



ขั้นตอนวิธีพันธุกรรมด้วยตัวกระทำการกระโดด แบบสัมพัทธ์ชนิดปรับตัวได้

สุขแสง คุณนก*, พยุง มีสัจ**, นิตาพรรณ สุรรัตน์* และ จริญญา แสนราช*

บทคัดย่อ

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เป็นกระบวนการวิธีการหาคำตอบ (solutions) ที่ให้ค่าเหมาะสมของปัญหา โดยอาศัยหลักการจากทฤษฎีวิวัฒนาการทางชีววิทยา ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนี้ยังถือว่าเป็นส่วนหนึ่งของวิธีการคำนวณวิวัฒนาการ (Evolutionary Computing) งานวิจัยนี้เป็นการพัฒนาตัวกระทำแบบใหม่ชนิดปรับตัวได้ ที่เรียกว่าตัวกระทำการกระโดดแบบสัมพัทธ์ (Adaptive Relative Jump Operator) โดยมีวัตถุประสงค์ในการเสริมการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เพื่อหาคำตอบที่เหมาะสมยิ่งขึ้น และเพิ่มความเร็วในการหาคำตอบการทำงานของตัวกระทำใหม่นี้ จะทำงานเมื่อพบประชากรที่มีความแข็งแรงสูง 2 ค่า แล้วคำนวณความแตกต่างของยีนของตัวแปรเดียวกัน ระหว่างประชากรทั้งสองนั้นแบบสัมพัทธ์แล้วคำนวณค่าของตัวแปรใหม่ จากจุดที่มีความแข็งแรงสูงสุดเดิม การปรับตัวได้ของตัวกระทำการกระโดดสัมพัทธ์ ใช้วิธีปรับค่าความน่าจะเป็นในการทำงาน เปลี่ยนตามจำนวนรุ่นของการคำนวณวิวัฒนาการ ผลที่ได้จะทำให้ได้ค่าเหมาะสมของปัญหาที่ดีขึ้น อีกทั้งจำนวนรุ่นในการคำนวณน้อยลง

คำสำคัญ: ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ตัวกระทำการกระโดดแบบสัมพัทธ์ชนิดปรับตัวได้ การคำนวณเชิงวิวัฒนาการ

1. บทนำ

1.1 ความเป็นมา

ในปัจจุบัน การแก้ปัญหาทางคณิตศาสตร์ มีความจำเป็นต้องใช้เครื่องคอมพิวเตอร์ในการแก้ปัญหา โดยเฉพาะอย่างยิ่งปัญหาที่มีความซับซ้อน หรือปัญหาที่มีองค์ประกอบไม่สมบูรณ์ การแก้ปัญหาเหล่านี้จำเป็นต้องใช้ซอฟต์แวร์

และกระบวนการแก้ปัญหาที่เหมาะสม วิธีการแก้ปัญหาด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) เป็นอีกวิธีหนึ่งของการแก้ปัญหา ซึ่งใช้คอมพิวเตอร์ทำการประมวลผลโดยการจำลองการวิวัฒนาการเพื่อค้นหาคำตอบ โดยใช้วิธีการเลียนแบบการวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต เนื่องจากสิ่งมีชีวิตที่แข็งแรงเท่านั้นที่จะอยู่รอดได้ เช่นเดียวกันกับการแก้ปัญหา คำตอบที่ได้ต้องมีความแข็งแรง คือลู่เข้าหาคำตอบที่เหมาะสมมากที่สุด

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ได้ถูกนำเสนอเป็นครั้งแรกจากวิทยานิพนธ์ระดับปริญญาเอกของ แมกเลีย [1] ในปี ค.ศ. 1967 หลังจากนั้นฮอลแลนด์ [2] ได้นำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างเป็นทางการในปี ค.ศ. 1975 ซึ่งถือได้ว่าเป็นโครงร่างของแนวความคิดในการนำ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ไปใช้งานในการค้นหาคำตอบจากการคำนวณเชิงวิวัฒนาการ ซึ่งในเวลาต่อมาได้มีนักวิจัยหลายท่าน ได้ทำการวิจัยเพิ่มเติมทั้งในด้านการกระทำในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม และการประยุกต์ใช้

การทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เริ่มต้นกระบวนการจากการสุ่มค่าเริ่มต้น ซึ่งขึ้นอยู่กับข้อกำหนดประชากรจำนวนเริ่มต้น โดยผู้ใช้งาน จากนั้นใช้ความน่าจะเป็นในการทำงาน ที่กำหนดไว้ เรียกตัวกระทำไขว้ข้าม หรือการแลกเปลี่ยน หรือการสลับสายพันธุ์ (Crossover) ตัวกระทำเปลี่ยนค่า หรือการกลายพันธุ์ (Mutation) ขึ้นมาทำงาน โดยการใช้ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective Function) หรือฟังก์ชันความแข็งแรง (Fitness Function) มาเป็นตัววัดเปรียบเทียบ ค่าเหมาะสมที่ได้จากฟังก์ชันความแข็งแรงนั้น อยู่ในเกณฑ์ที่ได้หรือยัง หรือครบรอบการทำงานที่กำหนดไว้หรือยัง หากยังไม่ได้ ก็วนรอบการทำงานใหม่โดยผ่านกระบวนการคัดเลือก (Selection) แล้วเข้าสู่กระบวนการ

* ภาควิชาคอมพิวเตอร์ศึกษา คณะครุศาสตร์อุตสาหกรรม มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ

** ภาควิชาครุศาสตร์ไฟฟ้า คณะครุศาสตร์อุตสาหกรรม มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ



ไขว้ข้ามของการทำงานในรอบใหม่ต่อไป

ในกระบวนการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม มีตัวกระทำหลายตัวที่ทำหน้าที่เลียนแบบการทำงานของพันธุกรรม ตัวกระทำหลักได้แก่ ตัวกระทำไขว้ข้าม หรือ การสลับสายพันธุ์ ตัวกระทำการเปลี่ยนค่า หรือการกลายพันธุ์ และการคัดเลือกสายพันธุ์ เป็นต้น กระบวนการทั้งหมดอยู่บนพื้นฐานของการสุ่ม และความน่าจะเป็นที่เป็นพารามิเตอร์ของตัวกระทำแต่ละตัว ทั้งตัวกระทำ และพารามิเตอร์ เป็นตัวประกอบที่สำคัญของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ในด้านความหลากหลายและความเร็วในการหาตอบ ของระบบ

แม้ว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม มีความโดดเด่นในเรื่องของการแก้ปัญหาที่วิธีอื่นแก้ไม่ได้หรือแก้ได้ยากก็ตาม แต่ในเรื่องความเร็วในการหาคำตอบแล้ว ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใช้เวลามากกว่า เนื่องจากการเลียนแบบการวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต หรือกล่าวอีกนัยหนึ่ง ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมต้องอาศัยรอบการคำนวณมาก ดังนั้นจึงมีข้อด้อยในด้านความเร็วในการปรับปรุงขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้มีความเร็วดีขึ้นในการลู่เข้าหาคำตอบที่เหมาะสม ผู้วิจัยจึงได้เสนอ ตัวกระทำใหม่เสริมเข้าไปในระบบของการทำงานขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยตัวกระทำใหม่นี้ เรียกว่า ตัวกระทำโดดสัมพัทธ์แบบปรับค่าได้ (Adaptive Jump Relative Operator) ซึ่งจะทำให้รอบในการทำงานลดลง

ตัวกระทำโดดสัมพัทธ์ เกิดมาจากระชากร ที่มีค่าความแข็งแรงสูงจำนวน 2 ตัว เป็นค่าเริ่มต้น จากนั้นทำการคำนวณหาความแตกต่างของยีนของตัวแปรทุกตัวของ ประชากรทั้งสองที่มีความแข็งแรงสูงในแบบสัมพัทธ์ แล้วบวกกับคำตอบเดิมที่มีความแข็งแรงสูงสุด ประชากรใหม่ที่ได้ นำไปเปรียบเทียบความแข็งแรงกับประชากรเดิมทั้งสองนั้น หากได้คำตอบใหม่ที่มีค่าความแข็งแรงสูงกว่า ให้เก็บคำตอบนั้นไว้ ส่วนคำตอบที่มีค่าความแข็งแรงต่ำกว่า ให้ตัดทิ้งไป

2. ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นขั้นตอนวิธีที่ใช้การหาคำตอบที่เหมาะสม โดยเลียนแบบหลักการ เลือกคู่แบบธรรมชาติ (Natural Selection) และ การอยู่รอดของสายพันธุ์ เช่น การถ่ายทอดพันธุกรรม (Inheritance) การคัดเลือกคู่ การกลายพันธุ์ และการสลับสายพันธุ์ [3] เป็นต้น เนื่องจากการเป็นการทำงานที่เหมาะสม ดังนั้นคำตอบที่ได้

จึงอาจไม่ใช่คำตอบที่ดีที่สุดเสมอไป โดยทั่วไปแล้ว ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย มีขั้นตอนในการหาคำตอบดังนี้

2.1.1 สร้างประชากรหรือ สายพันธุ์เริ่มต้น

2.1.2 คำนวณหาค่าความแข็งแรง (Fitness value) ของโครโมโซมจากประชากรนั้น

2.1.3 คัดเลือกโครโมโซมที่ได้หาค่าความแข็งแรงแล้วจึงสร้าง (Reproduction) โครโมโซม เป็นประชากรรุ่นใหม่

2.1.4 ทำการแลกเปลี่ยนยีน โดยการไขว้ข้าม หรือ การสลับสายพันธุ์ (Crossover)

2.1.5 การเปลี่ยนค่า หรือการกลายพันธุ์ (Mutation)

2.1.6 กลับไปทำที่ขั้นตอนที่สอง จนกว่าจะได้คำตอบที่ต้องการ หรือพบเงื่อนไขการจบการทำงาน

ซึ่งขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมดังกล่าวข้างต้นได้ถูกนำมาขยายความเป็นกระบวนการการทำงานของโปรแกรม เพื่อที่จะวิเคราะห์หาคำตอบโดยการกำหนดค่าเริ่มต้นของปัญหาขึ้นมา ซึ่งเรียกว่า ประชากรเริ่มต้น หรือสายพันธุ์เริ่มต้น จากนั้นผ่านกระบวนการหาคำตอบที่เหมาะสม จากกระบวนการ ทั้ง 2 ถึง 5 ข้างต้น ก็จะได้ประชากรรุ่นที่สอง หรือสายพันธุ์ที่สอง จากนั้นตรวจสอบว่า คำตอบที่ได้ เป็นคำตอบที่ต้องการหรือยัง หากยังไม่ได้คำตอบที่ต้องการตามเงื่อนไข ก็ให้วนเข้ากระบวนการข้างต้นอีกครั้ง เกิดเป็นประชากรรุ่นที่สาม หรือสายพันธุ์ที่สาม ที่สี่ และต่อไปเรื่อยๆ จนกว่าจะได้คำตอบที่ต้องการหรือพบเงื่อนไขจบการทำงาน เงื่อนไขจบการทำงาน ได้แก่ การทำงานจนถึงรอบที่กำหนดไว้ เป็นต้น

