนั้น จะต้องไม่มีการจัดสรรข้อมูลที่ชนกันหรือซ้ำกัน การประยุกต์ใช้ GA กับคอมพิวเตอร์เพื่อจัดตารางสอนแบบอัตโนมัติแสดงขั้นตอนดัง ไดอะแกรมรูป ที่ 5.1 โดยจะต้องกำหนดรูปแบบโครโมโซมตารางสอน ตามรูปแบบตารางสอนรายวิชาของแต่ละ ชั้นเรียนในแต่ละสัปดาห์ และกำหนดฟังก์ชันเป้าหมายเพื่อตรวจสอบความถูกต้องของขอบเขต เงื่อนไข ในแต่ละโครโมโซมตารางสอนที่ GA สร้างขึ้น [6] [20] รวมถึงข้อมูลต่าง ๆ ที่ใช้ในการจัด ตารางสอน ซึ่ง GA จะปรับปรุงแก้ไขให้ได้โครโมโซมตารางสอนที่ดีขึ้นตามต้องการ ตามกระบวนการต่าง ๆ ของ GA สำหรับวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นการประยุกต์ใช้ GA เพื่อจัดตารางสอนแบบ อัตโนมัติชั้นมัธยมศึกษาตอนปลาย โดยอาศัยข้อมูลของโรงเรียนตัวอย่าง ซึ่งพิจารณาเฉพาะเงื่อนไข หลัก ที่จำเป็นในการจัดตารางสอนของโรงเรียนทั่วไป คือความซ้ำซ้อนของข้อมูลต่าง ๆ เพื่อเป็น แนวทางในการปรับปรุงเพิ่มเติม เงื่อนไขเฉพาะบุคคล เช่น ความต้องการพิเศษของครูแต่ละคนที่จะ ระบุคาบที่ต้องการสอนเป็นพิเศษ เป็นต้น ซึ่งเงื่อนไขเฉพาะบุคคลต่าง ๆ เหล่านี้ที่เกิดขึ้นในแต่ละ โรงเรียนนั้นแตกต่างกัน



### รูปที่ 5.1 แสดงไดอะแกรมการจัดตารางสอนแบบอัตโนมัติโดย GA

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## โครโมโซมตารางสอน

รูปแบบโครโมโซมตารางสอนกำหนดโดยพิจารณาจากรายวิชาที่จัดสอนในแต่ละชั้นเรียน ซึ่งแต่ละวิชานั้นจะมีการจัดคาบเรียนแต่ละครั้งของสัปดาห์ที่แตกต่างกัน และการจัดหลักสูตรในปัจจุบันมีจุดมุ่งหมาย ที่จะเปิดโอกาสให้นักเรียนได้เรียนตามความถนัดและความต้องการ มีวิชาบังคับที่ต้องเรียน และวิชาเลือกที่จัดให้ได้เลือกเรียน ซึ่งรายวิชาต่าง ๆ ที่กำหนดไว้ในหลักสูตรมีลักษณะแตกต่างกันตามสภาพของรายวิชานั้น ๆ [37] [38] วิชาบังคับ คือวิชาที่นักเรียนถูกกำหนดให้เรียนตามหลักสูตร วิชาเลือก คือ วิชาที่นักเรียนสามารถที่จะเลือกเรียนได้ ตามการจัดแผนการเรียนและวิชาที่เปิดสอนในแต่ละโรงเรียน ซึ่งการประยุกต์ใช้ GA จัดตารางสอนนั้นจะกำหนดให้ลักษณะของวิชาต่าง ๆ มี 2 แบบคือ

(1) วิชาที่เรียนแยกตามชั้นเรียน เป็นวิชาส่วนใหญ่ของการจัดการเรียนของแต่ละโรงเรียน ประกอบด้วยวิชาบังคับแกน และวิชาเลือก แต่การเรียนจะเรียนรวมกันในแต่ละชั้นเรียน และการจัดครูสอนจะระบุเป็นชั้นเรียนที่จะจัดสอนของครูแต่ละวิชา

(2) วิชากลุ่ม ส่วนใหญ่เป็นวิชาเลือก ที่โรงเรียนจัดสอนวิชาต่าง ๆ หลายวิชาตามความต้องการและความสามารถของโรงเรียน ซึ่งในเรียนแต่ละวิชากลุ่มนักเรียนที่เลือกเรียนวิชาเดียวกัน จะแยกย้ายมาเรียนรวมกันกับชั้นเรียนอื่น ๆ และการจัดครูสอนจะระบุครูแต่ละคนในวิชาที่โรงเรียนจัดสอน

ดังนั้นรูปแบบโครโมโซมตารางสอน กำหนดโดยลำดับการจัดคาบเรียนของแต่ละวิชา ตามลำดับชั้นเรียนที่จะจัดตารางสอน วิชาที่มีการจัดคาบเรียนหลายครั้ง จะกำหนดให้กระจายเป็นตำแหน่งบิตถัดไปของโครโมโซม และวิชากลุ่มของโครโมโซมตารางสอน จะกำหนดเป็นวิชาเดี่ยวร่วมกันของแต่ละวิชาเลือกต่าง ๆ เช่น โครโมโซมสำหรับการจัดตารางสอนชั้น ม.4/1 และ ม.4/2 ซึ่งกำหนดให้เรียน 4 วิชา คือ ส401 จำนวน 2 คาบ จัดเรียนสัปดาห์ละ 2 ครั้ง ครั้งละ 1 คาบ วิชา ว421 จำนวน 4 คาบ จัดเรียนสัปดาห์ละ 2 ครั้ง ครั้งละ 2 คาบ วิชา พ401 จำนวน 1 คาบ และวิชา เลือกพื้นฐานอาชีพ (พอ) จำนวนครั้งละ 2 คาบต่อสัปดาห์ โดยจัดสอนวิชา ช0167 และ ช0158 ดังนั้นโครงสร้างโครโมโซมจะประกอบด้วย บิตตำแหน่งที่ 1 คือ วิชา ส401 ของการจัดคาบเรียนครั้งที่ 1 จำนวน 1 คาบ บิตตำแหน่งที่ 2 คือ วิชา ส401 ของการจัดคาบเรียนครั้งที่ 2 บิตตำแหน่งที่ 3 และ 4 คือ วิชา ว421 ของการจัดคาบเรียนครั้งที่ 1 และ 2 จำนวน 2 คาบ บิตตำแหน่งที่ 4 คือ วิชา พ401 และบิตตำแหน่งที่ 5 คือ วิชาพื้นฐานอาชีพเป็นต้น ซึ่งแสดงโครงสร้างโครโมโซมดังตารางที่

5.1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ชั้นเรียน	วิชา	จำนวนคาบ	การจัดคาบ	โครโมโซม	ตำแหน่งบิท	ค่าบิท
ม.4/1	ส401	2	1-1	ส401_1	1	[1,40]
				ส401_2	2	[1,40]
	ว421	4	2-2	ว421_1	3	[1,30]
				ว421_2	4	[1,30]
	พ401	1	1	พ401	5	[1,40]
พอ.	2	2	พอ	6	[1,40]	
ม.4/2	ส401	2	1-1	ส401_1	7	[1,40]
				ส401_2	8	[1,40]
	ว421	4	2-2	ว421_1	9	[1,30]
				ว421_2	10	[1,30]
	พ401	1	1	พ401	11	[1,40]
	พอ.	2	2	พอ	6	[1,40]

ตารางที่ 5.1 ตัวอย่างโครงสร้างโครโมโซมตารางสอนของ GA

### การกำหนดรหัสค่าบิท

D\PR	1	2	3	4		5	6	7	8
MON	M1 , 1	M2 , 2	M3 , 3	M4 , 4	พัก	M5 , 5	M6 , 6	M7 , 31	M8 , 36
TUE	T1 , 7	T2 , 8	T3 , 9	T4 , 10		T5 , 11	T6 , 12	T7 , 32	T8 , 37
WED	W1 , 13	W2 , 14	W3 , 15	W4 , 16		W5 , 17	W6 , 18	W7 , 33	W8 , 38
THU	H2 , 19	H2 , 20	H3 , 21	H4 , 22		H5 , 23	H6 , 24	H7 , 34	H8 , 39
FRI	F1 , 25	F2 , 26	F3 , 27	F4 , 28		F5 , 29	F6 , 30	F7 , 35	F8 , 40

รูปที่ 5.2 รูปแบบการจัดคาบเรียนตารางสอนของ GA

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 ไม่ว่าจะผิดใจทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอกเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้  
 แต่ละตำแหน่งบิทของโครโมโซมตารางสอนคือ คาร์รหัสคาบเรียนของวิชา ที่ถูกจัดในตาราง  
 สอนของการจัดคาบเรียนแต่ละครั้ง ซึ่งอาจเป็นครั้งละ 1 คาบ หรือ 2 คาบ เป็นต้น ซึ่งการกำหนดค่า

ของบิตแต่ละตำแหน่งในตารางที่ 5.1 พิจารณาจากการจัดคาบเรียนในแต่ละสัปดาห์ตั้งแต่ 30-40 คาบ ดังรูปที่ 5.2 ซึ่งโดยทั่วไปโรงเรียนส่วนใหญ่จะจัดการเรียนการสอน 30 คาบขึ้นไป ต่อสัปดาห์ ซึ่งตามหลักการจัดตารางสอนที่ควรจัดคาบเรียนในช่วงเช้ามากกว่าช่วงบ่าย ดังนั้นตารางสอนของ GA จะจัด 4 คาบในช่วงเช้า และ 2 คาบ ในช่วงบ่าย และคาบที่ 7 และ 8 จะจัดสำหรับการเรียนการสอนที่มีจำนวนคาบเรียนที่ 31 ถึง 40 คาบต่อสัปดาห์ วิธีการกำหนดรูปแบบตารางสอนของ GA สามารถแปรผันตามการจัดคาบเรียนที่แตกต่างกันไปในแต่ละโรงเรียน

D\PR	1	2	3	4		5	6	7	8
MON	1 M1, 1	2 M2, 2	3 M3, 3	4 M4, 4	พัก	5 M5, 5	6 M6, 6	31 M7, 31	36 M8, 36
TUE	7 T1, 7	8 T2, 8	9 T3, 9	10 T4, 10		11 T5, 11	12 T6, 12	32 T7, 32	37 T8, 37
WED	13 W1, 13	14 W2, 14	15 W3, 15	16 W4, 16		17 W5, 17	18 W6, 18	33 W7, 33	38 W8, 38
THU	19 H2, 19	20 H2, 20	21 H3, 21	22 H4, 22		23 H5, 23	24 H6, 24	34 H7, 34	39 H8, 39
FRI	25 F1, 25	26 F2, 26	27 F3, 27	28 F4, 28		29 F5, 29	30 F6, 30	35 F7, 35	40 F8, 40

รหัสค่าบิต

(a) รหัสค่าบิตสำหรับการจัดคาบเรียน 1 คาบ

D\PR	1	2	3	4		5	6	7	8
MON	1 M1, 1	2 M2, 2	3 M3, 3	4 M4, 4	พัก	4 M5, 5	21 M6, 6	26 M7, 31	26 M8, 36
TUE	5 T1, 7	6 T2, 8	7 T3, 9	10 T4, 10		8 T5, 11	22 T6, 12	27 T7, 32	27 T8, 37
WED	9 W1, 13	10 W2, 14	11 W3, 15	12 W4, 16		12 W5, 17	23 W6, 18	28 W7, 33	28 W8, 38
THU	13 H2, 19	14 H2, 20	15 H3, 21	16 H4, 22		16 H5, 23	24 H6, 24	29 H7, 34	29 H8, 39
FRI	17 F1, 25	18 F2, 26	19 F3, 27	20 F4, 28		20 F5, 29	25 F6, 30	30 F7, 35	30 F8, 40

(b) รหัสค่าบิตสำหรับการจัดคาบเรียน 2 คาบ

D\PR	1	2	3	4		5	6	7	8
MON	1 M1, 1	2 M2, 2	3 M3, 3	4 M4, 4	พัก	11 M5, 5	16 M6, 6	31 M7, 31	36 M8, 36
TUE	3 T1, 7	4 T2, 8	9 T3, 9	10 T4, 10		12 T5, 11	17 T6, 12	32 T7, 32	37 T8, 37
WED	5 W1, 13	6 W2, 14	15 W3, 15	16 W4, 16		13 W5, 17	18 W6, 18	33 W7, 33	38 W8, 38
THU	7 H2, 19	8 H2, 20	21 H3, 21	22 H4, 22		14 H5, 23	19 H6, 24	34 H7, 34	39 H8, 39
FRI	9 F1, 25	10 F2, 26	27 F3, 27	28 F4, 28		15 F5, 29	20 F6, 30	35 F7, 35	40 F8, 40

(c) รหัสค่าบิตสำหรับการจัดคาบเรียน 3 คาบ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้ใช้เพื่อการศึกษาเท่านั้น เมื่ออนุญาตให้มาใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งรูปที่ 5.3 การกำหนดรหัสค่าบิตของการจัดคาบเรียน ครั้งที่มีการนำไปใช้

ดังนั้นการกำหนดรหัสค่าบิตสำหรับการจัดตารางสอนของ GA จึงประกอบด้วยการกำหนดรหัสค่าบิต สำหรับการจัดคาบเรียน 1, 2 และ 3 คาบ ดังรูปที่ 5.3-a, 5.3-b และ 5.3-c ตามลำดับ เช่น คาบเรียนที่ 1, 2 และ 3 ในวันจันทร์ สำหรับการจัดคาบเรียน 1 คาบ กำหนดค่าบิตเป็น 1, 2 และ 3 ตามลำดับ คาบเรียนที่ 1, 2 และ 2, 3 ในวันจันทร์ สำหรับการจัดคาบเรียน 2 คาบ กำหนดค่าบิตเป็น 1 และ 2 ตามลำดับ และคาบเรียนที่ 1, 2, 3 และ 2, 3, 4 ในวันจันทร์ สำหรับการจัดคาบเรียน 3 คาบ กำหนดค่าบิตเป็น 1 และ 2 ตามลำดับ เป็นต้น ซึ่งหากตำแหน่งบิตใดในโครโมโซมเป็นตำแหน่งที่มีการจัดคาบเรียนเป็น 1 คาบ จะกำหนดให้มีค่าบิตอยู่ในช่วง [1,40] หรือหากตำแหน่งบิตใดในโครโมโซมเป็นตำแหน่งที่มีการจัดคาบเรียนเป็น 2 คาบ จะกำหนดให้มีค่าบิตอยู่ในช่วง [1,30] ตามลำดับของตารางการกำหนดรหัสค่าบิต

D/PR	1	2	3	4	5	6
MON	, M2 0, 2	M2, M3 1, 3	M2, M4 2, 4	M3, 3, 0	, M6 0, 6	M5, 5, 0
TUE	, T2 0, 8	T2, T3 7, 9	T2, T4 8, 10	T3, 9, 0	, T6 0, 12	T5, 11, 0
WED	, W2 0, 14	W2, W3 13, 15	W2, W4 14, 16	W3, 15, 0	, W6 0, 18	W5, 17, 0
THU	, H2 0, 20	H2, H3 19, 21	H2, H4 20, 22	H3, 21, 0	, H6 0, 24	H5, 23, 0
FRI	, T2 0, 26	T2, T3 25, 27	T2, T4 26, 28	T3, 27, 0	, F6 0, 30	F5, 29, 0

รหัสคาบติดกัน

(a) 30 คาบต่อสัปดาห์

D/PR	1	2	3	4	5	6	7
MON	, M2 0, 2	M2, M3 1, 3	M2, M4 2, 4	M3, 3, 0	, M6 0, 6	M5, M7 5, 31	M6, 6, 0
TUE	, T2 0, 8	T2, T3 7, 9	T2, T4 8, 10	T3, 9, 0	, T6 0, 12	T5, T7 11, 32	T6, 12, 0
WED	, W2 0, 14	W2, W3 13, 15	W2, W4 14, 16	W3, 15, 0	, W6 0, 18	W5, W7 17, 33	W6, 18, 0
THU	, H2 0, 20	H2, H3 19, 21	H2, H4 20, 22	H3, 21, 0	, H6 0, 24	H5, H7 23, 34	H6, 24, 0
FRI	, T2 0, 26	T2, T3 25, 27	T2, T4 26, 28	T3, 27, 0	, F6 0, 30	F5, F7 29, 35	F6, 30, 0

(b) 31-35 คาบต่อสัปดาห์

D/PR	1	2	3	4	5	6	7	8
MON	, M2 0, 2	M2, M3 1, 3	M2, M4 2, 4	M3, 3, 0	, M6 0, 6	M5, M7 5, 31	M6, M8 6, 36	M7, 31, 0
TUE	, T2 0, 8	T2, T3 7, 9	T2, T4 8, 10	T3, 9, 0	, T6 0, 12	T5, T7 11, 32	T6, T8 12, 37	T7, 32, 0
WED	, W2 0, 14	W2, W3 13, 15	W2, W4 14, 16	W3, 15, 0	, W6 0, 18	W5, W7 17, 33	W6, W8 18, 38	W7, 33, 0
THU	, H2 0, 20	H2, H3 19, 21	H2, H4 20, 22	H3, 21, 0	, H6 0, 24	H5, H7 23, 34	H6, H8 24, 39	H7, 34, 0
FRI	, T2 0, 26	T2, T3 25, 27	T2, T4 26, 28	T3, 27, 0	, F6 0, 30	F5, F7 29, 35	F6, F8 30, 40	F7, 35, 0

(c) 36-40 คาบต่อสัปดาห์

รูปที่ 5.4 รหัสคาบติดกันของตารางสอนของ GA

และการกำหนดรหัสคาบติดกันเพื่อใช้ในการตรวจสอบการจัดตารางสอนของ GA แสดงดังรูปที่ 5.4 โดยจะไม่มีคาบก่อนหรือหลังที่ติดกับคาบแรกและคาบสุดท้าย ของแต่ละวันของสัปดาห์หรือคาบ การพักของแต่ละวัน ซึ่งกำหนดตามการจัดคาบเรียน 30 คาบต่อสัปดาห์ ดังรูปที่ 5.4-a และ 31-35 คาบต่อสัปดาห์ ดังรูปที่ 5.4-b และ 36-40 คาบต่อสัปดาห์ ดังรูปที่ 5.4-c ตามลำดับ

### ฟังก์ชันเป้าหมาย

ฟังก์ชันเป้าหมายของการจัดตารางสอน เป็นฟังก์ชันที่ใช้ในการตรวจสอบโครโมโซมตารางสอน ตามเงื่อนไขข้อกำหนดที่ต้องการ ซึ่งข้อกำหนดหรือเงื่อนไขต่าง ๆ จะให้ความสำคัญที่แตกต่าง กัน ดังนั้นจึงกำหนดค่าถ่วงน้ำหนักของแต่ละเงื่อนไข ตามความยืดหยุ่น (Hard or Soft Constrain) ที่ ต้องการแสดงดังสมการที่ 5.1 [6]

$$f = \sum_{i=1}^n w_i \text{cost}_i \quad (5.1)$$

โดยที่

- $n$  = จำนวนเงื่อนไขทั้งหมด
- $w_i$  = ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขลำดับที่  $i$
- $\text{cost}_i$  = ฟังก์ชันการตรวจสอบเงื่อนไขลำดับที่  $i$

สำหรับการจัดตารางสอนแบบอัตโนมัติของ GA จะกำหนดขอบเขตเงื่อนไขหลักที่จะตรวจสอบ ตารางสอนโดยทั่วไป ซึ่งประกอบด้วยตรวจสอบข้อมูลเกี่ยวกับ ชั้นเรียน ครู และ วิชาในแต่ละ คาบเรียนต่าง ๆ แต่ไม่รวมเงื่อนไขใด ๆ เกี่ยวกับการจัดการห้องเรียน แบ่งออกเป็น 6 เงื่อนไขหลัก คือ

- (1) แต่ละชั้นเรียน ไม่มีเรียนวิชาใดชนกันในแต่ละคาบเรียน
- (2) แต่ละชั้นเรียน ไม่เรียนวิชาเดียวกันในคาบเรียนติดกัน
- (3) แต่ละชั้นเรียน ไม่เรียนวิชาเดียวกันในวันเดียวกัน
- (4) ไม่มีชั้นเรียนใดในวิชากลุ่มเรียนในคาบเรียนที่ต่างกัน
- (5) ครูแต่ละคน ไม่มีสอนวิชาใดชนกันในแต่ละคาบสอน
- (6) ครูแต่ละคน ไม่มีสอนติดต่อกันเกิน 2 คาบเรียน

เงื่อนไขต่าง ๆ ทั้ง 6 เงื่อนไข เป็นฟังก์ชันการตรวจสอบของ  $\text{cost}_i$  ซึ่งเป็นองค์ประกอบของฟังก์ชัน เป้าหมายสำหรับการจัดตารางสอนของ GA ซึ่งแสดงดังสมการที่ 5.2

$$\begin{aligned}
f = & w_1 \sum_{c=1}^{N_c} \sum_{p=1}^{N_p} \text{bound} \left( \sum_{s=1}^{N_{Sc}} \text{count}(s, p) \right) + w_2 \sum_{c=1}^{N_c} \sum_{p=1}^{N_p} \sum_{s=1}^{N_{Sc}} \text{adj}(s, p) + \\
& w_3 \sum_{c=1}^{N_c} \sum_{s=1}^{N_{Sc}} \text{bound} \left( \sum_{p=1}^{N_p} \text{sameday}(s, p) \right) + \\
& w_4 \sum_{g=1}^{N_g} \sum_{c=1}^{N_c} \text{bound} \left( \sum_{p=1}^{N_p} \text{group}(c, p) \right) + \\
& w_5 \sum_{t=1}^{N_t} \sum_{p=1}^{N_p} \text{bound} \left( \sum_{s=1}^{N_{St}} \text{count}(s, p) \right) + w_6 \sum_{t=1}^{N_t} \sum_{p=1}^{N_p} \sum_{s=1}^{N_{St}} \text{adj}(s, p)
\end{aligned} \tag{5.2}$$

โดยที่

$w_1$  = ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขแต่ละชั้นเรียน ไม่มีเรียนวิชาใดชนกันในแต่ละคาบเรียน

$w_2$  = ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขแต่ละชั้นเรียน ไม่เรียนวิชาเดียวกันในคาบเรียนติดกัน

$w_3$  = ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขแต่ละชั้นเรียน ไม่เรียนวิชาเดียวกันในวันเดียวกัน

$w_4$  = ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขไม่มีชั้นเรียนใดในวิชากลุ่มเรียนในคาบเรียนที่ต่างกัน

$w_5$  = ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขครูแต่ละคน ไม่มีสอนวิชาใดชนกันในแต่ละคาบสอน

$w_6$  = ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขครูแต่ละคน ไม่มีสอนติดต่อกันเกิน 2 คาบเรียน

$p$  = ลำดับคาบเรียน,  $c$  = ลำดับชั้นเรียน,  $t$  = ลำดับครู,

$s$  = ลำดับวิชา,  $g$  = ลำดับวิชากลุ่ม,

$N_p$  = จำนวนคาบเรียน,  $N_c$  = จำนวนชั้นเรียน,  $N_t$  = จำนวนครู,

$N_s$  = จำนวนวิชาเรียน,  $N_g$  = จำนวนวิชากลุ่ม,

$N_{Sc}$  = จำนวนวิชาเรียนแต่ละชั้นเรียน,

$N_{St}$  = จำนวนวิชาสอนของครูแต่ละคน

$$\text{และ } \text{bound}(x) = \begin{cases} 0 & ; x \leq 1 \\ 1 & ; \text{อื่น ๆ} \end{cases} \qquad \text{count}(x,p) = \begin{cases} 1 & ; x \text{ เกิดใน } p \\ 0 & ; \text{อื่น ๆ} \end{cases}$$

$$\text{adj}(x,p) = \begin{cases} 2 & ; x \text{ เกิดใน } p-1 \text{ และ } p+1 \\ 1 & ; x \text{ เกิดใน } p-1 \text{ หรือ } p+1 \\ 0 & ; \text{อื่น ๆ} \end{cases} \qquad \text{sameday}(x,p) = \begin{cases} 1 & ; x \text{ เกิดใน } p \text{ ในวันเดียวกัน} \\ 0 & ; \text{อื่น ๆ} \end{cases}$$

$$\text{group}(x,p) = \begin{cases} 1 & ; x \text{ ต่างจาก } p \text{ ของกลุ่ม} \\ 0 & ; \text{อื่น ๆ} \end{cases}$$

