

## บทที่ 4

### การทดลอง

ในบทนี้จะนำเสนอรายละเอียดของการทดลองและผลการทดลองของการใช้ระบบควบคุมความหลากหลายของประชากรโดยใช้การสร้างประโยชน์ในการแก้ปัญหา

#### 4.1 สหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทาง (fitness distance correlation)

มีการวิจัยจำนวนมาก [48-52] ได้ศึกษาถึงปัจจัยที่มีผลต่อประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม งานวิจัยเบื้องต้น [49] ได้เสนอว่าปัจจัยที่ทำให้ปัญหามีความยากสำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมคือปัญหาที่มีลักษณะหลอกหรือเป็นปัญหาในกลุ่มฟังก์ชัน deceptive หากแต่ในงานวิจัยต่อมา [50-52] พบว่าปัจจัยดังกล่าวเป็นเพียงส่วนเดียวเท่านั้น ยังมีปัจจัยอื่นๆที่ส่งผลให้ปัญหามีความยากอันได้แก่ ปัญหาที่มีลักษณะที่มีจุดที่ดีที่สุดหลายบริเวณ (multimodality) และปัญหาที่มีสัญญาณรบกวน(noise) เป็นต้น

ในงานวิจัย [53] ได้เสนอสมมติฐานใหม่ในการวิเคราะห์ความยากง่ายของปัญหา โดยพิจารณาจากความสัมพันธ์ระหว่าง 2 ตัวแปรคือ ค่าความเหมาะสม และ ระยะทางจากจุดที่ดีที่สุดที่แท้จริง (global optimum) ปัญหาที่ตัวแปรทั้งสองมีความสัมพันธ์ในลักษณะผกผันแสดงถึงปัญหานั้นมีลักษณะที่ง่าย เนื่องจากในกระบวนการวิวัฒนาการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเมื่อสร้างหน่วยชีวิตที่มีความใกล้เคียงกับคำตอบที่แท้จริงมากขึ้น(ระยะทางจากจุดที่ดีที่สุดที่แท้จริงลดลง) ค่าความเหมาะสมของหน่วยชีวิตก็จะเพิ่มขึ้นเป็นลำดับ ซึ่งเป็นลักษณะของปัญหาที่ตรงไปตรงมา (straightforward problem) ในทางกลับกันหากตัวแปรทั้งสองมีความสัมพันธ์ในลักษณะทิศทางเดียวกันจะส่งผลให้ปัญหามีลักษณะที่ยาก เนื่องจากเมื่อกระบวนการวิวัฒนาการสร้างหน่วยชีวิตที่ใกล้เคียงคำตอบมากขึ้น ค่าความเหมาะสมของหน่วยชีวิตนั้นกลับลดลง เป็นผลให้หน่วยชีวิตนั้นไม่ถูกคัดเลือกเพื่อผสมพันธุ์และอยู่รอดต่อไปได้ จึงเป็นการยากที่กระบวนการวิวัฒนาการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะสามารถหาคำตอบที่แท้จริงได้สำเร็จ ในการนี้งานวิจัยดังกล่าวได้นำเสนอค่าทางสถิติที่ใช้ในการวัดความยากง่ายของปัญหาโดยพิจารณาถึงความสัมพันธ์ของ 2 ตัวแปรดังกล่าวข้างต้นโดยเรียกว่า สหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทาง ( $r$ ) ดังมีรายละเอียดดังนี้

กำหนดให้เซต  $F = \{f_1, f_2, f_3, \dots, f_n\}$  เป็นเซตของค่าความเหมาะสมของหน่วยชีวิตจำนวน  $n$  หน่วย และเซต  $D = \{d_1, d_2, d_3, \dots, d_n\}$  แทนระยะทางที่ห่างจากจุดที่ดีที่สุดของแต่ละหน่วยชีวิตโดยวัดจากระยะทางฮัมมิง จะสามารถคำนวณสหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทางได้จากสมการ

$$r = \frac{C_{FD}}{S_F S_D} \quad (4.1)$$

เมื่อ

$$C_{FD} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (f_i - \bar{f})(d_i - \bar{d}) \quad (4.2)$$

โดย  $\bar{f}, s_F$  แทนค่าเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความเหมาะสม และ  $\bar{d}, s_d$  แทนค่าเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของระยะทางฮัมมิงของหน่วยชีวิตแต่ละหน่วยและหน่วยชีวิตที่เป็นคำตอบ

สหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทางจะเป็นค่าจริงระหว่าง -1 และ 1 ทั้งนี้การวิเคราะห์ความยากง่ายของปัญหาโดยใช้สหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทางสามารถแบ่งกลุ่มปัญหาออกได้เป็น 3 กลุ่มคร่าวๆคือ

1. กลุ่มปัญหาชี้้นำผิดทาง (misleading problem) ปัญหาในกลุ่มนี้มีลักษณะที่ค่าความเหมาะสมมีลักษณะที่ลดลงเมื่อเข้าใกล้คำตอบมากขึ้น ซึ่งเป็นลักษณะของปัญหาในกลุ่มฟังก์ชัน deceptive ค่าสหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทางของปัญหาในกลุ่มนี้จะมีค่าตั้งแต่ 0.15 เป็นต้นไป ( $r \geq 0.15$ )
2. กลุ่มปัญหายาก (difficult problem) ปัญหาในกลุ่มนี้ค่าความเหมาะสมและระยะทางจากจุดที่ดีที่สุดที่แท้จริงมีความสัมพันธ์กันน้อยมาก เป็นผลให้ฟังก์ชันความเหมาะสมไม่สามารถชี้นำกระบวนการวิวัฒนาการไปสู่คำตอบได้สำเร็จ ตัวอย่างปัญหาในกลุ่มนี้ เช่น ปัญหาเข็มในกองหญ้า (needle in a haystack, NIAH) เป็นต้น ค่าสหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทางของปัญหาในกลุ่มนี้จะมีค่าระหว่าง -0.15 ถึง 0.15 ( $-0.15 > r > 0.15$ )
3. กลุ่มปัญหาตรงไปตรงมา (straightforward problem) ปัญหาในกลุ่มนี้มีลักษณะที่ง่ายโดยค่าความเหมาะสมมีลักษณะเพิ่มขึ้นเมื่อเข้าใกล้คำตอบมากขึ้น ตัวอย่างปัญหาในกลุ่มนี้ได้แก่ปัญหา one-max เป็นต้น ค่าสหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทางของปัญหาในกลุ่มนี้จะมีค่าตั้งแต่ -0.15 ลงไป ( $r \leq -0.15$ )

อนึ่งการคำนวณค่าสหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทางของปัญหาใดจำเป็นต้องรู้ว่าจุดที่ดีที่สุดที่แท้จริงของปัญหานั้นอยู่ที่ใด(ทราบรูปแบบของหน่วยชีวิตที่เป็นคำตอบ) จากนั้นทำการสร้างหน่วยชีวิตทุกรูปแบบที่เป็นไปได้ของปัญหานั้น ทำการตรวจวัดค่าเหมาะสมและระยะทางจากจุดที่ดีที่สุดของแต่ละหน่วยชีวิต และทำการคำนวณค่าสหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทางจากสมการข้างต้น ในกรณีที่จำนวนรูปแบบของหน่วยชีวิตมีจำนวนมากเกินไป(เป็นผลมาจากโครโมโซมของหน่วยชีวิตมีความยาวมากเช่น 30 บิตทำให้รูปแบบของหน่วยชีวิตที่เป็นไปได้ทั้งสิ้นถึง  $2^{30}$  รูปแบบ) อาจสามารถคำนวณค่าสหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทางโดยการสุ่มสร้างประชากรของหน่วยชีวิตกลุ่มหนึ่งเพื่อเป็นตัวแทน [53] ตารางที่ 4.1 แสดงค่าสหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทางของปัญหาที่ใช้ในการทดลองทั้งหมด เนื่องจากจำนวนรูปแบบที่เป็นไปได้ของหน่วยชีวิตมีปริมาณมากจึงทำการสุ่มสร้างประชากรของหน่วยชีวิตจำนวน 30,000 หน่วยเพื่อเป็นตัวแทนในการคำนวณ อนึ่งสำหรับการคำนวณค่าสหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทางของปัญหา royal road R1 และ R2 จะสุ่มสร้างประชากรของหน่วยชีวิตเพิ่มเป็น 1 ล้านหน่วย ทั้งนี้เนื่องจากจำนวนหน่วยชีวิตตัวแทนจำนวน 30,000 หน่วยยังมีปริมาณที่น้อยเกินไปที่จะแบ่งแยกความแตกต่างของปัญหาทั้งสองซึ่งมีจำนวนรูปแบบของหน่วยชีวิตที่เป็นไปได้ทั้งหมดถึง  $2^{64}$  รูปแบบ

ตารางที่ 4.1 สหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทางของปัญหาที่ใช้ในการทดลอง

ปัญหา	ความยาวโครโมโซม	$r$
one-max	45	-0.999966667
ฟังก์ชัน deceptive	45	0.367390520
ฟังก์ชัน multimodal	30	-0.068700129
ฟังก์ชัน 3bit-deceptive	45	0.212432176
ฟังก์ชัน 5bit-deceptive	45	0.653565768
ฟังก์ชัน 9bit-deceptive	45	0.957998242
royal road R1	64	-0.177446486
royal road R2	64	-0.176768490

จากค่าสหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทางในตารางที่ 4.1 พบว่าปัญหาหลัก 3 ปัญหาที่ใช้การทดลองได้แก่ปัญหา one-max ปัญหาฟังก์ชัน deceptive และปัญหาฟังก์ชัน multimodal ถูกจัดอยู่ในกลุ่มปัญหาตรงไปตรงมา กลุ่มปัญหาที่นำมิตทาง และกลุ่มปัญหายากตามลำดับ

สำหรับปัญหา royal road พบว่าค่าสหสัมพันธ์ความเหมาะสมและระยะทางของปัญหา royal road R1 มีค่าต่ำกว่าปัญหา royal road R2 เล็กน้อยซึ่งสอดคล้องกับผลการทดลองที่นำเสนอในงานวิจัย [53]

ความสัมพันธ์ระหว่างค่าความเหมาะสมและระยะทางจากจุดที่ดีที่สุด(ระยะทางฮัมมิง)ของปัญหาที่ใช้ในการทดลองแสดงดังรูปที่ 4.1 ถึง 4.8 โดยได้เพิ่มสัญญาณรบกวน (noise) จำนวนหนึ่งในการวาดกราฟเพื่อประโยชน์ในการสร้างความแตกต่างระหว่างคู่ค่าความเหมาะสมและระยะทางฮัมมิงที่เหมือนกัน(identical) ซึ่งทำให้เห็นถึงแนวโน้มของความหนาแน่นในแต่ละบริเวณได้ชัดเจนยิ่งขึ้น

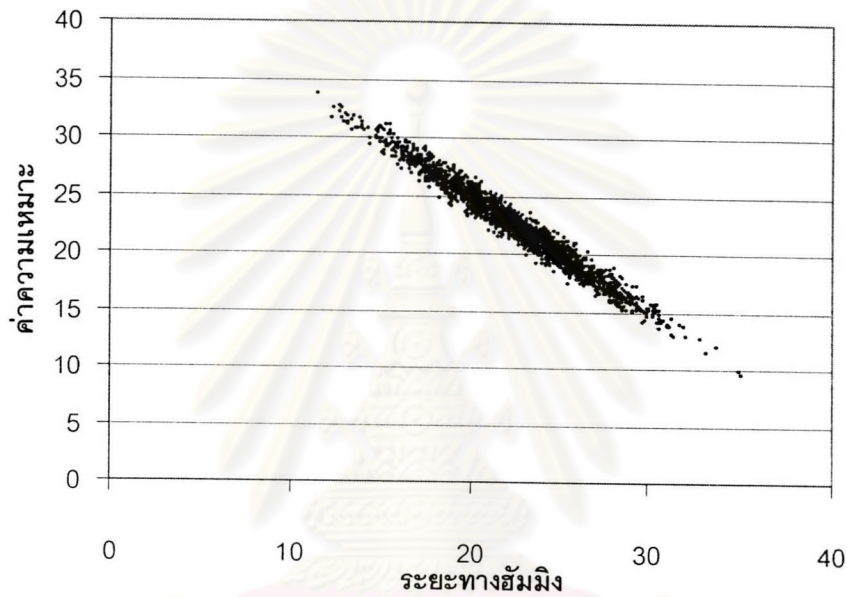
สำหรับปัญหา one-max (รูปที่ 4.1) ความสัมพันธ์ระหว่างค่าความเหมาะสมและระยะทางฮัมมิงเป็นไปในทิศทางตรงข้ามกันกล่าวคือ เมื่อระยะฮัมมิงลดลงจะพบว่าค่าความเหมาะสมมีลักษณะที่เพิ่มขึ้นเรื่อยๆ ความสัมพันธ์ในลักษณะเช่นนี้แสดงให้เห็นว่าปัญหา one-max เป็นปัญหาที่ง่ายและตรงไปตรงมา โดยฟังก์ชันความเหมาะสมสามารถชี้แนะทิศทางในการวิวัฒนาการคำตอบได้อย่างถูกต้อง ดังเห็นได้จากค่าความเหมาะสมที่เพิ่มขึ้นเป็นลำดับเมื่อหน่วยชีวิตถูกวิวัฒนาการเข้าใกล้คำตอบมากขึ้น (ระยะทางฮัมมิงลดลง)

สำหรับปัญหาฟังก์ชัน deceptive (รูปที่ 4.2 และ 4.4 ถึง 4.6) ความสัมพันธ์ระหว่างค่าความเหมาะสมและระยะทางฮัมมิงเป็นไปในทิศทางเดียวกันกล่าวคือ เมื่อระยะฮัมมิงลดลงจะพบว่าค่าความเหมาะสมมีลักษณะที่ลดลงเรื่อยๆเช่นกัน ความสัมพันธ์ในลักษณะเช่นนี้แสดงให้เห็นว่าปัญหาฟังก์ชัน deceptive เป็นปัญหาในกลุ่มปัญหาที่นำผิดทาง โดยฟังก์ชันความเหมาะสมไม่สามารถชี้แนะทิศทางในการวิวัฒนาการคำตอบได้อย่างถูกต้องแต่กลับชี้แนะในทิศทางตรงข้าม ดังเห็นได้จากค่าความเหมาะสมที่มีแนวโน้มลดลงเป็นลำดับเมื่อหน่วยชีวิตถูกวิวัฒนาการเข้าใกล้คำตอบมากขึ้น (ระยะทางฮัมมิงลดลง)

สำหรับปัญหาฟังก์ชัน multimodal (รูปที่ 4.3) ความสัมพันธ์ระหว่างค่าความเหมาะสมและระยะทางฮัมมิงมีลักษณะที่ไม่เด่นชัด เนื่องจากบริเวณที่ให้ค่าความเหมาะสมที่สุดนั้นกระจายอยู่ทั่วไปโดยไม่ขึ้นอยู่กับความใกล้หรือไกลของระยะทางฮัมมิง ความสัมพันธ์ในลักษณะเช่นนี้ทำให้สรุปได้ว่าปัญหาฟังก์ชัน multimodal ที่ใช้ในการทดลองจัดอยู่ในกลุ่มปัญหายาก ซึ่งฟังก์ชันความเหมาะสมไม่สามารถชี้แนะทิศทางในการวิวัฒนาการคำตอบได้

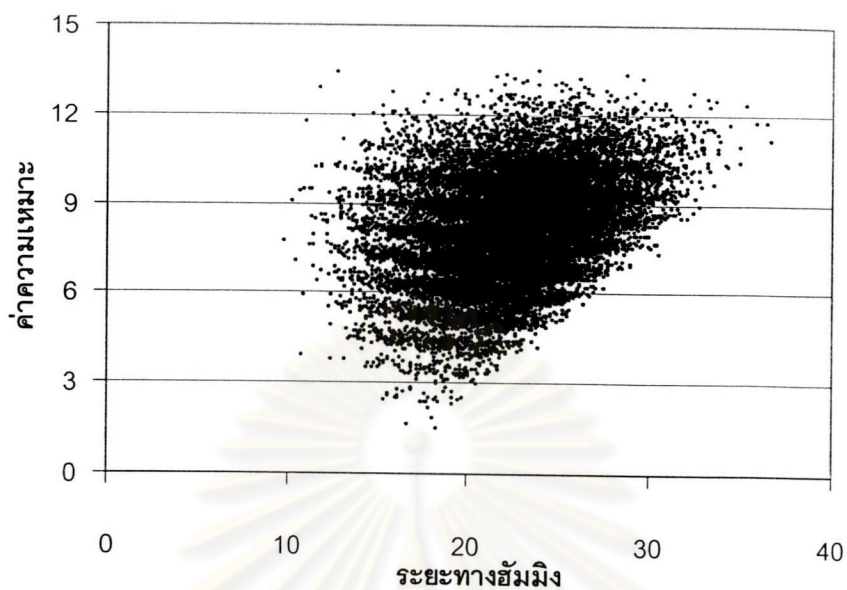
สำหรับปัญหา royal road (รูปที่ 4.7 และ 4.8) กราฟความสัมพันธ์ระหว่างค่าความเหมาะสมและระยะทางฮัมมิงแสดงให้เห็นถึงความไม่ต่อเนื่องของค่าความเหมาะสมอย่างชัดเจนซึ่งเป็นลักษณะเด่นของปัญหา royal road ค่าความเหมาะสมที่พบในกราฟมีเพียง 3 ค่าคือ 0 8 และ 16 โดย

