# การประยุกต์ใช้การศึกษาเปรียบเทียบวิธีค้นหาแบบตาบูและวิธีเชิงพันธุกรรม สำหรับกลวิธีพื้นผิวตอบสนอง

# An Application of a Comparative Study between Tabu Search and Genetic Algorithms for Response Surface Methodology

**สมศักดิ์ สนเทศ**

**พงศ์ชนัน เหลืองไพบูลย์**

*ภาควิชาวิศวกรรมอุตสาหการ คณะวิศวกรรมศาสตร์*

*มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ศูนย์รังสิต ปทุมธานี 12120*

**บทคัดย่อ**

*การปรับปรุงกระบวนการผลิตในทุกอุตสาหกรรมมีเป้าหมายเพื่อที่จะลดต้นทุนหรือเพิ่มมูลค่าของผลิตภัณฑ์* นอกจากนี้ด้วยเทคโนโลยีที่ก้าวหน้า ระบบที่ใช้ในการดำเนินการจึงเพิ่มความซับซ้อนมากขึ้น วิธีการหาคำตอบหรือการดำเนินการที่เหมาะสมจึงควรที่จะมีการพัฒนา ตัวแบบ หรือวิธีการแก้ปัญหาเพื่อรองรับในสถานการณ์ดังกล่าว อีกทั้งเพื่อให้สามารถตรวจสอบและแก้ไขระบบที่มีขนาดใหญ่และมีโครงสร้างที่ซับซ้อนขึ้น งานวิจัยนี้จะนำเสนอวิธีทางฮิวริสติกบนพื้นฐานของกลวิธีพื้นผิวตอบสนอง 2 วิธีคือ วิธีค้นหาแบบตาบู และวิธีเชิงพันธุกรรม มาทำการทดสอบเปรียบเทียบผ่านการจำลองระบบด้วยโปรแกรมคอมพิวเตอร์โดยใช้สมการทางคณิตศาสตร์ที่เหมาะสม 3 รูปแบบ โดยสมการดังกล่าวประกอบด้วยสมการรูปพาราโบลา สมการเช็คเกล และสมการโรเซ็นบลอค โดยสมการที่ใช้ในการทดสอบระบบประกอบไปด้วย สอง สาม และ สี่ ตัวแปร อีกทั้งประกอบไปด้วยสิ่งรบกวนตามธรรมชาติ (Noise) ณ ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานในระดับต่างๆที่จะต้องนำเข้ามาวิเคราะห์รวมในระบบ *เพื่อช่วยให้เกิดสภาพใกล้เคียงความเป็นจริงมากที่สุด* ผลการทดลองพบว่าวิธีค้นหาแบบตาบูสามารถให้คำตอบได้ดีกว่าในสมการพาราโบลา แต่วิธีเชิงพันธุกรรมจะสามารถหาคำตอบได้ดีกว่าในสมการโรเซ็นบลอคและสมการเช็คเกล อีกทั้งวิธีเชิงพันธุกรรมจะมีโครงสร้างที่ทนทานต่อสิ่งรบกวนมากกว่า และเหมาะสมในการทำงานภายใต้สภาพแวดล้อมการทำงานจริงที่มีสิ่งรบกวนอยู่ แต่ถ้ารูปแบบของสมการทางคณิตศาสตร์ค่อนข้างง่าย วิธีค้นหาแบบตาบูจะเป็นอีกทางเลือกที่เหมาะสมกว่าเนื่องจากให้คำตอบที่ดีกว่าและใช้เวลาและจำนวนครั้งในการทดสอบน้อยกว่าวิธีเชิงพันธุกรรม

**คำสำคัญ :** ตาบู เชิงพันธุกรรม กลวิธีพื้นผิวตอบสนอง สมการรูปพาราโบลา

**Abstract**

The improvement of all industrial processes aims to reduce the cost or enhance product value. With advanced technology the operating systems then seem to be more complicated. The techniques for seeking the optimum should be developed and the models should be also reformulated to fit this situation. The algorithms then can solve the problem with the large and complex system. This research proposes two heuristics algorithms: Tabu Search Method (TS) and Genetic Algorithm (GA) to determine their efficiency via computer simulation. The following surfaces describing the yield,

Parabola, Shekel and Rosenbrock functions. These response surfaces are set with the number of variables of two, three and four. The natural noise is added with various levels of the standard deviation. The results showed that Tabu Search worked well on Parabola Surface. However, Genetic Algorithm gave acceptable performance, the better yields, on Rosenbrock and Shekel Surfaces when compared. Genetic Algorithm has a robust structure, and it is then suitable to be applied on the system with noise. However, TS will has some advantages if the mathematical model is not too complex. It will give the better solution than GA, with fewer runs.

**Keyword :** Tabu search, Genetic algorithms, Response surface methodology , Parabola.

## 1. บทนำ

ในปัจจุบันโรงงานอุตสาหกรรม ระบบขนส่ง หรือการทำงานในองค์กรต่างๆ ล้วนแต่ต้องประสบปัญหาในการทำงานแทบทั้งสิ้น ปัญหาส่วนใหญ่เป็นปัญหาที่ต้องการหาคำตอบที่ดีที่สุดหรือให้ความพึงพอใจสูงสุด ที่อยู่ภายใต้เงื่อนไขต่างๆ โดยจะเรียกปัญหาเหล่านี้ว่า ปัญหาการหาค่าเหมาะสมที่สุด (Optimisation Problem) ตัวอย่างปัญหาเหล่านี้ได้แก่ ปัญหาด้านการวางแผนการผลิต การจัดผังการทำงาน การจัดลำดับการผลิต การกำหนดเส้นทางการขนย้าย หรือการวางผังการเดินรถทางเดียว เป็นต้น ซึ่งคำตอบของปัญหาต่างๆเหล่านี้มีคำตอบอยู่เป็นจำนวนมาก เนื่องจากปัญหามีขนาดใหญ่และสลับซับซ้อนมาก หรือตัวแบบไม่สามารถกำหนดได้อย่างชัดเจน อีกทั้งยังประกอบไปด้วยสิ่งรบกวนตามธรรมชาติ (Noise) ที่จะต้องนำเข้ามาวิเคราะห์รวมในระบบเพื่อช่วยให้เกิดสภาพใกล้เคียงความเป็นจริงมากที่สุด [1]

ดังนั้นจากข้อจำกัดต่างๆ ที่เกิดขึ้นดังกล่าวของระบบ จึงได้มีการพยายามคิดค้นหาแนวทางแก้ปัญหาอื่นๆ เพื่อลดผลกระทบที่อาจเกิดขึ้นจากข้อจำกัดดังกล่าว โดยพบว่าวิธีการแก้ปัญหาแบบฮิวริสติก(Heuristic Algorithms) สามารถเป็นอีกแนวทางหนึ่งซึ่งช่วยในการแก้ไขปัญหาที่ไม่สามารถกำหนดรูปแบบได้ชัดเจน ดังนั้นงานวิจัยจึงมุ่งเน้นเพื่อวัตถุประสงค์นี้โดยเฉพาะ