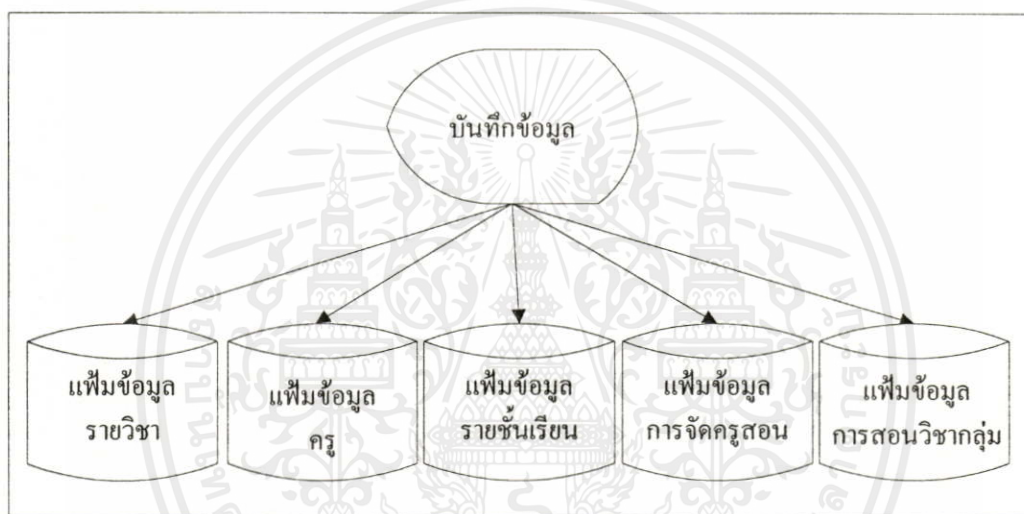
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับกรใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 ไปว่าขอรหัสใดๆที่ผู้คิดทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งเมื่อมีการนำไปใช้  
 ดังนั้นคำตอบที่ดีที่สุดของการจัดตารางสอน โดย GA คือตารางสอนที่มีค่าฟังก์ชันเป้าหมายต่ำสุด

(MIN(f))



## ข้อมูลในการจัดตารางสอน

ขั้นตอนการจัดเตรียมข้อมูลต่าง ๆ นอกเหนือจากการกำหนดฟังก์ชันเป้าหมายและรูปแบบโครโมโซมที่กล่าวมาแล้วข้างต้นนั้น สำหรับการจัดตารางสอนของโรงเรียนโดย GA จะต้องกำหนดข้อมูลต่าง ๆ ที่ใช้ในการจัดตารางสอน ซึ่งสรุปรูปแบบข้อมูลนำเข้าดังรูปที่ 5.5 จากการจัดแผนการเรียน วิชาที่จัดสอน และอัตรากำลังครูต่าง ๆ ที่ได้จากการสำรวจของโรงเรียนตัวอย่าง (โรงเรียนหอวัง) ในภาคผนวก ข. [36] [39] การจัดเตรียมข้อมูลโดยบันทึกเป็นแฟ้มข้อมูลต่าง ๆ ดังรูปที่ 5.6 เพื่อนำไปประมวลผลต่อไป ประกอบด้วย



รูปที่ 5.6 แฟ้มข้อมูลการจัดตารางสอนโดย GA

- (1) แฟ้มข้อมูลรายวิชาเรียน ประกอบด้วยข้อมูลวิชาที่จัดสอน และการจัดคาบเรียนแต่ละครั้งของแต่ละวิชา แสดง โครงสร้างและข้อมูลดังรูปที่ 5.7-a
- (2) แฟ้มข้อมูลครูผู้สอน ประกอบด้วยข้อมูลครูผู้สอนทั้งหมด ดังรูปที่ 5.7-b
- (3) แฟ้มข้อมูลการจัดการสอนรายวิชาของครูแต่ละคน ประกอบด้วยข้อมูลการจัดแบ่งคาบสอนในแต่ละชั้นเรียนของแต่ละครูผู้สอนในแต่ละวิชา ดังรูปที่ 5.7-c
- (4) แฟ้มข้อมูลรายชั้นเรียน ประกอบด้วยข้อมูลรายวิชาเรียนของแต่ละชั้นเรียน ดังรูปที่ 5.7-d
- (5) แฟ้มข้อมูลการจัดการเรียนการสอนของวิชากลุ่ม ประกอบด้วยข้อมูลที่กำหนดให้เป็นวิชากลุ่มที่จัดหลายชั้นเรียนร่วมกัน ดังรูปที่ 5.7-e ซึ่งข้อมูลการจัดการเรียนการสอนวิชากลุ่มสามารถระบุคาบเรียนที่แน่นอนให้กับวิชากลุ่มในแต่ละชั้นเรียนจะต้องเรียนร่วมกัน เพื่อช่วยให้ GA กำหนดคาบที่แน่นอนของแต่ละวิชากลุ่ม

SUBJECT FILE DATA				
-----				
#SUBJECTS = 23				
SNO.	SCODE	#TPR	#PR1-2-3-4-5-6-7-8	
1	KK	1	1	
2	NN	1	1	
3	ISR	1	1	
4	PCH	1	1	
5	T401	2	1-1	
6	S401	2	1-1	
7	P401	1	1	
8	P021	1	1	
9	V421	4	2-2	
10	V431	4	2-2	
11	V441	4	2-2	
12	V411	3	1-2	
13	PA4_1	2	2	
14	S048	2	1-1	
15	A011	4	1-1-1-1	
16	A021	3	1-1-1	
17	A031	2	1-1	
18	F011_1	1	1	
19	F011_2	2	1-1	
20	F011_3	3	1-1-1	
21	Y011	6	1-1-1-1-1-1	
22	K011	5	1-1-1-1-1	
23	SR1_2	4	2-2	

(a) เพิ่มข้อมูลรายวิชา

TEACHER FILE DATA		
-----		
#TEACHER = 53		
TNO.	TCODE	
1	T1	
2	T2	
3	T3	
4	T4	
5	T5	
6	T6	
7	T7	
8	T8	
9	T9	
10	T10	
11	T11	
12	T12	
13	T13	
14	T14	
15	T15	
16	T16	
17	T17	
18	T18	
19	T19	
20	T20	
21	T21	
22	T22	
23	T23	
24	T24	
25	T25	
26	T26	
27	T27	
28	T28	
29	T29	
30	T30	
31	T31	
32	T32	
33	T33	
34	T34	
35	T35	
36	T36	
37	T37	
38	T38	
39	T39	
40	T40	
41	T41	
42	T42	
43	T43	
44	T44	
45	T45	
46	T46	
47	T47	
48	T48	
49	T49	
50	T50	
51	T51	
52	T52	
53	T53	

(b) เพิ่มข้อมูลครู

TEACHING FILE DATA																
-----																
#TEACHING = 70																
TCODE	SNO.	SCODE	C1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
T1	5	T401	1	5	7	9	11	13								
T2	5	T401	2	3	4	6	8	10	12	14						
T3	1	KK	10													
T3	3	ISR	10													
T4	1	KK	9													
T4	3	ISR	9													
T5	16	A021	8	10	11	13	14									
T5	17	A031	1													
T6	15	A011	1	7												
T6	16	A021	9	12												
T7	15	A011	2	6	11											
T7	17	A031	7	12												
T8	15	A011	3	8	12											
T8	17	A031	4	11												
T9	15	A011	3	4	9	13										
T9	17	A031	5	10												
T10	15	A011	5	10	14											
T10	17	A031	3	8	13											
T11	1	KK	1	2												
T11	3	ISR	2													
T11	17	A031	2	6	9	14										
T12	1	KK	7													
T12	3	ISR	7													
T12	22	K011	7													
T13	22	K011	1	6	10											
T14	22	K011	2	4	8											
T15	22	K011	3	5	9											
T16	2	NN	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
T17	1	KK	1													
T17	3	ISR	1													
T17	9	V421	1	2												
T18	9	V421	3	4	5											
T19	11	V441	1	2	3	4										
T20	11	V441	5	6	7											
T21	10	V431	1	2	3											
T22	1	KK	8													
T22	3	ISR	8													
T22	12	V411	8	9	10											
T23	1	KK	6													
T23	3	ISR	6													
T23	9	V421	6	7												
T24	10	V431	4	5	6	7										
T25	12	V411	11	12	13	14										
T26	7	P401	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
T27	8	P021	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
T28	1	KK	13													
T28	3	ISR	13													
T28	18	F011_1	11	12	13											
T29	1	KK	14													
T29	3	ISR	14													
T29	21	Y011	14													
T30	1	KK	1	11												
T30	3	ISR	1	11												
T30	19	F011_2	3	11	12	13										
T31	1	KK	1	12												
T31	3	ISR	1	12												
T31	20	F011_3	3	11	12	13										
T32	14	S048	2	1	14											
T32	6	S401	2	11	13											
T33	6	S401	7	1	3	4	5	6	7	8	14					
T34	1	KK	1	3												
T34	3	ISR	1	3												
T34	14	S048	2	3	6											
T35	1	KK	1	4												
T35	3	ISR	1	4												
T35	14	S048	5	4	7	9	10	13								
T36	14	S048	5	2	5	8	11	12								
T37	1	KK	1	5												
T37	3	ISR	1	5												
T37	6	S401	5	2	5	9	10	12								

(c) เพิ่มข้อมูลการจัดครูสอน.

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่จัดทำขึ้นไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 ไม่ว่าจะในรูปแบบใดก็ตาม หากมีเหตุเปลี่ยนแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รูปที่ 5.7 โครงสร้างเพิ่มข้อมูลการจัดการการสอน โดย GA

CLASS FILE DATA														
-----														
#CLASS = 14														
CNO.	#PR	#SUB	SNO.	SCODE	CNO.	#PR	#SUB	SNO.	SCODE	CNO.	#PR	#SUB	SNO.	SCODE
1	35	15	1	KK	6	35	15	1	KK	11	36	18	1	KK
			2	NN				2	NN				2	NN
			3	ISR				3	ISR				3	ISR
			4	PCH				4	PCH				4	PCH
			5	T401				5	T401				5	T401
			6	S401				6	S401				6	S401
			7	P401				7	P401				7	P401
			8	P021				8	P021				8	P021
			9	V421				9	V421				12	V411
			10	V431				10	V431				13	PA4_1
			11	V441				11	V441				14	S048
			14	S048				14	S048				15	A011
			15	A011				15	A011				16	A021
			17	A031				17	A031				17	A031
			22	K011				22	K011				18	F011_1
													19	F011_2
													20	F011_3
													23	SR1_2
2	35	15	1	KK	7	35	15	1	KK	12	36	18	1	KK
			2	NN				2	NN				2	NN
			3	ISR				3	ISR				3	ISR
			4	PCH				4	PCH				4	PCH
			5	T401				5	T401				5	T401
			6	S401				6	S401				6	S401
			7	P401				7	P401				7	P401
			8	P021				8	P021				8	P021
			9	V421				9	V421				9	V421
			10	V431				10	V431				10	V431
			11	V441				11	V441				11	V441
			14	S048				14	S048				12	V411
			15	A011				15	A011				13	PA4_1
			17	A031				17	A031				14	S048
			22	K011				22	K011				15	A011
													16	A021
													17	A031
													18	F011_1
													19	F011_2
													20	F011_3
													23	SR1_2
3	35	15	1	KK	8	35	16	1	KK	13	36	18	1	KK
			2	NN				2	NN				2	NN
			3	ISR				3	ISR				3	ISR
			4	PCH				4	PCH				4	PCH
			5	T401				5	T401				5	T401
			6	S401				6	S401				6	S401
			7	P401				7	P401				7	P401
			8	P021				8	P021				8	P021
			9	V421				9	V421				9	V421
			10	V431				10	V431				10	V431
			11	V441				11	V441				11	V441
			14	S048				14	S048				12	V411
			15	A011				15	A011				13	PA4_1
			17	A031				17	A031				14	S048
			22	K011				22	K011				15	A011
													16	A021
													17	A031
													18	F011_1
													19	F011_2
													20	F011_3
													23	SR1_2
4	35	15	1	KK	9	35	16	1	KK	14	36	16	1	KK
			2	NN				2	NN				2	NN
			3	ISR				3	ISR				3	ISR
			4	PCH				4	PCH				4	PCH
			5	T401				5	T401				5	T401
			6	S401				6	S401				6	S401
			7	P401				7	P401				7	P401
			8	P021				8	P021				8	P021
			9	V421				9	V421				9	V421
			10	V431				10	V431				10	V431
			11	V441				11	V441				11	V441
			14	S048				14	S048				12	V411
			15	A011				15	A011				13	PA4_1
			17	A031				17	A031				14	S048
			22	K011				22	K011				15	A011
													16	A021
													17	A031
													18	F011_1
													19	F011_2
													20	F011_3
													23	SR1_2
5	35	15	1	KK	10	35	16	1	KK	15	36	16	1	KK
			2	NN				2	NN				2	NN
			3	ISR				3	ISR				3	ISR
			4	PCH				4	PCH				4	PCH
			5	T401				5	T401				5	T401
			6	S401				6	S401				6	S401
			7	P401				7	P401				7	P401
			8	P021				8	P021				8	P021
			9	V421				9	V421				9	V421
			10	V431				10	V431				10	V431
			11	V441				11	V441				11	V441
			14	S048				14	S048				12	V411
			15	A011				15	A011				13	PA4_1
			17	A031				17	A031				14	S048
			22	K011				22	K011				15	A011
													16	A021
													17	A031
													18	F011_1
													19	F011_2
													20	F011_3
													23	SR1_2

(d) เพิ่มข้อมูลชั้นเรียน

GROUP SUBJECT FILE DATA																																		
-----																																		
#GROUP SUBJECTS = 5																																		
GNO.	SNO.	CODE	FIX	PR	#C	C1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	#T	T1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	1	KK			14	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	7	11	12	17	23	34	35	37	3	4	22	28	29	30	31
2	4	PCH			14	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	7	11	12	17	23	34	35	37	3	4	22	28	29	30	31
3	13	PA4_1			7	8	9	10	11	12	13	14									6	46	49	50	51	52	53							
4	23	SR1_2			7	8	9	10	11	12	13	14									12	3	4	38	39	40	41	42	43	44	45	47	48	

(e) เพิ่มข้อมูลการจัดการสอนวิชากลุ่ม

รูปที่ 5.7 (ต่อ) โครงสร้างเพิ่มข้อมูลการจัดการตารางสอนโดย GA

## ขั้นตอนการทำงาน

- (1) ประชากรรุ่นเก่า โดยโครโมโซมในรุ่นเริ่มต้นเกิดจากการสุ่มค่าบิตที่เป็นไปได้ของแต่ละตำแหน่งบนโครโมโซม ตามการกำหนดรหัสค่าบิตของรูปแบบโครโมโซมตารางสอน
  - (2) วิเคราะห์ค่าความเหมาะสม โดยการถอดรหัสโครโมโซมตารางสอนและประมวลผลตามฟังก์ชันเป้าหมายเพื่อหาค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม
  - (3) คัดเลือก เพื่อสร้าง mating pool โดยอาศัยเทคนิคการปรับปรุงสมรรถนะ GA ที่กล่าวมาแล้วในบทที่ 4
  - (4) ดำเนินการทางพันธุศาสตร์ โดยการครอสโอเวอร์ 1 จุด และ มิวเตชันแบบตัวเลข ซึ่งประยุกต์การมิวเตชันแบบกำหนดค่าบิตที่กล่าวมาแล้วในบทที่ 2 โดยหากระบวนการสุ่มค่าบิตที่แน่นอนให้กับ วิชากลุ่มค่าบิตของตำแหน่งวิชากลุ่มบนโครโมโซม ที่เกิดมิวเตชันจะกลับค่าบิตเป็นค่าบิตเรียนที่ระบุนั้น
- ขั้นตอนต่าง ๆ จะถูกปฏิบัติซ้ำ ๆ จนกระทั่งถึงรุ่นที่มากที่สุดที่ต้องการ

## ผลลัพธ์

ผลการทดลองการจัดตารางสอนแบบอัตโนมัติของ GA กับข้อมูลของโรงเรียนตัวอย่างชั้นมัธยมศึกษาปีที่ 4 จำนวน 14 ห้อง จัดเป็น 4 แผนการเรียน (รายละเอียดในภาคผนวก ข) โดยทดสอบกับ GA พารามิเตอร์ต่าง ๆ พบว่า การกำหนด GA พารามิเตอร์ที่เหมาะสมดังนี้

- popsize = 70 ,
- อัตราการครอสโอเวอร์  $P_c = 0.7$  ,
- อัตราการมิวเตชัน  $P_m = 0.005$  ,
- วิธีการคัดเลือกโดยอ้างอิงลำดับแบบไม่เชิงเส้น ที่  $q=0.4$
- การสุ่มเป็นแบบทศนิยมไม่คืนกลับ
- รีโพรดักชันโดยรักษาสถานะคงที่แบบไม่ซ้ำ ที่  $G=0.9$

การทดลองจัดตารางสอนของ GA ตามลำดับของจำนวนข้อมูลและความซับซ้อนของข้อมูล โดยจัดเตรียมข้อมูลเป็น 3 ส่วน เพื่อทดสอบการจัดตารางสอน 3 แบบ คือ

- (1) จำนวน 7 ชั้นเรียน 1 แผนการเรียน (ห้อง 1-7) เป็นการทดลองกับข้อมูลแบบที่ทุกชั้นเรียนถูกจัดแผนการเรียนเดียวกัน ซึ่งกำหนดให้เรียนทุกวิชาที่เหมือนกัน
- (2) จำนวน 7 ชั้นเรียน 3 แผนการเรียน (ห้อง 8-14) เป็นการทดลองกับข้อมูลหลายแผนการเรียนและจำนวนชั้นเรียนจำกัดในแต่ละแผน ซึ่งกำหนดให้มีการเรียนวิชากลุ่มร่วมกัน

(3) จำนวน 14 ชั้นเรียน 4 แผนการเรียน (ห้อง 1-14) เป็นการทดลองกับข้อมูลหลายแผนการเรียนและหลายชั้นเรียน

การจัดตารางสอนของ GA ในแต่ละแบบนี้ทดสอบประมวลผลภายใต้ชุดค่าถ่วงน้ำหนักต่างๆ พบว่าการจัดตารางสอนของข้อมูลจำนวน 7 ชั้นเรียน 1 แผนการเรียน โดยกำหนด  $W1 = 0.5$ ,  $W2 = 0.2$ ,  $W3 = 0.8$ ,  $W4 = 1.0$ ,  $W5 = 0.4$  และ  $W6 = 0.2$  แล้วจะเห็นว่า GA สามารถจัดตารางสอนได้ดีที่สุดในรุ่นที่ 4000 ตามเงื่อนไขที่ต้องการ ดังรูปที่ 5.8 คือสามารถจัดชั้นเรียนทุกชั้นเรียนให้เรียนวิชากลุ่มคือวิชากิจกรรม (KK) และเข้าร่วมประชุม (PCH) พร้อมกันในวันศุกร์ (F) คาบที่ 1 และวันพฤหัสบดี (H) คาบที่ 4 ตามลำดับ และไม่มีชั้นเรียนใดเรียนวิชาเดิมในคาบติดกันเลขหรือในวันเดียวกัน ดังตารางสอนรวมของชั้นเรียนในรูปที่ 5.9 และครู (T) ลำดับที่ 9, 10, 15, 20, 26, 27 และ 29 ซึ่งกำหนดให้ร่วมคาบกิจกรรมและการประชุมพร้อมกัน ในวันจันทร์คาบที่ 7 และวันอังคารคาบที่ 5 เช่นเดียวกัน โดย GA สามารถจัดการสอนของครูที่ไม่มีวิชาใดชนกันและสอนติดต่อกันเกิน 2 คาบเลข ดังตารางสอนรวมของครูผู้สอนในรูปที่ 5.10

สำหรับการจัดตารางสอนของข้อมูลจำนวน 7 ชั้นเรียน 3 แผนการเรียน โดยกำหนด  $W1 = 0.4$ ,  $W2 = 0.1$ ,  $W3 = 0.5$ ,  $W4 = 1.0$ ,  $W5 = 0.4$  และ  $W6 = 0.1$  นั้น GA สามารถจัดตารางสอนได้ดีพอในรุ่นที่ 4000 ตามเงื่อนไขที่ต้องการ ดังรูปที่ 5.11 คือสามารถจัดชั้นเรียนทุกชั้นเรียนให้เรียนวิชากลุ่มคือวิชากิจกรรม (KK) และเข้าร่วมประชุม (PCH) พร้อมกันในวันจันทร์ (M) คาบที่ 7 และวันพฤหัสบดีคาบที่ 7 ตามลำดับ สำหรับวิชากลุ่มพื้นฐานอาชีพ (PA4\_1) จัดให้เรียนพร้อมกันในวันพุธ (W) คาบที่ 1,2 และวิชาเลือกเสรีจัดให้เรียนในวันอังคาร (T) คาบที่ 5,6 กับวันพุธคาบที่ 2,3 จะเห็นตารางสอนของ GA จัดให้ไม่มีชั้นเรียนใดเรียนวิชาเดียวกันในคาบติดกันเลข แต่ชั้นเรียนห้องที่ 7 จะต้องเรียนวิชาภาษาเยอรมัน (Y011) ในวันพุธ 2 ครั้งคือ คาบที่ 4 และ 5 ซึ่งเป็นเงื่อนไขที่มีความยืดหยุ่นยอมรับได้เนื่องจากระหว่างคาบที่ 4 และ 5 คือคาบพักกลางวัน ดังตารางสอนรวมของชั้นเรียนในรูปที่ 5.12 และตารางสอนสำหรับครู (T) ลำดับที่ 3, 4, 16, 20, 21, 22 และ 23 ซึ่งกำหนดให้ร่วมคาบกิจกรรมและการประชุมพร้อมกัน ในวันจันทร์คาบที่ 7 และวันพฤหัสบดีคาบที่ 7 เช่นเดียวกัน โดย GA สามารถจัดการสอนของครูที่ไม่มีวิชาใดชนกันและสอนติดต่อกันเกิน 2 คาบเลข ดังตารางสอนรวมของครูผู้สอนในรูปที่ 5.13

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

GA Parameters													
Maximum # of generation (maxgen)	=	5000											
Population size (popsize)	=	70											
Chromosome length (lchrom)	=	203											
Type of selection (ttypselect)	=	RANK											
Type of ranking (typrank)	=	NONLINEAR											
Ranking constant (crank)	=	0.400000											
Type of sampling (ttypsample)	=	SR.W/O											
Prob. of crossover (pcross)	=	0.700000											
Prob. of mutation (pmutate)	=	0.005000											
#Point of crossover (ptcrs)	=	1											
Generation Gap (gengap)	=	0.900000											
Type of reproduction (ttypstate)	=	SSwoDUP											
Elitist (elitist)	=	WITH											
Time Table Parameters													
# Class (numclass)	=	7											
# Subject (numsubj)	=	15											
# Teacher (numteacher)	=	29											
# Group class cond. (numtgclass)	=	2											
# Teaching cond. (numttclass)	=	47											
gen	best	w1	CcrashPR	w2	CuseADJSUBJ	w3	CuseSDAYSUBJ	w4	GSnotsamePR	w5	TcrashPR	w6	TovrADJPR
0	138.4000	0.5x	149	0.2x	14	0.8x	48	1.0x	10	0.4000x	64	0.2x	44
1000	8.2000	0.5x	4	0.2x	0	0.8x	4	1.0x	2	0.4000x	0	0.2x	0
2000	4.4000	0.5x	0	0.2x	0	0.8x	3	1.0x	1	0.4000x	0	0.2x	0
3000	2.6000	0.5x	0	0.2x	0	0.8x	1	1.0x	0	0.4000x	2	0.2x	0
4000	1.0000	0.5x	0	0.2x	0	0.8x	0	1.0x	0	0.4000x	0	0.2x	0

