การตัดต่อพันธุกรรมของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับปัญหาการจัดเส้นทางการเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ

โดย

นางสาวอาริสา สะโนนอก

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาการจัดการงานวิศวกรรม แผน ก แบบ ก 2 ปริญญามหาบัณฑิต

ภาควิชาวิศวกรรมอุตสาหการและการจัดการ

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ปีการศึกษา 2565

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยศิลปากร

การตัดต่อพันธุกรรมของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับปัญหาการจัดเส้นทางการเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ

โดย
นางสาวอาริสา สะโนนอก

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาการจัดการงานวิศวกรรม แผน ก แบบ ก 2 ปริญญามหาบัณฑิต
ภาควิชาวิศวกรรมอุตสาหการและการจัดการ
มหาวิทยาลัยศิลปากร
ปีการศึกษา 2565
ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยศิลปากร

GENETICALLY MODIFIED GENETIC ALGORITHM FOR CAPACITATED VEHICLE ROUTING PROBLEM

By

MISS Arisa SANONOK

A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements

for Master of Engineering ENGINEERING MANAGEMENT

Department of INDUSTRIAL ENGINEERING AND MANAGEMENT

Silpakorn University

Academic Year 2022

Copyright of Silpakorn University

หัวข้อ	การตัดต่อพันธุกรรมของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับปัญหาการจัดเส้นทางการเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ
โดย	นางสาวอาริสา สะโนนอก
สาขาวิชา	การจัดการงานวิศวกรรม แผน ก แบบ ก 2 ปริญญามหาบัณฑิต
อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก	รองศาสตราจารย์ ดร. ชูศักดิ์ พรสิงห์

คณะวิศวกรรมศาสตร์และเทคโนโลยีอุตสาหกรรม มหาวิทยาลัยศิลปากร ได้รับพิจารณาอนุมัติให้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษา ตามหลักสูตรวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต

.....คณบดีคณะวิศวกรรมศาสตร์และ
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. อรุณศรี ลีจีรจำเนียร) เทคโนโลยีอุตสาหกรรม

พิจารณาเห็นชอบโดย

.....ประธานกรรมการ
(รองศาสตราจารย์ ดร. ประจวบ กล่อมจิตร)

.....อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก
(รองศาสตราจารย์ ดร. ชูศักดิ์ พรสิงห์)

.....ผู้ทรงคุณวุฒิภายนอก
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ทองแท่ง ทองลิ่ม)

640920003 : การจัดการงานวิศวกรรม แผน ก แบบ ก 2 ปริญญามหาบัณฑิต
คำสำคัญ : ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม, Gain-of-Function, ค่าความแข็งแกร่ง, ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ

นางสาว อาริสา สะโนนอก: การตัดต่อพันธุกรรมของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับปัญหาการจัดเส้นทางการเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก : รองศาสตราจารย์ ดร. ชูศักดิ์ พรสิงห์

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นปัญญาประดิษฐ์ชนิดหนึ่งที่มีรากฐานมาจากทฤษฎีวิวัฒนาการของชาร์ล ดาร์วินตามแนวคิดการอยู่รอดของผู้ที่แข็งแกร่งที่สุด กระบวนการค้นหาคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมีลักษณะแบบคู่ขนาน ซึ่งคำตอบที่ได้จากการค้นหาในหนึ่งรุ่นจะนำไปสู่การถ่ายทอดคุณลักษณะที่ดีของคำตอบที่ค้นพบในรุ่นปัจจุบันไปยังรุ่นถัดไป ดังนั้นการคัดเลือกประชากรที่มีลักษณะดีที่สุดจึงเป็นสิ่งสำคัญที่ช่วยเพิ่มประสิทธิภาพคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมด้วยหลักการเชิงวิวัฒนาการด้านไวรัสวิทยาสำหรับปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ ซึ่งเรียกวิธีใหม่นี้ว่า GM-GA ในการพัฒนาวิธี GM-GA จะอาศัยการเลียนแบบหลักการพัฒนาความแข็งแกร่งของเชื้อไวรัสให้สามารถอยู่รอดและแพร่ระบาดได้ หรือที่เรียกว่า Gain-of-Function ซึ่งแตกต่างจากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมดั้งเดิมที่กลไกการคัดเลือกของวิธี GM-GA เป็นการคัดเลือกอย่างเฉพาะเจาะจงด้วยเงื่อนไข 3 ประการ ได้แก่ 1) ในการสร้างเส้นทางแต่ละครั้งควรพิจารณาสร้างเส้นทางจากจุดของลูกค้าที่มีระยะทางไกลจากศูนย์กระจายสินค้ามากที่สุดก่อน 2) ในแต่ละเส้นทางที่ถูกสร้างขึ้น ลูกค้าควรตั้งอยู่ใกล้ ๆ กัน และ 3) เส้นทางที่ถูกสร้างขึ้นควรมีลักษณะเป็นรูปหยดน้ำ ซึ่งอ้างอิงตามหลักการกำหนดเส้นทางและการจัดตารางเวลาที่ดี จากนั้นจึงนำทั้งสองวิธีไปทดสอบกับปัญหาตัวอย่างจาก OR Library ในกลุ่มปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ ชุด A ได้แก่ ปัญหาขนาดเล็ก ปัญหาขนาดกลาง และปัญหาขนาดใหญ่ เพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพการค้นหาคำตอบ จากการทดสอบพบว่าวิธี GM-GA มีพฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบที่ไวกว่าวิธี GA แต่วิธี GA ยังคงค้นหาคำตอบได้ดีกว่าวิธี GM-GA จากการเปรียบเทียบพบว่าในปัญหาขนาดใหญ่จะให้คำตอบที่ค้นหาด้วยวิธี GM-GA ใกล้เคียงกับวิธี GA มากที่สุด รวมทั้งมีพฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบได้ไวไม่ต่างกับปัญหาขนาดเล็ก จึงสรุปได้ว่าวิธี GM-GA เหมาะสำหรับนำไปประยุกต์ใช้ในอุตสาหกรรมขนาดใหญ่ที่มีกลุ่มลูกค้าจำนวนมาก

640920003 : Major ENGINEERING MANAGEMENT
Keyword : Genetic Algorithm, Gain-of-Function, Fitness Value, Capacitated Vehicle Routing Problem

MISS Arisa SANONOK : Genetically Modified Genetic Algorithm for Capacitated Vehicle Routing Problem Thesis advisor : Associate Professor Dr. CHOOSAK PORNSING

Genetic algorithm (GA) is one of artificial intelligence that has its roots in Charles Darwin's theory. The GA process of finding solutions is parallel searched, which the solutions obtained through the search in one generation will lead to the transmission of the fit characteristics of the solutions discovered in the current generation to the next. Therefore, selecting populations with the fit characteristics is important to optimal solution of GA. This research aims to develop genetic algorithm based on evolutionary virology concepts for the capacitated vehicle routing problem, called GM-GA method. The GM-GA mimics the principle of developing the strength of the virus to survive and spread, known as Gain-of-Function. The GM-GA is a specific selection with three criteria: 1) Build routes beginning with the farthest stop from the depot 2) Load trucks with stop volumes that are in closest proximity to each other, and 3) The stop sequence on a route should form a teardrop pattern. This is based on practical guidelines for good routing and scheduling. After that, experiments were then carried out on an instance problem from OR Library in the A series of capacitated vehicle routing problem including small, medium, and large problem. In experiments, it was found that the GM-GA method has a convergence rate than the GA method, but the GA method still finds optimal solutions than the GM-GA method. When the GA method's results were compared to those of the GM-GA method, it was found that in large problem, the GM-GA method had the closest solution to the GA method and they have convergence rate of optimal solution as well as small problem. It was determined that the GM-GA method is appropriate for application in large industries with sizable customer bases.

กิตติกรรมประกาศ

ปริญญานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยความกรุณาและความอนุเคราะห์ช่วยเหลือจากทุกท่าน โดยเฉพาะอย่างยิ่งอาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ รองศาสตราจารย์ ดร. ชูศักดิ์ พรสิงห์ ขอขอบพระคุณเป็นอย่างสูงที่ให้คำแนะนำและแนวทางในการดำเนินงานวิจัย ตลอดจนช่วยตรวจทานและแก้ไขข้อบกพร่องต่าง ๆ ยิ่งไปกว่านั้นเป็นผู้คอยผลักดันและเขี่ยวเข็ญให้ข้าพเจ้าสามารถทำปริญญานิพนธ์ได้สำเร็จลุล่วง

ขอขอบพระคุณคณะกรรมการสอบปริญญานิพนธ์ทั้งภายนอกและภายใน รองศาสตราจารย์ ดร.ประจวบ กล่อมจิตร และผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ทองแท่ง ทองลิ่ม ที่ให้ความอนุเคราะห์ตรวจสอบและให้ความกรุณาชี้แนะแนวทางอันเป็นประโยชน์อย่างมากในการดำเนินงาน นอกจากนี้ขอกราบขอบพระคุณคณะอาจารย์ ภาควิชาวิศวกรรมอุตสาหการและการจัดการทุกท่านที่ได้อบรมสั่งสอนและชี้นำแนวทางการศึกษาด้วยดีมาโดยตลอด

สุดท้ายนี้ ขอกราบขอบพระคุณบิดา มารดา และครอบครัวที่ให้การสนับสนุนและให้กำลังใจตลอดการดำเนินการ ขอขอบคุณเพื่อนและน้อง ๆ ที่เป็นกำลังใจและช่วยเหลืออย่างดียิ่งเสมอมา

นางสาว อาริสา สะโนนอก

มหาวิทยาลัยศิลปากร

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อภาษาไทย ..... ง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ ..... จ
กิตติกรรมประกาศ ..... ฉ
สารบัญ ..... ช
สารบัญตาราง ..... ฌ
สารบัญรูปภาพ ..... ญ
บทที่ 1 บทนำ 1
1.1 ที่มาและความสำคัญ 1
1.2 วัตถุประสงค์ 3
1.3 ขอบเขตงานวิจัย 3
1.4 กรอบแนวคิดการวิจัย 3
1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ 3
บทที่ 2 ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง 4
2.1 การหาค่าเหมาะที่สุด 4
2.1.1 การหาค่าเหมาะที่สุดของฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์ 4
2.1.2 การหาค่าเหมาะที่สุดเชิงวิวัฒนาการ 9
2.1.3 การหาค่าเหมาะที่สุดแบบปัญญาเชิงกลุ่ม 10
2.2 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม 12
2.2.1 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมดั้งเดิม 19
2.2.2 การพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเชิงประยุกต์ 21
2.3 Gain-of-Function (GOF) 22

2.3.1 ความเป็นมาของ Gain-of-Function 22
2.3.2 การประยุกต์ใช้การวิจัย Gain-of-Function 24
2.4 ปัญหาการจัดเส้นทางการเดินรถ 31
2.5 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง 35
บทที่ 3 วิธีการดำเนินงานวิจัย 38
3.1 นิยามปัญหา 38
3.2 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมดั้งเดิมสำหรับปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถ 38
3.3 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใหม่สำหรับปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถ 41
3.3 กระบวนวิธีการวิจัย 44
บทที่ 4 45
4.1 ผลการทดลองของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใหม่ 45
4.1.1 ปัญหาขนาดเล็ก (A-n32-k5) 45
4.1.2 ปัญหาขนาดกลาง (A-n45-k7) 46
4.1.3 ปัญหาขนาดใหญ่ (A-n80-k10) 47
4.2 การวิเคราะห์ผลทางสถิติ 48
4.3 การวิเคราะห์พฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบที่เหมาะที่สุดของวิธี GA และวิธี GM-GA 52
บทที่ 5 55
5.1 สรุปผลการวิจัย 55
5.2 อภิปรายผลการวิจัย 56
5.3 ข้อเสนอแนะ 56
รายการอ้างอิง 57
ประวัติผู้เขียน 61

สารบัญตาราง

หน้า

ตารางที่ 1 ประเภทของปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถ 33
ตารางที่ 2 ตัวอย่างประชากรเริ่มต้น 40
ตารางที่ 3 ตัวอย่างกลุ่มประชากรและค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม 40
ตารางที่ 4 ค่าพารามิเตอร์สำหรับการทดลอง 45
ตารางที่ 5 ผลการทดลองสำหรับปัญหาขนาดเล็ก 46
ตารางที่ 6 ผลการทดลองสำหรับปัญหาขนาดกลาง 47
ตารางที่ 7 ผลการทดลองสำหรับปัญหาขนาดใหญ่ 48
ตารางที่ 8 ผลการทดสอบปัญหาตัวอย่างทั้ง 3 ขนาด 54

มหาวิทยาลัยศิลปากร

สารบัญรูปภาพ

หน้า

ภาพที่ 1 ค่าสูงสุดและค่าต่ำสุดสัมพัทธ์ 4
ภาพที่ 2 ค่าต่ำสุดและค่าสูงสุด 5
ภาพที่ 3 จุดเปลี่ยนเว้า 6
ภาพที่ 4 ฟังก์ชันที่มีขอบเขตจำกัด 7
ภาพที่ 5 วัฏจักรของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม 13
ภาพที่ 6 ตัวดำเนินการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม 14
ภาพที่ 7 การคัดเลือกด้วยวิธีวงล้อรูเลต 16
ภาพที่ 8 การคัดเลือกด้วยวิธีเฟ้นสุ่มสากล 16
ภาพที่ 9 การแลกเปลี่ยนยีนแบบจุดเดียว 17
ภาพที่ 10 การแลกเปลี่ยนยีนแบบ 2 จุด 18
ภาพที่ 11 การแลกเปลี่ยนยีนแบบสม่ำเสมอ 18
ภาพที่ 12 การกลายพันธุ์ของประชากร 19
ภาพที่ 13 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย 20
ภาพที่ 14 การกำหนดลักษณะจีโนมของ SARS-CoV-2 25
ภาพที่15 โครงสร้างของไวรัส 26
ภาพที่ 16 ลักษณะของโปรตีน spike ในมนุษย์ของ SARS-CoV-2 และโคโรนาไวรัสที่เกี่ยวข้อง 29
ภาพที่ 17 การวิเคราะห์การใช้ตัวรับของเชื้อไวรัส SARS-CoV-2 30
ภาพที่ 18 ปัญหาการจัดเส้นทางการเดินรถ (Vehicle Routing Problem: VRP) 31
ภาพที่ 19 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม 39
ภาพที่ 20 ตัวอย่างการจัดเส้นทางเดินรถ 42
ภาพที่ 21 ขั้นตอนการดำเนินงานวิจัย 44

ภาพที่ 22 ผลการทดสอบการกระจายตัวของข้อมูลปัญหาขนาดเล็ก 49
ภาพที่ 23 ผลการทดสอบการกระจายตัวของข้อมูลปัญหาขนาดกลาง..... 49
ภาพที่ 24 ผลการทดสอบการกระจายตัวของข้อมูลปัญหาใหญ่ 49
ภาพที่ 25 การกระจายตัวของข้อมูลชุดปัญหาเล็ก 49
ภาพที่ 26 การกระจายตัวของข้อมูลชุดปัญหากลาง 50
ภาพที่ 27 การกระจายตัวของข้อมูลชุดปัญหาใหญ่..... 50
ภาพที่ 28 ผลการทดสอบทางสถิติสำหรับปัญหาขนาดเล็ก (A-n32-k5) 51
ภาพที่ 29 ผลการทดสอบทางสถิติสำหรับปัญหาขนาดกลาง (A-n45-k7)..... 51
ภาพที่ 30 ผลการทดสอบทางสถิติสำหรับปัญหาขนาดใหญ่ (A-n80-k10) 51
ภาพที่ 31 การลู่เข้าสู่คำตอบที่เหมาะที่สุดสำหรับปัญหา A-n32-k5..... 53
ภาพที่ 32 การลู่เข้าสู่คำตอบที่เหมาะที่สุดสำหรับปัญหา A-n45-k7..... 53
ภาพที่ 33 การลู่เข้าสู่คำตอบที่เหมาะที่สุดสำหรับปัญหา A-n80-k10..... 53

มหาวิทยาลัยศิลปากร

บทที่ 1
บทนำ

1.1 ที่มาและความสำคัญ

ปัญหาทางคณิตศาสตร์และทางวิศวกรรมในการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดส่วนใหญ่นั้นมักมีลักษณะที่ซับซ้อน ซึ่งการแก้ปัญหาด้วยเทคนิคทั่วไปนั้นเป็นไปได้ยาก นักวิจัยส่วนหนึ่งจึงพยายามคิดค้นวิธีการหาคำตอบที่ดีที่สุดเพื่อนำมาใช้ในการแก้ปัญหา ซึ่งการออกแบบขั้นตอนวิธี (Algorithm) จัดเป็นทางเลือกหนึ่งที่ถูกคิดค้นขึ้น โดยส่วนใหญ่มักอาศัยการสังเกตกระบวนการหรือพฤติกรรมของสิ่งมีชีวิตและใช้การเลียนแบบกระบวนการที่เกิดขึ้นจริงในธรรมชาติจนเกิดการพัฒนากระบวนการหาคำตอบออกมาอย่างเป็นลำดับขั้นตอน ซึ่งขั้นตอนวิธีแต่ละชนิดนั้นจะมีหลักการทำงานที่แตกต่างกันออกไปและไม่สามารถระบุได้แน่ชัดว่าขั้นตอนวิธีชนิดใดมีประสิทธิภาพที่ดีที่สุด ในทางวิศวกรรมนิยมนำขั้นตอนวิธีชนิดต่าง ๆ มาประยุกต์ใช้ในการแก้ปัญหาอย่างหลากหลาย โดยหนึ่งในนั้นก็คือปัญหาทางด้านโลจิสติกส์ ไม่ว่าจะเป็นปัญหาการจัดตารางการผลิต (Scheduling Problem) ปัญหาการเลือกตำแหน่งที่ตั้ง (Facility Location Problem) หรือปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถ (Vehicle Routing Problem: VRP)

ปัญหาการจัดเส้นทางการเดินรถเป็นปัญหาโลจิสติกส์ที่มีบทบาทสำคัญอย่างหนึ่งและมีผลกระทบต่อต้นทุนขององค์กรเป็นอย่างมาก ทำให้ผู้ประกอบการพยายามพัฒนาและค้นหาระบบการจัดการที่มีประสิทธิภาพในการลดต้นทุนด้านการขนส่งเพื่อเพิ่มขีดความสามารถให้กับองค์กรในอนาคต แต่เนื่องจากปัญหา VRP เป็นปัญหาเชิงการจัดที่มีความยาก ซับซ้อน และมีความท้าทายเป็นอย่างมากในการค้นหาคำตอบ การแก้ปัญหาประเภทนี้สามารถทำได้ 3 วิธี (ภูมิบดินทร์ มาบพา, 2561) คือ วิธีการแม่นตรง วิธีฮิวริสติกส์ และวิธีเมตาฮิวริสติกส์ โดยวิธีการแม่นตรงเป็นวิธีที่สามารถค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ แต่ต้องใช้ระยะเวลานานในการค้นหาคำตอบ ในขณะที่วิธีฮิวริสติกส์สามารถค้นหาคำตอบได้อย่างรวดเร็ว เป็นวิธีที่เข้าใจง่าย และไม่ซับซ้อนมากนัก แต่มีความแม่นยำที่ค่อนข้างต่ำ จึงทำให้นักวิจัยนิยมนำวิธีเมตาฮิวริสติกส์มาประยุกต์ใช้ในการค้นหาคำตอบมากกว่า ซึ่งแม้ว่าคำตอบที่ได้อาจไม่ใช่คำตอบที่ดีที่สุดแต่จัดเป็นคำตอบที่สามารถยอมรับได้และใกล้เคียงกับคำตอบที่ดีที่สุด นอกจากนั้นยังใช้ระยะเวลาสั้นในการค้นหาคำตอบซึ่งเหมาะกับการทำงานจริงที่มีความเร่งรีบจึงไม่สามารถรอเวลาในการค้นหาคำตอบที่ยาวนานได้ ดังนั้นวิธีเมตาฮิวริสติกส์จึงมีความสำคัญอย่าง

มากสำหรับปัญหา VRP และหนึ่งในวิธีเมตาฮิวริสติกส์ที่ถูกนำมาใช้อย่างแพร่หลายมากที่สุด คือ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm)

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นวิธีเมตาฮิวริสติกส์ชนิดหนึ่งที่ใช้วิธีการค้นหาคำตอบแบบสุ่ม (Random Search Algorithm) มีแนวคิดมาจากทฤษฎีวิวัฒนาการและการคัดเลือกตามธรรมชาติในสาขาชีววิทยา ซึ่งเป้าหมายสำคัญคือการค้นหาวิธีแก้ปัญหาที่เหมาะสมที่สุดหรือใกล้เคียงมากที่สุดสำหรับปัญหาที่ยากอย่างปัญหาเอ็นพีแบบยาก (NP-Hard Problem) ที่ใช้ระยะเวลานานในการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดเมื่อใช้วิธีการแก้ปัญหาแบบดีเทอร์มินิสติกส์ (Deterministic) และด้วยความโดดเด่นในการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ให้ผลลัพธ์ที่ดีในอัตราที่ค่อนข้างสูงจึงกลายมาเป็นวิธีที่ได้รับความนิยมในแวดวงวิชาการตลอดหลายช่วงทศวรรษที่ผ่านมา แต่ในปัจจุบันขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบดั้งเดิมนั้นมีประสิทธิภาพไม่เพียงพอต่อการนำมาใช้งานจริง นักวิจัยจึงพยายามพัฒนาและปรับปรุงขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมาอย่างต่อเนื่องด้วยหลักการที่หลากหลายตามแนวทางของวิวัฒนาการที่ล้ำสมัยมากยิ่งขึ้น อาทิเช่น การประยุกต์ใช้องค์ความรู้ทางพันธุศาสตร์ด้านกระบวนการเหนือพันธุกรรม (Epigenetics) (Chrominski et al., 2020) เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการทำงานของขั้นตอนวิธีให้ดียิ่งขึ้น

จากความก้าวหน้าทางวิทยาศาสตร์ในด้านชีววิทยาที่เป็นไปอย่างรวดเร็ว ได้มีการค้นพบกลไกใหม่ที่เกี่ยวข้องกับการดัดแปลงจีโนม (Genome) ที่ส่งผลต่อวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต โดยเป็นการศึกษาความสามารถในการทำงานที่เพิ่มขึ้นของเชื้อไวรัสที่มีศักยภาพการก่อโรคหรือการแพร่กระจายของเชื้อโรคกับตัวให้อาศัย (Hosts) ของมนุษย์ เพื่อเป็นข้อมูลในด้านสาธารณสุขและพัฒนามาตรการรับมือทางการแพทย์ (Selgelid, 2016) เมื่อเกิดการระบาดขึ้น ซึ่งมีชื่อเรียกว่า Gain-of-Function (GOF) การศึกษา GOF มีจุดเด่นที่สำคัญในการเพิ่มประสิทธิภาพของเชื้อไวรัสให้มีความแข็งแกร่งขึ้นจากเดิมผ่านการดัดแปลงและสืบทอดทางพันธุกรรมอันเป็นการชักนำให้เกิดการกลายพันธุ์ต่อไป ด้วยหลักการที่สำคัญและสอดคล้องกับกระบวนการทางพันธุกรรมนั้นจึงถือเป็นองค์ความรู้ใหม่ที่น่าสนใจสำหรับการพัฒนาขั้นตอนวิธีในกลุ่มเชิงวิวัฒนาการ

ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงเป็นการประยุกต์ใช้องค์ความรู้เรื่อง Gain-of-Function ในการพัฒนาขั้นตอนวิธี (Algorithm) ทางพันธุกรรม ซึ่งนับเป็นการค้นพบที่ค่อนข้างใหม่ที่อาศัยกระบวนการคัดเลือกผู้รอดชีวิตทางธรรมชาติเพื่อสร้างโครโมโซมที่แข็งแกร่งขึ้นในรุ่นถัดไป จึงเป็นไปได้ว่าการพัฒนาอัลกอริทึมสำหรับค้นหาคำตอบที่เหมาะที่สุดของปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถ (Vehicle Routing Problem) จะช่วยเพิ่มประสิทธิภาพของคำตอบให้ดียิ่งขึ้น

1.2 วัตถุประสงค์

1) พัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยอาศัยหลักการของ Gain-of-Function

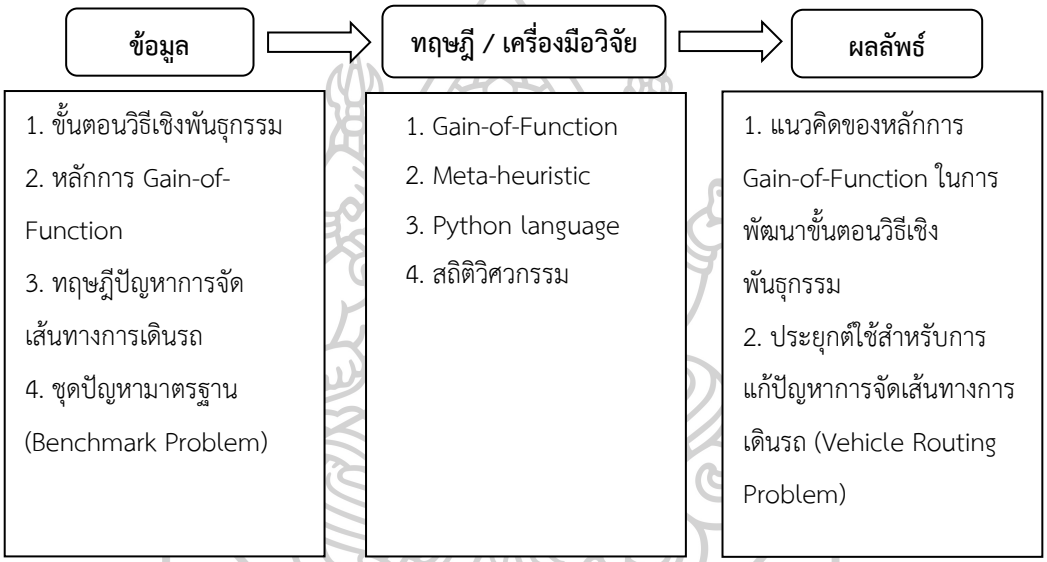
2) ประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่พัฒนาขึ้นในการแก้ปัญหาการจัดเส้นทางการเดินรถ

1.3 ขอบเขตงานวิจัย

1) การศึกษานี้ไม่ได้คำนึงถึงความไม่แน่นอน ดังนั้นข้อมูลที่เกี่ยวข้องจะถือเป็นปัจจัยกำหนด

2) การพัฒนานี้ใช้สำหรับแก้ปัญหาการจัดเส้นทางการเดินรถ

1.4 กรอบแนวคิดการวิจัย



1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1) สามารถพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยอาศัยหลักการ Gain-of-Function ได้

2) ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ถูกพัฒนาขึ้นสามารถเพิ่มประสิทธิภาพในการค้นหาคำตอบได้

3) สามารถนำไปประยุกต์ใช้กับปัญหาการจัดเส้นทางการเดินรถได้

4) สามารถนำแนวคิด Gain-of-Function ไปประยุกต์ใช้กับปัญหาทางวิศวกรรมอื่น ๆ ได้

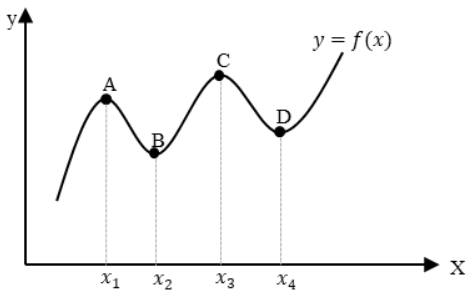
บทที่ 2
ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 การหาค่าเหมาะที่สุด

