

**การจัดวางผังเครื่องจักรแบบหลายแถวอย่างเหมาะสม
โดยวิธีการผสมผสานด้วยการจำลองสถานการณ์ และวิธีประมาณการ
โดยการสุ่มหาคำตอบ
The Multiple-rows Machine Layout Optimization
Combining Simulation and Heuristic Search Method Approach**

นราธิป แสงชัย¹ และ จีรศักดิ์ ชัยสุวรรณ²

บทคัดย่อ

งานวิจัยครั้งนี้เป็นการออกแบบและพัฒนาโปรแกรมสำหรับการแก้ปัญหการจัดวางผังเครื่องจักรแบบหลายแถว โดยใช้วิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm: GA) ร่วมกับการใช้การจำลองสถานการณ์ (Simulation) เพื่อให้ผลคำตอบของการจัดวางผังเครื่องจักรสามารถตอบสนองสมการเป้าหมายหลายด้านได้ (Multi-objective functions) ซึ่งประกอบด้วย ค่าใช้จ่ายในการขนส่งระหว่างเครื่องจักรต่ำ สัดส่วนการทำงานของเครื่องจักร (Utilization Of Machine) ระยะเวลาเฉลี่ยของชิ้นงานในระบบ (Mean Flow Time) เวลาการรอคอยที่เกิดขึ้นในระบบ (Waiting time) จำนวนชิ้นงานที่ผลิตได้ และงานที่กำลังทำอยู่ในระบบ (Work In Process) ผลการวิจัยแสดงให้เห็นว่าการประยุกต์หลักการวิธีเชิงพันธุกรรม และการใช้การจำลองสถานการณ์ สามารถช่วยในการจัดผังโรงงานให้ตอบสนองสมการเป้าหมายหลายด้านได้อย่างมีประสิทธิภาพ

คำสำคัญ : ปัญหาการจัดวางผังเครื่องจักรแบบหลายแถว, วิธีเชิงพันธุกรรม ,การจำลองสถานการณ์

Abstract

The objective of this paper is to design and develop a computer program for solving the problem of the multiple-rows machine layout optimization by integrated simulation method and genetic Algorithm method. The aim of this approach is to obtain the better solution that shows the multiple-rows machine layout. The solution consists lower cost of transportation, proportion of machine utilization, mean flow time of product, work in process and maximum number of product. The results show that the combining of simulation method and heuristic search method can improve the model to meet the objective functions effectively.

Keywords : Multiple-rows Machine Layout Problem, Genetic Algorithm, Simulation

¹ อาจารย์ ,ภาควิชาเทคโนโลยีวิศวกรรมเครื่องกล , วิทยาลัยเทคโนโลยีอุตสาหกรรม , สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ

² เจ้าหน้าที่ ,ภาควิชาเทคโนโลยีขนถ่ายวัสดุ, คณะวิศวกรรมศาสตร์ ,สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ

1. บทนำ

ปัญหาที่สำคัญของกระบวนการผลิตประการหนึ่งก็คือการออกแบบและจัดวางเครื่องจักรให้มีความเหมาะสมเพื่อให้สามารถตอบสนองกับผลิตภัณฑ์ที่มีความหลากหลาย และมีการเปลี่ยนแปลงตามความต้องการของผู้บริโภคตลอดเวลา โดยส่วนใหญ่ในการจัดวางผังของเครื่องจักรมักพิจารณาจากปัจจัยตัวใดตัวหนึ่งเท่านั้น เช่น ต้องการให้เกิดค่าใช้จ่ายในการขนย้ายต่ำสุด เป็นต้น ซึ่งในความเป็นจริงอาจต้องการเป้าหมายอีกหลายด้านที่ต้องการ แต่ไม่สามารถประเมินค่าออกมาได้ในรูปของสมการทางคณิตศาสตร์ ทำให้รูปแบบในการจัดวางที่ได้อาจยังไม่ตอบสนองความต้องการของผู้ออกแบบได้อย่างแท้จริง ดังนั้นการจำลองสถานการณ์ (Simulation) จึงเข้ามาทดแทนในการประเมินสมการเป้าหมายในรูปสมการทางคณิตศาสตร์ งานวิจัยของ Azadivar, F. และ Wang, J. [1] ได้ประยุกต์การใช้วิธีการเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm: GA) ร่วมกับการเทคนิคการจำลองสถานการณ์ เพื่อออกแบบในการจัดวางผังโรงงานให้มีความเหมาะสม โดยต้องการให้ได้ค่าเฉลี่ยของเวลาในการทำงาน (Mean Flow Time) ต่ำสุด H. T. Phong และคณะ [7] ได้ทำการประยุกต์ GA ร่วมกับการเทคนิคการจำลองสถานการณ์ โดยมีสมการเป้าหมายหลายสมการ (Multi-objective) ซึ่งประกอบด้วย การลดเวลาที่ใช้ในการขนถ่ายในระบบโดยรวม (Total Travel Time) การเพิ่มคะแนนความใกล้ชิดโดยรวม (Total Closeness Rating Score) และการเพิ่มความคล่องตัวของผังโรงงานโดยรวม (Total Layout Flexibility) แต่ไม่ได้ทำการทดสอบทางสถิติว่าคำตอบที่ดีขึ้นนั้นแตกต่างจากคำตอบที่ดีในรอบก่อนหน้าหรือไม่ ดังนั้นสำหรับงานวิจัยในครั้งนี้จะอาศัยวิธีการ GA ร่วมกับการจำลองสถานการณ์ ในการแก้ปัญหาจัดวางผังเครื่องจักรแบบหลายแถว (Multiple-rows Machine Layout)

โดยประยุกต์การทดสอบทางสถิติเพื่อตรวจว่าคำตอบที่ดีขึ้นในแต่ละรอบการคำนวณนั้นมีนัยสำคัญหรือไม่ ซึ่งประกอบด้วยสมการเป้าหมายหลายด้านประกอบด้วย ค่าใช้จ่ายในการขนส่งของการจัดวางผังเครื่องจักร การใช้ประโยชน์ของเครื่องจักร (Utilization of Machine) เวลาเฉลี่ยของไหลของวัสดุ (Mean flow time) เวลารอคอยในระบบ (Waiting time) จำนวนชิ้นงานที่สามารถผลิตได้ และเวลาของการทำงานในระบบ (Work in Process: WIP) ทำให้ผังการจัดวางเครื่องจักรที่ได้ตรงกับความต้องการของผู้ใช้มากยิ่งขึ้น

2. ทฤษฎี และหลักการ

2.1 การจัดวางผังเครื่องจักร (Machine Layout Design)

การจัดวางผังเครื่องจักรเป็นการจัดวางตำแหน่งเครื่องจักรภายในพื้นที่ทำงาน โดยส่วนใหญ่ปัญหาการวางผังเครื่องจักรนั้นมีวัตถุประสงค์ต้องการให้เกิดค่าใช้จ่ายในการเคลื่อนย้ายต่ำสุด โดยอาศัยสมการทางคณิตศาสตร์ช่วยในการแก้ปัญหา ซึ่งสามารถแสดงสมการได้ดังต่อไปนี้

$$\text{Min}Z = \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n C_{ij} \cdot f_{ij} \cdot |X_i - X_j| + |Y_i - Y_j| \quad (1)$$