รูปที่ 5.8 ผลการจัดตารางสอน 7 ชั้นเรียน 1 แผนการเรียน โดยสรุปของ GA

DAY	PR	CLASS						
		1	2	3	4	5	6	7
M	1	A031	S401	NN	S401	T401	T401	V441*
	2	S401	K011	V421*	S048	K011	A011	V441*
	3	A011	V431*	V421*	P021	V431*	P401	K011
	4	P021	V431*	K011	T401	V431*	NN	A011
	5	K011	V441*	A011	A011	A011	V421*	P021
	6	T401	V441*	V431*	K011	S048	V421*	V431*
	7	ISR	A011	V431*	A031	S401	K011	V431*
	8							
T	1	V441*	S048	A011	V421*	K011	A011	A011
	2	V441*	K011	A031	V421*	V441*	V421*	K011
	3	A011	V431*	P401	S401	V441*	V421*	S048
	4	P401	V431*	T401	A011	A011	K011	S401
	5	K011	P401	K011	ISR	ISR	S401	V441*
	6	V421*	A011	V431*	K011	A031	V431*	V441*
	7	V421*	A031	V431*	S048	NN	V431*	ISR
	8							
W	1	K011	ISR	K011	V441*	V441*	K011	T401
	2	S048	V421*	A011	V441*	V441*	T401	S048
	3	V431*	V421*	A031	P401	V421*	S048	K011
	4	V431*	A011	S401	K011	V421*	P021	NN
	5	A011	T401	S048	V431*	T401	A011	P401
	6	V441*	K011	V421*	V431*	S401	V441*	V421*
	7	V441*	S048	V421*	NN	K011	V441*	V421*
	8							
H	1	A011	V421*	K011	V441*	P021	S048	T401
	2	V431*	V421*	S048	V441*	K011	V431*	K011
	3	V431*	K011	S401	A011	A011	V431*	A031
	4	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH
	5	S401	P021	A011	K011	P401	A031	V421*
	6	K011	A011	V441*	V431*	V421*	K011	V421*
	7	T401	T401	V441*	V431*	V421*	S401	A011
	8							
F	1	KK	KK	KK	KK	KK	KK	KK
	2	K011	V441*	P021	K011	V431*	V441*	S401
	3	NN	V441*	ISR	V421*	V431*	V441*	A031
	4	A031	A031	T401	V421*	S048	ISR	K011
	5	S048	K011	K011	T401	A011	A031	A011
	6	V421*	NN	V441*	A031	A031	K011	V431*
	7	V421*	S401	V441*	A011	K011	A011	V431*
	8							

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รูปที่ 5.9 ผลลัพธ์ตารางสอนรวมของ 7 ชั้นเรียน 1 แผนการเรียน

DAY	PR	TEACHER NO.														
		T1	T2	T3	T4	T5	T6	T7	T8	T9	T10	T11	T12	T13	T14	T15
M	1	T401 (5)	T401 (6)	A031 (1)											NN (3)	
	2					A011 (6)							K011 (2)	K011 (5)		
	3				A011 (1)						K011 (7)					
	4		T401 (4)		A011 (7)							K011 (1)		K011 (3)	NN (6)	
	5					A011 (3)	A011 (4)	A011 (5)					K011 (4)			
	6	T401 (1)				A011 (2)	A031 (4)									ISR (1)
	7															
	8				A011 (7)	A011 (6)	A011 (3)							K011 (5)		
T	1								A031 (3)		K011 (7)					
	2				A011 (1)											
	3		T401 (3)					A011 (4)	A011 (5)							
	4										K011 (1)					
	5					A011 (2)		A031 (5)		A031 (2)	ISR (7)		K011 (4)		V421* (1)	
	6														V421* (1)	
	7									ISR (2)		K011 (1)				
	8	T401 (7)												K011 (3)		
W	1															
	2		T401 (6)													V421* (2)
	3						A011 (3)		A031 (3)							V421* (2)
	4					A011 (2)					K011 (7)		K011 (4)		NN (7)	
	5	T401 (5)	T401 (2)		A011 (1)	A011 (6)										
	6															
	7															
	8															
H	1	T401 (7)			A011 (1)											
	2															
	3															
	4															
	5	T401 (5)	T401 (2)		A011 (1)	A011 (6)										
	6															
	7															
	8															
H	1	T401 (7)			A011 (1)											
	2															
	3															
	4															
	5															
	6															
	7	T401 (1)	T401 (2)		A011 (7)											
	8															
F	1															
	2															
	3															
	4		T401 (3)	A031 (1)						A031 (2)	K011 (7)				NN (1)	
	5		T401 (4)		A011 (7)				A011 (5)	A031 (6)			K011 (2)	K011 (3)		
	6															V421* (1)
	7						A031 (4)	A031 (5)								V421* (1)
	8					A011 (6)		A011 (4)								

รูปที่ 5.10 ผลลัพธ์ตารางสอนรวมครูของ 7 ชั้นเรียน 1 แผนการเรียน

DAY	TEACHER NO.															
	PR	T16	T17	T18	T19	T20	T21	T22	T23	T24	T25	T26	T27	T28	T29	
M	1			V441* (7)								S401 (4)			T29	
	2	V421* (3)		V441* (7)								S401 (1)	S048 (4)		S401 (2)	
	3	V421* (3)		V431* (2)	V431* (2)		V431* (5)	P401 (6)	P021 (4)							
	4			V431* (2)	V431* (2)		V431* (5)		P021 (1)							
	5		V441* (2)			V421* (6)			P021 (7)					S048 (5)		
	6		V441* (2)			V421* (6)										S401 (5)
	7					V431* (3)	V431* (7)									
	8					V431* (3)	V431* (7)									
T	1	V421* (4)	V441* (1)												S048 (2)	
	2	V421* (4)	V441* (1)	V441* (5)		V421* (6)					S401 (4)		S048 (7)			
	3			V441* (5)	V431* (2)	V421* (6)		P401 (3)			S401 (7)					
	4				V431* (2)			P401 (1)			S401 (6)					ISR (5)
	5			V441* (7)			V431* (6)	P401 (2)					ISR (4)			
	6			V441* (7)			V431* (6)						S048 (4)			
	7					V431* (3)										
	8					V431* (3)										
W	1		V441* (4)	V441* (5)												
	2		V441* (4)	V441* (5)				P401 (4)		S048 (1)			S048 (7)			
	3	V421* (5)			V431* (1)			P401 (4)				S048 (6)				
	4	V421* (5)			V431* (1)				P021 (6)		S401 (3)					
	5						V431* (4)	P401 (7)				S048 (3)				S401 (5)
	6	V421* (3)	V441* (1)	V441* (6)		V421* (7)	V431* (4)									
	7	V421* (3)	V441* (1)	V441* (6)		V421* (7)								S048 (2)		
	8															
H	1		V441* (4)													
	2		V441* (4)			V431* (1)										
	3				V431* (1)		V431* (6)									
	4				V431* (1)		V431* (6)									
	5															
	6	V421* (5)	V441* (3)													
	7	V421* (5)	V441* (3)				V421* (7)	P401 (5)								
	8															
F	1															
	2		V441* (2)	V441* (6)												
	3	V421* (4)	V441* (2)	V441* (6)			V431* (5)		P021 (3)		S401 (7)					
	4	V421* (4)					V431* (5)									
	5															
	6		V441* (3)													
	7		V441* (3)													
	8															

รูปที่ 5.10 (ต่อ) ผลลัพธ์ตารางสอนรวมครูของ 7 ชั้นเรียน 1 แผนการเรียน

## GA Parameters

```

-----
Maximum # of generation (maxgen)      = 5000
Population size (popsize)              = 70
Chromosome length (lchrom)             = 221
Type of selection (ttypelect)          = RANK
Type of ranking (typrank)              = NONLINEAR
Ranking constant (crank)               = 0.400000
Type of sampling (ttysample)           = SR,W/O
Prob. of crossover (pcross)            = 0.700000
Prob. of mutation (pmutate)            = 0.005000
#Point of crossover (ptcrs)            = 1
Generation Gap (gengap)                = 0.900000
Type of reproduction (typsstate)       = SSWoDUP
Elitist (elitist)                      = WITH

```

## Time Table Parameters

```

-----
# Class (numclass)                     = 7
# Subject (numsubj)                    = 20
# Teacher (numteacher)                  = 44
# Group class cond. (numtgclass)        = 4
# Teaching cond. (numttclass)           = 43

```

```

gen  best  w1  CcrashPR  w2  CuseADJSUBJ  w3  CuseSDAYSUBJ  w4  GSnotsamePR  w5  TcrashPR  w6  TovrADJPR
0  153.3000  0.4x  152  0.1x  15  0.5x  36  1.0x  26  0.4x  116  0.1x  300
1000  9.7000  0.4x  4  0.1x  0  0.5x  3  1.0x  5  0.4x  0  0.1x  6
2000  5.0000  0.4x  0  0.1x  0  0.5x  2  1.0x  3  0.4x  0  0.1x  0
3000  2.5000  0.4x  0  0.1x  0  0.5x  1  1.0x  1  0.4x  0  0.1x  0
4000  1.5000  0.4x  0  0.1x  0  0.5x  1  1.0x  0  0.4x  0  0.1x  0
4985  1.5000  0.4x  0  0.1x  0  0.5x  1  1.0x  0  0.4x  0  0.1x  0

```

รูปที่ 5.11 ผลการจัดตารางสอน 7 ชั้นเรียน 3 แผนการเรียน โดยสรุปของ GA

DAY	PR	CLASS						
		1	2	3	4	5	6	7
M	1	K011	T401	T401	F011 3	NN	A021	Y011
	2	A011	K011	A011	V411*	S401	F011 2	A031
	3	V411*	ISR	A021	V411*	A011	S048	S048
	4	V411*	A011	K011	A011	F011 2	P021	S401
	5	ISR	A021	A031	A021	S048	T401	P401
	6	T401	A031	P021	F011 2	F011 3	A011	A011
	7	KK	KK	KK	KK	KK	KK	KK
	8				S048	A021	S401	A021
T	1	A031	V411*	P401	A011	F011 3	A021	ISR
	2	K011	V411*	S401	F011 3	A021	V411*	Y011
	3	A011	K011	K011	S401	S048	V411*	A011
	4	P021	S401	A011	F011 1	A011	A011	T401
	5	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*
	6	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*
	7	S401	A021	A031	P021	V411	F011 1	S048
	8							
W	1	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*
	2	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*
	3	K011	A031	S401	T401	A031	S401	NN
	4	T401	S048	A021	A011	F011 3	T401	Y011
	5	A021	NN	A011	S401	V411*	A011	Y011
	6	A011	K011	K011	S048	V411*	F011 2	A011
	7	P401	A011	S048	F011 2	T401	F011 3	P021
	8							
H	1	A021	S048	A011	A031	P401	F011 3	Y011
	2	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*
	3	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*
	4	S401	A011	K011	NN	F011 1	V411	A021
	5	K011	K011	V411*	A021	A011	S048	V411*
	6	S048	P401	V411*	F011 3	F011 2	A031	V411*
	7	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH
	8							
F	1	V411	A011	K011	ISR	A011	NN	A021
	2	A021	P021	V411	V411	A021	A031	S401
	3	K011	S401	ISR	P401	P021	ISR	A031
	4	NN	T401	T401	A021	A031	A011	V411
	5	A011	V411	NN	T401	T401	A021	Y011
	6	A031	K011	A021	A011	S401	F011 3	T401
	7	S048	A021	S048	A031	ISR	P401	A011
	8							

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่วางพิมพ์โดยระบบอัตโนมัติ ไม่ควรแก้ไขหรือเปลี่ยนแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รูปที่ 5.12 ผลลัพธ์ตารางสอนรวมของ 7 ชั้นเรียน 3 แผนการเรียน

DAY	PR	TEACHER NO.																		
		T1	T2	T3	T4	T5	T6	T7	T8	T9	T10	T11	T12	T13	T14					
M	1	T401 (2)	T401 (3)			A021 (6)				A011 (1)				A011 (3)	A031 (7)		K011 (1)		K011 (2)	
	2				ISR (2)	A021 (3)		A011 (4)		A011 (5)										
	3																			
	4																			
	5	T401 (6)				A021 (4)	A021 (2)			A011 (2)										
	6		T401 (1)													A031 (3)				
	7				KK (3)	KK (2)										A011 (6)				A031 (2)
T	1					A021 (7)	A021 (5)													
	2					A021 (6)		A011 (4)												A031 (1)
	3						A021 (5)													
	4		T401 (7)							A011 (1)										A011 (7)
	5									A011 (5)										A011 (3)
	6			SRI 2*																
	7			SRI 2*																
	8									A021 (2)										
W	1																			
	2																			
	3	T401 (4)								A031 (5)										
	4	T401 (6)	T401 (1)			A021 (3)		A011 (4)												A031 (2)
	5					A021 (1)														
	6																			
	7		T401 (5)																	
	8																			
H	1					A021 (1)														
	2																			
	3			SRI 2*																
	4			SRI 2*																
	5					A021 (7)														
	6					A021 (4)														
	7																			
	8																			
F	1																			
	2																			
	3																			
	4	T401 (2)	T401 (3)																	
	5	T401 (4)	T401 (5)			A021 (6)		A031 (5)												
	6		T401 (7)			A021 (3)		A011 (4)												
	7																			
	8																			

รูปที่ 5.13 ผลลัพธ์ตารางสอนรวมครูของ 7 ชั้นเรียน 3 แผนการเรียน

เอกสารนี้เป็นลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยราชภัฏวไลยอลงกรณ์ จังหวัดปทุมธานี การนำเอกสารนี้ไปใช้โดยไม่ได้รับอนุญาตถือว่าผิดกฎหมาย

DAY	PR	TEACHER NO.													
		T15	T16	T17	T18	T19	T20	T21	T22	T23	T24	T25	T26	T27	T28
M	1	NN (5)								F011_3 (4)					
	2		V411* (4)					Y011 (7)	F011_2 (6)						
	3		V411* (1)	V411* (4)							S048 (7)		S048 (6)		S401 (5)
	4		V411* (1)			P021 (6)			F011_2 (5)			S401 (7)		S048 (5)	
	5		ISR (1)		P401 (7)	P021 (3)			F011_2 (4)						
	6								KK (4)	KK (5)					
	7		KK (1)				KK (6)	KK (7)			S401 (6)			S048 (4)	
	8														
T	1		V411* (2)	V411* (6)	P401 (3)			ISR (7)		F011_3 (5)					
	2		V411* (2)	V411* (6)				Y011 (7)		F011_3 (4)					S401 (3)
	3			V411* (6)							S401 (4)		S048 (5)		
	4					P021 (1)	F011_1 (4)								S401 (2)
	5														
	6														
	7			V411 (5)		P021 (4)	F011_1 (6)				S048 (7)	S401 (1)			
	8														
W	1														
	2														
	3	NN (7)									S401 (6)		S048 (2)		S401 (3)
	4							Y011 (7)		F011_3 (5)					
	5	NN (2)		V411* (5)				Y011 (7)			S401 (4)				
	6			V411* (5)					F011_2 (6)				S048 (3)	S048 (4)	
	7				P401 (1)	P021 (7)			F011_2 (4)	F011_3 (6)			S048 (2)		
	8							Y011 (7)		F011_3 (6)					
H	1				P401 (5)										
	2														
	3														
	4	NN (4)		V411 (6)			F011_1 (5)					S401 (1)			
	5		V411* (3)	V411* (7)									S048 (6)		
	6		V411* (3)	V411* (7)	P401 (2)				F011_2 (5)	F011_3 (4)				S048 (1)	
	7		PCH (1)				PCH (6)	PCH (7)	PCH (4)	PCH (5)					
	8								ISR (4)						
F	1	NN (6)	V411 (1)	V411 (4)											
	2		V411			P021 (2)						S401 (7)			
	3				P401 (4)	P021 (5)	ISR (6)								S401 (2)
	4	NN (1)		V411 (7)											
	5	NN (3)	V411 (2)					Y011 (7)							
	6									F011_3 (6)			S048 (3)	S048 (1)	S401 (5)
	7				P401 (6)					ISR (5)					
	8														

## รูปที่ 5.13 (ต่อ) ผลลัพธ์ตารางสอนรวมครูของ 7 ชั้นเรียน 3 แผนการเรียน

DAY	PR	TEACHER NO.															
		T29	T30	T31	T32	T33	T34	T35	T36	T37	T38	T39	T40	T41	T42	T43	T44
M	1																
M	2																
M	3																
M	4																
M	5																
M	6																
M	7																
M	8																
T	1																
T	2																
T	3																
T	4																
T	5	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*
T	6	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*
T	7																
T	8																
W	1																
W	2																
W	3																
W	4																
W	5																
W	6																
W	7																
W	8																
H	1																
H	2	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*
H	3	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*
H	4																
H	5																
H	6																
H	7																
H	8																
F	1																
F	2																
F	3																
F	4																
F	5																
F	6																
F	7																
F	8																

รูปที่ 5.13 (ต่อ) ผลลัพธ์ตารางสอนรวมครูของ 7 ชั้นเรียน 3 แผนการเรียน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าธนบุรี ห้ามมิให้คัดลอกหรือเผยแพร่โดยไม่ได้รับอนุญาต  
 ไม่ว่าการพิมพ์ใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอกเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้  
 ปรึกษาขอข้อมูลเพิ่มเติมได้ที่ โทร. 02-214-9434 หรือ e-mail: library@kmutt.ac.th

ผลการจัดตารางสอน 2 แบบข้างต้น จะเห็นว่า GA สามารถจัดคาบเรียนวิชากลุ่ม ที่จะต้องกำหนดให้เรียนตรงกันทุกชั้นเรียนได้ แต่โดยทั่วไปแล้วคาบเรียนของวิชากลุ่ม มักจะถูกกำหนดตายตัวไว้ก่อนเพื่อความสะดวกในการจัดตารางสอนในกรณีที่จะต้องจัดวิชากลุ่มหลายชั้นเรียนรวมกันมาก ๆ ดังนั้นจึงต้องกำหนดข้อมูลคาบที่แน่นอน ให้กับวิชากลุ่มสำหรับการจัดตารางสอนของ GA เพื่อให้ GA จัดตารางสอนคาบวิชากลุ่มได้ตรงตามที่ต้องการ ดังรูปที่ 5.14 แสดงการกำหนดคาบวิชากลุ่มสำหรับการจัดตารางสอน 14 ชั้นเรียน 4 แผนการเรียน โดยวิชากิจกรรมเป็นวันศุกร์คาบที่ 7 การประชุมเป็นวันพฤหัสบดีคาบที่ 7 วิชาพื้นฐานอาชีพเป็นวันพุธคาบที่ 6,7 และวิชาเลือกเป็นวันอังคารคาบที่ 6,7 และวันจันทร์คาบที่ 6,7 โดยกำหนด  $W1 = 0.4$ ,  $W2 = 0.1$ ,  $W3 = 0.8$ ,  $W5 = 0.5$  และ  $W6 = 0.2$  ส่วน  $W4$  นั้นเป็นค่าถ่วงน้ำหนักสำหรับการตรวจสอบคาบเรียนวิชากลุ่มจึงไม่ต้องกำหนด เพราะการกำหนดคาบที่แน่นอนของวิชากลุ่มนั้นจะทำให้ GA สร้างชุดโครโมโซมที่ค่าบิตของวิชากลุ่มเป็นคาบเรียนที่ระบุตามต้องการ ผลลัพธ์การจัดตารางสอนของ GA ในรุ่นที่ 4500 ดังรูปที่ 5.11 นั้น GA สามารถจัดตารางสอนได้คาบเรียนวิชากลุ่มทุกวิชาตรงตามที่กำหนดที่ต้องการทุกวิชา และไม่มีชั้นเรียนใดเรียนวิชาเดียวกันในคาบติดกันเลย แต่ชั้นเรียนห้องที่ 14 จะต้องเรียนวิชาภาษาเยอรมัน (Y011) ในวันศุกร์ 2 ครั้งคือ คาบที่ 1 และ 6 ซึ่งในทางปฏิบัติจริงสามารถยืดหยุ่นยอมรับได้ ดังตารางสอนรวมของชั้นเรียนในรูปที่ 5.12 และตารางสอนสำหรับครู (T) ลำดับที่ 3, 4, 11, 12, 17, 22, 23, 28, 29, 30, 31, 34, 35 และ 37 ซึ่งกำหนดให้ร่วมคาบกิจกรรมและการประชุมพร้อมกัน เช่นเดียวกัน โดย GA สามารถจัดการสอนของครูที่ไม่มีวิชาใดชนกันแต่ครูลำดับที่ 15 และ 22 จะต้องสอน 3 คาบติดกันต่อสัปดาห์ ซึ่งในทางปฏิบัติจริงสามารถยืดหยุ่นได้เช่นกัน ดังตารางสอนรวมของครูผู้สอนในรูปที่ 5.13

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## GROUP SUBJECT FILE DATA

#GROUP SUBJECTS =

4

GNO.	SNO.	CODE	FIX	PR	#C	C1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	#T	T1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	1	KK	F7		14	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	7	11	12	17	23	34	35	37	3	4	22	28	29	30	31
2	4	PCH	H7		14	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	7	11	12	17	23	34	35	37	3	4	22	28	29	30	31
3	13	PA4_1	W6W7		7	8	9	10	11	12	13	14								6	46	49	50	51	52	53								
4	23	SR1_2	T6T7	M6M7	7	8	9	10	11	12	13	14								12	3	4	38	39	40	41	42	43	44	45	47	48		

รูปที่ 5.14 รูปแบบการกำหนดข้อมูลการเรียนการสอนวิชากลุ่มของ 14 ชั้นเรียน 4 แผนการเรียน

## GA Parameters

```

Maximum # of generation (maxgen) = 5000
Population size (popsize) = 70
Chromosome length (lchrom) = 424
Type of selection (ttypelect) = RANK
Type of ranking (typrank) = NONLINEAR
Ranking constant (crank) = 0.400000
Type of sampling (ttypeample) = SR.W/O
Prob. of crossover (pcross) = 0.700000
Prob. of mutation (pmutate) = 0.005000
#Point of crossover (ptcrs) = 1
Generation Gap (gengap) = 0.900000
Type of reproduction (ttypestate) = SSWoDUP
Elitist (elitist) = WITH

```

## Time Table Parameters

```

# Class (numclass) = 14
# Subject (numsubj) = 23
# Teacher (numteacher) = 53
# Group Subject (numgcsbj) = 4
# Teaching (numttclass) = 56

```

gen	best	w1	CcrashPR	w2	CuseADJSUBJ	w3	CuseSDAYSUBJ	w4	GSnotsamePR	w5	TcrashPR	w6	TovrADJPR
0	232.8000	0.40x	313	0.1000x	25	0.80x	59		0.50x	119	0.20x	127	
500	24.6000	0.40x	54	0.1000x	0	0.80x	1		0.50x	0	0.20x	6	
1000	17.0000	0.40x	35	0.1000x	0	0.80x	1		0.50x	0	0.20x	6	
1500	12.6000	0.40x	24	0.1000x	0	0.80x	1		0.50x	0	0.20x	6	
2000	10.4000	0.40x	20	0.1000x	0	0.80x	1		0.50x	0	0.20x	3	
2500	8.8000	0.40x	16	0.1000x	0	0.80x	1		0.50x	0	0.20x	3	
3000	6.4000	0.40x	10	0.1000x	0	0.80x	1		0.50x	0	0.20x	3	
3500	4.8000	0.40x	6	0.1000x	0	0.80x	1		0.50x	0	0.20x	3	
4000	3.8000	0.40x	2	0.1000x	0	0.80x	1		0.50x	0	0.20x	6	
4500	3.0000	0.40x	0	0.1000x	0	0.80x	1		0.50x	0	0.20x	6	
5000	3.0000	0.40x	0	0.1000x	0	0.80x	1		0.50x	0	0.20x	6	