ทฤษฎีการหาค่าเหมาะที่สุด (Search Optimization theory) เป็นสาขาหนึ่งในด้านคณิตศาสตร์ที่ใช้ในการแก้ปัญหาหรือใช้ในการหาคำตอบของระบบที่เราสนใจเพื่อค้นหาค่าความเหมาะสมมากที่สุดที่ต้องการ ปัญหาการหาค่าเหมาะที่สุดเป็นฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์ที่ต้องการลดหรือเพิ่มค่าของฟังก์ชันให้สูงสุด ซึ่งการค้นหาวิธีแก้ปัญหาที่ดีจะช่วยให้แบบจำลองทางคณิตศาสตร์สามารถคำนวณหาคำตอบได้อย่างถูกต้องและแม่นยำมากยิ่งขึ้น ในปัจจุบันการหาค่าเหมาะที่สุดถูกนำมาใช้งานอย่างกว้างขวางทั้งในด้านวิทยาศาสตร์ โดยเฉพาะด้านวิทยาการคอมพิวเตอร์และคณิตศาสตร์ประยุกต์ ด้านวิศวกรรมศาสตร์ ด้านการจัดการธุรกิจ หรือแม้แต่ด้านการทหาร (Sun & Yuan, 2006) โดยทั่วไปสามารถจำแนกได้เป็น 3 รูปแบบ (Goldberg, 1989) ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

2.1.1 การหาค่าเหมาะที่สุดของฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์

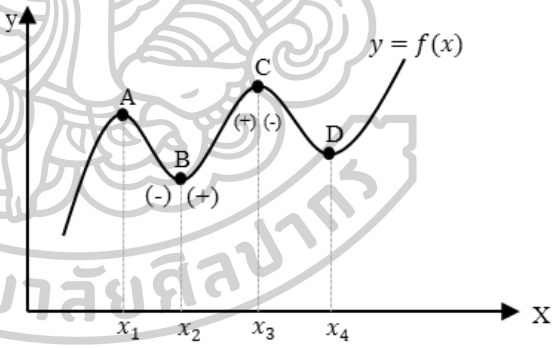
การหาค่าที่เหมาะสมของฟังก์ชันในทางคณิตศาสตร์ หมายถึง การหาค่าสูงสุดสัมพัทธ์หรือค่าต่ำสุดสัมพัทธ์ของฟังก์ชันนั้น ๆ โดยค่าสูงสุดสัมพัทธ์ (Relative maximum) คือ ค่าสูงสุดของจุดที่กำลังพิจารณาซึ่งสูงกว่าจุดอื่น ๆ ที่อยู่ข้างเคียง ดังจุด A และจุด C ในภาพที่ 1 สำหรับค่าต่ำสุดสัมพัทธ์ (Relative minimum) คือ ค่าต่ำสุดของจุดที่กำลังพิจารณาซึ่งต่ำกว่าจุดอื่น ๆ ที่อยู่ข้างเคียง ดังจุด B และจุด D ในภาพที่ 1 ซึ่งค่าสูงสุดและค่าต่ำสุดสัมพัทธ์ทั้งสองรวมเรียกว่า ค่าสุดขีดสัมพัทธ์ (Relative extremum) ทั้งนี้ค่าสูงสุดและค่าต่ำสุดสัมพัทธ์ของฟังก์ชันสามารถมีได้หลายค่า และไม่จำเป็นต้องเป็นจุดสูงสุดหรือจุดต่ำสุดของฟังก์ชัน เพียงแต่เป็นจุดซึ่งให้ค่าสูงสุดหรือต่ำสุดเมื่อเทียบกับจุดข้างเคียงเท่านั้น โดยการหาค่าที่เหมาะสมของฟังก์ชัน ตามหลักการทางคณิตศาสตร์สามารถแบ่งออกได้เป็น 3 ประเภท ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้



ภาพที่ 1 ค่าสูงสุดและค่าต่ำสุดสัมพัทธ์

1) การหาค่าเหมาะที่สุดของฟังก์ชันตัวแปรเดียว (Optimization with One Choice Variable)

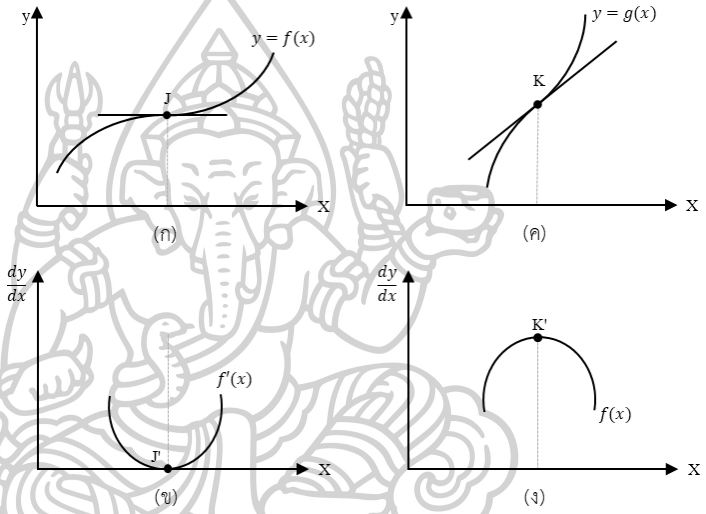
กำหนดให้ฟังก์ชัน $y = f(x)$ เป็นฟังก์ชันที่มีความต่อเนื่อง (continuous) และ สามารถหาค่าอนุพันธ์ได้ (differentiable) ค่าอนุพันธ์อันดับที่หนึ่ง (first-order derivative) ของฟังก์ชันที่กำหนดให้ นั่นคือ ค่าอนุพันธ์อันดับที่หนึ่งนี้จะบอกถึงค่าความชันของจุดต่างๆ บนเส้นกราฟ ถ้ากำหนดให้ฟังก์ชัน $y = f(x)$ ถูกแสดงในภาพที่ 2 จะเห็นได้ว่า จุด B เป็นจุดต่ำที่สุด และ จุด C เป็นจุดสูงสุดของฟังก์ชัน f (x) ค่าอนุพันธ์อันดับที่หนึ่งหรือค่าความชันของฟังก์ชัน f (x) ณ จุด B และ C มีค่าเท่ากับศูนย์ นั่นคือ $f'(x_2) = 0$ และ $f'(x_3) = 0$ นอกจากยังพบว่าค่าความชันของเส้นก่อนจุด B ซึ่งเป็นจุดต่ำสุดจะมีค่าความชันเป็นลบ แต่ค่าความชันของเส้นหลังผ่านจุด B จะมีค่าเป็นบวก ในขณะที่ค่าความชันของเส้นก่อนจุด C ซึ่งเป็นจุดสูงสุด จะมีค่าความชันเป็นบวก แต่ค่าความชันของเส้นหลังผ่านจุด C จะมีค่าเป็นลบ ความสัมพันธ์ดังกล่าวถือได้ว่ามีความสำคัญในการกำหนดค่าสูงสุดหรือต่ำสุดของฟังก์ชันใดๆ ที่กำลังพิจารณา



ภาพที่ 2 ค่าต่ำสุดและค่าสูงสุด

อย่างไรก็ตามความสัมพันธ์ดังกล่าวยังไม่เพียงพอที่จะกำหนดเพื่อหาค่าสูงสุดหรือต่ำสุดของฟังก์ชันใดๆ พิจารณาภาพที่ 3 (ก) จากกราฟของฟังก์ชัน f (x) ค่าความชันที่จุด J มีค่าเท่ากับศูนย์ นอกจากนั้นค่าความชันของเส้นก่อนจุด J และค่าความชันของเส้นหลังผ่านจุด J ไม่ได้เปลี่ยนแปลงเครื่องหมายแต่อย่างไร นั่นคือ มีค่าเป็นบวก เมื่อนำค่าความชันของฟังก์ชันไปแสดงเป็นกราฟจะได้ลักษณะตามภาพที่ 3 (ข) ดังนั้น ถึงแม้ว่าค่าความชันที่จุด J มีค่าเท่ากับศูนย์ แต่จุด J ไม่ได้เป็น

จุดสูงสุดหรือต่ำสุดของฟังก์ชัน เนื่องจากค่าความชันของเส้นก่อนจุด J และหลังผ่านจุด J ไม่ได้มีการเปลี่ยนแปลงเครื่องหมาย เราเรียกจุด J ว่าเป็นจุดเปลี่ยนเว้า (infection point) ภาพที่ 3 (ค) และ (ง) ก็แสดงให้เห็นถึงจุดเปลี่ยนเว้าของฟังก์ชัน g(x) พิจารณาค่าความชันที่จุด K มีค่ามากกว่าศูนย์ โดยที่ค่าความชันของเส้นก่อนจุด K และค่าความ ชันของเส้นหลังผ่านจุด K ไม่ได้เปลี่ยนแปลงเครื่องหมายแต่อย่างไร ดังนั้นถ้าค่าความชันที่จุด K มี ค่าไม่เท่ากับศูนย์ จุด K ไม่ได้เป็นจุดสูงสุดหรือต่ำสุดของฟังก์ชัน g(x)



ภาพที่ 3 จุดเปลี่ยนเว้า

2) การหาค่าเหมาะที่สุดของฟังก์ชันหลายตัวแปร (Optimization with More Than One Choice Variables)

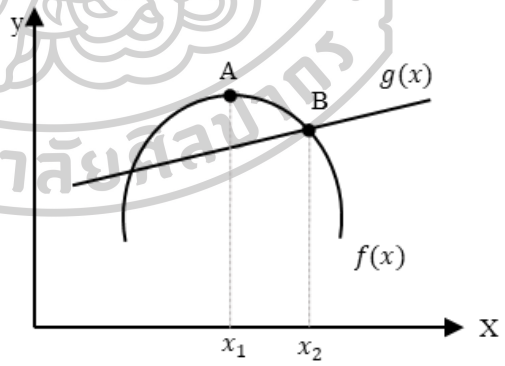
พิจารณากรณีที่ฟังก์ชันประกอบไปด้วยตัวแปรอิสระมากกว่าหนึ่งตัวแปร $z = f(x_1, x_2, \ldots, x_n)$ โดยที่ z คือ ตัวแปรตาม (dependent variable) และ $x_1, x_2, \ldots, x_n$ คือ ตัวแปรอิสระ (independent variable) การหาค่าเหมาะสมของฟังก์ชันที่มีตัวแปรอิสระมากกว่าหนึ่งตัวแปรสามารถทำได้โดยการตรวจสอบเงื่อนไขอันดับที่หนึ่งและเงื่อนไขอันดับที่สองในลักษณะเดียวกันกับการหาค่าเหมาะสมของฟังก์ชันที่มีตัวแปรอิสระเพียงหนึ่งตัวแปร

1. เงื่อนไขที่จำเป็นหรือเงื่อนไขอันดับที่หนึ่ง (First-Order Condition: FOC) เงื่อนไขดังกล่าวนี้ถูกใช้เพื่อคำนวณหาค่าวิกฤต (critical value) ของฟังก์ชัน นั่นคือ dz = 0 ก็ต่อเมื่อ $f_1 = f_2 = \ldots = f_n = 0$

2. เงื่อนไขที่ยืนยันหรือเงื่อนไขอันดับที่สอง (Second-Order Condition: SOC) เงื่อนไขดังกล่าวนี้ถูกใช้เพื่อตรวจสอบว่าค่าวิกฤตที่คำนวณได้จากเงื่อนไขที่จำเป็น หรือเงื่อนไขอันดับที่หนึ่งนั้นเป็นค่าที่ทำให้เกิดค่าสูงสุดหรือต่ำสุดสัมพัทธ์ของฟังก์ชัน

3) การหาค่าเหมาะที่สุดของฟังก์ชันที่มีขอบเขตจำกัด (Optimization with Equality Constraints)

ค่าเหมาะสมไม่ว่าจะเป็นค่าสูงสุดหรือต่ำสุดสัมพัทธ์ของฟังก์ชันที่ประกอบไปด้วย ขอบเขตจำกัด ค่าสูงสุดหรือต่ำสุดของฟังก์ชันนี้สามารถเป็นค่าเดียวกันหรือแตกต่างจากกรณีที่ฟังก์ชันไม่ได้ถูกจำกัดด้วยขอบเขตจำกัดก็ได้ขึ้นอยู่กับความสัมพันธ์ของขอบเขตจำกัดที่ถูกกำหนดพิจารณาภาพที่ 4 ซึ่งแสดงให้เห็นถึงฟังก์ชัน f (x) ถูกจำกัดด้วยเส้นแสดงขอบเขตจำกัด g(x) จากภาพจะพบว่าค่าสูงสุดของฟังก์ชันจะมีค่าไม่เท่ากันระหว่างกรณีที่ฟังก์ชันถูกจำกัดด้วยขอบเขตจำกัดและกรณีที่ฟังก์ชันไม่ได้ถูกจำกัดด้วยขอบเขตจำกัด ตำแหน่ง A แสดงถึงจุดสูงสุดของฟังก์ชันกรณีที่ฟังก์ชันไม่ได้ถูกจำกัดด้วยขอบเขตจำกัด แต่เมื่อฟังก์ชัน f (x) ถูกจำกัดด้วยเส้นแสดงขอบเขตจำกัด g(x) จุดสูงสุดของฟังก์ชัน f (x) จะเกิดขึ้นที่ตำแหน่ง B แทน



ภาพที่ 4 ฟังก์ชันที่มีขอบเขตจำกัด

การหาค่าเหมาะสมของฟังก์ชันภายใต้ขอบเขตจำกัดจึงไม่สามารถใช้เงื่อนไขเดียวกันกับกรณีที่ฟังก์ชันไม่ได้ถูกจำกัดด้วยขอบเขตดังที่ได้อธิบายไว้ก่อนหน้านี้ อย่างไรก็ตามวิธีการหาค่าเหมาะสมของฟังก์ชันภายใต้ขอบเขตจำกัดก็สามารถทำได้ในลักษณะเดียวกัน แต่ทั้งนี้ในการวิเคราะห์จะต้องพิจารณาถึงฟังก์ชัน

2 ชนิดประกอบกัน อันได้แก่ ฟังก์ชันเป้าหมาย (Objective function) ซึ่งเป็นฟังก์ชันที่ต้องการหาค่าเหมาะสม และฟังก์ชันข้อจำกัด (Constraints) ซึ่งเป็นฟังก์ชันที่กำหนดขอบเขตของฟังก์ชันเป้าหมาย

กำหนดฟังก์ชันเป้าหมาย คือ $z = f(x_1, x_2, \dots, x_n)$ และฟังก์ชันข้อจำกัดประกอบไปด้วย 1 ข้อจำกัด คือ $g(x_1, x_2, \dots, x_n) = c$ โดยที่ c คือ ค่าคงที่ใด ๆ ฟังก์ชันเป้าหมายและฟังก์ชันข้อจำกัด สามารถนำมาเขียนเป็นฟังก์ชันใหม่ที่เรียกว่า ฟังก์ชัน Lagrangian ได้ดังนี้

$$L = f(x_1, x_2, \dots, x_n) + \lambda\,[c - g(x_1, x_2, \dots, x_n)]$$

โดยที่ λ คือ ตัวคูณ Lagrangian หรือ Lagrangian multiplier

ดังนั้นฟังก์ชัน Lagrangian จะกลายเป็นฟังก์ชันที่ไม่มีข้อจำกัด ซึ่งขึ้นอยู่กับค่า $x_1, x_2, \dots, x_n$ และ λ นั่นคือ $L = L(x_1, x_2, \dots, x_n, \lambda)$ การหาค่าเหมาะสมของฟังก์ชัน Lagrangian ก็สามารถทำได้โดยการประยุกต์วิธีการหาค่าเหมาะสมของฟังก์ชันที่ได้กล่าวไว้ ซึ่งการหาค่าเหมาะสมของฟังก์ชันจะต้องทำการตรวจสอบเงื่อนไข 2 ประการ อันได้แก่ เงื่อนไขที่จำเป็นหรือเงื่อนไขอันดับที่หนึ่งและเงื่อนไขที่ยืนยันหรือเงื่อนไขอันดับที่สอง

1.เงื่อนไขที่จำเป็นหรือเงื่อนไขอันดับที่หนึ่ง (FOC) เงื่อนไขดังกล่าวนี้ถูกใช้เพื่อคำนวณหาค่าวิกฤต (Critical value) ของฟังก์ชัน Lagrangian นั่นคือ dL = 0 ก็ต่อเมื่อ

$$L_i = \frac{\partial L}{\partial x_i} = f_{x_i} - \lambda g_{x_i} = 0$$

$$L_\lambda = \frac{\partial L}{\partial \lambda} = c - g(x_1, x_2, \dots, x_n) = 0$$

เมื่อ $i = 1, 2, \dots, n$

สมการความสัมพันธ์ที่ได้จาก FOC ประกอบไปด้วยจำนวน $n + 1$ สมการ และตัว แปรที่ต้องการหาค่ามีจำนวน $n + 1$ ตัวแปร ดังนั้นเราสามารถแก้สมการเพื่อหาค่าตัวแปร n $x_1, x_2, \dots, x_n$ และ λ ที่ทำให้ได้ค่าสูงสุดหรือต่ำสุดของฟังก์ชัน Lagrangian ได้

2. เงื่อนไขที่ยืนยันหรือเงื่อนไขอันดับที่สอง (SOC) เงื่อนไขดังกล่าวนี้ถูกใช้เพื่อตรวจสอบว่าค่าวิกฤตที่คำนวณได้จากเงื่อนไขที่จำเป็นนั้นเป็นค่าที่ทำให้เกิดค่าสูงสุดหรือต่ำสุดสัมพัทธ์แก่ฟังก์ชัน Lagrangian หรือเป็นค่าที่ทำให้เกิดค่าสูงสุดหรือต่ำสุดสัมพัทธ์แก่ฟังก์ชันเป้าหมาย $z = f(x_1, x_2, \dots, x_n)$ ที่อยู่ภายใต้ฟังก์ชันข้อจำกัด $g(x_1, x_2, \dots, x_n) = c$ ที่กำหนดให้

2.1.2 การหาค่าเหมาะที่สุดเชิงวิวัฒนาการ

การหาค่าเหมาะที่สุดเชิงวิวัฒนาการ (Evolutionary Optimization Algorithm) เป็นการคำนวณที่เลียนแบบขั้นตอนวิวัฒนาการของธรรมชาติที่เกิดการเปลี่ยนแปลงอยู่ตลอดเวลา โดยสิ่งมีชีวิตที่จะสามารถดำรงชีวิตอยู่ได้นี้ต้องมีความสามารถในการปรับตัวให้เข้ากับสภาวะแวดล้อมได้จึงจะเป็นผู้ถูกคัดเลือกให้อยู่รอดต่อไปในธรรมชาติ ดังนั้นจึงอาจกล่าวได้ว่ากระบวนการที่มี “วิวัฒนาการ” คือ การปรับตัวที่มีเป้าหมายให้เกิดความสามารถในการอยู่รอด ไม่ว่าจะเป็นขั้นตอนการถูกคัดเลือกโดยธรรมชาติ (selection) การรอดชีวิตด้วยความเหมาะสมที่สุด (fittest) การกำเนิดใหม่ (reproduction) การกลายพันธุ์ (mutation) การแข่งขัน (competition) และ ภาวะการอยู่ร่วมกัน (symbiosis) เป็นต้น

ในการคำนวณเชิงวิวัฒนาการจะอาศัยหลักการของดาร์วิน ซึ่งว่าด้วยเรื่องของวิวัฒนาการจากยุค 60 ที่ถูกพัฒนามาเป็นศาสตร์ของการคำนวณในยุคปัจจุบัน ต่อมา Lawrence Fogel ได้นำเสนอการโปรแกรมเชิงวิวัฒนาการ (Evolutionary Programming หรือ EP) เพื่อใช้ในการจำลองวิวัฒนาการที่เป็นขั้นตอนการเรียนรู้เชิงปัญญาประดิษฐ์ โดยใช้เครื่องสถานะจำกัด (Finite state machines) เป็นกลไกหลักในการทำนายและวิวัฒนาการ ในขณะที่ John Holland ได้พัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมขึ้นมาด้วยการเลียนแบบกระบวนการวิวัฒนาการทางธรรมชาติเพื่อใช้ในการค้นหาคำตอบของปัญหาหลากหลายแขนง ในทศวรรษที่ 90 Ingo Rochenberg และ Hans-Paul Schwefel ได้นำเสนอกลยุทธ์เชิงวิวัฒนาการ (Evolution Strategies: ES) ซึ่งเป็นเทคนิคการค้นหาคำตอบเหมาะที่สุดที่มีรายละเอียดคล้ายคลึงกันกับ GA แต่มีความแตกต่างอยู่ที่รูปแบบของการแทนคำตอบของระบบที่ ES จะใช้เป็นค่าจริง (ฟีโนไทป์) พร้อมกับกระบวนการปฏิบัติการทางพันธุกรรม จุดเด่นของ ES คือโครงสร้างที่ง่ายกว่า GA แต่ยังคงประสิทธิภาพในการค้นหาคำตอบที่เหมาะที่สุดได้ โดยงานเหล่านี้ได้ถูกนิยามรวมกันเป็นการคำนวณเชิงวิวัฒนาการแต่เพียงอย่างเดียว พร้อมกับการกำเนิดของการโปรแกรมเชิงพันธุกรรม (Genetic Programming: GP)

ซึ่งเป็นขั้นตอนวิธีเชิงวิวัฒนาการอีกอย่างหนึ่งที่ได้แรงบันดาลใจจากการวิวัฒนาการของธรรมชาติในการค้นหาชุดคำสั่งสำหรับคอมพิวเตอร์ที่สามารถทำงานตามที่ต้องการได้ ผลลัพธ์จาก GP ได้ถูกรายงานเป็นครั้งแรกจาก Stephen Smith ในปี ค.ศ.1980 หลังจากนั้นจีได้มีการนำ GP มาประยุกต์ใช้อย่างแพร่หลายพร้อมทั้งนำเสนอผลงานสู่สาธารณะอีกมากมาย จากที่กล่าวมาทั้ง 4 ขั้นตอนวิธี (Algorithm) นี้ รวมเรียกว่า ขั้นตอนวิธีเชิงวิวัฒนาการ (Evolutionary Algorithm)

ในปัจจุบัน EP ได้ถูกใช้เรียกแทนการคำนวณเชิงวิวัฒนาการทั่วไป และมักคุ้นเคยว่า EP กับ ES เป็นขั้นตอนเดียวกัน ถึงแม้ว่าเนื้อหาบางส่วนของ EP นั้นต่อมาได้คล้ายคลึงกับ GP (แตกต่างเพียงโครงสร้างโปรแกรมที่คงที่ และมีเพียงพารามิเตอร์เชิงตัวเลขเท่านั้นที่มีการวิวัฒนาการ) กลไกในการแปรเปลี่ยนประชากรหรือคำตอบใน EP จะใช้การกลายพันธุ์เป็นหลัก ด้วยหลักการแทนที่ประชากรแบบ ($\mu + \mu$) วิธีเชิงพันธุกรรม หรือ GA เป็นเทคนิคการค้นหาคำตอบสำหรับปัญหาการหาค่าเหมาะที่สุดเชิงผสมผสานเช่นเดียวกันกับ EP เราสามารถพิจารณา GP เป็น GA ได้เพียงแต่กำหนดให้โครโมโซมเป็นชุดคำสั่งแทนที่จะเป็นคำตอบของระบบในเชิงตัวเลข ดังนั้น GP จึงเป็นเทคนิคการหาค่าเหมาะที่สุดของชุดคำสั่งของคอมพิวเตอร์ที่สามารถแก้ปัญหาในระดับสูงได้ในศตวรรษที่ 20 เป็นต้นมา ความเจริญก้าวหน้าทางเทคโนโลยีทั้งของ GP และคอมพิวเตอร์ทำให้ GP สามารถทำงานในด้านใหม่ ๆ ได้อย่างมีประสิทธิภาพ ไม่ว่าจะเป็นการออกแบบทางอิเล็กทรอนิกส์เกมส์คอมพิวเตอร์การเรียงลำดับ รวมไปถึงสิทธิบัตรการทำงานของ GP อีกมากมาย แสดงถึงการได้รับการยอมรับในประสิทธิภาพของ GP อย่างแท้จริง

2.1.3 การหาค่าเหมาะที่สุดแบบปัญญาเชิงกลุ่ม

“Swarm” คือ การเคลื่อนที่เป็นกลุ่มของสิ่งมีชีวิตที่สามารถโต้ตอบกันภายในกลุ่มได้ ปัญญาเชิงกลุ่มจึงถือเป็นการเลียนแบบพฤติกรรมของสิ่งมีชีวิตในธรรมชาติอย่างหนึ่งเหมือนกับอีกหลาย ๆ ขั้นตอนวิธี (Algorithm) อาทิเช่น ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม การหาค่าเหมาะที่สุดแบบฝูงอนุภาค วิธีอาณานิคมมด เป็นต้น การเคลื่อนที่ของกลุ่มสิ่งมีชีวิตอย่างมีรูปแบบเฉพาะนี้ สามารถนำไปสู่การค้นหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดได้ โดยสิ่งมีชีวิตเหล่านี้จะอาศัยพฤติกรรมของฝูงในการค้นหาอาหารเพื่อการดำรงชีวิต กล่าวคือ เมื่อสมาชิกในฝูงตัวใดตัวหนึ่งสามารถค้นหาอาหารได้จะส่งสัญญาณบางอย่างตามพฤติกรรมของตน เช่น มดจะใช้

การปล่อยฟีโรโมนในการนำทางมดตัวอื่น ๆ มายังแหล่งอาหาร ดังนั้นสิ่งมีชีวิตตัวอื่น ๆ จึงเปลี่ยนทิศทางการหาอาหารจากลักษณะอย่างสุ่มมาเป็นการเดินตามสิ่งมีชีวิตตัวนั้นที่ค้นพบ

ตัวอย่างข้างต้นเป็นการแสดงให้เห็นถึงพฤติกรรมของ “ swarm” โดยที่แต่ละตัวแทนภายในกลุ่มการเคลื่อนที่จะสามารถสื่อสารโต้ตอบกันได้เพื่อนำไปสู่เป้าหมายหรือวัตถุประสงค์แบบวงกว้าง (global) อย่างมีประสิทธิภาพอันแตกต่างไปจากการค้นหาคำตอบด้วยตัวแทนเดี่ยว ๆ เปรียบได้กับการค้นหาคำตอบของขั้นตอนวิธีในกลุ่มนี้ที่เริ่มต้นจากการค้นหาคำตอบอย่างสุ่มก่อน และเมื่อตัวแทนเคลื่อนที่เข้าใกล้คำตอบที่ดีที่สุดแล้วจะมีการสื่อสารกับตัวแทนอื่น ๆ ที่เหลืออยู่ภายในกลุ่มเพื่อลู่เข้าสู่คำตอบที่ดีที่สุดต่อไป ในปัญญาเชิงกลุ่มนี้ ตัวอย่างของสิ่งมีชีวิตที่ทำงานเป็นกลุ่มเช่น มด ซึ่งถูกศึกษาพฤติกรรมการดำรงชีวิตจนพัฒนามาสู่ขั้นตอนวิธีที่เรียกว่า วิธีอาณานิคมของมด (Ant colony) มดแต่ละตัวจะทำงานอย่างง่ายๆ ไม่กี่อย่าง เมื่อมดหลาย ๆ ตัวรวมตัวกันทำงาน ผลที่ได้จะเป็นเช่นการสร้างรังที่เหมาะที่สุด การปกป้องราชินีมดและตัวอ่อน การหาแหล่งอาหารที่ดีที่สุด หรือการสร้างกลยุทธ์โจมตีที่เหมาะที่สุด เป็นต้น

