

การประยุกต์ใช้วิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับการจัดตารางการผลิตระบบการผลิตแบบไหลเลื่อนผสม**A Genetic Algorithm for Hybrid Flow Shop Scheduling**

สัญญาจิตา ทองเกิด*, ชูศักดิ์ พรสิงห์

Sunjita Thongkerd*, Choosak Pornsing

ภาควิชาวิศวกรรมอุตสาหการและการจัดการ คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยศิลปากร

Department of Industrial Engineering Management, Faculty of Engineering and Industrial Technology, Silpakorn University

*Corresponding author e-mail: Thongkerd_s@silpakorn.edu

(Received: 22 January 2020, Revised: 19 March 2020, Accepted: 20 April 2020)

บทคัดย่อ

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ช่วยในการจัดตารางการผลิตให้กับระบบการผลิตแบบไหลเลื่อนผสมของบริษัทจำหน่ายเหล็กแผ่น แต่ละคำสั่งซื้อจะต่างกันในเรื่องของขนาดและปริมาณตามความต้องการของลูกค้า ซึ่งมีกระบวนการผลิต 3 กระบวนการหลัก ได้แก่ กระบวนการตัดซอย กระบวนการตัดเฉือน กระบวนการตัดแผ่น โดยแต่ละกระบวนการมีจำนวนเครื่องจักร และเวลาในการผลิตที่ไม่เท่ากัน ภายใต้เงื่อนไขการผลิตที่ว่า ทุก ๆ คำสั่งซื้อ ต้องผ่านกระบวนการผลิตตามลำดับ แต่สามารถเลือกทำงานบนเครื่องจักรใดก็ได้ ในกระบวนการเดียวกัน ดังนั้นผู้วิจัยจึงทำการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm: GA) โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อหาเวลาปิดงาน (Makespan: C_{max}) และเวลาที่งานอยู่ในระบบโดยเฉลี่ย (Average Flow Time: \bar{F}) ต่ำที่สุด โดยทดลองนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมไปใช้ในการจัดตารางการผลิตให้กับคำสั่งซื้อตัวอย่างจำนวน 5, 10, 15 และ คำสั่งซื้อ 20 เพื่อเปรียบเทียบกับวิธีที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน และวิธีการหาค่าแม่นยำ ผลการทดลองพบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมีประสิทธิภาพดีที่สุด เมื่อทำการเปรียบเทียบกับวิธีที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน ได้เวลาปิดงานโดยเฉลี่ยลดลง 12.99% เวลาที่งานอยู่ในระบบโดยเฉลี่ยลดลง 26.48% และเวลาในการวางแผนการผลิตลดลง 58.74% สรุปแล้วขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมช่วยลดเวลาปิดงาน เวลาที่งานอยู่ในระบบโดยเฉลี่ย เวลาในการวางแผนการผลิต ได้อย่างมีนัยสำคัญ

คำสำคัญ: การจัดตารางการผลิต ระบบการผลิตแบบไหลเลื่อนผสม ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม**Abstract**

The objective of this research is to apply a genetic algorithm for a hybrid flow shop scheduling problem in a steel plate production company. The manufacturing orders from customers are different in the characters of sizes and quantities. Besides, there are 3 main processes; slitter process, shear process, and squared shear process. Moreover, processes have unequal number of machines and production rates. The conditions are the products must go thru all processes sequentially and can select any machines in the process. The author

applied a genetic algorithm with two objective functions; minimized makespan (C_{max}) and minimized mean flowtime (\bar{F}). The algorithm was tested with the problem size of 5, 10, 15, and 20 orders in order to be compared with the current method of the company. The results showed that the genetic algorithm could decrease the average makespan by 12.99% and decreased the average mean flowtime by 26.48%. Moreover, it found that the production planning time was decreased by 58.74% when compared with the current method. In conclusion, the genetic algorithm could reduce makespan, mean flowtime, and production planning time significantly.

Keywords: Production Scheduling, Hybrid Flow Shop, Genetic Algorithm

1. บทนำ

ในอดีตบริษัทผู้ผลิตมักคิดว่าแผนการผลิตเป็นเพียงส่วนประกอบย่อยที่มีหน้าที่ผลิตสินค้าเพียงอย่างเดียว แต่เนื่องจากการแข่งขันในปัจจุบัน ทำให้การผลิตเป็นปัจจัยสำคัญที่ใช้ในการต่อสู้เพื่อความอยู่รอดของบริษัท และสภาพแวดล้อมในการประกอบธุรกิจได้เปลี่ยนแปลงไปจากเดิม โดยความต้องการของผู้บริโภคมีความหลากหลายขึ้น ส่งผลให้ต้นทุนในการผลิตสูงขึ้นตามลำดับ

จากปัญหาต้นทุนที่สูงขึ้นทำให้ผู้ผลิตต้องพยายามหาแนวทางที่จะลดต้นทุนในการผลิตให้ลดลงหรือเท่าเดิม จึงได้มีการนำระบบการผลิตที่ชื่อว่า ระบบการผลิตแบบไหลเลื่อนผสม (Hybrid Flow Shop: HFS) มาช่วยในการแก้ปัญหาครั้งนี้ โดย Ruiz et al. (2010) Ribas et al. (2010) Morais et al. (2014) ได้ให้นิยามว่า เป็นระบบการผลิตแบบไหลเลื่อน (Flow Shop) ที่มีเครื่องจักรหลาย ๆ เครื่องทำงานแบบคู่ขนาน (Multiple Parallel Machines) ซึ่งระบบการผลิตแบบไหลเลื่อนผสมจะเน้นการผลิตผลิตภัณฑ์ที่มีความหลากหลายในปริมาณมาก (Kahraman et al., 2010; Engin et al., 2011; Carlier & Neron, 2000; Songserm et al., 2018; Karthik & Prabahara, 2014; Jarbouy et al., 2013) เพื่อช่วยให้อัตนทุนในการผลิตต่ำที่สุด และตอบสนองความต้องการของผู้บริโภคในปัจจุบัน