2.2 ตัวกระทำแบบต่างๆ

การคัดเลือก ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย (Basic Genetic Algorithm) ใช้การคัดเลือกโดยการหาค่าความเหมาะสมตามสัดส่วน (Fitness Proportional Selection) แล้วสุ่มเลือก (Roulette Wheel Selection) มาใช้เป็นประชากรในรุ่นถัดไป ซึ่งต่อมามีนักวิจัย ได้ค้นคว้ามากมายหลายวิธีทั้งนี้เพื่อปรับปรุงให้มีคุณสมบัติที่ดีอื่นๆ เช่น การคัดเลือกตำแหน่ง (Rank Selection) [4] วิธีนี้จะให้ความแน่ใจว่าได้คัดเลือกประชากรที่มีคุณลักษณะเหมาะสมไปใช้เป็นประชากรในรุ่นถัดไป การคัดเลือกประลอง (Tournament Selection) [5] มีข้อดีในการให้ความหลากหลายของประชากร เนื่องจากการคัดเลือกประชากรเป็นกลุ่มแบบสุ่ม จากนั้นคัดเลือกประชากรในแต่ละกลุ่ม ที่ให้ค่าความเหมาะสมสูงสุดออกมาเป็นประชากรที่ถูกเลือก เพื่อใช้ในรุ่นถัดไป

การไขว้ข้าม ก่อให้เกิดการสืบทอด (Inheritance) ซึ่งลักษณะที่ดีของคำตอบจะถูกสืบทอดไว้ใช้ต่อไป ส่วนลักษณะที่ไม่ดี จะถูกทิ้งไป การไขว้ข้ามมีหลายแบบ ตั้งแต่ไขว้ข้ามแบบหนึ่งจุด (One Point Crossover) จนถึงหลายจุด (Multi-point Crossover) และหลากหลายวิธีการไขว้ข้าม การเปลี่ยนค่า หรือการกลายพันธุ์ ควรเป็นแบบใด และมีอัตราเท่าไร หากต่ำเกินไป ก็จะทำให้ความหลากหลายของคำตอบลดน้อยลงไป หากมีค่ามากเกินไป ก็จะทำให้การลู่เข้าสู่คำตอบช้า

มีงานวิจัยที่ศึกษาถึงความเหมาะสมของจำนวนประชากรและตัวกระทำต่างๆ ว่าจำนวนเท่าไรจึงจะเหมาะสม De Jong [6] ได้ทำการศึกษาโดยทำการทดสอบกับ ปัญหาทดสอบจำนวน 5 ฟังก์ชันของเขา ได้ว่าขนาดประชากรที่เหมาะสมอยู่ระหว่าง 50-100 อัตราการไขว้ข้าม ควรมีค่าอยู่ที่ 0.60 และอัตราการเปลี่ยนค่า อยู่ที่ 0.001

งานวิจัยที่เกี่ยวกับตัวกระทำใหม่ ได้แก่ ตัวกระทำกลับค่าแบบปรับตัวได้ (Self-Adaptive Inversion Operator) [7] ตัวกระทำยกระดับ (Upgrading Operator) [8] และตัวกระทำเคลื่อนย้าย (Translocation Operator) [9] ซึ่งนำเสนอโดย Sureerattanant โดยที่ตัวกระทำกลับค่าแบบปรับตัวได้จะปรับโครโมโซมที่ไม่ดี ให้อยู่ในสภาพตรงข้าม กล่าวคือเป็นการเปลี่ยนโครโมโซมภายในแบบทุกค่า จาก '0' เป็น '1' และจาก '1' เป็น '0' ซึ่งเมื่อผ่านตัวกระทำนี้แล้ว จะทำให้มีความแข็งแรงเพิ่มขึ้น และโอกาสอยู่รอดสูง

ตัวกระทำยกระดับ จะเป็นการปรับปรุงโครโมโซมที่อ่อนแอ โดยการจับคู่กับโครโมโซมตัวที่ดีที่สุด แล้วทำการถ่ายทอดยีนจากโครโมโซมตัวที่แข็งแรง ไปยังโครโมโซมที่อ่อนแอ โครโมโซมที่อ่อนแอเมื่อได้รับการถ่ายทอด ยีนจากโครโมโซมจากตัวที่ดีแล้วก็จะยกระดับเป็นโครโมโซมที่แข็งแรงขึ้น

ตัวกระทำเคลื่อนย้าย เป็นการเคลื่อนย้าย บิตต่างๆ ภายในโครโมโซมทำให้เกิดค่าความเปลี่ยนแปลงภายในโครโมโซม การเคลื่อนย้ายมี 2 แบบคือแบบเลื่อนค่า และแบบหมุนวน ผลของการวิจัยนี้ [10] ทำให้เพิ่มความเร็วของการหาคำตอบ ปรับปรุงทำให้เกิดความหลากหลายของคำตอบ ปรับปรุงโครโมโซมตัวที่ไม่แข็งแรงให้แข็งแรงซึ่งทำให้ได้คำตอบที่บางครั้งอาจสูญไป

Man และคณะ [11] ได้นำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้ตัวกระทำยีนกระโดด ที่เรียกว่า JGGA (Jumping Genes

Genetic Algorithm) ซึ่งเป็นตัวกระทำที่ทำการเปลี่ยนตำแหน่งของยีนในโครโมโซมโดยมีวิธีการเปลี่ยนตำแหน่งได้ 2 วิธีคือ การทำสำเนาและวาง (copy and paste) และการตัดปะ (cut and paste) ส่วนวิธีการกระโดดของยีนก็คือในแต่ละโครโมโซม มียีนที่ทำการกระโดดไปยังตำแหน่งต่างๆ เรียกว่า transposon ซึ่งจะถูกลูกเลือกทั้งตำแหน่งและจำนวน โดยตำแหน่งที่จะกระโดดไปแบ่งเป็น 2 แบบคือ แบบที่กระโดดไปยังโครโมโซมเดียวกัน และแบบที่กระโดดไปยังโครโมโซมอื่น

