



## บทที่ 4

### การทดลองและผลการทดลอง

เนื้อหาของบทนี้กล่าวถึง การทดลองนำขั้นตอนวิธีพันธุกรรมมาเรียนรู้การหาลำดับวิธีการพัฒนาที่ละชั้นที่เหมาะสมต่อกุ่มตัวอย่างวงจรเชิงผสมที่ใช้เป็นข้อมูลสอน เพื่อให้ได้วิธีการเรียงลำดับตัวแปรของแผนตัดสินใจที่ใช้ได้ผลดีต่อกุ่มวงจรที่ไม่ได้สอนด้วย

#### 4.1 พารามิเตอร์สำหรับการทดลอง

ในการทดลองแต่ละครั้ง ได้มีการกำหนดค่าพารามิเตอร์ไว้ใช้ร่วมกัน เพื่อให้สามารถเปรียบเทียบผลการทดลองในแต่ละวิธีการทดลองได้ โดยกำหนดให้ประชากรมีขนาดเท่ากับ 30 สายอักขระ เพื่อให้แน่ใจว่ามีโอกาสพบผลเฉลยที่ดีและใช้เวลาประมวลผลไม่มากจนเกินไป

สำหรับอัตราการไขว้เปลี่ยนและอัตราการกลายพันธุ์จะกำหนดไว้ในระดับเดียวกับประชากรขนาดปานกลาง [9] คือ 60% และ 3.3% ของประชากรผลเฉลย ตามลำดับ ส่วนความยาวของสายโครโมโซมจะกำหนดไว้ 3 ระดับคือ ความยาว 30 อักขระ ความยาว 20 อักขระ และความยาว 10 อักขระ

#### 4.2 การเตรียมชุดตัวอย่างการสอน

ตัวอย่างที่ใช้ในการเรียนรู้คือ วงจรวัดเปรียบเทียบสมรรถนะของ MCNC ที่ได้ผ่านการสร้างเป็นแผนภาพตัดสินใจทวิภาคด้วยเทคนิคการเรียนรู้ต้นไม้ตัดสินใจจำนวน 30 วงจร (รูปแบบของวงจรวัดเปรียบเทียบสมรรถนะได้แสดงไว้ในภาคผนวก ค) จากนั้นเรียงลำดับวงจรตามจำนวนตัวแปรของแผนภาพตัดสินใจ (input) จากน้อยไปหามาก แล้วแบ่งวงจรออกเป็น 3 ชุดๆ ละ 10 วงจร ดังตารางที่ 4.1 ต่อมาทำการเตรียมตัวอย่างการเรียนรู้ดังต่อไปนี้

กลุ่มที่ 1 นำวงจรชุดที่ 1 และชุดที่ 2 มารวมกันเป็นตัวอย่างเรียนรู้ ส่วนวงจรชุดที่ 3 เป็นตัวอย่างทดสอบ เรียกตัวอย่างกลุ่มที่ 1 ว่า ชุดที่ 1

กลุ่มที่ 2 นำวงจรชุดที่ 2 และชุดที่ 3 มารวมกันเป็นตัวอย่างเรียนรู้ ส่วนวงจรชุดที่ 1 เป็นตัวอย่างทดสอบ เรียกตัวอย่างกลุ่มที่ 2 ว่า ชุดที่ 2

กลุ่มที่ 3 นำวงจรชุดที่ 1 และชุดที่ 3 มารวมกันเป็นตัวอย่างเรียนรู้ ส่วนวงจรชุดที่ 2 เป็นตัวอย่างทดสอบ เรียกตัวอย่างกลุ่มที่ 3 ว่า ชุดที่ 3

ดังนั้นจำนวนตัวอย่างที่ใช้สอนในแต่ละกลุ่มเท่ากับ 20 วงจร ส่วนจำนวนตัวอย่างที่ไม่ใช้สอนและไว้สำหรับทดสอบเท่ากับ 10 วงจร

ตารางที่ 4.1 ชื่อวงจร จำนวนตัวแปร และจำนวนฟังก์ชัน

ชื่อวงจร	จำนวนตัวแปร	จำนวนฟังก์ชัน	ชุดที่
Xor5	5	1	1
Rd53	5	3	
Squar5	5	8	
Bw	5	28	
Con1	7	2	
Rd73	7	3	
Inc	7	9	
5xp1	7	10	
Z5xp1	7	10	
Rd84	8	4	
Sqrt8	8	4	2
Misex1	8	7	
Ex5p	8	63	
9sym	9	1	
Z9sym	9	1	
Clip	9	5	
Apex4	9	19	
Sao2	10	4	
Ex1010	10	10	
Alu4	14	8	
Misex3	14	14	3
Misex3c	14	14	
Table3	14	14	
B12	15	9	
T481	16	1	
Pdc	16	40	
Spla	16	46	
Table5	17	15	
Duke2	22	29	
Cordic	23	2	
<b>รวม</b>	<b>167</b>	<b>184</b>	

DTL คือการสร้างแผนภาพตัดสินใจทวิภาคเริ่มต้นด้วยการเรียนรู้ต้นไม้ตัดสินใจ

### 4.3 วิธีการทดลอง

1) วิธีการที่ใช้หาลำดับตัวแปรของแผนภาพตัดสลิใจทวิภาคในการทดลองนี้ เพื่อให้แผนภาพตัดสลิใจเริ่มต้นมีจำนวนบัพน้อยลง มีดังต่อไปนี้

#### วิธีการที่ 1

คือการใช้วิธี SIFTING ซึ่งเป็นวิธีที่ดีที่สุดที่ใช้ลดขนาดของแผนภาพตัดสลิใจจากงานวิจัยของ ศิริพรรณ วิญญูนนทกุล [20] เพื่อใช้เป็นวิธีเปรียบเทียบกับวิธีพัฒนาที่ละชั้นที่สร้างขึ้นจากขั้นตอนวิธีพันธุกรรม