ปัญญาเชิงกลุ่ม (Swarm Intelligence: SI) ถือเป็นปัญญาประดิษฐ์อย่างหนึ่งที่ประกอบไปด้วยกลุ่มการกระจายของพฤติกรรม (Behavior of decentralized) และการจัดการตนเอง (self-organized) ที่มาของชื่อ SI นั้นนำเสนอโดย Gerardo Beni และ Jing Wang ในปีค.ศ.1989 ในเนื้อหาของงานเกี่ยวกับระบบโครงข่ายหุ่นยนต์ (Cellular robotic systems) ระบบ SI โดยปกติแล้วจะประกอบไปด้วยกลุ่มประชากรของตัวแทนที่ไม่ซับซ้อน แต่ละตัวแทนสามารถสื่อสารกับตัวแทนอื่น ๆ ภายในพื้นที่และสามารถสื่อสารกับสภาวะแวดล้อมได้ตัวแทนภายในกลุ่มจะทำหน้าที่ง่าย ๆ โดยไม่มีโครงสร้างหรือหน้าที่ที่กำหนดจากส่วนกลางของระบบแต่อย่างใด การทำงานร่วมกันเป็นกลุ่มทำให้เกิดพฤติกรรมของระบบที่ใหญ่และซับซ้อนขึ้นได้ ตัวอย่างสิ่งมีชีวิตในธรรมชาติที่ SI ได้รับอิทธิพลทางด้านแนวคิด เช่น การทำงานในอาณานิคมมด การแห่กันไปของฝูงนกหรือปลา การเจริญเติบโตของแบคทีเรีย การต้อนฝูงสัตว์เลี้ยง เป็นต้น เมื่อพิจารณาแต่ละตัวแทนเดี่ยว ๆ ภายในกลุ่มพฤติกรรมโดยรวมของการทำงานเป็นกลุ่มของ สิ่งมีชีวิต จะมีคุณลักษณะไม่เป็นเชิงเส้น (nonlinear) ดังนั้นจะมีการคู่ควบแบบแนบแน่นระหว่างพฤติกรรมส่วนตัวของแต่ละตัวแทนเดี่ยวภายในกลุ่มกับพฤติกรรมโดยรวมของกลุ่มพฤติกรรมของแต่ละตัวแทนเดี่ยว ๆ เมื่อรวมกันแล้วจะเป็นตัวกำหนดพฤติกรรมรวมของกลุ่ม ในขณะที่พฤติกรรมรวมของกลุ่มก็เป็นตัวกำหนด

เงื่อนไขที่ตัวแทนแต่ละตัวจะต้องกระทำ การกระทำดังกล่าวอาจจะมีผลต่อสภาวะแวดล้อม ซึ่งทำให้พฤติกรรมของตัวแทนนั้น ๆ เปลี่ยนไปด้วยการกำหนดเงื่อนไขของพฤติกรรมรวมของกลุ่มมีทั้งแบบเชิงพื้นที่และเชิงเวลา

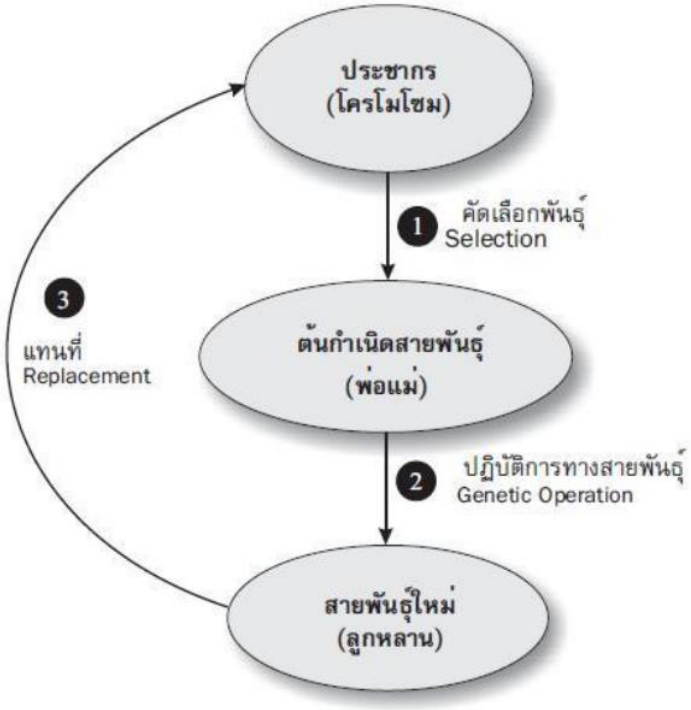
พฤติกรรมการเคลื่อนที่ของกลุ่มไม่ได้กำหนดด้วยตัวแทนตัวใดตัวหนึ่ง แต่การสื่อสารโต้ตอบระหว่างแต่ละตัวแทนเป็นตัวกำหนดกฎเกณฑ์ในพฤติกรรมของกลุ่ม การสื่อสารโต้ตอบระหว่างตัวแทนนั้นช่วยทำให้เกิดการกลั่นกรองและแลกเปลี่ยนประสบการณ์ความรู้เกี่ยวกับสภาพแวดล้อม และช่วยเพิ่มสมรรถนะการลู่เข้าสู่คำตอบที่เหมาะที่สุด ผลลัพธ์ที่ได้จากการทำงานเป็นกลุ่มคือการัดการตัวเอง (self-organize) เช่นในกรณีอาณานิคมของมด การจัดการตนเองนำไปสู่โครงสร้างของรังที่เหมาะที่สุด การกระจายแรงงานหรือการรวบรวมอาหาร เป็นต้น ขั้นตอนวิธี (Algorithm) เชิงเคลื่อนที่เป็นกลุ่มนั้นมีข้อดีที่มีขั้นตอนไม่ซับซ้อน แต่มีประสิทธิภาพ สามารถนำไปใช้ในปัญหาการหาค่าเหมาะที่สุดหลาย ๆ อย่างได้ โดยขั้นตอนวิธีเชิงเคลื่อนที่ซึ่งเป็นที่นิยมนำมาใช้ในงานต่าง ๆ อย่างแพร่หลาย อาทิ วิธีกลุ่มอนุภาค (Particle Swarm Optimization: PSO) วิธีฝูงมด (Ant Colony Optimization: ACO) และวิธีฝูงผึ้ง (Bee algorithm: BA) เป็นต้น

2.2 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) หรือเรียกโดยย่อว่า “GA” เป็นขั้นตอนวิธีที่ถูกพัฒนามาจากกระบวนการทางวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตเพื่อใช้ในการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดของปัญหาการหาค่าเหมาะสม (Optimization Problem) ซึ่งได้รับการจัดให้อยู่ในกลุ่มวิธีการหาค่าเหมาะที่สุดเชิงวิวัฒนาการ ถูกคิดค้นขึ้นโดย John Holland ราวปี ค.ศ. 1960 โดยนำแนวคิดและทฤษฎีทางวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตมาใช้ในการคำนวณด้วยคอมพิวเตอร์ ซึ่งมีเป้าหมายในการวิจัย 2 ประการ คือ 1) เพื่อสรุปและดัดแปลงการใช้กระบวนการทางธรรมชาติให้ถูกต้องมากที่สุด และ 2) เพื่อออกแบบและสร้างซอฟต์แวร์ที่สามารถรักษากลไกที่สำคัญของธรรมชาติได้ งานวิจัยดังกล่าวนี้ถูกเผยแพร่และตีพิมพ์ครั้งแรกช่วงปีค.ศ. 1975 ในหนังสือชื่อ "Adaptation in Natural and Artificial Systems" ส่งผลให้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมได้รับความนิยมอย่างแพร่หลายและมีการนำมาประยุกต์ใช้ในงานด้านต่าง ๆ เป็นจำนวนมาก (อาทิตย์ ศรีแก้ว, 2545)

พื้นฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะเป็นการสุ่มประชากรขึ้นมากลุ่มหนึ่งแล้วนำกระบวนการทางชีววิทยามาใช้กระทำกันระหว่างประชากรภายในกลุ่มจนเกิดเป็นประชากรกลุ่มใหม่ขึ้นมา หากประชากรใหม่ที่ได้มีค่าความสามารถที่ดีกว่าประชากรรุ่นเดิมแล้ว ประชากรรุ่นเดิมจะถูก

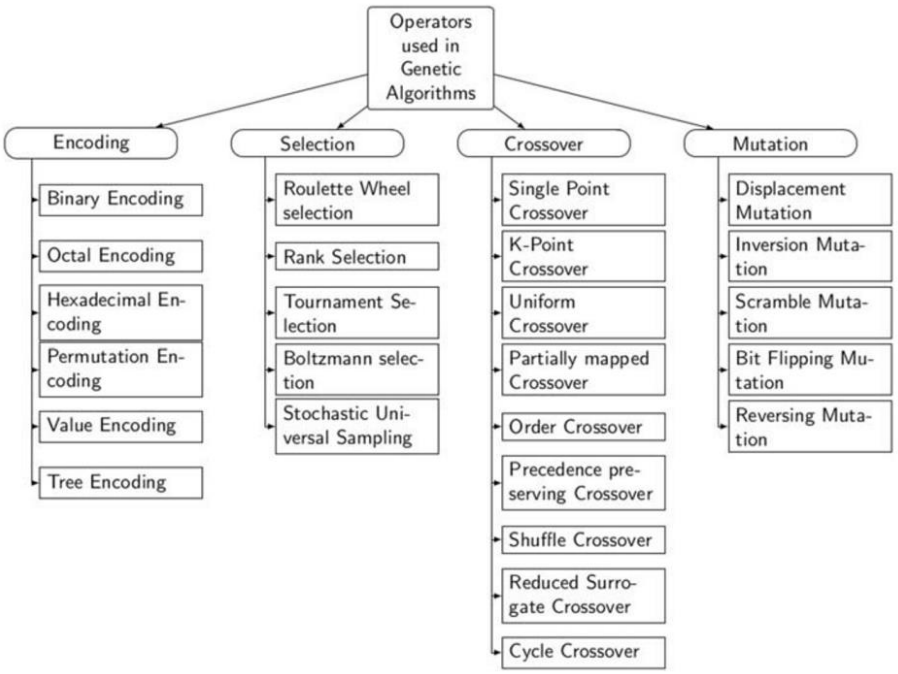
แทนที่ด้วยประชากรรุ่นใหม่ และกระบวนการจะเกิดขึ้นแบบซ้ำ ๆ จนกระทั่งได้ประชากรที่มีความสามารถที่ดีที่สุด โดยมีวัฏจักรประกอบด้วย 3 กระบวนการสำคัญ ได้แก่ 1) กระบวนการคัดเลือกสายพันธุ์ (Selection) มีหน้าที่ในการคัดเลือกสายพันธุ์ที่ดีเพื่อนำมาใช้ในการสร้างประชากรเริ่มต้น 2) กระบวนการปฏิบัติการทางสายพันธุ์ (Genetic operation) ทำหน้าที่เปลี่ยนแปลงโครโมโซมด้วยวิธีการทางสายพันธุ์เพื่อปรับเปลี่ยนสายพันธุ์ในรุ่นลูกซึ่งเกิดจากการผสมพันธุ์ระหว่างพ่อและแม่ในรุ่นก่อนหน้า และ 3) กระบวนการการแทนที่ (Replacement) เป็นการนำเอาลูกหลานที่ดีกว่ารุ่นก่อนหน้ามาแทนที่โดยจะทำการเปรียบเทียบความแข็งแกร่งของประชากรเพื่อคัดหาจำนวนการแทนที่ที่เหมาะสม ซึ่งวัฏจักรขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถแสดงได้ดังภาพที่ 5



ภาพที่ 5 วัฏจักรของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม
ที่มา: อาทิตย์ ศรีแก้ว, 2545

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมีองค์ประกอบหลักที่สำคัญ ได้แก่ ประชากร (Population) ซึ่งประกอบด้วยกลุ่มของโครโมโซมที่เป็นตัวแทนของคำตอบในระบบที่ต้องการค้นหา ต้นกำเนิดสายพันธุ์ หรือ พ่อแม่ (Parent) เป็นกลุ่มประชากรที่ถูกคัดเลือกเพื่อเป็นตัวแทนในการสร้างสายพันธุ์ใหม่ในรุ่นถัดไป และสายพันธุ์ใหม่ หรือ ลูกหลาน (Offspring) เป็นประชากรกลุ่มใหม่ที่ได้รับการถ่ายทอดทางพันธุกรรมมาจากรุ่นพ่อแม่ ซึ่งคัดเลือกจากความ

แข็งแกร่งของประชากรในรุ่นก่อนหน้า นอกจากนี้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมยังต้องใช้ตัวดำเนินการ (Operators) ในการสืบทอดสายพันธุ์ของรุ่นถัด ๆ ไป ซึ่งตัวดำเนินการเหล่านี้ประกอบไปด้วย รูปแบบการเข้ารหัส (Encoding Schemes) เทคนิคการคัดเลือกสายพันธุ์ (Selection techniques) การแลกเปลี่ยนยีน (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation) ดังแสดงในภาพที่ 6 ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้ (Katoch et al, 2020)



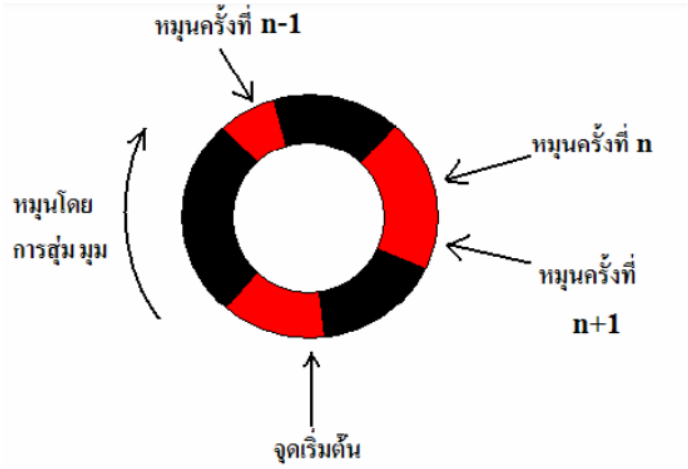
ภาพที่ 6 ตัวดำเนินการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ที่มา: Katoch et al, 2020

1) รูปแบบการเข้ารหัส (Encoding Schemes) การเข้ารหัสประชากรเป็นขั้นตอนที่สำคัญในการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เนื่องจากเป็นการออกแบบให้โครโมโซมเป็นตัวแทนของคำตอบในรูปแบบการเรียงของตัวอักษรที่มีความยาวจำกัด (Strings) ซึ่งมีอยู่หลากหลายประเภท อาทิ รหัสแบบตัวเลขฐานสอง (Binary encoding) ซึ่งนิยมใช้กันทั่วไป โดยจะกำหนดให้แต่ละยีนหรือโครโมโซมแทนด้วยเลข 0 หรือ 1 เช่น 100110 รหัสแบบตัวเลขฐานแปด (Octal encoding) คล้ายกับเลขฐานสอง เพียงแต่จะแทนค่าของยีนหรือโครโมโซมด้วยเลขตั้งแต่ 0 ถึง 7 เช่น 265314 เป็นต้น

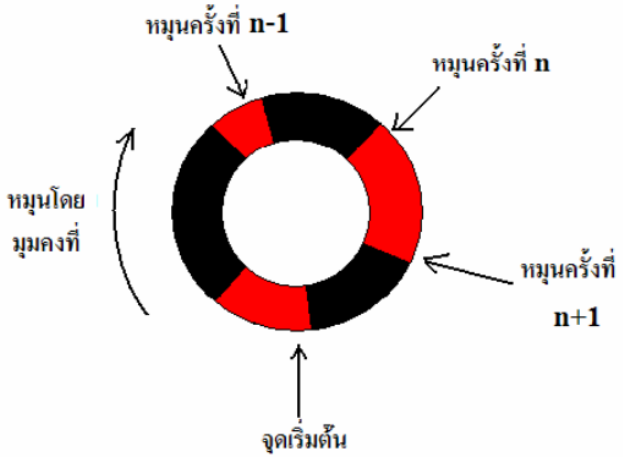
2) เทคนิคการคัดเลือกสายพันธุ์ (Selection techniques) โดยทั่วไปจะทำการคัดเลือกโครโมโซมที่เหมาะสมที่สุดจากค่า Fitness value กล่าวคือ โครโมโซมที่มีค่า Fitness value สูงจะมีโอกาสถูกเลือกมากกว่าโครโมโซมที่มีค่าต่ำกว่า ซึ่งเทคนิคการคัดเลือกมีอยู่หลายวิธี เช่น วิธีวงล้อรูเลต (Roulette Wheel Selection) วิธีการจัดอันดับ (Rank Selection) วิธีการแข่งขัน (Tournament Selection) วิธีเฟ้นสุ่มสากล (Stochastic Universal Sampling Selection) เป็นต้น ในที่นี้จะขอกล่าวถึงเทคนิคการคัดเลือกที่นิยมใช้ 3 เทคนิค ได้แก่ วิธีวงล้อรูเลต วิธีเฟ้นสุ่มสากล และวิธีการแข่งขัน ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

2.1) วิธีวงล้อรูเลตเป็นเทคนิคการคัดเลือกที่ง่ายที่สุด โดยสามารถเปรียบเทียบได้กับการหมุนวงล้อรูเลตที่มีขนาดของช่อง Slot ไม่เท่ากัน ซึ่งแสดงถึงโอกาสการคัดเลือกที่แตกต่างกัน กล่าวคือ ช่อง slot ที่มีขนาดใหญ่เทียบได้กับโอกาสของโครโมโซมที่มีค่าความเมาะสมสูงและมีโอกาสถูกเลือกไปเป็นประชากรในรุ่นถัดไปมากกว่าโครโมโซมที่มีค่าด้อยกว่า โดยขนาดของช่อง Slot นี้สามารถหาได้จากอัตราส่วนของค่าความเหมาะสมของโครโมโซมแต่ละตัวกับค่าความเหมาะสมรวมทั้งหมด ในกระบวนการคัดเลือกจะทำการหมุนวงล้อรูเลตอย่างสุ่มเพื่อค้นหาโครโมโซมพ่อแม่ โดยการหมุน 1 รอบจะได้โครโมโซม 1 ตัว นั่นคือ จำนวนครั้งในการหมุนจึงมีค่าเท่ากับจำนวนประชากรที่ต้องการ ดังภาพที่ 7 การคัดเลือกประชากรด้วยวิธีวงล้อรูเลตนี้ทำให้โอกาสในการคัดเลือกไม่เป็นไปตามวัตถุประสงค์ของการคัดเลือกอย่างแท้จริง กล่าวคือ โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมสูงอาจมีโอกาสในการถูกเลือกน้อยกว่าหรือเท่ากับโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมต่ำ ซึ่งปัญหาดังกล่าวนี้สามารถแก้ไขได้ด้วยวิธีการเฟ้นสุ่มสากลที่จะกล่าวรายละเอียดถัดไป



ภาพที่ 7 การคัดเลือกด้วยวิธีวงล้อรูเลต

2.2) วิธีเฟ้นสุ่มสากลเป็นวิธีการคัดเลือกที่มีลักษณะคล้าย ๆ กับวิธีวงล้อรูเลต แตกต่างกันเพียงวิธีนี้จะทำการสุ่มจุดที่ขอบของวงล้อขึ้นมาก่อนจุดหนึ่ง แล้วทำการหมุนวงล้อด้วยมุมคงที่ครั้งละ 360/n โดยที่ n คือ จำนวนประชากรทั้งหมด และในการหมุน 1 รอบจะได้โครโมโซมจำนวน 1 ตัวเช่นเดียวกับวิธีแรก ดังนั้นเมื่อหมุนจำนวน n ครั้ง ก็จะได้ประชากรตามจำนวนเดิมที่ต้องการ การคัดเลือกประชากรด้วยวิธีเฟ้นสุ่มสากลที่มีการหมุนด้วยมุมคงที่นี้จะทำให้โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากมีโอกาสที่จะถูกเลือกมากและโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยมีโอกาสในการถูกเลือกน้อยเช่นกัน ดังแสดงในภาพที่ 8



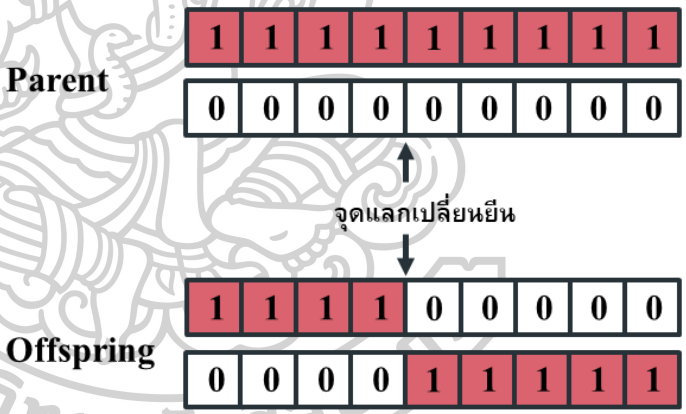
ภาพที่ 8 การคัดเลือกด้วยวิธีเฟ้นสุ่มสากล

2.3) วิธีการแข่งขันเป็นวิธีการคัดเลือกจากการแข่งขันระหว่างประชากรจำนวน 2 กลุ่ม โดยจะสุ่มประชากรขึ้นมาเพื่อคำนวณหาค่าความแข็งแรงของโครโมโซมแต่ละตัวในกลุ่มประชากร จากนั้นจะทำการคัดเลือกโครโมโซมที่มีค่าความ

แข็งแรงมากที่สุดของแต่ละกลุ่มมาเป็นโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่ต่อไป (Goldberg & Deb, 1991)

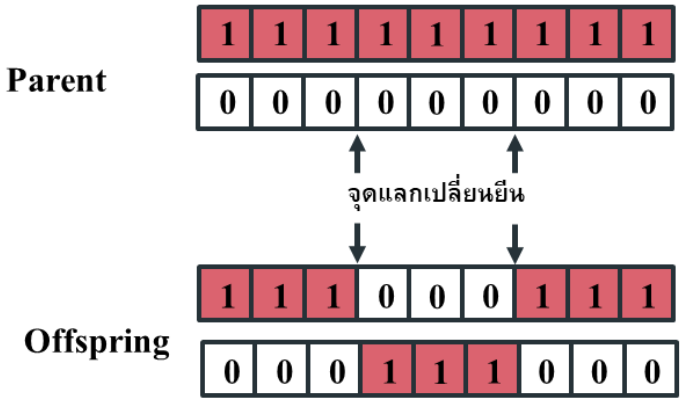
3) การแลกเปลี่ยนยีน (Crossover) เป็นการสร้างประชากรรุ่นลูก (Offspring) ด้วยการรวมกันระหว่างโครโมโซมจากพ่อและแม่ตั้งแต่ 2 โครโมโซมขึ้นไป โดยจะมีการกำหนดอัตราการแลกเปลี่ยนด้วยหลักความน่าจะเป็น (Probability) กระบวนการนี้จะเริ่มต้นด้วยการสุ่มเลือกโครโมโซมมาคู่หนึ่งจากโครโมโซมที่ผ่านกระบวนการคัดเลือกมาแล้ว จากนั้นจะทำการแลกเปลี่ยนยีนกันระหว่างโครโมโซม โดยทั่วไปแล้วการแลกเปลี่ยนยีนจะไม่ได้เกิดขึ้นทุกโครโมโซมทั้งนี้ขึ้นอยู่กับความน่าจะเป็นในการเกิดกระบวนการแลกเปลี่ยนยีนด้วย วิธีการดำเนินการแลกเปลี่ยนยีนสามารถทำได้หลายวิธีดังนี้

3.1) การแลกเปลี่ยนยีนแบบจุดเดียว (Single-Point Crossover) เป็นการเลือกจุดในการแลกเปลี่ยนยีนเพียงจุดเดียวด้วยวิธีการสุ่ม ดังแสดงในภาพที่ 9



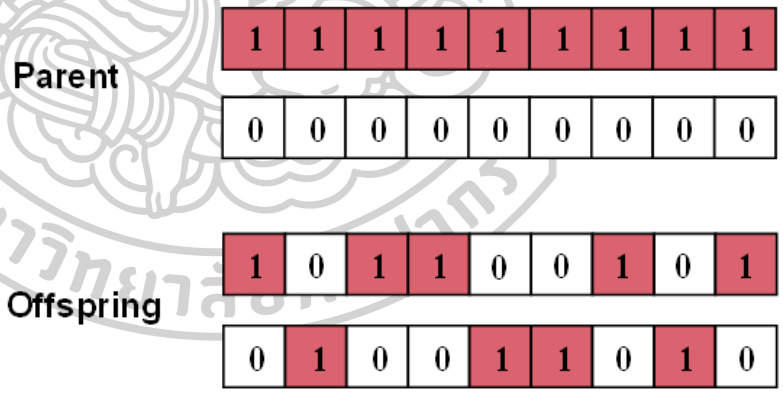
ภาพที่ 9 การแลกเปลี่ยนยีนแบบจุดเดียว

3.2) การแลกเปลี่ยนยีนแบบ n จุด (n-Point Crossover) เป็นเทคนิคการแลกเปลี่ยนยีนที่เกิดขึ้นตั้งแต่ 2 จุดขึ้นไป มีกระบวนการแลกเปลี่ยนเช่นเดียวกับการแลกเปลี่ยนยีนแบบจุดเดียว ซึ่งจะเกิดการแลกเปลี่ยนที่ด้านใดด้านหนึ่งของจุดกำหนด (Crossover site) กระบวนการแลกเปลี่ยนยีนแบบ n จุด สามารถแสดงได้ดังภาพที่ 10



ภาพที่ 10 การแลกเปลี่ยนยีนแบบ 2 จุด

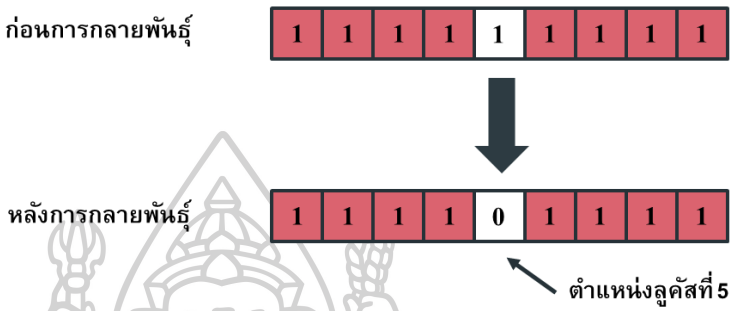
3.3) การแลกเปลี่ยนยีนแบบสม่ำเสมอ (Uniform Crossover) เป็นวิธีการแลกเปลี่ยนยีนที่ไม่กำหนดจุดตัดหรือจุดแลกเปลี่ยนยีน แต่จะพิจารณาการแลกเปลี่ยนยีนจากโครโมโซมพ่อแม่แบบทีละอัลลีล (Allele) หรือทีละบิตของเลขฐานสอง โดยใช้วิธีการสุ่มหาค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนของอัลลีลคู่นั้น ๆ อัลลีลของโครโมโซมพ่อที่ถูกเลือกจะนำมาแทนที่ในอัลลีลของโครโมโซมแม่ในตำแหน่งเดียวกัน ดังแสดงในภาพที่ 11



