

การหาค่าพารามิเตอร์ทางเจเนติกอัลกอริทึมในการจัดตารางสอน สำหรับนักศึกษา คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

พรไพสิน อามีน^{1*} และ วณิดา รัตนมณี²

บทคัดย่อ

การจัดตารางสอนเป็นกระบวนการที่ค่อนข้างยุ่งยาก ซับซ้อน มีข้อมูลและเงื่อนไขที่ต้องพิจารณาเป็นจำนวนมาก ดังนั้นในการจัดตารางสอนแต่ละครั้งต้องใช้เวลาและเกิดความผิดพลาดอยู่เสมอ ในงานวิจัยนี้ได้นำเอาวิธีการของเจเนติกอัลกอริทึมไปใช้ในการพัฒนาโปรแกรมช่วยในการจัดตารางสอนของนักศึกษา คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ มีวัตถุประสงค์เพื่อให้ได้ตารางสอนที่มีความถูกต้อง ขัดแย้งกับเงื่อนไขน้อยที่สุด (Minimize Fitness Value) และลดเวลาที่ใช้การจัดตารางสอน โดยวิธีการทางเจเนติกอัลกอริทึมที่นำมาประยุกต์ใช้มีขั้นตอนเริ่มจากการสร้างคำตอบที่เป็นไปได้ในรูปแบบโครโมโซม ซึ่งพิจารณาจากความสัมพันธ์ของตัวแปรต่างๆ ที่ใช้ในการจัดตารางสอน ได้แก่ กลุ่มผู้เรียน อาจารย์ผู้สอน วิชาเรียน ห้องเรียน ภายใต้เงื่อนไขต่างๆ ในการจัดตารางสอน แล้วประเมินค่าความ

เหมาะสมของโครโมโซม จากนั้นทำการสลับสายพันธุ์ (Crossover) และทำการกลายพันธุ์ (Mutation) จากผลการทดลองสำหรับข้อมูลที่ประกอบด้วยรายวิชา 425 รายวิชา อาจารย์ 152 คน กลุ่มนักศึกษา 83 กลุ่มและห้องเรียน 59 ห้อง มีพารามิเตอร์ที่เหมาะสมเพื่อกำหนดให้เป็นค่าเริ่มต้นของโปรแกรมคือจำนวนคำตอบเบื้องต้นเท่ากับ 2,500 โครโมโซม จำนวนประชากรเท่ากับ 100 โครโมโซมและจำนวนเจนเนอเรชันเท่ากับ 500 เจนเนอเรชัน ค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์เท่ากับ 0.8 ค่าความน่าจะเป็นในการมิวเตชันเท่ากับ 0.3 นอกจากนี้การกำหนดค่าน้ำหนักของเงื่อนไขบังคับและเงื่อนไขเพื่อความสมบูรณ์จะมีผลต่อจำนวนเจนเนอเรชันที่สามารถหาคำตอบที่เป็นไปได้และคำตอบที่ดีที่สุดอีกด้วย

คำสำคัญ: การจัดตารางสอน เจเนติกอัลกอริทึม
ฮิวริสติก

¹ นักศึกษา ภาควิชาวิศวกรรมอุตสาหการ คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

² รองศาสตราจารย์ ภาควิชาวิศวกรรมอุตสาหการ คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

* ผู้นิพนธ์ประสานงาน โทรศัพท์ 08-1608-6776 อีเมล: a.pompailin@gmail.com



Finding Parameter of Genetic Algorithm-based Timetable for Undergraduate Engineering Student, PSU

Pornpailin Ameen^{1*} and Wanida Rattamanee²

Abstract

Timetabling procedures are very complex and difficult because they have a number of data and constraints to be considered and determined. It uses a plenty of time, and always has mistaken at the same time. In this report, genetic algorithms has been selected to create a program which can help to generate a timetable for students in the faculty of Engineering, Prince of Songkla University. The purposes of this program are providing the accurate timetable, having minimize conflicts with the conditions which has minimize fitness value, and reducing the time. The first step of genetic algorithm for timetabling is a creation of timetable chromosome patterns which are produced by considering a relation between related variables used in timetabling such as students, lecturers, subjects and classrooms. These

chromosomes must be not conflict with the hard constraints in timetabling. Then these chromosomes are evaluated by fitness function, crossover and mutation for automatic adjustment to achieve the better timetable for data used in test, there are 425 subjects, 152 lectures, 83 student groups, and 59 classrooms. Moreover, the optimal values of GA parameters were 2,500 initializes, 100 population, 500 generations probability of crossover was 0.8 and probability of mutation was 0.3. In addition, the weight of hard and soft constraints will be has effect of the generation that is going to be feasible timetable and the best timetable.

Keyword: Course Timetabling, Genetic Algorithm, Heuristics

¹ Student, Department of Industrial Engineering, Faculty of Engineering, Prince of Songkla University.

² Associate Professor, Department of Industrial Engineering, Faculty of Engineering, Prince of Songkla University.