#### วิธีการที่ 2

เป็นวิธีการพัฒนาที่ละชั้นที่สร้างขึ้นจากลำดับวิธีการพัฒนาที่ละชั้นต่างๆ ที่เข้ารหัสในสายอักขระที่เหมาะสมที่สุด จากการหาโดยขั้นตอนวิธีพันธุกรรม วิธีการพัฒนาที่ละชั้นแต่ละวิธีจะไม่มี การเปลี่ยนแปลงแก้ไขใดๆ (เรียกวิธีนี้ว่า GA1)

#### วิธีการที่ 3

ในวิธีการนี้ได้ดัดแปลงวิธีการพัฒนาที่ละชั้นที่แต่ละวิธีที่เข้ารหัสในสายโครโมโซมจากวิธีการที่ 2 เพื่อยอมให้แผนภาพตัดสลิใจทวิภาคมีขนาดใหญ่ขึ้นได้ถัดจากขนาดเดิมหนึ่งชั้น เมื่อวิธีการพัฒนาที่ละชั้นไม่สามารถทำให้แผนภาพตัดสลิใจมีขนาดลดลงจากขนาดเดิมได้ (เรียกวิธีนี้ว่า GA2)

#### วิธีการที่ 4

วิธีการนี้ได้ดัดแปลงจากวิธีการที่ 2 เนื่องจากการพัฒนาที่ละชั้นแบบ SIFTING ในบางวงจรไม่สามารถลดขนาดลงได้อีก เมื่อตามด้วยการใช้วิธีการพัฒนาที่ละชั้นวิธีอื่นๆ จึงได้ลดขั้นตอนการ SIFTING ลง เหลือเพียงการหาดำแหน่งที่เหมาะสมของตัวแปรเพียงรอบเดียว จึงขอเรียกขั้นตอนใหม่นี้ว่า SUB SIFTING เข้าใช้แทน SIFTING เดิม การทำเช่นนี้เพื่อลดบทบาทของ SIFTING ลงและเปิดโอกาสให้วิธีการอื่นได้ทำงานแทน รวมทั้งเป็นการลดเวลาในการประมวลผลลงอีกด้วย นอกจากนี้ยังทำการลดขั้นตอนวิธี AD3 ลงเหลือเพียงการสลักกลุ่มของตัวแปรเพื่อหาดำแหน่งที่เหมาะสมเพียงรอบเดียวในแต่ละครั้งที่ทำขั้นตอนวิธี AD3 เพื่อลดความซ้ำซ้อน โดยเรียกขั้นตอนใหม่นี้ว่า SUB AD3 แทน AD3 เดิม และเพื่อให้มีความหลากหลายในขั้นตอนวิธีมากขึ้นจึงได้เพิ่ม

ขั้นตอนวิธีใหม่เข้าไปในสายโครโมโซม โดยทำการดัดแปลงขั้นตอน AD4 ให้ลดการทำงานลงเหมือน AD3 แต่แทนที่จะหาลำดับตัวแปรที่ทำให้แผนภาพตัดสินใจมีขนาดเล็กลง กลับหาลำดับตัวแปรที่ทำให้แผนภาพตัดสินใจมีขนาดใหญ่ขึ้นแทน โดยเรียกขั้นตอนใหม่นี้ว่า SUB INVERT AD4 (เรียกวิธีการนี้ว่า GA3)

2) นำวิธีการ GA1 ถึง GA3 มาเรียนรู้ลำดับวิธีการพัฒนาที่ละขั้นที่เหมาะสมจากกลุ่มตัวอย่างการสอนทั้ง 3 ชุด จากนั้นนำลำดับวิธีการที่ได้ลดขนาดแผนภาพตัดสินใจทั้งที่ใช้ในการเรียนรู้และที่ไม่ได้ใช้ในการเรียนรู้จากตัวอย่างการสอนทั้ง 3 ชุด แล้วทำการเปรียบเทียบผลที่ได้กับวิธี SIFTING ดังการทดลองต่อไปนี้

ตอนที่ 1 นำขั้นตอนวิธีพันธุกรรมเรียนรู้ตัวอย่างชุดที่ 1 (ตารางที่ 4.2)

ตอนที่ 2 นำขั้นตอนวิธีพันธุกรรมเรียนรู้ตัวอย่างชุดที่ 2 (ตารางที่ 4.3)

ตอนที่ 3 นำขั้นตอนวิธีพันธุกรรมเรียนรู้ตัวอย่างชุดที่ 3 (ตารางที่ 4.4)

3) ทำการหาค่าเฉลี่ยของขนาดแผนภาพตัดสินใจวิภาคของแต่ละวงจรวางที่ได้จากการทดลองทั้ง 3 ตอน (ตารางที่ 4.5) แล้วทำการเปรียบเทียบผลที่ได้กับวิธี SIFTING ดังสมการ

$$\bar{x} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n}$$

โดย  $\bar{x}$  คือ ค่าเฉลี่ยของขนาดแผนภาพตัดสินใจวิภาค

$x_i$  คือ ขนาดของแผนภาพตัดสินใจในการทดลองแต่ละตอน

$n$  คือ จำนวนการทดลอง

#### 4.4 ผลการทดลอง

ผลการทดลองจะแสดงเฉพาะผลเฉลี่ยที่ใช้ความยาวสายโครโมโซม 30 อักขระเท่านั้น ส่วนผลการทดลองที่ใช้ความยาวโครโมโซม 20 และ 10 อักขระ ได้แสดงไว้ในภาคผนวก ก เนื่องจากพบว่าผลเฉลี่ยที่ใช้ความยาวโครโมโซม 30 อักขระได้ผลที่ดีกว่า ดังการทดลองต่อไปนี้

ตอนที่ 1 ทดลองนำขั้นตอนวิธีพันธุกรรมเรียนรู้ตัวอย่างชุดที่ 1 โดยใช้ความยาวโครโมโซม 30 อักขระ ผลที่ได้แสดงในตารางที่ 4.2 (ก)

