

การแก้ปัญหาการหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานีให้บริการแบบไม่มีความจุโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการค้นหาเฉพาะที่*

To Solve Uncapacitated Facility Location Problem using Genetic Algorithms and Local Search

Received:	May	8, 2019
Revised:	August	9, 2019
Accepted:	August	16, 2019

จุฑามาศ สายแก้ว (Juthamas Saikaew)**

วิลาสินี ทัดเนียม (Wirasinee Thadnieam)***

คทา ประดิษฐ์วงศ์ (Kata Praditwong)****

บทคัดย่อ

งานวิจัยนี้มีเป้าหมายคือการศึกษาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของการแก้ปัญหาการหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานีให้บริการแบบไม่มีความจุ ปัญหานี้เป็นปัญหาเกี่ยวกับการเลือกที่ตั้งของสถานีจากสถานที่ที่สามารถตั้งเป็นสถานที่ที่กำหนดให้ โดยมีกำหนดให้สถานที่ที่เปิดให้กับลูกค้า เป้าหมายของการลดมูลค่าของผลรวมของค่าของการเปิดสถานีและค่าใช้จ่ายของลูกค้า หากเปิดสถานีด้วยจำนวนและสถานที่ที่เหมาะสมจะทำให้ลดค่าใช้จ่ายทั้งผู้ให้บริการและลูกค้า งานวิจัยนี้ทำการสร้างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับการแก้ปัญหาการหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานีให้บริการแบบไม่มีความจุ การทดลองเปรียบเทียบการทำงานของขั้นตอนวิธีเลือกและการไขว้เปลี่ยนของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อหาวิธีการที่เหมาะสม นำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ทดสอบว่ามีประสิทธิภาพเพิ่มขึ้นมาใช้ร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่

คำสำคัญ : การหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานีให้บริการ, ขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรม, การค้นหาเฉพาะที่

* บทความนี้เป็นส่วนหนึ่งของปริญญาณิพนธ์ เรื่อง การหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานีให้บริการโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการหาค่าเหมาะที่สุดแบบผสม

** นักศึกษาหลักสูตรวิทยาศาสตรบัณฑิต สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ ภาควิชาคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยศิลปากร

Student of Bachelor of Computer Science, Department of Computing, Faculty of Science, Silpakorn University. E-mail: pyjamassamajyp@gmail.com, 0-8344-7500-0

*** นักศึกษาหลักสูตรวิทยาศาสตรบัณฑิต สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ ภาควิชาคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยศิลปากร

Student of Bachelor of Computer Science, Department of Computing, Faculty of Science, Silpakorn University. E-mail: thadnieam_w@hotmail.com, 0-9264-8569-9

**** ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ภาควิชาคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยศิลปากร

Assistant Professor Doctor, Department of Computing, Faculty of Science, Silpakorn University.
E-mail : praditwong_k@su.ac.th, 0-3424-5334-5 (Corresponding Author)

Abstract

The objective of this research is to study a mathematical model and to solve the Uncapacitated Facility Location Problem. The problem focuses on selecting of station locations from a set of given locations. Customers will be assigned to a selected station. The objective is to minimize the sum of the cost for establishing the station and the cost of transportation for all customers. The suitable set of stations reduces the cost of both a station owner and customers. This paper implements the genetic algorithm for solving Uncapacitated Facility Location Problem. The experiment compares the genetic algorithm in terms of finding a suitable set of selection and crossover operators. Using local search with genetic algorithm improves a performance in this problem.

Keywords: *Uncapacitated Facility Location Problem, Genetic Algorithm, Local Search*

บทนำ

การดำเนินธุรกิจในปัจจุบันนี้ จำเป็นต้องมีการเดินทางและการขนส่งเกิดขึ้น การขยายสาขาจึงเป็นการช่วยลดระยะเวลาและค่าใช้จ่ายในการจัดสรรทรัพยากรให้กับลูกค้า โดยเราจำเป็นต้องคำนึงถึงต้นทุนที่ใช้ในการเปิดสาขาแต่ละสาขา หากมีสาขามากก็ต้องใช้ต้นทุนมากตามไปด้วย เพื่อให้สามารถให้บริการกับลูกค้าได้อย่างทั่วถึงและรวดเร็ว หากมีสาขาน้อยลูกค้ามีค่าใช้จ่ายมากในการมารับบริการก็จะมีปัญหากับองค์กร โดยต้นทุนที่ใช้ในการเปิดสถานให้บริการจะต้องมีค่าน้อยที่สุด การตัดสินใจเลือกสถานที่ตั้งของสถานให้บริการจึงมีความสำคัญ หากได้สถานที่ตั้งที่ไม่เหมาะสมจะส่งผลกระทบต่อความอยู่รอดขององค์กรนั้น โดยตรงในระยะยาวได้ ดังนั้นหากมีการคำนวณหาตำแหน่งที่ตั้งที่เหมาะสมที่เป็นไปได้ เพื่อที่จะก่อตั้งสถานให้บริการเข้ามาช่วยในการตัดสินใจจะทำให้เลือกที่ตั้งที่เหมาะสมที่จะช่วยลดต้นทุนในการให้บริการกับลูกค้าได้อย่างแน่นอน

โปรแกรมประยุกต์การหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานให้บริการนี้ เป็นโปรแกรมที่ช่วยคำนวณหาตำแหน่งที่ตั้งที่เป็นไปได้ที่มีความเหมาะสมในเรื่องของต้นทุน ที่เมื่อเลือกตั้งแล้วจะทำให้ต้นทุนในการให้บริการนั้นมีค่าน้อยที่สุด สำหรับสถานที่ให้บริการในงานวิจัยนี้จะถือว่าไม่มีข้อจำกัดด้านความจุ นั่นคือ สามารถบริการได้อย่างไม่มีขีดจำกัด โดยโปรแกรมประยุกต์นี้จะใช้ขั้นตอนวิธีการหาค่าเหมาะสมที่สุด โดยจะใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมาหาคำตอบ หลังจากนั้นจะเพิ่มประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมด้วยวิธีการค้นหาเฉพาะที่