ภาพที่ 11 การแลกเปลี่ยนยีนแบบสม่ำเสมอ

3.4) การแลกเปลี่ยนยีนแบบสับเปลี่ยน (Shuffle Crossover) เป็นวิธีการแลกเปลี่ยนยีนที่ใช้ในการลดความอคติจากวิธีการแลกเปลี่ยนยีนด้วยวิธีอื่น ๆ โดยจะทำการสับเปลี่ยนค่าคำตอบของโครโมโซมพ่อแม่ก่อนเข้าสู่กระบวนการแลกเปลี่ยนยีนด้วยวิธีใด ๆ เพื่อลดผลความสำคัญของลำดับข้อมูลและหลังจากดำเนินการแลกเปลี่ยนยีนเสร็จจึงจะทำการจัดลำดับบิตกลับมาอยู่ในตำแหน่งเดิม

4) การกลายพันธุ์ (Mutation) เป็นกระบวนการที่ทำให้โครโมโซมรุ่นลูกแตกต่างออกไปจากเดิมแต่ยังคงความคล้ายคลึงของโครงสร้างเดิมไว้ การกลายพันธุ์ถูกนำมาใช้ในการเพิ่มประสิทธิภาพในการค้นหาคำตอบจากการสูญเสียลักษณะสำคัญบางประการไประหว่างการดำเนินการของตัวดำเนินการก่อนหน้า การกลายพันธุ์แสดงได้ดังภาพที่ 12

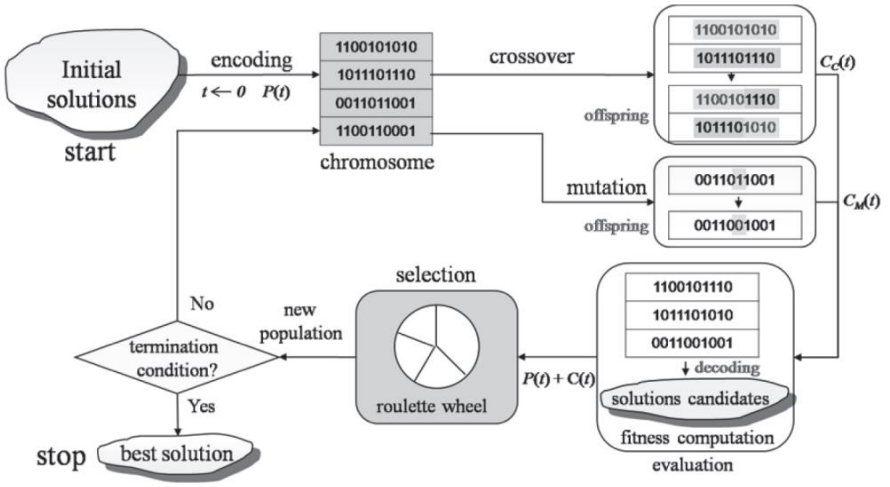


ภาพที่ 12 การกลายพันธุ์ของประชากร

จากภาพที่ 12 แสดงให้เห็นว่าการกลายพันธุ์เกิดขึ้นที่ตำแหน่งลูคัสที่ 5 ของโครโมโซม โดยอัลลีลของยีนที่ตำแหน่งดังกล่าวนี้เกิดการกลายพันธุ์จาก 1 เป็น 0 ซึ่งการกลายพันธุ์นี้ไม่ได้เกิดขึ้นในทุกตำแหน่งของยีนแต่จะขึ้นอยู่กับความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์เช่นเดียวกับการแลกเปลี่ยนยีน โดยทั่วไปแล้วความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์จะอยู่ในช่วง 0.02 ถึง 0.18 (Pongcharoen et al., 2002) ชี้ให้เห็นว่าการกลายพันธุ์มีโอกาสเกิดขึ้นได้น้อยกว่าการแลกเปลี่ยนยีน ซึ่งมีความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนยีนอยู่ที่ช่วง 0.7 ถึง 1.0 (Yang, 2008) หมายความได้ว่าการแลกเปลี่ยนยีนเป็นตัวดำเนินการหลักที่มีผลอย่างมากต่อการคำนวณของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ในขณะที่การกลายพันธุ์มีผลต่อการคำนวณค่อนข้างน้อย แต่ถือเป็นตัวดำเนินการสำคัญหนึ่งที่ช่วยให้การสร้างโครโมโซมมีความหลากหลายและมีความเหมาะสมกว่าประชากรรุ่นพ่อแม่ได้

2.2.1 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมดั้งเดิม

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมดั้งเดิม (Traditional Genetic Algorithm) ถูกพัฒนาขึ้นโดย Goldberg ในปี ค.ศ. 1989 เพื่อพัฒนาต่อยอดแนวความคิดของ John Holland โดยสามารถอธิบายกระบวนการพื้นฐานของวิธีการอย่างเป็นขั้นตอน ดังแสดงในภาพที่ 13



ภาพที่ 13 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย

ที่มา: Gen et al., 2008

จากภาพที่ 2-13 สามารถสรุปขั้นตอนของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมได้เป็น 5 ขั้นตอน ดังนี้

ขั้นตอนที่ 1 การสร้างประชากรเริ่มต้น (Initial Solution) เริ่มต้นด้วยการสุ่ม (Random) ค่าคำตอบขึ้นมาแล้วทำการเข้ารหัส (Encoding) ตามรูปแบบการเข้ารหัสที่ได้กล่าวมาแล้วข้างต้นเพื่อทำให้ค่าคำตอบเป็นโครโมโซม โดยจำนวนโครโมโซมหรือประชากรแต่ละรุ่นขึ้นอยู่กับพารามิเตอร์ที่กำหนดขึ้นเอง ซึ่งโครโมโซมแต่ละตัวจะประกอบไปด้วยยีนที่เรียงต่อกัน

ขั้นตอนที่ 2 การประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness Evaluation) การคำนวณค่าความเหมาะสม (Fitness value) จะต้องถอดรหัสโครโมโซมแต่ละโครโมโซมไปเป็นตัวแปรจริงของปัญหาแล้วคำนวณค่าวัตถุประสงค์ (Objective value) โดยการแทนค่าลงในฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective function) ซึ่งเป็นฟังก์ชันที่ใช้วัดคุณสมบัติของโครโมโซมว่ามีความเหมาะสมกับปัญหานั้น ๆ เพียงใด หากเป็นปัญหาในการหาค่าที่ดีที่สุด (Optimization) สามารถนำค่าวัตถุประสงค์ไปใช้เป็นค่าความเหมาะสมได้เลย

ขั้นตอนที่ 3 การคัดเลือก (Selection) กลไกการคัดเลือกของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใช้การพิจารณาค่าความเหมาะสมในการดำรงชีวิต หากโครโมโซมใดมีค่าความเหมาะสมสูง โอกาสในการอยู่รอดต่อไปก็จะสูงตามไปด้วย ในทางกลับกัน หากโครโมโซมใดมีค่าความเหมาะสมต่ำ โอกาสในการถูกเลือกก็จะน้อยลงด้วยเช่นกัน วิธีการคัดเลือกสามารถกระทำได้หลายวิธีดังที่กล่าวมาแล้วในข้างต้น

ขั้นตอนที่ 4 กระบวนการทางพันธุกรรม ประกอบด้วย 2 กระบวนการ คือ การแลกเปลี่ยนยีน (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation)

ขั้นตอนที่ 5 การตรวจสอบเงื่อนไขการสิ้นสุด การทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนั้นจะสิ้นสุดการทำงานเมื่อครบตามจำนวนรุ่นของประชากรที่ถูกกำหนดไว้ หรืออาจจะมีเงื่อนไขการสิ้นสุดเมื่อค่าคำตอบไม่มีการเปลี่ยนแปลงในหลาย ๆ รอบก่อนหน้า

2.2.2 การพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเชิงประยุกต์

ในปัจจุบันขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมถูกนำมาประยุกต์ใช้ร่วมกับเทคนิคอื่น ๆ อย่างกว้างขวางมากยิ่งขึ้นเพื่อค้นหาวิธีที่เหมาะสมมากยิ่งขึ้นสำหรับปัญหาแบบเฉพาะทาง แต่ยังคงความเป็นพื้นฐานเชิงวิวัฒนาการของขั้นตอนวิธีไว้ ซึ่งจะขอกล่าวถึงตัวอย่างบางส่วนเพียงเท่านั้น ดังรายละเอียดด้านล่างนี้

1) ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบอลวน (Chaotic Genetic Algorithm) นำหลักการระบบความอลวน (Chaotic system) มาใช้ในการแก้ปัญหาการบรรจบการค้นหาก่อนเวลาที่กำหนดของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยทฤษฎีความอลวนนี้เป็นทฤษฎีที่อธิบายถึงลักษณะพฤติกรรมของระบบที่มีการเปลี่ยนแปลงอยู่ตามเวลา ซึ่งลักษณะการเปลี่ยนแปลงของระบบจะมีลักษณะปั่นป่วนคล้ายคลึงกับการเปลี่ยนแปลงอย่างสุ่มหรือการเปลี่ยนแปลงอย่างไร้ระเบียบ ในขณะที่ความเป็นจริงแล้วระบบความอลวนนี้เป็นระบบการเปลี่ยนแปลงที่มีระเบียบ ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะแทนที่ตัวดำเนินการแลกเปลี่ยนยีนและการกลายพันธุ์ด้วยแมพอลวน (chaotic maps) เพื่อปรับปรุงความแม่นยำให้ดียิ่งขึ้น ในการใช้เทคนิคดังกล่าวนี้ต้องอาศัยเวลาในการคำนวณค่อนข้างสูงเนื่องจากมีความซับซ้อนเป็นอย่างมาก (Tiong et al., 2012)
2) ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมผสม (Hybrid Genetic Algorithm) การผสมขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมเข้ากับเทคนิคการเพิ่มประสิทธิภาพอื่น ๆ ส่งผลให้คุณภาพของคำตอบมีประสิทธิภาพมากขึ้น คำตอบสามารถยอมรับได้ และสามารถควบคุมให้พารามิเตอร์เหมาะสมที่สุดได้ (El-Mihoub et al., 2006) จากการศึกษาและทบทวนวรรณกรรมพบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมยังพบปัญหาต่าง ๆ หลายประการ อย่างปัญหาการสร้างประชากรเริ่มต้นที่อาศัยการสุ่มเป็นหลักสามารถแก้ไขได้ด้วยการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีอื่น ๆ เข้ามาช่วย อาทิ ขั้นตอนวิธีการลอกแบบ (Memetic algorithm) ขั้นตอนวิธีการค้นหาท้องถิ่น (Local search algorithm) เป็นต้น ซึ่งการผสานรวมขั้นตอนวิธีอื่น ๆ

เข้ากับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนี้ทำให้เกิดความสมดุลที่เหมาะสมระหว่างการเพิ่มและการกระจายความเสี่ยง ปัญหาอื่น ๆ ที่พบคือ การตั้งค่าพารามิเตอร์ ซึ่งสามารถประยุกต์ใช้วิธีเมตาฮิวริสติกส์อื่น ๆ เข้ามาช่วยได้

3) ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบผสานกับวิธีตรรกศาสตร์คลุมเครือ (GA-FL) มีวัตถุประสงค์เพื่อแก้ปัญหาการสร้างเส้นทางในการสังเคราะห์กลไก โดยเป็นการประยุกต์ใช้ขั้นตอนเชิงพันธุกรรมแบบดั้งเดิมร่วมกับตัวควบคุมตรรกศาสตร์คลุมเครือ ซึ่งตัวควบคุมนี้จะตรวจสอบความแปรผันของตัวแปรการออกแบบในระหว่างการค้นหาคำตอบรอบอรกและทำการปรับเปลี่ยนช่วงขอบเขตเริ่มต้นเพื่อเริ่มขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใหม่ในรอบที่สอง วิธีการที่นำเสนอนี้มีความสามารถในการปรับจำนวนประชากรเริ่มต้นเพื่อหลีกเลี่ยงค่าต่ำที่สุดในท้องถิ่น (Local minimum) และเพิ่มความแม่นยำในการค้นหาคำตอบมากยิ่งขึ้น (Laribi et al., 2004)

2.3 Gain-of-Function (GOF)

Gain-of-Function เป็นหลักการเพิ่มความสามารถหรือคุณสมบัติใหม่ให้กับสิ่งมีชีวิตใด ๆ เพื่อพัฒนาตนเองให้มีความแข็งแกร่ง หรือมีความสามารถที่ดีขึ้น โดยอาศัยการดัดแปลงทางพันธุกรรมในการตัดต่อยีน (Gene) ซึ่งจะก่อให้เกิดการเปลี่ยนแปลงของจีโนม (Genome) ในสิ่งมีชีวิต และอาจส่งผลให้ฟีโนไทป์ (Phenotypes) เปลี่ยนแปลงไปเนื่องจากการทำงานทางชีวภาพ (Biological functions) ที่เกิดการสูญเสียหรือได้รับยีนเพิ่มขึ้นจากเดิม

2.3.1 ความเป็นมาของ Gain-of-Function

Gain-of-Function (GOF) เป็นศัพท์ทางพันธุศาสตร์ใช้อธิบายการกลายพันธุ์ที่ทำให้ยีน RNA หรือโปรตีนมีความสามารถหรือรูปแบบการแสดงออกในลักษณะใหม่ ซึ่งความสามารถในการทำงานที่เพิ่มขึ้นอาจส่งผลให้แบคทีเรียไวต่อโพแทสเซียมไอออนเป็นพิเศษ (Kuo et al., 2003) ตัวอย่างเช่น พืช Arabidopsis ที่มีลำต้นและใบหยิก (Wang et al., 2013) เป็นต้น โดยที่เกษตรกรได้พยายามฝึกฝนการปรับปรุงพันธุ์พืชในลักษณะนี้มาเป็นเวลาหลายพันปีเพื่อศึกษาพฤติกรรมหรือลักษณะการเปลี่ยนแปลงของพืชชนิดใหม่หลังจากได้รับการตัดแต่งยีนเกิดขึ้น

แรกเริ่มนั้นคำว่า GOF ไม่ได้มีความเกี่ยวข้องกับไวรัสวิทยามากนักจนกระทั่งในช่วงทศวรรษที่ผ่านมา ได้มีการนำหลักการทำงานของ GOF มาประยุกต์ใช้กับศาสตร์ทางด้านไวรัสวิทยาเพื่อศึกษาและทำการวิจัยที่มีความเสี่ยงสูง โดยการทำให้ไวรัสมีความสามารถที่

เพิ่มขึ้น กล่าวคือ ก่อให้เกิดไวรัสที่มีอันตรายถึงชีวิตต่อมนุษย์และสิ่งมีชีวิตอื่น ๆ หรืออาจเพิ่มความสามารถการแพร่เชื้อและการแพร่ระบาดได้มากขึ้น ซึ่งการวิจัยในลักษณะนี้มีความสำคัญต่อการพัฒนาวิธีการรักษาและวัคซีนชนิดใหม่ รวมถึงการทำความเข้าใจต่อพฤติกรรมของไวรัสที่เป็นสาเหตุทำให้เกิดโรคระบาดได้ GOF เริ่มเป็นที่รู้จักกันในวงกว้างเมื่อราวปีค.ศ.2012 หลังจาก Ralph Baric นักไวรัสวิทยาแห่ง University of North Carolina และ Katherine Spindler นักไวรัสวิทยาจาก University of Michigan Medical School มีการเปิดเผยว่าพวกเขาได้ปรับแต่งไวรัสไข้หวัดนก (H5N1) โดยใช้หลักพันธุวิศวกรรม (Genetic Engineering) และหลักวิวัฒนาการทางตรง (Directed Evolution) ซึ่งสามารถแพร่เชื้อระหว่างพังพอนได้ (Imai et al., 2012 & Herfst et al., 2012) และในปีต่อ ๆ มาจึงเกิดการถกเถียงขึ้นระหว่างผู้สนับสนุนทุนวิจัย นักการเมือง และนักวิทยาศาสตร์ในประเด็นด้านความปลอดภัยและการกำกับดูแลในการเผยแพร่ผลงานที่ควรจะเข้มงวดขึ้น เนื่องจากอาจก่อให้เกิดผลกระทบอื่น ๆ ตามมา นอกจากนี้นักวิจัยบางกลุ่มยังคงมีการตั้งคำถามเกิดขึ้นเกี่ยวกับประโยชน์ที่ได้รับจากงานวิจัยประเภทนี้นั้นมีความคุ้มค่าหรือไม่เมื่อเทียบกับความเสี่ยงที่จะได้รับในวงกว้าง ส่งผลให้ประเด็นการถกเถียงนี้กลายเป็นประเด็นทางการเมืองโดยเฉพาะในประเทศมหาอำนาจอย่างสหรัฐอเมริกา

จากประเด็นที่ร้อนระอุนี้ส่งผลให้หน่วยงานด้านเงินทุนของสหรัฐฯ ซึ่งให้การสนับสนุนการวิจัยในต่างประเทศได้กำหนดให้มีการระงับการวิจัยเกี่ยวกับความสามารถในการทำงานของเชื้อโรค และมอบหมายให้สถาบันสุขภาพแห่งชาติ (NIH) ประเมินความเสี่ยงและผลประโยชน์ที่จะได้รับจากงานวิจัยดังกล่าวนี้ขึ้น (Selgelid, 2016) และในปัจจุบันการวิจัย GOF นี้กลับมามีบทบาทอีกครั้งเมื่อเกิดการระบาดของเชื้อไวรัส COVID-19 หรือโคโรนาไวรัสเนื่องจากมีการสันนิษฐานว่าเชื้อไวรัสนี้เกิดจากข้อผิดพลาดของห้องปฏิบัติการที่หวู่ฮั่นในประเทศจีน ซึ่งมีความเชี่ยวชาญโดยตรงเกี่ยวกับการวิจัย GOF ที่ทำให้เชื้อหลุดออกมาและเกิดการแพร่ระบาดครั้งใหญ่ในขณะนี้ แต่ในเบื้องต้นข้อสันนิษฐานนี้ยังไม่มีหลักฐานยืนยันแน่ชัดว่าสาเหตุของการระบาดนี้เกิดขึ้นจากห้องปฏิบัติการจริงหรือไม่ ซึ่งทางหวู่ฮั่นได้มีการรายงานว่าต้นตอของโคโรนาไวรัสมาจากตลาดสดในเมืองหวู่ฮั่น ประเทศจีน ที่ถ่ายถอดจากค้างคาวมาสู่มนุษย์ แต่กลุ่มนักวิทยาศาสตร์และนักการเมืองยังคงไม่เชื่อหรือยังคงไม่ตัดประเด็นเรื่องแหล่งกำเนิดเกิดจากห้องปฏิบัติการของหวู่ฮั่นออกไป และเรียกร้องให้มีการศึกษาเกี่ยวกับโคโรนาไวรัสอย่างถี่ถ้วนเพื่อตรวจสอบข้อเท็จจริงต่อไป

2.3.2 การประยุกต์ใช้การวิจัย Gain-of-Function

งานวิจัย GOF ที่ทำการทดลองในห้องปฏิบัติการนั้นเป็นแนวทางเชิงรุกเพื่อทำความเข้าใจสิ่งที่จะเกิดขึ้นตามธรรมชาติในที่สุด จากที่กล่าวมาในข้างต้นจะเห็นได้ว่าการวิจัย GOF ถูกนำมาประยุกต์ใช้กับการทดลองด้านไวรัสวิทยา ซึ่งเป็นพื้นฐานในการทำความเข้าใจชีววิทยา นิเวศวิทยา และการเกิดโรคของเชื้อไวรัส นักไวรัสวิทยาใช้การทดลอง GOF เพื่อทำความเข้าใจลักษณะทางพันธุกรรมของไวรัสและลักษณะเฉพาะในการสร้างปฏิสัมพันธ์ระหว่างตัวให้อาศัย (Host) ในมนุษย์หรือสิ่งมีชีวิตอื่น ๆ กับตัวไวรัส โดยการจำแนกประเภทของการวิจัย GOF ขึ้นอยู่กับผลของการทดลอง ซึ่งสามารถจำแนกได้เป็น 3 ประเภทหลัก ๆ (Institute of Medicine and National Research Council, 2015) คือ

1) การวิจัย GOF แบบกังวล (Gain-of-Function of Concern) ซึ่งเกี่ยวข้องกับการสร้างไวรัสที่มีคุณสมบัติใหม่ที่ไม่มีอยู่ในธรรมชาติ อาทิเช่น การผลิตไวรัส H5N1 การผลิตไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A ที่สามารถแพร่เชื้อในอากาศได้ในกลุ่มของพังพอน ในขณะที่สายพันธุ์ที่อยู่ในธรรมชาติจะไม่สามารถแพร่เชื้อในอากาศได้

2) การสร้างไวรัสสายพันธุ์ที่อาจก่อให้เกิดโรคและ/หรือแพร่เชื้อได้มากกว่าไวรัสสายพันธุ์ที่อยู่ในธรรมชาติ แต่มีระดับความรุนแรงของอาการเทียบเท่าหรือน้อยกว่าไวรัสที่อยู่ในธรรมชาติ

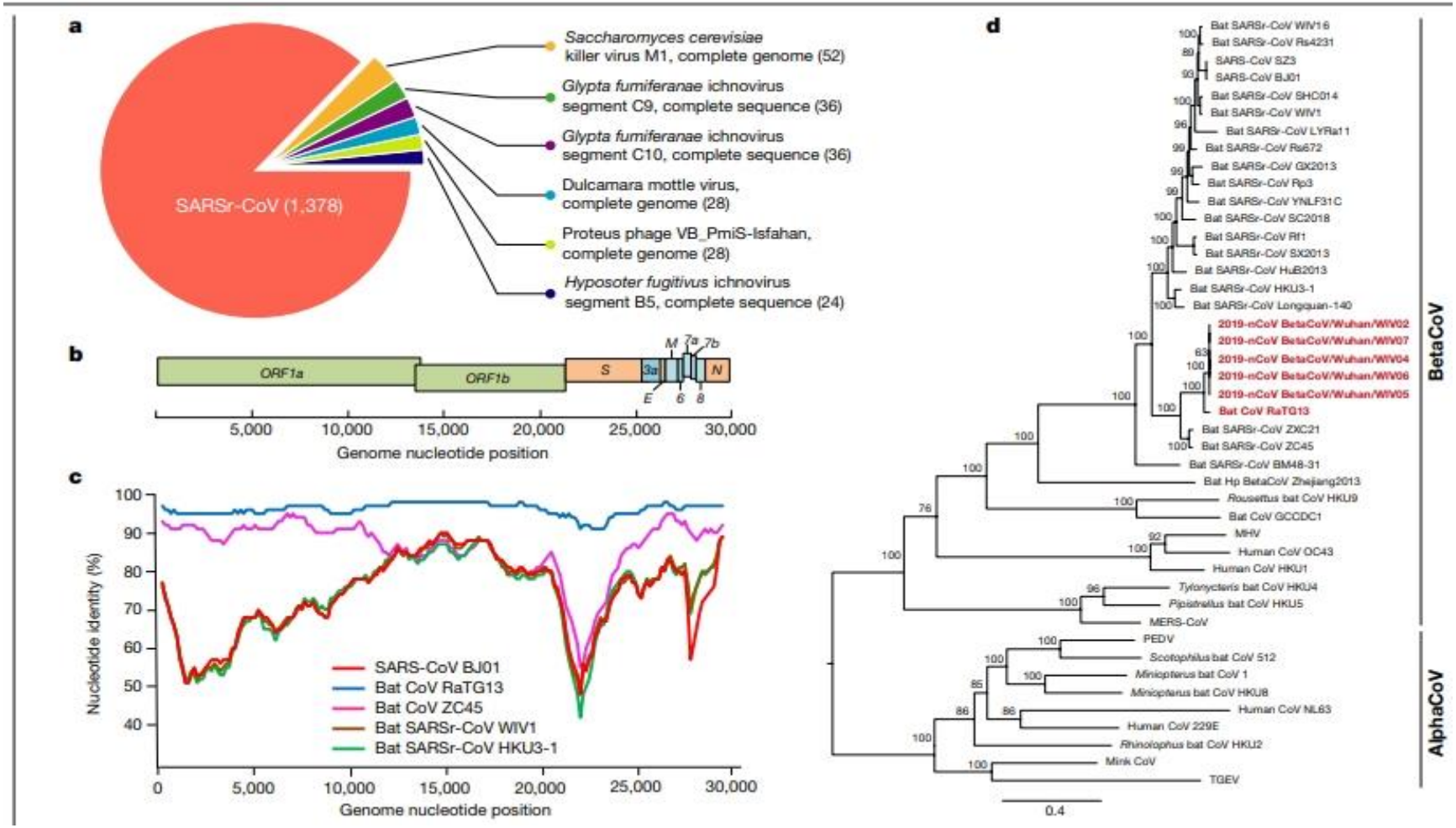
3) การสร้างไวรัสที่ทำให้เกิดโรคและ/หรือแพร่เชื้อได้สูงในสัตว์ ซึ่งยังไม่ปรากฏว่าเป็นปัญหาทางด้านสาธารณสุขที่สำคัญ อาทิเช่น ไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ A/PR/8/34 ที่มีการเติบโตสูง โดยพบว่ามีการก่อโรคในหนูเพิ่มขึ้นแต่ยังไม่พบในมนุษย์

หนึ่งในการวิจัย GOF ที่สำคัญและเป็นสิ่งใกล้ตัวในปัจจุบันคือการทดลอง GOF สำหรับการวิจัยโคโรนาไวรัส หรือ COVID-19 ที่ทวีความรุนแรงในขณะนี้ โคโรนาไวรัสจัดเป็นไวรัสที่มีขนาดใหญ่ที่สุดในกลุ่มไวรัสที่มีสารพันธุกรรม RNA ชนิดสายเดี่ยวที่มีเยื่อหุ้มไขมันล้อมรอบ (Enveloped positive-stranded RNA Virus) จัดอยู่ในตระกูล (Family) Coronaviridae ซึ่งสามารถแบ่งได้เป็น 4 สกุล (Genus) ได้แก่ Alphacoronavirus, Betacoronavirus, Deltacoronavirus และ Gammacoronavirus โดยในปัจจุบันโคโรนาไวรัสที่ก่อโรคในคน (Human Coronavirus: HCoV) มีทั้งหมด 7 สายพันธุ์ แบ่งออกเป็นสายพันธุ์ที่ก่อโรคไม่รุนแรง (Symptoms) จำนวน 4 สายพันธุ์ ได้แก่ สายพันธุ์ HCoV-229E, HCoV-OC43, HCoV-NL63 และ HCoV-HKU1 ซึ่งมักก่อให้เกิดการติดเชื้อในระบบทางเดิน

หายใจส่วนบน (Upper respiratory tract infection) และสายพันธุ์ที่ก่อโรครุนแรง (Disease) จำนวน 3 สายพันธุ์ ได้แก่ สายพันธุ์ SARS-CoV (Severe acute respiratory syndrome coronavirus) ที่ทำให้เกิดโรคทางเดินหายใจเฉียบพลันรุนแรงหรือโรคซาร์สในประเทศจีนและฮ่องกง ช่วงปีพ.ศ. 2545-2546 สายพันธุ์ MERS-CoV (Middle East respiratory syndrome coronavirus) ที่ทำให้เกิดโรคทางเดินหายใจตะวันออกกลาง หรือโรคเมอร์สในช่วงปีพ.ศ.2555-2556 และสายพันธุ์ SARS-CoV2 (Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2) เป็นสายพันธุ์ที่พึ่งค้นพบและก่อให้เกิดการแพร่ระบาดอย่างรุนแรงในปัจจุบัน หรือที่รู้จักกันในชื่อ COVID-19