ในปี ค.ศ. 1989 Goldberg [2,6,7] ได้แนะนำวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) ซึ่งเป็นวิธีการหาคำตอบแบบฮิวริสติก โดยคำตอบที่ได้จะไม่ใช่คำตอบที่ดีที่สุดแต่จะเป็นคำตอบที่เป็นไปได้ที่สามารถหาได้ในช่วงเวลาจำกัดสำหรับปัญหาที่ซับซ้อนและมีความยุ่งยาก วิธีเชิงพันธุกรรม จะเป็นวิธีการหนึ่งที่สามารถหาคำตอบได้อย่างเหมาะสม ในขณะเดียวกันนี้ ในปี ค.ศ. 1989 Glover [3, 4, 5, 8] ก็ได้แนะนำแนวความคิดวิธีค้นหาแบบตาบู (Tabu Search) ซึ่งเป็นวิธีการหาคำตอบแบบฮิวริสติกเช่นกันโดยวิธีการนี้ได้ถูกออกแบบมาเพื่อแก้ปัญหาขนาดใหญ่ และมีความซับซ้อนเช่นเดียวกับวิธีเชิงพันธุกรรม แต่ด้วยวิธีการที่ใช้ในการคำนวณ หรือแก้ปัญหา วิธีการทั้งสองล้วนแต่มีความแตกต่างกันทั้งทางด้านทฤษฎี และการปฏิบัติ

## 2. วิธีการ

1. ศึกษาวิธีค้นหาแบบตาบู วิธีเชิงพันธุกรรม และศึกษารูปแบบสมการทางคณิตศาสตร์ เพื่อใช้จำลองลักษณะของพื้นผิวตอบสนองของระบบในรูปแบบต่างๆ ซึ่งประกอบด้วยสมการรูปพาราโบลา สมการเช็คเกล และสมการโรเซ็นบลอคโดยมีการพิจารณาสิ่งรบกวนร่วมให้กับระบบพื้นผิวตอบสนองด้วย โครงสร้างข้างต้นจึงถูกนำมาใช้เป็นตัวแทนของตัวอย่างปัญหาที่มีความซับซ้อนได้
2. สร้างโปรแกรมคอมพิวเตอร์ที่จะนำมาใช้ในการประมวลผลสำหรับวิธีค้นหาแบบตาบู และวิธีเชิงพันธุกรรม และ นำตัวโปรแกรมดังกล่าวมาประยุกต์เขียนเพื่อให้เกิดความสอดคล้องกับโครงสร้างของวิธีเชิงพันธุกรรมและวิธีค้นหาแบบตาบู ได้
3. ทำการเลือกสมการทางทั้ง 3 แบบประกอบด้วยสมการพาราโบลิค สมการเช็คเกล และสมการโรเซ็นบลอคสำหรับใช้เป็นสมการเป้าหมาย (Objective Function) แล้ว

ทำการประมวลผลด้วยวิธีเชิงพันธุกรรมและวิธีค้นหาแบบตาบู

4. ประเมินผลลัพธ์ที่ได้จากการประมวลผลทั้งสองวิธีและวิเคราะห์ข้อด้อยและข้อดีสำหรับวิธีการทั้งสองพร้อมทั้งเปรียบเทียบสมรรถนะและสรุปผลการดำเนินงาน

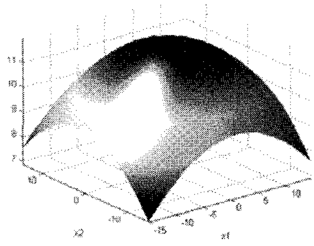
**2.1 สมการพื้นผิวตอบสนองที่ถูกใช้ในงานวิจัย**

การแทนระบบการผลิตด้วยสมการของพื้นผิวตอบสนอง ในงานวิจัยนี้ได้พิจารณาเลือกใช้ 3 สมการ ประกอบด้วยสมการพื้นผิวพาราโบลา (Parabola Surfaces) ซึ่งเป็นสมการที่หาค่าที่ดีที่สุดได้ง่ายเนื่องจากค่าที่ดีที่สุดจะอยู่ที่จุดยอดเพียงจุดเดียว สมการพื้นผิวโรเซ็นบลอค (Rosenbrock Surfaces) เป็นสมการที่หาค่าที่ดีที่สุดได้ยาก เพราะค่าที่ดีที่สุดจะอยู่ ณ บริเวณขอบของพื้นที่ของสมการ และสมการพื้นผิวเช็คเกล 5 ยอด (Shekel Surfaces) เป็นสมการที่มีจุดที่ดีที่สุดหลายยอด เพื่อเป็นการสร้างความแตกต่างในการทดลอง และเป็นการจำลองระบบการผลิตในหลายๆรูปแบบซึ่งมีรายละเอียดดังต่อไปนี้

2.1.1 สมการพื้นผิวพาราโบลา

$$Y = 12 - \sum_{j=1}^{k} [(1 - x_j)^2 / 100]$$

โดยที่ k คือจำนวนของตัวแปร และค่าที่ดีที่สุดของสมการพื้นผิวพาราโบลิคที่ k = 2 จะมีค่าเท่ากับ 12 ที่ $x_1$ = -1 และ $x_2$= -1 ซึ่งแสดงไว้ในภาพที่ 1

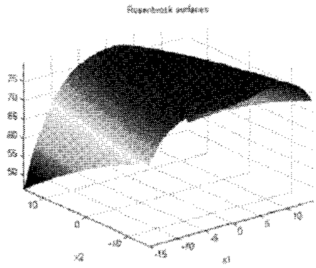



**ภาพที่ 1** แสดงพื้นผิวตอบสนองของสมการพาราโบลา กรณี 2 ตัวแปร

2.1.2 สมการพื้นผิวโรเซ็นบลอค

$$Y=70[(\{20-((1-x_1/a_1)^2+\sum_{j=2}^{4}[(x_j/a_j)-(x_1/a_1)^2]^2)\}+150)/170]+10$$

โดยที่ k คือจำนวนของตัวแปร และกำหนดให้ค่า $a_1$ $a_2$ $a_3$ และ $a_4$ เป็น 6 -7 -2 และ 4 ตามลำดับ และค่าที่ดีที่สุดของสมการพื้นผิวโรเซ็นบลอคที่ k = 2 จะมีค่าเท่ากับ 80 ที่ $x_1$ = 6 และ $x_2$ =-7 ซึ่งแสดงไว้ในภาพที่ 2

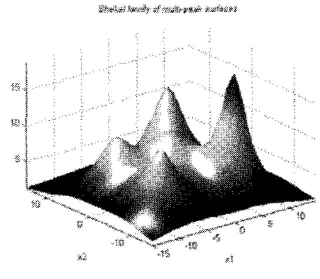



**ภาพที่ 2** แสดงพื้นผิวตอบสนองของสมการโรเซ็นบลอค กรณี 2 ตัวแปร

2.1.3 สมการพื้นผิวเช็คเกล

$$Y=100[\sum_{i=1}^{5}(1/((x_1-a_{i1})^2+(x_2-a_{i2})^2+(x_3-a_{i3})^2+(x_4-a_{i4})^2+c_i))]$$

ค่าที่ดีที่สุดของสมการพื้นผิวเช็คเกลแบบ 5 จุดยอดที่ 2 ตัวแปรจะมีค่าเท่ากับ 18.9805 ที่ $x_1$ = 6 และ $x_2$ =-7 ซึ่งแสดงไว้ในภาพที่ 3 และ $a_{ij}$ และ $c_i$ เป็นค่าคงที่ตามค่าที่ได้ทำการกำหนดไว้ในตารางที่ 1