วิธีการวิจัย

ในงานวิจัยนี้ประกอบด้วยความรู้พื้นฐาน 3 ส่วน คือ ปัญหาการหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานให้บริการแบบไม่มีความจุ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการค้นหาเฉพาะที่ จากนั้น อธิบายการออกแบบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับการแก้ปัญหาการหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานให้บริการแบบไม่มีความจุ โดยมีการเข้ารหัสการสร้างประชากรเริ่มต้น การวัดค่าความเหมาะสม การคัดเลือก รวมถึง การสร้างประชากรใหม่ และแนวทางการใช้การค้นหาเฉพาะที่กับปัญหานี้

1. ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง

1.1 ปัญหาการหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานีให้บริการแบบไม่มีความจุ

พิจารณา เซต $I = \{1, 2, \dots, m\}$ เป็นเซตของสถานีที่ m แห่ง แต่ละสถานีอาจได้รับการก่อตั้งโดย $i \in I$ เมื่อ $i = 1, 2, \dots, m$ โดย m เป็นจำนวนสถานีทั้งหมดที่เป็นไปได้ที่จะถูกจัดตั้งเป็นสถานี

ต่อมาให้ เซต $J = \{1, 2, \dots, n\}$ เป็นเซตของลูกค้า n โดย $j \in J$, โดยที่ $j = 1, 2, \dots, n$ เมื่อ n เป็นจำนวนลูกค้าทั้งหมดที่จะได้รับการบริการจากสถานีที่ถูกจัดตั้ง

สำหรับแต่ละสถานีจะมีต้นทุนที่ใช้ในการตั้งสถานะที่เป็นค่าคงที่ ให้ w_i เป็นต้นทุนในการจัดตั้งสถานี i เมื่อมีการตั้งสถานี i ก็จะมีการให้บริการกับลูกค้า เมื่อลูกค้า j มาใช้บริการ กำหนดให้ $c_{i,j}$ เป็นค่าที่ลูกค้าต้องเสียเมื่อมาใช้บริการในสถานี i

ซึ่งเมื่อพิจารณาองค์ประกอบที่เกี่ยวข้อง พบสถานการณ์ที่น่าสนใจ คือ หากองค์กรธุรกิจต้องการลดต้นทุนก็จะเปิดสถานีให้บริการแห่งเดียว แต่พบว่าลูกค้าบางคนจะต้องเสียค่าใช้จ่ายมากหากมาใช้บริการ ซึ่งลูกค้าเหล่านั้นก็อาจจะไม่พอใจ ในทำนองกลับกัน หากองค์กรธุรกิจเปิดสถานีให้บริการเป็นจำนวนมาก ลูกค้าเลือกสถานีให้บริการที่ใกล้ที่สุดทำให้ลูกค้ามีความพอใจ แต่องค์กรธุรกิจก็จะมีรายจ่ายเพิ่มในการเปิดสถานีบริการเป็นจำนวนมาก

เพื่อเป็นการรักษาสมดุลของทั้งองค์กรธุรกิจและลูกค้า จำนวนสถานีและตำแหน่งที่เหมาะสมจึงเป็นสิ่งที่จำเป็นของธุรกิจลักษณะนี้ โดยกำหนดให้เซตของสถานีที่เปิดคือ เซต S ซึ่งเป็นเซตย่อยของเซต I สำหรับค่าความเหมาะสมของการเปิดสถานีด้วยเซต S แทนด้วย $C(S)$ ซึ่งคำนวณได้ดังสมการต่อไปนี้

$$C(S) = \sum_{i \in S} w_i + \sum_{j=1}^n \min_{i \in S} \{c_{i,j}\} \quad (1)$$

จากสมการที่ 1 สามารถอธิบายค่า $C(S)$ เกิดจากการผลบวกของ 2 ส่วน ส่วนแรกเป็นผลรวมของการเปิดสถานีทั้งหมดในเซต S อีกส่วนหนึ่งเป็นผลรวมของค่าใช้จ่ายของลูกค้า j มาใช้บริการสถานี i ซึ่งสถานี i เป็นสถานีที่ใกล้กับลูกค้า j มากที่สุด ในมุมมองขององค์กรธุรกิจต้องการให้ค่า $C(S)$ น้อยที่สุด สำหรับปัญหานี้เป็นปัญหาเอ็นพีแบบยาก (NP-Hard Problem) ไม่มีขั้นตอนวิธีที่ใช้ในการแก้ปัญหาที่มีเป็นเวลาเชิงพหุนาม (Polynomial Time Algorithms) มาแก้ได้ (Krarup and Pruzan, 1983) ดังนั้นขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมก็จะเหมาะสมกับปัญหาในลักษณะนี้

1.2 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm)

วิธีการนี้ได้รับอิทธิพลมาจากธรรมชาติ แนวคิดเกิดมาจากการเลียนแบบการคัดเลือกสิ่งมีชีวิตในธรรมชาติ โดยสิ่งมีชีวิตที่มีลักษณะทางกายภาพที่เหมาะสมจะอยู่รอดและสืบพันธุ์สร้างลูกหลานต่อไป พันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตที่อยู่รอดจะถูกถ่ายทอดกันมารุ่นสู่รุ่น เกิดการวิวัฒนาการที่ทำให้สิ่งมีชีวิตในรุ่นปัจจุบันมีลักษณะที่เหมาะสมกับสิ่งแวดล้อมจะอยู่รอดมากขึ้นเรื่อย ๆ