เงื่อนไข

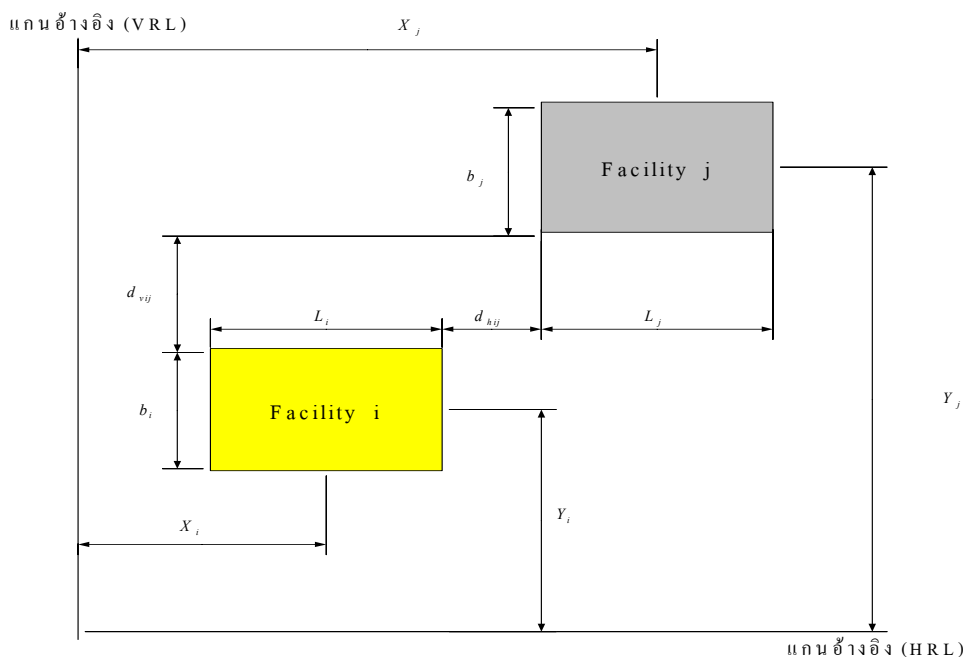
$$|X_i - X_j| + M \cdot Z_{ij} \geq \frac{1}{2}(L_i + L_j) + d_{hij} \quad \forall i = 1, 2, \dots, n-1$$

$$j = i + 1, \dots, n \quad (2)$$

$$|Y_i - Y_j| + M \cdot (1 - Z_{ij}) \geq \frac{1}{2}(b_i + b_j) + d_{vij} \quad \forall i = 1, 2, \dots, n-1$$

$$j = i + 1, \dots, n \quad (3)$$

$$X_i, Y_i \geq 0 \text{ และ } Z_{ij} = \{0, 1\} \quad (4)$$



รูปที่ 1 แสดงค่าตัวแปรที่อ้างอิงในการจัดวางเครื่องจักรแบบหลายแถว

กำหนดให้

n คือ จำนวนของเครื่องจักร

C_{ij} คือ ค่าใช้จ่ายในการเดินจากเครื่องจักรที่ i ถึง j

f_{ij} คือ ความถี่การเดินจากเครื่องจักรที่ i ถึง j

X_{ij} คือ ระยะทางระหว่างจุดกึ่งกลางของเครื่องจักรที่ i ถึงจุดอ้างอิง (VRL)

L_i คือ ความยาวของเครื่องจักรที่ i

d_{ij} คือ ช่องว่างที่น้อยที่สุดระหว่างเครื่องจักรที่ i ถึง j

b_i คือ ความกว้างของเครื่องจักรที่ i

d_{hij} คือ ระยะห่างระหว่างเครื่องจักรที่ i ถึง j ในแกน X

d_{vij} คือ ระยะห่างระหว่างเครื่องจักรที่ i ถึง j ในแกน Y

X_i คือ ระยะทางจากแกนอ้างอิง Y (VRL) ไปถึงจุดศูนย์กลางของเครื่องจักรที่ i

Y_i คือ ระยะทางจากแกนอ้างอิง X (HRL) ไปถึงจุดศูนย์กลางของเครื่องจักรที่ i

HRL คือ ความยาวจริงของโรงงานของแกน X

VRL คือ ความยาวจริงของโรงงานของแกน Y

M คือ ค่าคงที่โดยกำหนดให้มีค่ามากมาย (1,000,000)

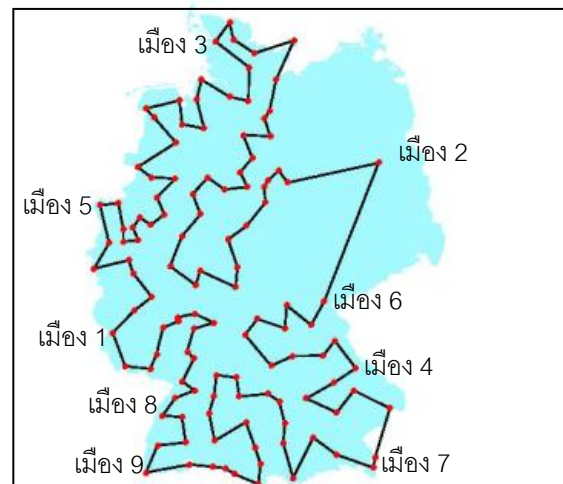
Z_{ij} คือ ค่าตัวแปรตัดสินใจที่มีค่า 0 หรือ 1

เนื่องจากข้อจำกัดที่สำคัญประการหนึ่งในการใช้รูปแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ (Mathematical Model) ในการแก้ปัญหาการวางเครื่องจักรแบบหลายแถว คือต้องใช้เวลาและหน่วยความจำในการคำนวณสูงในการหาผลลัพธ์ที่เหมาะสมที่สุดได้ (Optimal solution) ในกรณีที่จำนวนเครื่องจักรเกินกว่า 15 เครื่องในการแก้ปัญหา [2] ดังนั้นวิธีการเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm: GA) จึงได้ถูกพัฒนาขึ้นดังสามารถแสดงรายละเอียดการประยุกต์วิธีการเชิงพันธุกรรมในหัวข้อต่อไป

2.2 วิธีการเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm)

วิธีการเชิงพันธุกรรม (GA) เป็นวิธีการประมาณค้นหาคำตอบ (Search Heuristic) วิธีหนึ่ง ถูกพัฒนาโดยฮอลแลนด์ ในปี 1975 [5] โดยมีพื้นฐานมาจากกระบวนการคัดเลือกทางพันธุศาสตร์ โดยการคัดเลือกสตริง (String) ที่มีความเหมาะสมจากกลุ่มของสตริงทั้งหมดด้วยการสุ่ม จากนั้นจะนำสตริงเหล่านั้นไปผ่านกระบวนการ GA ทำให้ได้สตริงที่มีความเหมาะสมซึ่งก็คือรูปแบบในการจัดวางของเครื่องจักรที่ดีที่สุดตลอดช่วงเวลาทำการประมวลผล สำหรับขั้นตอนเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย (Simple Genetic Algorithm : SGA) จะมีทั้งหมด 5 ขั้นตอนคือ

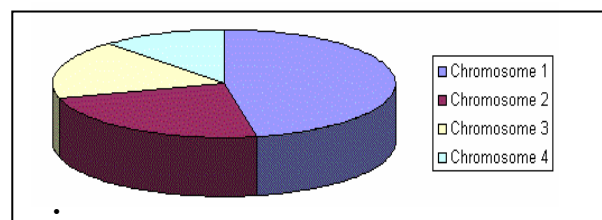
1. การเข้ารหัสโครโมโซม (Chromosome Encoding) เป็นส่วนหนึ่งของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่สำคัญ เพราะก่อนที่จะเข้าสู่กระบวนการต่างๆ ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจำเป็นต้องผ่านการเข้ารหัสโครโมโซมก่อน เพื่อเป็นตัวแปรตัดสินใจของปัญหา (Decision Variables) ดังตัวอย่างการเข้ารหัสโครโมโซมการกำหนดเส้นทางการขนส่งที่ได้ต้นทุนการขนส่งต่ำสุด



รูปที่ 2 แสดงตัวอย่างเข้ารหัสโครโมโซมกำหนดเส้นทางการขนส่งในประเทศเยอรมัน คือ (1 5 3 2 6 4 7 9 8)

2. การหาค่าความแข็งแรง (Fitness Evaluation) ซึ่งจะได้จากการหาค่าผลลัพธ์ต่างๆของสมาชิกแต่ละตัว โดยคำนวณได้จากค่าตัวแปรตัดสินใจผ่านการใช้ฟังก์ชันจุดประสงค์ในการประเมินคุณภาพของคำตอบ

