



การไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง: เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบใหม่สำหรับแก้ปัญหากับดัก  
Front-rear crossover: A new crossover technique for solving a trap problem

ดิลก พุ่มสุวรรณ

มหาวิทยาลัยบูรพา

2560

การไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง: เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบใหม่สำหรับแก้ปัญหาทับตัก



ดิลก พุ่มสุวรรณ

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาวิทยาการสารสนเทศ

คณะวิทยาการสารสนเทศ มหาวิทยาลัยบูรพา

2560

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยบูรพา

Front-rear crossover: A new crossover technique for solving a trap problem



DILOK PUMSUWAN

A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT OF  
THE REQUIREMENTS FOR THE MASTER OF SCIENCE

IN INFORMATICS

FACULTY OF INFORMATICS

BURAPHA UNIVERSITY

2017

COPYRIGHT OF BURAPHA UNIVERSITY

คณะกรรมการควบคุมวิทยานิพนธ์และคณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ได้พิจารณา  
วิทยานิพนธ์ของ ดิลก พุ่มสุวรรณ ฉบับนี้แล้ว เห็นสมควรรับเป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร  
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาวิทยาการสารสนเทศ ของมหาวิทยาลัยบูรพาได้

คณะกรรมการควบคุมวิทยานิพนธ์

..... อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก  
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สุนิสา ริมเจริญ)

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

..... ประธาน  
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. สุนิสา ริมเจริญ)

..... กรรมการ  
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ณัฐนนท์ ลีลาตระกูล)

..... กรรมการภายนอก  
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. คทา ประดิษฐ์วงศ์)

คณะวิทยาการสารสนเทศอนุมัติให้รับวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษา  
ตามหลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาวิทยาการสารสนเทศ ของมหาวิทยาลัยบูรพา

..... คณบดีคณะวิทยาการ  
สารสนเทศ  
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. กฤษณะ ชินสาร)

วันที่.....เดือน.....พ.ศ.....

59910227: สาขาวิชา: วิทยาการสารสนเทศ; วท.ม. (วิทยาการสารสนเทศ)

คำสำคัญ: ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม; การไขว้เปลี่ยน; ปัญหาทับดัก

ดิลก พุ่มสุวรรณ: การไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง: เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบใหม่สำหรับแก้ปัญหาทับดัก (Front-rear crossover: A new crossover technique for solving a trap problem) คณะกรรมการควบคุมวิทยานิพนธ์: สุนิสา रिมเจริญ ปี พ.ศ. 2560

การไขว้เปลี่ยนเป็นปัจจัยสำคัญของความสำเร็จในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่มีอยู่นั้นไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาทับดักได้ ซึ่งปัญหาทับดักเป็นปัญหาที่ต้องการหลีกเลี่ยงให้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสร้างคำตอบที่มีจำนวนบิตศูนย์ออกมากเป็นจำนวนมากแต่คำตอบที่ถูกต้องคือคำตอบจะต้องเป็นบิตหนึ่งทั้งหมด ขั้นตอนวิธีการเพิ่มประสิทธิภาพชกรรม (BOA) เป็นขั้นตอนวิธีที่ดีที่สุดในการหาคำตอบของปัญหาทับดักแต่ขั้นตอนที่ใช้ทรัพยากรคำนวณเป็นจำนวนมาก งานวิจัยนี้ได้นำเสนอเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบใหม่ที่เรียกว่า การไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง โดยการไขว้เปลี่ยนจะถูกนำเสนออยู่ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมพื้นฐาน ผู้วิจัยได้ทำการทดลองเทคนิคที่นำเสนอกับฟังก์ชันทดสอบหลายแบบและเปรียบเทียบประสิทธิภาพกับ 4 เทคนิคการไขว้เปลี่ยนได้แก่ การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป และการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน ผลจากการทดลองพบว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนมีประสิทธิภาพในการหาคำตอบที่ดีและสามารถหาคำตอบของปัญหาทับดักที่นำมาทดสอบได้ นอกจากนั้นยังใช้ทรัพยากรคำนวณน้อยกว่าขั้นตอนวิธีการเพิ่มประสิทธิภาพชกรรม (BOA) ถึง 40 เท่า

59910227: MAJOR: INFORMATICS; M.Sc. (INFORMATICS)

KEYWORDS: genetic algorithm; crossover; trap problem

DILOK PUMSUWAN: Front-rear crossover: A new crossover technique for solving a trap problem. ADVISORY COMMITTEE: SUNISA RIMCHAROEN 2017

Crossover methods are important keys to the success of genetic algorithms. However, traditional crossover methods fail to solve a trap problem, which is a difficult benchmark problem designed to deceive genetic algorithms to favor all-zero bits, while the actual solution is all-one bits. The Bayesian optimization algorithm (BOA) is the most famous algorithm that can solve the trap problem; however, it incurs a large computational cost. This paper, therefore, proposes a novel crossover technique, called a front-rear crossover (FRC), to enhance the simple genetic algorithm. We test the proposed technique with various benchmark problems and compare the results with four other crossover algorithms, including single point crossover (SPC), two point crossover (TPC), uniform crossover (UC) and ring crossover (RC). The FRC outperforms the four techniques in all test problems. It can also solve the trap problem by requiring the 40 times lesser number of fitness evaluations than BOA's.

## กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลงได้ด้วยดี โดยได้รับความแนะนำและความช่วยเหลือจากหลาย ๆ ฝ่าย อันเป็นประโยชน์อย่างยิ่งต่อการดำเนินงานในครั้งนี้ จึงใคร่ขอกล่าวขอบคุณดังนี้

ขอขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สุนิสา रिเมเจริญ อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก ที่กรุณาให้คำแนะนำ ให้ความช่วยเหลือในการศึกษาค้นคว้า รวมถึงการให้คำปรึกษา การเอาใจใส่และกำลังใจในการทำงานเป็นอย่างดี ทำให้งานวิจัยนี้สำเร็จลงได้ด้วยดี

ขอบคุณคณะวิทยาการสารสนเทศ มหาวิทยาลัยบูรพาสำหรับทุนอุดหนุนการวิจัย ประเภทเงินรายได้ เพื่อส่งเสริมและพัฒนาศักยภาพผู้ช่วยวิจัย ประจำปีงบประมาณ 2560

ขอบคุณเพื่อน ๆ รวมถึงทุกคนในครอบครัว ที่คอยเป็นกำลังใจและคอยแนะนำแนวทางต่าง ๆ มาโดยตลอด

ท้ายสุดนี้ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณบิดา มารดา ที่คอยสนับสนุนและให้กำลังใจรวมถึงการให้โอกาสทางด้านการศึกษา ห่วงใยข้าพเจ้าตลอดมาจนทำให้ข้าพเจ้ามีทุกวันนี้

คุณค่าและประโยชน์ของวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ ผู้วิจัยขอมอบเป็นกตัญญูกตเวทิตาแด่บุพการี บุรพาจารย์ และผู้มีพระคุณทุกท่านทั้งในอดีตและปัจจุบัน ที่ทำให้ข้าพเจ้าเป็นผู้ที่มีการศึกษาและประสบความสำเร็จมาจนตราบเท่าทุกวันนี้

ดิฉกรรณ พุ่มสุวรรณ



## สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	ง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	จ
กิตติกรรมประกาศ.....	ฉ
สารบัญ.....	ช
สารบัญตาราง.....	ญ
สารบัญภาพ.....	ฎ
บทที่ 1 .....	14
บทนำ.....	14
1.1 ที่มาและความสำคัญของงานวิจัย.....	14
1.2 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย .....	15
1.3 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ.....	16
1.4 ขอบเขตของงานวิจัย.....	16
1.5 ประเด็นปัญหาทางงานวิจัย .....	17
1.6 สมมติฐานของงานวิจัย.....	17
1.7 แผนการดำเนินงานวิทยานิพนธ์ .....	17
บทที่ 2 .....	18
ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง .....	18
2.1 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม.....	18
2.1.1 องค์ประกอบหลักของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม .....	18
2.1.1.1 การเข้ารหัสโครโมโซม (Chromosome encoding).....	18
2.1.1.2 การสร้างประชากรต้นกำเนิด (Initial population).....	20



2.1.1.3 การให้คะแนนโครโมโซม (Fitness function).....	20
2.1.1.4 การดำเนินการทางพันธุกรรม .....	20
2.1.1.4.1 การคัดเลือก (Selection).....	21
2.1.1.4.2 การไขว้เปลี่ยน (Crossover).....	21
2.1.1.4.3 การกลายพันธุ์ (Mutation).....	23
2.1.2 ขั้นตอนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม .....	24
2.1.3 การคำนวณหาค่าความหลากหลาย.....	25
2.2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	26
2.2.1 งานวิจัยการไขว้เปลี่ยน.....	26
2.2.2 งานวิจัยเกี่ยวกับปัญหาภัยคุกคาม.....	28
บทที่ 3 .....	29
วิธีการที่นำเสนอเบื้องต้น .....	29
3.1 การเตรียมการเบื้องต้น.....	29
3.1.1 การเตรียมการทำงานสำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม.....	29
3.1.1.1 การสร้างประชากรต้นกำเนิด (Initialization) .....	29
3.1.1.2 การประเมินความเหมาะสมของโครโมโซม (Fitness evaluation).....	30
3.1.1.3 การคัดเลือกประชากรต้นกำเนิด (Selection).....	32
3.1.1.4 การไขว้เปลี่ยน (Crossover).....	32
3.1.1.5 การกลายพันธุ์ (Mutation).....	32
3.2 การคำนวณทรัพยากรสำหรับใช้ประมวลผลของขั้นตอนวิธี .....	32
3.2.1 ความหมายของทรัพยากรคำนวณ.....	33
3.2.2 การนับจำนวนทรัพยากรการคำนวณสำหรับขั้นตอนวิธี.....	33
3.2.2.1 การนับจำนวนทรัพยากรสำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม .....	33
3.2.2.2 การวัดประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธี .....	33

3.3 การกำหนดค่าที่ใช้ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม .....	33
3.4 เทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบใหม่ที่นำเสนอ .....	34
บทที่ 4 .....	36
ผลการทดลอง .....	36
4.1 การเปรียบเทียบประสิทธิภาพเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอกับการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ ...	36
4.2 การเปรียบเทียบประสิทธิภาพเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอกับขั้นตอนวิธีรูปแบบต่าง ๆ .	46
4.3 การวิเคราะห์การลู่เข้าสู่คำตอบ .....	49
4.3.1 การวิเคราะห์การไขว้เปลี่ยนจากรูปแบบการตัดแลง .....	49
4.3.2 การวิเคราะห์พฤติกรรมจากค่าความหลากหลายในระดับยีน .....	52
4.3.3 การวิเคราะห์ความหลากหลายของประชากร .....	59
บทที่ 5 .....	69
วิจารณ์และสรุปผล .....	69
บรรณานุกรม .....	71
ภาคผนวก .....	73
ประวัติย่อของผู้วิจัย .....	90

## สารบัญตาราง

	หน้า
ตารางที่ 1 แผนการดำเนินงานวิทยานิพนธ์ .....	17
ตารางที่ 2 การประเมินค่าความเหมาะสมของ Trap 3.....	31
ตารางที่ 3 การประเมินค่าความเหมาะสมของ Trap 5.....	31
ตารางที่ 4 ค่าพารามิเตอร์ที่ใช้ในการทดลอง .....	34
ตารางที่ 5 ประสิทธิภาพของการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ .....	37
ตารางที่ 6 ประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาที่ดักขนาด 3, ความยาวโครโมโซมเท่ากับ 21 บิต .....	46
ตารางที่ 7 ประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาที่ดักขนาด 3, ความยาวโครโมโซมเท่ากับ 30 บิต .....	47

## สารบัญภาพ

	หน้า
ภาพที่ 1 การเข้ารหัสโครโมโซมแบบเลขฐานสอง .....	19
ภาพที่ 2 การเข้ารหัสโครโมโซมแบบค่าต่าง ๆ .....	19
ภาพที่ 3 การเข้ารหัสโครโมโซมแบบเรียงสับเปลี่ยน .....	19
ภาพที่ 4 การเข้ารหัสโครโมโซมแบบทรี .....	20
ภาพที่ 5 การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว .....	22
ภาพที่ 6 การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด .....	22
ภาพที่ 7 การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป .....	23
ภาพที่ 8 การกลายพันธุ์ในตำแหน่งบิต .....	23
ภาพที่ 9 การกลายพันธุ์แบบสลับ .....	23
ภาพที่ 10 ขั้นตอนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม .....	24
ภาพที่ 11 การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน .....	27
ภาพที่ 12 การไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง .....	35
ภาพที่ 13 ตัวอย่างการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง .....	35
ภาพที่ 14 ทรัพยากรที่ใช้ในปัญหาบิตหนึ่งมากสุดในความยาว 30 บิต .....	39
ภาพที่ 15 การลู่เข้าคำตอบในปัญหาบิตหนึ่งมากสุดในความยาว 30 บิต .....	40
ภาพที่ 16 ทรัพยากรที่ใช้ในปัญหาบิตศูนย์มากสุดในความยาว 30 บิต .....	40
ภาพที่ 17 การลู่เข้าคำตอบในปัญหาบิตศูนย์มากสุดในความยาว 30 บิต .....	41
ภาพที่ 18 ทรัพยากรที่ใช้ในปัญหากับดักขนาด 3 ในความยาว 30 บิต .....	41
ภาพที่ 19 การลู่เข้าคำตอบในปัญหากับดักขนาด 3 ในความยาว 30 บิต .....	42
ภาพที่ 20 ทรัพยากรที่ใช้ในปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มในความยาว 30 บิต .....	43
ภาพที่ 21 การลู่เข้าคำตอบในปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มในความยาว 30 บิต .....	43

ภาพที่ 22	ทรัพยากรที่ใช้ในปัญหาบิตหนึ่งมากสุดในความยาว 60 บิต .....	44
ภาพที่ 23	การลู่เข้าคำตอบในปัญหาบิตหนึ่งมากสุดในความยาว 60 บิต .....	44
ภาพที่ 24	ทรัพยากรที่ใช้ในปัญหากับดักขนาด 5 ในความยาว 30 บิต .....	45
ภาพที่ 25	การลู่เข้าคำตอบในปัญหากับดักขนาด 5 ในความยาว 30 บิต .....	45
ภาพที่ 26	จำนวนครั้งที่ใช้ในการประเมินค่าความเหมาะสมของปัญหากับดักขนาด 5 .....	48
ภาพที่ 27	ความแตกต่างระหว่างการไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิมและแบบใหม่ .....	50
ภาพที่ 28	ความแตกต่างระหว่างการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนกับการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง .....	51
ภาพที่ 29	ค่าความหลากหลายระดับยีนของการไขว้เปลี่ยนในปัญหาบิตหนึ่งมากสุด .....	53
ภาพที่ 30	ค่าความหลากหลายระดับยีนของการไขว้เปลี่ยนในปัญหาบิตศูนย์มากสุด .....	54
ภาพที่ 31	ค่าความหลากหลายระดับยีนของการไขว้เปลี่ยนในปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่ม .....	55
ภาพที่ 32	ค่าความหลากหลายระดับยีนของการไขว้เปลี่ยนในปัญหากับดักขนาด 3 .....	57
ภาพที่ 33	ค่าความหลากหลายระดับยีนของการไขว้เปลี่ยนในปัญหากับดักขนาด 5 .....	58
ภาพที่ 34	แผนที่ความร้อนในปัญหาบิตหนึ่งมากสุดที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว .....	60
ภาพที่ 35	แผนที่ความร้อนในปัญหาบิตหนึ่งมากสุดที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด .....	60
ภาพที่ 36	แผนที่ความร้อนในปัญหาบิตหนึ่งมากสุดที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป .....	61
ภาพที่ 37	แผนที่ความร้อนในปัญหาบิตหนึ่งมากสุดที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน .....	62
ภาพที่ 38	แผนที่ความร้อนในปัญหาบิตหนึ่งมากสุดที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง .....	62
ภาพที่ 39	แผนที่ความร้อนในปัญหากับดักขนาด 3 ความยาว 30 บิตที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว .....	63
ภาพที่ 40	แผนที่ความร้อนในปัญหากับดักขนาด 3 ความยาว 30 บิตที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด .....	64

ภาพที่ 41 แผนที่ความร้อนในปัญหาที่บิตกขนาด 3 ความยาว 30 บิตที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้ เปลี่ยนแบบเอกรูป.....	64
ภาพที่ 42 แผนที่ความร้อนในปัญหาที่บิตกขนาด 3 ความยาว 30 บิตที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้ เปลี่ยนแบบวงแหวน.....	65
ภาพที่ 43 แผนที่ความร้อนในปัญหาที่บิตกขนาด 3 ความยาว 30 บิตที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้ เปลี่ยนแบบหน้าหลัง.....	66
ภาพที่ 44 แผนที่ความร้อนในปัญหาที่บิตกขนาด 5 ความยาว 60 บิตที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้ เปลี่ยนแบบวงแหวน.....	67
ภาพที่ 45 แผนที่ความร้อนในปัญหาที่บิตกขนาด 5 ความยาว 60 บิตที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้ เปลี่ยนแบบหน้าหลัง.....	68



# บทที่ 1

## บทนำ

### 1.1 ที่มาและความสำคัญของงานวิจัย

ปัจจุบันได้มีการคิดขั้นตอนวิธีในการแก้ปัญหาต่าง ๆ ขึ้นมาอย่างมากมาย เพื่อนำไปใช้แก้ปัญหาที่มีรูปแบบที่แตกต่างกันออกไป ซึ่งปัญหาหนึ่ง ๆ สามารถมีวิธีการแก้ปัญหามากกว่าหนึ่งวิธี และวิธีที่จะได้รับความนิยมมากที่สุดก็ย่อมเป็นขั้นตอนวิธีแก้ปัญหาที่ทำให้ได้มาซึ่งคำตอบที่รวดเร็วและใช้ทรัพยากรน้อยในการหาคำตอบนั่นเอง ในงานวิจัยนี้ได้นำเสนอการแก้ปัญหากับขั้นตอนวิธีหนึ่งๆที่เรียกว่า ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic algorithm : GA) โดยนักวิจัยส่วนหนึ่งทำการวิจัยเกี่ยวกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนี้จะมุ่งเน้นในการหาวิธีเพิ่มประสิทธิภาพให้กับขั้นตอนวิธี เพื่อให้ขั้นตอนวิธีสามารถแก้ปัญหาหรือหาคำตอบได้ดีและเร็วขึ้น ซึ่งส่วนใหญ่ นักวิจัยมักจะมุ่งเน้นในการปรับปรุงส่วนของการดำเนินการตามธรรมชาติ ที่ประกอบไปด้วยขั้นตอนของการคัดเลือก ขั้นตอนของการไขว้เปลี่ยน และขั้นตอนของการกลายพันธุ์ ซึ่งทั้งสามขั้นตอนเป็นการดำเนินการที่อยู่ในขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมทั้งสิ้น นักวิจัยจะทำการหาเทคนิคให้กับขั้นตอนต่าง ๆ โดยใช้วิธีการมากมายเพื่อหวังว่าขั้นตอนวิธีจะมีประสิทธิภาพที่ดีขึ้น

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนั้นเป็นขั้นตอนวิธีที่อาศัยหลักการของการวิวัฒนาการทางธรรมชาติ และการคัดเลือกตามธรรมชาติ ขั้นตอนวิธีจะทำการหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาหนึ่ง ๆ โดยการสร้างคำตอบขึ้นมาจำนวนหนึ่งจากการสุ่มคำตอบขึ้นมาจากนั้นทำให้คำตอบอยู่ในรูปโครโมโซมเพื่อที่จะสามารถนำไปดำเนินการทางพันธุกรรมในขั้นตอนได้ เมื่อทำการเข้ารหัสเสร็จสิ้น ขั้นตอนวิธีจะทำการให้ค่าคะแนนแก่คำตอบที่สุ่มขึ้นมาหรือทำการประเมินค่าความเหมาะสมของโครโมโซมคำตอบนั่นเอง วิธีที่ใช้ในการประเมินคำตอบนั้นก็มีความแตกต่างกันออกไปในแต่ละปัญหา บางปัญหาที่มีการประเมินค่าความเหมาะสมที่ระดับโครโมโซมบางปัญหาประเมินค่าความเหมาะสมจากคำตอบที่ถอดรหัสจากโครโมโซมเป็นคำตอบแล้ว เมื่อผ่านขั้นตอนการประเมินค่าความเหมาะสมมาแล้ว ขั้นตอนวิธีจะทำการคัดเลือกโดยเลือกเอาโครโมโซมหรือคำตอบที่มีค่าความเหมาะสมที่ค่อนข้างสูงมาเป็นพ่อแม่พันธุ์แม่พันธุ์ในการผสมคำตอบ จากนั้นก็ใช้หลักการการดำเนินการทางพันธุกรรมทำการผสมคำตอบที่ถูกเลือกจากขั้นตอนการคัดเลือกให้เกิดเป็นคำตอบใหม่ และหลังจากที่ทำการผสมคำตอบหรือไขว้เปลี่ยนเสร็จสิ้นก็จะเข้าสู่ขั้นตอนของการกลายพันธุ์ที่จะเปลี่ยนแปลงโครโมโซมคำตอบ โดยขั้นตอนการคัดเลือกและการดำเนินการทางพันธุกรรมทำเพื่อหวังว่าคำตอบใหม่ที่ได้มานั้นจะมีความใกล้เคียงกับคำตอบที่ต้องการหรือคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหามากขึ้น ขั้นตอน



จะทำการผลิตคำตอบขึ้นมาเรื่อย ๆ จนกว่าจะเจอคำตอบที่ถูกต้องหรือพบคำตอบที่ต้องการหรือทรัพยากรในการคำนวณที่ได้กำหนดไว้หมดลง ขั้นตอนเหล่านี้จะเป็นหัวใจสำคัญในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยประสิทธิภาพในการหาคำตอบของปัญหาหรือความเร็วในการเจอคำตอบล้วนขึ้นอยู่กับกระบวนการเหล่านี้ทั้งสิ้น ผู้วิจัยส่วนหนึ่งที่ต้องการปรับปรุงและเพิ่มประสิทธิภาพให้กับขั้นตอนวิธีจึงมุ่งเน้นในการปรับปรุงวิธีในขั้นตอนของการคัดเลือก ขั้นตอนของการไขว้เปลี่ยน และขั้นตอนของการกลายพันธุ์

ในงานวิจัยนี้ได้มีจุดประสงค์ในการเพิ่มประสิทธิภาพให้กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยการนำเสนอเทคนิคในการผสมคำตอบหรือการไขว้เปลี่ยนแบบใหม่ที่มีชื่อเรียกว่า การไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง (Front-rear crossover) และนอกจากนี้งานวิจัยนี้ได้ทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนอื่น ๆ ว่ามีประสิทธิภาพในการหาคำตอบเป็นอย่างไรภายใต้ขอบเขตของปัญหาที่กำหนด ซึ่งเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่ถูกนำมาทดลองและเปรียบเทียบประสิทธิภาพนั้นจะประกอบไปด้วย 4 เทคนิคได้แก่ การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป และการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน และทุกเทคนิคจะต้องทำการทดลองกับปัญหาทดสอบ (Benchmark Problem) ทั้ง 4 ปัญหาได้แก่ ปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุด ปัญหาบิตศูนย์มากที่สุด ปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่ม และปัญหากับดัก อย่างที่กล่าวไว้ข้างต้นจุดประสงค์หลักของงานวิจัยนี้ต้องการที่จะนำเสนอเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่ใช้ในการแก้ปัญหากับดักที่เป็นปัญหาที่ยาก ซึ่งจากผลการวิจัยพบว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอมีประสิทธิภาพในการหาคำตอบที่ดีกว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนอื่น ๆ ที่ถูกนำมาทดลองในปัญหากับดักและปัญหาที่ถูกนำมาทดลองส่วนหนึ่ง และนอกจากนี้การเปรียบเทียบประสิทธิภาพของเทคนิคจะทำให้เห็นว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบใดเหมาะสมกับปัญหาแบบใด เพื่อเป็นแนวทางในการนำเอาเทคนิคไปปรับใช้กับปัญหาให้ได้คำตอบที่ดีและมีประสิทธิภาพในการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมากขึ้น

## 1.2 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย

1. เพื่อศึกษาและวิเคราะห์เทคนิคในการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ
2. เพื่อค้นหาเทคนิคในการแก้ปัญหากับดัก
3. เพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพของเทคนิคในการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ กับปัญหาทดสอบ
4. เพื่อเป็นแนวทางให้ผู้สนใจสามารถนำแนวคิดที่ได้นำเสนอไปทำการพัฒนาหรือนำไปประยุกต์ใช้ในงานต่าง ๆ

### 1.3 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. เข้าใจวิธีการทำงานในเทคนิคของการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ
2. เข้าใจในตัวปัญหากับดัก
3. เป็นแนวทางในการเลือกใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่เหมาะสมและมีประสิทธิภาพกับปัญหา
4. ได้เทคนิคของการไขว้เปลี่ยนรูปแบบใหม่ที่สามารถแก้ปัญหากับดักได้มีประสิทธิภาพที่ดีขึ้น
5. เข้าใจถึงจุดเด่นและจุดด้อยของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ
6. เป็นแนวทางให้ผู้สนใจสามารถนำแนวคิดที่ได้นำเสนอไปทำการพัฒนาหรือนำไปประยุกต์ใช้ในงานต่าง ๆ

### 1.4 ขอบเขตของงานวิจัย

งานวิจัยนี้มุ่งเน้นในการนำเสนอเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบใหม่ที่ใช้แก้ปัญหากับดักและทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนในปัญหาต่าง ๆ โดยขอบเขตของงานวิจัยมีดังนี้

1. ปัญหาที่ถูกนำมาทำการทดลองเพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพของการไขว้เปลี่ยนประกอบไปด้วย 4 ปัญหา ได้แก่ ปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุด (One max problem) ปัญหาบิตศูนย์มากที่สุด (Zero max problem) ปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่ม (Random max problem) และปัญหากับดัก (Trap problem)
2. เทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่ถูกนำมาศึกษาทดลองในการเปรียบเทียบประสิทธิภาพประกอบไปด้วย 4 เทคนิค ได้แก่ การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว (One point crossover) การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด (Two points crossover) การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป (Uniform crossover) และการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน (Ring crossover)

### 1.5 ประเด็นปัญหางานวิจัย

ประเด็นปัญหา คือ ความยากในการหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหากับดัก

เป้าหมาย : สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหากับดักได้

ข้อเสียของวิธีการเดิม

- เทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่มีนั้นจะทำการผสมคำตอบให้ได้คำตอบใหม่ออกมาที่ไม่สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหากับดักได้

### 1.6 สมมติฐานของงานวิจัย

1. เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบใหม่ที่น่าเสนอน่าจะสามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหากับดักได้
2. เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบใหม่ที่น่าเสนอน่าจะใช้จำนวนครั้งในการประเมินคุณภาพคำตอบน้อยลงเมื่อเทียบกับวิธีการอื่นที่นำมาเปรียบเทียบ

### 1.7 แผนการดำเนินงานวิทยานิพนธ์

สำหรับงานวิทยานิพนธ์นี้ได้กำหนดระยะเวลาในการจัดทำ เพื่อให้บรรลุตามวัตถุประสงค์ที่ได้กำหนดไว้ ซึ่งรายละเอียดของการดำเนินงานแสดงในตารางที่ 1 ดังนี้

ตารางที่ 1 แผนการดำเนินงานวิทยานิพนธ์

การดำเนินงาน	2559		2560			2561
	ส.ค.-ต.ค.	พ.ย.-ธ.ค.	ม.ค.-เม.ย.	พ.ค.-ก.ค.	ส.ค.-ธ.ค.	ม.ค.-เม.ย.
รวบรวมข้อมูลและศึกษา ปัญหางานวิจัย	→					
ศึกษาขั้นตอนและคิดค้น เทคนิคสำหรับแก้ปัญห		→				
เขียนโปรแกรมทดสอบ			→			
เผยแพร่งานวิจัยที่ 1				→		
ศึกษาวิเคราะห์ขั้นตอน วิธี					→	
เผยแพร่งานวิจัยที่ 2					→	
จัดทำวิทยานิพนธ์						→

## บทที่ 2

### ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

งานวิจัยนี้ได้มีการนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic algorithm) มาใช้ในการทำการทดลอง ซึ่งในบทนี้จะอธิบายถึงความเป็นมาและความสำคัญ ขั้นตอนวิธี และองค์ประกอบต่าง ๆ ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม การไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ รวมทั้งอธิบายถึงงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง รายละเอียดต่าง ๆ มีดังต่อไปนี้

#### 2.1 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เป็นขั้นตอนวิธีที่ใช้สำหรับการค้นหาคำตอบของปัญหา ที่มีการนำเอาหลักการเชิงวิวัฒนาการและการคัดเลือกตามธรรมชาติมาประยุกต์ใช้ ซึ่งหลักการทางชีววิทยาดังกล่าวได้ถูกค้นพบมาในช่วงปลายปี ค.ศ. 1950 หลักการดังกล่าวถูกคิดค้นขึ้นเพื่อต้องการหารูปแบบในการวิวัฒนาการตามธรรมชาติ ในเวลาต่อมา (Golberg, 1989) ได้มีการนำหลักชีววิทยาที่ว่านี้มาประยุกต์ใช้ในการแก้ปัญหาด้วยคอมพิวเตอร์ ซึ่งเป็นที่นิยมอย่างแพร่หลาย และมีนักวิจัยพยายามปรับปรุงในส่วนต่าง ๆ เพื่อให้ขั้นตอนวิธีมีประสิทธิภาพในการหาคำตอบของปัญหาได้ดีมากยิ่งขึ้น ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม นั้นมีส่วนประกอบของขั้นตอนต่าง ๆ ดังนี้

##### 2.1.1 องค์ประกอบหลักของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

###### 2.1.1.1 การเข้ารหัสโครโมโซม (Chromosome encoding)

เป็นขั้นตอนเริ่มต้นในกระบวนการ คือการกำหนดโครโมโซมให้อยู่ในรูปแบบที่สอดคล้องกับปัญหา โดยส่วนมากมักจะกำหนดให้อยู่ในรูปแบบของแถวอักขระ (String of alphabet) หรือแถวของเลขฐานสอง (Bit string) โดยตำแหน่งของยีนแต่ละยีนจะแทนองค์ประกอบต่าง ๆ ของคำตอบในปัญหา การเข้ารหัสโครโมโซมสามารถทำได้หลายรูปแบบ ขึ้นอยู่กับรูปแบบขององค์ประกอบย่อยของคำตอบและปัญหาที่ต่างกันออกไป โดยตัวอย่างการเข้ารหัสโครโมโซมในรูปแบบต่าง ๆ มีดังนี้

- การเข้ารหัสโครโมโซมแบบเลขฐานสอง (Binary encoding) เป็นขั้นตอนของการเข้ารหัสโครโมโซมที่ทำการเปลี่ยนคำตอบให้อยู่ในรูปของเลขฐานสอง (Binary) ที่มีค่าในองค์ประกอบย่อยหรือตำแหน่งหนึ่ง ๆ เป็นค่า 0 หรือ 1 เท่านั้น ดังภาพที่ 1

Chromosome A	1	0	1	0	0
Chromosome B	1	1	0	1	0

ภาพที่ 1 การเข้ารหัสโครโมโซมแบบเลขฐานสอง

- การเข้ารหัสโครโมโซมโดยค่าต่าง ๆ (Value encoding) เป็นขั้นตอนการเข้ารหัสโครโมโซมที่แทนค่าในองค์ประกอบย่อยหรือตำแหน่งหนึ่ง ๆ ด้วยชนิดข้อมูลรูปแบบต่าง ๆ เช่น ตัวอักษร จำนวนจริง หรือคำสั่งในรูปแบบต่าง ดังตัวอย่างภาพที่ 2

Chromosome A	a	b	c	d	e
Chromosome B	0.11	0.25	3.21	4.12	0.65
Chromosome C	left	up	right	left	back

ภาพที่ 2 การเข้ารหัสโครโมโซมแบบค่าต่าง ๆ

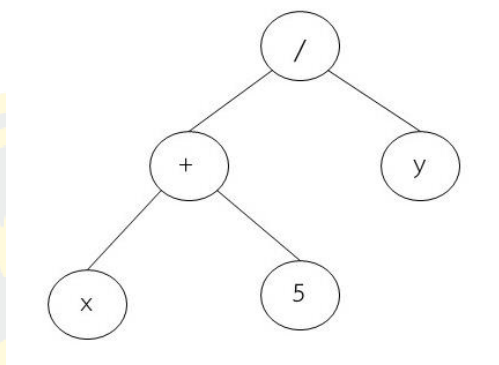
- การเข้ารหัสโครโมโซมแบบเรียงสับเปลี่ยน (Permutation encoding) เป็นการเข้ารหัสโครโมโซมที่แทนค่าในองค์ประกอบย่อยหรือตำแหน่งต่าง ๆ ให้มีค่าที่ไม่ซ้ำกัน เช่น ปัญหาการเดินทางของพนักงานขาย ดังภาพที่ 3

Chromosome A	9	8	7	6	5
Chromosome B	1	2	3	4	5

ภาพที่ 3 การเข้ารหัสโครโมโซมแบบเรียงสับเปลี่ยน



- การเข้ารหัสโครโมโซมแบบทรี (Tree encoding) เป็นการเข้ารหัสโครโมโซมที่ค่าขององค์ประกอบย่อยอยู่ในโหนด (Node) ของต้นไม้ ดังภาพที่ 4



ภาพที่ 4 การเข้ารหัสโครโมโซมแบบทรี

การเลือกใช้การเข้ารหัสในรูปแบบต่าง ๆ ย่อมมีความเหมาะสมที่แตกต่างกันออกไป การเลือกรูปแบบในการเข้ารหัสนั้น จะต้องเลือกให้เหมาะกับปัญหาและรูปแบบคำตอบของปัญหานั้น ๆ ด้วย

#### 2.1.1.2 การสร้างประชากรต้นกำเนิด (Initial population)

เป็นขั้นตอนในการสร้างโครโมโซมขึ้นมาในจำนวนที่เรากำหนด โดยโครโมโซมที่สร้างขึ้นมานั้นจะอยู่ในรูปแบบการเข้ารหัสที่เหมาะสมกับปัญหาต่าง ๆ ซึ่งส่วนมากมักจะอาศัยการสุ่ม (Random) ในการกำหนดองค์ประกอบย่อยในโครโมโซมของประชากร

#### 2.1.1.3 การให้คะแนนโครโมโซม (Fitness function)

เป็นส่วนของการให้คะแนนแก่โครโมโซมแต่ละชุด ทำให้เห็นถึงความเข้าใกล้คำตอบของปัญหามากน้อยเพียงใด คะแนนของโครโมโซมแต่ละชุดนั้นก็เปรียบเสมือนความแข็งแรงของโครโมโซมนั้น ๆ ว่าดีหรือไม่ดีอย่างไรโดยการให้คะแนนโครโมโซมนั้นสามารถมีได้หลายรูปแบบ ซึ่งแต่ละรูปแบบก็ขึ้นอยู่กับปัญหาที่ต่างกันออกไป

#### 2.1.1.4 การดำเนินการทางพันธุกรรม

เป็นขั้นตอนดำเนินการตามหลักการขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เพื่อให้เกิดเป็นรุ่นใหม่ที่มีคุณภาพหรือเป็นคำตอบที่ดีขึ้น ซึ่งขั้นตอนการดำเนินการทางพันธุกรรมประกอบด้วยส่วนต่าง ๆ ดังนี้