หลักการนำมาประยุกต์ใช้กับปัญหาต่าง ๆ จะมองว่าข้อมูลของปัญหานั้นเป็นสายอักขระยาวเรียงต่อกันไป ลักษณะเหมือนกับโครโมโซมจากนั้นคัดเลือกคำตอบที่เหมาะสมที่สุดในกลุ่มประชากรเอาไว้ แล้วนำคำตอบที่ได้ไปทำการสร้างกลุ่มประชากรใหม่ โดยวิธีการไขว้เปลี่ยนและการผ่าเหล่า จากนั้นทำการคัดเลือกอีกครั้งทำเช่นนี้ไปเรื่อย ๆ จนสามารถหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุด (Holland, 1975 และ Goldberg, 1989) แนวคิดนี้ได้อิทธิพลจากแนวคิดของชาลส์ ดาร์วิน (Eiben and Smith, 2015)

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถประยุกต์กับปัญหาได้หลายแบบ เช่น การจัดผลิตภัณฑ์ (คทา ประดิษฐ์วงศ์ และธีรศักดิ์ ทะเลทอง, 2559) หรือการสร้างภาพในเชิงงานศิลปะ (ปฐมกานต์ บุณนาค และคทา ประดิษฐ์วงศ์, 2560)

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถอธิบายเป็นขั้นตอนดังต่อไปนี้

1. กำหนดพารามิเตอร์ของขั้นตอนวิธีพันธุกรรม เช่น จำนวนประชากร จำนวนรุ่น ความน่าจะเป็นของการไขว้เปลี่ยน ความน่าจะเป็นของการผ่าเหล่า

2. การสร้างประชากรเริ่มต้น (Initial Population) โดยใช้การสุ่ม

3. วัดค่าความเหมาะสม (Fitness) คัดเลือกประชากรพ่อแม่ (Selection)

4. สร้างประชากรใหม่ โดยนำประชากรพ่อแม่

a. ทำการไขว้เปลี่ยน (Crossover)

b. ทำการผ่าเหล่า (Mutation)

ถ้าจำนวนรุ่นเท่ากับที่กำหนดให้หยุด ไม่อย่างนั้น นำประชากรใหม่ไปวัดค่าความเหมาะสมในข้อที่ 3 สำหรับกระบวนการทำการคัดเลือกประชากร การไขว้เปลี่ยน การผ่าเหล่า มีนักวิจัยเสนอหลายวิธีการมาก ในที่นี้สนใจ วิธีการคัดเลือก 2 วิธี คือ การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel Selection) และการคัดเลือกแบบการแข่งขัน (Tournament selection)

การไขว้เปลี่ยน 3 วิธี คือ การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว (One Point Crossover: OPX), การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป (Uniform Crossover: UX) และการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปเชิงครึ่ง (Half Uniform Crossover: HUX) ซึ่งจะเปรียบเทียบวิธีการเหล่านี้ในการแก้ปัญหาการคำนวณหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานีให้บริการ

1.3 การค้นหาเฉพาะที่ (Local Search)

การค้นหาเฉพาะที่เป็นวิธีการค้นหาคำตอบแบบหนึ่ง โดยพยายามค้นหาคำตอบอย่างเป็นระบบ ซึ่งระบบของวิธีการค้นแบบนี้จะเก็บคำตอบหนึ่งไว้ แล้วทดลองหาคำตอบที่เป็นไปได้อื่น (Candidate Solution) หากคำตอบใหม่เหมาะสมกว่าก็จะเก็บคำตอบใหม่แทนคำตอบเก่า (Russell and Norvig, 2010)

สำหรับการหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานีให้บริการแบบไม่มีความจุที่ใช้การค้นหาเฉพาะที่นั้น ต้องการการศึกษาสำนักเชิงการสร้าง (Construction Heuristics) ที่มีลักษณะของการเปิดสถานีเพิ่ม (Add) โดยหากเปิดสถานีเพิ่มแล้วคำตอบมีคุณภาพดีขึ้นก็เก็บคำตอบใหม่ หากคำตอบเดิมดีกว่าก็ไม่ต้องเปลี่ยนแปลง (Daskin, 2013)

2. การออกแบบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการแก้ปัญหาการหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานีให้บริการ

การนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมาแก้ปัญหาการหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานีให้บริการมีงานวิจัยที่พัฒนาอยู่จำนวนหนึ่ง โดยมีหลายเทคนิค เช่น การสายของบิตในการเข้ารหัส (Kratica, 1999) การใช้การเข้ารหัสแบบเชิงสลับเปลี่ยน (Permutation Encoding) (Julstrom, 2008) การเปรียบเทียบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการเรียนรู้เพิ่มขึ้นแบบอาศัยประชากร (Population based incremental learning: PBIL) (Ankrah et al., 2018)

2.1 การเข้ารหัส (Encoding)

ในงานวิจัยนี้ ประชากรแต่ละตัวเป็นสายของบิต โดยแต่ละบิตคือสถานะของแต่ละสถานี ดังนั้นการเข้ารหัสเป็นรูปแบบของสายอักขระเลขฐานสอง (Binary String) แทนด้วย a โดยความยาวของสายอักขระเท่ากับจำนวนของสถานีที่จะเปิดได้แทนด้วย m โดยที่ $a[i] = 1$ หมายความว่า สถานีที่ตำแหน่ง i เปิด หาก $a[i] = 0$ คือ สถานีที่ตำแหน่ง i ไม่เปิด ซึ่ง $i \in [1, m]$ ตัวอย่างการเข้ารหัสโครโมโซมจากตารางที่ 1 หมายความว่า มีสถานีที่สามารถเปิดได้ 16 ตำแหน่ง โดยสามารถตีความได้ว่ามีสถานีที่เปิดดังนี้ สถานีที่ 3, 4, 5, 6, 11, 13 และ 15

