

การย้ายถิ่นแบบปรับตัวสำหรับจีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจาย

A Self Adaptive Migration for Distributed Genetic Algorithm

ชัยวิวัฒน์ จันทะสาร (Chaiwiwat Jantasarn)* และ พรเทพ โรจนวาสู (Pornthep Rojanavasus)**

บทคัดย่อ

จีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจาย (Distributed Genetic Algorithm : DGA) ถูกพัฒนาขึ้นเพื่อให้การหาคำตอบของจีเนติกอัลกอริทึมมีประสิทธิภาพเพิ่มขึ้นและใช้เวลาในการประมวลผลลดลง โดยจะแบ่งประชากรออกเป็นหลายๆกลุ่มเรียกว่า กลุ่มย่อยประชากร (sub-population) และมีกระบวนการย้ายถิ่น (Migration) เพิ่มเข้ามางานวิจัยนี้เสนออัลกอริทึมการย้ายถิ่นและโครงสร้างแบบปรับตัวของ DGA โดยใช้ค่าความแปรปรวนของค่าวัตถุประสงค์ เป็นค่าที่พิจารณาในการปรับค่าช่วงระยะการย้ายถิ่น ขนาดในการย้ายถิ่น และโครงสร้างในกลุ่มย่อยประชากร ผลการทดลองกับฟังก์ชันเทียบเคียง 4 ฟังก์ชันพบว่า DGA ที่นำเสนอมีการลู่เข้าหาคำตอบ (Convergence) ที่ดีกว่า SGA และ DGA ที่ไม่มีการปรับตัว

คำสำคัญ: จีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจายขนาดการย้ายถิ่นแบบปรับตัวช่วงระยะการย้ายถิ่นแบบปรับตัว โครงสร้างแบบปรับตัว

Abstract

Distributed Genetic Algorithm (DGA) was developed to improve the efficiency of Genetic Algorithms (GA) in term of reduce processing time. The Population of GA is divided into multiple groups called sub-population. The migration process between sub-population is added to evolution process. This paper presents adaptive migration and topology for DGA. The proposed method considers variance of objective value to adjust migration period, migration size and topology among sub-population. The experiments on 4 benchmark functions

showed that the proposed DGA convergence faster than SGA and DGA without adaptive.

Keywords: Distributed Genetic Algorithm, Adaptive Migration Size, Adaptive Migration Period, Adaptive Topology.

1. บทนำ

จีเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm : GA) [1], [2], [3] เป็นหนึ่งในวิธีการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด (Optimization) โดยอาศัยหลักวิวัฒนาการและกฎการเอาตัวรอดของสิ่งมีชีวิตในธรรมชาติ โดยเริ่มจากสร้างชุดคำตอบขึ้นมาแล้วทำการพัฒนาจากชุดคำตอบนั้นจนได้คำตอบที่เหมาะสมที่สุดออกมา

จีเนติกอัลกอริทึมแบ่งการทำงานเป็นแบบเดี่ยวและแบบกระจายหรือแบบขนานโดยจีเนติกอัลกอริทึมแบบเดี่ยวจะเก็บกลุ่มของคำตอบไว้เป็นกลุ่มเดียว ส่วนจีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจายจะแบ่งคำตอบออกเป็นหลายๆกลุ่มแล้วมีกระบวนการย้ายถิ่น (Migration) เพิ่มเข้ามา

งานวิจัยเกี่ยวกับจีเนติกอัลกอริทึม แบ่งเป็น 2 ลักษณะคือ 1) การนำจีเนติกอัลกอริทึมไปใช้ในการหาคำตอบของปัญหาต่างๆ เช่น การออกแบบระบบเครือข่าย[4] การจัดตารางสอน [5] การใช้เพื่อตัดสินใจในการซื้อหุ้น [6] เป็นต้น 2) การพัฒนาอัลกอริทึมเพื่อให้มีการลู่เข้าหาคำตอบได้เร็วขึ้นและใช้เวลาประมวลผลลดลง โดยอาศัยหลักทางคณิตศาสตร์และเทคโนโลยีใหม่ๆ เข้ามาช่วย ซึ่งจะกล่าวในหัวข้อถัดไป

จีเนติกอัลกอริทึมนั้นหากใช้แก้ปัญหาที่มีขอบเขตขนาดใหญ่ก็ต้องใช้ตัวแทนของคำตอบที่มากขึ้น ส่งผลทำให้การลู่เข้าหาคำตอบและเวลาการประมวลผลที่ช้าตามไปด้วย

* สาขาเทคโนโลยีอินเทอร์เน็ตและสารสนเทศ คณะเทคโนโลยีสารสนเทศและการสื่อสารมหาวิทยาลัยพะเยา

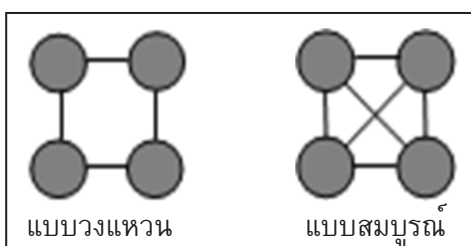
** สาขาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ คณะเทคโนโลยีสารสนเทศและการสื่อสารมหาวิทยาลัยพะเยา