* Corresponding Author, Tel. 08-1608-6776, E-mail: a.pornpailin@gmail.com

1. บทนำ

การจัดตารางสอนเป็นปัจจัยที่มีความสำคัญอย่างหนึ่งในการจัดการเรียนการสอนให้สามารถดำเนินไปด้วยความราบรื่น และส่งผลต่อประสิทธิภาพการเรียนของนักศึกษา [1] เป็นกระบวนการนำรายวิชาที่เปิดสอนมากำหนดในตารางเวลาให้มีความสัมพันธ์กับทรัพยากรที่มีอยู่ เช่น อาจารย์ ห้องเรียน อุปกรณ์การเรียนการสอน เป็นต้น [2] ซึ่งเป็นกระบวนการที่มีความยุ่งยาก ซับซ้อน เนื่องจากมีข้อมูลและเงื่อนไขต่างๆ ที่ต้องพิจารณามากมาย ทำให้การจัดตารางสอนในแต่ละภาคการศึกษาต้องใช้เวลามาก แต่การจัดตารางสอนในปัจจุบันยังเป็นการจัดตารางสอนโดยเจ้าหน้าที่เท่านั้น ไม่มีโปรแกรมคอมพิวเตอร์ใดเข้ามาช่วยในการจัดตารางสอน ทำให้ต้องใช้เวลานาน ต่อมาได้นำโปรแกรมคอมพิวเตอร์เข้ามาช่วยในการจัดการฐานข้อมูลของตารางสอน เพื่อลดขั้นตอนในการปฏิบัติงาน แต่ระบบโปรแกรมคอมพิวเตอร์ไม่สามารถช่วยในการปฏิบัติงานได้ทุกขั้นตอน โดยเฉพาะขั้นตอนในการตรวจสอบตารางสอน ดังนั้นตารางสอนที่ได้ยังคงมีข้อผิดพลาดอยู่เช่น

1. มีการซ้ำซ้อนของวัน-เวลาเรียนของนักศึกษาที่ลงทะเบียนตามแผนการศึกษา
2. มีการซ้ำซ้อนของวัน-เวลาสอนของอาจารย์ผู้สอน
3. มีการซ้ำซ้อนของวัน-เวลาในห้องเรียน ข้อผิดพลาดเหล่านี้จะทำให้ตารางสอนที่ได้ไม่สามารถใช้ได้จริง อีกทั้งหากต้องการเปลี่ยนแปลงตารางสอนในแต่ละครั้งเป็นงานที่ทำได้ยุ่งยาก ไม่สามารถปรับเปลี่ยนตารางสอนได้อย่างทันที

จากที่มาของปัญหาดังกล่าว งานวิจัยนี้จึงได้มีแนวความคิดที่จะมีการนำวิธีการทางเจเนติกอัลกอริทึมมาช่วยในการจัดตารางสอน เพื่อให้การจัดตารางสอนมีความเหมาะสม ถูกต้อง ลดเวลาที่ใช้การจัดตารางสอน เนื่องจากวิธีการทางเจเนติกอัลกอริทึมเป็นการนำกระบวนการทางพันธุศาสตร์มาประยุกต์ใช้ในกระบวนการค้นหาคำตอบของปัญหา วิธีการทางเจเนติก

อัลกอริทึมสามารถช่วยแก้ปัญหาที่มีขนาดค่อนข้างใหญ่และซับซ้อนได้ เนื่องจากมีคุณสมบัติของการเลียนแบบการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมตามธรรมชาติ ซึ่งจะนำค่าที่เหมาะสมที่สุดจากประชากรรุ่นก่อนมาใช้พิจารณาในการหาคำตอบของประชากรรุ่นถัดไป เป็นกระบวนการที่จะทำให้ได้คำตอบที่ดีที่สุดจากกลุ่มคำตอบที่สุ่มมาคำตอบที่ได้จึงเป็นคำตอบที่ดีที่สุดเหมาะสมสุดแล้ว อีกทั้งเจเนติกอัลกอริทึมยังเป็นวิธีการที่ใหม่ โดยจะนำเอาวิธีการทางเจเนติกอัลกอริทึมไปใช้ในการสร้างโปรแกรมจัดตารางสอนของนักศึกษาคณะวิศวกรรมศาสตร์มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ โดยมีผลลัพธ์ (Output) ที่คือ ตารางเรียนของกลุ่มนักศึกษา ตารางสอนตามอาจารย์ผู้สอน ตารางการใช้ห้องเรียน และทำการหาค่าพารามิเตอร์ทางเจเนติกอัลกอริทึมที่เหมาะสมสำหรับเป็นค่าเริ่มต้นในประมวลผลโปรแกรมการจัดตารางสอน

2. การกำหนดเงื่อนไขในการจัดตารางสอน

ในงานวิจัยนี้ได้นำเสนอเงื่อนไขที่ใช้ในการจัดตารางสอน 2 ประเภทคือ เงื่อนไขหรือข้อจำกัดบังคับ (Hard Constraints) คือเงื่อนไขที่ต้องไม่เกิดขึ้นในการจัดตารางสอน และเงื่อนไขหรือข้อจำกัดเพื่อความสมบูรณ์ (Soft Constraints) คือเงื่อนไขที่ยอมให้เกิดขึ้นได้ในการจัดตารางสอนแต่ต้องเกิดขึ้นน้อยที่สุดจึงจะให้ตารางสอนที่ตรงกับความต้องการมากที่สุด [3] ตารางสอนที่ไม่ขัดแย้งกับเงื่อนไขบังคับเท่านั้นที่จะเป็นตารางสอนที่เป็นไปได้ เงื่อนไขทั้ง 2 ชนิดมีดังนี้

เงื่อนไขหรือข้อจำกัดบังคับ

1. ในวันและเวลาเดียวกันอาจารย์ผู้สอนหนึ่งคนสามารถสอนได้หนึ่งกลุ่มเท่านั้น
2. ในวันและเวลาเดียวกันนักศึกษาหนึ่งกลุ่มสามารถเรียนได้หนึ่งรายวิชาเท่านั้น
3. ในวันและเวลาเดียวกันกำหนดการเรียนการสอนให้กับห้องเรียน 1 ห้องเรียนได้หนึ่งรายวิชาเท่านั้น
4. กำหนดห้องเรียนให้เหมาะสมกับประเภทรายวิชา เช่น วิชาปฏิบัติจะต้องให้กับห้องปฏิบัติการ