รูปที่ 5.15 ผลการจัดตารางสอน 14 ชั้นเรียน 4 แผนการเรียน โดยสรุปของ GA

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

DAY	PR	CLASS														
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	
M	1	A031	T401	S048	K011	V431*	P401	S048	A031	V411*	K011	V411	A031	F011 2	Y011	
	2	T401	K011	K011	P401	V431*	K011	V421*	A011	V411*	A011	S401	F011 3	P021	NN	
	3	S048	V421*	V421*	V441*	V441*	S048	V421*	P021	K011	T401	A031	S048	NN	V411	
	4	K011	V421*	V421*	V441*	V441*	A031	K011	K011	A021	S401	A011	V411	A021	A011	
	5	A011	V431*	T401	A011	ISR	A011	V441*	S048	S048	A021	T401	P021	P401	S048	
	6	V421*	V431*	ISR	S401	A011	T401	V441*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*
	7	V421*	A011	A011	P021	K011	NN	A011	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*
	8												A021	S401	A011	S401
T	1	A011	K011	A011	A011	A011	S401	V431*	A021	S401	K011	NN	T401	F011 3	P021	
	2	S048	A011	V441*	V421*	V441*	V421*	V431*	T401	K011	A031	T401	S048	V411*	P401	
	3	V431*	ISR	V441*	V421*	V441*	V421*	A031	K011	P021	S401	A021	A021	V411*	A011	
	4	V431*	A031	K011	T401	S401	K011	S401	A011	A011	A011	F011 3	F011 1	T401	A021	
	5	K011	V431*	V421*	K011	A031	A011	A011	P401	T401	S048	P021	A011	A021	Y011	
	6	V421*	V431*	V421*	V441*	NN	V441*	T401	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*
	7	V421*	S401	A031	V441*	K011	V441*	K011	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*	SRI 2*
	8															
W	1	A011	K011	K011	S048	A011	V421*	V441*	A011	A031	K011	A011	F011 3	S401	T401	
	2	V441*	V421*	T401	V431*	P021	V421*	V441*	A021	K011	P401	S048	V411*	A011	Y011	
	3	V441*	V421*	V431*	V431*	V421*	K011	A031	K011	A011	A011	F011 1	V411*	F011 2	S401	
	4	K011	P021	V431*	S401	V421*	S048	K011	NN	V411	T401	F011 2	A011	S048	A011	
	5	V431*	V441*	A011	K011	K011	T401	V431*	S401	A021	NN	A021	A031	A031	A031	
	6	V431*	V441*	S401	ISR	A031	ISR	V431*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*
	7	NN	S048	P401	A031	T401	A011	A011	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*	PA4 1*
	8															
H	1	P401	A011	A031	A011	S401	V441*	P021	K011	A031	S048	F011 3	F011 2	V411	A021	
	2	P021	K011	V441*	V431*	S048	V441*	A011	A011	S048	A021	A011	P401	A011	A031	
	3	S401	NN	V441*	V431*	V421*	K011	ISR	ISR	K011	A011	V411*	S401	F011 1	ISR	
	4	K011	P401	S048	K011	V421*	A011	T401	A021	S401	V411	V411*	A011	F011 3	T401	
	5	A031	V441*	NN	V421*	K011	V431*	K011	V411	A011	K011	P401	F011 3	S048	Y011	
	6	ISR	V441*	K011	V421*	A011	V431*	P401	S401	T401	A031	F011 2	A021	A021	S048	
	7	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH	PCH
	8															
F	1	A011	K011	A011	A011	S048	K011	K011	T401	ISR	V411*	A011	NN	A031	Y011	
	2	V441*	S048	S401	T401	T401	P021	S048	A031	K011	V411*	ISR	A021	ISR	A021	
	3	V441*	A011	P021	A031	K011	V431*	V421*	K011	NN	A021	S401	ISR	A011	V411*	
	4	S401	A031	K011	NN	P401	V431*	V421*	S048	A021	K011	A031	T401	F011 3	V411*	
	5	K011	S401	V431*	S048	V431*	A031	S401	V411*	A011	P021	F011 3	A011	T401	A011	
	6	T401	T401	V431*	K011	V431*	S401	NN	V411*	P401	ISR	S048	F011 2	S401	Y011	
	7	KK	KK	KK	KK	KK	KK	KK	KK	KK	KK	KK	KK	KK	KK	KK
	8															

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับบรรจุงานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น  
รูปที่ 5.16 ผลลัพธ์ตารางสอนรวมของ 14 ชั้นเรียน 4 แผนการเรียน

DAY	PR	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
M	1		T401 (2)			A031 (1)		A031 (12)			A031 (8)			K011 (10)
	2	T401 (1)							A011 (8)		A011 (10)			K011 (6)
	3		T401 (10)						A031 (11)					
	4					A021 (13)	A021 (9)	A011 (11)			A011 (14)	A031 (6)	K011 (7)	K011 (1)
	5	T401 (11)				A021 (10)	A011 (1)	A011 (6)		A011 (4)				
	6	T401 (6)		SRI_2*				A011 (7)	A011 (2)			A011 (5)		
	7			SRI_2*										
	8						A021 (11)			A011 (3)	A011 (13)			
T	1	T401 (11)	T401 (12)			A021 (8)	A011 (1)		A011 (3)	A011 (4)	A011 (5)			
	2	T401 (11)	T401 (8)					A011 (2)		A031 (10)				
	3					A021 (11)	A021 (12)	A031 (7)			A011 (14)	ISR (2)		
	4	T401 (13)				A021 (14)		A011 (8)		A011 (9)	A011 (10)	A031 (2)		K011 (6)
	5	T401 (9)	T401 (4)			A021 (13)	A011 (7)		A011 (6)	A011 (12)	A031 (5)			K011 (1)
	6	T401 (7)		SRI_2*										
	7			SRI_2*								A031 (3)		
	8													K011 (7)
W	1		T401 (14)				A011 (1)	A011 (11)	A011 (8)		A011 (5)	A031 (9)		K011 (10)
	2		T401 (3)			A021 (8)			A011 (7)	A011 (13)				
	3							A031 (7)		A011 (9)	A011 (10)			K011 (6)
	4		T401 (10)						A011 (12)		A011 (14)		K011 (7)	K011 (1)
	5		T401 (6)			A021 (11)	A021 (9)	A031 (12)	A011 (3)		A031 (13)	A031 (14)		
	6									A031 (5)				
	7	T401 (5)					A011 (7)	A011 (6)	A031 (4)					
	8													
H	1					A021 (14)		A011 (2)		A011 (4)	A031 (3)	A031 (9)		
	2					A021 (10)	A011 (7)	A011 (11)	A011 (8)	A011 (13)		A031 (14)		
	3										A011 (10)			
	4	T401 (7)	T401 (14)			A021 (8)		A011 (6)					ISR (7)	K011 (6)
	5					A031 (1)			A011 (12)	A011 (9)				K011 (1)
	6	T401 (9)				A021 (13)	A021 (12)			A031 (10)	A011 (5)			K011 (10)
	7			PCH (10)	PCH (9)							PCH (2)		
	8													
F	1		T401 (8)				A011 (1)	A011 (11)	A011 (3)	A011 (4)	A031 (13)			K011 (6)
	2	T401 (5)	T401 (4)			A021 (14)	A021 (12)				A031 (8)			
	3					A021 (10)		A011 (2)	A031 (4)	A011 (13)				
	4	T401 (13)					A021 (9)		A031 (11)			A031 (2)		K011 (10)
	5	T401 (13)							A011 (12)	A011 (9)	A011 (14)	A031 (6)		K011 (1)
	6	T401 (1)	T401 (2)											
	7			ISR (10)	KK (9)							KK (2)		
	8			KK (10)									KK (7)	

รูปที่ 5.17 ผลลัพธ์ตารางสอนรวมครูของ 7 ชั้นเรียน 4 แผนการเรียน

DAY	PR	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
M	1	K011 (4)								V411* (9)		V431* (5)	V411 (11)	P401 (6)
	2	K011 (2)	K011 (3)	NN (14)						V411* (9)	V421* (7)	V431* (5)		P401 (4)
	3	K011 (8)		NN (13)	V421* (2)	V421* (3)	V441* (4)	V441* (5)				V421* (7)	V411 (14)	
	4	K011 (8)			V421* (2)	V421* (3)	V441* (4)	V441* (5)					V411 (12)	
	5				V421* (1)				V431* (2)					P401 (13)
	6				V421* (1)				V431* (2)					
	7		K011 (5)	NN (6)										
	8													
T	1	K011 (2)		NN (11)								V431* (7)		
	2		K011 (9)		V421* (4)	V421* (4)	V441* (3)	V441* (5)			V421* (6)	V431* (7)	V411* (13)	P401 (14)
	3	K011 (8)			V421* (4)		V441* (3)	V441* (5)	V431* (1)		V421*		V411* (13)	
	4		K011 (3)						V431* (1)					
	5	K011 (4)			V421* (3)				V431* (2)					P401 (8)
	6			NN (5)	V421* (1)	V421* (3)	V441* (4)	V441* (6)						
	7		K011 (5)		V421* (1)		V441* (4)	V441* (6)						
	8													
W	1	K011 (2)	K011 (3)					V441* (7)			V421* (6)			
	2		K011 (9)		V421* (2)		V441* (1)	V441* (7)			V421* (6)	V431* (4)	V411* (12)	P401 (10)
	3	K011 (8)			V421* (2)	V421* (5)	V441* (1)		V431* (3)			V431* (4)	V411* (12)	
	4			NN (8)		V421* (5)			V431* (3)	V411 (9)				
	5	K011 (4)	K011 (5)	NN (10)		V421* (5)	V441* (2)		V431* (1)			V431* (7)		
	6						V441* (2)		V431* (1)		ISR (6)	V431* (7)		P401 (3)
	7			NN (1)										
	8													
H	1	K011 (8)						V441* (6)					V411 (13)	P401 (1)
	2	K011 (2)					V441* (3)	V441* (6)				V431* (4)		P401 (12)
	3		K011 (9)	NN (2)		V421* (5)	V441* (3)			ISR (8)		V431* (4)	V411* (11)	
	4	K011 (4)			V421* (5)				V411 (10)			V411* (11)		P401 (2)
	5		K011 (5)	NN (3)		V421* (4)	V441* (2)		V411 (8)			V431* (6)		P401 (11)
	6		K011 (3)		ISR (1)	V421* (4)	V441* (2)					V431* (6)		P401 (7)
	7				PCH (1)					PCH (10)				
	8													
F	1	K011 (2)		NN (12)						V411* (10)				
	2		K011 (9)				V441* (1)			V411* (10)				
	3	K011 (8)	K011 (5)	NN (9)		V441* (1)					V421* (7)	V431* (6)	V411* (14)	
	4		K011 (3)	NN (4)			V441* (1)				V421* (7)	V431* (6)	V411* (14)	P401 (5)
	5								V431* (3)	V411* (8)		V431* (5)		
	6	K011 (4)		NN (7)		KK (1)			V431* (3)	V411* (8)		V431* (5)		P401 (9)
	7										KK (8)			
	8											KK (6)		

รูปที่ 5.17 (ต่อ) ผลลัพธ์ตารางสอนรวมครูของ 7 ชั้นเรียน 4 แผนการเรียน



DAY	PR	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53
M	1																
	2																
	3																
	4																
	5																
	6	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*					
	7	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*					
	8																
T	1																
	2																
	3																
	4																
	5																
	6	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*					
	7	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*	SRI_2*					
	8																
W	1																
	2																
	3																
	4																
	5																
	6									PA4_I*	PA4_I*	PA4_I*	PA4_I*	PA4_I*	PA4_I*	PA4_I*	PA4_I*
	7									PA4_I*	PA4_I*	PA4_I*	PA4_I*	PA4_I*	PA4_I*	PA4_I*	PA4_I*
	8																
H	1																
	2																
	3																
	4																
	5																
	6																
	7																
	8																
F	1																
	2																
	3																
	4																
	5																
	6																
	7																
	8																

รูปที่ 5.17 (ต่อ) ผลลัพธ์ตารางสอบรวมครูของ 7 ชั้นเรียน 4 แผนการเรียน

เอกสารนี้เป็นทรัพย์สินทางปัญญาของมหาวิทยาลัยราชภัฏวชิรเวศน์บุรีรัมย์ และขอสงวนสิทธิ์ในเอกสารฉบับนี้ไว้เพื่อใช้ในการศึกษาวิจัยเท่านั้น การนำเอกสารฉบับนี้ไปเผยแพร่โดยไม่ได้รับอนุญาตถือว่าผิดกฎหมาย

## สรุป

การจัดตารางสอนเป็นปัญหาที่สามารถประยุกต์ใช้ GA กับคอมพิวเตอร์ช่วยหาคำตอบ โดยปรับรูปแบบโครโมโซมซึ่งเป็นตัวแทนแสดงค่าคำตอบที่ต้องการ จากการปรับรูปแบบข้อมูลที่สัมพันธ์กับการจัดตารางสอนคือ แผนการเรียน วิชา คาบเรียน และครูผู้สอนให้เป็นรูปแบบโครโมโซมตารางสอน ที่เหมาะสมกับการประมวลผลของ GA พร้อมกับกำหนดฟังก์ชันเป้าหมายตามขอบเขตเงื่อนไขในการจัดตารางสอนที่ต้องการ สำหรับการวิเคราะห์ค่าความเหมาะสม ซึ่งจะ ทำให้ GA ดำเนินการสร้างวิวัฒนาการตารางสอน โดยปรับปรุงแก้ไขข้อบกพร่องที่ขัดต่อเงื่อนไขที่กำหนด ภายในกระบวนการต่าง ๆ และสร้างตารางสอนที่ดีขึ้นได้โดยอัตโนมัติ



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## บทที่ 6

### สรุปและวิจารณ์

จินดิก อัลกอริทึม เป็นทฤษฎีที่เลียนแบบกระบวนการวิวัฒนาการทางธรรมชาติ ซึ่งประยุกต์ใช้กับคอมพิวเตอร์ในการแก้ปัญหาเพื่อหาคำตอบของปัญหาในลักษณะการสุ่ม โดยอาศัยหลักการพิจารณาจากกลุ่มคำตอบที่สร้างขึ้นและปรับปรุงแก้ไขคำตอบให้ดีขึ้นด้วยกระบวนการทางพันธุศาสตร์ วิธีการที่จะประยุกต์ใช้จินดิก อัลกอริทึมกับแต่ละปัญหา จะต้องปรับรูปแบบของปัญหาให้อยู่ในรูปแบบของโครโมโซมที่เข้ากับกระบวนการต่าง ๆ ของจินดิก อัลกอริทึม ซึ่งจะเห็นได้จากตัวอย่างรูปแบบโครโมโซมของปัญหาต่าง ๆ ที่กล่าวมาแล้วทั้งหมด เช่น THP, TSP หรือ TTP เป็นต้น ลักษณะของโครโมโซมจะแตกต่างกันไปตามสภาพของปัญหา และโครโมโซมของปัญหาหนึ่ง ๆ สามารถนำเสนอได้ในหลายรูปแบบโครโมโซม ซึ่งจะต้องสัมพันธ์กับกระบวนการของตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์ของปัญหานั้น เพื่อความถูกต้องของการประมวลผลและปรับปรุงคำตอบให้ดีขึ้น

ค่าพารามิเตอร์หลักที่จำเป็นสำหรับการประมวลผลหาคำตอบของจินดิก อัลกอริทึม ประกอบด้วยค่าอัตราความน่าจะเป็นของการครอสโอเวอร์ และค่าอัตราความน่าจะเป็นของการมิวเตชัน โดยทั่วไปค่าที่นิยมใช้สำหรับการหาคำตอบของจินดิก อัลกอริทึมคือ 0.6 และ 0.003 ตามลำดับ อย่างไรก็ตามอาจจะเป็นค่าที่ไม่เหมาะสมสำหรับบางปัญหา ซึ่งจะต้องใช้วิธีการทำการทดลองเพื่อสังเกตค่าที่เหมาะสมสำหรับปัญหานั้น ๆ ในเบื้องต้นและนำค่าที่เหมาะสมไปใช้กับปัญหานั้นต่อไป ในทำนองเดียวกันกับเทคนิคต่าง ๆ ที่ใช้ในการปรับปรุงสมรรถนะของจินดิก อัลกอริทึม นั้น การเพิ่มเทคนิคต่าง ๆ มักจะใช้ได้ผลดีกับทุกปัญหาหาเปรียบเทียบกับจินดิก อัลกอริทึมแบบดั้งเดิม จะเห็นได้จากการทดลองพบว่าการปรับสัดส่วนค่าความเหมาะสมไม่ว่าจะเป็นรูปแบบใด จะให้การค้นหาคำตอบของจินดิก อัลกอริทึมดีขึ้นเสมอ และการสุ่มแบบจำลองการหมุนวงล้อจะให้ผลไม่ดีเท่ากับการสุ่มทศนิยมแบบคืนกลับหรือไม่คืนกลับเช่นกัน แต่อาจจะไม่เหมาะสมกับบางปัญหา

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับใช้ในการเรียนการสอนเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านค่า ซึ่งยังคงต้องอาศัยการทดลองเพื่อสังเกตวิธีที่เหมาะสมกับปัญหานั้น ซึ่งเป็นข้อเสียของจินดิก อัลกอริทึม เนื่องจากการค้นหาคำตอบนั้นเป็นลักษณะของการสุ่ม ซึ่งเป็นส่วนที่ต้องศึกษาและพัฒนาต่อไป โดยอาจใช้วิธีการ Metalevel GA [8] โดยสร้างโครโมโซมที่ประกอบด้วยพารามิเตอร์ของจิ

เนติก อัลกอริทึม ในลำดับขั้นที่สูงกว่าเพื่อให้จินเนติก อัลกอริทึมหาค่าชุดพารามิเตอร์ที่เหมาะสมอีก  
ขั้นต่อไป แต่จะทำให้ใช้เวลาในการประมวลผลมากขึ้นมาก ซึ่งโดยปกติแล้วการประมวลผลของจิ  
เนติก อัลกอริทึมจะต้องใช้เวลานานพอสมควรเนื่องจากการประมวลผลบนเครื่องคอมพิวเตอร์แบบ  
อนุกรม ซึ่งหากจะพิจารณาเปรียบเทียบในเรื่องของการใช้เวลาในการประมวลผลแล้ว จินเนติก อัลกอ  
ริทึมจะให้ผลการทำงานที่ไม่ดีพอ ดังนั้นวิธีการที่จะประยุกต์ใช้งานจินเนติก อัลกอริทึมได้อย่างมี  
ประสิทธิภาพแล้วควรปรับปรุงให้เป็นการประมวลผลแบบขนาน (Parallel)

ในการจัดการการสอนของโรงเรียนแบบอัตโนมัติ พบว่าวิธีการของจินเนติก อัลกอริทึม  
สามารถจัดการสอนด้วยการสร้างชุดตารางสอนที่ต้องการพร้อมกับปรับปรุงส่วนที่ขัดต่อเงื่อนไข  
ที่กำหนดให้ได้ตารางสอนที่ดีขึ้นได้ ซึ่งเห็นได้จากการทดลองจัดการสอนใน 3 รูปแบบ ที่มีความ  
ซับซ้อนของข้อมูลเพิ่มขึ้น และถึงแม้จินเนติก อัลกอริทึมจะไม่สามารถจัดการสอนได้ดีที่สุดใน  
จำนวน 14 ชั้นเรียน 4 แผนการเรียนก็ตาม แต่คำตอบตารางสอนที่ได้ก็เป็นคำตอบที่ใกล้เคียงและ  
ยอมรับได้ในทางปฏิบัติ ซึ่งสามารถพัฒนาเพิ่มเติมในส่วนของข้อมูลอื่น ๆ เช่น ห้องเรียน หรือ  
เงื่อนไขพิเศษเฉพาะบุคคลต่าง ๆ ด้วยการปรับรูปแบบของฟังก์ชันเป้าหมายเพิ่มขึ้น และอาจจะ  
พัฒนาตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์แบบใหม่ที่เหมาะสมกับปัญหาการจัดการสอนซึ่งต้องศึกษา  
ต่อไป

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับบริการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## เอกสารอ้างอิง

- [1] Abramson, D. *Construction School Timetables Using Simulated Annealing : Sequential and parallel Algorithms*, Management Science, Vol. 37, No 1, January 1991.
- [2] Asawakowitkorn, M., *Optimization of Control Parameters for Genetic Algorithms and Simulated Annealing*, Master Thesis of Asian Institute of Technology Bangkok, Thailand, 1990.
- [3] Baker, J. E., *Adaptive Selection Methods for Genetic Algorithms*, Proceedings of the First International Conference on Genetic Algorithms, Lawrence Erlbaum Associates, Hillsdale, NJ, 1985, pp. 10-17.
- [4] Booker, L., *Improving Search in Genetic Algorithms*, Genetic Algorithms and Simulated Annealing, Morgan Kaufmann Publishers, Inc., Los Altos, CA, 1987, pp. 61-73.
- [5] Cheng-Chung, C., *Study on the Improvement of Genetic Algorithms for Space Truss Optimization*, Master Thesis of Asian Institute of Technology Bangkok, Thailand, 1994.
- [6] Colomi, A., Dorigo, M., and Maniezzo, V., *Genetic Algorithms and Highly Constrained Problems: the Time-Table Case.*, Parallel Problem Solving from Nature 1<sup>st</sup> Workshop, No.1-3, October, 1990 pp. 56-59.
- [7] Davis, L., *Handbook of Genetic Algorithms*, Van Nostrand Reinhold, New York, 1991.
- [8] Davis, L., Steenstrup, M., *Genetic Algorithms and Simulated Annealing : An Overview*, Genetic Algorithms and Simulated Annealing, Morgan Kaufmann Publishers, Inc., Los Altos, CA, 1987, pp. 1-11.
- [9] Goldberg, D. E., *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison Wesley, MA, 1989.
- [10] Grefenstette, J. J., *Optimization of Control Parameters for Genetic Algorithms*, IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Vol. 16, No.1, 1986, pp. 122-128.
- [11] Grefenstette, J. J., Baker, J.E., *How Genetic Algorithms Work : A Critical Look at Implicit Parallelism*, in Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, Los Altos, CA, 1989, pp. 20-26.

- [12] Grefenstette, J., Gopal, R., and Gucht, D. V., *Genetic Algorithms for Traveling Salesman Problem*, Proceedings of the First International Conference on Genetic Algorithms, Lawrence Erlbaum Associates, Hillsdale, NJ, 1985, pp. 160-169.
- [13] Holland, J. H., *Genetic Algorithms*, Scientific American, July 1992, pp. 44-50.
- [14] Kennedy, S.A., *Five Ways to a Smarter Genetic AI EXPERT*, December 1993, pp. 35-38
- [15] Koza, J. R., *Genetic Programming*, MIT Press, Cambridge, MA, 1991, pp. 94-97.
- [16] Lawton, G., *Genetic Algorithms for Schedule Optimization*, AI EXPERT, May 1992, pp. 23-27.
- [17] Margarita, S., *The Tower of Hanoi : A New Approach*, AI EXPERT, March 1993, pp. 22-27.
- [18] Michalewicz, Z., *Genetic Algorithms+Data Structures = Evolutionary Programs*, Springer-Verlag, Berlin, 1992.
- [19] Morrow, M., *Genetic Algorithms*, Dr. Dobb's Journal, April 1991, pp. 26-32.
- [20] Santiago, M.A.D., *Consturction of an Automated Timetable Scheduling Syster for*, Master Thesis of Asian Institute of Technology Bangkok, Thailand, December, 1990.
- [21] Schaffer, J.D., Caruana, R.A., Eshelman. L.J., and Das, R., *A Study of Control Parameters Affecting Online Performance of Genetic Algorithms for Function Optimization*, in Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, Los Altos, CA, 1989, pp. 51-60.
- [22] Srinivas, M., Patnaik, L.M., *Genetic Algorithms A Survey*, IEEE Computer, June 1994, pp. 17-26.
- [23] Stein, R. M., *Real Artificial Life*, BYTE, January 1991, pp. 289-298.
- [24] Syswerda, G., *Uniform Crossover in Genetic Algorithms*, in Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, Los Altos, CA, 1989, pp. 2-9.
- [25] Wayner, P., *Genetic Algorithms*, BYTE, January 1991, pp. 361-368.
- [26] Whitley, D., *The GENITOR Algorithm and Selection Pressure: Why Rank-Based Allocation of Reproductive Trials in Best*, in Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, Los Itos, CA, 1989, pp. 116-121.
- [27] Whitley, D., Starkweather, T., and Fuquar, D'A., *Scheduling Problems and Traveling Salesman : The Genetic Edge Recombination Operator*, in Proceedings of the Third

International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, Los Altos, CA, 1989, pp. 133-140.