**ภาพที่ 3** แสดงพื้นผิวตอบสนองของสมการเช็คเกล กรณี 2 ตัวแปร

**ตารางที่ 1** ค่าสัมประสิทธิ์ของสมการเช็คเกล

| i | $a_{ij}$ | | | | $c_i$ |
|---|---|---|---|---|---|
| | j | | | | |
| | 1 | 2 | 3 | 4 | |
| 1 | 4 | 6 | -2 | 2 | 9 |
| 2 | 0 | 0 | -8 | -5 | 20 |
| 3 | -8 | 3 | 4 | 1 | 14 |
| 4 | -8 | -8 | 1 | -7 | 11 |
| 5 | 6 | -7 | -2 | 4 | 6 |

**2.2 วิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้ในการวิจัย**

2.2.1 ขั้นตอนของวิธีเชิงพันธุกรรม

1. กำหนดขอบเขต (Boundary) ของคำตอบที่ต้องการจะค้นหาด้วยตัวเลขจำนวนจริง (ค่าลบจนถึงค่าบวก) ด้วยจำนวนทศนิยมตามกำหนด จำนวนรุ่น (Generation) จำนวนโครโมโซม (Chromosome) ในแต่ละรุ่น จำนวนบิตต่อหนึ่งโครโมโซม ค่าความน่าจะเป็นในการสลับสายพันธุ์และการกลายพันธุ์

2. ทำการสุ่มตัวเลขจากการแจกแจงแบบยูนิฟอร์ม เพื่อหาโครโมโซมรุ่นแรกในรูปแบบของรหัสพันธุกรรม แต่โดยส่วนใหญ่นิยมแปลงให้อยู่ในรูปแบบฐานสองหรือบิต 0 และ 1 จากนั้นแปลงรหัส (Decoding) เลขฐานสองจากบิตดังกล่าวให้เป็นจำนวนจริง

3. เข้าสู่ขั้นตอนการผลิตซ้ำ (Reproduction) เพื่อเลือกโครโมโซมชุดที่เหมาะสมเข้าสู่กระบวนการของวิธีเชิงพันธุกรรม

4. เข้าสู่การสลับสายพันธุ์ (Crossover) เพื่อสร้างประชากรใหม่ที่ดีกว่าประชากรเดิม

5. เข้าสู่การกลายพันธุ์ (Mutation) เพื่อให้เกิดความหลากหลายในประชากรกลุ่มใหม่

6. เข้าสู่การแทนที่ (Replacement) โดยโครโมโซมในประชากรเดิมจะถูกแทนที่ด้วยประชากรใหม่ที่ได้โดยประชากรบางส่วนเท่านั้นที่จะถูกแทนที่ตามกฎความเหมาะสม (Fitness)

7. ทำซ้ำตั้งแต่ขั้นตอนที่ 3 จนกระทั่งได้คำตอบที่ต้องการหรือครบจำนวนครั้งที่กำหนด

2.2.2 โอเปอเรเตอร์ของวิธีเชิงพันธุกรรม

2.2.2.1 การผลิตซ้ำ (Reproduction)

- วิธีรูเล็ต (Roulette Wheel Selection) [7]

เป็นวิธีการผลิตซ้ำแบบมาตรฐานที่กล่าวถึงในทฤษฎีของ Goldberg โดยมีขั้นตอนดังต่อไปนี้

1. ทำการรวบรวมค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ของทุกโครโมโซม

2. คำนวณหาช่วงของความเป็นไปได้ (Expected Value) ในแต่ละโครโมโซม

3. สุ่มตัวเลขแบบยูนิฟอร์มโดยถ้าตัวเลขสุ่มชุดใดๆไปตกอยู่ในช่วงความเป็นไปได้ของโครโมโซมใดๆนั้น โครโมโซมชุดนั้นก็จะถูกคัดลอกเข้าไปไว้ในพูล (Mating Pool)

4. สุ่มตัวเลขจำนวนชุดเท่ากับจำนวนโครโมโซม

5. ทำซ้ำข้อ 3 – 4 จนกระทั่งได้จำนวนโครโมโซมในพูลเท่ากับจำนวนโครโมโซมของต้นแบบ (Parent) แล้วจึงหยุดการทำงาน และเข้าสู่กระบวนการสลับสายพันธุ์ต่อไป

-วิธีเฟ้นสุ่มครอบจักรวาล (Stochastic Universal Sampling) [1]

เป็นวิธีการสุ่มตัวอย่างที่ถูกเรียกใช้เพียงครั้งเดียวก็สามารถคัดเลือกโครโมโซมตามจำนวนที่ต้องการได้ วิธีนี้ทำให้ลดความเหลื่อมล้ำ (Bias) ในแต่ละโครโมโซมสำหรับการคัดเลือกลงเมื่อเทียบกับวิธีดั้งเดิมของวงล้อรูเล็ท ข้อแตกต่างกับแบบวงล้อรูเล็ทอยู่ตรงตัวชี้แต่ละตัวจะมีระยะห่างเท่ากัน โดยมีขั้นตอนดังต่อไปนี้

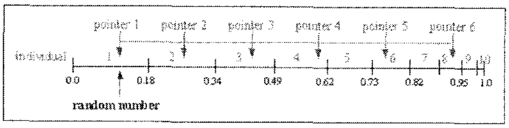
1. ทำการรวบรวมค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ของทุกโครโมโซม

2. คำนวณหาช่วงของความเป็นไปได้ (Expected Value) ในแต่ละโครโมโซม

3.ตัวชี้จะมีจำนวนเท่ากับโครโมโซมที่ต้องการเลือก จากนั้นคำนวณหาระยะห่างของตัวชี้จากค่า 1/ n (n = จำนวนโครโมโซม)

4. ตัวชี้เริ่มต้นถูกสุ่มตัวเลขแบบยูนิฟอร์ม 1 ชุดให้อยู่ในช่วง 0 ถึง 1/ n

5. ตัวชี้ที่เหลือจำนวน n -1 ตัว ถัดจากตัวชี้เริ่มต้นจะถูกกำหนดให้มีระยะห่างระหว่างตัวชี้ที่ติดกันเท่ากับค่า 1/ n โดยถ้าตัวชี้ตัวใดไปตกอยู่ในช่วงความเป็นไปได้ของโครโมโซมใดๆนั้นโครโมโซมชุดนั้นก็จะถูกคัดลอกเข้าไปไว้ในพูล (Mating Pool) และเข้าสู่กระบวนการสลับสายพันธ์ต่อไป




-วิธีทัวร์นาเมนต์ (Tournament Selection) [7]

เป็นวิธีการเดียวกับการแข่งขันกีฬาทั่ว ๆ ไป ทำได้โดยการสุ่มแบ่งกลุ่มคัดเลือกโครโมโซมแล้วเลือกเอาโครโมโซมที่ดีที่สุดในกลุ่มนั้นเพื่อเป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์ จำนวนของโครโมโซมในแต่ละกลุ่มนั้นจะแตกต่างกันออกไป โดยปกติแล้ว จะใช้วิธีสุ่มแบบจับคู่โครโมโซม (นั้นคือมีเพียง 2 โครโมโซมที่ถูกสุ่มคือเข้ามาในแต่ละการแข่งขัน) วิธีจัดการแข่งขันมีความเหมาะสมในการทำให้ปัญหาความเหลื่อมล้ำของค่าความเหมาะสมของโครโมโซมหมดไป โดยมีขั้นตอนดังต่อไปนี้