เงื่อนไขหรือข้อจำกัดเพื่อความสมบูรณ์

1. คาบที่ 2 ของรายวิชาเดียวกันไม่ควรจัดให้อยู่ในวันเดียวกันโดยเว้นคาบว่าง เช่น วิชาสถิติวิศวกรรม 1 จัดในวันจันทร์ เวลา 08.00-08.50 น. ไม่ควรที่จะจัดในวันจันทร์ เวลา 13.00-13.50 น. อีกครั้ง เป็นต้น หากต้องการให้มีการเรียนการสอนในรายวิชานี้ 2 คาบใน 1 วัน ควรจัดให้เป็น 2 คาบติดต่อกัน เช่น จัดในวันจันทร์ เวลา 08.00-09.50 น. เป็นต้น

2. ควรจัดการสอนรายวิชาประจำภาควิชาให้กับห้องเรียนในภาควิชาชั้นก่อน เช่น วิชาสถิติวิศวกรรมเป็นรายวิชาประจำภาควิชาวิศวกรรมอุตสาหการ ก็ควรจัดให้กับห้องเรียนในภาควิชาวิศวกรรมอุตสาหการก่อน

3. ในแต่ละวันเมื่อนักศึกษาที่มีคาบเรียนแล้วไม่ควรมีคาบว่างเกิน 2 คาบ เพื่อเรียนในคาบถัดไป เช่นหากในวันนั้นนักศึกษาที่มีเรียนในเวลา 08.00-08.50 น. แล้วไม่ควรมีคาบว่างแล้วมีเรียนต่อในเวลา 11.00-11.50 น. เป็นต้น

4. ในแต่ละวันควรมีการเว้นคาบว่างในเวลา 12.00-12.50 น. เพื่อให้นักศึกษาพักทานอาหารกลางวัน

5. ในแต่ละวันอาจารย์ไม่ควรสอนวิชาบรรยายติดกันเกิน 4 คาบ

6. ในแต่ละวันนักศึกษาไม่ควรเรียนวิชาบรรยายติดต่อกันเกิน 4 คาบ

3. การประยุกต์ใช้เจเนติกอัลกอริทึมในการจัดตารางสอน

3.1 กำหนดรูปแบบโครโมโซม

การกำหนดรูปแบบโครโมโซมคือการแปลงคำตอบของปัญหาให้อยู่ในรูปของรหัสโครโมโซม โดยโครโมโซม 1 โครโมโซมแทนคำตอบของปัญหา 1 คำตอบนั้นคือโครโมโซม 1 โครโมโซมจะแทนตารางสอนที่เป็นไปได้ของคณะวิศวกรรมศาสตร์ 1 ตาราง ใน 1 โครโมโซมประกอบด้วยโครโมโซมย่อย (Sub-chromosome) 3 โครโมโซมย่อย คือโครโมโซมย่อยรายวิชาบรรยาย โครโมโซมย่อยรายวิชาปฏิบัติ และโครโมโซมย่อย



รูปที่ 1 ตัวอย่างโครโมโซม

	8.00 - 8.50	9.00 - 9.50	10.00 - 10.50	11.00 - 11.50	12.00 - 12.50	13.00 - 13.50	14.00 - 14.50	15.00 - 15.50
จ	1	2	3	4	5	6	7	8
อ	9	10	11	12	13	14	15	16
พ	17	18	19	20	21	22	23	24
พฤ	25	26	27	28	29	30	31	32

รูปที่ 2 ตัวอย่างวัน-เวลาที่ใช้ในการจัดตารางสอน

รายวิชานอกคณะซึ่งมีการแบ่งช่วงของโครโมโซมย่อยดังแสดงในรูปที่ 1

ค่าของยีน ในแต่ละยีนจะประกอบด้วยตัวอักษรและตัวเลข ตัวอักษรแต่ละตัวมีความหมายดังนี้

L หมายถึง วิชาบรรยาย

P หมายถึง วิชาปฏิบัติ

F หมายถึง วิชานอกคณะ

E หมายถึง ไม่มีการจัดการเรียนการสอน

หลังตัวอักษรดังกล่าวจะตามด้วยตัวเลข 4 ตำแหน่ง โดยที่ 3 ตำแหน่งแรกแทนรายวิชา และตำแหน่งสุดท้ายแทนชั่วโมงที่ทำการเรียนการสอนของแต่ละรายวิชา เช่น 0011 แทนรายวิชาที่ 1 ชั่วโมงที่ 1, 0012 แทนรายวิชาที่ 1 ชั่วโมงที่ 2 และ 0013 แทนรายวิชาที่ 1 ชั่วโมงที่ 3 เป็นต้น

ตำแหน่งของยีน จะบ่งบอกถึงวัน-เวลาและห้องเรียนที่ใช้ในการจัดตารางสอน การจำลองโครโมโซมจะเริ่มจากการสร้างความสัมพันธ์ระหว่างวัน (แนวตั้ง) ที่ทำการจัดตารางสอน 5 วัน วันจันทร์-วันศุกร์ และเวลา (แนวนอน) ที่ทำการจัดตารางสอน ในแต่ละวันมีคาบเรียนทั้งหมด 8 คาบตั้งแต่ 08.00-15.50 น. คาบละ 50 นาที แล้วให้ลำดับเป็นเลขจำนวนนับ ดังแสดงในรูปที่ 2

	1	2	3	4	5	6	...	40
A200	001	002	003	004	005	006	...	040
IEF309	041	042	043	044	045	046	...	080
IELAB	081	082	083	084	085	086	...	120