ปราศจากค่าที่อยู่ระหว่างช่วง ความไม่ต่อเนื่องของค่าความเหมาะสมนี้ทำให้ปัญหา royal road เป็น ปัญหาที่มีความยากสำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยเฉพาะในกรณีที่โครโมโซมมีความยาว มากๆ หนึ่งกราฟในรูปที่ 4.7 และ 4.8 มีลักษณะที่ไม่แตกต่างกัน อันเป็นผลมาจากการวาดกราฟ จากตัวแทนของหน่วยชีวิตที่สร้างขึ้นจำนวน 30,000 หน่วยยังไม่สามารถแยกความแตกต่างของ ปัญหา royal road ทั้งสองได้

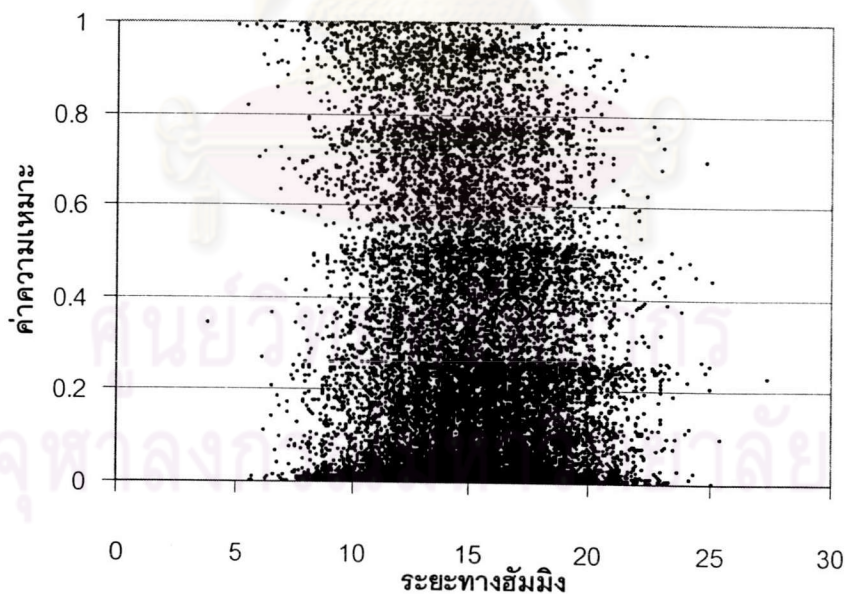


รูปที่ 4.1 ความสัมพันธ์ระหว่างค่าความเหมาะสมและระยะทางจากจุดที่ดีที่สุดสำหรับปัญหา  
one-max

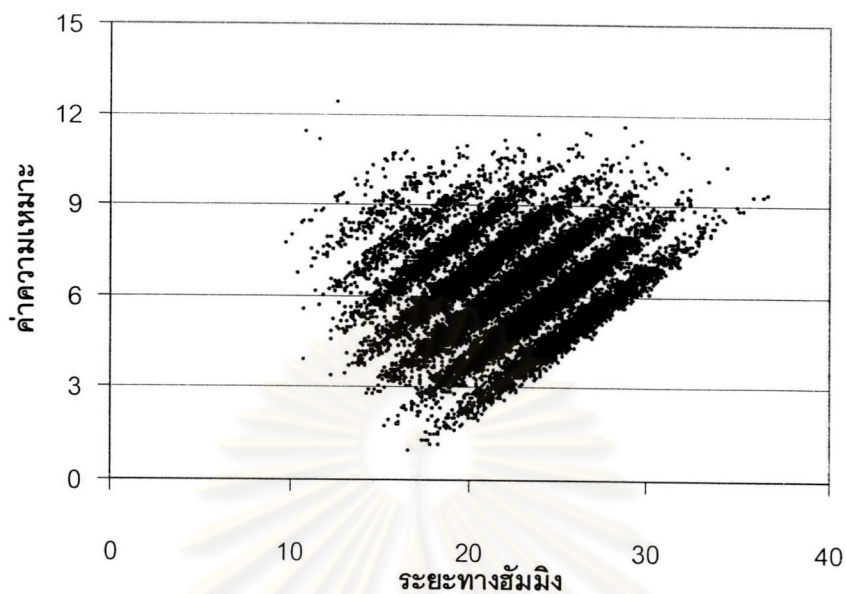
ศูนย์วิทยทรัพยากร  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



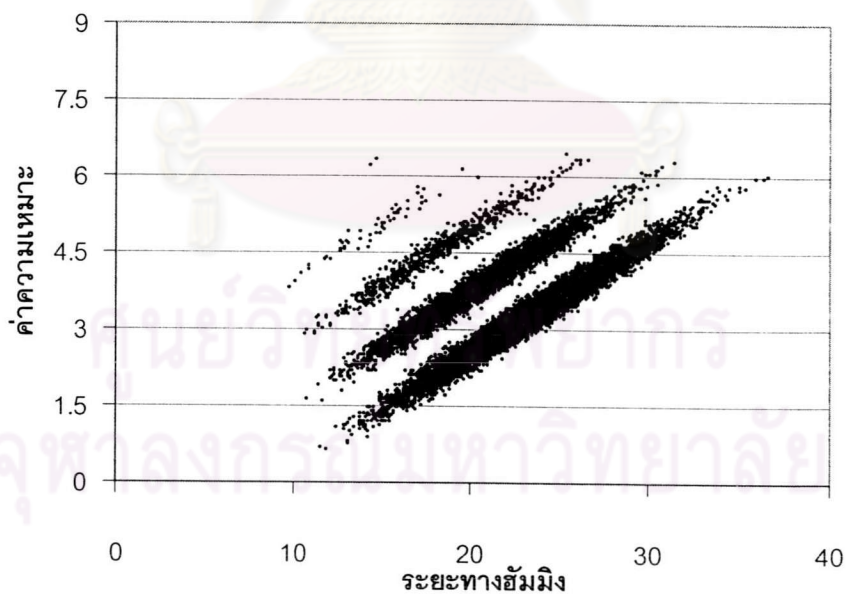
รูปที่ 4.2 ความสัมพันธ์ระหว่างค่าความเหมาะสมและระยะทางจากจุดที่ดีที่สุดสำหรับปัญหาฟังก์ชัน  
*deceptive*



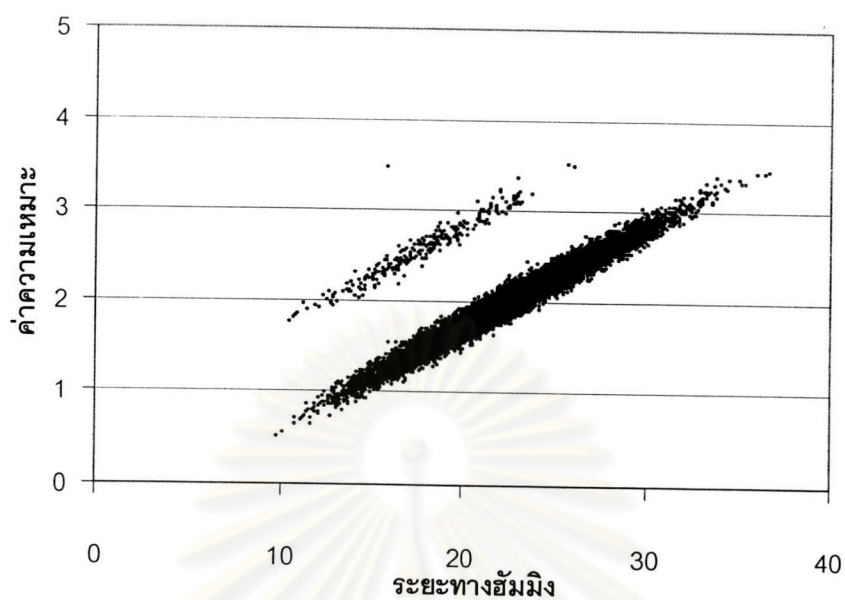
รูปที่ 4.3 ความสัมพันธ์ระหว่างค่าความเหมาะสมและระยะทางจากจุดที่ดีที่สุดสำหรับปัญหาฟังก์ชัน  
*multimodal*



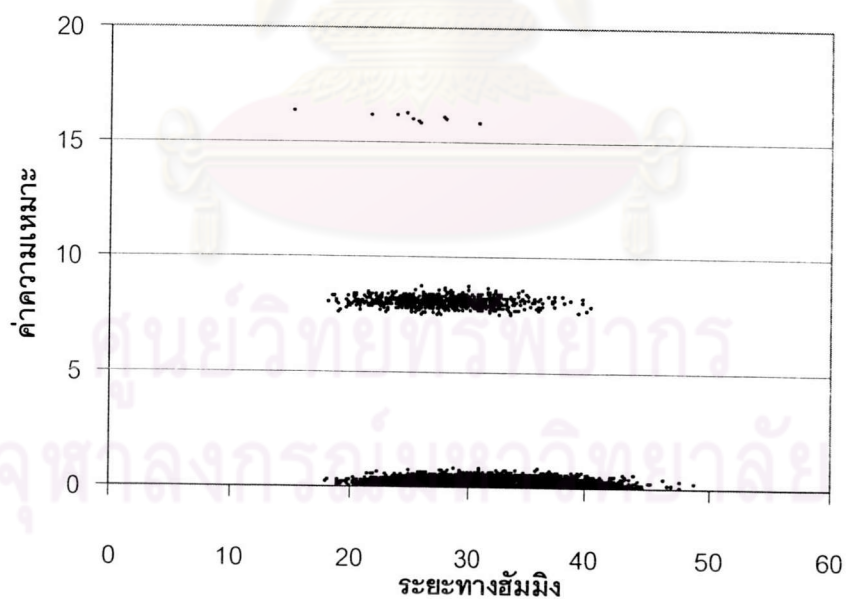
รูปที่ 4.4 ความสัมพันธ์ระหว่างค่าความเหมาะสมและระยะทางจากจุดที่ดีที่สุดสำหรับปัญหาฟังก์ชัน  
3bit-deceptive



รูปที่ 4.5 ความสัมพันธ์ระหว่างค่าความเหมาะสมและระยะทางจากจุดที่ดีที่สุดสำหรับปัญหาฟังก์ชัน  
5bit-deceptive

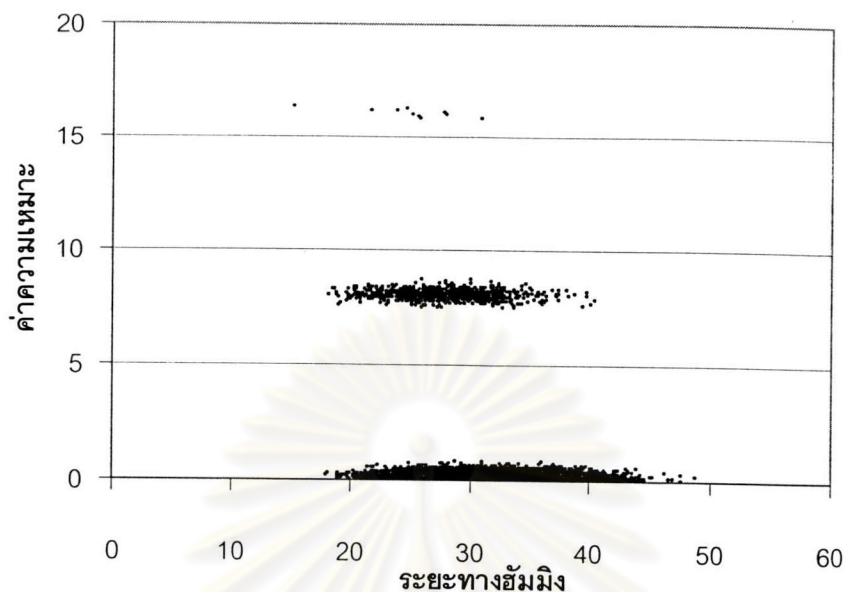


รูปที่ 4.6 ความสัมพันธ์ระหว่างค่าความเหมาะสมและระยะทางจากจุดที่ดีที่สุดสำหรับปัญหาฟังก์ชัน  
9bit-deceptive



รูปที่ 4.7 ความสัมพันธ์ระหว่างค่าความเหมาะสมและระยะทางจากจุดที่ดีที่สุดสำหรับปัญหา royal  
road R1





รูปที่ 4.8 ความสัมพันธ์ระหว่างค่าความเหมาะสมและระยะทางจากจุดที่ดีที่สุดสำหรับปัญหา royal road R2

## 4.2 ปัญหาที่ใช้ในการทดลอง

ปัญหาที่ใช้ในการทดลองได้แก่ปัญหา one-max ปัญหาฟังก์ชัน deceptive และปัญหาฟังก์ชัน multimodal ซึ่งทั้ง 3 ปัญหาเป็นปัญหาที่นิยมใช้ในการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยรายละเอียดของแต่ละปัญหาที่ใช้ในการทดลองมีดังนี้

### 4.2.1 ปัญหา one-max

ปัญหา one-max เป็นปัญหาพื้นฐานที่ง่ายและนิยมใช้ในการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม จุดประสงค์ของปัญหาคือการวิวัฒนาการหน่วยชีวิตให้ทุกๆ บิตในโครโมโซมมีค่า "1" การประเมินค่าความเหมาะสมของปัญหานี้มีลักษณะที่ตรงไปตรงมา โดยจำนวนบิต "1" ในโครโมโซมของแต่ละหน่วยชีวิตถูกกำหนดให้เป็นค่าความเหมาะสมของหน่วยชีวิตนั้น ในการทดลองจะใช้ปัญหา one-max ขนาด 45 บิต ซึ่งมีความง่ายเหมาะสมในการเปรียบเทียบกับปัญหาที่เหลือทั้งสอง และในการเก็บสถิติของการทดลอง (หากใช้จำนวนบิตน้อยจนเกินไปจะทำให้ปัญหามีความง่ายเกินไป โดยอาจสามารถหาคำตอบได้ตั้งแต่ในขั้นตอนการสุ่มสร้าง

ประชากรเริ่มต้นโดยยังไม่ได้ผ่านกระบวนการวิวัฒนาการคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ค่าทางสถิติที่เก็บได้จึงไม่บ่งบอกถึงประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแต่อย่างใด) งานวิจัยที่มีการใช้ปัญหา one-max ได้แก่งานวิจัย [21,22]

#### 4.2.2 ปัญหาฟังก์ชัน deceptive

ปัญหาฟังก์ชัน deceptive เป็นปัญหาที่ยากสำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ฟังก์ชันความเหมาะสมของปัญหานี้ไม่ได้ชักนำ (guide) กระบวนการวิวัฒนาการไปยังทิศทางที่ถูกต้อง ปัญหาฟังก์ชัน deceptive อันดับ 3 (order-3 deceptive function) ได้ถูกใช้ในการทดลอง (เพื่อให้สามารถเปรียบเทียบผลการทดลองกับงานวิจัยอื่น ๆ ซึ่งนิยมใช้ปัญหาฟังก์ชัน deceptive อันดับ 3 ในการทดลองได้) ค่าความเหมาะสมของแต่ละสตริงของเลขฐาน 2 ขนาด 3 บิต แสดงดังสมการ

$$f(x) = \begin{cases} 0.9 & \text{if } |x|=0 \\ 0.8 & \text{if } |x|=1 \\ 0 & \text{if } |x|=2 \\ 1 & \text{if } |x|=3 \end{cases} \quad (4.3)$$

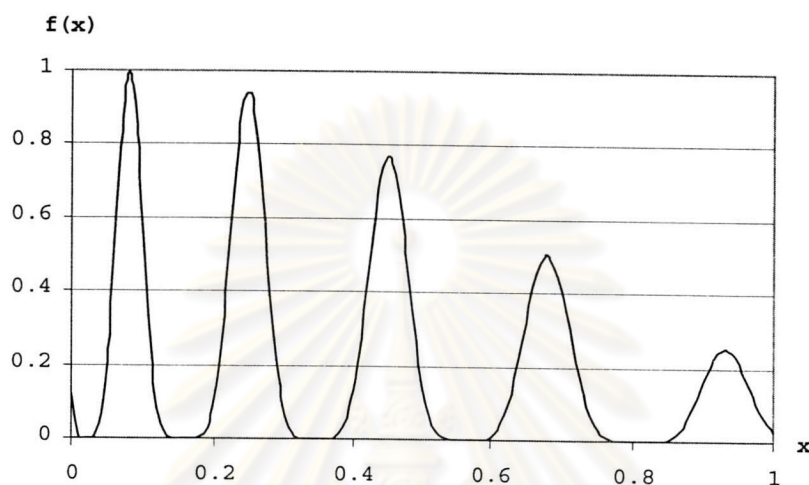
เมื่อ  $x$  แทนสตริงของเลขฐาน 2 ขนาด 3 บิตและ  $|x|$  แทนจำนวนบิตที่มีค่าเป็น "1" ในสตริง  $x$  ปัญหาฟังก์ชัน deceptive ที่ใช้ประกอบไปด้วยสตริงของเลขฐาน 2 ขนาด 3 บิตจำนวน 15 ท่อน ซึ่งทำให้ความยาวของโครโมโซมมีขนาดทั้งสิ้น 45 บิต ค่าความเหมาะสมของปัญหานี้คือผลรวมของค่าความเหมาะสมในแต่ละท่อนโดยค่าสูงสุดของค่าความเหมาะสมเท่ากับ 15 ซึ่งเกิดเมื่อทุกๆบิตในโครโมโซมมีค่าเป็น "1" งานวิจัยที่มีการใช้ปัญหาฟังก์ชัน deceptive ได้แก่งานวิจัย [10,22-23,32-36]

