

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นเฉพาะที่สำหรับปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ในสามมิติ



นาย จิระเดช พลสวัสดิ์

สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ ภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์

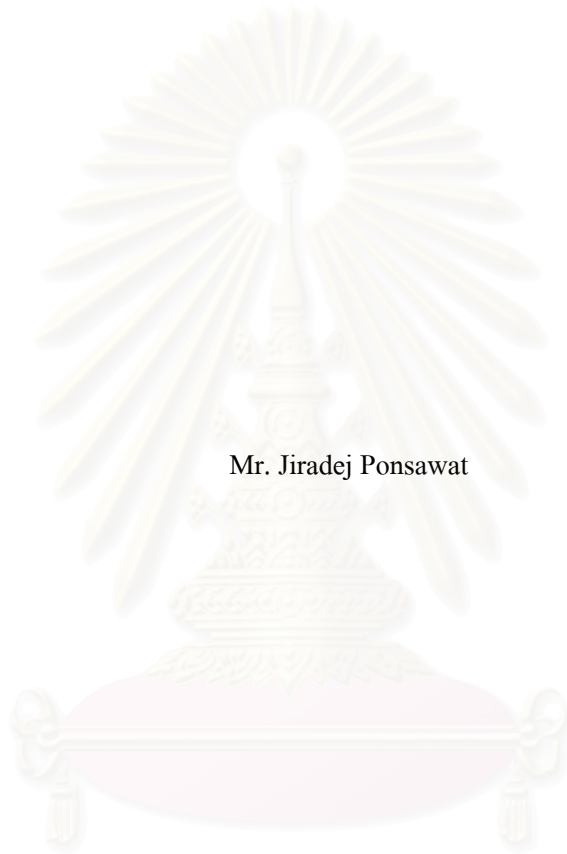
คณะวิศวกรรมศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ปีการศึกษา 2546

ISBN 974-17-4166-9

ลิขสิทธิ์ของ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

GENETIC ALGORITHM WITH LOCAL SEARCH FOR THREE DIMENSIONAL  
BIN PACKING PROBLEM



Mr. Jiradej Ponsawat

สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements  
for the Degree of Master of Engineering in Computer Engineering

Department of Computer Engineering

Faculty of Engineering

Chulalongkorn University

Academic Year 2003

ISBN 974-17-4166-9

หัวข้อวิทยานิพนธ์	ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นเฉพาะที่สำหรับปัญหา การบรรจุผลิตรถยนต์ในสามมิติ
โดย	นายจิระเดช พลสวัสดิ์
สาขาวิชา	วิศวกรรมคอมพิวเตอร์
อาจารย์ที่ปรึกษา	รองศาสตราจารย์ ดร.ประภาส จงสถิตย์วัฒนา

---

คณะวิศวกรรมศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย อนุมัติให้หัวข้อวิทยานิพนธ์ฉบับนี้  
เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต

..... คณบดีคณะวิศวกรรมศาสตร์  
(ศาสตราจารย์ ดร.สมศักดิ์ ปัญญาแก้ว)

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

..... ประธานกรรมการ  
(อาจารย์ ดร.สืบสกุล พิภพมงคล)

..... อาจารย์ที่ปรึกษา  
(รองศาสตราจารย์ ดร.ประภาส จงสถิตย์วัฒนา)

..... กรรมการ  
(อาจารย์ ดร.ฐิต ศิริบูรณี)

..... กรรมการ  
(รองศาสตราจารย์ ดร. พีรยุทธ์ ชาญเศรษฐิกุล)

สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

จิระเดช พลสวัสดิ์ : ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่สำหรับปัญหาการบรรจุผลึกภัณฑ์ในสามมิติ. (GENETIC ALGORITHM WITH LOCAL SEARCH FOR THREE DIMENSIONAL BIN PACKING PROBLEM) อาจารย์ที่ปรึกษา : รศ.ดร. ประภาส จงสถิตย์วัฒนา, 63 หน้า. ISBN 974-17-4166-9.

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้เสนอการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับปัญหาการบรรจุผลึกภัณฑ์ในสามมิติ โดยเพิ่มการค้นหาเฉพาะที่ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ได้เสนอการค้นหาเฉพาะที่ทั้งหมด 3 แบบ ได้แก่ 1) การสุ่มสลับลำดับ 2) การกระจายผลึกภัณฑ์ในตู้สินค้าที่บรรจุได้น้อยที่สุด ไปตู้สินค้าอื่น ๆ 3) การเลือกชิ้นใหญ่ที่สุดออกไปบรรจุในตู้สินค้าใหม่ การค้นหาเฉพาะที่เหล่านี้ถูกใช้ในระหว่างการวัดคุณภาพของคำตอบ ถ้าพบคำตอบที่ดีกว่าจึงจะแทนที่คำตอบเดิมด้วยคำตอบที่ได้จากการค้นหาเฉพาะที่ ทำการทดลองเพื่อเปรียบเทียบผลระหว่างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม, ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่และขั้นตอนวิธีแบบศึกษาสำนึก เหน้การเปรียบเทียบมี 3 อย่าง ได้แก่จำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้, เวลาในการหาคำตอบและปริมาณงานต่อหน่วยเวลา ผลการทดลองแสดงให้เห็นว่าการใช้การค้นหาเฉพาะที่ทำให้สามารถหาคำตอบได้มากขึ้น ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่หาคำตอบได้เร็วกว่าขั้นตอนวิธีแบบศึกษาสำนึกเมื่อขนาดของปัญหามากกว่า 30 ชิ้น และเมื่อพิจารณาในแง่ปริมาณงานต่อหน่วยเวลาพบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่ให้ปริมาณงานต่อหน่วยเวลามากกว่าขั้นตอนวิธีแบบศึกษาสำนึก



ภาควิชา .....วิศวกรรมคอมพิวเตอร์.....      ลายมือชื่อนิสิต .....

สาขาวิชา .....วิศวกรรมคอมพิวเตอร์.....      ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา .....

ปีการศึกษา ..2546..

## 4370252721 : MAJOR COMPUTER ENGINEERING

KEYWORD : GENETIC ALGORITHM / BIN PACKING / CONTAINER LOADING / LOCAL SEARCH.

JIRADEJ PONGSAWAT : GENETIC ALGORITHM WITH LOCAL SEARCH FOR THREE DIMENSIONAL BIN PACKING PROBLEM. THESIS ADVISOR : ASSO. PROF. PRABHAS CHONGSTITVATANA, Ph.D. 63 pp. ISBN 974-17-4166-9.

This thesis proposes a Genetic Algorithm for three dimensional bin packing problem. The proposed method incorporates Genetic Algorithm with local search procedures. Three local search procedures are proposed : 1) randomly swap two items, 2) distribute the least filled container to other containers and 3) remove the largest item from a container and put it in a new container. These local search procedures are used during the fitness evaluation of a solution. The original solution will be replaced by the new solution found from the local search procedure if the new solution is better. The experiments are carried out to compare Genetic Algorithms, Genetic Algorithms with local search and Heuristic. The evaluation is based on three aspects : the number of instances solved, the time used to find solution and the throughput of the methods. The results show that the use of local search procedures improves the number of instances solved. Genetic Algorithm with local search procedures find solutions faster than the heuristic method when the size of problem is larger than 30. Considering the throughput, Genetic Algorithm with local search procedures is much better than the heuristic method.

สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

Department .....Computer Engineering.....

Student's signature .....

Field of study .....Computer Engineering.....

Advisor's signature .....

Academic year ..2003...

## กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยความช่วยเหลืออย่างดียิ่งของ รองศาสตราจารย์ ดร. ประภาส จงสถิตยวัฒนา อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ซึ่งท่านได้ให้การดูแล แนะนำ และให้ข้อคิดเห็นต่าง ๆ ในการวิจัยตลอดมา ขอขอบพระคุณอาจารย์ที่ปรึกษาและกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ทุกท่านที่ได้ให้คำแนะนำที่เป็นประโยชน์ต่องานวิจัย

ขอขอบคุณ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ซึ่งให้การสนับสนุนเงินทุนการศึกษา และขอกราบขอบพระคุณ บิดา-มารดา ขอขอบคุณ พี่ ๆ และน้อง ๆ โดยเฉพาะน้องอังก์ที่คอยให้กำลังใจเสมอมา



สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

# สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อภาษาไทย .....	ง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ .....	จ
กิตติกรรมประกาศ.....	ฉ
สารบัญ .....	ช
สารบัญตาราง .....	ญ
สารบัญภาพ .....	ฎ
บทที่	
1. บทนำ.....	1
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	1
1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย .....	1
1.3 ขอบเขตของการวิจัย.....	1
1.4 ประโยชน์ที่ได้รับ .....	2
1.5 วิธีดำเนินการวิจัย.....	2
1.6 ลำดับขั้นตอนในการเสนอผลการวิจัย .....	2
1.7 ผลงานตีพิมพ์จากงานวิจัย.....	3
2. เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง .....	4
2.1 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (GENETIC ALGORITHM) .....	4
2.1.1 การสร้างกลุ่มประชากรของคำตอบเริ่มต้น.....	5
2.1.2 การประเมินค่าความเหมาะสมของคำตอบ .....	6
2.1.3 การสร้างประชากรของคำตอบรุ่นใหม่.....	6
2.1.4 การค้นหาคำตอบ.....	8
2.2 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับปัญหาเชิงจัดหมู่ (COMBINATORIAL PROBLEM) .....	8
2.2.1 การสร้างประชากรเริ่มต้นสำหรับปัญหาเชิงจัดหมู่ .....	8
2.2.2 การไขว้เปลี่ยนสำหรับปัญหาเชิงจัดหมู่.....	8

2.2.3	การกลายพันธุ์สำหรับปัญหาเชิงจัดหมู่.....	11
2.3	เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง .....	12
2.3.1	การบรรจุผลิตภัณฑ์ 1 มิติ.....	13
2.3.2	การบรรจุผลิตภัณฑ์ 2 มิติ.....	14
2.3.3	การบรรจุผลิตภัณฑ์ 3 มิติ.....	18
2.3.4	การบรรจุผลิตภัณฑ์มากกว่า 3 มิติ .....	23
2.3.5	การค้นเฉพาะที่ (local search) .....	25
3.	การทดลอง .....	28
3.1	ลักษณะของปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ที่สนใจ.....	29
3.2	การจัดเรียงผลิตภัณฑ์เข้าสู่สินค้า .....	31
3.3	ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์.....	32
3.2.1	โครโมโซมและการเข้ารหัส .....	32
3.2.2	การสร้างประชากรเริ่มต้น .....	33
3.2.3	การวัดคุณภาพโครโมโซม .....	33
3.2.4	การไขว้เปลี่ยน .....	33
3.2.5	การกลายพันธุ์.....	34
3.4	การค้นเฉพาะที่ (LOCAL SEARCH).....	34
3.4.1	สุ่มสลับตำแหน่งของสองหมายเลขจำนวน 5 ครั้ง.....	34
3.4.2	การกระจายตัวสินค้าที่มีปริมาตรบรรจุน้อยที่สุด.....	35
3.4.3	การเลือกชิ้นขนาดใหญ่ออกแล้วบรรจุลำดับถัดไปเข้าแทนที่.....	38
3.5	การเก็บรวบรวมข้อมูล.....	40
4.	ผลการทดลอง.....	42
4.1	ตารางเปรียบเทียบจำนวนปัญหาที่สามารถหาคำตอบได้.....	43
4.2	ตารางเปรียบเทียบเวลาที่ใช้ในการหาคำตอบโดยเฉลี่ย .....	46
4.3	ผลการวิเคราะห์และเปรียบเทียบผล .....	48
5.	สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ .....	55
5.1	สรุปผลการวิจัย.....	55
5.2	ข้อเสนอแนะ.....	56
	รายการอ้างอิง .....	57



ภาคผนวก .....60

    ภาคผนวก ก ศัพท์เทคนิคที่ใช้ในวิทยานิพนธ์ .....61

ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์ .....63



สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

## สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
1 เวลาในการหาคำตอบโดยประมาณของวิธีการค้นทุกแบบที่เป็นไปได้ .....	42
2 จำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ด้วยวิธี 3DBPP .....	43
3 จำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพียงอย่างเดียว .....	44
4 จำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่1 .....	44
5 จำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่2 .....	45
6 จำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่3 .....	45
7 เวลาในการหาคำตอบโดยเฉลี่ยของวิธี 3DBPP .....	47
8 เวลาในการหาคำตอบ โดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพียงอย่างเดียว.....	47
9 เวลาในการหาคำตอบโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่1 .....	47
10 เวลาในการหาคำตอบโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่2.....	48
11 เวลาในการหาคำตอบโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่3 .....	48

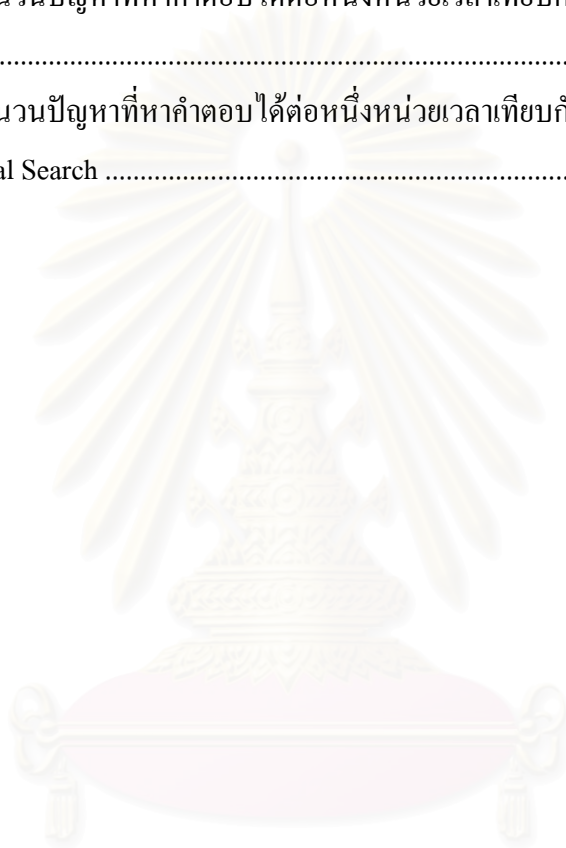


สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

## สารบัญภาพ

รูปที่	หน้า
1 รหัสเทียมของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม .....	5
2 แสดงตัวอย่างการกลายพันธุ์.....	7
3 ตัวอย่างการไขว้เปลี่ยน จากคำตอบต้นแบบ 2 คำตอบ .....	7
4 การไขว้เปลี่ยนแบบ PMX .....	9
5 การไขว้เปลี่ยนแบบ OX .....	10
6 การไขว้เปลี่ยนแบบ CX .....	11
7 แสดงการกลายพันธุ์แบบสลับตำแหน่ง.....	12
8 แสดงการกลายพันธุ์แบบผกผัน .....	12
9 รูปแสดง Slicing Tree และการแปลความหมาย .....	15
10 แสดงการหาขอบเขตของการรวมรูปสี่เหลี่ยม .....	15
11 การบรรจุแบบตั้งฉากและสามารถตัดแบ่งด้วยเส้นตรงได้.....	18
12 ลำดับการจัดวาง (a) การวางเป็นชั้นในกล่อง (b) ลำดับการวางในแต่ละชั้น .....	19
13 ตัวอย่างโครโมโซมปัญหาที่มีส่วนประกอบของผลิตภัณฑ์จำนวน 5 ชิ้น .....	20
14 รูปแบบการวางตัวของผลิตภัณฑ์ 6 แบบ .....	20
15 ปริภูมิสามมิติ.....	21
16 โครโมโซมที่เก็บคำตอบเบื้องต้นของการเลือกขนาดบรรจุภัณฑ์ .....	22
17 การตัดแบ่งตู้สินค้าสำหรับปัญหากลุ่ม 9.....	30
18 รหัสเทียมวิธีการตัดแบ่งตู้สินค้าในปัญหากลุ่มที่ 9 .....	30
19 การจัดเรียงแบบกิโลทินและแบบไม่เป็นกิโลทิน .....	31
20 การจัดเรียงผลิตภัณฑ์เข้าสู่ตู้สินค้า .....	32
21 ตัวอย่างการเข้ารหัสและถอดรหัสคำตอบ.....	32
22 รหัสเทียมของการสร้างประชากรเริ่มต้น .....	33
23 แสดงวิธีการค้นเฉพาะที่จากหนึ่งคำตอบ .....	34
24 รหัสเทียมของการวัดคุณภาพร่วมกับการค้นเฉพาะที่แบบที่ 1 .....	35
25 รหัสเทียมของการวัดคุณภาพร่วมกับการค้นเฉพาะที่แบบที่ 2.....	36
26 รหัสเทียมของการวัดคุณภาพร่วมกับการค้นเฉพาะที่แบบที่ 3.....	39
27 เวลาการทำงานนานที่สุดในหนึ่งรอบการทำงานของ GA + Local Search 1 .....	41
28 กราฟแสดงจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ภายในเวลาที่กำหนดเทียบกับขนาดปัญหาของ 3DBPP และ GA.....	49

29 กราฟแสดงจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ภายในเวลาที่กำหนดเทียบกับขนาดปัญหา ของ GA และ GA + Local Search.....	50
30 กราฟแสดงเวลาเฉลี่ยในการหาคำตอบเทียบกับขนาดปัญหาของ 3DBPP และ GA.....	51
31 กราฟแสดงเวลาเฉลี่ยในการหาคำตอบเทียบกับขนาดปัญหา ของ GA และ GA+ Local Search .....	52
32 กราฟแสดงจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ต่อหนึ่งหน่วยเวลาเทียบกับขนาดปัญหา ของ 3DBPP และ GA.....	53
33 กราฟแสดงจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ต่อหนึ่งหน่วยเวลาเทียบกับขนาดปัญหา ของ GA และ GA + Local Search .....	53



สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

# บทที่ 1

## บทนำ

### 1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

ปัจจุบันธุรกิจการส่งออกและนำเข้ามีความจำเป็นต่อเศรษฐกิจมาก และมีแนวโน้มโตขึ้นเรื่อย ๆ นอกจากผู้ประกอบการจะเป็นนักลงทุนรายใหญ่แล้วนักลงทุนรายย่อยก็มีความสำคัญเช่นกันเนื่องจากมีปริมาณมากและจะเติบโตเป็นนักลงทุนรายใหญ่ต่อไป การขนส่งสินค้าเป็นหัวใจหลักของธุรกิจเหล่านี้ การบรรจุผลิตภัณฑ์เพื่อขนส่งไปยังปลายทางในระยะไกลจะเสียค่าใช้จ่ายสูงตามจำนวนตู้สินค้าที่ใช้ขนส่งแต่ละครั้ง และมีผลต่อต้นทุนของสินค้าเป็นอย่างมาก โดยเฉพาะผู้ประกอบการรายย่อยที่ไม่สามารถลงทุนกับซอฟต์แวร์สำหรับจัดเรียงผลิตภัณฑ์เข้าตู้สินค้า การจัดเรียงผลิตภัณฑ์ที่มีขนาดต่างกันในลักษณะที่ไม่เหมาะสมจะส่งผลให้เปลืองเนื้อที่ของภาชนะที่ใช้บรรจุ ทำให้ใช้จำนวนตู้สินค้าในการขนส่งเพิ่มมากขึ้น หากสามารถหาวิธีจัดเรียงผลิตภัณฑ์ให้ใช้จำนวนตู้สินค้าน้อยที่สุดได้ จะช่วยลดต้นทุนในการขนส่งสินค้าได้อย่างมากและขนส่งได้อย่างมีประสิทธิภาพ

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) เป็นวิธีหนึ่งในการค้นหาคำตอบของปัญหาการหาค่าเหมาะที่สุดโดยการเลียนแบบวิวัฒนาการตามธรรมชาติ ซึ่งจะพัฒนาคำตอบให้มีคุณภาพเพิ่มขึ้นเรื่อย ๆ โดยจะแทนคำตอบของปัญหาให้อยู่ในรูปของโครโมโซม และมีการวัดคุณภาพของโครโมโซมแล้วพิจารณาค่าความเหมาะสม จากนั้นเลือกคำตอบที่ดีเพื่อนำมาผลิตคำตอบที่ดีกว่าโดยอาศัยทฤษฎีแห่งความอยู่รอด ซึ่งจะใช้แก้ปัญหาได้ทั่วไป รวมไปถึงปัญหาที่ยังไม่มีวิธีการหาคำตอบหรือมีวิธีการหาคำตอบแต่ยังไม่มีประสิทธิภาพเพียงพอ งานวิจัยนี้ต้องการศึกษาและหาแนวทางในการบรรจุผลิตภัณฑ์ให้เหมาะสมที่สุดด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

### 1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย

พัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้เหมาะสำหรับแก้ปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์และมีประสิทธิภาพสูงในการบรรจุผลิตภัณฑ์ 3 มิติ ทำให้สามารถหาวิธีการจัดเรียงที่ใช้จำนวนตู้สินค้าน้อยที่สุดและลดปริมาตรสูญเปล่าภายในตู้สินค้า ซึ่งจะเป็นประโยชน์ในการช่วยลดต้นทุนการขนส่ง

### 1.3 ขอบเขตของการวิจัย

1. ผลิตภัณฑ์และภาชนะบรรจุที่พิจารณาในงานวิจัยนี้มีรูปทรงสี่เหลี่ยม

2. การบรรจุผลิตภัณฑ์ในงานวิจัยนี้ไม่ได้คำนึงถึงเรื่องน้ำหนัก สามารถบรรจุผลิตภัณฑ์เข้าภาชนะได้เสมอครบใดที่ผลิตภัณฑ์ไม่ล้นขอบภาชนะ
3. การบรรจุผลิตภัณฑ์เป็นแบบตั้งฉาก คือขอบของผลิตภัณฑ์ขนานไปกับขอบของภาชนะ ไม่มีการหมุนหรือเอียงของผลิตภัณฑ์

#### 1.4 ประโยชน์ที่ได้รับ

เนื่องจากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นเพียงการค้นหาคำตอบของปัญหาจากสายอักขระหรือโครโมโซม แต่การแก้ปัญหาใด ๆ ด้วยวิธีนี้จะต้องมีการเข้ารหัสคำตอบและการวัดคุณภาพของคำตอบ ซึ่งขั้นตอนเหล่านี้จะต้องถูกพัฒนาขึ้นมาด้วย จากงานวิจัยนี้ได้วิธีการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมดัดแปลงที่เหมาะสมสำหรับใช้แก้ปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์สามมิติ และช่วยลดต้นทุนในการขนส่งสินค้า เนื่องจากสามารถหารูปแบบการบรรจุผลิตภัณฑ์ใส่ภาชนะได้อย่างมีประสิทธิภาพ

#### 1.5 วิธีดำเนินการวิจัย

1. หาชุดข้อมูลและโปรแกรมของปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ 3 มิติที่เคยมีผู้ศึกษามาก่อนหน้านี้ เพื่อนำมาเปรียบเทียบกับผลลัพธ์กับงานวิจัยนี้
2. เขียนโปรแกรมในการจัดเรียงกล่องผลิตภัณฑ์ใส่ภาชนะตามลำดับที่กำหนดให้
3. เขียนโปรแกรมที่ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม สำหรับหาลำดับการบรรจุผลิตภัณฑ์และใช้ส่วนของโปรแกรมในข้อ 2. จัดเรียงผลิตภัณฑ์ใส่ภาชนะ สำหรับใช้ในการวัดคุณภาพคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม
4. เพิ่มประสิทธิภาพการหาคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมด้วยการค้นเฉพาะที่
5. ทดลองและเก็บผลการทดลอง
6. วิเคราะห์และสรุปผลการทดลอง

#### 1.6 ลำดับขั้นตอนในการเสนอผลการวิจัย

การนำเสนอแบ่งเป็น 5 บท ในบทที่ 2 นำเสนอรายละเอียดเกี่ยวกับเอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง โดยจะประกอบด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ตัวดำเนินการทางพันธุกรรม และขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับปัญหาเชิงจัดหมู่ ตามด้วยงานวิจัยที่เกี่ยวข้องซึ่งจะนำเสนอเรียงตามลำดับจากการจัดเรียงผลิตภัณฑ์ใน 1 มิติไปหาการจัดเรียงใน 3 มิติและมากกว่า 3 มิติ ในตอนท้ายจะกล่าวถึงงานวิจัยที่ใช้การค้นเฉพาะที่ บทที่ 3 เป็นรายละเอียดเกี่ยวกับการทดลองและข้อมูลที่ใช้ในการทดลอง รวมถึงส่วนประกอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้สำหรับการจัดเรียงผลิตภัณฑ์

ของงานวิจัยนี้ และการทำงานของกรันเฉพาะที่ทั้ง 3 แบบ ส่วนในบทที่ 4 นำเสนอผลการทดลอง ผลการวิเคราะห์และเปรียบเทียบผล และบทสุดท้ายจะเป็นบทสรุปและข้อเสนอแนะ

### 1.7 ผลงานตีพิมพ์จากงานวิจัย

ส่วนหนึ่งของงานวิจัยนี้ได้รับการตีพิมพ์เป็นบทความทางวิชาการในชื่อเรื่อง Solving 3-Dimensional Bin Packing by Modified Genetic Algorithms โดย Jiradej Ponsawat และ Prabhas Chongstitvatana ในงานประชุมวิชาการ National Computer Science and Engineering Conference, (NCSEC2003) ณ จังหวัดชลบุรี ประเทศไทย ในวันที่ 28-30 ตุลาคม พ.ศ. 2546



สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



## บทที่ 2

### เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

#### 2.1 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm)

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm หรือ GA) ซึ่งถูกคิดค้นขึ้นโดย Holland ในปี ค.ศ. 1975 เป็นวิธีการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุด (Optimization) วิธีการหนึ่ง ซึ่งจัดอยู่ในกลุ่มของการคำนวณเชิงวิวัฒนาการ (Evolutionary Computation) วิธีการต่าง ๆ ที่ใช้ในการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดนั้น ส่วนใหญ่จะเป็นการนำเอาวิธีการทางคณิตศาสตร์ต่าง ๆ มาช่วยในการค้นหาคำตอบ เช่น การหาอนุพันธ์อันดับสอง, วิธีซิมเพล็กซ์ (Simplex method) ฯลฯ ซึ่งวิธีการต่าง ๆ เหล่านี้ จะต้องนำเอาความรู้ที่เกี่ยวข้องกับลักษณะต่าง ๆ ของปัญหามาใช้ เช่น ถ้าจะใช้วิธีการหาอนุพันธ์อันดับสอง จะต้องสามารถหาอนุพันธ์ของปัญหาให้ได้ก่อน เพื่อนำมาใช้ในการแก้ปัญหา ถ้าไม่ทราบอนุพันธ์ หรือ หาอนุพันธ์ไม่ได้ ก็จะไม่สามารถใช้วิธีการหาอนุพันธ์อันดับสองในการหาคำตอบได้

สำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม สิ่งที่ช่วยในการค้นหาคำตอบคือ ความสามารถในการประเมินค่าความถูกต้องของคำตอบ โดยใช้หลักการคัดเลือกตามธรรมชาติในการค้นหาคำตอบ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะเริ่มจากชุดของคำตอบที่ได้จากการสุ่ม นำคำตอบเหล่านั้นมาวัดค่าความถูกต้อง หลังจากนั้นจะคัดเลือกเอาคำตอบที่มีลักษณะดีออกมา แล้วจึงใช้วิธีการที่เลียนแบบมาจากวิธีการทางพันธุกรรมตามธรรมชาติเพื่อสร้างคำตอบใหม่ โดยอาศัยคำตอบที่ได้เลือกแล้วมาเป็นต้นแบบ นั่นคือ คำตอบใหม่จะมีลักษณะของคำตอบเก่าที่ดีเป็นพื้นฐาน และคัดเลือกลักษณะไม่ดีทิ้งไป โดยคาดว่าชุดคำตอบชุดใหม่นั้นจะมีความถูกต้องมากกว่าชุดเดิม เมื่อได้ชุดคำตอบชุดใหม่มาแล้ว ก็จะประเมินค่าความถูกต้องของคำตอบเหล่านั้น และคัดเลือกเช่นเดิมอีกครั้ง และทำเช่นนี้ซ้ำไปเรื่อย ๆ จนกระทั่งได้คำตอบตามเงื่อนไขที่ต้องการ

จากที่ได้กล่าวมาแล้วว่า ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะสร้างคำตอบใหม่จากคำตอบเก่า โดยใช้วิธีการที่เลียนแบบมาจากวิธีการทางพันธุกรรมตามธรรมชาติ ซึ่งวิธีการดังกล่าวจะเกิดขึ้นกับโครโมโซม (Chromosome) ซึ่งเป็นสายอักขระชนิดหนึ่ง การสร้างคำตอบใหม่จะทำโดยใช้วิธีการต่าง ๆ ที่เลียนแบบมาจากวิธีการทางพันธุกรรม เช่น การไขว้เปลี่ยน การกลายพันธุ์ เมื่อได้คำตอบใหม่ที่อยู่ในรูปสายอักขระแล้ว ก็จะทำการเปลี่ยนรูปของคำตอบกลับไปอยู่ในรูปแบบที่เหมาะสม เพื่อประเมินค่าความถูกต้อง ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะมีขั้นตอนวิธีดังรูปที่ 1

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะแทนคำตอบของปัญหาต่าง ๆ ด้วยสายอักขระเลขฐานสองหรือสายอักขระอย่างอื่น ๆ ที่เหมาะสมกับปัญหา เช่น สายอักขระของเลขฐานสิบดังที่ใช้ในงานวิจัยนี้เป็นต้น ซึ่งสายอักขระดังกล่าวแต่ละสายรวมกันจะถูกเรียกว่าประชากร (Population) การประเมิน



ค่าความถูกต้องของคำตอบต่าง ๆ จะกระทำโดยแปลงสายอักขระหรือประชากรดังกล่าวกลับไปเป็นคำตอบในรูปแบบที่เหมาะสม แล้วจึงประเมินค่า

```

generation = 0
Initialize P individuals
Evaluate fitness of individuals in P
While ( terminate condition not met ) and ( generation < MAXGEN )
Do
    Produce Q individuals using crossover
    Produce R individuals using mutation
    Select P individual from ( P ∪ Q ∪ R )
    Evaluate its new fitness
    generation = generation + 1
End While

```

### รูปที่ 1 รหัสเทียมของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ชุดของคำตอบทั้งหมดที่ทำการประเมินค่าและเลือกประชากรที่ได้ออกมานั้น แต่ละชุดจะถูกเรียกว่ารุ่น (Generation) ในแต่ละรุ่นของประชากรจะต้องผ่านกระบวนการต่อไปนี้ คือ การประเมินค่า การเลือกประชากรที่มีลักษณะดี และการสร้างชุดคำตอบชุดใหม่ขึ้น

วิธีการสร้างชุดคำตอบใหม่นั้น จะอาศัยตัวดำเนินการทางพันธุกรรมมากระทำกับสายอักขระ โดยตัวดำเนินการที่ใช้ส่วนมาก มีอยู่ 3 ตัว คือ การกลายพันธุ์ (Mutation) การไขว้เปลี่ยน (Crossover) และการสืบพันธุ์ (Reproduction) ซึ่งจะกล่าวในรายละเอียดต่อไป

การค้นหาคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมประกอบด้วย การสร้างกลุ่มประชากรของคำตอบเริ่มต้น การประเมินค่าความเหมาะสมของคำตอบ การสร้างกลุ่มประชากรของคำตอบรุ่นใหม่ และการค้นหาคำตอบ มีรายละเอียดดังนี้

#### 2.1.1 การสร้างกลุ่มประชากรของคำตอบเริ่มต้น

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะเริ่มต้นจากการสุ่ม (Random) กลุ่มประชากรของคำตอบเริ่มต้นที่จะเป็นต้นแบบในการวิวัฒนาการ เนื่องจากคำตอบในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนั้นจะอยู่ในรูปของสายอักขระเลขฐานสองที่ทราบขนาดแน่นอน การสร้างคำตอบเริ่มต้นจึงนิยมทำโดยการสุ่มสร้างสายอักขระดังกล่าวขึ้นมา

### 2.1.2 การประเมินค่าความเหมาะสมของคำตอบ

ในขั้นตอนนี้ เป็นการนำเอาคำตอบต่าง ๆ มาทดสอบเพื่อวัดความถูกต้องของคำตอบ ค่าความถูกต้องนี้จะเรียกว่าค่าความเหมาะสมหรือค่าความแข็งแรงของคำตอบ (Fitness) ค่าที่ได้นี้จะถูกนำไปใช้ในการคัดเลือกคำตอบที่จะนำไปเป็นพื้นฐานในการสร้างคำตอบรุ่นถัดไป ดังนั้นค่าความเหมาะสมต้องบ่งบอกถึงความแตกต่างของคำตอบที่ดีและไม่ดีได้

การประเมินค่านี้จะทำโดยการแปลงคำตอบซึ่งอยู่ในรูปของสายอักขระให้เป็นคำตอบในรูปแบบของปัญหาเพื่อทำการทดสอบ และนำคำตอบดังกล่าวไปประเมินค่าตามข้อกำหนดของปัญหาต่อไป ความสามารถในการเพิ่มคุณภาพของคำตอบขึ้นอยู่กับความสามารถของการประเมินค่าความเหมาะสมของคำตอบว่าสามารถแบ่งระดับความดีของคำตอบได้มากน้อยเพียงใด

### 2.1.3 การสร้างประชากรของคำตอบรุ่นใหม่

เมื่อได้ทำการวัดคุณภาพของคำตอบแล้ว ขั้นตอนต่อไปคือการสร้างกลุ่มประชากรใหม่ โดยจะคัดเลือกเอาคำตอบที่ดี พิจารณาจากค่าความเหมาะสม นำมาผ่านตัวดำเนินการทางพันธุกรรม เพื่อสร้างคำตอบใหม่ ที่ยังคงลักษณะดีของคำตอบเก่าไว้ ตัวดำเนินการทางพันธุกรรมที่ใช้ส่วนใหญ่มีอยู่ 3 ประเภท คือ การสืบพันธุ์ (Reproduction) การกลายพันธุ์ (Mutation) การไขว้เปลี่ยน (Crossover)

#### 1. การสืบพันธุ์

การสืบพันธุ์เป็นการสร้างคำตอบใหม่ที่มีลักษณะเหมือนกับคำตอบต้นแบบทุกประการ โดยไม่มีการเปลี่ยนแปลงใด ๆ ตัวดำเนินการนี้มักนิยมใช้กับคำตอบที่มีค่าประสิทธิภาพสูงที่สุดในรุ่น เพื่อคงลักษณะที่ดีที่สุดไว้ แต่จะไม่นิยมใช้กับคำตอบอื่น ๆ เพราะคำตอบใหม่ที่ได้จะไม่มี ความใกล้เคียงกับคำตอบเพิ่มมากขึ้น เพียงแต่จะคงเดิมเท่านั้น

#### 2. การกลายพันธุ์

การกลายพันธุ์เป็นการสร้างคำตอบใหม่จากคำตอบต้นแบบจำนวน 1 คำตอบ โดยเปลี่ยนแปลงบางส่วนของคำตอบไป ซึ่งจะเลียนแบบมาจากการกลายพันธุ์ของโครโมโซมในสิ่งมีชีวิต การเปลี่ยนแปลงจะทำโดยสุ่มเลือกเอาบางบิตของคำตอบในรูปสายอักขระ แล้วเปลี่ยนแปลงค่าของบิตนั้น จำนวนบิตที่จะทำการกลายพันธุ์นั้นจะขึ้นอยู่กับอัตราการกลายพันธุ์

อัตราการกลายพันธุ์อาจจะใช้อัตราที่เท่ากันสำหรับทุก ๆ คำตอบ หรืออาจจะแปรตามค่าความเหมาะสมก็ได้ ตัวอย่างการกลายพันธุ์แสดงดังรูปที่ 2 แสดงการกลายพันธุ์จากคำตอบต้นแบบ (ก) ไปเป็นคำตอบใหม่ (ข) ส่วนที่เป็นสีเทาแสดงถึงส่วนที่มีการกลายพันธุ์

.. 0 1 0 0 1 0 1 ..

(ก)

.. 0 1 1 0 1 0 0 ..

(ข)

รูปที่ 2 แสดงตัวอย่างการกลายพันธุ์

### 3. การไขว้เปลี่ยน

การไขว้เปลี่ยนเป็นการสร้างคำตอบใหม่จากคำตอบต้นแบบจำนวน 2 คำตอบ โดยแลกเปลี่ยนส่วนประกอบบางส่วนของคำตอบทั้งสองซึ่งกันและกัน การแลกเปลี่ยนจะเกิดจากการสุ่มเลือกบางจุดในคำตอบทั้งสอง โดยจะตัดแบ่งคำตอบทั้งสองที่ตำแหน่งนั้น และสลับส่วนที่ตัดของคำตอบแรกกับคำตอบที่สอง แล้วต่อส่วนที่สลับนั้นเข้าไป ซึ่งจะทำให้ได้คำตอบใหม่สองคำตอบ ที่มีลักษณะร่วมของคำตอบต้นแบบทั้งสอง รูปที่ 3 แสดงตัวอย่างการไขว้เปลี่ยน

.. 0 0 0 0 0 0 0 ..

.. 1 1 1 1 1 1 1 ..

(ก)

.. 0 0 0 0 0 0 0 ..

.. 1 1 1 1 1 1 1 ..

(ข)

.. 0 0 0 0 1 1 1 ..

.. 1 1 1 1 0 0 0 ..

(ค)

รูปที่ 3 ตัวอย่างการไขว้เปลี่ยน จากคำตอบต้นแบบ 2 คำตอบ

จากรูปที่ 3 (ก) เป็นคำตอบต้นแบบ (ข) แสดงการตัดแบ่งคำตอบ และ(ค) คือคำตอบใหม่ที่  
ได้จากการไขว้เปลี่ยน ส่วนสีเทาแสดงถึงบริเวณที่ไขว้เปลี่ยน

#### 1.1.4. การค้นหาคำตอบ

ในการค้นหาคำตอบโดยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนั้น จะกระทำโดยทำตามขั้นตอนใน  
หัวข้อ 1, 2, 3 ซ้ำไปเรื่อย ๆ ตามรหัสเทียม (pseudo code) ที่ได้แสดงในรูปที่ 1 โดยวงรอบ  
กระบวนการนี้จะหยุดเมื่อคำตอบตรงกับคำตอบที่ต้องการ หรือ ได้กระทำการในวงรอบดังกล่าวเป็น  
จำนวนครั้งเท่ากับจำนวนวงรอบมากที่สุดที่ได้กำหนดไว้ให้ เช่น อาจจะกำหนดให้วนซ้ำเป็น  
จำนวน 125 รุ่น เมื่อทำตามขั้นตอนทั้ง 3 ครบ 125 รุ่นแล้ว ก็จะหยุดทำงาน

## 2.2 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับปัญหาเชิงจัดหมู่ (combinatorial problem)

เนื่องจากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่อธิบายในหัวข้อก่อนหน้านี้เป็นขั้นตอนวิธีโดยทั่วไป  
ถ้าจะนำไปประยุกต์ใช้สำหรับปัญหาเชิงจัดหมู่ อย่างเช่นปัญหาการเดินทางของพนักงานขาย  
(Traveling Salesman Problem) ซึ่งคำตอบจะเป็นการเรียงลำดับของเมืองที่จะเดินทางไปตามลำดับ  
จึงจำเป็นต้องมีการปรับเปลี่ยนทั้งรูปแบบการเข้ารหัสและตัวดำเนินการทางพันธุกรรมเพื่อให้  
เหมาะสมกับปัญหา โครโมโซมที่นิยมใช้กับปัญหานี้จะเป็นสายอักขระของเลขจำนวนเต็ม ส่วน  
กระบวนการอื่น ๆ ยังคงเป็นเหมือนขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่อธิบายในหัวข้อก่อนหน้า

### 2.2.1 การสร้างประชากรเริ่มต้นสำหรับปัญหาเชิงจัดหมู่

การสร้างประชากรเริ่มต้น อาจจะสร้างให้หมายเลขเรียงจากน้อยไปหามากหรือมากไปหา  
น้อยก็ได้ แต่เพื่อให้เกิดความหลากหลายจึงควรให้มีการสร้างประชากรเริ่มต้นด้วยวิธีการสุ่ม และ  
จะต้องมีการป้องกันไม่ให้เกิดโครโมโซมที่ไม่ถูกต้อง เช่น มีหมายเลขซ้ำ วิธีการง่าย ๆ วิธีการหนึ่ง  
คือสร้างให้มีหมายเลขเรียงกันแล้วสุ่มสลับตำแหน่งทีละคู่เพียงบางส่วน

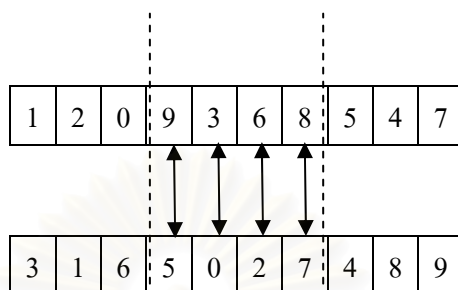
### 2.2.2 การไขว้เปลี่ยนสำหรับปัญหาเชิงจัดหมู่

ตัวอย่างการไขว้เปลี่ยนสำหรับปัญหาเชิงจัดหมู่ที่ใช้กัน โดยทั่วไปมีดังนี้

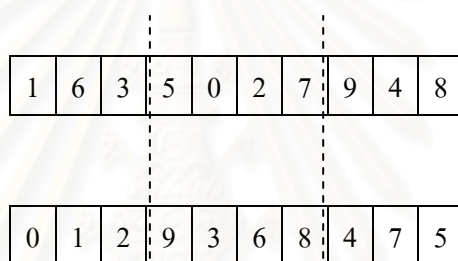
#### 2.2.2.1 การไขว้เปลี่ยนแบบ Partially Matched Crossover (PMX) [9]

การไขว้เปลี่ยนที่ใช้เป็นแบบ PMX มีกระบวนการดังรูปที่ 4 (ก) เป็นโครโมโซมต้นแบบ  
(ข) เป็นผลลัพธ์ที่ได้จากการไขว้เปลี่ยน เริ่มจากโครโมโซม 1 คู่ สุ่มเลือกตำแหน่งตามความยาวของ

โครโมโซมมา 2 จุด จะมีส่วนสำหรับจับคู่ (matching section) จุดตัด 2 จุดที่ได้จากการสุ่มแสดง โดยเส้นประ หมายเลขที่อยู่ระหว่างเส้นประจะถูกสลับตำแหน่งกับหมายเลขที่มีค่าเท่ากับ หมายเลขซึ่งอยู่ตำแหน่งเดียวกันในอีกโครโมโซม



(ก)



(ข)

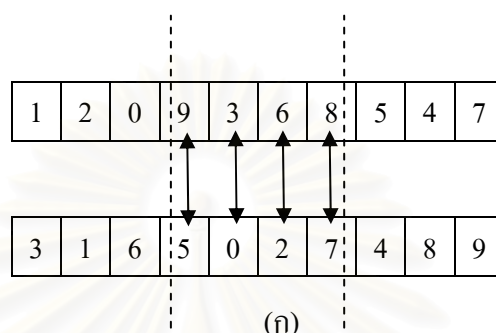
รูปที่ 4 การไขว้เปลี่ยนแบบ PMX

เพื่อให้เข้าใจเกี่ยวกับการสลับตำแหน่งยิ่งขึ้น การจับคู่หมายเลขจะเป็นดังนี้ (5,9) (0,3) (2,6) และ (7,8) ในแต่ละโครโมโซมจะถูกสลับตำแหน่งของหมายเลขแต่ละคู่เหล่านี้

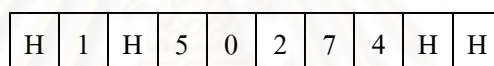
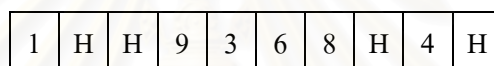
#### 2.2.2.2 การไขว้เปลี่ยนแบบ Order Crossover (OX) [1] [10]

เริ่มจากสุ่มเลือกจุดตัด 2 จุด เช่นเดียวกับ PMX เพื่อให้เห็นข้อแตกต่างจะใช้โครโมโซม ตัวอย่างเดียวกับที่ใช้ยกตัวอย่างของ PMX หลังจากได้จุดแบ่งแล้ว แทนที่จะใช้การจับคู่แล้วสลับตำแหน่งก็จะใช้การเลื่อนตำแหน่งของหลุม(Hole)แทน กระบวนการไขว้เปลี่ยนแบบ OX แสดงได้ ดังรูปที่ 5 หมายเลขที่คู่กันจะถูกเปลี่ยนเป็นหลุมดังรูปที่ 5 (ข) แล้วเลื่อนมารวมกันดังแสดงในรูป (ค) แต่โครโมโซมใหม่จะเริ่มจากจุดแบ่งจุดที่หนึ่ง จากนั้นแทนที่หลุมทั้งหมดด้วยส่วนที่ถูกแบ่ง จากอีกโครโมโซมกลายเป็นผลลัพธ์สุดท้ายดังแสดงในรูป (ง)

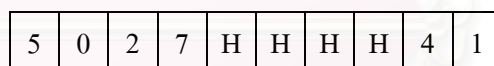
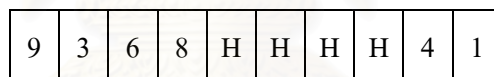
การไขว้เปลี่ยนแบบ PMX และ OX มีความคล้ายคลึงกันแต่มีวัตถุประสงค์แตกต่างกัน คือ PMX จะพยายามรักษาตำแหน่งเดิมของแต่ละยีน ส่วน OX จะพยายามรักษาความสัมพันธ์ทางตำแหน่งของยีนแต่ละยีนให้มีลำดับก่อนหลังกันเหมือน ๆ เดิม



(ก)



(ข)



(ค)

(ง)

รูปที่ 5 การไขว้เปลี่ยนแบบ OX

### 2.2.2.3 การไขว้เปลี่ยนแบบ Cycle Crossover (CX) [11]

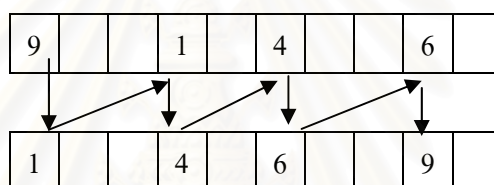
การไขว้เปลี่ยนจะเริ่มต้นจากตำแหน่งที่ 1 เสมอ โดยไม่ต้องทำการสุ่ม ในที่นี้คือตำแหน่งหมายเลข 9 ในโครโมโซมที่หนึ่งและตรงกับหมายเลข 1 ของโครโมโซมที่สอง ดังนั้นหมายเลข 1

ของโครโมโซมที่หนึ่งจะยังคงอยู่ตำแหน่งเดิม รวมทั้งหมายเลขในโครโมโซมที่สองที่มีตำแหน่งตรงกับหมายเลข 1 ในโครโมโซมแรกด้วย นั่นคือหมายเลข 4 จะยังคงอยู่ที่ตำแหน่งเดิม และจะเป็นอย่างนี้เรื่อยไปจนกว่าจะวนมาเจอหมายเลขเริ่มต้น ซึ่งก็คือหมายเลข 9 ดังแสดงในรูปที่ 6 (ข) หมายเลขอื่น ๆ จะถูกแลกเปลี่ยนระหว่างสองโครโมโซมตามตำแหน่งและจะได้ผลลัพธ์สุดท้ายดังแสดงในรูป (ค)

9	8	2	1	7	4	5	0	6	3
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

1	2	3	4	5	6	7	8	9	0
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

(ก)



(ข)

9	2	3	1	5	4	7	8	6	0
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

1	8	2	4	7	6	5	0	9	3
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

(ค)

รูปที่ 6 การไขว้เปลี่ยนแบบ CX

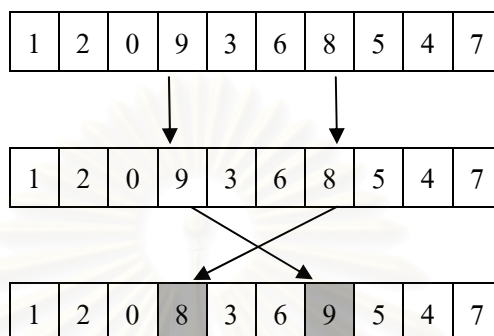
### 2.2.3 การกลายพันธุ์สำหรับปัญหาเชิงจัดหมู่

โดยทั่วไปการกลายพันธุ์มักจะทำให้เกิดการทำลายโครงสร้างที่ดีได้ง่าย จึงนิยมที่จะใช้ความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์น้อย ๆ ระหว่าง 0.1 – 0.001 แต่ทั้งนี้ก็ขึ้นอยู่กับปัญหา บางงานวิจัยก็ได้นำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้เฉพาะการกลายพันธุ์และได้ผลดีมาแล้ว[12] การกลายพันธุ์มีหลายรูปแบบแต่ที่นิยมใช้และเห็นบ่อย ๆ ได้แก่



### 2.2.3.1 การกลายพันธุ์แบบสลับตำแหน่ง

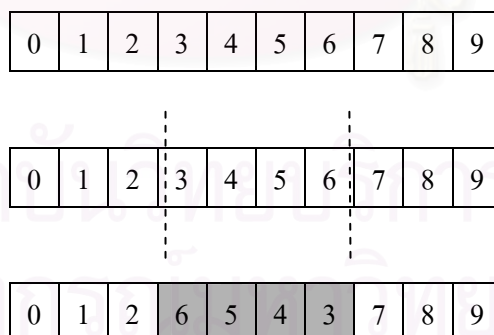
เลือกประชากรมาหนึ่งตัวแล้วสุ่มหมายเลขสองหมายเลขตามความยาวของโครโมโซม จากนั้นสลับตำแหน่งของยีนที่ตรงกับหมายเลขที่สุ่มได้ดังรูปที่ 7



รูปที่ 7 แสดงการกลายพันธุ์แบบสลับตำแหน่ง

### 2.2.3.2 การกลายพันธุ์แบบผกผัน [32]

เช่นเดียวกับการกลายพันธุ์อื่น ๆ ที่มักจะเป็นตัวดำเนินการเชิงเดียว เมื่อได้โครโมโซมที่จะทำการกลายพันธุ์แล้วจะสุ่มหมายเลขสองหมายเลขสำหรับเป็นขอบเขตที่จะทำการผกผัน ยีนที่อยู่ระหว่าง 2 ตำแหน่งนี้จะถูกกลับลำดับดังรูปที่ 8 ลำดับจะถูกเปลี่ยนจาก 3 4 5 6 เป็น 6 5 4 3



รูปที่ 8 แสดงการกลายพันธุ์แบบผกผัน

## 2.3 เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

ปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์สามารถจำแนกตามจำนวนมิติได้ดังนี้



### 2.3.1 การบรรจุผลิตภัณฑ์ 1 มิติ

ปัญหาผลรวมของเซตย่อยมากที่สุด (sum of subset) มีความสัมพันธ์กับปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์คือเป็นการบรรจุผลิตภัณฑ์เข้าภาชนะเพียงหนึ่งใบ ลักษณะของปัญหาผลรวมของเซตย่อย จะประกอบด้วยจำนวนเต็มบวก  $n$  จำนวน  $w_1, w_2, \dots, w_n$  และกำหนดจำนวนเต็มบวก  $W$  ให้หาเซตย่อยของ  $w_i$  ที่รวมกันแล้วมีค่ามากที่สุดแต่ไม่เกิน  $W$  เปรียบเหมือนภาชนะรับน้ำหนักได้ไม่เกิน  $W$  และผลิตภัณฑ์แต่ละชิ้นมีน้ำหนัก  $w_i$  ในงานวิจัย[3] Spillman ได้พัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้ช่วยแก้ปัญหาได้ง่ายและแก้ปัญหาที่มีขนาดใหญ่ได้ถึง 10,000 ชิ้น มีขั้นตอนวิธีหลายแบบที่สามารถแก้ปัญหาโดยตรงและรวดเร็ว อย่างไรก็ตามวิธีการโดยทั่วไปสามารถวิเคราะห์ปัญหาได้น้อยกว่า 10,000 ชิ้น

Berkey [4] แสดงการบรรจุผลิตภัณฑ์โดยใช้การประมวลผลขนานแบบที่ละชุดคำสั่งและหลายชุดข้อมูล (Single-Instruction Multiple-Data : SIMD) และแก้ปัญหาที่มีขนาด  $N$  ด้วยหน่วยประมวลผลจำนวน  $n^2$  หน่วย โดยที่  $N$  มีค่ามากกว่าหรือเท่ากับ  $n^2$  และได้พัฒนาวิธีแบบศึกษาสำนึก (heuristic approach) ที่ใช้โครงสร้างเครือข่ายแบบตาราง (grid topology) ซึ่งจะสามารถจัดโครงสร้างของข้อมูลเพื่อช่วยเพิ่มประสิทธิภาพการบรรจุโดยไม่ต้องจัดเรียงข้อมูลก่อน ชุดข้อมูลมีน้ำหนักอยู่ระหว่าง 0 ถึง 1 ทำการบรรจุเข้าภาชนะขนาด 1 หน่วยให้ใช้จำนวนภาชนะน้อยที่สุด เริ่มขั้นตอนวิธีโดยการแบ่งผลิตภัณฑ์เป็น 2 ชนิด ชนิดแรกมีขนาดระหว่าง 0.5 ถึง 1 เรียกว่ากลุ่มเริ่มต้น (bin starter) ชิ้นที่เหลือจะอยู่ในกลุ่มเต็ม (bin filler) ชิ้นในกลุ่มเริ่มต้นจะถูกบรรจุเข้าภาชนะคนละใบ เพราะไม่สามารถใส่รวมกันได้ จากนั้นชิ้นที่เหลือจะถูกจับคู่กับระหว่างกลุ่มเริ่มต้นกับกลุ่มเต็มรวมเป็นขนาดที่สามารถบรรจุในภาชนะได้ กระบวนการนี้จะประมวลผลแบบขนาน งานวิจัย [5] และ [6] ของ Berkey และ Wang แสดงให้เห็นว่าจำนวนภาชนะที่ใช้โดยขั้นตอนวิธีแบบ Systolic จะน้อยกว่าหรือเท่ากับ  $1.5N^* + 4$  เมื่อ  $N^*$  เป็นจำนวนภาชนะน้อยที่สุดที่เป็นไปได้