Ripon และคณะ [12] ได้พัฒนาตัวกระทำยีนกระโดดให้เป็นแบบค่าจริงและปรับความยาวได้ (Real and Variable-Length) โดยตั้งชื่อใหม่ว่า VRJGGA เพื่อปรับปรุงการหาคำตอบแบบคลัสเตอร์ (Clustering Solutions) สำหรับฟังก์ชันหลายวัตถุประสงค์

3. ตัวกระทำการกระโดดแบบสัมพัทธ์

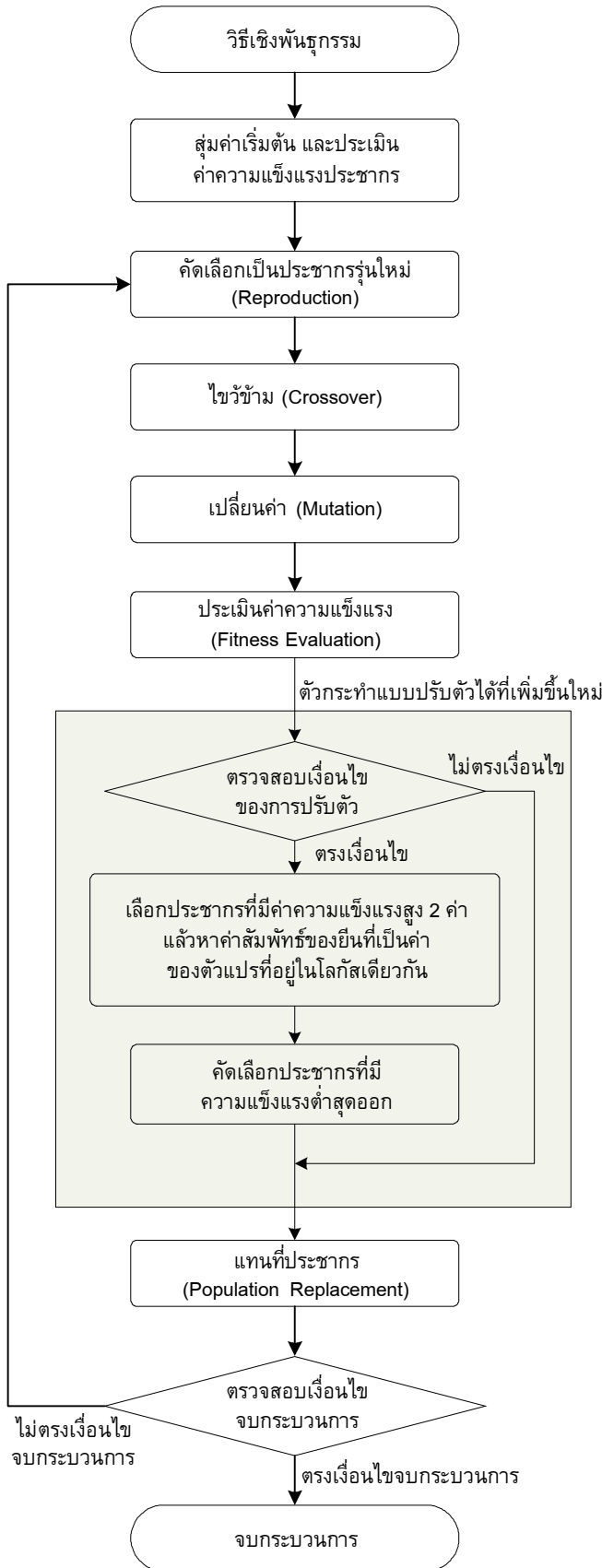
ในการวิจัยครั้งนี้ เป็นการนำเสนอการเพิ่มตัวกระทำใหม่เข้าไปในระบบ โดยมุ่งหวังให้สามารถเพิ่มความเร็วของระบบโดยรวมโดยการลดจำนวนรุ่นในการทำงาน ดังนั้น แนวคิดคือตัวกระทำจะต้องไม่มีความซับซ้อนมากเกินไป การประมวลผลในส่วนเพิ่มของตัวกระทำต้องไม่ใช้เวลามากเกินไปเช่นกัน มิเช่นนั้นแล้ว การลดเวลาที่ได้มา จะไม่คุ้มกับเวลาที่สูญเสียไปจากการคำนวณในส่วนเพิ่มนี้

3.1 แนวการดำเนินงาน และการพัฒนา

จากกรอบแนวคิดที่ต้องง่าย และเร็ว ทำให้ตัวกระทำที่เพิ่มเข้าไปใหม่ ต้องมีความกระชับในตัวเอง จากภาพที่ 1 แสดงให้เห็นขั้นตอนของการเพิ่มตัวกระทำใหม่เข้าไปในระบบเดิม โดยส่วนที่อยู่ในกรอบทึบ เป็นตัวกระทำการกระโดดใหม่ที่เพิ่มเข้าไปในระบบ ภายในประกอบไปด้วยส่วนการตรวจสอบเงื่อนไขที่ปรับตัวได้ว่าจะให้ผ่านการทำงานของตัวกระทำโดดสัมพัทธ์หรือไม่ และกระบวนการทำงานของตัวกระทำโดดสัมพัทธ์ และส่วนการคัดเลือกประชากรที่มีความแข็งแรงต่ำออกไปเงื่อนไขในการจบกระบวนการใช้เงื่อนไขการลู่เข้าหาคำตอบที่แท้จริง หรือจนกว่าจะครบจำนวนรุ่นที่ได้ตั้งไว้ที่ 6,000 รุ่นของการคำนวณวิวัฒนาการ