จากการศึกษารหัสพันธุกรรมและลำดับนิวคลีโอไทด์ทั้งหมดในจีโนม (Whole genome sequencing) ของเชื้อไวรัส SARS-CoV-2 พบว่ามีลำดับนิวคลิโอไทด์ประมาณ 29,903 คู่เบส (MN908947) และมีความใกล้เคียงกับเชื้อในกลุ่มไวรัสซาร์สของค้างคาว (Bat SARS-like coronavirus ZC45) ถึงเกือบร้อยละ 89 ในขณะที่ใกล้เคียงกับไวรัสซาร์สของคน (SARS-CoV) ประมาณร้อยละ 79 และไวรัส MERS-CoV ประมาณร้อยละ 50 (สุรัยยา และคณะ, 2563) เมื่อนำข้อมูลของผู้ป่วยคนหนึ่ง (WIV04) ที่มีการเก็บตัวอย่างจากของเหลวล้างหลอดลม (Bronchoalveolar: BALF) มาวิเคราะห์เมตาจีโนมิกส์ (Metagenomics analysis) พบว่า มีลำดับจีโนมตรงกับลำดับของ SARSr-Cov จำนวน 1,378 ลำดับ คิดเป็น 87.1 เปอร์เซ็นต์ ดังแสดงในภาพที่ 14a

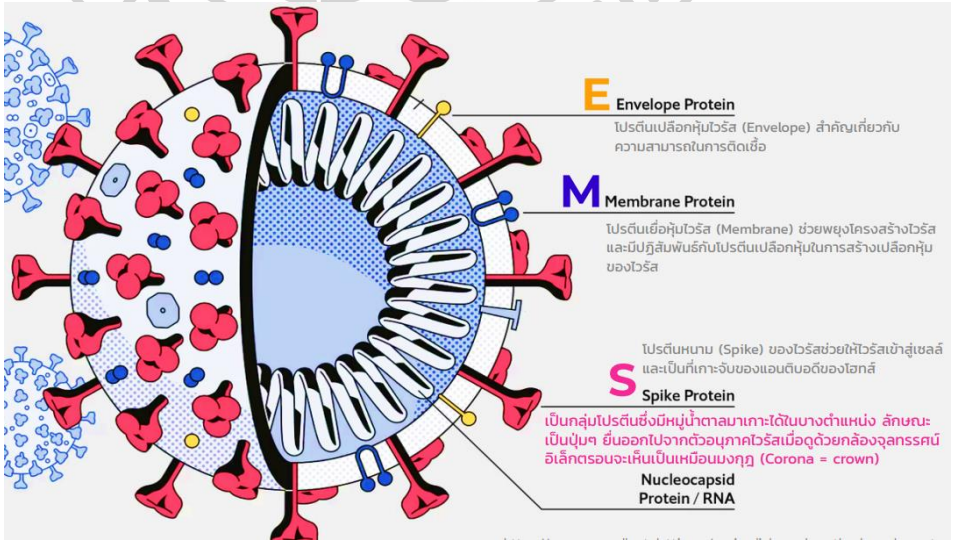
มหาวิทยาลัยศิลปากร



ภาพที่ 14 การกำหนดลักษณะจีโนมของ SARS-CoV-2

ที่มา: Zhou et al. (2020)

โครงสร้างจีโนมของไวรัส SAR-CoV-2 มีลักษณะเช่นเดียวกับจีโนมของไวรัส SAR-CoV โดยแบ่งออกเป็น 2 ส่วน คือ ส่วน non-structural protein (nsp) และส่วน structural protein ซึ่งเมื่อนำมาวิเคราะห์พบว่าลักษณะรูปร่างของโครงสร้างเปลี่ยนแปลงไปตามยีนที่ใช้ในการศึกษา เนื่องจากไวรัสในกุล่มนี้เกิด recombination ประมาณ 2 ใน 3 ส่วนจากปลาย 5’ ของโครงสร้างจีโนมไวรัสโคโรนา ประกอบด้วย open reading frame 1a (ORF1a) และ open reading frame 1b (ORF1b) ซึ่งทำหน้าที่สร้าง non-structural protein 16 ชนิดที่มีคุณสมบัติเป็นเอนไซม์ในการจำลองแบบ โดยจะทำหน้าที่ในขบวนการ viral replication เพื่อเพิ่มจำนวนไวรัสในเซลล์ที่ติดเชื้อ และสร้าง RNA recombination ที่เหลือ 1 ใน 3 ส่วนด้านปลาย 3’ ซึ่งทำหน้าที่สร้างโปรตีนโครงสร้างหลัก 4 ชนิด ได้แก่ โปรตีนหนาม (Spike protein: S) โปรตีนเยื่อหุ้มไวรัส (Membrane protein: M) โปรตีนเปลือกหุ้มไวรัส (Envelope protein: E) และนิวคลิโอแคพซิด (Nucleocapsid: N) ดังแสดงในภาพที่ 2-14b โปรตีนหนามเป็นโปรตีนที่ยื่นออกมาจากเปลือกหุ้มไวรัส เมื่อนำไปส่องด้วยกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนพบว่าโปรตีนหนามเหล่านี้จะมีลักษณะคล้ายกับมงกุฎเปรียบเสมือนขาให้กับไวรัส ซึ่งมีความสำคัญต่อการก่อโรคในมนุษย์ โปรตีนเยื่อหุ้มและเปลือกหุ้มไวรัสเป็นส่วนประกอบบนเปลือกของไวรัส และโปรตีนนิวคลิโอแคพซิดเป็นโปรตีนที่จับบนจีโนมซึ่งทำให้เกิดแคปซิดที่สมมาตรในลักษณะเกลียว (Helix) (สุรัยยา และคณะ, 2563) โดยโครงสร้างของไวรัสสามารถแสดงได้ดังภาพที่ 15



ภาพที่15 โครงสร้างของไวรัส

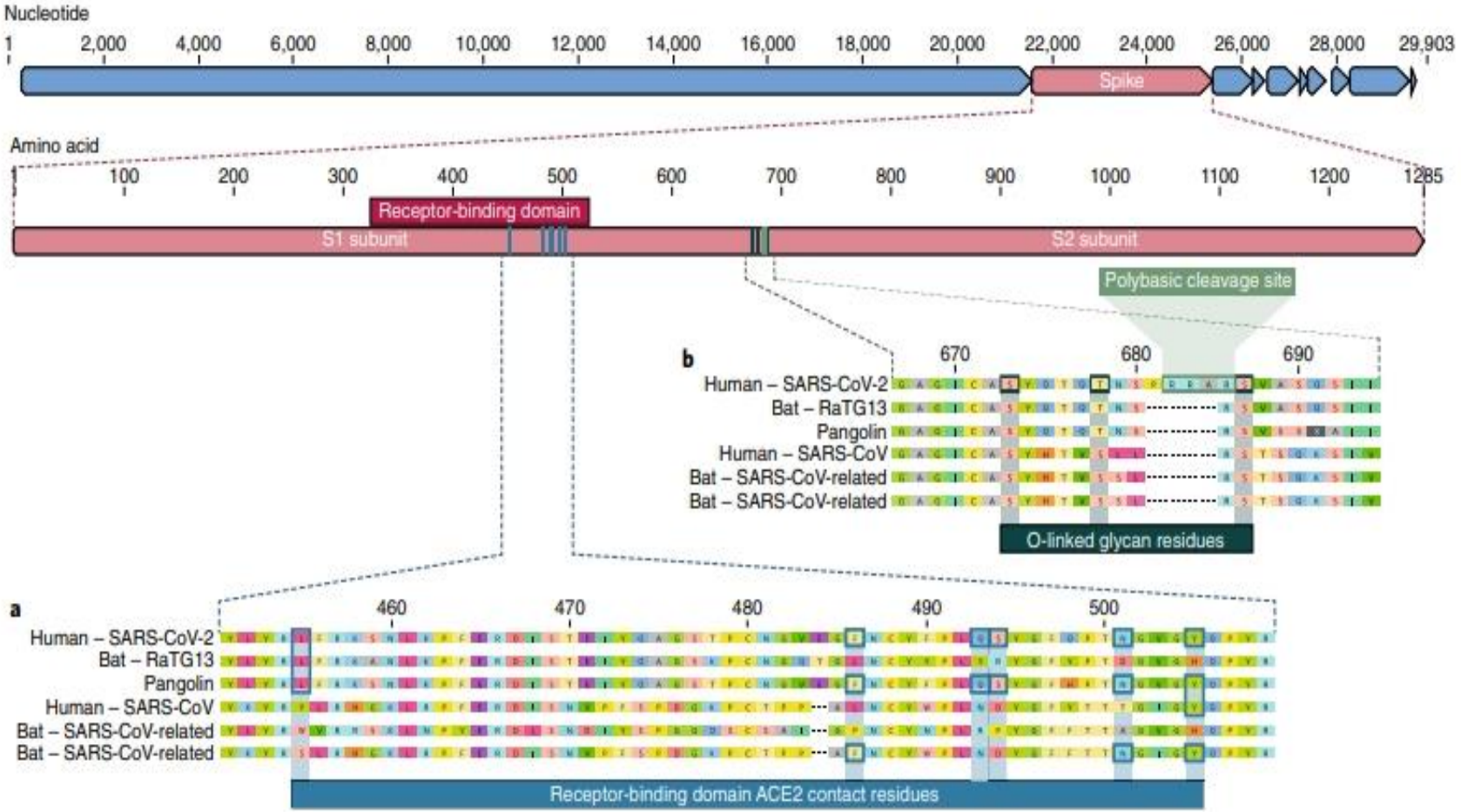
ที่มา: กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. (2564).

จากการพิจารณาต้นกำเนิดของโคโรนาไวรัสพบว่ามีต้นกำเนิดมาจากค้างคาวเช่นเดียวกัน โดยไวรัสซาร์สและเมอร์สมีตัวกลางในการรับเชื้อไวรัสจากค้างคาวเป็นสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม และอาศัยการถ่ายทอดไปสู่มนุษย์ผ่านชะมดและอูฐหนอกเดียว สำหรับไวรัส SARS-CoV-2 ยังไม่พบว่ามีการถ่ายทอดเชื้อมาสู่มนุษย์ผ่านสัตว์ชนิดใด แต่จากการศึกษาเมตาจีโนมิกส์ของนิ่ม (Pangolins) พบว่าในตัวนิ่มมีจีโนมของเชื้อเบตาโคโรนาไวรัส ซึ่งเป็นลักษณะเดียวกันกับเชื้อไวรัสที่ตรวจพบในผู้ป่วยโควิด จึงคาดว่านิ่มอาจจะเป็นตัวกลางในการรับและถ่ายทอดเชื้อจากค้างคาวไปสู่มนุษย์ (Zhou, D. et al, 2020) และจากการศึกษาของ Zhou และคณะ พบว่าบริเวณสั้น ๆ ของ RNA-dependent RNA polymerase (RdRp) จากเชื้อไวรัสโคโรนาของค้างคาว (BatCoV RaTG13) มีลำดับเกี่ยวข้องกับไวรัส SARS-CoV-2 ค่อนข้างสูง จึงดำเนินการหาลำดับความยาวแบบเต็มของ RNA ตัวอย่าง โดยอาศัยการวิเคราะห์อย่างง่าย (Simplot analysis) ซึ่งพบว่าเชื้อไวรัส SARS-CoV-2 และเชื้อไวรัส RaTG13 มีความคลึงกันอย่างมากตลอดทั้งจีโนม โดยมีลำดับความเหมือนกันของจีโนมถึง 96.2 เปอร์เซ็นต์ ดังแสดงในภาพที่ 14c และเมื่อวิเคราะห์สายวิวัฒนาการของจีโนมแบบเต็มความยาว (full-length genome) และลำดับยีนของ RdRp และโปรตีนหนามแสดงให้เห็นว่าเชื้อไวรัส RaTG13 มีความสัมพันธ์อย่างใกล้ชิดกับเชื้อไวรัส SARS-CoV-2 และยังสร้างสายวิวัฒนาการที่แตกต่างจาก SARS-CoV อื่น ๆ อีกด้วย ดังแสดงในภาพที่ 14d

จากการศึกษาการแพร่กระจายเชื้อ SARS-CoV และ MERS-CoV นั้นจัดอยู่ในประเภทที่แตกต่างจากการวิจัยเชื้อไข้หวัดใหญ่ เนื่องจากมีความแตกต่างทางชีววิทยาพื้นฐานระหว่างไวรัสเหล่านี้ ในช่วงแรกไวรัส SARS-CoV มีวิวัฒนาการเพื่อให้เกิดการแพร่ระบาดในเซลล์ของมนุษย์ที่ตัวรับไวรัสที่เรียกว่า Angiotensin-Converting Enzyme 2 หรือ ACE 2 ได้อย่างมีประสิทธิภาพ ผลการวิจัยได้รับการยืนยันมากยิ่งขึ้นภายหลังการระบาดใหญ่ของ SARS-CoV ราวปีพ.ศ.2546 ในประเทศจีน ซึ่งแสดงให้เห็นการเปลี่ยนแปลงอย่างค่อยเป็นค่อยไปในลำดับของกรดอะมิโนในจีโนมทั้งหมดที่เกี่ยวข้องกับเชื้อไวรัส SARS-CoV จากการทดลองในเยื่อบุผิวทางเดินหายใจของมนุษย์และการทดลองในสัตว์ทดลองแสดงให้เห็นว่าในขณะที่สายพันธุ์ของมนุษย์สามารถแพร่เชื้อและทำซ้ำได้อย่างมีประสิทธิภาพในเซลล์ที่แสดงตัวรับ ACE2 ของมนุษย์ในสายพันธุ์ค้างคาว แต่สายพันธุ์ชะมดไม่สามารถใช้ตัวรับ ACE 2 ของมนุษย์ได้ (Institute of Medicine and National Research Council, 2015)

กลไกการติดเชื้อของโคโรนาไวรัสเกิดจากการใช้โปรตีนส่วนหนามจับกับตัวรับจำเพาะที่อยู่บนผิวเซลล์ของตัวให้อาศัย (host) จากนั้นเซลล์จะได้รับสารพันธุกรรมจากกระบวนการปลดปล่อยสารจนสารพันธุกรรมเกิดการเพิ่มจำนวนและประกอบรวมเป็นอนุภาคไวรัสใหม่ต่อไป ขั้นตอนการจับกับตัวรับที่จำเพาะบนผิวเซลล์เป็นกระบวนการสำคัญ เนื่องจากจะเป็นตัวบ่งชี้ว่าไวรัสจะสามารถเข้าสู่เซลล์ของตัวให้อาศัยเพื่อก่อให้เกิดการติดเชื้อได้หรือไม่ และการศึกษาตัวรับ (Receptor) บนผิวเซลล์ของเซลล์ตัวรับมีความสำคัญในการก่อโรคของเชื้อไวรัสสำหรับเชื้อในกลุ่มเบตาโคโรนาไวรัสที่ก่อโรครุนแรง เมื่อพิจารณาโครงสร้างนิวคลิโอไทด์ในส่วนโปรตีนหนามของเชื้อไวรัส SARS-CoV-2 พบว่าโปรตีนทั้งหมดมีความคล้ายคลึงกับไวรัสซาร์ส ร้อยละ 76-78 โดยไวรัสซาร์สของค้างคาวและของคนใช้โมเลกุล angiotensin-converting enzyme 2 (ACE2) เป็นตัวรับในการเข้าสู่เซลล์ ดังนั้นจึงคาดว่าไวรัส SARS-CoV-2 น่าจะใช้โมเลกุล ACE2 ในการเข้าสู่เซลล์ตัวรับเช่นเดียวกัน โดยลักษณะและตำแหน่งของโปรตีนหนามในมนุษย์ของเชื้อไวรัส SARS-CoV-2 สามารถแสดงได้ดังภาพที่ 16

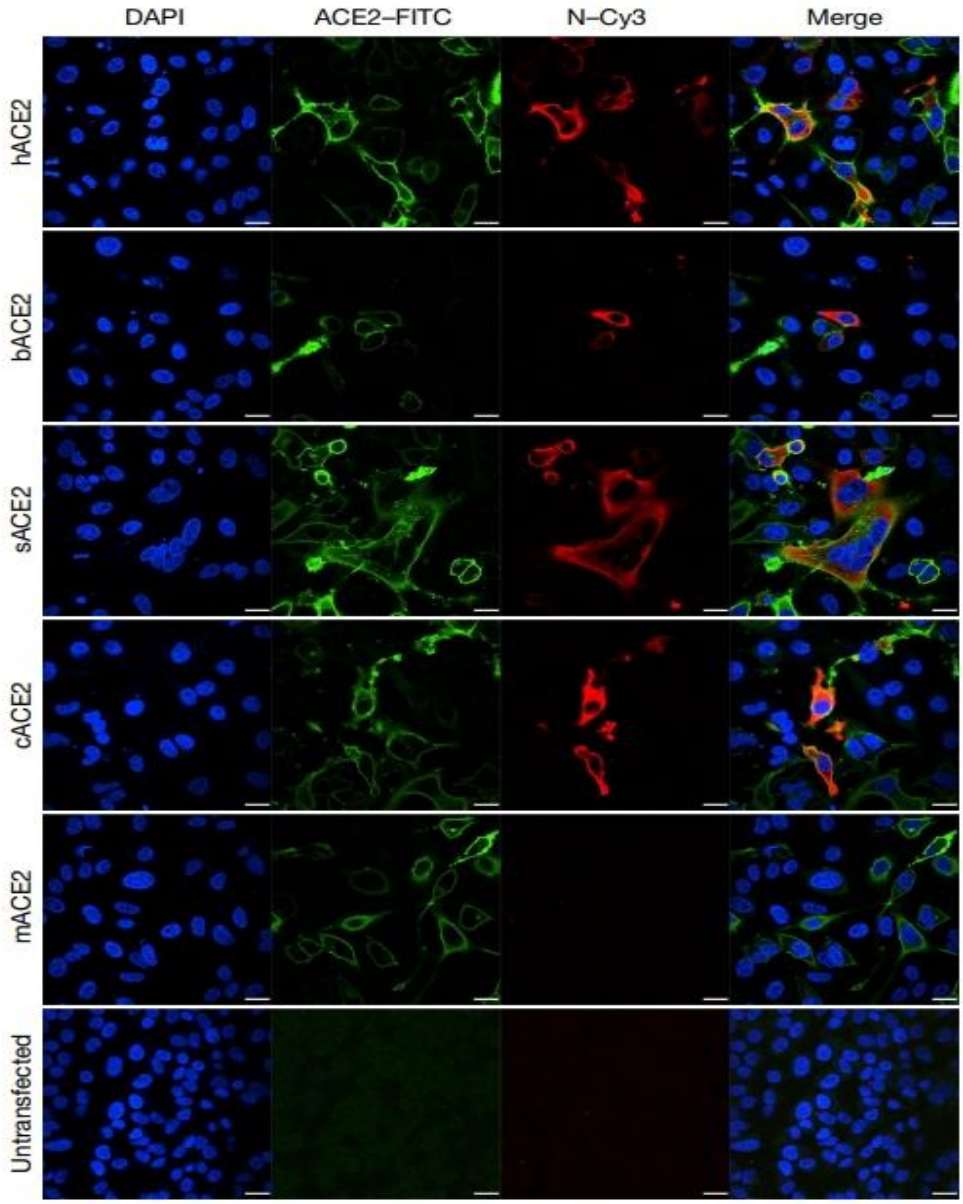
มหาวิทยาลัยศิลปากร



ภาพที่ 16 ลักษณะของโปรตีน spike ในมนุษย์ของ SARS-CoV-2 และโคโรนาไวรัสที่เกี่ยวข้อง

ที่มา: Andersen, K.G., et al. (2020).

ก่อนที่จะทราบว่า ACE2 เป็นตัวรับเซลล์สำหรับเชื้อไวรัส SARS-CoV-2 ได้มีการทดสอบด้วยการศึกษาการติดเชื้อของไวรัส โดยใช้เซลล์ HeLa ที่แสดงหรือไม่แสดงโปรตีน ACE2 จากมนุษย์ ค้างคาวเกือกม้า ชะมด สุกร และหนู จากการศึกษาพบว่าเชื้อไวรัส SARS-CoV-2 ใช้ ACE2 เป็นตัวรับเชื้อเข้าสู่เซลล์ในสัตว์ทดลองทุกชนิด แต่หนูให้ผลการทดลองแตกต่างประการหนึ่งคือเซลล์ที่เป็นตัวรับ ACE2 ไม่ใช่เซลล์ที่แสดงโปรตีน ACE2 เหมือนกับสัตว์ทดลองชนิดอื่น จึงสามารถสรุปได้ว่า ACE2 น่าจะเป็นตัวรับเซลล์ที่เชื้อไวรัส SARS-CoV-2 ใช้ในการเข้าสู่เซลล์ระบบทางเดินหายใจ โดยผลการทดสอบแสดงได้ดังภาพที่ 17

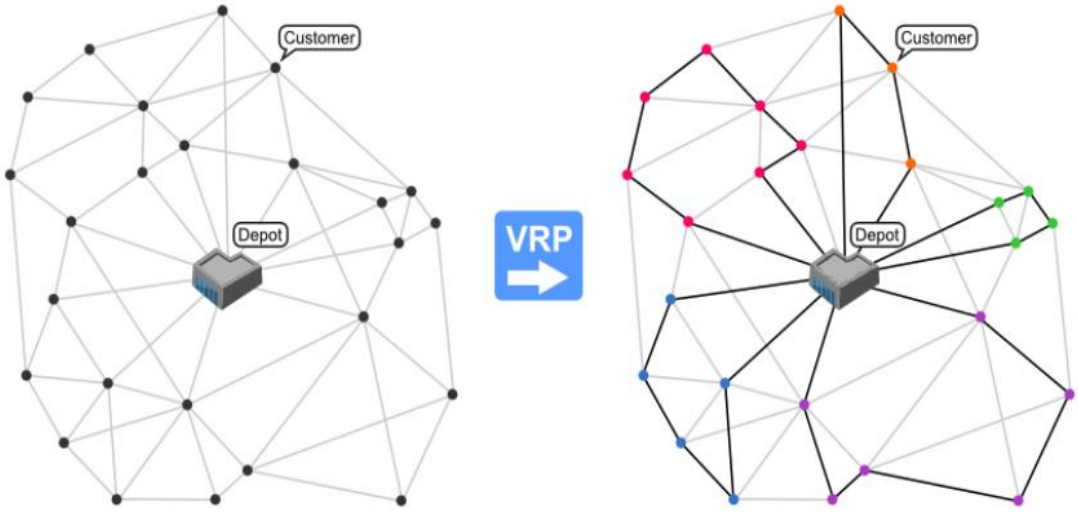


ภาพที่ 17 การวิเคราะห์การใช้ตัวรับของเชื้อไวรัส SARS-CoV-2

ที่มา: Zhou, P. et al. (2020)

2.4 ปัญหาการจัดเส้นทางการเดินรถ

ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถ (Vehicle Routing Problem: VRP) ถูกคิดค้นขึ้นครั้งแรกเมื่อ 50 ปีที่แล้ว โดย Dantzig และคณะ ภายใต้ชื่อ “The Truck Dispatching Problem” โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อออกแบบเส้นทางที่เหมาะสมของกองรถบรรทุกน้ำมันเบนซินระหว่างท่าเทียบเรือสินค้าเทกองกับสถานีบริการจำนวนมากที่จัดหามาให้โดยท่าเทียบเรือ (Dantzig et al., 1959) เส้นทางที่เหมาะสมที่สุดไม่ใช่เส้นทางที่มีระยะทางสั้นที่สุด หรือมีจำนวนยานพาหนะน้อยที่สุด แต่เป็นเส้นทางที่เหมาะสมที่สุดในแง่ของต้นทุน การจัดเส้นทางแบบดั้งเดิมมีหลักการสำคัญอยู่ภายใต้เงื่อนไข 4 ประการ (Toth and Vigo, 2002) คือ 1) ในแต่ละเส้นทางต้องมีจุดเริ่มต้นและจุดสิ้นสุด ณ ตำแหน่งเดียวกัน 2) ลูกค้าแต่ละรายต้องได้รับบริการจากยานพาหนะคันเดียวกันเท่านั้น 3) ปริมาณความต้องการของลูกค้าแต่ละเส้นทางต้องไม่เกินปริมาณความจุของยานพาหนะ และ 4) ต้นทุนโดยรวมของแต่ละเส้นทางมีค่าต่ำที่สุด ตัวอย่างการจัดเส้นทางสามารถแสดงได้ดังภาพที่ 18



ภาพที่ 18 ปัญหาการจัดเส้นทางการเดินรถ (Vehicle Routing Problem: VRP)

ปัญหา VRP จึงเป็นปัญหาการกำหนดเส้นที่เหมาะสมที่สุดจากจุดต้นทางหนึ่งจุดไปยังปลายทางต่าง ๆ โดยคำนึงถึงข้อจำกัดเฉพาะทางธุรกิจ อาทิ ข้อจำกัดด้านยานพาหนะและทรัพยากร ข้อจำกัดด้านเวลา ข้อจำกัดด้านระยะทาง เป็นต้น มีวัตถุประสงค์ของการออกแบบและจัดเส้นทางเดินรถเพื่อให้ได้ค่าเหมาะสมที่สุด 4 ประการ ดังนี้ (รัฐกร, 2558 อ้างถึง เครือวัลย์, 2547)

1) เพื่อลดจำนวนรถขนส่งสินค้าหรือเพื่อลดค่าใช้จ่ายต้นทุนคงที่ (Fixed cost) ที่เกิดขึ้นในการขนส่งแต่ละครั้ง เมื่อจำนวนรถลดลง ความจำเป็นในการจ้างพนักงานขับรถเพิ่มจึงน้อยลงตามไปด้วย
2) เพื่อลดระยะทางในการเดินทางหรือลดระยะเวลาในการเดินทาง เมื่อระยะทางและระยะเวลาลดลง ค่าใช้จ่ายต้นทุนแปรผัน (Variable cost) ที่เกิดขึ้นในการขนส่งแต่ละครั้งจะลดลงตามไปด้วย ค่าใช้จ่ายต้นทุนแปรผัน ได้แก่ ค่าน้ำมันและค่าเปลี่ยนถ่ายของเหลว เช่น น้ำมันเครื่อง น้ำมันเกียร์ น้ำมันเบรก เป็นต้น ซึ่งของเหลวเหล่านี้มีค่าแปรผันตรงตามจำนวนระยะทาง
3) เพื่อลดทั้งค่าใช้จ่ายต้นทุนคงที่และค่าใช้จ่ายต้นทุนแปรผัน กล่าวคือ ลดทั้งจำนวนรถ ระยะเวลา และระยะทางในการเดินทาง ซึ่งถือว่าเป็นการลดค่าใช้จ่ายต้นทุนทั้งหมดให้มีค่าน้อยที่สุด (Total cost minimization)
4) ออกแบบเส้นทางเพื่อเพิ่มความพึงพอใจให้กับผู้รับบริการ ทั้งนี้การออกแบบเส้นทางเดินรถส่วนใหญ่จะคำนึงถึงวัตถุประสงค์ใน 3 ข้อแรกก่อนเป็นสำคัญ

ในเวลาต่อมาปัญหา VRP ได้รับความสนใจอย่างมากในทางการดำเนินธุรกิจ เนื่องจากต้นทุนด้านการขนส่งจัดเป็นต้นทุนสำคัญประการหนึ่งที่ส่งผลกระทบต่อต้นทุนโดยรวมขององค์กร อีกทั้งจัดเป็นต้นทุนที่มีสัดส่วนค่อนข้างสูงเมื่อเทียบกับต้นทุนทั้งหมดซึ่งไม่สามารถหลีกเลี่ยงได้ จึงเกิดการพัฒนาลักษณะของปัญหา VRP ในลักษณะเฉพาะทางมากยิ่งขึ้น อย่างการเพิ่มเงื่อนไขและข้อจำกัดต่าง ๆ เข้าไป อาทิ จำนวนพาหนะในการขนส่ง รูปแบบการขนส่ง ปริมาณที่สามารถขนส่งได้ เป็นต้น โดย Toth and Vigo (2002) ได้แบ่งประเภทปัญหา VRP ไว้ 9 ประเภท ดังแสดงในตารางที่ 1