ซึ่งงานวิจัยนี้นำเสนอรูปแบบและการพัฒนาในเรื่องการปรับพารามิเตอร์ในกระบวนการย้ายถิ่นของจีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจายเพื่อเพิ่มสมรรถนะของอัลกอริทึมในการหาคำตอบให้ดีขึ้น

2. วรรณกรรมที่เกี่ยวข้อง

จากการศึกษางานวิจัยที่ได้ทำการพัฒนาในเรื่องจีเนติกอัลกอริทึมปัจจุบันมีการคิดค้นเสนอวิธีต่างๆ มากมายเข้ามาปรับใช้กับแนวคิดของจีเนติกอัลกอริทึม ซึ่งจุดประสงค์ก็เพื่อที่จะพัฒนาให้มีประสิทธิภาพในการหาคำตอบและใช้เวลาในการประมวลผลลดลงโดย Eric-Cantu Paz [7] ได้ศึกษาเกี่ยวกับจีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจายโดยแบ่งเป็น 4 แบบ คือ Master-Slave, Coarse-Grained, Fine-Grained, Hybrid สิ่งที่เพิ่มเข้ามาจากจีเนติกอัลกอริทึมแบบเดี่ยวคือการแบ่งประชากรออกเป็นกลุ่มย่อยและการย้ายถิ่น (Migration) ซึ่งเป็นกระบวนการแลกเปลี่ยนประชากรระหว่างกลุ่ม โดยจะทำให้เพิ่มประสิทธิภาพของการหาคำตอบได้ดียิ่งขึ้น ในส่วนของการย้ายถิ่นมีพารามิเตอร์ที่น่าสนใจ คือ

- ช่วงระยะการย้ายถิ่น (Migration period)
เป็นการกำหนดว่าเมื่อไหร่จะมีการย้ายถิ่นของโครโมโซม
- ขนาดการย้ายถิ่น (Migration size)
เป็นการกำหนดถึงจำนวนโครโมโซมที่จะทำการย้ายถิ่นในแต่ละครั้ง
- การเลือกและการแทนที่ (Selection/Replacement)
เป็นการเลือกที่จะนำโครโมโซมไปแทนกลุ่มไหนและแทนที่โครโมโซมตัวใด หลักที่ใช้วิเคราะห์โดยทั่วไปคือตัวที่ดีแทนตัวที่ด้อย ตัวที่ดีแทนตัวที่สุ่ม ตัวที่สุ่มแทนตัวที่สุ่มและตัวที่สุ่มแทนตัวที่ด้อย
- โครงสร้าง (Topology)
การกำหนดโครงสร้างเป็นสิ่งที่กำหนดลักษณะของการย้ายถิ่น โดยเป็นการแสดงถึงการทำงานรวมถึงวิธีการเชื่อมต่อและแลกเปลี่ยนระหว่างกลุ่มประชากร



ภาพที่ 2 รูปแบบโครงสร้าง

Eric-Cantu Paz [8] ก็ได้ศึกษาในเรื่องของ ช่วงระยะการย้ายถิ่นขนาดการย้ายถิ่นการเลือกและการแทนที่โดยทดลองเปรียบเทียบในรูปแบบต่างๆ ซึ่งพบว่าการใช้คำตอบที่ดีแทนคำตอบที่ด้อยและใช้อัตราการย้ายถิ่นที่ค่อยๆ เพิ่มขึ้นกับช่วงระยะการย้ายถิ่นที่มีความถี่น้อยจะทำให้อัตราการหาคำตอบได้ดีที่สุดซึ่งอัตราการย้ายถิ่นมาก ขนาดการย้ายถิ่นก็จะเพิ่มมากขึ้นตามลำดับ ในเรื่องโครงสร้าง Gautam Roy [9] ได้เสนอสถาปัตยกรรมแบบ Pool เพื่อใช้ในการติดต่อและแลกเปลี่ยนคำตอบกันระหว่างกลุ่มและใช้ Threads เข้ามาช่วยในการทำงานเพื่อเพิ่มความเร็วในการประมวลผล Leila Falahiazar [10] ได้ทำการศึกษาในเรื่อง Distributed Genetic Algorithm โดยใช้สถาปัตยกรรมแบบ Pool เข้ามาช่วยโดยใช้ Pool เป็นตัวเก็บโครโมโซมที่ Objective Value มีค่า Max, Min และ Average ของแต่ละกลุ่มแล้วใช้โครโมโซมภายใน Pool เป็นตัวแลกเปลี่ยนโครโมโซมระหว่างกลุ่ม และใช้ Hill-Climbing Algorithm เข้ามาช่วยซึ่งทำให้มีการหาคำตอบที่ดีขึ้น Yiyuan Gong [11] ได้ศึกษาการกำหนดพารามิเตอร์ในจีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจายโดยกำหนดค่าในแต่ละกลุ่มให้ต่างกัน โดยทดสอบกับฟังก์ชัน Greiwangk, Rastrigin และ Schwefel ซึ่งให้ผลคำตอบที่ดีกว่าการใช้ค่าพารามิเตอร์ที่เหมือนกันทุกกลุ่มแต่ก็มีการใช้เวลาในการคำนวณค่อนข้างนานไม่เหมาะกับปัญหาขนาดใหญ่ Wei Li [12] ได้เสนอการย้ายถิ่นโดยให้มีการปรับค่าในการย้ายถิ่นตามสถานะในแต่ละรอบโดยใช้ค่า ISIM เป็นตัวบอกถึงความหลากหลายของในกลุ่มนั้นๆ และสร้าง Buffer เฉพาะของแต่ละกลุ่มเปรียบเสมือน Pool ของตัวเองเก็บคำตอบจากกลุ่มอื่น แล้วใช้ประชากรใน Buffer เป็นตัวแลกเปลี่ยนในการย้ายถิ่นและใช้ Core ของ CPU เข้ามาช่วยในการประมวลผลทำให้ผลของการหาคำตอบและเวลาการทำงานลดลงและ Li Junqing [13] ได้ทดลองเปรียบเทียบการทำงานของการทำงานการปรับตัวของค่า Crossover และ Mutation แล้วนำค่า ISIM มาใช้เพื่อช่วยในเรื่องของการย้ายถิ่น ซึ่งก็ทำให้ผลของการหาคำตอบที่ดีขึ้น