ส่วนของการตรวจสอบเงื่อนไข เป็นส่วนที่ตรวจสอบความน่าจะเป็นในการโดดกำหนดดังนี้

$$P_{rl} = P_{int} \left(\frac{g_n}{g_{max}} \right)^2 \quad (1)$$



ภาพที่ 1 แสดงถึงวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่ายที่เพิ่มตัวกระทำการกระโดดแบบสัมพัทธ์ชนิดปรับตัวได้ เข้าไปในระบบ

P_{rl} = ความน่าจะเป็นในการใช้งานของตัวกระทำแบบกระโดดสัมพัทธ์

P_{int} = ความน่าจะเป็นเริ่มต้น

g_n = รุ่นที่กำลังวิวัฒนาการอยู่

g_{max} = รุ่นสูงสุดที่ให้วิวัฒนาการ

โดยในที่นี้ P_{int} กำหนดให้เป็น 1

ส่วนของการหาค่าความแตกต่างสัมพัทธ์ เพื่อหาจุดใหม่ที่จะโดดไป จะต้องทำการหาในทุกตัวแปร ของปัญหา ดังสมการที่ (2)

$$A_{rl} = A_{S0+1} + (A_{S0+1} - A_{S0}) = 2A_{S0+1} - A_{S0} \quad (2)$$

$$A_{S0} = A_{rl} \quad \text{if } f(A_{rl}) > fA_{S0}$$

โดยที่

A = เป็นเมทริกซ์ขนาด $1 \times n$ โดยที่ n คือจำนวนโครโมโซมที่ใช้งาน

A_{S0} = เป็นเมทริกซ์ที่มีค่าความแข็งแรงสูง

A_{S0+1} = เป็นเมทริกซ์ที่มีค่าความแข็งแรงสูงสุด

A_{rl} = เป็นเมทริกซ์ใหม่ที่เกิดจากการหาค่ากระโดดสัมพัทธ์

Chromosome	
ตัวแปร X	
A_{S0+1}	1 0 0 0 1 0 0 1
A_{S0}	0 0 1 1 0 0 1 0
$2A_{S0+1} - A_{S0}$	1 1 1 0 0 0 0 0
$A_{S0} = A_{rl}$	1 1 1 0 0 0 0 0

A_{S0+1} = ประชากรที่มีความแข็งแรงสูงสุดลำดับที่ 1 ของรุ่น
 A_{S0} = ประชากรที่มีความแข็งแรงสูงสุดลำดับที่ 2 ของรุ่น

ภาพที่ 2 ตัวอย่างการเปลี่ยน โครโมโซม โดยตัวกระทำโดดสัมพัทธ์ ในกรณี 1 ตัวแปร ที่มีขนาด 8 บิต

ภาพที่ 2 เป็นภาพแสดงตัวอย่างของการหาค่าโดดสัมพัทธ์ของประชากร ในกรณีที่มีหนึ่งตัวแปรขนาด 8 บิตเนื่องจากมี 1 ตัวแปร โครโมโซมจึงมีความยาวเป็น 8 บิต เช่นกัน



	โครโมโซม								ฟิโนไทป์
	X1				X2				
$A(s_0+1)$	0	0	1	1	0	0	1	1	3,3
$A(s_0)$	0	1	0	0	0	1	0	0	4,4
$2A(s_0+1)-A(s_0)$	0	0	1	0	0	0	1	0	2,2
$A(s_0)=A(r_l)$	0	0	1	0	0	0	1	0	2,2
$A(s_0+1)$ = ประชากรที่มีความแข็งแรงสูงลำดับที่ 1 ของรุ่น									
$A(s_0)$ = ประชากรที่มีความแข็งแรงสูงลำดับที่ 2 ของรุ่น									

ภาพที่ 3 ตัวอย่างการเปลี่ยน โครโมโซม โดยตัวกระทำโดดสัมพัทธ์ ในกรณี 2 ตัวแปร ที่มีขนาด 4 บิต

ประชากรของรุ่นที่พิจารณา มีขนาดเท่าใดก็ตาม เมื่อผ่านขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย และถึงจุดที่เข้าสู่กระบวนการคำนวณหาค่าการโดดสัมพัทธ์ ก็จะมีการเรียงลำดับความแข็งแรงของประชากรในรุ่นที่มีความแข็งแรงสูงสุด 2 ตัว จากนั้นหาค่าสัมพัทธ์ $((A_{S_0+1}) - A_{S_0})$ ของ ประชากรทั้งสองนั้น แล้วบวกเข้ากับ ประชากรที่มีความแข็งแรงสูงสุด หากประชากรใหม่ (A_{r_l}) มีความแข็งแรงมากกว่า ประชากรที่มีความแข็งแรงอันดับสองแล้ว ให้นำไปแทนที่ประชากรตัวนั้น ($A_{S_0} = A_{r_l}$)

ภาพที่ 3 เป็นภาพแสดงตัวอย่างของการโดดสัมพัทธ์ ในกรณีที่มีตัวแปรขนาด 4 บิต 2 ตัวแปร ความยาวโครโมโซมเป็น 8 บิต ในการคำนวณให้ใช้การคำนวณในแต่ละคู่ของตัวแปร กล่าวคือ ในส่วนของตัวแปร X_1 ก็คำนวณ A_{r_l} ของ X_1 ได้ค่า 0010 และ ตัวแปร X_2 ก็คำนวณ A_{r_l} ของ X_2 ได้ค่า 0010

จากนั้น ก็หาความแข็งแรงของ โครโมโซม A_{r_l} ซึ่งในที่นี้ ความแข็งแรงของ $A_{r_l} > A_{S_0}$ ก็ให้ $A_{S_0} = A_{r_l}$ แล้วจึงออกจากโปรแกรมส่วนเพิ่ม เข้าสู่ระบบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่ายต่อไป