1. กำหนดตัวเลขตั้งแต่ 1 ถึง n ให้กับโครโมโซมตัวที่ 1 ถึง n

2. สุ่มตัวเลขแบบยูนิฟอร์มระหว่าง 0 ถึง 1 หรือ U (0,1) ขึ้นมา 2 ตัว (i,j) และเทียบกลับไปว่าเป็นโครโมโซมชุดใด

3.เปรียบเทียบค่าฟังก์ชั่นการประเมินของโครโม-โซม ทั้งสองตัวโดยจะคัดลอกโครโมโซมตัวที่มีค่ามากกว่าเข้าไปไว้ในพูล

4. ทำซ้ำจนกระทั่งได้จำนวนโครโมโซมในพูลเท่ากับจำนวนโครโมโซมของต้นแบบ (Parent) แล้วจึงหยุดการทำงานและเข้าสู่กระบวนการสลับสายพันธุ์ต่อไป

2.2.2.2 การสลับสายพันธุ์ (Crossover)

-การสลับสายพันธุ์แบบจุดเดียว

1. จับคู่โครโมโซมเรียงตามลำดับ

2. สุ่มตัวเลขแบบยูนิฟอร์มระหว่าง 0 ถึง 1 หรือ U (0,1) ขึ้นมา 1 ตัว เพื่อเปรียบเทียบกับค่าเปอร์เซ็นต์การสลับสายพันธุ์ (% Crossover) ในกรณีที่ค่าตัวแปรสุ่มมากกว่าค่าเปอร์เซ็นต์การสลับสายพันธุ์ จะมีการสลับสายพันธ์โดยการสุ่มตัวเลขแบบยูนิฟอร์มขึ้นมาอีก 1 ชุดเพื่อจะบอกตำแหน่งการสลับสายพันธุ์ของโครโมโซมทั้ง 2 ชุด แล้วทำการสลับสายพันธุ์

ในกรณีที่ค่าตัวแปรสุ่มน้อยกว่าค่าเปอร์เซนต์การสลับสายพันธุ์จะไม่มีการสลับสายพันธุ์กันระหว่างคู่นั้น

3. ทำจนครบคู่ของโครโมโซมแล้วเข้าสู่กระบวนการกลายพันธุ์ต่อไป

-การสลับสายพันธุ์แบบสองจุด

1. จับคู่โครโมโซมเรียงตามลำดับ

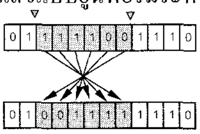
2. สุ่มตัวเลขแบบยูนิฟอร์มระหว่าง 0 ถึง 1 หรือ U (0,1) ขึ้นมา 1 ตัว เพื่อเปรียบเทียบกับค่าเปอร์เซ็นต์การสลับสายพันธุ์ (% Crossover) ในกรณีที่ค่าตัวแปรสุ่มมากกว่าค่าเปอร์เซ็นต์การสลับสายพันธุ์ จะมีการสลับสายพันธุ์โดยการสุ่มตัวเลขแบบยูนิฟอร์มขึ้นมาอีก 2 ชุดเพื่อจะบอกตำแหน่งการสลับสายพันธุ์ของโครโมโซมทั้ง 2 ชุด แล้วทำการสลับค่าระหว่างจุดทั้งสองของสองสายพันธุ์ในกรณีที่ค่าตัวแปรสุ่มน้อยกว่าค่าเปอร์เซ็นต์การสลับสายพันธุ์ จะไม่มีการสลับสายพันธ์กันระหว่างคู่นั้น [10, 11]

3.ทำจนครบคู่ของโครโมโซมแล้วเข้าสู่กระบวนการกลายพันธุ์ต่อไป

-การสลับสายพันธ์แบบสม่ำเสมอ (Uniform)

1. จับคู่โครโมโซมเรียงตามลำดับ

2. สุ่มตัวเลขแบบยูนิฟอร์มระหว่าง 0 ถึง 1 หรือ



U(0,1) ขึ้นมา 1 ตัว เพื่อเปรียบเทียบกับค่าเปอร์เซ็นต์การสลับสายพันธุ์ (% Crossover) ในกรณีที่ค่าตัวแปรสุ่มมากกว่าค่าเปอร์เซ็นต์การสลับสายพันธุ์ จะมีการสลับสายพันธุ์โดยการสุ่มสร้างตัวแบบการสลับสายพันธุ์ (Crossover Template) ขึ้นมาโดยมีความยาวของตัวแบบเท่ากับโครโมโซมที่จะสลับสายพันธุ์แล้วทำการสลับค่าตรงตำแหน่งที่มีค่าบิตเป็นศูนย์ของสองสายพันธุ์ ในกรณีที่ค่าตัวแปรสุ่มน้อยกว่าค่าเปอร์เซ็นต์การสลับสายพันธุ์จะไม่มีการสลับสายพันธุ์กันระหว่างคู่นั้น

3. ทำจนครบคู่ของโครโมโซมแล้ว เข้าสู่กระบวนการกลายพันธุ์ต่อไป

2.2.2.3 การกลายพันธุ์ (Mutation)

-วิธีการกลายพันธุ์มาตรฐาน

1. สุ่มตัวเลขแบบยูนิฟอร์มขึ้นมาสำหรับแต่ละบิตเพื่อเปรียบเทียบกับค่าเปอร์เซนต์การกลายพันธุ์ (% Mutation) ในกรณีที่ค่าตัวแปรสุ่มน้อยกว่าค่าเปอร์เซนต์การกลายพันธุ์จะมีการกลายพันธุ์ในบิตนั้น ในกรณีที่ค่าตัวแปรสุ่มมากกว่าค่าเปอร์เซนต์การกลายพันธ์จะไม่มีการกลายพันธุ์ในบิตนั้น [12]

2. การกลายพันธ์จะทำการสลับบิตกันจาก 1 กลายเป็น 0 หรือ จาก 0 กลายเป็น 1

-วิธีสลับที่ (Swap Mutation)

1. สุ่มตัวเลขแบบยูนิฟอร์มขึ้นมา 1 ตัวเพื่อเปรียบเทียบกับค่าเปอร์เซนต์การกลายพันธุ์ (% Mutation) ในกรณีที่ค่าตัวแปรสุ่มน้อยกว่าค่าเปอร์เซนต์การกลายพันธุ์จะมีการกลายพันธ์ในโครโมโซมนั้น ในกรณีที่ค่าตัวแปรสุ่มมากกว่าค่าเปอร์เซนต์การกลายพันธุ์ จะไม่มีการกลายพันธุ์ในโครโมโซมนั้น

2. สุ่มตัวเลขเลือกตำแหน่ง 2 ตำแหน่ง

3. สลับที่ระหว่างบิตทั้ง 2 ตำแหน่ง

011111001110 → 011110011110

-วิธีอินเวอร์สชั่น

1. สุ่มตัวเลขแบบยูนิฟอร์มขึ้นมา 1 ตัว เพื่อเปรียบเทียบกับค่าเปอร์เซนต์การกลายพันธุ์ (% Mutation) ในกรณีที่ค่าตัวแปรสุ่มน้อยกว่าค่าเปอร์เซนต์การกลายพันธุ์ จะมีการ กลายพันธ์ในโครโมโซมนั้น ในกรณีที่ค่าตัวแปรสุ่มมากกว่าค่าเปอร์เซนต์การกลายพันธุ์ จะไม่มีการกลายพันธุ์ในโครโมโซมนั้น