จากการศึกษางานที่เกี่ยวข้องจะการเสนอการปรับค่าในค่าที่เป็นเฉพาะส่วนซึ่งงานวิจัยนี้จะเป็นการเสนอแนวทางการปรับพารามิเตอร์ในการย้ายถิ่นโดยรวมทั้งหมดโดยอาศัยค่าความแปรปรวน เพื่อที่จะพัฒนาอัลกอริทึมในการย้ายถิ่นและทำให้จีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจายสามารถหาคำตอบได้ดีขึ้น

3. วิธีการที่นำเสนอ

ในการวิจัยนี้จะเป็นการศึกษาการปรับพารามิเตอร์ในการย้ายถิ่นดังนี้คือ ช่วงระยะการย้ายถิ่น ขนาดในการย้ายถิ่น และโครงสร้างการย้ายถิ่นโดยการเลือกกับการแทนที่จะใช้การเลือกแบบโครโมโซมดีแทนโครโมโซมด้อย [8]

การปรับพารามิเตอร์จะพิจารณาปรับจากค่าความแปรปรวน (Variance) ของค่าวัตถุประสงค์ของแต่ละกลุ่มประชากร โดยค่าความแปรปรวนจะบอกถึงความแตกต่างของคำตอบในแต่ละกลุ่มประชากร ซึ่งถ้าค่าความแปรปรวนมากแสดงว่าคำตอบในกลุ่มนั้นยังมีความหลากหลายของคำตอบอยู่ แต่หากกลุ่มนั้นมีค่าความแปรปรวนที่น้อยแสดงว่าคำตอบในกลุ่มนั้นเริ่มที่จะมีความคล้ายคลึงกันของคำตอบหรือกำลังเข้าสู่คำตอบใดคำตอบหนึ่งโดยค่าความแปรปรวนหาได้จากสมการดังนี้

$$s^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}{n-1} \quad (1)$$

โดย $\bar{x}$ หาได้จาก

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

โดย x_i คือค่าวัตถุประสงค์ของโครโมโซมในแต่ละตัวใน subpop

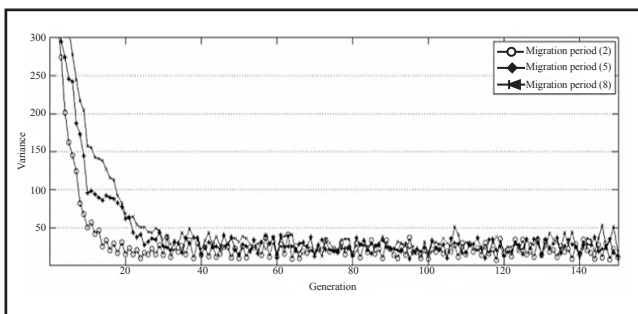
n คือ จำนวนโครโมโซมในแต่ละ subpop

$\bar{x}$ คือ ค่าเฉลี่ยในแต่ละ subpop

แล้วหาค่าเฉลี่ยของค่าความแปรปรวนทั้งหมดจากสมการ (3)

$$meanV = \frac{\sum_{i=1}^{subpop} s_i^2}{subpop} \quad (3)$$

โดย subpop คือ จำนวนกลุ่มย่อยของประชากร จากนั้นหาค่าความแปรปรวนในแต่ละกลุ่มประชากร (subpop) และได้ทดสอบผลการเปลี่ยนแปลงของค่าความแปรปรวนกับช่วงระยะการย้ายถิ่น จำนวนการย้ายถิ่นและโครงสร้างการย้ายถิ่น



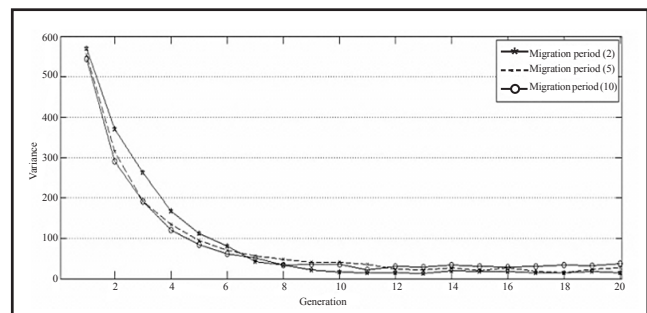
ภาพที่ 2 ค่าความแปรปรวนในแต่ละช่วงระยะการย้ายถิ่น