#### 4.2.3 ปัญหาฟังก์ชัน multimodal

ปัญหา multimodal เป็นปัญหาที่ประกอบไปด้วยบริเวณที่ดีที่สุดหลายบริเวณ ด้วยเหตุนี้จึงเป็นการยากที่กระบวนการวิวัฒนาการจะสามารถค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดที่แท้จริงได้ ฟังก์ชัน multimodal ที่ใช้ในการทดลองได้นำมาจาก [37] ซึ่งเป็นฟังก์ชันที่ประกอบไปด้วยบริเวณที่ดีที่สุด 5 บริเวณโดยสร้างขึ้นจากสมการ

$$f(x) = e^{-2(\ln 2) \left( \frac{x-0.08}{0.854} \right)^2} \sin^6 [5\pi(x^{3/4} - 0.05)] \quad \text{เมื่อ } 0 \leq x \leq 1 \quad (4.4)$$

กราฟแสดงลักษณะของฟังก์ชันแสดงดังรูปที่ 4.9 ในการทดลองค่าจริง (real value)  $x$  จะถูกเข้ารหัสในโครโมโซมขนาด 30 บิต เป้าหมายของปัญหานี้คือการวิวัฒนาการหน่วยชีวิตซึ่งสามารถให้ค่าของฟังก์ชัน  $f$  มากที่สุดโดยจุดที่ดีที่สุดของฟังก์ชันอยู่ที่บริเวณ  $x = 0.08$  โดยประมาณ งานวิจัยที่มีการใช้ปัญหาฟังก์ชัน multimodal ได้แก่งานวิจัย [10,16,23-31]



รูปที่ 4.9 กราฟแสดงลักษณะของฟังก์ชัน multimodal

#### 4.3 พารามิเตอร์ที่ใช้ในการทดลอง

พารามิเตอร์ต่างๆที่ใช้ในการทดลองแสดงในตารางที่ 4.2 ในการทดลองไม่มีการใช้กระบวนการ elitism ประชากรของหน่วยชีวิตทั้งหมดจึงถูกสร้างจากตัวปฏิบัติการใหม่เปลี่ยน ไม่มีการใช้ตัวปฏิบัติการภายในการทดลอง ฟังก์ชันความแตกต่างที่ใช้ในการทดลองเป็นฟังก์ชันเชิงกำลังอย่างง่ายตามที่แสดงในสมการที่ 3.2 หัวข้อที่ 3.1

ศูนย์วิจัยทรัพยากร  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ตารางที่ 4.2 พารามิเตอร์ที่ใช้ในการทดลอง

จำนวนประชากรของหน่วยชีวิต	400
จำนวนระดับโหนด	4 ( $\tau = 0 - 3$ )
ขนาดของทัวร์นาเมนต์	3
ความยาวของโครโมโซม	- 45 บิตสำหรับปัญหา one-max และปัญหาฟังก์ชัน deceptive - 30 บิตสำหรับปัญหาฟังก์ชัน multimodal
จำนวนรุ่นมากที่สุดของการทดลอง	200
จำนวนครั้งในการทดลองซ้ำ	500
ค่าความเชื่อมั่นในการคำนวณค่าความเพียรพยายามเชิงคำนวณ ( $z$ )	99%

#### 4.4 ผลการทดลอง

จุดประสงค์ของการทดลองเพื่อพิจารณาถึงคุณสมบัติ 2 ประการของระบบที่ออกแบบ ได้แก่ ประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาและพฤติกรรมในการปรับตัว (adaptive behavior) ประสิทธิภาพของระบบที่ออกแบบจะถูกเปรียบเทียบกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบไม่ปรับตัวซึ่งในที่นี้หมายถึงขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้กระบวนการของการจับคู่แบบโหนดเพียงค่าระดับโหนดเพียงค่าเดียวตลอดการทำงาน ดังได้กล่าวในหัวข้อที่ 3.1 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้กระบวนการของการจับคู่แบบโหนดเพียงค่าระดับโหนดเพียงค่าที่ระดับ 0 มีความสมมูลกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ

##### 4.4.1 ผลการทดลองเปรียบเทียบประสิทธิภาพการแก้ปัญหา

ตารางที่ 4.3 ถึง 4.5 แสดงผลการทดลองเปรียบเทียบประสิทธิภาพการแก้ปัญหาของปัญหา one-max ปัญหาฟังก์ชัน deceptive และปัญหาฟังก์ชัน multimodal ตามลำดับ ผลการทดลองแสดงให้เห็นถึงความมีประสิทธิภาพที่ดีของระบบที่ออกแบบเมื่อเปรียบเทียบกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบไม่ปรับตัว ดังเห็นได้จากค่าความเพียรพยายามเชิงคำนวณของระบบที่ออกแบบ

มีค่าใกล้เคียงกับค่าความเพียรพยายามเชิงคำนวณที่ต่ำที่สุดของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบไม่ปรับตัว

ตารางที่ 4.3 ประสิทธิภาพการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมระบบต่างๆสำหรับปัญหา *one-max*

ระบบ	จำนวนการทดลองที่ประสบผลสำเร็จ	จำนวนรุ่นเฉลี่ยที่ใช้ในการหาคำตอบ	รุ่นที่ดีที่สุด ( $I^*$ )	ความเพียรพยายามเชิงคำนวณ
$\tau = 0$	500	11.44	14	6,000
$\tau = 1$	500	11.64	14	6,000
$\tau = 2$	500	15.93	21	8,800
$\tau = 3$	500	19.40	25	10,400
ระบบที่ออกแบบ	500	13.01	16	6,800

ตารางที่ 4.4 ประสิทธิภาพการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมระบบต่างๆสำหรับปัญหา ฟังก์ชัน *deceptive*

ระบบ	จำนวนการทดลองที่ประสบผลสำเร็จ	จำนวนรุ่นเฉลี่ยที่ใช้ในการหาคำตอบ	รุ่นที่ดีที่สุด ( $I^*$ )	ความเพียรพยายามเชิงคำนวณ
$\tau = 0$	265	18.69	22	64,400
$\tau = 1$	475	25.80	32	26,400
$\tau = 2$	486	30.94	39	32,000
$\tau = 3$	495	33.88	53	21,600
ระบบที่ออกแบบ	472	23.96	30	24,800

ตารางที่ 4.5 ประสิทธิภาพการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมระบบต่างๆสำหรับปัญหาฟังก์ชัน multimodal

ระบบ	จำนวนการทดลองที่ประสบความสำเร็จ	จำนวนรุ่นเฉลี่ยที่ใช้ในการหาคำตอบ	รุ่นที่ดีที่สุด ( $I^*$ )	ความเพียรพยายามเชิงคำนวณ
$\tau = 0$	140	20.26	26	172,800
$\tau = 1$	492	35.40	48	39,200
$\tau = 2$	497	36.23	63	25,600
$\tau = 3$	497	36.57	63	25,600
ระบบที่ออกแบบ	484	27.66	37	30,400

#### 4.4.2 ผลการทดลองพฤติกรรมในการปรับตัว

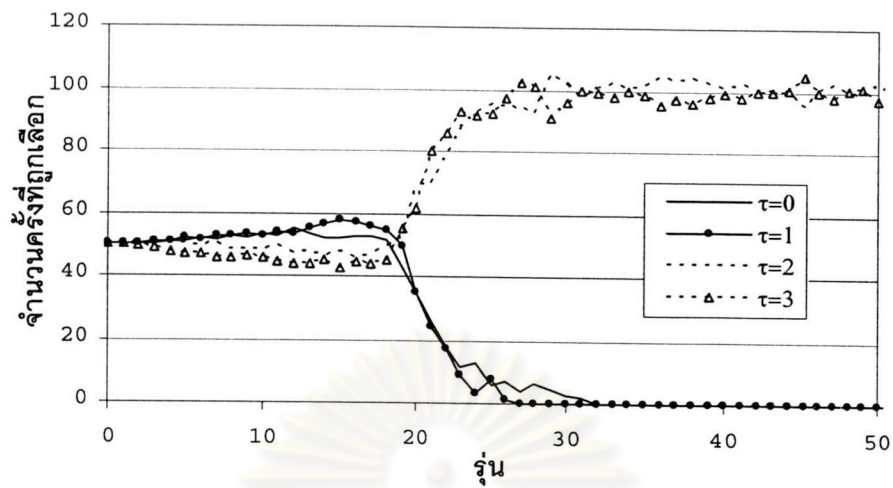
รูปที่ 4.10 ถึง 4.12 แสดงพฤติกรรมของการปรับตัวของระบบที่ออกแบบโดยแสดงถึงจำนวนระดับโหนดที่ถูกคัดเลือกในกระบวนการไขว้เปลี่ยน เพื่อความชัดเจนในการนำเสนอจึงแสดงข้อมูลเฉพาะ 50 รุ่นแรกของการทำงานโดยเฉลี่ยจากการทำการทดลองซ้ำ 500 ครั้ง

สำหรับปัญหา one-max ผลการทดลองแสดงการปรับตัวไปยังทิศทางความหลากหลายของประชากรต่ำ ค่าเฉลี่ยของจำนวนรุ่นที่ใช้ในการหาคำตอบของปัญหานี้เท่ากับ 13.01 รุ่น โดยในช่วงรุ่นนี้กราฟแสดงให้เห็นว่าระดับโหนดต่ำซึ่งคือระดับโหนด 0 และ 1 มีการถูกใช้งานที่มากกว่า อย่างไรก็ตามหลังจากที่พบคำตอบของปัญหา ระดับโหนด 0 และ 1 ค่อยๆลดความสามารถในการสร้างคำตอบที่ดียิ่งขึ้นจนในที่สุดไม่สามารถสร้างหน่วยชีวิตที่มีคุณภาพดีขึ้นได้อีกต่อไป (ไม่มีการสร้างประโยชน์) การใช้งานระดับโหนดทั้งสองจึงลดลงเป็นลำดับ

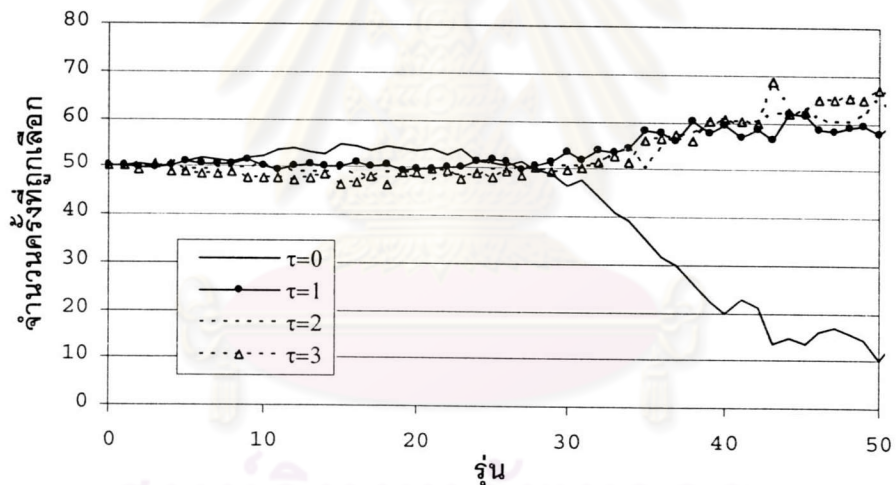
สำหรับปัญหาฟังก์ชัน deceptive ซึ่งเป็นปัญหาที่มีความยากสูงชัน ระดับโหนด 0 มีสัดส่วนมากที่สุดในช่วงเริ่มต้นแต่ค่อยๆลดสัดส่วนลงเมื่อระบบพบว่าต้องการความหลากหลายของประชากรที่สูงเพื่อพัฒนาคำตอบที่ดียิ่งขึ้น

สำหรับปัญหาฟังก์ชัน multimodal ซึ่งเป็นปัญหาที่ยากที่สุดในการทดลอง กราฟแสดงให้เห็นการปรับตัวไปยังทิศทางความหลากหลายของประชากรสูงอย่างชัดเจน โดยระดับโหนด 0 ถูกลดการใช้งานอย่างต่อเนื่องตั้งแต่วรุ่นแรกๆของการทำงาน

รูปที่ 4.13 ถึง 4.15 แสดงการเปรียบเทียบความหลากหลายของประชากรระหว่างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบไม่ปรับตัวและระบบที่ออกแบบ

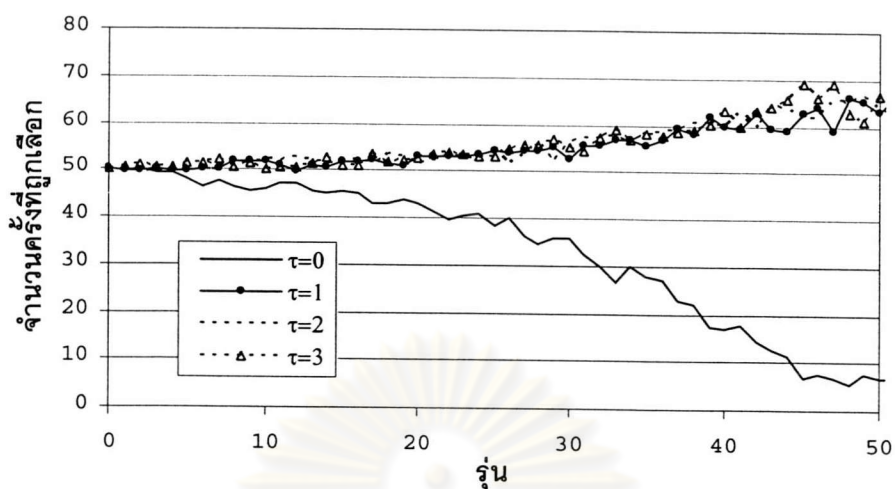


รูปที่ 4.10 จำนวนครั้งที่ถูกเลือกของแต่ละระดับอินเอียงสำหรับปัญหา one-max

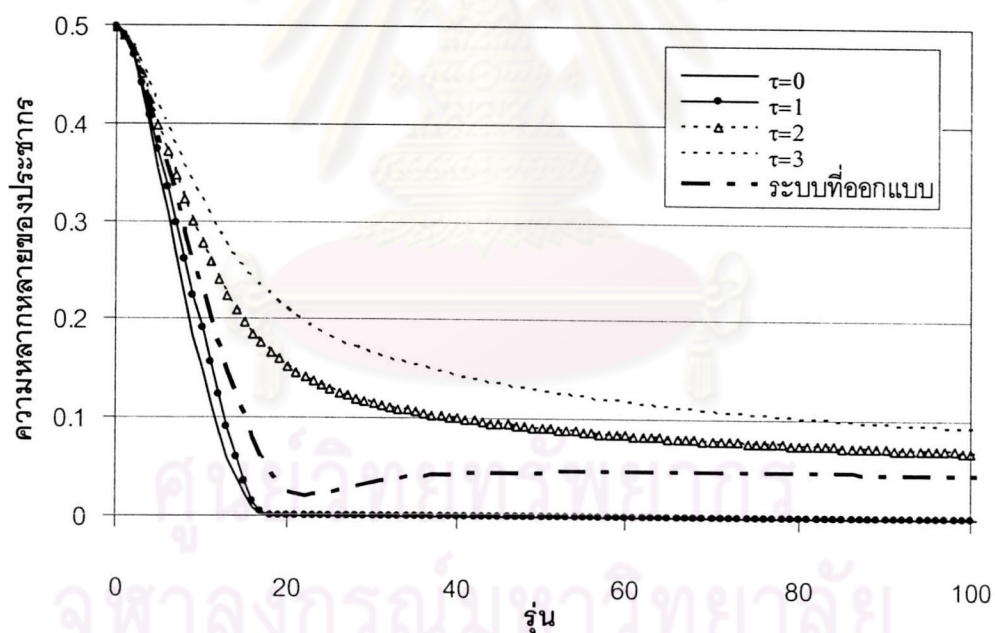


รูปที่ 4.11 จำนวนครั้งที่ถูกเลือกของแต่ละระดับอินเอียงสำหรับปัญหาฟังก์ชัน deceptive

ศูนย์วิทยพัทพยากร  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

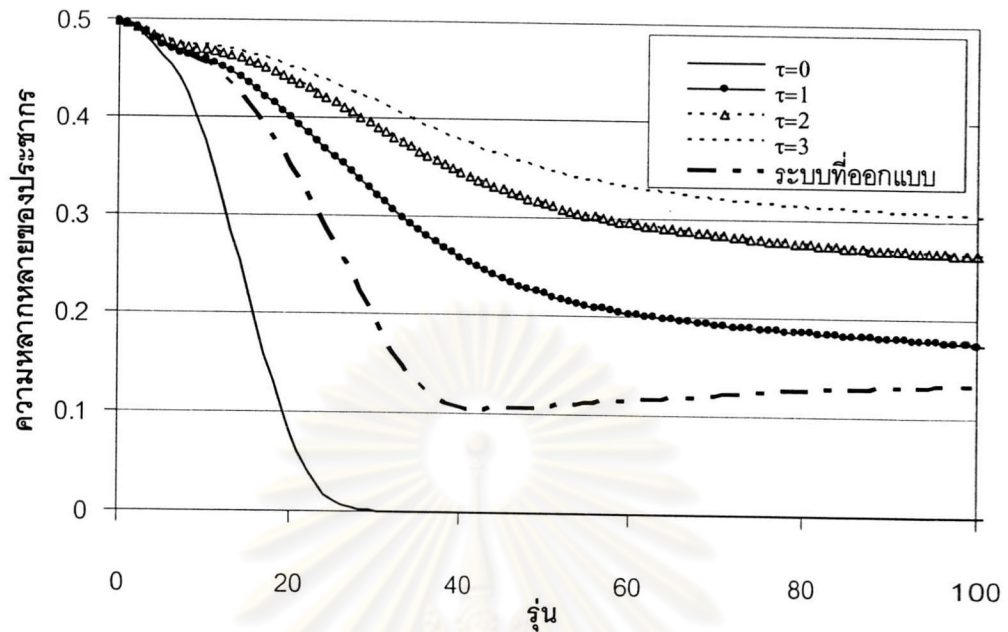


รูปที่ 4.12 จำนวนครั้งที่ถูกเลือกของแต่ละระดับอินเอียงสำหรับปัญหาฟังก์ชัน multimodal