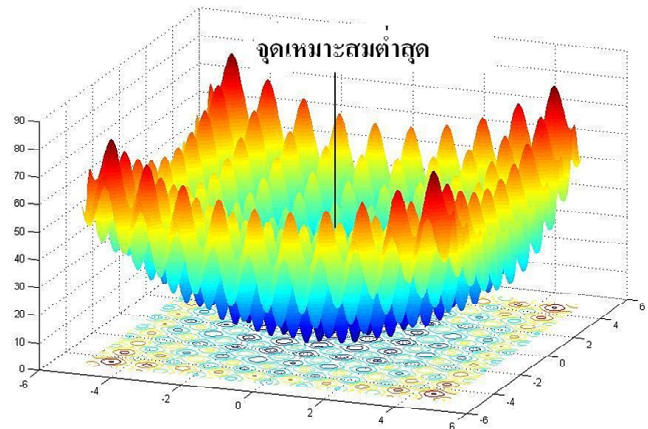
ภาพที่ 4 เป็นตัวอย่างภาพสามมิติ ของ Rastrigin's Function ขนาด 2 ตัวแปร ซึ่งมีสมการทั่วไปดังนี้

$$F(x) = 10D + \sum_{i=1}^D (x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i)) \quad (3)$$

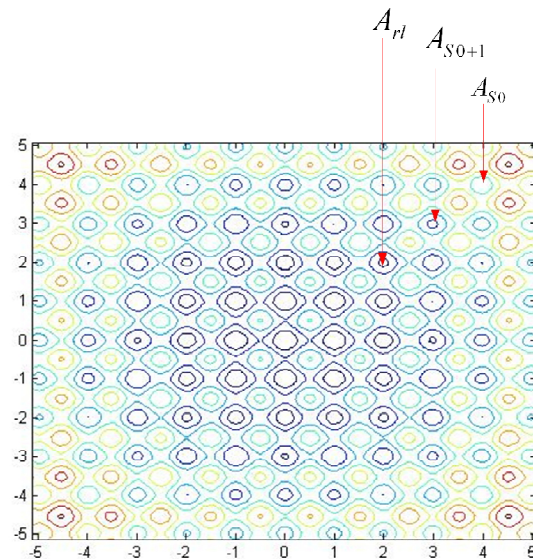
โดยที่ D = จำนวนมิติของตัวแปร

จากตัวอย่างในภาพที่ 3 และ 4 ทำให้เห็นกระบวนการทำงานของตัวกระทำโดดสัมพัทธ์ได้เป็นอย่างดี โดยเฉพาะในภาพที่ 5 เป็นภาพสองมิติ ของ Rastrigin's Function

แบบเดียวกับภาพที่ 4 ทำให้เห็น จุด A_{S_0+1} และ A_{S_0} ซึ่งเมื่อมีการกระทำด้วยตัวกระทำโดดสัมพัทธ์ แล้ว จะได้ค่า A_{r_l} ซึ่งมีค่าความแข็งแรงสูงกว่าเดิม ดังนั้นจึงกำจัด A_{S_0} โดยการแทนที่ด้วยโครโมโซมตัวใหม่ที่คำนวณได้ ซึ่งจะทำให้เข้าใกล้ มีกลุ่มประชากรที่มีค่าจุดเหมาะสมต่ำมากขึ้นเพิ่มเข้าไปอีก



ภาพที่ 4 ตัวอย่างปัญหาที่ต้องการหาจุดเหมาะสมต่ำสุด (Global Optimum)



ภาพที่ 5 แสดงการทำงานของตัวกระทำโดดสัมพัทธ์

4. ผลของการวิจัย

จากการทดสอบตัวกระทำโดดสัมพัทธ์ กับ De Jong's Test Suite[6] โดยการเปรียบเทียบกับ Simple Genetic Algorithm [3] ภายใต้ ข้อกำหนดดังปรากฏในตารางที่ 1

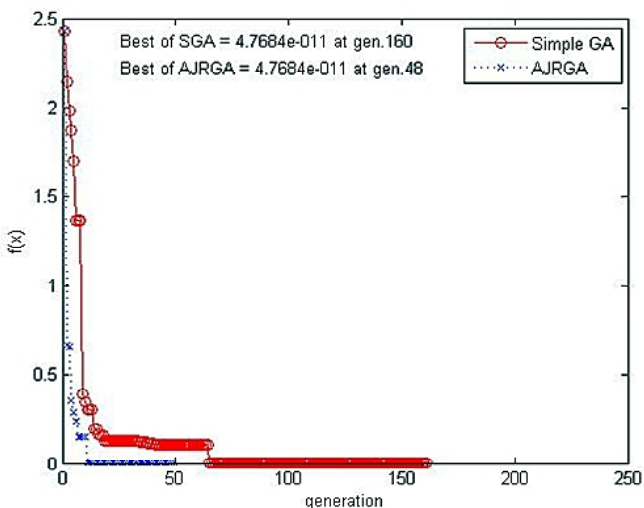


ตารางที่ 1 ค่าพารามิเตอร์สำหรับการทดสอบ

การเข้ารหัส	เข้ารหัสเลขฐานสอง
การคัดเลือก	การคัดเลือกตามสัดส่วน
การไขว้ข้าม	ไขว้ข้ามหนึ่งจุด $P_c=0.6$
การเปลี่ยนค่า	หนึ่งตำแหน่งหนึ่งจุด $P_m=0.001$
ขนาดโครโมโซม	40
ขนาดประชากร	30

ในการทดสอบกับ De Jong's จะทดสอบการเข้ารหัสเลขฐานสอง โดยใช้ 2 ตัวแปร ตัวแปรแต่ละตัวใช้ความละเอียด 20 บิต ดังนั้นขนาดของโครโมโซมจึงเป็น 40 บิต ขนาดของประชากรที่เหมาะสม อยู่ที่ 30