งานวิจัย [7] Bestavros และคณะได้ศึกษาปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์เพื่อใช้ในการจัดสรรทรัพยากร (resource allocation) และศึกษาผลการบรรจุของวิธีศึกษาสำนึกหลาย ๆ แบบ ดูเหมือนว่าการประมวลผลแบบอนุกรม (serial) ที่ทดลองก่อนหน้านี้ยังไม่สามารถทดลองที่ขนาดของปัญหาใหญ่เป็นหลาย ๆ พันได้ ผู้วิจัยได้แสดงให้เห็นว่าการปรับปรุงข้อมูลให้เป็นการทดลองแบบขนาน (parallel) สามารถเพิ่มความเร็วขึ้นเป็นเชิงเส้น และทดลองกับภาชนะจำนวนมากถึง 100,000 ใบ การวิเคราะห์ในท้ายที่สุดพบว่าธรรมชาติของการประมวลผลแบบอนุกรมของวิธีการศึกษาสำนึกไม่ได้เหมาะที่จะแปลงเป็นการประมวลผลแบบขนานเสมอไป

Falkenauer และคณะ [14] ได้เสนอฟังก์ชันค่าใช้จ่าย (cost function) และการเข้ารหัสที่เหมาะสมสำหรับปัญหาการบรรจุผลิตรถยนต์และแสดงให้เห็นว่าการใช้ขั้นตอนเชิงวิวัฒนาการแบบปกติทั่วไปไม่เหมาะกับปัญหาการจัดกลุ่ม การไขว้เปลี่ยนและการกลายพันธุ์ถูกดัดแปลงให้ทำงานอย่างมีประสิทธิภาพและเหมาะสมกับปัญหาการดุลสายการผลิต (assembly line balancing) โดยหุ่นยนต์ และได้ทดลองกับชุดข้อมูลที่สุ่มขึ้นและมีขนาดของปัญหาครอบคลุมปัญหาจริง

ปัญหาการแบ่งกลุ่มเท่า ๆ กัน (Equal Piles problem) มีลักษณะดังนี้คือ กำหนดข้อมูล 1 มิติจำนวน  $N$  ตัว ให้จัดแบ่งข้อมูลออกเป็น  $k$  กลุ่ม โดยที่แต่ละกลุ่มจะต้องมีผลรวมเท่า ๆ กัน ก่อนการวิจัยของ Falkenauer ใน [13] ปัญหาการแบ่งกลุ่มเท่า ๆ กันมีวิธีการแก้ปัญหาแบบขั้นตอนวิธีเชิงวิวัฒนาการมาตรฐานอยู่แล้วอย่างน้อย 9 วิธี Grouping Genetic Algorithm (GGA) [13] เป็นขั้นตอนวิธีเชิงวิวัฒนาการที่ถูกปรับปรุงเพื่อให้เหมาะกับปัญหาการจัดกลุ่ม และยังมีประสิทธิภาพดีกว่าขั้นตอนวิธีวิวัฒนาการมาตรฐานที่มีก่อนหน้านี้เป็นอย่างมาก

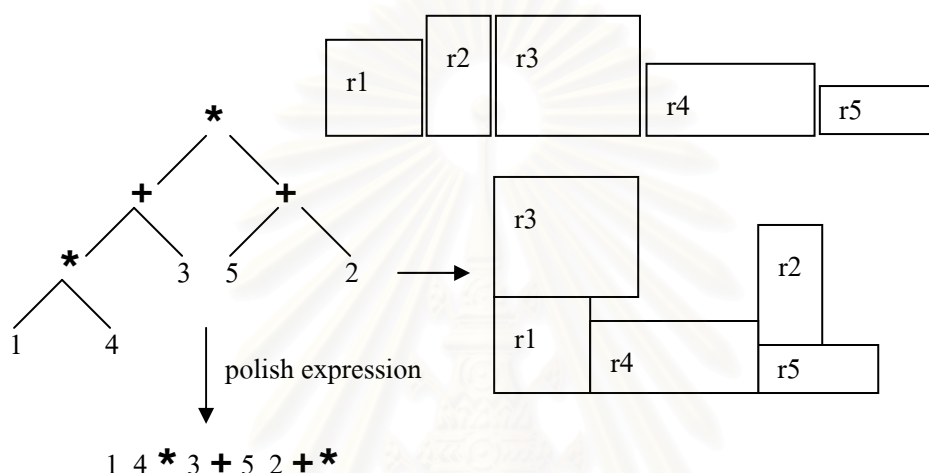
Jones และคณะ [22] แก้ปัญหาการแบ่งกลุ่มด้วยขั้นตอนเชิงวิวัฒนาการ โดยได้ทดลองกับสองปัญหาคือ ปัญหาการแบ่งกลุ่มเท่า ๆ กันและปัญหาการระบายสีแผนที่ (color mapping) จากการทดสอบกับหลายวิธี แนวทางที่ดีที่สุดที่พบคือการเข้ารหัสแบบเรียงสับเปลี่ยน (permutations) ร่วมกับวิธีศึกษาสำนึกเชิงละโมบ (greedy heuristic) ซึ่งจะได้ผลลัพธ์ที่ดีที่สุดสำหรับทั้งสองปัญหา

### 2.3.2 การบรรจุผลิตรถยนต์ 2 มิติ

งานวิจัย [15] Hwang และคณะ ได้แก้ปัญหการบรรจุผลิตรถยนต์รูปสี่เหลี่ยมใน 2 มิติสามารถแบ่งปัญหาตามฟังก์ชันวัตถุประสงค์ได้ 3 แบบ และได้พัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมทั้งหมด 6 รูปแบบเพื่อแก้ปัญหาแต่ละแบบได้แก่ 1. เพื่อให้พื้นที่รวมน้อยที่สุด (RBP1) แก้ปัญหาโดยใช้ GA1 2. กำหนดให้ความกว้างคงที่ ให้ใช้ความสูงน้อยที่สุด (RBP2) ใช้ GA2, GA5, และ GA6 สำหรับแก้ปัญหา 3. เพื่อให้ใช้จำนวนแผ่นภาชนะบรรจุน้อยที่สุด (RBP3) โดยใช้ GA3 และ GA4 แต่ละปัญหาขอมให้หุมนรูปสี่เหลี่ยมได้ 90 องศา

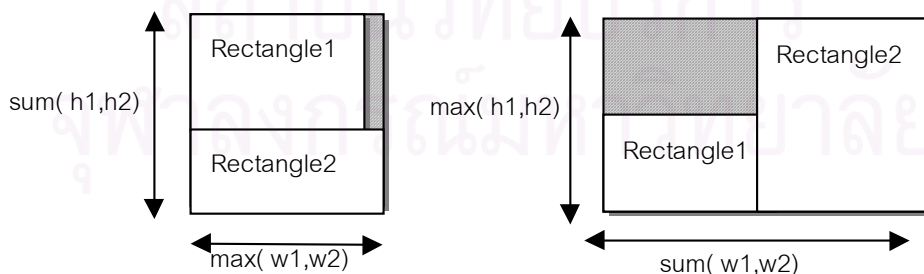
ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในงานวิจัยนี้สามารถแบ่งการทำงานเป็น 2 กลุ่มคือ กลุ่มที่ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแก้ปัญหาโดยตรง และกลุ่มที่ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับวิธีศึกษาสำนึก (heuristic) อื่นเพื่อปรับปรุงคุณภาพคำตอบที่ได้จากวิธีศึกษาสำนึกนั้น ผลลัพธ์ที่ได้จะพบว่าการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแก้ปัญหาโดยตรงจะมีประสิทธิภาพดีเมื่อปัญหามีขนาดเล็ก แต่ถ้าเพิ่มขนาดของปัญหาจะทำให้ประสิทธิภาพลดลงอย่างเห็นได้ชัด สำหรับการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับวิธีศึกษาสำนึกอื่น จะได้ผลลัพธ์ดีกว่าการใช้วิธีศึกษาสำนึกนั้น ๆ เพียงอย่างเดียว

RBP1 เป็นปัญหาที่ต้องการพื้นที่การบรรจุรวมน้อยสุด จะใช้การเข้ารหัสเป็นนิพจน์โพลิช (polish expression) ซึ่งเป็นโครโมโซมตัวเลขของลำดับรูปสี่เหลี่ยมกับเครื่องหมาย + และ \* และนอกจากนี้ยังมีขีดจำกัดตัวเลขลำดับแต่ละตัวเพื่อบอกว่ามีการหมุนรูปสี่เหลี่ยมไปเป็นมุม 90 องศาหรือไม่ ถ้ามีรูปสี่เหลี่ยมจำนวน n รูป จะมีเครื่องหมายทั้งหมด n-1 ตัว ทั้งหมดนี้จะเรียงสับเปลี่ยนกันในโครโมโซม และถูกแปลความหมายเป็นลำดับหลัง(postorder) ของต้นไม้แบบทวินาม เรียกว่า ต้นไม้ภาคตัด (slicing tree) ดังรูปที่ 9



รูปที่ 9 รูปแสดง Slicing Tree และการแปลความหมาย

ใบของต้นไม้จะเป็นหมายเลขลำดับของรูปสี่เหลี่ยม ส่วนโนดภายในจะเป็นเครื่องหมาย + หรือ \* ใช้แทนความสัมพันธ์ระหว่างรูปสี่เหลี่ยม 2 ชุดว่าเรียงกันในแนวตั้ง(+) หรือเรียงต่อกันในแนวนอน(\*) ซึ่งจะเป็นการหากรอบรูปสี่เหลี่ยมที่เล็กที่สุดที่สามารถวางสี่เหลี่ยม 2 ชุดนี้ต่อกันได้ เป็นการบวก(sum) หรือหาค่ามากที่สุด(max)ของด้านของรูปสี่เหลี่ยมดังแสดงในรูป



รูปที่ 10 แสดงการหาขอบเขตของการรวมรูปสี่เหลี่ยม

การใช้ไขว้เปลี่ยนในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมถูกแบ่งเป็นการไขว้เปลี่ยนบนตัวเลขลำดับโดยใช้การไขว้เปลี่ยนแบบ Partially Matched Crossover (PMX) [9] และการไขว้เปลี่ยนของเครื่องหมายใช้ Uniform Crossover เปอร์เซ็นต์การไขว้เปลี่ยนเท่ากับ 0.3 และเปอร์เซ็นต์การกลายพันธุ์เท่ากับ 0.7 ซึ่งถือว่ามีค่ามากเมื่อเทียบกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยทั่วไป โดยจะใช้การกลายพันธุ์ทั้งหมด 4 แบบ ได้แก่ 1.การหมุนรูปสี่เหลี่ยมไปเป็นมุม 90 องศา 2.การสลับที่รูปสี่เหลี่ยมสองรูป 3.เลื่อนตำแหน่งของเครื่องหมาย และ 4.การเปลี่ยนเครื่องหมายไปเป็นอีกแบบคือเปลี่ยนจาก \* เป็น + หรือเปลี่ยนจาก + เป็น \* การกลายทั้ง 4 แบบมีโอกาสเกิดขึ้นเท่า ๆ กัน

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้เป็นแบบ Steady State โดยปรับปรุงประชากรในแต่ละรุ่น 20% และไม่มีการซ้ำของโครโมโซม ทดลองโดยการสุ่มสร้างรูปสี่เหลี่ยมขนาดต่าง ๆ กันตั้งแต่ 10, 20 จนถึง 60 ชิ้น ผลปรากฏว่าหลังการบรรจจะได้รับความหนาแน่น 80% และสามารถหาคำตอบที่ดีกว่านี้หากใช้เวลานานขึ้น ระหว่างการดำเนินการด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอาจทำให้เกิดคำตอบที่สร้างขึ้นใหม่ไม่ถูกต้องได้ ผู้วิจัยแก้ไขโดยการปรับตำแหน่งเครื่องหมาย \* และ + เพื่อให้เป็นต้นไม้ที่ถูกต้อง แล้วค่อยวัดคุณภาพ

RBP2 เป็นการหาคำตอบการบรรจุที่ให้ความสูงน้อยที่สุดเมื่อกำหนดความกว้างคงที่ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม 3 วิธี คือวิธีที่ 1 จะทำเหมือนกับที่ใช้ในปัญหา RBP1 เพียงแต่เพิ่มการทำโทษหากคำตอบมีความกว้างเกินที่กำหนด วิธีที่ 2 ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมทำหน้าที่หาลำดับการบรรจุของรูปสี่เหลี่ยม แล้วใช้วิธี First Fit ในการบรรจุ หลังจากนั้นจึงวัดคุณภาพ ส่วนวิธีที่ 3 จะเปลี่ยนวิธีการที่ใช้ในวิธีที่ 2 จาก First Fit เป็น Best Fit ผลปรากฏว่าวิธีแรกจะให้ประสิทธิภาพดีเมื่อข้อมูลมีปริมาณไม่มาก ถ้าข้อมูลเกินกว่า 60 ชิ้นจะมีประสิทธิภาพไม่น่าพอใจ ส่วนวิธีที่ 2 และ 3 ผลลัพธ์ที่ได้ดีกว่าการใช้ First Fit หรือ Best Fit เพียงอย่างเดียว

RBP3 เมื่อกำหนดขนาดของแผ่นภาชนะ จะหาวิธีการวางรูปสี่เหลี่ยมที่ใช้จำนวนภาชนะน้อยที่สุด ผู้วิจัยได้ทดลอง 2 วิธีคือใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับวิธีศึกษาสำนัก เช่นเดียวกับที่ใช้ในปัญหา RBP2 วิธีแรกใช้ร่วมกับ First Fit ส่วนวิธีที่ 2 ใช้ร่วมกับ Best Fit โดยการจัดเรียงภาชนะตามลำดับความสูงที่ไม่เพิ่มขึ้น แล้วจัดเรียงรูปสี่เหลี่ยมลงในภาชนะตามลำดับที่ได้จากคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ตัวดำเนินการเชิงพันธุกรรมจะใช้การไขว้เปลี่ยนแบบ PMX และใช้การกลายพันธุ์ 2 วิธีคือ การสลับตำแหน่งของรูปสี่เหลี่ยม 2 รูป และการสุ่มเพื่อหมุนรูปสี่เหลี่ยม 90 องศา พบว่าการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับวิธีศึกษาสำนักอื่น เป็นวิธีการที่ง่ายแต่มีประสิทธิภาพในการปรับปรุงคุณภาพของขั้นตอนวิธีศึกษาสำนักนั้น

งานวิจัยเกือบทั้งหมดบรรจุผลิตภัณฑ์ที่เป็นรูปสี่เหลี่ยม อย่างไรก็ตามงานวิจัย [16] ได้บรรจุผลิตภัณฑ์ที่เป็นรูปจางกลมเข้าภาชนะรูปสี่เหลี่ยม ภาชนะไม่มีความยืดหยุ่นแต่ผลิตภัณฑ์มีความยืดหยุ่นค่าหนึ่ง มีขนาดเท่ากันและทำจากวัสดุชนิดเดียวกัน ผลลัพธ์ที่ได้จะต้องมั่นใจว่าผลิตภัณฑ์แต่ละชิ้นอยู่ในสภาพที่ทนแรงบีบอัดได้ โปรแกรมสำเร็จประยุกต์ที่ได้สามารถนำไปใช้ในกระบวนการออกแบบยางเทียมและวัสดุอื่นที่มีคุณสมบัติคล้ายกัน รวมถึงการออกแบบวัสดุกันกระแทกใช้ประโยชน์ในการขนส่ง

Esbensen [17] นำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับปัญหาการวางเซลล์มาโคร (macro cell) โดยมองเป็นปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ใน 2 มิติ ไม่ได้เป็นปัญหาการวางเซลล์มาโครจริง ๆ เนื่องจากยังไม่ได้หาการเชื่อมโยงสายระหว่างเซลล์มาโคร แต่จะเผื่อเนื้อที่สำหรับวางสายดังกล่าวแทน ผลการจัดเรียงที่ได้สามารถเปรียบเทียบคุณภาพได้กับผลงานที่ดีที่สุดที่เคยมีการตีพิมพ์มาก่อน แต่ทว่าใช้เวลาในการประมวลผลนาน

Fenrich และคณะ[18]ได้ทดลองแบบแบ่งเค้าโครงการทำงานออกเป็นชั้น ๆ เพื่อแก้ปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ใน 2 มิติ โดยแบ่งเป็น 3 ชั้น ได้แก่ ชั้นก่อนดำเนินการ(preprocess), ชั้นการบรรจุ(packaging) และชั้นหลังการดำเนินการ(post-processing) ขั้นตอนวิธีอยู่บนพื้นฐาน hypercube multi-processor

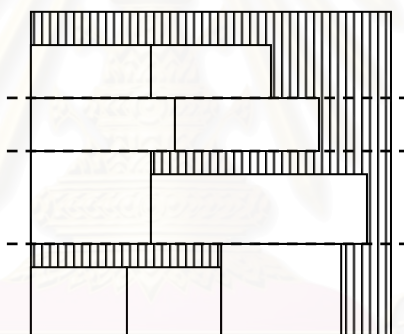
การบรรจุภัณฑ์ปรับขนาดกล่องได้ (Packing Adjustable Rectangle problem : PAR)[19] เป็นปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์รูปสี่เหลี่ยมที่สามารถปรับเปลี่ยนความกว้างและความสูงได้แต่เปลี่ยนแล้วจะต้องมีพื้นที่เท่าเดิม ภาชนะบรรจุเป็นรูปทรงสี่เหลี่ยมมีความกว้างคงที่และความสูงไม่จำกัด วัตถุประสงค์คือต้องการบรรจุให้มีความสูงน้อยที่สุด นำไปประยุกต์ใช้ได้กับการจัดคิวสำหรับงานที่เป็นอิสระต่อกันในระบบการประมวลผลแบบขนาน

ปัญหาการจัดสำนักงาน (Facility Layout Problem : FLP) มีผู้ใช้ต้นไม้ภาคตัด (Slicing Tree Structure : STS) แทนโครงสร้างการจัดเรียง และใช้วิธีจัดกลุ่มแบบง่าย (Simple Clustering method) ในการหาการจัดเรียงได้อย่างรวดเร็ว มีหลายวิธีที่จะรวมแนวทางเหล่านี้กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม Kado และคณะ [20] รวมขั้นตอนวิธีเชิงวิวัฒนาการเข้ากับ STS และวิธีจัดกลุ่มแบบง่ายใน 6 รูปแบบที่แตกต่างกันและทดสอบกับปัญหา FLP ที่เคยมีผู้วิจัยไว้ พบว่าหนึ่งวิธีจาก 6 วิธี มีผลลัพธ์ดีกว่างานวิจัยก่อนหน้านี้



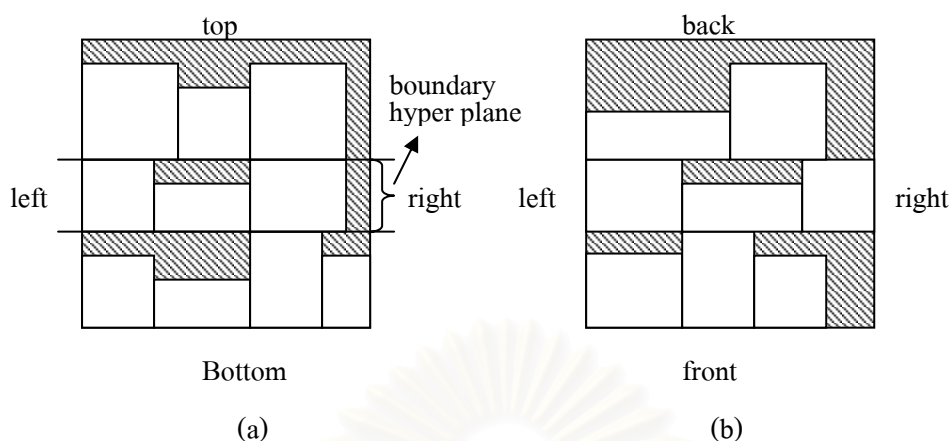
### 2.3.3 การบรรจุผลิตภัณฑ์ 3 มิติ

Pimpawat C. และ Chaiyaratana N.[8] ใช้ Co-operative Co-evolutionary Genetic Algorithm แก้ปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ 3 มิติโดยสังเกตว่าการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย (Simple GA) สำหรับแก้ปัญหาบรรจุผลิตภัณฑ์ใน 3 มิติจะทำให้ประสิทธิภาพลดลงอย่างเห็นได้ชัดเมื่อจำนวนชิ้นที่ต้องการบรรจุเพิ่มขึ้น เพื่อลดผลกระทบจากขนาดของข้อมูล จึงเลือกใช้วิธี Co-operative Co-evolutionary Genetic Algorithm (CCGA) [31] ซึ่งจะสามารถแบ่งปัญหาออกเป็นปัญหาย่อย และแก้ปัญหาย่อยเหล่านั้นแล้วจึงนำคำตอบมารวมกัน โดยทดลองแก้ปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ที่เป็นรูปทรงสี่เหลี่ยม ภาชนะบรรจุเป็นรูปทรงสี่เหลี่ยมเช่นกันและสามารถบรรจุผลิตภัณฑ์ที่ได้ทราบได้ที่ขนาดผลิตภัณฑ์ไม่เกินขนาดของภาชนะ การบรรจุอยู่ในลักษณะตั้งฉากและแบ่งด้วยเส้นตรงได้ (orthogonal and guillotineable) การบรรจุแบบตั้งฉากเป็นการบรรจุที่ขอบแต่ละด้านของผลิตภัณฑ์ขนานไปกับขอบภาชนะ การบรรจุจะอยู่ในรูปแบบเหมือนรูปที่ 11



รูปที่ 11 การบรรจุแบบตั้งฉากและสามารถตัดแบ่งด้วยเส้นตรงได้

จะเห็นว่าในแนวตั้งสามารถตัดแบ่งได้ด้วยเส้นตรงในแนวนอน การจัดเรียงจึงสามารถแบ่งเป็นชั้น ๆ ได้โดยการแทรกวัสดุกันกระแทกระหว่างผลิตภัณฑ์ การจัดเรียงของชั้นจะพยายามให้ชิดซ้ายและอยู่ต่ำสุดดังรูปที่ 12(a) จะเห็นว่าการบรรจุเป็น 3 ชั้น ในแต่ละชั้นจะจัดเรียงให้ชิดซ้ายและอยู่ด้านหน้าก่อนดังรูปที่ 12(b) แสดงลำดับการวางผลิตภัณฑ์ การจัดวางเริ่มจากขนาดใหญ่ หลังจากบรรจุขนาดใหญ่ครบทุกชั้น แล้วค่อยตามด้วยขนาดกลาง และขนาดเล็กตามลำดับ ก่อนจะทำงานด้วย CCGA ยังมีการใช้ขั้นตอนวิธีศึกษาสำนึก(heuristic)สำหรับแบ่งกลุ่มผลิตภัณฑ์ออกเป็น 3 กลุ่มได้แก่กลุ่มที่มีขนาดเล็ก,ขนาดกลาง และขนาดใหญ่ แต่ละกลุ่มจะถูกเข้ารหัสเป็น 1 สปีชีส์ (species) ในโครโมโซมของ CCGA ผู้วิจัยได้ทดลองเปรียบเทียบผลลัพธ์กับผลที่ได้จากการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่ายซึ่งเข้ารหัสข้อมูลทั้งหมดเป็นหนึ่งโครโมโซมไม่มีการแยกสปีชีส์ ผลปรากฏว่า CCGA ให้ผลลัพธ์ดีกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่ายในเชิงจำนวนผู้สินค้า



รูปที่ 12 ลำดับการจัดวาง (a) การวางเป็นชั้นในกล่อง (b) ลำดับการวางในแต่ละชั้น

วัตถุประสงค์ของการวิจัย [2] ของ วัฒนพงษ์ ภักดี เพื่อหาวิธีลดต้นทุนของ 1) บรรจุกัณฑ์ 2) ค่าเช่าตู้สินค้าเมื่อบรรจุกัณฑ์มีขนาดเดียวกับตู้สินค้าหนึ่งชนิด 3) ค่าเช่าตู้สินค้าเมื่อบรรจุกัณฑ์มีหลายขนาดต่อตู้สินค้าหนึ่งชนิด ในการวิจัยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อแก้ปัญหาการออกแบบบรรจุกัณฑ์ และเสนอวิธีแบบศึกษาสำนึกเพื่อแก้ปัญหาการจัดวางบรรจุกัณฑ์ลงในตู้สินค้า ในกรณีบรรจุกัณฑ์มีหลายขนาดต่อตู้สินค้าหนึ่งชนิดจะใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับวิธีแบบศึกษาสำนึกเพื่อแก้ปัญหา โดยวิธีแบบศึกษาสำนึกจะถูกใช้สำหรับวัดคุณภาพคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ข้อมูลที่ใช้ในการทดลองจัดเก็บจากการทำงานจริงของบริษัท S.P. furniture M.F. จำกัด เมื่อเปรียบเทียบค่าใช้จ่ายจากวิธีการตัดสินใจโดยพนักงานกับวิธีที่เสนอในงานวิจัย พบว่า 1) ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมลดต้นทุนบรรจุกัณฑ์ลงได้ 9.79% 2) วิธีแบบศึกษาสำนึกลดต้นทุนค่าเช่าตู้สินค้านี้ลงได้ 24.90% และ 3) ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมช่วยลดต้นทุนค่าเช่าตู้สินค้านี้ลงได้ 0.83%

การลดต้นทุนบรรจุกัณฑ์ เป็นการออกแบบบรรจุกัณฑ์ให้มีพื้นที่ผิวน้อยที่สุด ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการแก้ปัญหา โดยมีพื้นที่ผิวของบรรจุกัณฑ์เป็นฟังก์ชันวัตถุประสงค์ ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โครโมโซมมีส่วนประกอบ 3 ส่วน ดังรูปที่ 13

1. ส่วนลำดับการจัดวาง ประกอบด้วยตัวเลขไม่ซ้ำกันความยาวเท่ากับจำนวนชิ้นผลิตภัณฑ์
2. ส่วนรูปแบบการวางตัวของผลิตภัณฑ์ซึ่งจะมีทั้งหมด 6 แบบ ยืนยันในส่วนนี้จึงมีค่าอยู่ในช่วง [1,6]
3. ส่วนตำแหน่งในปริภูมิ 3 มิติ เก็บค่า  $x, y$  ของตำแหน่งที่วางผลิตภัณฑ์

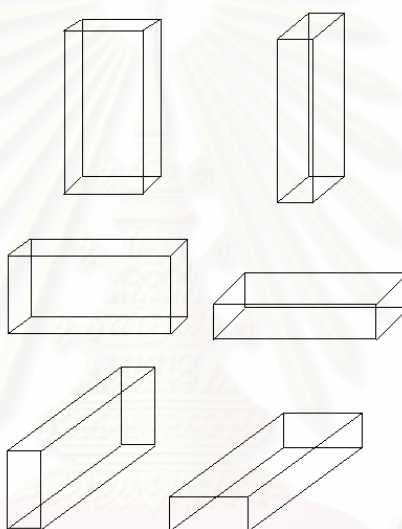
1. 