รูปที่ 3 ตัวอย่างแบบจำลองโครโมโซม

จากนั้นจะนำลำดับที่สร้างจากวัน-เวลาที่ใช้ในการจัดตารางสอน (แนวนอน) มาสร้างความสัมพันธ์กับห้องเรียนที่ใช้ในการจัดตารางสอน (แนวตั้ง) ยกตัวอย่างมา 3 ห้องเรียน ดังแสดงในรูปที่ 3

จะได้โครโมโซมที่มีความยาว 120 ยีน สามารถให้ความหมายยีนแต่ละตำแหน่งได้ดังนี้ เช่น ยีนตำแหน่งที่ 1 หมายถึง วันจันทร์ เวลา 08.00-08.50 น. ห้อง A200 เป็นต้น สามารถหาความยาวโครโมโซมแต่ละโครโมโซมได้ดังสมการที่ 1

$$\text{ความยาวโครโมโซม} = \text{จำนวนห้องเรียน} \times \text{จำนวนวัน} \times \text{จำนวนคาบเรียน} \quad (1)$$

3.2 การประเมินค่าความเหมาะสม

เมื่อได้จำนวนโครโมโซมตามจำนวนประชากรเบื้องต้นที่กำหนดแล้ว จะทำการประเมินค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมโดยฟังก์ชันความเหมาะสม โดยฟังก์ชันความเหมาะสมเป็นฟังก์ชันสร้างจากเงื่อนไขที่ใช้ในการจัดตารางสอนทั้ง 2 ประเภท ที่ได้กำหนดไว้จะมีนำการกำหนดค่าน้ำหนักของเงื่อนไขแต่ละข้อเข้ามาช่วยในการจำแนกโครโมโซมที่ดี โดยการกำหนดค่าน้ำหนักของเงื่อนไขบังคับสูงๆ ให้มีความแตกต่างกับค่าน้ำหนักของเงื่อนไขเพื่อความสมบูรณ์มากๆ จะทำให้โครโมโซมที่ไม่ผ่านเงื่อนไขบังคับมีค่าความเหมาะสมสูงมาก ซึ่งบ่งบอกว่าเป็นโครโมโซมที่ไม่ดี และไม่ถูกเลือกไปเป็นคำตอบของปัญหา

การวัดค่าโครโมโซมตารางสอนมีเกณฑ์การวัดค่าความเหมาะสมจากฟังก์ชันความเหมาะสมโดยโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยที่สุดจะเป็นโครโมโซมที่ดีที่สุด ซึ่งฟังก์ชันค่าความเหมาะสมเป็นไปดังสมการที่ 2

$$\text{fitness value} = \sum_{i=1}^N (n_i * w_i) \quad (2)$$

n = จำนวนครั้งที่เกิดการละเมิดเงื่อนไขข้อที่ i

N = จำนวนเงื่อนไขทั้งหมด (รวมทั้ง 2 ประเภท)

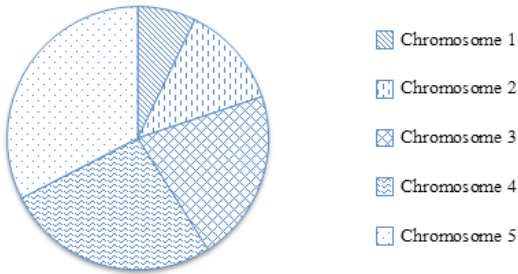
W = ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขข้อที่ i

3.3 การคัดเลือกโครโมโซม

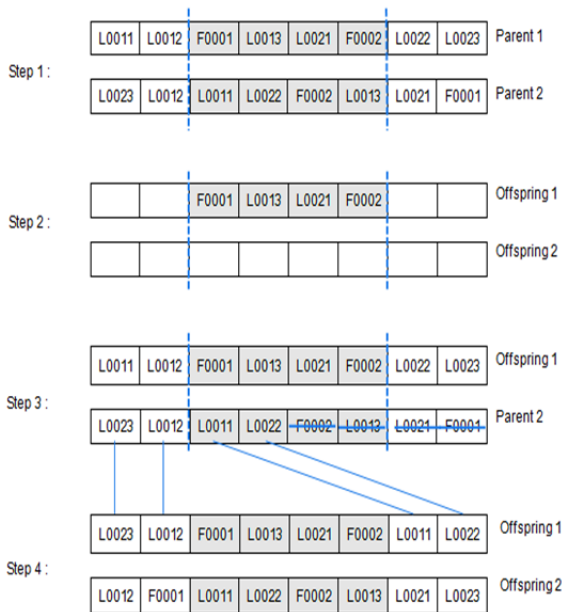
เมื่อคำนวณค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมจนครบตามจำนวนประชากรเบื้องต้นที่กำหนดแล้ว ขั้นตอนต่อไปคือการคัดเลือก ในงานวิจัยนี้ได้เลือกใช้วิธีการคัดเลือกแบบวงล้อรูเรห์ ซึ่งวิธีการคัดเลือกนี้จะพิจารณาจากค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม โดยโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากจะมีโอกาสถูกคัดเลือกได้มากกว่าโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อย [4] ซึ่งวิธีการนี้จะต้องทำการหาส่วนกลับของค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม และหาค่าความน่าจะเป็นในการถูกคัดเลือก ดังแสดงในตารางที่ 1 และสร้างวงล้อรูเรห์ดังแสดงในรูปที่ 4