#### 2.1.1.4.1 การคัดเลือก (Selection)

เป็นขั้นตอนในการคัดเลือกเพื่อเอาโครโมโซมที่ดีหรือเหมาะสมจากประชากรทั้งหมดที่มี เพื่อนำไปเป็นสายพันธุ์ต้นกำเนิดประชากรรุ่นใหม่ เป็นการคัดเลือกโดยมีความคาดหวังว่ารุ่นของประชากรที่เกิดขึ้นมาใหม่จะมีความใกล้เคียงกับคำตอบมากยิ่งขึ้น ซึ่งการคัดเลือกโครโมโซมที่เหมาะสมหรือดีจากประชากรทั้งหมด ก็มีหลายวิธีที่ต่างกันออกไป ยกตัวอย่างเช่น

- วิธีการจัดการแข่งขัน (Tournament selection) เป็นวิธีการคัดเลือกที่อาศัยกฎกติกาการแข่งขันทั่ว ๆ ไป โดยจะเลือกโครโมโซมมาเพื่อแข่งกันว่าใครมีความแข็งแรงหรือเหมาะสมมากกว่ากัน ยกตัวอย่างเช่น เราเลือกโครโมโซมโดยการสุ่มมาสองโครโมโซม จากนั้นเปรียบเทียบความเหมาะสมจากคะแนนของโครโมโซมสองโครโมโซมนั้น โครโมโซมใดมีความเหมาะสมมากกว่าก็จะถือว่าเป็นผู้ชนะ และจะถูกเลือกไปเป็นโครโมโซมสำหรับให้กำเนิด

- วิธีการจัดอันดับ (Ranking) เป็นการคัดเลือกโดยดูจากค่าความเหมาะสมหรือคะแนนของโครโมโซม โดยโครโมโซมที่ค่าความเหมาะสมมากหรือคะแนนดีกว่าจะมีค่าน่าจะเป็นในการถูกเลือกจากจำนวนประชากรทั้งหมด เพื่อนำไปเป็นโครโมโซมให้กำเนิด

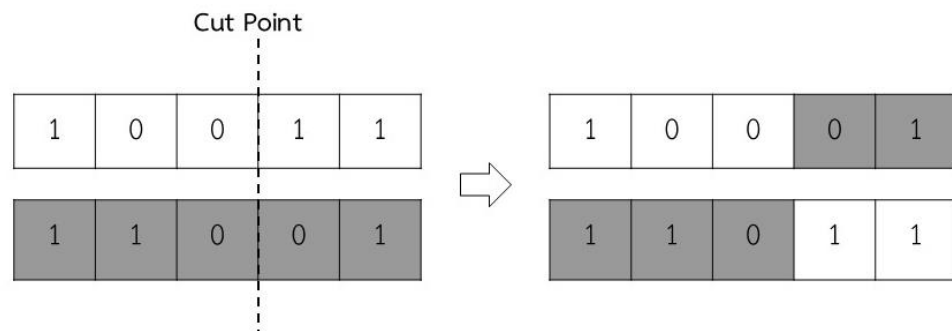
- วิธีการแบบวงล้อรูเล็ตต์ (Roulette wheel) เป็นการคัดเลือกโดยดูจากค่าความเหมาะสม ถ้าโครโมโซมของคำตอบมีค่าความเหมาะสมมากก็จะมีโอกาสถูกเลือกไปเป็นประชากรคำตอบ กล่าวคือค่าความเหมาะสมของประชากรทุกตัวจะถูกนำมาคำนวณเป็นค่าน่าจะเป็นหรือโอกาสที่โครโมโซมจะถูกเลือกนั่นเอง

#### 2.1.1.4.2 การไขว้เปลี่ยน (Crossover)

เป็นขั้นตอนในการนำโครโมโซมที่เลือกไว้เป็นโครโมโซมต้นกำเนิด มาดำเนินการผสมคำตอบเข้าด้วยกัน เพื่อสร้างเป็นโครโมโซมประชากรรุ่นใหม่ ซึ่งการไขว้เปลี่ยนมีหลายวิธีด้วยกัน ตัวอย่างเช่น

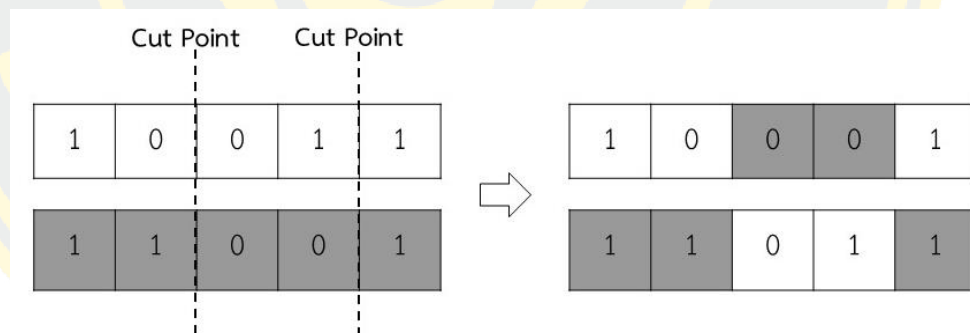
- การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว (One point crossover : OPC) การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียวเป็นเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่เลือกตำแหน่งในสายโครโมโซมมาหนึ่งตำแหน่ง จากนั้นทำการสลับโครโมโซมของส่วนที่อยู่หลังตำแหน่งของโครโมโซมที่ได้เลือกไว้ จึงทำให้เกิดเป็นสายพันธุ์ใหม่ที่มีองค์ประกอบย่อยของประชากรต้นกำเนิดในสัดส่วนที่เท่า ๆ กัน โดยการเลือกตำแหน่งที่มาเป็นจุดตัดนั้นส่วนใหญ่มักจะเลือกจากการสุ่ม ดังภาพที่ 5





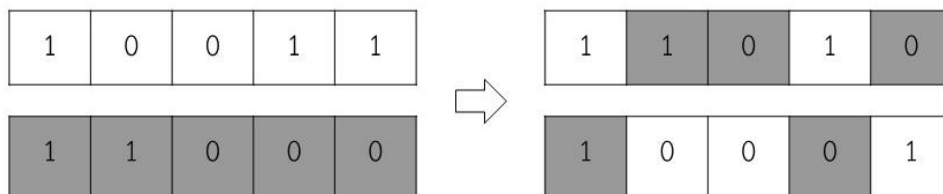
ภาพที่ 5 การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว

- การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด (Two points crossover : TPC) การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุดเป็นเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่เลือกตำแหน่งในสายโครโมโซมมาสองตำแหน่ง จากนั้นทำการสลับโครโมโซมของส่วนที่อยู่ระหว่างจุดตัดที่ทำการเลือกไว้ทั้งสองจุด ทำให้เกิดเป็นสายพันธุ์ใหม่ที่มีองค์ประกอบย่อยของสายพันธุ์ต้นกำเนิด และโดยส่วนมากมักเลือกจุดตัดทั้งสองจุดโดยการสุ่ม ดังภาพที่ 6



ภาพที่ 6 การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด

- การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป (Uniform crossover : UC) การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปเป็นเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่เลือกตัดสินใจในการแลกองค์ประกอบย่อยทุก ๆ ตำแหน่ง โดยอาศัยความน่าจะเป็นที่เท่ากันในการตัดสินใจว่าจะเลือกมาจากโครโมโซมต้นกำเนิดตัวใด ดังภาพที่ 7

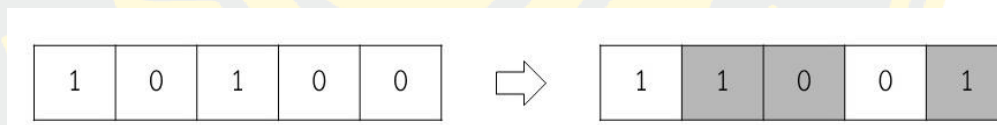


ภาพที่ 7 การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป

#### 2.1.1.4.3 การกลายพันธุ์ (Mutation)

เป็นขั้นตอนที่นำโครโมโซมมาเปลี่ยนส่วนขององค์ประกอบย่อยหรือตำแหน่งภายในโครโมโซม ซึ่งเปรียบได้เหมือนกับสิ่งมีชีวิตที่มีการวิวัฒนาการ การกลายพันธุ์ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนั้นมีหลายรูปแบบด้วยกัน เช่น

- การกลายพันธุ์ในตำแหน่งบิต (Bitwise mutation) เป็นการกลายพันธุ์ที่ทำการเลือกองค์ประกอบย่อยหรือตำแหน่งในโครโมโซมขึ้นมาจากนั้นทำการเปลี่ยนค่าให้อยู่ในค่าตรงข้ามกับค่าเดิม เช่น 0 เป็น 1 โดยการเลือกตำแหน่งที่มาทำการกลายพันธุ์นั้น มักอาศัยการสุ่มเพื่อเลือกตำแหน่งในโครโมโซมขึ้นมา ดังภาพที่ 8



ภาพที่ 8 การกลายพันธุ์ในตำแหน่งบิต

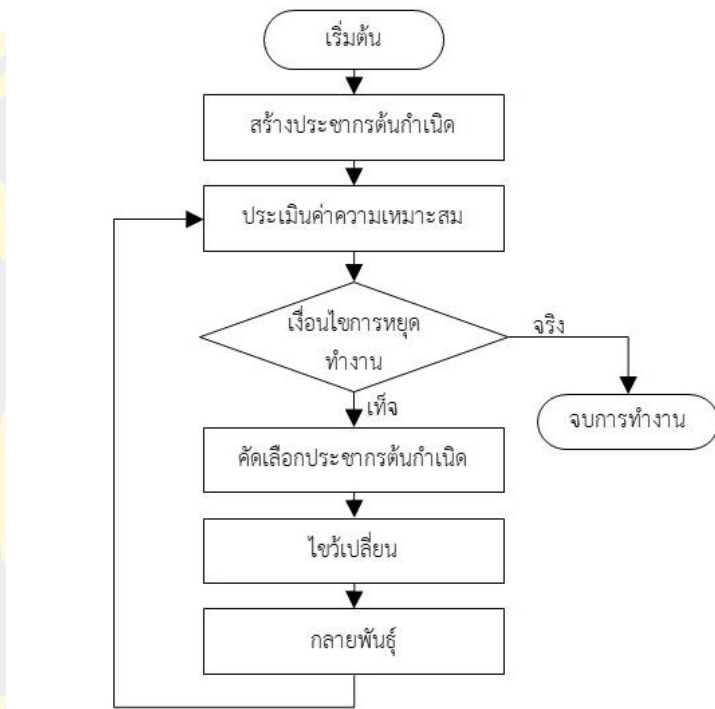
- การกลายพันธุ์แบบสลับ (Swap mutation) การกลายพันธุ์แบบสลับเป็นการทำการปรับเปลี่ยนองค์ประกอบย่อยหรือตำแหน่งของโครโมโซม โดยการเลือกตำแหน่งในโครโมโซมขึ้นมาแล้วสลับกับตำแหน่งอื่นในโครโมโซมเดียวกัน โดยการเลือกองค์ประกอบย่อยหรือตำแหน่งในโครโมโซมนั้นมักใช้การสุ่มในการเลือก ดังภาพที่ 9



ภาพที่ 9 การกลายพันธุ์แบบสลับ

### 2.1.2 ขั้นตอนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ขั้นตอนในการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม มีกระบวนการดังภาพที่ 10 เพื่อค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาในช่วงเวลาหนึ่ง ๆ ซึ่งคำตอบที่ได้จากขั้นตอนของ GA จะเป็นกลุ่มประชากรที่มีคะแนนที่ดีที่สุด ภายใต้ค่าเริ่มต้นต่าง ๆ ที่ได้กำหนดไว้



ภาพที่ 10 ขั้นตอนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

จากภาพที่ 10 ขั้นตอนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ประกอบด้วยขั้นตอนต่าง ๆ ดังนี้

1. สร้างประชากรต้นกำเนิด เป็นการสร้างโครโมโซมคำตอบขึ้นมาจากการสุ่ม โดยการเข้ารหัสโครโมโซมนั้น จะเป็นการเข้ารหัสโครโมโซมตามที่เรากำหนด
2. ประเมินความเหมาะสมของโครโมโซม โดย Fitness function
3. ตรวจสอบเงื่อนไขการหยุดการทำงาน เช่น จำนวนสูงสุดของทรัพยากรที่สามารถใช้ได้หรือเจอคำตอบที่ต้องการแล้ว
4. คัดเลือกโครโมโซมที่จะใช้เป็นสายพันธุ์ต้นกำเนิด โดยวิธีการคัดเลือกที่ได้กำหนดเอาไว้
5. ทำการไขว้เปลี่ยนโครโมโซมสายพันธุ์ต้นกำเนิดที่เลือกไว้ ตามวิธีการไขว้เปลี่ยนที่เราได้กำหนดเอาไว้
6. ทำการกลายพันธุ์กับประชากรรุ่นใหม่ ตามวิธีการกลายพันธุ์ที่ได้กำหนดไว้

เมื่อขั้นตอนดำเนินการผ่านขั้นตอนที่ 4 ถึง 6 จนเสร็จจะทำให้ได้ประชากรคำตอบรุ่นใหม่ ออกมา ประชากรรุ่นใหม่ก็จะถูกประเมินค่าความเหมาะสม และจะทำซ้ำขั้นตอนที่ 2 ถึง 6 จนกระทั่งเงื่อนไขการหยุดทำงานจะเป็นจริง

### 2.1.3 การคำนวณค่าความหลากหลาย

ค่าความหลากหลายในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นค่าที่ใช้อธิบายถึงลักษณะของโครโมโซมที่อยู่ภายในกลุ่มประชากรหรือการกระจายตัวของบิตที่อยู่ภายในโครโมโซม ค่าความหลากหลายของหน้าตาประชากรหรือความหลากหลายของโครโมโซมจะเป็นตัววัดหนึ่งที่บอถึงโอกาสความสำเร็จของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการหาคำตอบได้กล่าวคือ เมื่อประชากรที่มีความหลากหลายมากก็มักจะมีส่วนประกอบของคำตอบที่ต้องการกระจายอยู่ในส่วนต่าง ๆ ของโครโมโซมที่อยู่ภายในประชากรทั้งหมด ซึ่งคำตอบใหม่ที่ถูกสร้างขึ้นมาก็มีโอกาสได้รับส่วนที่ต้องการจากส่วนที่ต้องการที่กระจายอยู่ในโครโมโซมภายในประชากรทั้งหมด ในการคำนวณค่าความหลากหลายมีเทคนิคหลายรูปแบบมากมายซึ่งในงานวิจัยของ (Diaz-Gomez & Hougen, 2007) ได้นำเสนอเรื่องการสร้างประชากรต้นกำเนิดให้มีค่าความหลากหลายมากจะส่งผลให้ขั้นตอนวิธีมีประสิทธิภาพในการหาคำตอบเพิ่มมากขึ้น เขาจึงได้เสนอวิธีในการคำนวณความหลากหลายยกตัวอย่างเช่น

- การคำนวณค่าความหลากหลายในระดับยีน (Gene-Level Diversity) เป็นการคำนวณหาบิต 0 และบิต 1 ในประชากรกลุ่มหนึ่งว่ามีจำนวนที่แตกต่างกันหรือไม่ โดยวิธีการคำนวณมีดังต่อไปนี้

$$H(P) = \frac{1}{l} \sum_{j=1}^l H_j \quad (1)$$

ค่าความหลากหลายของประชากรกลุ่มหนึ่ง  $H(P)$  คำนวณได้จากสมการที่ 1 โดยที่  $l$  ความยาวของโครโมโซมและ  $H_j$  สามารถคำนวณได้จากสมการต่อไปนี้

$$H_j = - \sum_{i=1}^N P_{ij} * \log_2 P_{ij} \quad (2)$$

จากสมการที่ 2 กำหนดให้  $N$  คือขนาดของประชากรและ  $P_{ij}$  คือความน่าจะเป็นของการเกิดเหตุการณ์ที่มีบิต 0 และบิต 1 โดยค่าที่ได้จากการคำนวณจะเป็นค่าที่อยู่ในช่วงระหว่าง 0 ถึง

1 ที่ใช้บอกจำนวนความหลากหลายของบิต 0 และบิต 1 ที่อยู่ในประชากร 1 รุ่น ถ้าค่าที่ได้มีความใกล้เคียงกับ 1 มากแสดงว่ากลุ่มประชากรมีจำนวนบิต 0 และบิต 1 อยู่ใกล้เคียงกัน และถ้าค่าที่ใกล้เคียงกับ 0 มากนั้นหมายความว่าบิตส่วนมากมีค่าเป็น 0 หรือ 1 เหมือนกันเป็นจำนวนมาก

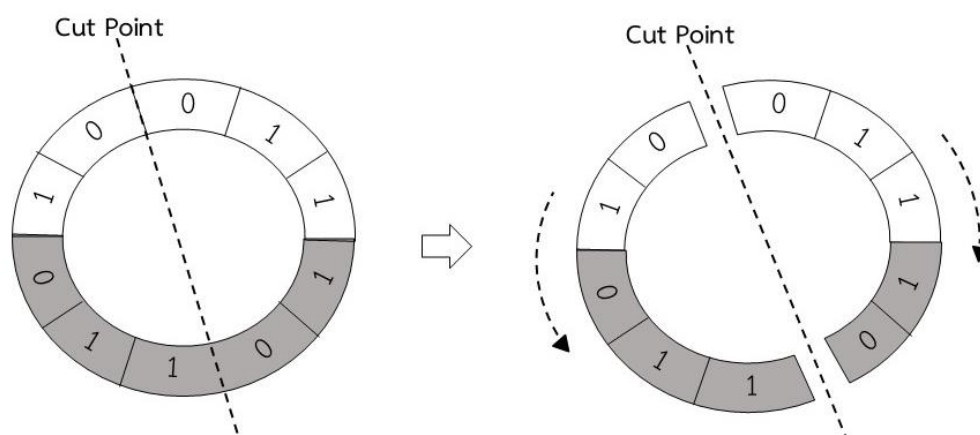
## 2.2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

ในงานวิจัยนี้ได้นำเสนอเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบใหม่เพื่อหาความคำตอบของปัญหาภัยคุกคาม ผู้วิจัยจึงได้แยกหัวข้องานวิจัยออกเป็น 2 ส่วน ส่วนที่หนึ่งคืองานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับปัญหาภัยคุกคาม โดยเล่าถึงเทคนิคหรือขั้นตอนวิธีที่ถูกรวบรวมเพื่อมาใช้แก้ปัญหาและผลลัพธ์ที่ได้ ส่วนที่สองคืองานวิจัยที่เกี่ยวกับการไขว้เปลี่ยนที่อธิบายถึงเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่น่าสนใจรวมถึงการนำเสนอเทคนิคที่ต้องการจะปรับปรุงประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมให้ดีขึ้น

### 2.2.1 งานวิจัยการไขว้เปลี่ยน

ในงานวิจัยของ (Pavai & Geetha, 2017) ได้ทำการสำรวจและแบ่งประเภทของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่มีเอาไว้ จากงานวิจัยนี้ทำให้รู้ว่ามีกรนำเสนอเทคนิคการไขว้เปลี่ยนหลากหลายเทคนิคในการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นจำนวนมาก การเลือกใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนในการแก้ปัญหาจึงเป็นทางเลือกที่น่าสนใจไม่น้อย ในงานวิจัยของ (Kaya & Uyar, 2011) ได้นำเสนอเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน (Ring crossover : RC) เป็นเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่แตกต่างออกไปจากเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบอื่น ๆ โดยเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนเป็นการไขว้เปลี่ยนที่อาศัยโครโมโซมต้นกำเนิด 2 โครโมโซมเหมือนกับเทคนิคทั่วไป จากนั้นนำโครโมโซมมาประกอบเข้าด้วยกันจนเกิดเป็นวงกลมและทำการสุ่มจุดตัดขึ้นมา เพื่อแบ่งวงกลมออกเป็นสองส่วนทำให้เกิดเป็นโครโมโซมใหม่ 2 โครโมโซมขึ้นมา การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนทำให้โครโมโซมที่เกิดขึ้นใหม่จะมีส่วนของโครโมโซมในอัตราส่วนที่เท่ากัน แต่ตำแหน่งของบิตอาจไม่ใช่ตำแหน่งเดิมเนื่องจากบิตมีการเรียงลำดับที่เปลี่ยนไปจากการกำหนดให้บิตที่ใกล้จุดตัดมากที่สุดเป็นบิตแรกของโครโมโซมใหม่ดังภาพที่ 11 ในงานวิจัยของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนนั้น เทคนิคดังกล่าวให้ผลด้านประสิทธิภาพของคำตอบที่ดีกว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบอื่น ๆ แต่เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนก็ไม่ได้มีคุณภาพของคำตอบที่ดีที่สุดกับทุกปัญหาที่ถูกนำมาทดลองในงานวิจัยนี้ แต่ดีที่สุดกับเพียงบางปัญหาเท่านั้น





ภาพที่ 11 การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน

วิธีการไขว้เปลี่ยนของ (Li & Goodman, 2007) ที่นำเสนอเทคนิคในการปรับปรุงประสิทธิภาพของการไขว้เปลี่ยนให้ดีขึ้น โดยในงานวิจัยได้ทำการทดลองกับเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียวและทำการจำตำแหน่งที่เป็นจุดตัดของโครโมโซมรวมถึงการจำผลลัพธ์ที่ได้ว่า ตำแหน่งใดที่ถูกตัดแล้วทำให้ค่าความเหมาะสมน้อยลงหรือแย่งจะทำการหลีกเลี่ยงจุดตัดดังกล่าวเพื่อไม่ทำให้ค่าความเหมาะสมแย่ง โดยวิธีการนับความผิดพลาดจะนับจากการที่โครโมโซมสองตัวที่ผ่านกระบวนการการไขว้เปลี่ยนแล้วทำให้โครโมโซมทั้งสองตัวมีค่าความเหมาะสมที่แย่งหรือโครโมโซมตัวใดตัวหนึ่งแย่งและอีกตัวหนึ่งไม่มีความเปลี่ยนแปลง ในกรณีดังกล่าวจะถือว่าการไขว้เปลี่ยนในครั้งนั้นที่จุดตัดหนึ่ง ๆ มีการผิดพลาดในการไขว้เปลี่ยนเกิดขึ้นและทำการนับจำนวนครั้งในการผิดพลาดเอาไว้ นอกจากนี้ในงานวิจัยยังได้ให้ความหมายของการไขว้เปลี่ยนที่ประสบความสำเร็จนั้นคือ โครโมโซมคำตอบทั้งสองตัวที่ผ่านการไขว้เปลี่ยนแล้วแล้วมีค่าความเหมาะสมที่ดีขึ้นทั้งสองตัวหรือโครโมโซมตัวใดตัวหนึ่งดีขึ้นและค่าความเหมาะสมของโครโมโซมอีกตัวไม่เปลี่ยนแปลงถือว่าการไขว้เปลี่ยนในครั้งนั้นประสบความสำเร็จ อย่างไรก็ตามเทคนิคดังกล่าวจะต้องใช้ทรัพยากรเพิ่มขึ้นจำนวนหนึ่ง แต่ก็ทำให้ประสิทธิภาพเพิ่มขึ้นด้วยเช่นกัน ผลลัพธ์ที่ได้จากงานวิจัยนั้นเทคนิคที่นำเสนอสามารถทำให้ประสิทธิภาพในการหาคำตอบดีขึ้นภายใต้ปัญหาที่ถูกนำมาทดลองและเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำมาใช้ในงานวิจัย

งานวิจัยของ (Herrera, Lozano, & Sánchez, 2005) ได้นำเสนอเทคนิคที่จะปรับปรุงประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาหรือหาคำตอบของปัญหา โดยการทำการไขว้เปลี่ยนแบบผสมผสานกล่าวคือ มีการนำเทคนิคการไขว้เปลี่ยนมากกว่าหนึ่งวิธีมาใช้ในการหาคำตอบครั้งหนึ่ง ๆ นอกจากนั้นยังทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของการทำงานร่วมกันของเทคนิคต่าง ๆ โดยในงานวิจัยได้นำเสนอเทคนิคกับการแก้ปัญหาแบบจำนวนจริง ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้ออกมาทำให้เห็นว่าการ

ทำงานร่วมกันของเทคนิคใดเหมาะสมกับปัญหาอะไร และมีประสิทธิภาพที่ดีและไม่ดีกว่าแบบอื่นมากนักน้อยเพียงใด งานวิจัยนี้จะทำให้สามารถเลือกเอาวิธีที่เหมาะสมที่เหมาะสมมาปรับใช้ในงานด้านต่าง ๆ ที่อยู่ภายใต้ปัญหาเดียวกันได้ และยังเป็นงานวิจัยที่ทำให้เห็นว่าการปรับปรุงประสิทธิภาพให้ดีขึ้นนั้นอาจไม่ได้เกิดจากรูปแบบใหม่แต่อาจเป็นวิธีที่ได้จากการนำเทคนิคที่มีอยู่มาผสมเข้าด้วยกัน

## 2.2.2 งานวิจัยเกี่ยวกับปัญหาคับคอก

ปัญหาคับคอกเป็นปัญหาที่ยากที่ถูกสร้างขึ้นมาเพื่อต้องการลอกให้ขั้นตอนวิธีผลิตโครโมโซมคำตอบที่ไม่ใกล้เคียงกับคำตอบที่ถูกต้อง งานวิจัยของ (Goldberg, Deb, & Horn, 1992) และงานวิจัยของ (Deb & Goldberg, 1993) ได้ทำการทดลองและวิเคราะห์ปัญหาที่คับคอกทำให้เห็นถึงความยากในการหาคำตอบด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม งานวิจัยส่วนใหญ่ที่ถูกนำเสนอเพื่อแก้ปัญหา มักจะใช้ทรัพยากรในการแก้ปัญหาคับคอกเป็นจำนวนมาก แต่งานวิจัยส่วนใหญ่ที่ถูกนำเสนอ ก็มักจะแก้ปัญหาคับคอกขนาดของปัญหาที่เล็ก งานวิจัยของ (Pelikan, Goldberg, & Cantú-Paz, 1999) ได้นำเสนอ Bayesian optimization algorithm (BOA) เป็นขั้นตอนวิธีที่ดีที่สุดในการแก้ปัญหาคับคอก โดยขั้นตอนวิธีจะทำการสร้างและวิวัฒนาการผ่านค่าความน่าจะเป็น ในระหว่างกระบวนการวิวัฒนาการขั้นตอนวิธีจะเรียนรู้และปรับค่าความน่าจะเป็นให้เข้าใกล้กับคำตอบที่ถูกต้อง ขั้นตอนวิธีนี้ใช้ทรัพยากรในการคำนวณจำนวนมากเนื่องจากขั้นตอนมีการเรียนรู้หาความสัมพันธ์ระหว่างบิตทั้งหมด งานวิจัยส่วนใหญ่ต้องการที่จะลดเวลาและทรัพยากรในการหาคำตอบของปัญหาคับคอก โดยในปีเดียวกันกับ BOA ได้มีงานวิจัยของ (Harik, Lobo, & Goldberg, 1999) ที่นำเสนอ The compact genetic algorithm (cGA) ขั้นตอนวิธีนี้เป็นขั้นตอนที่ง่ายและใช้ทรัพยากรในการคำนวณที่น้อยกว่าในการดำเนินการของขั้นตอน แต่ขั้นตอนดังกล่าวก็ยังไม่สามารถเข้าถึงคำตอบของปัญหาคับคอกได้ และงานวิจัยของ (Ahn & Ramakrishna, 2003) ได้เพิ่มประสิทธิภาพให้กับ cGA ซึ่งเทคนิคดังกล่าวสามารถแก้ปัญหาคับคอกได้เพียงกับคอกขนาดเล็กเท่านั้น งานวิจัยที่ปรับปรุงประสิทธิภาพของ cGA มีให้เห็นออกมาอย่างต่อเนื่องแต่ก็ยังไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาคับคอกได้

งานวิจัยที่นำเสนอขั้นตอนวิธีในรูปแบบต่างออกเพื่อแก้ปัญหาคับคอกอย่างงานวิจัยของ (Ondas, Pelikan, & Sastry, 2006) ได้นำเสนองานวิจัยที่ใช้ชื่อ The genetic programming (GP) และ The probabilistic incremental program evolution (PIPE) ที่มีความซับซ้อนมากกว่า ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม และในงานวิจัยของ (Cox & Watson, 2014) ที่นำเสนอวิธีการหาคำตอบที่เรียกว่า Schema grammar ทั้งสองงานวิจัยสามารถหาคำตอบของปัญหาคับคอกขนาด 3 ได้ ส่วน BOA นั้นสามารถหาคำตอบของปัญหาคับคอกขนาด 5 ได้ อย่างไรก็ตามการในแง่ของทรัพยากรคำนวณที่ใช้ในการหาคำตอบขั้นตอนต่าง ๆ ยังคงใช้ทรัพยากรในการหาคำตอบอยู่เป็นจำนวนมาก



## บทที่ 3

### วิธีการที่นำเสนอเบื้องต้น

ในบทนี้จะนำเสนอขั้นตอนวิธีในการทำการทดลอง ตั้งแต่วิธีเตรียมการเบื้องต้นไปจนถึงขั้นตอนและในกระบวนการต่าง ๆ โดยการทดลองจะเปรียบเทียบความสามารถของฟังก์ชันการไขว้เปลี่ยนในแบบต่าง ๆ รวมถึงนำเสนอเทคนิคในการไขว้เปลี่ยนรูปแบบใหม่ที่มีความเหมาะสมกับปัญหามากน้อยเพียงใด และมีประสิทธิภาพในการหาคำตอบเป็นอย่างไร ซึ่งในขั้นตอนการดำเนินงานของชุดจำลองการทำงานมีดังนี้

#### 3.1 การเตรียมการเบื้องต้น

เนื่องจากงานวิจัยนี้ต้องการเปรียบเทียบผลลัพธ์ที่ได้จากเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ ดังนั้นจึงต้องมีการเตรียมโปรแกรมสำหรับการทำงานเบื้องต้น โดยการทำงานดังกล่าวมีขั้นตอนการเตรียมการดังนี้

##### 3.1.1 การเตรียมการทำงานสำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะประกอบไปด้วย ขั้นตอนการสร้างประชากรต้นกำเนิด (Initialization population) ขั้นตอนการประเมินความเหมาะสม (Fitness evaluation) ขั้นตอนการคัดเลือกประชากรต้นกำเนิด (Selection) ขั้นตอนการไขว้เปลี่ยน (Crossover) ขั้นตอนการกลายพันธุ์ (Mutation) ซึ่งในแต่ละขั้นตอนมีการเตรียมการทำงาน ดังนี้

##### 3.1.1.1 การสร้างประชากรต้นกำเนิด (Initialization)

ในขั้นตอนของการสร้างประชากรต้นกำเนิดนั้น จะต้องมีการกำหนดวิธีการเข้ารหัสให้กับขั้นตอนนี้ ซึ่งในงานวิจัยนี้ได้ใช้วิธีการเข้ารหัสแบบไบนารีหรือการกำหนดองค์ประกอบย่อยของโครโมโซมให้มีได้แค่ 0 กับ 1 เท่านั้น โดยค่าของแต่ละบิตจะเกิดจากการสุ่ม นอกจากนั้นจะต้องมีการกำหนดจำนวนประชากร (Population size) และค่าความยาวของโครโมโซม (Chromosome length) ด้วย เมื่อผ่านการทำงานในขั้นตอนนี้จะทำให้เกิดเป็นชุดประชากรต้นกำเนิดที่มีจำนวนประชากรและความยาวของโครโมโซมตามที่ได้กำหนดเอาไว้

### 3.1.1.2 การประเมินความเหมาะสมของโครโมโซม (Fitness evaluation)

เป็นขั้นตอนที่จะประเมินโครโมโซมหนึ่ง ๆ ว่ามีความเหมาะสมหรือไม่ โดยความเหมาะสมนั้นจะต้องมีการกำหนดหลักการในการประเมินความเหมาะสมขึ้นมา ซึ่งในงานวิจัยนี้ ได้ทำการวัดประสิทธิภาพเทคนิคการไขว้เปลี่ยนกับวิธีการประเมินความเหมาะสมทั้งหมด 4 ปัญหาทดสอบ ได้แก่

- ปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุด (One max problem) เป็นการให้ค่าคะแนนความเหมาะสมกับองค์ประกอบย่อยที่เป็น “1” ซึ่งคะแนนทั้งหมดของโครโมโซมหนึ่งสายคือจำนวนขององค์ประกอบย่อยที่มีค่าเป็น “1” คำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาก็คือ 5 ซึ่งเป็นคำตอบที่มีองค์ประกอบย่อยทุกตำแหน่งมีค่าเป็น “1” ตัวอย่างเช่น 11001 โครโมโซมนี้มีค่าความเหมาะสมเป็น 3

- ปัญหาบิตศูนย์มากที่สุด (Zero max problem) เป็นการให้ค่าคะแนนความเหมาะสมกับองค์ประกอบย่อยที่เป็น “0” ซึ่งคะแนนทั้งหมดของโครโมโซมหนึ่งสายคือจำนวนขององค์ประกอบย่อยที่มีค่าเป็น “0” คำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาก็คือ 5 ซึ่งเป็นคำตอบที่มีองค์ประกอบย่อยทุกตำแหน่งมีค่าเป็น “0” ตัวอย่างเช่น 11001 โครโมโซมนี้มีค่าความเหมาะสมเป็น 2

ทั้งสองวิธีในการประเมินค่าความเหมาะสมหรือปัญหาที่ถูกเลือกมานี้เป็นปัญหาเบื้องต้นที่จะสามารถบอกได้ว่าขั้นตอนวิธีที่ใช้ในการแก้ปัญหาหรือหาคำตอบนั้นมีความลำเอียงไปในทาง “1” หรือ “0” หรือไม่ โดยส่วนมากแล้วประสิทธิภาพในการหาคำตอบของทั้งสองปัญหานี้จะต้องออกมาเหมือนหรือใกล้เคียงกันเพื่อเป็นข้อยืนยันว่าเทคนิคหรือขั้นตอนวิธีที่ใช้นั้นไม่มีการลำเอียง

- ปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่ม (Random max problem) เป็นการให้ค่าคะแนนความเหมาะสมกับองค์ประกอบย่อยที่มีค่าตรงกับคำตอบที่ได้กำหนดเอาไว้ ถ้ามีองค์ประกอบย่อยที่เหมือนกันมากก็จะมีคะแนนมาก ตัวอย่างเช่น คำตอบของปัญหาคือ 10110 ส่วนโครโมโซมที่จะประเมินความเหมาะสมคือ 11100 ซึ่งส่วนของโครโมโซมที่เหมือนกับคำตอบของปัญหามีค่าเป็น 3 ดังนั้นคำตอบที่ดีที่สุดคือคำตอบที่เหมือนกับคำตอบที่ได้กำหนดเอาไว้นั่นเอง ซึ่งในการกำหนดคำตอบจะอาศัยการสุ่มในการกำหนดคำตอบขึ้นมาในตอนแรก

- ปัญหากับดัก (Trap problem) คำตอบที่ดีที่สุดของการประเมินค่าความเหมาะสมในแบบของกับดักนั้นก็คือ ทุกองค์ประกอบย่อยมีค่าเป็น “1” ในทุกตำแหน่ง แต่การให้ค่าความเหมาะสมจะต่างออกไปจากวิธีอื่นคือ จะต้องมีการกำหนดค่าขนาดของกับดัก (Trap size) เช่น Trap 3 เป็นต้น ขนาดของปัญหาคือจำนวนบิตที่ประกอบรวมกันเป็นองค์ประกอบย่อยของปัญหา และประเมินค่าความเหมาะสมกับส่วนขององค์ประกอบย่อยจากนั้นรวมค่าความเหมาะสมของ

องค์ประกอบย่อยที่ได้เพื่อเป็นค่าความเหมาะสมของโครโมโซม ตัวอย่างเช่น 111010 จะถูกแบ่งออกเป็น 111,010 แล้วนำไปคิดค่าความเหมาะสม โดยการให้คะแนนความเหมาะสมแก่องค์ประกอบย่อยในปัญหาเกี่ยวกับดักขนาด 3 จะเป็นไปตามตารางที่ 2 ดังนี้