2. สุ่มตัวเลขเลือกตำแหน่งและจำนวนของบิตที่จะทำการอินเวอร์ส

3. ทำการอินเวอร์สตามตำแหน่ง

**2.3 วิธีค้นหาแบบตาบูที่ใช้ในงานวิจัย**

คำว่า Tabu หรือ Taboo นั้นหมายถึงข้อห้าม หรือการห้าม ดังนั้น วิธีค้นหาแบบตาบู (Tabu Search) จึงหมายถึงวิธีการค้นหาที่มีข้อห้าม หรือการห้ามการค้นหาคำตอบในบางขอบเขต ในวิธีการห้ามดังกล่าวนั้นจะเป็นการห้ามเพื่อที่จะช่วยให้ไม่ต้องไปค้นหาคำตอบเดิม หรือการวนรอบ (Cyclic) การค้นหาคำตอบซึ่งอยู่ในขอบเขตของการค้นหาเดิม ซึ่งจะส่งผลให้ไม่สามารถหาคำตอบที่ดีขึ้นได้ [8]

2.3.1 ขั้นตอนของวิธีค้นหาแบบตาบู

วิธีการค้นหาแบบตาบูประกอบไปด้วยรูปแบบการค้นหาคำตอบ 2 รูปแบบที่สำคัญคือ การค้นหาคำตอบโดยการใช้หน่วยความจำระยะสั้น (Short-term Memory) และการการค้นหาคำตอบโดยการใช้หน่วยความจำระยะยาว (Long-term Memory) ซึ่งการค้นหาคำตอบโดยการใช้หน่วยความจำระยะสั้นถือเป็นหน่วยความจำตามเวลา (Recency-base Memory) หมายถึงการค้นหาที่จดจำอดีตหรือประสบการณ์การค้นหาที่ผ่านมาเพียงระยะสั้น ในทางตรงกันข้ามการค้นหาคำตอบโดยการใช้หน่วยความจำระยะยาวถือเป็นหน่วยความจำตามความถี่ (Frequency-base Memory) หมายถึงการค้นหาที่ต้องจดจำอดีตหรือประสบการณ์ที่ผ่านมาตลอดเพื่อช่วยให้การค้นหาคำตอบเป็นไปอย่างมีประสิทธิภาพมากขึ้น โดยวิธีการทำงานดังนี้

1. กำหนดค่าพารามิเตอร์ คือการเลือกใช้เกณฑ์ความปรารถนา (Aspiration Criteria) จำนวนการเป็นตาบู (Tabu List Size) และความถี่สูงสุดที่จะเป็นตาบู (Frequency Maximum)

2. สร้างคำตอบเริ่มต้น โดยใช้การสุ่ม (Random)

3. กำหนดให้คำตอบที่มีอยู่เป็นคำตอบที่ดีที่สุด จากนั้นสร้างเซตของคำตอบข้างเคียง (Neighbor) โดยคำตอบข้างเคียงที่ได้รับ จะมีความแตกต่างจากคำตอบเริ่มต้น 1 บิต ประชากรเริ่มต้น: *1001011010 1100011010*

สร้างเซตของคำตอบข้างเคียง

ประชากรที่ 1 : <u>0</u>001011010 1100011010

ประชากรที่ 2 : 1<u>1</u>01011010 1100011010

ประชากรที่ 3 : 10<u>1</u>1011010 1100011010

: : : : : : : : : : : : : : : :

ประชากรสุดท้าย: 1001011010 110001101<u>1</u>

4.คำนวณคำตอบของประชากรทั้งหมดด้วยฟังก์ชั่นเป้าหมาย (Objective Function)

5. ตรวจสอบรายการตาบู (Tabu List) เป็นรายการที่คอยบันทึกข้อมูลกระบวนการค้นหาในอดีต ถ้าคำตอบข้างเคียงนั้นถูกเป็นตาบู เกินระยะเวลาที่กำหนดให้ยกเลิกการห้ามของคำตอบข้างเคียงนั้น

6. ดำเนินการค้นหาคำตอบจากกลุ่มคำตอบข้างเคียง โดยคำตอบข้างเคียงนั้นจะต้องไม่เป็นตาบู และเป็นคำตอบที่ดีกว่าหรือเท่ากับคำตอบที่ดีที่สุด

7.ใช้เกณฑ์ความปรารถนาในการตรวจสอบคำตอบข้างเคียง ถ้าคำตอบข้างเคียงนั้นถูกเป็นตาบู แต่สามารถให้คำตอบที่ดีไม่เคยพบมาก่อน ก็สามารถเลือกเป็นคำตอบได้

8. ถ้าไม่สามารถหาคำตอบที่ดีกว่าเดิมได้ให้เรียกใช้ข้อมูลปรับโทษในการหาคำตอบเริ่มต้นใหม่ โดยใช้ คำตอบข้างเคียงบวกจำนวนการเป็นตาบู และลบออกด้วยข้อมูลความถี่ จากนั้นพิจารณาถ้าสามารถให้คำตอบที่ดีกว่าคำตอบที่ดีที่สุดและไม่ถูกห้ามให้เลือกคำตอบข้างเคียงนั้นเป็นคำตอบปัจจุบันได้ดังสมการ

Penalized Valve (i) = Y(i) + Recency(i) – Frequency(i)9. ทำการย้ายตำแหน่งไปยังคำตอบปัจจุบันที่ถูกเลือก แล้วปรับปรุงรายการตาบูในตำแหน่งของคำตอบที่ถูกเลือกให้เป็นปัจจุบัน และเพิ่มจำนวนครั้งในการเลือกในตำแหน่งของคำตอบที่ถูกเลือกในข้อมูลความถี่

10. เริ่มต้นทำซ้ำ เริ่มจากข้อ 3 ลงมาไปเรื่อยๆ จนกระทั่งได้คำตอบที่ต้องการหรือครบจำนวนรอบ (Generation) ที่กำหนด

2.3.2 ค่าพารามิเตอร์ และส่วนประกอบที่สำคัญของวิธีค้นหาแบบตาบู [6]

1. จำนวนการเป็นตาบู (Tabu List Size) ถือเป็นข้อมูลตามเวลา (Recency) หมายถึงจำนวนรอบที่การค้นหาที่เงื่อนไขที่ถูกเลือกไปแล้วนั้น จะถูกห้ามเลือกในรอบถัดไปเป็นระยะเวลาเป็นจำนวนรอบที่กำหนด

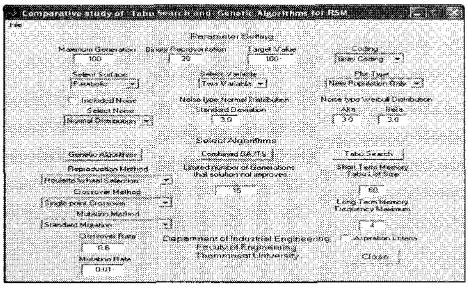
2. ความถี่สูงสุดที่จะถูกทำให้เป็นตาบู (Frequency Maximum) เป็นการใช้ข้อมูลความถี่เป็นตัวกำหนดว่าการค้นหาในเงื่อนไขนั้นมีการใช้บ่อยแค่ไหน ถ้ามีการใช้บ่อยเกินค่าความถี่สูงสุดที่ตั้งไว้ การค้นหาในเงื่อนไขนั้นจะถูกทำให้เป็นตาบู และเมื่อการค้นหาในเงื่อนไขที่ถูกเป็นตาบูด้วยเงื่อนไขของข้อมูลความถี่เนื่องจากมีการใช้บ่อยเกินไป การเป็นตาบูนี้สามารถถูกยกเลิก ด้วยเงื่อนไขของข้อมูลตามเวลา เมื่อมันถูกเป็นตาบูนานเกินไป