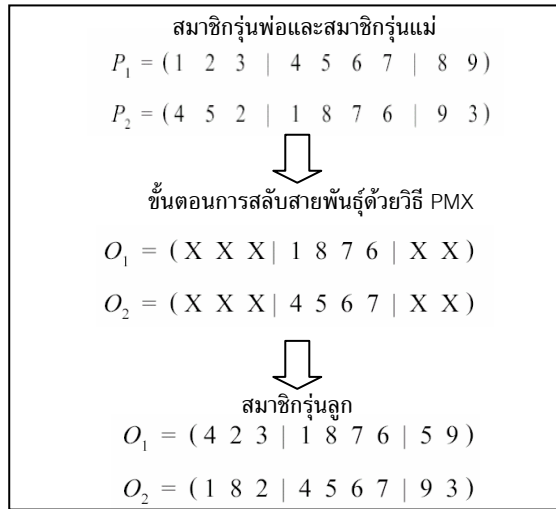
3. การคัดเลือก (Selection) การคัดเลือกนี้จะเป็นการสนับสนุนให้สมาชิกที่มีความเหมาะสมจากรุ่นปัจจุบันถูกส่งไปยังรุ่นถัดไป หลังจากผ่านกระบวนการคัดเลือกแล้วประชากรรุ่นใหม่ที่เกิดขึ้นจะเกิดมาจากสมาชิกที่มีความเหมาะสมจากรุ่นก่อน ซึ่งความเหมาะสมนี้จะมาจากค่าอัตราส่วนความแข็งแรงของแต่ละสมาชิกเมื่อเทียบกับผลรวมของค่าความแข็งแรงของสมาชิกทั้งหมดในรุ่นก่อน ทำให้สมาชิกที่มีค่าความแข็งแรงสูงจะมีสัดส่วนมากขึ้น ซึ่งมีโอกาสถูกพิจารณาให้เข้าสู่รุ่นถัดไปสูงกว่าสมาชิกที่มีค่าความแข็งแรงต่ำ



รูปที่ 3 อัตราส่วนความแข็งแรงของโครโมโซมแต่ละสมาชิกเมื่อเทียบกับผลรวมของค่าความแข็งแรงของสมาชิกทั้งหมดในรุ่น

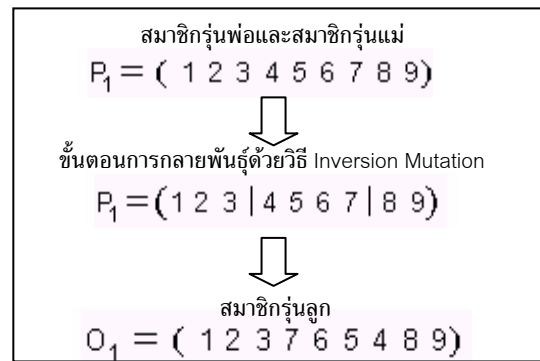
4. การสลับสายพันธุ์ (Crossover) หลังจากผ่านขั้นตอนการคัดเลือกมาแล้วก็จะทำการส่งผ่านสมาชิกของประชากรกลุ่มใหม่มายังตัวดำเนินการอีกตัวหนึ่งซึ่งเรียกว่าการสลับสายพันธุ์ โดยขั้นเริ่มต้นต้องทำการสุ่มเลือกสมาชิกของประชากรที่ผ่านการคัดเลือกมาแล้วครั้งละจำนวน 2 ตัว และกำหนดให้เป็นสมาชิกพ่อแม่ (Parent Individuals) จากนั้นจะทำการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างสมาชิกพ่อแม่กับสมาชิกพ่อแม่ ซึ่งจะทำให้เกิดเป็นสมาชิกลูก (Offspring Individuals) ขึ้นมาใหม่ 2 ตัว โดยทั่วไปแล้วการสลับสายพันธุ์ไม่ควรถูกเกิดขึ้นกับสมาชิกของประชากรทั้งหมด ดังนั้นจึงต้องมีการกำหนดโอกาสในการที่จะสุ่มเลือก

สมาชิกรุ่นพ่อแม่มาทำการสลับสายพันธุ์จะถูกกำหนดโดย โอกาสความน่าจะเป็นในการสลับสายพันธุ์ (Crossover Probability) ซึ่งปกติจะอยู่ในช่วงระหว่าง 0.6 – 0.9



รูปที่ 4 ตัวอย่างในการสลับสายพันธุ์ (Crossover) ของคำตอบ

5. การกลายพันธุ์ (Mutation) เป็นอีกตัวดำเนินการหนึ่งในการสร้างสมาชิกรุ่นลูก ซึ่งจะทำหน้าที่ในการแลกเปลี่ยนยีนภายในสมาชิกแต่ละตัวเท่านั้น โดยปกติแล้วการกลายพันธุ์จะไม่เกิดขึ้นกับสมาชิกทั้งหมด โอกาสที่จะทำการสุ่มเลือกสมาชิกรุ่นพ่อแม่เพื่อนำมาเข้าสู่การกลายพันธุ์จะขึ้นอยู่กับโอกาสความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ (Mutation Probability) ซึ่งจะมีค่าอยู่ในช่วงระหว่าง 0.01 – 0.3



รูปที่ 5 ตัวอย่างในการกลายพันธุ์ (Mutation) ของคำตอบ

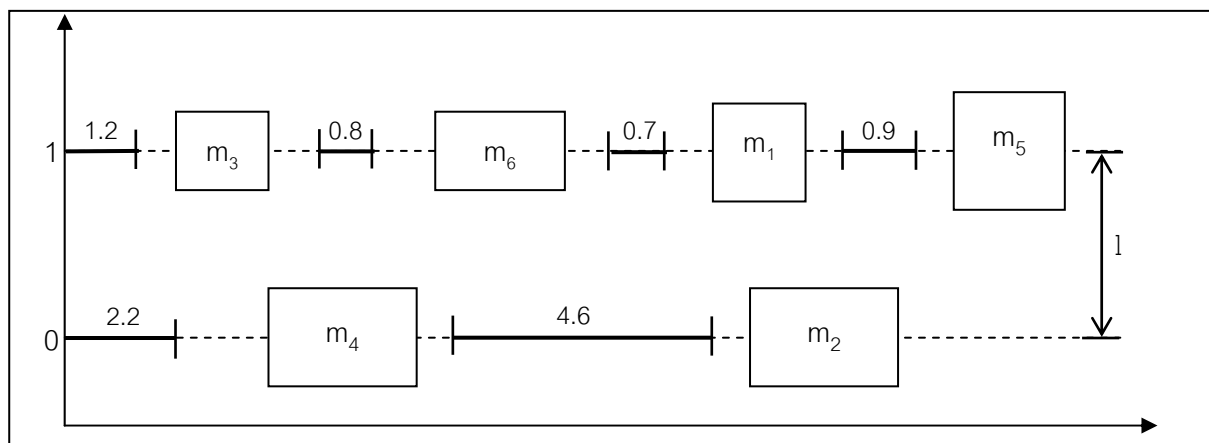
3. การประยุกต์ใช้หลักการจำลองสถานการณ์ร่วมกับวิธีการเชิงพันธุกรรมในการแก้ปัญหการจัดวางเครื่องจักรแบบหลายแถว

3.1 การกำหนดโครโมโซมให้กับปัญหา (Representation)

ถือเป็นจุดเริ่มต้นของกระบวนการ GA ซึ่งมีรายละเอียด 3 ส่วน คือ การกำหนดจำนวนเครื่องจักรในแต่ละแถว (Separator: s) สัญลักษณ์ของเครื่องจักร (Machine Symbol: m) จะใช้แทนการสลับตำแหน่งของเครื่องจักรที่เป็นไปได้ และระยะเพื่อในการจัดวางระหว่างเครื่องจักร (Neat Clearance: Δ) จะเป็นระยะเพื่อเพิ่มเติมจากระยะเพื่อขั้นต่ำของเครื่องจักร (Required Clearance) [4] สามารถกำหนดรูปแบบในการจัดวางโครโมโซมของเครื่องจักรในแต่ละแถวได้ดังนี้

$$\{ \{ s_{i1}, s_{i2}, \dots, s_{ik} \}, \{ m_{i1}, m_{i2}, \dots, m_{in} \}, \{ \Delta_{i1}, \Delta_{i2}, \dots, \Delta_{in} \} \} \quad (5)$$