ตารางที่ 4.2 (ก) ขนาดแผนภาพตัดสินใจทวิภาคที่ได้จากการทดลองตอนที่ 1 (ตัวอย่างเรียนรู้)

ชื่อวงจร	In	Out	DTL	DTL+Sift	DTL+ GA1	DTL+ GA2	DTL+GA3
Xor5	5	1	9	9	9	9	9
Rd53	5	3	23	23	23	23	23
Squar5	5	8	38	37	37	37	37
Bw	5	28	115	100	100	101	100
Con1	7	2	19	15	15	16	15
Rd73	7	3	43	43	43	43	43
Inc	7	9	107	80	75	75	75
5xp1	7	10	68	68	68	68	68
Z5xp1	7	10	68	68	68	68	68
Rd84	8	4	59	59	59	59	59
Sqrt8	8	4	34	33	33	33	33
Misex1	8	7	42	36	38	36	36
Ex5p	8	63	280	278	278	278	278
9sym	9	1	33	33	33	33	33
Z9sym	9	1	35	35	35	35	35
Clip	9	5	96	93	93	94	93
Apex4	9	19	970	970	970	970	970
Sao2	10	4	99	85	85	85	85
Ex1010	10	10	1074	1060	1062	1060	1058
Alu4	14	8	736	703	703	703	703
รวม	157	200	3948	3828	3827	3826	3821

#### หมายเหตุ

in คือ จำนวนตัวแปรของวงจรตัวอย่าง

out คือ จำนวนฟังก์ชันของวงจรตัวอย่าง

DTL คือ การสร้างแผนภาพตัดสินใจทวิภาคด้วยการเรียนรู้ต้นไม้ตัดสินใจ

โดยในแต่ละวิธีได้สายโครโมโซมดังต่อไปนี้

วิธี DTL+ GA1 สายโครโมโซมที่ได้คือ

4 2 N 2 N 4 3 S N 2 4 2 4 3 4 3 2 S N S S 2 2 S N 4 N 2 S 4

เมื่อ S = Sifting, 4 = AD4, 3 = AD3, 2 = AD2 และ N = None

วิธี DTL+ GA2 สายโครโมโซมที่ได้คือ

3 3 2 3 3 S 3 N 4 S 2 3 2 2 4 3 N 3 2 S 2 2 N 3 4 3 3 N S 4

เมื่อ S = Sifting, 4 = AD4, 3 = AD3, 2 = AD2 และ N = None

วิธี DTL+ GA3 สายโครโมโซมที่ได้คือ

3 4 4 2 N S I S N S 4 4 4 3 4 S I 3 2 S N 4 S 2 N N 2 4 S N

เมื่อ S = Sub\_Sifting, 4 = AD4, 3 = Sub\_AD3, 2 = AD2, I = Sub Invert AD4

และ N = None

หลังจากนั้นนำผลเฉลยที่ได้มาทดสอบกับวงจรตัวอย่างที่ไม่ใช้สอน และผลที่ได้แสดงในตารางที่

4.2 (ข)

ตารางที่ 4.2 (ข) ขนาดแผนภาพตัดสินใจทวิภาคที่ได้จากการทดลองตอนที่ 1 (ตัวอย่างทดสอบ)

ชื่อวงจร	In	Out	DTL	DTL+Sift	DTL+ GA1	DTL+ GA2	DTL+GA3
Misex3	14	14	855	585	585	586	585
Misex3c	14	14	508	451	453	454	451
Table3	14	14	812	754	754	754	751
B12	15	9	73	60	60	61	60
T481	16	1	32	32	32	32	32
Pdc	16	40	687	605	604	604	604
Spla	16	46	687	592	592	592	592
Table5	17	15	756	669	668	669	668
Duke2	22	29	622	336	357	336	357
Cordic	23	2	76	75	75	77	75
รวม	167	184	5108	4159	4180	4165	4175

ตอนที่ 2 ทดลองนำขั้นตอนวิธีพันธุกรรมเรียนรู้ตัวอย่างกลุ่มที่ 2 โดยใช้ความยาวโครโมโซม 30 อักขระ ผลที่ได้แสดงในตารางที่ 4.3 (ก)

ตารางที่ 4.3 (ก) ขนาดแผนภาพตัดสินใจทวิภาคที่ได้จากการทดลองตอนที่ 2 (ตัวอย่างเรียนรู้)

ชื่อวงจร	In	Out	DTL	DTL+sift	DTL+ GA1	DTL+ GA2	DTL+GA3
Sqrt8	8	4	34	33	33	33	37
Misex1	8	7	42	36	36	38	36
Ex5p	8	63	280	278	278	278	278
9sym	9	1	33	33	33	33	33
Z9sym	9	1	35	35	35	35	35
Clip	9	5	96	93	93	93	93
Apex4	9	19	970	970	970	970	970
Sao2	10	4	99	85	85	85	85
Ex1010	10	10	1074	1060	1060	1060	1060
Alu4	14	8	736	703	703	703	686
Misex3	14	14	855	585	585	585	585
Misex3c	14	14	508	451	451	453	451
Table3	14	14	812	754	754	754	751
B12	15	9	73	60	60	60	60
T481	16	1	32	32	32	32	32
Pdc	16	40	687	605	603	604	604
Spla	16	46	687	592	592	592	592
Table5	17	15	756	669	669	668	668
Duke2	22	29	622	336	336	336	336
Cordic	23	2	76	75	75	75	75
รวม	261	306	8507	7485	7483	7487	7467