ตารางที่ 1 ประเภทของปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถ

รูปแบบปัญหา	ชื่อย่อ	ความหมาย
Capacitated VRP	CVRP	ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ
VRP with Time Windows	VRPTW	ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีกรอบเวลาในการจัดส่ง
VRP with Backhaul	VRPB	ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีการส่งกลับมายังคลังเดิม
VRP with Pickup and Delivery	VRPPD	ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีการรับ-ส่งสินค้า
VRPPD with Time Windows	VRPPDTW	ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีการรับ-ส่งสินค้าและมีกรอบเวลา
VRP with Multiple Depots	MDVRP	ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีหลายคลังสินค้า
Periodic VRP	PVRP	ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีช่วงเวลา
Split Delivery VRP	SDVRP	ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีการแยกสินค้าส่งออกเป็น ส่วน ๆ
Stochastic VRP	SVRP	ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีความไม่แน่นอน

วิธีการแก้ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถสามารถแบ่งหลัก ๆ ได้เป็น 3 วิธี (รัฐกร, 2558) คือ 1) วิธีการแก้ปัญหาแบบ Mathematic Programming เป็นวิธีการที่สามารถหาคำตอบได้ดีที่สุด เหมาะสำหรับปัญหาที่มีขนาดเล็ก เนื่องจากเป็นการหาคำตอบแบบอาศัยหลักการทางคณิตศาสตร์ ยิ่งปัญหามีขนาดใหญ่มากขึ้นความซับซ้อนในการแก้ปัญหายิ่งมากขึ้นตามไปด้วย ส่งผลให้ปัญหาที่มีขนาดใหญ่จะต้องใช้เวลาในการหาคำตอบนานกว่าปัญหาขนาดเล็ก 2) วิธีการแก้ปัญหาแบบ Constructive Approach จะเป็นวิธีการแก้ปัญหาที่สร้างขึ้นมาเพื่อแก้ปัญหาการวางแผนการขนส่งโดยเฉพาะ ไม่สามารถนำไปใช้ในการแก้ปัญหาอื่นได้ และคำตอบที่ได้จากการแก้ปัญหาด้วยวิธีนี้จะไม่สามารถการันตีคำตอบได้ เนื่องจากคำตอบที่ได้รับเป็นคำตอบจากการอาศัยหลักการประมาณ และ 3) วิธีการแก้ปัญหาแบบปัญญาประดิษฐ์ (Artificial Intelligent) เป็นวิธีการแก้ปัญหาที่เหมาะสำหรับปัญหาที่มีความซับซ้อนค่อนข้างสูง และมีความยืดหยุ่นในการแก้ปัญหา สามารถใช้กับปัญหาได้ทุกขนาด แต่ต้องอาศัยการประยุกต์วิธีการให้สอดคล้องกับแต่ละปัญหาค่อนข้างมาก การแก้ปัญหาด้วยวิธีนี้อาจไม่ได้ค่าคำตอบที่ดีที่สุดเสมอ แต่คำตอบที่ได้รับจัดเป็นคำตอบที่ดีและสามารถยอมรับได้ ข้อดี

หลัก ๆ ของวิธีการแก้ปัญหาด้วยวิธีนี้ คือ ใช้ระยะเวลาในการค้นหาคำตอบที่รวดเร็ว แม้ปัญหาจะมีขนาดใหญ่ หรือมีความซับซ้อนสูงก็ตาม ในทางปฏิบัติจึงนิยมใช้วิธีการแก้ปัญหาด้วยวิธีนี้ เนื่องจากมีเวลาที่ค่อนข้างจำกัด จึงไม่สามารถรอคำตอบเป็นเวลานานได้

จากการศึกษาพบว่าปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถ สามารถแสดงด้วยแบบจำลองทางคณิตศาสตร์มาตรฐานดังนี้ (รัฐกร, 2558)

ดัชนี (Indices)

$i =$ ลำดับลูกค้าที่ i โดยที่ $i = 1, 2, \dots, n$

$j =$ ลำดับลูกค้าที่ j โดยที่ $j = 1, 2, \dots, n$

$k =$ ยานพาหนะในการขนส่งสินค้าที่ k โดยที่ $k = 1, 2, \dots, n$

ตัวแปรที่ทราบค่า (Parameters)

$D_i =$ ความต้องการสินค้าของลูกค้าที่ i โดยกำหนดให้ $D_i = 0$

$C_{ij} =$ ระยะทางระหว่างลูกค้าที่ i ไปยังลูกค้าที่ j

$Q_k =$ ความสามารถในการขนส่งสินค้าของยานพาหนะขนส่งที่ k

ตัวแปรในการตัดสินใจ (Decision Variables)

$$X_{ijk} = \begin{cases} 1 & \text{ในกรณีที่มีการเดินทางจาก } i \text{ ไป } j \\ 0 & \text{ในกรณีอื่น ๆ} \end{cases}$$

$U_i =$ แปรสนับสนุน (Auxiliary variable) ที่มีค่ามากกว่าหรือเท่ากับ 0 ตัว

ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective Function)

$$Min\ z\ = \sum_{i=1}^{n} \sum_{j=1}^{n} \sum_{k=1}^{k} C_{ij} X_{ij}^{k} \qquad (2.1)$$

สมการข้อจำกัด (Constraints)

$$\sum_{i=1}^{n} \sum_{k=1}^{k} X_{ij}^{k} = 1 \quad \forall_j = 2, \dots, n \qquad (2.2)$$

$$\sum_{j=1}^{n} \sum_{k=1}^{k} X_{ij}^{k} = 1 \quad \forall_i = 2, \dots, n \qquad (2.3)$$

$$\sum_{i=1}^{n} X_{ip}^{k} - \sum_{j=1}^{k} X_{pj}^{k} = 0 \quad \forall_k = 1,2, \dots, n,\ p = 1,2, \dots, n \qquad (2.4)$$

$$\sum_{i=1}^{n} D_i\left(\sum_{j=1}^{n} X_{ij}^{k}\right) \leq Q_k \qquad \forall_k = 1,2,\ldots,k \tag{2.5}$$

$$\sum_{j=2}^{n} X_{1j}^{k} \leq 1 \qquad \forall_k = 1,2,\ldots,k \tag{2.6}$$

$$\sum_{i=2}^{n} X_{j1}^{k} \leq 1 \qquad \forall_k = 1,2,\ldots,k \tag{2.7}$$

$$U_i - U_j + N\sum_{k=1}^{k} X_{ij}^{k} \leq N-1 \quad \forall_{i,j} = 2,\ldots,n \; and \; i \neq j \tag{2.8}$$

$$X_{ij}^{k} \in \{0,1\} \quad \forall_{i,j} = 1,2,\ldots,n\,,k(1,2,\ldots,k) \tag{2.9}$$

สมการเป้าหมายแสดงวัตถุประสงค์ที่ (2.1) เพื่อให้เกิดระยะทางรวมที่ต่ำที่สุด สมการเงื่อนไข (2.2) และ (2.3) กำหนดให้ลูกค้าแต่ละรายสามารถรับบริการยานพาหนะได้เพียงหนึ่งคันหรือหนึ่งเส้นทาง สมการเงื่อนไข (2.4) แสดงความต่อเนื่องในแต่ละจุดที่เชื่อมกันอยู่ในเส้นทางเมื่อยานพาหนะเข้ายังจุดใด ๆ และออกจากจุดนั้น สมการเงื่อนไข (2.5) แสดงข้อจำกัดความจุของยานพาหนะ สมการเงื่อนไข (2.6) และ (2.7) ยืนยันว่ามีจำนวนยานพาหนะเท่าที่กำหนด สมการเงื่อนไข (2.8) กำหนดให้ตัวแปรสนับสนุนมีค่ามากกว่าหรือ เท่ากับ 0 สมการเงื่อนไข (2.9) กำหนดให้ตัวแปรในการตัดสินใจมีค่าเท่ากับ 0 หรือ 1

2.5 **งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง**

Ren, C. (2012) ได้ทำการศึกษาการประยุกขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการแก้ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการแก้ปัญหาทางด้านโลจิสติกส์ที่ถือเป็นปัญหาสำคัญในการดำเนินธุรกิจ โดยเปรียบเทียบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่พัฒนาในส่วนการเข้ารหัสเป็นการเข้ารหัสแบบจำนวนธรรมชาติ (Natural number) เพื่อลดความซับซ้อนของปัญหาและในส่วนการสลับสายพันธุ์ที่ปรับปรุงวิธีการให้สามารถหลีกเลี่ยงการทำลายยีนส่วนที่ดี ซึ่งถูกเรียกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบไฮบริดกับวิธีการแบบประหยัด วิธีการค้นหาแบบทาบู วิธีการอบอ่อน และวิธีอาณาจักรมด ทำการทดสอบกับปัญหา E-n51-k5 ของ Christofides และ Elion ผลการทดสอบพบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบไฮบริดนี้ให้ค่าคำตอบที่ดีที่สุด เท่ากับ 524.032 ซึ่งเป็นคำตอบที่ดีที่สุดเมื่อเทียบกับวิธีอื่น ๆ ที่ทำการทดสอบด้วยนั้น

Zhang, Y. et al. (2020) ได้นำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบใหม่ที่มีการปรับปรุงด้วยการผสมผสานวิธีการปรับอัตราส่วนฟิตเนสเพื่อแปลงค่าเดิมให้เป็นค่าใหม่ที่มีความเหมาะสมยิ่งกว่าร่วมกับการใช้พารามิเตอร์แบบปรับได้และการค้นหาแบบเฉพาะที่ (Local search) โดยในการทดลอง

ได้ทำการเปรียบเทียบผลการทดสอบจากวิธีต่าง ๆ ได้แก่ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ได้รับการปรับปรุง (IGA) ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบดั้งเดิม (GA) วิธีการอบอ่อน (SA) วิธีการค้นหาแบบทาบู และวิธีการหาค่าเหมาะสมเชิงอนุภาคแบบฝูง (PSO)เพื่อแก้ปัญหาการกำหนดเส้นทางเดินรถแบบหลายคลัง (MDVRP) จำนวน 30 ปัญหามาตรฐาน ผลการทดสอบพบว่าวิธี IGA มีประสิทธิภาพการค้นหาคำตอบที่ดีมากที่สุดจำนวน 24 ปัญหาตัวอย่าง ในขณะที่วิธี GA ให้ผลการค้นหาคำตอบในอัตราที่แย่ที่สุดเมื่อเทียบกับวิธีทั้งหมดที่นำมาเปรียบเทียบ โดยสามารถคนหาคำตอบที่ดีได้เพียง 20 ปัญหาตัวอย่าง

Chrominski et al. (2020) ได้นำเสนอการดำเนินการรูปแบบใหม่ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยอาศัยหลักการของกระบวนการเหนือพันธุกรรม (Epigenetic) ของ Cytosine methylation มาเป็นพื้นฐานในการเลียนแบบกระบวนการสลับสายพันธุ์ (Crossover) เมื่อเกิดกระบวนการจำลอง Cytosine methylation ขึ้นในขั้นตอนการสลับสายพันธุ์จะส่งผลให้จีโนไทป์ส่วนหนึ่งถูกปิดกั้นไม่ให้มีส่วนร่วมในการสลับสายพันธุ์ ซึ่งสามารถเทียบได้กับข้อเท็จจริงที่ว่าชิ้นส่วนของจีโนมที่ผ่านกระบวนการ Cytosine methylation จะไม่ถูกส่งต่อไปยังรุ่นลูกหลาน หรือไม่ปรากฏในประชากรใหม่ ส่วนการทำงานของขั้นตอนอื่น ๆ จะสอดคล้องกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมพื้นฐาน จากการทดลองกับข้อมูลจำนวน 5 ชุดที่แตกต่างกัน พบว่า การประยุกต์ใช้การปรับเปลี่ยนการดำเนินงานที่ถูกเสนอขึ้นสามารถปรับปรุงประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมได้ โดยการลดจำนวนรุ่นและระยะเวลาในการค้นหาคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมลง ในขณะที่ผลลัพธ์ของคำตอบมีค่าใกล้เคียงกัน

Ochelska-Mierzejewska et al. (2021) ได้นำเสนอแนวคิดในการใช้ตัวดำเนินการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่แตกต่างกันสำหรับปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถ โดยทำการทดลองกับปัญหาตัวอย่างทั้งสิ้น 6 ปัญหาเพื่อหาสัดส่วนการใช้ตัวดำเนินการทางพันธุกรรมกับประชากรที่ส่งผลต่อคำตอบที่ได้รับ และศึกษาพฤติกรรมของตัวดำเนินการ ซึ่งแบ่งการทดลองออกเป็น 5 การทดลอง ได้แก่ การทดลองแบบ All Combination, Moderate Setting, Fast (AcMsF) การทดลองแบบ All Combinations, Moderate Settings, Long (AcMsL) การทดลองแบบ Crossover Domination (CD) การทดลองแบบ Mutation Domination (MD) และการทดลอง Best Combinations, Long, Large Examples (BcLBi) จากผลการศึกษาพบว่าตัวดำเนินการแลกเปลี่ยนยีน (Crossover) ตัวดำเนินการค้นหา และตัวดำเนินการแทนที่มีผลกระทบต่อการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุด (Global optimum) โดยทำให้การค้นหาคำตอบไม่ติดอยู่ในตำแหน่งของคำตอบที่ดี (Local optimum)

นอกจากนี้ยังมีข้อสังเกตว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถค้นหาผลลัพธ์ที่ดีได้ในปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถตัวอย่างขนาดใหญ่ และการผสานขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเข้ากับเทคนิคอื่น ๆ เพื่อใช้ในการแก้ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถให้ผลลัพธ์ที่ดีมากยิ่งขึ้น เช่น การใช้วิธีฮิวริสติกผสานรวมจะช่วยให้การค้นหายีนสามารถทำได้ดีขึ้น หรือการใช้วิธีการจัดกลุ่มเส้นทางเริ่มต้นก่อนการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อค้นหาเส้นทางที่เหมาะสม เป็นต้น

Zhu, J (2022) นำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ได้รับการปรับปรุงโดยอิงหลักการจัดกลุ่ม Fuzzy C-means (FCM) เพื่อแก้ปัญหาการกำหนดเส้นทางเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ (CVRP) บนพื้นฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม วิธี FCM ถูกนำมาประยุกต์ใช้เพื่อแยกปัญหาการจัดเส้นทางที่มีขนาดใหญ่ให้เป็นปัญหาย่อยในขนาดเล็ก ร่วมกับขั้นตอนวิธี C-W (C-W Algorithm) มาใช้เพื่อลดช่วงของกลุ่มข้อมูลและสร้างประชากรเริ่มต้นที่ดีขึ้น จากนั้นจะนำไปทดสอบกับปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถตัวอย่างเพื่อเปรียบเทียบผลลัพธ์ ผลการศึกษาพบว่าแนวทางที่นำเสนอสามารถเพิ่มคุณภาพและประสิทธิภาพในการค้นหาได้อย่างมีประสิทธิผล โดยสามารถค้นหาผลลัพธ์ที่ดีขึ้นได้ มีความทนทานและยังลดโอกาสในการติดอยู่กับที่ของผลลัพธ์ หรือกล่าวได้ว่าสามารถลดโอกาสในการค้นหาคำตอบที่ดี (Local optimum) เพียงอย่างเดียวได้

Wang & Huang (2022) ได้นำเสนอการเข้ารหัสพันธุกรรมแบบไฮบริดของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมผสมผสานกับตัวดำเนินการกลายพันธุ์แบบไดนามิกสำหรับปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถในกรณีฉุกเฉินเพื่อลดเวลารวมสำหรับการแจกจ่ายสินค้าบรรเทาทุกข์ภายใจ้ความร่วมมือระหว่างภาครัฐและเอกชน โดยในการวิเคราะห์จะทำการเปรียบเทียบแผนการแจกจ่ายบรรเทาทุกข์ที่คำนวณได้จากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมดั้งเดิม (Simple Genetic Algorithm: SGA) ที่มีการเข้ารหัสโครโมโซมแบบไบนารีและขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่มีการเข้ารหัสโครโมโซมแบบไฮบริด (Hybrid Code Genetic Algorithm: HCGA) จากการทดลองพบว่าวิธี HCGA มีประสิทธิภาพการคำนวณเหนือกว่าวิธี SGA เนื่องจากมีรหัสโครโมโซมที่สั้นกว่าส่งผลให้ใช้พื้นที่หน่วยความจำสำหรับการประมวลผลน้อยกว่าวิธี SGA และส่งผลให้การคำนวณฟังก์ชันวัตถุประสงค์ง่ายยิ่งขึ้น โดยเวลารวมของวิธี HCGA มีค่าต่ำกว่า 11.62 เปอร์เซ็นต์ และใช้ระยะเวลาในการคำนวณสั้นกว่าวิธี SGA คิดเป็น 14.24 เปอร์เซ็นต์ นอกจากนี้การเข้ารหัสทางพันธุกรรมแบบไฮบริดยังสะดวกสำหรับการดำเนินการทางพันธุกรรมและการกลายพันธุ์แบบไดนามิก จะเห็นได้ว่าวิธี HCGA ไม่เพียงแต่สะดวกในการประมวลผลข้อจำกัดของแบบจำลองและการแก้ปัญหาเท่านั้น แต่ยังมีประสิทธิภาพในการปรับปรุงความซับซ้อนมากกว่าวิธี SGA อีกด้วย

บทที่ 3
วิธีการดำเนินงานวิจัย

งานวิจัยฉบับนี้เป็นการนำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเชิงประยุกต์ โดยอาศัยแนวคิดและทฤษฎีทางชีววิทยาอย่างการตัดต่อพันธุกรรมเข้ามาช่วย ซึ่งจะทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธี(Algorithm) แบบดั้งเดิมกับขั้นตอนวิธีที่นำเสนอขึ้นใหม่สำหรับการแก้ปัญหาสำคัญทางโลจิสติกส์และห่วงโซ่อุปทานอย่างปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถ (Vehicle Routing Problem: VRP) ผ่านการทดสอบทางโปรแกรมด้วยภาษาไพธอน (Python) ในการดำเนินงานวิจัยจะแบ่งออกเป็น 4 ส่วน คือ ส่วนที่ 1 จะอธิบายถึงลักษณะของปัญหาที่นำมาใช้ในการทดสอบ ส่วนที่ 2 จะอธิบายถึงการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบดั้งเดิมสำหรับปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถ ส่วนที่ 3 จะอธิบายถึงวิธีการประยุกต์ใช้แนวคิดทางชีววิทยาสำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ซึ่งจะถือเป็นขั้นตอนวิธีใหม่ที่จะนำเสนอในการวิจัยครั้งนี้ และส่วนที่ 4 เป็นกระบวนการวิธีวิจัย

3.1 นิยามปัญหา

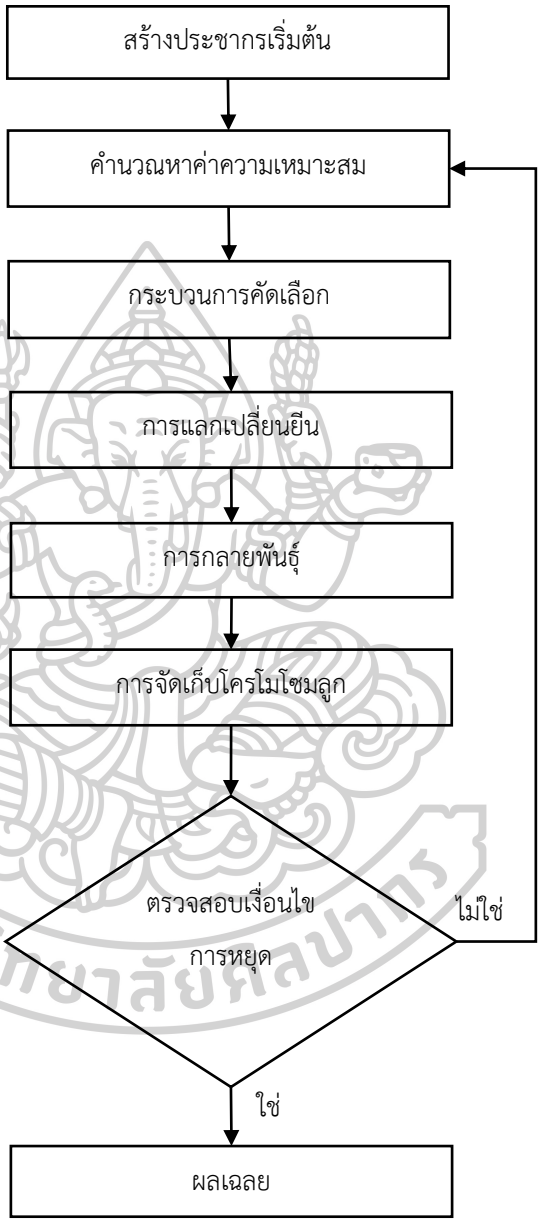
การจัดเส้นทางเดินรถในการวิจัยครั้งนี้ ผู้วิจัยจะทำการทดสอบปัญหาตัวอย่างจาก OR-Library (http://www.bernabe.dorronsoro.es/vrp/) ในกลุ่มปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ (Capacitated Vehicle Routing Problem: CVRP) ชุด A โดยจะแบ่งขนาดของปัญหาออกเป็นทั้งหมด 3 กลุ่ม ได้แก่ ปัญหาขนาดเล็ก A-n32-k5 ประกอบด้วยลูกค้าจำนวน 32 จุด ยานพาหนะจำนวน 5 คัน ปัญหาขนาดกลาง A-n45-k7 ประกอบด้วยลูกค้าจำนวน 45 จุด ยานพาหนะจำนวน 7 คัน และปัญหาขนาดใหญ่ A-n80-k10 ประกอบด้วยลูกค้าจำนวน 80 จุด ยานพาหนะจำนวน 10 คัน ซึ่งมีความจุของยานพาหนะ 100 หน่วยสำหรับปัญหาทุกขนาด และมีสมมติฐานดังนี้

1) ในแต่ละเส้นทางต้องมีจุดเริ่มต้นและจุดสิ้นสุด ณ ตำแหน่งเดียวกัน
2) ลูกค้าแต่ละรายสามารถรับบริการจากยานพาหนะได้เพียงหนึ่งคันหรือหนึ่งเส้นทางเท่านั้น
3) ปริมาณความต้องการของลูกค้าแต่ละเส้นทางต้องไม่เกินปริมาณความจุของยานพาหนะ

3.2 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมดั้งเดิมสำหรับปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถ

ในการวิจัยครั้งนี้จะนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมาประยุกต์ใช้สำหรับการแก้ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ โดยเริ่มต้นจากการสร้างประชากรเริ่มต้น (Initial population) จากนั้นคำนวณหาค่าความเหมาะสม (Fitness) ของแต่ละโครโมโซมเพื่อทำการ

คัดเลือกประชากรในรุ่นถัดไป (Offspring) โดยใช้วิธีการแข่งขัน (Tournament Selection) และทำการแทนที่ประชากรรุ่นใหม่ที่เกิดจากการแลกเปลี่ยนยีน (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation) โดยขั้นตอนสามารถแสดงได้ดังภาพที่ 19



ภาพที่ 19 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

3.2.1 การสร้างประชากรเริ่มต้น จะใช้การเข้ารหัสแบบจำนวนเต็ม (Integer) โดยอาศัยหลักการสุ่มเพื่อสร้างโครโมโซมซึ่งประกอบด้วยยีนจำนวน n ยีน เมื่อ n คือ จำนวนลูกค้าหรือจุดส่งมอบที่จะดำเนินการ โดยตัวอย่างประชากรเริ่มต้นสำหรับงานวิจัยนี้ แสดงดังตารางที่ 2

ตารางที่ 2 ตัวอย่างประชากรเริ่มต้น

โครโมโซม	จุดส่งมอบ									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	4	10	9	1	3	8	5	6	2	7
2	8	1	6	2	10	3	9	5	4	7
3	3	7	8	5	1	6	9	4	2	10
4	7	2	1	10	5	8	4	6	9	3
5	5	7	10	4	8	2	6	1	3	9
6	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

3.2.2 การหาค่าความเหมาะสม เป็นการวัดประสิทธิภาพของโครโมโซมว่ามีความแข็งแกร่งพอที่จะอยู่รอดต่อไปหรือไม่ โดยจะประเมินความสอดคล้องค่าฟีโนไทป์ของโครโมโซม (Marseguera & Zio, 2000) ซึ่งสามารถคำนวณค่าความเหมาะสมได้ดังสมการที่ (3.1) (Kurnia et al. 2018)

$$f(d) = \frac{1}{\sum d_i} \tag{3.1}$$

โดยที่ d_i คือ ระยะทางจากยานพาหนะคันที่ i (หน่วย)

3.2.3 การคัดเลือก จะใช้วิธีการคัดเลือกแบบการแข่งขัน เป็นการสุ่มค่าที่ประชากรขึ้นมาจำนวน 2 กลุ่มเพื่อคำนวณค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม จากนั้นจะทำการคัดเลือกโครโมโซมที่มีค่าความแข็งแกร่งมากที่สุดจากแต่ละกลุ่มเพื่อใช้เป็นโครโมโซมพ่อและแม่ โดย Goldberg & Deb (1991) ได้กำหนดขั้นตอนไว้ดังนี้

1) สุ่มประชากรขึ้นมาจำนวน 2 กลุ่มจากนั้นคำนวณหาค่าความเหมาะสมของทุกโครโมโซมตามฟังก์ชันวัตถุประสงค์ เช่น มีโครโมโซม 3 โครโมโซม จำนวน 2 กลุ่ม ซึ่งมีค่าความเหมาะสมดังตารางที่ 3

ตารางที่ 3 ตัวอย่างกลุ่มประชากรและค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม

ประชากร	โครโมโซม	จุดส่งมอบ										ค่าความเหมาะสม
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
กลุ่มที่ 1	1	4	10	9	1	3	8	5	6	2	7	982
	2	8	1	6	2	10	3	9	5	4	7	594
	3	3	7	8	5	1	6	9	4	2	10	771
กลุ่มที่ 2	4	7	2	1	10	5	8	4	6	9	3	996
	5	5	7	10	4	8	2	6	1	3	9	853
	6	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	609

2) กำหนดจำนวนการแข่งขัน (Tournament) ในแต่ละแถว (จำนวนคอลัมน์) ส่วนจำนวนแถวของการแข่งขันจะมีค่าเท่ากับจำนวนโครโมโซมในกลุ่มประชากรนั้น เช่น กลุ่มที่ 1 มีจำนวน 3 โครโมโซม ดังนั้นจำนวนแถวจะมีค่าเท่ากับ 3 แถว

3) สร้างเมทริกซ์การแข่งขันของค่าสุ่มดัชนี (Index) โดยค่าสุ่มนี้จะอยู่ในช่วงของจำนวนประชากรภายในกลุ่ม จากนั้นทำการแทนค่าดัชนีที่สุ่มด้วยค่าความเหมาะสมในแต่ละตำแหน่งของเมทริกซ์การแข่งขัน

4) เลือกค่าความเหมาะสมที่มากที่สุด (Max) ของแต่ละแถวภายในกลุ่มมาเป็นผู้ชนะ (Winner) ของการแข่งขัน โดยโครโมโซมที่ถูกคัดเลือกจะกลายมาเป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์ซึ่งทำหน้าที่เป็นโครโมโซมพ่อแม่เพื่อให้กำเนิดลูกหลานต่อไป