จากภาพที่ 2 การเปลี่ยนแปลงของค่าความแปรปรวนภายในเงื่อนไขตามช่วงระยะการย้ายถิ่นในแต่ละแบบ โดยแบ่งเป็นทำการย้ายถิ่นทุกๆ 2 รอบ 5 รอบ และ 8 รอบตามลำดับจะเห็นได้ว่าในช่วงแรกการใช้ช่วงระยะการย้ายถิ่นทุกๆ 2 รอบ ทำให้ค่าความแปรปรวนลดได้เร็วกว่า แต่เมื่อใกล้ช่วงเวลาลู่เข้าคำตอบค่าความแปรปรวนจะลดมาอยู่ในระดับที่ต่ำ สังเกตว่าช่วงระยะการย้ายถิ่นจะไม่ส่งผลกระทบท่อการลู่เข้าหาคำตอบ

ดังนั้นอาจกล่าวได้ว่าในช่วงเริ่มต้นค้นหาคำตอบจำเป็นที่จะต้องใช้ช่วงระยะการย้ายถิ่นที่น้อยเพื่อให้เกิดการแลกเปลี่ยนโครโมโซมที่ระหว่างกลุ่มย่อยของประชากร และเมื่อใกล้ลู่เข้าคำตอบก็อาจจะใช้ช่วงระยะการย้ายถิ่นที่เพิ่มขึ้นเพื่อลดเวลาที่ใช้ในการแลกเปลี่ยนโครโมโซมในงานวิจัยนี้ช่วงระยะการย้ายถิ่นหาได้จากสมการ (4) โดยใช้อัตราช่วงระยะ (Period rate) เป็นการกำหนดช่วงระยะการย้ายถิ่นซึ่งอัตราช่วงระยะจะเพิ่มขึ้นเมื่อค่าความแปรปรวนลดลง

Migration period = จำนวนรอบการทำงาน x Period rate (4)

โดย Period rate = 0.01 หรือ 0.02 หรือ 0.03 ขึ้นอยู่กับช่วงที่กำหนด ซึ่งจะกล่าวถึงต่อไป

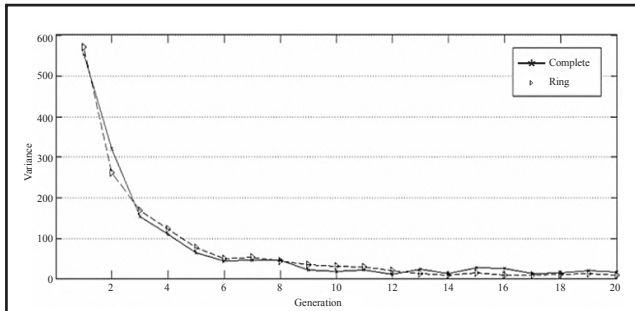


ภาพที่ 3 ค่าความแปรปรวนในแต่ละขนาดการย้ายถิ่น

จากภาพที่ 3 เป็นการทดลองการเปลี่ยนแปลงของค่าความแปรปรวนกับขนาดในการย้ายถิ่น ซึ่งทำการเปรียบเทียบ 3 แบบ คือขนาดการย้ายถิ่น 2 โครโมโซม 5 โครโมโซม และ 10 โครโมโซมตามลำดับ โดยการใช้ขนาดการย้ายถิ่นที่มากในช่วงแรกขณะที่ค่าความแปรปรวนสูงจะทำให้ลู่เข้าคำตอบได้ดีกว่า จากนั้นเมื่อค่าความแปรปรวนลดต่ำลงใกล้ช่วงเวลาลู่เข้าคำตอบ การใช้ขนาดในการย้ายถิ่นที่น้อยจะทำให้ลดค่าความแปรปรวนได้ดีกว่า ซึ่งงานวิจัยนี้ได้นำเสนอสมการการหาขนาดการย้ายถิ่นที่เหมาะสมดังสมการ (5) โดย อัตราการย้ายถิ่น (Migration rate) จะเป็นตัวกำหนดขนาดการย้ายถิ่น โดยอัตราจะลดลงเมื่อค่าความแปรปรวนลดต่ำลง

$$\text{Migration size} = \frac{\text{Population size}}{|\text{Subpop}|} \times \text{Migration rate} \quad (5)$$