#### หมายเหตุ

in คือ จำนวนตัวแปรของวงจรตัวอย่าง

out คือ จำนวนฟังก์ชันของวงจรตัวอย่าง

DTL คือ การสร้างแผนภาพตัดสินใจทวิภาคด้วยการเรียนรู้ต้นไม้ตัดสินใจ

โดยในแต่ละวิธีได้สายโครโมโซมดังต่อไปนี้

วิธี DTL+ GA1 สายโครโมโซมที่ได้คือ

4 S 2 3 S 4 2 3 2 N 2 2 N S 3 2 3 N N S 2 2 4 2 3 3 S 2 S

เมื่อ S = Sifting, 4 = AD4, 3 = AD3, 2 = AD2 และ N = None

วิธี DTL+ GA2 สายโครโมโซมที่ได้คือ

2 N S 2 4 N 3 4 4 S 3 N S S 2 4 4 3 3 2 4 N 2 N 3 N 2 S 2 4

เมื่อ S = Sifting, 4 = AD4, 3 = AD3, 2 = AD2 และ N = None

วิธี DTL+ GA3 สายโครโมโซมที่ได้คือ

III 2 I 2 4 4 I N N S N N 3 3 I 2 3 S 4 4 S 3 2 2 S N S 3

เมื่อ S = Sub\_Sifting, 4 = AD4, 3 = Sub\_AD3, 2 = AD2, I = Sub\_Invert AD4

และ N = None

หลังจากนั้นนำผลเฉลี่ยที่ได้มาทดสอบกับวงจรตัวอย่างที่ไม่ใช้สอน และผลที่ได้แสดงในตารางที่ 4.3 (ข)

ตารางที่ 4.3 (ข) ขนาดแผนภาพตัดสินใจวิภาคที่ได้จากการทดลองตอนที่ 2 (ตัวอย่างทดสอบ)

ชื่อวงจร	In	Out	DTL	DTL+Sift	DTL+ GA1	DTL+ GA2	DTL+GA3
Xor5	5	1	9	9	9	9	9
Rd53	5	3	23	23	23	23	23
Squar5	5	8	38	37	37	37	37
Bw	5	28	115	100	100	100	100
Con1	7	2	19	15	15	15	15
Rd73	7	3	43	43	43	43	43
Inc	7	9	107	80	80	86	75
5xp1	7	10	68	68	68	68	68
Z5xp1	7	10	68	68	68	68	68
Rd84	8	4	59	59	59	59	59
รวม	63	78	549	502	502	508	497



ตอนที่ 3 ทดลองนำขึ้นตอนวิธีพันธุกรรมเรียนรู้ตัวอย่างกลุ่มที่ 3 โดยใช้ความยาวโครโมโซม 30 อักขระ ผลที่ได้แสดงในตารางที่ 4.4 (ก)

ตารางที่ 4.4 (ก) ขนาดแผนภาพตัดสินใจวิภาคที่ได้จากการทดลองตอนที่ 3 (ตัวอย่างเรียนรู้)

ชื่อวงจร	In	Out	DTL	DTL+Sift	DTL+ GA1	DTL+ GA2	DTL+GA3
Xor5	5	1	9	9	9	9	9
Rd53	5	3	23	23	23	23	23
Squar5	5	8	38	37	37	37	37
Bw	5	28	115	100	100	100	100
Con1	7	2	19	15	15	15	15
Rd73	7	3	43	43	43	43	43
Inc	7	9	107	80	75	75	75
5xp1	7	10	68	68	68	69	68
Z5xp1	7	10	68	68	68	69	68
Rd84	8	4	59	59	59	59	59
Misex3	14	14	855	585	585	585	585
Misex3c	14	14	508	451	453	453	451
Table3	14	14	812	754	754	754	751
B12	15	9	73	60	60	60	60
T481	16	1	32	32	32	33	32
Pdc	16	40	687	605	604	604	604
Spla	16	46	687	592	592	592	592
Table5	17	15	756	669	668	668	668
Duke2	22	29	622	336	336	336	336
Cordic	23	2	76	75	75	75	75
รวม	230	262	5657	4661	4656	4659	4651

#### หมายเหตุ

in คือ จำนวนตัวแปรของวงจรตัวอย่าง

out คือ จำนวนฟังก์ชันของวงจรตัวอย่าง

DTL คือ การสร้างแผนภาพตัดสินใจวิภาคด้วยการเรียนรู้ต้นไม้ตัดสินใจ

โดยในแต่ละวิธีได้สายโครโมโซมดังต่อไปนี้

วิธี DTL+ GA1 สายโครโมโซมที่ได้คือ

3 4 S N 2 2 4 4 4 N 2 3 4 S N 4 2 N S 4 S 3 S 3 2 3 4 3 4 S

เมื่อ S = Sifting, 4 = AD4, 3 = AD3, 2 = AD2 และ N = None

วิธี DTL+ GA2 สายโครโมโซมที่ได้คือ

3 2 S 2 N 3 S 3 2 4 4 N 2 S 4 S 2 4 S 4 N 4 3 4 3 S 2 N S N

เมื่อ S = Sifting, 4 = AD4, 3 = AD3, 2 = AD2 และ N = None

วิธี DTL+ GA3 สายโครโมโซมที่ได้คือ

N 2 3 4 S N I N S N S 3 N 4 S I I 4 S N 2 2 4 S 2 N S 2 4 3

เมื่อ S = Sub\_Sifting, 4 = AD4, 3 = Sub\_AD3, 2 = AD2, 1 = Sub\_Invert AD4

และ N = None

หลังจากนั้นนำผลเฉลยที่ได้มาทดสอบกับวงจรตัวอย่างที่ไม่ใช้สอน และผลที่ได้แสดงในตารางที่

4.4 (ข)

ตารางที่ 4.4 (ข) ขนาดแผนภาพตัดสินใจทวิภาคที่ได้จากการทดลองตอนที่ 3 (ตัวอย่างทดสอบ)