ตารางที่ 2 การประเมินค่าความเหมาะสมของ Trap 3

ค่าความเหมาะสม	รูปแบบของโครโมโซม
3	111
2	000
1	001,010,100
0	110,101,011

ในปัญหาเกี่ยวกับดักขนาด 3 ค่าความยาวของโครโมโซมคำตอบ จะต้องเป็นความยาวที่หารด้วย 3 ลงตัว เพราะการคิดคะแนนนั้นจะตัดองค์ประกอบย่อยของโครโมโซมออกมามีความยาว 3 บิต เพื่อใช้ในการคิดคะแนน นอกจากนี้ปัญหาคับดักจะยากขึ้น เมื่อขนาดขององค์ประกอบย่อยที่นำมาพิจารณานั้นยาวขึ้น เช่น กรณีของ Trap 5 ซึ่งแสดงการคิดคะแนนดังตารางที่ 3

ตารางที่ 3 การประเมินค่าความเหมาะสมของ Trap 5

ค่าความเหมาะสม	รูปแบบของโครโมโซม
5	11111
4	00000
3	00001,00010,00100,01000,10000
2	11000,10100,10010,10001,01100,01010,01001,00110,00101,00011
1	11100,11010,11001,10110,10101,10011,01110,01101,01011,00111
0	10111,11011,11101,01111,11110

ในปัญหาเกี่ยวกับดักขนาด 5 ค่าความยาวของโครโมโซมประชากรคำตอบ จะต้องเป็นความยาวที่หารด้วย 5 ลงตัว เพราะการคิดคะแนนนั้นจะตัดองค์ประกอบย่อยของโครโมโซมออกมามีขนาดความยาว 5 บิต เพื่อใช้ในการคิดคะแนน จากตารางการประเมินค่าความเหมาะสมจะเห็นได้ว่าเมื่อมีองค์ประกอบย่อยที่มีค่าเป็น “0” มากเท่าไรจะได้ค่าความเหมาะสมมาก ซึ่งเป็นการให้ค่าความเหมาะสมที่มีการหลอก เนื่องจากคำตอบสูงสุดที่มีองค์ประกอบย่อยเป็น “1” ทุกตำแหน่ง

### 3.1.1.3 การคัดเลือกประชากรต้นกำเนิด (Selection)

เป็นการคัดเลือกเอาโครโมโซมไปเป็นตัวต้นกำเนิดโครโมโซมรุ่นใหม่ โดยงานวิจัยนี้ได้เลือกวิธีการคัดเลือกแบบวิธีจัดการแข่งขัน (Tournament selection) โดยกำหนดให้มีโครโมโซมเข้าแข่งขันทั้งหมด 4 โครโมโซม ทั้ง 4 โครโมโซมที่นำมาต่อสู้จะเลือกโดยการสุ่ม จากนั้นคัดเอาผู้ที่มีค่าคะแนนความเหมาะสมมากที่สุดจากทั้ง 4 โครโมโซม ไปเป็นโครโมโซมต้นกำเนิดต่อไป

### 3.1.1.4 การไขว้เปลี่ยน (Crossover)

งานวิจัยนี้ต้องการทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของวิธีการไขว้เปลี่ยนต่าง ๆ ในปัญหาหนึ่ง ๆ งานวิจัยนี้จึงได้เลือกเอาวิธีการไขว้เปลี่ยนมาศึกษาทั้งหมด 4 แบบด้วยกัน คือ การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว (One point crossover) การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด (Two points crossover) การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป (Uniform crossover) และการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน (Ring crossover) และในขั้นตอนนี้จะต้องอาศัยค่าในการตัดสินใจที่จะดำเนินการไขว้เปลี่ยนว่าต้องการจะดำเนินการหรือไม่ (Crossover rate)

### 3.1.1.5 การกลายพันธุ์ (Mutation)

ในงานวิจัยนี้ใช้วิธีการกลายพันธุ์แบบในตำแหน่งบิต 1 บิต (One bitwise mutation) เป็นการเลือกกลายพันธุ์ตำแหน่งบิตเพียงหนึ่งตำแหน่งเท่านั้น โดยตำแหน่งที่ต้องการกลายพันธุ์ถูกเลือกจากการสุ่ม และการตัดสินใจในการเลือกโครโมโซมมากลายพันธุ์จะต้องอาศัยค่าความน่าจะเป็นที่จะทำการกลายพันธุ์ (Mutation rate)

เมื่อเตรียมในส่วนขั้นตอนต่าง ๆ เรียบร้อยแล้ว ก็นำไปดำเนินการทำงานตามลำดับของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยเงื่อนไขของการหยุดกระบวนการทำงานนั้นจะหยุดเมื่อเจอคำตอบที่ถูกต้องหรือจำนวนรอบในการหาคำตอบ มีจำนวนเท่ากับจำนวนที่ได้กำหนดไว้

## 3.2 การคำนวณทรัพยากรสำหรับใช้ประมวลผลของขั้นตอนวิธี

จากกระบวนการเตรียมการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม จะสังเกตเห็นได้ว่ากระบวนการทำงานจะต้องอาศัยเงื่อนไขในการหยุดการทำงานในหัวข้อนี้จะอธิบายถึงความหมายของทรัพยากรคำนวณและวิธีการนำทรัพยากรมาคำนวณเพื่อใช้วัดประสิทธิภาพของการไขว้เปลี่ยน

### 3.2.1 ความหมายของทรัพยากรคำนวณ

ในงานวิจัยนี้ทรัพยากรการคำนวณหมายถึง จำนวนครั้งในการใช้ในส่วนของการประเมินค่าความเหมาะสมทั้งหมด โดยการคำนวณทรัพยากรจะหยุดลงเมื่อขั้นตอนวิธีสามารถเจอคำตอบที่ต้องการ หรือจำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมถึงจำนวนสูงสุดที่ได้กำหนดไว้

### 3.2.2 การนับจำนวนทรัพยากรการคำนวณสำหรับขั้นตอนวิธี

ในการคำนวณทรัพยากรของแต่ละเทคนิคการไขว้เปลี่ยนนั้นจะมีการคำนวณที่เหมือนกัน และในการไขว้เปลี่ยนในรูปแบบต่าง ๆ จะทดลองกับปัญหาและพารามิเตอร์ที่เหมือนกัน เพื่อให้การวัดประสิทธิภาพออกมาเป็นไปอย่างยุติธรรมกับทุก ๆ เทคนิคที่สุด

#### 3.2.2.1 การนับจำนวนทรัพยากรสำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

เมื่อเริ่มกระบวนการทำงานของขั้นตอนวิธี ประชากรทั้งหมดที่ถูกสร้างขึ้นจะถูกนำไปสู่ขั้นตอนของการคำนวณค่าความเหมาะสม และไปยังขั้นตอนการดำเนินการทางพันธุกรรมเพื่อให้เกิดเป็นประชากรรุ่นใหม่ โดยจะเกิดการทำซ้ำของขั้นตอนถ้ายังไม่เจอคำตอบที่ต้องการหรือจำนวนรอบยังไม่ถึงจำนวนสูงสุดที่กำหนดไว้ ดังนั้นทรัพยากรที่ใช้ในการคำนวณจะได้จากจำนวนรุ่นหรือก็คือจำนวนรอบที่ใช้ในการหาคำตอบคูณกับจำนวนประชากร นั่นคือจำนวนครั้งทั้งหมดที่มีการใช้การประเมินค่าความเหมาะสม ถ้าค่าที่ได้มีจำนวนที่น้อยก็ยิ่งเป็นตัวบ่งบอกถึงประสิทธิภาพที่ดี่นั่นเอง

#### 3.2.2.2 การวัดประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธี

เมื่อขั้นตอนวิธีการทำงานสิ้นสุดลง ประชากรตัวที่ดีที่สุดที่ได้จากขั้นตอนการวิวัฒนาการถือว่าเป็นคำตอบของขั้นตอนวิธี ดังนั้นประสิทธิภาพในด้านของคุณภาพในการเจอคำตอบจะวัดจากค่าความเหมาะสมที่ดี่ที่สุด และนอกจากนี้ประสิทธิภาพในด้านทรัพยากรคำนวณที่ใช้จะวัดจากจำนวนครั้งที่ใช้ในการประเมินค่าความเหมาะสม ถ้ามีการใช้จำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมที่น้อยก็จะแสดงให้เห็นว่าเทคนิคหรือขั้นตอนวิธีที่ใช้นั้นมีประสิทธิภาพในการหาคำตอบที่ดี่

## 3.3 การกำหนดค่าที่ใช้ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ในกระบวนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะต้องมีการกำหนดค่าพารามิเตอร์สำหรับใช้ดำเนินการต่าง ๆ ซึ่งพารามิเตอร์ที่ต้องมีการกำหนดค่าก่อนดำเนินการจะประกอบไปด้วยจำนวนประชากร (Population size) ความยาวของโครโมโซมคำตอบ (Chromosome length) จำนวนโครโมโซมที่ลงแข่งขันในขั้นตอนการคัดเลือก (Tournament size) จำนวนรอบสูงสุดในการหาคำตอบ (Maximum number of generations) ความน่าจะเป็นในการไขว้เปลี่ยน (Crossover



rate) ความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ (Mutation rate) และจำนวนครั้งในการทดลอง (Number of runs) ซึ่งในงานวิจัยได้กำหนดค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ เอาไว้ดังตารางที่ 4

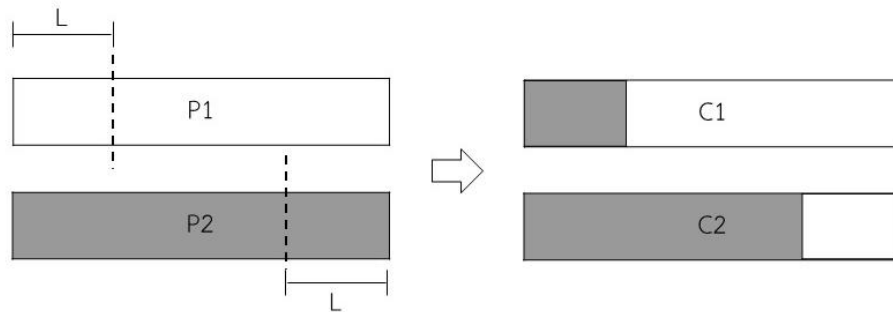
ตารางที่ 4 ค่าพารามิเตอร์ที่ใช้ในการทดลอง

Parameter	Value
Population size	30, 80
Chromosome length	30, 60, 120
Tournament size	4
Crossover rate	0.8
Mutation rate	0.01
Maximum number of generations	500, 1000
Number of runs	100

จากตารางที่ 4 การทดลองจะทดสอบกับโครโมโซม 3 ขนาดได้แก่ 30, 60 และ 120 จะเห็นว่าขนาดของประชากรที่ใช้และรุ่นสูงสุดของประชากรจะมีสองค่าด้วยกัน ซึ่งค่าขนาดของประชากร 80 และรุ่นสูงสุดของประชากร 1000 จะใช้สำหรับการทดลองในปัญหากับดักขนาด 5 เพียงปัญหาเดียวเท่านั้น ส่วนค่าขนาดของประชากร 30 และรุ่นสูงสุดของประชากร 500 ก็จะถูกนำไปทดสอบกับทุกปัญหายกเว้นปัญหากับดักขนาด 5 ส่วนพารามิเตอร์อื่น ๆ ก็จะใช้แบบเดียวกันทั้งหมด

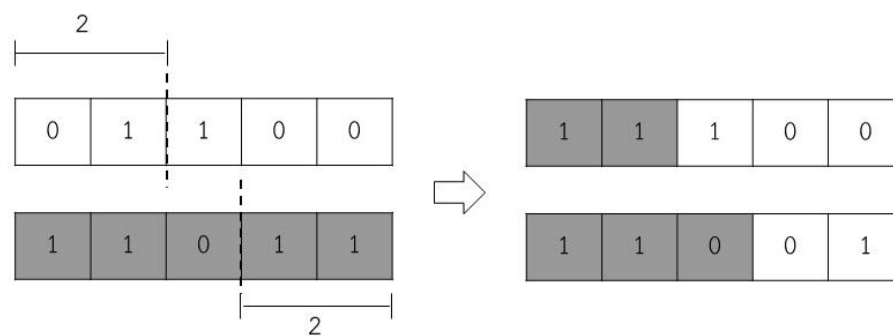
### 3.4 เทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบใหม่ที่น่าเสนอ

จากที่ได้กล่าวเอาไว้ข้างต้นว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบใหม่ที่น่าเสนอนั้นเป็นเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่เรียกว่า การไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง (Front-rear crossover : FRC) โดยการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังจะเป็นการไขว้เปลี่ยนที่จะต้องอาศัยค่า ๆ หนึ่งที่เป็นค่าของขนาดที่จะใช้ในการตัดแบ่งโครโมโซม (L) ซึ่งค่าของขนาดที่ใช้ในการตัดแบ่งนั้นจะได้มาจากการสุ่ม เมื่อสุ่มค่าขนาดของการตัดแบ่งได้แล้วก็จะทำการตัดโครโมโซมส่วนหน้าของโครโมโซมตัวที่หนึ่งและตัดแบ่งส่วนหลังของโครโมโซมตัวที่สองออกมาตามขนาดที่สุ่มได้ จากนั้นทำการแลกเปลี่ยนโครโมโซมที่ตัดแบ่งออกมาได้โครโมโซมใหม่ที่ได้จะเป็นส่วนหลังของโครโมโซมตัวที่สองต่อกับส่วนหลังของโครโมโซมตัวที่หนึ่งและส่วนหน้าของโครโมโซมตัวที่สองต่อกับส่วนหน้าของโครโมโซมตัวที่หนึ่ง ดังในภาพที่ 12



ภาพที่ 12 การไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง

จากภาพที่ 12 การไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังเป็นเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่ต้องอาศัยโครโมโซมคำตอบ 2 โครโมโซมและต้องทำการสุ่มค่าความยาวที่ใช้ในการตัดโครโมโซมจากด้านหน้าของโครโมโซมตัวที่ 1 และด้านหลังของโครโมโซมตัวที่ 2 เพื่อให้มีบิตที่สามารถแลกเปลี่ยนกันได้ค่าความยาวที่ใช้สำหรับการตัดโครโมโซมจะต้องมีค่ามากกว่า 0 และต้องน้อยกว่าความยาวของโครโมโซมคำตอบ ดังในภาพที่ 13



ภาพที่ 13 ตัวอย่างการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง

จากภาพที่ 13 เป็นตัวอย่างการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังที่มีค่าความยาวในการตัดโครโมโซมเพื่อแลกเปลี่ยนเท่ากับ 2 จากภาพจะเห็นได้ว่าการแลกเปลี่ยนบิต 2 บิตระหว่างโครโมโซมและบิตที่ถูกแลกเปลี่ยนนั้นจะไม่ได้อยู่ในตำแหน่งเดิมที่เคยอยู่ในโครโมโซมเดิม



## บทที่ 4

### ผลการทดลอง

ในงานวิจัยนี้ต้องการวัดประสิทธิภาพของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนกับปัญหาต่าง ๆ เพื่อเปรียบเทียบความสามารถในการหาคำตอบของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอกับเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ โดยการนำเสนอผลการทดลองจะถูกแบ่งออกเป็น 3 ส่วนด้วยกันคือ การเปรียบเทียบประสิทธิภาพเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอกับการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ การเปรียบเทียบประสิทธิภาพเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอกับขั้นตอนวิธีรูปแบบต่าง ๆ การวิเคราะห์การเข้าสู่คำตอบ ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้จากการทดลองมีดังต่อไปนี้

#### 4.1 การเปรียบเทียบประสิทธิภาพเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอกับการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ

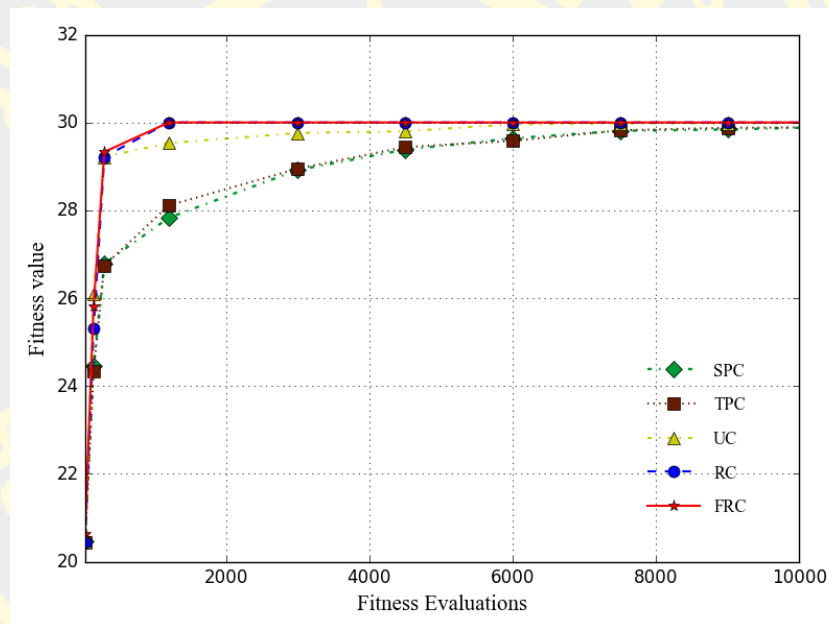
ในการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ แบ่งออกเป็นสองส่วนด้วยกันได้แก่ การวัดประสิทธิภาพจากทรัพยากรที่ใช้ในการหาคำตอบที่ดูจากจำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมที่ใช้ทั้งในการทำงานของขั้นตอนวิธีกับค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดที่หาได้ และการเปรียบเทียบประสิทธิภาพโดยดูการเข้าถึงคำตอบว่าในแต่ละรุ่นของประชากรคำตอบที่ถูกสร้างออกมานั้นมีค่าที่ดีที่สุดอยู่ที่เท่าไร ทั้งสองวิธีนี้จะเป็นตัวบ่งชี้ถึงประสิทธิภาพของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนได้อย่างชัดเจนว่าเทคนิคในการไขว้เปลี่ยนแบบใดมีประสิทธิภาพที่ดีที่สุดและมีความสามารถในการหาคำตอบของปัญหาใดได้ดีที่สุด ซึ่งผลการทดลองที่ได้มีดังต่อไปนี้

ตารางที่ 5 ประสิทธิภาพของการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ

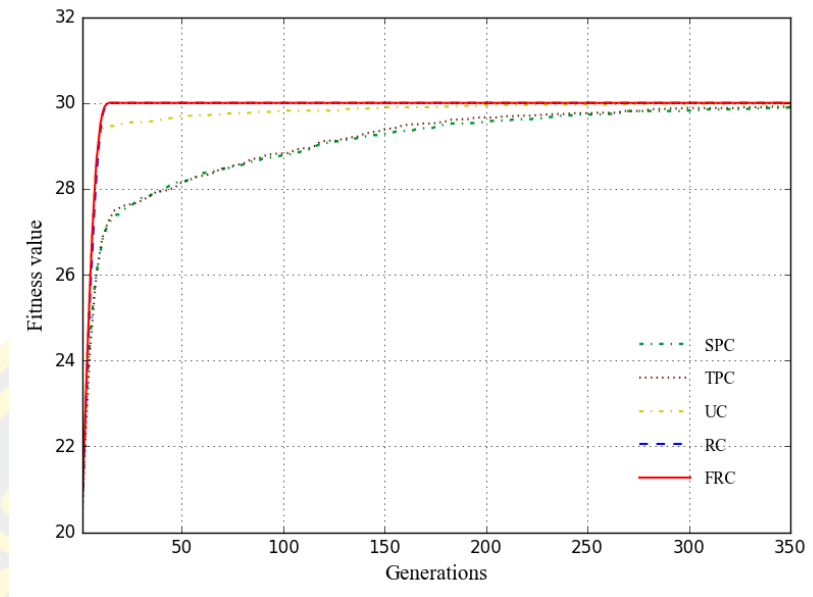
Function	SPC	TPC	UC	RC	FRC
One Max 30	100%	100%	100%	100%	100%
	5106.3	5353.5	1774.2	319.2	298.8
One Max 60	39%	37%	67%	100%	100%
	13778.4	13788.3	10364.4	553.8	504.6
One Max 120	0%	0%	2%	100%	100%
	15000	15000	14984.4	878.4	835.5
Zero Max 30	100%	100%	100%	100%	100%
	5185.8	5100	1631.4	310.8	293.7
Zero Max 60	39%	39%	69%	100%	100%
	13781.4	13540.8	10086.6	536.4	506.1
Zero Max 120	0%	0%	1%	100%	100%
	15000	15000	14993.7	890.4	838.8
Random Max 30	100%	100%	100%	0%	31%
	5075.4	5324.7	1858.2	15000	12823.8
Random Max 60	39%	39%	72%	0%	0%
	13706.1	13580.4	10519.5	15000	15000
Random Max 120	0%	0%	1%	0%	0%
	15000	15000	14968.2	15000	15000
Trap (3) 30	2%	2%	1%	100%	100%
	14726.4	14751	14852.7	378	348.9
Trap (3) 60	0%	0%	0%	100%	100%
	15000	15000	15000	746.7	716.7
Trap (3) 120	0%	0%	0%	100%	100%
	15000	15000	15000	1412.1	1314.3
Trap (5) 30	2%	3%	0%	82%	100%
	78415.2	77626.4	80000	15968.8	1078.4
Trap (5) 60	0%	0%	0%	63%	100%
	80000	80000	80000	31635.2	2058.4
Trap (5) 120	0%	0%	0%	58%	100%
	80000	80000	80000	35763.2	3648

จากตารางที่ 5 เป็นการแสดงถึงร้อยละของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่สามารถหาคำตอบของปัญหาได้และแสดงจำนวนครั้งของการประเมินค่าความเหมาะสม ซึ่งผลลัพธ์ทางประสิทธิภาพที่ดีนั้นจะต้องสามารถหาคำตอบของปัญหาได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์ และใช้จำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมที่น้อย ซึ่งในปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดที่ใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนสามารถหาคำตอบของปัญหาได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์ นั้นหมายความว่าจากการทดลองทั้งหมด 100 ครั้งเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียวสามารถหาคำตอบของปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดได้ทั้งหมด 100 ครั้งและใช้จำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมเฉลี่ยอยู่ที่ 5106.3 ครั้ง จากตารางที่ 4 ส่วนที่ทำการเน้นผลลัพธ์เป็นอักษรตัวหนา คือ ผลลัพธ์ของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่ดีที่สุดในแต่ละปัญหา ในส่วนของปัญหาบิตหนึ่งและบิตศูนย์มากที่สุดเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่มีประสิทธิภาพที่ดีมากที่สุดคือเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังที่สามารถหาคำตอบของปัญหาได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์และใช้จำนวนครั้งในการคำนวณค่าความเหมาะสมน้อยที่สุด แต่ในปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มนั้นเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่สามารถหาคำตอบได้ดีที่สุดคือเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป ซึ่งในขนาดของปัญหาหรือความยาวของโครโมโซมที่มีความยาว 30 บิต การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาได้เลยทำให้ความสำเร็จในการเจอคำตอบของปัญหาอยู่ที่ 0 เปอร์เซ็นต์และการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังเจอคำตอบของปัญหาเพียง 31 เปอร์เซ็นต์เท่านั้นแต่ในทางกลับกันเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุดและการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปสามารถหาคำตอบได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์และเมื่อปัญหามีขนาดที่ใหญ่มากขึ้นก็ยังสามารถหาคำตอบได้ดีกว่าการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง ส่วนในปัญหากับดักที่ขนาดของกับดักเท่ากับสามนั้นประสิทธิภาพในการหาคำตอบของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังเป็นเทคนิคที่มีประสิทธิภาพมากที่สุดและมีผลลัพธ์ที่ใกล้เคียงกัน ทั้งสองเทคนิคนี้สามารถหาคำตอบของปัญหาได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์แต่เป็นเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังที่มีจำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมที่น้อยกว่าการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนเล็กน้อย และเมื่อขนาดของกับดักเพิ่มขึ้นเป็นขนาดเท่ากับ 5 ผลลัพธ์ที่ได้คือ เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังสามารถหาคำตอบของปัญหาได้ดีที่สุด ซึ่งสามารถหาคำตอบของปัญหาได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์และใช้จำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมน้อยที่สุด ทำให้สามารถสรุปโดยรวมได้ว่า ในการเลือกใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนเพื่อแก้ปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มความเลือกใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป และในปัญหาบิตสูงสุดหนึ่ง บิตสูงสุดศูนย์ และปัญหากับดัก ควรเลือกใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังในการหาคำตอบของทั้ง 3 ปัญหานี้

เพื่อให้เห็นถึงประสิทธิภาพในการรู้เข้าสู่คำตอบของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ ผู้วิจัยได้นำเสนอผลลัพธ์ในรูปแบบของกราฟหลายเส้นที่แสดงถึงค่าความเหมาะสมสูงสุดที่หาได้ต่อจำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสม โดยการมีแกน X เป็นจำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมและแกน Y เป็นค่าความเหมาะสมสูงสุดที่ได้ ซึ่งกราฟจะแสดงให้เห็นว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ เทคนิคที่ใช้จำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมน้อยและได้ค่าความเหมาะสมที่มากหรือเจอคำตอบที่ถูกต้องทำให้มีค่าความเหมาะสมสูงสุด ซึ่งผลการทดลองที่นำมาแสดงในรูปแบบกราฟเส้นจะใช้พารามิเตอร์ชุดเดียวกับตารางที่ 4 ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้มีดังต่อไปนี้

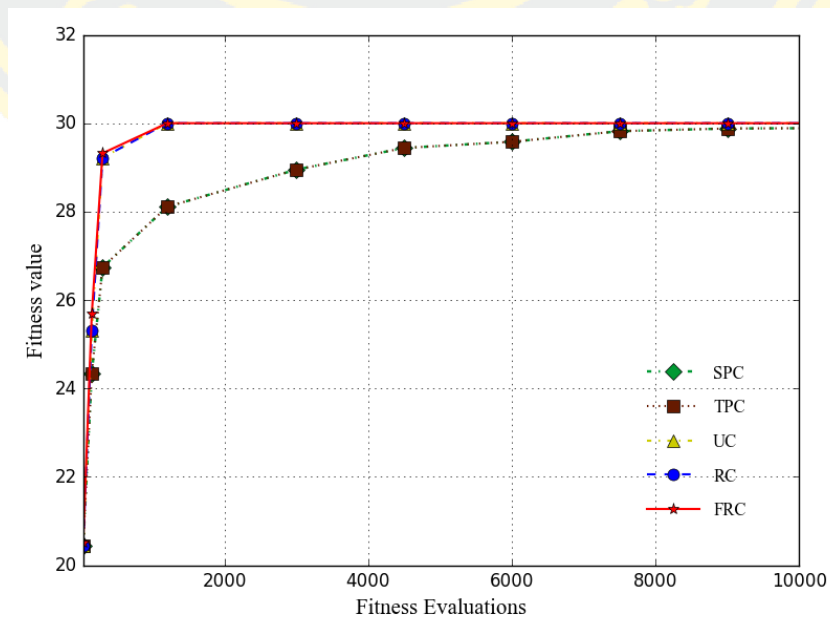


ภาพที่ 14 ทรัพยากรที่ใช้ในปัญหาบิตหนึ่งมากสุดในความยาว 30 บิต

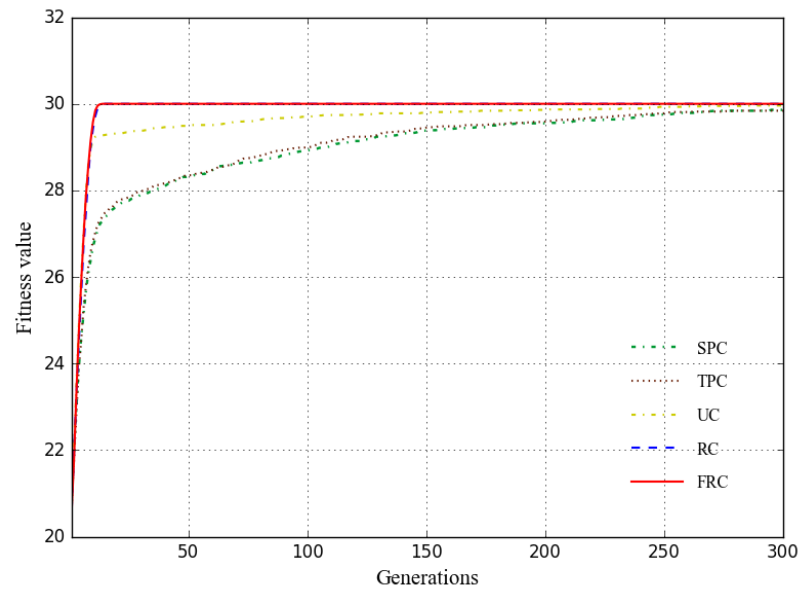


ภาพที่ 15 การลู่เข้าคำตอบในปัญหาบิตหนึ่งมากสุดในความยาว 30 บิต

จากภาพที่ 14 เป็นกราฟที่แสดงทรัพยากรคำนวณที่ใช้หรือจำนวนครั้งทั้งหมดที่เทคนิคการไขว้เปลี่ยนทั้ง 5 เทคนิคใช้ประเมินค่าความเหมาะสมกับค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดที่หาได้ และภาพที่ 15 เป็นกราฟที่แสดงถึงการลู่เข้าคำตอบในแต่ละรุ่นของประชากร จะเห็นได้ว่าการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังและการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนสามารถหาคำตอบของปัญหาบิตหนึ่งมากสุดได้ดีกว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบอื่น

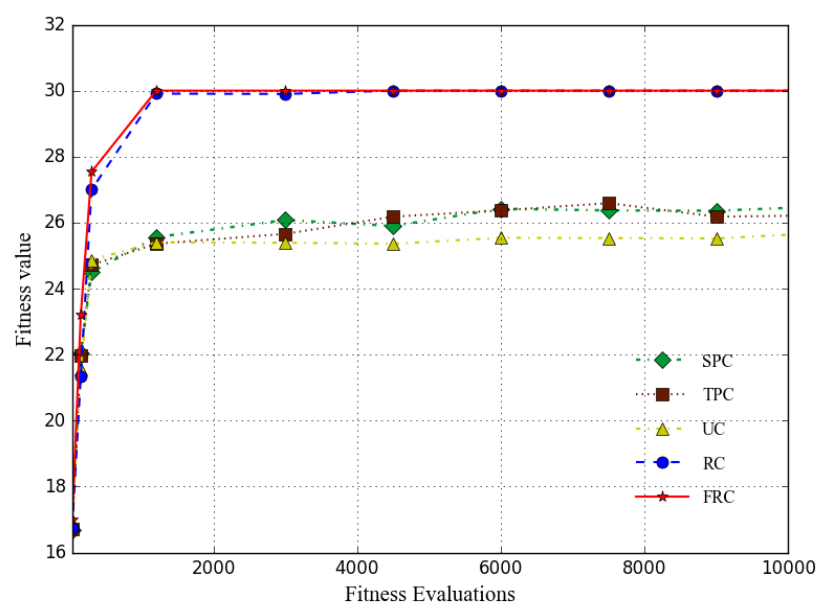


ภาพที่ 16 ทรัพยากรที่ใช้ในปัญหาบิตศูนย์มากสุดในความยาว 30 บิต



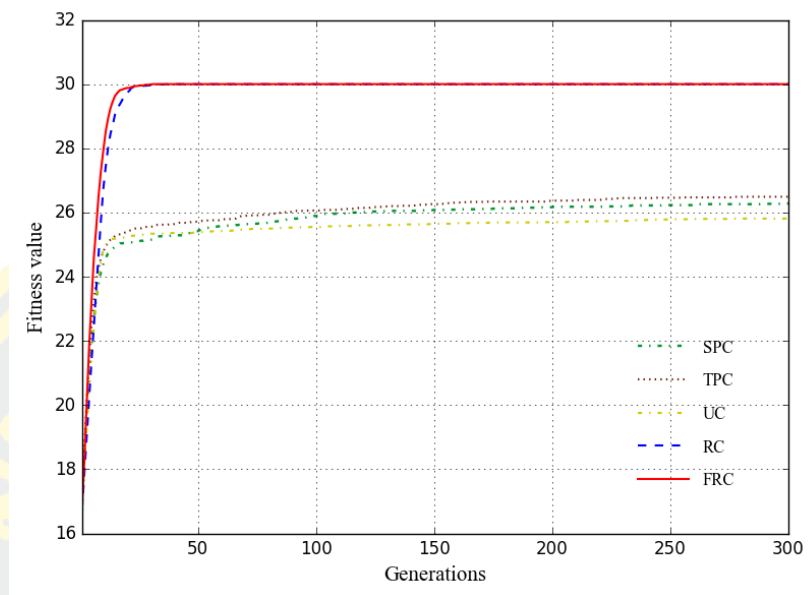
ภาพที่ 17 การลู่เข้าคำตอบในปัญหาบิตศูนย์มากสุดในความยาว 30 บิต

จากที่ได้กล่าวไว้ข้างต้นว่าปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดและบิตศูนย์มากสุดนอกจากจะใช้เป็นปัญหาทดสอบในการวัดประสิทธิภาพแล้ว แต่ยังสามารถบ่งบอกถึงความล่าเอียงในการทำงานของขั้นตอนวิธีได้ จากภาพที่ 16 และภาพที่ 17 ทำให้เห็นได้ว่าประสิทธิภาพในการหาคำตอบของทั้ง 4 เทคนิคมีความใกล้เคียงกันเป็นอย่างมาก ทำให้สามารถสรุปได้ว่าทั้ง 4 เทคนิคไม่มีความล่าเอียงไปทางด้าน “1” หรือ “0”



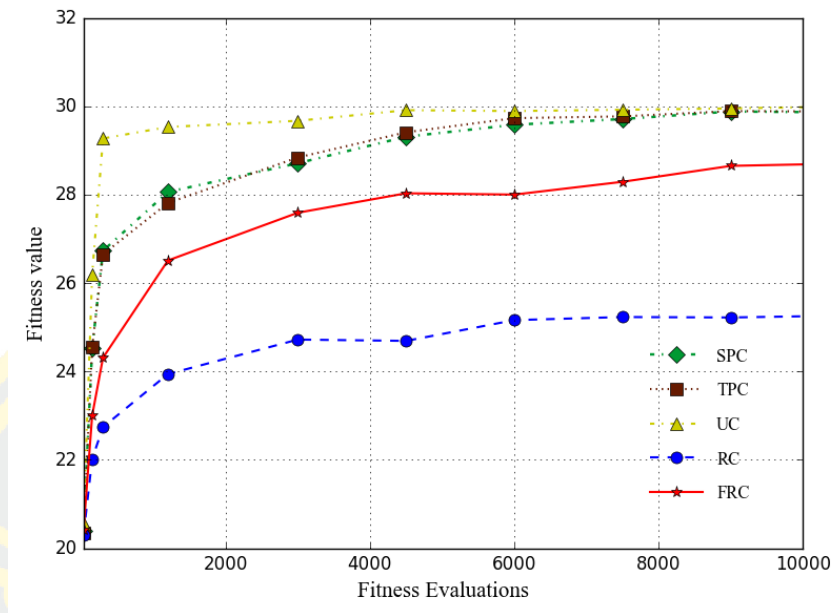
ภาพที่ 18 ทรัพยากรที่ใช้ในปัญหากับัดกขนาด 3 ในความยาว 30 บิต