ตารางที่ 1 ค่าความน่าจะเป็นในการถูกคัดเลือก

โครโมโซม	ค่าความเหมาะสม	1/ค่าความเหมาะสม	ความน่าจะเป็น	ความน่าจะเป็นสะสม
1	1824	0.00055	0.22	0.22
2	2238	0.00044	0.17	0.39
3	1538	0.00065	0.26	0.65
4	2429	0.00041	0.16	0.81
5	2026	0.00049	0.19	1.00
รวม	10055	0.00254	1.00	



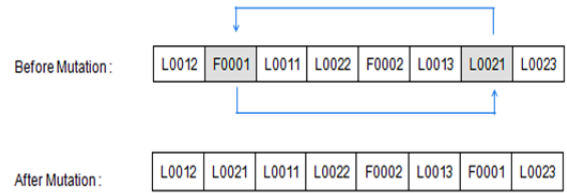
รูปที่ 4 การสร้างวงล้อสุ่ม



รูปที่ 5 วิธีการครอสโอเวอร์แบบลำดับ

3.4 การครอสโอเวอร์

การครอสโอเวอร์เป็นขั้นตอนที่ทำหลังจากขั้นตอนการคัดเลือกโครโมโซมโดยการแลกเปลี่ยนบางส่วนของโครโมโซมพ่อแม่ (Parent) ซึ่งจากโครโมโซมชุดใหม่ที่ได้จากการคัดเลือกลักษณะนั้นจะมีเพียงโครโมโซมบางส่วนเท่านั้นที่จะถูกคัดเลือกรวมตามอัตราความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์ (Pc) เพื่อสร้างโครโมโซมรุ่นใหม่หรือโครโมโซมรุ่นลูก (Offspring) ชุดใหม่ขึ้นมาโดยใช้วิธีการครอสโอเวอร์แบบลำดับ (Order Crossover : OX) โดยที่การครอส



รูปที่ 6 วิธีการมิวเตชันแบบ Two-point Swapping Mutation

โอเวอร์จะแยกทำในส่วนของแต่ละประเภทวิชาคือวิชาบรรยายจะทำการครอสโอเวอร์กันเฉพาะในส่วนของวิชาบรรยาย วิชาปฏิบัติก็จะทำการครอสโอเวอร์เฉพาะในส่วนของวิชาปฏิบัติเช่นเดียวกัน ซึ่งมีขั้นตอนดังแสดงในรูปที่ 5

3.5 การมิวเตชัน

การมิวเตชันเป็นขั้นตอนที่อาจช่วยให้โครโมโซมมีค่าความเหมาะสมขึ้นหลังจากการครอสโอเวอร์ การมิวเตชันทำได้โดยการสลับตำแหน่งของค่าภายในโครโมโซมตัวเดียว จะมีโครโมโซมเพียงบางส่วนเท่านั้นที่จะถูกนำมาทำการมิวเตชันซึ่งขึ้นอยู่กับค่าความน่าจะเป็นในการมิวเตชัน (%Pm) โดยใช้วิธีการมิวเตชันแบบ Two-point Swapping Mutation เนื่องจากเป็นวิธีการมิวเตชันที่เหมาะสมสำหรับปัญหาที่มีรูปแบบโครโมโซมเป็นแบบการจัดตารางเวลา ซึ่งมีขั้นตอนดังแสดงในรูปที่ 6

4. การวิเคราะห์ความไวเพื่อหาค่าของพารามิเตอร์เจเนติกอัลกอริทึม

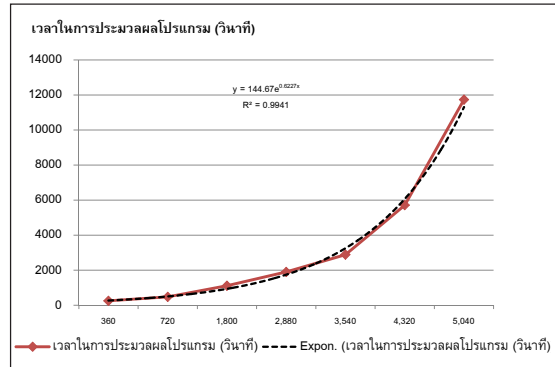
การวิเคราะห์ความไว (Sensitivity Analysis) คือการศึกษาถึงการเปลี่ยนแปลงของคำตอบที่ดีที่สุด (Optimal-solution) เมื่อเกิดการเปลี่ยนแปลงส่วนใดส่วนหนึ่งของแบบจำลอง เช่น ค่าคงที่ ค่าพารามิเตอร์ การวิเคราะห์ศึกษาว่าปัจจัยใดมีผลต่อฟังก์ชันวัตถุประสงค์ของแบบจำลอง โดยจะกำหนดปัจจัยที่ต้องการทดสอบให้มีการเปลี่ยนแปลงค่าไปแต่ควบคุมปัจจัยอื่นๆ ให้คงที่ การวิเคราะห์ความไวสามารถบอกได้ว่าปัจจัยใดเป็นปัจจัยเสี่ยงที่ต้อง

ระวังและพยายามควบคุมไม่ให้คลาดเคลื่อนมากจนเกินไป เพราะจะมีผลต่อฟังก์ชันวัตถุประสงค์ในเชิงลบ

ในการเลือกตัวแปรที่นำมาวิเคราะห์ความไวโดยทั่วไปมักพิจารณาตัวแปรที่มีความสำคัญ และผู้วิเคราะห์ความไวไม่มีความมั่นใจในความถูกต้องของข้อมูลที่ได้มา และต้องการประเมินว่าหากข้อมูลตัวเลขหรือข้อสมมุติที่ใช้มีความคลาดเคลื่อน จะทำให้ตัวเลขผลลัพธ์คำนวณได้แตกต่างไปจากค่าเดิมมากน้อยเพียงใด ในกรณีของตัวเลขมักจะใช้ค่าสูงสุดหรือค่าต่ำสุดที่มีความเป็นไปได้มาใช้เป็นตัวแทนเพื่อการคำนวณในการวิเคราะห์ความไว