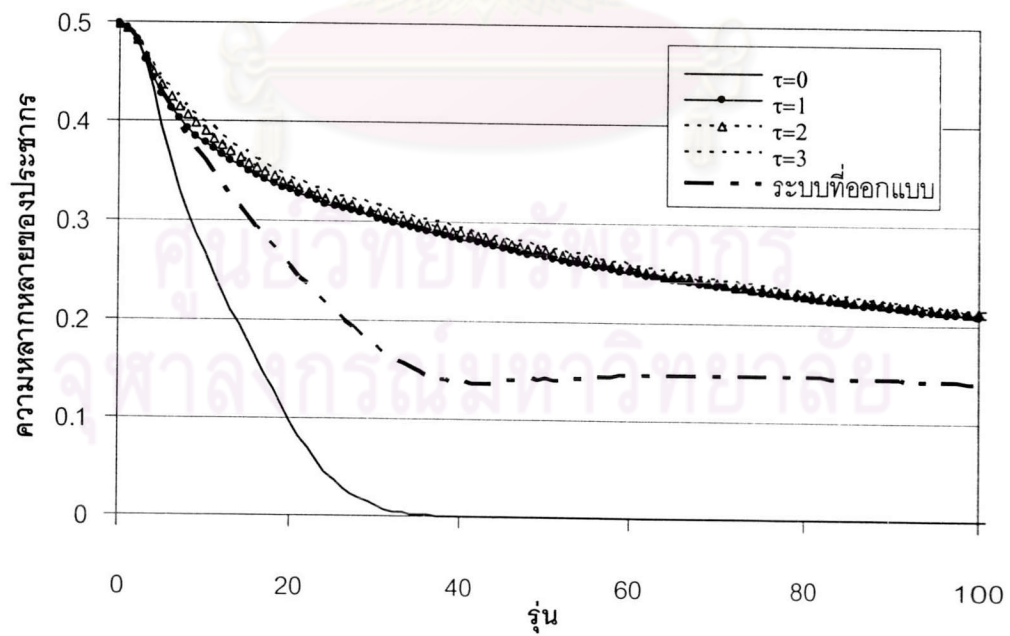


รูปที่ 4.13 ความหลากหลายของประชากรระหว่างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบไม่ปรับตัวและระบบที่ออกแบบสำหรับปัญหา one-max





รูปที่ 4.14 ความหลากหลายของประชากรระหว่างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบไม่ปรับตัวและระบบที่ออกแบบสำหรับปัญหาฟังก์ชัน *deceptive*



รูปที่ 4.15 ความหลากหลายของประชากรระหว่างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบไม่ปรับตัวและระบบที่ออกแบบสำหรับปัญหาฟังก์ชัน *multimodal*

#### 4.5 การทดลองเพิ่มเติมกับปัญหาฟังก์ชัน deceptive

เพื่อเป็นการทดสอบประสิทธิภาพระบบที่นำเสนอเพิ่มเติม จึงได้ทำการทดลองการใช้การค้นหาคความหลากหลายของประชากรโดยใช้การสร้างประโยชน์ในการแก้ปัญหาฟังก์ชัน deceptive ใหม่ 3 ฟังก์ชัน โดยมีที่มาจากงานวิจัย [54] ค่าความเหมาะสมของฟังก์ชันสามารถคำนวณได้จากสมการ

$$f_k(x) = \begin{cases} 1, & \text{if } |x| = k \\ 0.9 - |x| \frac{0.9}{k-1}, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (4.5)$$

เมื่อ  $x$  แทนสตริงของเลขฐาน 2 ขนาด  $k$  บิตและ  $|x|$  แทนจำนวนบิตที่มีค่าเป็น "1" ในสตริง  $x$  โดยปัญหาฟังก์ชัน deceptive ใหม่ที่ใช้ประกอบไปด้วย สตริงของเลขฐาน 2 ขนาด 3 บิตจำนวน 15 ท่อน(3bit-deceptive) สตริงของเลขฐาน 2 ขนาด 5 บิตจำนวน 9 ท่อน(5bit-deceptive) และสตริงของเลขฐาน 2 ขนาด 9 บิตจำนวน 5 ท่อน(9bit-deceptive) ซึ่งทำให้ความยาวของโครโมโซมของทั้ง 3 ปัญหาที่มีขนาดทั้งสิ้น 45 บิตเท่ากัน ค่าความเหมาะสมของปัญหาสามารถคำนวณได้จากผลรวมของค่าความเหมาะสมในแต่ละท่อนโดยค่าสูงของค่าความเหมาะสมจะเกิดขึ้นเมื่อทุกๆบิตในโครโมโซมมีค่าเป็น "1"

ผลการทดลองของปัญหาฟังก์ชัน deceptive ใหม่แสดงดังตารางที่ 4.6 ถึง 4.8 และรูปที่ 4.16 ถึง 4.18 ซึ่งพบว่าระบบที่ออกแบบยังคงมีประสิทธิภาพที่ดีในการแก้ปัญหา ดังเห็นได้จากค่าความเพียรพยายามเชิงคำนวณของระบบที่ออกแบบมีค่าใกล้เคียงกับค่าความเพียรพยายามเชิงคำนวณที่ต่ำที่สุดของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบไม่ปรับตัว

ข้อสังเกตหนึ่งที่ได้จากการทดลองนี้คืออัตราการถูกเลือกเพื่อใช้งานของระดับอินเอียง 0 จะมีมากที่สุดในช่วงแรกแต่จะมีแนวโน้มลดลงสัดส่วนลงเมื่อเวลาผ่านไป การลดลงสัดส่วนลงมีแนวโน้มเร็วขึ้นเมื่อปัญหาที่มีความยากขึ้น ทั้งนี้เนื่องจากระดับอินเอียง 0 ถึงขีดจำกัดในการสร้างหน่วยชีวิตที่ดียิ่งขึ้นอย่างรวดเร็วสำหรับปัญหาที่ยากและต้องการความหลากหลายของประชากรสูง

ตารางที่ 4.6 ประสิทธิภาพการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมระบบต่างๆสำหรับปัญหาฟังก์ชัน 3bit-deceptive

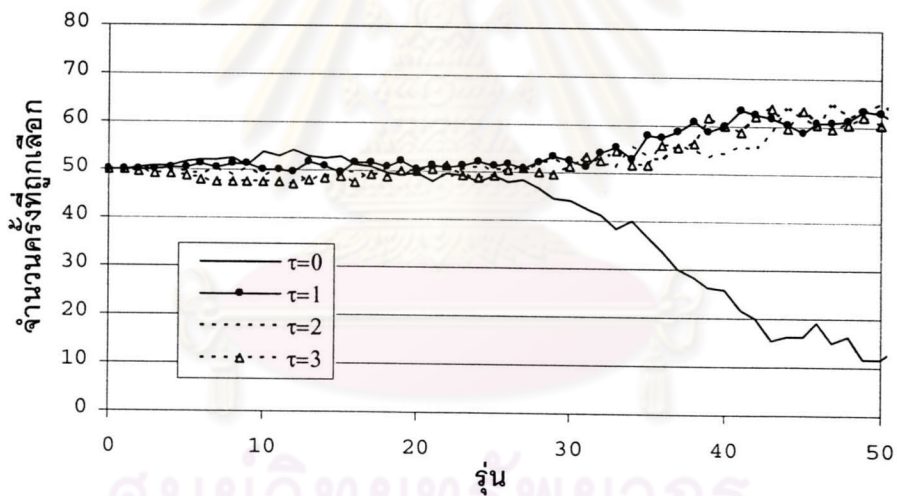
ระบบ	จำนวนการทดลองที่ประสบผลสำเร็จ	จำนวนรุ่นเฉลี่ยที่ใช้ในการหาคำตอบ	รุ่นที่ดีที่สุด ( $I^*$ )	ความเพียรพยายามเชิงคำนวณ
$\tau = 0$	285	18.06	22	55,200
$\tau = 1$	476	23.63	32	26,400
$\tau = 2$	489	28.03	38	31,200
$\tau = 3$	493	30.83	41	33,600
ระบบที่ออกแบบ	473	22.82	30	24,800

ตารางที่ 4.7 ประสิทธิภาพการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมระบบต่างๆสำหรับปัญหาฟังก์ชัน 5bit-deceptive

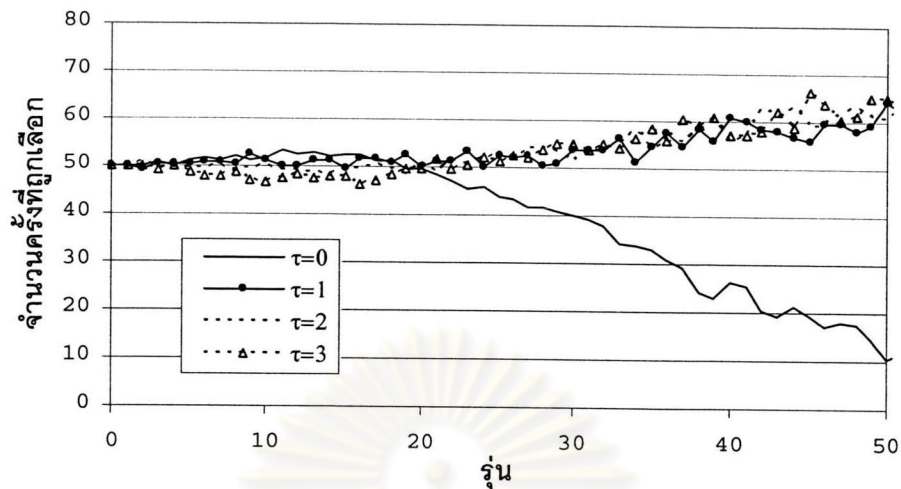
ระบบ	จำนวนการทดลองที่ประสบผลสำเร็จ	จำนวนรุ่นเฉลี่ยที่ใช้ในการหาคำตอบ	รุ่นที่ดีที่สุด ( $I^*$ )	ความเพียรพยายามเชิงคำนวณ
$\tau = 0$	102	19.11	25	218,400
$\tau = 1$	313	23.33	28	69,600
$\tau = 2$	381	26.58	34	56,000
$\tau = 3$	402	28.74	44	54,000
ระบบที่ออกแบบ	295	23.81	30	74,400

ตารางที่ 4.8 ประสิทธิภาพการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมระบบต่างๆสำหรับปัญหาฟังก์ชัน 9bit-deceptive

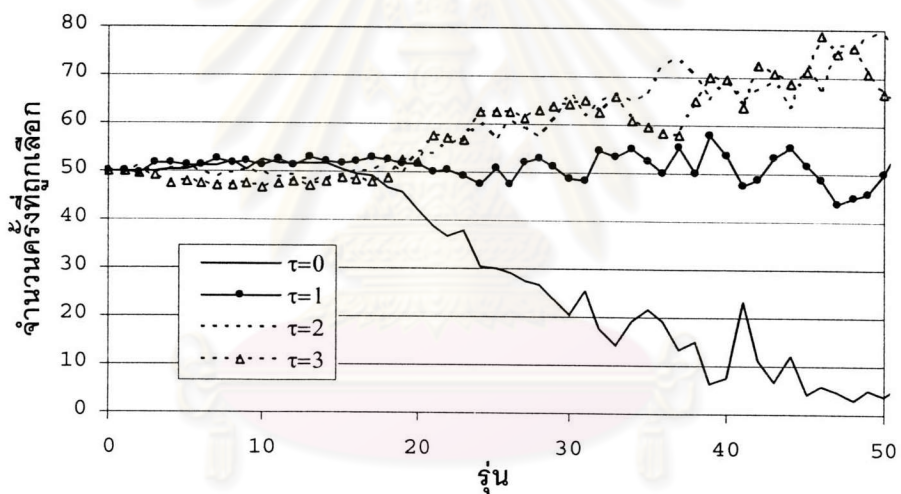
ระบบ	จำนวนการทดลองที่ประสบผลสำเร็จ	จำนวนรุ่นเฉลี่ยที่ใช้ในการหาคำตอบ	รุ่นที่ดีที่สุด ( $I^*$ )	ความเพียรพยายามเชิงคำนวณ
$\tau = 0$	1	13.00	13	12,885,600
$\tau = 1$	3	18.00	22	7,047,200
$\tau = 2$	5	19.20	23	4,406,400
$\tau = 3$	5	23.20	29	5,508,000
ระบบที่ออกแบบ	5	20.00	25	4,773,600



รูปที่ 4.16 จำนวนครั้งที่ถูกเลือกของแต่ละระดับอินเอียงสำหรับปัญหาฟังก์ชัน 3bit-deceptive



รูปที่ 4.17 จำนวนครั้งที่ถูกเลือกของแต่ละระดับโหนดเชิงสำหรับปัญหาฟังก์ชัน 5bit-deceptive



รูปที่ 4.18 จำนวนครั้งที่ถูกเลือกของแต่ละระดับโหนดเชิงสำหรับปัญหาฟังก์ชัน 9bit-deceptive

#### 4.6 การทดลองเพิ่มเติมกับปัญหา royal road

ปัญหา royal road เป็นปัญหาหนึ่งที่น่าสนใจในการวิจัยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ค่าความเหมาะสมของปัญหานี้สามารถตรวจวัดได้ผลรวมของคะแนนที่ได้จากการเทียบเคียงกับรูปแบบของสตริงของเลขฐานสองในแต่ละกรณีดังแสดงในตารางที่ 4.9 โดยเครื่องหมาย "\*" ที่ปรากฏในตารางแทนบิตที่ไม่สนใจ (don't care) ซึ่งสามารถเป็นบิตที่มีค่า "0" หรือ "1" ก็ได้

ปัญหา royal road ที่นำมาทดสอบประกอบไปด้วยปัญหา royal road R1 และ royal road R2 ความแตกต่างของทั้ง 2 ปัญหาคือจำนวนกรณีที่ใช้คำนวณค่าความเหมาะสม โดยปัญหา



ตารางที่ 4.10 ประสิทธิภาพการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมระบบต่างๆสำหรับปัญหา

royal road R1

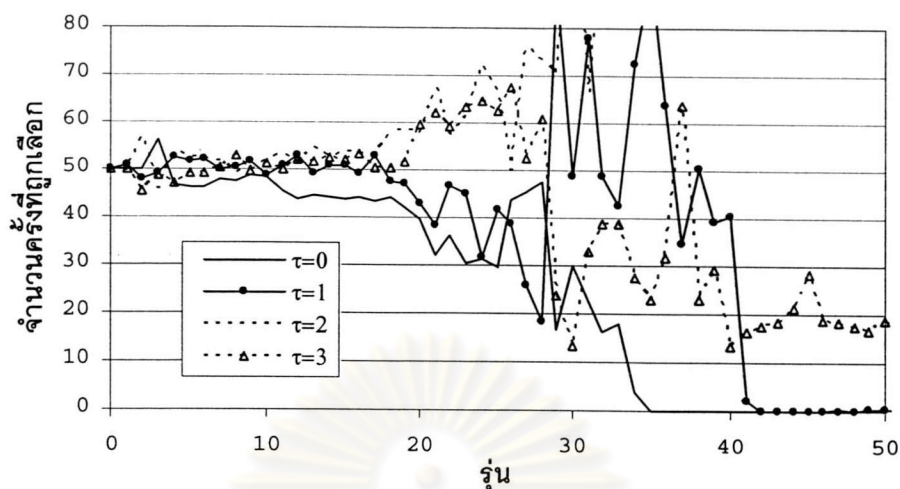
ระบบ	จำนวนการทดลองที่ประสบผลสำเร็จ	จำนวนรุ่นเฉลี่ยที่ใช้ในการหาคำตอบ	รุ่นที่ดีที่สุด ( $I^*$ )	ความเพียรพยายามเชิงคำนวณ
$\tau = 0$	152	23.84	19	152,000
$\tau = 1$	392	38.36	43	105,600
$\tau = 2$	462	41.64	53	86,400
$\tau = 3$	479	44.66	74	90,000
ระบบที่ออกแบบ	436	42.56	61	99,200

ตารางที่ 4.11 ประสิทธิภาพการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมระบบต่างๆสำหรับปัญหา