โดย Migration rate $\in [0,1]$



ภาพที่ 4 ค่าความแปรปรวนในแต่ละโครงสร้าง

จากภาพที่ 4 เป็นการเปรียบเทียบการลดของค่าความแปรปรวนกับโครงสร้างแบบสมบูรณ์และแบบวงแหวน ซึ่งในระยะแรกค่าความแปรปรวนมีค่ามากการใช้โครงสร้างแบบวงแหวนจะทำให้ลดค่าความแปรปรวนได้ดีกว่า เมื่อค่าความแปรปรวนลดลง $\approx 80\%$ ของค่าความแปรปรวนสูงสุด การใช้โครงสร้างแบบสมบูรณ์จะทำให้ลดค่าความแปรปรวนได้ดีกว่า และเมื่อค่าความแปรปรวนลดลง $\approx 95\%$ ของค่าความแปรปรวนสูงสุด การใช้โครงสร้างแบบวงแหวนจะช่วยลดค่าความแปรปรวนได้ดีกว่าทั้งนี้เนื่องจากในระยะแรกที่ค่าความแปรปรวนยังคงสูง ค่าของคำตอบยังคงมีความแตกต่างกันอยู่มากการใช้ช่วงการย้ายถิ่นที่บ่อยกับขนาดการย้ายถิ่นที่มากและใช้โครงสร้างแบบวงแหวนให้ติดต่อกันระหว่างกลุ่มใกล้เคียงกันเหมือนกับการสำรวจ (Exploration) และการเจาะจง (Exploitation) ให้กับแต่ละกลุ่มพัฒนาคำตอบขึ้นมา หลังจากนั้นเมื่อค่าความแปรปรวนลดต่ำลงมาแสดงว่าค่าของคำตอบเริ่มที่จะมีความคล้ายกันมากขึ้น โครงสร้างแบบสมบูรณ์จะทำให้มีการติดต่อกันที่เชื่อมกันทุกกลุ่มทำให้แต่ละกลุ่มมีการแลกเปลี่ยนคำตอบกันที่หลากหลายขึ้น และในระยะที่ใกล้เข้าสู่คำตอบ ค่าความแปรปรวนจะมีค่าที่ต่ำและเปลี่ยนแปลงน้อย การใช้โครงสร้างแบบวงแหวน และการเพิ่มช่วงระยะการย้ายถิ่นให้มากขึ้น กับลดขนาดการย้ายถิ่นลง จะทำให้การพัฒนาคำตอบของแต่ละกลุ่มสามารถพัฒนาได้ต่อเนื่องขึ้น ซึ่งจะทำให้เกิดการลู่เข้าหาคำตอบได้ดีขึ้น

จากการศึกษาจึงกำหนดเงื่อนไข โดยจะพิจารณาจากโครงสร้างเป็นหลัก คือเริ่มจากการใช้โครงสร้างแบบวงแหวนก่อน เมื่อค่าความแปรปรวนลดลง $\approx 80\%$ จากค่าความแปรปรวนสูงสุดจะใช้โครงสร้างแบบสมบูรณ์ อัตราช่วง

ระยะเพิ่มขึ้นและอัตราการย้ายถิ่นที่น้อยลงจากนั้นเมื่อค่าความแปรปรวนลดลง $\approx 95\%$ จากค่าความแปรปรวนสูงสุดจะใช้โครงสร้างแบบวงแหวน อัตราช่วงระยะที่เพิ่มขึ้นและอัตราการย้ายถิ่นที่น้อยลงกว่าเดิม

จากการศึกษาทำให้แบ่งเป็น 3 ระดับ โดยกำหนดเงื่อนไขจากค่าความแปรปรวนที่มากที่สุดของทุกกลุ่มช่วงระยะการย้ายถิ่นแรกให้ $\text{highV} = \max(s_2)$, $\text{midV} = \text{highV} - (\text{highV} * 0.8)$ และ $\text{lowV} = \text{highV} - (\text{highV} * 0.95)$

แล้วแบ่งเป็นเงื่อนไข 3 ช่วง

ช่วงที่ 1 ถ้า $\text{midV} < \text{meanV} \leq \text{highV}$

ใช้โครงสร้างแบบวงแหวนอัตราการย้ายถิ่นเท่ากับ 1 และอัตราช่วงระยะเท่ากับ 0.01

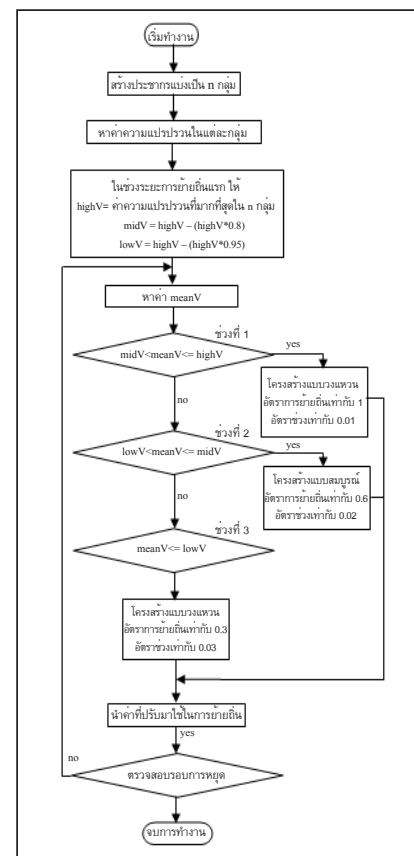
ช่วงที่ 2 ถ้า $\text{lowV} < \text{meanV} \leq \text{midV}$