3.2.4 การแลกเปลี่ยนยีน (Crossover) จะใช้การแลกเปลี่ยนยีนแบบหนึ่งจุด (Single point crossover) โดยจะทำการสุ่มโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่มาคู่หนึ่งจากโครโมโซมที่ผ่านกระบวนการคัดเลือกมาแล้ว จากนั้นจะทำการแลกเปลี่ยนยีนด้วยความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนยีน (Probability Crossover) ซึ่งควรกำหนดให้อยู่ในช่วง 0.7 – 1 (Yang, 2008) หากค่าที่ทำการสุ่มขึ้นมามีค่าน้อยกว่าจะยอมให้เกิดการแลกเปลี่ยนยีนขึ้น แต่หากค่าที่ทำการสุ่มขึ้นมามีค่ามากกว่าจะข้ามไปสู่ขั้นตอนต่อไป

3.2.5 การกลายพันธุ์ (Mutation) จะใช้การกลายพันธุ์แบบหนึ่งตำแหน่ง (Single point mutation) โดยจะทำการสุ่มเลือกโครมโซมขึ้นมาหนึ่งโครโมโซม แล้วทำการสุ่มเลือกตำแหน่งในการกลายพันธุ์ โดยความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ควรอยู่ในช่วง 0.02 – 0.18 (Pongcharoen et al., 2002)

3.2.6 การจัดเก็บโครโมโซมลูก เป็นกระบวนการหลังจากผ่านกระบวนการแลกเปลี่ยนยีนและการกลายพันธุ์แล้ว ซึ่งจะได้โครโมโซมลูกออกมา สำหรับการจัดเก็บจะพิจารณาจากค่าความเหมาะสมหรือค่าระยะทาง หากโครโมโซมที่ได้รับให้ค่าความเหมาะสมที่เท่ากันจะตัดโครโมโซมตัวใหม่ทิ้ง

3.3 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใหม่สำหรับปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถ

สำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใหม่นี้จะอาศัยหลักการ Gain-of-function เข้ามาช่วยในขั้นตอนการคัดเลือกประชากรรุ่นถัดไป ส่วนขั้นตอนอื่น ๆ ยังคงอ้างอิงหลักการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมดั้งเดิมทุกประการ ผู้วิจัยจึงจะขออธิบายรายละเอียดในส่วนของขั้นตอนการคัดเลือกที่แตกต่างไปจากเดิม ดังนี้

3.3.1 สร้างประชากรเริ่มต้น

3.3.2 การหาค่าความเหมาะสม

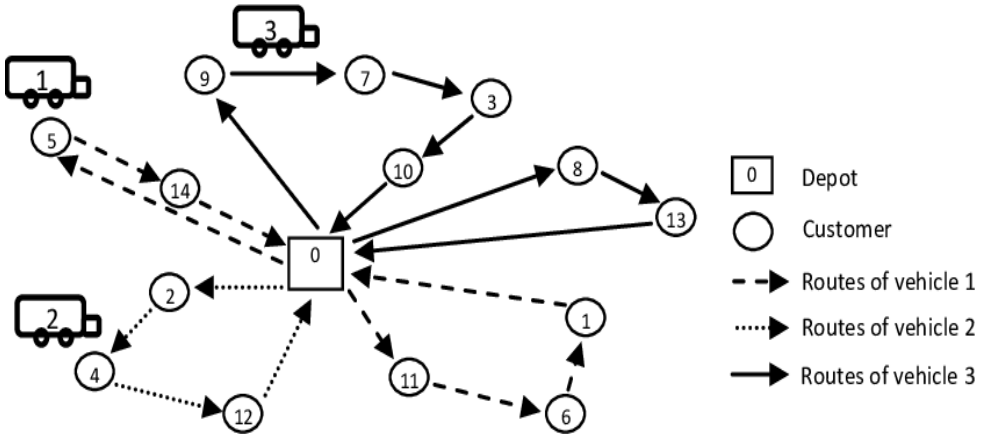
3.3.3 การคัดเลือก จะพิจารณาเงื่อนไขในการคัดเลือกตามหลักการเส้นทางที่ดี (Good Routing) 3 ประการ หากโครโมโซมส่วนใดเป็นไปตามเงื่อนไขข้อใดข้อหนึ่งจะถูกคัดเลือกมาเป็นโครโมโซมพ่อแม่ต่อไป ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

1) สร้างเส้นทางจากลูกค้าที่อยู่ไกลที่สุดก่อนเมื่อเทียบจากคลัง

ในเงื่อนไขนี้จะทำการวัดระยะกระจัดจากคลังไปยังลูกค้าทุก ๆ ตำแหน่งก่อนเพื่อตรวจสอบตำแหน่งของลูกค้าภายในเส้นทางทั้งหมด โดยจะเลือกตำแหน่งลูกค้าที่มีระยะการกระจัดสูงสุดมาใช้เปรียบเทียบกับเส้นทางอื่นที่ถูกสร้างขึ้นมา ซึ่งหากตรวจสอบเรียบร้อยแล้วไม่เป็นไปตามเงื่อนไขดังกล่าวนี้จะข้ามไปตรวจสอบเงื่อนไขอื่นต่อไป

2) ควรจัดกลุ่มลูกค้าให้อยู่ใกล้กันมากที่สุดเพื่อลดระยะทางในการเดินทาง

ในเงื่อนไขนี้จะตรวจสอบด้วยการนำระยะการกระจัดทั้งหมดภายในเส้นทางมาบวกกันแล้วหารด้วยจำนวนลูกค้าที่อยู่ภายในเส้นทาง หากระยะการกระจัดรวมมีค่าน้อยแสดงว่ากลุ่มลูกค้าอยู่ใกล้กันมากกว่า ในทางตรงกันข้ามหากระยะการกระจัดมีค่ามากแสดงว่ากลุ่มลูกค้าอยู่ไกลกัน



ภาพที่ 20 ตัวอย่างการจัดเส้นทางเดินรถ

จากภาพที่ 20 จะเห็นได้ว่าเมื่อทำการจัดเส้นทางเรียบร้อยแล้วมีเส้นทางทั้งหมด 5 เส้นทาง ในการคัดเลือกเส้นทางตามหลักการเส้นทางที่ดีในเงื่อนไขนี้จะขอยกตัวอย่างการคำนวณเพื่อวัดความใกล้กันของลูกค้าภายในเส้นทาง 0-9-7-3-10-0 โดยสมมติว่าเมื่อวัดระยะการกระจัดของลูกค้าแต่ละแห่งกับคลังและระยะการกระจัดระหว่างลูกค้าเอง มีค่าเป็นดังนี้

จากคลังไปยังลูกค้าหมายเลข 9 มีระยะการกระจัดเท่ากับ a หน่วย

จากคลังไปยังลูกค้าหมายเลข 7 มีระยะการกระจัดเท่ากับ b หน่วย

จากคลังไปยังลูกค้าหมายเลข 3 มีระยะการกระจัดเท่ากับ c หน่วย

จากคลังไปยังลูกค้าหมายเลข 10 มีระยะการกระจัดเท่ากับ d หน่วย

จากลูกค้าหมายเลข 9 ไปยังลูกค้าหมายเลข 7 มีระยะการกระจัดเท่ากับ e หน่วย

จากลูกค้าหมายเลข 9 ไปยังลูกค้าหมายเลข 3 มีระยะการกระจัดเท่ากับ f หน่วย

จากลูกค้าหมายเลข 9 ไปยังลูกค้าหมายเลข 10 มีระยะการกระจัดเท่ากับ g หน่วย

จากลูกค้าหมายเลข 7 ไปยังลูกค้าหมายเลข 3 มีระยะการกระจัดเท่ากับ h หน่วย

จากลูกค้าหมายเลข 7 ไปยังลูกค้าหมายเลข 10 มีระยะการกระจัดเท่ากับ i หน่วย

จากลูกค้าหมายเลข 3 ไปยังลูกค้าหมายเลข 10 มีระยะการกระจัดเท่ากับ j หน่วย

$$\text{ระยะการกระจัดรวม} = \frac{a+b+c+d+e+f+g+h+i+j}{4}$$

โดยจะคำนวณระยะการกระจัดรวมของทุกเส้นทางที่ถูกสร้างขึ้นเพื่อคัดเลือกกลุ่มลูกค้าที่อยู่ใกล้กันมากที่สุด ระยะการกระจัดของเส้นทางใดมีค่าน้อยที่สุดเส้นทางนั้นจะถูกคัดเลือกเพื่อไปเป็นโครโมโซมพ่อแม่ต่อไป

3) เส้นทางที่จัดได้ควรเป็นรูปหยดน้ำ

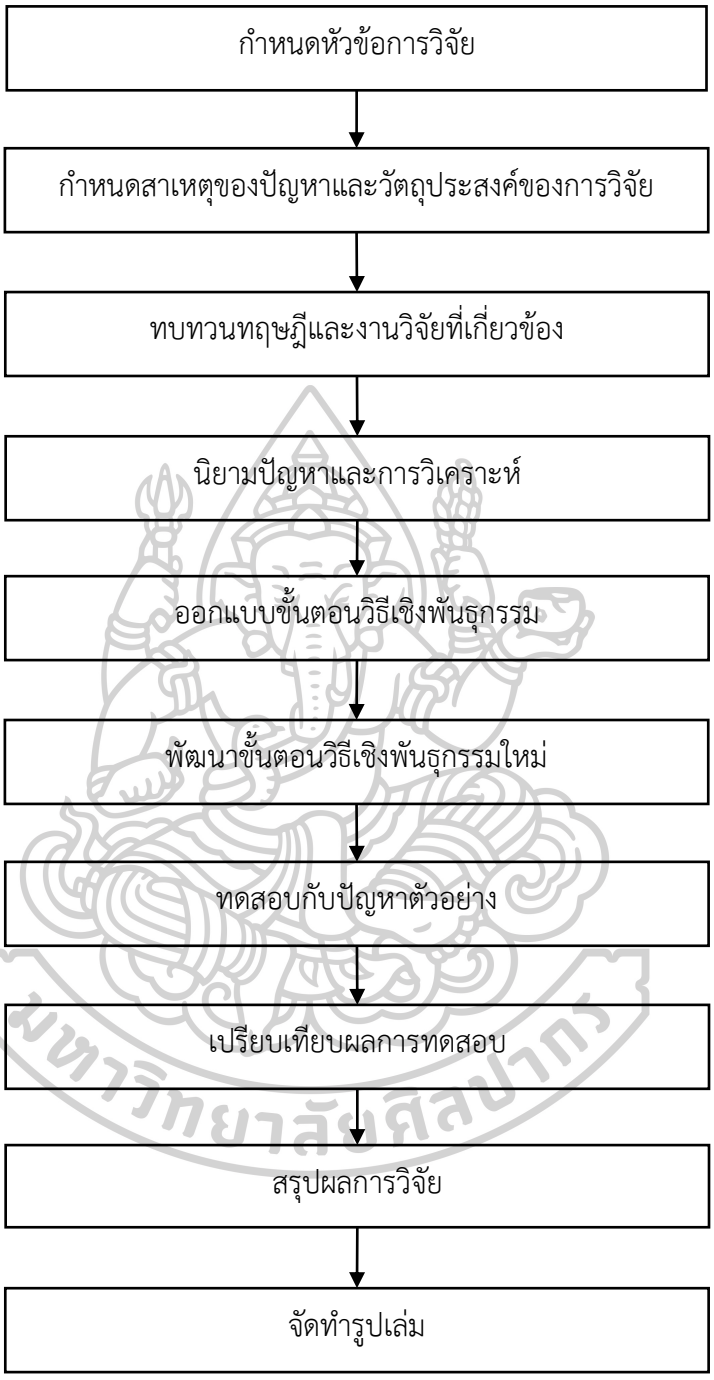
ในเงื่อนไขนี้จะทำการตรวจสอบมุมของรูปทรงเส้นทางที่สร้างขึ้น หากเส้นทางที่จัดได้เป็นรูปหยดน้ำมุมทุกมุมจะมีขนาดเท่ากัน ในทางตรงกันข้ามหากมุมใดมุมหนึ่งมีขนาดไม่เท่ากัน หรือมุมทุกมุมมีขนาดไม่เท่ากันแสดงว่ารูปทรงเส้นทางที่จัดได้ไม่ใช่รูปหยดน้ำ ซึ่งจะไม่ถูกคัดเลือกไปเป็นโครโมโซมพ่อแม่ในรุ่นถัดไป สำหรับการตรวจสอบมุมจะกำหนดเป็นช่วงของมุมเพื่อลดอัตราการค้นหาประชากรตามเงื่อนไขดังกล่าวนี้ เนื่องจากในความเป็นจริงการจัดเส้นทางของยานพาหนะให้มีลักษณะเป็นรูปทรงหยดน้ำซึ่งมีขนาดมุมที่เท่ากันทุกมุมอาจไม่เกิดขึ้นเลย หรือมีอัตราการเกิดขึ้นที่น้อยมาก ผู้วิจัยจึงตรวจสอบรูปทรงของเส้นทางโดยกำหนดการตรวจสอบมุมออกเป็นช่วงระหว่าง 90-180 องศาหรือมีมุมเป็นมุมป้านแทนเพื่อเพิ่มโอกาสในการคัดเลือกโครโมโซมมากยิ่งขึ้น

3.3.4 การแลกเปลี่ยนยีน

3.3.5 การกลายพันธุ์

3.3.6 การจัดเก็บโครโมโซมลูก

3.3 กระบวนวิธีการวิจัย



ภาพที่ 21 ขั้นตอนการดำเนินงานวิจัย

บทที่ 4
ผลการวิจัย

ในบทนี้เป็นการนำเสนอผลการทดลองของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมดั้งเดิมและขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใหม่ที่มีการพัฒนาขึ้น หรือที่เรียกว่าวิธี GM-GA สำหรับปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ โดยมีการกำหนดค่าพารามิเตอร์สำหรับการทดสอบดังตารางที่ 4 สำหรับปัญหาทุกขนาดที่ใช้ในการทดลองครั้งนี้และในแต่ละปัญหาจะทำการทดลองซ้ำจำนวน 20 ครั้ง จากนั้นจะนำผลการทดลองมาวิเคราะห์เพื่อประเมินประสิทธิภาพการค้นหาคำตอบของวิธี GA และวิธี GM-GA ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

ตารางที่ 4 ค่าพารามิเตอร์สำหรับการทดลอง

พารามิเตอร์	วิธี GA	วิธี GM-GA
จำนวนประชากร	200	200
จำนวนรุ่น	100	100
ความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนยีน	0.8	0.8
ความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์	0.05	0.05

4.1 ผลการทดลองของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใหม่

ในการทดลองจะใช้ปัญหาตัวอย่างจาก OR-Library ในกลุ่มปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ ชุด A ซึ่งแบ่งออกเป็น 3 ขนาด ได้แก่ ปัญหาขนาดเล็ก (A-n32-k5) ปัญหาขนาดกลาง (A-n45-k7) และปัญหาขนาดใหญ่ (A-n80-k7) โดยสามารถสรุปผลการทดลองได้ดังนี้

4.1.1 ปัญหาขนาดเล็ก (A-n32-k5) เป็นปัญหาที่มีลูกค้าจำนวน 32 จุด ยานพาหนะจำนวน 5 คัน ความจุของยานพาหนะต่อคัน เท่ากับ 100 หน่วย ผลการค้นหาคำตอบของวิธี GA และวิธี GM-GA แสดงดังตารางที่ 5 และจากผลการทดลองพบว่าวิธี GA สามารถค้นหาคำตอบที่ดีสำหรับปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถมีระยะทางที่สั้นที่สุดโดยเฉลี่ยเท่ากับ 1032.4 หน่วย ส่วนวิธี GM-GA สามารถค้นหาคำตอบที่ดีได้โดยเฉลี่ยเท่ากับ 2161.98 หน่วย และจากการสังเกตพบว่าวิธี GA นั้นใช้จำนวนรุ่นในการค้นหาคำตอบเฉลี่ย 100 รุ่น ในขณะที่วิธี GM-GA ใช้จำนวนรุ่นในการค้นหาคำตอบโดยเฉลี่ย 6 รุ่น ซึ่งน้อยกว่าวิธี GA ถึง 94 รุ่น

ตารางที่ 5 ผลการทดลองสำหรับปัญหาขนาดเล็ก

Round	GA		GM-GA	
	Generation	Distances	Generation	Distances
1	100	1026.6	7	2109.4
2	100	1056.3	8	2069.6
3	100	1124.9	7	2018.5
4	100	1022.1	6	2191.8
5	100	1037.5	8	2042.8
6	100	1007	9	2241.9
7	100	1018.3	6	2067.3
8	100	1044.7	5	2286.8
9	100	1076	3	2312.5
10	100	1016.8	2	2300.7
11	100	1009.4	8	2188.5
12	100	1016.7	11	2448.7
13	100	1040.5	2	1939
14	100	1074.1	5	2105.9
15	100	1032.3	7	2173.1
16	100	982.2	9	2420.1
17	100	1018.5	4	1988.8
18	100	1013.9	8	2218.1
19	100	994.7	6	2075.7
20	100	1034.6	7	2040.3
Average	**100**	**1032.4**	**6**	**2161.98**
S.D.	**0.00**	**32.0315**	**2.3709**	**140.9977**

4.1.2 ปัญหาขนาดกลาง (A-n45-k7) เป็นปัญหาที่มีลูกค้าจำนวน 45 จุด ยานพาหนะจำนวน 7 คัน ความจุของยานพาหนะต่อคัน เท่ากับ 100 หน่วย ผลการค้นหาคำตอบของวิธี GA และวิธี GM-GA แสดงดังตารางที่ 6 และจากผลการทดลองพบว่าวิธี GA สามารถค้นหาคำตอบที่ดีได้โดยเฉลี่ย 1400.06 หน่วย ส่วนวิธี GM-GA สามารถค้นหาคำตอบที่ดีได้โดยเฉลี่ย 2490.25 หน่วย และจากการสังเกตพบว่าวิธี GA นั้นใช้จำนวนรุ่นในการค้นหาคำตอบเฉลี่ย 100 รุ่น ในขณะที่วิธี GM-GA ใช้จำนวนรุ่นในการค้นหาคำตอบโดยเฉลี่ย 8 รุ่น ซึ่งน้อยกว่าวิธี GA ถึง 92 รุ่น

ตารางที่ 6 ผลการทดลองสำหรับปัญหาขนาดกลาง

Round	GA		GM-GA	
	Generation	Distances	Generation	Distances
1	100	1446.4	7	2481.2
2	100	1366.5	1	2381.3
3	100	1427.5	2	2580.5
4	100	1432	9	2630.4
5	100	1358.8	9	2612.3
6	100	1394.4	6	2921.2
7	100	1406.9	2	2369.4
8	100	1389.4	10	2389.8
9	100	1397.9	6	2805.4
10	100	1391.7	12	2224.6
11	100	1393.1	14	2245.5
12	100	1380	19	2487.6
13	100	1389.8	4	2361.4
14	100	1369.1	3	2348.5
15	100	1355.5	13	2421.5
16	100	1413	8	2492.2
17	100	1407	6	2415.3
18	100	1405.3	16	2761.4
19	100	1399.4	9	2488.5
20	100	1477.4	4	2387
Average	**100**	**1400.06**	**8**	**2490.25**
S.D.	**0.00**	**29.6838**	**4.9204**	**181.5252**

4.1.3 ปัญหาขนาดใหญ่ (A-n80-k10) เป็นปัญหาที่มีลูกค้าจำนวน 80 จุด ยานพาหนะจำนวน 10 คัน ความจุของยานพาหนะต่อคัน เท่ากับ 100 หน่วย ผลการค้นหาคำตอบของวิธี GA และวิธี GM-GA แสดงดังตารางที่ 7 และจากผลการทดลองพบว่าวิธี GA สามารถค้นหาคำตอบที่ดีได้โดยเฉลี่ย 3044.83 หน่วย ส่วนวิธี GM-GA สามารถค้นหาคำตอบที่ดีได้โดยเฉลี่ย 4384.94 หน่วย และจากการสังเกตพบว่าวิธี GA นั้นใช้จำนวนรุ่นในการค้นหาคำตอบเฉลี่ย 100 รุ่น ในขณะที่วิธี GM-GA ใช้จำนวนรุ่นในการค้นหาคำตอบโดยเฉลี่ย 10 รุ่น ซึ่งน้อยกว่าวิธี GA ถึง 90 รุ่น

ตารางที่ 7 ผลการทดลองสำหรับปัญหาขนาดใหญ่

Round	GA		GM-GA	
	Generation	Distances	Generation	Distances
1	100	3036.4	1	4506.8
2	100	3141.9	12	4391.8
3	100	3012.6	6	4359
4	100	2962.9	9	4528
5	100	3068.4	7	4227
6	100	3033.6	3	4320.5
7	100	3122.8	26	4396.2
8	100	3074.6	17	4262.9
9	100	3096.2	6	4397.1
10	100	3015.9	13	4441.8
11	100	3015.4	6	4442.2
12	100	3171.2	11	4467.1
13	100	3008.1	4	4505.8
14	100	2956.6	8	4544.7
15	100	2988.4	11	4198.2
16	100	3018.5	17	4194.8
17	100	3092.3	8	4359.6
18	100	3052.7	19	4317.8
19	100	3065.3	13	4390.9
20	100	2962.7	2	4446.5
Average	**100**	**3044.83**	**10**	**4384.94**
S.D.	**0.00**	**59.6897**	**6.3035**	**106.0522**

4.2 การวิเคราะห์ผลทางสถิติ

เมื่อทำการทดลองคำนวณค่าเหมาะที่สุดของวิธี GA และวิธี GM-GA กับปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะขนาดเล็ก ขนาดกลาง และขนาดใหญ่แล้ว จึงทำการทดสอบการกระจายตัวของข้อมูลเพื่อการวิเคราะห์อย่างความถูกต้อง ในการทดสอบหาการกระจายตัวแบบปกติ (Normal Distribution) ใช้โปรแกรม IBM SPSS Statistics ด้วยวิธี Kolmogorov-Smirov (KS-test) หรือวิธี Shapiro Wilk Test โดยกำหนดให้ Null Hypothesis (H_0) เป็นการกระจายแบบปกติ จากการทดสอบพบว่าข้อมูลของวิธี GA และวิธี GM-GA ของปัญหา

ทั้ง 3 ขนาดให้ค่า Sig. มากกว่า 0.05 นั่นคือ ยอมรับสมมติฐานหลัก หรือกล่าวได้ว่าข้อมูลมีการกระจายตัวแบบปกติ ดังแสดงในภาพที่ 22 – 24 และสามารถแสดงการกระจายตัวของข้อมูลด้วยกราฟดังแสดงในภาพที่ 25 - 27

Tests of Normality

	Kolmogorov-Smirnov[a]			Shapiro-Wilk		
	Statistic	df	Sig.	Statistic	df	Sig.
GASmall	.147	20	.200*	.908	20	.058
GMGASmall	.147	20	.200*	.958	20	.512

*. This is a lower bound of the true significance.

a. Lilliefors Significance Correction

ภาพที่ 22 ผลการทดสอบการกระจายตัวของข้อมูลปัญหาขนาดเล็ก

Tests of Normality

	Kolmogorov-Smirnov[a]			Shapiro-Wilk		
	Statistic	df	Sig.	Statistic	df	Sig.
GAMedium	.158	20	.200*	.944	20	.289
GMGAMedium	.097	20	.200*	.957	20	.495

*. This is a lower bound of the true significance.

a. Lilliefors Significance Correction

ภาพที่ 23 ผลการทดสอบการกระจายตัวของข้อมูลปัญหาขนาดกลาง

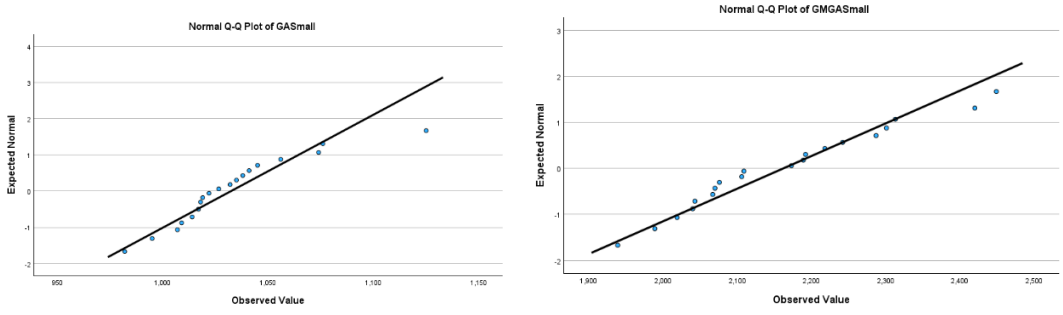
Tests of Normality

	Kolmogorov-Smirnov[a]			Shapiro-Wilk		
	Statistic	df	Sig.	Statistic	df	Sig.
GALarge	.122	20	.200*	.964	20	.625
GMGALarge	.122	20	.200*	.950	20	.363

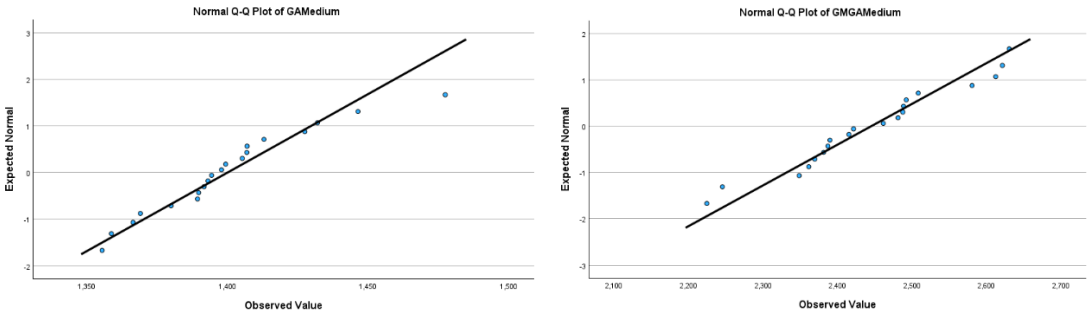
*. This is a lower bound of the true significance.

a. Lilliefors Significance Correction

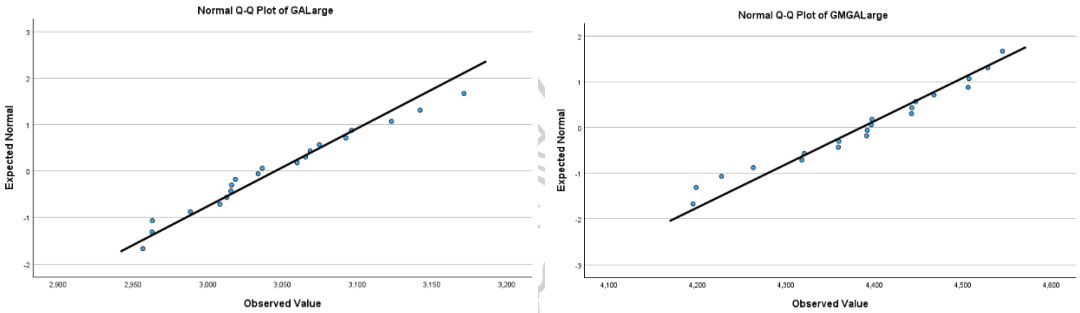
ภาพที่ 24 ผลการทดสอบการกระจายตัวของข้อมูลปัญหาใหญ่



ภาพที่ 25 การกระจายตัวของข้อมูลชุดปัญหาเล็ก



ภาพที่ 26 การกระจายตัวของข้อมูลชุดปัญหากลาง



ภาพที่ 27 การกระจายตัวของข้อมูลชุดปัญหาใหญ่

หลังจากทดสอบการกระจายตัวของข้อมูลแล้วพบว่าเป็นการกระจายตัวแบบปกติแล้วจึงทำการประเมินประสิทธิภาพในการคำนวณด้วยการวิเคราะห์ทางสถิติ คือวิธี Paired t-test โดยจะทำการทดสอบสมมติฐานเพื่อทดสอบว่าวิธี GA แลวิธี GM-GA มีประสิทธิภาพการคำนวณแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญหรือไม่ ซึ่งตั้งสมมติฐานได้ดังนี้