ตารางที่ 1 ตัวอย่างการเข้ารหัสโครโมโซม

i	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
$a[i]$	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0

2.2 การสร้างประชากรเริ่มต้น (Initial Population)

ประชากรเริ่มต้นได้จากการสร้างโครโมโซมแต่ละตัวโดยการสุ่มค่าจำนวนจริงระหว่าง 0 ถึง 1 โดยมีการแจกแจงแบบเอกรูป (Uniformed Distribution) ถ้าค่าที่สุ่มมากกว่า 0.5 จะให้สถานีนั้นเปิด ($a[i] = 1$) ถ้าค่าที่สุ่มน้อยกว่าหรือเท่ากับ 0.5 จะให้สถานีนั้นไม่เปิด ($a[i] = 0$) ทำการสุ่มจนครบจำนวนสถานีจะได้โครโมโซม 1 ตัว และทำการกระบวนการสร้างโครโมโซมจนครบตามจำนวนที่กำหนดไว้ ก็จะได้ประชากรเริ่มต้น

2.3 การวัดค่าความเหมาะสม (Fitness)

การวัดค่าความเหมาะสมเป็นการระบุว่าคุณภาพประชากรแต่ละตัวมีความคุณภาพระดับใดสำหรับปัญหาที่กำหนดมาให้ ในงานวิจัยนี้จะใช้สมการที่ 1 เป็นฟังก์ชันในการวัดค่าความเหมาะสม

2.4 การคัดเลือก (Selection)

การคัดเลือกเป็นการนำประชากรที่ดีในรุ่นปัจจุบันไปสร้างเป็นประชากรใหม่ ซึ่งใช้ค่าความเหมาะสมเป็นเกณฑ์ในการเลือก โดยงานวิจัยนี้มีการคัดเลือก 2 แบบ การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel Selection) มีหลักการว่า ประชากรตัวที่มีค่าความเหมาะสมดีกว่าจะมีโอกาสในการถูกเลือกมากกว่า ซึ่งประชากรที่ถูกเลือกมาจะมีกระบวนการสุ่ม และการคัดเลือกแบบการแข่งขัน (Tournament selection)

2.4.1 การคัดเลือกแบบวงล้อสุ่มเป็นการคัดเลือกแบบที่ต้องใช้ค่าความเหมาะสม (Fitness) ของโครโมโซมมาพิจารณา โดยโครโมโซมที่มีค่าเหมาะสมมากจะมีโอกาสถูกเลือกมากกว่า (Goldberg, 1989) ซึ่งจากปัญหาการหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานีให้บริการเนื่องจากการมีต้นทุนในการให้บริการที่น้อยถ้อยอ้างดี

2.4.2 การคัดเลือกแบบการแข่งขันเป็นการคัดเลือกที่นิยมใช้อีกวิธีหนึ่ง (Goldberg and Deb, 1991) โดยสุ่มเลือกประชากรมาจำนวน n ตัว จากนั้นเลือกประชากรตัวที่ดีที่สุดในกลุ่ม n ตัว ซึ่งใช้ค่าความเหมาะสมเป็นเกณฑ์ โดยจำนวน n จะต้องน้อยกว่าหรือเท่ากับจำนวนประชากร ซึ่งจะเรียก n ขนาดการแข่งขัน (Tournament Size)

2.5 การไขว้เปลี่ยน (Crossover) เป็นการสร้างประชากรใหม่ โดยนำประชากร 2 ตัวแลกเปลี่ยนค่าระหว่างกันจะทำให้ได้ประชากรใหม่ขึ้นมาโดยในงานวิจัยใช้ 3 แบบ

2.5.1 การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว (One Point Crossover: OPX) ซึ่งเป็นการไขว้เปลี่ยนดั้งเดิมในขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรม (Holland, 1975 และ Goldberg, 1989) โดยมีพื้นฐานการทำงานกับสายบิต เมื่อมีประชากร 2 ตัวที่เรียกว่า ประชากรพ่อแม่ (Parent) โดยเริ่มจากการสุ่มตำแหน่งที่ต้องการตัดสายบิตแล้วสลับระหว่างสายบิตที่ตัดกันระหว่างประชากรพ่อแม่แล้วจะได้ประชากรลูก (Children) จากรูปที่ 1 ประชากรพ่อแม่คือ a และ b สำหรับประชากรลูกคือ c และ d โดยจุดตัดคือตำแหน่งหลังจาก i เท่ากับ 5 ประชากรลูก c เกิดจากส่วนแรกของ a และส่วนที่ 2 มาจาก b สำหรับ d เกิดจากส่วนแรกของ b และส่วนที่ 2 มาจาก a

i	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
$a[i]$	0	0	1	1	1	1	0	0	1	0
$b[i]$	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0
การไขว้เปลี่ยน										
$c[i]$	0	0	1	1	1	0	0	1	1	0
$d[i]$	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0