ชื่อวงจร	In	Out	DTL	DTL+Sift	DTL+ GA1	DTL+ GA2	DTL+GA3
Sqrt8	8	4	34	33	33	33	33
Misex1	8	7	42	36	38	38	36
Ex5p	8	63	280	278	278	278	278
9sym	9	1	33	33	33	33	33
Z9sym	9	1	35	35	35	36	35
Clip	9	5	96	93	93	93	93
Apex4	9	19	970	970	970	973	976
Sao2	10	4	99	85	85	85	85
Ex1010	10	10	1074	1060	1062	1064	1061
Alu4	14	8	736	703	703	703	703
รวม	94	122	3399	3326	3330	3336	3333

เมื่อดำเนินการทดลองครบทั้ง 3 ตอนแล้ว จากนั้นนำขนาดแผนภาพตัดสินใจทวิภาคของแต่ละวงจรตัวอย่างที่ได้จากวิธีการต่างๆ มาหาค่าเฉลี่ยจำนวนบัพจากการทดลองทั้ง 3 ตอน เปรียบเทียบกับวิธี SIFTING ดังแสดงผลไว้ในตารางที่ 4.5

ตารางที่ 4.5 ค่าเฉลี่ยจำนวนบัพ เมื่อโครโมโซมมีความยาว 30 อักขระ

ชื่อวงจร	DTL+Sift	DTL+ GA1	DTL+GA2	DTL+GA3
Xor5	9.0	9.0	9.0	9.0
Rd53	23.0	23.0	23.0	23.0
Squar5	37.0	37.0	37.0	37.0
Bw	100.0	100.0	100.3	100.0
Con1	15.0	15.0	15.3	15.0
Rd73	43.0	43.0	43.0	43.0
Inc	80.0	76.7	78.7	75.0
5xp1	68.0	68.0	68.3	68.0
Z5xp1	68.0	68.0	68.3	68.0
Rd84	59.0	59.0	59.0	59.0
Sqrt8	33.0	33.0	33.0	34.3
Misex1	36.0	37.3	37.3	36.0
Ex5p	278.0	278.0	278.0	278.0
9sym	33.0	33.0	33.0	33.0
Z9sym	35.0	35.0	35.3	35.0
Clip	93.0	93.0	93.3	93.0
Apex4	970.0	970.0	971.0	972.0
Sao2	85.0	85.0	85.0	85.0
Ex1010	1060.0	1061.3	1061.3	1059.7
Alu4	703.0	703.0	703.0	697.3
Misex3	585.0	585.0	585.3	585.0
Misex3c	451.0	452.3	453.3	451.0
Table3	754.0	754.0	754.0	751.0
B12	60.0	60.0	60.3	60.0
T481	32.0	32.0	32.3	32.0
Pdc	605.0	603.7	604.0	604.0
Spla	592.0	592.0	592.0	592.0
Table5	669.0	668.3	668.3	668.0
Duke2	336.0	343.0	336.0	343.0
Cordic	75.0	75.0	75.7	75.0
รวม	7987.0	7992.7	7993.7	7981.3

จากตารางที่ 4.5 พบว่ามีเพียงวิธี GA3 ที่มีค่าเฉลี่ยของขนาดแผนภาพน้อยกว่าวิธี DTL+SIFT จึงนำวิธี GA3 มาทดลองซ้ำทั้ง 3 ตอนการทดลองอีก 4 ครั้ง แล้วหาค่าส่วนเบี่ยงเบน

มาตรฐานของขนาดแผนภาพตัดสินใจ เพื่อพิจารณาว่า ในแต่ละครั้งของการทดลองผลเฉลี่ยที่ได้ จากวิธี GA3 มีความแตกต่างกันอย่างไร ดังที่แสดงไว้ในภาคผนวก ง

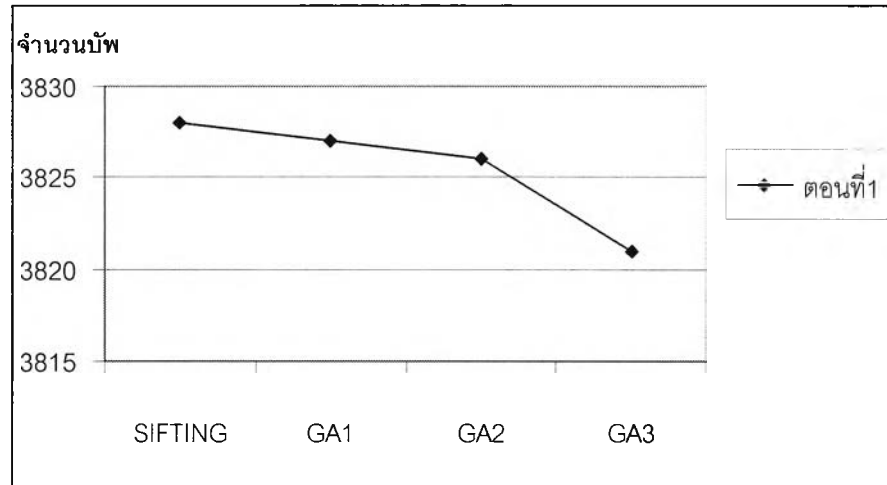
เมื่อวัดเวลาการทำงานของผลเฉลี่ยที่ได้จากวิธีการทั้ง 3 วิธี คือ GA1 GA2 และ GA3 ด้วย เครื่องเพนเทียมทรี 800 หน่วยความจำหลัก 128 เมกกะไบท์ ระบบปฏิบัติการวินโดวส์สองพัน โดย ทำการวัดผลรวมเวลาการหาลำดับตัวแปรของวงจรตัวอย่างทั้ง 30 วงจร ด้วยผลเฉลี่ยของวิธีการที่ ได้จากการทดลองทั้ง 3 ตอน และผลที่ได้แสดงไว้ในตารางที่ 4.6 ปรากฏว่าใช้เวลาในการประมวล ผลมากกว่า SIFTING 3 ถึง 4 เท่า แต่เมื่อเทียบกับผลเฉลี่ยที่ได้จากวิธีการทั้ง 3 วิธี แล้วจะเห็นว่า วิธี GA3 จะใช้เวลาน้อยกว่าวิธีอื่น เนื่องจากได้ลดการทำงานของขั้นตอนวิธีการพัฒนาที่ละชั้นลง ตารางที่ 4.6 ผลรวมเวลาที่ใช้ในการประมวลผลวงจรทดสอบ 30 วงจร โดยใช้โครโมโซมความยาว 30 อักขระ (หน่วยเป็นวินาที)