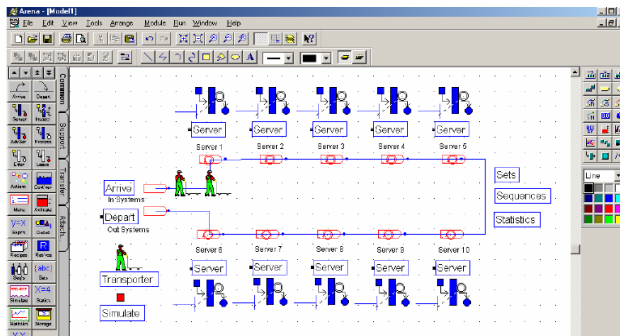
และแสดงตัวอย่างในการจัดวางดังรูปที่ 6



รูปที่ 6 แสดงตัวอย่างในการจัดวางตามโครโมโซมที่กำหนดคือ $[4, \{ 3, 6, 1, 5, 4, 2 \}, \{ 1.2, 0.8, 0.7, 0.9, 2.2, 4.6 \}]$

3.2 การประเมินค่าความแข็งแรง (Fitness Evaluation)

การประเมินค่าความแข็งแรงของโครโมโซมอาศัยหลักการจำลองสถานการณ์ ซึ่งได้นำโปรแกรม Arena ช่วยในการสร้างแบบจำลอง [6] และการจำลองสถานการณ์ เพื่อช่วยในการประเมินค่าผลลัพธ์ต่าง ๆ รายละเอียดการสร้างแบบจำลองแสดงดังรูปที่ 7



รูปที่ 7 แสดงแบบจำลองการจัดวางผังโรงงานโดยโปรแกรม Arena

หลังจากนำค่าผลลัพธ์ต่าง ๆ ของการจัดวางผังเครื่องจักร คำนวณค่าความแข็งแรงของโครโมโซมต่าง ๆ โดยอาศัยสมการดังต่อไปนี้

$$f_k = w_1 \left[\frac{C_{\max} - C_1}{C_{\max} - C_{\min}} \right] + w_2 \left[\frac{P_2 - P_{\min}}{P_{\max} - P_{\min}} \right] + w_3 \left[\frac{F_{\max} - F_3}{F_{\max} - F_{\min}} \right] + w_4 \left[\frac{W_{\max} - W_4}{W_{\max} - W_{\min}} \right] + w_5 \left[\frac{OP_5 - OP_{\min}}{OP_{\max} - OP_{\min}} \right] + w_6 \left[\frac{WIP_{\max} - WIP_6}{WIP_{\max} - WIP_{\min}} \right] \quad (6)$$

โดย

W_i คือ ค่าความสำคัญของสมการเป้าหมายที่ i และผลรวมของทุก

ค่าความสำคัญต้องมีค่าเท่ากับหนึ่ง

C_1 คือ ค่าใช้จ่ายในการขนส่งระหว่างเครื่องจักร

P_1 คือ สัดส่วนการทำงานของเครื่องจักร (Utilization of Machine)

F_3 คือ ระยะเวลาเฉลี่ยของชิ้นงานในระบบ (Mean Flow Time)

W_4 คือ เวลาการรอคอยที่เกิดขึ้นในระบบ (Waiting Time)

OP_5 คือ จำนวนชิ้นงานที่ผลิตได้ (Number of Product)

WIP_6 คือ งานที่กำลังทำอยู่ในระบบ (Work in Process)

ส่วนค่าสูงสุด (Max) และต่ำสุด (Min) ของสมการเป้าหมายต่าง ๆ หมายถึงค่าผลลัพธ์สูงสุด และต่ำสุดที่เป็นไปได้ของแต่ละสมการเป้าหมาย ซึ่งช่วยในการปรับค่าผลลัพธ์ให้มีค่าอยู่ระหว่าง 0 ถึง 1 ดังตัวอย่างเช่นถ้ากำหนด $C_{\max} = 100$ และ $C_{\min} = 20$ เมื่อจำลองสถานการณ์ ได้ผลลัพธ์ $C_1 = 65$ ดังนั้นค่าความแข็งแรงของค่าใช้จ่ายในการขนส่งระหว่างเครื่องจักรเท่ากับ 0.4375

3.3 การปรับมาตราความแข็งแรง และการคัดเลือก (Fitness Scaling and Selection Methods)

เทคนิคการปรับมาตราความแข็งแรง ถูกพัฒนาขึ้นโดย Goldberg [5] เพื่อช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการหาคำตอบก่อนการคัดเลือก ส่วนการคัดเลือกได้อาศัยเทคนิค Stochastic Universal Sampling [2] หลังจากผ่านกระบวนการคัดเลือกแล้วประชากรรุ่นใหม่ที่เกิดขึ้น จะเกิดมาจากสมาชิกที่มีความเหมาะสมจากรุ่นก่อนหน้า โดยจะเป็นการคัดสมาชิกที่มีค่าความแข็งแรงไม่เหมาะสมให้มีจำนวนลดลง และเพิ่มจำนวนสมาชิกที่มีค่าความแข็งแรงเหมาะสมเพิ่มขึ้น ตามจำนวนกลุ่มประชากร (Population Size) ของกลุ่มคำตอบที่สร้างขึ้นไว้ในขั้นตอนของวิธีการเชิงพันธุกรรม

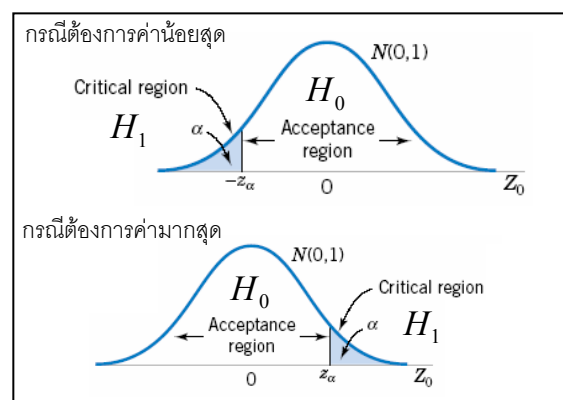
3.4 การทดสอบสมมุติฐาน (Test of Hypothesis)

เนื่องการประเมินค่าความแข็งแรงนั้นกระทำผ่านแบบจำลองทางคอมพิวเตอร์ เพื่อช่วยในจำลองสถานการณ์ของโรงงานที่ได้จัดวางผังเครื่องจักรตามคุณสมบัติของโครโมโซมต่าง ๆ ซึ่งเป็นที่รู้กันว่าผลลัพธ์ต่าง ๆ ที่ได้จากการจำลองสถานการณ์นั้นเสมือนการสุ่มเก็บข้อมูล (Sampling) ของผลลัพธ์ ดังนั้นการข้อมูลของผลลัพธ์เพียง 1 ชุดข้อมูลนั้นความน่าเชื่อถือยังไม่เพียงพอในเชิงสถิติ การพิจารณาจำนวนข้อมูล (Sample Size) หรือในทางการจำลองสถานการณ์เรียกว่า การจำลองซ้ำ (Replication) จึงมีความสำคัญ และค่าเฉลี่ยของผลลัพธ์ต่าง ๆ ที่ได้จากการจำลองสถานการณ์ถือว่าเป็นตัวแทนของกลุ่มตัวอย่าง ดังนั้นการเปรียบเทียบผลลัพธ์ของโครโมโซมที่ดีที่สุด รอบการคำนวณปัจจุบันว่าเป็นผลลัพธ์ที่ดีกว่าผลลัพธ์ของโครโมโซมรอบก่อนหน้านั้น จำเป็นต้องใช้การทดสอบสมมุติฐานของค่าเฉลี่ย (Hypothesis Tests on the Mean) เป็นเครื่องคำนวณช่วยในการตัดสินใจแตกต่างของสมการเป้าหมาย ซึ่งต้องมีกรตั้งสมมุติฐานในการทดสอบดังนี้

- การทดสอบสมมุติฐานของค่าเฉลี่ย กรณีสมการเป้าหมายต้องการค่าน้อยสุด (Minimize)

$$\text{สมมุติฐาน } H_0 : \mu = \mu_0$$

$$H_1 : \mu > \mu_0$$



รูปที่ 8 แสดงกราฟการกระจายตัวแบบโค้งปกติ และพื้นที่การยอมรับสมมุติฐานหลัก และสมมุติฐานรอง กรณีต่าง ๆ

- กรณีการทดสอบสมมุติฐานของค่าเฉลี่ย กรณีสมการเป้าหมายต้องการค่ามากที่สุด (Maximize)

$$\begin{aligned} \text{สมมุติฐาน } H_0 : \mu &= \mu_0 \\ H_1 : \mu &< \mu_0 \end{aligned}$$