รูปที่ 1 ตัวอย่างการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว

2.5.2 การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป (Uniform Crossover: UX) นำเสนอโดยนักวิจัยในปี ค.ศ 1989 (Syswerda, 1989) เป็นการไขว้เปลี่ยนที่สามารถแลกเปลี่ยนข้อมูลในสายบิตได้ทุกตำแหน่ง โดยประชากรลูกตัวแรก c จะได้รับค่าของสายบิตที่ตำแหน่งที่ 1 จากประชากรพ่อแม่ a หรือ b ขึ้นกับการสุ่มเลือกโดยมีความน่าจะเป็นเท่ากับ p โดยทั่วไปกำหนดให้ p เท่ากับ 0.5 สำหรับค่าในสายบิตตำแหน่งเดียวกันของประชากรลูก d ก็จะมีค่าเป็นค่าของประชากรพ่อแม่ที่ c ไม่ได้เลือก ทำด้วยกระบวนการแบบเดียวกันนี้จนครบทุกตำแหน่งของสายบิต ซึ่งตัวอย่างแสดงในรูปที่ 2 โดยตำแหน่งของประชากรลูกที่มีการแรเงานั้นหมายถึงค่าในตำแหน่งนั้นมาจากประชากรพ่อแม่ b

i	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
$a[i]$	0	0	1	1	1	1	0	0	1	0
$b[i]$	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0
การไขว้เปลี่ยน										
$c[i]$	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0
$d[i]$	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0

รูปที่ 2 ตัวอย่างการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป

2.5.3 การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปเชิงครึ่ง (Half Uniform Crossover: HUX) นำเสนอในปี ค.ศ 1991 (Eshelman, 1991) การไขว้เปลี่ยนแบบนี้มีแนวคิดที่จะแลกเปลี่ยนค่าระหว่างตำแหน่งที่มีค่าแตกต่างกันระหว่างประชากรพ่อแม่ โดยจะแลกเปลี่ยนจำนวนบิตเท่ากับครึ่งหนึ่งของจำนวนบิตที่ต่างกัน ในตัวอย่างจากรูปที่ 3 มีจำนวนบิตที่ต่างกัน 4 ตำแหน่งคือ 2, 4, 6 และ 8 โดยเลือกสลับค่าของบิต 2 ตำแหน่งเริ่มจากตำแหน่งแรกที่พบจะสลับ คือ ตำแหน่งที่ 2 จากนั้นตำแหน่งถัดมาจะไม่เปลี่ยน (ตำแหน่งที่ 4 ไม่สลับค่า) ตำแหน่งถัดมาเป็นตำแหน่งที่ 6 จะทำการสลับค่าของบิต ทำอย่างนี้ไปจนครบ

i	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
$a[i]$	0	0	1	1	1	1	0	0	1	0
$b[i]$	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0
การไขว้เปลี่ยน										
$c[i]$	0	1	1	1	1	0	0	0	1	0
$d[i]$	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0

รูปที่ 3 ตัวอย่างการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปเชิงครึ่ง

2.6 การผ่าเหล่าจุดเดียว (One Point Mutation) เป็นการสร้างประชากรลูก 1 ตัวจากประชากรพ่อแม่ 1 ตัว ในวิธีการนี้จะเลือกตำแหน่งของบิตที่จะทำการเปลี่ยนค่ามา 1 ตำแหน่ง จากรูปที่ 4 สุ่มเลือกตำแหน่งในการเปลี่ยนค่าของบิต โดยได้ตำแหน่งที่ 4 เปลี่ยนค่าจาก 1 เป็น 0

i	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
$a[i]$	0	0	1	1	1	1	0	0	1	0
การผ่าเหล่า										
$a'[i]$	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0

รูปที่ 4 ตัวอย่างการผ่าเหล่าจุดเดียว

การทดลอง

ในการค้นคว้าของงานวิจัยนี้ประกอบด้วย 2 การทดลอง การทดลองแรกเป็นการทดสอบการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม และการทดลองที่ 2 เป็นทดสอบการเพิ่มประสิทธิภาพของการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมด้วยการค้นหาเฉพาะที่ ในการทดสอบการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม มีการอธิบายกรณีตัวอย่างที่ใช้ในงานวิจัยนี้ ค่าที่ต้องกำหนดไว้สำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม รูปแบบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้ทดลอง รวมถึงผลการทดลอง ต่อมาเป็นการทดสอบการเพิ่มประสิทธิภาพด้วยการค้นหาเฉพาะที่ โดยการทดลองจะเปรียบเทียบกับผลการทดลองแรกด้วย

1. กรณีตัวอย่างปัญหา

สำหรับการเปรียบเทียบการคัดเลือกและการใช้เปลี่ยนแปลงที่เสนอในหัวข้อก่อนหน้านี้ จะทำการทดลองด้วยกรณีตัวอย่าง (Instance) ของปัญหาที่มีอยู่งานวิจัยของ Beasley ในปี ค.ศ. 1993 ซึ่งอธิบายกรณีตัวอย่างของปัญหา (Beasley, 1993) และ (Beasley, 1996) ต่อมาได้มีงานวิจัยนิยมใช้กรณีตัวอย่างนี้ โดยมักจะอ้างในชื่อว่า Beasley's OR-Library (Julstrom, 2008) ข้อดีประการหนึ่งของ Beasley's OR-Library คือการเข้าถึงทางออนไลน์ได้¹ โดยมีการเก็บข้อมูลของกรณีตัวอย่างในไฟล์ กรณีตัวอย่างได้ออกเป็น 2 แบบคือกรณีตัวอย่างปัญหขนาดเล็กและกรณีตัวอย่างปัญหาขนาดใหญ่ นอกจากนี้ ยังมีการให้ค่าผลเฉลยสำหรับแต่ละกรณีศึกษาไว้ด้วย สามารถเปรียบเทียบกับค่าที่ได้จากวิธีการที่เสนอได้