สำหรับงานวิจัยนี้ใช้การวิเคราะห์ความไวของผลการวิจัยจากการพัฒนาโปรแกรมคอมพิวเตอร์ช่วยในการจัดตารางสอนโดยประยุกต์ใช้เจเนติกอัลกอริทึมในการหาคำตอบโดยการวิเคราะห์ความไวของพารามิเตอร์ของเจเนติกอัลกอริทึมเพื่อหาค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมสำหรับขนาดข้อมูลที่จะจัดตารางสอนซึ่งจะส่งผลให้ได้คำตอบที่ดีที่สุดสำหรับข้อมูลนั้นๆ โดยจะวิเคราะห์การเปลี่ยนแปลงของคำตอบที่ดีที่สุดเมื่อค่าพารามิเตอร์ของเจเนติกอัลกอริทึมของโปรแกรมเปลี่ยนไป พารามิเตอร์ของเจเนติกอัลกอริทึมที่วิเคราะห์ได้แก่ จำนวนประชากร (Population Size) และจำนวนเจนเนอเรชัน (Generation) โดยกำหนดขนาดของข้อมูลสำหรับประมวลผล ซึ่งขนาดของข้อมูลในที่นี้จะหมายถึงจำนวนยีนหรือจำนวนรายวิชา อาจารย์ผู้สอน กลุ่มนักศึกษาและห้องเรียนที่ใช้ประมวลผลโปรแกรมซึ่งกำหนดเป็น 7 ช่วงโดยแบ่งช่วงขนาดของข้อมูลเทียบกับขนาดของข้อมูลจริงเป็น 10 เปอร์เซ็นต์ 20 เปอร์เซ็นต์ 50 เปอร์เซ็นต์ 80 เปอร์เซ็นต์ 100 เปอร์เซ็นต์ 120 เปอร์เซ็นต์และ 150 เปอร์เซ็นต์ของข้อมูลจริงตามตารางที่ 2 และจากการทดลองได้ผลดังตารางที่ 3

สามารถแสดงการเพิ่มขึ้นของเวลาในการประมวลผลโปรแกรมเมื่อจำนวนยีนเพิ่มขึ้นได้ดังแสดงในรูปที่ 7 ซึ่งมีลักษณะการเพิ่มขึ้นของเวลาในการประมวลผลเป็นแบบเอ็กโปเนนเชียล แสดงเป็นสมการคือ $y = 144.67e^{0.6227x}$



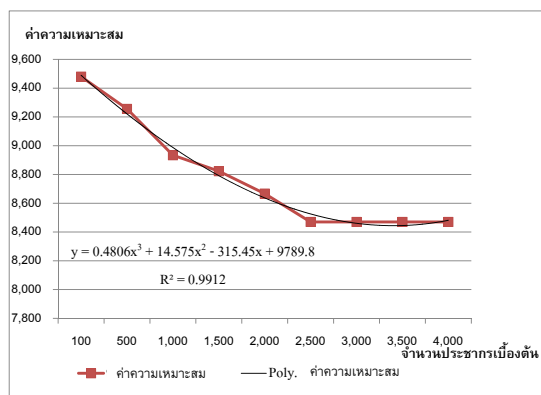
รูปที่ 7 การเพิ่มขึ้นของเวลาในการประมวลผลโปรแกรมเมื่อจำนวนยีนเพิ่มขึ้น

ตารางที่ 2 ช่วงจำนวนยีนที่ทำการทดลอง

ขนาดข้อมูล (เทียบกับขนาดข้อมูลจริง)	จำนวนยีนต่อ 1 โครโมโซม
10 เปอร์เซ็นต์	360
20 เปอร์เซ็นต์	720
50 เปอร์เซ็นต์	1,800
80 เปอร์เซ็นต์	2,880
100 เปอร์เซ็นต์ (ข้อมูลจริง)	3,540
120 เปอร์เซ็นต์	4,320
150 เปอร์เซ็นต์	5,400

ตารางที่ 3 ค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมสำหรับจำนวนยีนในแต่ละช่วงจำนวนยีน

ช่วงจำนวนยีน	จำนวนประชากร (โครโมโซม)	จำนวนเจนเนอเรชัน	เวลาในการประมวลผลโปรแกรม (วินาที)
20%	100	500	478
50%	100	500	1,116
80%	100	500	1,902
100%	100	500	2,889
120%	100	500	5,712
150%	100	600	11,735



รูปที่ 8 การลดลงของค่าความเหมาะสมเมื่อจำนวนประชากรเบื้องต้นเพิ่มขึ้น

นอกจากค่าพารามิเตอร์ต่างๆ ที่กล่าวมาข้างต้นแล้วยังมีพารามิเตอร์อีกหนึ่งตัวที่คิดว่าน่าจะมีผลต่อค่าตอบที่ดีที่สุดนั่นคือ จำนวนประชากรเบื้องต้น (Initialize) คือ จำนวนเริ่มต้นที่กำหนดให้โปรแกรมประมวลผลจำนวนโครโมโซมเพื่อที่จะคัดเลือกไปเป็นประชากรที่เข้าสู่กระบวนการเจเนติกอัลกอริทึมตามจำนวนประชากรที่กำหนด เนื่องจากสมมุติฐานที่ว่า หากเพิ่มพื้นที่ในการหาคำตอบให้มาก ค่าคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาที่ดีขึ้นด้วยดังนั้นจึงได้ทำการทดสอบสมมุติฐาน โดยเปลี่ยนแปลงค่าจำนวนประชากรเบื้องต้นและกำหนดค่าพารามิเตอร์ตัวอื่นๆ ให้คงที่ คือ