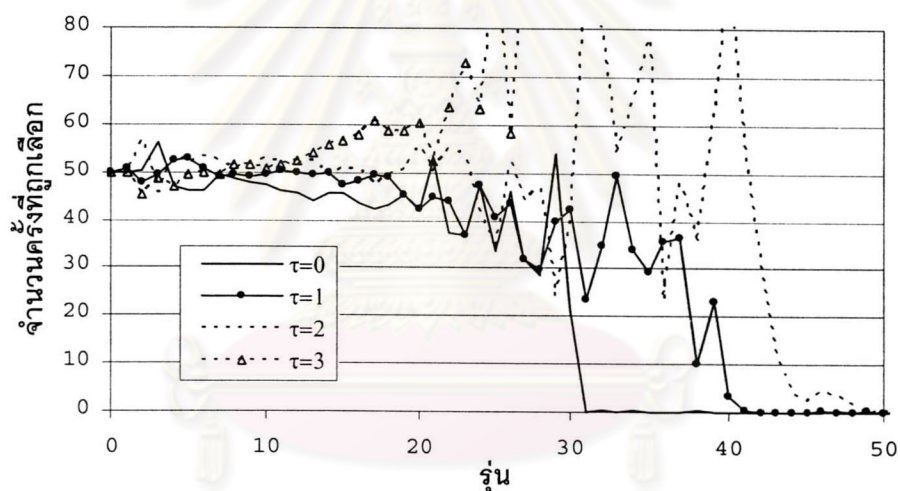
royal road R2

ระบบ	จำนวนการทดลองที่ประสบผลสำเร็จ	จำนวนรุ่นเฉลี่ยที่ใช้ในการหาคำตอบ	รุ่นที่ดีที่สุด ( $I^*$ )	ความเพียรพยายามเชิงคำนวณ
$\tau = 0$	144	24.27	19	168,000
$\tau = 1$	421	44.93	68	110,400
$\tau = 2$	446	43.78	82	99,600
$\tau = 3$	479	44.87	54	88,000
ระบบที่ออกแบบ	439	44.73	64	104,000

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



รูปที่ 4.19 จำนวนครั้งที่ถูกเลือกของแต่ละระดับโหนดเอียงสำหรับปัญหา royal road R1



รูปที่ 4.20 จำนวนครั้งที่ถูกเลือกของแต่ละระดับโหนดเอียงสำหรับปัญหา royal road R2

#### 4.7 การเปรียบเทียบประสิทธิภาพกับงานวิจัยอื่น

ในหัวข้อนี้จะทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของระบบที่ออกแบบกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้กลไกของการรักษาความหลากหลายของประชากร 2 วิธีได้แก่ การเปรียบเทียบประสิทธิภาพของระบบที่ออกแบบกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การแบ่ง และการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของระบบที่ออกแบบกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนด โดยในแต่ละวิธีจะทำการทดลองโดยใช้การคัดเลือก 3 แบบคือการคัดเลือกแบบสัดส่วน การคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์ และการคัดเลือกแบบ sus (stochastic universal sampling) [55] โดยทำการ



คำนวณค่าความเพียรพยายามเชิงคำนวณในแต่ละการทดลองจากสถิติซึ่งได้จากการทดลองซ้ำ 50 ครั้ง

ในการคัดเลือกแบบ sus ประชากรของหน่วยชีวิตจะถูกจัดให้อยู่ในรูปแบบของส่วนของเส้นตรงที่เชื่อมติดกันเป็นเส้นตรงที่มีความยาว 1 หน่วย ขนาดของส่วนของเส้นตรงแต่ละส่วนเป็นสัดส่วนตรงกับค่าความเหมาะสมของหน่วยชีวิตนั้น ซึ่งสามารถคำนวณได้ตามสมการ

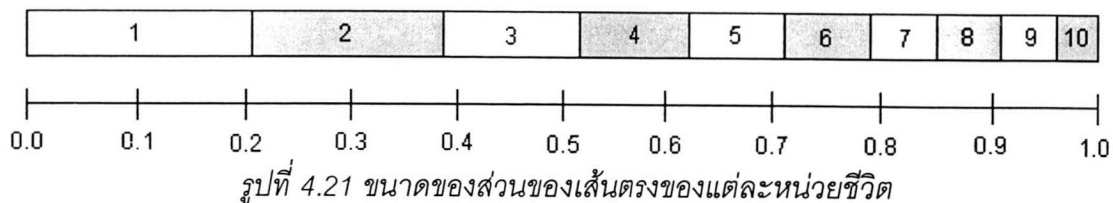
$$\text{ขนาดของส่วนของเส้นตรง}(i) = \frac{f(i)}{\sum_{j=1}^n f(j)} \quad (4.6)$$

เมื่อ  $i, j$  แทนหน่วยชีวิตที่  $i$  และ  $j$  ตามลำดับ  
 $f$  แทนฟังก์ชันความเหมาะสม และ  
 $n$  แทนจำนวนประชากรของหน่วยชีวิต

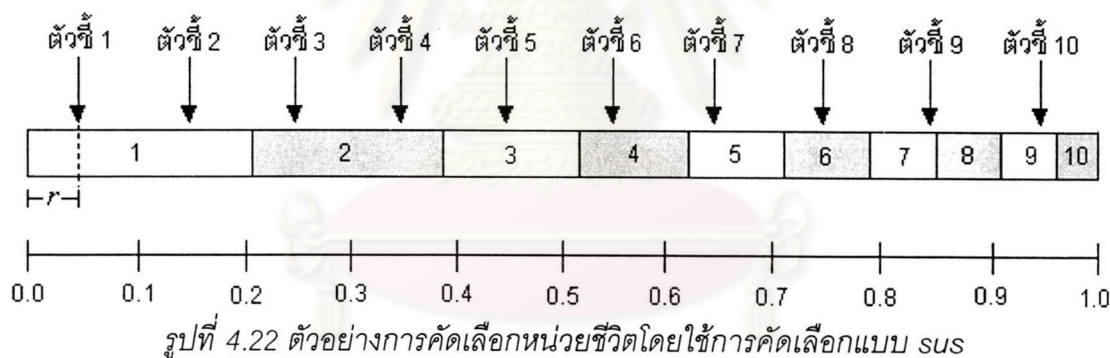
สมมติให้ในการทดลองของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมการทดลองหนึ่งมีประชากรของหน่วยชีวิตจำนวน 10 หน่วยโดยมีค่าความเหมาะสมที่แตกต่างกันดังแสดงในตารางที่ 4.12 จะสามารถสร้างเส้นตรงขนาดหนึ่งหน่วยได้ดังรูปที่ 4.21

ตารางที่ 4.12 หน่วยชีวิตตัวอย่างสำหรับการคัดเลือกแบบ sus

หน่วยชีวิตที่	ค่าความเหมาะสม	ขนาดของส่วนของเส้นตรง
1	80	0.206718
2	70	0.180879
3	50	0.129199
4	40	0.103359
5	35	0.090439
6	30	0.077519
7	25	0.064599
8	22	0.056848
9	20	0.051680
10	15	0.038760



เมื่อสร้างเส้นตรงขนาด 1 หน่วยแล้วจะสามารถทำการคัดเลือกหน่วยชีวิตโดยทำการสร้างตัวชี้ (pointer) จำนวนเท่ากับจำนวนหน่วยชีวิตที่ต้องการคัดเลือก โดยในที่นี้จะทำการคัดเลือกหน่วยชีวิตจำนวน 10 หน่วยเป็นผลให้มีตัวชี้ทั้งสิ้น 10 ตัว ตัวชี้แต่ละตัวจะถูกกำหนดให้มีระยะห่างเท่ากันเท่ากับ  $1/n$  เมื่อ  $n$  เป็นจำนวนหน่วยชีวิตที่จะคัดเลือก (ในที่นี้ระยะห่างเท่ากับ  $1/10 = 0.1$ ) ดังแสดงในรูปที่ 4.22 ระยะทาง  $r$  ที่ปรากฏในรูปเป็นระยะทางเริ่มต้นของตัวชี้ตัวแรกซึ่งเกิดจากการสุ่มในช่วง  $[0, 1/n]$  โดยผลของการคัดเลือกแบบ sus ครั้งนี้หน่วยชีวิตที่ถูกเลือกคือหน่วยชีวิตที่ 1 1 2 2 3 4 5 6 7 และ 9 หน่วยชีวิตทั้ง 10 หน่วยจะถูกสุ่มจับคู่และไขว้เปลี่ยนเพื่อสร้างเป็นหน่วยชีวิตรุ่นใหม่ต่อไป



#### 4.7.1 การเปรียบเทียบประสิทธิภาพกับการแบ่ง

ในขั้นตอนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้การแบ่ง หน่วยชีวิตแต่ละหน่วยจะถูกบังคับให้แบ่งส่วนของค่าความเหมาะสมของตนให้แก่หน่วยชีวิตเพื่อนบ้านซึ่งอยู่ในบริเวณใกล้เคียง(หรือหน่วยชีวิตที่มีความเหมือนกับหน่วยชีวิตนั้น) ค่าพารามิเตอร์ที่ต้องกำหนดสำหรับวิธีนี้คือ ค่าจำกัดของความต่าง  $\sigma_s$  โดยหน่วยชีวิตที่ต่างจากหน่วยชีวิตที่กำลังพิจารณาเกินกว่าค่านี้จะไม่ถูกนำมาคำนวณ สำหรับฟังก์ชันการแบ่งที่ใช้ในการทดลองเป็นไปตามสมการ

$$sh(d_{ij}) = \begin{cases} 1 - d_{ij} / \sigma_s, & \text{if } d < \sigma_s \\ 0, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (4.7)$$

ค่า  $d$  ซึ่งแทนความแตกต่างระหว่างหน่วยชีวิตจะตรวจวัดจากจำนวนบิตที่แตกต่างหรือระยะทางฮัมมิง โดยในการทดลองจะกำหนดให้ค่าจำกัดของความต่าง  $\sigma_s$  มีค่าเท่ากับ 2 4 8 16 และ 32 บิต โดยค่าจำกัดของความต่างที่มากขึ้นจะมีผลให้หน่วยชีวิตแต่ละหน่วยต้องแบ่งส่วนของค่าความเหมาะสมให้แก่หน่วยชีวิตอื่นจำนวนมากขึ้น หน่วยชีวิตจึงต้องพยายามแตกต่างจากหน่วยชีวิตอื่นมากขึ้นเพื่อการอยู่รอด เป็นผลให้ความหลากหลายของประชากรมีมากขึ้นเป็นลำดับ ผลการทดลองเปรียบเทียบประสิทธิภาพของระบบที่ออกแบบกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้การแบ่งแสดงดังตารางที่ 4.13 ถึง 4.15 และความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบต่างๆในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การแบ่งแสดงดังรูปที่ 4.23 ถึง 4.31

ตารางที่ 4.13 ความเพียรพยายามเชิงคำนวณของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมระบบต่างๆสำหรับปัญหา one-max

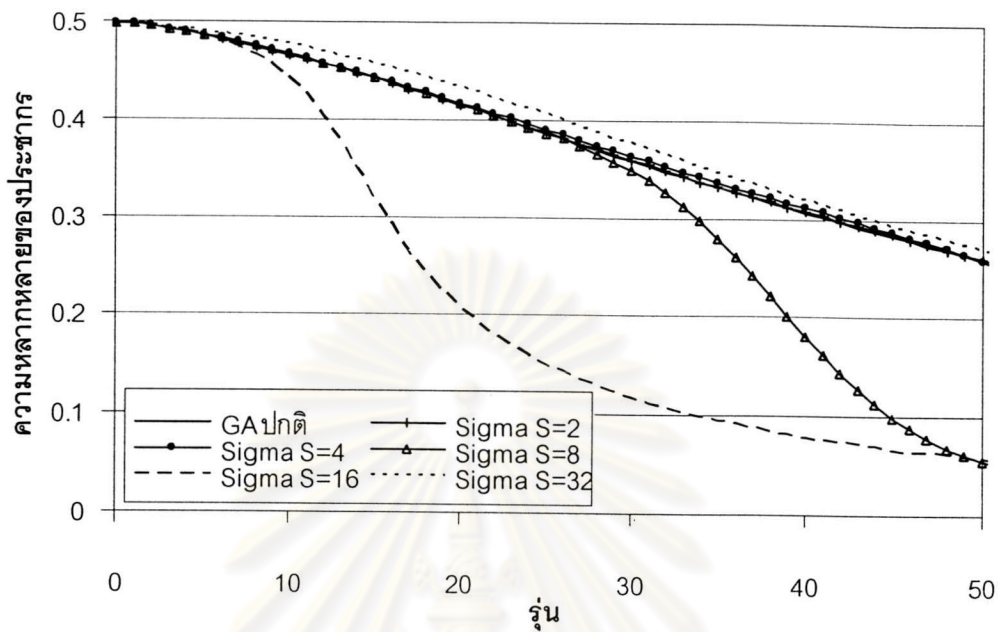
วิธี	การคัดเลือกแบบ สัดส่วน	การคัดเลือกแบบ sus	การคัดเลือกแบบ ทัวร์นาเมนต์
ปกติ	35,200	27,600	6,000
การแบ่ง			
$\sigma_s = 2$	37,200	27,600	20,400
$\sigma_s = 4$	60,000	27,200	54,000
$\sigma_s = 8$	440,800	19,600	972,800
$\sigma_s = 16$	-	-	-
$\sigma_s = 32$	-	-	-
ระบบที่ ออกแบบ	6,800		

ตารางที่ 4.14 ความเพียรพยายามเชิงคำนวณของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมระบบต่างๆสำหรับ  
ปัญหาฟังก์ชัน *deceptive*

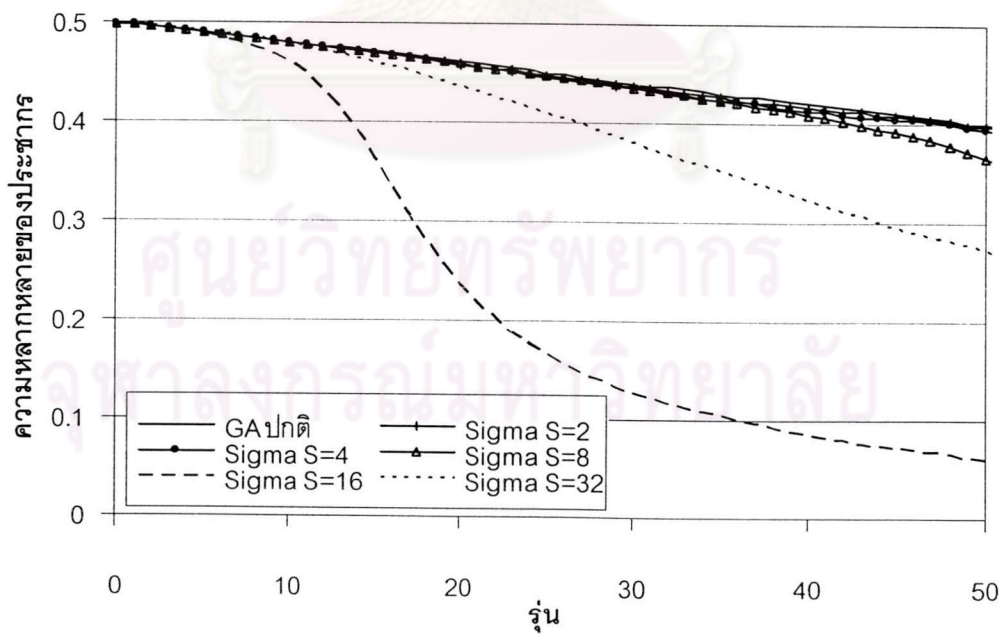
วิธี	การคัดเลือกแบบ สัดส่วน	การคัดเลือกแบบ sus	การคัดเลือกแบบ ทัวร์นาเมนต์
ปกติ	-	-	64,400
การแบ่ง			
$\sigma_s = 2$	-	-	756,000
$\sigma_s = 4$	-	-	1,641,000
$\sigma_s = 8$	-	-	-
$\sigma_s = 16$	-	-	-
$\sigma_s = 32$	-	-	-
ระบบที่ ออกแบบ	24,800		

ตารางที่ 4.15 ความเพียรพยายามเชิงคำนวณของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมระบบต่างๆสำหรับ  
ปัญหาฟังก์ชัน *multimodal*

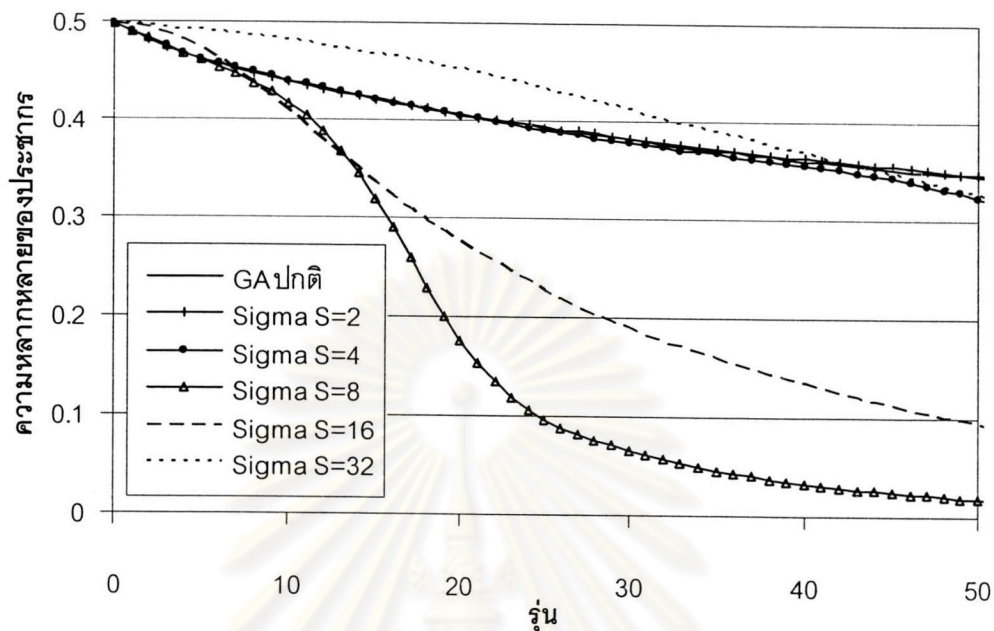
วิธี	การคัดเลือกแบบ สัดส่วน	การคัดเลือกแบบ sus	การคัดเลือกแบบ ทัวร์นาเมนต์
ปกติ	-	-	172,800
การแบ่ง			
$\sigma_s = 2$	-	-	20,400
$\sigma_s = 4$	-	-	54,000
$\sigma_s = 8$	-	-	-
$\sigma_s = 16$	-	-	-
$\sigma_s = 32$	-	-	-
ระบบที่ ออกแบบ	30,400		