ใช้โครงสร้างแบบสมบูรณ์อัตราการย้ายถิ่นเท่ากับ 0.6 และอัตราช่วงระยะเท่ากับ 0.02

ช่วงที่ 3 ถ้า $\text{meanV} \leq \text{lowV}$

ใช้โครงสร้างแบบวงแหวนอัตราการย้ายถิ่นเท่ากับ 0.3 และอัตราช่วงระยะเท่ากับ 0.03

โดยสามารถแสดงขั้นตอนการทำงานของการทำงานการปรับค่าในการย้ายถิ่นดังนี้



ภาพที่ 5 ผังการปรับค่าในการย้ายถิ่น

หลักการทำงานในการปรับตัวในการย้ายถิ่นเริ่มจาก

ขั้นตอนที่ 1 เมื่อสร้างกลุ่มประชากรแล้วทำการหาค่าความแปรปรวนจากสมการ (1) ในแต่ละกลุ่ม

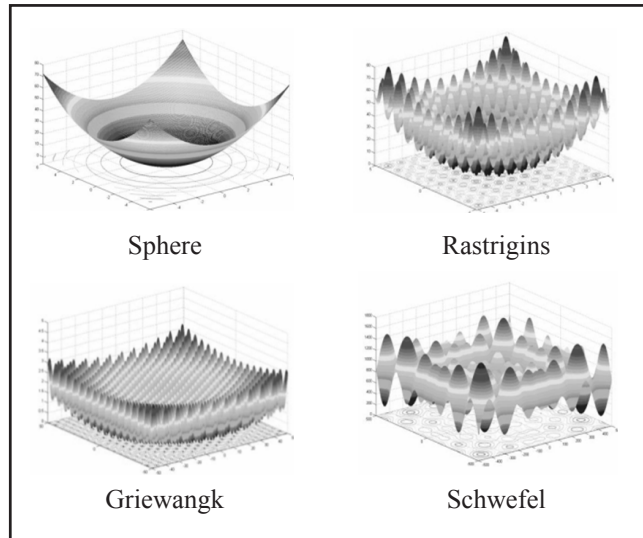
ขั้นตอนที่ 2 ให้ $highV = \max(s2)$, $midV = highV - (highV * 0.8)$ และ $lowV = highV - (highV * 0.95)$ ใน period แรก

ขั้นตอนที่ 3 หาค่า $meanV$ จากสมการ (3)

ขั้นตอนที่ 4 นำค่า $meanV$ ที่ได้ไปเปรียบเทียบกับเงื่อนไข จากนั้นปรับโครงสร้าง อัตราการย้ายถิ่น อัตราช่วงระยะ ตามที่ได้กำหนดในแต่ละช่วง

ขั้นตอนที่ 5 ทำการย้ายถิ่นตามค่าที่ปรับในแต่ละช่วง

ขั้นตอนที่ 6 กลับไปทำขั้นตอนที่ 3 จนครบรอบการทำงานของอัลกอริทึม



ภาพที่ 4 กราฟของฟังก์ชันต่างๆ

ที่มา: <http://www.sfu.ca/~ssurjano/optimization.html>

4. ผลการดำเนินงาน

4.1 ปัญหาที่ใช้ในการทดสอบ

งานวิจัยนี้ใช้ Benchmark Functions ซึ่งเป็นฟังก์ชันมาตรฐานสำหรับวัดประสิทธิภาพของอัลกอริทึม ซึ่งจะใช้ทั้งฟังก์ชันยูนิโมเดลและฟังก์ชันมัลติโมเดลจำนวน 4 ฟังก์ชันดังนี้

-ฟังก์ชัน Sphere [9], [13]

$$f(x) = \sum_{i=1}^n x_i^2 \quad (6)$$

$$x_i \in [-5.12, 5.12], i = 1, \dots, n$$

$$f(x^*) = 0, x^* = (0, \dots, 0)$$

-ฟังก์ชัน Rastrigins [9], [11]

$$f(x) = 10n + \sum_{i=1}^n [x_i^2 - 10\cos(2\pi x_i)] \quad (7)$$

$$x_i \in [-5.12, 5.12], i = 1, \dots, n$$

$$f(x^*) = 0, x^* = (0, \dots, 0)$$

-ฟังก์ชัน Griewangk [11]

$$f(x) = \sum_{i=1}^n \frac{x_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^n \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) + 1 \quad (8)$$

$$x_i \in [-600, 600], i = 1, \dots, n$$

$$f(x^*) = 0, x^* = (0, \dots, 0)$$

-ฟังก์ชัน Schwefel [9], [11]

$$f(x) = \sum_{i=1}^n -x_i \sin(\sqrt{|x_i|}) \quad (9)$$

$$x_i \in [-500, 500], i = 1, \dots, n$$

$$f(x^*) = -n * 418.9829, x^* = (0, \dots, 0)$$

ในการทดสอบกับฟังก์ชันทั้งสี่ได้ทำการเขียนโปรแกรมด้วยโปรแกรม MATLAB เวอร์ชัน R2011b รันผลด้วยคอมพิวเตอร์ Processor Intel(R) Core(TM) i5-4200, CPU @1.60GHz