กรณีตัวอย่างปัญหาที่นำมาใช้ในการทดลองมีจำนวนทั้งหมด 15 ปัญหา ซึ่ง 12 ปัญหาแรกเป็นปัญหขนาดเล็ก โดยแบ่งเป็นปัญหาที่มีสถานีที่จะนำมาเปิดได้จำนวน 16, 25 และ 50 แห่งและมีจำนวนลูกค้า 50 คน ซึ่งปัญหาเหล่านี้แบ่งออกเป็นชุด โดยชื่อปัญหาขึ้นต้นด้วย cap และตามด้วยตัวเลข ดังนี้ ชุดที่ 1 ประกอบด้วย cap71, cap72, cap73 และ cap74 ชุดที่ 2 ประกอบด้วย cap101, cap102, cap103 และ cap104 ต่อมาชุดที่ 3 ประกอบด้วย cap131, cap132, cap133 และ cap134 ตามจำนวนของสถานีที่สามารถเปิดได้และอีก 3 กรณีตัวอย่างปัญหาที่มีขนาดใหญ่กว่ามีจำนวนสถานี 100 แห่งและจำนวนลูกค้า 1,000 คน ชื่อปัญหาที่ถูกเรียกว่า capa, capb และ capc

ตารางที่ 2 กรณีตัวอย่างและค่าที่กำหนด

ชื่อของปัญหา	จำนวนสถานีที่เปิดได้	จำนวนลูกค้า
cap71, cap72, cap73 และ cap74	16	50
cap101, cap102, cap103 และ cap104	25	50
cap131, cap132, cap133 และ cap134	50	50
capa, capb และ capc	100	1000

¹ <http://people.brunel.ac.uk/~mastijb/jeb/orlib/uncapinfo.html>

2. การกำหนดค่าของปัจจัยในการทดสอบ

กำหนดพารามิเตอร์ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนำมาจากงานวิจัย (Julstrom, 2008) ซึ่ง m คือ จำนวนสถานที่ที่สามารถเปิดได้ ดังนี้

1. จำนวนประชากรเท่ากับ $2m$
2. จำนวนรุ่น เท่ากับ $10m$
3. อัตราการผ่าเหล่า (Mutation Rate) เท่ากับ 0.3
4. อัตราการไขว้เปลี่ยน (Crossover Rate) เท่ากับ 0.7
5. มีการเก็บประชากรที่ดีที่สุดในแต่ละรุ่นจำนวนร้อยละ 10 ไปเป็นประชากรในรุ่นถัดไป

สำหรับการทดสอบการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับแต่ละกรณีตัวอย่างปัญหาจะมีการทำซ้ำ 30 ครั้ง เนื่องจากในกระบวนการทำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมีการสุ่ม เพราะฉะนั้นในการทำงานแต่ละครั้งอาจได้ค่าของคำตอบไม่เท่ากัน ดังนั้นจึงต้องมีการเพิ่มความมั่นใจของการหาคำตอบโดยการทำซ้ำ

ตารางที่ 3 ขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรมทั้ง 6 แบบในการทดลอง

วิธีการ	การคัดเลือก	การไขว้เปลี่ยน
GA1	การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต	การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว
GA2	การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต	การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป
GA3	การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต	การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปเชิงครึ่ง
GA4	การคัดเลือกแบบการแข่งขัน	การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว
GA5	การคัดเลือกแบบการแข่งขัน	การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป
GA6	การคัดเลือกแบบการแข่งขัน	การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปเชิงครึ่ง

3. ผลการทดลองขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรมทั้ง 6 แบบ

จากตารางที่ 3 พบว่าจำนวนคำตอบที่ถูกต้องสูงสุดในพบในแต่ละวิธี GA1, GA2, GA3, GA4, GA5 และ GA6 มีค่าเป็น 1, 2, 8, 2, 6 และ 0 หากคำตอบที่พบมีจำนวนเท่ากันมากกว่า 1 วิธีจะนับให้ทุกวิธี ซึ่งพบว่าวิธีการ GA3 เป็นวิธีการที่ดีที่สุด รองมาเป็น GA5 อย่างไรก็ตามพบว่าในปัญหาเล็ก เช่น cap71, cap72, cap73 และ cap74 ทั้งสองวิธีก็ไม่ได้เจอคำตอบในทุกครั้งที่แก้ปัญหา ดังนั้นการเพิ่มประสิทธิภาพของการแก้ปัญหาด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอาจจะไม่พอ การค้นหาเฉพาะที่เป็นอีกเทคนิคหนึ่งที่ใช้ในการแก้ปัญหาร่วมกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ตารางที่ 3 ผลการทดลองเปรียบเทียบขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรมทั้ง 6 แบบ

ปัญหา	จำนวนคำตอบที่ถูกต้อง						รวม
	GA1	GA2	GA3	GA4	GA5	GA6	
cap71	25	23	25	24	25	23	145
cap72	11	16	17	14	14	14	86
cap73	20	21	25	16	27	13	122
cap74	26	27	24	26	25	22	150
cap101	12	13	15	11	15	4	70
cap102	15	15	16	16	17	12	91
cap103	6	10	18	13	16	2	65
cap104	25	28	26	27	27	23	156
cap131	16	16	16	12	17	6	83
cap132	27	25	28	26	29	11	146
cap133	15	10	19	3	9	3	59
cap134	27	27	28	28	27	22	159
capa	24	26	29	27	26	12	144
capb	8	9	13	12	10	1	53
capc	3	3	1	5	3	0	15

หมายเหตุ: ปัญหา capb และ capc ค่าต่างจากผลเฉลยเป็นค่าเท่ากับ 0.001

4. การทดลองขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรมและการค้นหาเฉพาะที่