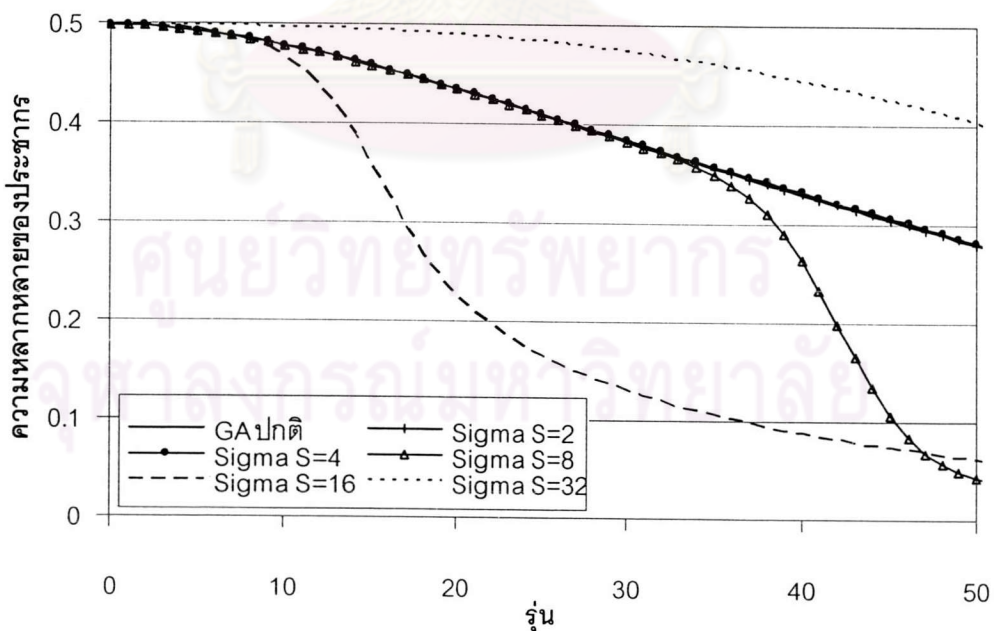
รูปที่ 4.23 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบสัดส่วนในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การแบ่งสำหรับปัญหา one-max



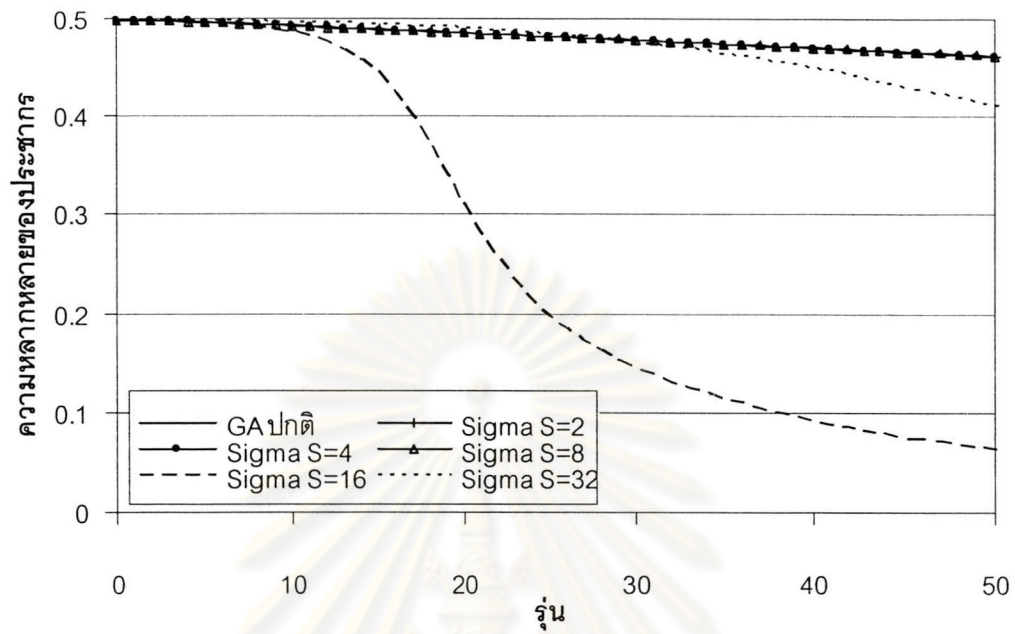
รูปที่ 4.24 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบสัดส่วนในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การแบ่งสำหรับปัญหาฟังก์ชัน deceptive



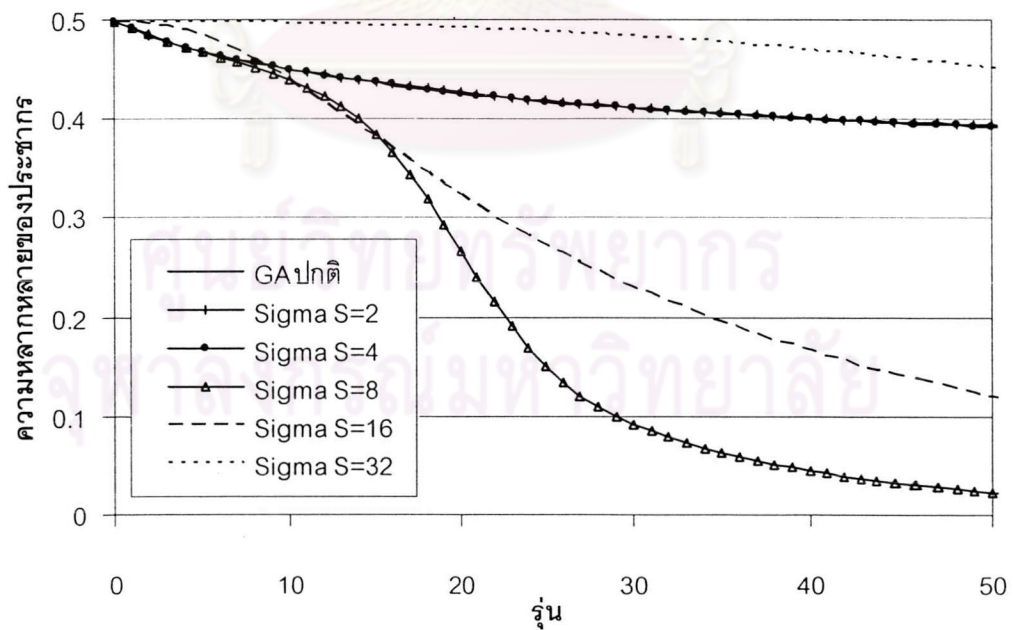
รูปที่ 4.25 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบสัดส่วนในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การแบ่งสำหรับปัญหาฟังก์ชัน multimodal



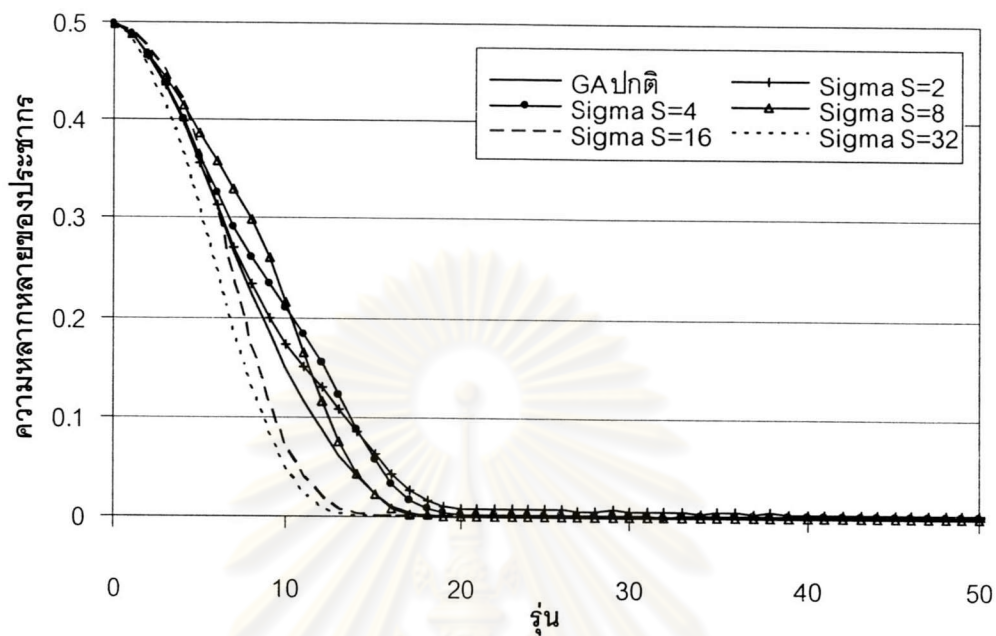
รูปที่ 4.26 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบ sus ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การแบ่งสำหรับปัญหา one-max



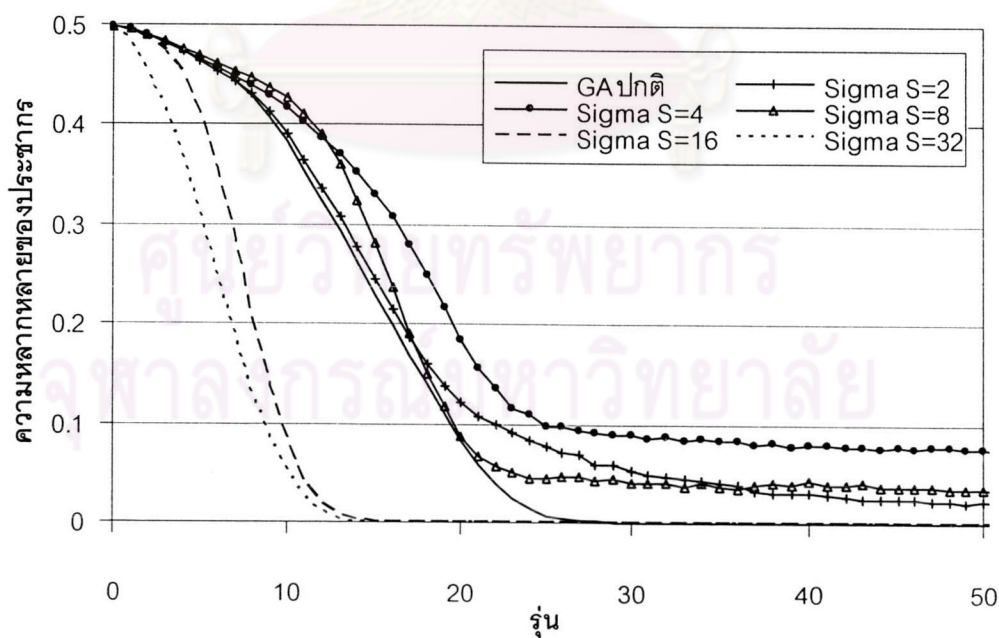
รูปที่ 4.27 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบ sus ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การแบ่งสำหรับปัญหาฟังก์ชัน deceptive



รูปที่ 4.28 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบ sus ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การแบ่งสำหรับปัญหาฟังก์ชัน multimodal

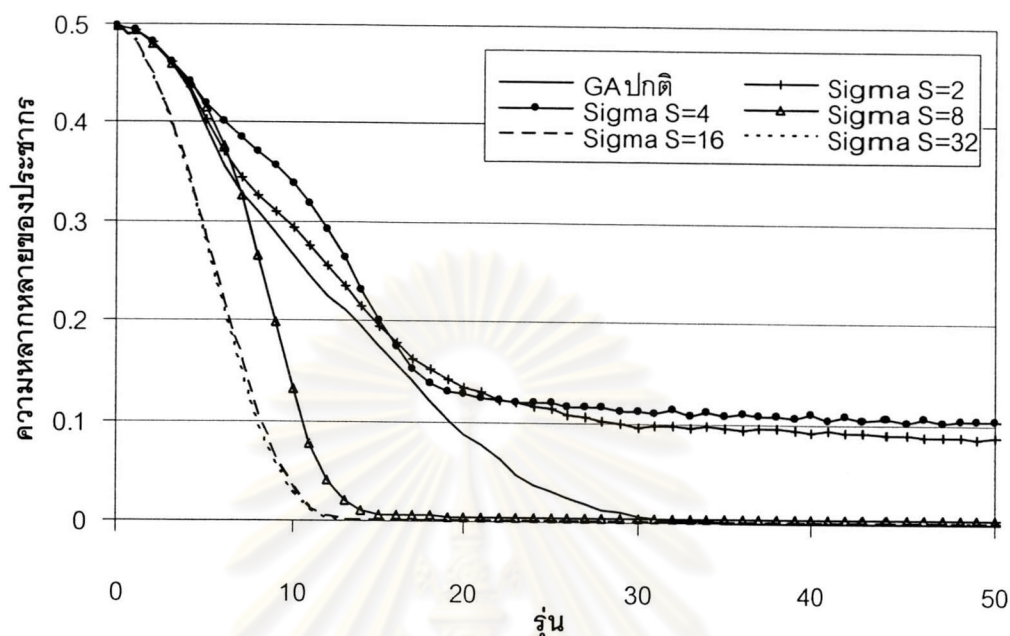


รูปที่ 4.29 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์ในขั้นตอนวิธี  
เชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การแบ่งสำหรับปัญหา one-max



รูปที่ 4.30 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์ในขั้นตอนวิธี  
เชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การแบ่งสำหรับปัญหาฟังก์ชัน deceptive





รูปที่ 4.31 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การแบ่งสำหรับปัญหาฟังก์ชัน multimodal

สัญลักษณ์ “-” ที่ปรากฏในตารางที่ 4.13 ถึง 4.15 แสดงถึงเป็นกรณีที่ไม่สามารถคำนวณค่าความเพียรพยายามเชิงคำนวณได้ ทั้งนี้เนื่องจากเป็นกรณีที่ไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาได้เลยในการทดลองซ้ำตามจำนวนครั้งที่กำหนด (การคำนวณค่าความเพียรพยายามเชิงคำนวณจะสามารถกระทำได้ก็ต่อเมื่อพบคำตอบอย่างน้อย 1 ครั้งจากการทดลองซ้ำตามจำนวนครั้งที่กำหนด) ผลการทดลองแสดงให้เห็นว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้การแบ่งซึ่งใช้การคัดเลือกที่แตกต่างกันทั้ง 3 แบบมีประสิทธิภาพที่ไม่ดีในการแก้ปัญหาเมื่อเปรียบเทียบกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติและระบบควบคุมความหลากหลายของประชากรที่ออกแบบ

ข้อสังเกตที่ได้จากการทดลองนี้คือการกำหนดค่าจำกัดของความต่างที่เพิ่มขึ้นไม่รับประกันว่าจะทำให้เกิดความหลากหลายของประชากรที่มากขึ้นเสมอไป ดังจะพบได้จากผลการทดลองซึ่งใช้การคัดเลือกทั้ง 3 แบบโดยเฉพาะกรณีที่ค่าจำกัดของความต่าง  $\sigma_r$  มีค่าเท่ากับ 16 และ 32 บิต ทั้งนี้เนื่องจากการกำหนดค่าจำกัดของความต่าง  $\sigma_r$  ที่มากขึ้นเป็นผลให้จำนวนหน่วยชีวิตที่ต้องแบ่งส่วนของค่าความเหมาะสมให้แก่หน่วยชีวิตอื่นมีมากขึ้นเป็นลำดับ เมื่อค่าจำกัดของความต่างถูกเพิ่มมากขึ้นถึงระดับหนึ่ง จะมีผลให้หน่วยชีวิตทั้งหมดในประชากรถูกบังคับให้ต้องแบ่งส่วนของค่าความเหมาะสมให้แก่หน่วยชีวิตอื่น ด้วยเหตุนี้หน่วยชีวิตที่มีค่าความเหมาะสมสูงอยู่แต่

เดิมจะได้เปรียบจากการถูกคัดเลือก เนื่องจากหลังจากการแบ่งส่วนแล้วหน่วยชีวิตนี้จะยังคงมีค่าความเหมาะสมที่สูงกว่าหน่วยชีวิตอื่นดั้งเดิม (เพราะทุกหน่วยชีวิตต่างต้องแบ่งส่วนค่าความเหมาะสมทั้งหมด) จึงได้รับโอกาสในการถูกคัดเลือกมาก ด้วยเหตุนี้การกำหนดค่าจำกัดของความต่าง  $\sigma_r$  ที่มากขึ้นจึงไม่สามารถรับประกันว่าจะทำให้เกิดความหลากหลายของประชากรที่มากขึ้นเสมอไป

#### 4.7.2 การเปรียบเทียบประสิทธิภาพกับการจับคู่แบบมีข้อกำหนด

การจับคู่แบบมีข้อกำหนดที่นำมาใช้ได้แนวคิดมาจากงานวิจัย [4] ซึ่งหน่วยชีวิตและคู่ถูกจำกัดให้มีจำนวนบิตในโครโมโซมที่แตกต่างกันจำนวนหนึ่งจึงจะสามารถผสมพันธุ์กันได้ การจับคู่แบบมีข้อกำหนดที่ใช้ในการทดลองนี้จะสร้างข้อกำหนดในการเลือกคู่ที่แตกต่างโดยพารามิเตอร์ชีวิตจำกัด โดยแบ่งออกเป็น 4 ระดับดังนี้