แต่เนื่องจากความซับซ้อนของระบบการผลิตแบบไหลเลื่อนผสม ส่งผลให้ระบบการผลิตมีความซับซ้อนมากขึ้น (Ibrahim

et al., 2013) ทำให้ประสบปัญหาในเรื่องของการจัดตารางการผลิตให้มีความเหมาะสม เช่น ปัญหาการจัดตารางการผลิตของเครื่องจักรที่มีการจัดเรียงแบบขนาน (Parallel Machine Scheduling: PMS) หรือ ปัญหาการจัดตารางการผลิตแบบไหลเลื่อน (Flow Shop Scheduling: FSS) เป็นต้น จากตัวอย่างปัญหาที่กล่าวมาถือเป็นปัญหาที่มีขนาดใหญ่และมีตัวแปรจำนวนมาก ส่งผลให้การแก้ปัญหาด้วยแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ (Mathematical Model) ไม่เหมาะสมเนื่องจากใช้เวลาในการหาคำตอบที่ยาวนาน หรืออาจจะหาคำตอบไม่ได้เลย ดังนั้นการแก้ปัญหาขนาดใหญ่หรือปัญหาที่มีตัวแปรจำนวนมาก นิยมใช้วิธีฮิวริสติก (Heuristic) หรือวิธีเมตาฮิวริสติก (Metaheuristic) เข้ามาช่วยในการแก้ปัญหานี้ (Yilmaz et al., 2008; Chaimanee & Supitak, 2013)

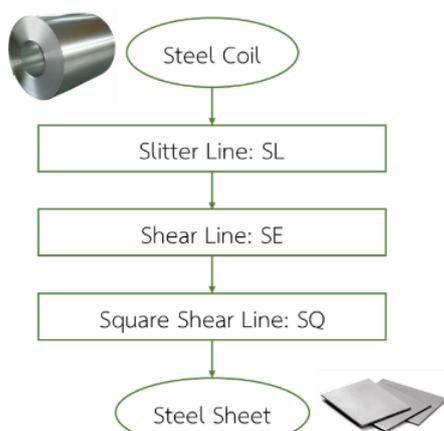
ดังนั้นงานวิจัยฉบับนี้ได้ทำการศึกษาระบบการผลิตแบบไหลเลื่อนผสมของบริษัทจำหน่ายเหล็กแผ่น เพื่อช่วยในการจัดตารางการผลิตให้กับระบบการผลิต โดยประยุกต์ใช้วิธีเมตาฮิวริสติก ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm: GA) (Songserm et al., 2018) เนื่องจากวิธีนี้เป็นการเรียนรู้การสร้างคำตอบและพัฒนาคำตอบด้วยตัวเอง ผ่านโปรแกรมคอมพิวเตอร์ ถึงแม้ว่าจะไม่ได้คำตอบที่ดีที่สุด แต่คำตอบที่ได้ใกล้เคียงกับคำตอบที่ดีที่สุดและใช้เวลาในการคำนวณไม่นานมากนัก

2. ข้อมูลของบริษัท

บริษัทกรณีศึกษาเป็นบริษัทจำหน่ายเหล็กแผ่น ที่มีระบบการผลิตแบบไหลเลื่อนผสม ซึ่งผลิตภัณฑ์ของบริษัทมีหลากหลายขนาดขึ้นอยู่กับความต้องการของลูกค้า

2.1 กระบวนการผลิต

เริ่มจากการรับเหล็กม้วน (Coil) เข้าสู่กระบวนการตัดซอย (Slitter Line: SL) กระบวนการตัดเฉือน (Shear Line: SE) และกระบวนการตัดแผ่น (Square Shear Line: SQ) ดังรูปที่ 1



รูปที่ 1 กระบวนการผลิตเหล็กแผ่น

ในกระบวนการตัดซอย เหล็กที่เข้าสู่กระบวนการเป็นเหล็กม้วน โดยจะทำการตัดตามความกว้างของคำสั่งซื้อ (เป็นการลดขนาดหน้ากว้างของเหล็กม้วน) และกรอกลับเป็นม้วนดั้งเดิม โดยเหล็กม้วนจะมี 2 ขนาดได้แก่ ขนาดหน้ากว้าง 1,145 มิลลิเมตร และขนาดหน้ากว้าง 1,219 มิลลิเมตร ซึ่งมีเครื่องจักรทำงานอยู่ 2 เครื่อง

ในกระบวนการตัดเฉือน เหล็กที่เข้าสู่กระบวนการเป็นเหล็กม้วน โดยจะตัดเป็นชิ้น ๆ ตามขนาดความกว้างของคำสั่งซื้อ ซึ่งมีเครื่องจักรทำงานอยู่ 3 เครื่อง

และกระบวนการตัดแผ่น เหล็กที่เข้าสู่กระบวนการเป็นเหล็กแผ่น โดยจะตัดเป็นชิ้น ๆ ตามขนาดความยาวของคำสั่งซื้อ ซึ่งมีเครื่องจักรทำงานอยู่ 5 เครื่อง สามารถสรุปกระบวนการในการผลิตและเวลาในการผลิต ได้ดังตารางที่ 1

ตารางที่ 1 สรุปกระบวนการในการผลิต

กระบวนการ	จำนวนเครื่องจักร	เวลาในการผลิต (เมตร/นาที/เครื่อง)
SL	2	120
SE	3	40
SQ	5	15

2.2 เงื่อนไขในกระบวนการผลิต

ทุก ๆ คำสั่งซื้อ ต้องผ่านกระบวนการผลิตตามลำดับ แต่สามารถเลือกทำงานบนเครื่องจักรใดก็ได้ ในกระบวนการเดียวกัน

ในกระบวนการตัดซอย จำเป็นต้องทำการตัดเหล็กทั้งม้วน โดยเหล็ก 1 ม้วนจะมีความยาวประมาณ 3,000 – 3,600 เมตร ขึ้นอยู่กับหน้ากว้างของเหล็ก

2.3 ลักษณะปัญหาการจัดตารางการผลิตในปัจจุบันของบริษัท

คำสั่งซื้อแต่ละประเภทจะมีความแตกต่างกันในเรื่องของขนาดชิ้นงาน (ขนาดความกว้างยาว ไม่เท่ากัน) และจำนวน โดยใน 1 กะทำงาน จะมีคำสั่งซื้อประมาณ 10 – 20 คำสั่งซื้อ มีจำนวน 5 – 2,500 ชิ้นต่อคำสั่งซื้อ สามารถแสดงตัวอย่างคำสั่งซื้อได้ดังตารางที่ 2