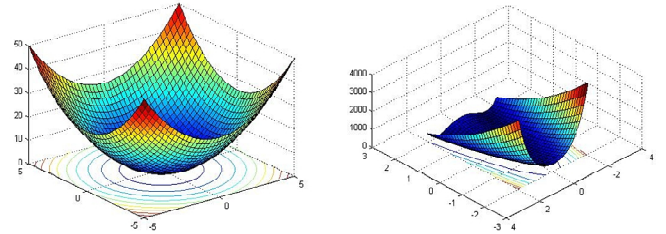
ภาพที่ 6 เป็นตัวอย่างการทดสอบ 1 ครั้ง ที่แสดงผลการทดสอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมด้วยตัวกระทำการกระโดดแบบสัมพัทธ์ชนิดปรับตัวได้ กับฟังก์ชันทดสอบ De Jong's F2 ที่ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมด้วยตัวกระทำการกระโดดแบบสัมพัทธ์ชนิดปรับตัวได้ ให้ผลการเข้าสู่ค่าที่เหมาะสมที่ดีกว่า โดยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย ใช้จำนวนรุ่นในการเข้าสู่ค่าที่เหมาะสม 4662 รุ่น ที่ค่าเหมาะสม 0.014369 และขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมด้วยตัวกระทำการกระโดดแบบสัมพัทธ์ชนิดปรับตัวได้ที่ 125 รุ่น ที่ค่าเหมาะสม 0.0068053 ตารางที่ 2 เป็นตารางสรุปผลการทดสอบกับฟังก์ชันการทดสอบทั้ง 5 ฟังก์ชัน



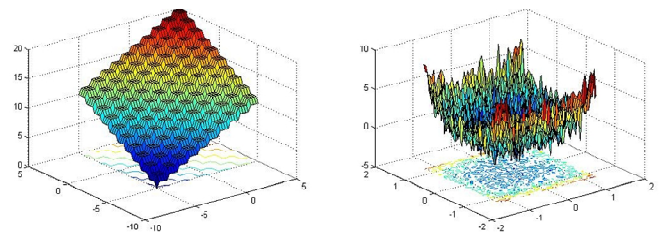
ภาพที่ 6 เปรียบเทียบการทำงานกับ De Jong's F2

ภาพที่ 7 ถึง ภาพที่ 9 แสดงให้เห็นในรูปแบบสามมิติ เพื่อให้เห็นลักษณะของ De Jong's function ที่ใช้ในการทดสอบ

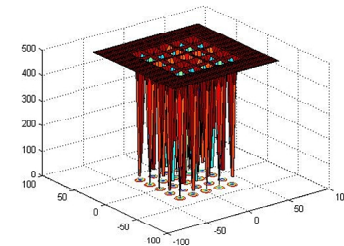
เปรียบเทียบกับ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมด้วยตัวกระทำการกระโดดแบบสัมพัทธ์ชนิดปรับตัวได้ กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย



ภาพที่ 7 ภาพแสดงฟังก์ชันของ De Jong's F1 และ F2



ภาพที่ 8 ภาพแสดงฟังก์ชันของ De Jong's F3 และ F4



ภาพที่ 9 ภาพแสดงฟังก์ชันของ De Jong's F5

ตารางที่ 2 เปรียบเทียบค่าเหมาะสมเฉลี่ยระหว่าง ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย (SGA) กับ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้ตัวกระทำแบบกระโดดสัมพัทธ์ชนิดแบบปรับตัวได้ (AJRGA)

De Jong's	Global Optimal	Average Optimal Value	
		Basic GA	AJRGA
F1	0	1.34E-08	8.58E-11
F2	0	0.381	0.59
F3	-30	-27.5	-27.9
F4	0	0.0045	0.00437
F5	Near 1	6.91	5.09



ตารางที่ 3 เปรียบเทียบจำนวนรอบการทำงานระหว่าง ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย (SGA) กับ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้ตัวกระทำแบบกระโดดสัมพัทธ์ชนิดแบบปรับตัวได้ (AJRGA)

De Jong's	Average Generation	
	Basic GA	AJRGA
F1	120	112
F2	500	500
F3	472	219
F4	237	219
F5	4507	3796

จากตารางที่ 2 เป็นการเปรียบเทียบค่าเหมาะสมที่หาได้ จะเห็นว่า ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ใช้ตัวกระทำกระโดดสัมพัทธ์แบบปรับตัวได้จะให้ค่าเหมาะสมที่ดีกว่า ในเกือบทุกฟังก์ชัน เว้นเฉพาะใน De Jong's F2 เท่านั้น และในส่วนของรุ่นการทำงาน ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมด้วยตัวกระทำแบบปรับตัวได้ ก็จะใช้รอบการทำงานที่สั้นกว่า ยกเว้น ใน De Jong's F2 เช่นกัน ที่เป็นเช่นนี้ เนื่องจากคุณลักษณะของ De Jong's F2 ที่มีจุดเหมาะสมที่หาได้ยาก และมีค่าเดียว โดยไม่มีจุดเหมาะสมอื่นที่ใกล้เคียง ทำให้การใช้ประโยชน์จากจุดเหมาะสมที่มีความแข็งแรงจากประชากรเดิม ไม่ให้ผลดี

จากผลของการวิจัย จะเห็นว่าการทำงานของ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยใช้ตัวกระทำกระโดดสัมพัทธ์ชนิดปรับตัวได้ สามารถหาค่าเหมาะสมโดยรวม และรุ่นของการทำงานที่น้อยกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย โดยเฉพาะอย่างยิ่งในฟังก์ชันที่มีจุดเหมาะสมหลายจุด