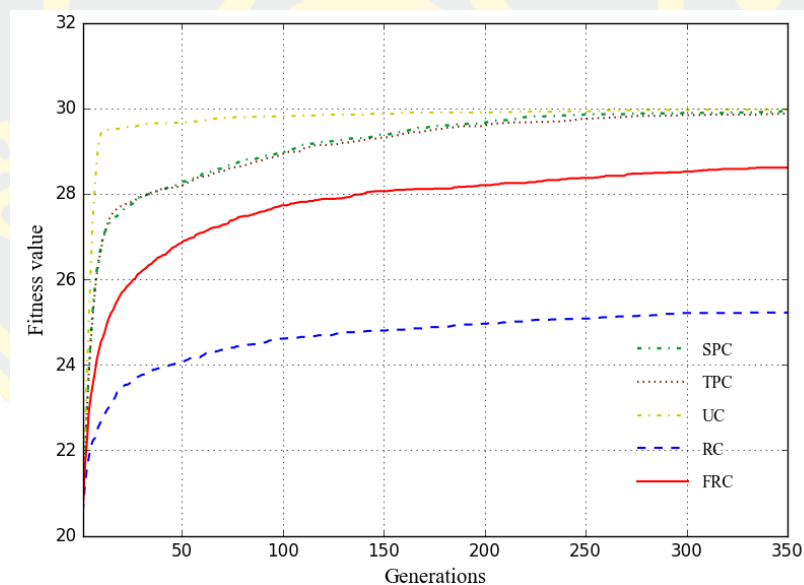


ภาพที่ 19 การลู่เข้าคำตอบในปัญหากับดักขนาด 3 ในความยาว 30 บิต

จากภาพที่ 18 และภาพที่ 19 จะเห็นได้ว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังสามารถหาคำตอบของปัญหาได้ดีที่สุด ส่วนเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด และการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปไม่สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหานี้ได้ คำตอบที่ดีที่สุดที่ได้จาก 3 เทคนิคดังกล่าวมีค่าความเหมาะสมอยู่ที่ประมาณ 26 และต่อให้เพิ่มทรัพยากรคำนวณก็ยังไม่สามารถหาคำตอบได้



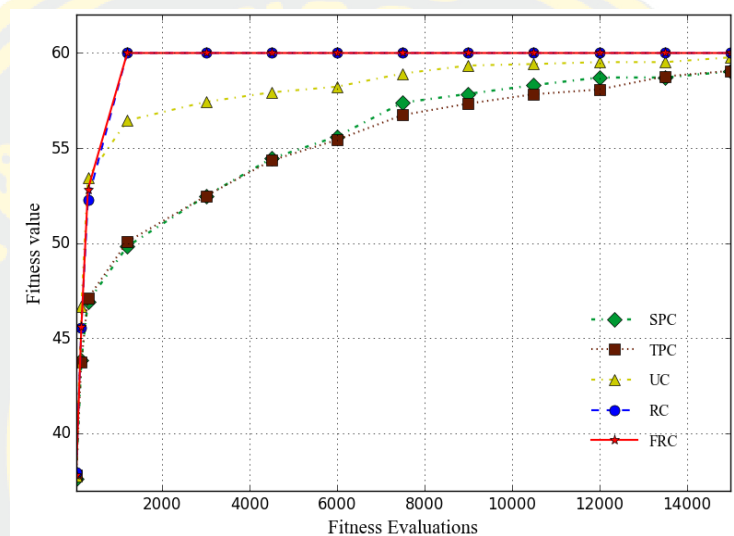
ภาพที่ 20 ทรัพยากรที่ใช้ในปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มในความยาว 30 บิต



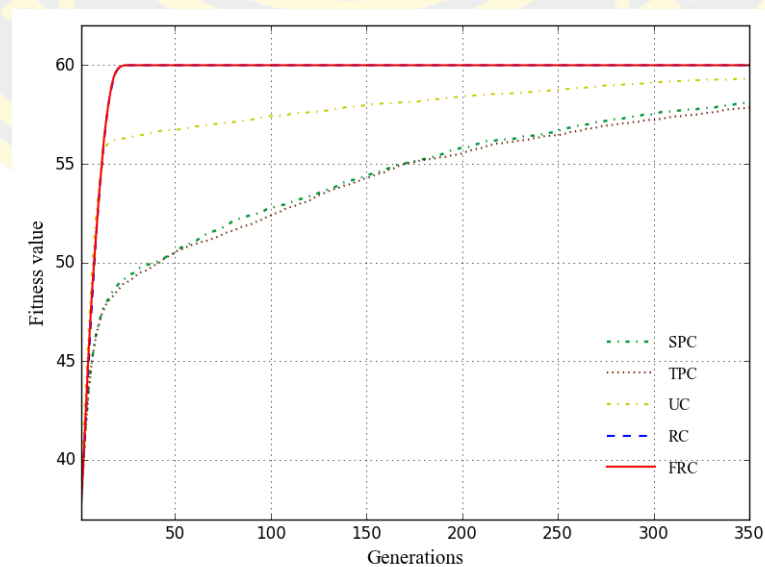
ภาพที่ 21 การลู่เข้าคำตอบในปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มในความยาว 30 บิต

จากผลการทดลองในภาพที่ 20 และภาพที่ 21 เทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่มีประสิทธิภาพที่ดีที่สุดคือ เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป ส่วนในเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังและแบบวงแหวนนั้นไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาได้และต่อให้ใช้ทรัพยากรคำนวณจนหมดก็ไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาได้ ดังนั้นเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่ควรนำไปใช้แก้ปัญหามันสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มควรเลือกใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป

นอกจากนี้ปัญหาต่าง ๆ จะมีความยากในการหาคำตอบที่มากขึ้นถ้ามีการกำหนดความยาวของโครโมโซมคำตอบให้ยาวขึ้นหรือกำหนดขนาดของกับดักให้ใหญ่ขึ้น เทคนิคต่าง ๆ อาจจะต้องใช้ทรัพยากรคำนวณที่เพิ่มขึ้นและทำให้ประสิทธิภาพในการหาคำตอบลดลง ยกตัวอย่างเช่นผลการทดลองในภาพต่อไปนี้

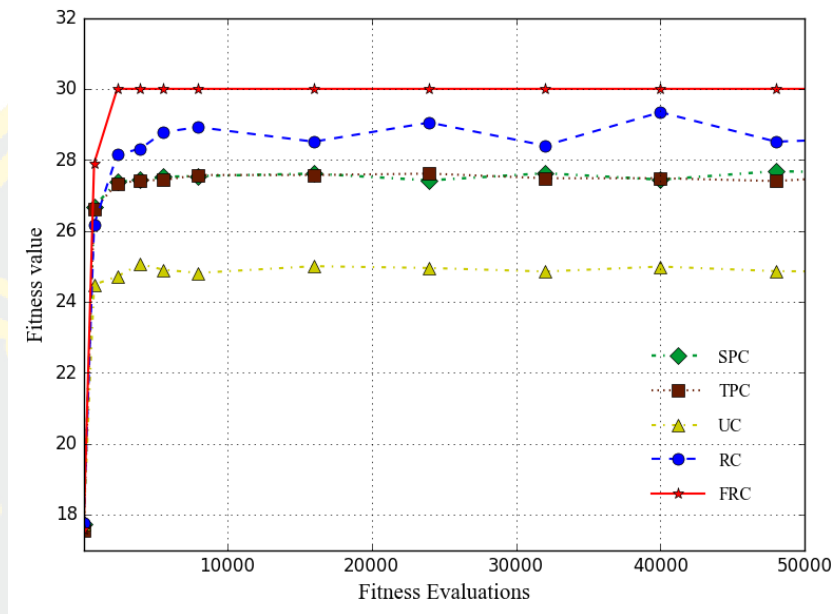


ภาพที่ 22 ทรัพยากรที่ใช้ในปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดในความยาว 60 บิต

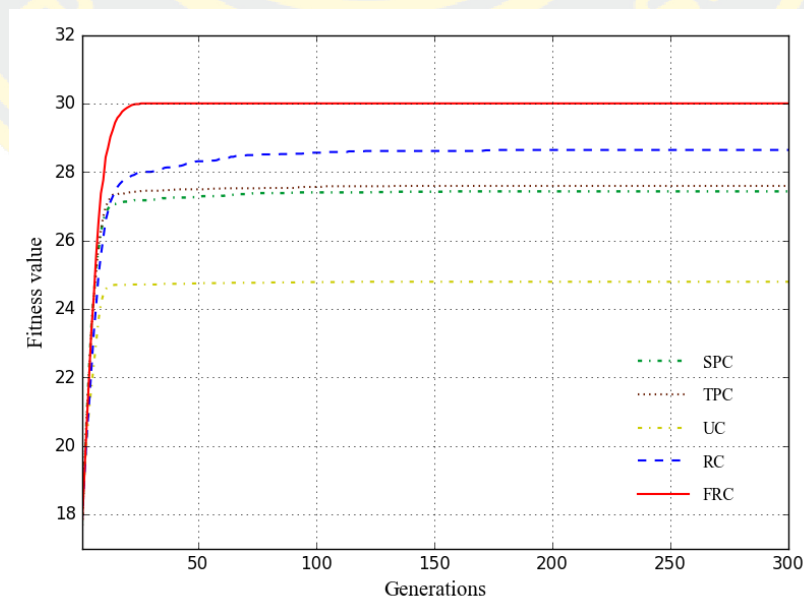


ภาพที่ 23 การลู่เข้าคำตอบในปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดในความยาว 60 บิต

จากภาพที่ 22 และภาพที่ 23 เมื่อเพิ่มความยาวของคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาให้มากขึ้นจะทำให้เห็นว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ ก็ใช้จำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมมากขึ้นด้วย แต่เทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอหรือเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังนั้นก็ยังคงประสิทธิภาพที่ดีที่สุดในการหาคำตอบของปัญหานี้



ภาพที่ 24 ทรัพยากรที่ใช้ในปัญหากับดักขนาด 5 ในความยาว 30 บิต



ภาพที่ 25 การลู่เข้าคำตอบในปัญหากับดักขนาด 5 ในความยาว 30 บิต

จากผลการทดลองในภาพที่ 24 และภาพที่ 25 จะทำให้เห็นว่าเมื่อปัญหา มีการกำหนดความยาวที่มากขึ้น จำนวนครั้งที่ใช้ประเมินค่าความเหมาะสมก็มากขึ้นไปด้วย รวมไปถึงการเพิ่มขนาดของกับดักที่ใหญ่ขึ้นโอกาสที่ขั้นตอนของการคัดเลือกจะเลือกเอาโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุดประกอบไปด้วยบิต “0” เป็นจำนวนมาก โอกาสที่เทคนิคการไขว้เปลี่ยนจะผสมคำตอบแล้วไม่เกิดเป็นหน้าตาคำตอบใหม่ก็มีมากขึ้นด้วยเช่นกัน นั่นหมายความว่า การเจอคำตอบจะเป็นไปได้ยากมาก แต่อย่างไรก็ตามเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่ผู้วิจัยนำเสนอ ก็ยังสามารถหาคำตอบของปัญหาได้ถึงแม้จะใช้ทรัพยากรที่เพิ่มขึ้นแต่ก็ยังเจอคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหา

#### 4.2 การเปรียบเทียบประสิทธิภาพเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอ กับขั้นตอนวิธีรูปแบบต่าง ๆ

ในงานวิจัยนี้ได้ทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพในการแก้ปัญหา กับดักของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังกับขั้นตอนวิธีอื่น ๆ ที่ได้นำเสนอผลลัพธ์ทางด้านประสิทธิภาพในการแก้ปัญหากับดัก ซึ่งงานวิจัยต่าง ๆ นำเสนอประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีออกมาในรูปของจำนวนครั้งที่ใช้ในการประเมินค่าความเหมาะสม ผู้วิจัยจึงได้ทำการทดลองในปัญหากับขนาด 3 และใช้ความยาวของโครโมโซมเท่ากับจำนวนที่ขั้นตอนวิธีต่าง ๆ ใช้ในการทดลอง และแสดงผลทางด้านประสิทธิภาพออกมาในรูปแบบของจำนวนครั้งที่ใช้ในการประเมินค่าความเหมาะสมเพื่อให้สามารถเปรียบเทียบประสิทธิภาพกับขั้นตอนวิธีอื่น ๆ ได้ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังยังคงใช้พารามิเตอร์ในตารางที่ 3 ในการกำหนดค่าต่าง ๆ ของขั้นตอนวิธี ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้แสดงในตารางที่ 6 และตารางที่ 7 ดังนี้

ตารางที่ 6 ประสิทธิภาพในการแก้ปัญหากับดักขนาด 3, ความยาวโครโมโซมเท่ากับ 21 บิต

Algorithm	Fitness evaluations
GA (FRC)	254.4
GP (Ondas et al., 2006)	4000.0
PIPC (Ondas et al., 2006)	8000.0
Schema Search (Cox & Watson, 2014)	$>10^3$
Rand Restart (Cox & Watson, 2014)	$>10^5$

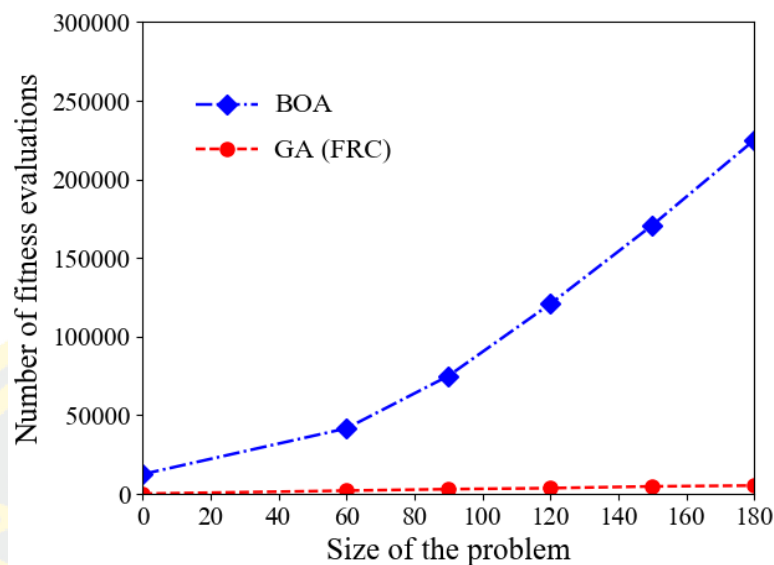
จากตารางที่ 6 เป็นการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกรรมที่ใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังเปรียบเทียบกับขั้นตอนวิธีรูปแบบต่าง ๆ ในปัญหาที่ขนาด 3 ที่ความยาวของโครโมโซมขนาดเท่ากับ 21 บิต การวัดประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีจะวัดจากจำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสม ซึ่งผลลัพธ์ที่นำมาเปรียบเทียบนั้นเป็นผลลัพธ์ที่ได้จากงานวิจัยของ (Ondas et al., 2006) และในงานวิจัยของ (Cox & Watson, 2014) งานวิจัยทั้งสองได้ทดลองกับปัญหาที่ขนาด 3 ที่ความยาวของโครโมโซมเท่ากับ 21 บิต และเก็บผลลัพธ์ในรูปแบบจำนวนครั้งในการประเมินค่าตอบ ผู้วิจัยจึงได้นำผลลัพธ์ในปัญหาเดียวกันมาเปรียบเทียบพบว่า ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมที่ใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังนั้นมีประสิทธิภาพในการหาคำตอบที่ดีกว่ามาก ซึ่งมีค่าเฉลี่ยของจำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมอยู่ที่ 254.4 ครั้ง

ตารางที่ 7 ประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาที่ขนาด 3, ความยาวโครโมโซมเท่ากับ 30 บิต

Algorithm	Fitness evaluations
GA (FRC)	298.8
sGA (Harik et al., 1999)	25000.0
cGA (Harik et al., 1999)	28333.3
mcGA (Rimcharoen, Phiromlap, & Leelathakul, 2015)	23333.3
pe-cGA (Rimcharoen et al., 2015)	15000.0
ne-cGA (Rimcharoen et al., 2015)	12500.0
fb-cGA (Rimcharoen et al., 2015)	500.0

จากตารางที่ 7 เป็นการเปรียบเทียบประสิทธิภาพในการหาคำตอบของปัญหาที่ขนาด 3 ที่มีความยาวของโครโมโซม 30 บิต ซึ่งวิธีวัดประสิทธิภาพวัดจากจำนวนครั้งที่ใช้ในการประเมินค่าความเหมาะสมเช่นเดียวกับการเปรียบเทียบประสิทธิภาพในตารางที่ 6 ซึ่งงานวิจัยของ (Harik et al., 1999) และงานวิจัยของ (Rimcharoen et al., 2015) งานวิจัยทั้งสองได้ทดลองกับปัญหาที่ขนาด 3 ที่ความยาวของโครโมโซมเท่ากับ 30 บิต และเก็บผลลัพธ์ในรูปแบบจำนวนครั้งในการประเมินค่าตอบ จากตารางที่ 7 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังสามารถหาคำตอบของปัญหาได้ดีที่สุดและใช้จำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมเฉลี่ยอยู่ที่ 298.8 เท่านั้น





ภาพที่ 26 จำนวนครั้งที่ใช้ในการประเมินค่าความเหมาะสมของปัญหากับดักขนาด 5

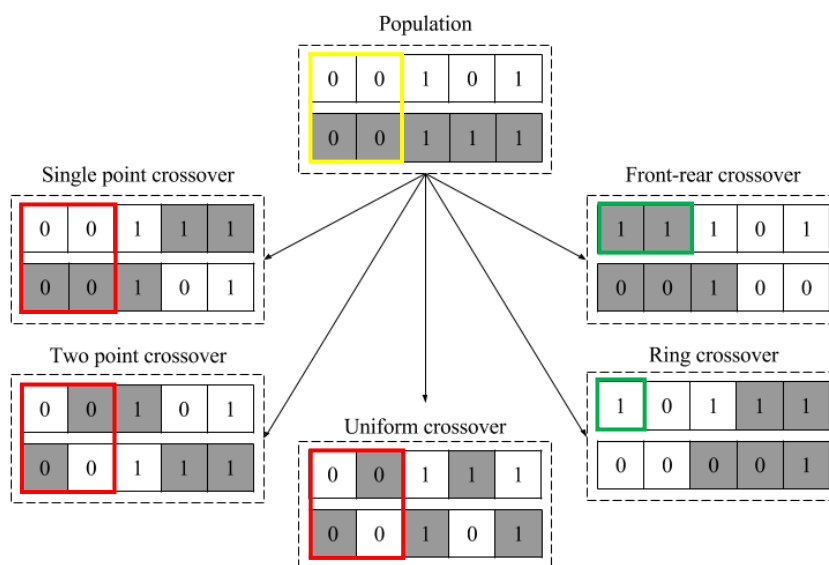
จากภาพที่ 26 เป็นการเปรียบเทียบประสิทธิภาพในการหาคำตอบระหว่างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังและขั้นตอนวิธีการเพิ่มประสิทธิภาพคชกรรม (Bayesian optimization algorithm : BOA) เทคนิคที่นำมาเปรียบเทียบเป็นเทคนิคของ (Pelikan et al., 1999) ขั้นตอนวิธีดังกล่าวสามารถหาคำตอบปัญหากับดักขนาด 5 ที่เป็นปัญหาที่ยากได้ และแสดงผลลัพธ์เป็นจำนวนครั้งที่ใช้ในการประเมินคำตอบที่ขนาดความยาวของโครโมโซมเท่ากับ 60, 90, 120, 150 และ 180 บิตออกมา ผู้วิจัยจึงได้นำขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมที่ใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังมาทำการทดลองในปัญหากับดักขนาด 5 ที่ความยาวของโครโมโซมแบบเดียวกันและเก็บจำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมที่ขนาดความยาวดังกล่าวมาสร้างกราฟเปรียบเทียบจากภาพที่ 26 ทำให้เห็นว่า ปัญหากับดักขนาด 5 นั้นขั้นตอนวิธีที่ใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังมีประสิทธิภาพในการหาคำตอบของปัญหาได้มากกว่า BOA ทุกความยาวของโครโมโซม เมื่อความยาวของโครโมโซมเพิ่มขึ้นจะสังเกตได้ว่า BOA จะมีการใช้จำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมที่เพิ่มขึ้นมากแต่เทคนิคที่ผู้วิจัยนำเสนอใช้นั้นใช้จำนวนครั้งเพิ่มขึ้นเพียงเล็กน้อยเท่านั้น ซึ่งในขนาดของความยาวของโครโมโซมที่ 180 บิต จะเห็นได้ชัดเจนว่าเทคนิคที่ผู้วิจัยนำเสนอใช้นั้นใช้จำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมคำตอบของปัญหากับดักขนาด 5 นี้ได้น้อยกว่า BOA ถึง 40 เท่า

### 4.3 การวิเคราะห์การเข้าสู่คำตอบ

เพื่ออธิบายถึงผลลัพธ์ด้านประสิทธิภาพที่ถูกรวบรวมไปในช่วงข้อ 4.1 ผู้วิจัยได้นำเสนอการวิเคราะห์เทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่แบ่งออกเป็น 3 ส่วนคือ 1.การวิเคราะห์การไขว้เปลี่ยนจากรูปแบบการตัดแยกที่บอกถึงพฤติกรรมที่ทำให้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ มีผลลัพธ์ที่แตกต่างกันทำให้รู้ถึงสาเหตุว่าประสิทธิภาพที่ดีหรือแย่มาจากสาเหตุอะไร 2.การวิเคราะห์พฤติกรรมจากค่าความหลากหลายในระดับยีนเพื่อให้เห็นถึงพฤติกรรมของการไขว้เปลี่ยนที่ทำให้ประชากรมีการเปลี่ยนแปลงที่แตกต่างกัน ซึ่งส่งผลให้ผลลัพธ์ที่ได้จากเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ แตกต่างกันไป และ 3.การวิเคราะห์ความหลากหลายของประชากร ที่แสดงพฤติกรรมของการผลิตประชากรคำตอบในเทคนิคการไขว้เปลี่ยนต่าง ๆ ว่ามีความหลากหลายทางด้านหน้าตาของคำตอบเป็นอย่างไร ซึ่งผลการวิเคราะห์รูปแบบต่าง ๆ มีดังต่อไปนี้

#### 4.3.1 การวิเคราะห์การไขว้เปลี่ยนจากรูปแบบการตัดแยก

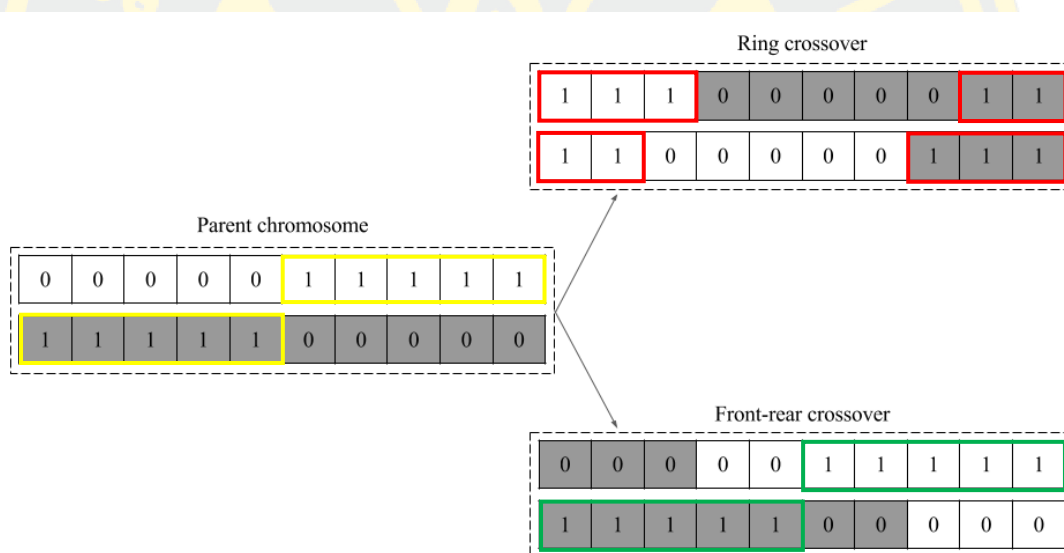
การวิเคราะห์การไขว้เปลี่ยนจากรูปแบบการตัดแยกคือ การดูลักษณะที่ต่างกันของการตัดและการแลกเปลี่ยนบิตคำตอบ โดยเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่ได้นำมาใช้ในการทดลองนั้นจะสังเกตได้ว่า เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด และเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปเป็นการไขว้เปลี่ยนแบบแลกเปลี่ยนบิตในตำแหน่งเดียวกัน ต่างจากเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังที่การไขว้เปลี่ยนมีการแลกเปลี่ยนบิตที่ทำให้ตำแหน่งบิตไม่อยู่ในตำแหน่งเดิมจากที่เคยอยู่ การแลกเปลี่ยนในตำแหน่งเดียวกันจะส่งผลเสียให้กับกรณีที่โครโมโซมคำตอบมีบิตใดบิตหนึ่งที่เหมือนกัน การตัดและแลกเปลี่ยนบิตจะไปเกิดผลต่อบิตตำแหน่งนั้น และเมื่อทุกโครโมโซมในประชากรคำตอบมีบิตตำแหน่งใดตำแหน่งหนึ่งที่เหมือนกันจะส่งผลให้การไขว้เปลี่ยนที่แลกเปลี่ยนบิตในตำแหน่งเดียวกันจะไม่สามารถผลิตคำตอบที่ทำให้ตำแหน่งดังกล่าวมีหน้าตาที่เปลี่ยนไปได้ ยกตัวอย่างดังในรูปที่ 27



ภาพที่ 27 ความแตกต่างระหว่างการไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิมและแบบใหม่

กรณีที่บิตตำแหน่งหนึ่งมีค่าเหมือนกันในทุกโครโมโซม ดังในรูปที่ 27 บิตตำแหน่งที่ 1 และ 2 มีค่าของบิตเป็น 0 ในโครโมโซมทั้งหมด ดังนั้นการไขว้เปลี่ยนที่แลกบิตในตำแหน่งเดียวกันจะไม่สามารถไขว้เปลี่ยนแล้วได้โครโมโซมที่มีบิตเป็น 1 ในตำแหน่งดังกล่าวได้ ซึ่งต่างจากเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่มีการย้ายตำแหน่งทำให้มีโอกาสในการผลิตคำตอบที่ได้บิตแรกที่เปลี่ยนไป กล่าวคือเมื่อโครโมโซมทั้งหมดมีตำแหน่งของใดตำแหน่งหนึ่งที่มีบิต 0 หรือ 1 เหมือนกันทั้งหมด การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุดและการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปจะไม่สามารถทำให้ตำแหน่งนั้นเปลี่ยนไปได้ ยกตัวอย่างกรณีที่โครโมโซมคำตอบของปัญหากับดักมีการลอกให้เลือกโครโมโซมที่มีจำนวนบิต 0 มาก เมื่อขั้นตอนผลิตประชากรไปหลาย ๆ รุ่น หน้าตาของโครโมโซมจะเริ่มมีความคล้ายกันมากขึ้นโอกาสที่บิตตำแหน่งเดียวกันในทุกโครโมโซมก็มีโอกาสเพิ่มขึ้นด้วยเช่นกัน เมื่อหน้าตาของโครโมโซมมีความคล้ายกันการไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิมจึงไม่สามารถผลิตโครโมโซมที่มีลักษณะที่ต่างไปจากเดิมได้ การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังสามารถผลิตประชากรรุ่นใหม่ที่มีหน้าตาแตกต่างไปจากเดิมได้ เนื่องจากการลักษณะการไขว้เปลี่ยนที่มีการย้ายตำแหน่งของบิตในโครโมโซมจึงค่อนข้างมั่นใจได้ว่าการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังจะทำให้ได้โครโมโซมมีหน้าตาต่างออกไปจากเดิม กรณีดังกล่าวสามารถใช้เป็นเหตุผลเพื่อสนับสนุนประสิทธิภาพที่ดีของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังในปัญหาต่าง ๆ ได้เป็นอย่างดี

อย่างไรก็ตามการผลิตโครโมโซมให้มีหน้าตาที่หลากหลายจะเป็นเรื่องสำคัญ แต่การผลิตประชากรรุ่นใหม่ที่ทำให้ค่าตอบแย้งก็เป็นเรื่องที่ต้องคำนึงถึง การทำงานในส่วนต่าง ๆ ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนั้นอาจจะทำให้โครโมโซมมีหน้าตาที่แย้งหรือทำให้ค่าความเหมาะสมน้อยลง ซึ่งในขั้นตอนการไขว้เปลี่ยนก็ได้ยืนยันว่าเมื่อทำการไขว้เปลี่ยนแล้วจะได้ประชากรที่หน้าตาหรือค่าความเหมาะสมที่ดีขึ้นทุกครั้ง การไขว้เปลี่ยนอาจทำให้หน้าตาของโครโมโซมดีขึ้นหรือแย้งก็ได้ จากผลการทดลองในหัวข้อที่ 4.1 การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังมีประสิทธิภาพที่ใกล้เคียงกันในหลาย ๆ ปัญหา แต่เมื่อเป็นปัญหากับดักที่ขนาด 5 เป็นการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังที่ได้ดีกว่าการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน เนื่องมาจากการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังมีโอกาสทำลายโครโมโซมที่มีหน้าตาใกล้เคียงคำตอบน้อยกว่าการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน ซึ่งยกตัวอย่างดังในภาพที่ 28



ภาพที่ 28 ความแตกต่างระหว่างการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนกับการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง

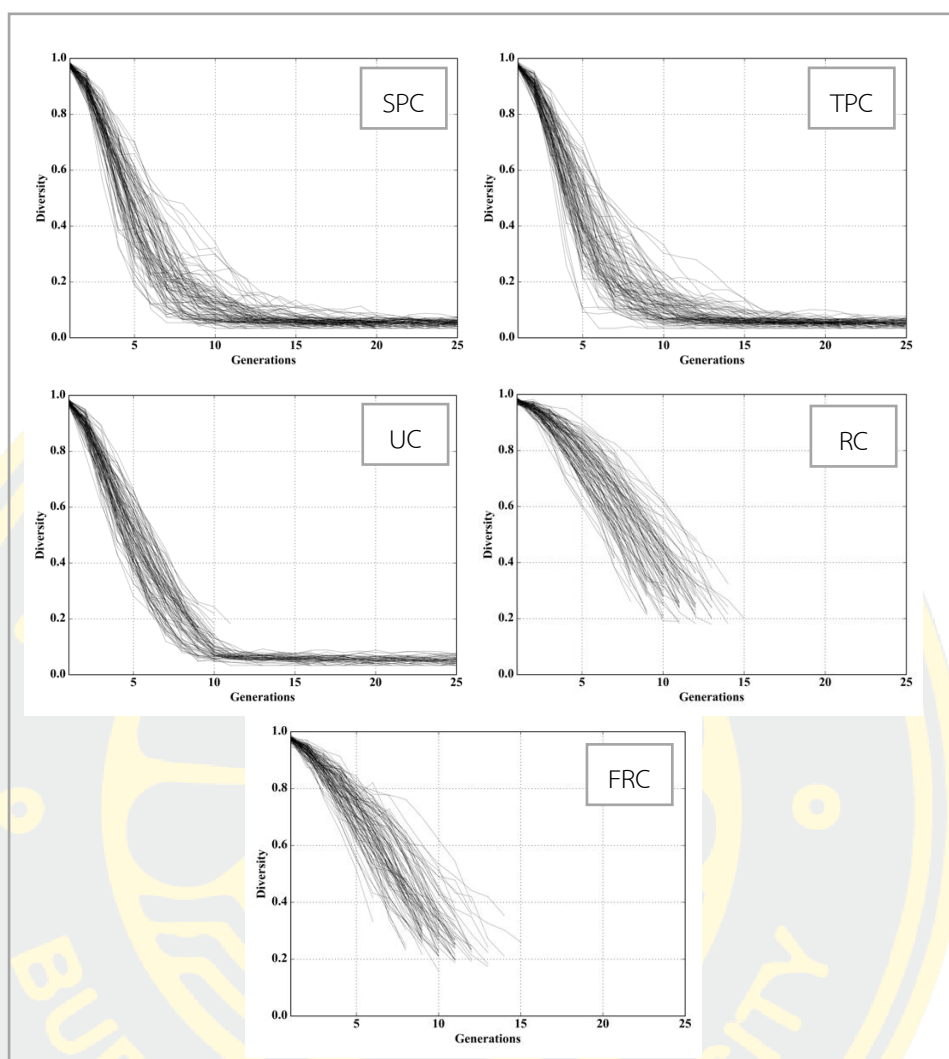
ในปัญหากับดักขนาด 5 โครโมโซมที่จะมีค่าความเหมาะสมที่ดีนั้นจะต้องมีส่วนประกอบของบิต 1 ที่อยู่ติดกันถึง 5 บิต จากภาพที่ 28 โครโมโซมที่ถูกเลือกมาทำการไขว้เปลี่ยนมีชุดของบิต 1 ที่เรียงอยู่ติดกัน 5 บิตซึ่งเป็นชุดบิตที่เป็นคำตอบที่ต้องการ จากภาพเป็นกรณีที่มีการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนทำลายกลุ่มบิตดังกล่าวและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังยังคงรักษาชุดของบิตหนึ่งเอาไว้ได้ การกลับบิตของการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนอาจจะทำให้ได้หน้าตาของโครโมโซมที่หลากหลายมาก ในทางเดียวกันการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนก็ยังมีโอกาสในการทำลายโครโมโซมที่ดีอยู่แล้วมากด้วยเช่นกัน ส่วนการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังมีการย้ายตำแหน่งของบิตแต่ก็ไม่ได้กลับบิตจึงยังสามารถ

รักษาลำดับของส่วนที่ตัดออกมาได้ทำให้ไม่เสียรูปแบบของคำตอบที่อาจถูกต้องอยู่แล้วยังคงอยู่ กรณีนี้จึงใช้เป็นเหตุผลที่บอกว่าทำไมประสิทธิภาพของการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังจึงดีกว่าการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนในปัญหาแก้ตัวขนาด 5 ได้ กล่าวคือการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังสามารถทำให้โครโมโซมมีหน้าตาหลากหลายได้จากการเปลี่ยนตำแหน่งและมีโอกาสในการทำสายส่วนที่ดีของโครโมโซมน้อยกว่าการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน ดังนั้นเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังจึงเหมาะกับปัญหาค้นหาตัวขนาด 5 มากกว่าการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน

#### 4.3.2 การวิเคราะห์พฤติกรรมจากค่าความหลากหลายในระดับยีน

การวิเคราะห์พฤติกรรมการเปรียบเทียบความหลากหลายในระดับยีนของการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ เป็นการนำเอาวิธีการคำนวณค่าความหลากหลายในระดับยีนที่ได้อธิบายเอาไว้ในบทที่ 2 สมการที่ 1 และ 2 มาใช้ ซึ่งการนำเสนอผลการหาค่าความหลากหลายในระดับยีนจะนำเอาประชากรในแต่ละรุ่นของการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ มาคำนวณ ค่าความหลากหลายในระดับยีนจะถูกนำเสนอในรูปแบบกราฟที่มีแกน  $y$  เป็นค่าความหลากหลายในระดับยีนจากค่า 0 ที่มีค่าความหลากหลายน้อยไปจนถึง 1 ที่มีค่าความหลากหลายมากและแกน  $x$  เป็นรุ่นของประชากร กราฟจะแสดงผลการทดลองทั้งหมด 100 การทดลองเพื่อทำให้เห็นถึงเหตุการณ์ส่วนใหญ่ที่เกิดขึ้น ซึ่งประชากรที่นำมาคำนวณเป็นประชากรที่เกิดขึ้นจากการทดลองภายในได้พารามิเตอร์แบบเดียวกันกับการทดลองอื่น ๆ จากตารางที่ 4 ของบทที่ 3 ซึ่งผลการคำนวณค่าความหลากหลายในระดับยีนของแต่ละเทคนิคการไขว้เปลี่ยนในปัญหาต่าง ๆ มีดังนี้