ตารางที่ 2 ตัวอย่างคำสั่งซื้อ

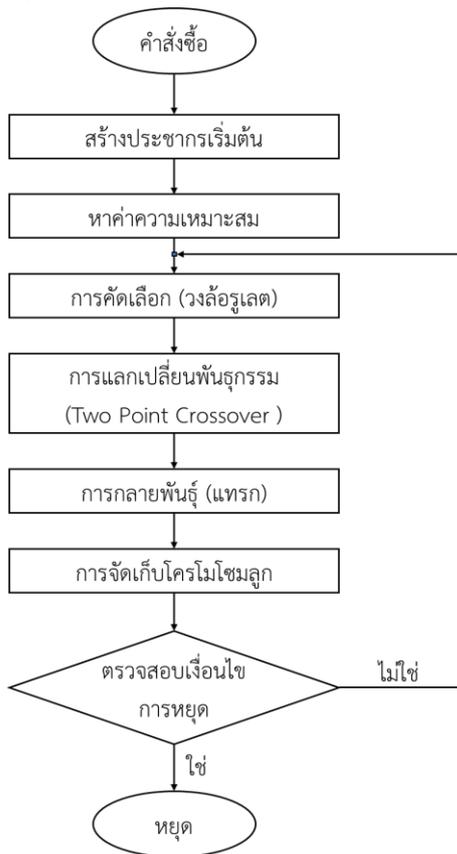
คำสั่งซื้อ	ขนาดชิ้นงาน (เมตร)		จำนวน (ชิ้น)
	กว้าง	ยาว	
A	0.12	0.70	700
B	0.25	1.50	500
C	0.23	0.15	1500
D	0.83	1.50	100

จากการศึกษาพบว่า การวางแผนการผลิตในปัจจุบัน ใช้หลักการวางแผนแบบมาก่อนผลิตก่อน หรือ First Come First Serve บางคำสั่งซื้อที่ใช้เวลาในการผลิตสูง ทำให้คำสั่งซื้อในลำดับถัดไปต้องรอคิวนาน ส่งผลให้เวลาในการผลิตโดยรวม

สูงชัน ดังนั้นงานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อนำเสนอวิธีการจัดตารางการผลิตที่เหมาะสมเพื่อแก้ปัญหาดังกล่าว

3. ขั้นตอนการทำงานของวิธีเชิงพันธุกรรม

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมถูกนำมาประยุกต์ใช้ในการจัดตารางการผลิต เพื่อเลือกเครื่องจักรให้มีความเหมาะสมกับงาน และจัดลำดับงานบนเครื่องจักรแบบคู่ขนาน โดยมีขั้นตอนการทำงานดังรูปที่ 2



รูปที่ 2 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

3.1 การสร้างประชากร

ขั้นตอนนี้เป็นการสร้างประชากรเริ่มต้น ประชากรจะมีการเข้ารหัสโดยใช้ตัวอักษร โดยใช้คำสั่งในการผลิตเป็นรหัส ซึ่งความยาวของประชากรแต่ละตัวจะมีความยาวเท่ากับจำนวนของคำสั่งการผลิต ซึ่งประชากรเริ่มต้นมาจากการสุ่มดังตารางที่ 3 แสดงตัวอย่างการสุ่มประชากรเริ่มต้น

ตารางที่ 3 ตัวอย่างประชากร

โครโมโซม	ลำดับการผลิต			
	C	B	D	A
1	C	B	D	A
2	A	D	B	C
3	A	D	C	B

3.2 การหาค่าความเหมาะสม

การหาค่าความเหมาะสมเป็นการวัดประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่มีวัตถุประสงค์หลายวัตถุประสงค์ (Ebrahimi et al., 2014; Sangudon & Wuttipornpun, 2012) โดยจะใช้วิธีการเปรียบเทียบชุดข้อมูลระหว่างกัน โดยการวัดระยะทาง (Distance) ดังสมการที่ 1 ซึ่งคำนวณได้จากเวลาปิดงาน (*Makespan: C_{max}*) (Engin et al., 2011), และเวลาที่งานอยู่ในระบบโดยเฉลี่ย (*Average Flow Time: F̄*) (Soponchai, 2000) ดังสมการที่ 2

$$Distance_j = \sqrt{(C_{max})_j^2 + (\bar{F})_j^2} \quad (1)$$

$$\bar{F} = \frac{1}{n} * \sum_{i=1}^n F_i = \frac{1}{n} * \sum_{i=1}^n (C_i - r_i) \quad (2)$$

- เมื่อ m คือ จำนวนของโครโมโซมทั้งหมด
 j คือ 1,2, ..., m
 n คือ จำนวนของงาน
 i คือ 1,2, ..., n
 C_{max} คือ เวลาปิดงานสูงสุด
 \bar{F} คือ เวลาที่งานอยู่ในระบบเฉลี่ย
 C_i คือ เวลาปิดงานของงาน i เสร็จ
 r_i คือ เวลาที่งาน i พร้อมทำงาน

โดยที่ C_{max} สามารถคำนวณได้จากเวลาที่ใช้ในการผลิตแล้วเสร็จที่สูงที่สุดของแต่ละโครโมโซม และ \bar{F} สามารถคำนวณได้จากเวลาเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินการผลิตแล้วเสร็จลบด้วยเวลาที่พร้อมทำงานของแต่ละงาน i

สำหรับระบบการผลิตไหลต่อเนื่องผสม ที่มีจำนวนเครื่องจักรมากกว่า 1 เครื่องในกระบวนการเดียวกัน งานสามารถเลือก

ทำงานบนเครื่องจักรใดก็ได้ แสดงตัวอย่างการวางคำสั่งซื้อบน
สถานีงาน ดังรูปที่ 3

สถานีที่ 1	SL1	C	D												
	SL2	B	A												
สถานีที่ 2	SE1		C		A										
	SE2			B											
	SE3				D										
สถานีที่ 3	SQ1		C												
	SQ2			B											
	SQ3				D										
	SQ4					A									
	SQ5														
เวลา	500	1000	1500	2000	2500	3000	3500	4000	4500	5000	5500				

รูปที่ 3 ตัวอย่างการวางคำสั่งซื้อบนสถานีงานของโครโมโซมที่ 1

รูปที่ 3 แสดงตัวอย่างการวางคำสั่งซื้อบนสถานีงานของ
โครโมโซมที่ 1 พบว่า คำสั่งซื้อ C เริ่มผลิตในวินาทีที่ 0 แล้ว
เสร็จในวินาทีที่ 2,906.25 คำสั่งซื้อ B เริ่มผลิตในวินาทีที่ 0
แล้วเสร็จในวินาทีที่ 4,687.50 คำสั่งซื้อ D เริ่มผลิตในวินาทีที่
1,500 แล้วเสร็จในวินาทีที่ 3,723.75 และคำสั่งซื้อ A เริ่มผลิต
ในวินาทีที่ 1,500 แล้วเสร็จในวินาทีที่ 5,381.80 จากข้อมูล
ดังกล่าวสามารถคำนวณเวลาปิดงานของงานสูงสุด (C_{max1})
เท่ากับ 5,381.80 และเวลาการไหลเฉลี่ย (F_1) เท่ากับ 859.83
ดังนั้นสามารถวัดระยะทางได้ ($Distance_1$) เท่ากับ 5,450.05