วิธีการทดลอง	DTL+SIFT	DTL+GA1	DTL+GA2	DTL+GA3
ตอนที่ 1	3.57	13.07	12.96	13.56
ตอนที่ 2	3.52	13.45	14.66	11.778
ตอนที่ 3	3.47	15.16	15.77	12.58
ค่าเฉลี่ย	3.52	13.89	14.46	12.64

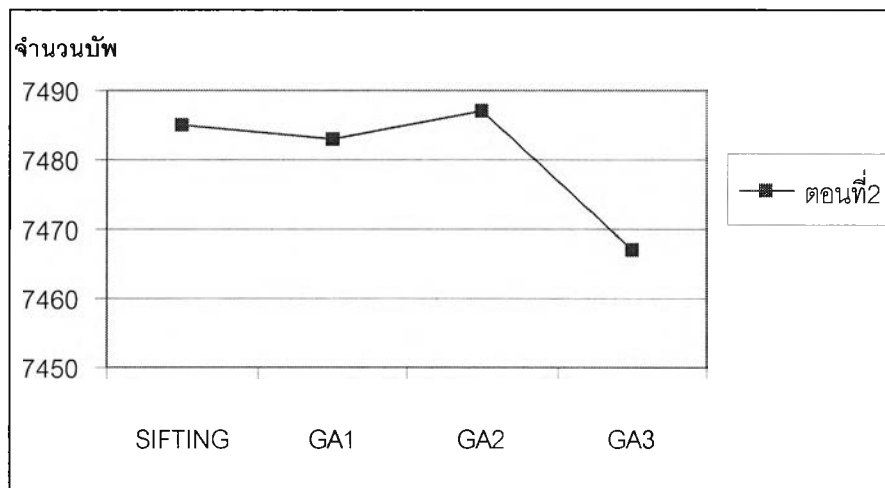
#### 4.5 สรุปผลการทดลอง

จากการทดลองทั้ง 3 ตอน โดยใช้ความยาวโครโมโซม 30 อักขระ พบว่า วิธีการเรียนรู้ด้วย ขั้นตอนวิธีพันธุกรรมในแต่ละวิธีมีแนวโน้มไปในทิศทางเดียวกันคือ ผลรวมขนาดของแผนภาพตัดสินใจทวิภาคของวงจรตัวอย่างที่ใช้เรียนรู้มีค่าลดลงเมื่อเปรียบเทียบกับวิธี DTL+SIFT ดังรูปที่ 4.1 (ก)~(ค) ส่วนผลรวมขนาดของแผนภาพตัดสินใจทวิภาคของวงจรตัวอย่างทดสอบมีค่าเพิ่มขึ้นเมื่อเปรียบเทียบกับวิธี DTL+SIFT ดังรูปที่ 4.2 (ก)~(ค) ยกเว้นวิธีการ GA3 ในการทดลองตอนที่ 2 สามารถลดผลรวมขนาดของแผนภาพตัดสินใจได้ดีกว่าวิธี DTL+SIFT

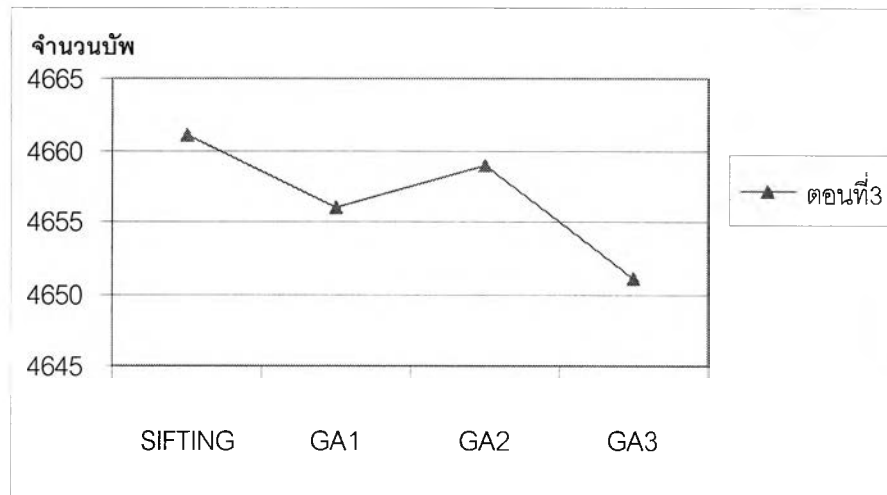
จากการนำผลเฉลี่ยมาใช้กับวงจรกลุ่มตัวอย่างที่ใช้สอนแล้วได้ผลดีกว่าวิธี DTL+SIFT แต่เมื่อนำผลเฉลี่ยมาใช้กับวงจรตัวอย่างที่ไม่ได้เรียนรู้ แล้วไม่ได้ผลดีเท่าที่ควร แสดงให้เห็นว่าวงจรเชิงผสมแต่ละวงจรจะเหมาะกับวิธีการหาลำดับตัวแปรที่ต่างกัน