[28] กิตติ ไพฑูรย์วัฒนกิจ., กาญจน์ วงศ์วิภาพร, *การจัดตารางเรียนแบบจำลองโดยจีเนติก อัลกอริทึม* วารสารวิศวกรรมสาร, ปีที่ 46, เล่มที่ 12, ธันวาคม 2536, หน้า 81-84.

[29] กิตติ ไพฑูรย์วัฒนกิจ., กาญจน์ วงศ์วิภาพร, *จีเนติก อัลกอริทึม* วารสาร NECTEC, ปีที่ 3, ฉบับที่ 9 มีนาคม-เมษายน 2539, หน้า 13-24.

[30] กิตติ ไพฑูรย์วัฒนกิจ., กาญจน์ วงศ์วิภาพร, *การปรับปรุงสมรรถนะ จีเนติก อัลกอริทึม* วารสารสำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ, ปีที่ 27 เล่มที่ 1, มกราคม-มิถุนายน 2538, หน้า 1-33.

[31] ชิดชนก เหลือสินทรัพย์, *คอมพิวเตอร์กับการแก้ปัญหาโดยวิธีพันธุกรรม, ไมโครคอมพิวเตอร์*, ฉบับที่ 97 หน้า 192-198.

[32] กรมวิชาการ กระทรวงศึกษาธิการ, *หลักสูตรมัธยมศึกษาตอนปลาย พุทธศักราช 2524*, กรุงเทพฯ, โรงพิมพ์คุรุสภา, 2525.

[33] กรมวิชาการ กระทรวงศึกษาธิการ, *คู่มือการจัดทำตารางสอนห้องเรียนที่ใช้หลักสูตรมัธยมศึกษาตอนปลาย พุทธศักราช 2524*, จงเจริญการพิมพ์, กรุงเทพฯ, 2524.

[34] ไพศาล เหล่าสุวรรณ, *พันธุศาสตร์*, ไทยวัฒนาพานิช, 2535.

[35] ธวัชชัย วิวัฒน์วรพันธ์., พัฒพงษ์ กุลยานนท์., สมศักดิ์ ตันติพุกนันทน์ และสุชาติ สรณสถาพร, *พันธุกรรมรากฐานแห่งชีวิต, อักษรบัณฑิต*, 2520.

[36] ฝ่ายวิชาการ โรงเรียนหอวัง, *ตารางแสดงรายวิชาตลอดหลักสูตร*, กรุงเทพฯ, โรงเรียนหอวัง, 2533.

[37] ฝ่ายวิชาการ โรงเรียนหอวัง, *คู่มือหลักสูตรมัธยมศึกษาตอนปลาย พุทธศักราช (ฉบับปรับปรุง พ.ศ. 2533)*, กรุงเทพฯ, โรงเรียนหอวัง, 2533.

[38] ฝ่ายวิชาการ โรงเรียนหอวัง, *คู่มือการจัดกิจกรรมตามระเบียบกระทรวงศึกษาธิการ (ฉบับปรับปรุง พ.ศ. 2533)*, กรุงเทพฯ, โรงเรียนหอวัง, 2533.

[39] ฝ่ายวิชาการ โรงเรียนหอวัง, *คู่มือผู้ปกครองและนักเรียน โรงเรียนหอวังปีการศึกษา 2539*, กรุงเทพฯ, โรงเรียนหอวัง, 2533.

[40] จเร สุรวัดน์ปัญญา, *Numerical Computation ด้วยโปรแกรมภาษาเบสิก*, คณะวิศวกรรมศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง, 2528.

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับกรใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีกรนำไปใช้



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## ภาคผนวก ก.

### การจัดตารางสอนของโรงเรียน

ตารางสอนหรือตารางเรียน คือตารางกำหนดการนัดหมายระหว่างครูกับนักเรียน หรือตารางกำหนดวัน เวลา วิชา และกลุ่มผู้เรียน โดยละเอียดประจำวันเพื่อเป็นตารางกำหนดกิจกรรมต่าง ๆ ที่เกี่ยวกับการเรียนการสอนในระยะหนึ่งสัปดาห์ ซึ่งการจัดตารางสอนเป็นการวางแผนงานส่วนหนึ่งของโรงเรียน ที่มีความจำเป็น ที่เป็นหน้าที่ของผู้บริหาร หรือผู้ช่วยฝ่ายวิชาการจะจัดทำขึ้น การจัดตารางสอนมีความสัมพันธ์กับการบริหารงานด้านครูอาจารย์ โดยกิจกรรมที่กำหนดนั้นจะสัมพันธ์กับเวลา หลักสูตร และหลักการพัฒนาผู้เรียน ซึ่งการบริหารงานวิชาการจะบรรลุผลสำเร็จมากน้อยเพียงใด ขึ้นอยู่กับการจัดตารางสอนด้วย ถ้าไม่มีการกำหนดดังกล่าวแล้วการเรียนการสอนก็จะดำเนินไปโดยยาก เพราะถ้าตารางสอนไม่ถูกจัดอย่างถูกต้องครบถ้วน เนื้อหาในหลักสูตรในเวลาอันจำกัด ผลเสียก็จะเกิดแก่ผู้เรียน นั่นคือผู้เรียนจะได้ความรู้ไม่ครบถ้วนตามหลักสูตร หรือหากมีการจัดเนื้อหาได้ครบตามเวลาที่กำหนด แต่จัดไม่ถูกต้องก็จะทำให้ผลการเรียนไม่ดีเท่าที่ควร

หลักสูตรในปัจจุบันมีจุดมุ่งหมาย ที่จะเปิดโอกาสให้นักเรียนได้เรียนตามความถนัดและความต้องการ มีวิชาบังคับที่ต้องเรียน และวิชาเลือกที่จัดให้ได้เลือกเรียน ซึ่งรายวิชาต่าง ๆ ที่กำหนดไว้ในหลักสูตรมีลักษณะแตกต่างกันตามสภาพของรายวิชานั้น ๆ ดังนั้นผู้จัดตารางสอนจะต้องมีความเข้าใจสภาพของรายวิชาต่าง ๆ ในหลักสูตร เพื่อสนองความต้องการความสามารถของนักเรียน โรงเรียนที่มีความสามารถที่จะเปิดวิชาเลือกหรือแผนการเรียนมาก จะมีความยุ่งยากในการจัดตารางเรียนกว่าโรงเรียนขนาดเล็ก ที่เปิดวิชาเลือกหรือแผนการเรียนน้อยกว่า ซึ่งงานการจัดตารางสอนนั้นเมื่อปฏิบัติจริง ๆ แล้วจะมีข้อจำกัดหลายประการ เช่น ครูจะมีชั่วโมงสอนมากเกินไป หรือไม่สามารแยกชั่วโมงการสอนที่ติดกันของครูให้มีชั่วโมงว่างได้ ดังนั้นจึงต้องอาศัยเทคนิคและความชำนาญเป็นพิเศษ ทั้งต้องใช้เวลาใช้ความพยายามและความพิถีพิถันพอสมควร

### ประเภทของตารางสอน

การจัดตารางสอนมีวิธีการจัดได้หลายวิธี ซึ่งแต่ละวิธีมีทั้งส่วนดีและส่วนเสีย ดังนั้นขึ้นอยู่กับผู้จัดตารางสอนว่าจะเลือกใช้วิธีการใดจึงจะสะดวก ประหยัดและเหมาะสมกับโรงเรียนของตนมากที่สุด วิธีการจัดตารางสอนที่ใช้กันมีหลายวิธี คือ

(1) ตารางสอนแบบแท่ง (Block Method) หรือ ตารางสอนวันเดียว (One-Way Schedule) คือ ตารางสอนที่กำหนดให้วิชาต่าง ๆ ที่สอนตรงกันทุกวัน จัดวิชาตายตัว เช่น ภาษาไทย เวลา 09.00-10.00 น. วันจันทร์ พุธ ศุกร์

วัน/คาบ	1	2	3	4	5	6	7	8
จันทร์	คณิต	อังกฤษ	ไทย	พละ	พัก	สังคม	ศิลป ศ.	ศิลป ป.
อังคาร	คณิต	อังกฤษ	ไทย	พละ		สังคม	ศิลป ศ.	ศิลป ป.
พุธ	คณิต	อังกฤษ	ไทย	พละ		สังคม	ศิลป ศ.	ศิลป ป.
พฤหัสบดี	คณิต	อังกฤษ	ไทย	พละ		สังคม	ศิลป ศ.	ศิลป ป.
ศุกร์	คณิต	อังกฤษ	ไทย	พละ		สังคม	ศิลป ศ.	ศิลป ป.

(2) ตารางสอนแบบสลับเดือน (Staggers Schedule) คือ ตารางสอนที่จัดวิชาลงในแนวเฉียง เพื่อให้เวลาแต่ละคาบหมุนเวียนกันในวันถัดไปของสัปดาห์

วัน/คาบ	1	2	3	4	5	6	7	8
จันทร์	คณิต	อังกฤษ	ไทย	พละ	พัก	สังคม	ศิลป ศ.	ศิลป ป.
อังคาร	ศิลป ป.	คณิต	อังกฤษ	ไทย		พละ	สังคม	ศิลป ศ.
พุธ	ศิลป ศ.	ศิลป ป.	คณิต	อังกฤษ		ไทย	พละ	สังคม
พฤหัสบดี	สังคม	ศิลป ศ.	ศิลป ป.	คณิต		อังกฤษ	ไทย	พละ
ศุกร์	พละ	สังคม	ศิลป ศ.	ศิลป ป.		คณิต	อังกฤษ	ไทย

(3) ตารางสอนแบบปรับช่วงเวลา (Method Schedule) หรือตารางสอนแบบยืดหยุ่น (Flexible Schedule) คือ การจัดตารางสอนโดยใช้หน่วยเวลาแต่ละคาบไม่เท่ากันขึ้นอยู่กับลักษณะวิชา เพื่อสนองลักษณะการเรียนรู้ที่แตกต่างกันระหว่างบุคคล เช่น ใช้ช่วงเวลาน้อยที่สุดระหว่าง 20-30 นาที และช่วงเวลามากที่สุดอาจจะถึง 90-100 นาที เหมาะสำหรับการจัดเวลาเรียนของแต่ละคาบวิชาที่มีเวลาเรียนไม่เท่ากัน บางคาบอาจเป็น 20 นาที 30 นาที 60 นาที เป็นต้น เช่น วิชาในกลุ่มการงานและพื้นฐานอาชีพ อาจใช้เวลา 80-90 นาที หรือวิชาภาษาไทยที่ต้องการฝึกทักษะมาก อาจใช้เวลา 80 นาที ส่วนวิชาที่ฝึกทักษะน้อยมีกิจกรรมน้อยอาจใช้เวลาเพียง 30 นาที เป็นต้น เพราะการเรียนรู้ในแต่ละวิชาข้อมฝึกทักษะ มีกิจกรรมหรือระดับความยากง่ายแตกต่างกัน จึงจัดเวลาเรียนของแต่ละวิชา

ไม่เท่ากัน การจัดตารางสอนแบบนี้เป็นนวัตกรรมเพื่อสนองการจัดระบบการเรียนไม่มีชั้น (Nongrading) และการสอนเป็นคณะ

วัน/คาบ	1	2	3	4	5	6	7	8
จันทร์	คณิต	สังคม	ไทย	พละ	พัก	อังกฤษ	วิทย์	ศิลปะ
อังคาร	อังกฤษ	ไทย		วิทย์		คณิต	สังคม	สุขศึกษา
พุธ								
พฤหัสบดี								
ศุกร์								

(4) ตารางสอนแบบตัดปะ (Mosaic Schedule) คือการจัดตารางสอนที่ไม่ได้กำหนดแน่นอนว่าวิชาใดจะต้องอยู่ในคาบใด วันใด แต่จัดตามความจำเป็นและเหมาะสม คือจัดไม่เป็นระเบียบ วิชาต่าง ๆ จัดไม่ตายตัว เช่น คณิตศาสตร์ วันจันทร์ 08.00-09.00 น. แต่วันพุธเป็นเวลา 10.00-11.00 น. เป็นต้น โดยทั่วไปนิยมใช้กระดาดสีต่าง ๆ ตัดเป็นชิ้นสี่เหลี่ยมแทนรายวิชาในหมวดต่าง ๆ สำหรับเสียบในช่องตารางที่ทำไว้ นิยมใช้การจัดแบบนี้มาก

วัน/คาบ	1	2	3	4	5	6	7	8
จันทร์	คท111		ท401	สค101	พัก	สอ101	คท131	
อังคาร	คท131		คท617	สค401		สค101	ส082	คท118
พุธ	ท401	สอนซ่อม	คท111			คท617	คท151	พ001
พฤหัสบดี	สอ101		สค401	สอ101		คพ251		กิจกรรม
ศุกร์	คท118		ส082	คท151		พ401	ส101	-

### รูปแบบของตารางสอน

ตารางสอนที่โรงเรียนนิยมจัดในปัจจุบันมีรูปแบบสำคัญอยู่ 2 แบบ คือ

4.1 ตารางสอนที่จัดนักเรียนเป็นชั้นเรียน หรือ เป็นแผนการเรียน นักเรียนในกลุ่มหนึ่ง ๆ เป็นนักเรียนที่เรียนวิชาเหมือนกันหมด โดยที่แผนการเรียนหรือวิชาเลือกเหมือนกัน ซึ่งเป็นผลสืบเนื่องมาจากการจัดแผนการเรียนและการให้เลือกแผนการเรียน จำนวนแผนการเรียนที่จัดให้เลือกจะมากน้อยเท่าใดเป็นไปตามขนาดและความสามารถของโรงเรียน ตารางสอนแบบนี้จะไม่ยุ่งยากซับซ้อน

กล่าวคือ จัดได้เช่นเดียวกับตารางสอนของชั้นเรียน อาจจะใช้วิชาแบบกำหนดวันเวลาตายตัวแบบเป็นแท่ง หรือจะจัดแบบให้วิชาต่าง ๆ อยู่ในวันเวลาต่าง ๆ ตามความเหมาะสมก็ได้

4.2 ตารางสอนที่จัดตามวิชาเลือกของนักเรียน ในโรงเรียนที่มีความพร้อมมาก สามารถจัดวิชาเลือกให้นักเรียนได้เลือกเรียนอย่างกว้างขวาง นักเรียนจะเลือกวิชาต่าง ๆ กันมากมาย แม้เลือกแผนการเรียนแล้วเมื่อจัดเข้าห้องประจำหรือห้องตามวิชาบังคับ ในห้องเรียนหนึ่ง ๆ นั้นจะมีนักเรียนที่เลือกเรียนวิชาเรียน หรือเลือกแผนการเรียนต่าง ๆ ดังนั้นตารางสอนแบบนี้จึงเป็นแบบที่ยู่ยาก ซับซ้อน รายละเอียดของตารางสอนแบบนี้มี 2 ลักษณะ คือ

(1) วิชาบังคับนักเรียนทุกคนในแต่ละห้องมีตารางเรียนเหมือนกันหมด กล่าวคือ เรียนวิชาบังคับร่วมกัน แต่ในวิชาเลือกซึ่งเลือกต่างกันจะแยกกันไปเรียน ตารางสอนแบบนี้จะกำหนดเวลาสำหรับวิชาเลือกไว้ตายตัว เช่น ในชั้นมัธยมปีที่ 4 และ 5 หลักสูตรกำหนดให้มีวิชาเลือกสัปดาห์ละ 6 คาบ ในตารางสอนก็จะถือเวลาเรียนสำหรับวิชาเลือกไว้ 6 ครั้งตลอดสัปดาห์ เช่น กำหนดไว้ วันจันทร์ คาบที่ 5 วันอังคารคาบที่ 3 วันพุธคาบที่ 6-7 (2 คาบติดต่อกัน) วันพฤหัสบดี คาบที่ 7 วันศุกร์คาบที่ 4 เป็นต้น เมื่อถึงเวลาที่กำหนดตายตัวไว้นี้ นักเรียนที่อยู่ในชั้นหนึ่ง ๆ ที่มีวิชาเลือกต่างกันก็จะแยกกันไปเรียน เมื่อหมดเวลาคาบเรียนดังกล่าวจึงกลับมาเรียนรวมกันตามเดิม

(2) ตารางสอนแบบไม่กำหนดวิชาเลือกอยู่ในคาบตายตัว หรืออาจจะมีตายตัวบ้างบางคาบแบบนี้จัดได้ยาก เว้นแต่โรงเรียนสามารถทำให้นักเรียนเลือกวิชาเลือก หรือแผนการเรียนอย่างมีเป้าหมาย และพยายามจัดนักเรียนที่มีวิชาเลือกเหมือนกันให้อยู่ในชั้นเดียวกันให้มากที่สุด หรืออาจจะจัดนักเรียนที่มีแผนการเรียนเหมือนกันรวมอยู่ในห้องเดียวกัน ไม่ควรเกินห้องละ 3 แผน

### ข้อควรคำนึงในการจัดตารางสอน

ในการจัดตารางสอนนั้น ควรให้บุคคลที่เกี่ยวข้องหลาย ๆ ฝ่าย ร่วมกันจัด โดยตั้งเป็นคณะกรรมการจัดตารางสอน มีผู้ช่วยฝ่ายบริหาร ฝ่ายวิชาการ หัวหน้าหมวดวิชาทุกหมวด ครูแนะแนว และควรมีตัวแทนของครูแต่ละหมวดวิชาเข้าร่วมในการจัดตารางสอน ทั้งนี้สิ่งที่ควรคำนึงถึงในการจัดตารางสอนแต่ละครั้ง คือ

(1) เค้าโครงของหลักสูตร การแบ่งหมวดวิชา วิชาบังคับ วิชาเลือก วิชาเลือกเสรี

(2) การจัดแบ่งเวลาประจำวัน ได้แก่ เวลาเริ่มเข้าเรียน เวลาพัก เลิกเรียน ระยะเวลาหรือคาบ ชั่วโมงในการสอน แบ่งเป็นกี่คาบ คาบละกี่นาที ในหนึ่งวัน จะจัดได้กี่คาบ ควรกำหนดให้เหมาะกับเอกสารที่เป็นเอกสารที่ส่งงานไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

มหาวิทยาลัยต่าง ๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งยังมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีกรนำไปใช้

(3) จำนวนนักเรียนทั้งหมด

(4) จำนวนนักเรียนที่เรียนแต่ละรายวิชา และจัดเป็นกี่ห้อง กี่กลุ่ม

- (5) จำนวนนักเรียนของแต่ละระดับชั้น
- (6) จำนวนนักเรียนแต่ละกลุ่ม
- (7) จำนวนครูที่จะสอนวิชาต่าง ๆ
- (8) จำนวนคาบสอนของครูแต่ละคนในหนึ่งสัปดาห์
- (9) จำนวนครูที่จะรับผิดชอบในแต่ละวิชา
- (10) จำนวนชั่วโมงของครูแต่ละคนที่ทำงานพิเศษอื่น ๆ
- (11) ข้อมูลเกี่ยวกับตัวครูผู้สอน เช่น วุฒิ วิชาที่สอนได้ ความสนใจ
- (12) ข้อมูลพิเศษ เช่น เวลาที่ครูพิเศษจะสามารถมาสอนได้
- (13) กิจกรรมของโรงเรียน

### หลักในการจัดตารางสอน

การจัดตารางสอนที่เหมาะสมจะทำให้การเรียนการสอนดำเนินไปอย่างมีประสิทธิภาพ นักเรียนสามารถจะเรียนตามตารางด้วยการเรียนด้วยความสะดวกสบาย เหมาะสมกับสภาพร่างกายและอารมณ์ ครูผู้สอนสามารถสอนได้โดยสะดวก มีระยะเวลาที่จะเตรียมตัว เตรียมการเรียน เตรียมการสอน หรือเตรียมสื่อการสอนไว้ให้พร้อม ซึ่งหลักทั่วไปในการจัดตารางสอนประกอบด้วย

- (1) บรรจุวิชาเรียนให้ครบตามหลักสูตร เพื่อให้ให้นักเรียนได้ลงทะเบียนเรียนได้ตามหลักสูตร
- (2) บรรจุเวลาเรียนให้ครบ โดยต้องยึดเอาอัตราเวลาเรียนที่มีกำหนดไว้ในหลักสูตรของแต่ละระดับเป็นมาตรฐาน เช่น วิชาไหนหลักสูตรกำหนดให้สอนกี่ชั่วโมง ในรอบสัปดาห์ต้องจัดให้มีเรียนเท่าที่กำหนดในหลักสูตร คือต้องกำหนดชั่วโมงให้เท่ากับหลักสูตรกำหนดไว้
- (3) วิชาที่มีการปฏิบัติมาก ๆ ควรจัดเป็น 2 คาบต่อกัน เช่น วิทยาศาสตร์ หรือวิชาการงานและอาชีพในระดับมัธยมศึกษา เป็นต้น
- (4) ควรตอบสนองความต้องการของนักเรียนให้มากที่สุด คือ ให้ได้เรียนตามที่ต้องการ
- (5) จัดให้เหมาะสมกับความถนัดและความสามารถของครูมากที่สุด
- (6) คาบเรียนหรือรายวิชาที่กำหนดไว้สำหรับวิชาหนึ่ง ๆ ของครูคนหนึ่ง ๆ ควรจะจัดให้กระจายหรือเฉลี่ยออกไปพอเหมาะ ไม่ควรให้อยู่ติดกัน หรือให้มากในวันใดวันหนึ่ง สำหรับวิชาที่ไม่ต้องการเวลาเรียนในครั้งหนึ่ง ๆ มาก เช่น วิชาทฤษฎีไม่ควรมีคาบ นั่นคือควรคำนึงภาระ (Load) ของครู อย่าจัดให้สอนต่อเนื่อง 3 ชั่วโมงจะทำให้เหนื่อยมาก ควรเฉลี่ยปริมาณชั่วโมงการสอนให้ครูทุก ๆ คนเท่ากันในหนึ่งสัปดาห์ ครูคนหนึ่งควรสอนไม่เกินสัปดาห์ละ 18 คาบหรือ ตามระเบียบกระทรวงศึกษา สำนักงานคณะกรรมการการศึกษาเอกชนในสัญญาว่าจ้างครูกำหนดไว้ว่า ชั่วโมง

สอนของครูมัธยมต้นไม่เกิน 22 ชั่วโมง มัธยมปลายไม่เกิน 20 ชั่วโมง และครูจะต้องใช้ชั่วโมงว่างเพื่อเตรียมการสอน ตรวจงาน และทำงานอื่น ๆ อันเกี่ยวกับนักเรียน

(7) การจัดสอนซ่อมเสริม ควรจัดคาบสอนของแต่ละระดับชั้นให้ตรงกัน เพื่อสะดวกแก่การจัดกลุ่มนักเรียนของแต่ละห้องที่จำเป็นจะต้องได้เรียนเพิ่มเติม และในขณะนั้นครูที่สอนทุกวิชาในระดับชั้นนั้น จะว่างจากภาระสอนประจำมาทำการสอนซ่อมเสริมได้ ต้องกำหนดคาบที่ครูทำการสอนซ่อมเสริมเป็นคาบทำการสอนของครูด้วย

(8) จัดวิชาในแต่ละคาบ แต่ละวัน ต้องสัมพันธ์กับเวลาของผู้สอน ผู้เรียน โดยไม่มีการเรียนการสอนที่ซ้ำกันหรือชนกันในแต่ละวิชา

### ข้อมูลในการจัดตารางสอน

การรวบรวมข้อมูลในการจัดตารางสอน โดยการจัดเตรียมศึกษาข้อมูลและรวบรวมให้เป็นหมวดหมู่ตามลำดับ เพื่อสะดวกในการจัดตารางสอน ประกอบด้วย

1. แผนการเรียน เป็นสิ่งแรกที่จะต้องจัดเตรียม ซึ่งการจัดแผนการเรียนของแต่ละโรงเรียนขึ้นอยู่กับความพร้อมของโรงเรียนด้านบุคลากร วัสดุอุปกรณ์ต่าง ๆ และความต้องการของนักเรียน ผู้ปกครอง และชุมชนนั้น ๆ โดยอ้างอิงหลักสูตรการศึกษาเป็นแม่บทที่สำคัญ แผนการเรียนแต่ละแผน ควรบอกชื่อแผน รายวิชา จำนวนคาบให้ครบถ้วนชัดเจน (ตัวอย่างรายละเอียดหลักสูตรการศึกษาและการจัดแผนการเรียนในภาคผนวก ก.)