ในการทดลองนี้ การค้นหาเฉพาะที่จะช่วยเพิ่มประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ซึ่งประชากรเริ่มต้นจะถูกสร้างโดยวิธีการค้นหาเฉพาะที่ ประชากรตัวแรกจะเปิดสถานีแรก จากนั้น หาค่าความเหมาะสม จากนั้นจะลองเปิดสถานีถัดไป ถ้าสถานีใหม่เปิดแล้วค่าความเหมาะสมดีขึ้นก็จะเปิด แต่ถ้าไม่ดีขึ้นก็ไม่เปิด จำซ้ำจนกระทั่งครบทุกสถานี สำหรับประชากรตัวที่ 2 สถานีแรกที่เปิดจะเปลี่ยนเป็นสถานีที่ 2 ไปจนครบทุกสถานี จะได้ประชากร m ตัวแสดงเป็นลำดับการทำงานดังนี้

1. ให้ $i = 1$
2. ประชากรตัวที่ i เปิดสถานี i ให้เซตของการเปิดสถานีเป็น $S = \{i\}$
3. วัดค่าความเหมาะสม โดย F คือค่าความเหมาะสมของเซต S
4. ให้ $j = 1$
5. ถ้า $i \neq j$ ให้ $S_j = S \cup \{j\}$

6. ถ้า $F_j < F$ ให้ $S = S_j$ และ $F = F_j$

7. ให้ $j = j + 1$

8. ถ้า $j \leq m$ ให้ไปทำข้อที่ 5

9. ให้ $i = i + 1$

10. ถ้า $i \leq m$ ให้ไปทำข้อที่ 2

สำหรับประชากรเริ่มต้นอีก m ตัวนั้น สร้างโดยการเปลี่ยนลำดับการเปิดสถานะ โดยข้อที่ 4 เป็น $j = m$ ข้อที่ 7 เป็น ให้ $j = j - 1$ และ คำสั่งเงื่อนไขในข้อที่ 8 เป็น $j \geq 1$

เพื่อให้การทดลองมีความยุติธรรมในการทดสอบกับส่วนที่ไม่ได้ใช้การค้นหาเฉพาะที่ จะให้จำนวนการวัดค่าความเหมาะสมเท่ากันระหว่างการทดลองนี้จะการทดลองก่อนหน้านี้ การทดลองในหัวข้อที่ 3.2 จำนวนการวัดค่าความเหมาะสมเท่ากับจำนวนประชากรคูณกับจำนวนรุ่น เท่ากับ $(2m) \times (10 m) = 20m^2$ ในการทดลองนี้ใช้จำนวนการวัดค่าความเหมาะสม สำหรับการสร้างประชากรเริ่มต้นไปเท่ากับ $2m^2$ ครั้ง จะเหลือจำนวนการวัดค่าความเหมาะสมในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเท่ากับ $18m^2$ ดังนั้น เนื่องจากจำนวนประชากรเท่ากับ $2m$ จำนวนรุ่นจะเหลือเท่ากับ $9m$ เท่านั้น เพื่อให้ได้จำนวนการวัดค่าความเหมาะสมที่เท่ากัน

สำหรับวิธีแก้ปัญหาโดยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการค้นหาเฉพาะที่ก็จะใช้วิธีการทั้ง 6 แบบจากการทดลองที่ผ่านมา GA1, GA2, GA3, GA4, GA5 และ GA6 โดยเพิ่มการค้นหาเฉพาะที่ซึ่งให้เป็น GA1LS, GA2LS, GA3LS, GA4LS, GA5LS และ GA6LS ที่สอดคล้องกันตามลำดับ

5. ผลการทดลองขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรมและการค้นหาเฉพาะที่

จากตารางที่ 4 เมื่อพิจารณาช่องรวมจำนวนครั้งที่คำตอบตรงกับผลเฉลยพบว่า ปัญหา cap71, cap72 และ cap73 สามารถพบคำตอบที่เท่ากับผลเฉลยทุกครั้ง กล่าวโดยรวมได้ว่า ในการทดลองที่ใช้การค้นหาเฉพาะที่ร่วมด้วยนั้นพบคำตอบที่ตรงกับผลเฉลยมากกว่าการทดลองที่ 1 ที่ไม่ใช้การค้นหาเฉพาะที่ แต่พบว่ามี 4 ปัญหาคือ cap102, cap131, cap133 และ capc ที่การค้นหาเฉพาะที่ไม่ได้ทำให้การทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมีประสิทธิภาพสูงขึ้น โดยเฉพาะในกรณีปัญหา capc นั้นทั้ง 6 วิธีการไม่สามารถพบคำตอบเลย หากพิจารณาจำนวนคำตอบที่พบว่าเท่ากับผลเฉลยเมื่อมีการใช้การค้นหาเฉพาะที่แล้วจะได้ผลรวมทั้งหมด 1755 ครั้งมากกว่าการที่ไม่ใช้การค้นหาเฉพาะที่ซึ่งเท่ากับ 1544 ครั้ง เมื่อวิเคราะห์วิธีการที่มีการพบคำตอบที่เท่ากับผลเฉลยที่มีจำนวนมากที่สุดในแต่ละปัญหา พบว่าวิธี GA1LS และ GA2LS มีการทำงานที่ดีขึ้นมากเมื่อเทียบกับ GA1 และ GA2 จึงอาจกล่าวได้ว่าการค้นหาเฉพาะที่สามารถเพิ่มประสิทธิภาพการแก้ปัญหา

ตารางที่ 4 ผลการทดลองเปรียบเทียบขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรมและการค้นหาเฉพาะที่ทั้ง 6 แบบ