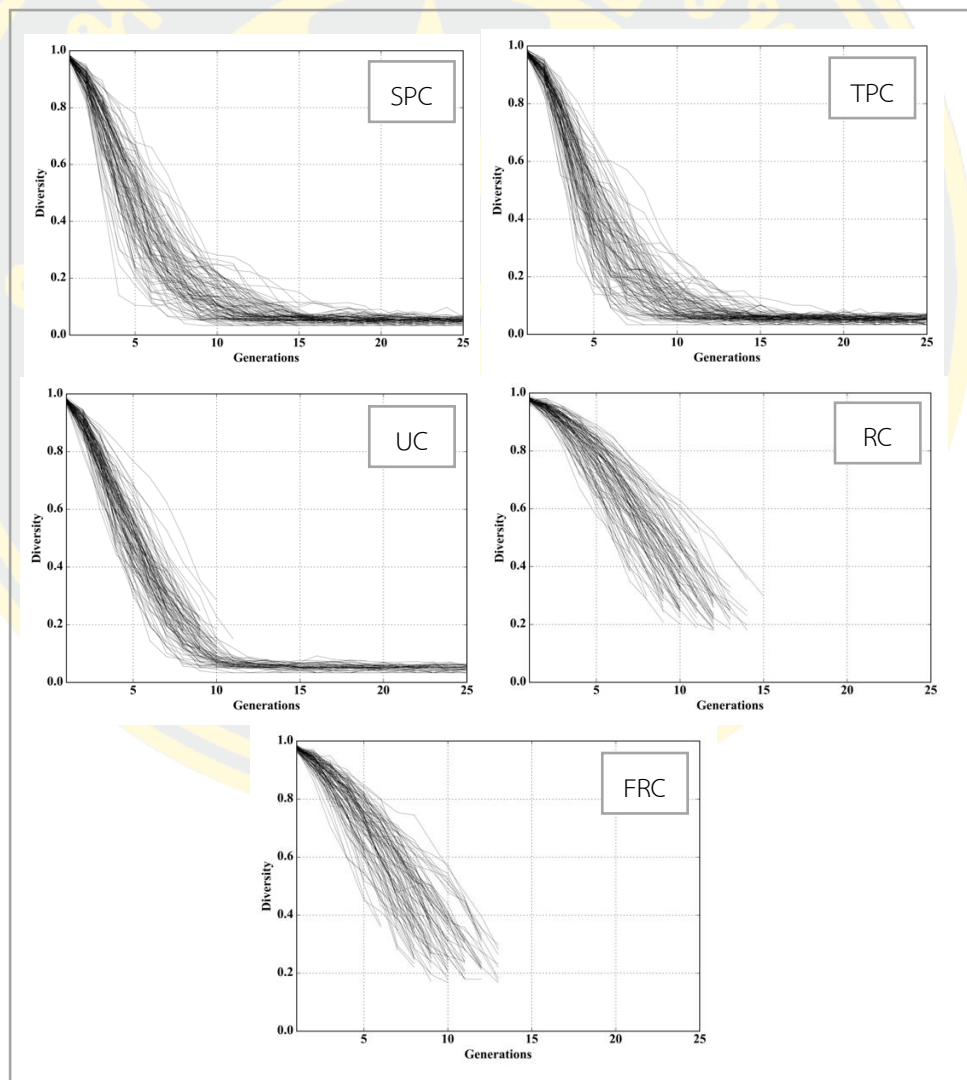


ภาพที่ 29 ค่าความหลากหลายระดับยีนของการไขว้เปลี่ยนในปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุด

จากภาพที่ 29 เป็นการนำเสนอค่าความหลากหลายในระดับยีนของปัญหาบิตสูงสุดหนึ่งซึ่งเปรียบเทียบระหว่างการไขว้เปลี่ยนทั้ง 5 เทคนิค จากภาพจะเห็นได้ว่าในประชากรรุ่นแรก ๆ จะมีค่าความหลากหลายที่ใกล้เคียงกันมาก เนื่องจากการสร้างประชากรต้นกำเนิดทำโดยการสุ่มขึ้นมาอย่างสม่ำเสมอทำให้ประชากรมีบิต 0 และบิต 1 ที่เท่า ๆ กันค่าความหลากหลายจึงมีค่าที่ค่อนข้างมากในประชากรรุ่นแรก ๆ นั้นเอง โดยส่วนมากแล้วค่าความหลากหลายมักจะลดลงเรื่อย ๆ เนื่องมาจากประชากรรุ่นใหม่ que เริ่มเข้าสู่ค่าตอบจะมีหน้าตาที่คล้ายกันมากขึ้นทำให้ความหลากหลายในระดับยีนนั้นจะมีค่าที่ลดลงไปเรื่อย ๆ จนมีค่าที่ค่อนข้างน้อย จากภาพที่ 29 ทำให้เห็นพฤติกรรมของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนในปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดที่มีพฤติกรรมของค่าความหลากหลายที่เหมือนและแตกต่างกันออกไป ซึ่งค่าความหลากหลายที่เกิดขึ้นอธิบายว่าการไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิมคือการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด และการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปมีพฤติกรรมที่คล้าย ๆ กันคือเมื่อ

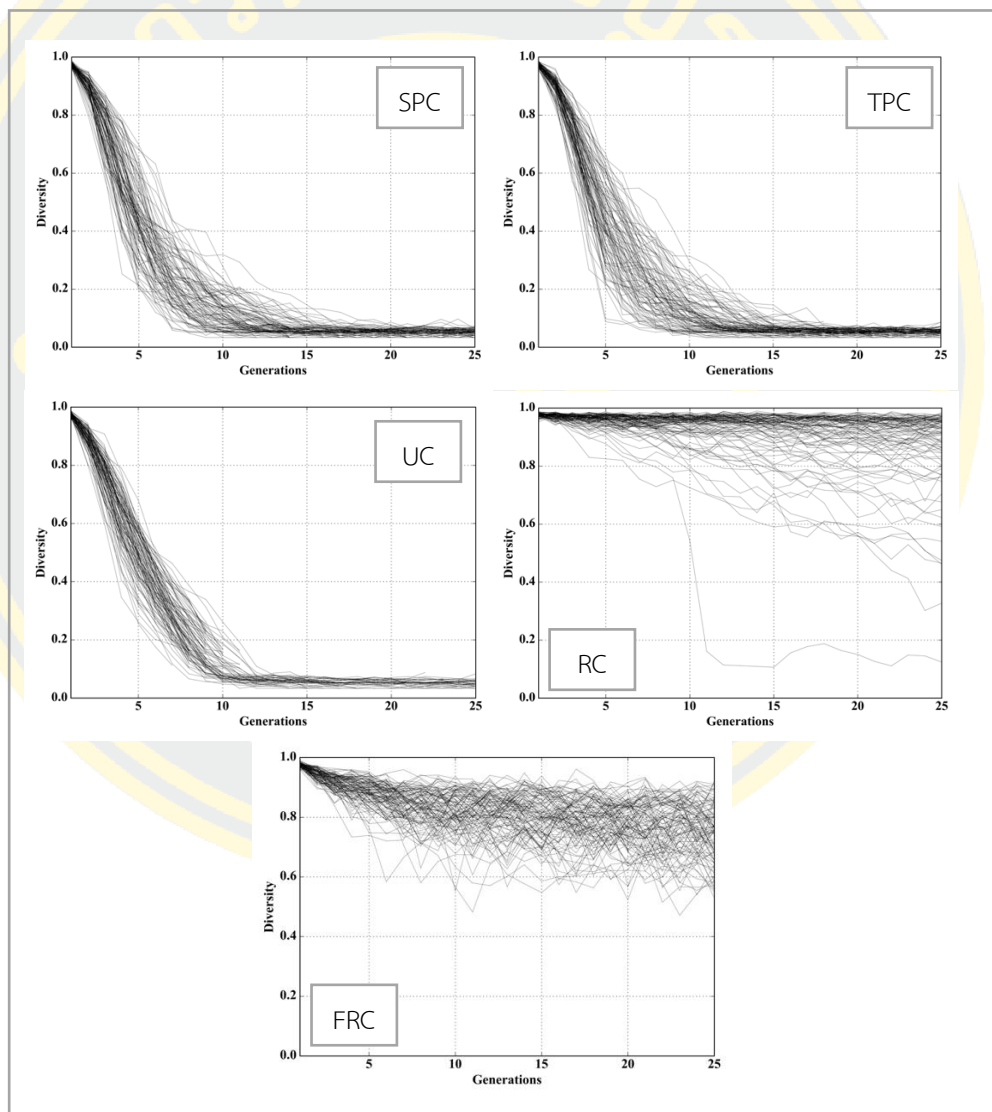


ประชากรเข้าสู่รุ่นที่ 10 ค่าความหลากหลายเริ่มมีค่าน้อยลงมากและตั้งแต่ประชากรรุ่นที่ 15 ขึ้นไป ค่าความหลากหลายเริ่มคงที่ที่ 0.0 ถึง 0.1 ซึ่งเป็นค่าที่ค่อนข้างต่ำมาก ส่วนการไขว้เปลี่ยนแปลงวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแปลงหน้าหลังในผลการทดลองของตารางที่ 5 สามารถหาคำตอบของปัญหานี้ได้โดยใช้ทรัพยากรคำนวณที่น้อยมาก จากภาพที่ 27 ทำให้เห็นว่าค่าความหลากหลายของทั้งสองเทคนิคมีความคล้ายกันและต่างจากการไขว้เปลี่ยนแปลงดั้งเดิมคือ ค่าความหลากหลายลดของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแปลงวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแปลงหน้าหลังลดลงช้ากว่าการไขว้เปลี่ยนแปลงดั้งเดิม กล่าวคือ การไขว้เปลี่ยนแปลงใหม่สามารถรักษาความหลากหลายของบิต 0 และบิต 1 ได้ดีกว่านั่นเอง



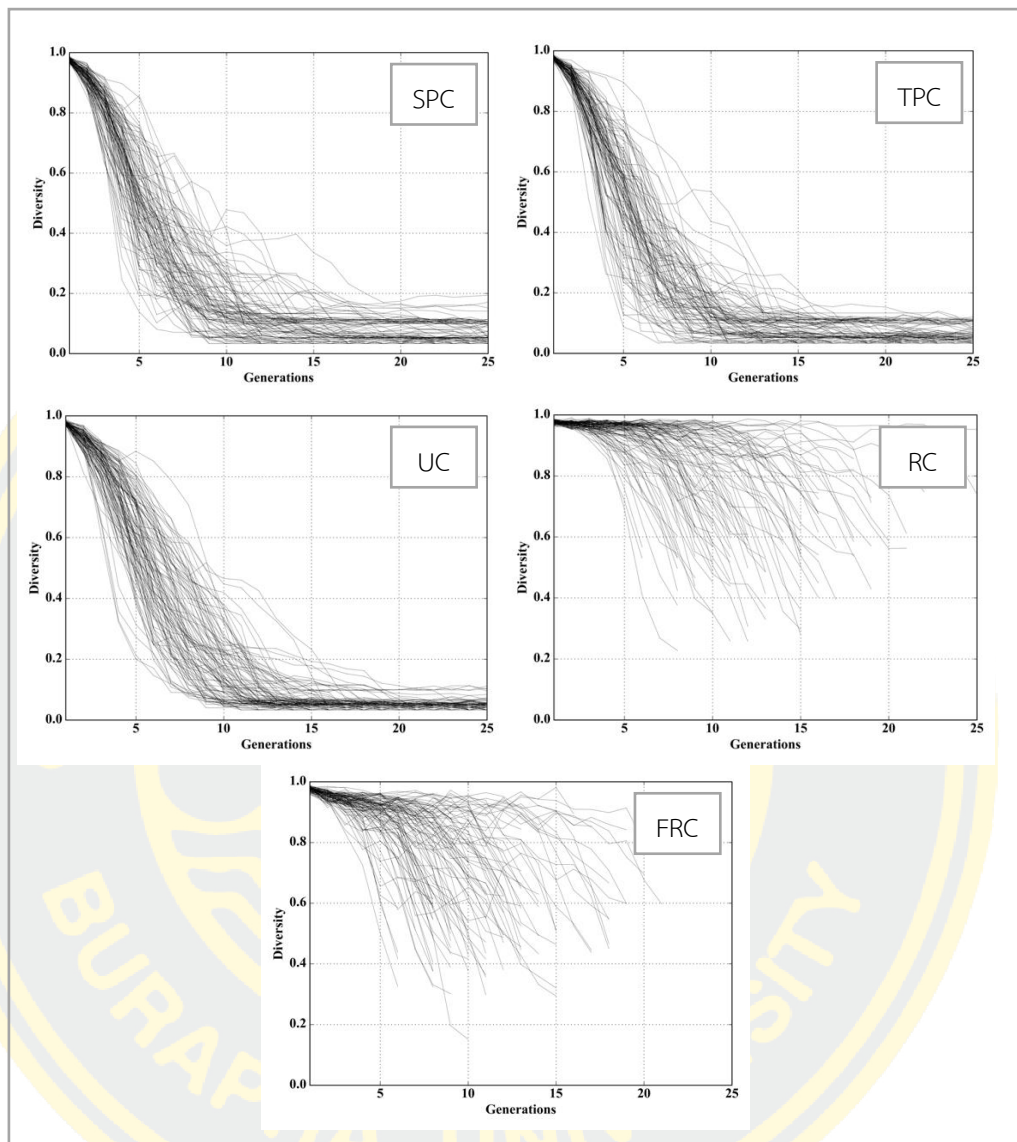
ภาพที่ 30 ค่าความหลากหลายระดับยีนของการไขว้เปลี่ยนในปัญหาบิตศูนย์มากที่สุด

จากภาพที่ 30 เป็นการนำเสนอค่าความหลากหลายในระดับยีนของปัญหาบิตสูงสุดศูนย์ โดยผลลัพธ์ที่ได้ออกมา นั้นมักจะคล้ายกับปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุด เนื่องมาจากคำตอบที่ดีที่สุดเปลี่ยนจากบิต 1 เป็นบิต 0 เท่านั้นการทำงานต่าง ๆ ในขั้นตอนวิธียังคงทำในรูปแบบเดียวกันทั้งส่งผลให้ผลลัพธ์ที่ได้ มีความคล้ายกันมาก ในปัญหาบิตสูงสุดศูนย์เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังยังคงรักษาค่าความหลากหลายให้ลดลงได้ช้ากว่าการไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิม กล่าวคือ การไขว้เปลี่ยนแบบใหม่สามารถรักษาความหลากหลายของบิต 0 และบิต 1 ได้ดีกว่านั่นเอง



ภาพที่ 31 ค่าความหลากหลายระดับยีนของการไขว้เปลี่ยนในปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่ม

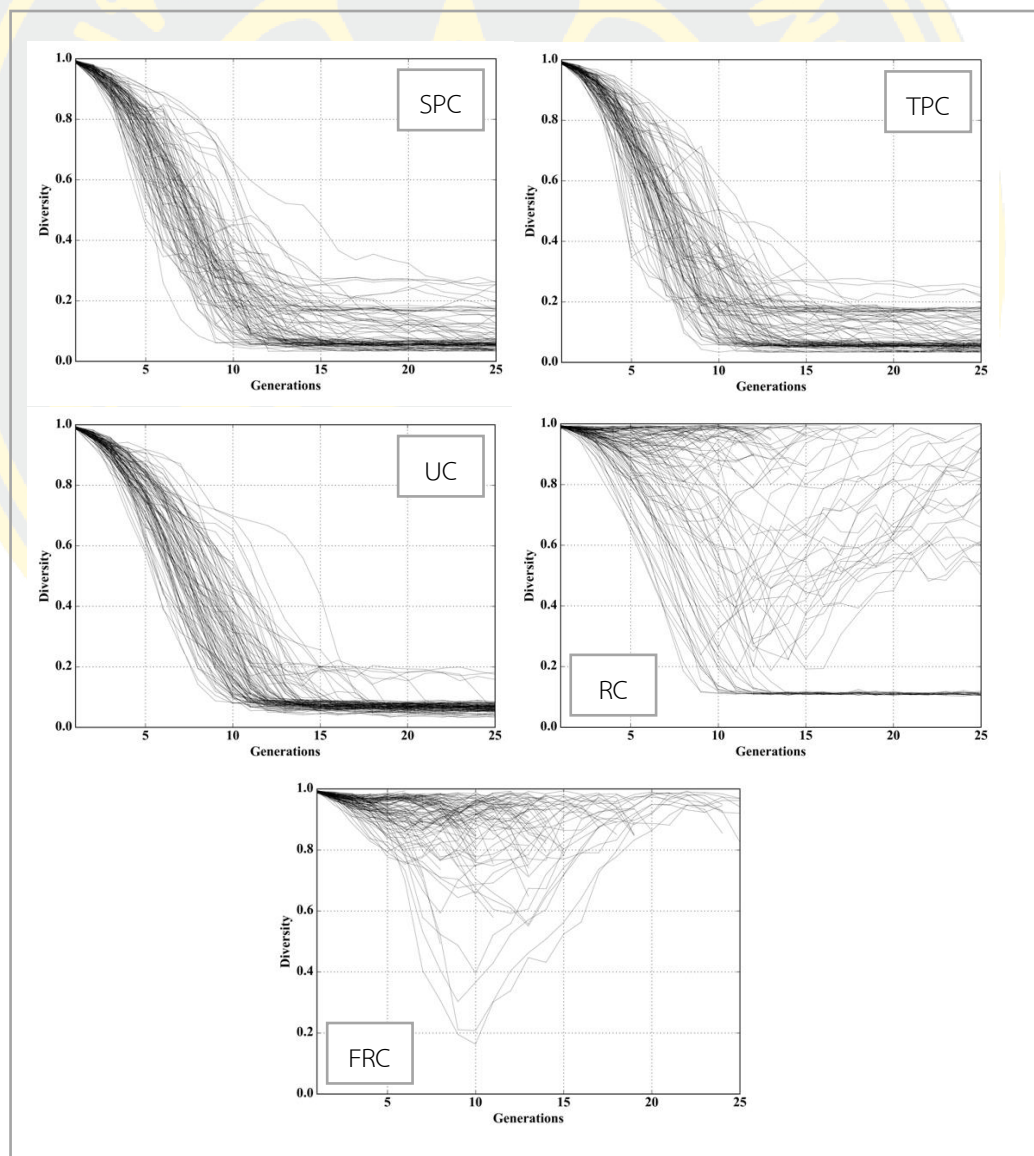
จากภาพที่ 31 เป็นภาพที่แสดงถึงค่าความหลากหลายในระดับยีนของเทคนิคการไขว้เปลี่ยน ทั้ง 5 เทคนิคในปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่ม จากตารางที่ 5 ได้นำเสนอผลลัพธ์ด้านประสิทธิภาพว่าการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปใช้ทรัพยากรคำนวณหรือจำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสม น้อยที่สุด ซึ่งค่าความหลากหลายของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิมยังคงมีความคล้ายกับปัญหา บิตหนึ่งมากที่สุดและปัญหาบิตศูนย์มากที่สุด ส่วนการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบ หน้าหลังมีค่าความหลากหลายที่สูงมาก แต่ก็ไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์ และยังใช้ทรัพยากรคำนวณที่ค่อนข้างมาก เนื่องจากตัวของปัญหามีบิตคำตอบที่ไม่เหมือนกันการไขว้ เปลี่ยนที่สลับตำแหน่งจึงทำให้บิตที่อยู่ในตำแหน่งที่ถูกต้องอยู่แล้วถูกย้ายไปส่งผลให้โครโมโซมใหม่ ที่ ได้มีค่าความเหมาะสมที่น้อยลง การที่ค่าความหลากหลายไม่ลดลงเลยนั้นหมายความว่าประชากร คำตอบไม่ได้เข้าใกล้คำตอบของปัญหา และยังบิตคำตอบยังถูกย้ายไปมาอยู่ตลอดเวลาจึงส่งผลให้เทคนิค การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและเทคนิคการไขว้แบบหน้าหลังไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาบิต สูงสุดที่เกิดจากการสุ่มได้ อย่างไรก็ตามเมื่อกล่าวถึงความแตกต่างของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน กับเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังในปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มแล้ว การไขว้เปลี่ยนแบบ หน้าหลังยังคงหาคำตอบของปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มได้อยู่บ้าง เนื่องจากความแตกต่างใน เรื่องของรูปแบบการไขว้เปลี่ยนที่การไขว้แบบวงแหวนนอกจากจะย้ายตำแหน่งแล้วการไขว้เปลี่ยน แบบวงแหวนยังมีการกลับบิตของโครโมโซมที่ติดมาด้วย การกระทำการดังกล่าวส่งผลให้ความ หลากหลายสูงกว่าการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง แม้การไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังจะมีการย้าย ตำแหน่งของบิตแต่ก็ยังคงรักษาลำดับของการเรียงตัวของบิตเอาไว้ ส่งผลให้เทคนิคการไขว้เปลี่ยน แบบหน้าหลังมีค่าความหลากหลายที่ลดลงต่างจากเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน และยัง สามารถหาคำตอบของปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มได้บ้าง



ภาพที่ 32 ค่าความหลากหลายระดับยีนของการไขว้เปลี่ยนในปัญหาแก้ดัดขนาด 3

จากภาพที่ 32 เป็นการแสดงค่าความหลากหลายในระดับยีนของการไขว้เปลี่ยนทั้ง 5 เทคนิค ในปัญหาแก้ดัดขนาด 3 จากผลการทดลองในตารางที่ 5 เทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่มีประสิทธิภาพในการหาคำตอบของปัญหาแก้ดัดขนาด 3 ได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์คือ การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง จากภาพที่ 32 เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิมทั้งสามแบบยังคงมีพฤติกรรมในการลดลงของค่าความหลากหลายเหมือนกับ 3 ปัญหาที่ผ่านมาแต่เทคนิคการไขว้เปลี่ยนทั้งสามแบบหาคำตอบได้น้อยมากเพียง 1 ถึง 2 เปอร์เซ็นต์เท่านั้น เหตุผลที่ค่าความหลากหลายมีพฤติกรรมเหมือนเดิมแต่ไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาได้เนื่องมาจาก การลดลงของค่าความหลากหลาย

ไม่ใช่เพราะโครโมโซมเข้าใกล้คำตอบเหมือนกับปัญหาอื่น ๆ แต่เป็นเพราะประชากรส่วนใหญ่ถูกหลอกให้ผลิตบิต 0 ออกมาเป็นจำนวนมาก ค่าความหลากหลายที่ลดลงจึงไม่ได้มาจากการเข้าใกล้คำตอบของโครโมโซมหรือมีจำนวนบิต 1 มากขึ้น ส่งผลให้เทคนิคแบบดั้งเดิมไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาได้ถึงแม้จะมีพฤติกรรมของค่าความหลากหลายเหมือนปัญหาอื่น ๆ ในทางกลับกันค่าความหลากหลายของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังมีค่าความหลากหลายที่ลดลงค่อนข้างน้อย ถึงแม้ว่าการลดลงของค่าความหลากหลายจะเป็นเหตุการณ์ที่ในโครโมโซมคำตอบจะมีบิต 1 หรือบิต 0 มากขึ้น การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังก็ยังสามารถหาคำตอบของปัญหากับดัดขนาด 3 ได้



ภาพที่ 33 ค่าความหลากหลายระดับยีนของการไขว้เปลี่ยนในปัญหากับดัดขนาด 5

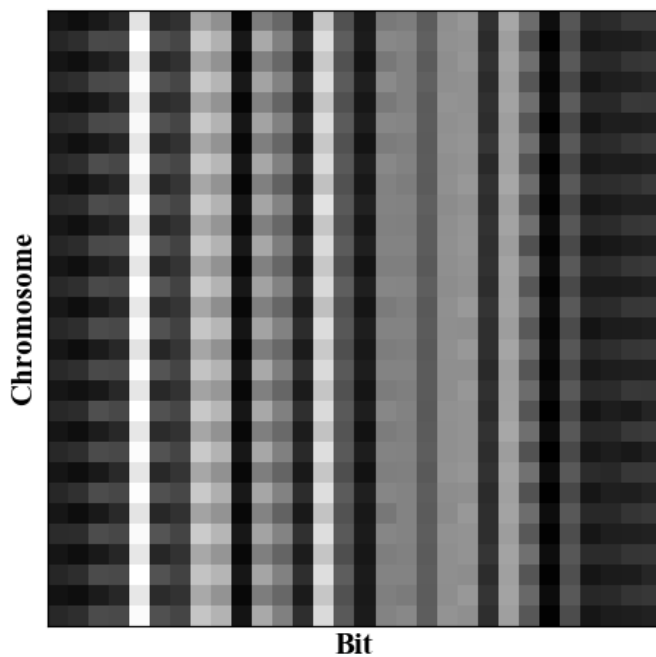


จากภาพที่ 33 เป็นการแสดงค่าความหลากหลายในระดับยีนของการไขว้เปลี่ยนทั้ง 5 เทคนิค ในปัญหาคับดักขนาด 5 จากผลการทดลองในตารางที่ 5 พบว่ามีเพียงการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง เท่านั้นที่สามารถหาคำตอบของปัญหาได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์ พฤติกรรมของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิมยังคงเหมือนกับพฤติกรรมที่อยู่ปัญหาคับดักขนาด 3 นั่นหมายถึงเทคนิคการไขว้เปลี่ยนมีการลู่เข้าสู่บิต 0 ทำให้ในประชากรคำตอบมีบิต 0 เป็นจำนวนมากส่งผลให้ไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาคับดักขนาด 5 ได้ ในส่วนของการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังมีพฤติกรรมของค่าความหลากหลายที่แปลกออกไปคือ ในบางการทดลองค่าความหลากหลายที่ลดลงไปจนต่ำสามารถกลับขึ้นมามีค่ามากได้ แต่อย่างไรก็ตามเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนที่ไม่สามารถหาคำตอบได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์ และค่าความหลากหลายของประชากรคำตอบในการทดลองจำนวนหนึ่งมีค่าความหลากหลายน้อยมากส่งผลให้ไม่สามารถหาคำตอบของปัญหานี้ได้ ซึ่งต่างจากการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังที่หาคำตอบได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์

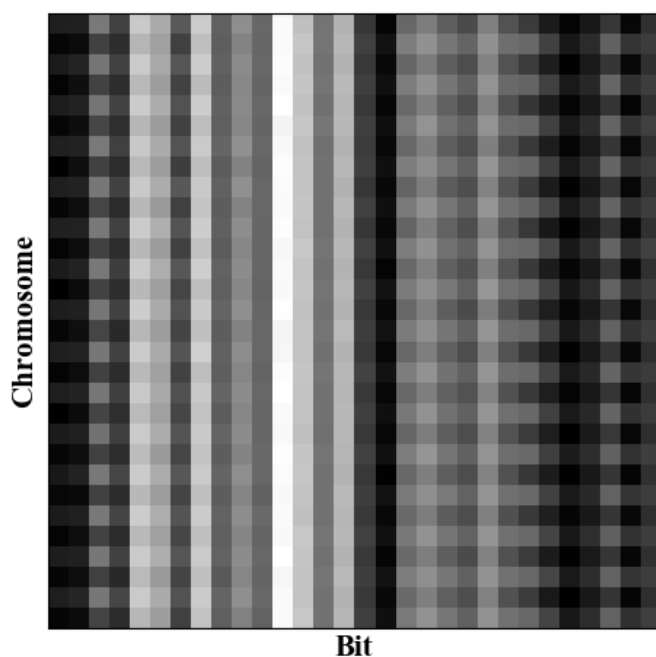
#### 4.3.3 การวิเคราะห์ความหลากหลายของประชากร

ในการวิเคราะห์ความหลากหลายของประชากรจะเป็นการแสดงหน้าตาของประชากรที่เกิดขึ้นภายในการทดลองเพื่อหาคำตอบด้วยการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ โดยการนำเอาค่าของบิตที่เกิดขึ้นของทุกการทดลองมานำเสนอในรูปแบบแผนที่ความร้อน (Heatmap) ซึ่งในการแสดงค่าของแผนที่ความร้อนจะเป็นการแสดงการเกิดขึ้นของบิต 1 ในแต่ละตำแหน่งของโครโมโซมด้วยการมองประชากร 1 รุ่นเป็นเมทริกซ์ แต่ละตำแหน่งจะเป็นการแสดงความน่าจะเป็นในการเกิดขึ้นของบิต 1 ในประชากรทุกรุ่นและทุกการทดลอง ให้อยู่ในรูปแบบของโหนดสีขาวกับดำ ค่าที่ได้จากการคำนวณจะเป็นค่าระหว่าง 0 ถึง 1 เมื่อค่าความน่าจะเป็นที่ได้ใกล้เคียงกับ 0 ในตำแหน่งนั้นจะมีโหนดสีใกล้เคียงกับสีขาวและเมื่อค่าความน่าจะเป็นใกล้เคียงกับ 1 ก็จะมีโหนดสีใกล้เคียงกับโหนดดำ การแสดงผลโดยแผนที่ความร้อนจะทำให้เห็นถึงพฤติกรรมของการไขว้เปลี่ยนในการผลิตประชากรคำตอบในภาพรวมทั้งหมด ผลวิเคราะห์จะถูกนำเสนอในปัญหาของบิตหนึ่งมากที่สุดและปัญหาคับทั้งสองขนาดเท่านั้น เนื่องจากปัญหาบิตศูนย์มากที่สุดมีพฤติกรรมเดียวกันกับปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดและในปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มไม่สามารถใช้การวิเคราะห์ในรูปแบบของแผนที่ความร้อนไม่ได้เนื่องจากปัญหามีคำตอบที่สนใจทั้งบิต 0 และบิต 1 ซึ่งผลการวิเคราะห์ด้วยแผนที่ความร้อนมีดังต่อไปนี้

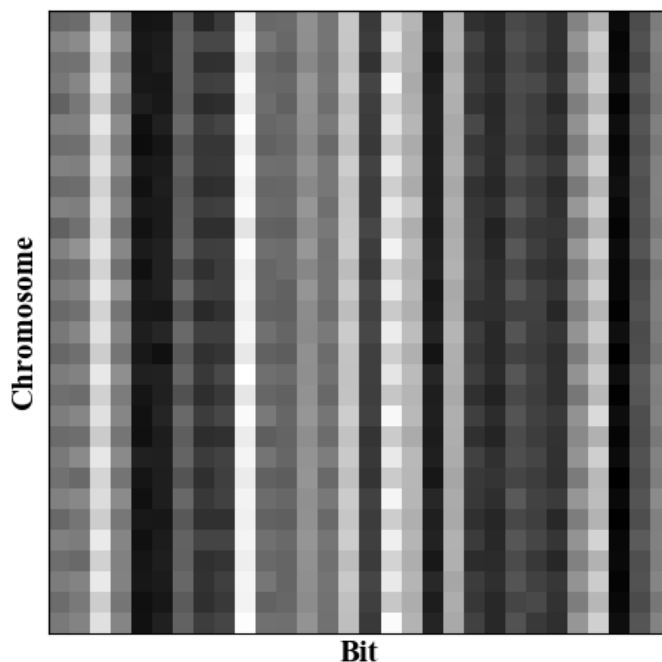




ภาพที่ 34 แผนที่ความร้อนในปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว

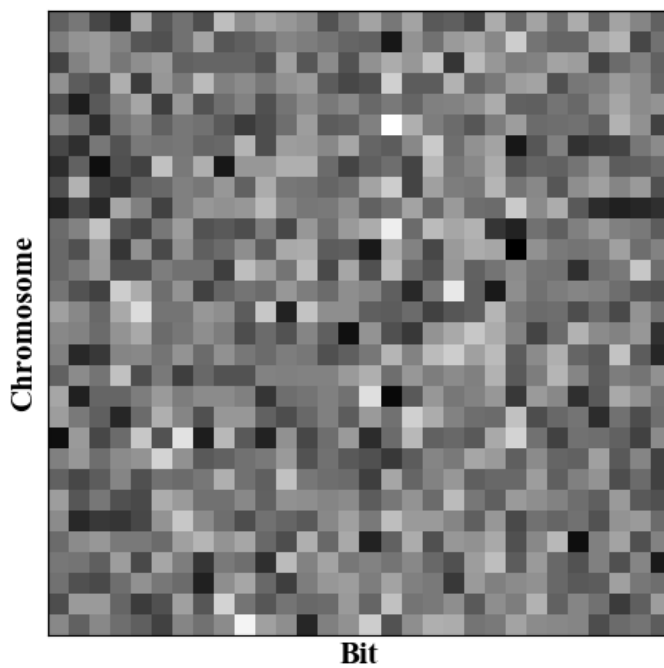


ภาพที่ 35 แผนที่ความร้อนในปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด

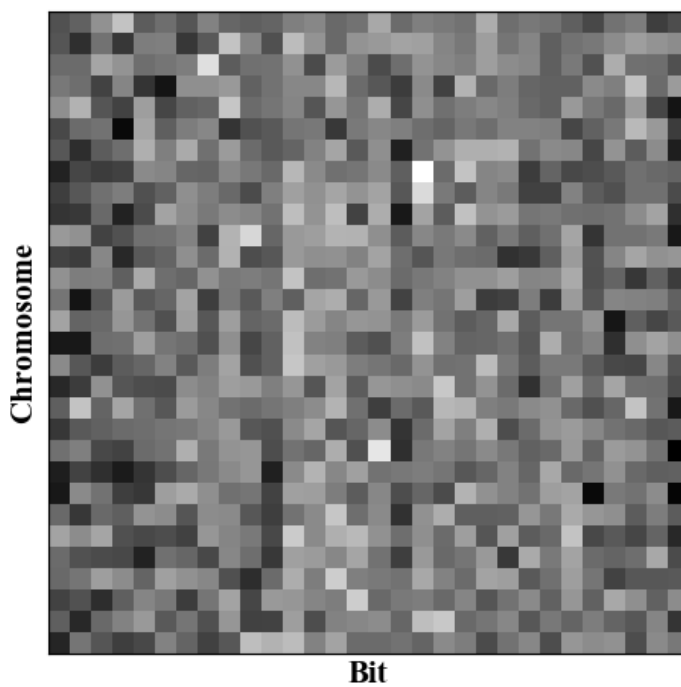


ภาพที่ 36 แผนที่ความร้อนในปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป

จากภาพที่ 34, 35 และ 36 เป็นแผนที่ความร้อนในปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดที่ขนาด 30 บิตของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิมทั้ง 3 เทคนิค ซึ่งเทคนิคการไขว้เปลี่ยนทั้ง 3 สามารถหาคำตอบได้ 100 เปอร์เซ็นต์แต่ก็ใช้ทรัพยากรคำนวณเป็นอย่างมาก จากแผนที่ความร้อนจะเห็นได้ว่าการผลิตประชากรของทั้ง 3 เทคนิคทำให้ได้ประชากรที่หน้าตาคล้ายกันมากเนื่องจากการตัดแลกที่มีการแลกเปลี่ยนบิตในตำแหน่งเดียวกันส่งผลให้เกิดโครโมโซมหน้าตาใหม่ได้ค่อนข้างยากและเมื่อประชากรมีตำแหน่งใดตำแหน่งหนึ่งที่เหมือนกัน จะส่งผลการไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิมทั้งสามเทคนิคไม่สามารถผลิตประชากรใหม่ให้มีหน้าตาเปลี่ยนไปได้ ส่งผลให้ขั้นตอนวิธีจะต้องทำงานไปเรื่อย ๆ จนกว่าจะเกิดกลายพันธ์ที่ตำแหน่งดังกล่าว ค่าทรัพยากรที่ใช้ในการคำนวณจะมีค่ามากตามไปด้วย แผนภาพความร้อนของทั้งสามเทคนิคจึงมีพฤติกรรมไปในทิศทางเดียวกันคือบิตคำตอบในตำแหน่งเดียวกันของโครโมโซมทั้งหมดจะมีหน้าตาเหมือนกัน แต่ในทางกลับกันถ้าบิตที่เหมือนกันนั้นเป็นบิตคำตอบที่ต้องการไขว้เปลี่ยนทั้งสามก็จะสามารถรักษาบิตคำตอบนี้ไว้ได้มากกว่าการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง

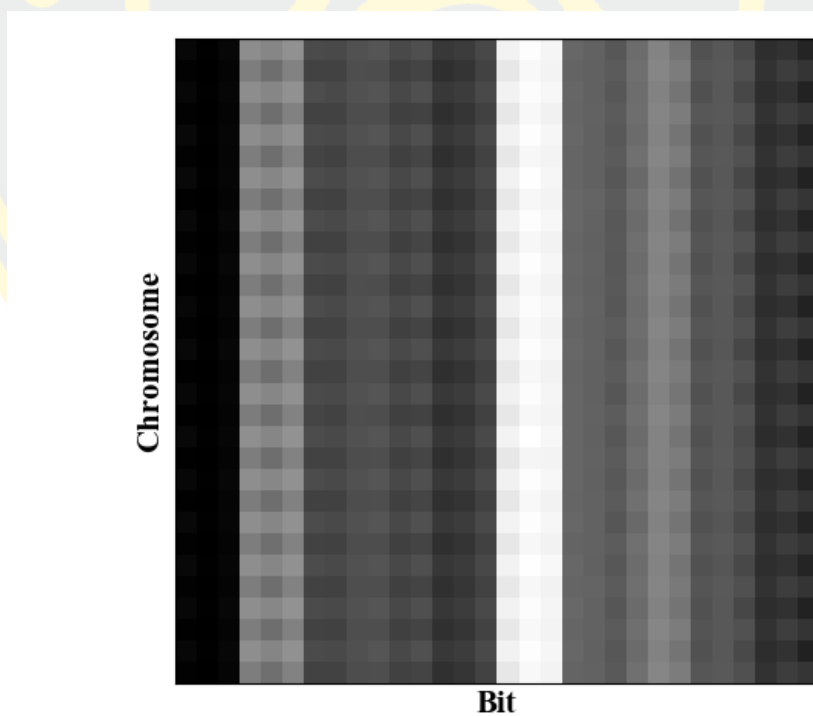


ภาพที่ 37 แผนที่ความร้อนในปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน

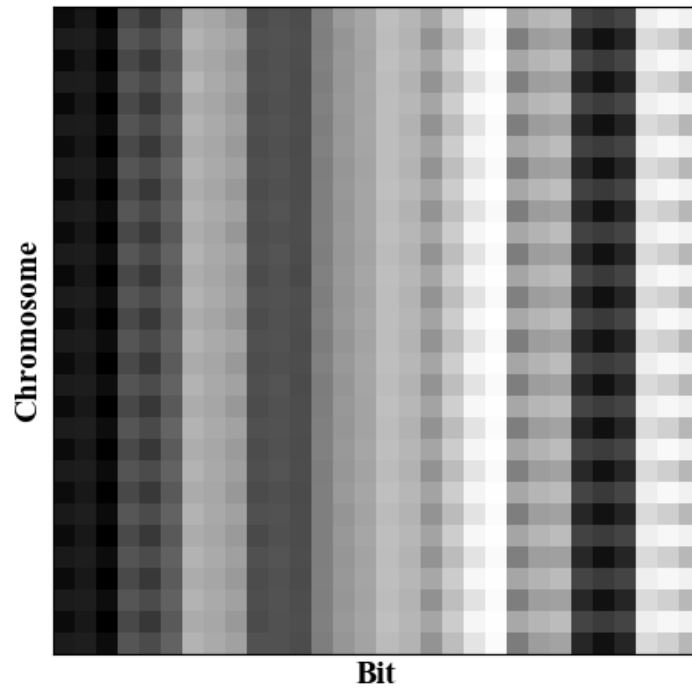


ภาพที่ 38 แผนที่ความร้อนในปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง

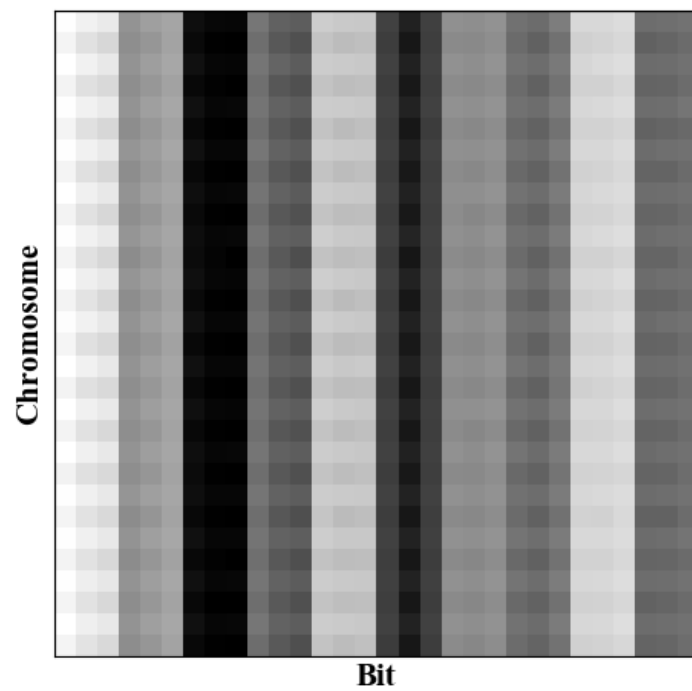
จากภาพที่ 37 และ 38 เป็นแผนที่ความร้อนในปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดที่ขนาด 30 บิต ในปัญหานี้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังสามารถหาคำตอบของปัญหาได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์และใช้ทรัพยากรในการหาคำตอบที่น้อยมาก จากภาพจะเห็นได้ว่าการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังสามารถผลิตประชากรที่มีหน้าตาที่หลากหลาย เนื่องมาจากการไขว้เปลี่ยนที่สลับตำแหน่งของบิตทำให้ลดข้อเสียของการไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิมออกไปส่งผลประชากรไม่มีตำแหน่งของบิตที่มีหน้าตาเหมือน แต่ข้อด้อยที่เห็นได้จากแผนที่ความร้อนนี้คือ เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังจะรักษาคำแหน่งบิตที่ถูกต้องไว้ได้น้อยการไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิม แต่เนื่องจากปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดที่มีคำตอบที่ดีที่สุดจากการนับจำนวนของบิตที่มีค่าเป็น 1 ส่งผลให้การสลับที่ของบิตไม่ส่งผลต่อประสิทธิภาพในการหาคำตอบเพราะว่าการไขว้เปลี่ยนแค่ย้ายตำแหน่งของบิตเท่านั้น แต่ไม่ได้ลดจำนวนของบิตลงส่งผลให้ขั้นตอนวิธีที่ใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังยังคงหาคำตอบของปัญหานี้ได้



ภาพที่ 39 แผนที่ความร้อนในปัญหากับดักขนาด 3 ความยาว 30 บิตที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว

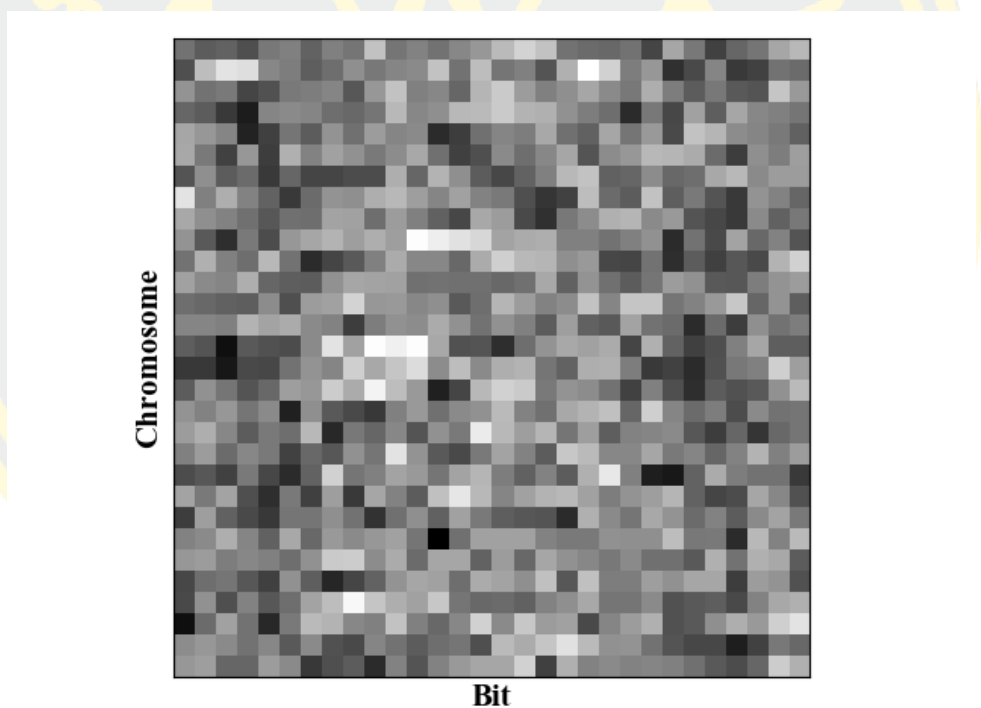


ภาพที่ 40 แผนภูมิความร้อนในปัญหาคับดักขนาด 3 ความยาว 30 บิตที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้  
เปลี่ยนแปลงสองจุด



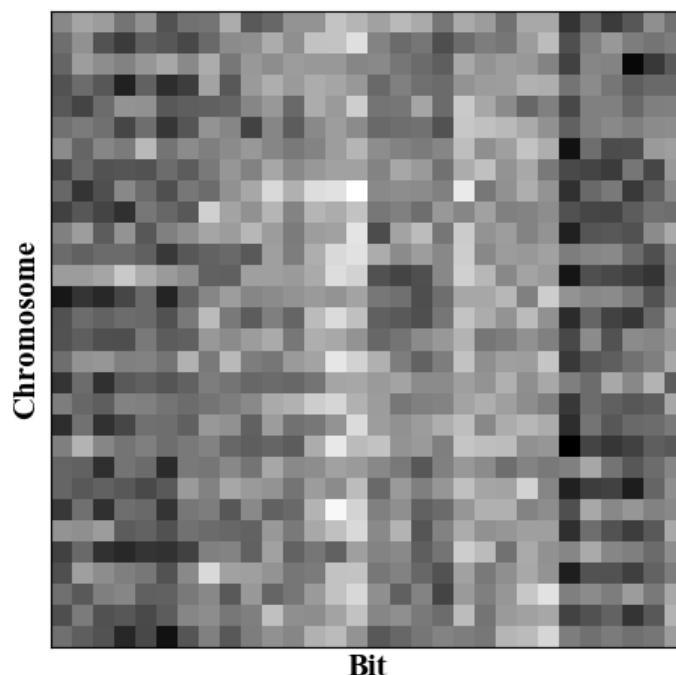
ภาพที่ 41 แผนภูมิความร้อนในปัญหาคับดักขนาด 3 ความยาว 30 บิตที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้  
เปลี่ยนแปลงเอกรูป

จากภาพที่ 39, 40 และ 41 เป็นแผนที่ความร้อนในปัญหาที่บิตขนาด 3 ที่ความยาวขนาด 30 บิต แผนที่ความร้อนของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนทั้ง 3 เทคนิคยังคงมีพฤติกรรมเหมือนกัน โดยตัวปัญหาที่บิตที่มีการลอกนั้นมีการให้ค่าความเหมาะสมที่มากกับบิต 0 เมื่อขั้นตอนวิธีทำงานไปช่วงเวลาหนึ่งหน้าตาของโครโมโซมที่มี 0 เป็นส่วนประกอบจะเริ่มเยอะมากขึ้นจนอาจทำให้ในทุกโครโมโซมมีบิตคำตอบบางส่วนที่มีบิต 0 เหมือนกันและด้วยตัวปัญหาที่บิตตัวเองจะทำให้บิต 0 นั้นมีปริมาณมากขึ้น จุดด้อยของการไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิมที่ไม่สามารถแก้ไขตำแหน่งที่มีบิตเหมือนกันได้ จึงส่งผลเสียมากขึ้นอีกด้วย ทำให้โอกาสการหาคำตอบโดยใช้การไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิมทั้ง 3 เทคนิคนี้น้อยลงมาก ทำให้สามารถกล่าวได้ว่าการไขว้เปลี่ยนที่มีรูปแบบการสับเปลี่ยนบิตที่ตำแหน่งเดียวกันแบบทั้ง 3 เทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำมาทดลองนี้ไม่เหมาะสมกับปัญหาที่บิต



ภาพที่ 42 แผนที่ความร้อนในปัญหาที่บิตขนาด 3 ความยาว 30 บิตที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน



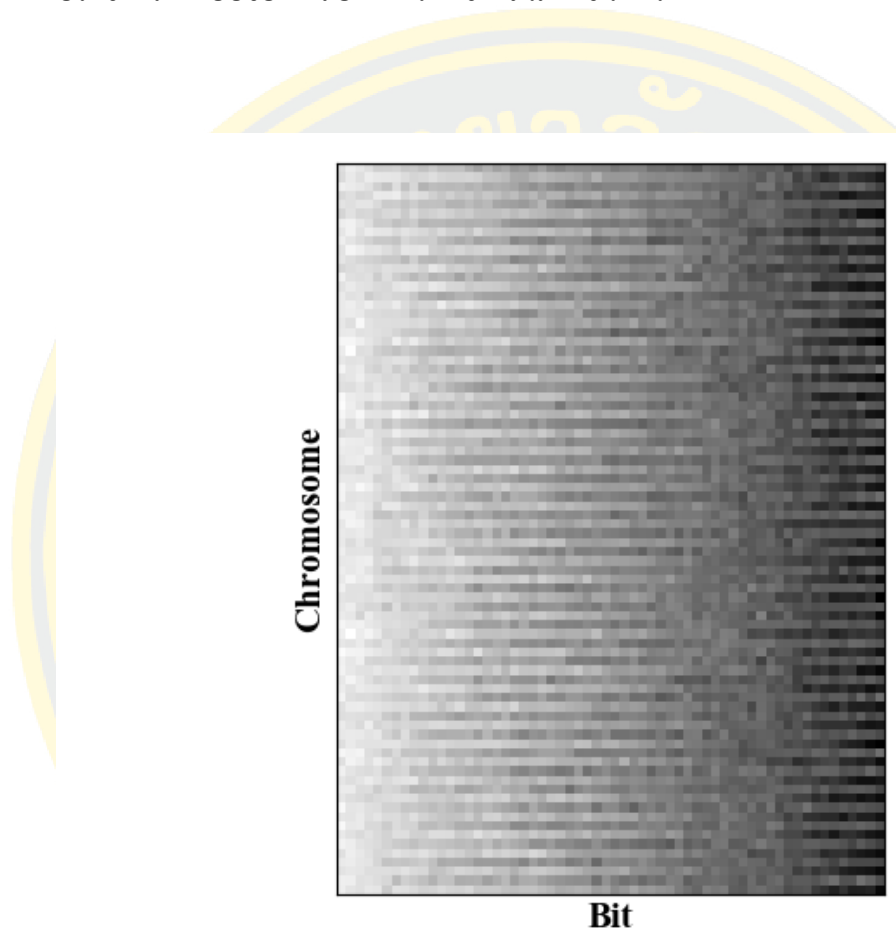


ภาพที่ 43 แผนที่ความร้อนในปัญหาที่บิตกขนาด 3 ความยาว 30 บิตที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง

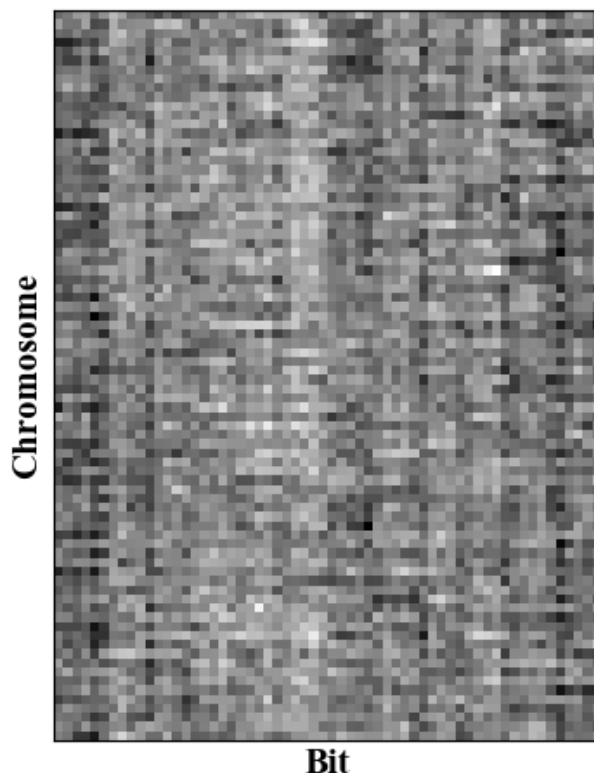
จากภาพที่ 42 และ 43 เป็นการนำเสนอแผนที่ความร้อนในปัญหาที่บิตกขนาด 3 ที่มีความยาว 30 บิตของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง เทคนิคทั้งสองสามารถหาคำตอบนี้ได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์และใช้ทรัพยากรในการหาคำตอบที่น้อยมาก จากแผนภาพจะเห็นได้ว่าการไขว้เปลี่ยนทั้งคู่ผลิตประชากรให้มีหน้าตาที่หลากหลายได้มากถึงแม้ว่าปัญหาที่บิตกจะหลอกให้ขั้นตอนเลือกเอาโครโมโซมที่มีบิต 0 มาเป็นประชากรต้นกำเนิดแต่การไขว้เปลี่ยนก็ยังคงสร้างหน้าตาของประชากรใหม่ให้หลากหลายได้จากการไขว้เปลี่ยนที่มีการสลับตำแหน่งกัน ส่งผลให้การไขว้เปลี่ยนของทั้ง 2 เทคนิคยังคงสามารถหาคำตอบของปัญหาได้ อย่างไรก็ตามเทคนิคทั้งสองยังคงมีข้อเสียต่อปัญหาที่บิตกอยู่เช่นกัน การย้ายที่ของตำแหน่งบิตอาจไปทำลายส่วนของรูปแบบที่ถูกต้องอยู่แล้ว เช่น การทำลายชุดของบิตโดยการย้ายตำแหน่งบิต 1 ที่อยู่ติดกัน 3 บิตทำให้เสียส่วนสำคัญของคำตอบไปจะส่งผลให้การหาคำตอบของปัญหาใช้เวลาและทรัพยากรที่เพิ่มขึ้น

จากการทดลองจะพบว่าการไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิมนั้นจะมีพฤติกรรมในการหาคำตอบที่คล้ายกันเป็นอย่างมาก การไขว้เปลี่ยนแบบดั้งเดิมไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาที่บิตกขนาด 3 และปัญหาที่บิตกขนาด 5 ได้เลยเนื่องจากการไขว้เปลี่ยนที่ตำแหน่งเดียวกัน นอกจากนี้การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนและการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังก็มีพฤติกรรมที่คล้ายกันคือสามารถหาคำตอบของปัญหาที่บิตกขนาด 3 ได้และใช้ทรัพยากรที่ใกล้เคียงกัน แต่เมื่อทดลองกับปัญหาที่บิตกขนาด 5

ทำให้เห็นข้อแตกต่างของประสิทธิภาพการไขว้เปลี่ยนทั้งสอง เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนไม่สามารถหาคำตอบได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์ต่างจากเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังที่สามารถหาคำตอบได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์ แผนที่ความร้อนจะทำให้เห็นพฤติกรรมความแตกต่างของการผลิตประชากรคำตอบของทั้งสองเทคนิคที่ชัดเจนมากขึ้นดังนี้



ภาพที่ 44 แผนที่ความร้อนในปัญหาแก้บิตขนาด 5 ความยาว 60 บิตที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน



ภาพที่ 45 แผนที่ความร้อนในปัญหาภัยคุกคามขนาด 5 ความยาว 60 บิตที่ผลิตประชากรด้วยการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลัง

จากภาพที่ 44 และ 45 เป็นแผนที่ความร้อนของปัญหาภัยคุกคามขนาด 5 ในขนาดความยาว 60 เนื่องจากปัญหาภัยคุกคามขนาด 5 ใช้จำนวนของประชากรในการหาคำตอบจาก 30 โครโมโซมเป็น 80 โครโมโซมและเป็นความยาวของโครโมโซมที่ 60 บิตทำให้แผนที่ความร้อนนั้นกว้างขึ้น จากแผนที่ความร้อนทำให้เห็นได้ว่าการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนนั้นที่ไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาภัยคุกคามขนาด 5 ได้เนื่องจาก ประชากรที่ถูกสร้างขึ้นมานั้นมีหน้าที่เหมือนกันและมีตำแหน่งบิตในตำแหน่งที่ 1 ถึง 20 ค่อนข้างมีบิต 0 เป็นส่วนประกอบจำนวนมากต่างจากแผนที่ความร้อนของการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังที่ทำให้เห็นว่า ตัวเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังยังคงสามารถสร้างประชากรให้มีค่าความหลากหลายได้เหมือนเดิม ผลการทดลองจากแผนที่ความร้อนต่าง ๆ สามารถทำให้สรุปได้ว่าการทำให้ประชากรมีค่าความหลากหลายมากมีผลต่อความสำเร็จในการหาคำตอบของปัญหาอีกด้วย

## บทที่ 5

### วิจารณ์และสรุปผล

ในงานวิจัยนี้ได้นำเสนอเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบใหม่ที่เรียกว่า การไขว้เปลี่ยนแบบหน้า หลัง เทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอจะแตกต่างไปจากเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบเดิมที่มีอยู่ โดยเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอมีการแลกเปลี่ยนบิตของโครโมโซมในตำแหน่งที่ต่างกัน ผู้วิจัยได้ทำการทดลองเพื่อวัดประสิทธิภาพของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอ เปรียบเทียบกับเทคนิคการไขว้เปลี่ยนอีก 4 รูปแบบ และทดลองกับปัญหาทั้งหมด 4 ปัญหาได้แก่ ปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุด ปัญหาบิตศูนย์มากที่สุด ปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มและปัญหาคับคอก ซึ่งผลการทดลองพบว่าการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอสามารถหาคำตอบของปัญหาบิตสูงสุดหนึ่งและปัญหาบิตสูงสุดศูนย์ได้มีประสิทธิภาพมากกว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนทั้ง 4 รูปแบบที่นำมาทดลองเปรียบเทียบ แต่ในปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอมีประสิทธิภาพที่แยกว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยน 3 รูปแบบจาก 4 เทคนิคที่นำมาทดลอง และในปัญหาคับคอกที่เป็นปัญหาที่ยากนั้นเทคนิคที่นำเสนอสามารถหาคำตอบของปัญหาได้มีประสิทธิภาพมากกว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนทั้ง 4 รูปแบบ โดยเทคนิคที่นำเสนอสามารถหาคำตอบของปัญหาคับคอกขนาด 3 และ 5 ได้ถึง 100 เปอร์เซ็นต์ และใช้จำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมที่น้อย นอกจากนี้ผู้วิจัยยังได้ทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพในการหาคำตอบของปัญหาคับคอกกับขั้นตอนวิธีอื่น ๆ ที่ได้ทำการทดลองกับปัญหาคับคอก ซึ่งผลการทดลองชี้ให้เห็นได้อย่างชัดเจนว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบหน้าหลังสามารถหาคำตอบของปัญหาได้มีประสิทธิภาพมากที่สุด และในงานวิจัยนี้ยังได้นำเสนอการวิเคราะห์ขั้นตอนวิธีในการผลิตคำตอบจากการคำนวณค่าความหลากหลาย ซึ่งผลที่ได้ทำให้เห็นว่าขั้นตอนที่มีประสิทธิภาพในการหาคำตอบของปัญหาต่าง ๆ นั้นควรจะพหุติกรรมความหลากหลายเป็นอย่างไร และการวิเคราะห์ความแตกต่างระหว่างเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแต่ละรูปแบบมีประโยชน์อย่างไรที่จะส่งผลให้ขั้นตอนวิธีผลิตคำตอบให้ใกล้เคียงหรือได้คำตอบที่ถูกต้องรวมถึงข้อเสียของการไขว้เปลี่ยนที่ส่งผลให้ไม่เหมาะสมกับปัญหา จากผลการทดลองและผลการวิเคราะห์ทั้งหมดพบว่ามีเพียงปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มเท่านั้นที่การไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอมีประสิทธิภาพในการหาคำตอบที่ดีกว่าเทคนิคอื่น ๆ นอกเหนือจากปัญหานี้แล้วเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำเสนอสามารถแก้ปัญหาคับคอก ปัญหาบิตหนึ่ง

มากที่สุดและปัญหาบิตศุนย์มากที่สุดได้อย่างมีประสิทธิภาพที่ดีกว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำมาทดลอง  
ในงานวิจัยนี้ทั้งหมด

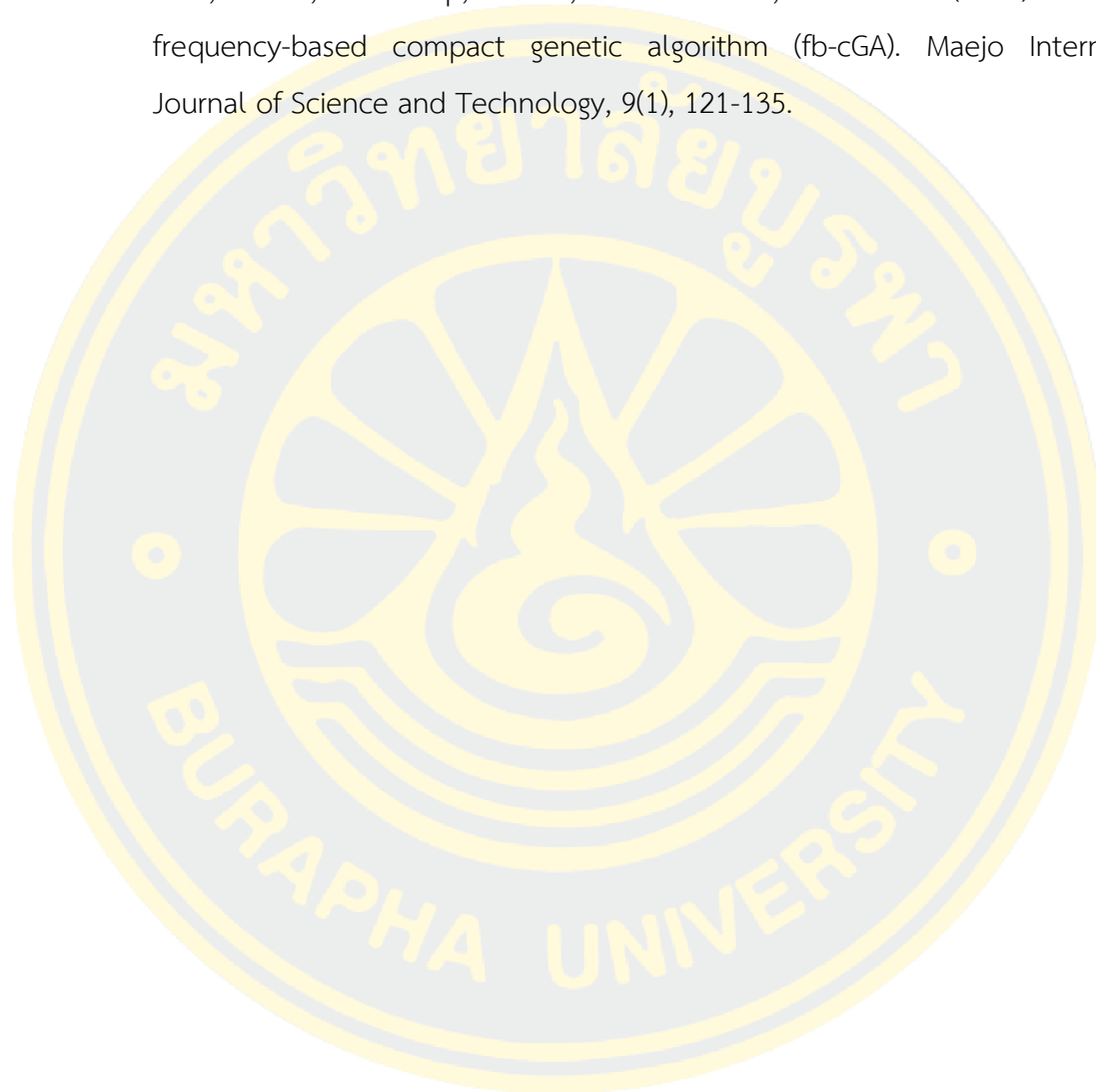


## บรรณานุกรม

- Ahn, Chang Wook, & Ramakrishna, Rudrapatna S. (2003). Elitism-based compact genetic algorithms. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 7(4), 367-385.
- Cox, Chris R, & Watson, Richard A. (2014). Solving building block problems using generative grammar. Paper presented at the Proceedings of the 2014 Annual Conference on Genetic and Evolutionary Computation.
- Deb, Kalyanmoy, & Goldberg, David E. (1993). Analyzing deception in trap functions. In *Foundations of genetic algorithms (Vol. 2, pp. 93-108)*: Elsevier.
- Diaz-Gomez, Pedro A, & Hougen, Dean F. (2007). Initial Population for Genetic Algorithms: A Metric Approach. Paper presented at the GEM.
- Golberg, David E. (1989). *Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning*. Addison Wesley. Reading.
- Goldberg, David E, Deb, Kalyanmoy, & Horn, Jeffrey. (1992). Massive multimodality, deception, and genetic algorithms. *Urbana*, 51, 61801.
- Harik, Georges R, Lobo, Fernando G, & Goldberg, David E. (1999). The compact genetic algorithm. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 3(4), 287-297.
- Herrera, Francisco, Lozano, Manuel, & Sánchez, Ana M. (2005). Hybrid crossover operators for real-coded genetic algorithms: an experimental study. *Soft Computing*, 9(4), 280-298.
- Kaya, Yilmaz, & Uyar, Murat. (2011). A novel crossover operator for genetic algorithms: Ring crossover. *arXiv preprint arXiv:1105.0355*.
- Li, Zhenhua, & Goodman, Erik D. (2007). Learning building block structure from crossover failure. Paper presented at the Proceedings of the 9th annual conference on Genetic and evolutionary computation.
- Ondas, Radovan, Pelikan, Martin, & Sastry, Kumara. (2006). Genetic programming, probabilistic incremental program evolution, and scalability. In *Applications of Soft Computing (pp. 363-372)*: Springer.
- Pavai, G, & Geetha, TV. (2017). A survey on crossover operators. *ACM Computing Surveys (CSUR)*, 49(4), 72.



- Pelikan, Martin, Goldberg, David E, & Cantú-Paz, Erick. (1999). BOA: The Bayesian optimization algorithm. Paper presented at the Proceedings of the 1st Annual Conference on Genetic and Evolutionary Computation-Volume 1.
- Rimcharoen, Sunisa, Phiromlap, Srichol, & Leelathakul, Nutthanon. (2015). Analysis of frequency-based compact genetic algorithm (fb-cGA). Maejo International Journal of Science and Technology, 9(1), 121-135.





ภาคผนวก



### บันทึกข้อความ

ส่วนงาน สำนักงานอธิการบดี กองบริการการศึกษา งานส่งเสริมการวิจัย โทร. ๒๕๖๑-๒๕๖๒  
 ที่ ศธ ๒๒๐๐/๐๗๕๘๕ วันที่ ๓๑ สิงหาคม พ.ศ. ๒๕๖๐

เรื่อง ขอแจ้งรับรองโครงการวิจัยที่ส่งมาขอรับการพิจารณาจริยธรรมการวิจัยในมนุษย์ มหาวิทยาลัยบูรพา

เรียน นายตลก พุ่มสุวรรณ (นิสิตระดับบัณฑิตศึกษา คณะวิทยาการสารสนเทศ)

ตามที่ท่านได้ส่งเอกสารโครงการวิจัยเพื่อขอรับการพิจารณาจริยธรรมการวิจัยในมนุษย์  
 ในหัวข้อโครงการวิจัยเรื่อง การใช้เปลี่ยนแปลงแบบน้ำหลัง: เทคนิคการใช้เปลี่ยนแปลงใหม่สำหรับแก้ปัญหา  
 กับตก นั้น

บัดนี้ คณะกรรมการพิจารณาจริยธรรมการวิจัยในมนุษย์ มหาวิทยาลัยบูรพา ได้พิจารณา  
 ตามวิธีดำเนินการมาตรฐาน (Standard Operating Procedures, SOP) ฉบับที่ ๓ พ.ศ. ๒๕๖๐  
 ที่ได้ประกาศใช้เมื่อวันที่ ๙ มกราคม พ.ศ. ๒๕๖๐ แล้วว่า โครงการวิจัยดังกล่าวไม่ได้ทำการศึกษาวิจัย  
 ในมนุษย์ จึงเห็นสมควรให้ดำเนินการวิจัยได้

จึงเรียนมาเพื่อโปรดทราบ

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.วิทวัส แจ็งเยี่ยม)

ประธานคณะกรรมการพิจารณาจริยธรรมการวิจัยในมนุษย์  
 มหาวิทยาลัยบูรพา

สำนักงานจัดการศึกษา คณะวิทยาการสารสนเทศ ม.บูรพา
เลขที่ 1145
วันที่ ๐๑ ก.ย. ๒๕๖๐
11:00 น.

คณะวิทยาการสารสนเทศ ม.บูรพา
รับที่ 1414
วันที่ ๓๑ ส.ก. ๒๕๖๐
14:30

# Front-Rear Crossover: A New Crossover Technique for Solving a Trap Problem

Dilok Pumsuwan, Sunisa Rimcharoen and Nutthanon Leelathakul  
 Faculty of Informatics, Burapha University, Chonburi, 20131, Thailand  
 Email: greenfolk02@gmail.com, palm.sunisa@gmail.com, nutthanon@buu.ac.th

**Abstract**—Crossover methods are important keys to the success of genetic algorithms. However, traditional crossover methods fail to solve a trap problem, which is a difficult benchmark problem designed to deceive genetic algorithms to favor all-zero bits, while the actual solution is all-one bits. The Bayesian optimization algorithm (BOA) is the most famous algorithm that can solve the trap problem; however, it incurs a large computational cost. This paper, therefore, proposes a novel crossover technique, called a front-rear crossover (FRC), to enhance the simple genetic algorithm. We test the proposed technique with various benchmark problems and compare the results with four other crossover algorithms, including single point crossover (SPC), two point crossover (TPC), uniform crossover (UC) and ring crossover (RC). The FRC outperforms the four techniques in all test problems. It can also solve the trap problem by requiring the 40 times lesser number of fitness evaluations than BOA's.

**Keywords**—genetic algorithm; crossover; trap problem

## I. INTRODUCTION

Genetic Algorithm (GA) [1] is an optimization technique, inspired by the principle of natural evolution. The process of GA starts with creating a pool of candidate solutions (called a population) followed by assigning a fitness value to each of them. The selection process guides the algorithm to search in high fitness-value directions. Some appropriate chromosomes are heuristically chosen to breed: the chosen ones become parents to produce offspring. The offspring are created by mixing chromosome parts obtained from their parents (in a crossover process) and randomly changing some parts of the chromosome (in a mutation process). The algorithm repeats the processes until either it could discover an acceptable solution or it reaches the maximum number of generations.

A crossover operator is of very importance to genetic algorithms. It plays an important role to help explore a wide variety of feasible solutions in a large search space by mixing promising candidate solutions together. There are various crossover operators proposed in the literature. Some crossover operators and their chromosome-encoding scheme are specific for a particular problem. There exists a comprehensive survey of crossover operators. Pavai and Geetha [2] reviewed a hundred crossover techniques and classified crossover methods into two main categories: "crossover for representation of applications" and "crossover for improving GA performance of applications". Although there are many efficient crossover

techniques proposed in the literature, there exists one class of benchmark problems, which is still difficult for genetic algorithms to solve. Such benchmark problem is a deceptive problem, so called a trap problem.

The trap problem is hard because it is designed to fool the algorithm to search in the direction opposite to the one that leads to the solution. The studies in [3-7] provides analyses of the hardness of the trap problem. There have been many attempts to solve the trap problem, but almost all can solve only the small-sized problem and/or require a large amount of computational time to solve a larger one.