- จำนวนประชากรเท่ากับ 100 โครโมโซม
- จำนวนเจนเนอเรชันเท่ากับ 500 เจนเนอเรชัน
- ค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์เท่ากับ 0.8
- ค่าความน่าจะเป็นในมิวเตชันเท่ากับ 0.3

โดยใช้ข้อมูลจริงในการทำการทดลอง ผลจากการวิเคราะห์จำนวนประชากรเบื้องต้นให้ผลตามตารางที่ 4 พบว่าเมื่อจำนวนประชากรเบื้องต้นเพิ่มมากขึ้นค่าความเหมาะสมก็จะยิ่งลดลง สรุปได้ว่าจำนวนประชากรเบื้องต้นที่เหมาะสม คือ 2,500 โครโมโซม

จำนวนประชากรเบื้องต้นจะมีผลต่อค่าความเหมาะสมคือเมื่อจำนวนประชากรเบื้องต้นมากขึ้นก็จะส่งผลให้ค่าความเหมาะสมที่ลดลงตามไปด้วย โดยกราฟแสดงการ

ลดลงของค่าความเหมาะสมเมื่อจำนวนประชากรเบื้องต้นที่มากขึ้น แสดงได้ดังรูปที่ 8 ซึ่งกราฟแสดงการลดลงของค่าความเหมาะสมเมื่อจำนวนประชากรเบื้องต้นเพิ่มขึ้น ซึ่งลักษณะการลดลงของค่าความเหมาะสม นั้นสามารถแสดงได้ดังสมการคือ

$$y = 0.4806x^3 + 14.575x^2 - 315.45x + 9789.8$$

จากการวิเคราะห์ความไวหาค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมที่ได้ทำการวิเคราะห์หาค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมแล้วผู้วิจัยมีสมมุติฐานว่ายังมีค่าพารามิเตอร์อีกตัวหนึ่งที่ผลต่อค่าความเหมาะสมของตารางสอนที่ได้จากโปรแกรมที่พัฒนาขึ้นนั้นคือ ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขเพื่อความสมบูรณ์ ที่จะกล่าวถึงในหัวข้อถัดไป

ตารางที่ 4 ผลการวิเคราะห์จำนวนประชากรเบื้องต้น

จำนวนประชากรเบื้องต้น (โครโมโซม)	ค่าความเหมาะสม
100	9,480
500	9,256
1,000	8,934
1,500	8,823
2,000	8,667
2,500	8,470
3,000	8,470
3,500	8,470
4,000	8,470

5. การวิเคราะห์ความไวเพื่อหาค่าน้ำหนักของเงื่อนไขเพื่อความสมบูรณ์

ในการวิเคราะห์ความไวเพื่อหาค่าน้ำหนักของเงื่อนไขเพื่อความสมบูรณ์ที่เหมาะสมสำหรับโปรแกรมคอมพิวเตอร์ช่วยในการจัดตารางสอนโดยประยุกต์ใช้เจเนติกอัลกอริทึมในการหาคำตอบโดยจะวิเคราะห์การเปลี่ยนแปลงของการหาคำตอบที่เป็นไปได้และจำนวนครั้งของการละเมิดเงื่อนไขเพื่อความสมบูรณ์แต่ละข้อของคำตอบที่ดีที่สุดเมื่อค่าน้ำหนักของเงื่อนไขเพื่อความ

สมบูรณ์เปลี่ยนไป ณ เจนเนอเรชันต่างๆ โดยกำหนดช่วงของค่าน้ำหนักเพื่อความสำเร็จสำหรับประมวลผลซึ่งค่าน้ำหนักของเงื่อนไขเพื่อความสำเร็จของแต่ละข้อนั้นจะถูกกำหนดตามลำดับความสำคัญของเงื่อนไขข้อนั้นๆ แบ่งการกำหนดค่าน้ำหนักของเงื่อนไขเพื่อความสำเร็จเป็น 6 ช่วงตามตารางที่ 5 และทำการทดสอบตามค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมคือ จำนวนประชากรเบื้องต้น 2,500 โครโมโซมจำนวนประชากร 100 โครโมโซมกำหนดค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์เท่ากับ 0.8 และค่าความน่าจะเป็นในการมิวเตชันเท่ากับ 0.3 และจำนวนเจนเนอเรชันที่วิเคราะห์คือ 100, 200, 300, 400, 500, 600, 700 และ 800 เจนเนอเรชัน จากการทดลองได้ผลการทดลองดังตามตารางที่ 6

ตารางที่ 5 ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขเพื่อความสำเร็จในแต่ละช่วง

ข้อ	ค่าน้ำหนัก					
	ช่วงที่ 1	ช่วงที่ 2	ช่วงที่ 3	ช่วงที่ 4	ช่วงที่ 5	ช่วงที่ 6
1	40	100	200	300	400	500
2	40	100	200	300	400	500
3	30	75	150	225	300	375
4	20	50	100	150	200	250
5	10	25	50	75	100	125
6	10	25	50	75	100	125