โดยในการทดสอบสมมุติฐานต้องมีการกำหนดสมมุติฐานหลัก (H_0) และสมมุติฐานรอง (H_1) เพื่อทดสอบทางสถิติภายใต้ความเชื่อมั่น 95% หรือ 99% ($\alpha = 0.05, 0.01$) แต่การทดสอบว่าจะยอมรับสมมุติฐานหลัก หรือสมมุติฐานรอง ต้องมีการคำนวณค่า Z_0 ว่าอยู่ภายใต้พื้นที่ใต้กราฟการกระจายตัวของแบบโค้งปกติช่วงใด ดังรูปที่ 8 ส่วนการคำนวณค่า Z_0 แสดงได้ดังสมการต่อไปนี้

$$Z_0 = \frac{\bar{X} - X_0}{\sigma / \sqrt{n}} \quad (7)$$

โดย

Z_0 คือ ค่าการกระจายตัวของข้อมูลแบบโค้งปกติ

$\bar{X}$ คือ ค่าเฉลี่ยผลลัพธ์จากการจำลองสถานการณ์ที่ต้องการทดสอบสมมุติฐาน

X_0 คือ ค่าเฉลี่ยผลลัพธ์ที่ต้องการเปรียบเทียบความแตกต่าง

σ คือ ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าเฉลี่ยผลลัพธ์จากการจำลองสถานการณ์

n คือ จำนวนการจำลองซ้ำ (Replication)

ถ้าในการทดสอบสมมุติฐานพบว่า $Z_0 > Z_\alpha$ หรือ $Z_0 < -Z_\alpha$ (Z_α ได้จากการเปิดตารางการกระจายตัวของแบบโค้งปกติ) ในกรณีสมการเป้าหมายต้องการค่าน้อยสุด และมากที่สุด ตามลำดับ หมายความว่ายอมรับสมมุติฐานหลัก หรือผลลัพธ์ของโครโมโซม ณ รอบการคำนวณปัจจุบันไม่ได้แตกต่างจากผลลัพธ์ที่ดีที่สุดของโครโมโซมรอบก่อนหน้า แต่ถ้าการทดสอบทดสอบสมมุติฐานพบว่า $Z_0 < Z_\alpha$ หรือ $Z_0 > -Z_\alpha$ กรณีสมการเป้าหมายต้องการค่าน้อยสุด และมากที่สุด ตามลำดับ หมายความว่า ยอมรับสมมุติฐานรอง หรือ ผลลัพธ์ของโครโมโซม ณ รอบการคำนวณปัจจุบันดีกว่าจากผลลัพธ์ที่ดีที่สุดของโครโมโซมรอบก่อนหน้า ซึ่งสามารถกำหนดคุณสมบัติของการจัดวางผังเครื่องจักรตามโครโมโซมดังกล่าวในรอบการคำนวณปัจจุบันเป็นคุณสมบัติของการจัดวางผังเครื่องจักรที่ดีที่สุด เพื่อใช้ในการเปรียบเทียบในรอบการคำนวณถัดไป

แต่ในการจำลองสถานการณ์จำเป็นมีการจัดแบ่งจำนวนการจำลองซ้ำ ออกเป็น 2 ช่วง โดยในการจำลองสถานการณ์ขั้นต้นจะกำหนดจำนวนการจำลองซ้ำอยู่ระหว่าง 5 – 10 การจำลองซ้ำ เพื่อต้องการผลลัพธ์ต่าง ๆ จากแบบจำลองในการทดสอบสมมุติฐาน ถ้าผลการทดสอบพบว่ายอมรับสมมุติฐานหลัก ควรต้องมีการจำลองสถานการณ์ซ้ำครั้งที่สอง เพื่อยืนยันความถูกต้อง โดยการเพิ่มจำนวนการจำลองซ้ำรอบสองอยู่ระหว่าง 20 – 30 การจำลองซ้ำ แต่ถ้าผลการทดสอบพบว่ายอมรับสมมุติฐานรองก็ไม่จำเป็นต้องมีการจำลองสถานการณ์ซ้ำครั้งที่สอง

เหตุผลที่ต้องมีการจัดแบ่งจำนวนการจำลองซ้ำออกเป็น 2 ช่วงก็เพื่อช่วยลดเวลาในการจำลองสถานการณ์ลง เนื่องจากไม่จำเป็นต้องจำลองสถานการณ์ด้วยจำนวนการจำลองซ้ำที่สูง ตลอดระยะเวลาการคำนวณ

3.5 การสลับสายพันซ์ (Crossover)

สำหรับการสลับสายพันซ์จำเป็นจะต้องมีการสลับสายพันซ์ ทั้งหมด 3 ส่วน คือ การกำหนดจำนวนเครื่องจักรในแต่ละแถว สลับตำแหน่งของเครื่องจักรในแต่ละแถว และระยะเพื่อในการปรับจัดระหว่างเครื่องจักรสำหรับการสลับสายพันซ์ในแต่ละส่วนของโปรแกรมจะมีวิธีการหาค่า

การหาค่าของจำนวนเครื่องจักรในแต่ละแถว (Separator: S) สำหรับการหาค่าของจำนวนเครื่องจักรใหม่ในแต่ละของโครโมโซมที่ถูกเลือกมาสลับสายพันซ์ ซึ่งจะพิจารณาเฉพาะค่าที่เป็นจำนวนเต็มและสามารถหาได้จากสมการดังต่อไปนี้

$$S_u = \max \{ s^1, s^2 \} \quad (8)$$

$$S_L = \min \{ s^1, s^2 \} \quad (9)$$

โดย

S_u คือ ค่าสูงสุดของจำนวนเครื่องจักรในแต่ละแถวที่ได้มาจาก s^1 และ s^2

S_L คือ ค่าต่ำสุดของจำนวนเครื่องจักรในแต่ละแถวที่ได้มาจาก s^1 และ s^2

s^1 และ s^2 คือ จำนวนเครื่องจักรในของโครโมโซมที่เลือกมาเป็นสมาชิกในพ่อแม่ของการสลับสายพันซ์

ค่าของจำนวนการจัดวางเครื่องจักรใหม่ในแต่ละแถวของโครโมโซมจะเป็นการสุ่มตัวเลขจำนวนเต็มที่มีช่วงระหว่าง S_L ถึง S_u

ส่วนการสลับตำแหน่งของเครื่องจักรในแต่ละแถว (Machine Permutation List) สำหรับการสลับตำแหน่งของเครื่องจักรใหม่ในแต่ละแถวของโครโมโซมที่ถูกเลือกเพื่อทำการสลับสายพันซ์จะใช้ Partial Mapped Crossover (PMX) พัฒนาโดย Goldberg และ Lingle ในปี ค.ศ.1985 [5] ดังตัวอย่างการสลับสายพันซ์ด้วยวิธี PMX ดังรูปที่ 4

การหาระยะเพื่อระหว่างเครื่องจักรใหม่ (New Neat Clearance List) สามารถหาระยะเพื่อใหม่ได้จากวิธีการสลับสายพันซ์ด้วยสมการทางคณิตศาสตร์ (Arithmetical Crossover) สามารถหาได้จากสมการดังต่อไปนี้

$$\{\Delta_1^1, \Delta_2^1, \dots, \Delta_n^1\} \rightarrow \text{ระยะเพื่อในการปรับจัดของโครโมโซมที่ถูกเลือกตัวแรก}$$

$$\{\Delta_1^2, \Delta_2^2, \dots, \Delta_n^2\} \rightarrow \text{ระยะเพื่อในการปรับจัดของโครโมโซมที่ถูกเลือกตัวที่สอง}$$

ซึ่งค่าระยะเพื่อในการปรับจัดใหม่ (New Neat Clearance: Δ_i^1) สามารถหาจากสมการดังต่อไปนี้

$$\Delta_i' = \alpha_1 \Delta_i^1 + \alpha_2 \Delta_i^2 \quad \forall i = 1, 2, \dots, n \quad (10)$$