3. เกณฑ์ความปรารถนา (Aspiration Criteria) ในระหว่างการค้นหาพบว่าเงื่อนไขที่ถูกห้ามนั้น สามารถให้คำตอบที่ดีที่ไม่เคยเกิดขึ้นมาก่อนเลยในการพิจารณาที่ผ่านมา ก็สามารถที่จะยกเว้นการห้ามและยอมรับคำตอบนั้นได้

**2.4 การประยุกต์ใช้โปรแกรมเพื่อการวิจัย**

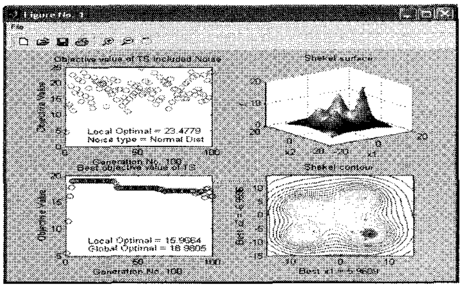
ในการศึกษาเปรียบเทียบวิธีการทั้งสอง ได้จัดทำโปรแกรมการวิเคราะห์เพื่อให้เกิดความสะดวกและรวดเร็ว ดังมีส่วนประกอบดังต่อไปนี้

2.4.1 ส่วนการรับค่าของโปรแกรมที่เกิดจากการป้อนค่าของผู้ใช้



**ภาพที่ 4** หน้าจอส่วนรับค่าของโปรแกรม

2.4.2 ส่วนแสดงผล



**ภาพที่ 5** หน้าจอแสดงผลของโปรแกรมกรณีสมการเช็คเกล 2 ตัวแปร

## 3. ผลการทดลอง

### 3.1 การออกแบบการทดลองของวิธีเชิงพันธุกรรม

ในการทดสอบวิธีเชิงพันธุกรรมนี้ผู้วิจัยได้คัดเลือกเจเนติกส์โอเปอร์เรเตอร์ หลายๆแบบเพื่อนำมาหาตัวที่ดีที่สุดสำหรับงานวิจัยนี้ โดยจะคัดเลือกการผลิตซ้ำ 3 แบบ การสลับสายพันธุ์ 3 แบบ และการกลายพันธุ์ 3 แบบ ในการทดลองนี้จะอาศัยการออกแบบการทดลองเป็นชนิดแฟคทอเรียลสมบูรณ์ (Full Factorial Design) ซึ่งมีจำนวนของระดับตัวแปร 3 ระดับ สำหรับการผลิตซ้ำ การสลับสายพันธ์ และการ กลายพันธุ์ตามลำดับ และจำนวนการทดสอบซ้ำ 10 ครั้งต่อ 1 วิธีปฏิบัติ (Treatment) และจะทำการทดสอบสมการพื้นผิวตอบสนองทั้ง 3 ตัว ที่จำนวน 2 3 และ 4 ตัวแปร และสิ่งรบกวนระบบที่ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานเท่ากับ 1 และ 3 รวมเป็นการทดลองทั้งหมด 486 การทดลอง [9]

### 3.2 การออกแบบการทดลองของวิธีค้นหาแบบตาบู

พารามิเตอร์ที่สำคัญของวิธีค้นหาแบบตาบูประกอบด้วย 3 ตัวคือ การใช้เกณฑ์ความปรารถนา (Aspiration Criteria) จำนวนการเป็นตาบู (Tabu List Size) และความถี่สูงสุดที่จะเป็นตาบู (Frequency Maximum) และจะทำการทดลองโดยอาศัยการออกแบบการทดลองเป็นชนิดแฟคทอเรียลสมบูรณ์ (Full Factorial Design) ซึ่งมีจำนวนของระดับตัวแปร 2 3 และ 4 สำหรับการใช้เกณฑ์ความปรารถนา จำนวนการเป็นตาบู และความถี่สูงสุดที่จะเป็นตาบู ตามลำดับ และจำนวนการทดสอบซ้ำ 10 ครั้งต่อ 1 วิธีปฏิบัติ (Treatment) และจะทำการทดสอบสมการพื้นผิวตอบสนองทั้ง 3 ตัว ที่จำนวน 2 3 และ 4 ตัวแปร และสิ่งรบกวนระบบที่มีส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานเท่ากับ 1 และ 3 เช่นเดียวกันกับวิธีเชิงพันธุกรรม รวมเป็นการทดลองทั้งหมด 324 การทดลอง

### 3.3 ผลการทดลอง

เมื่อทำการเปรียบเทียบผลการทดลองระหว่างสองวิธีเชิงด้วยการออกแบบการทดลองเพื่อเลือกค่าที่ดีที่สุดสำหรับสมการทั้ง 3 ตัวที่จำนวนตัวแปรเท่ากับ 2 3 และ 4 รวมถึงสิ่งรบกวนระบบที่มีส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานเท่ากับ 1 และ 3 สามารถสรุปได้ดังตารางที่ 2 3 และ 4

**ตารางที่ 2** การเปรียบเทียบผลลัพธ์ของสมการพาราโบลาที่คำนวณได้จากทั้งสองวิธี

| วิธีการ | วิธีเชิงพันธุกรรม | | | | | | วิธีการค้นหาแบบตาบู | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| จำนวนตัวแปร | 2 | | 3 | | 4 | | 2 | | 3 | | 4 | |
| สิ่งรบกวนระบบ | 1 | 3 | 1 | 3 | 1 | 3 | 1 | 3 | 1 | 3 | 1 | 3 |
| ค่ามากที่สุด | 12.000 | 12.000 | 11.999 | 12.000 | 11.998 | 11.998 | 12.000 | 12.000 | 12.000 | 12.000 | 12.000 | 12.000 |
| ค่าน้อยที่สุด | 11.999 | 11.997 | 11.995 | 11.989 | 11.986 | 11.965 | 12.000 | 12.000 | 12.000 | 12.000 | 12.000 | 12.000 |
| ค่ามัธยฐาน | 12.000 | 12.000 | 11.998 | 11.998 | 11.993 | 11.983 | 12.000 | 12.000 | 12.000 | 12.000 | 12.000 | 12.000 |
| ค่าเฉลี่ย | 12.000 | 11.999 | 11.997 | 11.996 | 11.992 | 11.982 | 12.000 | 12.000 | 12.000 | 12.000 | 12.000 | 12.000 |
| ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน | 0.0002 | 0.0011 | 0.0012 | 0.0037 | 0.0042 | 0.0108 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |

**ตารางที่ 3** การเปรียบเทียบผลลัพธ์ของสมการโรเซนบลอคที่คำนวณได้จากทั้งสองวิธี

| วิธีการ | วิธีเชิงพันธุกรรม | | | | | | วิธีการค้นหาแบบตาบู | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| จำนวนตัวแปร | 2 | | 3 | | 4 | | 2 | | 3 | | 4 | |
| สิ่งรบกวนระบบ | 1 | 3 | 1 | 3 | 1 | 3 | 1 | 3 | 1 | 3 | 1 | 3 |
| ค่ามากที่สุด | 80.000 | 80.000 | 80.000 | 79.998 | 79.991 | 79.995 | 80.000 | 80.000 | 80.000 | 80.000 | 79.999 | 79.997 |
| ค่าน้อยที่สุด | 79.998 | 79.997 | 79.983 | 79.978 | 79.955 | 79.946 | 79.989 | 79.988 | 79.959 | 79.902 | 79.959 | 79.929 |
| ค่ามัธยฐาน | 80.000 | 79.999 | 79.995 | 79.994 | 79.988 | 79.977 | 80.000 | 79.999 | 79.999 | 79.995 | 79.990 | 79.986 |
| ค่าเฉลี่ย | 80.000 | 79.999 | 79.994 | 79.992 | 79.979 | 79.974 | 79.999 | 79.996 | 79.993 | 79.983 | 79.989 | 79.978 |
| ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน | 0.0006 | 0.0010 | 0.0061 | 0.0070 | 0.0163 | 0.0185 | 0.0035 | 0.0046 | 0.0137 | 0.0312 | 0.0123 | 0.0225 |

**ตารางที่ 4** การเปรียบเทียบผลลัพธ์ของสมการเช็คเกลที่คำนวณได้จากทั้งสองวิธี

| วิธีการ | วิธีเชิงพันธุกรรม | | | | | | วิธีการค้นหาแบบตาบู | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| จำนวนตัวแปร | 2 | | 3 | | 4 | | 2 | | 3 | | 4 | |
| สิ่งรบกวนระบบ | 1 | 3 | 1 | 3 | 1 | 3 | 1 | 3 | 1 | 3 | 1 | 3 |
| ค่ามากที่สุด | 18.982 | 18.980 | 18.676 | 18.679 | 18.214 | 18.223 | 18.981 | 18.981 | 18.680 | 18.680 | 18.235 | 18.235 |
| ค่าน้อยที่สุด | 18.975 | 18.970 | 18.598 | 18.159 | 13.002 | 8.793 | 13.982 | 12.799 | 7.803 | 7.805 | 8.026 | 7.025 |
| ค่ามัธยฐาน | 18.978 | 18.978 | 18.670 | 18.658 | 16.131 | 18.098 | 18.977 | 18.949 | 18.626 | 12.176 | 13.019 | 13.019 |
| ค่าเฉลี่ย | 18.978 | 18.976 | 18.658 | 18.605 | 16.020 | 15.907 | 18.447 | 17.843 | 16.190 | 13.140 | 13.077 | 12.197 |
| ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน | 0.0022 | 0.0039 | 0.0269 | 0.1581 | 2.1789 | 3.6908 | 1.5719 | 2.3632 | 4.0061 | 4.3516 | 3.443 | 3.9013 |

## 4. บทสรุป

การวิจัยนี้ดำเนินการภายใต้แนวคิดของการจำลองระบบการผลิตที่ใช้ในงานของภาคอุตสาหกรรมผ่านทางสมการพื้นผิวตอบสนองทั้ง 3 รูปแบบคือ สมการพาราโบลา ซึ่งเป็นสมการที่สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ง่ายเนื่องจากมีจุดยอดเพียงจุดเดียว สมการโรเซ็นบลอคและสมการเช็คเกลแบบที่มี 5 จุดยอด เป็นแบบที่หาคำตอบที่ดีที่สุดได้ยาก พร้อมทั้งมีการป้อนสิ่งรบกวนเข้าไปในระบบเพื่อจำลองสภาพแวดล้อมให้ใกล้เคียงกับความเป็นจริงที่ระบบอาจถูกรบกวนจากสิ่งที่ไม่ต้องการ จากนั้นจะทำการทดลองในสภาพต่างๆผ่านวิธีฮิวริสติคที่เหมาะสม 2 วิธีคือ วิธีเชิงพันธุกรรม และวิธีการค้นหาแบบตาบู

เมื่อได้ผลการทดลองแล้วจะทำการเลือกพารา-มิเตอร์ที่ดีที่สุดจากค่า P (P Value) ในตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) แต่กลับพบว่าวิธีเชิงพันธุกรรมและวิธีการค้นหาแบบตาบูนั้นค่า P (P Value) ไม่แสดงถึงพารามิเตอร์ที่มีนัยสำคัญดังนั้นการเลือกพารามิเตอร์ที่เหมาะสมของวิธีทั้งสองจึงมุ่งไปที่กราฟผลกระทบหลัก (Main Effect Plot) ซึ่งเป็นอีกปัจจัยที่สามารถหาพารามิเตอร์ที่ดีได้ จากนั้นก็จะนำเอาผลการทดลองจากพารามิเตอร์ที่ถูกเลือกมาเปรียบเทียบกันสำหรับทั้งสองวิธี และสามารถสรุปเป็นผลการทดลองได้ว่า จากการทดลองซ้ำ 10 ครั้งต่อ 1 วิธีปฏิบัติพบว่าสิ่งรบกวนระบบที่มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานเท่ากับ 3 จะทำให้ทั้งค่าเฉลี่ยและความแปรปรวนที่ด้อยกว่าคำตอบที่ได้เมื่อมีการใส่สิ่งรบ- กวนระบบที่มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานเท่ากับ 1 ทั้งจากวิธีเชิงพันธุกรรมและวิธีการค้นหาแบบตาบู ดังนั้นสามารถสรุปได้ว่ายิ่งสิ่งรบกวนของระบบยิ่งมากขึ้นการหาคำตอบที่ดีที่สุดจะยิ่งเกิดข้อผิดพลาด (Error or Residual) ทำให้ไม่สามารถหาค่าที่ดีที่สุดจริงได้

**ตารางที่ 5** ผล ANOVA วิธีเชิงพันธุกรรม ด้วยสมการพาราโบลิค 2 ตัวแปรและค่าความแปรปรวนของสิ่งรบกวนเท่ากับ 3

| Source | DF | Seq SS | Adj SS | Adj MS | F | P |
|---|---|---|---|---|---|---|
| Reproduction | 2 | 0.0020381 | 0.0020381 | 0.001019 | 16.88 | 0 |
| Crossover | 2 | 0.0000165 | 0.0000165 | 0.0000082 | 0.14 | 0.873 |
| Mutation | 2 | 0.000039 | 0.000039 | 0.0000195 | 0.32 | 0.724 |
| Reproduction*Crossover | 4 | 0.000101 | 0.000101 | 0.0000252 | 0.42 | 0.795 |
| Reproduction*Mutation | 4 | 0.0001265 | 0.0001265 | 0.0000316 | 0.52 | 0.718 |
| Crossover*Mutation | 4 | 0.000107 | 0.000107 | 0.0000267 | 0.44 | 0.777 |
| Reproduction*Crossover*Mutation | 8 | 0.0002712 | 0.0002712 | 0.0000339 | 0.56 | 0.809 |
| Error | 243 | 0.014666 | 0.014666 | 0.0000604 | | |
| Total | 269 | 0.0173652 | | | | |