2. ข้อมูลเกี่ยวกับนักเรียน จำนวนกลุ่ม แต่ละแผน แต่ละรายวิชา ประกอบด้วย

(1) จำนวนชั้นเรียน มีกี่ห้องในแต่ละระดับชั้น ทั้งนี้ ต้องเป็นไปตามแผนการจัดชั้นเรียนที่ได้รับอนุมัติจากกรมเจ้าสังกัดแล้ว

(2) จำนวนรายวิชาที่เปิดสอนทั้งหมด รายวิชาที่โรงเรียนจะต้องดำเนินการเรียนการสอน หมายความว่ารวมทั้งวิชาบังคับและวิชาเลือก

(3) จำนวนนักเรียนที่เลือกเรียนแต่ละวิชาเลือก จำนวนกลุ่มการเรียนของแต่ละวิชา จำนวนนักเรียนในกลุ่มวิชาเลือกจะต้องได้รับการจัดตามจำนวนที่เหมาะสมตามลักษณะของวิชาก่อน และจำนวนนักเรียนที่จะเรียนวิชาเลือกทางวิชาชีพบางสาขาควรมีจำนวนไม่มากนัก ส่วนกลุ่มการเรียนวิชาทฤษฎีอาจมีจำนวนมากได้ เป็นต้น

3. ข้อมูลเกี่ยวกับครู ในแต่ละหมวดจะต้องมีครูกี่คน สอนวิชาใด กี่คาบ จำนวนคาบที่สอนของครูในแต่ละหมวดวิชา เป็นหน้าที่ของหัวหน้าหมวด หรือผู้บริหาร เพื่อความสะดวกควรจะได้จัดทำแผนการจัดครูซึ่งเรียกว่าตารางสอนชั่วคราว มีดังนี้

ชื่อครู	วิชาที่สอน	จำนวนคาบ/สัปดาห์	จำนวนคาบที่สอน	รวม

4. เงื่อนไขต่าง ๆ ของแต่ละแผนการเรียนหรือรายวิชา การใช้คาบ ควรบอกไว้ชัดเจน เช่น เวลาที่ใช้ในการจัดกิจกรรม เวลาพัก เป็นต้น

### ขั้นตอนการจัดตารางสอน

- (1) ควรจัดให้เรียนสัปดาห์ละ 35-40 คาบ เพราะบางแผนการเรียนต้องใช้เวลาเกิน 35 คาบ
- (2) ทำการตกลงในข้อกำหนดบางอย่าง เช่น ในกรณีที่จัดตารางสอนแบบที่ให้มีการถือเวลาสำหรับวิชาเลือกก็ให้ตกลงกันว่าจะจัดไว้ในวันใด คาบใดบ้าง ตกลงกันว่าวิชาใดที่ต้องการคาบคู่ สามคาบติดกัน หรือคาบเดี่ยว ฯลฯ
- (3) ควรจัดทีละระดับชั้น โดยเริ่มจัดจากชั้นที่ยากที่สุดก่อนและจัดจากวิชาที่ยากที่สุด เพราะยึดหยุ่นได้น้อยที่สุด โดยพิจารณาจัดตารางสอนในชั้นที่มีนักเรียนหลายวิชาเลือก หรือชั้นที่นักเรียนมีแผนการเรียนต่างกันรวมกันอยู่ เช่น บางชั้นอาจจะมีนักเรียน 2 แผนการเรียนอยู่ร่วมกันเป็นชั้นเรียนปกติ นักเรียนเหล่านี้จะต้องแยกกันไปเรียนเมื่อจะเรียนวิชาเลือกตามแผนการเรียนของตน ในกรณีนี้อาจจะต้องมีการกำหนดคาบวิชาเลือกให้ตรงกัน เมื่อถึงเวลานั้นนักเรียนในชั้นดังกล่าวจะแยกกันไปเรียน และกลับมาเรียนรวมกันในวิชาบังคับ
- (4) ถ้าโรงเรียนเปิดสอนแผนการเรียนวิชาชีพ ให้พิจารณาจัดตารางสอนแผนการเรียนวิชาชีพก่อน เพราะส่วนมากวิชาชีพจะที่ต้องการหลายคาบติดต่อกัน หรือมีครูจำกัด
- (5) วิชาบังคับ หรือวิชาสามัญที่ไม่มีปัญหาดังที่กล่าวมาแล้วให้จัดลงทีหลัง เพราะเมื่อลงวิชาเลือกทุกสาขาแล้ว คาบที่เหลือนักเรียนจะว่างตรงกัน สามารถจะเลือกลงได้ง่าย
- (6) ในแต่ละรายวิชาควรให้ความสำคัญกับวิชาเหล่านี้ก่อน
  - วิชาที่มีลักษณะพิเศษต้องการคาบคู่หรือสามคาบติดกัน เช่น วิชาชีพที่ต้องใช้เวลาฝึกปฏิบัติมาก หากไม่จัดไว้ก่อนแล้วจะหาคาบที่จะลงติดต่อกันได้ยาก
  - วิชาที่ต้องใช้เวลาเรียนหลายคาบ เช่น ภาษาอังกฤษ 411 ควรลงก่อน เพราะสามารถจะจัดให้กระจายได้ง่าย
  - วิชาที่ครูคนเดียวต้องสอนหลายห้องจัดลงก่อนเป็นลำดับถัดมา เพราะครูที่ต้องสอนหลายห้องจะต้องจัดหลักไม่ให้คาบตรงกัน

(7) ในกรณีที่ครูคนเดียวสอนหลายระดับให้จัดหกลึกเวลาไว้ก่อน ไม่ให้ตรงกับที่ลงแล้วในระดับที่ทำก่อน

(8) การจัดทำตารางสอนควรจัดทำเป็น 4 ชุด เพื่อความสะดวกในการตรวจสอบความซ้ำซ้อนคือ

- ตารางสอนประจำชั้นเรียน เพื่อให้ครูประจำชั้น แจกแก่นักเรียน
- ตารางสอนของครูรายบุคคล เพื่อมอบให้แก่ครูผู้สอน
- ตารางสอนรวมทุกชั้นเรียน ดังนี้

วัน	คาบที่ \ ชั้น	ม 4/1	ม 4/2	ม 4/3	ม 4/...

- ตารางสอนรวมของผู้สอนทุกคน เพื่อให้เห็นชัดเจนเป็นหมวดหมู่วิชา ดังนี้

วัน	คาบที่	ครู ก	ครู ข	ครู ค	ครู ...

(9) การจัดลงรายวิชาในตารางสอน โดยลงวิชาใดในตารางชั้นเรียนพร้อมกับบันทึกลงในตารางรวมครูทุกคน เพื่อตรวจสอบได้ว่าไม่มีการซ้ำซ้อนกัน

(10) เมื่อได้จัดลงวิชาต่าง ๆ ลงตารางการใช้ห้องต่าง ๆ แล้ว ให้มีการตรวจสอบความถูกต้องให้แน่นอนอีกครั้งหนึ่ง ให้หัวหน้าหมวดวิชาเป็นผู้ตรวจสอบตารางสอนในหมวดของตน

### โครงสร้างหลักสูตรมัธยมศึกษาตอนปลาย พุทธศักราช 2524 (ฉบับปรับปรุง 2533)

หลักสูตรมัธยมศึกษาตอนปลาย กำหนดให้มีวิชาบังคับ วิชาเลือกเสรีและกิจกรรมแสดงคังตารางที่ a1 มีรายละเอียดดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

วิชา	จำนวนหน่วยการเรียนรู้		
	บังคับ		เลือกเสรี
	แกน	เลือก	
1. ภาษาไทย	6	-	เลือกเรียนรายวิชาต่าง ๆ อย่างน้อย 45 หน่วยการเรียนรู้ (นักเรียนที่ นับถือศาสนาพุทธทุกคนจะต้อง เลือกเรียนรายวิชาพุทธศาสนา ภาคเรียนละ 1 รายวิชา ตลอด 3 ปี)
2. สังคมศึกษา	6	-	
3. พละนามัย	3	-	
4. วิทยาศาสตร์	-	3	
5. พื้นฐานวิชาอาชีพ	-	6	
6. คณิตศาสตร์	-	6	
7. ภาษาต่างประเทศ	-	-	
8. ศิลปะ	-	-	
9. อาชีพ	-	-	
รวมจำนวนหน่วยการเรียนรู้	15	15	
	30		
กิจกรรม			
1. กิจกรรมตามระเบียบกระทรวงศึกษาธิการ ว่าด้วยการจัดกิจกรรมในสถานศึกษา สังกัดกระทรวงศึกษาธิการ พ.ศ. 2532	1 คาบ / สัปดาห์ / ภาค		
2. กิจกรรมแนะแนว และหรือกิจกรรมแก้ ปัญหา และหรือกิจกรรมพัฒนาการเรียนรู้	2 คาบ / สัปดาห์ / ภาค		
3. กิจกรรมอิสระของผู้เรียน			

ตารางที่ a1 โครงสร้างหลักสูตรมัธยมศึกษาตอนปลาย

1. วิชาบังคับ จำนวน 30 หน่วยการเรียนรู้ ได้แก่ รายวิชาต่อไปนี้

1.1 วิชาบังคับแกน เป็นวิชาพื้นฐานที่สอดคล้องกับชีวิตและสังคมโดยทั่วไป ผู้เรียนทุกคน

ต้องเรียนเหมือนเหมือนกัน จำนวน 15 หน่วยการเรียนรู้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

- ภาษาไทย 6 หน่วยการเรียนรู้

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- สังคมศึกษา 6 หน่วยการเรียนรู้

- พละนามัย 3 หน่วยการเรียนรู้

1.2 วิชาบังคับเลือก เป็นวิชาพื้นฐานซึ่งอาจแตกต่างกันไปตามสภาพของท้องถิ่น ผู้เรียนทุกคนต้องเรียนในรายวิชาต่าง ๆ จำนวน 15 หน่วยการเรียนรู้

- |                    |                    |
|--------------------|--------------------|
| - พละนามัย         | 3 หน่วยการเรียนรู้ |
| - วิทยาศาสตร์      | 6 หน่วยการเรียนรู้ |
| - พื้นฐานวิชาอาชีพ | 6 หน่วยการเรียนรู้ |

2. วิชาเลือกเสรี เป็นวิชาที่เปิดโอกาสให้ผู้เรียนเลือกตามความสนใจ หรือความถนัดและความต้องการของแต่ละคน เพื่อเพิ่มพูนความรู้และทักษะเฉพาะด้านของผู้เรียน จำนวนอย่างน้อย 45 หน่วยการเรียนรู้ ให้เลือกจากรายวิชาในกลุ่มวิชาต่าง ๆ ต่อไปนี้

### 2.1 กลุ่มวิชาภาษา

- ภาษาไทย
- ภาษาต่างประเทศ

### 2.2 กลุ่มวิชาสังคมศึกษา

### 2.3 กลุ่มวิชาพัฒนาบุคลิกภาพ

- พละนามัย
- ศิลปะ

### 2.4 กลุ่มวิชาวิทยาศาสตร์-คณิตศาสตร์

- วิทยาศาสตร์
- คณิตศาสตร์

### 2.5 กลุ่มวิชาอาชีพ

3. กิจกรรม เป็นส่วนหนึ่งที่ส่งเสริมหลักสูตรการเรียนการสอนให้กว้างขวางยิ่งขึ้น เพื่อสนองความสนใจ ส่งเสริมการพัฒนาบุคลิกภาพและเสริมสร้างอุปนิสัยของผู้เรียน ได้แก่ กิจกรรมต่อไปนี้

3.1 กิจกรรมตามระเบียบกระทรวงศึกษาธิการว่าด้วยการจัดกิจกรรมในสถานศึกษาสังกัดกระทรวงศึกษาธิการ พ.ศ. 2532 จำนวน 1 คาบต่อสัปดาห์ต่อภาค

3.2 กิจกรรมแนะแนว และหรือกิจกรรมแก้ปัญหา และหรือกิจกรรมพัฒนาการเรียนรู้จำนวน 2 คาบต่อสัปดาห์ต่อภาค

### 3.3 กิจกรรมอิสระของผู้เรียน

หมายเหตุ การเลือกรับรายวิชาเลือกเสรีของผู้เรียนที่นับถือศาสนาพุทธ จะต้องเลือกรับรายวิชาพระพุทธศาสนา ในกลุ่มวิชาสังคมศึกษา ภาคเรียนละ 1 รายวิชาตลอด 3 ปี

แม้ว่าครุฑเป็นสัญลักษณ์ของประเทศไทย แต่เนื่องจากประเทศไทยเป็นประเทศที่ปกครองโดยระบอบประชาธิปไตย การค้าไม่จำกัดใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดลอกเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## หลักเกณฑ์การใช้หลักสูตร

### 1. เวลาเรียน

1.1 หลักสูตรมัธยมศึกษาตอนปลาย ใช้เวลาเรียน โดยปกติประมาณ 3 ปี

1.2 ในปีการศึกษาหนึ่ง ให้แบ่งเป็นภาคเรียนปกติ 2 ภาค ภาคเรียนละ 20 สัปดาห์

1.3 ในสัปดาห์หนึ่ง โรงเรียนต้องเปิดภาคเรียนไม่น้อยกว่า 5 วัน วันละไม่น้อยกว่า 7 คาบ คาบละ 50 นาที โดยจัดให้ผู้เรียนได้เรียนอย่างน้อย 35 คาบ และจัดให้ผู้เรียนทำกิจกรรมตามระเบียบกระทรวงศึกษาธิการว่าด้วยการจัดกิจกรรมในสถานศึกษา สังกัดกระทรวงศึกษาธิการ 1 คาบ และจัดกิจกรรมแนะแนว และหรือกิจกรรมแก้ปัญหาและหรือกิจกรรมกิจกรรมพัฒนาการเรียนรู้อีก 2 คาบ เวลานอกเนื่องจากนี้ให้ผู้เรียนได้ศึกษาค้นคว้า หรือเลือกเรียนรายวิชาเพิ่มเติมตามความสนใจ และปฏิบัติกิจกรรมอิสระ

2. หน่วยการเรียน รายวิชาใดที่ใช้เวลาเรียน 2 คาบต่อสัปดาห์ต่อภาคเรียน ให้มีหน่วยการเรียน 1 หน่วยการเรียน รายวิชาใดที่มีจำนวนคาบเรียนมากกว่าหรือน้อยกว่า 2 คาบต่อสัปดาห์ต่อภาคเรียน ให้มีจำนวนหน่วยการเรียนมากขึ้น หรือน้อยลงเป็นไปตามสัดส่วน

### 3. วิชาบังคับและวิชาเลือกเสรี

3.1 ผู้เรียนจะต้องเรียนวิชาบังคับ และวิชาเลือกเสรีตามที่กำหนดไว้ในโครงสร้างของหลักสูตรสำหรับภาษาต่างประเทศ ผู้เรียนจะเลือกเรียนได้ 2 ภาษา เท่านั้น

3.2 การจัดทำรายวิชาบังคับเลือกและเลือกเสรี นอกเหนือจากที่กำหนดไว้ในหลักสูตรและการใช้แหล่งวิทยากร สถานประกอบการ และสถานประกอบอาชีพอิสระ ให้เป็นไปตามหลักเกณฑ์และวิธีการที่กระทรวงศึกษาธิการกำหนด

## การกำหนดรหัสวิชา

ประกอบด้วยตัวอักษรและตัวเลขดังนี้

ตัวอักษร ใช้แทนชื่อวิชาต่าง ๆ ตามที่ปรากฏในโครงสร้างหลักสูตร ดังต่อไปนี้

ท	แทน วิชาภาษาไทย	ญ	แทน วิชาภาษาญี่ปุ่น	ว	แทน วิชาวิทยาศาสตร์
อ	แทน วิชาภาษาอังกฤษ	อร	แทน วิชาภาษาอาหรับ	ค	แทน วิชาคณิตศาสตร์
ผ	แทน วิชาภาษาฝรั่งเศส	บ	แทน วิชาภาษาบาลี	พอ	แทน วิชาพื้นฐานวิชาอาชีพ
ย	แทน วิชาภาษาเยอรมัน	ส	แทน วิชาสังคมศึกษา	ช	แทน วิชาอาชีพ
สป	แทน วิชาภาษาสเปน	พ	แทน วิชาพลานามัย		
อล	แทน วิชาภาษาอิตาลี	ศ	แทน วิชาศิลปะ		

ตัวเลข ใช้ตามหลังตัวอักษรมี 3 ตำแหน่งดังนี้

ตัวเลขตำแหน่งที่ 1 ได้แก่ 0, 4, 5 และ 6 บอกระดับชั้นและลักษณะของวิชาดังนี้

- (1) เลข 4, 5 และ 6 หมายถึงชั้นที่กำหนดให้เรียนในรายวิชาบังคับแกนและรายวิชาบังคับเลือก
- (2) เลข 0 หมายถึงรายวิชาที่ไม่ระบุชั้นเรียน ซึ่งเป็นรายวิชาเลือกเสรี หรือรายวิชาบังคับเลือกที่ไม่บังคับชั้น

ตัวเลขตำแหน่งที่ 2 ได้แก่ เลข 0 ถึง 9

(1) เลข 0 หมายถึง รายวิชาบังคับแกน

(2) เลข 1 ถึง 9 หมายถึง ลำดับที่ของกลุ่มย่อยในวิชาบังคับเลือกหรือวิชาเลือกเสรี

ตัวเลขตำแหน่งที่ 3 หมายถึงลำดับที่ของรายวิชาในแต่ละกลุ่มย่อย ถ้ากลุ่มย่อยใดมีจำนวนรายวิชามากกว่า 9 รายวิชา ให้ขีดเส้นใต้กำกับลำดับที่ของรายวิชาที่มากกว่า 9 ทุกรายวิชา เช่น 10 11 ฯลฯ

ตัวอย่างรหัสวิชา

1. ท402 ภาษาไทย

ท หมายถึง วิชาภาษาไทย

4 หมายถึง วิชาที่กำหนดให้เรียนในชั้นมัธยมศึกษาปีที่ 4

0 หมายถึง วิชาบังคับแกน

2 หมายถึง รายวิชาลำดับที่ 2 ในวิชาบังคับแกนภาษาไทย

2. ว421 ฟิสิกส์

ว หมายถึง วิชาวิทยาศาสตร์

4 หมายถึง วิชาที่กำหนดให้เรียนในชั้นมัธยมศึกษาปีที่ 4

2 หมายถึง กลุ่มย่อยที่ 2

1 หมายถึง รายวิชาลำดับที่ 1 ในกลุ่มย่อยที่ 2

3. ส023 เอเชียใต้ในโลกปัจจุบัน

ส หมายถึง วิชาสังคมศึกษา

0 หมายถึง วิชาเลือกเสรี

2 หมายถึง กลุ่มย่อยที่ 2

3 หมายถึง รายวิชาลำดับที่ 3 ในกลุ่มย่อยที่ 2

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้เฉพาะภายในเท่านั้นไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## การจัดแผนการเรียน

แนวการจัดแผนการเรียน หลักสูตรมัธยมศึกษาตอนปลาย (ศึกษารายละเอียดได้จากหนังสือคู่มือหลักสูตรมัธยมศึกษาตอนปลาย พุทธศักราช 2524) แผนการเรียนหลักมี 3 ลักษณะดังนี้

### 3.1 แผนการเรียนที่เน้นทางศิลปศาสตร์ แผนการเรียนนี้ยังมีชื่อแตกต่างกันี้

- แผนการเรียนที่เลือกภาษาต่างประเทศ 2 ภาษา
- แผนการเรียนที่เลือกภาษาต่างประเทศ 1 ภาษา และสังคมศึกษา
- แผนการเรียนที่เลือกภาษาต่างประเทศ 1 ภาษา และคณิตศาสตร์
- แผนการเรียนที่เลือกภาษาต่างประเทศ 1 ภาษา และศิลปกรรม

### 3.2 แผนการเรียนที่เน้นทางวิทยาศาสตร์

### 3.3 แผนการเรียนที่เน้นทางอาชีพ



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับครูใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## ภาคผนวก ข.