โดยค่า α_1 และ α_2 กำหนดโดยการสุ่มตามเงื่อนไขดังนี้

$$\alpha_1, \alpha_2 \in \{0,1\} \quad (11)$$

$$\alpha_1 + \alpha_2 = 1 \quad (12)$$

3.6 การกลายพันธุ์ (Mutation)

สำหรับการกลายพันธุ์จะพิจารณาเฉพาะส่วนของระยะเฟื่อระหว่างเครื่องจักรเท่านั้น ซึ่งเป็นการปรับละเอียด (fine-tuning) ของตำแหน่งเครื่องจักร สำหรับวิธีการที่ใช้ในการกลายพันธุ์จะใช้การหาค่าสุ่ม $\pm 3\sigma$ ภายใต้โค้งปกติ (Normal Curve) สามารถหาได้จากสมการดังต่อไปนี้

$$\Delta_i^j = \Delta_i^j \pm 3Z \quad (13)$$

โดย

Δ_i^j คือ ค่าระยะเฟื่อระหว่างเครื่องจักรใหม่หลังจากการกลายพันธุ์ของโครโมโซมที่ถูกเลือกจากค่า Z

Δ_i^j คือ ค่าระยะเฟื่อระหว่างเครื่องจักรเดิม

Z คือ ค่าที่สุ่มได้จากโค้งปกติ มีค่าเป็นไปไประหว่างค่า+1 ถึง -1

กระบวนการทำงานของการประยุกต์หลักการของ GA ร่วมกับ การจำลองสถานการณ์สามารถแสดงผังการทำงานได้ดังรูปที่ 9 ซึ่งสามารถอธิบายรายละเอียดโดยเริ่มต้นด้วยวิธีการสุ่ม เพื่อสร้างประชากรเบื้องต้นเท่ากับจำนวนประชากร (Population Size) หลังจากนั้นทำการประเมินค่าความแข็งแรง (Fitness Evaluation) จากสมการเป้าหมายต่างๆ ด้วยผลลัพธ์จากการจำลองสถานการณ์ แล้วคัดเลือกโครโมโซมที่แข็งแรงที่สุด และต้องแตกต่างทางสถิติจากโครโมโซมที่ดีที่สุดในรอบก่อนหน้า แล้วเข้าสู่ขั้นตอน คัดเลือก (Selection) สมาชิก (String) โดยสมาชิกที่มีค่าความแข็งแรงสูงย่อมมีโอกาสถูกเลือกไปยังรอบต่อไปสูงด้วยเช่นกัน แล้วให้ทำการสลับสายพันธุ์ (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation) แล้วย้อนกลับไปสู่ประเมินค่าความแข็งแรงก็จะครบ 1 รอบ (Generation) จนกระบวนการดังกล่าวจนครบรอบสูงสุด(Max Generation) เมื่อสิ้นสุดกระบวนการค้นหาคำตอบ ให้แสดงผลการจำลองโครโมโซมที่ดีที่สุดในรอบสุดท้าย

4. การทดลอง

4.1 การทดลองระดับพารามิเตอร์ระหว่างโอกาสในการสลับสายพันธุ์ และโอกาสในการกลายพันธุ์

ผู้วิจัยได้พัฒนาวิธีการเชิงพันธุกรรมร่วมกับการจำลองสถานการณ์บนภาษา C# เชื่อมโยงโปรแกรมการจำลองสถานการณ์ Arena 3.0 สำหรับทำการทดลองเพื่อค้นหาค่าพารามิเตอร์ที่ช่วยให้กระบวนการวิเชิง

พันธุกรรมสามารถค้นหาคำตอบได้อย่างมีประสิทธิภาพ ในส่วนของโอกาสในการสลับสายพันธุ์ (Pc) ทดลองค่า Pc = 0.6 0.8 และ 0.9 ส่วนโอกาสในการกลายพันธุ์ (Pm) ทดลองค่า Pm = 0.05 0.2 และ 0.3 ซึ่งช่วงค่าพารามิเตอร์ดังกล่าว Goldberg [5] ได้นำมาช่วงดังกล่าวไว้ และกำหนดจำนวนประชากรในการสร้างคำตอบแต่ละรุ่นเท่ากับ 20 ชุด

การทดลองทั้งหมดเป็นการจัดวางเครื่องจักรจำนวน 10 เครื่อง พื้นที่ในการจัดวางในผังโรงงานกว้าง 100 เมตร และยาว 100 เมตร ค่าใช้จ่ายต่อหนึ่งหน่วยระยะทางทุกเครื่องจักรเท่ากับ 1 บาท / เมตร ส่วนจำนวนรอบในการหาคำตอบ (Generation) เท่ากับ 200 รอบ กำหนดการจำลองสถานการณ์ขั้นต้น 5 การจำลองซ้ำ และการจำลองสถานการณ์ซ้ำรอบสอง 20 การจำลองซ้ำ โดยกำหนดสมการเป้าหมาย 3 สมการ คือ จำนวนสินค้าที่ผลิตได้ ($w_1=0.4$) ระดับงานในกระบวนการผลิต ($w_2=0.2$) และค่าใช้จ่ายในการเคลื่อนที่ ($w_3=0.4$) ส่วนข้อมูลการจัดวางเครื่องจักรสามารถแสดงได้ดังตารางต่อไปนี้

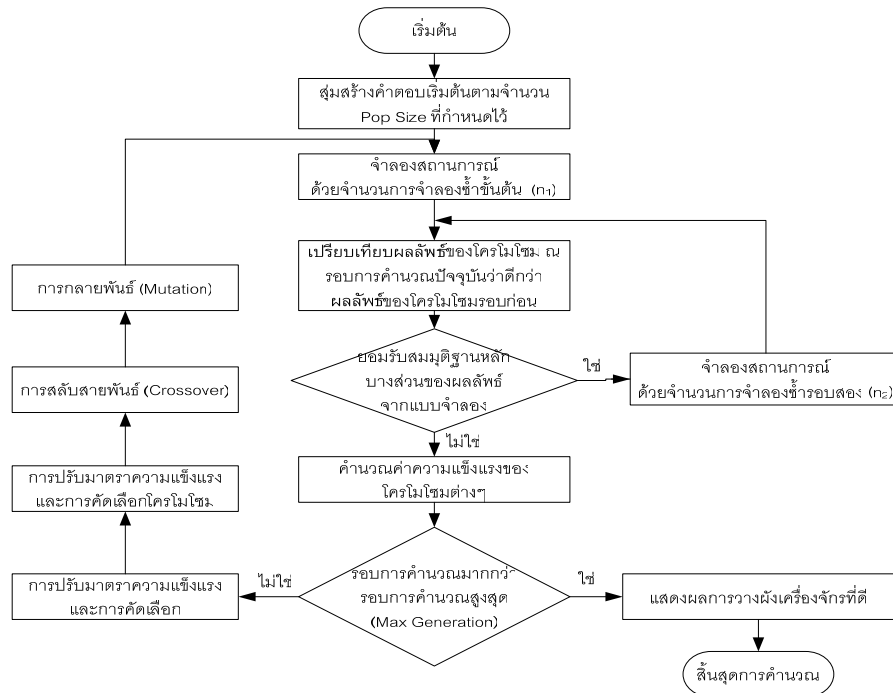
ตารางที่ 1 แสดงระยะเฟื่อในการจัดวางเครื่องจักร (Δ_i^j)

เครื่องจักร	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	-	4	2	5	5	3	4	4	2	3
2	4	-	4	1	1	2	3	3	2	1
3	2	4	-	3	4	5	2	4	1	2
4	5	1	3	-	4	4	3	2	4	1
5	5	1	4	4	-	4	4	3	2	4
6	3	2	5	4	4	-	2	2	3	4
7	4	3	2	3	4	2	-	3	3	4
8	4	3	4	2	3	2	3	-	1	3
9	2	2	1	4	2	3	3	1	-	4
10	3	1	2	1	4	4	4	3	4	-