ตารางที่ 6 ผลการวิเคราะห์ความไวของค่าน้ำหนักเงื่อนไขเพื่อความสำเร็จในแต่ละช่วง

ช่วงค่าน้ำหนัก	เจนเนอเรชันที่พบคำตอบที่เป็นไปได้	เจนเนอเรชันที่พบคำตอบที่ดีที่สุด
ช่วงที่ 1	100	500
ช่วงที่ 2	100	500
ช่วงที่ 3	200	700
ช่วงที่ 4	300	800
ช่วงที่ 5	500	N/A
ช่วงที่ 6	N/A	N/A

จากตารางที่ 6 ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขช่วงที่ 1 และ 2 พบคำตอบที่เป็นไปได้ในเจนเนอเรชันที่ 100 และพบคำตอบที่ดีที่สุดที่ในเจนเนอเรชันที่ 500 ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขช่วงที่ 3 พบคำตอบที่เป็นไปได้ในเจนเนอเรชันที่ 200 และพบคำตอบที่ดีที่สุดที่ในเจนเนอเรชันที่ 700 ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขช่วงที่ 4 พบคำตอบที่เป็นไปได้ในเจนเนอเรชันที่ 300 และพบคำตอบที่ดีที่สุดที่ในเจนเนอเรชันที่ 800 ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขช่วงที่ 5 พบคำตอบที่เป็นไปได้ในเจนเนอเรชันที่ 800 แต่ไม่พบคำตอบที่ดีที่สุดที่ในเจนเนอเรชันที่ทำการทดลอง และค่าน้ำหนักของเงื่อนไขช่วงที่ 6 ไม่พบคำตอบที่เป็นไปได้และคำตอบที่ดีที่สุดที่ในเจนเนอเรชันที่ทำการทดลองทั้งหมดที่ไม่สามารถทำการทดลองในจำนวนเจนเนอเรชันที่มากกว่าที่กำหนดนั้นเนื่องจากความสามารถทางด้านคอมพิวเตอร์ที่ใช้ในการทดลอง

กล่าวโดยสรุปได้ว่า ค่าน้ำหนักของเงื่อนไขเพื่อความสำเร็จในแต่ละช่วงนั้นมีผลต่อจำนวนเจนเนอเรชันที่พบคำตอบที่เป็นไปได้และจำนวนเจนเนอเรชันที่พบคำตอบที่ดีที่สุด เนื่องจากในงานวิจัยนี้ได้กำหนดค่าน้ำหนักของเงื่อนไขบังคับเท่ากับ 1,000 ดังนั้นช่วงของค่าน้ำหนักของเงื่อนไขเพื่อความสำเร็จที่มีค่าน้อย แตกต่างกับค่าน้ำหนักของเงื่อนไขบังคับมากส่งผลให้ช่วงนั้นๆ สามารถหาคำตอบที่เป็นไปได้และคำตอบที่ดีที่สุดได้อย่างรวดเร็ว

6. สรุป

การประมวลผลโปรแกรมพบว่าค่าความเหมาะสมของตารางสอนที่น้อยที่สุดจะมีค่าลดลงเมื่อจำนวนเจนเนอเรชันเพิ่มขึ้นและลดลงต่ำสุดคงที่ค่าหนึ่ง ณ เจนเนอเรชันใดๆ ซึ่งหมายถึงค่าที่เหมาะสมที่สุดสำหรับปัญหานั้นๆ ซึ่งจากผลการการวิเคราะห์สามารถกำหนดค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมสำหรับงานวิจัยนี้คือ จำนวนประชากรเบื้องต้นเท่ากับ 2,500 โครโมโซม จำนวนประชากรเท่ากับ 100 โครโมโซม จำนวนเจนเนอเรชันเท่ากับ 500 เจนเนอเรชัน ค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์ 0.8 และค่าความน่าจะเป็นในการมิวเตชัน 0.3

นอกจากนี้จากการประมวลผลของโปรแกรมยังพบว่าขนาดจำนวนยีน มีผลต่อเวลาในการประมวลผลโปรแกรม โดยขนาดจำนวนยีนที่เพิ่มขึ้นจะทำให้ใช้เวลาในการประมวลผลโปรแกรมเพิ่มขึ้นแบบเอ็กโปเนนเชียล

ส่วนคำแนะนำของเงื่อนไขเพื่อความสมบูรณ์มีผลต่อจำนวนเงื่อนไขที่พบคำตอบที่เป็นไปได้ และจำนวนเงื่อนไขที่พบคำตอบที่ดีที่สุด โดยคำแนะนำของเงื่อนไขเพื่อความสมบูรณ์ที่มีค่าน้อยแตกต่างกับคำแนะนำของเงื่อนไขบังคับมาก ส่งผลให้ช่วงนั้นๆ สามารถหาคำตอบที่เป็นไปได้และคำตอบที่ดีที่สุดได้อย่างรวดเร็ว

7. กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนจากเงินรายได้มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

เอกสารอ้างอิง

[1] H. Kanoh and Y. Sakamoto, "Knowledge-based

Genetic Algorithm for University Course Timetabling Problems," *Japan International Journal of Knowledge-based and Intelligent Engineering Systems*, vol. 12, pp. 283-294, 2008.

[2] A. Wren, "Scheduling, timetables and roustering - A special relationship? In : Burke, E., Ross, P. (Eds), *Practice and Theory of Automated Timetabling, Lecture Notes in Computer Science*," Springer, Berlin, vol. 1153, 1996.

[3] P. Pongcharoena, W. Promtetb, P. Yenradeec, and C. Hicks, "Stochastic Optimisation Timetabling Tool for university course scheduling," *International Journal of Production Economics*, vol. 112, pp. 16, 2008.

[4] L. R. Omar Al Jadaan, C. R. Rao, "Improved Selection Operator for GA," *Journal of Theoretical and Applied Information Technology*, vol. 10, pp. 9, 2008.