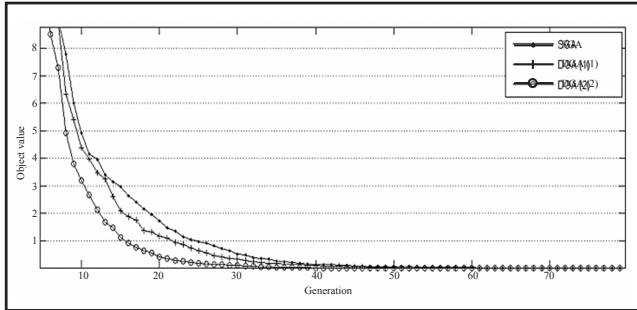
4.2 ผลการทดสอบ

ผลการทดสอบเป็นการเปรียบเทียบกับ จีเนติกอัลกอริทึมแบบเดี่ยว (SGA) จีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจายที่ไม่มีการปรับตัวในการย้ายถิ่น (DGA (1)) และจีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจายที่มีการปรับตัวในการย้ายถิ่นของงานวิจัยนี้ (DGA (2))

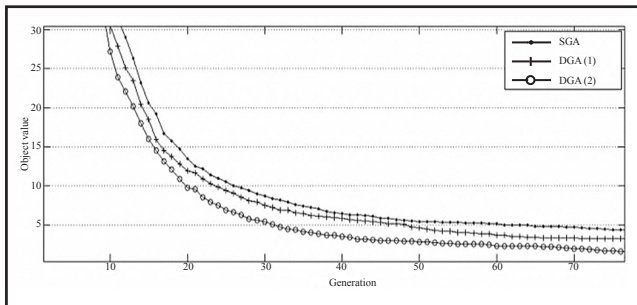
ตารางที่ 1 การกำหนดพารามิเตอร์ใน GA แบบต่างๆ

	SGA	DGA (1)	DGA (2)
ขนาดประชากร	300	50	50
กลุ่มประชากร	1	6	6
จำนวนรอบ	300	300	300
จำนวนของยีน (L)	10	10	10
วิธีการคัดเลือก	วงล้อสุ่ม	วงล้อสุ่ม	วงล้อสุ่ม
อัตราการสลับสายพันธุ	0.8	0.8	0.8
อัตราการกลายพันธุ	1/L	1/L	1/L
ช่วงระยะการย้ายถิ่น	-	3	ตามเงื่อนไข
ขนาดการย้ายถิ่น	-	4	ตามเงื่อนไข
การเลือกและแทนที่ในการย้ายถิ่น	-	ตัวดีแทนตัวด้อย	ตัวดีแทนตัวด้อย
โครงสร้างการย้ายถิ่น	-	วงแหวน	ตามเงื่อนไข

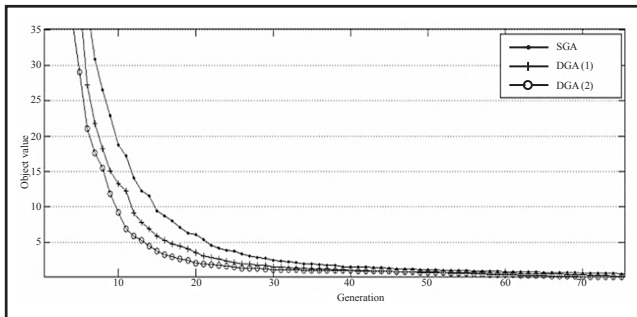
ในการทดลองได้ทำการรันผลอัลกอริทึมในแต่ละแบบจำนวน 10 รอบกันแล้วหาเฉลี่ยของผลค่าวัตถุประสงค์ (Object value) และเวลาในการทำงานของแต่ละฟังก์ชันออกมา ซึ่งได้ผลดังกราฟและตารางต่อไปนี้



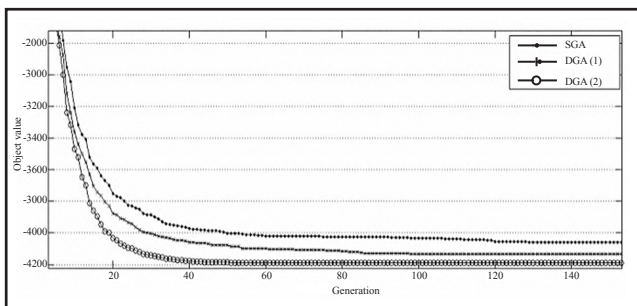
ภาพที่ 7 กราฟการลู่เข้าหาคำตอบของฟังก์ชัน Sphere



ภาพที่ 8 กราฟการลู่เข้าหาคำตอบของฟังก์ชัน Rastrigins



ภาพที่ 9 กราฟการลู่เข้าหาคำตอบของฟังก์ชัน Griewangk



ภาพที่ 10 กราฟการลู่เข้าหาคำตอบของฟังก์ชัน Schwefel

จากกราฟการลู่เข้าหาคำตอบของฟังก์ชันเทียบเคียงทั้ง 4 ฟังก์ชันพบว่ากรลู่เข้าหาคำตอบของจีเนติกอัลกอริทึม

แบบกระจายที่งานวิจัยนี้นำเสนอสามารถลู่เข้าหาคำตอบได้ดีกว่า จีเนติกอัลกอริทึมแบบเดี่ยว และจีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจายที่ไม่มีการปรับตัวในการย้ายถิ่น

ตารางที่ 2 เวลาการทำงานในแต่ละฟังก์ชัน (milliseconds)

ฟังก์ชัน \ อัลกอริทึม	SGA	DGA (1)	DGA (2)
Sphere	1515	1331	1261
Rastrigins	1522	1435	1352
Griewangk	1377	1328	1275
Schwefel	1394	1350	1267