และจากการทดลองทำให้ได้พบว่าการหาคำตอบของสมการพาราโบลา ที่คำนวณได้จากวิธีการค้นหาแบบตาบู รวมทั้งมีการป้อนค่าของสิ่งรบกวนเท่ากับ 1 และ 3 เข้าไปนั้น ให้ค่าเฉลี่ยของคำตอบที่สูงกว่า และค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานต่ำกว่าวิธีเชิงพันธุกรรม ซึ่งสามารถสรุปได้ว่าวิธีการค้นหาแบบตาบูมีประสิทธิภาพกว่าวิธีเชิงพันธุกรรม สำหรับการหาคำตอบของสมการพาราโบลา ที่มีจำนวนตัวแปร 2 3 และ 4 รวมถึงสิ่งรบกวนที่ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 1 และ 3 ที่ป้อนเข้าไป

ส่วนสมการโรเซ็นบลอคและสมการเช็คเกล คำตอบของสมการที่คำนวณได้จากวิธีเชิงพันธุกรรม รวมทั้งมีการป้อนค่าของสิ่งรบกวนเท่ากับ 1 และ 3 เข้าไปนั้นสามารถให้ค่าเฉลี่ยของคำตอบที่สูงกว่าและค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานต่ำกว่าวิธีการค้นหาแบบตาบู ซึ่งสามารถสรุปได้วิธีเชิงพันธุกรรมมีประสิทธิภาพกว่าวิธีการค้นหาแบบตาบู สำหรับการหาคำตอบของสมการโรเซ็นบลอคและสมการเช็คเกล ที่มีจำนวนตัวแปร 2 3 และ 4 รวมถึงสิ่งรบกวนที่ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน 1 และ 3 ที่ป้อนเข้าไป

จากการวิจัยสามารถสรุปข้อดีได้ดังนี้

1.วิธีเชิงพันธุกรรมและวิธีการค้นหาแบบตาบูเป็นวิธีทางฮิวริสติคทั้ง 2 แบบที่สามารถหาค่าที่ดีที่สุดได้โดยไม่ต้องมีสมการขอบข่าย (Constraints) และสามารถแก้ไขปัญหาการหาค่าที่ดีที่สุดได้หลายรูปแบบเพราะตัวโครงสร้างของวิธีการทั้งสองมีความยืดหยุ่นสูง

2. ทั้งวิธีเชิงพันธุกรรมและวิธีการค้นหาแบบตาบูสามารถหาผลลัพธ์ได้ใกล้เคียงกับค่าที่ดีที่สุดในระยะเวลาที่จำกัด

3. ในกรณีที่ไม่มีสิ่งรบกวนระบบและสมการพื้นผิวตอบสนองเป็นรูปแบบอย่างง่าย เช่นสมการพาราโบลา 2 ตัวแปร วิธีการค้นหาแบบตาบูจะสามารถหาคำตอบได้ดีกว่าและรวดเร็วกว่าวิธีเชิงพันธุกรรม แต่ถ้าสมการที่มีความซับซ้อนมากขึ้นวิธีเชิงพันธุกรรมจะมีแนวโน้มการหาคำตอบได้ดีกว่า

4. ในกรณีที่มีสิ่งรบกวนระบบวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถที่จะหาคำตอบได้ดีกว่าวิธีการค้นหาแบบตาบูเนื่องจากโครงสร้างของการทำงานที่แตกต่างกันโดยรูปแบบของวิธีเชิงพันธุกรรมนั้นเอื้ออำนวยในการทนต่อสิ่ง รบกวน มากกว่าดังที่ Goldberg [7] ได้กล่าวไว้ว่าวิธีเชิงพันธุกรรมจะทำงานและแก้ไขปัญหาด้วยการแปลงค่า (Coding) เป็นบิตโดยไม่ได้เกิดจากการปัญหาจากค่าของตัวแปรโดยตรง และแก้ไขปัญหาโดยใช้กลุ่มของคำตอบเป็นตัวตั้ง ไม่ใช่แก้ปัญหาจากคำตอบเริ่มต้นเดียวที่สร้างขึ้นมา รวมถึงการทำให้เกิดคำตอบจะมาจากค่าความเหมาะสม (Fitness Function) ไม่ได้เกิดมาจากการแก้สมการอนุพันธ์ (Derivative Differential Equation)

## 5. ข้อเสนอแนะในงานวิจัย

1. งานวิจัยนี้ตั้งพื้นฐานอยู่ที่การจำลองระบบการผลิตผ่านทางสมการพื้นผิวตอบสนอง 3 แบบและมีการใส่สิ่งรบกวนระบบเข้าไปเพื่อให้สภาพการทดสอบใกล้เคียงความเป็นจริงแต่ถ้าในกรณีที่จะนำไปใช้กับสายการผลิตจริงควรจะมีการออกแบบการทดลองเพื่อเลือกพารามิเตอร์ที่เหมาะสมกับงานทดลองนั้นๆ เพื่อความถูกต้องแม่นยำของคำตอบ

2. การกำหนดพารามิเตอร์บางประเภทจะส่งผลต่อระยะเวลาที่ใช้ในการทำงานเช่น จำนวนบิต จำนวนโครโมโซม และจำนวนรุ่น ในวิธีเชิงพันธุกรรม และวิธีค้นหาแบบตาบู ถ้ากำหนดให้มีค่ามากเกินไปคำตอบที่ได้อาจมีค่าดีมากแต่เวลาที่ใช้ในการทดสอบก็จะมากขึ้นตาม ดังนั้นควรที่จะกำหนดค่าให้เหมาะสมกับเวลาที่จัดสรรไว้

3. ถ้าพบว่าในระบบจริงที่จะทำการทดสอบมีสิ่งรบกวนเกิดขึ้น วิธีเชิงพันธุกรรมจะเป็นวิธีที่ใช้ในการหาคำตอบที่ดีที่สุดที่เหมาะสมกว่าวิธีการค้นหาแบบตาบู เนื่องจากมีโครงสร้างที่ทนทานต่อสิ่งรบกวนได้ดีกว่า

## 6. เอกสารอ้างอิง

[1] Baker, J. E., Reducing Bias and Inefficiency in the Selection Algorithm, Lawrence Erlbaum Associates Publishers, 1987.

[2] Gen, M., Cheng, R., Genetic Algorithms and Engineering Optimization Design, John Wiley & Sons, Inc. 1944.

[3] Glover F., Tabu Search – Part I, ORSA Journal on Computing, 1989.

[4] Glover F., Laguna M., Properties of Optimal Solutions to the Min k-Tree Problem, University of Colorado at Boulder, 1997.

[5] Glover F., Laguna M., Tabu Search, Kluwer Academic Publishers, 1997.

[6] Goldberg, D.E., Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning, Addison-Wesley Publishing Company, 1989.

[7] Grefenstette, J.J., Optimization of Control Parameters for Genetic Algorithms, IEEE Transactions and System, 1986.

[8] Laguna M., A Guide to Implementing Tabu Search, Investigation Operation, 1994.

[9] Montgomery, D. C., Design and Analysis of Experiments, John Wiley & Sons, 2001.

[10] Poon, P.W., Carter, J.N., Genetic Algorithms Crossover Operations for Ordering Applications, Computer and Operations Research, 1995.

[11] South, M. C., Wetherill, G. B., Tham, M. T., Hitch-Hiker's Guide to Genetic Algorithms, Journal of Applied Statistic, 1993.

[12] Yeo, K. K., Chul, J. H., Yeongho, K., Sequencing in Mixed Model Assembly Lines: A Genetic Algorithms Approach, Computer and Operations Research, 1996.