1) สมมติฐานหลัก (Null Hypothesis: H_0) คือ วิธี GA และวิธี GM-GA มีประสิทธิภาพในการคำนวณค่าเหมาะที่สุดเท่ากัน

$$H_0: \mu_{GA} = \mu_{GM-GA}$$

2) สมมติฐานรอง (Alternative Hypothesis: H_1) คือ วิธี GA และวิธี GM-GA มีประสิทธิภาพในการคำนวณค่าเหมาะที่สุดไม่เท่ากัน

$$H_1: \mu_{GA} \neq \mu_{GM-GA}$$

3) กำหนดระดับความเชื่อมั่นที่ 95 เปอร์เซ็นต์ ($\propto = 0.05$)

หากผลการทดสอบทางสถิติพบว่าค่า P-value < α (0.05) จะทำการปฏิเสธสมมติฐานหลัก (Reject H_0) และในทางตรงกันข้ามหากค่า P-value > α (0.05) จะยอมรับสมมติฐานหลัก (Accept H_0) โดยผลการทดสอบแสดงดังภาพที่ 28 ถึงภาพที่ 30

```
        Paired t-test

data:  sherTest$GA.Method and sherTest$GMGA.Method
t = -32.658, df = 19, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -1202.017 -1057.223
sample estimates:
mean of the differences
               -1129.62
```

ภาพที่ 28 ผลการทดสอบทางสถิติสำหรับปัญหาขนาดเล็ก (A-n32-k5)

จากภาพที่ 28 พบว่าการทดสอบทางสถิติด้วยวิธี Paired t-test สำหรับปัญหาขนาดเล็ก (A-n32-k5*)* มีค่า p-value (2.20×10^{-16}) น้อยกว่าค่า α (0.05) ดังนั้นจึงปฏิเสธสมมติฐานหลัก (Reject H_0) ที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์ และสามารถสรุปได้ว่าการคำนวณหาค่าเหมาะที่สุดด้วยวิธีที่แตกต่างกันทำให้ประสิทธิภาพในการคำนวณค่าเหมาะที่สุดแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

```
        Paired t-test

data:  sherTest$GA.Method and sherTest$GMGA.Method
t = -26.841, df = 19, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -1175.206 -1005.184
sample estimates:
mean of the differences
              -1090.195
```

ภาพที่ 29 ผลการทดสอบทางสถิติสำหรับปัญหาขนาดกลาง (A-n45-k7)

จากภาพที่ 29 พบว่าการทดสอบทางสถิติด้วยวิธี Paired t-test สำหรับปัญหาขนาดกลาง (A-n45-k7*)* มีค่า p-value (2.20×10^{-16}) น้อยกว่าค่า α (0.05) ดังนั้นจึงปฏิเสธสมมติฐานหลัก (Reject H_0) ที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์ และสามารถสรุปได้ว่าการคำนวณหาค่าเหมาะที่สุดด้วยวิธีที่แตกต่างกันทำให้ประสิทธิภาพในการคำนวณค่าเหมาะที่สุดแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

```
        Paired t-test

data:  sherTest$GA.Method and sherTest$GMGA.Method
t = -46.228, df = 19, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -1400.786 -1279.434
sample estimates:
mean of the differences
               -1340.11
```

ภาพที่ 30 ผลการทดสอบทางสถิติสำหรับปัญหาขนาดใหญ่ (A-n80-k10)

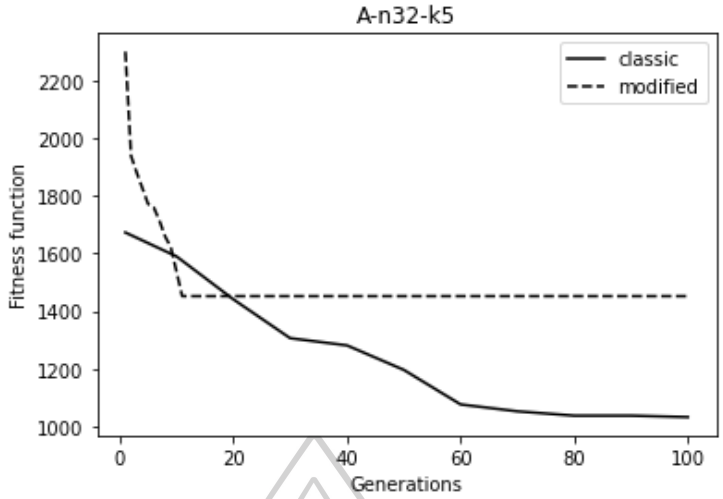
จากภาพที่ 30 พบว่าการทดสอบทางสถิติด้วยวิธี Paired t-test สำหรับปัญหาขนาดใหญ่ (A-n80-k10*)* มีค่า p-value (2.20×10^{-16}) น้อยกว่าค่า α (0.05) ดังนั้นจึงปฏิเสธสมมติฐานหลัก (Reject H_0) ที่ระดับความเชื่อมั่น 95 เปอร์เซ็นต์ และสามารถสรุปได้ว่าการคำนวณหาค่าเหมาะที่สุดด้วยวิธีที่แตกต่างกันทำให้ประสิทธิภาพในการคำนวณค่าเหมาะที่สุดแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

4.3 การวิเคราะห์พฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบที่เหมาะที่สุดของวิธี GA และวิธี GM-GA

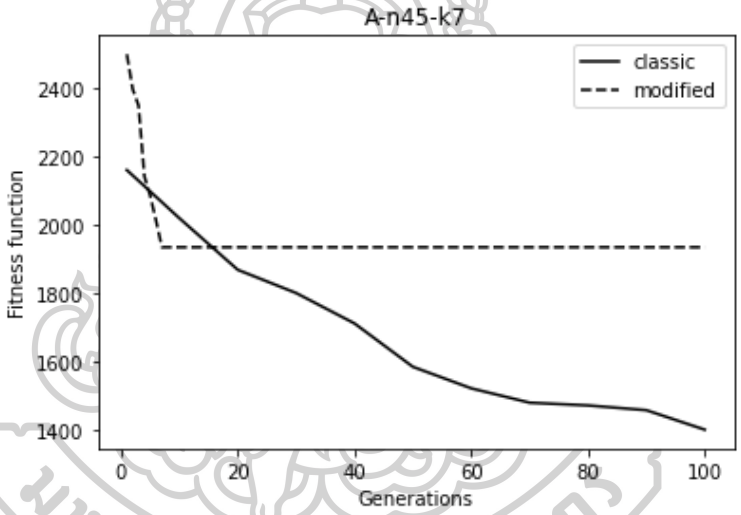
พฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบที่เหมาะที่สุดเป็นกระบวนการที่ขั้นตอนวิธีค้นหาคำตอบที่เหมาะที่สุดเข้าใกล้กับสถานะคงตัว (Stable State) โดยการทดสอบจะทำการเลือกตัวอย่างการคำนวณจากวิธี GA และวิธี GM-GA มาอย่างละ 1 ตัวอย่างสำหรับปัญหาทุกขนาด จากนั้นนำผลลัพธ์จากทั้งสองวิธีมาเปรียบเทียบกันในรูปแบบกราฟเพื่อแสดงให้เห็นพฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบที่เหมาะที่สุดได้ชัดเจนมากยิ่งขึ้น ดังแสดงในภาพที่ 31 ถึง ภาพที่ 33

จากการพิจารณากราฟพบว่าวิธี GM-GA มีพฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบก่อนวิธี GA เมื่อเทียบณ ตำแหน่งของคำตอบที่ดีที่สุดที่วิธี GM-GA สามารถค้นหาได้โดยเฉลี่ยสำหรับปัญหาทุกขนาด เมื่อสังเกตพฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบของวิธี GM-GA เพิ่มเติมจะพบว่าแม้ปัญหามีขนาดใหญ่ขึ้นพฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบของวิธี GM-GA ก็ยังคงอยู่ในอัตราใกล้เคียงกันกับปัญหาขนาดเล็ก หรือสามารถกล่าวได้ว่าการค้นหาคำตอบของวิธี GM-GA เหมาะกับปัญหาขนาดใหญ่มากกว่าปัญหาขนาดเล็ก เนื่องจากมีพฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบของปัญหาขนาดใหญ่ได้ไวเทียบเท่ากับปัญหาขนาดเล็ก

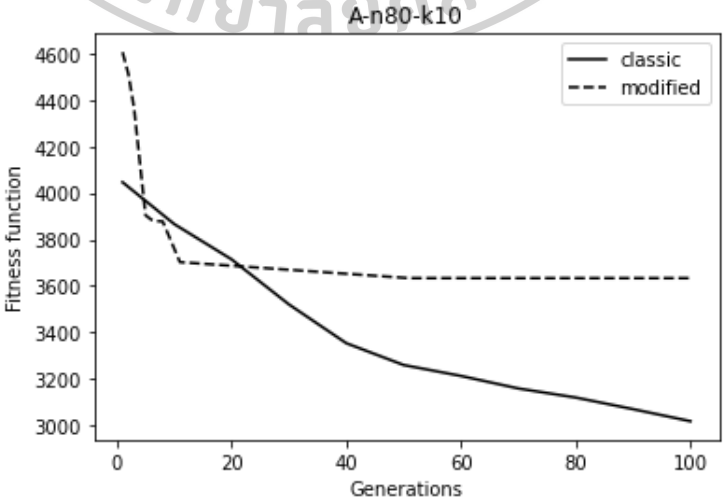
ในขณะที่พฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบของวิธี GA สำหรับปัญหาขนาดเล็ก ปัญหาขนาดกลางและปัญหาขนาดใหญ่มีลักษณะแตกต่างกันอย่างเห็นได้ชัด โดยพฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบที่เหมาะที่สุดของปัญหาขนาดเล็กอยู่ในช่วง 60 – 80 รุ่น และเริ่มเข้าสู่สถานะคงตัวจนถึง 100 รุ่น ส่วนปัญหาขนาดกลางและปัญหาขนาดใหญ่มีพฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบที่เหมาะที่สุดในลักษณะใกล้เคียงกัน คือ จะลู่เข้าสู่คำตอบที่เหมาะที่สุดอย่างช้า ๆ จนกระทั่งครบ 100 รุ่นจึงจะสามารถค้นหาคำตอบที่เหมาะที่สุดได้



ภาพที่ 31 การลู่เข้าสู่คำตอบที่เหมาะที่สุดสำหรับปัญหา A-n32-k5



ภาพที่ 32 การลู่เข้าสู่คำตอบที่เหมาะที่สุดสำหรับปัญหา A-n45-k7



ภาพที่ 33 การลู่เข้าสู่คำตอบที่เหมาะที่สุดสำหรับปัญหา A-n80-k10

จากการทดสอบปัญหาตัวอย่างทั้งหมดตามที่ได้กล่าวมาในข้างต้น ผู้วิจัยได้มีการพิจารณาผลการค้นหาคำตอบที่ดีของปัญหาขนาดเล็ก ปัญหาขนาดกลาง และปัญหาขนาดใหญ่ ซึ่งพบว่าวิธี GA ให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าวิธี GM-GA สำหรับปัญหาทุกขนาด แต่จากการสังเกตเพิ่มเติมพบว่าวิธี GM-GA มีจำนวนรุ่นในการค้นหาคำตอบที่น้อยกว่าวิธี GA อย่างเห็นได้ชัด กล่าวคือ วิธี GM-GA ที่พัฒนาขึ้นนี้มีพฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบที่ดีได้ไวกว่าวิธี GA ซึ่งเหมาะกับการนำไปประยุกต์ใช้ในการทำงานจริงที่ไม่ต้องการคำตอบที่ละเอียดมากและมีระยะเวลาในการค้นหาคำตอบน้อย โดยเฉพาะอย่างยิ่งในปัญหาขนาดใหญ่เนื่องจากมีเปอร์เซ็นต์ความแตกต่างของคำตอบระหว่างวิธี GM-GA และวิธี GA น้อยที่สุด เท่ากับ 30.56 เปอร์เซ็นต์ รองลงมาได้แก่ ปัญหาขนาดกลาง เท่ากับ 43.78 เปอร์เซ็นต์ และปัญหาขนาดเล็ก เท่ากับ 52.25 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ดังแสดงในตารางที่ 8

ตารางที่ 8 ผลการทดสอบปัญหาตัวอย่างทั้ง 3 ขนาด

Problems	GA		GM-GA		%Different
	Generation	Distances	Generation	Distances	
A-n32-k5	100	1032.4	6	2161.98	52.25
A-n45-k7	100	1400.06	8	2490.25	43.78
A-n80-k10	100	3044.83	10	4384.94	30.56

มหาวิทยาลัยศิลปากร

บทที่ 5
สรุปและอภิปรายผลการวิจัย

งานวิจัยฉบับนี้เป็นการพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใหม่โดยอาศัยหลักการ Gain-of-Function ซึ่งสอดคล้องกับองค์ความรู้ด้านไวรัสวิทยาเพื่อปรับปรุงขั้นตอนวิธีพันธุกรรมดั้งเดิมให้มีความแข็งแกร่งมากยิ่งขึ้น การพัฒนานี้เป็นการประยุกต์ใช้สำหรับแก้ปัญหาด้านโลจิสติกส์ คือ ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ โดยมีรายละเอียดดังนี้

5.1 สรุปผลการวิจัย

การนำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใหม่ (GM-GA) ในครั้งนี้ได้มีการพัฒนากลไกการคัดเลือกโครโมโซมพ่อแม่ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมดั้งเดิม (GA) โดยพิจารณาเงื่อนไขจำนวน 3 ข้อของหลักการกำหนดเส้นทางและการจัดตารางเวลาที่ดี ได้แก่ 1) ในการสร้างเส้นทางแต่ละครั้งควรพิจารณาสร้างเส้นทางจากจุดของลูกค้าที่มีระยะทางไกลจากศูนย์กระจายสินค้ามากที่สุดก่อน 2) ในแต่ละเส้นทางที่ถูกสร้างขึ้น ลูกค้าควรตั้งอยู่ใกล้ ๆ กัน และ 3) เส้นทางที่ถูกสร้างขึ้นควรมีลักษณะเป็นรูปหยดน้ำ ซึ่งโครโมโซมที่ถูกคัดเลือกนี้จะผ่านเงื่อนไขข้อใดข้อหนึ่งในเงื่อนไขที่กำหนดไว้

จากนั้นจึงทำการทดสอบวิธี GM-GA กับปัญหาตัวอย่างจาก OR Library ในกลุ่มปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะ ชุด A ได้แก่ ปัญหา A-n32-k7 ปัญหา A-n45-k7 ปัญหา A-n80-k10 เพื่อเปรียบเทียบกับวิธี GA จากผลการทดสอบพบว่าวิธี GA ให้คำตอบที่ดีกว่าวิธี GM-GA สำหรับปัญหาทุกขนาด โดยปัญหาขนาดใหญ่มีคำตอบใกล้เคียงกันมากที่สุด นอกจากนี้ยังพบว่าวิธี GM-GA มีพฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบได้ไวกว่าวิธี GA สำหรับปัญหาทุกขนาด แม้ว่าปัญหาจะมีขนาดใหญ่ขึ้นวิธี GM-GA ยังคงมีพฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบได้ค่อนข้างใกล้เคียงกับปัญหาขนาดเล็ก จึงสามารถสรุปได้ว่าวิธี GM-GA เหมาะสำหรับการค้นหาคำตอบปัญหาขนาดใหญ่มากกว่าปัญหาขนาดเล็ก

เมื่อนำผลลัพธ์ที่ได้มาวิเคราะห์ทางสถิติด้วยวิธี Paired t-test เพื่อทดสอบประสิทธิภาพการคำนวณของแต่ละวิธีสำหรับปัญหาทุกขนาดพบว่าปัญหาขนาดเล็ก ปัญหาขนาดกลาง และปัญหาขนาดใหญ่มีค่า P-value (2.20×10^{-16}) น้อยกว่าค่านัยสำคัญ (α=0.05) เช่นเดียวกัน จึงสามารถสรุปได้ว่าการคำนวณหาค่าเหมาะที่สุดด้วยวิธีที่แตกต่างกันทำให้ประสิทธิภาพในการคำนวณค่าเหมาะที่สุดแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

5.2 อภิปรายผลการวิจัย

5.2.1 การตัดต่อขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่นำเสนอขึ้นสามารถนำมาประยุกต์ใช้กับปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถแบบมีข้อจำกัดเรื่องความจุของยานพาหนะได้ แต่ยังมีประสิทธิภาพในการค้นหาคำตอบได้ไม่ดีเท่าที่ควร อาจเหมาะสำหรับอุตสาหกรรมที่ยังไม่มีระบบการคำนวณวิธีการจัดเส้นทางเดินรถ ไม่ต้องการความละเอียดหรือค่าที่ดีที่สุดในการจัดเส้นทาง เพียงต้องการปรับปรุงวิธีเดิมที่ใช้อยู่ให้ดียิ่งขึ้นเท่านั้น

5.2.2 แม้คำตอบที่ได้จากวิธี GM-GA จะมีประสิทธิภาพไม่เท่าคำตอบที่ได้จากวิธี GA แต่พฤติกรรมการลู่เข้าสู่คำตอบของวิธี GM-GA มีประสิทธิภาพดีกว่าวิธี GA อย่างเห็นได้ชัด และคำตอบที่ได้รับจากวิธี GM-GA มีความน่าเชื่อถือและสามารถยอมรับได้จากผลการทดสอบทางสถิติ

5.3 ข้อเสนอแนะ

5.3.1 ในงานวิจัยนี้ได้กำหนดค่าพารามิเตอร์ที่แน่นอนในการทดสอบเพียงรูปแบบเดียวเท่านั้นเพื่อหลีกเลี่ยงความซับซ้อนของวิธีการทดสอบ ซึ่งโดยธรรมชาติของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมการกำหนดค่าพารามิเตอร์ที่แตกต่างกันอาจทำให้ผลการทดลองแปรเปลี่ยนไปจากเดิมได้

5.3.2 สำหรับการพัฒนาในอนาคตสามารถนำวิธีฮิวริสติกส์ เช่น วิธี 2-opt มาประยุกต์ใช้ร่วมกับวิธี GM-GA เพื่อปรับปรุงประสิทธิภาพของคำตอบให้ดีมากยิ่งขึ้นได้ หรืออาจมีการพัฒนาสำหรับใช้ในการแก้ปัญหาอื่น ๆ ได้

มหาวิทยาลัยศิลปากร

รายการอ้างอิง

Dantzig B. G., & Ramser, H. J. (1959). The truck dispatching problem. *Management Science, 1*(6), 80-91.

National Research Council. (2015). Potential Risks and Benefits of Gain-of-Function Research.

Goldberg D. E. (1989). *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*. Addison-Wesley Publishing Company, USA.

Zhou D., Zhang, P., Bao, C., Zhang, Y., & Zhu, N. (2020). Emerging understanding of etiology and epidemiology of the novel coronavirus (COVID-19) infection in Wuhan, China.

Kurnia H., Wahyuni, E. G., Pembrani, E. C., Gardini, S. T., & Aditya, S. K. (2018). *Vehicle routing problem using genetic algorithm with multi compartment on vegetable distribution.* Paper presented at the IOP Conference Series: Materials Science and Engineering.

Ochelska-Mierzejewska J., Poniszewska-Marańda, A. & Marańda, W. (2021). Selected Genetic Algorithms for Vehicle Routing Problem Solving. *Electronics, 10*(24), 3147.

Wang J., Yan, D. W., Yuan, T. T., Gao, X., & Lu, Y. T. (2013). A gain-of-function mutation in IAA8 alters Arabidopsis floral organ development by change of jasmonic acid level. *Plant Molecular Biology, 82*(1), 71-83.

Zhu J. (2022). Solving Capacitated Vehicle Routing Problem by an Improved Genetic Algorithm with Fuzzy C-Means Clustering. *Scientific Programming, 2022*.

Chrominski K., Tkacz, M., Boryczka, M. (2020). *Epigenetic Modification of Genetic Algorithm*. Paper presented at the Internation Conference on Computional Science (ICCS 2020).

M. A. Laribi, Mlika, A., Romdhane, L., & Zeghloul, S. (2004). A combined genetic algorithm–fuzzy logic method (GA–FL) in mechanisms synthesis. *Mechanism and machine theory, 39*(7), 717-735.

Imai M., et al. (2012). Experimental adaptation of an influenza H5 HA confers respiratory

droplet transmission to a reassortant H5 HA/H1N1 virus in ferrets. *Nature, 486*(7403), 420-428.

Selgelid M. J. (2016). Gain-of-function research: ethical analysis. *Science and Engineering Ethics, 22*(4), 923-964.

Kuo M. M. C., Saimi, Y., & Kung, C. (2003). Gain-of-function mutations indicate that Escherichia coli Kch forms a functional K+ conduit in vivo. *The EMBO Journal, 22*(16), 4049-4058.

M. Marseguerra, & Zio, E. (2001). *Genetic algorithms: theory and applications in the safety domain*. Retrieved from

Pongcharoen P., Hicks, C., Braiden, P. M., & Stewardson, D. J. (2002). Determining optimum genetic algorithm parameters for scheduling the manufacturing and assembly of complex products. *International Journal of Production Economics, 78*(3), 311-322.

Toth P., & Vigo, D. (2002). *The vehicle routing problem*: SIAM.

Zhou P., et al. (2020). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature, 579*(7798), 270-273.

Herfst S., et al. (2012). Airborne transmission of influenza A/H5N1 virus between ferrets. *science, 336*(6088), 1534-1541.

Tiong S. K., Yap, D. F. & Koh, S. P. (2012). A comparative analysis of various chaotic genetic algorithms for multimodal function optimization. *Trends in Applied Sciences Research, 7*(9), 785.

Katoch S., Chauhan, S. S, & Kumar, V. (2021). A review on genetic algorithm: past, present, and future. *Multimedia Tools and Applications, 80*(5), 8091-8126.

El-Mihoub T. A., Hopgood, A. A., Nolle, L., & Battersby, A. (2006). Hybrid Genetic Algorithms: A Review. *Engineering Letters, 2*(13).

Sun W., & Yuan, Y. X. (2006). *Optimization theory and methods: nonlinear programming* (Vol. 1): Springer Science & Business Media.

Yang X. S. (2010). *Nature-inspired metaheuristic algorithms*: Luniver press.

กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข. (2564). โรคติดเชื้อโคโรนาไวรัส 2019 (Coronavirus Disease 2019: Part 2.1). Retrieved from https://www.thainapci.org/2021/wp-content/uploads/2021/03/covid-19-ver-15_51312921.pdf

รัฐกร แตงแสงจันทร์. (2558). การจัดเส้นทางเดินรถเพื่อส่งสินค้าหลายจุดที่มีเงื่อนไขกรอบเวลาและข้อจำกัดเวลาการทำงาน. (ปริญญามหาบัณฑิต). มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์,

สัญจิตา ทองเกิด. (2562). ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับการจัดตารางการผลิตระบบการผลิตแบบไหลเลื่อนผสม. (ปริญญามหาบัณฑิต). มหาวิทยาลัยศิลปากร

ภูมิบดินทร์ มาบพา. (2561). การประยุกต์ใช้วิธีการค้นหาคำตอบแบบทาบูสำหรับการจัดเส้นทางเดินรถขนส่งแบบมีกรอบเวลาและมีการแบ่งรับสินค้าทีละส่วน. (ปริญญามหาบัณฑิต). มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์,

สุรัยยา โสภณ และสุมนมาลย์. (2020). โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (COVID-19). วารสารสถาบันบำราศนราดูร, *2*(14), 124-133.

อาทิตย์ ศรีแก้ว. (2545). จีเนติกอัลกอริทึม ตอนที่ 1. วารสารเทคโนโลยีสุรนารี, *1*(9), 69-83.

มหาวิทยาลัยศิลปากร

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ-สกุล	อาริสา สะโนนอก
วัน เดือน ปี เกิด	1 ธันวาคม 2541
สถานที่เกิด	โรงพยาบาลตำรวจ
วุฒิการศึกษา	วศ.บ.วิศวกรรมการจัดการและโลจิสติกส์ มหาวิทยาลัยศิลปากร
ที่อยู่ปัจจุบัน	104/8 ม.2 ต.นาจอมเทียน อ.สัตหีบ จ.ชลบุรี 20250
ผลงานตีพิมพ์	กฤตินนท์ วรรณสอน, วรเมธ สุวรรณรัตน์, อาริสา สะโนนอก และประจวบ กล่อมจิตร. (2565). “การจัดสมดุลสายการผลิตกระบวนการผลิตประตูปิดฝากระโปรงท้ายรถยนต์ กรณีศึกษา: โรงงานผลิตชิ้นส่วนยานยนต์แห่งหนึ่ง”. การประชุมวิชาการข่ายงานวิศวกรรมอุตสาหการ ครั้งที่ 40 ประจำปี 2565, 10 - 12 พฤษภาคม 2565, มหาวิทยาลัยศิลปากร, นครปฐม, หน้าที่ 489 – 494. ธนวัฒน์ สุวรรณพงษ์, อัจฉริยา สายสิงห์, อาริสา สะโนนอก, พีรภพ จอมทอง และธนาธร เกรอต. (2565). “ขั้นตอนการค้นหาความบรรสานสำหรับปัญหาการจัดตารางการผลิตแบบไหลเลื่อน”. การประชุมวิชาการข่ายงานวิศวกรรมอุตสาหการ ครั้งที่ 40 ประจำปี 2565, 10 - 12 พฤษภาคม 2565, มหาวิทยาลัยศิลปากร, นครปฐม, หน้าที่ 56 – 62. จันทร์เพ็ญ อนุรัตนานนท์ และ อาริสา สะโนนอก. (2564). “การประยุกต์ใช้ตัวแบบพยากรณ์สำหรับปริมาณการสั่งซื้อยาในโรงพยาบาลตัวอย่าง”. การประชุมวิชาการทางธุรกิจและนวัตกรรมทางการจัดการระดับชาติ ครั้งที่ 8 ประจำปี 2564, 25 กันยายน 2564, มหาวิทยาลัยขอนแก่น, ขอนแก่น, หน้าที่ 1445-1452. S. Arisa, C. Siwatchaya, and P. Choosak. (2021) “Data Envelopment Analysis Approaches to Supply Chain Performance Measurement”. Silpakorn International Conference on Total Art and Science 2021 (SICTAS 2021) in conjunction with the 2nd International Conference on

Engineering and Industrial Technology 2021 (ICEIT 2021) The International Virtual Conference on Art, Science & Technology, and Social Science. Online Conference Thailand, 3-5 November 2021, pages 164-169.

D. Kornkanok, S. Arisa, P. Choosak, and A. Watanasungsuit. (2021) “A Comparison of Genetic Algorithm and Particleswarm Optimization in Flow Shop Scheduling Problems”. Silpakorn International Conference on Total Art and Science 2021 (SICTAS 2021) in conjunction with the 2nd International Conference on Engineering and Industrial Technology 2021 (ICEIT 2021) The International Virtual Conference on Art, Science & Technology, and Social Science. Online Conference Thailand, 3-5 November 2021, pages 170-176.

T. Karot, K. Deesamer, A. Sanonok, J. Baobuangoen, and C. Pornsing. A critical study of transportation cost in inroad transportation business. Naresuan University Journal: Science and Technology. vol. 28(4), October – December 2021, (TCI 1).