5	2	3	1	4
---	---	---	---	---
2. 

1	6	2	4	2
---	---	---	---	---
3. 

1	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

รูปที่ 13 ตัวอย่างโครโมโซมปัญหาที่มีส่วนประกอบของผลิตภัณฑ์จำนวน 5 ชิ้น

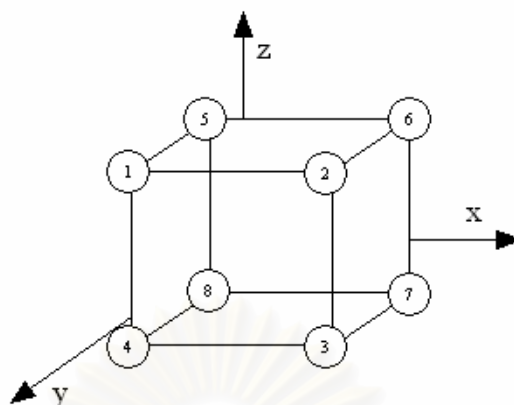


รูปที่ 14 รูปแบบการวางตัวของผลิตภัณฑ์ 6 แบบ

กระบวนการจัดวางวัตถุในอุปกรณ์บรรจุโดยมีปริภูมิสามมิติดังแสดงในรูปที่ 15 เป็นดังนี้

1. กำหนดวัตถุที่จะจัดวางให้ลอยอยู่บนอุปกรณ์บรรจุที่ระขะอนันต์ พิกัด  $z$  ของโนด 8 มีค่าเท่ากับ  $\infty$  ค่า  $x, y$  ได้จากโครโมโซม
2. เลื่อนวัตถุตามแนวแกน  $z$  (ค่า  $z$  ลดลง) จนกระทั่งผิววัตถุที่กำลังจัดวางสัมผัสกับอุปกรณ์บรรจุหรือวัตถุชิ้นอื่น ๆ เรียกว่าไม่สามารถเคลื่อนที่ในแนวแกน  $z$  ได้อีก
3. เลื่อนวัตถุตามแนวแกน  $y$  (ค่า  $y$  ลดลง) จนไม่สามารถเคลื่อนที่ในแนวแกน  $y$  ได้อีก
4. เลื่อนวัตถุตามแนวแกน  $x$  (ค่า  $x$  ลดลง) จนไม่สามารถเคลื่อนที่ในแนวแกน  $x$  ได้อีก
5. ทำซ้ำขั้นตอนที่ 2-4 จนวัตถุไม่สามารถเคลื่อนที่ได้อีก
6. เริ่มขั้นตอนที่ 1 ใหม่สำหรับวัตถุชิ้นถัดไป จะกระทั่งครบทุกชิ้น





รูปที่ 15 ปริภูมิสามมิติ

การลดต้นทุนค่าเช่าตู้สินค้าเมื่อบรรจุภัณฑ์มีขนาดเดียวต่อสินค้าหนึ่งชนิด ใช้วิธีแบบศึกษา  
สำนึกในการแก้ปัญหา มีขั้นตอนดังนี้

1. เลือกบรรจุภัณฑ์ที่ละขนาด
2. ทดลองวางบรรจุภัณฑ์ในตู้สินค้าด้วยรูปแบบในการวางทั้ง 6 แบบ โดยบรรจุภัณฑ์แต่ละประเภทจะถูกจัดเรียงด้วยความหนาหนึ่งชั้น และมีพิกัด  $y$  ของโนด 8 เท่ากัน
3. พื้นที่ตามแนวระนาบ  $xz$  ที่เกิดจากการวางบรรจุภัณฑ์ในข้อ 2 เรียกว่า “พื้นที่ผนัง”
4. บรรจุภัณฑ์เมื่อจัดวางแล้วส่วนปลายไม่ยื่นเกินบรรจุภัณฑ์เดิมในตู้สินค้า จะถูกเลือกนำมาจัดเรียง
  - 4.1. หากมีบรรจุภัณฑ์หลายขนาด เมื่อจัดวางแล้วส่วนปลายไม่ยื่นเกินบรรจุภัณฑ์เดิมในตู้สินค้า บรรจุภัณฑ์ขนาดที่ให้ค่า “พื้นที่ผนัง” สูงสุดจะถูกเลือกนำมาจัดเรียง
  - 4.2. หากมีบรรจุภัณฑ์หลายขนาดที่ให้ค่า “พื้นที่ผนัง” เท่ากัน บรรจุภัณฑ์ที่มีความยาวตามแนวแกน ( $y$ ) สูงสุดจะถูกเลือกนำมาจัดเรียง
5. หากทดลองวางบรรจุภัณฑ์ทุกแบบแล้ว พบว่าบรรจุภัณฑ์ทุกแบบเมื่อจัดวางแล้วส่วนปลายยื่นเกินบรรจุภัณฑ์เดิมในตู้สินค้า
  - 5.1. บรรจุภัณฑ์ขนาดที่ให้ค่า “พื้นที่ผนัง” สูงสุดจะถูกเลือกนำมาจัดเรียง
  - 5.2. หากมีบรรจุภัณฑ์หลายขนาดที่ให้ค่า “พื้นที่ผนัง” เท่ากัน บรรจุภัณฑ์ที่มีความยาวตามแนวแกน ( $y$ ) สูงสุดจะถูกเลือกนำมาจัดเรียง
6. ทำซ้ำขั้นตอนที่ 1 ถึง 5 จนบรรจุภัณฑ์ทั้งหมดถูกบรรจุลงในตู้สินค้า

สำหรับการลดต้นทุนค่าเช่าตู้สินค้าเมื่อบรรจุภัณฑ์มีหลายขนาดต่อสินค้าหนึ่งชนิด ในการทดลองผลิตภัณฑ์แต่ละชนิดมี 2 ขนาด ด้วยวัตถุประสงค์การออกแบบ 2 อย่างคือ 1. เพื่อให้มีพื้นที่ผิวน้อยที่สุด ใช้ประโยชน์ในการลดต้นทุนบรรจุภัณฑ์ 2. เพื่อให้มีปริมาตรเล็กที่สุด เพื่อประโยชน์ในการลดค่าเช่าตู้สินค้า แต่จากการทดลองพบว่า เมื่อผลิตภัณฑ์มากกว่าหนึ่งชนิดการใช้ผลิตภัณฑ์ที่มีพื้นที่ผิวน้อยที่สุดเพียงอย่างเดียวมาบรรจุ หรือเลือกผลิตภัณฑ์ที่มีปริมาตรเล็กที่สุดเพียงอย่างเดียวมาบรรจุ พบว่าการใช้ผลิตภัณฑ์ทั้งสองแบบร่วมกันจะให้ความยาวของการบรรจุสั้นกว่า อย่างไรก็ตาม ใดก็ดี ผลิตภัณฑ์หนึ่งชนิดก็เลือกมาเพียงแบบเดียว ในการทดลองทุกแบบที่กล่าวถึงเปรียบเทียบโดยการวัดความยาวของการบรรจุในหนึ่งตู้สินค้า

การเข้ารหัสของขั้นตอนวิธีพันธุกรรมสำหรับการลดต้นทุนค่าเช่าตู้สินค้าเมื่อบรรจุภัณฑ์มีหลายขนาดต่อสินค้าหนึ่งชนิด ตัวอย่างโครโมโซมในกรณีที่ผลิตภัณฑ์มีทั้งหมด 5 ชนิด เป็นดังรูปที่ 16

2	2	1	1	2
ผลิตภัณฑ์ชนิดที่ 1	ผลิตภัณฑ์ชนิดที่ 2	ผลิตภัณฑ์ชนิดที่ 3	ผลิตภัณฑ์ชนิดที่ 4	ผลิตภัณฑ์ชนิดที่ 5

รูปที่ 16 โครโมโซมที่เก็บคำตอบเบื้องต้นของการเลือกขนาดบรรจุภัณฑ์

งานวิจัย [21] ได้ทดลองแก้ปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ใน 3 มิติ ผลิตภัณฑ์ที่ใช้บรรจุมีลักษณะพิเศษกว่าที่ใช้ในงานวิจัยอื่น ๆ คือ ผลิตภัณฑ์มีรูปร่างใด ๆ อาจจะมีรูหรือมีมุมที่ยื่นออกมาจากตรงไหนก็ได้ ข้อมูลของผลิตภัณฑ์ถูกเก็บไว้ในแฟ้มข้อมูลแคด(CAD file : Computer Aided Design) สามารถหมุนผลิตภัณฑ์ได้ทั้งหมด 24 ทิศทาง และถูกกำหนดจุดที่จะให้ผลิตภัณฑ์ขึ้นขึ้นมาวางต่อได้ทั้งหมด 5 จุด ภาชนะบรรจุเป็นทรงกระบอก การจัดเรียงเสมือนอยู่ในสภาพไร้น้ำหนัก โดยจะนำไปใช้จริงในงานทำต้นแบบ (prototype) โดยใช้แสงเลเซอร์ซึ่งจะต้องแปลงข้อมูลจากแฟ้มข้อมูลแคดเพื่อนำไปใช้งาน

การจัดเรียงจะวางผลิตภัณฑ์ต่อกับจุดเชื่อมต่อดูจุดหนึ่งจาก 5 จุดของชั้นก่อนหน้า ทิศทางการหมุนของผลิตภัณฑ์จะประกอบด้วยการหมุนรอบแกน x ทีละ 45 องศาได้ทั้งหมด 8 ทิศทาง และการหมุนรอบแกน y และ z อีกแกนละ 8 ทิศทางเช่นกัน รวมเป็น 24 ทิศทาง การทดลองถูกแบ่งเป็น 3 ชุดทดลอง ในชุดที่ 1 จะเป็นการหาพารามิเตอร์ที่เหมาะสมสำหรับตัวดำเนินการเชิงพันธุกรรม ชุดที่ 2 ทดลองกับรูปทรงอย่างง่ายคือรูปทรงสี่เหลี่ยม และสุดท้ายเป็นการทดสอบกับผลิตภัณฑ์รูปร่างใด ๆ การเข้ารหัสข้อมูลในโครโมโซมจะแบ่งเป็น 3 สายที่ยาวเท่ากัน

คือเท่ากับจำนวนผลิตภัณฑ์ ประกอบด้วยสายของการเรียงสับเปลี่ยนของตัวเลขลำดับผลิตภัณฑ์, สายบอกทิศทาง และสายบอกจุดเชื่อมต่อกับผลิตภัณฑ์ก่อนหน้า

งานวิจัย [23] ได้แก้ปัญหการบรรจุผลิตภัณฑ์ 3 มิติด้วยวิธีการแตกกิ่งและกั้นเขต(Branch and Bound) และได้นำเสนอขอบเขตล่างของจำนวนตู้สินค้าสำหรับการบรรจุผลิตภัณฑ์ในสามมิติ ในหลายกรณีได้แก่ขอบเขตล่างแบบต่อเนื่อง(Continuous lower bound)

$$L_0 = \left\lceil \frac{\sum_{j=1}^n v_j}{B} \right\rceil$$

เมื่อ  $v_j$  เป็นปริมาตรของผลิตภัณฑ์ชิ้นที่  $j$

$B$  เป็นปริมาตรของภาชนะ

$n$  เป็นจำนวนผลิตภัณฑ์ทั้งหมด

ถ้าบรรจุผลิตภัณฑ์ปริมาณมาก ๆ โดยที่ผลิตภัณฑ์มีขนาดเล็กเมื่อเทียบกับขนาดของภาชนะ จะพบว่ากรณีเลวร้ายสุดจะใช้จำนวนตู้สินค้าเป็น 8 เท่าของ  $L_0$  เมื่อ  $L_0$  เป็นขอบเขตล่างแบบต่อเนื่อง หรือจำนวนภาชนะที่น้อยที่สุดที่เป็นไปได้ กรณีที่ผลิตภัณฑ์มีขนาดใหญ่จะมีขอบเขตล่าง เปลี่ยนไป ขั้นตอนวิธีที่ใช้ในงานวิจัยจะประกอบด้วย 2 ส่วนหลัก ๆ คือกิ่งหลักของต้นไม้ (Main Branching Tree) และ ONEBIN โดยกิ่งหลักของต้นไม้จะแบ่งข้อมูลผลิตภัณฑ์ที่ถูกเรียงลำดับอยู่ แล้วตามปริมาตรจากมากไปหาน้อยด้วยขั้นตอนวิธีการค้นหาในแนวลึก (Depth First) เพื่อกำหนดว่าผลิตภัณฑ์ชิ้นไหนจะอยู่ในภาชนะใด ในขณะที่ ONEBIN จะทำหน้าที่จัดเรียงผลิตภัณฑ์ในหนึ่งภาชนะตามที่ถูกแบ่งโดยกิ่งหลักของต้นไม้เพื่อตรวจสอบว่าสามารถจัดเรียงผลิตภัณฑ์ดังกล่าวเข้าในหนึ่งภาชนะได้หรือไม่และมีตำแหน่งการจัดวางอย่างไร

#### 2.3.4 การบรรจุผลิตภัณฑ์มากกว่า 3 มิติ

ปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ที่มีหลายมิติเป็นกรณีทั่วไปของการบรรจุผลิตภัณฑ์ใน 1 มิติ โดยที่ภาชนะและผลิตภัณฑ์จะถูกมองเป็นเวกเตอร์ใน  $d$  มิติ การขยายผลจาก 1 มิติไปเป็น  $d$  มิติของงานวิจัยก่อนหน้านี้นี้ไม่สนใจข้อมูลของมิติที่เพิ่มเข้ามา ทำให้การเพิ่มจำนวนมิติทำได้ไม่ดี งานวิจัยของ Leinberger และคณะ[24]ได้นำเสนออัลกอริทึมใหม่ซึ่งจะสนใจข้อมูลความจุของมิติที่เพิ่มเข้ามาด้วย เพื่อให้ได้การบรรจุที่ดีกว่า และนำไปสู่การจัดสรรทรัพยากรและการจัดตารางงานที่ดีกว่าเดิม

การบรรจุผลิตภัณฑ์แบบ d-capacity First Fit [23] ทำการเลือกผลิตภัณฑ์หนึ่งชิ้นตามลำดับจาก L รายการของผลิตภัณฑ์ที่เหลืออยู่ พยายามบรรจุเข้าภาชนะที่มีอยู่ ถ้าไม่มีภาชนะใบไหนใส่ได้ก็จะเพิ่มภาชนะเปล่าใบใหม่เข้าไปเพื่อใส่ผลิตภัณฑ์ชิ้นนั้น อีกวิธีการหนึ่งที่ให้ผลเช่นเดียวกับ FF คือสร้างภาชนะใบที่หนึ่งและวางผลิตภัณฑ์ชิ้นที่หนึ่งเข้าไปในภาชนะใบนี้ จากนั้นหาผลิตภัณฑ์จากรายการเริ่มต้นไปยังท้ายรายการ หากจนกระทั่งเจอชิ้นที่สามารถใส่เพิ่มเข้าไปในภาชนะ และวางผลิตภัณฑ์ชิ้นถัด ๆ ไปที่สามารถเพิ่มเข้าไปในภาชนะใบที่หนึ่งได้ เมื่อไม่สามารถหาผลิตภัณฑ์ที่จะเพิ่มเข้าไปในภาชนะปัจจุบันได้ จะเพิ่มภาชนะใบใหม่เข้ามา และทำกระบวนการนี้ไปเรื่อย ๆ จนกระทั่งครบทุกรายการ

งานวิจัยนี้ได้ปรับปรุงกระบวนการหาผลิตภัณฑ์ชิ้นถัดไปที่จะวางในภาชนะปัจจุบันให้มีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น เนื่องจาก FF จะหารายการที่ใส่เพิ่มเข้าไปได้เท่านั้น ถ้ารายการที่เพิ่มเข้าไปมีความจุในมิติใดมิติหนึ่งมากจนเต็ม ทำให้ไม่สามารถเพิ่มผลิตภัณฑ์เข้าไปในภาชนะได้ ทั้ง ๆ ที่มีมิติอื่น ๆ ยังมีที่ว่างเหลืออยู่อีกมาก เป็นผลให้ประสิทธิภาพโดยรวมไม่ดี การปรับปรุงในงานวิจัยนี้คือจะเลือกผลิตภัณฑ์ที่สามารถเพิ่มเข้าไปได้และมีขนาดความจุน้อยที่สุดในมิติที่มีที่ว่างน้อยสุดของภาชนะใบปัจจุบัน ทำให้ความจุในมิตินี้เพิ่มขึ้นน้อยในขณะที่มิติอื่นเพิ่มขึ้นมาก ทำให้เกิดสมดุลของความจุของภาชนะ คือแต่ละมิติเต็มเท่าๆกัน

Leinberger ได้ทดลองวิธีการเลือกผลิตภัณฑ์ที่จะนำมาบรรจุ 2 วิธีคือ วิธีบรรจุเชิงสับเปลี่ยน (Permutation Pack : PP) และวิธีบรรจุเชิงเลือก (Choose Pack : CP) โดย PP จะพยายามหาผลิตภัณฑ์ที่มีขนาดในแต่ละมิติเรียงลำดับตามลำดับของเนื้อที่ว่างแต่ละมิติของภาชนะบรรจุ เช่น ปัญหาที่มีขนาด 5 มิติ ภาชนะใบที่ k มีความจุในแต่ละมิติเรียงลำดับดังนี้

$$B_{k1} \leq B_{k3} \leq B_{k4} \leq B_{k2} \leq B_{k5}$$

จะหาผลิตภัณฑ์ชิ้นที่ i ที่มีขนาดแต่ละมิติเรียงลำดับตามนี้

$$x_{i1} \geq x_{i3} \geq x_{i4} \geq x_{i2} \geq x_{i5}$$

ลำดับที่ต้องการจะตรงข้ามกับความจุของภาชนะ การบรรจุ  $x_i$  เพิ่มเข้าไปในภาชนะจะทำให้มิติที่มีความจุน้อยกว่าเพิ่มปริมาณขึ้นมากกว่าจึงทำให้เกิดความสมดุลของการบรรจุเพิ่มมากขึ้น ถ้าหาไปจนครบทุกผลิตภัณฑ์แล้วแต่ไม่สามารถหาผลิตภัณฑ์ที่มีขนาดเรียงลำดับตามนี้ได้จะหาลำดับการจัดเรียงที่ใกล้เคียง โดยยอมให้ลำดับในส่วนที่มีขนาดเล็กสามารถสลับที่กันได้เช่น

$$x_{i1} \geq x_{i3} \geq x_{i4} \geq x_{i5} \geq x_{i2}$$

และจะหาการจัดเรียงที่ตรงกันน้อยลงไปเรื่อย ๆ จนกว่าจะหาเจอ จำนวนลำดับที่ต้องตรงกันในที่นี้เรียกว่าหน้าต่าง (window) มีขนาด  $w$ ;  $0 \leq w \leq d-1$  เช่น  $w=2$  จะได้ว่าต้องการให้เรียงลำดับเฉพาะตำแหน่ง 1 และ 2 ส่วนตำแหน่งอื่น ๆ ไม่สนใจ จากตัวอย่างข้างต้นจะได้ผลิตภัณฑ์ที่มีคุณสมบัติดังนี้

$$X_{i,1} \geq X_{i,3} \geq X_{i,4}, X_{i,5}, X_{i,2}$$

นั่นคือไม่สนใจการเรียงลำดับในส่วนที่มีขนาดเล็ก สนใจเฉพาะส่วนที่มีขนาดใหญ่

CP มีจุดประสงค์อย่างเดียวกับ PP ข้อแตกต่างคือ CP ไม่บังคับว่าจะต้องเรียงลำดับข้อมูลที่อยู่ในกลุ่ม  $w$  ดังนั้นผลิตภัณฑ์ที่จะถูกเลือกด้วย CP จะมีลักษณะดังนี้

$$X_{i,1}, X_{i,3} \geq X_{i,4}, X_{i,5}, X_{i,2}$$

นั่นคือไม่บังคับว่า  $X_{i,1}$  และ  $X_{i,3}$  จะต้องเรียงลำดับกัน ผลการทดลองสรุปได้ดังนี้

1. PP และ CP ให้ผลลัพธ์เหมือนกันคือมีคุณภาพดีกว่า FF สำหรับการบรรจุผลิตภัณฑ์ที่ยังไม่ได้จัดเรียงและโดยเฉลี่ยมีขนาดเล็ก ในกรณีขนาดโดยเฉลี่ยใหญ่ขึ้นจะมีประสิทธิภาพพอ ๆ กับ FF ประสิทธิภาพจะยิ่งเพิ่มมากขึ้นถ้าใช้หน้าต่างขนาดน้อยกว่าหรือเท่ากับ 2
2. ผลิตภัณฑ์ที่เรียงลำดับแล้วจะทำให้ผลลัพธ์ที่ได้มีประสิทธิภาพดียิ่งขึ้นสำหรับทุกขั้นตอนวิธี ยกเว้นกรณีที่ใช้หน้าต่างมีค่าสูง ๆ กับข้อมูลที่โดยเฉลี่ยมีขนาดใหญ่
3. การปรับเปลี่ยนขนาดของหน้าต่างตามค่าเฉลี่ยน้ำหนักของข้อมูลที่ยังไม่ได้บรรจุให้ประสิทธิภาพสูงสุด ถ้าค่าเฉลี่ยน้อยจะใช้หน้าต่างมีขนาดใหญ่ ขั้นตอนวิธีแบบนี้ไม่ได้รับผลกระทบจากการซ้ำของข้อมูลเหมือนอย่างที่เกิดใน PP และ CP
4. เนื่องจากข้อมูลที่ใช้ในการทดลองได้มาจากการสุ่ม จึงไม่มีความสัมพันธ์หรือเกี่ยวข้องกัน แต่การใช้งานจริง ๆ ข้อมูลบางอย่างมีความเกี่ยวข้องกับข้อมูลบางตัวอย่างมาก ขั้นตอนวิธีที่นำเสนอนี้จะเหมาะกับการจัดสรรทรัพยากรในแง่ที่ทรัพยากรแต่ละตัวไม่ค่อยมีความสัมพันธ์กัน

### 2.3.5 การค้นหาเฉพาะที่ (local search)

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นกระบวนการค้นหาคำตอบแบบครอบคลุม(global search) การทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอาศัยกลุ่มประชากรที่จะวิวัฒนาการไปเป็นคำตอบ และการทำงานกับประชากรแต่ละตัวค่อนข้างที่จะเป็นอิสระต่อกัน ทำให้สามารถค้นหาคำตอบจากบริเวณคำตอบ (search space) ทุก ๆ บริเวณได้พร้อม ๆ กัน มีผลให้สามารถหาคำตอบที่ดีกว่าโดยรวมได้ง่าย และเนื่องจากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมไม่ได้อาศัยอนุพันธ์สำหรับบอกทิศทางการค้นหา ผลัก



คือบางครั้งการค้นหาพบคำตอบที่เกือบจะดีที่สุด แต่กระบวนการเชิงสุ่มของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอาจทำให้ทิศทางการค้นหา เปลี่ยนไปจากบริเวณดังกล่าวไปสู่ที่อื่นและกว่าจะกลับมาเจอคำตอบก็จะเสียเวลาเพิ่มไปอีก ดังนั้นการค้นเฉพาะที่จะถูกนำมาช่วยในกรณีเหล่านี้ เมื่อใกล้ที่จะได้คำตอบที่ดีที่สุดแล้ว ก็จะใช้การค้นเฉพาะที่เข้าช่วยเพื่อที่จะเปลี่ยนคำตอบนั้น ๆ ไปเป็นคำตอบที่ดีที่สุดด้วยระยะเวลาอันรวดเร็ว

การค้นเฉพาะที่ถูกนำไปใช้ในหลายงานวิจัย บางครั้งก็ใช้เพื่อปรับปรุงคำตอบที่ไม่ถูกต้อง อันอาจเนื่องมาจากตัวดำเนินการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้กลับมาเป็นคำตอบที่ถูกต้องตามเงื่อนไขที่ต้องการ

งานวิจัย [25] ของ Alvim และคณะ ได้เสนอวิธีการปรับปรุงคุณภาพคำตอบของปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์หนึ่งมิติที่ได้จากการใช้ขั้นตอนวิธีเรียงลำดับแล้วเลือกอันดีที่สุดก่อน (Best Fit Decreasing) โดยตัดตู้สินค้าที่มีผลิตภัณฑ์บรรจุอยู่น้อยที่สุดออกไปแล้วกระจายผลิตภัณฑ์จากตู้สินค้าที่ถูกตัดทิ้งไปยังตู้สินค้าอื่น ๆ ที่เหลือ ถ้ายังเป็นคำตอบที่ถูกต้องก็จะพยายามลดจำนวนตู้สินค้าไปเรื่อย ๆ ระหว่างการลดจำนวนตู้สินค้ามักจะทำให้เกิดคำตอบที่ไม่ถูกต้อง เมื่อเจอคำตอบที่ไม่ถูกต้องจะทำการค้นเฉพาะที่ โดยเป้าหมายคือพยายามที่จะลดขนาดของตู้สินค้าที่ล้นให้เป็นไม่ล้น พิจารณาตู้สินค้าที่ละคู่ที่มีปริมาตรแตกต่างกันมากที่สุด พยายามลดความแตกต่างลงโดยการแลกเปลี่ยนผลิตภัณฑ์ระหว่างสองตู้สินค้านี้ หลังจากลดความแตกต่างลงได้แล้วถ้าคำตอบยังไม่ถูกต้องก็จะทำซ้ำกระบวนการไปเรื่อย ๆ โดยพิจารณาตู้สินค้าที่มีปริมาตรบรรจุมากที่สุดและน้อยที่สุด ณ ขณะนั้น ๆ เพื่อแลกเปลี่ยนผลิตภัณฑ์ระหว่างกัน และจะสิ้นสุดเมื่อเจอคำตอบที่เป็นไปได้หรือการแลกเปลี่ยนเกิดขึ้นกับทุกคู่ที่เป็นไปได้

นอกจากนี้ยังมีงานวิจัยที่ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอีกจำนวนมากที่ใช้การค้นเฉพาะที่ช่วยในการปรับปรุงคุณภาพคำตอบ เช่น [26] และ [27] ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นเฉพาะที่เพื่อแก้ปัญหาการเดินทางของพนักงานขาย ซึ่งเป็นปัญหาในแนวเดียวกับปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์คือคำตอบอยู่ในรูปการเรียงสับเปลี่ยนลำดับของตัวเลข การแก้ปัญหาเหล่านี้ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมักจะหนีไม่พ้นการค้นเฉพาะที่ [28]

งานวิจัย [29] เพิ่มความเร็วให้กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมด้วยการค้นเฉพาะที่ ไม่เพียงแต่สามารถทำให้เร็วขึ้น ยังทำให้คำตอบที่ได้ถูกต้องมากยิ่งขึ้นและยังสามารถลดความยาวของโครโมโซมลงได้อีก