ปัญหา	จำนวนคำตอบที่ถูกต้อง						รวม
	GA1LS	GA2LS	GA3LS	GA4LS	GA5LS	GA6LS	
cap71	30	30	30	30	30	30	180
cap72	30	30	30	30	30	30	180
cap73	30	30	30	30	30	30	180
cap74	27	29	30	29	30	25	170
cap101	13	18	15	14	13	1	74
cap102	9	17	18	8	16	15	83
cap103	14	14	12	14	11	0	65
cap104	30	30	30	30	30	28	178
cap131	8	15	15	8	15	6	67
cap132	30	30	27	28	29	14	158
cap133	7	3	6	7	5	1	29
cap134	30	30	28	30	29	20	167
capa	25	30	30	28	30	10	153
capb	19	13	13	10	12	4	71
capc	0	0	0	0	0	0	0

สรุปผล

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้สายปัดได้ถูกนำเสนอและทดสอบ โดยการทดสอบได้ใช้กรณีตัวอย่างของปัญหาในงานวิจัยที่ถูกเสนอในงานวิจัยอื่น ซึ่งสามารถเข้าถึงได้ทางออนไลน์และมีผลเฉลยให้เปรียบเทียบ ซึ่งการทดลองเปรียบเทียบได้แสดงให้เห็นว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถหาคำตอบของปัญหาการหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานีให้บริการแบบไม่มีความจุได้ อย่างไรก็ตามจำเป็นต้องเลือกวิธีการคัดเลือก การไขว้เปลี่ยนอย่างเหมาะสม เพราะวิธีการเหล่านี้แต่ละแบบให้ผลลัพธ์ที่แตกต่างกัน หากต้องการเพิ่มประสิทธิภาพของการหาคำตอบก็จะใช้วิธีการหาประชากรเริ่มต้น โดยวิธีการค้นหาเฉพาะที่ แล้วนำประชากรเริ่มต้นไปใช้ในกระบวนการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ซึ่งทำให้ได้ผลลัพธ์ที่ดีขึ้น ผู้วิจัยหวังว่าแนวคิดในเสนอไปในงานวิจัยนี้สามารถนำไปแก้ปัญหาที่มีลักษณะคล้ายกับปัญหาการหาตำแหน่งที่ตั้งของสถานีให้บริการแบบไม่มีความจุได้อย่างมีประสิทธิภาพ

References

- Ankrah R., Regnier-Coudert O., McCall J., Conway A. and Hardwick A., (2018). Performance Analysis of GA and PBIL Variants for Real-World Location-Allocation Problems, 2018 IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC), Rio de Janeiro, pp. 1-8.
- Beasley, J.E. (1993). Obtaining test problems via Internet. *European Journal of Operational Research* 65 pp. 383–399.
- Beasley, J.E. (1996). Langrangean heuristics for location problems. *Journal of Global Optimization* 8 (1996) pp. 429–433.
- Bunnag, P. & Praditwong, K.(2017) “kānchai mot pradit nai kān wat phāp læ kānchai patchai khwām chat rūām nai kānpramoēn khwām ngām khōng phāp” [Using Artificial Ant to Generate Images and Global Contrast Factor to Evaluate the Aesthetic of the Images]. *Veridian E-Journal Science and Technology Silpakorn University* 4, 6 (November – December): 137-149.
- Daskin, Mark E., (2013). *Network and Discrete Location*, Second Edition, New Jersey: John Wiley & Sons.
- Edition, Berlin Heidelberg: Springer.
- Eiben, Agoston E., and Smith, J.E., (2015). *Introduction to Evolutionary Computing*, Second Edition, Berlin Heidelberg: Springer.
- Eshelman, Larry J. (1991). The CHC Adaptive Search Algorithm: How to Have Safe Search When Engaging in Nontraditional Genetic Recombination, *Foundations of Genetic Algorithms* edited by Gregory J.E. Rawlins, pp. 265-283.
- Goldberg, David E. (1989). *Genetic Algorithm in Search Optimization and Machine Learning*, New York, Addison Wesley.
- Goldberg, David E., and Deb, K., (1991). A Comparative Analysis of Selection Scheme used in Genetic Algorithms, *Foundations of Genetic Algorithms* edited by Gregory J.E. Rawlins, pp. 69-93.
- Holland, John H. (1975). *Adaptation in Natural and Artificial Systems*, University of Michigan Press, Ann Arbor (Second edition: MIT Press, 1992).
- Julstrom, B. A. (2008). A Permutation Coding with Heuristics for the Uncapacitated Facility Location Problem in *Recent Advances in Evolutionary Computation for Combinatorial Optimization* edited by C. Cotta and J. van Hemert, pp. 295-307.
- Krarup, J., and Pruzan, P.M (1983). The simple plant location problem: Survey and synthesis. *European Journal of Operational Research* 12, pp. 36–57.

- Kratika J., (1999). Improvement of Simple Genetic Algorithm for Solving the Uncapacitated Warehouse Location Problem, *Advances in Soft Computing* edited by R. Roy, T. Furuhashi and P.K. Chawdhry, Springer, pp. 390-402.
- Praditwong, K., & Talethong, T.(2016). “khantōñ withī choēng phanthukam læ kāñ khon chapho, thī samrap kāñ kǎē panhā kāñ bančhu phalittaphan nai sām miti” [Genetic Algorithms with Local Search to Solve Three Dimensional Bin Packing]. *Veridian E-Journal Science and Technology Silpakorn University* 3, 6 (November – December) : 43-56.
- Russell, S., and Norvig, P. (2010) *Artificial Intelligence*, Third Edition, New Jersey: Pearson Education.
- Syswerda, G. (1989). Uniform Crossover in Genetic Algorithms, *Proceedings of 3rd International Conference on Genetic Algorithms* edited by J.D. Schaffer, pp. 2-9.