The most famous algorithm that can solve the trap problem is the Bayesian optimization algorithm (BOA) [8]. The BOA constructs and evolves a Bayesian network model to estimate the joint probability distribution of promising candidate solutions. During the evolution process, the algorithm learns to adjust the probability distribution to come close to the global optimum. The BOA takes a huge computational time because it takes into calculation dependencies between all bit pairs.

Other studies tries to solve the trap problem by taking less computational time. In the same year as BOA is published, Harik et. al. [9] proposed the compact genetic algorithm (cGA), whose probabilistic model assumes independency between each bit pair. This model is simple and requires less computational resources. Unfortunately, the cGA fails to reach the global optimum in the trap problem. In 2003, Ahn and Ramakrishna [10] proposed enhanced cGAs: elitism-based compact genetic algorithms (i.e., pe-cGA and ne-cGA). After update the probability model, the algorithms stills keep a small number of the fittest candidate solutions (so called elites). Those elites are retained throughout a pre-defined number of generations. Both of the algorithms succeed in solving one of minimum deceptive problems, but not in any of fully deceptive problems such as the aforementioned trap problem. In 2006, 2013 and 2015, [11-13] continued on improving the cGA. The results come close but cannot reach the global optimum in the trap problem.

Different kinds of evolutionary algorithms are proposed to solve the trap problem. For example, Ondas et. al. [14] achieve the global optimum in the trap problem by using the genetic programming (GP) and the probabilistic incremental program evolution (PIPE). The GP and the PIPE are more complex than the GA. They evolve candidate solutions in a form of trees instead of simple bit strings. Cox and Watson [15] successfully

solve the trap problem by using the generative grammar. The proposed model is a set of rules (called schema grammar), used to generate solutions. Both of the research works [14-15] can achieve the global optimum of the trap problem (trap size = 3), while BOA can solve the trap problem (trap size = 5). However, their computational costs in terms of the number of fitness evaluation are very high.

In this paper, we introduce a new crossover technique called the "front-rear crossover" (FRC) to solve the trap problem (both trap sizes of 3 and 5). The FRC can easily be adopted in the simple genetic algorithm, which is simpler and requires much fewer computational resources. The rest of this paper is organized as follows. Section II presents other crossover operators that will be compared with ours. Section III introduces the proposed FRC technique. Section IV describes the benchmark problems. Section V shows the experimental results. Section VI discusses why the proposed technique outperforms the existing techniques. We draw a conclusion in Section VII.

## II. CROSSOVER TECHNIQUES

A crossover operator is one of mechanisms in genetic algorithms to create offspring. Typically, this technique randomly selects cut-point positions of parents' chromosomes, dividing the chromosomes in many parts. Then, it swaps the parents' parts to create offspring's chromosomes. There is a belief that mixing chromosomes of promising candidate solutions will lead to the better ones. This section introduces some well-known crossover techniques together with the ring crossover, closely related to our work. We show the comparison results of all the techniques below including ours in Section V.

### A. Single Point Crossover

Single point crossover (SPC) is a basic crossover technique. It randomly selects a cut point in parents' chromosomes. The first offspring is created by concatenating the first part from the first parent and the last part from the second parent. Likewise, another offspring comes from joining the first part of the second and the last part of the first, as exemplified in Figure 1.

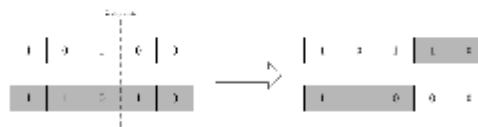


Figure 1. Single point crossover

### B. Two Point Crossover

Two points crossover (TPC) works by randomly selecting two cut points. The offspring are produced by exchanging middle parts of the parents' chromosomes, as illustrated in Figure 2.

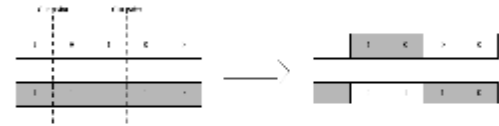


Figure 2. Two point crossover

### C. Uniform Crossover

Uniform crossover (UC) produces offspring by randomly choose a bit from parents. With equal chance, each bit in the offspring's chromosome is chosen from either the first parent's bit or the second parent's, as shown in Figure 3.

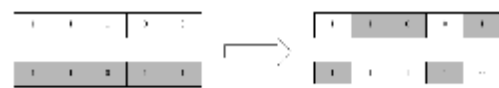


Figure 3. Uniform crossover

### D. Ring Crossover

Ring crossover (RC) is proposed by [16]. It first joins the parents' chromosomes (P1 and P2) to form a ring (as shown in Figure 4 (left)). The random cut point separates the ring into halves and two offspring's (C1 and C2) are produced. One child arranges bits in a clockwise direction, and the other arranges bits in an anti-clockwise direction, as illustrated in Figure 4 (right). The RC technique is quite similar to our proposed technique. However, it produces offspring in both clockwise and anti-clockwise manners, which causes some parts of C1 and C2 having a reverse-bit order, while the proposed technique does not. The difference in bit ordering has an effect on the accuracy. We will discuss about this issue in section VI.

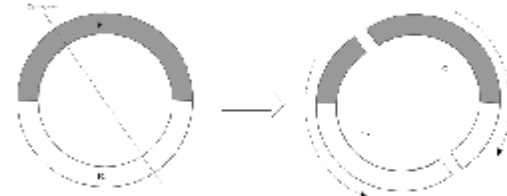


Figure 4. Ring crossover

## III. THE FRONT-REAR CROSSOVER

This paper proposes a new crossover technique called the front-rear crossover (FRC). Typically, crossover cut-point positions of the two chromosomes are the same. On the contrary, FRC allows different cut-point positions. We named our proposed technique as front-rear crossover because the operation swaps the front of one parent's chromosome (P1) and the rear of the other's (P2) to produce offspring. The front-rear



crossover operation is described below and the example is depicted in Figure 5-6.

Procedure of the front-rear crossover.

- Step-1:* Randomly select the length  $L$ , where  $0 < L < chromosomeLength$ . Note we discard  $L=0$  and  $L=chromosomeLength$  because they do not affect a chromosome structure.
- Step-2:* The cut points are at the position  $L$  of P1 and  $chromosomeLength - L$  of P2.
- Step-3:* Create offspring by swapping a group of bits at position 0 to  $L$  (the front part of P1) and a group of bits at position  $chromosomeLength - L$  to  $L$  (the rear part of P2).



Figure 5. Front-rear crossover

Figure 6 illustrates an example of FRC. Given two parent chromosomes (01100 and 11011), and  $L=2$ , P1's front part contains 01, while P2's the rear part contains 11. Then, the offspring are produced by swapping the front and the rear parts. The new chromosomes 11100 and 11001 are generated.

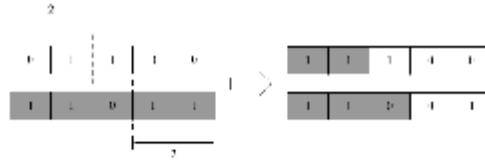


Figure 6. Example of the front-rear crossover

#### IV. BENCHMARK PROBLEMS

The proposed crossover operator is tested against benchmark problems described below.

##### A. OneMax Problem

OneMax problem is an easy problem for testing genetic algorithms. A fitness value is calculated by counting one bits. The optimal solution has the fitness value equal to the chromosome's length, where the corresponding chromosome composes of all one bits.

##### B. ZeroMax Problem

This problem is similar to the OneMax problem but it counts zero bits instead. The optimal solution of this problem

composes of all zero bits. This problem is chosen to be one of the test problems in our experiments to prove that the proposed method is not biased to favor either one or zero bits.

##### C. Trap Problem

Trap problem is a hard problem for genetic algorithms [3-7]. It is devised to delude genetic algorithms to favor zero bits but the optimal solution is all one bits. The larger the number of zero bits, the higher the fitness values. Nevertheless, the all one bits yield the highest score.

In the trap problem [17], the score of a block of  $k$  bits (where  $k$  is a trap size) is defined as:

$$F_k(b_0 \dots b_{k-1}) = \begin{cases} f_{high} & ; \text{ if } u = k \\ f_{low} - u \frac{f_{low}}{k-1} & ; \text{ otherwise} \end{cases} \quad (1)$$

where  $f_{high}$  and  $f_{low}$  are the peak scores of the  $k$ -bit block, and

$$b_i \in \{0, 1\}, u = \sum_{i=0}^{k-1} b_i.$$

Usually,  $f_{high}$  is greater than  $f_{low}$ ,  $f_{high}$  is set to  $k$ , and  $f_{low}$  is set to  $k-1$ .

To make a trap problem, we concatenate  $m$  blocks of  $k$  bits ( $B_0, B_1, \dots, B_{m-1}$ ). The corresponding trap function is defined as follows:

$$F_{k,m}(B_0 \dots B_{m-1}) = \sum_{i=0}^{m-1} F_k(B_i), B_i \in \{0,1\}^k \quad (2)$$

In this paper, we use the trap sizes ( $k$ ) of 3 and 5 in the experiments. As an example, given a chromosome 11111000111000, its fitness values is  $3+3+2+3+2 = 13$ , and  $5+2+2 = 9$ , when  $k$  is 3 and 5, respectively. Note that the larger the trap size, the harder the problem.

#### V. EXPERIMENTS

In all experiments, we select parents for each generation according to a method called tournament selection, and we choose a bitwise mutation for our mutation scheme. The tournament selection method randomly chooses chromosomes from a pool of population. The number of the selected chromosomes is called a tournament size. These chromosomes then compete in the tournament. The one with the highest fitness value is a winner, becoming a parent of the next generation. The process of selecting winners is then repeated until the number of parents reaches the population size. A larger tournament size results in a smaller survival chance of candidates with a low fitness value. In all of our experiments, the tournament size is 4. The chromosome length (problem size) varies among 30, 60 and 120 bits. Table I shows the parameter setting of our proposed algorithm.



TABLE I. PARAMETER SETTING

Parameter	Value
Population size	30 (for OneMax, ZeroMax and trap ( $k=3$ )) 80 (for trap ( $k=5$ ))
Crossover rate	0.8
Mutation rate	0.01
Tournament size	4
Maximum number of generations	500 (for OneMax, ZeroMax and trap ( $k=3$ )) 1000 (for trap ( $k=5$ ))
Number of runs	100

In the experiments, we compare the proposed technique with other crossover methods: single point crossover (SPC), two point crossover (TPC), uniform crossover (UC) and ring crossover (RC). The performance results in Table II are the average numbers of fitness evaluations over 100 runs. The number of fitness evaluations is a standard cost measurement in the evolutionary computation research field. The smaller the number of fitness evaluations, the more efficient the algorithm. Using the number of fitness evaluations is fair to compare different genetic algorithms (and even to compare the same genetic algorithm with different settings) because it represents the time that each algorithm consults the clairvoyant (to evaluate each candidate's fitness value) for a hint to discover the solution.

We test the algorithms against the OneMax, ZeroMax, and trap problems (with  $k=3$ , and  $k=5$ ). Each row of Table II presents the performances of all crossover methods when tested against each problem case. For example, for the OneMax problem of size 30, SPC uses up to 5106.3 fitness evaluations (on average) to find the solution. The percent in the parenthesis means SPC is able to achieve a global solution in all 100 runs.

TABLE II. COMPARISON OF CROSSOVER TECHNIQUES

Problem	SPC	TPC	UC	RC	FRC
OneMax (size=30)	5106.3 (100%)	5353.5 (100%)	1774.2 (100%)	319.2 (100%)	298.8 (100%)
OneMax (size=60)	13778.4 (39%)	13788.3 (37%)	10364.4 (67%)	553.8 (100%)	504.6 (100%)
OneMax (size=120)	15000.0 (0%)	15000.0 (0%)	14984.4 (2%)	878.4 (100%)	835.5 (100%)
ZeroMax (size=30)	5185.8 (100%)	5100.0 (100%)	1631.4 (100%)	310.8 (100%)	293.7 (100%)
ZeroMax (size=60)	13781.4 (39%)	13540.8 (39%)	10086.6 (69%)	536.4 (100%)	506.1 (100%)
ZeroMax (size=120)	15000.0 (0%)	15000.0 (0%)	14993.7 (1%)	890.4 (100%)	838.8 (100%)
Trap ( $k=3$ ) (size=30)	14726.4 (2%)	14751.0 (2%)	14852.7 (1%)	378.0 (100%)	348.9 (100%)
Trap ( $k=3$ ) (size=60)	15000.0 (0%)	15000.0 (0%)	15000.0 (0%)	746.7 (100%)	716.7 (100%)
Trap ( $k=3$ ) (size=120)	15000.0 (0%)	15000.0 (0%)	15000.0 (0%)	1412.1 (100%)	1314.3 (100%)
Trap ( $k=5$ ) (size=30)	78415.2 (2%)	77626.4 (3%)	80000.0 (0%)	15968.8 (82%)	1078.4 (100%)
Trap ( $k=5$ ) (size=60)	80000.0 (0%)	80000.0 (0%)	80000.0 (0%)	31635.2 (63%)	2058.4 (100%)
Trap ( $k=5$ ) (size=120)	80000.0 (0%)	80000.0 (0%)	80000.0 (0%)	35763.2 (58%)	3648.0 (100%)

Table II shows that our proposed method (FRC) outperforms other crossover techniques in all test problems. It can successfully find the global optimum of all test problems by requiring the least number of fitness evaluations. In the 30-bit OneMax and 30-bit ZeroMax problems, which are the easiest problems, all techniques always find the solution. However, for the 60-bit OneMax and 60-bit ZeroMax problems, SPC, TPC and UC can occasionally achieve the global optimum (37-69 percent of success rate). When we increase the problem size to 120 bits, both SPC and TPC never reach the optimum, while UC have the success rate of 1-2%. Note that SPC, TPC and UC have limited numbers of successes in finding the global optimum for the 30-bit trap problems (of size 3 and 5). They cannot find the solutions of the 60- and 120-bit trap problems.

It is interesting to mention that, in the OneMax, ZeroMax and trap problems ( $k=3$ ), FRC and RC can successfully find the global optimum (with 100% success rate). However, there is a slightly difference in terms of the number of fitness evaluations. The proposed FRC requires a little bit smaller number of fitness evaluations. Nevertheless, for the trap problem (of size 5), the proposed technique uses the 10 times less number of fitness evaluations. We can also reach the global optimum in every run while RC has the success rate of 58-82%. We will discuss why our proposed technique outperforms RC in solving the trap problems in Section VI.

Table III and IV show the comparative results of the simple genetic algorithm (enhanced by our FRC) and other techniques (mentioned earlier in Section I). Shown in Table III and IV are the numbers of fitness evaluations, required to solve the trap problem ( $k=3$ ) with the chromosome length of 21 and 30, respectively. The numbers of the previous algorithms are obtained from [9, 13, 14-15]. The proposed crossover technique outperforms all of them: it solves the problem by using at most the 400 times lesser number of fitness evaluations.

TABLE III. COMPARATIVE RESULTS (21-BIT TRAP PROBLEM,  $k=3$ )

Algorithm	Trap ( $k=3$ ) (size=21)
FRC	254.4
GP [14]	4000.0
PIPC [14]	8000.0
Schema Search [15]	$> 10^4$
Rand Restart [15]	$> 10^4$

TABLE IV. COMPARATIVE RESULTS (30-BIT TRAP PROBLEM,  $k=3$ )

Algorithm	Trap ( $k=3$ ) (size=30)
FRC	298.8
sGA [9]	25000.0
cGA [9]	28333.3
mcGA [13]	23333.3
pe-cGA [13]	15000.0
ne-cGA [13]	12500.0
fb-cGA [13]	500.0

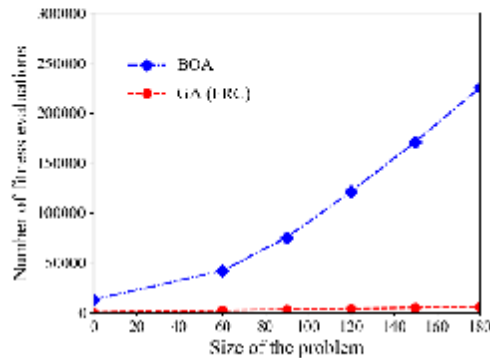


Figure 7. The number of fitness evaluations used to solve trap problem ( $k=5$ )

BOA is famous for its ability to find the global optimum in large trap-size problems. Figure 7 show the performance comparison between BOA and the proposed technique. As the problem size varies among 0, 60, 90, 120, 160 and 180 bits, we plot the numbers of fitness evaluations that BOA takes to find the solutions. (The numbers are obtained from [8].) The graph trend illustrates that the number of fitness evaluations required by BOA grows exponentially, and that FRC needs the way lesser number of fitness evaluations. For example, to solve the 180-bit problem, FRC requires the 40 times lesser number of fitness evaluations than BOA does.

## VI. DISCUSSION

This section shows and discusses why the proposed technique performs better than the others do. Consider the first case where both parents' chromosomes begin with zero bits. In this situation, SPC, TPC and UC never produce offspring whose left most bit is one because of their bit-position preservation nature. SPC swaps parents' chromosome parts on the right of their cut-point position. TPC swaps the parts between two cut-point positions. UC selects each bit from either the first or the second parent. If the first bit of each parent is zero, it is impossible that the offspring have the one bit at the first position. On the contrary, RC and FRC allow swapping bits from different positions. The parents' last  $n$  bits (from the right positions) could be swapped to the children's first  $n$  bits. Such swapping style is beneficial as it increases chromosome diversity, preventing a premature convergence. Since the premature convergence is a vital problem in the GA [18], maintaining a variety of chromosome structure is crucial. Figure 8 illustrates the swapping results in the case just mentioned. Given the two chromosomes, 00101 and 00111, we can see that the parents' first two bits are zero. In this case, it is certain that the offspring produced by SPC, TPC and UC never starts with a one bit. That is why SPC, TPC and UC fail to solve the trap problem ( $k=5$ ) in the experiments. When the trap size becomes larger, the algorithms are more likely to be deceived. They will produce chromosomes that have more zero

bits in the left part, and never find a way leading to the solution. On the other hand, RC and FRC guide themselves to the solution when they interchange one bits from other positions with bits in the left part of chromosome.

As mentioned earlier, our proposed FRC method and RC are closely related. Both can find the global optimum of the OneMax, ZeroMax, and trap problems ( $k=3$ ) by requiring a similar number of fitness evaluations. However, in the trap problem (with  $k=5$ ), FRC outperforms RC in an order of magnitude. The difference between FRC and RC is the ways chromosome bits are arranged. RC creates two offspring: one by arranging bit strings in a clockwise manner starting from a cut point, and the other one by arranging bits in the opposite direction. It inevitably causes both chromosomes' part having the reverse bit order. Contrastingly, FRC preserves the order of the parents' bits. FRC swaps  $n$  front bits for  $n$  rear ones. From the trap-problem ( $k=5$ ) experiments, we observe that FRC has an advantage over RC, as depicted in Figure 9. Assume that the parents' chromosomes are 0000011111 and 1111100000, and the cut point is at the seventh position. RC creates a child's chromosome (i.e., 1110000011), starting with the bit 8-10 (of the first parent), followed by the last 7 bits (in reverse order) of the second parent. The other offspring's chromosome bits are arranged in an anti-clockwise direction; thus, 1100000111. Given the same cut point, FRC creates offspring's chromosomes by swapping the first three bits of the front for the rear parts, yielding 0000011111 and 1111100000, which are the same as the parents'. Evidently, FRC can perform better than RC in the trap problem. FRC does not destroy any building blocks, which are groups of bits that give high fitness values. It preserves the block 11111 and 00000 while RC destroys them. Maintaining the diversity and preserving the building blocks is essential for genetic algorithms to reach a solution [19]. The proposed FRC's mechanism both maintains the diversity (by swapping the front bit for the rear) and preserves building blocks (by not reversing the order of bits while performing a crossover).

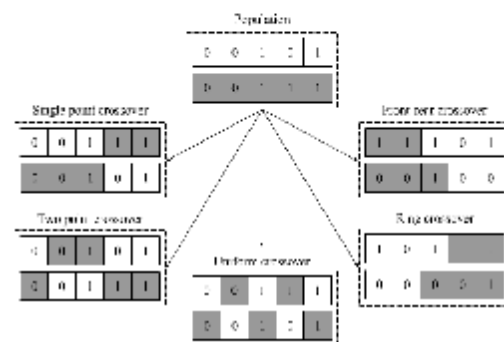


Figure 8. Example in a case that chromosomes starting with zero bits

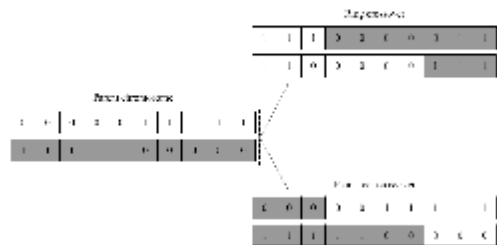


Figure 9. Difference between FRC and RC

## VII. CONCLUSION

This paper proposes a new crossover technique, called Front Rear Crossover (FRC). It allows selecting crossover points at different positions, and swapping the front for the rear part of chromosome pairs. We tested the proposed method against well-known benchmark problems: OneMax, ZeroMax, and trap problems. The trap problems are the most difficult because they could fool several algorithms to be trapped into local optima. Thus far, the traditional algorithms can solve only trap problems (of small sizes). If the problem size becomes large, they require a large number of fitness evaluations. Fortunately, FRC is a new crossover technique that not only can easily be adopted in the simple genetic algorithm, but also can solve the trap problem by demanding a relatively small number of fitness evaluations. In all test problems, the experiment results show that FRC outperforms all the other algorithms: it discovers better solutions and/or requires a lesser number of fitness evaluations.

## ACKNOWLEDGMENT

This work is funded by the Faculty of Informatics, Burapha University (Grant No. 8/2560).

## REFERENCES

- [1] Goldberg, David E. "Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning. Addison Wesley." Reading (1989).
- [2] Pevai, G., and T. V. Goetha. "A Survey on Crossover Operators." *ACM Computing Surveys (CSUR)* 49.4 (2016): 72.
- [3] Deb, Kalyanmoy, and David E. Goldberg. "Analyzing deception in trap functions." *Foundations of genetic algorithms 2* (1993): 93-108.
- [4] Nijssen, Siegfried and Back, Thomas. "An analysis of behavior of simplified evolutionary algorithms on trap functions." *IEEE Transactions on Evolutionary Computation* 7.1 (2003): 11-22.
- [5] Deb, Kalyanmoy, and Goldberg, David E. "Sufficient conditions for deceptive and easy binary functions." *Annals of Mathematics and Artificial Intelligence*, 10.4 (1994): 385-408.
- [6] Goldberg, David E., Deb, Kalyanmoy and Horn, Jeffrey. "Massive multimodality, deception, and genetic algorithms." *Proceedings of the Parallel Problem Solving from Nature - PPSN II*, (1992) 37-45.
- [7] Jones, Terry and Forrest, Stephanie. "Fitness distance correlation as a measure of problem difficulty for genetic algorithms." *Proceedings of the 6th International Conference on Genetic Algorithms*, (1995): 184-192.
- [8] Polikan, Martin, David E. Goldberg, and Erick Cantu-Paz. "BOA: The Bayesian optimization algorithm." *Proceedings of the 1st Annual Conference on Genetic and Evolutionary Computation-Volume 1*. Morgan Kaufmann Publishers Inc., 1999.
- [9] Harik, Georges R., Fernando G. Lobo, and David E. Goldberg. "The compact genetic algorithm." *IEEE transactions on evolutionary computation* 3.4 (1999): 287-297.
- [10] Ahn, Chang Wook, and Rudrapatna S. Ramakrishna. "Elitism-based compact genetic algorithms." *IEEE Transactions on Evolutionary Computation* 7.4 (2003): 367-383.
- [11] Kimcharoen, Sumisa, Sutivong, Daricha and Chongstivattana, Prabhas. "Updating strategy in compact genetic algorithm using moving average approach." *Proceedings of the IEEE International Conferences on Cybernetics & Intelligent Systems* (2006).
- [12] Phiromlap, Srichol and Kimcharoen, Sumisa. "A frequency-based updating strategy in compact genetic algorithm." *Proceedings of 17th International Computer Science and Engineering Conference* (2013).
- [13] Kimcharoen, Sumisa, Phiromlap, Srichol and Leelathakul, Nutthanon. "Analysis of frequency-based compact genetic algorithm (fb-cga)." *Masjo International Journal of Science and Technology* 9.1 (2013).
- [14] Oudas, Radovan, Martin Polikan, and Kumara Sastry. "Genetic programming, probabilistic incremental program evolution, and scalability." *Applications of Soft Computing*. Springer Berlin Heidelberg, 2006. 363-372.
- [15] Cox, Chris R., and Richard A. Watson. "Solving building block problems using generative grammar." *Proceedings of the 2014 Annual Conference on Genetic and Evolutionary Computation*. ACM, 2014.
- [16] Kaya, Yilmaz, and Murat Uyar. "A novel crossover operator for genetic algorithms: ring crossover." *arXiv preprint arXiv:1105.0355* (2011).
- [17] Ackley, David H. "A Connectionist Machine for Genetic Hillclimbing." Boston, MA: Kluwer Academic Publishers (1987).
- [18] Pandey, Hari M., Chandhary, Ankit, and Mahrotra, Deeptri. "A comparative review of approaches to prevent premature convergence in GA." *Applied Soft Computing* 24 (2014): 1047-1077.
- [19] Holland, John H. "Building blocks, cohort genetic algorithms, and hyperplane-defined functions." *Evolutionary Computation* 8.4 (2000): 373-391.



นิพนธ์พื้นฉบับ

การเปรียบเทียบและวิเคราะห์ประสิทธิภาพของวิธีการไขว้เปลี่ยนในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับฟังก์ชันทดสอบแบบยูนิเทชัน  
**PERFORMANCE COMPARISON AND ANALYSIS OF CROSSOVER TECHNIQUES IN GENETIC ALGORITHMS FOR THE FUNCTION OF UNITATION PROBLEMS**

ดิลก พุ่มสุวรรณ<sup>1</sup>, สุนิสา ริมเจริญ<sup>2</sup>Dilok Pumsuwan<sup>1</sup>, Sunisa Rimcharoen<sup>2</sup>

Received:

**บทคัดย่อ**

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เป็นวิธีแก้ปัญหาโดยเลียนแบบกระบวนการวิวัฒนาการทางธรรมชาติ ขั้นตอนวิธีนี้จะสร้างตัวเลือกของคำตอบจำนวนมาก และนำตัวเลือกเหล่านั้นมาผสมกันเพื่อให้ได้คำตอบที่ดีขึ้น วิธีการไขว้เปลี่ยนเป็นหัวใจสำคัญของการผสมสร้างคำตอบใหม่ขึ้นมา งานวิจัยนี้จึงได้ทำการวัดประสิทธิภาพของวิธีการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ สำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยการไขว้เปลี่ยนที่นำมาเปรียบเทียบมีทั้งหมด 4 วิธี คือ การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป และการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน ผู้วิจัยได้ทำการทดลองกับปัญหาในกลุ่มที่เป็นฟังก์ชันยูนิเทชัน เช่น ปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุด ปัญหาบิตศูนย์มากที่สุด ปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่ม และปัญหากับดัก จากผลการดำเนินงานพบว่า การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนสามารถหาคำตอบของปัญหาได้อย่างมีประสิทธิภาพ แม้กระทั่งปัญหาที่ติด ที่เป็นปัญหายากและมีการหลอก ประเด็นที่น่าสนใจที่ผู้วิจัยค้นพบจากการทดลองนี้ก็คือ ถึงแม้ว่าการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนจะมีประสิทธิภาพดีดังกล่าว แต่เมื่อใช้กับปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่ม วิธีการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนกลับไม่พบคำตอบที่ดีที่สุด ในขณะที่การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปที่หาคำตอบได้แก่กว่าในปัญหาอื่น ๆ กลับได้ผลลัพธ์ที่ดีกว่า บทความวิจัยนี้ได้แสดงผลการวิเคราะห์โดยใช้การนับจำนวนครั้งในการทำการไขว้เปลี่ยนที่ทำให้ผลลัพธ์ดีขึ้น ซึ่งสามารถอธิบายถึงพฤติกรรมในการค้นหาคำตอบของวิธีการไขว้เปลี่ยนได้

คำสำคัญ: ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม การไขว้เปลี่ยน ฟังก์ชันยูนิเทชัน การวิเคราะห์พฤติกรรม

**Abstract**

A genetic algorithm is an optimization algorithm that imitates the process of natural evolution. The algorithm generates a pool of candidate solutions and evolves them by mixing their chromosomes together. A crossover is a key element of generating new candidates. This research, therefore, measures the performance of four crossover techniques, namely the one-point crossover, two-point crossover, uniform crossover and ring crossover. The benchmark problems used in the experiments are the functions of unitation. We employ the one-max, zero-max, random-max and trap problems to test the four crossover techniques. The experiments show that the ring crossover can achieve an optimal solution even in the trap

<sup>1</sup> นิสิตปริญญาโท, <sup>2</sup> ผู้ช่วยศาสตราจารย์, คณะวิทยาการสารสนเทศ มหาวิทยาลัยบูรพา อำเภอเมือง จังหวัดชลบุรี 20131

<sup>1</sup> Master degree student, <sup>2</sup> Assist. Prof., Faculty of Informatics, Burapha university, Muang District, Chonburi 20131, Thailand.

problem, which is hard and deceptive. One interesting issue we have discovered is that although the ring crossover has shown outstanding efficiency in solving the hard problem, it is fail to solve the random-max problem. Conversely, the uniform crossover that is fail to solve the harder ones can reach the optimal solution of the random-max problem. We also present a behavior analysis of the crossover techniques by counting the number of crossover successes in each generation that can explain why one can achieve the optimal solution while the others are not.

**Keywords:** Genetic algorithm, Crossover, Functions of unitation, Behavior analysis

## บทนำ

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic algorithm : GA)<sup>1</sup> เป็นขั้นตอนวิธีในการหาคำตอบของปัญหา จากการสุ่มคำตอบขึ้นมาและให้ค่าคะแนนแก่คำตอบเหล่านั้น จากนั้นก็ใช้การดำเนินการทางพันธุกรรม ทำการผสมคำตอบที่มีอยู่ให้เกิดเป็นคำตอบใหม่ที่มีความใกล้เคียงกับคำตอบที่ต้องการมากขึ้น ซึ่งขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมีกระบวนการหลายขั้นตอนด้วยกัน หนึ่งในนั้นก็คือ การไขว้เปลี่ยน (Crossover)

การไขว้เปลี่ยนถือเป็นขั้นตอนหนึ่งที่เป็นปัจจัยสำคัญในการประสบความสำเร็จของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ซึ่งการไขว้เปลี่ยนเป็นขั้นตอนที่นำโครโมโซมคำตอบมาผสมกันเพื่อสร้างคำตอบใหม่ให้ใกล้เคียงกับคำตอบที่ต้องการมากขึ้น ซึ่งเทคนิคของการไขว้เปลี่ยนนั้นมีหลายรูปแบบด้วยกัน การเลือกเทคนิคการไขว้เปลี่ยนเพื่อนำมาใช้ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมีผลต่อประสิทธิภาพในการทำงานของขั้นตอนวิธี ซึ่งการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว (One-point crossover) เป็นการไขว้เปลี่ยนที่เกิดขึ้นเป็นเทคนิคแรก ๆ และเป็นแนวคิดให้กับเทคนิคการไขว้เปลี่ยนหลายรูปแบบซึ่งเกิดขึ้นภายหลัง

ในงานวิจัยของ Kaya Y.<sup>2</sup> ได้นำเสนอเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบใหม่ที่เรียกว่าการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนซึ่งเป็นการไขว้เปลี่ยนที่มีรูปแบบต่างออกไปจากรูปแบบของการไขว้ที่มีอยู่ ในงานวิจัยดังกล่าวได้นำเทคนิคดังกล่าวไปทดสอบกับปัญหาแบบจำนวนจริง (Real code) และทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพกับเทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบอื่น ๆ ทำให้เห็นว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนวงแหวนดีกว่าเทคนิคอื่นและด้อยกว่าอย่างไร ซึ่งการทดลองของ

ไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนที่งานวิจัยดังกล่าวนำเสนอ ได้ทดสอบกับปัญหาแบบจำนวนจริงเท่านั้นและยังไม่ได้ทำการทดสอบกับปัญหารูปแบบอื่น

ที่ผ่านมามีคนนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมไปประยุกต์ใช้ในงานหลากหลายด้าน แต่ในแง่ของการวิเคราะห์กระบวนการทำงานของตัวขั้นตอนวิธีเอง ยังมีงานที่ศึกษาเรื่องนี้ค่อนข้างจำกัดอยู่ในวงแคบ งานวิจัยนี้เป็นงานหนึ่งที่สนใจศึกษาและเปรียบเทียบกระบวนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ซึ่งที่ผ่านมางานวิจัยของ Deep K.<sup>3</sup> ได้ทำการศึกษารูปแบบการไขว้เปลี่ยนเช่นเดียวกัน แต่งานของเขาศึกษาเฉพาะฟังก์ชันค่าเหมาะสมสุด (Optimization) ที่เป็นจำนวนจริง และในงานวิจัยของ Poon PW.<sup>4</sup> ได้เปรียบเทียบเทคนิคการไขว้เปลี่ยนเพื่อหาเทคนิคที่เหมาะสมกับปัญหา Ordering application เป็นหนึ่งในงานวิจัยที่ทำให้เห็นถึงความสำคัญและประโยชน์จากการเปรียบเทียบได้เป็นอย่างดี และในงานวิจัยของ Herrera F.<sup>5</sup> ได้ทำการปรับปรุงประสิทธิภาพในการไขว้เปลี่ยนโดยผสมผสานระหว่างเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่มีอยู่ และทดลองกับปัญหาในรูปแบบของจำนวนจริง และในงานวิจัยของ Pavai G.<sup>6</sup> ได้ทำการสำรวจเทคนิคการไขว้เปลี่ยนและได้นำเสนอออกมาในรูปแบบของการจำแนกประเภท ทำให้สามารถเลือกใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่ตรงกับรูปแบบของปัญหาได้

ในบทความวิจัยนี้ ผู้วิจัยได้ทำการศึกษากการไขว้เปลี่ยนของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับกลุ่มปัญหา functions of unitation<sup>7</sup> ซึ่งคือ กลุ่มฟังก์ชันที่ทำการประเมินค่าความเหมาะสมจากรูปแบบของโครโมโซม โดยที่โครโมโซมคำตอบนั้นไม่ต้องทำการถอดรหัสออกมาเป็นค่าของโครโมโซม แต่จะคำนวณค่าความ

เหมาะสมจากตัวโครโมโซมโดยตรง โดยการดูจากบิต หรือรูปแบบของบิต บทความวิจัยนี้ได้นำปัญหาที่อยู่ ภายใต้กลุ่มฟังก์ชันดังกล่าวมาทดลองทั้งหมด 4 ปัญหาคือ ปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุด ปัญหาบิตศูนย์มากที่สุด ปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่ม และปัญหาบิตคิก โดยเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่นำมาทดสอบกับปัญหามี ทั้งหมด 4 วิธี และทำการวิเคราะห์เพื่อให้เห็นถึง ประสิทธิภาพและพฤติกรรมการทำงานของเทคนิคแต่ละแบบเพื่อเป็นแนวทางในการทำความเข้าใจและเลือกใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่เหมาะสมกับปัญหาได้ดียิ่งขึ้น

### ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เป็นขั้นตอนวิธีที่ใช้ในการหาคำตอบของปัญหา ที่อาศัยแนวคิดในการคัดเลือกและวิวัฒนาการทางธรรมชาติเพื่อให้ได้มาซึ่งสิ่งที่เหมาะสมที่สุด โดยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะทำการสร้างประชากร ซึ่งคือรูปแบบของคำตอบที่เป็นไปได้ (Candidate solution) ขึ้นมาจำนวนหนึ่ง จากนั้นทำการคัดเลือกประชากรคำตอบที่เหมาะสม โดยพิจารณาจากค่าความเหมาะสม (Fitness value) และนำประชากรคำตอบที่เลือกมาใส่ไปผ่านขั้นตอนของการผสมพันธุ์และการกลายพันธุ์ ทำให้ได้ออกมาเป็นประชากรคำตอบรุ่นใหม่ที่มีความหลากหลายและมีคุณภาพดีขึ้น โดยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะมีขั้นตอนการทำงานดัง (Figure 1) และมีคำอธิบายการทำงานในแต่ละขั้นตอนดังนี้