1. ชีวิตจำกัด = 4 หมายถึงการคัดเลือกหน่วยชีวิตที่สองไม่มีข้อจำกัดของความแตกต่างใดๆ ซึ่งกรณีนี้จะสมมูลกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ
2. ชีวิตจำกัด = 3 หมายถึงการคัดเลือกหน่วยชีวิตที่สองจะต้องมาจากหน่วยชีวิตที่แตกต่างจากหน่วยชีวิตแรก ใน 300 อันดับต้นเท่านั้น
3. ชีวิตจำกัด = 2 หมายถึงการคัดเลือกหน่วยชีวิตที่สองจะต้องมาจากหน่วยชีวิตที่แตกต่างจากหน่วยชีวิตแรกใน 200 อันดับต้นเท่านั้น และ
4. ชีวิตจำกัด = 1 หมายถึงการคัดเลือกหน่วยชีวิตที่สองจะต้องมาจากหน่วยชีวิตที่แตกต่างจากหน่วยชีวิตแรกใน 100 อันดับต้นเท่านั้น

ทั้งนี้ในการทดลองจำนวนประชากรของหน่วยชีวิตมีทั้งสิ้น 400 หน่วย และความแตกต่างระหว่างหน่วยชีวิตสามารถตรวจวัดโดยจำนวนบิตที่แตกต่างหรือระยะทางฮัมมิง ระดับของชีวิตจำกัดจะทำให้ระดับของความหลากหลายของประชากรมากขึ้นแตกต่างกัน โดยชีวิตจำกัด = 1 จะมีผลให้ประชากรของหน่วยชีวิตมีความหลากหลายมากที่สุดทั้งนี้เนื่องจากหน่วยชีวิตแต่ละหน่วยจะถูกบังคับให้ผสมพันธุ์กับหน่วยชีวิตที่แตกต่างกับตนเองอย่างมาก สำหรับการคัดเลือกแบบสัดส่วนและการคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์ ในขั้นตอนการทำงานหน่วยชีวิตหน่วยแรกจะถูกคัดเลือกตามปกติ ส่วนหน่วยชีวิตที่สองจะถูกคัดเลือกและถูกตรวจสอบว่าผ่านข้อกำหนดตามชีวิตจำกัดที่ใช้หรือไม่ หากไม่สอดคล้องตามข้อกำหนดหน่วยชีวิตที่สองจะถูกคัดเลือกใหม่ซ้ำๆ จนกว่าจะได้หน่วยชีวิตที่สอดคล้องตามข้อกำหนด สำหรับการคัดเลือกแบบ sus ในขั้นตอนการ

คัดเลือกหน่วยชีวิตจะทำการคัดเลือกหน่วยชีวิตทั้งหมด(ในที่นี้คือ 400 หน่วยชีวิต)ในครั้งเดียว จากนั้นทำการจับคู่หน่วยชีวิตและกำหนดว่าหน่วยชีวิตใดเป็นหน่วยชีวิตแรกและหน่วยชีวิตที่สอง โดยการสุ่ม หากพบว่าหน่วยชีวิตที่สองไม่สอดคล้องตามข้อกำหนดตามขีดจำกัดที่ใช้ จะทำการคัดเลือกหน่วยชีวิตที่สองใหม่โดยใช้การคัดเลือกแบบสัดส่วนจนกว่าจะได้หน่วยชีวิตที่สองคล้อยตามข้อกำหนด ผลการทดลองการเปรียบเทียบประสิทธิภาพแสดงดังตารางที่ 4.16 ถึง 4.18 และความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบต่างๆในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนดแสดงดังรูปที่ 4.32 ถึง 4.40

ตารางที่ 4.16 ความเพียรพยายามเชิงคำนวณของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมระบบต่างๆสำหรับ  
ปัญหา one-max

วิธี	การคัดเลือกแบบ สัดส่วน	การคัดเลือกแบบ sus	การคัดเลือกแบบ ทัวร์นาเมนต์
ปกติ	35,200	27,600	6,000
การจับคู่แบบ มีข้อกำหนด			
ขีดจำกัด = 3	2,095,600	8,846,400	5,600
ขีดจำกัด = 2	-	-	6,400
ขีดจำกัด = 1	-	-	8,400
ระบบที่ ออกแบบ	6,800		

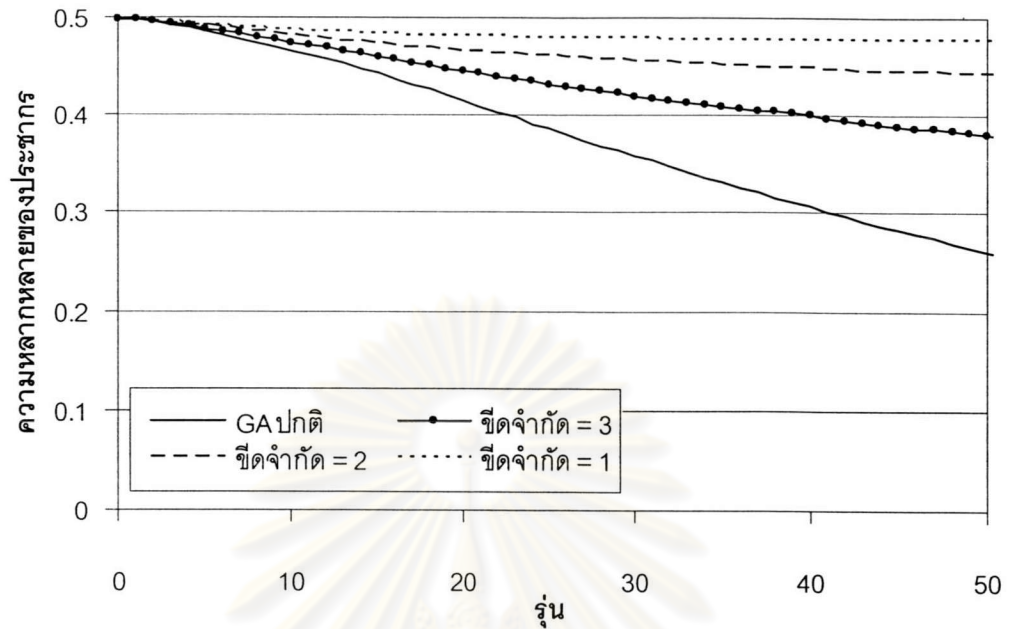
ศูนย์วิทยทรัพยากร  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ตารางที่ 4.17 ความเพียรพยายามเชิงคำนวณของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมระบบต่างๆสำหรับ  
ปัญหาฟังก์ชัน *deceptive*

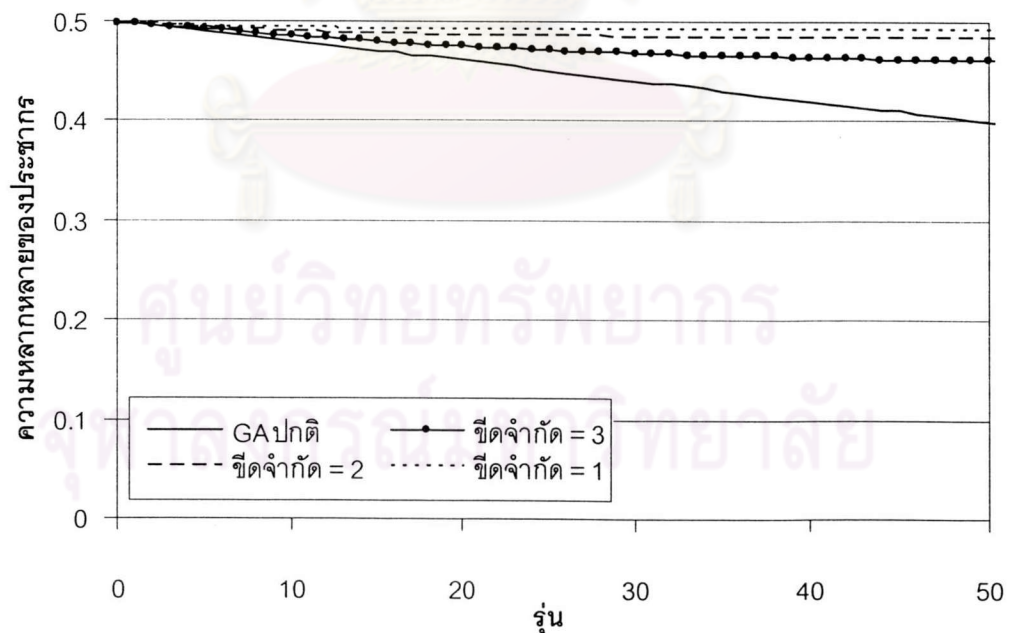
วิธี	การคัดเลือกแบบ สัดส่วน	การคัดเลือกแบบ sus	การคัดเลือกแบบ ทัวร์นาเมนต์
ปกติ	-	-	64,400
การจับคู่แบบ มีข้อกำหนด			
ขีดจำกัด = 3	-	-	20,800
ขีดจำกัด = 2	-	-	18,400
ขีดจำกัด = 1	-	-	11,200
ระบบที่ ออกแบบ	24,800		

ตารางที่ 4.18 ความเพียรพยายามเชิงคำนวณของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมระบบต่างๆสำหรับ  
ปัญหาฟังก์ชัน *multimodal*

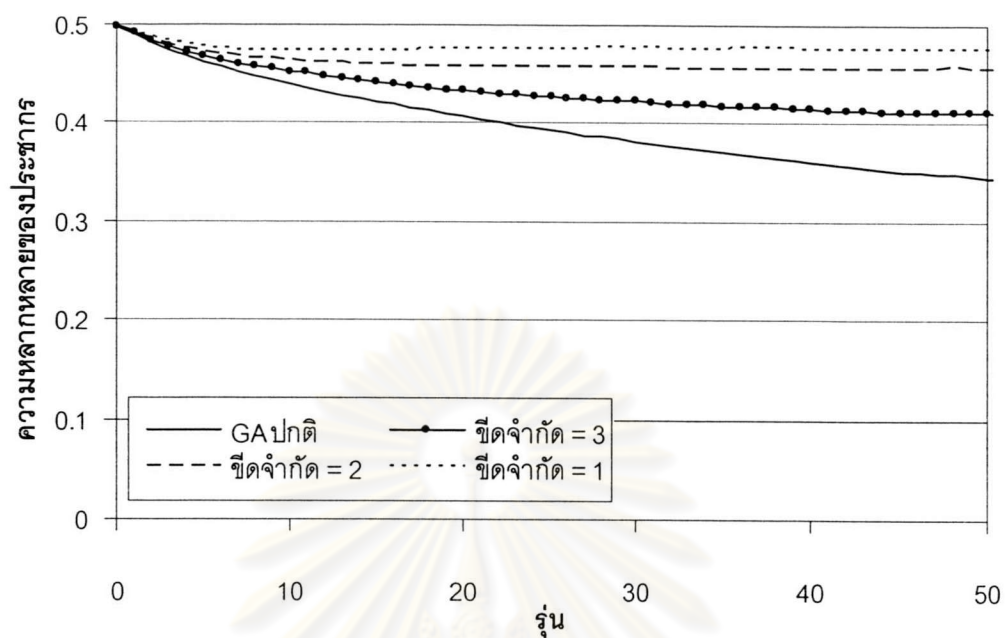
วิธี	การคัดเลือกแบบ สัดส่วน	การคัดเลือกแบบ sus	การคัดเลือกแบบ ทัวร์นาเมนต์
ขั้นตอนวิธีเชิง พันธุกรรม ปกติ	-	-	172,800
การจับคู่แบบ มีข้อกำหนด			
ขีดจำกัด = 3	-	1,732,800	89,600
ขีดจำกัด = 2	-	-	43,200
ขีดจำกัด = 1	-	-	24,000
ระบบที่ ออกแบบ	30,400		



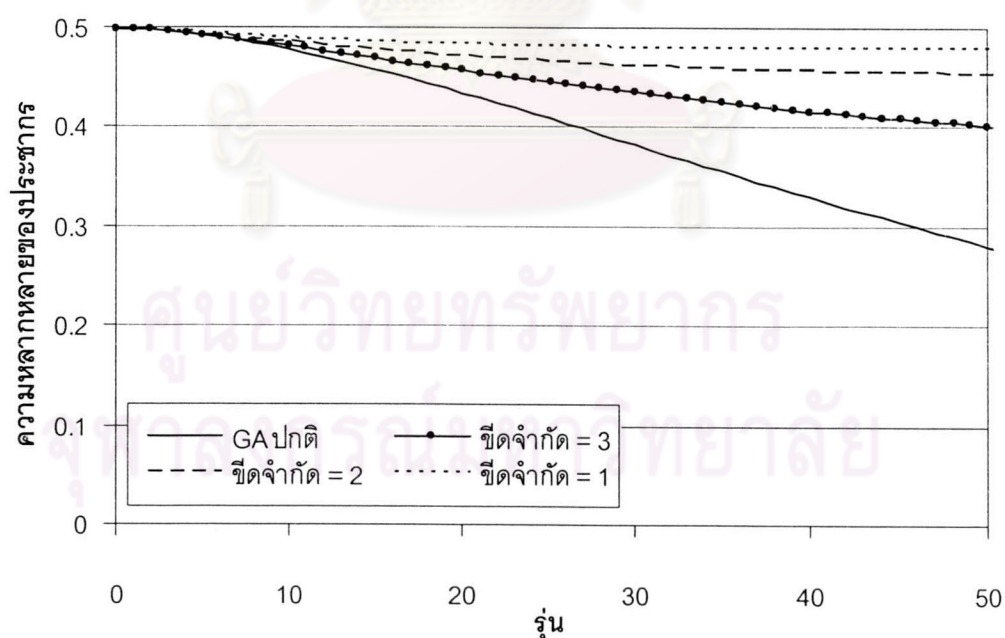
รูปที่ 4.32 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบสัดส่วนในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนดสำหรับปัญหา one-max



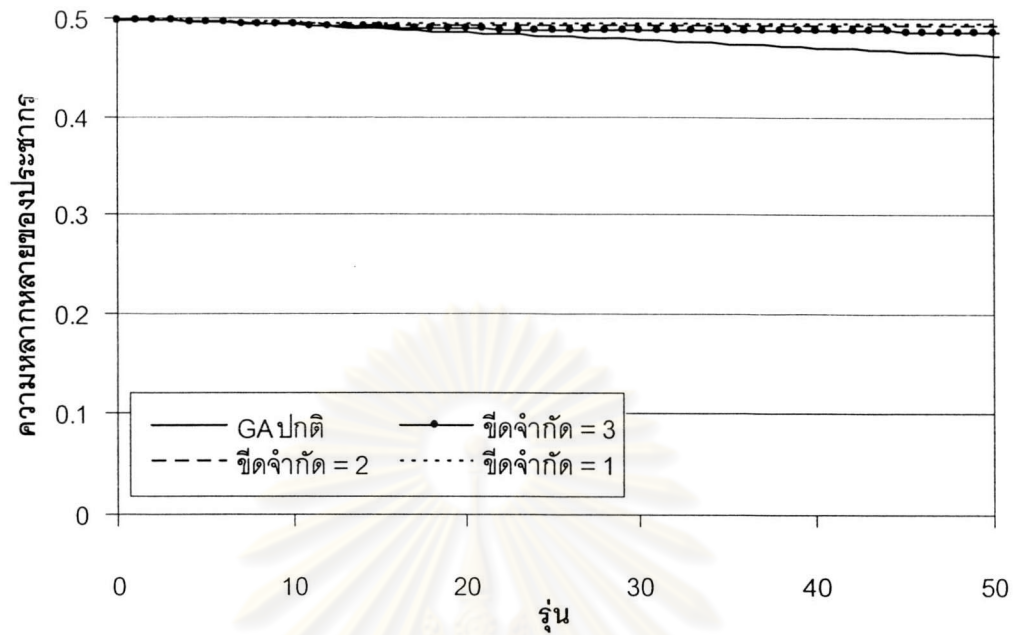
รูปที่ 4.33 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบสัดส่วนในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนดสำหรับปัญหาฟังก์ชัน deceptive



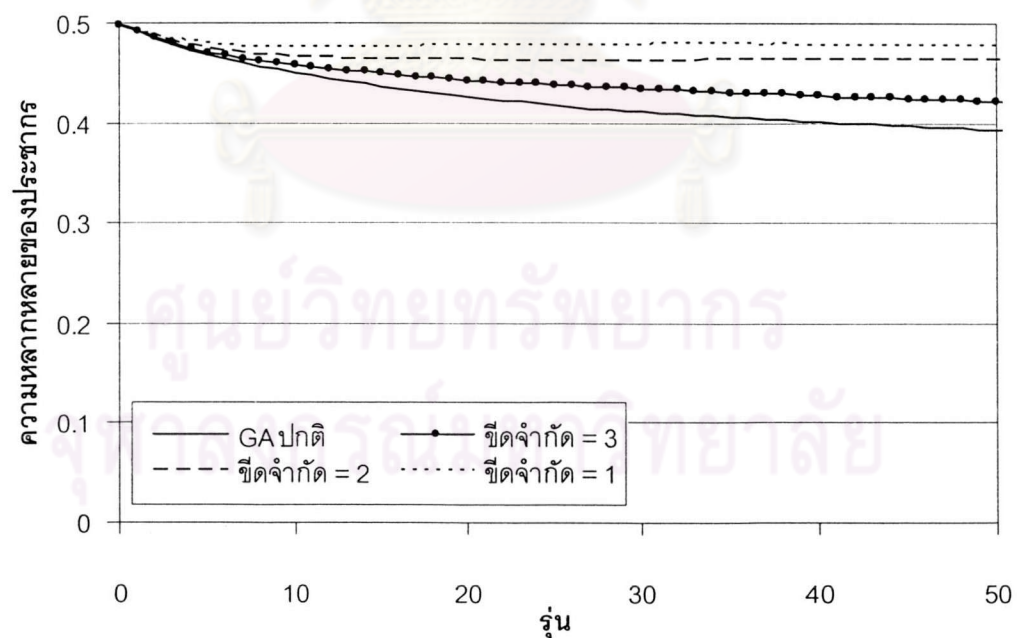
รูปที่ 4.34 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบสัดส่วนในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนดสำหรับปัญหาฟังก์ชัน multimodal