### ข้อมูลโรงเรียนตัวอย่าง

ข้อมูลของโรงเรียนตัวอย่างคือ โรงเรียนหอวัง เป็นข้อมูลชั้นมัธยมศึกษาตอนปลายชั้นมัธยมศึกษาปีที่ 4 ซึ่งประกอบด้วยข้อมูลต่าง ๆ จากการสำรวจและรูปแบบข้อมูลนำเข้าในการใช้ GA จัดตารางสอนแบบอัตโนมัติ

#### การจัดชั้นเรียน

การจัดชั้นเรียนมัธยมศึกษาตอนปลายของโรงเรียนเป็นจำนวน 14 ห้องเรียน จัดเป็น 4 แผนการเรียนสำหรับทุกชั้นเรียนคือ

- |  |  |
|--|--|
| (1) แผนการเรียนคณิตศาสตร์-วิทยาศาสตร์  | จำนวน 7 ห้องเรียน (ห้อง ม.4/1 -ม.4/7)  |
| (2) แผนการเรียนคณิตศาสตร์-ภาษาอังกฤษ   | จำนวน 3 ห้องเรียน (ห้อง ม.4/8 -ม.4/10) |
| (3) แผนการเรียนภาษาอังกฤษ-ภาษาฝรั่งเศส | จำนวน 3 ห้องเรียน (ห้อง ม.4/11-ม.4/13) |
| (4) แผนการเรียนภาษาอังกฤษ-ภาษาเยอรมัน  | จำนวน 1 ห้องเรียน (ห้อง ม.4/14)        |

#### รายวิชาบังคับและวิชาเลือก

รายวิชาบังคับและวิชาเลือกจัดตามความเหมาะสมกับนักเรียนรวมถึงสถานะความสามารถของโรงเรียน สำหรับการจัดกิจกรรมเป็นกิจกรรมตามระเบียบระเบียบกระทรวง ๆ ซึ่งเป็นกิจกรรมชุมนุมของโรงเรียน กิจกรรมแนะแนว กิจกรรมอิสระ และกิจกรรมการประชุมของโรงเรียน รวมเป็น 4 คาบต่อสัปดาห์ ตามหลักสูตรมัธยมศึกษาตอนปลายพุทธศักราช 2524 (ฉบับปรับปรุง 2533) ของกระทรวงศึกษาธิการ แสดงรายละเอียดดังตารางที่ b1

#### อัตรากำลังครู-อาจารย์

เอกสารการจัดสรรอัตรากำลังครู-อาจารย์แบ่งเป็น 13 หมวดวิชา ซึ่งจัดสรรวิชาในการสอนของครูแต่ละคนโดยหัวหน้าหมวดวิชาแต่ละหมวด แสดงดังตารางที่ b2 ของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

คณิตศาสตร์-วิทยาศาสตร์			คณิตศาสตร์-ภาษาอังกฤษ			ภาษาอังกฤษ-ภาษาฝรั่งเศส			ภาษาอังกฤษ-ภาษาเยอรมัน		
รายวิชา	คาบ/ สัปดาห์/ ภาค	หน่วย การเรียน	รายวิชา	คาบ/ สัปดาห์/ ภาค	หน่วย การเรียน	รายวิชา	คาบ/ สัปดาห์/ ภาค	หน่วย การเรียน	รายวิชา	คาบ/ สัปดาห์/ ภาค	หน่วย การเรียน
วิชาบังคับแกน			วิชาบังคับแกน			วิชาบังคับแกน			วิชาบังคับแกน		
ท401 ภาษาไทย	2	1	ท401 ภาษาไทย	2	1	ท401 ภาษาไทย	2	1	ท401 ภาษาไทย	2	1
ส401 โลกของเรา	2	1	ส401 โลกของเรา	2	1	ส401 โลกของเรา	2	1	ส401 โลกของเรา	2	1
พ401 สุขศึกษา	1	.5	พ401 สุขศึกษา	1	.5	พ401 สุขศึกษา	1	.5	พ401 สุขศึกษา	1	.5
วิชาบังคับเลือก			วิชาบังคับเลือก			วิชาบังคับเลือก			วิชาบังคับเลือก		
ส021 พลศึกษา	1	.5	ส021 พลศึกษา	1	.5	ส021 พลศึกษา	1	.5	ส021 พลศึกษา	1	.5
ว421 ฟิสิกส์	4	2	ว411 วิทยาศาสตร์กายภาพ- ชีวภาพ	3	1.5	ว411 วิทยาศาสตร์กายภาพ- ชีวภาพ	3	1.5	ว411 วิทยาศาสตร์กายภาพ- ชีวภาพ	3	1.5
ว431 เคมี	4	2									
ว441 ชีววิทยา	4	2									
			พื้นฐานวิชาอาชีพ เลือกวิชาพื้นฐานอาชีพ			พื้นฐานวิชาอาชีพ เลือกวิชาพื้นฐานอาชีพ			พื้นฐานวิชาอาชีพ เลือกวิชาพื้นฐานอาชีพ		
รวม	18	9	รวม	11	5.5	รวม	11	5.5	รวม	11	5.5
วิชาเลือกเสรี			วิชาเลือกเสรี			วิชาเลือกเสรี			วิชาเลือกเสรี		
ส048 พระพุทธศาสนา	2	1	ส048 พระพุทธศาสนา	2	1	ส048 พระพุทธศาสนา	2	1	ส048 พระพุทธศาสนา	2	1
อ011 ภาษาอังกฤษ 1	4	2	อ011 ภาษาอังกฤษ 1	4	2	อ011 ภาษาอังกฤษ 1	4	2	อ011 ภาษาอังกฤษ 1	4	2
อ031 ทักษะอ่าน 1	2	1	อ021 เสริมทักษะ 1	3	1.5	อ021 เสริมทักษะ 1	3	1.5	อ021 เสริมทักษะ 1	3	1.5
ค011 คณิตศาสตร์	5	2.5	อ031 ทักษะอ่าน 1	2	1	อ031 ทักษะอ่าน 1	2	1	อ031 ทักษะอ่าน 1	2	1
			ค011 คณิตศาสตร์	5	2.5	ค011 คณิตศาสตร์	5	2.5	ค011 คณิตศาสตร์	5	2.5
			เลือกวิชาเลือกเสรีอื่น ๆ	4	2	เลือกวิชาเลือกเสรีอื่น ๆ	4	2	เลือกวิชาเลือกเสรีอื่น ๆ	4	2
			เลือกวิชาเลือกเสรีอื่น ๆ	4	2	เลือกวิชาเลือกเสรีอื่น ๆ	4	2	เลือกวิชาเลือกเสรีอื่น ๆ	4	2
รวม	13	6.5	รวม	20	10	รวม	21	10.5	รวม	21	10.5
1. กิจกรรมตามระเบียบ	1	-	1. กิจกรรมตามระเบียบ	1	-	1. กิจกรรมตามระเบียบ	1	-	1. กิจกรรมตามระเบียบ	1	-
2. กิจกรรมแนะแนว	1	-	2. กิจกรรมแนะแนว	1	-	2. กิจกรรมแนะแนว	1	-	2. กิจกรรมแนะแนว	1	-
3. กิจกรรมอิสระ	1	-	3. กิจกรรมอิสระ	1	-	3. กิจกรรมอิสระ	1	-	3. กิจกรรมอิสระ	1	-
4. ประชุม	1	-	4. ประชุม	1	-	4. ประชุม	1	-	4. ประชุม	1	-
รวม	4	-	รวม	4	-	รวม	4	-	รวม	4	-
รวมทั้งหมด	35	15.5	รวมทั้งหมด	35	15.5	รวมทั้งหมด	36	16	รวมทั้งหมด	36	16

ตารางที่ บ1 รายวิชาบังคับและวิชาเลือกแต่ละแผนการเรียน

ลำดับ	ชื่อ-นามสกุล	รหัส	วิชา	ห้อง
	<b>หมวดภาษาไทย</b>			
1	วนิดา ผ่องสุริยะชัย	ท401	ภาษาไทย	1,5,7,9,11,13
2	สมาลี โกลดสมบัติ	ท401	ภาษาไทย	2,3,4,6,8,10,12,14
3	วลัยพรรณ ศิระพลานนท์	ท033	อาจารย์ประจำชั้น	10
			วรรณคดีมรดก	(วิชาเลือกเสรี)
4	กัลยา สนาชาติโกสีย์	ท042	อาจารย์ประจำชั้น	9
			การเขียน 1	(วิชาเลือกเสรี)
	<b>หมวดภาษาอังกฤษ</b>			
5	ประพิช จินดารักษ์	อ021	เสริมทักษะ 1	8,10,11,13,14
		อ031	ทักษะอ่าน 1	1
6	ปิญญาพร สว่างพร้อม	อ011	ภาษาอังกฤษ 1	1,7
		อ021	เสริมทักษะ 1	9,12
7	อภรณ์ ตูลากร	อ011	ภาษาอังกฤษ 1	2,6,11
		อ031	ทักษะอ่าน 1	7,12
8	แอนนา ทองหยด	อ011	ภาษาอังกฤษ 1	3,8,12
		อ031	ทักษะอ่าน 1	4,11
9	เรวัต ชุ่มใจ	อ011	ภาษาอังกฤษ 1	4,9,13
		อ031	ทักษะอ่าน 1	5,10
10	นันทนา อินทชาติ	อ011	ภาษาอังกฤษ 1	5,10,14
		อ031	ทักษะอ่าน 1	3,8,13
11	เกษม อยู่สำราญ	อ031	อาจารย์ประจำชั้น	2
		อ031	ทักษะอ่าน 1	2,6,9,14
	<b>หมวดคณิตศาสตร์</b>			
12	กัลยา สุนทรจารย์	ค011	อาจารย์ประจำชั้น	7
		ค011	คณิตศาสตร์	7
13	ลักขณา คำนกุลชัย	ค011	คณิตศาสตร์	1,6,10
14	ปราณี จิตคาม	ค011	คณิตศาสตร์	2,4,8
15	สมศรี งามกมลรัตน์	ค011	คณิตศาสตร์	3,5,9
	<b>แนะแนว</b>			
16	ทัศนีย์ ฝ่ายเจริญ	นบ	แนะแนว	1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14
	<b>หมวดวิทยาศาสตร์</b>			
17	ศิริ เบลูจสุวรรณเทพ	ว421	อาจารย์ประจำชั้น	1
		ว421	ฟิสิกส์	1,2
18	ชวลี พัฒนทรพร	ว421	ฟิสิกส์	3,4,5
19	ผ่องแก้ว วิเศษสุนทร	ว441	ชีววิทยา	1,2,3,4
20	ศรีวิไล เจริญวงศ์	ว441	ชีววิทยา	5,6,7
21	นิตยา สุวรรณวัฒน์	ว431	เคมี	1,2,3
22	นภาพิมล คีตะสาร	ว411	อาจารย์ประจำชั้น	8
		ว411	วิทยาศาสตร์กายภาพชีวภาพ	8,9,10
23	จงอาจ เทียะจิตโพธิ์	ว421	ฟิสิกส์	6,7
		ว431	เคมี	4,5,6,7
24	กรณี หงษ์ประพัชร	ว431	เคมี	4,5,6,7
25	ระนองศักดิ์ นามิณต์กุล	ว411	วิทยาศาสตร์กายภาพชีวภาพ	11,12,13,14
	<b>หมวดพลานามัย</b>			
26	เทียมลักษณ์ บุรณะราช	พ401	สุขศึกษา	1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14
27	สมบูรณ์ อัญมณีรัตน์	พ021	พลศึกษา	1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14

ลำดับ	ชื่อ-นามสกุล	รหัส	วิชา	ห้อง
	หมวดภาษาต่างประเทศ			
28	จุไรรัตน์ เดิมปัญญา	ฝ011	อาจารย์ประจำชั้น ภาษาฝรั่งเศส 1	13 11,12,13
29	พิจิตรา เหมือนประสิทธิ์เวช	ย011	อาจารย์ประจำชั้น ภาษาเยอรมัน 1	14
30	จุฑามาศ รัตนพันธ์	ฝ011	อาจารย์ประจำชั้น ภาษาฝรั่งเศส 1	11 11,12,13
31	สีพี ฉิม คง	ฝ011	อาจารย์ประจำชั้น ภาษาฝรั่งเศส 1	12 11,12,13
	หมวดสังคมศึกษา			
32	(อาจารย์ใหม่)	ส048	พระพุทธศาสนา	1,14
		ส401	โลกของเรา	11,13
33	สัมพันธ์ แดงทองดี	ส401	โลกของเรา	1,3,4,6,7,8,14
34	สุกัญญา นวลวิจิตร	ส048	พระพุทธศาสนา	3,6
35	เพ็ญศรี สงวนญาติ	ส048	พระพุทธศาสนา	4,7,9,10,13
36	อารมณ จันทร์รุ่งเรือง	ส048	พระพุทธศาสนา	2,5,8,11,12
37	ปิ่นสุวรรณ ศิริจิตร์	ส401	โลกของเรา	2,5,9,10,12
38	นวลทิพย์ ดัฒนเทศ	ส051	মনন্যกับสังคม	(วิชาเลือกเสรี)
39	อัมพร	ส0214	เหตุการณ์ปัจจุบัน	(วิชาเลือกเสรี)
40	ชุดิพร ชินประคินธุ์	ส031	การปกครองของไทย	(วิชาเลือกเสรี)
41	นพวดี โมระกรานต์	ส012	ภูมิศาสตร์เศรษฐกิจโลก	(วิชาเลือกเสรี)
42	มุสดี พิริยะคุณชาล	ณ011	ภาษาญี่ปุ่น	(วิชาเลือกเสรี)
43	ชาลิ ณ พัทลุง	ส071	กฎหมายที่ควรรู้	(วิชาเลือกเสรี)
44	ลัดดา เกิดสุข	ส021	หลักฐานประวัติศาสตร์	(วิชาเลือกเสรี)
45	เขาวลัดภณัฏ ภระเวช	ส015	ความรู้เบื้องต้นเกี่ยวกับเมือง	(วิชาเลือกเสรี)
	หมวดธุรกิจ			
46	นิตยา โอเจริญ	พอ013	พื้นฐานธุรกิจขนาดเล็ก	7,8,9,10,11,12,13,14
	หมวดคหกรรม			
49	ลักขณา จันทร์น้อย	ข0167	ช่างประดิษฐ์ของข้าวสวย	(วิชาพื้นฐานอาชีพ)
50	สมใจ อัมภัญญ์	ข0158	ช่างอาหารไทย	(วิชาพื้นฐานอาชีพ)
	หมวดเกษตรกรรม			
51	อนงค์ คำคง	ข0118	การผลิตพันธุ์ไม้	(วิชาพื้นฐานอาชีพ)
52	ชาญาจิต จันทเพชร	ข015	การปลูกไม้ประดับ	(วิชาพื้นฐานอาชีพ)
	หมวดศิลป ก.			
47	สุภางค์ ศรีประภักษ์	ศ0119	ศิลป์ไทย 1	(วิชาพื้นฐานอาชีพ)
48	สารภี แสงจักร	ศ011	ศิลป์นิยม 1	(วิชาพื้นฐานอาชีพ)
	หมวดศิลป ข.			
53	ฉันทกมล ฉาวรส	ศ022	พื้นฐานดนตรีไทย 1	(วิชาพื้นฐานอาชีพ)

## หมายเหตุ

1. วิชาเลือกเสรีจัดให้เลือกหมวดภาษาไทย 1 วิชา และ สังคมศึกษา 1 วิชา

2. คาบกิจกรรมคาบระเบียบและคาบประชุมจัดทุกห้องเวลาเดียวกันและจัดอาจารย์ประจำชั้นคุม

3. คาบกิจกรรมอิสระ จัดอาจารย์ประจำชั้นคุม

4. วิชาภาษาฝรั่งเศสจัดให้เรียนกับอาจารย์ทั้ง 3 คน

ตารางที่ b2 (ต่อ) อัตราค่าจ้างครู-อาจารย์

## ภาคผนวก ค.

## โปรแกรมต้นฉบับ

```

//*****
// PROGRAM : GA FOR SCHOOL TIMETABLE
//*****

```

```

// <<<...STANDARD...>>>

```

```

#include <stdio.h>
#include <stdlib.h>
#include <conio.h>
#include <alloc.h>
#include <dos.h>
#include <string.h>
#include <math.h>
#include <graphics.h>
#include <stdarg.h>

```

```

// <<<...GA TYPEDEF...>>>

```

```

typedef int allele;
typedef allele *chromosome; // chromosome pointer of allele
typedef struct{
    chromosome chrom;
    float objective; // Objective function value
    int parent1; // dad
    int parent2; // mom
} individual;

```

```

//*****
// initialization
//*****

```

```

// Initial chromosome
void Init_Chrom(chromosome chrom)
{
    for ( int i=1; i<=lchrom; i++)
        chrom[i]=md(minallelevel,maxallelevel[i]);
}

```

```

// Swap bit of Initial not duplicate chromosome
void Init_SwapBit(chromosome chrom)

```

```

{
    int x,xrnd;

    xrnd = md(1,lchrom);
    do { x=md(minallelevel,maxallelevel[xrnd]); } while (x==chrom[xrnd]);
    chrom[xrnd] = x;
}

```

```

// Initialization GA population

```

```

void Init_Pop(int initsize)
{
    int i,j1,j2,k;
    int same;

```

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่าในรูปแบบใดก็ตาม หากมีให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```

for (k=popsize-initsize+1; k<=popsize; k++)
{
  Init_Chrom(oldpop[k].chrom); // initial chromosome
  if ((typsstate==3) && (k>1)) // check if wo.dup
  {
    for (j1=1; j1<=k-1; j1++) // check all chrom has any duplicate
    {
      same = 0;
      for (j2=1; j2<=lchrom; j2++) if (oldpop[k].chrom[j2]==oldpop[j1].chrom[j2]) ++same;
      if (same==lchrom-1) // if dup.chromosome must swap bit
      {
        Init_SwapBit(oldpop[k].chrom);
        j1=0; // must check all again
      }
    }
  }
  oldpop[k].parent1 = 0;
  oldpop[k].parent2 = 0;
}
}
// Revert Fix bit value
void Init_Fixalleval(chromosome ch)
{
  int i;

  for (i=1; i<=lchrom; i++)
  if (fixalleval[i]) ch[i]=fixalleval[i];
}
// Initialization
void Initialize()
{
  // Initialize population
  Init_Pop(popsize);
  // Fix bit value
  if (fixallemut) for (int i=1; i<=popsize; i++) Init_Fixalleval(oldpop[i].chrom);
  Evaluate(oldpop,popsize);
  Statistics(oldpop); Display(); Report();
}
//*****
// selection
//*****

// No Scaling object
void Sel_NoScale(arrayfloat scale)
{ if (typobjfn==0) for ( int i=1; i<=popsize; i++) scale[i]=1/(1+scale[i]); }

// Scaling Windowing
void Sel_ScaleWindow(int winsize,
                    arrayfloat scale,
                    arrayfloat arworst,
                    float worst)
{
  int i,g,j;

  if (gen==1) arworst[1]=worst; // initial worst index = 1
  if (winsize==0)
  {
    switch (typobjfn)
    {
      case 0:if (worst<arworst[1]) arworst[1]=worst; break;
      case 1:if (worst>arworst[1]) arworst[1]=worst; break;
    }
  }
  g=1;
}
}

```

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ หากมีข้อสงสัยหรือต้องการข้อมูลเพิ่มเติม กรุณาติดต่อฝ่ายวิชาการของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```

else
{
    g=gen % winsize;
    if (g==0) g=winsize;
    arworst[g]=worst;
    g=((gen-winsize) % winsize)+1;
    if (g<=0) g=gen;
}
j=0; for (i=1; i<=popsize; i++)
{
    switch (typobjfn)
    {
        case 0:if (arworst[g]<=scale[i]) ++j; break;
        case 1:if (scale[i]<=arworst[g]) ++j; break;
    }
}
if (j<popsize)
{
    for (i=1; i<=popsize; i++) // find scaling object
    {
        switch (typobjfn)
        {
            case 0:scale[i]=arworst[g]-scale[i]; break;// MIN FN.
            case 1:scale[i]=scale[i]-arworst[g]; break;// MAX FN.
        }
        if (scale[i]<0) scale[i]=0;
    }
}
}
}

```

// Linear Scaling object

```

void Sel_ScaleLinear( float    cmult,
                    arrayfloat scale,
                    float    best,
                    float    avg,
                    float    worst)
{
    int    i;
    float  a,b,delta;

    if ( !((avg==worst) && (best==avg)) )
    {
        if ( worst > ((cmult*avg - best) / (cmult-1.0)) )
        {
            delta = best - avg;
            if (delta!=0.0)
            {
                a = (cmult-1.0) * abs(avg) / delta;
                b = abs(avg) * (best - cmult*avg) / delta;
            }
        }
    }
    else
    {
        delta = avg - worst;
        if (delta!=0.0)
        {
            a = avg / delta;
            b = -1.0*abs(avg) * worst / delta;
        }
    }
    if (delta!=0.0) for (i=1; i<=popsize; i++) scale[i]=a*scale[i]+b;
}
}

```

// Sigma Truncation Scaling object

```

void Sel_ScaleSigma( float    csigma,

```

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับกรใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 ไม่ว่าจะกรณีใดๆ หากมีข้อผิดพลาดประการใดขออภัยเป็นอย่างสูง และขอแจ้งถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```

        arrayfloat scale,
        float avg)
{
    int i;

    if ( ! ((worst==avg) && (avg==best)) )
    {
        for (i=1; i<=popsize; i++)
        {
            switch (typobjfn)
            {
                case 0:scale[i]=(avg+(csigma*sigma))-scale[i]; break;// MIN FN.
                case 1:scale[i]=scale[i]-(avg-(csigma*sigma)); break;// MAX FN.
            }
            if (scale[i]<0.0) scale[i]=0.0;
        }
    }
}

// Fitness Proportion Expected value
void Sel_FitExpected( arrayfloat scale,
                    arrayfloat expected)
{
    int i;
    float avg,sum;

    sum = 0;
    for (i=1; i<=popsize; i++) { sum+=scale[i]; expected[i]=0.0; }
    avg = sum / popsize;
    for (i=1; i<=popsize; i++) expected[i]=scale[i]/avg;
}

// Linear Ranking object
void Sel_RankLinear( float emax,
                   arrayfloat expected,
                   individual *pop)
{
    const UPPER = 2;
    arrayinteger chromrank; // rank of chromosome
    float emin; // expected value of minrank
    int i;

    Rankingpop('W',pop,chromrank);
    emin = UPPER - emax;
    for (i=1; i<=popsize; i++) expected[i]=emin+( emax-emin) * (chromrank[i]-1)/(popsize-1);
}

// Nonlinear Ranking object
void Sel_RankNonlinear(float q,
                      arrayfloat expected,
                      individual *pop)
{
    int i;
    arrayinteger chromrank; // rank of chromosome

    Rankingpop('B',pop,chromrank);
    for (i=1; i<=popsize; i++) expected[i] = popsize * ( q*pow( (double) (1-q) , (double) (chromrank[i]-1) ) );
}

// Proportion Ranking object
void Sel_RankProp(arrayfloat expected,
                 individual *pop)
{
    int i;
    float sum;
    arrayinteger chromrank; // rank of chromosome

```

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 ไม่ว่าในรูปแบบใดก็ตาม หากมีข้อผิดพลาดประการใดขออภัยเป็นอย่างสูงและต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```

Rankingpop('W',pop,chromrank);
sum = 0;
for (i=1; i<=popsize; i++) sum += i;
for (i=1; i<=popsize; i++) expected[i] = popsize * (chromrank[i]/sum);
}

// Selection by Roulette Wheel Sampling
void Sel_RouletteWheel(arrayfloat expected,
                      int numpool,
                      arrayinteger pool)
{
    int i,j;
    arrayfloat pselect; // Pi = Ei/popsize
    arrayfloat freqpselect; // frequency of pselect

    freqpselect[1]=expected[1]/popsize; // find frequency of pselect
    for (i=2; i<=popsize; i++) freqpselect[i]=freqpselect[i-1]+expected[i]/popsize;
    for (i=1; i<=numpool; i++) // create pool
    {
        j=0; do ++j; while ((freqpselect[j]<mrandom()) && (j<numpool));
        pool[i] = j;
    }
}

// Selection by Stochastic remainder Sampling
void Sel_SRremain(char typrep,
                  arrayfloat expected,
                  int numpool,
                  arrayinteger pool)
{
    int i,j,k;
    float avg,sum;
    int iexpected; // integer's Ei
    arrayfloat fexpected; // fraction's Ei
    arrayfloat freqfexpected; // frequency of fraction's Ei
    int xrnd,kpool;

    k=0;
    for (j=1; j<=popsize; j++)
    {
        iexpected = floor(expected[j]); // integer's Ei
        fexpected[j]= expected[j] - iexpected; // fraction's Ei
        for (i=1; i<=iexpected; i++) pool[++k]=j; // # certain survive = its integer
    }
    if (k<popsize)
    {
        if (typrep=='W') // with replacement
        {
            sum = 0;
            for (j=1; j<=popsize; j++) sum+=fexpected[j];
            avg = sum/popsize;
            freqfexpected[1]=fexpected[1]/avg;
            for (j=2; j<=popsize; j++)
                freqfexpected[j]=freqfexpected[j-1]+(fexpected[j]/avg);
            for (k=k+1; k<=popsize; k++)
            {
                j=0; do ++j; while ((freqfexpected[j]<mrandom()) && (j<popsize));
                pool[k]=j;
            }
        }
        else // w/o replacement
        {
            j=0;
            do
            {

```

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่าการนำเอกสารไปใช้ทั้งหมด หรือบางส่วนให้ติดต่อขอสงวนลิขสิทธิ์ และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```

    ++j; if (j>popsiz) j=1;
    if (fexpected[j]>0.0)
    {
        if (flip(fexpected[j]))
        {
            pool[++k]=j;
            --fexpected[j];
        }
    } while (k<popsiz);
}
}
for (i=1; i<=numpool; i++)
{
    xrnd = rd(i,popsiz);
    kpool = pool[i];
    pool[j] = pool[xrnd];
    pool[xrnd] = kpool;
}
for (i=numpool+1; i<=popsiz; i++) pool[i]=0;
}

// selection
void Select()
{
    arrayfloat scaleval; // scale object of population
    arrayfloat expectedval; // expected value of population
    int i;