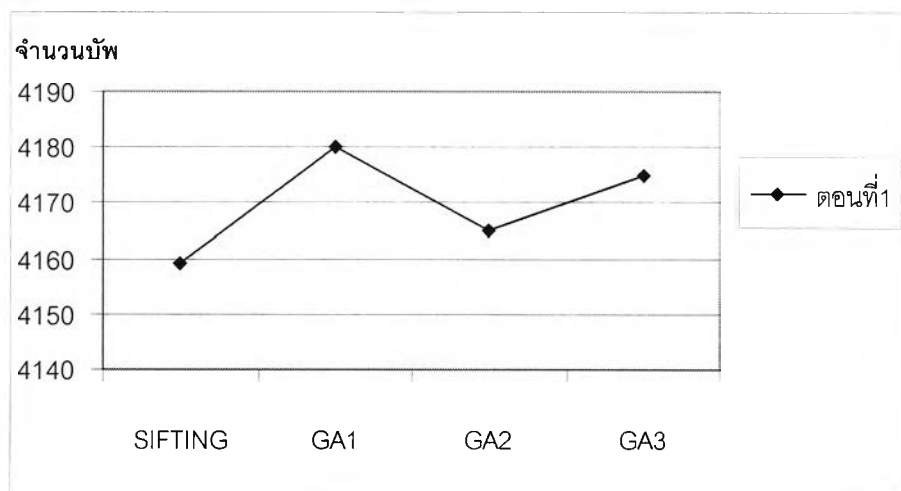
รูปที่ 4.1 (ก) ขนาดของแผนภาพตัดสั่นใจที่ได้จากการทดลองตอนที่ 1 (ตัวอย่างเรียนรู้)



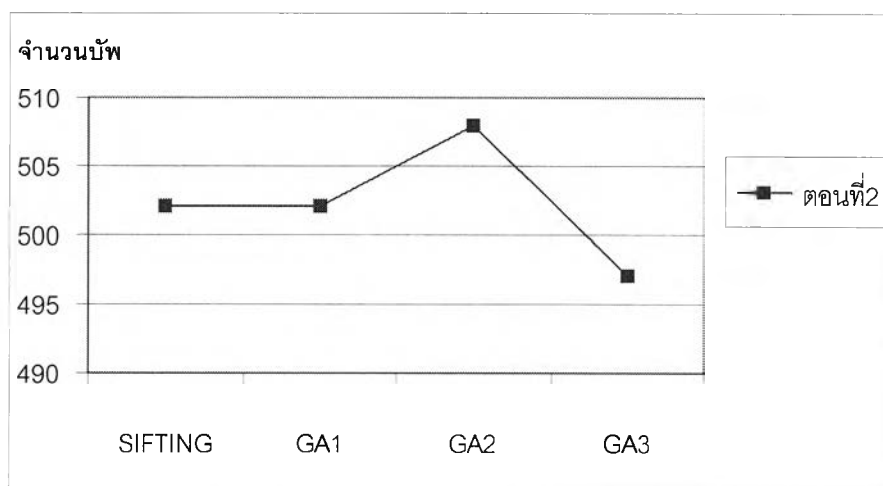
รูปที่ 4.1 (ข) ขนาดของแผนภาพตัดสั่นใจที่ได้จากการทดลองตอนที่ 2 (ตัวอย่างเรียนรู้)



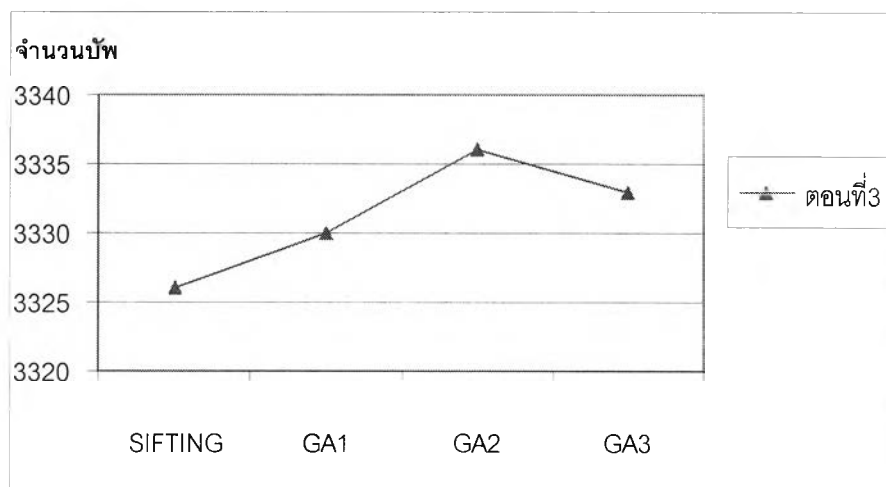
รูปที่ 4.1 (ค) ขนาดของแผนภาพตัดสั่นใจที่ได้จากการทดลองตอนที่ 3 (ตัวอย่างเรียนรู้)



รูปที่ 4.2 (ก) ขนาดของแผนภาพตัดสั่นใจที่ได้จากการทดลองตอนที่ 1 (ตัวอย่างทดสอบ)

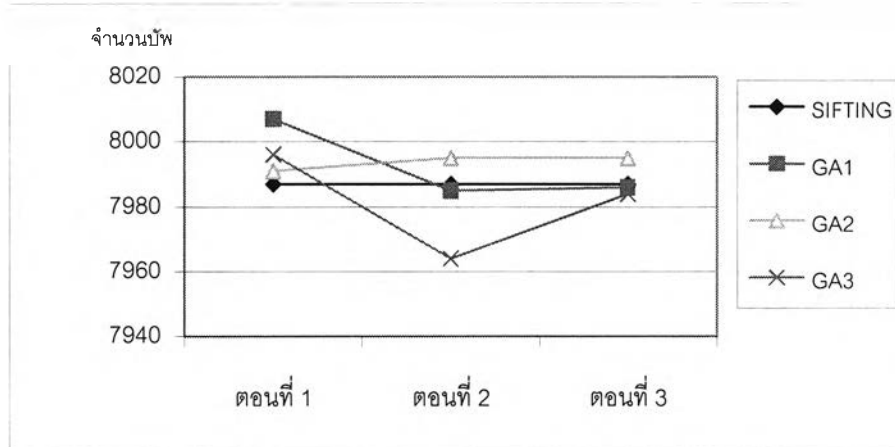


รูปที่ 4.2 (ข) ขนาดของแผนภาพตัดสีนใจที่ได้จากการทดลองตอนที่ 2 (ตัวอย่างทดสอบ)