3.3 การคัดเลือก

การคัดเลือกเป็นกระบวนการที่โครโมโซมแต่ละตัว
เลียนแบบค่าฟังก์ชันเป้าหมาย หรือค่าความเหมาะสม โดย
โครโมโซมที่มีความเหมาะสมสูงกว่าจะมีความน่าจะเป็นใน
โครโมโซมตัวแทนสูงกว่า โดยวิธีที่เลือกใช้คือวิธีการคัดเลือก
แบบวงล้อรูเล็ต (Genetic Algorithm, 2019)

การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต ถือเป็นการสุ่มที่ใช้การถ่วงค่า
น้ำหนัก โดยค่าที่จะนำมาถ่วงน้ำหนักจะขึ้นอยู่กับค่าความ
เหมาะสม สำหรับงานวิจัยนี้ค่าความเหมาะสมคือค่าระยะทาง
(Distance) โดยค่าระยะทางน้อยถือว่าเป็นโครโมโซมที่ดี
ทำให้ต้องคำนวณหาสัดส่วน เพื่อให้โครโมโซมที่มีค่าระยะทาง
น้อยเป็นโครโมโซมที่มีโอกาสถูกเลือกสูง ได้ดังสมการที่ 3

$$\text{สัดส่วน}_j = \frac{\sum_1^m \text{Distance}}{\text{Distance}_j} \quad (3)$$

เมื่อ สัดส่วน_j คือ ค่าสัดส่วนของโครโมโซมตัวที่ j
Distance_j คือ ค่าระยะทางของโครโมโซมตัวที่ j

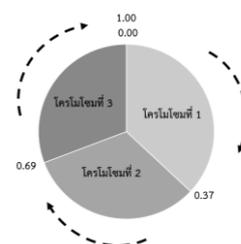
หลังจากคำนวณสัดส่วนแล้ว ก็เข้าสู่กระบวนการสร้างวงล้อ
รูเล็ต เริ่มจากกำหนดช่องของรูเล็ต โดยแต่ละช่องจะถูกแทนด้วย
โครโมโซมเริ่มต้น และความกว้างของแต่ละช่องขึ้นกับค่าความ
น่าจะเป็น โดยค่าความน่าจะเป็นสามารถหาได้ดังสมการที่ 4
หลังจากคำนวณหาค่าความน่าจะเป็นแล้ว จะสามารถนำค่า
ความน่าจะเป็นที่ได้มาสร้างวงล้อรูเล็ต จากนั้นทำการสุ่มค่าอยู่
ระหว่าง 0 – 1 ขึ้นมา หากค่าที่ได้ตกอยู่ในช่องใดของวงล้อรู
เล็ต โครโมโซมที่อยู่在那นั้นก็จะเป็นโครโมโซมพ่อ และทำ
เช่นเดียวกันในการหาโครโมโซมแม่

$$\text{Probabilty}_j = \frac{\text{สัดส่วน}_j}{\sum_1^m \text{สัดส่วน}} \quad (4)$$

เมื่อ Probabilty_j คือ ค่าความน่าจะเป็นของโครโมโซมตัวที่ j
ตารางที่ 4 ได้แสดงตัวอย่างของการคำนวณความน่าจะเป็น
ในการถูกคัดเลือก หลังจากได้ค่าความน่าจะเป็นในการถูก
คัดเลือกของแต่ละโครโมโซมแล้ว นำมาสร้างวงล้อรูเล็ตโดยใช้
ค่าความน่าจะเป็นสะสม ได้ดังรูปที่ 4

ตารางที่ 4 ตัวอย่างความน่าจะเป็นในการถูกคัดเลือก

โครโมโซม	ค่าระยะทาง	สัดส่วน	ความน่าจะเป็นในการถูกคัดเลือก	ความน่าจะเป็นสะสม
1	5,450	3.367	0.37	0.37
2	6,302	2.912	0.32	0.69
3	6,597	2.781	0.31	1.00
รวม	18,349	9.060	1.00	



รูปที่ 4 ตัวอย่างวงล้อรูเล็ต

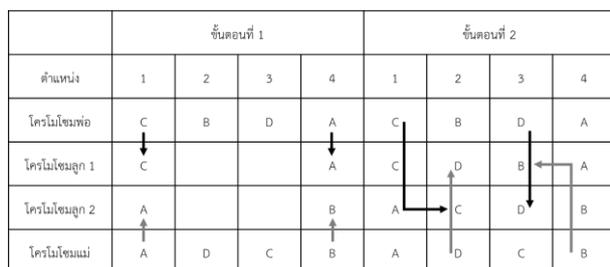
หลังจากสร้างวงล้อรูเล็ตแล้ว ทำการสุ่มเลขระหว่าง 0 – 1 เพื่อหาโครโมโซมพ่อ และโครโมโซมแม่ โดยค่าที่สุ่มได้ครั้งนี้ คือ 09.06 และ 870.0 ดังนั้นโครโมโซมพ่อ ได้แก่โครโมโซมที่ 1 และโครโมโซมแม่ ได้แก่โครโมโซมที่ 3 เพื่อไปสู่กระบวนการแลกเปลี่ยนพันธุกรรม

3.4 การแลกเปลี่ยนพันธุกรรม (Crossover)

การแลกเปลี่ยนพันธุกรรมระหว่างโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่ เพื่อสร้างโครโมโซมลูก แต่ก่อนจะเข้าสู่กระบวนการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมจะมีการสุ่มระหว่าง 0 – 1 เพื่อนำมาเทียบกับค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนพันธุกรรม (*Probability Crossover: P_c*) ซึ่งควรจะกำหนดให้อยู่ระหว่าง 0.7 – 1.0 (Polkavilat, 2011) ถ้าค่าที่สุ่มได้น้อยกว่าค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนพันธุกรรม จะยอมให้เกิดการแลกเปลี่ยนพันธุกรรม แต่ถ้าค่าที่สุ่มได้มากกว่าค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนพันธุกรรม จะข้ามขั้นตอนการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมไปสู่ขั้นตอนถัดไป

วิธีการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมในงานวิจัยนี้ เลือกวิธีการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมแบบสองจุด (Two Point Crossover) (Ibrahim et al., 2013) มีขั้นตอนได้แก่ สุ่มตำแหน่งของโครโมโซมพ่อและแม่ เพื่อที่จะส่งไปยังโครโมโซมลูก และเติมเต็มโครโมโซมลูกให้ครบ โดยการรับยีนที่ไม่ซ้ำกับขั้นตอนแรก

ตัวอย่างการแลกเปลี่ยนพันธุกรรม ดังรูปที่ 5 โดยสุ่มตำแหน่งบนโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่ ได้ 1 และ 4



รูปที่ 5 วิธีการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมแบบสองจุด

3.5 การกลายพันธุ์ (Mutation)

การกลายพันธุ์ มีความสำคัญมากในการช่วยป้องกันความเสียหายของโครโมโซม แต่ก่อนจะเข้าสู่กระบวนการกลายพันธุ์

จะมีการสุ่มระหว่าง 0 – 1 เพื่อนำมาเทียบกับค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ (*Probability Mutation: P_m*) ซึ่งควรจะกำหนดให้อยู่ระหว่าง 0.02 – 0.18 (Polkavilat, 2011) ถ้าค่าที่สุ่มได้น้อยกว่าค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนพันธุกรรม จะยอมให้เกิดการแลกเปลี่ยนพันธุกรรม แต่ถ้าค่าที่สุ่มได้มากกว่าค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ จะข้ามขั้นตอนการกลายพันธุ์ ไปสู่ขั้นตอนถัดไป

วิธีการกลายพันธุ์ ในงานวิจัยนี้ เลือกวิธีการกลายพันธุ์แบบแทรก (Oguz & Ercan, 2005) เป็นการเปลี่ยนตำแหน่งโดยการแทรกตำแหน่ง ซึ่งจะทำการสุ่มเลือกตำแหน่งของโครโมโซมมา 2 ตำแหน่ง โดยตำแหน่งแรกแทนบิด และตำแหน่งที่สองคือตำแหน่งที่จะนำไปแทรก

ตัวอย่างการกลายพันธุ์ ดังรูปที่ 6 โดยสุ่มตำแหน่งบนโครโมโซมที่ 1 ได้แก่ 4 และ 1 โดย และโครโมโซมที่ 2 ได้แก่ 3 และ 2

โครโมโซมลูก 1 แลกเปลี่ยนพันธุกรรม	C	D	B	A
โครโมโซมลูก 1 กลายพันธุ์	A	C	D	B
โครโมโซมลูก 2 แลกเปลี่ยนพันธุกรรม	A	C	D	B
โครโมโซมลูก 2 กลายพันธุ์	A	D	C	B

☐ ตำแหน่งที่ 1 ☐ ตำแหน่งที่ 2

รูปที่ 6 วิธีการกลายพันธุ์แบบแทรก

3.6 การจัดเก็บโครโมโซมลูก

ขั้นตอนนี้เป็นการจัดเก็บโครโมโซมลูก ซึ่งหลังจากผ่านกระบวนการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมและการกลายพันธุ์แล้ว ทำให้ได้โครโมโซมลูก จากนั้นนำไปคำนวณค่าระยะทาง เพื่อตรวจสอบโครโมโซมลูก หากค่าระยะทางของโครโมโซมใดมีค่าเท่ากัน โครโมโซมตัวใหม่จะถูกตัดทิ้งไป แสดงตัวอย่างได้ดังตารางที่ 5 พบว่ามีโครโมโซมที่ซ้ำกัน 2 โครโมโซม ได้แก่ โครโมโซมที่ 3 กับโครโมโซมลูก 2 กลายพันธุ์ และโครโมโซมลูก 1 กลายพันธุ์กับโครโมโซมลูก 2 แลกเปลี่ยนพันธุกรรม

ดังนั้นการจัดเก็บโครโมโซมในรอบนี้จะมีเพียง 5 โครโมโซม
ดังตารางที่ 6

ตารางที่ 5 ตัวอย่างการตรวจสอบโครโมโซมลูก

โครโมโซม	ลำดับการผลิต				ค่าระยะทาง
	C	B	D	A	
1	C	B	D	A	5,450
2	A	D	B	C	6,302
3	A	D	C	B	6,597
ลูก 1 แลกเปลี่ยนพันธุกรรม	C	D	B	A	6,393
ลูก 1 กลายพันธุ์	A	C	D	B	6,583
ลูก 2 แลกเปลี่ยนพันธุกรรม	A	C	D	B	6,583
ลูก 2 กลายพันธุ์	A	D	C	B	6,597

ตารางที่ 6 ตัวอย่างการการจัดเก็บโครโมโซมลูก

โครโมโซม	ลำดับการผลิต			
	C	B	D	A
1	C	B	D	A
2	A	D	B	C
3	A	D	C	B
ลูก 1 แลกเปลี่ยนพันธุกรรม	C	D	B	A
ลูก 2 แลกเปลี่ยนพันธุกรรม	A	C	D	B

3.7 การหยุดทำงาน

ระบบจะหยุดทำงานเมื่อการทำงานเป็นไปตามเงื่อนไขที่ตั้งไว้ หรือหยุดทำงานเมื่อได้จำนวนครบตามที่กำหนดให้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมหยุดทำงานโดยพิจารณาจากจำนวนประชากรสูงสุดที่ดำเนินการและนำมาเป็นเกณฑ์

4. การออกแบบการทดลอง

การออกแบบการทดลอง เริ่มจากการหาค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสม ประกอบด้วยพารามิเตอร์ 4 ชนิด ได้แก่ จำนวนรอบการทำซ้ำ จำนวนประชากร ความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนพันธุกรรม และความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ โดยแต่ละ

พารามิเตอร์จะมี 2 ระดับ ดังตารางที่ 7 โดยทางผู้วิจัยได้ทำการออกแบบการทดลองแบบเต็มรูปแบบ 2 ระดับ (2^k Full Factorial Design) (Parakawong na ayuthaya, Pornsing, 2018) ซึ่งการทดลองนี้จะทำการทดลอง $2^4 = 16$ การทดลอง การทดลองละ 3 ครั้ง รวมทั้งหมด $16 \times 3 = 48$ การทดลอง และจัดลำดับการทดลองแบบสุ่มเพื่อลดความผิดพลาด โดยมีคำสั่งซื้อตัวอย่างจำนวน คำสั่งซื้อ 20