    // create Expected value
    switch (typselect)
    {
        case 1:for (i=1; i<=popsiz; i++) scaleval[i]=oldpop[i].objective;
        switch (typscale) // Scaling object
        {
            case 0:Sel_NoScale(scaleval); break;
            case 1:Sel_ScaleWindow(ceil(cscale),scaleval,arworst,worst); break;
            case 2:Sel_ScaleLinear(cscale,scaleval,best,avg,worst); break;
            case 3:Sel_ScaleSigma(cscale,scaleval,avg); break;
        }
        Sel_FitExpected(scaleval,expectedval);
        break;
        case 2:switch (typrank) // Ranking object
        {
            case 1:Sel_RankLinear(crank,expectedval,oldpop); break;
            case 2:Sel_RankNonlinear(crank,expectedval,oldpop); break;
            case 3:Sel_RankProp(expectedval,oldpop); break;
        }
        break;
    }

    // create mating pool
    switch (typsample)
    {
        case 1:Sel_RouletteWheel(expectedval,num_chromgen,pool); break;
        case 2:Sel_SRemain('W',expectedval,num_chromgen,pool); break;
        case 3:Sel_SRemain('O',expectedval,num_chromgen,pool); break;
    }
}

// genetic operation
// n-point Crossover
void Rec_NpointCross(float pcross,
                    chromosome dad,

```

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 ไม่ว่าในกรณีใดๆ หากมีให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```

        chromosome mom,
        chromosome child1,
        chromosome child2)
{
    int    i,j,kptcrs;
    arrayposition arpt;

    if (flip(pcross)) // Do crossover with p(cross)
    {
        ++ecross;
        if (ptcrs%2)
        {
            RndPos(lchrom-1,ptcrs,arpt);
            arpt[ptcrs+1]=lchrom;
            kptcrs = ptcrs+1;
        }
        else
        {
            RndPos(lchrom,ptcrs,arpt);
            kptcrs = ptcrs;
        }
        j=1;
        do
        {
            for (i=arpt[j]+1; i<=arpt[j+1]; i++)
            {
                child1[i] = mom[i];
                child2[i] = dad[i];
            }
            j+=2;
        } while (j+1<=kptcrs);
    }
}

// Integer Mutation
void Rec_IntMutate(float    pmutate,
                    chromosome son)
{
    allele    x;
    int      i;

    for (i=1; i<=lchrom; i++)
    {
        if (flip(pmutate))
        {
            ++emutation;
            do x=rd(minalleval,maxalleval[i]); while (x==son[i]);
            son[i] = x;
        }
    }
}

// Recombine pair of chromosome
void Recombine()
{
#define dad  tmppop[1].chrom
#define mom  tmppop[2].chrom
#define child1  tmppop[3].chrom
#define child2  tmppop[4].chrom
    int    i,j;
    int    mate1,mate2;
    int    c1m1,c1m2;
    int    c2m1,c2m2;
    int    ibest;
    float  Pc,Pm1,Pm2;

```

เอกสารนี้เป็นลิขสิทธิ์สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 ไม่ว่าในรูปแบบใดๆก็ตามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```

Pc      = pcross;
Pm1     = pmutate;
Pm2     = pmutate;
ecross  = 0;
emutation = 0;
j = 1;
do
{
  mate1 = pool[j];
  mate2 = pool[j+1];
  CopyChrom(dad, oldpop[mate1].chrom);
  CopyChrom(mom, oldpop[mate2].chrom);
  CopyChrom(child1,oldpop[mate1].chrom);
  CopyChrom(child2,oldpop[mate2].chrom);
  Rec_NpointCross(Pc, dad, mom, child1, child2);
  Rec_IntMutate(Pm1, child1);
  Rec_IntMutate(Pm2, child2);
  // revert fix bit value
  if (fixallelemut)
  {
    Init_Fixallelevel(child1);
    Init_Fixallelevel(child2);
  }
  // record parentage
  CopyChrom(newpop[j].chrom, child1);
  newpop[j].parent1 = mate1;
  newpop[j].parent2 = mate2;
  CopyChrom(newpop[j+1].chrom, child2);
  newpop[j+1].parent1 = mate1;
  newpop[j+1].parent2 = mate2;
  j += 2;          // Increment pool index
} while(j<=num_chromgen);
}

```

```

//*****
// reproduction
//*****
void Reproduct()
{
  int   samechrom,samebit;
  boolean hasbest;
  arrayinteger chromrank; // rank of chromosome
  int   i,j,k;

```

```

chrominsert = num_chromgen;
if (chrominsert<popsiz) // steady state
{
  for (i=1; i<=popsiz; i++)
  {
    CopyIndiv(tmppop,oldpop,i,i);
    tmppop[i].parent1=i;
    tmppop[i].parent2=0;
  }
  Sortpop('B',tmppop);
  k=0;
  if (tyspsstate==2) // without duplicate
  {
    for (i=1; i<=num_chromgen; i++)
    {
      for (j=1; j<=popsiz; j++)
      if (SameChrom(newpop[j].chrom,oldpop[j].chrom))
      {
        ++k;
        CopyIndiv(newpop,tmppop,i,k);
        --chrominsert;
      }
    }
  }
}

```

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
 ไม่ว่าจะผิดใหนก็ตาม อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```

        j=popsize;
    }
}

}

for (i=num_chromgen+1; i<=popsize; i++)
    { ++k; CopyIndiv(newpop,tmppop,i,k); }

}

if (elitist==1)           // Elitism
{
    k=BestWorstIndex('B',oldpop);
    hasbest=FALSE;
    for (j=1; j<=popsize; j++)
        if (SameChrom(newpop[j].chrom, oldpop[k].chrom)) { hasbest=TRUE; j=popsize; }
    if (!hasbest)
    {
        Rankingpop('W',newpop,chromrank);
        for (i=1; i<=popsize; i++)
        {
            if (chromrank[i]==1)
            {
                CopyIndiv(newpop,oldpop,i,k);
                newpop[i].parent1=k;
                newpop[i].parent2=-1;
            }
        }
    }
}

}

//*****
// GA process
//*****
void GAprocess()
{
    int    i;

    gen=0;
    Initialize();           // initialize gen 0
    while (gen<maxgen)     // stop when maxgen
    {                       // MAIN GA ITERATIVE LOOP
        ++gen;
        Select();
        Recombine();
        Evaluate(newpop,num_chromgen);
        Reproduct();
        Statistics(newpop); Display(); Report();
        for (i=1; i<=popsize; i++) CopyIndiv(oldpop,newpop,i,i);
    }
}
}

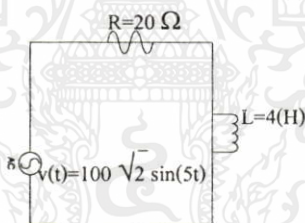
```

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## ภาคผนวก ง.

### การแก้ปัญหาคณิตศาสตร์เชิงตัวเลขด้วยคอมพิวเตอร์

ปัญหาคณิตศาสตร์โดยทั่วไปแล้วแยกได้เป็น 2 ประเภท ประเภทแรกจะเป็นการหาคำรากจริงของสมการ ซึ่งรู้ค่าโดยประมาณก่อนแล้วจากวิธีอื่น แล้วทำให้ได้ค่าที่เที่ยงตรงยิ่งขึ้น อีกประเภทหนึ่งเป็นการหารากของสมการทั้งรากจริง (real root) และรากคอมเพล็กซ์ (complex root) โดยที่ไม่รู้ค่าประมาณของรากนั้นก่อนเลย เช่น การหารากจริงของสมการ  $f(x) = 0$  ก็คือการหาจุดที่ฟังก์ชัน  $f(x)$  เป็น 0 ตัวอย่างเช่น การหาค่าของเวลาในระหว่าง 0.5-1.4 วินาที ที่กระแสไฟฟ้ามามีค่าเป็น 0 ของวงจรกระแสไฟฟ้าในรูปที่ d1 ซึ่งกระแสไฟฟ้าที่ไหลจะสามารถเขียนแทนได้ด้วยสมการที่ d.1



รูปที่ d1 วงจร RL

$$i = 5e^{-5t} \sin(\pi/4) + 5 \sin(5t - \pi/4) \quad (d.1)$$

ซึ่งในการหาคำตอบนั้นเรามีวิธี successive approximation method ที่นิยมใช้คือวิธีไบเซกชัน (Bisection Method) และ วิธีของนิวตัน (Newton's Method) [40]

#### วิธีไบเซกชัน

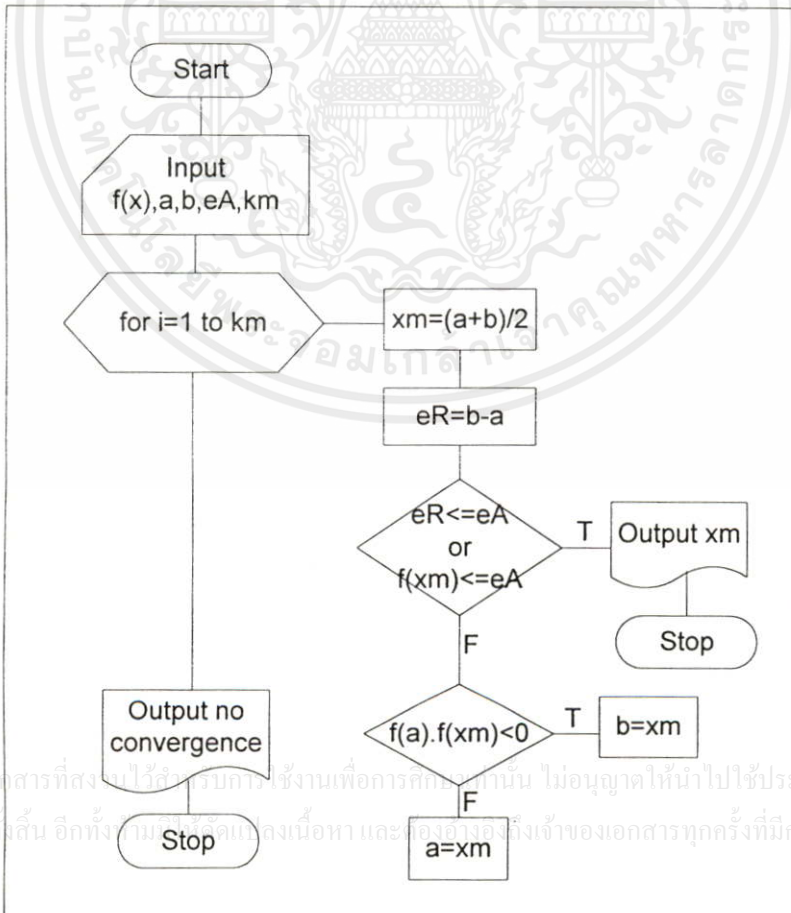
วิธีนี้เป็นวิธีที่ง่ายที่สุดที่ใช้ในการหาคำรากของสมการ ที่คอนเวอร์จช้าแต่จะคอนเวอร์จอย่างแน่นอนถ้าทราบค่าอินเทอวอล (interval) ที่มีค่ารากอยู่ สมมุติเราทราบค่าอินเทอวอล  $[a, b]$  ที่มีค่ารากอยู่ เราจะใช้วิธีแบ่งอินเทอวอลนี้ออกเป็น 2 ส่วนเท่า ๆ กันทีละจุด

$$x_m = \frac{a+b}{2} ; m = 1, 2, \dots, k_m \quad (d.2)$$

โดยที่  $k_m$  เป็นจำนวนครั้งสูงสุดที่แบ่ง ถ้าผลคูณของค่าฟังก์ชัน  $f(x_m)$  ที่จุดกึ่งกลาง  $x_m$  กับ  $f(a)$  มีค่าเป็น

$$f(a) \cdot f(x_m) < 0 \quad (d.3)$$

เราจะได้ว่าขณะนี้ค่ารากจะอยู่ในอินเทอร์วอล  $[a, x_m]$  แต่ถ้าไม่เป็นไปตามสมการที่ d.3 เราจะได้ว่าค่ารากจะอยู่ในอินเทอร์วอล  $[x_m, b]$  ดังนั้นถ้าเป็นไปตามสมการที่ d.3 เราจะให้  $b=x_m$  แต่ถ้าไม่ เราจะให้  $a=x_m$  แล้วกลับไปหาจุดกึ่งกลางใหม่อีกจากสมการ d.2 จนกว่าจะได้ค่าประมาณของค่ารากที่ต้องการ โดยในวิธีไบเซกชันนี้จะถือว่าจะได้คำตอบก็ต่อเมื่อ  $|b-a| \leq e_A$  โดยที่  $e_A$  เป็นค่า error ที่ยอมให้มิได้ ซึ่งแสดงขั้นตอนดังรูปที่ d2



รูปที่ d2 วิธีไบเซกชัน

ตัวอย่างผลการหาคำตอบของสมการที่ d.1 ด้วยวิธีไบเซกชัน ซึ่งคอนเวอร์จหลังจากแบ่งอินเทอวอลไป 25 ครั้ง ดังรูปที่ d3

```

* successive bisection method *
interval [a,b] of x : .5 , 1.4
admissible error   : 1e-07
max iterations     : 100

* process of convergence *
I      X      F(X)      RESIDUAL
2      0.7250000E+00  0.1581327E+01  0.4500000E+00
4      0.7812500E+00  0.1748172E+00  0.1125000E+00
6      0.7953125E+00  -.1814653E+00  0.2812500E-01
8      0.7847656E+00  0.8569471E-01  0.7031250E-02
10     0.7874023E+00  0.1886237E-01  0.1757813E-02
12     0.7880615E+00  0.2157080E-02  0.4394531E-03
14     0.7881165E+00  0.7650363E-03  0.1098633E-03
16     0.7881577E+00  -.2789898E-03  0.2746582E-04
18     0.7881474E+00  -.1798380E-04  0.6866455E-05
20     0.7881465E+00  0.3766713E-05  0.1716614E-05
22     0.7881467E+00  -.1670916E-05  0.4291535E-06
24     0.7881467E+00  -.3115102E-06  0.1072884E-06

* solution *
X = 0.7881466299E+00
no. of iterations : 25

```

รูปที่ d3 ผลลัพธ์วิธีไบเซกชัน

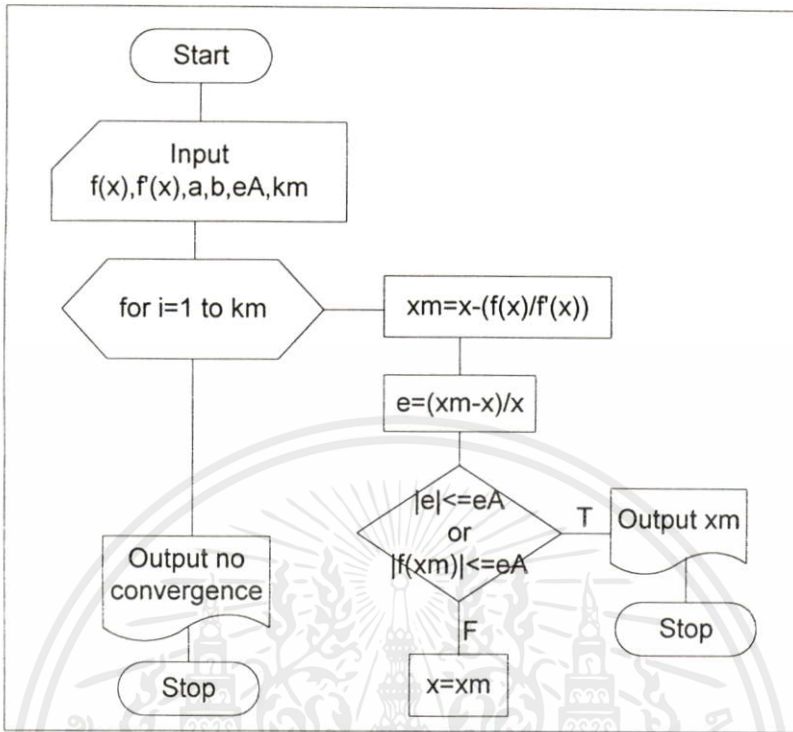
### วิธีของนิวตัน

ในวิธีนี้จะใช้วิธีสมมุติ  $x_i$  เป็นค่าประมาณของค่ารากของสมการ  $f(x)=0$  และประมาณฟังก์ชัน  $f(x)$  ด้วยฟังก์ชันของเส้น tangent ของ  $f(x)$  ที่  $x=x_i$  หรือ first order Taylor series ของ  $f(x)$  รอบจุด  $x_i$  นั่นเอง ถ้าให้จุดตัดของเส้น tangent นี้กับแกน  $x$  (จุดที่  $f(x)=0$ ) เป็น  $(x_{i+1},0)$  จะได้ความสัมพันธ์ว่า

$$x_{i+1} = x_i - f(x)/f'(x) \quad (d.4)$$

ซึ่งแสดงขั้นตอนดังรูปที่ d4

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ d4 วิธีของนิวตัน

ตัวอย่างผลการหาค่าตอบของสมการที่ d.1 ด้วยวิธีของนิวตันหลังจากไอเทอเรทไป 5 ครั้งดังรูปที่ d5

```

* Newton method *
initial value of x : 1
admissible error : 1e-07
max iterations : 100

* process of convergence *

I      X              F(X)          RESIDUAL
0      0.1000000E+01  -.4369384E+01
1      0.6375812E+00  0.3513929E+01  -.3624188E+00
2      0.8205366E+00  -.8155118E+00  0.1829554E+00
8      0.7877948E+00  0.8917526E-02  -.3274185E-01
4      0.7881466E+00  0.2037401E-06  0.3518823E-03
5      0.7881466E+00  -.1970000E-12  0.8039880E-08

* solution *
X = 0.7881466445E+00
no. of iterations : 5
  
```

รูปที่ d5 ผลลัพธ์วิธีของนิวตัน

สำหรับการหาค่าตอบของสมการ d.1 ด้วย GA เป็นการหาค่าต่ำสุดของฟังก์ชันความเหมาะสม MIN(F) โดยกำหนดดังสมการที่ d.5

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับใช้ในการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$F = i^2$$

(d.5)

ซึ่งแสดงผลการทำงานของค่าตอบด้งรูปที่ d6 ซึ่งจะเห็นได้ว่าคำตอบของ GA ที่ได้เหมือนวิธีการไบเซ็คชันและวิธีของนิวตัน แต่อาจไม่จำเป็นต้องกำหนดคอินเทอวอลที่เป็นช่วงคำตอบของรากสมการก็ได้ และไม่จำเป็นต้องหาค่า first order Taylor series ด้วย เนื่องจาก GA ใช้วิธีการปรับปรุงคำตอบจากกลุ่มคำตอบที่เป็นไปได้ของฟังก์ชันนั้น ๆ แต่สำหรับระยะเวลาในการโอเทอเรทและการประมวลผลนั้นจะต้องใช้เวลามากกว่าจากการคำนวณค่ากลุ่มคำตอบนั้น ๆ

```

MATHMETIC Parameters
-----
Total Bit          (lbit)          = 23
fn no.            (fn no)         = 1
xminl             (xminl)        = 0.500000000000000E+0000
xmaxl             (xmaxl)        = 1.400000000000000E+0000

GA Parameters
-----
Type of object func. (ttypobjfn)   = MIN FN.
Maximum # of generation (maxgen)  = 700
Population size (popsize)         = 10
Prob. of crossover (pcross)       = 4.000000000000000E-0001
Prob. of mutation (pmutate)       = 5.000000000000000E-0002
# best (elitist)                   = 1

gen      x1      y
0 110010111110001010011100 0.7013770 2.1453169
50 101100101000000001001010 0.7882991 -0.0038646
100 0001100010000000001001010 0.7882963 -0.0037925
150 0100000000000000001001010 0.7882814 -0.0034146
200 0000000000000000001001010 0.7882813 -0.0034119
250 101000000001111110001010 0.7881717 -0.0006347
300 100000000001111110001010 0.7881715 -0.0006292
350 000000000001111110001010 0.7881714 -0.0006279
400 000000000001111110001010 0.7881714 -0.0006279
450 011011111010111110001010 0.7881434 0.0000817
500 111111111010111110001010 0.7881439 0.0000695
550 111111111010111110001010 0.7881439 0.0000695
600 111111111010111110001010 0.7881439 0.0000695
650 010011000110111110001010 0.7881466 0.0000002
700 010011000110111110001010 0.7881466 0.0000002

```

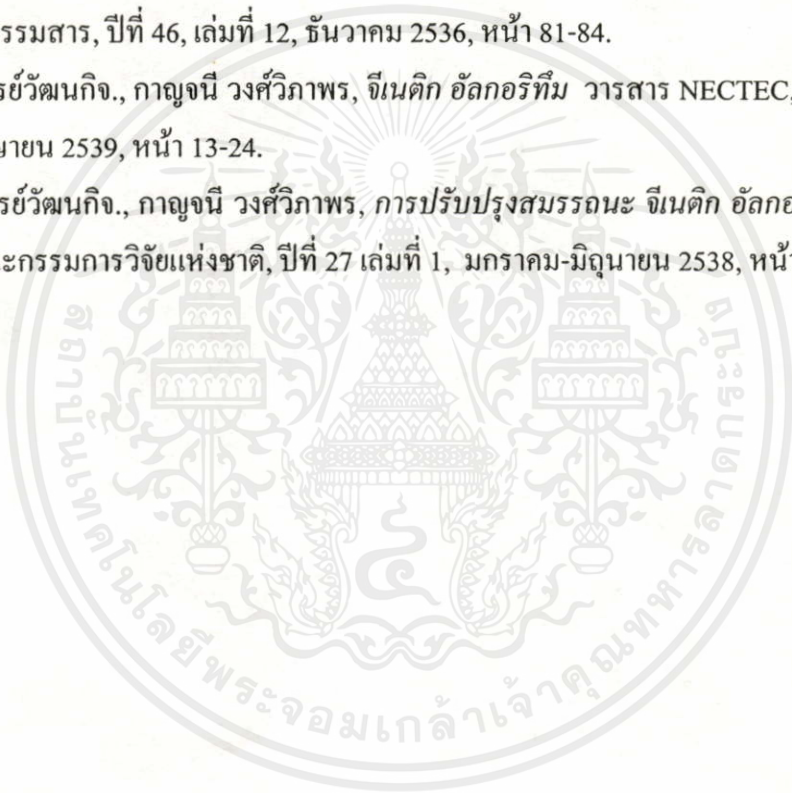
รูปที่ d6 ผลลัพธ์คำตอบของ GA

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## ภาคผนวก จ.

### บทความวิจัยที่ได้รับการตีพิมพ์

1. กิตติ ไพฑูรย์วัฒนกิจ., กาญจน์ วงศ์วิภาพร, การจัดการเรียนแบบจำลองโดยจินตนิมิต อัครกฤษิณี วารสารวิศวกรรมสาร, ปีที่ 46, เล่มที่ 12, ธันวาคม 2536, หน้า 81-84.
2. กิตติ ไพฑูรย์วัฒนกิจ., กาญจน์ วงศ์วิภาพร, จินตนิมิต อัครกฤษิณี วารสาร NECTEC, ปีที่ 3, ฉบับที่ 9 มีนาคม-เมษายน 2539, หน้า 13-24.
3. กิตติ ไพฑูรย์วัฒนกิจ., กาญจน์ วงศ์วิภาพร, การปรับปรุงสมรรถนะ จินตนิมิต อัครกฤษิณี วารสาร สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ, ปีที่ 27 เล่มที่ 1, มกราคม-มิถุนายน 2538, หน้า 1-33.



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## ประวัติผู้เขียน

ชื่อผู้เขียน	นางสาวกาญจน์ วงศ์วิภาพร
วัน เดือน ปีเกิด	วันที่ 10 พฤศจิกายน พ.ศ. 2509
วุฒิการศึกษาระดับปริญญาตรี	วิทยาศาสตร์บัณฑิต สาขาสถิติ
สถานที่สำเร็จการศึกษา	มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
ปีที่สำเร็จการศึกษา	2531
ประสบการณ์ทำงาน	โปรแกรมเมอร์ นักวิเคราะห์ระบบ
อาชีพปัจจุบัน	นักวิเคราะห์ระบบ



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้คัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้