รูปที่ 4.2 (ค) ขนาดของแผนภาพตัดสีนใจที่ได้จากการทดลองตอนที่ 3 (ตัวอย่างทดสอบ)

ผลจากการวิจัยนี้แสดงให้เห็นว่า กลุ่มของวงจรถั่วอย่างที่ใช้สอนมีผลต่อคุณภาพของผลเฉลยที่ได้จากขั้นตอนวิธีพันธุกรรม ดังรูปที่ 4.3



รูปที่ 4.3 ผลรวมขนาดของแผนภาพตัดสินใจทวิภาคจากการทดลองทั้ง 3 ตอน

โดยเรียงลำดับตามขนาดของวงจรถั่วอย่างที่ใช้เรียนรู้จากมากไปน้อยดังนี้ คือ การทดลองตอนที่ 2 การทดลองตอนที่ 3 และการทดลองตอนที่ 1 จากรูปแสดงให้เห็นว่า ถ้านำวงจรถั่วที่มีขนาดใหญ่มาสอนที่แสดงไว้ใน การทดลองตอนที่ 2 จะมีแนวโน้มที่ให้ผลเฉลยที่ดีกว่าวงจรถั่วขนาดเล็กมาใช้สอน

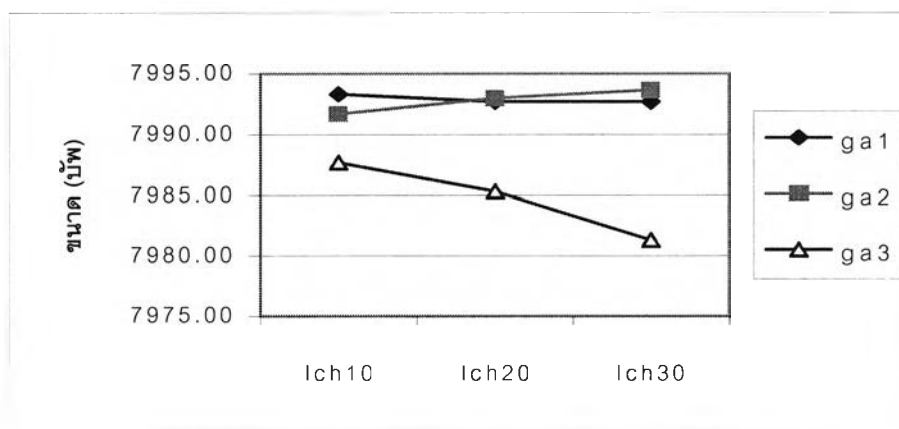
จากผลทดลองพบว่า วิธีการ GA3 มีแนวโน้มที่จะให้ผลเฉลยที่มีคุณภาพดีกว่าวิธีการ GA1 และ GA2 เนื่องจากการแบ่งย่อยการทำงานของวิธีการพัฒนาที่ละขั้นให้มีหน่วยเล็กลง และการอนุญาตให้แผนภาพตัดสินใจทวิภาคมีขนาดใหญ่ขึ้นในบางช่วงของวิธีการเรียงลำดับตัวแปร เป็นผลให้ผลเฉลยมีคุณภาพดีขึ้น ดังแสดงไว้ในวิธี GA3

เมื่อทดลองเปลี่ยนแปลงความยาวสายโครโมโซมพบว่า วิธี GA1 และ วิธี GA2 นั้นความยาวโครโมโซมมีผลต่อคุณภาพของผลเฉลยเพียงเล็กน้อยเมื่อเทียบกับวิธี GA3 โดยวิธี GA1 ความยาว 10 อักขระจะให้คุณภาพของผลเฉลยต่ำที่สุด ตรงข้ามกับวิธี GA2 ความยาว 10 อักขระจะให้คุณภาพดีที่สุด ส่วนวิธี GA3 คุณภาพของผลเฉลยจะแปรผกผันกับความยาวโครโมโซม ดังรูปที่ 4.4 ผลทดลองความยาวโครโมโซม 20 และ 10 ดูได้จากภาคผนวก ก



เมื่อเปรียบเทียบผลรวมค่าเฉลี่ยขนาดของแผนภาพตัดสีนใจทวิภาคของวงจรถัดทั้งหมดที่ได้จากการทดลองทั้ง 3 ตอนกับวิธี DTL+SIFT พบว่า มีเพียงวิธี GA3 ที่ให้คุณภาพของผลเฉลยดีกว่าวิธี DTL+SIFT เพียงเล็กน้อยเท่านั้น ดังตารางที่ 4.5

เมื่อนำวิธี GA3 ซึ่งเป็นวิธีที่ดีที่สุดของวิธีการที่ได้เสนอไว้มาหาลำดับวิธีการพัฒนาที่ละชั้นสำหรับแต่ละวงจรถัดอย่างพบว่า บางวงจรถัดสามารถลดขนาดแผนภาพลงได้อีกเช่น b12 และไม่มีวงจรถัดเลยที่มีขนาดของแผนภาพตัดสีนใจทวิภาคใหญ่กว่าแผนภาพที่ได้จากวิธี DTL+SIFT ดังแสดงไว้ในภาคผนวก ข



รูปที่ 4.4 ผลกระทบของความยาวโครโมโซมต่อขนาดของแผนภาพตัดสีนใจทวิภาค

โดยที่ lch10 แทน ความยาวโครโมโซม 10 อักขระ

lch20 แทน ความยาวโครโมโซม 20 อักขระ

lch30 แทน ความยาวโครโมโซม 30 อักขระ