จากตารางที่ 2 พบว่าเวลาในการทำงานของจีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจายที่มีการปรับตัวในการย้ายถิ่นมีเวลาการทำงานที่ดีกว่าจีเนติกอัลกอริทึมแบบเดี่ยว และจีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจายที่ไม่มีการปรับตัวในการย้ายถิ่น

5. สรุปและข้อคิดเห็น

บทความนี้ได้เสนอการปรับพารามิเตอร์ต่างๆ ในการย้ายถิ่นสำหรับจีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจายโดยพิจารณาจากค่าความแปรปรวนโดยความแปรปรวนจะบอกถึงความคล้ายกันของคำตอบในแต่ละกลุ่ม ซึ่งการปรับช่วงระยะการย้ายถิ่น ขนาดการย้ายถิ่น และโครงสร้างมีผลต่อค่าความแปรปรวนทั้งสิ้น การปรับค่าต่างๆ ในการย้ายถิ่นเปรียบเสมือนการสำรวจ (Exploration) และการเจาะจง (Exploitation) ให้กับอัลกอริทึมเพื่อที่จะทำให้อัลกอริทึมได้ทำการค้นหาคำตอบให้ตรงพื้นที่และถูกต้องที่สุด ในการทดลองกับฟังก์ชันเทียบเคียงทั้งสี่ฟังก์ชัน พบว่าจีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจายที่มีการปรับตัวในการย้ายถิ่น ทำให้ผลของการลู่เข้าหาคำตอบของทั้งสี่ฟังก์ชันนั้นลู่เข้าหาคำตอบโดยใช้จำนวนรอบที่น้อยกว่าจีเนติกอัลกอริทึมแบบเดี่ยวและแบบกระจายที่ไม่มีการปรับตัวในการย้ายถิ่น รวมทั้งช่วยลดเวลาในการทำงานลงได้

ในการพัฒนาจีเนติกอัลกอริทึมแบบกระจายนั้นจุดประสงค์ก็เพื่อที่จะทำให้อัลกอริทึมสามารถลู่เข้าหาคำตอบได้เร็วขึ้นและใช้เวลาในการทำงานที่น้อยลง ซึ่งแนวทางในอนาคตจะทำการศึกษาค่าความแปรปรวนที่ส่งผลมาจากการปรับตัวของพารามิเตอร์อื่นๆ และนำไปใช้แก้ปัญหาจริง รวมถึงการใช้ GPU เข้ามาช่วยประมวลผลแบบขนานเพื่อลดเวลาในการทำงานต่อไป

6. เอกสารอ้างอิง

- [1] B. Sirinaovakul. *Artificial Intelligence: Swarm Intelligence*. Top Publishing, Co., BKK, 2012.
- [2] C. Jantasarn and P. Rojanavas. "Genetic algorithms." *The Journal of Information and Communication Technology*, UP, Vol.1, No.1, pp. 40-55, 2014.
- [3] Michael Negevitsky. *Artificial Intelligence : A Guild to Intelligent Systems*, Second Edition, 2004.
- [4] K. Maksuriwong, *IEEE 802.11b Wireless LAN cell planning using Genetic Algorithms*, Master Thesis, KMUTNB, 2002.
- [5] R. Muttahathakorn and P. Meesad. "University Timetabling Using Multiobjective Genetic Algorithms." *Information Technology Journal*, KMUTNB, Vol. 6, No. 3, pp. 28-33, 2007.
- [6] A. Phirom. *Stock trading strategy generation using genetic algorithms*. Master Thesis in Applied Statistics and IT, Graduate School of Applied Statistics, NIDA, 2010.
- [7] Erick Cantu-Paz. "Survey of Parallel Genetic Algorithms." *Calculateurs Parallele*, pp. 141-171, 1998.
- [8] Erick Cantu-Paz. "Migration Policies, Selection Pressure, and Parallel Evolutionary Algorithms." *Journal of Heuristics*, Vol.7, pp. 311-334, 2001.
- [9] G. Roy, H. Lee, L. Jennifer Welch, Y. Zhao, V. Pandey, and D. Thurston. "A Distributed Pool Architecture for Genetic Algorithms." *IEEE (CEC)*, pp. 1177-1184, 2009.
- [10] L. Falahiazar, M. Teshnehlab, and A. Falahiazar. "Parallel Genetic Algorithm Based on a New Migration Strategy." *In Proceedings of the International Conference on Recent Advances in Computing and Software Systems*, pp. 37-41, 2012.
- [11] Y. Gong and A. Fukunaga. "Distributed Island-Model Genetic Algorithms Using Heterogeneous Parameter Setting." *In Proceedings of the 2011 IEEE Congress of Evolutionary Computing*, New Orleans, USA, pp. 820-827, 5-8 June 2011.
- [12] W. Li and Y. Huang, "A Distributed Parallel Genetic Algorithm Oriented Adaptive Migration Strategy." *In Proceedings of the International Conference on Natural Computation*, No. 8, pp. 592-595, 2012.
- [13] L. Junqing D. Wencai and C. Mei, "A New Adaptive Parallel Genetic Algorithm." *In Proceedings of the Fifth International Conference on Intelligent Human-Machine Systems and Cybernetics*, No. 5, pp. 110-113, 2013.