อย่างไรก็ตามจะเห็นว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยใช้ตัวกระทำกระโดดสัมพัทธ์ชนิดปรับตัวได้ จะทำงานไม่ได้ผลดีกับปัญหาที่มีจุดเหมาะสมเพียงจุดเดียวที่เป็นฟังก์ชันแบบไม่ต่อเนื่อง หรือเป็นฟังก์ชันต่อเนื่องที่มีความชันของฟังก์ชันที่มีค่าเหมาะสมต่ำมาก ๆ

5. บทสรุป

งานวิจัยครั้งนี้เป็นการพัฒนาตัวกระทำแบบใหม่ที่ใช้ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เรียกว่าตัวกระทำแบบกระโดดสัมพัทธ์ ในการนำเสนอ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมด้วยตัวกระทำแบบกระโดดสัมพัทธ์ชนิดปรับตัวได้ ได้ทำการทดสอบ

แนวคิดโดยใช้ข้อมูล 5 ฟังก์ชันที่นิยมใช้กันทั่วไป พบว่าการทำงานของตัวกระทำแบบกระโดดสัมพัทธ์ให้ผลการทดสอบดีกว่า ใน 4 ฟังก์ชัน จากการทดสอบจำนวน 5 ฟังก์ชัน ทั้งนี้เป็นเพราะคุณลักษณะของตัวกระทำโดดสัมพัทธ์ที่ใช้ประโยชน์จากประชากรที่มีความแข็งแรงสูง ตัวกระทำแบบกระโดดชนิดปรับตัวได้นี้จะให้ผลดีในช่วงแรกของการทำงาน ดังนั้นหากมีการนำไปประยุกต์ใช้ สามารถที่จะให้คำแนะนำในการทำงาน โดยให้ค่าความน่าจะเป็นสูง โดยการปรับค่าได้ของตัวกระทำเองจะเป็นตัวปรับการทำงานให้เหมาะสม เมื่อรุ่นของการทำงานเพิ่มมากขึ้น

ข้อเสนอแนะในการปรับปรุงตัวกระทำแบบกระโดดสัมพัทธ์ชนิดปรับตัวได้คือ การให้ตัวกระทำแบบกระโดดสามารถกระโดดไปได้รอบทิศทาง แทนที่จะไปในทิศทางเดียว วิธีการก็คือ จะต้องใช้ประชากรมากกว่าสองประชากรเป็นต้นไป และทำการคำนวณการโดดสัมพัทธ์ ค่าตอบที่มีค่าความเหมาะสมต่ำสุดจากกลุ่มที่คัดเลือกกว่า มีความเหมาะสมสูงสุด เช่นนี้จะทำให้ตัวกระทำโดดสัมพัทธ์ โดดไปจากประชากร ที่มีความแข็งแรงต่ำสุดในกลุ่มสูงสุด ไปรอบทิศทาง จะทำให้ได้คำตอบที่เป็นไปได้มากยิ่งขึ้น และมีโอกาสที่จะได้คำตอบที่ให้ค่าเหมาะสมที่ดีกว่าเดิมมากยิ่งขึ้น

เอกสารอ้างอิง

- [1] Bagley, J. D. **The Behavior of Adaptive Systems Which Employ Genetic and Correlative Algorithms.** PhD thesis, University of Michigan, Ann Arbor., 1967.
- [2] Holland, J. H. **Adaptation in Natural and Artificial Systems.** University of Michigan Press., 1975.
- [3] David E. Goldberg, **Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning.**, 1989.
- [4] Michalewicz, Z., **Genetic algorithms + data structures = evolution programs.** Springer-Verlag, New York, Inc., New York., 1992.
- [5] Goldberg, D.E., and K. Deb. **A Comparative analysis of selection schemes used in genetic algorithms. Foundations of genetic algorithms.** Morgan Kaufman, San Mateo, Calif., pp. 69-93., 1991.
- [6] De Jong, K. **An analysis of the behaviour of a class of genetic adaptive systems.** PhD thesis, University of Michigan., 1975.



- [7] Sureerattanan, N. "Genetic Algorithm with Self-Adaptive-Inversion Operator". **Knowledge-Based Intelligent Information Engineering Systems and Allied Technologies**, IOS Press, Amsterdam, Netherlands. pp. 471-475., 2001.
- [8] Sureerattanan, N. "Genetic Algorithm with Upgrading Operator". **Advances in Scientific Computing, Computational Intelligence and Applications**, pp. 395-400. WSES Press, MA,USA., 2001b.
- [9] Sureerattanan, N. "*Genetic Algorithm with Translocation Operator for Feature Selection*", **Proceedings of the 2001 Int'l Technical Conf. on Circuits/ Systems, Computers and Communications (ITC-CSCC'01)**, Vol. II, Tokushima, Japan: The Institute of Electronics, Information and Communication Engineers., pp. 1220-1222, 2001c.
- [10] Sureerattanan, N. **Genetic Algorithms In Feature Selection**. Dissertation of Doctor of Technical Science. Asian Institute of Technology, School of Advanced Technologies, Thailand., 2002.
- [11] Man, K. F., Chan, T. M., Tang, K. S., and Kwong, S. "Jumping-genes in evolutionary computing," **Proc.Thirteth Annual Conf. of IEEE Industrial Electronics Society**, Busan, Korean, pp. 1266-1272., 2004.
- [12] Ripon, K. S. N., Tsang, C. H. and Kwong, S. "Multi-Objective Data Clustering using Variable-Length Real Jumping Genes Genetic Algorithm and Local Search Method, In: **International Joint Conference on Neural Networks**, Sheraton Vancouver Wall Centre Hotel, Vancouver, BC, Canada. pp. 3609-3616., 2006.