Guided Local Search (GLS) ที่เดิมมีวัตถุประสงค์ใช้สำหรับปัญหาที่มีเงื่อนไขบังคับ (constrain satisfaction) แต่ก็ถูกพิสูจน์แล้วว่ามีประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาเชิงจัดหมู่แบบยาก (hard combinatorial) หลายงานวิจัยได้ใช้ GLS ร่วมในการแก้ปัญหาหลาย ๆ ปัญหา รวมทั้งปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ในสามมิติก็ถูกแก้ปัญหาคด้วย GLS ร่วมกับวิธีศึกษาสำนึก (heuristic) โดย Faroe, O. และคณะ [30]



สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

### บทที่ 3

#### การทดลอง

งานวิจัยนี้ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อแก้ปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ในสามมิติ โดยใช้การค้นเฉพาะที่ร่วมกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เพราะว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเหมาะสำหรับการแก้ปัญหาเชิงจัดหมู่ มีงานวิจัยที่ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแก้ปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์จำนวนมากแต่ส่วนใหญ่จะแก้ปัญหาในระดับ 1 มิติ และ 2 มิติ งานวิจัยนี้ได้ทดลองใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแก้ปัญหาใน 3 มิติ สาเหตุที่นำการค้นเฉพาะที่เข้ามาช่วยด้วยเนื่องจากมีหลายงานวิจัยใช้การค้นเฉพาะที่ช่วยในการปรับปรุงคุณภาพคำตอบที่ได้กล่าวไว้ในหัวข้อ 2.3.5 แต่เนื่องจากว่าการค้นเฉพาะที่มักจะต้องใช้ความรู้หรือคุณสมบัติของปัญหานั้น ๆ มาช่วยในการทำงานแต่ละงานวิจัยจึงใช้การค้นเฉพาะที่แตกต่างกันไป ในงานวิจัยนี้ได้เสนอการใช้การค้นเฉพาะที่ที่แตกต่างกัน 3 แบบ เนื่องจากการค้นเฉพาะที่แต่ละแบบมีข้อดีข้อเสียแตกต่างกันไป ดังจะได้นำเสนอต่อไป

การค้นเฉพาะที่แบบที่ 1 เป็นการค้นเฉพาะที่แบบแรกที่ได้ทดลอง ซึ่งจะสุ่มลำดับลำดับผลิตภัณฑ์สองชิ้น วิธีนี้เป็นการค้นเฉพาะที่แบบง่ายแต่ก็สามารถนำไปใช้กับปัญหาได้ทั่วไป โดยเฉพาะการจัดเรียงผลิตภัณฑ์ในหนึ่งตู้สินค้า การค้นเฉพาะที่อีกสองแบบที่เหลือจะไม่ก่อให้เกิดประโยชน์ใด ๆ เลย

การค้นเฉพาะที่แบบที่ 2 ได้แนวคิดจากงานวิจัยของ Alvim และ คณะ [25] แต่เนื่องจากการค้นเฉพาะที่ของ [25] เริ่มจากคำตอบเดียวและปรับปรุงไปเรื่อย ๆ จึงมีโอกาสสูงที่จะนำไปสู่คำตอบที่ดีที่สุดเฉพาะแห่ง(local optimum)แต่ไม่ใช่คำตอบที่ดีที่สุด เพื่อลดโอกาสที่จะเกิดคำตอบที่ดีที่สุดเฉพาะแห่งจึงได้ปรับใช้แนวคิดนี้กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม และเพื่อไม่ให้ใช้เวลาในการวัดคุณภาพมากเกินไปแทนที่จะลดจำนวนตู้สินค้าไปเรื่อย ๆ ก็ใช้การลดจำนวนตู้สินค้าเพียงใบเดียว ถ้าสามารถลดได้ก็จะใช้คำตอบใหม่ที่ได้จากการค้นเฉพาะที่ ซึ่งมีจำนวนตู้สินค้าน้อยกว่าคำตอบเดิมอยู่หนึ่งตู้สินค้า

การจัดเรียงผลิตภัณฑ์ใน 1 มิติและ 2 มิติ พบว่า การเรียงลำดับตามขนาดของผลิตภัณฑ์ก่อนจัดเรียงจะให้ผลการจัดเรียงที่ดีกว่าการจัดเรียงโดยไม่เรียงลำดับตามขนาดผลิตภัณฑ์ ตัวอย่างขั้นตอนวิธีแบบศึกษาสามัญ (hueristic) ที่ง่ายและให้ผลดี เช่น First Fit Decreasing (FFD) และ Best Fit Decreasing (BFD) ขั้นตอนวิธีทั้งสองนี้จะเริ่มจัดเรียงจากผลิตภัณฑ์ขนาดใหญ่ไปหาผลิตภัณฑ์ขนาดเล็ก ให้ผลลัพธ์ดีกว่า First Fit และ Best Fit ซึ่งไม่เรียงลำดับขนาดของผลิตภัณฑ์ก่อนจัดเรียง จึงมีแนวคิดว่าการนำชิ้นใหญ่มาวางเป็นชิ้นแรกน่าจะส่งผลดีต่อการจัดเรียง นำไปสู่การค้นเฉพาะที่



แบบที่ 3 ในระหว่างการจัดเรียงถ้าพบว่าตู้สินค้าเต็มหรือไม่สามารถวางผลิตภัณฑ์ชั้นที่สนใจอยู่เพิ่มเข้าไปได้ จะเขย่งตู้สินค้านั้นโดยการเลือกผลิตภัณฑ์ที่มีปริมาตรมากที่สุดออก แล้วจัดเรียงชั้นที่เหลือใหม่ และวางผลิตภัณฑ์ที่เคยวางไม่ได้เพิ่มเข้าไปรวมทั้งผลิตภัณฑ์ในลำดับถัดไปน่าจะเพิ่มเข้าไปได้ด้วย ผลิตภัณฑ์ชั้นใหญ่ที่เลือกออกมา จะถูกนำไปเป็นชั้นแรกของตู้สินค้าถัดไป

การเรียงลำดับของขนาดผลิตภัณฑ์ในหนึ่งมิติจะไม่มีข้อแตกต่างในแต่ละงานวิจัย แต่การเรียงลำดับของขนาดในสองมิติจะมีข้อแตกต่างกันอยู่บ้าง อาจจะจัดเรียงตามพื้นที่หรือจัดเรียงตามด้านใดด้านหนึ่งก่อนโดยไม่สนใจพื้นที่ว่าจะเรียงลำดับด้วยหรือไม่ ในงานวิจัยนี้จะเรียงลำดับตามปริมาตรของผลิตภัณฑ์

### 3.1 ลักษณะของปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ที่สนใจ

ปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ได้มาจากการสุ่มสร้างขึ้น โดยขั้นตอนวิธีซึ่งอธิบายไว้ในงานวิจัย [23] ซึ่งเป็นการรวบรวมขั้นตอนวิธีจาก 3 งานวิจัย และสามารถแบ่งย่อยได้เป็น 9 กลุ่มดังนี้

กลุ่มที่ 1 – 5 ตู้สินค้ามีขนาด  $W \times H \times D$  เท่ากับ  $100 \times 100 \times 100$  หน่วย

$w, h, d$  หมายถึง ความกว้าง ความสูง ความหนาของผลิตภัณฑ์ตามลำดับ

$W, H, D$  หมายถึง ความกว้าง ความสูง ความหนาของตู้สินค้าตามลำดับ

กลุ่ม 1:  $w \in [1, W/2], \quad h \in [2H/3, H], \quad d \in [2D/3, D]$

กลุ่ม 2:  $w \in [2W/3, W], \quad h \in [1, H/2], \quad d \in [2D/3, D]$

กลุ่ม 3:  $w \in [2W/3, W], \quad h \in [2H/3, H], \quad d \in [1, D/2]$

กลุ่ม 4:  $w \in [W/2, W], \quad h \in [H/2, H], \quad d \in [D/2, D]$

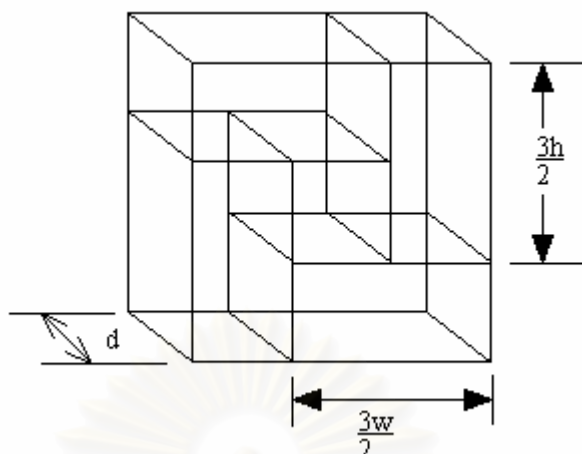
กลุ่ม 5:  $w \in [1, W/2], \quad h \in [1, H/2], \quad d \in [1, D/2]$

กลุ่ม 6:  $W=H=D=10; w, h, d \in [1, 10]$

กลุ่ม 7:  $W=H=D=40; w, h, d \in [1, 35]$

กลุ่ม 8:  $W=H=D=100; w, h, d \in [1, 100]$

กลุ่ม 9: ตัดแบ่งตู้สินค้าแบบไม่สมมาตรขนาด  $100 \times 100 \times 100$  ไปเรื่อย ๆ ดังรูปที่ 17



รูปที่ 17 การตัดแบ่งตู้สินค้าสำหรับปัญหากลุ่ม 9

รหัสเทียมของวิธีการตัดแบ่งตู้สินค้าในปัญหากลุ่มที่ 9 แสดงไว้ในรูปที่ 18 จะเห็นว่าอาศัยขั้นตอนวิธีแบบวนซ้ำ (recursive) ตัดแบ่งตู้สินค้าไปเรื่อย ๆ ปัญหาในกลุ่มที่ 9 เป็นปัญหายาก[23] เนื่องจากจะต้องจัดเรียงให้เต็ม แต่จะมีคำตอบที่แน่นอนคือ 3 ตู้สินค้า แต่ละ ตู้สินค้าถูกตัดแบ่งเป็นจำนวนชิ้นเท่า ๆ กัน

```

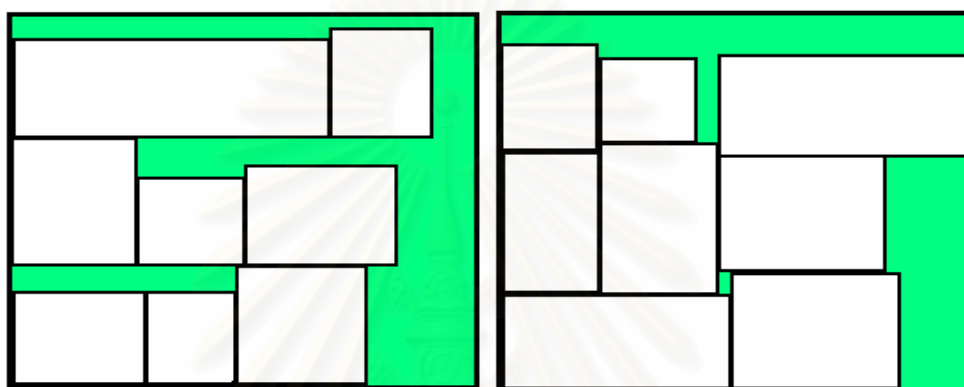
procedure CUT( $J, w, h, d$ )
begin
  if  $|J| = 1$  then generate an item with size ( $w, h, d$ );
  else
    if  $|J| = 5$  then generate a non-guillotine cutting pattern as shown in Figure 17;
    else
      begin
        comment : u.r. = uniformly random
        u.r. partition  $J$  into  $J_1$  and  $J_2$ ;
        u.r. execute one of the following three steps;
        1. generate  $w'$  u.r. in  $[1, w-1]$ ; call CUT ( $J_1, w', h, d$ ) call CUT( $J_2, w-w', h, d$ );
        2. generate  $h'$  u.r. in  $[1, h-1]$ ; call CUT ( $J_1, w, h', d$ ) call CUT( $J_2, w, h-h', d$ );
        3. generate  $d'$  u.r. in  $[1, d-1]$ ; call CUT ( $J_1, w', h, d'$ ) call CUT( $J_2, w, h, d-d'$ );
      end
    end
  end

```

รูปที่ 18 รหัสเทียมวิธีการตัดแบ่งตู้สินค้าในปัญหากลุ่มที่ 9

ในแต่ละกลุ่มจะทำการทดลองที่จำนวนชิ้นต่าง ๆ กัน ได้แก่ 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80 และ 90 ชิ้น แต่ละขนาดของปัญหามีข้อมูล 10 ชุดต่อกลุ่ม ดังนั้นปัญหาที่มีขนาด 10 ชิ้นจะมีข้อมูลทั้งหมด 90 ชุด รวมปัญหาทุกกลุ่มทุกขนาดจะมีทั้งหมด 1170 ปัญหา

การจัดเรียงผลิตภัณฑ์ที่ใช้ไม่เป็นกิโยติน (Non-guillotinable) ดังแสดงในรูปที่ 19 (ข) การจัดเรียงที่เป็นกิโยติน (Guillotinable) จะมีลักษณะดังรูปที่ 19 (ก) ซึ่งจะสามารถตัดแบ่งเป็น 2 ส่วนด้วยระนาบตรงได้โดยไม่ผ่านผลิตภัณฑ์ชิ้นใดเลย การจัดเรียงลักษณะนี้มีข้อดีคือจัดเรียงง่ายและรวดเร็ว แต่ข้อเสียคือไม่เหมาะกับผลิตภัณฑ์ที่มีขนาดแตกต่างกันมาก ๆ ซึ่งข้อมูลที่น่ามาใช้ทดลองจะมีขนาดแตกต่างกันมาก จึงเลือกที่จะจัดเรียงแบบไม่เป็นกิโยติน



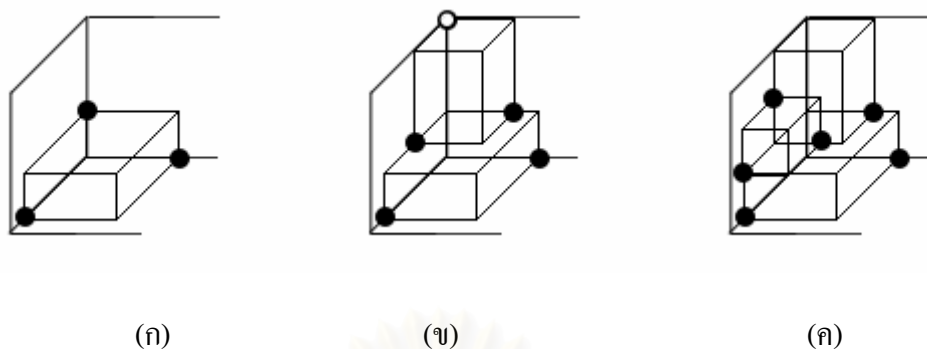
(ก) Guillotinable

(ข) Non-guillotinable

รูปที่ 19 การจัดเรียงแบบกิโยตินและแบบไม่เป็นกิโยติน

### 3.2 การจัดเรียงผลิตภัณฑ์เข้าสู่ตู้สินค้า

การจัดเรียงจะจัดเรียงตามลำดับที่ปรากฏในโครโมโซม โดยเริ่มวางจากจุดมุมที่อยู่ลึกสุดและต่ำสุดของตู้สินค้าดังรูปที่ 20 (ก) เมื่อวางผลิตภัณฑ์เพิ่มเข้าไป 1 ชิ้น จะมีมุมเพิ่มมาอีกโดยปกติ 3 มุม มุมที่มีอยู่เดิมลดลงไปหนึ่งมุมในตำแหน่งที่วาง จุดวงกลมสีดำเข้มจะเป็นจุดที่ใช้ในการพิจารณาวางกล่องถัดไป จุดที่อยู่ห่างจากผนังของตู้สินค้าน้อยกว่าขนาดของผลิตภัณฑ์ที่เล็กที่สุดจะไม่ถูกเก็บไว้พิจารณาเช่นจุดวงกลมไม่ทึบที่ปรากฏในรูปที่ 20 (ข) การจัดเรียงจะหาตำแหน่งที่สามารถวางกล่องได้ ถ้าเจอตำแหน่งที่สามารถวางได้ก็จะวางทันที และเริ่มหาตำแหน่งใหม่สำหรับชิ้นถัดไป ถ้าไม่สามารถบรรจุชิ้นต่อไปได้ จะนำไปบรรจุในตู้สินค้าใบถัดไปโดยไม่ย้อนกลับไปบรรจุตู้สินค้าเดิมอีก



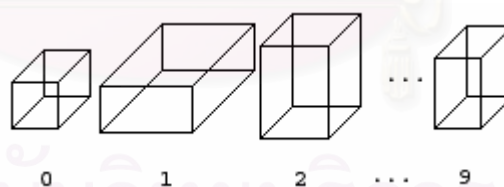
รูปที่ 20 การจัดเรียงผลิตภัณฑ์เข้าสู่สินค้า

### 3.3 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์

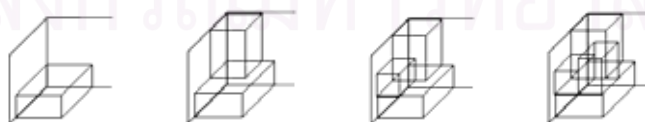
ในหัวข้อนี้จะอธิบายถึงรายละเอียดของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้ในงานวิจัยนี้

#### 3.2.1 โครโมโซมและการเข้ารหัส

คำตอบจะถูกแทนด้วยโครโมโซมซึ่งเป็นสายอักขระของตัวเลข ผลิตภัณฑ์แต่ละชิ้นจะมีหมายเลขประจำตัวแน่นอนไม่เปลี่ยนแปลง เช่น ปัญหาที่มีผลิตภัณฑ์จำนวน 10 ชิ้น คำตอบจะอยู่ในรูปสายอักขระตัวเลขดังตัวอย่างในรูปที่ 21



1	2	0	9	3	6	5	8	4	7
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---



รูปที่ 21 ตัวอย่างการเข้ารหัสและถอดรหัสคำตอบ

### 3.2.2 การสร้างประชากรเริ่มต้น

แต่ละโครโมโซมได้จากการกำหนดค่าให้แต่ละยีนในโครโมโซมมีหมายเลขเรียงลำดับจาก 0 ถึง  $n-1$  เมื่อผลิตภัณฑ์ที่มีจำนวน  $n$  ชิ้น จากนั้นสุ่มสลับตำแหน่งทุก ๆ ตำแหน่งผ่านตำแหน่ง 0-9 รหัสเทียมของการสร้างประชากรเริ่มต้นแสดงไว้ในรูปที่ 22

```

i = 0
For each gene in chromosome
    genei = i
    i = i + 1
End For
For each gene in chromosome
    swap genei with gene at random place between 0 to 9
End For

```

รูปที่ 22 รหัสเทียมของการสร้างประชากรเริ่มต้น

### 3.2.3 การวัดคุณภาพโครโมโซม

ฟังก์ชันสำหรับวัดคุณภาพของแต่ละโครโมโซมแบ่งออกเป็นสองส่วนคือส่วนที่คิดจากจำนวนผู้สินค้าที่ใช้และส่วนที่คิดจากความยาวของการบรรจุในผู้สินค้าใบสุดท้าย โดยจะให้ความสำคัญกับจำนวนผู้สินค้ามากกว่าดังสมการ

$$f = \left( 0.9 \times \frac{C}{NumBin} \right) + \left( 0.1 \times \frac{1}{1 + L/L_0} \right) \dots \dots \dots (1)$$

$C$  = ค่าคงที่ค่าหนึ่งที่มีค่ามากพอให้มั่นใจได้ว่าพจน์แรกมีค่ามากกว่าพจน์ที่สอง

$NumBin$  = จำนวนผู้สินค้าที่ใช้ในการบรรจุตามลำดับในโครโมโซม

$L_0$  = ความยาวของผู้สินค้า

$L$  = ความยาวการบรรจุในผู้สินค้าใบสุดท้าย

ในการทดลองใช้ค่าคงที่  $C$  เท่ากับ 12

### 3.2.4 การไขว้เปลี่ยน

การไขว้เปลี่ยนที่ใช้เป็นแบบ Partially Matched Crossover (PMX) ดังที่ได้อธิบายไว้ภายใต้หัวข้อ 2.2.2 การไขว้เปลี่ยนสำหรับปัญหาเชิงจัดหมู่

### 3.2.5 การกลายพันธุ์

การกลายพันธุ์ที่ใช้เป็นแบบสุ่มสลับตำแหน่งของสองหมายเลข ตามที่ได้อธิบายไว้ภายใต้หัวข้อ 2.2.3 การไขว้เปลี่ยนสำหรับปัญหาเชิงจัดหมู่

### 3.4 การค้นหาเฉพาะที่ (Local Search)

กำหนดให้ NumBin เป็นจำนวนตู้สินค้าที่ใช้ในการจัดเรียงตามโครโมโซมหนึ่งตัว และ  $L$  เป็นความยาวของการบรรจุในตู้สินค้าใบสุดท้าย กระบวนการวัดคุณภาพของโครโมโซมแต่ละตัวจะคิดจากสมการ (1)

การค้นหาเฉพาะที่ที่ได้ทดลองมีทั้งหมด 3 แบบ โดยจะทำการค้นหาเฉพาะที่ในช่วงการวัดคุณภาพของคำตอบ ถ้าพบว่าคำตอบที่ได้จากการค้นหาเฉพาะที่มีคุณภาพดีกว่าก็จะนำไปแทนที่คำตอบเดิม

#### 3.4.1 สุ่มสลับตำแหน่งของสองหมายเลขจำนวน 5 ครั้ง

จะทำให้ได้คำตอบเพิ่มมา 5 คำตอบเลือกคำตอบที่ให้ค่าความแข็งแรงมากที่สุดไว้เพียงตัวเดียว ตัวอย่างการค้นหาที่แบบนี้แสดงไว้ในรูปที่ 23

	1	2	0	9	3	6	8	5	4	7	โครโมโซมเดิม
ค่าที่สุ่มได้	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
1,3	1	9	0	2	3	6	8	5	4	7	โครโมโซมใหม่
2,5	1	2	6	9	3	0	8	5	4	7	
3,8	1	2	0	4	3	6	8	5	9	7	
2,9	1	2	7	9	3	6	8	5	4	0	
6,7	1	2	0	9	3	6	5	8	4	7	

รูปที่ 23 แสดงวิธีการค้นหาเฉพาะที่จากหนึ่งคำตอบ

```

procedure LocalSearch1
  find NumBin and L from pack procedure
  find NumBin2 and L2 from Localsearch1
  if ( NumBin > NumBin2 )
    begin
      NumBin  $\leftarrow$  NumBin2
      L  $\leftarrow$  L2
      replace old chromosome with new chromosome from LS1
    end
  calculate objective value from equation (1)
end LocalSearch1

```

```

procedure LS1
  for ( i = 1 to 5 )
    begin
      random two number a and b
      swap gnome at a and b
      evaluate swapped gnome
      keep a and b which give larger fitness
      swap gnome at a and b back to origin
    end
  create new chromosome by swap gnome at a and b
end LS1

```

รูปที่ 24 รหัสเทียมของการวัดคุณภาพพร้อมกับการค้นเฉพาะที่แบบที่ 1

### 3.4.2 การกระจายตู้สินค้าที่มีปริมาตรบรรจุน้อยที่สุด

หลังจากที่บรรจุผลิตภัณฑ์เสร็จแล้วจะทำการแยกผลิตภัณฑ์จากตู้สินค้าที่มีปริมาตรรวม น้อยที่สุด นำไปบรรจุเพิ่มในตู้สินค้าใบอื่น ๆ ถ้าสามารถบรรจุผลิตภัณฑ์จากตู้สินค้านั้นได้ทั้งหมด จะได้คำตอบใหม่ที่ใช้จำนวนตู้สินค้าลดลงหนึ่งตู้สินค้า และแทนที่ลำดับการบรรจุเดิมด้วยลำดับ การบรรจุใหม่ ตัวอย่างเช่น สมมติการแบ่งจำนวนตู้สินค้าแบ่งได้ดังนี้

1	2	0	9	3	6	5	8	4	7
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

จากโครโมโซมแสดงการจัดเรียงได้ 4 ตู้สินค้า สมมติว่าตู้สินค้าสุดท้ายมีปริมาตรรวมของ ผลิตภัณฑ์น้อยที่สุด ดังนั้นจะตัดตู้สินค้าใบสุดท้ายออกและนำผลิตภัณฑ์จากตู้สินค้าใบสุดท้ายคือ ผลิตภัณฑ์หมายเลข 4 และ 7 ไปไว้ที่ตู้สินค้าอื่น ๆ ที่ยังพอมีที่ว่าง ถ้าไม่สามารถมารวบรวมได้ก็จะคง คำตอบไว้เช่นเดิม แต่สมมติว่าสามารถนำผลิตภัณฑ์หมายเลข 4 และ 7 ไปวางไว้ที่ตู้สินค้าใบที่ 2 และ 1 ได้ตามลำดับจะทำให้ได้ลำดับการจัดเรียงใหม่เป็นดังนี้



1	2	0	7	9	3	4	6	5	8
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

รหัสเทียมของการค้นเฉพาะที่แบบนี้แสดงได้ดังนี้

```

procedure LocalSearch2
  find NumBin and L from pack procedure
  find NumBin2 and L2 from LS2 procedure
  if ( NumBin > NumBin2 ) then
    begin
      create tmpChromosome
      recalculate NumBin2 and L of tmpChromosome2 from pack procedure
      if ( NumBin > NumBin2 ) then
        begin
          NumBin ← NumBin2
          L ← L2
          replace old chromosome with new chromosome from LS2
        end
      end
    end
    calculate objective value from equation (1)
  end LocalSearch2

```

```

procedure LS2
  find minimum filled bin
  for each box in min volume container
    begin
      pack each box by First Fit to other container
    end
  if all box can packed then
    create new chromosome
  else
    use old chromosome
  end
end LS2

```

รูปที่ 25 รหัสเทียมของการวัดคุณภาพร่วมกับการค้นเฉพาะที่แบบที่ 2

ในการทดลองพบว่า แม้บางครั้งจะสามารถลดจำนวนตู้สินค้าลงได้ แต่โครโมโซมใหม่ที่ได้ไม่สามารถจัดเรียงให้ได้จำนวนตู้สินค้าที่ลดลงจากเดิมเนื่องจากการแปลความหมายจากโครโมโซม ดังที่ได้กล่าวมาแล้วว่าการจัดเรียงผลิตภัณฑ์จะจัดเรียงเริ่มจากชั้นแรกไปจนชั้นสุดท้ายตามที่ปรากฏในโครโมโซม เมื่อใดก็ตามที่ไม่สามารถจัดเรียงชั้นใด ๆ เพิ่มเข้าไปในตู้สินค้าปัจจุบันได้ จะนำไปวางในตู้สินค้าใหม่ทันที และไม่สนใจที่จะบรรจุเพิ่มเข้าไปในตู้สินค้าเก่าอีกต่อไป จะขอยกตัวอย่างกรณีที่เกิดขึ้น เช่น สมมติเดิมมีการจัดเรียงได้เป็นดังนี้