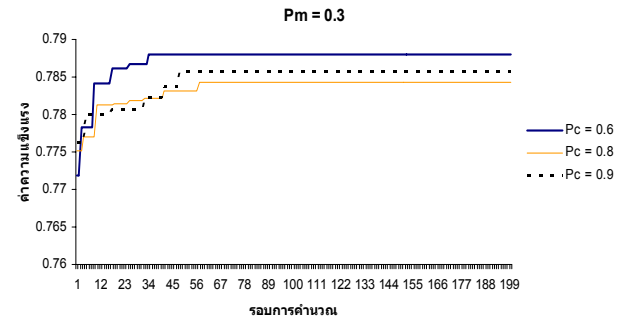
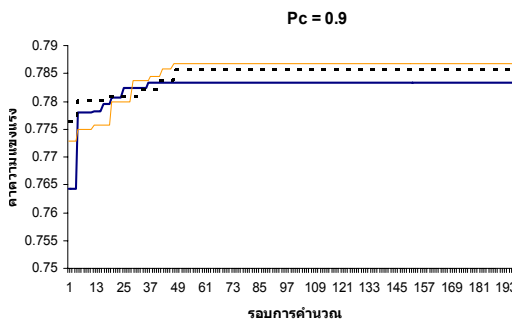
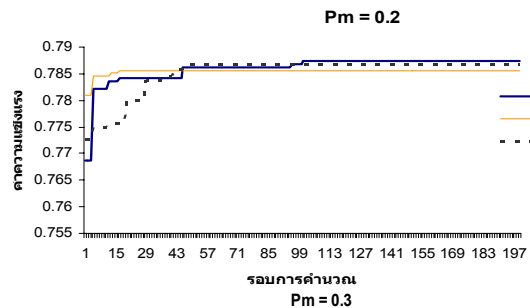
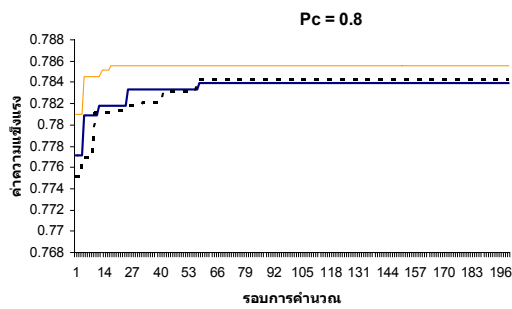
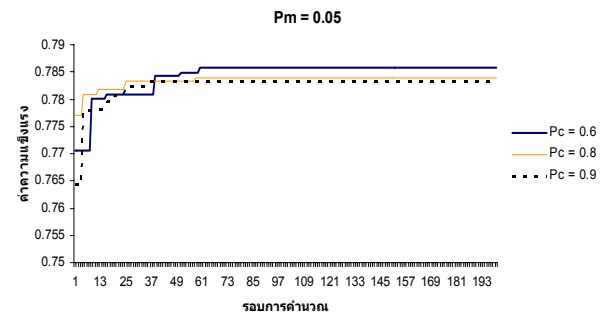
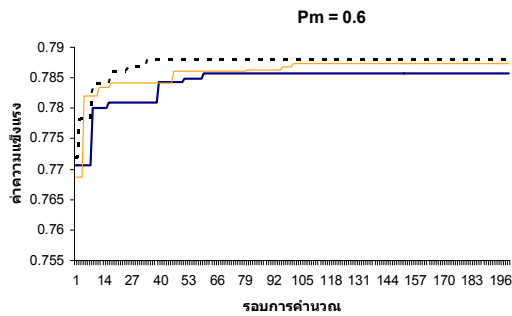
หมายเหตุ: ค่าระยะเฟื่อในการจัดวางระหว่างเครื่องจักรหน่วยเป็นเมตร

ตารางที่ 2 แสดงข้อมูลความกว้าง และความยาวของเครื่องจักร

เครื่องจักร	ความกว้าง (m.)	ความยาว (m.)
1	5	3
2	2	2
3	2.5	2
4	6	3.5
5	3	1.5
6	4	4
7	4	2
8	2	3
9	3	2
10	1	3



รูปที่ 9 แสดงผังการทำงาน (Flow Chart) โดยรวม ของโปรแกรมที่พัฒนาขึ้น



รูปที่ 10 แสดงผลการทดลองเปลี่ยนแปลงค่า Pm

รูปที่ 11 แสดงผลการทดลองเปลี่ยนแปลงค่า Pc

ผลการทดลองค่าพารามิเตอร์ที่มีผลช่วยในการหาคำตอบที่ดีที่สุดอย่างสม่ำเสมอ คือ การสลับสายพันธ ณ ค่าโอกาสในการสลับสายพันธ (Pc) ที่ระดับ 0.6 (หรือทำการการสลับสายพันธเพื่อสร้างกลุ่มประชากรใหม่เป็นจำนวน 60% จากจำนวนกลุ่มประชากรเดิม) โดยจากรูปที่ 11 พบว่าโอกาสในการสลับสายพันธ (Pc) ระดับ 0.6 จะมีค่าความแข็งแรงอยู่ในกลุ่มสูงเสมอ ส่วนการกลายพันธ ณ ระดับโอกาสในการกลายพันธ (Pm) ที่ค่าต่ำ (Pm = 0.05) จะไม่ช่วยในการหาคำตอบที่ดีที่สุดมากนักเมื่อเทียบกับระดับโอกาสค่าสูง เหตุผลเนื่องจากการกลายพันธจะส่งผลต่อการปรับเปลี่ยนหรือลดระยะเฟื่อระหว่างเครื่องจักร ดังนั้นโอกาสในการกลายพันธต่ำ ย่อมปิดโอกาสการสร้างทางเลือกใหม่ของตำแหน่งเครื่องจักรด้วยเช่นกัน

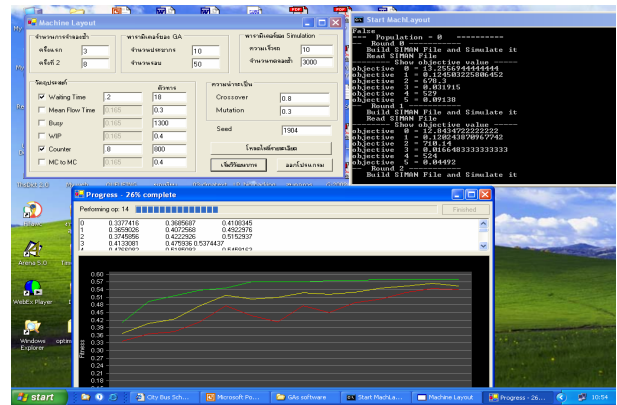
4.2 การเปรียบเทียบผลการจัดวางเครื่องจักร ระหว่างวิธีการเชิงพันธุกรรมปกติ และวิธีการเชิงพันธุกรรมร่วมกับการจำลองสถานการณ์

สำหรับในการการเปรียบเทียบผลการจัดวางเครื่องจักรจะเป็นการยกตัวอย่างการจัดวางผังเครื่องจักรของโรงงานสมมติ โดยจะเป็นการเปรียบเทียบผลการจัดวางเครื่องจักรด้วยวิธีการเชิงพันธุกรรมปกติกับการใช้วิธีการเชิงพันธุกรรมร่วมกับการจำลองสถานการณ์ ซึ่งจะพิจารณาวัตถุประสงค์ ในด้านความสามารถของระบบในการผลิตชิ้นงานสูงสุดของผังการจัดวางเครื่องจักรที่ได้จากวิธีการทั้งสองว่าวิธีการใดสามารถให้ผลของคำตอบที่ดีกว่า ดังข้อมูลเบื้องต้นในการทดลองต่อไปนี้

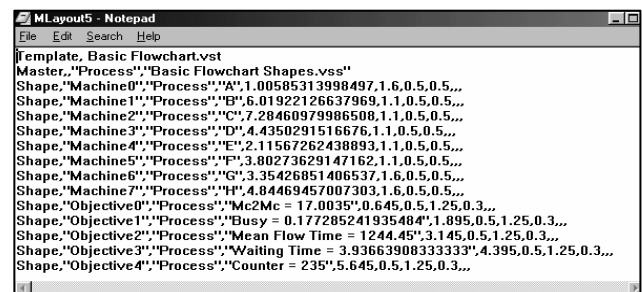
- จำนวนเครื่องจักรที่ใช้ทั้งหมด 8 เครื่อง ขนาด 5 X 5 หน่วย
- ค่าใช้จ่ายที่เกิดขึ้นในการขนย้ายสินค้าในระบบมีค่าเท่ากับ 1 บ. / หน่วยระยะทาง
- จำนวนผลิตภัณฑ์ที่ผลิตมี 3 ชนิด
- กำหนดให้มีรถที่ใช้ในการขนส่งชิ้นงาน 1 คัน มีความเร็วเท่ากับ 10 หน่วย / นาที
- กำหนดค่าความน่าจะเป็นในการเข้าของชิ้นงานที่แต่ละชั้นดังนี้
- ชิ้นงานที่ 1 ความน่าจะเป็นเท่ากับ 0.5, ชิ้นงานที่ 2 ความน่าจะเป็นเท่ากับ 0.3 และชิ้นงานที่ 3 ความน่าจะเป็นเท่ากับ 0.2
- กำหนดรูปแบบในการเข้ามาของชิ้นงานแต่ละชั้นแบบการกระจายตัวแบบ Exponential มีค่าเท่ากับ 3 นาที/ชิ้นงาน

นำข้อมูลในส่วนที่กล่าวมานี้ไปแทนในสมการที่ (1)-(4)โดยใช้โปรแกรม Evolver Palisade ซึ่งเป็นโปรแกรมสำเร็จรูปที่ช่วยในการคำนวณปัญหาต่างๆ โดยวิธีการเชิงพันธุกรรมปกติบนโปรแกรมไมโครซอฟต์ Excel นำค่าระยะห่างระหว่างเครื่องจักรที่ได้จากการจัดวางผังเครื่องจักร แล้วป้อนให้กับแบบจำลองเพื่อทำการจำลองสถานการณ์ เพื่อดูว่าระบบสามารถผลิตชิ้นงานได้สูงสุดกี่ชิ้นภายในเวลา 3,000 นาที โดยทำการทดลองซ้ำทั้งหมด 50 การทดลองซ้ำซึ่งพบว่าปริมาณในการผลิตชิ้นงานที่ได้จากแบบจำลองในกรณีใช้วิธีการเชิงพันธุกรรมอยู่ระหว่าง 148 -153 ชิ้นหรือค่าเฉลี่ยเท่ากับ 150 ชิ้น

ส่วนผลการวิธีการเชิงพันธุกรรมร่วมกับการจำลองสถานการณ์ โดยกำหนดค่าโอกาสในการสลับสายพันธ (Pc) เท่ากับ 0.6, ค่าโอกาสในการกลายพันธ (Pm) เท่ากับ 0.3 ขนาดของกลุ่มประชากร (Population Size) เท่ากับ 20 ชุด เวลาที่ใช้ในการจำลองสถานการณ์เท่ากับ 3,000 นาที และจำนวนรอบในการค้นหาคำตอบเท่ากับ 200 รอบคำนวณ ซึ่งสามารถแสดงข้อมูลของผังเครื่องจักร และรูปในการจัดวางเครื่องจักร ดังรูปที่ 13 และ 14 ตามลำดับ พบว่าผังเครื่องจักรที่จัดวางด้วยวิธีการที่ได้นำเสนอให้ผลของคำตอบที่สนใจคือจำนวนชิ้นงานที่ผลิตได้สูงสุดที่ได้จากการจำลองระบบเท่ากับ 235 ชิ้น ซึ่งมากกว่าวิธีการเชิงพันธุกรรมปกติเท่ากับ 85 ชิ้น หรือเท่ากับ 56.67 %

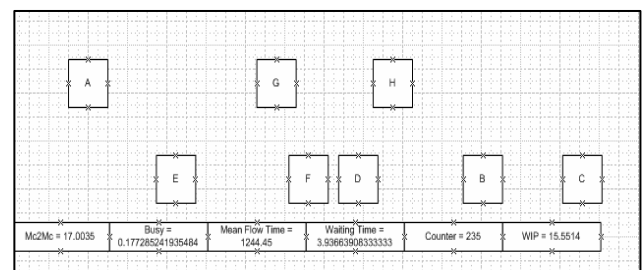


รูปที่ 12 แสดงหน้าจอระหว่างการประมาณผล



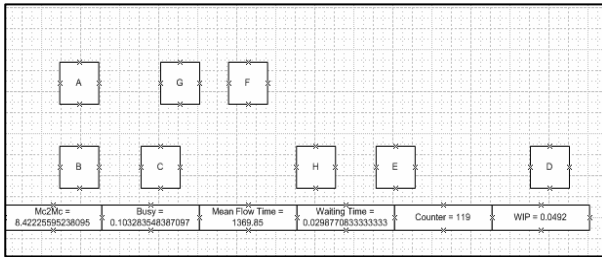
รูปที่ 13 แสดงผลคุณสมบัติต่างๆของผังเครื่องที่เหมาะสมที่ได้จาก

โปรแกรมก่อนเข้าเมนู Import Data ในโปรแกรม Visio



รูปที่ 14 แสดงรูปแบบในการจัดวางผังเครื่องจักรที่ตอบสนอง

วัตถุประสงค์ในด้านการผลิตสูงสุดจากโปรแกรม Visio



รูปที่ 15 แสดงรูปแบบในการจัดวางผังเครื่องจักรที่ตอบสนอง
วัตถุประสงค์ในการผลิตสูงสุด และค่าใช้จ่ายการขนส่งในระบบ

5. สรุปผลงานวิจัย

จากผลการทดลองชี้ให้เห็นว่าการประยุกต์ใช้วิธีการเชิงพันธุกรรมร่วมกับ การจำลองสถานการณ์ ในการหาคำตอบในการจัดวางผังของเครื่องจักรแบบหลายแถวมีประสิทธิภาพของคำตอบดีกว่าวิธีการเชิงพันธุกรรมปกติ เพราะแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ที่ใช้ในการแก้ปัญหาด้วยวิธีการเชิงพันธุกรรมไม่สามารถสร้างแบบจำลองที่ใกล้เคียงความเป็นจริงของผังโรงงานได้ทั้งหมด แต่เวลาที่ใช้ในการค้นหาคำตอบโดยวิธีการเชิงพันธุกรรมร่วมกับการจำลองสถานการณ์ย่อมใช้เวลาในการคำนวณสูงเมื่อเปรียบเทียบกับวิธีการเชิงพันธุกรรมแบบปกติ ถึงแม้ว่าในขั้นตอนการทดสอบสมมุติฐานที่จะต้องมีการแบ่งการทดลองซ้ำออกเป็น 2 ช่วงก็ตาม เนื่องจากว่าในรอบการคำนวณช่วงท้ายผลลัพธ์ต่างๆ จากผังเครื่องจักรมีค่าไม่แตกต่างกันทางสถิติอยู่บางเป้าหมาย ดังนั้นวิธีเชิงพันธุกรรมต้องเสียเวลาในการทดลองซ้ำรอบสองทุกโครโมโซมในกลุ่มประชากร แต่ขั้นตอนการทดสอบทางสถิติก็ถือว่าเป็นส่วนสำคัญในการเพิ่มความน่าเชื่อถือให้กับคำตอบการจัดวางเครื่องจักรตามหลักการเปรียบเทียบความแตกต่างของทางเลือกในการตัดสินใจของการจำลองสถานการณ์

เอกสารอ้างอิง

- [1] Azadivar, F. and Wang, J. "Facility layout optimization using simulation and genetic algorithms." International Journal of Production Research, vol. 38, no. 17 (Nov.), 4369-4383, 2000.
- [2] Baker, J. E. "An Analysis of the Effects of Selection in Genetic Algorithms." Ph.D. Thesis, Computer Science Department, Vanderbilt University, Nashville, TN, 1989.
- [3] Douglas C. Montgomery and George C. Runger Applied Statistics and Probability for Engineers, New York: Third Edition, John Wiley & Sons, Inc., 2002.
- [4] Gen, M. and Cheng, R. "Genetic Algorithms and Engineering Design." John Wiley & Son, Inc., 1996.
- [5] Goldberg, D. E. Genetic algorithms: In search, optimization and machine learning. Reading, MA: Addison-Wesley, 1989.
- [6] Kelton, W. D., Sadowski, R. P. and Sadowski, D. A. Simulation with Arena. New York: McGraw Hill., 1998.
- [7] Phong, H.T. Chung, N.V. and Tabucanon, M.T. "An Optimization Approach Factory Layout. Proceedings of the International Conference on Production Research." Special ICPR 2000. Bangkok. August 2-4., 2000.