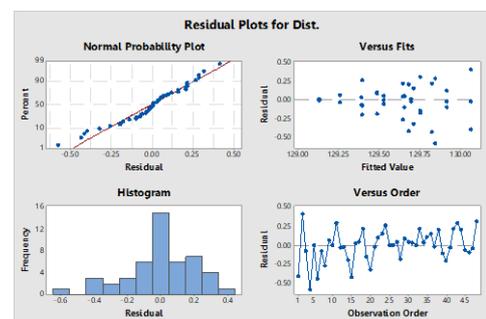
ตารางที่ 7 ค่าพารามิเตอร์ที่ใช้ในการทดลอง

พารามิเตอร์	ค่าที่กำหนด	
	ระดับต่ำ	ระดับสูง
จำนวนรอบ	100	500
จำนวนประชากร	10	20
ความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนพันธุกรรม (P_c)	0.8	0.9
ความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ (P_m)	0.05	0.08

ในการทดลองได้ใช้โปรแกรม VBA (Visual Basic for Application) วิเคราะห์สถิติทางโปรแกรม Minitab 17 และประมวลผลบน Intel Core i3-2330M CPU 2.20GHz โดยใช้หน่วยความจำขนาด 6 GB

4.1 การตรวจสอบการแจกแจงตัวแบบปกติ (Normal Distribution)

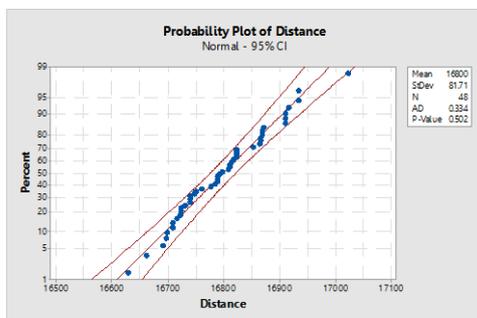
การทดลองการแจกแจงแบบปกติ ของการจัดตารางการผลิตแบบไหลเลื่อนผสม ได้ผลดังรูปที่ 7



รูปที่ 7 การทดลองสมมติฐานของค่าความน่าจะเป็น

จากรูปที่ 7 แสดงการตรวจสอบสมมติฐานทางด้านการกระจายแบบปกติของข้อมูล โดยค่าความน่าจะเป็นแบบปกติของค่าระยะทาง (Normal Probability Plot of Distance) จากข้อมูลมีลักษณะการกระจายตัวแบบแนวเส้นตรง ประมาณได้ว่าค่าระยะทางมีการแจกแจงแบบปกติ ในการทดลองแบบกราฟแท่งของค่าระยะทาง (Histogram of Distance) ซึ่งผลการทดลอง พบว่าลักษณะของกราฟมีลักษณะเป็นรูปทรงระฆังคว่ำและกราฟมีความสมมาตรกัน ประมาณได้ว่าค่าระยะทางมีการแจกแจงแบบปกติ ในการทดลองความแปรปรวนคงที่ของข้อมูล (Plot of Distance Versus the Fitted Values) ข้อมูลมีการกระจายตัวแบบสุ่ม แสดงว่ามีค่าความแปรปรวนไม่คงที่และการทดลองสมมติฐานของความเป็นอิสระ (Versus the Order of the Data) จากกราฟแสดงให้เห็นถึงข้อมูลของการเพิ่มและลดลง ซึ่งการกระจายตัวของค่าระยะทางมีรูปแบบที่เป็นอิสระ ไม่มีรูปแบบที่แน่นอน แสดงให้เห็นว่าค่าระยะทางมีความเป็นอิสระต่อกัน

เมื่อพิจารณาการกระจายตัวค่าระยะทางที่ใช้ในการทดลองการแจกแจงแบบปกติ ที่ระดับความเชื่อมั่น 95% ($\alpha = 0.05$) ได้ผลดังรูปที่ 8

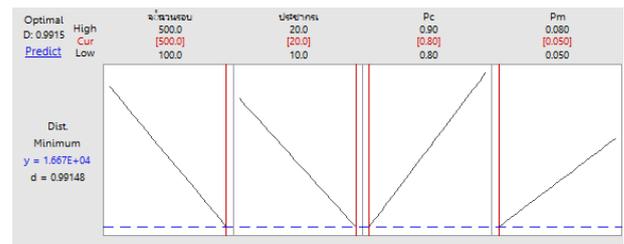


รูปที่ 8 แผนภาพความน่าจะเป็นการแจกแจงแบบปกติ

จากรูปที่ 8 พบว่าค่าระยะทางมีการกระจายตัวเป็นแนวเส้นตรง และค่า P-Value เท่ากับ 0.502 ซึ่งมีค่ามากกว่าค่าระดับนัยสำคัญที่กำหนดไว้ที่ 95% ($P\text{-Value} = 0.502 > 0.05$) แสดงว่าการแจกแจงของการทดลองเป็นปกติ

4.2 การหาค่าระดับปัจจัยที่เหมาะสมในการทดลองด้วยวิธีการหาค่าปัจจัยที่เหมาะสม (Response Optimization)

ผู้วิจัยมีความสนใจที่จะกำหนดค่าระดับปัจจัยที่เหมาะสมเพื่อใช้ในพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ช่วยในการจัดการตารางการผลิตให้กับระบบการผลิตแบบไหลเลื่อนผสม โดยจะทำการทดลองเพื่อหาค่าระดับปัจจัยที่เหมาะสมด้วยวิธีการหาค่าปัจจัยที่เหมาะสม ซึ่งได้ทำการวิเคราะห์โดยกำหนดให้หาค่าที่ต่ำที่สุด (Minimize Goal) ได้ดังรูปที่ 9



รูปที่ 9 ค่าระดับปัจจัยที่เหมาะสม

สรุประดับปัจจัยที่เหมาะสมได้ดังตารางที่ 8 จากนั้นนำค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสม ไปทดลองกับคำสั่งซื้อตัวอย่างของบริษัทจำหน่ายเหล็กแผ่นโดยประกอบด้วย ขนาด (กว้าง, ยาว) และปริมาณ จำนวน 5, 10, 15 และ 20 คำสั่งซื้อ จะมีการทำซ้ำ 10 ครั้ง รวมทั้งสิ้น $4 \times 10 = 40$ ครั้ง และนำผลคำตอบที่ได้ไปเปรียบเทียบกับวิธีที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน และการจัดการตารางการผลิตโดยการหาค่าแม่นยำ (Chaimanee & Supithak, 2015)

ตารางที่ 8 พารามิเตอร์ที่เหมาะสม

พารามิเตอร์	ค่าที่กำหนด
คำสั่งซื้อตัวอย่าง	5, 10, 15 และ 20
จำนวนรอบ	500
จำนวนประชากร	20
ความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนพันธุกรรม	0.8
วิธีการแลกเปลี่ยนพันธุกรรม	การแลกเปลี่ยนพันธุกรรมแบบสองจุด
ความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์	0.05
วิธีการกลายพันธุ์	กลายพันธุ์แบบแทรก