1	2	0	9	3	6	5	8	4	7
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

แต่ถ้าสมมติให้ตู้สินค้าใบที่ 2 มีปริมาตรรวมน้อยที่สุดทำให้ต้องกระจายผลิตภัณฑ์หมายเลข 9 และ 3 ไปยังตู้สินค้าใบอื่น ๆ และจากการทดสอบพบว่าสามารถวางผลิตภัณฑ์หมายเลข 3 และ 9 เพิ่มให้กับตู้สินค้าใบที่หนึ่งและสามตามลำดับได้ ดังนั้นการจัดเรียงใหม่ที่ต้องการจึงควรจะเป็นดังนี้

1	2	0	3	6	5	8	9	4	7
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

แต่ถ้าหากว่าผลิตภัณฑ์หมายเลข 3 อาจจะเป็นผลิตภัณฑ์ชิ้นเล็กส่วนหมายเลข 9 อาจจะเป็นชิ้นใหญ่ทำให้ผลิตภัณฑ์หมายเลข 6 สามารถเปลี่ยนมาวางเพิ่มเข้าไปในตู้สินค้าใบที่หนึ่งได้ แต่กรณีไม่ใช่ข้อดีเนื่องจากลำดับการวางมีผลต่อความสามารถในการวางได้หรือไม่ได้ของผลิตภัณฑ์บางชิ้นอย่างมาก กล่าวคือการวางผลิตภัณฑ์เริ่มจากหมายเลข 6 ตามด้วย 5 8 และ 9 ตามลำดับอาจสามารถทำได้ แต่กรณีที่เริ่มจาก 5 แล้วตามด้วย 8 และ 9 อาจเป็นไปได้ว่าไม่สามารถวางผลิตภัณฑ์หมายเลข 9 เพิ่มเข้าไปหลังจากหมายเลข 5 และ 8 ได้ ทำให้ตู้สินค้าใบที่สองบรรจุได้เพียงหมายเลข 5 และ 8 ส่วนหมายเลข 9 ถูกบรรจุเข้าตู้สินค้าใบที่ 3 เป็นชิ้นแรกแทน ในที่นี้ผลิตภัณฑ์หมายเลข 9 เป็นผลิตภัณฑ์ชิ้นใหญ่จึงบรรจุผลิตภัณฑ์หมายเลข 4 เพิ่มมาได้เพียงชิ้นเดียว ทำให้ผลิตภัณฑ์หมายเลข 7 ยังต้องวางในตู้สินค้าใบใหม่รวมเป็นทั้งหมด 4 ตู้สินค้าซึ่งเท่ากับกับก่อนที่จะเพิ่มการค้นเฉพาะที่ แสดงผลการบรรจุได้เป็นดังนี้

1	2	0	3	6	5	8	9	4	7
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

ถ้าเป็นเช่นนี้จะไม่เปลี่ยนแปลงคำตอบไปเป็นคำตอบใหม่ แต่จะยังคงใช้โครโมโซมตัวเก่าอยู่เช่นเดิม กรณีเช่นนี้จะไม่เกิดขึ้นถ้าหากว่าใช้วิธีการเข้ารหัสแบบอื่น ซึ่งอาจมีความยาวของโครโมโซมเพิ่มขึ้น โดยอาจจะเพิ่มตัวแบ่งโครโมโซมว่าตำแหน่งไหนใช้เป็นจุดเริ่มสำหรับตู้สินค้าใบใหม่ การทำเช่นนี้จะส่งผลต่อกระบวนการอื่น ๆ อีกและจะต้องเสียเวลาในการปรับปรุงมากจึงยังไม่ได้ใช้ในงานวิจัยนี้ อย่างไรก็ตาม ได้ลองวัดปริมาณการเกิดกรณีเช่นนี้แล้วพบว่าปรากฏน้อย เมื่อเทียบกับจำนวนของการค้นเฉพาะที่ทั้งหมด โดยส่วนใหญ่จะมีไม่ถึง 10 เปอร์เซ็นต์และจะเกิดเมื่อมีผลิตภัณฑ์จำนวนมาก และไม่ปรากฏเมื่อผลิตภัณฑ์มีไม่มากนัก

### 3.4.3 การเลือกชิ้นขนาดใหญ่ออกแล้วบรรจุลำดับถัดไปเข้าแทนที่

หลังจากบรรจุแต่ละตู้สินค้าเต็ม จะเลือกชิ้นที่มีปริมาตรใหญ่ที่สุดออกจากตู้สินค้าจากนั้นบรรจุผลิตภัณฑ์ในลำดับถัด ๆ ไปเพิ่มเข้ามาแทน และนำชิ้นใหญ่ที่เลือกออกไปบรรจุเป็นชิ้นแรกของตู้สินค้าใบถัดไป ผลที่ได้นำมาเปรียบเทียบกับกรบรรจุแบบปกติ ถ้าพบว่าสามารถลดจำนวนตู้สินค้าได้จึงจะเปลี่ยนโครโมโซมเดิมเป็นโครโมโซมที่ได้จากการค้นเฉพาะที่ สมมติเดิมลักษณะการบรรจุจะเป็นดังนี้

1	2	0	9	3	6	5	8	4	7
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

กระบวนการบรรจุใหม่จะเริ่มตั้งแต่ตู้สินค้าใบแรกโดยค้นหาและเลือกชิ้นที่ใหญ่ที่สุดของตู้สินค้าออกตัวอย่าง สมมติว่าผลิตภัณฑ์หมายเลข 2 มีขนาดใหญ่ที่สุดในตู้สินค้าใบแรก หลังจากเลือกหมายเลข 2 ออกแล้วจะบรรจุผลิตภัณฑ์ในลำดับถัดไปเพิ่มเข้ามาตามลำดับ นั่นคือผลิตภัณฑ์หมายเลข 9 จะถูกบรรจุเพิ่มตามด้วยหมายเลข 3 และถ้าไม่สามารถบรรจุเพิ่มเข้าไปได้อีก ตู้สินค้าจะถูกปิดและไม่กลับไปบรรจุเพิ่มกล่าวคือ สมมติว่าสามารถบรรจุเพิ่มได้แค่นี้ ไม่สามารถบรรจุหมายเลข 6 เพิ่มเข้าไปอีกได้ จะได้กรบรรจุตู้สินค้าหนึ่งใบทางฝั่งซ้ายและส่วนที่ยังไม่บรรจุอยู่ทางฝั่งขวาดังนี้

1	0	9	3	2	6	5	8	4	7
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

จากนั้นจะเริ่มบรรจุตู้สินค้าใบที่สองด้วยผลิตภัณฑ์ที่ถูกเลือกออกจากตู้สินค้าใบแรกคือหมายเลข 2 แล้วค่อยบรรจุหมายเลขอื่น ๆ ตามลำดับที่ปรากฏในโครโมโซมคือ ผลิตภัณฑ์หมายเลข 6 และ 5 แต่ไม่สามารถบรรจุหมายเลข 8 เพิ่มได้อีกดังนี้

1	0	9	3	2	6	5	8	4	7
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

ดังนั้นจะเลือกชิ้นที่ใหญ่ที่สุดออกซึ่งอาจจะเป็นหมายเลขอื่นหรือหมายเลขเดิมที่เคยเลือกออกแล้วก็ได้ สมมติว่าชิ้นที่ 2 ยังคงเป็นชิ้นที่ใหญ่ที่สุดดังนั้นจึงยังคงเลือกหมายเลข 2 ออกจากตู้สินค้าใบที่สอง

				2					
1	0	9	3	6	5	8	4	7	

แต่ถ้าเกิดเหตุการณ์ที่ไม่สามารถแทนที่ได้ เช่น สมมติว่าผลิตภัณฑ์หมายเลขถัดไปคือ หมายเลข 8 มีขนาดใหญ่เกินไป ไม่สามารถบรรจุเพิ่มให้ผู้สินค้าใบที่ 2 ได้ ในกรณีนี้จะวางชั้นที่ 2 ไว้เหมือนเดิมจึงได้ผลลัพธ์ดังนี้

1	0	9	3	2	6	5	8	4	7
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

จากนั้นจึงค่อยวางผลิตภัณฑ์ลำดับถัด ๆ ไป ซึ่งจะสามารถบรรจุผลิตภัณฑ์ที่เหลือทั้งหมด ในตู้สินค้าใบที่สามได้ผลลัพธ์สุดท้ายดังนี้

1	0	9	3	2	6	5	8	4	7
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

รหัสเทียมของการค้นเฉพาะที่แบบนี้แสดงได้ดังนี้

```

procedure LocalSearch3
  find NumBin and L from pack procedure
  calculate objective value from NumBin and L
  if (NumBin > NumBin2)
    begin
      NumBin ← NumBin2
      L ← L2
      replace old chromosome with new chromosome from LS3
    end
  calculate objective value from equation (1)
end LocalSearch3
  
```

```

procedure LS3
  while remain unpacked box
    begin
      pack current container until can't pack one box
      move largest box of current container to next container
      pack remain box add on current container until can't pack one box
      use next container as current container
    end
end LS3
  
```

รูปที่ 26 รหัสเทียมของการวัดคุณภาพร่วมกับการค้นเฉพาะที่แบบที่ 3

จากการค้นเฉพาะที่แบบนี้บางครั้งก็ไม่สามารถรับประกันได้ว่าการเลือกชิ้นที่ใหญ่ที่สุดออกมาจะสามารถแทนที่ด้วยชิ้นเล็ก ๆ หลายชิ้นแล้วจะมีปริมาตรบรรจุใหม่ที่ดีกว่า ซึ่งบางครั้งก็พบว่าไม่สามารถบรรจุได้มากเท่าของเดิม อย่างไรก็ตามก็ไม่สามารถคาดเดาได้ว่าการบรรจุได้น้อยลงในหนึ่งตู้สินค้าจะทำให้ผลลัพธ์สุดท้ายได้จำนวนตู้สินค้าลดลงหรือเพิ่มขึ้น จึงไม่ได้ตรวจสอบว่า

การบรรจุเพิ่มหลังจากเลือกออกจะต้องมีปริมาณมากกว่าเดิม แต่จะตรวจสอบเฉพาะกรณีที่ไม่สามารถแทนที่ได้เท่านั้นดังจะเห็นในตัวอย่าง ซึ่งแตกต่างจากวิธีที่สองที่นำเสนอก่อนหน้านี้จะเห็นว่ามีความมั่นใจมากกว่าว่าสามารถลดจำนวนผู้สืบค่าได้ ถึงจะไม่สามารถลดได้ทั้งหมด แต่ผลลัพธ์เกือบทั้งหมดก็ไม่เพิ่มจำนวนผู้สืบค่า แต่ในวิธีสุดท้ายนี้สามารถจะเพิ่มจำนวนผู้สืบค่าขึ้นได้ วิธีสุดท้ายนี้จะพบว่ากรณีที่ไม่เพิ่มจำนวนผู้สืบค่ามีอยู่ประมาณครึ่งต่อครึ่งกับกรณีที่ผลลัพธ์เลวลง อย่างไรก็ตามถ้าไม่สามารถลดจำนวนผู้สืบค่าลงได้ก็จะยังยึดถือคำตอบเดิมไม่เปลี่ยนคำตอบ จากคุณสมบัติที่พบเหล่านี้นำไปสู่ผลเปรียบเทียบที่สมเหตุสมผลคังผลการทดลองที่จะได้แสดงต่อไป

การค้นเฉพาะที่แบบที่ 3 เสมือนกับการจัดเรียงอีกรอบตั้งนั้นเวลาในการจัดเรียงจะพอ ๆ กับการจัดเรียงปกติ 2 ครั้ง แต่อย่างน้อยก็ว่าการค้นเฉพาะที่แบบแรกที่ต้องจัดเรียงจากคำตอบเดิม 1 ครั้ง และจากการค้นเฉพาะที่อีก 5 ครั้ง เวลาที่ใช้จึงมากเสมือนกับการจัดเรียงปกติถึง 6 ครั้ง ส่วนการค้นเฉพาะที่แบบที่ 2 มีแนวโน้มในการหาคำตอบที่ดีกว่าโดยไม่ต้องจัดเรียงใหม่ทั้งหมดทำให้ได้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าในเวลาเร็วกว่าด้วย

### 3.5 การเก็บรวบรวมข้อมูล

ผลการทดลองของ [23] ได้จากการนำ source code มาจาก

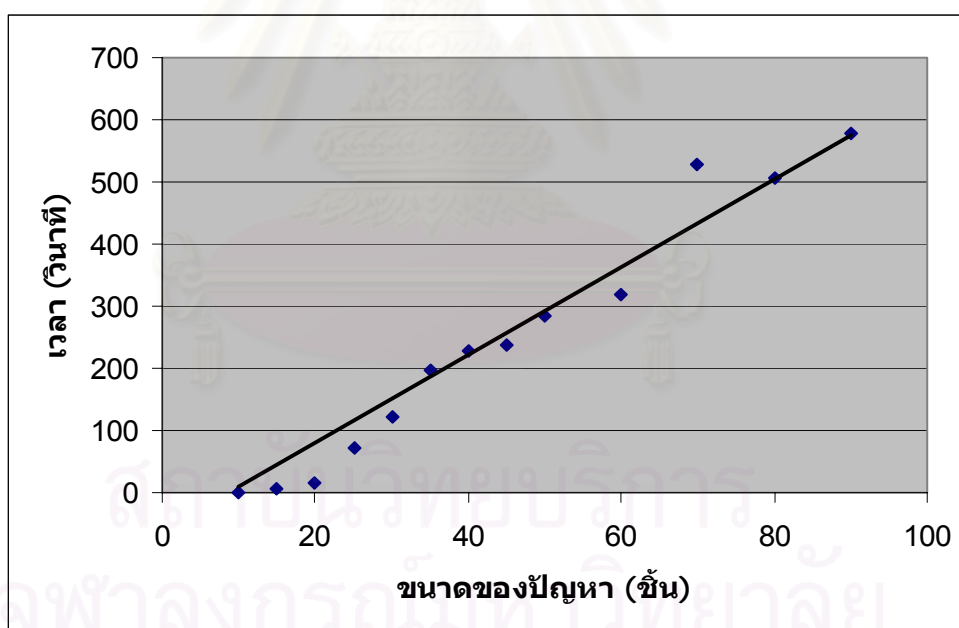
<http://www.diku.dk/~pisinger/codes.html>

คอมไพล์และรันการทดลองใหม่ภายใต้สภาวะการทดลองเดียวกันกับ โปรแกรมที่เขียนขึ้น โปรแกรมทำงานในระบบปฏิบัติการ Linux RedHat 9.0 หน่วยประมวลผลกลาง (CPU) Pentium III 1 GHz หน่วยความจำหลัก 256 Mbytes เนื่องจากผลการรันแต่ละครั้งของโปรแกรม 3DBPP สำหรับข้อมูลชุดเดิมจะได้ผลเหมือนเดิม ดังนั้นจึงรันโปรแกรมนี้สำหรับข้อมูลแต่ละชุดเพียงครั้งเดียว แต่จะใช้ข้อมูล 10 ชุดสำหรับปัญหาในแต่ละกลุ่มแต่ละขนาด ดังที่กล่าวมาข้างต้นว่าปัญหาแบ่งเป็น 9 กลุ่ม แต่ละกลุ่มแบ่งตามขนาดของปัญหาเป็น 13 ขนาด แต่สำหรับขั้นตอนวิธีที่เสนอในที่นี้เป็นขั้นตอนวิธีเชิงสุ่ม การรันแต่ละครั้งให้การทดลองไม่เหมือนกัน จึงใช้วิธีการรัน 5 ครั้ง สำหรับปัญหาแต่ละชุด ถ้าสามารถหาคำตอบได้ภายใน 5 รันจะถือว่าสามารถหาคำตอบสำหรับปัญหานั้นได้

การเปรียบเทียบผลการรันจะเปรียบเทียบผลทางด้านเวลาและปริมาณปัญหาที่สามารถหาคำตอบได้ การหาคำตอบได้ในที่นี้หมายถึงสามารถหาวิธีการจัดเรียงที่ใช้จำนวนผู้สืบค่าน้อยที่สุดได้ การหาคำตอบไม่ได้ในที่นี้ไม่ได้หมายถึงจะใช้อะไรไม่ได้เลย แต่คำตอบที่หาได้จะใช้จำนวนผู้สืบค่ามากกว่าจำนวนผู้สืบค่าน้อยที่สุดที่เป็นไปได้เพียงเล็กน้อย และเนื่องจากงานวิจัยที่นำมาเปรียบเทียบด้วยใช้เวลาในการรันนานมาก โดยเฉพาะเมื่อปัญหามีขนาดใหญ่ขึ้นจะใช้นานขึ้น

อย่างมาก จึงจำกัดเวลาที่ใช้ในการแก้ปัญหาของแต่ละปัญหาอยู่ที่ 3000 วินาที ถ้าสามารถหาคำตอบได้ภายใน 3000 วินาทีจะถือว่าสามารถแก้ปัญหาได้ เนื่องมาจากในรายงานวิจัยของ 3DBPP เดิม กำหนดเวลาไว้ที่ 1000 วินาที [23] จึงทดลองใช้ที่ 3000 วินาที และดูผลลัพธ์จากจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ว่าเพิ่มมากขึ้นจากของเดิมที่จำกัดอยู่เพียง 1000 วินาที ผลลัพธ์ที่ได้จากการทดลองใหม่ ภายในเวลา 3000 วินาที แสดงในตารางที่ 2 ในบทถัดไป

สำหรับเวลาการทำงานของ GA + Local Search ที่กำหนดโดยจำนวนรุ่นมากที่สุดเท่ากับ 200 และใช้จำนวน 5 รุ่น ได้จากการพิจารณาผลการทดลองพบว่าในกรณีที่ไม่พบคำตอบจะทำงานจนถึงรุ่นสุดท้าย เมื่อนำเวลาที่นานที่สุดของแต่ละกลุ่มมาเฉลี่ยกันตามขนาดและวาดกราฟได้ความสัมพันธ์ดังรูปที่ 27 พบว่ามีรูปแบบเป็นเส้นตรง ขนาด 90 ขึ้นใช้เวลาที่นานที่สุดเฉลี่ยไม่ถึง 600 วินาที การกำหนดให้ใช้ 5 รุ่นจึงเปรียบได้กับการใช้เวลามากที่สุดอยู่ที่ 3000 วินาที (600x5) ในที่นี้แสดงให้เห็นเฉพาะกลุ่มของ GA + Local Search 1 ซึ่งเป็นการสุ่มลำดับลำดับจำนวน 5 ครั้ง และใช้เวลาที่นานที่สุดแล้ว ส่วน GA และ GA + Local Search แบบอื่น ๆ จะเร็วกว่านี้



รูปที่ 27 เวลาการทำงานนานที่สุดในหนึ่งรอบการทำงานของ GA + Local Search 1

เวลาที่ใช้ในการแก้ปัญหาซึ่งนำเสนอในตารางเปรียบเทียบในบทต่อไปจะคิดเวลาเฉลี่ยของปัญหาที่สามารถหาคำตอบได้



## บทที่ 4

### ผลการทดลอง

ผลการทดลองที่จะนำเสนอมีวัตถุประสงค์ที่จะเปรียบเทียบอยู่ 2 ประการคือ เปรียบเทียบจำนวนปัญหาที่สามารถหาคำตอบได้และเปรียบเทียบเวลาที่ใช้ในการหาคำตอบ วัตถุประสงค์หลักจะอยู่ที่ปริมาณคำตอบที่หาเจอ แต่อย่างไรก็ดีการหาคำตอบโดยใช้ระยะเวลาที่นานเกินไป ก็ไม่สามารถที่จะนำไปใช้งานได้จริง การเลือกใช้ขั้นตอนวิธีให้เหมาะกับปัญหาก็มีผลต่อประสิทธิภาพโดยรวม

คำตอบของปัญหาจะอยู่ในรูปการเรียงสับเปลี่ยนของหมายเลข ถ้ามีผลิตภัณฑ์  $n$  ชิ้นจะมีคำตอบที่เป็นไปได้ทั้งหมด  $n!$  ได้ประมาณค่าการหาคำตอบแต่ละคำตอบโดยทดลองหาจากจำนวนโนดและเวลาที่ใช้จริง นำเวลาที่ใช้มาหารด้วยจำนวนโนด พิจารณาจาก 5 กลุ่มที่ขนาด 30 ชิ้น ได้เวลาที่ใช้โดยประมาณของแต่ละโนดมีค่า 0.000125 วินาที นำมาประมาณเวลาที่ใช้จริงของการหาคำตอบด้วยวิธีการค้นทุกแบบได้ผลดังตารางที่ 1

ตารางที่ 1 เวลาในการหาคำตอบโดยประมาณของวิธีการค้นทุกแบบที่เป็นไปได้

ขนาดปัญหา ( $n$ )	จำนวนคำตอบทั้งหมด ( $n!$ )	เวลา (วินาที)	เวลา
10	3628800	453.60	7.56 นาที
15	1.3076E+12	1.63E+08	1891.89 วัน
20	2.4329E+18	3.04E+14	9777287.5 ปี
25	1.55112E+25	1.94E+21	6.234E+13 ปี
30	2.65253E+32	3.32E+28	1.066E+21 ปี
35	1.03331E+40	1.29E+36	4.153E+28 ปี
40	8.15915E+47	1.02E+44	3.279E+36 ปี
45	1.19622E+56	1.50E+52	4.807E+44 ปี
50	3.04141E+64	3.80E+60	1.222E+53 ปี
60	8.32099E+81	1.04E+78	3.344E+70 ปี
70	1.1979E+100	1.50E+96	4.814E+88 ปี
80	7.1569E+118	8.95E+114	2.88E+107 ปี
90	1.4857E+138	1.86E+134	5.97E+126 ปี



#### 4.1 ตารางเปรียบเทียบจำนวนปัญหาที่สามารถหาคำตอบได้

การเปรียบเทียบจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ภายในระยะเวลาที่กำหนดแสดงถึงความสามารถในการหาคำตอบหรือโอกาสที่จะเจอคำตอบ สามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการเลือกขั้นตอนวิธีเพื่อนำไปใช้งาน โดยถือว่าขั้นตอนวิธีใดที่เจอคำตอบเหมาะสมที่สุดมากกว่าจะช่วยลดต้นทุนหรือจำนวนผู้สินค้าได้มากกว่าด้วย

ตารางเปรียบเทียบจำนวนปัญหาที่สามารถหาคำตอบได้มีทั้งหมด 5 ตาราง ข้อมูลในตารางที่ 2 ได้จากขั้นตอนวิธี 3DBPP [23] ข้อมูลที่ได้จากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (GA) แสดงในตารางที่ 3 และที่เหลือจะเป็นข้อมูลที่ได้จากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นเฉพาะที่ (GA + Local Search) ช่องที่มีเครื่องหมาย – ในตารางแสดงว่าไม่สามารถหาคำตอบเหมาะสมที่สุดจากจำนวนปัญหาทั้งหมด 10 ปัญหาได้ ข้อมูลทั้งหมดในตารางทดลองจาก 1170 ปัญหา แบ่งได้เป็น 9 กลุ่มดังรายละเอียดในหัวข้อ 3.1 แต่ละกลุ่มมีจำนวนปัญหา 130 ปัญหาเท่ากัน ในจำนวน 130 ปัญหายังแบ่งตามขนาดของปัญหาได้ 13 ขนาด ได้แก่ 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80 และ 90 ชั้น ดังนั้นในแต่ละขนาดของปัญหาจะมีปัญหาทั้งหมด 90 ปัญหา ซึ่งแบ่งเป็นกลุ่มละ 10 ปัญหา

ตารางที่ 2 จำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ด้วยวิธี 3DBPP

ชั้น	กลุ่ม									รวม
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
10	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
15	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
20	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
25	10	10	10	10	10	10	9	10	10	89
30	10	10	10	10	10	10	8	10	10	88
35	10	10	10	10	6	10	6	7	10	79
40	10	9	8	10	6	10	2	10	8	73
45	10	7	4	10	9	10	1	8	1	60
50	7	4	8	10	3	10	3	6	-	51
60	1	2	1	9	1	10	-	6	-	30
70	-	1	-	6	3	7	2	5	-	24
80	-	-	1	4	-	5	-	4	-	14
90	-	-	-	2	-	7	-	2	-	11
รวม	88	83	82	111	78	119	61	98	69	789

ตารางที่ 3 จำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพียงอย่างเดียว

ชั้น	กลุ่ม									รวม
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
10	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
15	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
20	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
25	10	7	10	10	10	9	9	9	8	82
30	10	10	8	10	9	8	9	10	1	75
35	5	7	7	10	10	5	7	9	-	60
40	3	5	5	10	9	3	10	4	2	51
45	4	7	7	10	9	-	10	3	9	59
50	4	3	4	10	7	-	7	4	10	49
60	2	2	-	10	10	-	9	4	9	46
70	1	2	2	10	7	-	7	4	9	42
80	-	2	-	10	8	-	4	1	9	34
90	-	-	-	9	8	-	3	-	9	29
รวม	69	75	73	129	117	55	105	78	96	797

ตารางที่ 4 จำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นเฉพาะที่ 1

ชั้น	กลุ่ม									รวม
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
10	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
15	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
20	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
25	10	8	10	10	10	10	10	9	7	84
30	10	10	8	10	9	9	10	10	-	76
35	7	7	7	10	10	5	8	10	-	64
40	3	6	8	10	10	4	10	6	2	59
45	7	9	7	10	9	4	10	4	9	69
50	4	5	4	10	9	-	8	5	10	55
60	3	4	4	10	10	1	9	4	9	54
70	3	2	-	10	7	-	8	4	9	43
80	-	2	-	10	9	-	7	4	9	41
90	-	-	-	9	9	-	5	-	9	32
รวม	77	83	78	129	122	63	115	86	94	847

ตารางที่ 5 จำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นเฉพาะที่ 2

ชั้น	กลุ่ม									รวม
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
10	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
15	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
20	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
25	10	9	10	10	10	10	10	10	10	89
30	10	10	10	10	10	10	10	10	-	80
35	8	7	9	10	10	9	9	10	10	82
40	7	7	9	10	10	9	10	7	9	78
45	7	10	8	10	10	8	10	6	9	78
50	4	6	5	10	10	6	10	9	10	70
60	8	8	8	10	10	4	9	8	9	74
70	7	5	6	10	10	2	9	5	9	63
80	5	7	7	10	10	1	10	5	9	64
90	6	5	3	10	10	3	10	6	9	62
รวม	102	104	105	130	130	92	127	106	114	1010

ตารางที่ 6 จำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นเฉพาะที่ 3

ชั้น	กลุ่ม									รวม
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
10	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
15	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
20	10	10	10	10	10	10	10	10	10	90
25	10	9	10	10	10	10	9	10	6	84
30	10	10	9	10	10	8	9	10	-	76
35	8	7	8	10	10	5	7	8	-	63
40	4	7	8	10	10	5	10	5	2	61
45	5	8	7	10	9	2	10	5	9	65
50	4	5	5	10	8	-	9	6	10	57
60	5	4	3	10	10	2	9	4	9	56
70	5	5	2	10	8	-	8	4	9	51
80	1	2	4	10	10	-	7	5	9	48
90	-	2	-	10	10	-	6	2	9	39
รวม	82	89	86	130	125	62	114	89	93	870