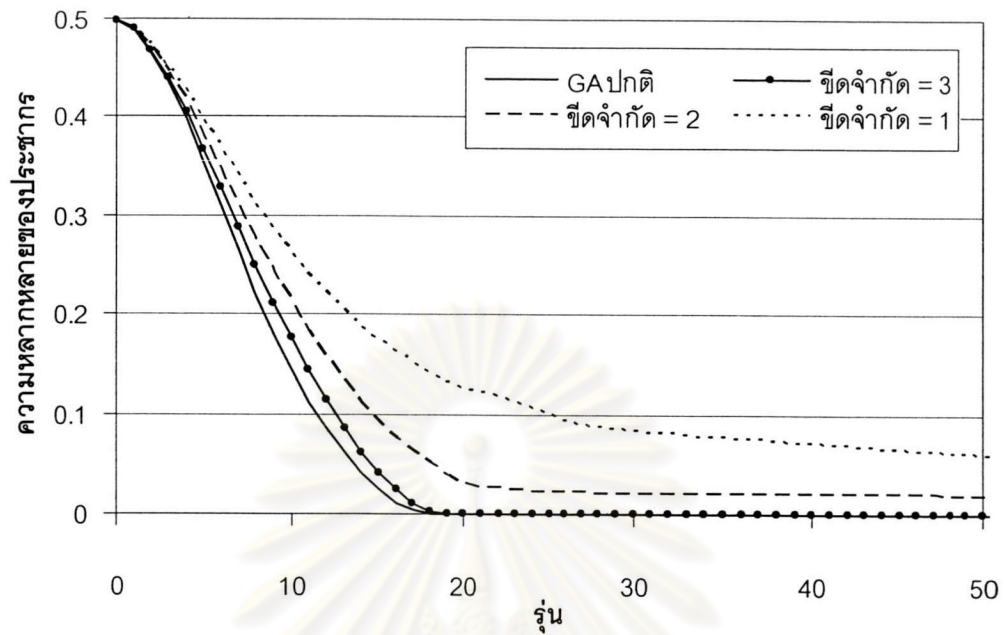
รูปที่ 4.35 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบ sus ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนดสำหรับปัญหา one-max



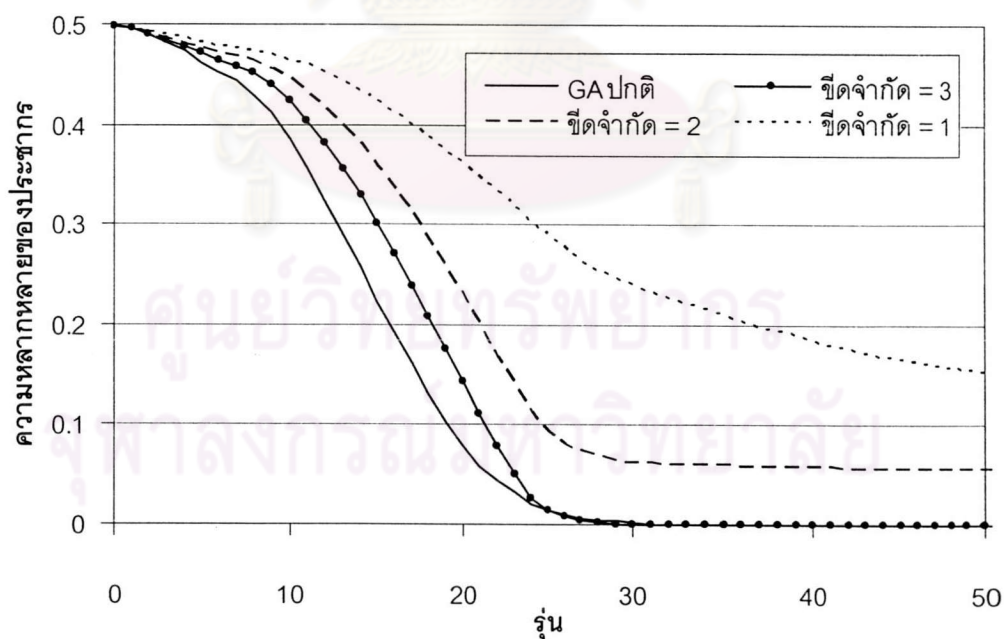
รูปที่ 4.36 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบ *sus* ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนดสำหรับปัญหาฟังก์ชัน *deceptive*



รูปที่ 4.37 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบ *sus* ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนดสำหรับปัญหาฟังก์ชัน *multimodal*

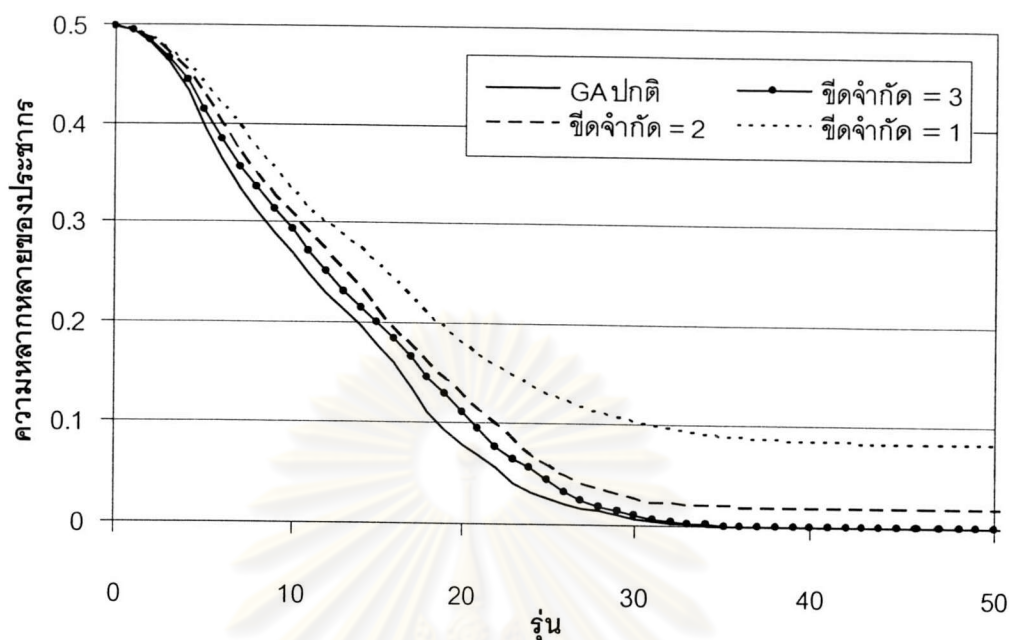


รูปที่ 4.38 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนดสำหรับปัญหา one-max



รูปที่ 4.39 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนดสำหรับปัญหาฟังก์ชัน deceptive





รูปที่ 4.40 ความหลากหลายของประชากรของการใช้การคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนดสำหรับปัญหาฟังก์ชัน multimodal

ผลการทดลองพบว่าการคัดเลือกแบบสัดส่วนและการคัดเลือกแบบ sus ยังคงมีประสิทธิภาพที่ไม่ดีในการแก้ปัญหาโดยในหลายกรณีไม่สามารถหาคำตอบของปัญหาได้เลย ทำให้ไม่สามารถคำนวณค่าความเพียรพยายามเชิงคำนวณได้ สำหรับการจับคู่แบบมีข้อกำหนดที่ใช้การคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์พบว่าประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาที่ดีแต่ทั้งนี้ต้องกำหนดพารามิเตอร์ที่เหมาะสมสำหรับปัญหา(ในที่นี้คือพารามิเตอร์ ชีตจำกัด) การกำหนดพารามิเตอร์ที่ไม่เหมาะสมจะมีผลให้ประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาต่อยลง ความหลากหลายของประชากรของการคัดเลือกทั้ง 3 แบบเป็นไปอย่างที่คาดหวังคือความหลากหลายของประชากรมีมากขึ้นเมื่อใช้ชีตจำกัดที่ 4 (ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ) 3 2 และ 1 ตามลำดับ ข้อสังเกตที่ได้จากการทดลองนี้คือการคัดเลือกแบบสัดส่วนและการคัดเลือกแบบ sus สามารถรักษาระดับความหลากหลายของประชากรได้ดีกว่าการคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์ หากแต่การคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์มีประสิทธิภาพในการหาคำตอบที่สูงกว่า

ความสามารถในการรักษาระดับความหลากหลายของประชากรของการคัดเลือกแบบสัดส่วนและการคัดเลือกแบบ sus เป็นผลมาจากอคติของการคัดเลือก(selection bias) ที่ต่ำกว่าการคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์ ทั้งนี้เนื่องจากในการคัดเลือกแบบสัดส่วนและการคัดเลือกแบบ sus หน่วยชีวิตที่มีค่าความเหมาะสมที่ใกล้เคียงกันจะได้รับโอกาสในการถูกคัดเลือกที่ใกล้เคียงกันด้วย

หน่วยชีวิตที่ได้รับการคัดเลือกจึงมีความหลากหลาย ในขณะที่ในการคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์ หน่วยชีวิตที่มีค่าความเหมาะสมสูงกว่าเพียงเล็กน้อยจะได้รับโอกาสในการคัดเลือกที่สูงกว่าหน่วยชีวิตที่มีค่าความเหมาะสมต่ำกว่าเป็นอย่างมาก ด้วยเหตุนี้ความหลากหลายของประชากรของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้การคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์จึงมีแนวโน้มลดลงอย่างรวดเร็วกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้การคัดเลือกแบบสัดส่วนและการคัดเลือกแบบ sus

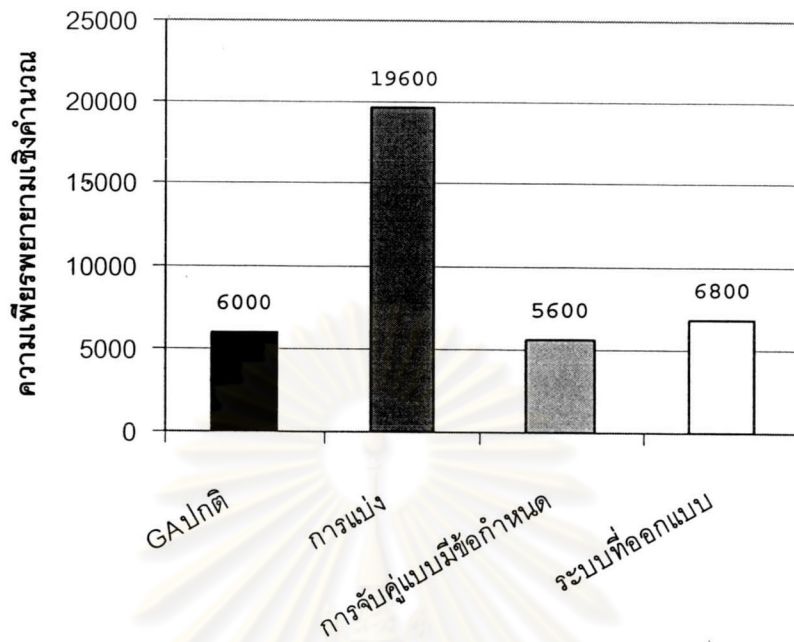
อย่างไรก็ดีความหลากหลายของประชากรที่มากเกินไป จะส่งผลให้ประสิทธิภาพในการหาคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมด้อยลง เนื่องจากต้องใช้เวลาในการหาคำตอบมากเกินไปหรือกระบวนการวิวัฒนาการมีอัตราการลู่เข้าสู่คำตอบที่ต่ำ ดังจะเห็นได้จากประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้การคัดเลือกแบบสัดส่วนและการคัดเลือกแบบ sus ที่ต่ำกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้การคัดเลือกแบบทัวร์นาเมนต์

รูปที่ 4.41 ถึง 4.43 แสดงการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของระบบที่ออกแบบกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบปกติ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้การแบ่งที่ดีที่สุด และขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนดที่ดีที่สุด ซึ่งพบว่าระบบที่ออกแบบมีประสิทธิภาพที่ดีเมื่อเปรียบเทียบกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบไม่ปรับตัวระบบอื่น

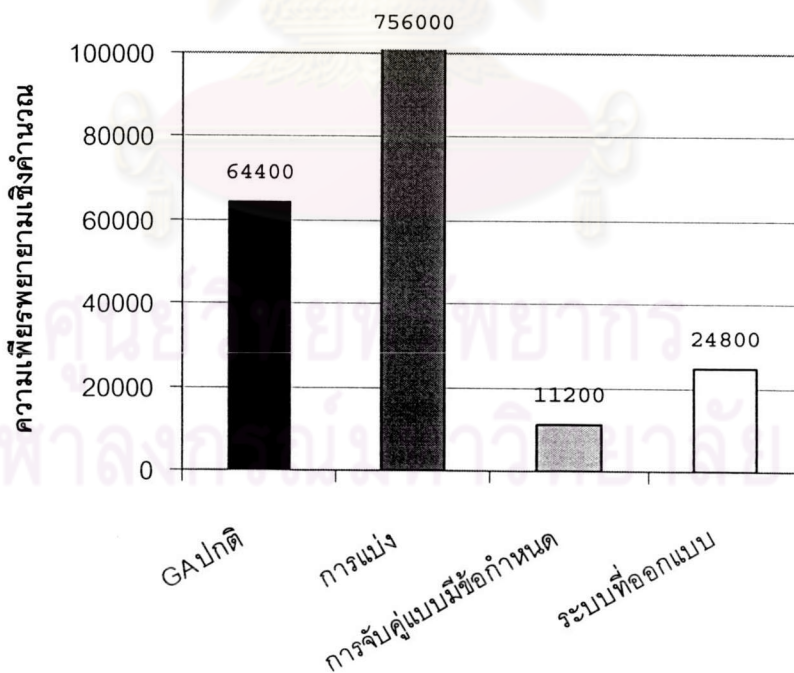
สำหรับปัญหา one-max ซึ่งเป็นปัญหาที่ง่ายที่สุดในการทดลอง ระบบที่ออกแบบสามารถคำนวณค่าความเพียรพยายามเชิงคำนวณ (6,800) ได้ใกล้เคียงกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ (6,000) และขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนดที่ดีที่สุด (5,600)

สำหรับปัญหาฟังก์ชัน deceptive ระบบที่ออกแบบมีค่าความเพียรพยายามเชิงคำนวณ (24,800) ที่สูงกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนดที่ดีที่สุด (11,200) หากแต่ยังคงมีค่าต่ำกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ (64,400) เป็นอย่างมาก

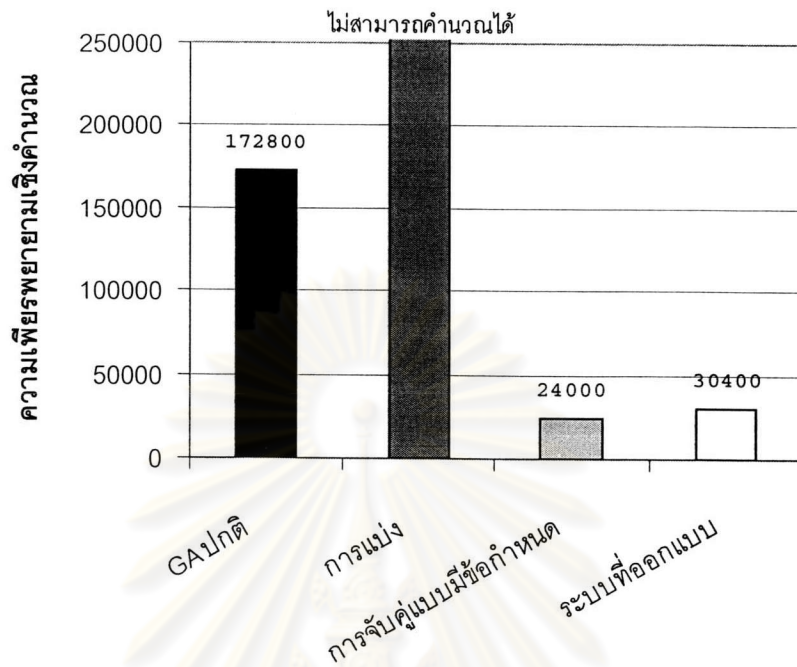
สำหรับปัญหาฟังก์ชัน multimodal ระบบที่ออกแบบมีค่าความเพียรพยายามเชิงคำนวณ (30,400) ที่สูงกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การจับคู่แบบมีข้อกำหนดที่ดีที่สุดเล็กน้อย (24,000) แต่ยังคงมีค่าต่ำกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ (172,800) เป็นอย่างมาก ในการทดลองของทั้ง 3 ปัญหาพบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การแบ่งมีประสิทธิภาพที่ไม่ดีในการหาคำตอบ



รูปที่ 4.41 แสดงการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของระบบที่ออกแบบกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบไม่ปรับตัวระบบอื่นสำหรับปัญหา one-max



รูปที่ 4.42 แสดงการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของระบบที่ออกแบบกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบไม่ปรับตัวระบบอื่นสำหรับปัญหาฟังก์ชัน deceptive



รูปที่ 4.43 แสดงการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของระบบที่ออกแบบกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบไม่ปรับตัวระบบอื่นสำหรับปัญหาฟังก์ชัน multimodal