5. ผลการทดลอง

5.1 วิธีการจัดตารางการผลิตที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน

วิธีการจัดตารางการผลิตที่ใช้อยู่ในปัจจุบันทางบริษัทได้ใช้พนักงานในการวางแผนการผลิต โดยอาศัยหลักการแบบมาก่อนผลิตก่อน หรือ First Come First Serve หมายความว่าเมื่อมีคำสั่งซื้อเข้ามาพนักงานก็จะดูว่ามีเครื่องจักรใดบ้างที่ว่างเมื่อพบว่าเครื่องจักรว่างพนักงานก็จะสั่งผลิตคำสั่งซื้อนั้น

5.2 วิธีการจัดตารางการผลิตโดยการหาค่าแม่นยำ (Exact Method)

สำหรับตัวแปรที่ผู้วิจัยได้สร้างขึ้นสำหรับงานวิจัยนี้ เพื่อการหาค่าระยะทางที่น้อยที่สุด และสอดคล้องกับจำนวนเครื่องจักรที่มีอยู่อย่างจำกัด ผู้วิจัยจึงได้สร้างสมการเชิงเส้น (Linear Programming Models) โดยสมการวัตถุประสงค์ได้แก่สมการที่ 5 สมการเงื่อนไขได้แก่สมการที่ 6-7 และใช้โปรแกรม Excel Solver มาช่วยในการแก้ปัญหาเพื่อหาค่าคำตอบที่ดีที่สุด

$$\text{Min Distance}_m = \text{Min} \left(\sqrt{(C_{max})_j^2 + (\bar{F})_j^2} \right)_m \quad (5)$$

$$\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m X_{ij} \leq \text{Machine inventory} \quad (6)$$

$$\sum_{i=1}^n \sum_{p=1}^3 Y_{ip} = 1 \quad (7)$$

เมื่อ m คือ จำนวนของโครโมโซม

j คือ $1, 2, \dots, m$

C_{max} คือ เวลาปิดงานสูงสุด

\bar{F} คือ เวลาที่งานอยู่ในระบบเฉลี่ย

n คือ จำนวนของงาน

i คือ $1, 2, \dots, n$

p คือ กระบวนการในการผลิต มี 3 กระบวนการ

ผลการทดลองดังตารางที่ 9 แสดงคำตอบของวิธีการการจัดตารางการผลิตที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน วิธีการจัดตารางการผลิตโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม และวิธีการจัดตารางการผลิตโดยการหาค่าแม่นยำ พบว่าในคำสั่งซื้อ จำนวน 5 คำสั่งซื้อ วิธีการจัดตารางการผลิตโดยหาค่าแม่นยำ สามารถคำนวณหาค่าระยะทางได้ดีที่สุด แต่เมื่อจำนวนของคำสั่งซื้อเพิ่มขึ้นเป็น 10, 15 และ 20 วิธีการจัดตารางการผลิตโดยการหาค่าแม่นยำ ไม่สามารถคำนวณหาค่าระยะทางได้ภายในเวลา 4 ชั่วโมง ในทางกลับกันวิธีการจัดตารางการผลิตโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถคำนวณหาค่าระยะทางได้ทุกขนาดของคำสั่งซื้อ และเวลาที่ใช้ในการคำนวณก็น้อยกว่าวิธีการจัดตารางการผลิตโดยการหาค่าแม่นยำ

อีกทั้งเมื่อทำการเปรียบเทียบกับวิธีการการจัดตารางการผลิตที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน ดังตารางที่ 10 และ ตารางที่ 11 พบว่าเวลาปิดงานโดยเฉลี่ยลดลง 12.99% เวลาที่งานอยู่ในระบบเฉลี่ยโดยเฉลี่ยลดลง 26.48% และเวลาในการวางแผนการผลิตลดลง 58.74%

สิ่งซื้อ	ค่าระยะทาง			เวลาในการคำนวณ (นาที)		
	ปัจจุบัน	ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม	การหาค่าแม่นยำ	ปัจจุบัน	ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม	การหาค่าแม่นยำ
5	5,239.85	5,232.67	4,929.10	15	7.08	139.13
10	9,938.13	8,584.99	-*	20	6.34	-
15	18,368.97	12,871.03	-*	25	10.55	-
20	18,598.68	16,674.85	-*	30	13.18	-

หมายเหตุ * ไม่สามารถหาค่าระยะทางได้ เนื่องจากมีการรันโปรแกรมมากกว่า 240 นาที แต่ก็ยังไม่มีความคืบหน้าออกมา

ตารางที่ 10 เปรียบเทียบเวลาปิดงานของวิธีที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

คำสั่งซื้อ	เวลาปิดงาน (วินาที)			
	ปัจจุบัน	ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม	ลดลง	คิดเป็น
5	5,210.00	5,210.00	-	0%
10	9,800.00	8,452.50	1,347.50	14%
15	17,968.00	12,720.00	5,248.00	29%
20	18,045.00	16,420.00	1,625.00	9%

คำสั่งซื้อ	เวลาที่งานอยู่ในระบบโดยเฉลี่ย (วินาที)			
	ปัจจุบัน	ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม	ลดลง	คิดเป็น
5	558.51	486.51	72.00	13%
10	1,651.18	1,502.46	148.72	9%
15	3,817.09	1,965.93	1,851.16	48%
20	4,504.34	2,904.16	1,600.17	36%

ตารางที่ 11 เปรียบเทียบเวลาที่งานอยู่ในระบบโดยเฉลี่ยของวิธีที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

6. สรุปผลการทดลอง

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ช่วยในการจัดตารางการผลิตให้กับระบบการผลิตแบบไหลเลื่อนผสมของบริษัทจำหน่ายเหล็กแผ่น โดยประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยหลักการที่สำคัญของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม คือการพัฒนาค่าของคำตอบ และการรักษาคำตอบที่ดีที่สุดไว้

งานวิจัยนี้ใช้วิธีการคัดเลือกแบบวงล้อสุ่ม การแลกเปลี่ยนพันธุกรรมแบบสองจุด และการกลายพันธุกรรมแบบแทรก โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อหาเวลาปิดงาน และเวลาที่งานอยู่ในระบบโดยเฉลี่ยที่ต่ำที่สุด ผ่านการทดลองจัดตารางการผลิตให้กับคำสั่งซื้อตัวอย่างจำนวน 5, 10, 15 และ คำสั่งซื้อ 20 เพื่อเปรียบเทียบกับวิธีที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน และการจัดตารางการผลิตโดยการหาค่าแม่นยำ สามารถสรุปได้ว่าขั้นตอนวิธีเชิง

พันธุกรรมช่วยลดเวลาปิดงาน เวลาที่งานอยู่ในระบบโดยเฉลี่ย และเวลาในการวางแผนการผลิตได้

ดังนั้นขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ได้นำเสนอจึงถือเป็นทางเลือกที่ดีสำหรับบริษัทจำหน่ายเหล็กแผ่น ในการนำไปประยุกต์ใช้เพื่อให้ผลลัพธ์ในการจัดตารางการผลิตที่ดีขึ้น

7. กิตติกรรมประกาศ

ผู้วิจัยขอขอบพระคุณบริษัทจำหน่ายเหล็กแผ่นที่อำนวยความสะดวกในการเก็บข้อมูล และขอขอบคุณมหาวิทยาลัยศิลปากร สำนักงานสภานโยบายการอุดมศึกษา วิทยาศาสตร์ วิจัยและนวัตกรรมแห่งชาติ ที่สนับสนุนเงินทุนสำหรับงานวิจัยนี้

8. เอกสารอ้างอิง

Carrier, J., & Neron, E. (2000). An exact method for solving the multi-processor flow shop. *Rairo Operations Research*, 34, 1-25.

Chaimanee, A., & Supitak, W. (2013). Flexible production scheduling on Parallel machinery in the manufacturing industry. *KMITL Information Technology Journal*, 25(2), 219-231.

Chaimanee, A., & Supithak, W. (2015). Fleible Flow Shop Scheduling Problem with Sequence Dependent Setup Time under Just-Tn-Time Philosophy. *The Journal of KMUTNB*, 25(2), 219-231.

Ebrahimi, M., Ghomi, S. M. T., & Karimi, B. (2014). Hybrid flow shop scheduling with sequence dependent family setup time and uncertain due dates. *Applied Mathematical Modelling*, 38(9-10), 2490-2504.

Engin, O., Ceran, G., & Yilmaz, M. K. (2011). An efficient genetic algorithm for hybrid flow shop scheduling with multiprocessor task problem. *Applied Soft Computing*, 11, 3056-3065.

Genetic Algorithm. (2019). *Simple Genetic Algorithm*. <http://kb.psu.ac.th/psukb/bitstream>

Ibrahim, A. A., El-shaer, R. H., Al-rwasheda, H. A. & Nawarra, G. M. (2013). Flow Shop Scheduling using Genetic Algorithm: Historical review and categorization of procedures. *The Egyptian Journal for Engineering Sciences and Technology*, 16(3), 1671-1685.

Jarboui, B., Siarry, P., & Teghem, J. (2013). *Metaheuristics for Production Scheduling*. ISTE Ltd.

Kahraman, C., Engin, O., Kayk, I., & Ozturk, R. E. (2010). Multiprocessor task scheduling in multistage hybrid flow-shops: A parallel greedy algorithm approach. *Applied Soft Computing*, 10(4), 1293-1300.

Karthik, S., & Prabahara, T. (2014). Hybrid Flowshop Scheduling Using Discrete Harmony Search and Genetic Algorithm. *International Journal of Innovative Research in Science, Engineering and Technology*, 3(3), 1197-1202.

Morais, M. de F., Boiko, T. J. P., Federal, L. dos S. C., Peterson da Rocha, R., & Paraiso, P. R. (2014). Multicriteria hybrid flow shop scheduling problem: literature review, analysis, and future research. *Independent Journal of Management & Production*, 5(4), 1004-1031.

Oguz, C., & Ercan, M. F. (2005). A genetic algorithm for hybrid flow-shop scheduling with multiprocessor tasks. *Journal of Scheduling*, 8, 323-351.

Parakawong na ayuthaya, P., Pornsing, C. (2018). *Design of Experiment to Waste Reduction Injection Process of Electronic Parts* [Master's thesis]. Silpakorn University. <http://ithesis-ir.su.ac.th/dspace/handle/123456789/2110>

Polkavilat, A. (2011). Application of Genetic for Optimisation Problem. *RMUTP Research Journal*, 5(2), 153-163.

Ribas, I., Leisten, R., & Framinan, J. M. (2010). Review and classification of hybrid flow shop scheduling problems from a production system and a solutions procedure perspective. *Computers & Operations Research*, 37, 1439-1454.

Ruiz, R., Antonio, J., & Rodriguez, V. (2010). The hybrid flow shop scheduling problem. *European Journal of Operational Research*, 205, 1-18.

Sangudon, S., & Wuttipornpun, T. (2012). Application of Hybrid Genetic Algorithms for Assembly Flow Shop Scheduling Problem. *The Journal of KMUTNB*, 22(1), 107-117.

Songserm, W., Wuttipornpun, T., & Jaturanonda, C. (2018). Hybrid Metaheuristics and Linear Programming for Finite Capacity MRP in Multi-Stage Flexible Flow Shop with Permutation and Non-permutation Scheduling Options. *Applied Science and Engineering Progress*, 11(3), 173-183.

Songserm, W., Wuttiornpun, T., & Jaturanonda, C. (2018).

Hybrid Metaheuristics and Linear Programming for Finite Capacity MRP in Multi-Stage Flexible Flow Shop with Permutation and Non-permutation Scheduling Options. *KMUTNB International Journal of Applied Science and Technology*, 11(3), 173-183.

Soponchai, S. (2000). *Computer Aided Die Production Scheduling for Automotive Parts Industry* [Master's thesis].

Chulalongkorn University.
<http://www.thaithesis.org/detail.php?id=1082543001269>

Yilmaz, M. K., Kaya, I., Engin, O., & Kahraman, C. (2008). An application of effective genetic algorithms for Solving Hybrid Flow Shop Scheduling Problems. *International Journal of Computational Intelligence Systems*, 1(2), 134-147.

9. ประวัติผู้วิจัย



นางสาวสัจจิตา ทองเกิด
นักศึกษาระดับปริญญาโท
สาขาการจัดการงานวิศวกรรม
บัณฑิตวิทยาลัย
มหาวิทยาลัยศิลปากร



ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ชูศักดิ์ พรสิงห์
อาจารย์ที่ปรึกษา
ภาควิชาวิศวกรรมอุตสาหการและการจัดการ
คณะวิศวกรรมศาสตร์ฯ
มหาวิทยาลัยศิลปากร