จากทั้ง 5 ตารางแสดงให้เห็นว่าในกลุ่มปัญหาขนาดเล็กไม่เกิน 20 ชิ้น ทุกขั้นตอนวิธีสามารถหาคำตอบได้ทั้งหมด เมื่อปัญหามีขนาดโตมากขึ้นจำนวนปัญหาที่หาคำตอบเหมาะสมที่สุดได้จะลดลง และเมื่อปัญหามีจำนวนชิ้นตั้งแต่ 60 ชิ้นขึ้นไป ผลรวมจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ในแต่ละขนาดของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะมากกว่า 3DBPP แต่ถ้าใช้การค้นเฉพาะที่ร่วมกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะพบว่าผลรวมของจำนวนปัญหาที่หาคำตอบเหมาะสมที่สุดได้จะเริ่มมากกว่าของ 3DBPP ตั้งแต่ขนาดประมาณ 40 ชิ้นเป็นต้นไปขึ้นอยู่กับชนิดของการค้นเฉพาะที่ ปัญหาที่มีขนาดอยู่ระหว่าง 20 ถึงประมาณ 40 ชิ้น ผลรวมของปัญหาที่หาคำตอบได้ของ 3DBPP มากกว่าผลรวมที่ได้จากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมทั้งที่ใช้และไม่ใช้การค้นเฉพาะที่

จากผลดังกล่าวแสดงถึงแนวโน้มว่าขั้นตอนวิธี 3DBPP แก้ปัญหาขนาดเล็กได้ดีกว่า แต่จะแก้ปัญหาขนาดใหญ่ได้ไม่ดีเท่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เมื่อจำนวนชิ้นเพิ่มขึ้นปริมาณปัญหาที่สามารถหาคำตอบเหมาะสมที่สุดได้ของขั้นตอนวิธี 3DBPP จะลดลงอย่างรวดเร็ว และส่งผลให้จำนวนปัญหาที่สามารถหาคำตอบได้ลดลงเหลือน้อยกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับเงื่อนไขการจำกัดเวลา

#### 4.2 ตารางเปรียบเทียบเวลาที่ใช้ในการหาคำตอบโดยเฉลี่ย

เวลาที่ใช้ในการหาคำตอบแต่ละคำตอบของ 3DBPP จะเป็นเวลาที่หาคำตอบได้ภายใน 3000 วินาที หรือภายใน 50 นาที ถ้าไม่สามารถหาคำตอบได้ภายในระยะเวลานี้จะถือว่าไม่สามารถหาคำตอบได้ สำหรับกรณีของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะใช้เวลาที่ดีที่สุดจากการดำเนินงาน (run) 5 ครั้ง ถ้าพบว่าสามารถหาคำตอบได้อย่างน้อย 1 ครั้งก็จะถือว่าหาคำตอบได้

เวลาเฉลี่ยมีหน่วยเป็นวินาที โดยคิดจากเวลาในการหาคำตอบของปัญหาที่สามารถหาคำตอบเหมาะสมที่สุดได้ ในกรณีที่สามารถหาคำตอบเหมาะสมที่สุดได้เพียงหนึ่งปัญหาจากทั้งหมด 10 ปัญหา ค่าที่ได้ก็จะเป็นเวลาในการหาคำตอบของปัญหานั้นเลย ข้อมูลที่ได้จึงสอดคล้องกับตารางที่ 1 - 5 ในหัวข้อที่ผ่านมา ช่องที่มีเครื่องหมาย – จึงตรงกันและมีความหมายเช่นเดียวกัน

เวลาในกลุ่มที่ 4 และ 9 มีบางค่าแสดงไว้เป็น  $< 0.01$  มีความหมายว่าใช้เวลาน้อยกว่า 0.01 วินาที แต่เนื่องจากตัววัดเวลาที่มีหน่วยที่ละเอียดเพียง 0.01 วินาที ทำให้วัดค่าได้เป็น 0.00 แต่อย่างไรก็ดีจะต้องมีค่าเวลาที่ไม่ใช่ 0 จึงแสดงไว้ด้วย  $< 0.01$

ตารางที่ 7 เวลาในการหาคำตอบโดยเฉลี่ยของวิธี 3DBPP

ชั้น	กลุ่ม								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
10	0.01	0.01	0.01	< 0.01	0.03	0.02	0.03	0.03	< 0.01
15	0.01	0.01	0.01	< 0.01	0.06	0.04	0.06	0.06	< 0.01
20	0.04	0.02	0.02	0.01	0.11	0.08	0.09	0.08	0.03
25	0.24	0.06	0.40	0.01	2.16	0.17	1.45	0.20	0.07
30	16.99	1.92	2.11	0.03	0.27	3.97	155.80	0.38	10.08
35	38.45	46.24	10.50	0.04	0.48	1.77	58.30	322.53	94.51
40	125.29	136.67	60.63	0.04	100.30	7.94	0.22	170.94	553.56
45	810.06	450.99	8.72	0.07	1.72	12.56	0.29	87.56	92.21
50	491.11	826.12	752.70	6.36	56.17	6.00	1099.41	280.36	-
60	16.13	662.77	841.01	5.76	2.30	154.68	-	269.66	-
70	-	1032.12	-	3.46	443.71	236.25	498.02	309.75	-
80	-	-	0.90	1.39	-	162.47	-	1167.54	-
90	-	-	-	72.29	-	111.35	-	204.55	-

ตารางที่ 8 เวลาในการหาคำตอบโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพียงอย่างเดียว

ชั้น	กลุ่ม								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
10	0.04	0.05	0.05	0.03	0.13	0.07	0.11	0.06	0.04
15	0.06	0.51	0.14	0.05	0.24	0.1	0.24	0.11	0.6
20	0.31	0.12	0.48	0.06	0.56	0.29	0.58	0.17	3.4
25	0.86	1.04	1.14	0.1	1.2	0.95	1.79	1.11	7.56
30	1.53	4.4	2.48	0.14	4.27	2.77	4.87	5.15	26.31
35	6.34	3.77	8.96	0.25	3.54	5.55	2.95	7.33	-
40	8.7	5.96	6.78	0.71	6.85	11.09	2.5	11.33	0.48
45	8.53	8.01	9.77	0.87	11.3	-	11.9	13.29	3.93
50	11.21	11.95	16.41	2.21	5.04	-	16.18	11.34	1.72
60	14.31	21.52	-	1.84	21.37	-	27.62	18.84	1.75
70	19.06	33.78	41.69	4.06	47.82	-	45.11	42.67	6.45
80	-	46.06	-	5.75	55.02	-	70.33	40.49	4.8
90	-	-	-	8.28	78.07	-	87.2	-	8.75

ตารางที่ 9 เวลาในการหาคำตอบโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นเฉพาะที่ 1

ชั้น	กลุ่ม								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
10	0.04	0.04	0.04	0.03	0.08	0.05	0.07	0.05	0.03
15	0.05	0.28	0.09	0.04	0.16	0.08	0.15	0.09	1.51
20	0.5	0.17	0.43	0.06	0.37	0.18	0.66	0.14	4.87
25	1.42	3.78	1.88	0.07	1.77	1.9	4.85	2.33	14.39
30	2.4	6.07	3.15	0.2	6.21	9.41	26.09	8.05	-
35	15.05	6.83	22.97	0.33	7.34	16.75	9.16	23.4	-
40	11.13	18.24	24	1.08	21.16	29.21	4.99	43.21	0.4
45	23	23.53	22.35	1.25	19.93	57.57	21.56	37.95	5.71
50	22	36.15	36.82	3.67	24.1	-	45.84	27.25	0.96
60	41.85	76.41	74.33	3.47	54	69.13	63.78	54.63	0.89
70	54.5	75.07	-	7.62	110.54	-	113.69	114.64	5.43
80	-	138.32	-	10.63	132.84	-	178.97	129	2.7
90	-	-	-	14.57	211.2	-	164	-	9.13

ตารางที่ 10 เวลาในการหาคำตอบโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นเฉพาะที่ 2

ชั้น	กลุ่ม								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
10	0.04	0.05	0.05	0.04	0.1	0.06	0.09	0.06	0.05
15	0.06	0.1	0.13	0.06	0.17	0.09	0.18	0.1	0.3
20	0.22	0.17	0.25	0.08	0.31	0.18	0.32	0.17	0.83
25	0.67	1.74	0.6	0.11	0.72	0.59	1.04	0.97	3.91
30	1	1.74	2.61	0.22	2.39	2.18	3.3	2.04	-
35	6	1.82	5.62	0.33	2.54	14.14	5.41	4.34	25.14
40	6.96	5.78	6.89	0.7	4.39	11.43	1.76	9.25	23.73
45	7.73	9.63	7.09	0.79	9.73	26.63	4.61	10.39	2.54
50	6.65	12.02	13.81	1.69	9.32	38.45	13.59	21.41	1.1
60	17.37	22.4	23.72	1.82	15.1	34.67	12.46	29.18	1.04
70	25.87	30.34	40.58	3.69	36.29	53.2	30.14	30.29	3.76
80	45.15	58.97	58.8	4.88	36.44	75.06	54.2	42.49	3.02
90	56.17	61.06	57.55	7.86	71.26	101.17	80	107.93	4.15

ตารางที่ 11 เวลาในการหาคำตอบโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นเฉพาะที่ 3

ชั้น	กลุ่ม								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
10	0.03	0.04	0.04	0.03	0.08	0.05	0.07	0.05	0.03
15	0.06	0.23	0.09	0.05	0.15	0.08	0.2	0.08	0.45
20	0.67	0.09	0.18	0.06	0.35	0.14	0.44	0.12	4.23
25	0.78	1.99	0.46	0.08	2.41	0.94	2.27	4.28	9.21
30	0.78	3.57	4.29	0.11	3.57	1.99	5.46	6.81	-
35	10.7	3.45	5.49	0.16	7.22	6.63	2.73	7.81	-
40	10.59	8.64	9.26	0.37	10.17	17.81	1.46	26.79	0.33
45	15.35	10.42	8.34	0.42	6.83	21.26	11.73	24.77	5.73
50	18.74	28.67	21.97	1.42	7.26	-	23.16	22.46	0.71
60	27.72	29.88	42.9	0.98	24.99	54.27	27.32	17.32	0.86
70	34.72	64.34	43.05	2.7	40.91	-	71.82	50.53	5.39
80	53.5	81.69	72.62	3.62	52.7	-	101.68	78.61	2.35
90	-	104.12	-	7.29	119.65	-	110.33	157.96	2.7

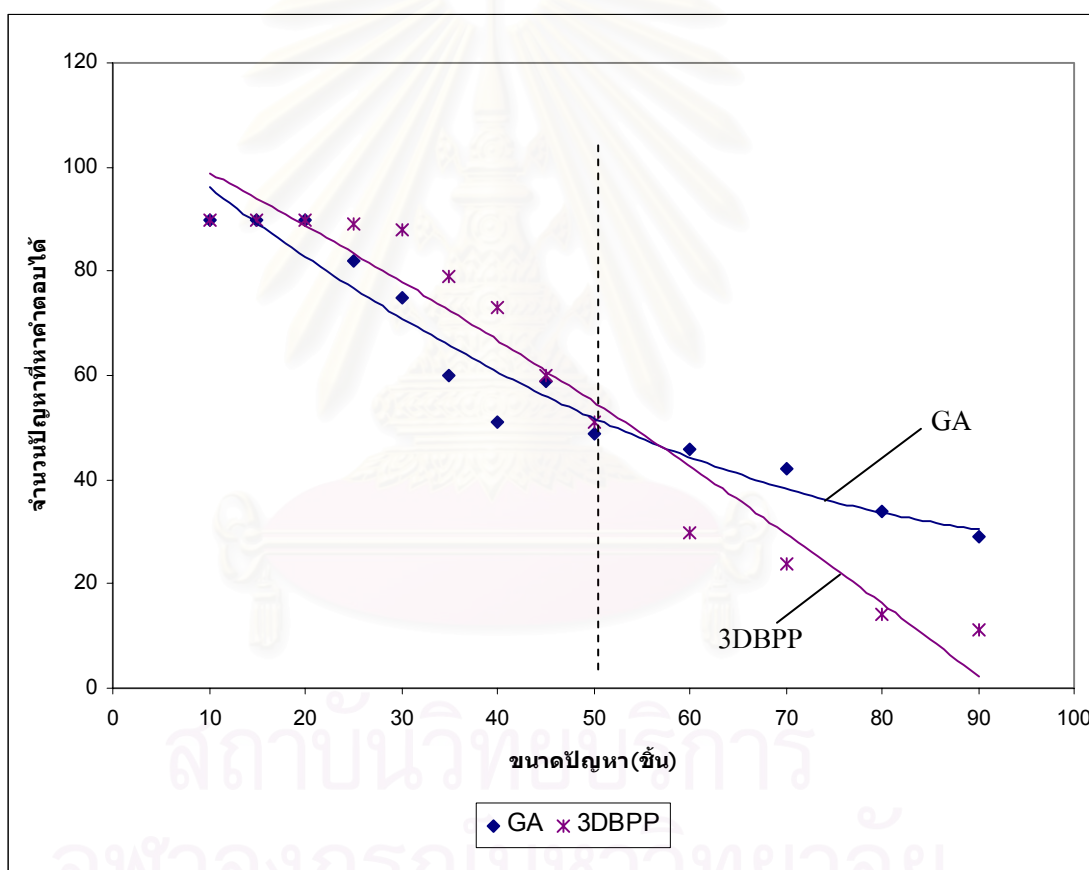
#### 4.3 ผลการวิเคราะห์และเปรียบเทียบผล

ข้อมูลจากตารางในหัวข้อ 4.1 และ 4.2 เมื่อนำมาวาดกราฟจะพบว่ากราฟแนวโน้มของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมไม่ค่อยมีความแตกต่างกันมากนัก เพื่อไม่ให้กราฟยุ่งจนดูยากจึงได้วาดกราฟเปรียบเทียบผลของขั้นตอนวิธี 3DBPP กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นกราฟหนึ่ง และวาดกราฟผลของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นเฉพาะที่แยกต่างหาก

จากผลการทดลองในหัวข้อที่ผ่านมา นำมาเขียนเป็นกราฟแนวโน้มใน 3 รูปแบบ ได้แก่ กราฟจำนวนปัญหาที่สามารถหาคำตอบได้เทียบกับขนาดของปัญหา แสดงไว้ในรูปที่ 28 และ รูปที่ 29 กราฟความสัมพันธ์ระหว่างเวลาเฉลี่ยในการหาคำตอบกับขนาดของปัญหาดังรูปที่ 30 และ รูปที่ 31 สุดท้ายเป็นกราฟแสดงประสิทธิภาพในการหาคำตอบดังแสดงไว้ในรูปที่ 32 และ รูปที่ 33 ซึ่ง



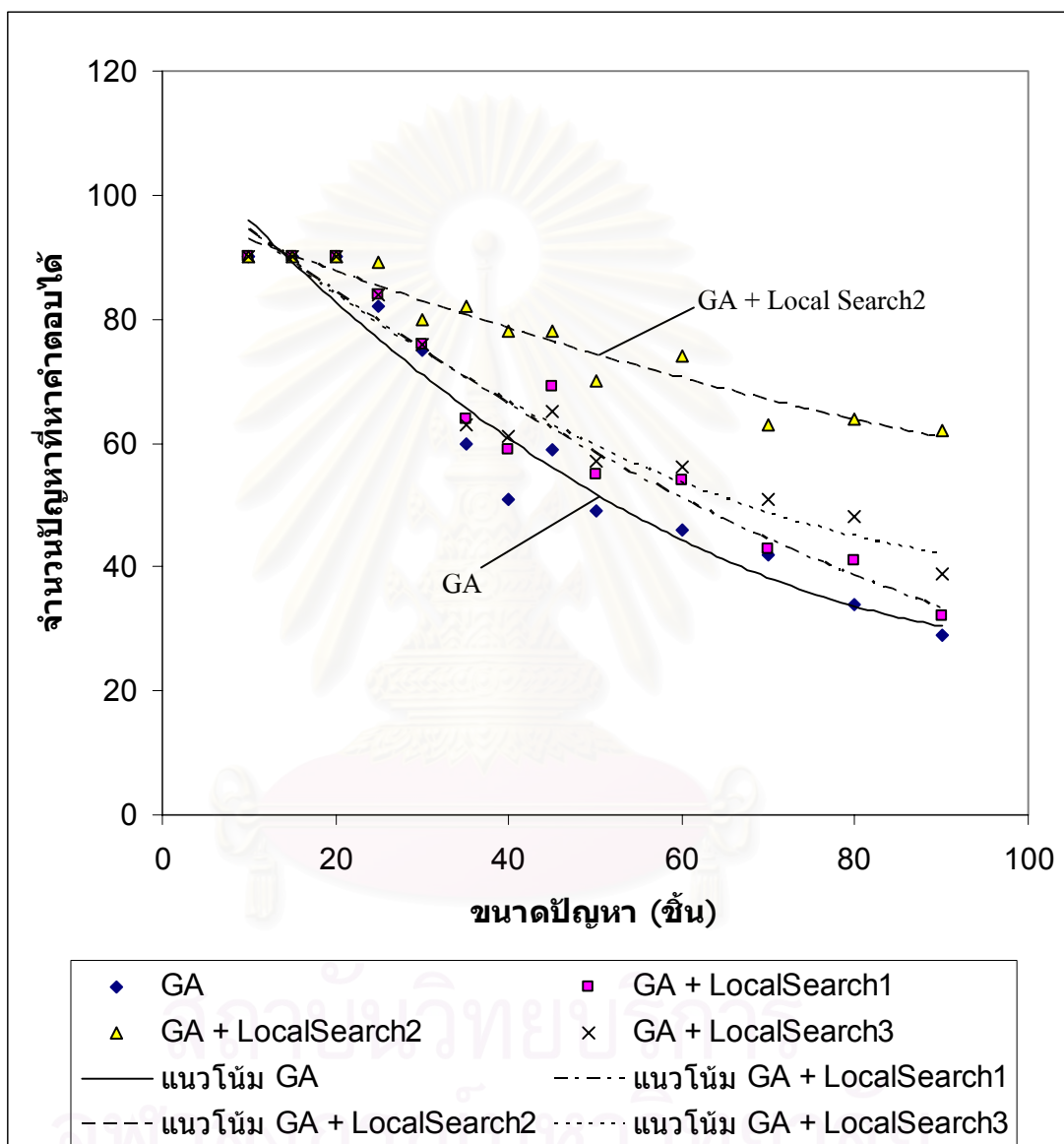
ได้มาจากการนำจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้มาหารด้วยเวลาเฉลี่ยในการหาคำตอบ กลายเป็นจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ในหนึ่งหน่วยเวลา แสดงถึงความสามารถในการหาคำตอบหรือปริมาณงานที่ได้ต่อหน่วยเวลา (throughput) เนื่องจากเวลาในการหาคำตอบเพียงอย่างเดียวไม่ได้แสดงถึงความสามารถในการหาคำตอบที่แท้จริง เช่น ถ้าดูจากกราฟในรูปที่ 29 จะเห็นว่าไม่ควรเลือกใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพียงอย่างเดียวเนื่องจากมีจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้น้อยที่สุด แต่ถ้าดูกราฟในรูปที่ 31 กลับทำให้สมควรเลือกใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพียงอย่างเดียวเพราะใช้เวลาในการหาคำตอบน้อยที่สุด ด้วยเหตุนี้จึงได้รวมความสัมพันธ์ทั้งจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้และเวลาที่ใช้ในการหาคำตอบ



รูปที่ 28 กราฟแสดงจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ภายในเวลาที่กำหนดเทียบกับขนาดปัญหาของ 3DBPP และ GA

จากกราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้กับขนาดของปัญหาในรูปที่ 28 แสดงให้เห็นว่า การแก้ปัญหาด้วยวิธี 3DBPP จะสามารถหาคำตอบได้ดีกว่าเมื่อขนาดของปัญหาเล็ก แต่เมื่อจำนวนชิ้นเพิ่มขึ้นจะทำให้จำนวนปัญหาที่สามารถหาคำตอบได้ด้วยวิธี 3DBPP

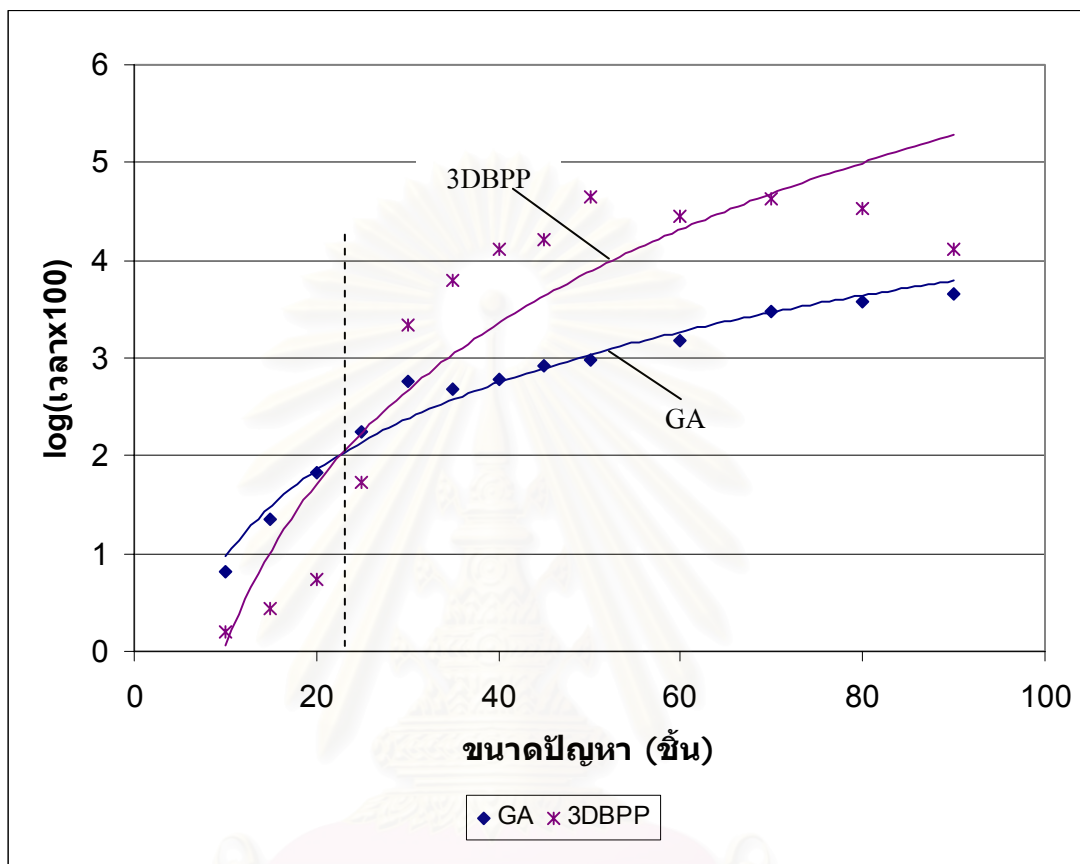
ลดลงอย่างรวดเร็วและมีแนวโน้มที่จะแก้ปัญหาได้น้อยกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในปัญหาขนาดใหญ่ จากกราฟพบว่าจุดเปลี่ยนสำหรับปัญหาขนาดเล็กและขนาดใหญ่ที่พูดถึงอยู่ที่ประมาณ 50 ชั้น



รูปที่ 29 กราฟแสดงจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ภายในเวลาที่กำหนดเทียบกับขนาดปัญหาของ GA และ GA + Local Search

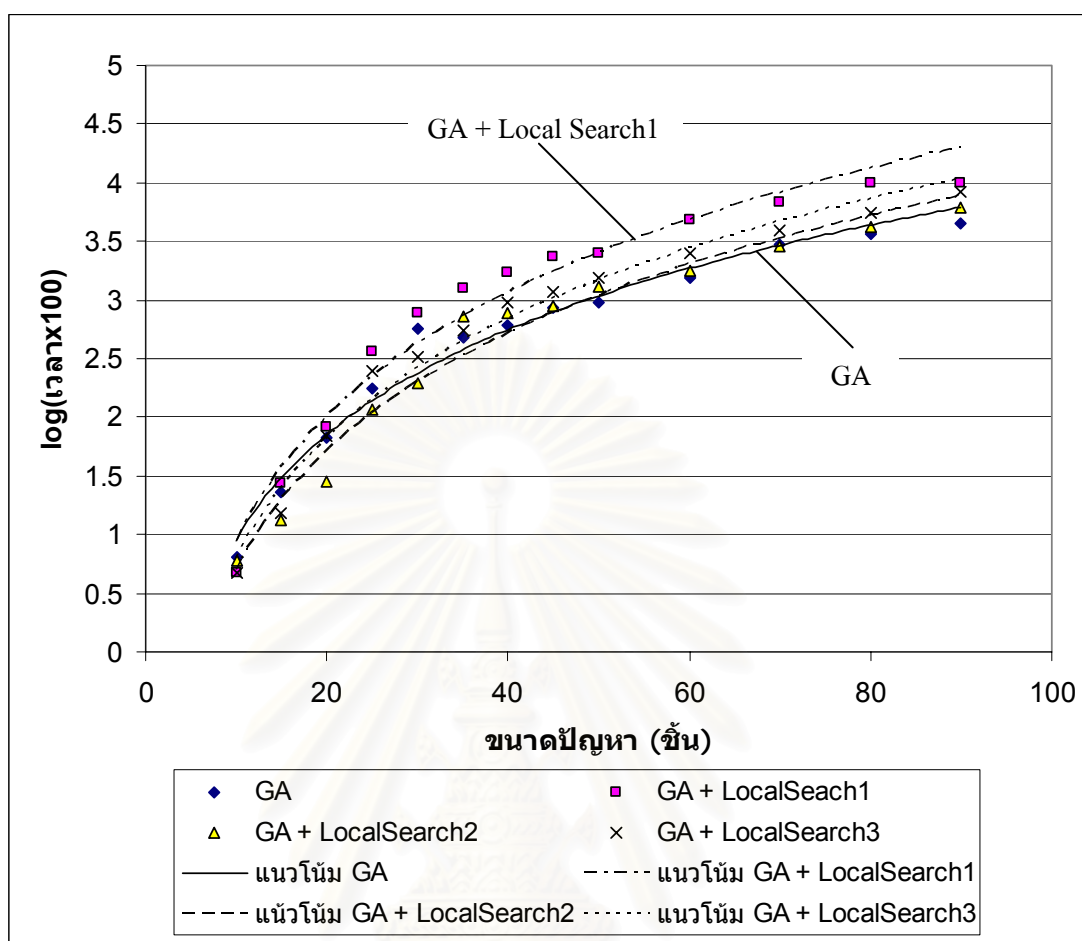
จากกราฟแสดงจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ภายในเวลาที่กำหนดเทียบกับขนาดปัญหาในรูปที่ 29 พบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้การค้นเฉพาะที่จะหาคำตอบได้มากกว่าขั้นตอนวิธีเชิง

พันธุกรรมเพียงอย่างเดียว การค้นเฉพาะที่แบบที่ 2 สามารถหาคำตอบได้มากที่สุดและโดดเด่นกว่า การค้นเฉพาะที่แบบอื่น ๆ รองลงมาคือการค้นเฉพาะที่แบบที่ 3 และ แบบที่ 1 ตามลำดับ