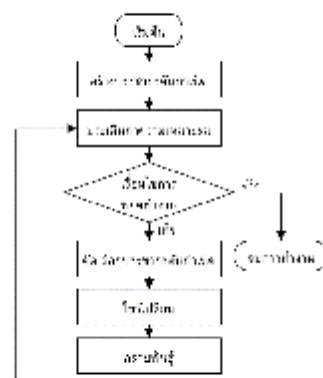


Figure 1 Procedure of a genetic algorithm

#### 1. การสร้างประชากรต้นกำเนิด

เป็นขั้นตอนในการสร้างประชากรคำตอบกลุ่มแรก โดยประชากรคำตอบจะถูกสร้างจากการสุ่มคำตอบที่อยู่ในขอบเขตของปัญหาขึ้นมา และทำการเข้ารหัสคำตอบให้อยู่ในรูปแบบของสายอักขระที่ประกอบด้วย 0 และ 1

#### 2. การประเมินค่าความเหมาะสม

เป็นการประเมินประชากรคำตอบแต่ละตัวว่ามีคุณภาพดีมากน้อยเพียงใด ซึ่งวิธีการประเมินนั้นก็จะขึ้นอยู่กับแต่ละปัญหาที่ต่างกันออกไป โดยการประเมินจะให้เป็นคะแนนความเหมาะสม

#### 3. การคัดเลือกประชากรต้นกำเนิด

เป็นการคัดเลือกประชากรคำตอบเพื่อนำไปเป็นประชากรต้นกำเนิดในรอบการทำงานถัดไป (Generation) การคัดเลือกจะอาศัยค่าความเหมาะสมของประชากรคำตอบช่วยในการตัดสินใจ ซึ่งประชากรที่มีค่าความเหมาะสมสูงก็จะมีโอกาสถูกคัดเลือกมากกว่าประชากรตัวที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ

#### 4. การไขว้เปลี่ยน

เป็นขั้นตอนที่นำประชากรต้นกำเนิดที่ผ่านการคัดเลือกมาผสมเป็นคำตอบใหม่ตามหลักของสิ่งมีชีวิตที่มีการผสมพันธุ์แล้วได้ลูกหลานที่มีความคล้ายคลึงกับพ่อแม่ ดังนั้นคำตอบที่ได้จากการทำการไขว้เปลี่ยนจะมีส่วนประกอบของประชากรต้นกำเนิดอยู่เสมอ โดยได้รับส่วนประกอบบางส่วนมาจากพ่อและบางส่วนจากแม่

#### 5. การกลายพันธุ์ (Mutation)

เป็นขั้นตอนในการเปลี่ยนรูปแบบโครโมโซมของประชากรคำตอบ โดยขั้นตอนนี้อาศัยแนวคิดการวิวัฒนาการตามธรรมชาติที่เกิดความผิดปกติหรือมีความแตกต่างออกไปจากบรรพบุรุษดั้งเดิม ทำให้เกิดสิ่งมีชีวิตรูปแบบใหม่

#### 6. เงื่อนไขการหยุดการดำเนินงาน

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนั้นจะมีกระบวนการที่ทำซ้ำขั้นตอนในการคัดเลือก ขั้นตอนในการไขว้เปลี่ยนและขั้นตอนในการกลายพันธุ์ เพื่อวิวัฒนาการประชากรคำตอบรุ่นใหม่ ดังนั้นขั้นตอนวิธีจะจบการทำงานเมื่อพบคำตอบที่ต้องการ หรือจำนวนครั้งในการทำงานครบตามที่ได้กำหนดเอาไว้



## วิธีการวิจัย

งานวิจัยนี้ต้องการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของการใช้วิธีเปลี่ยนในรูปแบบต่าง ๆ ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ซึ่งในการทดลองประกอบไปด้วยขั้นตอนต่าง ๆ ดังนี้

### 1. การสร้างประชากรต้นกำเนิด

ในขั้นตอนของการสร้างประชากรต้นกำเนิด จะต้องมีการกำหนดจำนวนประชากรคำตอบ และกำหนดวิธีการเข้ารหัสคำตอบ ซึ่งในงานวิจัยนี้ได้เลือกใช้การเข้ารหัสแบบไบนารีที่มี 0 กับ 1 เป็นส่วนประกอบของโครโมโซมคำตอบ โดยวิธีการเข้ารหัสนั้นจะต้องมีการกำหนดค่าความยาวของโครโมโซมหรือขนาดของคำตอบในปัญหา (Problem size) จากนั้นทำการสร้างโครโมโซมคำตอบแบบไบนารีโดยการสุ่มค่า 0 หรือ 1 มาเป็นองค์ประกอบในโครโมโซมคำตอบที่มีความยาวตามที่กำหนดเอาไว้

### 2. การประเมินค่าความเหมาะสม

ในงานวิจัยนี้ได้ทำการทดลองกับปัญหาทั้งหมด 4 ปัญหาด้วยกันโดยแต่ละปัญหามีวิธีในการประเมินค่าความเหมาะสมดังนี้

**ปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุด (One-max problem)**  
ปัญหานี้เป็นปัญหาที่ง่าย โดยค่าความเหมาะสมของประชากรจะคำนวณจากการนับจำนวนของบิตที่มีค่าเป็น 1 โดยปัญหานี้จะมีคำตอบที่ดีที่สุดคือทุกบิตของโครโมโซมคำตอบจะมีค่าเป็น 1 ตัวอย่างการคำนวณค่าความเหมาะสมของโครโมโซม 1011101 จะมีค่าความเหมาะสมเท่ากับ 5 ซึ่งเป็นจำนวนของบิตที่มีค่าเป็น 1 ในโครโมโซมคำตอบ

**ปัญหาบิตศูนย์มากที่สุด (Zero-max problem)**  
ปัญหานี้เป็นปัญหาที่ง่าย คล้ายกับปัญหาจำนวนบิตหนึ่งมากที่สุด ต่างกันตรงที่ปัญหานี้จะให้ค่าความเหมาะสมจากการนับจำนวนบิตในโครโมโซมที่เป็นบิต 0 แทน ดังนั้นคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหานี้ก็คือ ทุกบิตในโครโมโซมมีค่าเป็น 0 ตัวอย่างการคำนวณค่าความเหมาะสม เช่น 100100 มีค่าความเหมาะสมเท่ากับ 4 เหตุผลที่ผู้วิจัยเลือกทดสอบกับทั้งปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุดและบิตศูนย์มากที่สุด เนื่องจากต้องการทดสอบว่าขั้นตอนวิธีไม่ได้รับเอียงไปทาง 0 หรือ 1 แต่สามารถหาคำตอบได้ทั้งสองกรณี

**ปัญหาบิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่ม (Random-max problem)**  
ปัญหานี้จะสุ่มคำตอบที่ดีที่สุดขึ้นมาเป็นเป้าหมาย โดยโครโมโซมที่สุ่มขึ้นมาจะประกอบไปด้วยบิต 0 และ 1 และค่าความเหมาะสมก็จะคำนวณจากจำนวนบิตที่ตรงกับเป้าหมายที่กำหนดขึ้น ดังนั้นคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหานี้ก็คือทุกบิตในโครโมโซมเหมือนกับคำตอบที่ถูกสุ่มขึ้นมา ยกตัวอย่างเช่นคำตอบที่ดีที่สุดคือ 10110 และโครโมโซมคำตอบที่ขั้นตอนวิธีสุ่มขึ้นมาคือ 00101 ค่าความเหมาะสมคือ 2 นั่นคือจำนวนของตำแหน่งที่มีความเหมือนกับคำตอบที่ดีที่สุด (ตำแหน่งที่ 2 กับ 3) เหตุผลที่ผู้วิจัยเลือกปัญหานี้มาใช้ในการทดสอบ เนื่องจากต้องการทดสอบการหาคำตอบของโครโมโซมที่ประกอบไปด้วยบิต 0 และ 1 ปัญหานี้ยากกว่าปัญหาบิตหนึ่งมากที่สุด และปัญหาบิตศูนย์มากที่สุด แต่ปัญหานี้ไม่ได้รับการทดลองเหมือนกับปัญหาบิตที่มักจะกล่าวถึงต่อไป

**ปัญหากับดัก (Trap problem)<sup>2,9</sup>**  
เป็นปัญหาที่ยากที่มีการหลอก โดยการให้คะแนนความเหมาะสมจะให้คะแนนมากสำหรับโครโมโซมที่มีบิต 0 มาก แต่ที่จริงแล้วคำตอบที่ดีที่สุดคือโครโมโซมที่ทุกบิตเป็น 1 การประเมินค่าความเหมาะสมของปัญหานี้จะคำนวณตามขนาดของกับดัก เช่น ถ้าขนาดของกับดักเป็น 3 จะคำนวณค่าของโครโมโซมที่ละ 3 บิต โดยงานวิจัยนี้ได้กำหนดค่าของขนาดดังกล่าวไว้ที่ 3 และ 5 เมื่อแบ่งโครโมโซมคำตอบออกเป็นขนาดตามที่กำหนดไว้แล้ว ก็จะนำมาประเมินค่าความเหมาะสมซึ่งโครโมโซมที่ถูกแบ่งออกมาจะมีการให้ค่าความเหมาะสมตาม (Table 1-2)

**Table 1** Fitness value of trap size 3

Fitness	Chromosome
3	111
2	000
1	001, 010, 100
0	110, 101, 011

Table 2 Fitness value of trap size 5

Fitness	Chromosome
5	11111
4	00000
3	00001, 00010, 00100, 01000, 10000
2	11000, 10100, 10010, 10001, 01100, 01010, 01001, 00110, 00101, 00011
1	11100, 11010, 11001, 10110, 10101, 10011, 01110, 01101, 01011, 00111
0	10111, 11011, 11101, 01111, 11110

จากข้อมูลใน (Table 1-2) การคำนวณค่าความเหมาะสมของโครโมโซมจะพิจารณาที่ละกลุ่มบิต แล้วนำค่าความเหมาะสมที่ได้มารวมกันก็จะได้เป็นค่าความเหมาะสมของโครโมโซมค่าต่อนั้น เช่น สำหรับปัญหาบิตขนาด 3 มีโครโมโซมค่าตอบเป็น 110100111 ค่าความเหมาะสมจะได้เป็น  $0+1+3 = 4$  เป็นต้น

### 3. การคัดเลือกประชากรต้นกำเนิด

งานวิจัยนี้ใช้วิธีในการคัดเลือกประชากรต้นกำเนิดที่เรียกว่า การคัดเลือกแบบการแข่งขัน (Tournament selection)<sup>9</sup> ซึ่งเป็นการหาโครโมโซมต้นกำเนิดโดยสุ่มการเลือกโครโมโซมของคำตอบจากประชากรคำตอบที่มีทั้งหมดขึ้นมาจำนวนหนึ่งตามขนาดที่กำหนดไว้ (Tournament size) แล้วเลือกโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดจากโครโมโซมที่สุ่มหยิบขึ้นมา

### 4. การไขว้เปลี่ยน

ในงานวิจัยนี้ได้นำวิธีการไขว้เปลี่ยนทั้งหมด 4 วิธีมาทำการทดลองเพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพโดยการไขว้เปลี่ยนทั้ง 4 วิธีมีดังต่อไปนี้

**การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว (One-Point crossover)** เป็นการไขว้เปลี่ยนที่มีการสุ่มตำแหน่งภายในโครโมโซมขึ้นมาหนึ่งจุด และทำการแลกเปลี่ยนบิตของโครโมโซมที่อยู่หลังตำแหน่งที่ได้ทำการสุ่มขึ้นมา ดังแสดงใน (Figure 2)

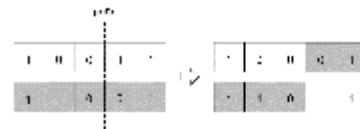


Figure 2 One-point crossover

**การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด (Two-point crossover)** เป็นการไขว้เปลี่ยนที่มีการสุ่มตำแหน่งในโครโมโซมขึ้นมาสองตำแหน่ง และทำการแลกเปลี่ยนบิตของโครโมโซมที่อยู่ระหว่างตำแหน่งทั้งสองที่สุ่มขึ้นมา ดังแสดงใน (Figure 3)

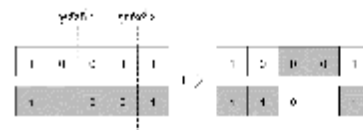


Figure 3 Two-point crossover

**การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูป (Uniform crossover)** เป็นการไขว้เปลี่ยนที่ในแต่ละตำแหน่งของโครโมโซมจะมีโอกาส 50% ในการที่จะได้บิตของพ่อหรือแม่มา ดังแสดงใน (Figure 4)



Figure 4 Uniform crossover

Table 4 Experimental results

Problem	Crossover			
	One-point	Two-point	Uniform	Ring
One max (30 บิต)	100% 4617.9	100% 5193.9	100% 1874.4	100% 328.2
One max (45 บิต)	79% 10199.1	79% 10921.8	95% 5568.8	100% 422.7
One max (60 บิต)	37% 13591.2	36% 13804.2	66% 11122.5	100% 528.3
Zero max (30 บิต)	100% 5037.0	100% 5334.3	100% 1953.3	100% 316.2
Zero max (45 บิต)	77% 11189.1	76% 10515.3	96% 5563.8	100% 420.6
Zero max (60 บิต)	40% 13692.0	40% 13608.6	69% 10649.1	100% 540.9
Random max (30 บิต)	100% 5400.0	100% 4608.0	100% 1808.7	0% 15000.0
Random max (45 บิต)	81% 10798.2	79% 10450.2	95% 5646.9	0% 15000.0
Random max (60 บิต)	36% 13952.7	35% 13845.9	72% 10256.7	0% 15000.0
Trap (ขนาด 3) (30 บิต)	1% 14853.0	1% 14854.2	2% 14716.5	100% 427.2
Trap (ขนาด 3) (45 บิต)	0% 15000.0	0% 15000.0	0% 15000.0	100% 587.1
Trap (ขนาด 3) (60 บิต)	0% 15000.0	0% 15000.0	0% 15000.0	100% 783.9
Trap (ขนาด 5) (30 บิต)	0% 15000.0	0% 15000.0	0% 15000.0	61% 6315.0
Trap (ขนาด 5) (45 บิต)	0% 15000.0	0% 15000.0	0% 15000.0	51% 7889.1
Trap (ขนาด 5) (60 บิต)	0% 15000.0	0% 15000.0	0% 15000.0	47% 8644.2

จาก (Table 4) แสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพในการหาค่าตอบของปัญหา ด้วยเทคนิคการไขว้เปลี่ยนทั้ง 4 แบบภายใต้พารามิเตอร์ที่กำหนด ซึ่งค่าที่แสดงในตารางแต่ละบรรทัด เป็นผลการทดลองของแต่ละปัญหาทดสอบ โดยใช้วิธีการไขว้เปลี่ยนทั้ง 4 รูปแบบ ผลการทดลองแต่ละชุดแสดงผลลัพธ์เป็นร้อยละที่เทคนิคการไขว้เปลี่ยนสามารถหาค่าตอบที่ดีที่สุดได้และแสดงจำนวนครั้งเฉลี่ยในการประเมินค่าความเหมาะสม ยกตัวอย่างในปัญหา One max ที่มีความยาวโครโมโซม 30 บิต โดยการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียวมีจำนวนครั้งที่เจอค่าตอบที่ดีที่สุด (Optimal) ถึง 100% นั่นหมายความว่าจากจำนวนครั้งในการทดลองทั้งหมดเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียวสามารถหา

ค่าตอบที่ดีที่สุดได้ทุกครั้ง และในการทดลองทั้งหมดมีค่าเฉลี่ยของจำนวนครั้งที่ใช้ประเมินค่าเหมาะสมอยู่ที่ 4617.9 ครั้ง (จำนวนครั้งยิ่งน้อยยิ่งดี เนื่องจากขั้นตอนวิธียิ่งพบค่าตอบเร็ว) ผลลัพธ์ในตารางทั้งหมดทำให้เห็นว่าในปัญหามิตหนึ่งมากที่สุดและมิตศูนย์มากที่สุดในขนาด 30,45 และ 60 บิต เทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่มีประสิทธิภาพมากที่สุดในการหาค่าตอบของสองปัญหานี้คือ การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน ที่มีจำนวนครั้งในการเจอค่าตอบถึง 100% ทั้งหมด และมีจำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมที่น้อยที่สุดจากเทคนิคการไขว้เปลี่ยนทั้ง 4 เทคนิค ส่วนในปัญหามิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่ม เทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่มีประสิทธิภาพในการหาค่าตอบที่ดีที่สุดคือ การไขว้

เปลี่ยนแบบเอกรูป ที่มีจำนวนครั้งในการเจอคำตอบที่ดีที่สุด สูงกว่าเทคนิคอื่น และมีจำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมน้อยที่สุด และในปัญหาภัยคุกคามที่ขนาดเท่ากับ 3 และ 5 เทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่มีประสิทธิภาพในการหาคำตอบที่ดีที่สุดคือ การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน ซึ่งในเทคนิคการไขว้เปลี่ยนอีก 3 แบบนั้นไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาภัยคุกคามที่ขนาดเท่ากับ 5 ได้เลย แต่การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนสามารถเจอคำตอบของปัญหาได้จำนวนหนึ่ง ซึ่งทำให้ในปัญหาภัยคุกคามการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนจึงเป็นเทคนิคที่ดีที่สุดจากเทคนิคการไขว้เปลี่ยนทั้ง 4 วิธี

### วิเคราะห์และวิจารณ์

จากการทดลองทำให้ได้ผลลัพธ์ที่สามารถนำมาเปรียบเทียบเพื่อบอกถึงประสิทธิภาพของการไขว้เปลี่ยนในแต่ละรูปแบบ ทำให้รู้ถึงจุดเด่นและจุดด้อยต่าง ๆ ของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนทั้ง 4 วิธี จุดเด่นที่เห็นได้ชัดคือ ความสามารถในการหาคำตอบของปัญหาด้วยวิธีการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนนั้น สามารถหาคำตอบได้โดยใช้ทรัพยากรน้อยกว่าการไขว้เปลี่ยนแบบอื่น ๆ ในจำนวนที่ต่างกันเป็นอย่างมากหรือกล่าวอีกแบบหนึ่งว่าสามารถหาคำตอบได้เร็วกว่าวิธีการไขว้เปลี่ยนอื่นนั่นเอง นอกจากนี้ปัญหาภัยคุกคามที่มีการให้คะแนนความเหมาะสมที่หลอกขึ้นตอนวิธีให้หาคำตอบไปในทางที่ผิด การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนก็ยังสามารถหาคำตอบได้โดยใช้ทรัพยากรที่น้อยกว่าการไขว้เปลี่ยนแบบอื่น แต่การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนนั้นก็ยังมีจุดด้อยอยู่เช่นกัน ในปัญหามิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่ม การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนใช้ทรัพยากรเป็นอย่างมาก ซึ่งมากกว่าทุกวิธีการไขว้เปลี่ยนที่ได้ทำการทดลองทั้งหมดและคำตอบที่ได้มาก็ยังไม่ใกล้เคียงกับคำตอบที่ดีที่สุด แต่ในทางกลับกันปัญหามิตสูงสุดจากสุ่ม สามารถถูกแก้ไขได้ด้วยวิธีการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว การไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด และการไขว้เปลี่ยน

แบบเอกรูป ซึ่งวิธีการไขว้เปลี่ยนที่ดีที่สุดที่ใช้แก้ปัญหา มิตสูงสุดที่เกิดจากการสุ่มก็คือ การไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปที่มีการใช้ทรัพยากรน้อยที่สุดนั่นเอง

บทความวิจัยนี้ยังได้นำเสนอส่วนของการวิเคราะห์พฤติกรรมของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ที่ใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนทั้ง 4 วิธีในปัญหาต่าง ๆ ที่มีความแตกต่างของประสิทธิภาพในการหาคำตอบที่ต่างกันออกไป โดยในงานวิจัยของ Zhenhua Li<sup>10</sup> มีการนับจำนวนของความผิดพลาดในการไขว้เปลี่ยน โดยผู้วิจัยได้นับจำนวนครั้งของเหตุการณ์ที่การไขว้เปลี่ยนทำให้ค่าความเหมาะสมน้อยลง (Fail: F) ในงานวิจัยดังกล่าวได้ใช้ประโยชน์จากการนับตำแหน่งในโครโมโซมที่เมื่อไขว้เปลี่ยนที่ตำแหน่งนั้นแล้วค่าความเหมาะสมลดลง ในการหลีกเลี่ยงการไขว้เปลี่ยนในตำแหน่งนั้น

ในงานวิจัยนี้คณะผู้วิจัยจึงได้นำแนวความคิดดังกล่าวมาประยุกต์ใช้ในการวิเคราะห์พฤติกรรมในการหาคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนรูปแบบต่าง ๆ โดยผู้วิจัยได้เก็บข้อมูลเพิ่มเติมจากที่ Zhenhua Li ได้นำเสนอไว้ โดยในงานวิจัยนี้คณะผู้วิจัยได้สังเกตว่าในขั้นตอนการไขว้เปลี่ยนระหว่างสายโครโมโซมคำตอบ 1 ครั้งจะทำให้เกิดเหตุการณ์ทั้งหมด 6 แบบคือ ค่าความเหมาะสมของโครโมโซมคำตอบมากขึ้นทั้งสองสาย (SS) ค่าความเหมาะสมมากขึ้นหนึ่งสายและน้อยลงหนึ่งสาย (SF) ค่าความเหมาะสมมากขึ้นหนึ่งสายและไม่เปลี่ยนแปลงหนึ่งสาย (SU) ค่าความเหมาะสมน้อยลงทั้งสองสาย (FF) ค่าความเหมาะสมน้อยลงหนึ่งสายและไม่มีการเปลี่ยนแปลงหนึ่งสาย (FU) และค่าความเหมาะสมไม่มีการเปลี่ยนแปลงทั้งสองสาย (UU) ผู้วิจัยได้นับจำนวนครั้งที่เกิดเหตุการณ์ทั้ง 6 เหตุการณ์ในทุก ๆ ปัญหาที่ขนาด 30 มิติภายใต้พารามิเตอร์ที่กำหนดไว้เบื้องต้นแล้วนำมาคิดเป็นร้อยละ ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้แสดงใน (Table 5)

Table 5 Percent of crossover success, failure and unchange

Problem Crossover		One-max	Zero-max	Random-max	Trap (ขนาด 3)	Trap (ขนาด 5)
One Point	SS	0.00%	0.00%	0.00%	0.01%	0.00%
	SF	48.27%	45.58%	49.77%	48.85%	47.80%
	SU	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
	FF	0.00%	0.00%	0.00%	0.56%	0.17%
	FU	0.00%	0.00%	0.00%	0.03%	0.01%
	UU	51.73%	54.42%	50.23%	50.55%	52.02%
Two Point	SS	0.00%	0.00%	0.00%	0.01%	0.00%
	SF	51.14%	49.84%	48.26%	51.27%	49.94%
	SU	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
	FF	0.00%	0.00%	0.00%	0.57%	0.15%
	FU	0.00%	0.00%	0.00%	0.03%	0.01%
	UU	48.86%	50.16%	51.74%	48.12%	49.90%
Uniform	SS	0.00%	0.00%	0.00%	0.03%	0.01%
	SF	52.57%	52.76%	52.86%	49.59%	50.17%
	SU	0.00%	0.00%	0.00%	0.01%	0.00%
	FF	0.00%	0.00%	0.00%	1.21%	0.42%
	FU	0.00%	0.00%	0.00%	0.13%	0.06%
	UU	47.42%	47.24%	47.14%	49.03%	49.34%
Ring	SS	0.00%	0%	1.38%	1.04%	0.06%
	SF	61.80%	62.24%	15.98%	37.98%	58.45%
	SU	0.00%	0.00%	1.28%	0.62%	0.02%
	FF	0.00%	0.00%	64.19%	42.12%	3.75%
	FU	0.00%	0.00%	11.99%	6.13%	0.82%
	UU	38.20%	37.76%	5.18%	12.11%	36.90%

จาก (Table 5) ทำให้เห็นพฤติกรรมของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแต่ละแบบที่ปรากฏในปัญหาต่าง ๆ ค่าเปอร์เซ็นต์ที่แสดงในตารางเป็นร้อยละของจำนวนครั้งที่เกิดการไขว้เปลี่ยนทั้ง 6 เหตุการณ์ ยกตัวอย่างในปัญหามีคหนึ่งมากที่สุดโดยการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียวเกิดเหตุการณ์ที่ไม่เกิดการไขว้เปลี่ยนแล้วค่าความเหมาะสมของโครโมโซมค่าตอบมากขึ้นทั้งสองสาย (SS) 0.00% นั้นหมายความว่าในจำนวนครั้งที่ทั้งหมดที่เกิดขึ้นจาก 6 เหตุการณ์ การไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียวแทบจะไม่เกิดเหตุการณ์ที่ทำให้

โครโมโซมค่าตอบมีค่าความเหมาะสมที่มากขึ้นทั้งสองเส้น แต่เหตุการณ์ที่ทำให้โครโมโซมค่าตอบมีค่าความเหมาะสมที่มากขึ้นและน้อยลงอย่างละหนึ่งสายเกิดขึ้นถึง 48.27% ส่วนที่ผู้วิจัยได้ทำการแก้ไขข้อความด้วยสีพื้นสีเทาที่ต่างออกไป คือพฤติกรรมของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่มีประสิทธิภาพในการหาค่าตอบของปัญหามากที่สุดจาก Table 4 ซึ่งพฤติกรรมของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่เกิดขึ้นทำให้ผู้วิจัยสามารถวิเคราะห์และสรุปประเด็นสำคัญที่น่าสนใจออกมาได้ ดังนี้



ประเด็นที่ 1 ในปัญหาที่พบหนึ่งมากที่สุดและปัญหาที่บิตศูนย์มากที่สุด ซึ่งเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนนั้นมีประสิทธิภาพมากที่สุด เนื่องมาจากเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนนั้นมีจำนวนครั้งในเหตุการณ์ที่ไขว้เปลี่ยนแล้วทำให้ค่าความเหมาะสมมากขึ้นและน้อยลง (SF) มากกว่าการไขว้เปลี่ยนวิธีอื่นนั้นหมายความว่า มีการผลิตคำตอบที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีขึ้นและน้อยลงในเวลาเดียวกัน ซึ่งถึงแม้ว่าจะมีโครโมโซมหนึ่งที่ย่อยลง แต่ในขั้นตอนการคัดเลือกของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมก็จะเลือกเอาโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากไปเป็นโครโมโซมต้นแบบในรุ่นถัดไป นั้นหมายความว่าค่าของเหตุการณ์ดังกล่าวที่มาก โอกาสในการที่เข้าใกล้คำตอบก็มากตามไปด้วย นอกจากนี้ในปัญหาที่พบหนึ่งสูงสุดและบิตศูนย์สูงสุดที่ใช้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนนั้นมีจำนวนของเหตุการณ์ที่ค่าเหมาะสมไม่เปลี่ยนแปลงของทั้งสองโครโมโซม (UU) ที่น้อยกว่าเทคนิคอื่น นั้นหมายความว่าค่าการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนลดจำนวนครั้งที่ทำงานโดยไม่เกิดการเข้าใกล้คำตอบออกไปซึ่งเป็นอีกหนึ่งเหตุผลที่ทำให้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนสามารถหาคำตอบได้เร็วกว่าเทคนิคอื่น

ประเด็นที่ 2 จาก (Table 3) จะเห็นได้ว่าในปัญหาที่บิตคำตอบที่เกิดจากการสุ่มนั้นเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่มีประสิทธิภาพในการหาคำตอบที่น้อยที่สุดคือ การไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน ซึ่งใน (Table 4) ทำให้เห็นถึงพฤติกรรมของการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนกับปัญหาที่บิตคำตอบที่เกิดจากการสุ่มที่ห่างออกไปจากเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบอื่นอย่างมาก ซึ่งจำนวนของเหตุการณ์ที่ทำการไขว้เปลี่ยนแล้วทำให้เกิดค่าความเหมาะสมที่น้อยลงทั้งสองโครโมโซม (FF) นั้นมีจำนวนที่ค่อนข้างมาก นั้นหมายถึงการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนนั้นผลิตโครโมโซมที่ไม่เข้าใกล้คำตอบของปัญหาเลย ซึ่งเป็นเหตุให้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาได้เลยและใช้จำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมจนถึงจำนวนสูงสุดที่กำหนดเอาไว้

ประเด็นที่ 3 ในปัญหาที่บิตเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่มีประสิทธิภาพในการหาคำตอบที่ดีที่สุดคือเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวน โดยปัญหาที่บิตนี้จะมีการประเมินค่าความเหมาะสมที่แตกต่างจากปัญหาอื่นที่จะทดลองให้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสร้างโครโมโซมที่มีหน้าตาเป็นบิต 0 เป็นจำนวนมาก ดังนั้นหัวใจความสำเร็จของการหาคำตอบของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนไม่ได้ขึ้นอยู่กับเหตุการณ์ที่โครโมโซมทำการไขว้เปลี่ยนแล้วมีค่าความเหมาะสมที่ดีขึ้นและน้อยลงในเวลาเดียวกัน(SF) เนื่องจากค่าความเหมาะสมที่มากขึ้นอาจเกิดจากโครโมโซมที่มีจำนวน 0 เพิ่มมากขึ้นด้วย ส่งผลให้จำนวนครั้งของการเกิดเหตุการณ์ดังกล่าวไม่ได้เป็นปัจจัยในความสำเร็จของการหาคำตอบในปัญหาที่บิตนี้ แต่สิ่งที่น่าสนใจคือจำนวนของเหตุการณ์ที่ทำการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนผลิตโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยลงทั้งสองโครโมโซม (FF) นั้นเป็นเหตุการณ์ที่อาจทำให้หน้าตาของโครโมโซมกลับมาบิตที่มีค่าเป็น 1 มากขึ้น เพื่อสนับสนุนข้อสันนิษฐานข้างต้นผู้วิจัยได้ทำการเพิ่มค่าพารามิเตอร์บางตัวเข้าไปเพื่อให้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนในปัญหาที่บิตขนาด 5 สามารถหาคำตอบได้ถึง 100% ซึ่งค่าพารามิเตอร์ที่ปรับเปลี่ยนเข้าไปในการทดลองเพิ่มเติมนี้ได้แก่ การเพิ่มจำนวนประชากรเป็น 150 และเพิ่มขนาด Tournament size เป็น 6 ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้คือ สามารถหาคำตอบได้ 100% และมีจำนวนครั้งในการประเมินค่าความเหมาะสมของโครโมโซมเฉลี่ยอยู่ที่ 1515.0 ครั้ง และมีพฤติกรรมของเหตุการณ์ทั้ง 6 แบบคล้ายกับปัญหาที่บิตขนาด 3 โดยเหตุการณ์ที่ทำการไขว้เปลี่ยนแล้วค่าความเหมาะสมน้อยลงทั้งสองโครโมโซม(FF) มีจำนวนเพิ่มจากเดิม ใน (Table 5) จาก 3.75% เป็น 50.64% พฤติกรรมดังกล่าวที่เกิดขึ้นจึงสนับสนุนข้อสันนิษฐานที่ว่า เหตุการณ์ที่ทำการไขว้เปลี่ยนแล้วได้โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยลงทั้งสองโครโมโซมในปัญหากับบิต เป็นปัจจัยที่ทำให้เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนสามารถหาคำตอบได้มีประสิทธิภาพที่สูงกว่าเทคนิคการไขว้เปลี่ยนอีก 3 รูปแบบ



### สรุปผลการทดลอง

จากผลการเปรียบเทียบและการวิเคราะห์ประสิทธิภาพของเทคนิคการไขว้เปลี่ยนกับปัญหา ทำให้เห็นได้ว่า เทคนิคการไขว้เปลี่ยนแบบวงแหวนสามารถหาค่าตอบของปัญหามิตหนึ่งมากที่สุด บิตศูนย์มากที่สุดและปัญหากับคักได้มีประสิทธิภาพที่ดีที่สุดและในปัญหามิตค่าตอบที่เกิดจากการสุ่มการไขว้เปลี่ยนแบบเอกรูปสามารถหาค่าตอบได้ดีที่สุด ผลการทดลองดังกล่าวจะเป็นตัวช่วยในการตัดสินใจในการเลือกเทคนิคการไขว้เปลี่ยนที่จะนำมาใช้กับปัญหาเพื่อให้ประสิทธิภาพของการหาค่าตอบของขั้นตอนวิธีดีขึ้น อีกทั้งในงานวิจัยนี้ยังได้นำเสนอวิธีนับความสำเร็จในการไขว้เปลี่ยน เพื่อใช้ในการวิเคราะห์พฤติกรรมการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ซึ่งสามารถนำไปใช้เป็นแนวทางในการศึกษาพฤติกรรมสำหรับขั้นตอนวิธีเชิงวิวัฒนาการแบบอื่นในงานวิจัยในอนาคต

### เอกสารอ้างอิง

1. Golberg, David E. "Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning. Addison Wesley." Reading (1989).
2. KAYA, Yilmaz, et al. A novel crossover operator for genetic algorithms: ring crossover. arXiv preprint arXiv:1105.0355, 2011.
3. DEEP, Kusum; THAKUR, Manoj. A new crossover operator for real coded genetic algorithms. Applied mathematics and computation, 2007, 188.1: 895-911.
4. POON, Pui Wah; CARTER, Jonathan Neil. Genetic algorithm crossover operators for ordering applications. Computers & Operations Research, 1995, 22.1: 135-147.
5. HERRERA, Francisco; LOZANO, Manuel; SÁNCHEZ, Ana M. Hybrid crossover operators for real-coded genetic algorithms: an experimental study. Soft Computing-A Fusion of Foundations, Methodologies and Applications, 2005, 9.4: 280-298.
6. PAVAI, G.; GEETHA, T. V. A Survey on Crossover Operators. ACM Computing Surveys (CSUR), 2016, 49.4: 72.
7. KUO, Ting. GA-hard or GA-easy: a criticism to epistasis analysis. In: Proceedings of the 10 th International Conference on Industrial and Engineering Applications of Artificial Intelligence and Expert Systems, USA. 1997. p. 21-28.
8. Deb, Kalyanmoy, and David E. Goldberg. "Analyzing deception in trap functions." Foundations of genetic algorithms 2 (1993): 93-108.
9. Deb, Kalyanmoy, and Goldberg, David. E. "Sufficient conditions for deceptive and easy binary functions." Annals of Mathematics and Artificial Intelligence, 10.4 (1994): 385-408.
10. LI, Zhenhua; GOODMAN, Erik D. Learning building block structure from crossover failure. In: Proceedings of the 9th annual conference on Genetic and evolutionary computation. ACM, 2007. p. 1280-1287.

## ประวัติย่อของผู้วิจัย

ชื่อ-สกุล	ดิลก พุ่มสุวรรณณ์
วัน เดือน ปี เกิด	2 มิถุนายน 2537
สถานที่เกิด	295/3 หมู่ 3 ตำบล บ่อพลอย อำเภอ บ่อไร่ จังหวัด ตราด 23140
ตำแหน่งและประวัติการทำงาน	วิทยาศาสตร์บัณฑิต คณะวิทยาการสารสนเทศ สาขาวิทยาการสารสนเทศ มหาวิทยาลัยบูรพา
ที่อยู่ปัจจุบัน	295/3 หมู่ 3 ตำบล บ่อพลอย อำเภอ บ่อไร่ จังหวัด ตราด 23140