รูปที่ 30 กราฟแสดงเวลาเฉลี่ยในการหาคำตอบเทียบกับขนาดปัญหาของ 3DBPP และ GA

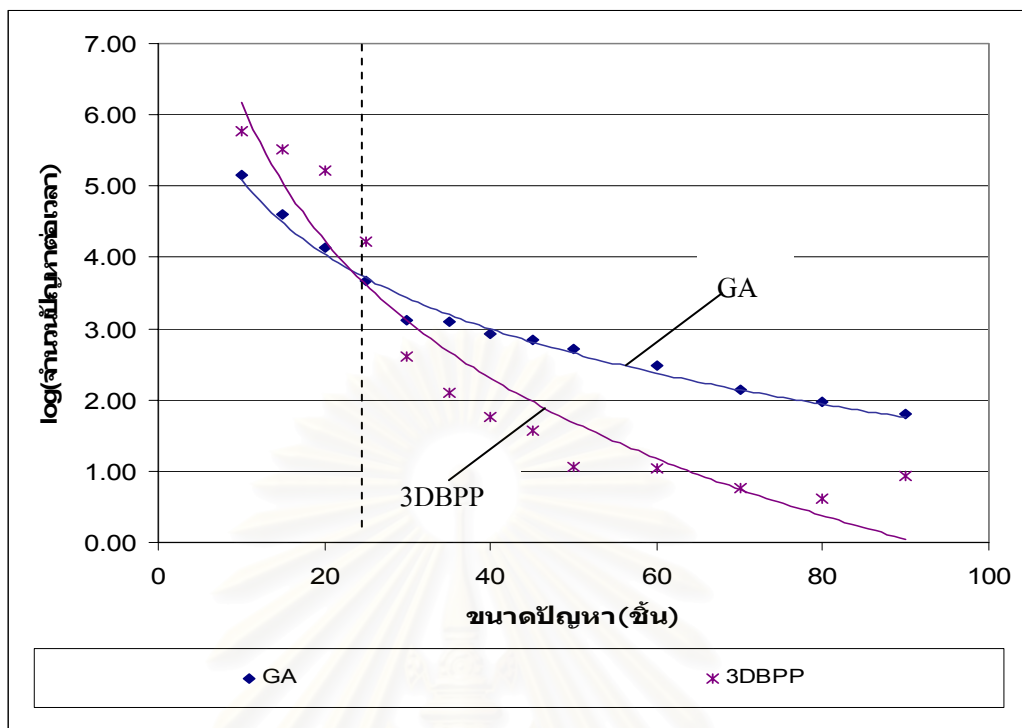
แนวโน้มทางด้านเวลาที่ใช้ในการหาคำตอบของวิธี 3DBPP ที่แสดงด้วยกราฟในรูปที่ 30 แสดงให้เห็นว่า ขั้นตอนวิธี 3DBPP สามารถหาคำตอบของปัญหาขนาดเล็กได้ด้วยเวลาอันรวดเร็ว แต่จะใช้เวลาในการหาคำตอบเพิ่มขึ้นอย่างมากเมื่อปัญหามีขนาดใหญ่ขึ้นเพราะมีทางเลือกเกิดขึ้นมากมายในระหว่างการค้นหาคำตอบ และใช้เวลามากกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเมื่อปัญหามีขนาดใหญ่ จุดเปลี่ยนอยู่ที่ประมาณ 25 ชั้น นั่นคือการใช้ขั้นตอนวิธี 3DBPP ในการหาคำตอบเมื่อปัญหามีขนาดเล็กกว่า 25 ชั้นจะใช้เวลาน้อยกว่าการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม แต่จะกลับกันเมื่อปัญหามีขนาดใหญ่กว่า 25 ชั้น



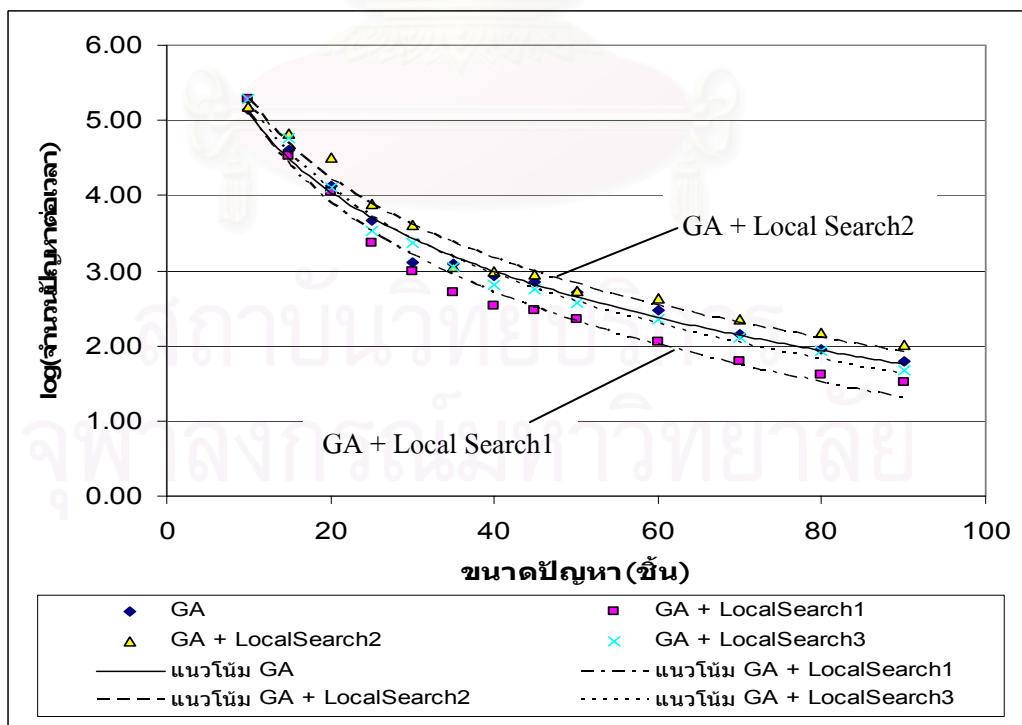
รูปที่ 31 กราฟแสดงเวลาเฉลี่ยในการหาคำตอบเทียบกับขนาดปัญหา  
ของ GA และ GA+ Local Search

การใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่แบบที่ 1 และ 3 ใช้เวลาในการหาคำตอบมากกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพียงอย่างเดียว ส่วนการค้นหาเฉพาะที่แบบที่ 2 ใช้เวลาพอ ๆ กับการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพียงอย่างเดียว แต่มีแนวโน้มใช้เวลามากกว่าในปัญหาขนาดใหญ่ จะเห็นได้ว่าการค้นหาเฉพาะที่ไม่ได้ทำให้เร็วขึ้นแต่ไปเพิ่มโอกาสการหาคำตอบพบ

จากกระบวนการค้นหาเฉพาะที่ซึ่งได้อธิบายในหัวข้อ 3.4 พบว่าการค้นหาเฉพาะที่แบบที่ 3 เสมือนกับการจัดเรียงปกติ 2 ครั้ง และน้อยกว่าการค้นหาเฉพาะที่แบบที่ 1 ซึ่งต้องจัดเรียงจากคำตอบเดิม 1 ครั้ง และจากการค้นหาเฉพาะที่อีก 5 ครั้ง เวลาที่ใช้เสมือนกับการจัดเรียงปกติถึง 6 ครั้ง แต่การค้นหาเฉพาะที่แบบที่ 2 มีกระบวนการที่สอดคล้องกับปัญหามากที่สุด จึงสามารถหาคำตอบได้ดีกว่า และมีการทำงานเสมือนการจัดเรียงปกติ 2 ครั้ง ทำให้ได้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าในเวลาที่ใช้เร็วกว่าการค้นหาเฉพาะที่แบบอื่น ๆ



รูปที่ 32 กราฟแสดงจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ต่อหนึ่งหน่วยเวลาเทียบกับขนาดปัญหาของ 3DBPP และ GA



รูปที่ 33 กราฟแสดงจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ต่อหนึ่งหน่วยเวลาเทียบกับขนาดปัญหาของ GA และ GA + Local Search

จากกราฟแนวโน้มของประสิทธิภาพในการหาคำตอบที่แสดงในรูปที่ 32 และ รูปที่ 33 ยังคงยืนยันเช่นเดิมว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่แบบที่ 2 สามารถหาคำตอบได้อย่างมีประสิทธิภาพมากที่สุดในกลุ่มปัญหาขนาดใหญ่ และขั้นตอนวิธี 3DBPP สามารถแก้ปัญหามาน้อยที่สุดได้ดีที่สุด และมีจุดเปลี่ยนอยู่ที่ประมาณ 25 ชั้น แต่มีข้อสังเกตอย่างหนึ่งว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่แบบที่ 1 และ 3 มีประสิทธิภาพน้อยกว่าการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพียงอย่างเดียว ทั้ง ๆ ที่ในรูปที่ 29 แสดงให้เห็นว่าสามารถแก้ปัญหามากกว่า แต่เนื่องจากเวลาที่ใช้ในการแก้ปัญหามาน้อยกว่า ส่งผลให้โดยรวมแล้วขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพียงอย่างเดียวให้ปริมาณงานมากกว่าการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่แบบที่ 1 และ 3

ถ้ามองในแง่โอกาสการหาคำตอบที่ดี ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่แบบที่ 2 จะดีกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพียงอย่างเดียวมาก เห็นได้จากตารางที่ 3 และตารางที่ 5 ผลรวมจำนวนปัญหาที่หาคำตอบได้ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่แบบที่ 2 หาคำตอบได้ถึง 1010 ปัญหาจากทั้งหมด 1170 ปัญหา ส่วนขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพียงอย่างเดียวหาคำตอบได้เพียง 797 ปัญหา และน้อยกว่าการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นหาเฉพาะที่ทุกแบบ

สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



## บทที่ 5

### สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

#### 5.1 สรุปผลการวิจัย

งานวิจัยนี้ได้แสดงถึงการใช้งานขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมผสมการค้นเฉพาะที่ (Genetic Algorithm Blend Local Search : GABLS) ในการแก้ปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์รูปทรงสี่เหลี่ยมสามมิติเข้าสู่ตู้สินค้ารูปทรงสี่เหลี่ยม เพื่อให้ใช้จำนวนตู้สินค้าน้อยที่สุด ขั้นตอนวิธี GABLS ที่พัฒนาขึ้นเป็นผลมาจากการรวมขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับการค้นเฉพาะที่ในระหว่างกระบวนการวัดคุณภาพคำตอบของแต่ละโครโมโซมของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

การค้นเฉพาะที่ที่ได้ทดลองมีทั้งหมด 3 วิธี ได้แก่ 1) การสุ่มสลับลำดับของหมายเลข 1 คู่จำนวน 5 ครั้ง 2) การกระจายผลิตภัณฑ์จากตู้สินค้าที่มีปริมาตรรวมของผลิตภัณฑ์น้อยที่สุดไปยังตู้สินค้าใบอื่น ๆ 3) การเลือกผลิตภัณฑ์ชิ้นที่มีปริมาตรใหญ่สุดในตู้สินค้าที่เพิ่งบรรจุเต็ม แล้วนำผลิตภัณฑ์ในลำดับถัด ๆ ไปมาบรรจุเพิ่มแทน และนำชิ้นใหญ่ที่เลือกออกมานั้นไปบรรจุเป็นชิ้นแรกของตู้สินค้าถัดไป

การแก้ปัญหาด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นเฉพาะที่จะหาคำตอบได้มากกว่าการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพียงอย่างเดียว ในปัญหาขนาดใหญ่กว่า 30 ชิ้นการแก้ปัญหาด้วยวิธีขยายและกั้นเขตใน [23] จะใช้เวลาในการหาคำตอบนานกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับการค้นเฉพาะที่

การค้นเฉพาะที่ที่สามารถหาคำตอบได้มากที่สุด คือ การค้นเฉพาะที่แบบที่ 2 รองลงมาคือแบบที่ 3 และแบบที่ 1 ตามลำดับ จะเห็นได้ว่านอกจากจะหาคำตอบได้มากแล้วยังสามารถหาคำตอบได้เร็วกว่าด้วย

งานที่เป็นความคิดใหม่ของผู้วิจัยในวิทยานิพนธ์นี้มีดังนี้

1. การนำการค้นเฉพาะที่ (local search) มาใช้งานร่วมกับ GA สำหรับปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ในสามมิติ งานวิจัยก่อนหน้านี้ใช้การค้นเฉพาะที่แก้ปัญหาหลายปัญหาแต่ขึ้นอยู่กับปัญหา เช่น การค้นเฉพาะที่สำหรับแก้ปัญหา TSP (Traveling Salesman Problem) ก็จะค้นหาเมืองที่อยู่ใกล้กันมาอยู่ในลำดับถัดกัน เป็นต้น นอกจากนี้ยังได้ปรับการค้นเฉพาะที่ของงานวิจัยก่อนหน้ามาเป็นการค้นเฉพาะที่แบบที่ 2 เพื่อให้เหมาะสำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ซึ่งจะเป็นการกระจายผลิตภัณฑ์ในตู้สินค้าที่มีปริมาตรบรรจุน้อยที่สุด จากเดิมที่ใช้ในปัญหาการบรรจุผลิตภัณฑ์ 1 มิติ

และลดต้นทุนค่าไปเรื่อย ๆ จนกว่าจะไม่สามารถลดได้อีกแล้วใช้เป็นคำตอบจริง จึงมี โอกาสสูงที่จะเป็นคำตอบที่ดีเฉพาะแห่ง (local optimum) เนื่องจากเริ่มจากคำตอบเพียง คำตอบเดียวที่ได้จากขั้นตอนวิธี First Fit Decreasing (FFD) ในงานวิจัยนี้ได้ปรับให้ เหลือการลดต้นทุนค่าเพียงผู้เดียวเพื่อให้เหมาะกับการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

2. การค้นเฉพาะที่แบบที่ 3 เป็นการเลือกผลิตภัณฑ์ชิ้นใหญ่ที่สุดออกไปเป็นชิ้นเริ่มต้นของ ต้นทุนค่าใหม่
3. วิธีการจัดเรียงที่ใช้เป็นแบบที่ใช้งานง่ายโดยจัดเรียงต่อจากจุดมุมของผลิตภัณฑ์ชิ้นก่อนหน้า งานที่มีมาก่อนใช้วิธีอื่น เช่น การหาจากส่วนหุ้มห่อ (envelope) , การเรียงแบบ Guillotine ฯลฯ

## 5.2 ข้อเสนอแนะ

1. วิธีการจัดเรียงที่ใช้เป็นแบบที่ใช้งานง่ายแต่เสียเวลาในการตรวจสอบการเหลื่อมกัน ถ้าปรับปรุง ให้การจัดเรียงสามารถประกันการเหลื่อมซ้อนกันได้จะลดเวลาได้มาก หรือจะให้การ จัดลำดับขนาดช่องว่างของแต่ละจุดมุมก็จะสามารถช่วยลดเวลาในการหาจุดมุมสำหรับวาง ลงได้ แต่ก็เพิ่มเวลาในการจัดเรียงช่องว่างซึ่งคาดว่าน้อยกว่าเวลาในการหาจุดมุมที่ เหมาะสมแบบเดิม เหตุผลที่เลือกใช้วิธีแบบง่ายก็เนื่องจากว่า เมื่อคุณผลลัพธ์แล้วสามารถ จัดเรียงได้แน่นกว่าการวางแบบประกันการเหลื่อมกันซึ่งจะวางต่อจากจุดมุมของส่วนหุ้มห่อ
2. ควรจะทดลองหาค่าคงที่ที่เหมาะสมสำหรับสมการวัตถุประสงค์ เนื่องจากค่าคงที่ที่ใช้ใน งานวิจัยนี้ เลือจากการทดลองบางค่าที่หาคำตอบได้มากที่สุด แต่ละค่าจะหาคำตอบได้ จำนวนแตกต่างกัน ยิ่งถ้าสามารถหาค่าคงที่อยู่ในรูปความสัมพันธ์ของข้อมูลในปัญหาได้จะ ทำให้สามารถนำไปใช้งานได้กว้างขวางและสะดวกยิ่งขึ้น
3. นอกจากการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างธรรมดา ควรใช้กระบวนการควบคุมความ แตกต่างของประชากร(Diversity Control Oriented Genetic Algorithm) เพื่อเพิ่มคุณภาพ คำตอบให้ดียิ่งขึ้น เนื่องจากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมักจะเจอคำตอบที่ไม่ใช่คำตอบที่ แท้จริง แต่จะเป็นค่าที่ใกล้เคียงกับคำตอบ
4. ทดลองใช้ตัวดำเนินการอื่น ๆ ของ GA เช่น ใช้การไขว้เปลี่ยนแบบ Cycle Crossover หรือ Order Crossover แล้วเปรียบเทียบผลลัพธ์กับการไขว้เปลี่ยนแบบ Partially Matched Crossover ที่ใช้

## รายการอ้างอิง

1. ชัยวัฒน์ พิมพะวัฒน์. การพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบวิวัฒนาการและทำงานร่วมกันแบบปรับปรุงสำหรับกรณีศึกษาการบรรจุตู้สินค้า. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท สาขาวิชาวิศวกรรมการจัดการอุตสาหกรรม บัณฑิตวิทยาลัย สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ, 2543.
2. วัฒนพงศ์ ภัคดี. การออกแบบขนาดของบรรจุภัณฑ์และการจัดวางบรรจุภัณฑ์ลงในตู้สินค้าให้มีค่าใช้จ่ายต่ำที่สุด. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท สาขาวิชาวิศวกรรมอุตสาหการ คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, 2546.
3. Spillman, R. Solving large knapsack problems with a genetic algorithm. IEEE Int. Conf. on Systems, Man and Cybernetics 1 (1995): 632-637.
4. Berkey, J. O. Massively parallel computing applied to the one-dimensional bin packing problem. Frontiers of Massively Parallel Computation 2 (1989): 317-319.
5. Berkey, J. O.; and Wang, P. Y. A parallel approximation algorithm for solving one-dimensional bin packing problems. Proc. of Fifth Int. Parallel Processing Symposium (1991): 138-143.
6. Berkey, J. O.; and Wang, P. Y. A systolic-based parallel bin packing algorithm. IEEE Transactions on Parallel and Distributed Systems 5 (July 1994): 769-772.
7. Bestavros, A.; Cheatham, T. J.; and Stefanescu, D. Parallel bin packing using first fit and k-delayed best-fit heuristics. Proc. of the Second IEEE Symposium on Parallel and Distributed Processing (1990): 501-504.
8. Pimpawat, C.; and Chaiyaratana, N. Using a co-operative co-evolutionary genetic algorithm to solve a three-dimensional container loading problem. Proc. of the 2001 Congress on Evolutionary Computation 2 (2001) : 1197-1204.
9. Goldberg, D.E.; and Lingle, R. Alleles, loci, and the Traveling Salesman Problem. Proc. of an Int. Conf. on Genetic Algorithms and Their Applications (1985) : 154-159. Cited in Goldberg, D. E. Genetic Algorithm in Search, Optimization, and Machine Learning. Addison Wesley, 1989.
10. Davis, L. Applying adaptive algorithms to epistatic domains. Proc. of the 9th Int. Joint Conf. on Artificial Intelligence (1985) : 162-164.
11. Oliver, I. M.; Smith, D. J.; and Holland, J. R. C. A Study of Permutation Crossover Operators on the Traveling Salesman Problem. Proc. of the 2nd Int. Conf. on Genetic Algorithms

- (1987) : 224-230. Cited on Goldberg, D. E. Genetic Algorithm in Search, Optimization, and Machine Learning. Addison Wesley, 1989.
12. Fogel D.B.; and Atmar J.W. Comparing Genetic Operators with Gaussian Mutations in Simulated Evolutionary Processes Using Linear Systems. Biological Cybernetics 63 (1990) : 111-114.
  13. Falkenauer, E. Solving equal piles with the grouping genetic algorithm. Proc. of the Sixth Int. Conf. on Genetic Algorithms (1995) : 492-497
  14. Falkenauer, E.; and Delchabre, A. A genetic algorithm for bin packing and line balancing. Proc. of IEEE Int. Conf. on Robotics and Automation 2 (1992) : 1186-1192.
  15. Hwang, S. M.; Kao, C. Y.; and Horng, J. T. On solving rectangle bin packing problems using genetic algorithm. IEEE Int. Conf. on Systems, Man, and Cybernetics 2 (1994) : 1583–1590.
  16. Cheung, S. K.; Leung, K. S.; Albrecht, A.; and Wong, W. Optimal placements of flexible objects: An evolutionary programming approach. Proc. of the Seventh Int. Conf. on Genetic Algorithms 7 (1997): 583-590.
  17. Esbensen, H. A genetic algorithm for macro cell placement. Design Automation Conf. (1992): 52-57.
  18. Fenrich, R.; Miller, R.; and Stout, Q. F. Multi-tiered algorithms for 2-dimensional bin packing. Proc. of the Fifth Distributed Memory Computing Conf. (1990): 58-63.
  19. Ji, J.; and Jeng, M. Bin-packing adjustable rectangles and applications to task scheduling on partitionable parallel computers. Proc. of the Second IEEE Symposium Parallel and Distributed Processing (1990): 312-315.
  20. Kado, K.; and Ross, P. A study of genetic algorithm hybrids for facility layout problems. The 6th Int. Conf. on Genetic Algorithms (1995) : 498-505.
  21. Ikonen, I.; Biles, W. E.; Kumar, A.; Ragade, R. K.; and Wissel, J. C. A genetic algorithm for packing three-dimensional non-convex objects having cavities and holes. Proc. of the Seventh Int. Conf. on Genetic Algorithms 1 (1997) : 591–598.
  22. Jone, D. R.; and Beltramo, M. A. Solving partitioning problems with genetic algorithms. The 4th Int. Conf. on Genetic Algorithms (1991) : 442-449.
  23. Martello, S., Pisinger, D.; and Vigo, D. The Three-dimensional Bin Packing Problem. Operations Research (2000) : 256-267.

24. Leinberger, W.; Karypis, G.; and Kumar, V. Multi-capacity bin packing algorithms with applications to job scheduling under multiple constraints. Int. Conf. on Parallel Processing (1999): 404-412.
25. Alvim, A.C.; Glover, F.; Ribeiro, C.C.; and Aloise, D.J. Local Search For The Bin Packing Problem. Extended Abstracts of the 3rd Metaheuristics Int. Conf. (1999) : 7-12.
26. Freisleben, B.; and Merz, P. A Genetic Local Search Algorithm for Solving Symmetric and Asymmetric Traveling Salesman Problems. Proc. of IEEE Int. Conf. on Evolutionary Computation (May 1996) : 616-621.
27. Merz, P. ; and Freisleben, B. Genetic local search for the TSP: new results Proc. of IEEE Int. Conf. on Evolutionary Computation (1997) : 159-164.
28. Yamada, T.; Reeves, C.R.; Permutation Flowshop Scheduling by Genetic Local Search 2nd Int. Conf. On Genetic Algorithms In Engineering Systems:Innovations And Applications (1997) : 232 -238.
29. Chak, C.K.; and Feng, G. Accelerated Genetic Algorithms: Combined with Local Search Techniques for Fast and Accurate Global Search. IEEE Int. Conf. on Evolutionary Computation (1995) : 378-383.
30. Faroe, O.; Pisinger, D.; and Zachariassen, M. Guided Local Search for the Three-dimensional Bin Packing Problem. Technical Report 99-13, Dept. of ComputerScience, University of Copenhagen, 1999.
31. Potter, M. A.; and De Jong, K. A. A Cooperative Coevolutionary Approach to Function Optimization Proc. of the Third Int. Conf. on Parallel Problem Solving from Nature (PPSN III) (1994) : 249-257.
32. Herdy, M. Application of the Evolution Strategy to Discrete Optimization Problems. Proc. Of the First Int. Conf. on Parallel Problem Solving from Nature (PPSN) 496 (1991) : 188-192.



ภาคผนวก

สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



**ภาคผนวก ก**  
**ศัพท์เทคนิคที่ใช้ในวิทยานิพนธ์**

ภาษาอังกฤษ	ภาษาไทย
การกลายพันธุ์	mutation
การไขว้เปลี่ยน	crossover
การค้นเฉพาะที่	local search
การควบคุมความแตกต่าง	diversity control
การคัดเลือก	selection
การคัดเลือกตามธรรมชาติ	natural selection
การจัดเรียงผลิตภัณฑ์	bin packing
การทำซ้ำ	reproduction
การบรรจุภัณฑ์ปรับขนาดกล่องได้	Packing Adjustable Rectangle
การลู่เข้า	convergence
การสืบพันธุ์	reproduction
การหาค่าความแข็งแรง	fitness evaluation
การหาค่าเหมาะที่สุด	optimization
กิ่งหลักของต้นไม้	Main Branching Tree
กิโยติน	Guillotineable
ขยายและกั้นเขต	branch and bound
ขั้นตอนวิธี	algorithm
ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม	Genetic Algorithm (GA)
ขั้นตอนวิธีแบบศึกษาสำนึก	heuristic algorithm
เข้ารหัส	encode
ค่าความเหมาะสม	fitness
คำตอบ	solution
คำตอบเหมาะที่สุด	optimal solution
โครโมโซม	chromosome
ต้นไม้ภาคตัด	slicing tree
ตัวดำเนินการเชิงพันธุกรรม	genetic operator
ถอดรหัส	decode

โนด,ปม	node
บรรจุเชิงเลือก	Choose Pack
บรรจุเชิงสับเปลี่ยน	Permutation Pack
ปริมาณงาน(ต่อหน่วยเวลา)	throughput
ปัญหาการจัดลำดับงาน	Scheduling Problem
ปัญหาการเดินทางของพนักงานขาย	Traveling Salesman Problem
ปัญหาการตัดวัสดุจากคลัง	Cutting Stock Problem
ปัญหาการบรรจุตู้สินค้า	Container Loading Problem
ปัญหาการแบ่งกลุ่มเท่า ๆ กัน	equal pile problem
ปัญหาเชิงจัดหมู่	combinatorial problem
ปัญหาถุงเป้	Knapsack Problem
ผังงาน	flowchart
พารามิเตอร์	parameter
ฟังก์ชันหาค่าความเหมาะสม	fitness function
ยีน	gene
รหัสเทียม	pseudo code
ระบบปฏิบัติการ	operating system
รุ่น	generation
เรียงลำดับแล้วเลือกอันดีที่สุดก่อน	Best Fit Decreasing
ลำดับหลัง	postorder
วิธีการค้นหาในแนวลึก	Depth First
วิธีจัดกลุ่มแบบง่าย	Simple Clustering method
วิธีซิมเพล็กซ์	simplex method
วิธีศึกษาสำนึก	heuristic
สถานะต่อเนื่อง	steady state
สายอักขระ	string
สายอักขระฐานสอง	binary string
หน้าต่าง	window

## ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์

นายจิระเดช พลสวัสดิ์ เกิดวันที่ 8 พฤศจิกายน พ.ศ. 2520 ที่จังหวัดอุบลราชธานี สำเร็จการศึกษาปริญญาตรีวิศวกรรมศาสตรบัณฑิต สาขาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ในปีการศึกษา 2542 และเข้าศึกษาต่อในหลักสูตรวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ในปีการศึกษา 2543



สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย