

การจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสมโดยการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ



นายอุทัย จูติประยูรวงศ์

สถาบันวิทยบริการ

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาเคมีเทคนิค ภาควิชาเคมีเทคนิค

คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ปีการศึกษา 2542

ISBN 974-333-401-7

ลิขสิทธิ์ของ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

# OPTIMAL DISTILLATION SEQUENCE USING GENETIC ALGORITHM



Mister Uthai Thitiprayoonwongse

สถาบันวิทยบริการ

A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements  
for the Degree of Master of Science in Chemical Technology

Department of Chemical Technology

Faculty of Science

Chulalongkorn University

Academic Year 1999

ISBN 974-333-401-7

หัวข้อวิทยานิพนธ์      การจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสมโดยการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ  
โดย                              นายอุทัย จูติประยวงค์  
ภาควิชา                              เคมีเทคนิค  
อาจารย์ที่ปรึกษา              ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.พรพจน์ เปี่ยมสมบูรณ์

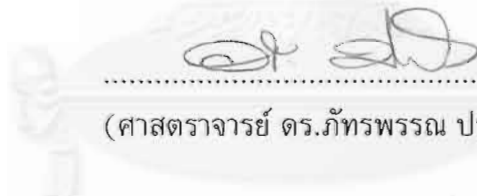
---

คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย อนุมัติให้หัวข้อวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นส่วนหนึ่ง  
ของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต



.....คณบดีคณะวิทยาศาสตร์  
(รองศาสตราจารย์ ดร.วันชัย โพธิ์พิจิตร)

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์



..... ประธานกรรมการ  
(ศาสตราจารย์ ดร.ภัทรพรรณ ประศาสน์สารกิจ)

..... อาจารย์ที่ปรึกษา  
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.พรพจน์ เปี่ยมสมบูรณ์)

..... กรรมการ  
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.เลอสรวง เมฆสุด)

..... กรรมการ  
(อาจารย์ ดร.สุชญา นิตวัฒนานนท์)

อุทัย ฐิติประยูรวงศ์ : การจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสมโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม.  
(OPTIMAL DISTILLATION SEQUENCE USING GENETIC ALGORITHM)

อ. ที่ปรึกษา : ผศ. ดร.พรพจน์ เปี่ยมสมบูรณ์, 113 หน้า. ISBN 974-333-401-7.

การจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสมเป็นวิธีการที่ได้คำตอบเป็นโครงสร้างที่ดีที่สุดของกระบวนการแยกสารของผสมหลายองค์ประกอบ เนื่องจากการกลั่นตามลำดับเป็นส่วนสำคัญในการกำหนดต้นทุนการผลิตทั้งเงินทุนและค่าใช้จ่ายการปฏิบัติการในกระบวนการทางเคมี ได้มีงานวิจัยที่สำคัญ ๆ มากมายพยายามที่จะพัฒนาวิธีการเลือกลำดับการกลั่นที่เหมาะสมในหลาย ๆ รูปแบบ วิทยานิพนธ์ฉบับนี้ได้อธิบายถึงการใช้นิยามการหาความเหมาะสมที่เรียกว่า ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm, GA) ในการจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสม ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นเทคนิคการหาความเหมาะสมวิธีหนึ่งที่ใช้การเลียนแบบกระบวนการทางชีววิทยาของการเลือกและการปฏิบัติการด้านพันธุกรรม (กฎของดาร์วิน) ทางธรรมชาติ โดยโครโมโซมใดที่มีความเหมาะสมมากที่สุดจะสามารถดำรงชีวิตสืบต่อไปได้ ดังนั้นการประยุกต์ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการแก้ปัญหาการจัดลำดับการกลั่น เริ่มจากการลงรหัสสายอักขระโดยใช้ลำดับการกลั่นของหอกลั่นแปลงค่าให้อยู่ในรูปของสายอักขระ เพื่อสร้างกลุ่มลำดับการกลั่นต้นแบบที่จะถูกคัดเลือกตามความเหมาะสมจากการตรวจสอบเงื่อนไขที่ได้กำหนดไว้ สำหรับการแลกเปลี่ยนในส่วนของการจัดลำดับการกลั่นที่ดีในระหว่างสายอักขระลำดับการกลั่นรูปแบบต่าง ๆ จะทำให้เกิดวิวัฒนาการลำดับการกลั่นที่ดีขึ้นไป ทำการทดสอบผลของตัวแปรต่าง ๆ ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เช่น ขนาดของประชากร ความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ และความน่าจะเป็นของการสลับไขว้ ผลการคำนวณที่ได้พบว่าขนาดของประชากรควรจะมีค่าใกล้เคียงกับจำนวนของลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมด สำหรับสารของผสม 4 องค์ประกอบค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์และการสลับไขว้ควรมีค่าอยู่ในช่วง 0.004-0.009 และ 0.6-0.9 ตามลำดับ

ภาควิชา เคมีเทคนิค  
สาขาวิชา เคมีเทคนิค  
ปีการศึกษา 2542

ลายมือชื่อนักศึกษา .....  
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา .....  
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาพร้อม ..... -

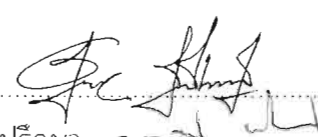
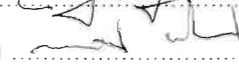
# # 3972525723 : MAJOR CHEMICAL TECHNOLOGY

KEY WORD: GENETIC ALGORITHM / DISTILLATION SEQUENCE / OPTIMIZATION

UTHAI THITIPRAYOONWONGSE : OPTIMAL DISTILLATION SEQUENCE  
USING GENETIC ALGORITHM. THESIS ADVISOR : ASST. PROF. PORNPOTE  
PIUMSOMBOON, Ph.D., 113 pp. ISBN 974-333-401-7.

Optimal distillation sequencing is a method for obtaining the best structure of multicomponent separation process. Due to the significant contribution of the distillation sequences to capital and operating costs for the whole chemical process, the development of a systematic framework which will select the optimum distillation sequence becomes an important research issue. This thesis demonstrates how to use an optimization technique so called Genetic Algorithm (GA) to solve the problem. Genetic Algorithm is the technique imitating biological process of natural selection (Darwin's rule) and natural genetics by which only good of fit being can survive. The distillation sequences are coded into the chromosome structure. To imitate natural selection, a set of initial chromosomes is generated. Its fitness value for each chromosome is computed together with checking all the constraints. The high fitness value will receive the high probability to be selected to the next generation for genetic operation. The recombination of chromosomes will create the new group for each generation. The evolution processes in each generation will generate the better chromosome of sequence. The effects of parameters in genetic algorithm such as population size, mutation probability, and crossover probability were investigated. It was found that population size should be kept close to the number of possible sequences. The optimal mutation and crossover probability were in the range of 0.004-0.009 and 0.6-0.9 respectively for a 4-component case.

ภาควิชา เคมีเทคนิค  
สาขาวิชา เคมีเทคนิค  
ปีการศึกษา 2542

ลายมือชื่อนิสิต .....   
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา .....   
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาร่วม ..... -.....



## กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยความช่วยเหลืออย่างยิ่งของผศ.ดร.พรพจน์ เปี่ยมสมบูรณ์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ซึ่งท่านได้ให้คำปรึกษา คำแนะนำ และข้อคิดเห็นต่างๆ ในการค้นคว้าวิจัยมาด้วยดีตลอด

ขอขอบพระคุณ ศ.ดร.ภัทรพรรณ ประศาสน์สารกิจ ผศ.ดร.เลอสรวง เมฆสุด อ.ดร.สุชญา นิตวิฒนานนท์ และอาจารย์ทุกท่านในภาควิชาเคมีเทคนิคที่ชี้แนะให้คำปรึกษาให้งานวิจัยนี้เสนอเป็นผลงานได้อย่างดี

ขอขอบคุณเจ้าหน้าที่และบุคลากรภาควิชาเคมีเทคนิคทุกท่าน ที่อำนวยความสะดวก ในการทำวิจัยครั้งนี้จนสามารถดำเนินการวิจัยได้تماโดยตลอด

ขอบคุณเพื่อนๆ และพี่น้องชาวเคมีเทคนิค รวมทั้งผู้อยู่เบื้องหลังทุกคนที่เป็นกำลังใจและให้ความช่วยเหลือที่ดีเสมอมา

ท้ายนี้ ผู้วิจัยใคร่ขอกราบขอบพระคุณ บิดา-มารดา ซึ่งสนับสนุนในด้านการทำวิจัยและให้กำลังใจแก่ผู้วิจัยเสมอมาจนสำเร็จการศึกษา

สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

## สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	ง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	จ
กิตติกรรมประกาศ.....	ฉ
สารบัญ.....	ช
สารบัญตาราง.....	ณ
สารบัญรูป.....	ญ
บทที่	
1. บทนำ.....	1
1.1 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย.....	3
1.2 ขอบเขตของงานวิจัย.....	3
1.3 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับจากการวิจัย.....	3
2. ทฤษฎีและวารสารปริทรรศน์.....	4
2.1 การจัดลำดับการกลั่นโดยการใช้หอกกลั่นอย่างง่าย.....	4
2.2 การหาความเหมาะสม.....	9
2.3 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ.....	13
2.3.1 ฟังก์ชันจุดประสงค์กับฟังก์ชันความเหมาะสม.....	15
2.3.2 รูปแบบโครโมโซม.....	15
2.3.3 วัฏจักรของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ.....	16
2.3.4 พันธุศาสตร์ทางชีววิทยากับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ.....	18
2.3.5 ส่วนประกอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ.....	19
2.4 งานวิจัยในอดีต.....	28
3. การประยุกต์ของเทคนิคขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ.....	31
3.1 แบบจำลองกำหนดการเชิงเส้นจำนวนเต็มผสม (MILP) สำหรับการจัดลำดับการกลั่น.....	31
3.1.1 ฟังก์ชันจุดประสงค์ของ MILP.....	33
3.1.2 ข้อจำกัดดุลมวลสาร.....	36
3.1.3 ข้อจำกัดดุลพลังงาน.....	38
3.1.4 ข้อจำกัดจำนวนเต็ม.....	38

## สารบัญ (ต่อ)

บทที่	หน้า
3.1.5 แบบจำลอง MILP สมบูรณ์ .....	39
3.2 รูปแบบของสายอักขระ .....	40
3.3 การประเมินค่าความเหมาะสม .....	40
3.4 การดำเนินการทางพันธุกรรม .....	41
3.5 ตัวอย่างปัญหาที่ใช้ในการทดสอบ .....	41
3.5.1 สารของผสม 4 องค์ประกอบ .....	41
3.5.2 สารของผสม 5 องค์ประกอบ .....	45
4. ผลการคำนวณ .....	48
5. สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ .....	61
5.1 สรุปผลการวิจัย .....	61
5.2 ข้อเสนอแนะ .....	62
รายการอ้างอิง .....	63
ภาคผนวก .....	66
ภาคผนวก ก .....	67
ภาคผนวก ข .....	68
ภาคผนวก ค .....	82
ภาคผนวก ง .....	89
ภาคผนวก จ .....	90
ภาคผนวก ฉ .....	94
ประวัติผู้วิจัย .....	113

สถาบันวิจัยบริการ  
 จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



## สารบัญตาราง

ตารางที่		หน้า
1.1	เปรียบเทียบข้อดีและข้อเสียของวิธีการหาลำดับการกลั่นที่เหมาะสมทั้ง 3 วิธี สำหรับการสังเคราะห์ลำดับการแยกแบบแยกชัดเจน .....	2
2.1	จำนวนหอกลั่น ลำดับการกลั่น กลุ่มย่อย และหน่วยแยก สำหรับวิธีการแยกสาร โดยการใช้หอกลั่นอย่างง่าย .....	7
2.2	กลุ่มย่อยสำหรับกระบวนการป้อนสารของผสม 4 องค์ประกอบ.....	8
2.3	หน่วยแยกสำหรับกระบวนการป้อนสารของผสม 4 องค์ประกอบ.....	8
2.4	ขั้นตอน 6 ขั้นตอนที่ใช้ในการแก้ปัญหาความเหมาะสม .....	12
2.5	แสดงคำศัพท์ทางพันธุศาสตร์กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ.....	18
3.1	ข้อมูลสำหรับการทดสอบปัญหาการแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบ.....	43
3.2	ข้อมูลสำหรับการทดสอบปัญหาการแยกสารของผสม 5 องค์ประกอบ .....	46
ก.1	จำนวนชั้นในหอกลั่น สัดส่วนป้อนกลับ และภาวะความร้อน จากการคำนวณของ โปรแกรม HYSYS สำหรับการแยกสารของผสม 5 องค์ประกอบ .....	67
ง.1	การหาค่าสัมประสิทธิ์ภาวะความร้อนของแต่ละหอกลั่นในโครงสร้างรวม สำหรับการแยกสารของผสม 5 องค์ประกอบ .....	89



สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

## สารบัญรูป

รูปที่	หน้า
2.1	หอกลับอย่างง่ายที่ใช้ในการพิจารณาหาการจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสม ..... 5
2.2	การจัดลำดับสำหรับการแยกสารของผสม 3 องค์ประกอบ (ก) การจัดลำดับ โดยตรง (ข) การจัดลำดับไม่ใช่โดยตรง ..... 5
2.3	ลำดับการกลั่นสำหรับการแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบ (ก) $j = 1$ (ข) $j = 2$ , ลำดับสมมาตร (ค) $j = 3$ ..... 6
2.4	สภาพแวดล้อมภายนอกที่มีผลกระทบต่อสภาพของกระบวนการ ..... 10
2.5	หลักการพื้นฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ ..... 16
2.6	วัฏจักรของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ ..... 17
2.7	ผังงานการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการแบบง่าย ..... 20
2.8	การคัดเลือกแบบจำลองการหมุนวงล้อถ่วงน้ำหนัก ..... 23
2.9	การสลับไขว้แบบ 1 จุด ..... 24
2.10	การกลายพันธุ์แบบ 1 จุด ..... 24
3.1	ผังงานแสดงขั้นตอนการแก้ปัญหาในการจัดลำดับการกลั่น ..... 32
3.2	(ก) ลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมดในการแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบ และ (ข) โครงสร้างรวมสำหรับการแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบ ..... 34
3.3	(ก) ลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมดในการแยกสารของผสม 5 องค์ประกอบ และ (ข) โครงสร้างรวมสำหรับการแยกสารของผสม 5 องค์ประกอบ ..... 35
3.4	การประมาณเชิงเส้นระหว่างต้นทุนของหอกลับกับอัตราการป้อน ..... 36
3.5	ตุลมวลสารสำหรับการแยกของผสมหลายองค์ประกอบ ..... 37
3.6	ผังงานแสดงขั้นตอนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการในการแก้ปัญหา ..... 42
3.7	ลำดับการกลั่นที่เหมาะสมมากที่สุด ของตัวอย่างปัญหาการแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบ ..... 44
3.8	ลำดับการกลั่นที่เหมาะสมมากที่สุด ของตัวอย่างปัญหาการแยกสารของผสม 5 องค์ประกอบ ..... 46
4.1	การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ $PopSize = 6$ , $P_c = 0$ และ $P_m = 1$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ ..... 49
4.2	การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ $PopSize = 6$ , $P_c = 1$ และ $P_m = 0$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ ..... 49

## สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
4.3 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 0.8$ และ $P_m = 0.01$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	49
4.4 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 10 , $P_c = 0.8$ และ $P_m = 0.01$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	50
4.5 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 20 , $P_c = 0.8$ และ $P_m = 0.01$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	50
4.6 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 30 , $P_c = 0.8$ และ $P_m = 0.01$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	50
4.7 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 40 , $P_c = 0.8$ และ $P_m = 0.01$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	51
4.8 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 50 , $P_c = 0.8$ และ $P_m = 0.01$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	51
4.9 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 8 , $P_c = 0.8$ และ $P_m = 0.004$ สำหรับของผสม 5 องค์ประกอบ .....	52
4.10 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 14 , $P_c = 0.8$ และ $P_m = 0.004$ สำหรับของผสม 5 องค์ประกอบ .....	52
4.11 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 30 , $P_c = 0.8$ และ $P_m = 0.004$ สำหรับของผสม 5 องค์ประกอบ .....	53
4.12 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 1.0$ และ $P_m = 0.001$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	54
4.13 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 1.0$ และ $P_m = 0.002$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	54
4.14 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 1.0$ และ $P_m = 0.003$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	54
4.15 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 1.0$ และ $P_m = 0.004$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	55
4.16 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 1.0$ และ $P_m = 0.005$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	55

## สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
4.17 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 1.0$ และ $P_m = 0.006$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	55
4.18 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 1.0$ และ $P_m = 0.007$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	56
4.19 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 1.0$ และ $P_m = 0.008$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	56
4.20 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 1.0$ และ $P_m = 0.009$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	56
4.21 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 1.0$ และ $P_m = 0.01$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	57
4.22 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 1.0$ และ $P_m = 0.004$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	58
4.23 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 0.9$ และ $P_m = 0.004$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	58
4.24 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 0.8$ และ $P_m = 0.004$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	58
4.25 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 0.7$ และ $P_m = 0.004$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	59
4.26 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 0.6$ และ $P_m = 0.004$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	59
4.27 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่ PopSize = 6 , $P_c = 0.5$ และ $P_m = 0.004$ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	59
4.28 ผลการเปลี่ยนแปลงของ $P_c$ กับ $P_m$ ที่มีต่อการวิวัฒนาการ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ .....	60
ค.1 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ A/BCDE .....	82
ค.2 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ AB/CDE .....	82
ค.3 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ ABC/DE .....	83
ค.4 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ ABCD/E .....	83

## สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
ค.5 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ B/CDE.....	83
ค.6 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ BC/DE.....	84
ค.7 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ BCD/E.....	84
ค.8 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ A/BCD .....	84
ค.9 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ AB/CD .....	85
ค.10 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ ABC/D .....	85
ค.11 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ C/DE .....	85
ค.12 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ CD/E .....	86
ค.13 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ B/CD .....	86
ค.14 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ BC/D .....	86
ค.15 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ A/BC .....	87
ค.16 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ AB/C .....	87
ค.17 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ D/E.....	87
ค.18 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ C/D .....	88
ค.19 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ B/C .....	88
ค.20 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ A/B .....	88
จ.1 ผังงานการตรวจสอบสายอักขระของประชากรว่าเป็นไปตามข้อกำหนดหรือไม่ .....	90

# บทที่ 1

## บทนำ



อุตสาหกรรมเคมีของไทยนั้นกำลังขยายตัว โดยเฉพาะอุตสาหกรรมปิโตรเคมี ซึ่งกำลังจะกลายเป็นอุตสาหกรรมหลักที่ใหญ่ที่สุดของประเทศไทย กระบวนการสำคัญกระบวนการหนึ่งในอุตสาหกรรมเคมี ได้แก่ กระบวนการแยกสารให้บริสุทธิ์ ทั้งการแยกสารที่มีอยู่ตามธรรมชาติและสารที่สังเคราะห์ขึ้นโดยปฏิกิริยาเคมี เนื่องจากกระบวนการแยกสารช่วยเพิ่มมูลค่าให้แก่ผลิตภัณฑ์ กระบวนการแยกสารที่ใช้กันอย่างแพร่หลายได้แก่ การกลั่น (Distillation) การกลั่นเป็นหน่วยปฏิบัติการที่เก่าแก่และมีการใช้งานกันอย่างกว้างขวางมาก โดยเฉพาะในงานอุตสาหกรรมน้ำมันและปิโตรเคมี กระบวนการกลั่นสามารถแยกสารให้บริสุทธิ์ได้โดยใช้ความร้อนและเป็นกระบวนการที่มีเสถียรภาพ สามารถใช้ได้กับสารหลากหลายประเภท ดังนั้นการกลั่นจึงได้รับการใช้งานอย่างกว้างขวาง ปัจจุบันการแยกสารในอุตสาหกรรมทั่วไปเกิดจากการจัดลำดับการแยกสารที่เป็นของผสมหลายองค์ประกอบให้เหมาะสม แม้ว่าหอกลั่นที่ซับซ้อนตัวหนึ่ง อาจสามารถใช้เพื่อผลิตผลิตภัณฑ์ที่ต้องการทั้งหมดก็ตาม แต่การกลั่นตามลำดับโดยหอกลั่นอย่างง่ายก็ยังมีมีการใช้งานกันอย่างกว้างขวาง เพราะว่าการกลั่นตามลำดับโดยหอกลั่นอย่างง่ายนั้นมีต้นทุนการผลิตที่ถูกกว่าหอกลั่นที่ซับซ้อน ซึ่งต้นทุนการผลิตนั้นได้จากการคิดรวมของเงินทุนและค่าใช้จ่ายในการปฏิบัติการ ซึ่งขึ้นกับลำดับการกลั่นที่เหมาะสม จึงมีความจำเป็นต้องมีการหาลำดับการกลั่นที่เหมาะสมมากที่สุดเพื่อช่วยลดต้นทุนการผลิตให้มากที่สุดที่เป็นไปได้ แต่อย่างไรก็ตามปัจจัยอื่น ๆ เช่น ความสามารถในการปฏิบัติการ ความสามารถในการใช้งานได้นาน และ ความปลอดภัย ควรจะต้องมีการพิจารณาก่อนที่จะมีการตัดสินใจเลือกลำดับการกลั่นที่เหมาะสมใด ๆ เป็นลำดับสุดท้าย

การจัดลำดับการแยกสารที่ใช้การกลั่นพื้นฐานยังคงเป็นที่นิยมใช้งานกันอยู่ในกระบวนการทางอุตสาหกรรม เนื่องจากลำดับการกลั่นเป็นส่วนสำคัญในการกำหนดต้นทุนการผลิตทั้งเงินทุนและค่าใช้จ่ายในการปฏิบัติการได้ การพัฒนาวิธีการต่าง ๆ เพื่อหาลำดับการกลั่นที่เหมาะสม จึงกลายเป็นงานวิจัยสำคัญที่มีผู้วิจัยสนใจทำการวิจัยเพื่อหาวิธีการต่าง ๆ ในการจัดลำดับการกลั่นด้วยแนวคิดต่าง ๆ ซึ่งวิธีการหาลำดับการกลั่นที่เหมาะสมมีผู้นำเสนอวิธีการดำเนินการอยู่ 3 วิธี

1. วิธีศึกษาสำนึก (Heuristic Methods) เป็นการใชกฎของนิ้วหัวแม่มือ (Rule of Thumb) โดยใช้ความรู้ความชำนาญทางด้านวิศวกรรมและความเข้าใจลึกซึ้งทางเคมีและฟิสิกส์ของวิธีการแยกสารในการวิเคราะห์

2. วิธีวิวัฒน์ (Evolutionary Methods) เป็นการหาลำดับการแยกสารที่เหมาะสมด้วยการแก้ไขปรับปรุงของลำดับการแยกสารที่ถูกเลือกในตอนแรก

3. วิธีขั้นตอนวิธี (Algorithmic Methods) เป็นวิธีการใช้เครื่องมือการหาความเหมาะสม (Optimization Tools) โดยใช้กำหนดการเชิงคณิตศาสตร์ มาประยุกต์ใช้ในการหาลำดับการกลั่นที่เหมาะสม ซึ่งวิธีการหาลำดับการกลั่นที่เหมาะสมทั้ง 3 วิธีนี้ จะมีข้อดีและข้อเสียที่แตกต่างกันออกไปดังแสดงในตารางที่ 1.1

ตารางที่ 1.1 เปรียบเทียบข้อดีและข้อเสียของวิธีการหาลำดับการกลั่นที่เหมาะสมทั้ง 3 วิธี สำหรับการสังเคราะห์ลำดับการแยกสารแบบแยกชัดเจน (Sharp Separation Sequences)

วิธีการ	ข้อดี	ข้อเสีย
วิธีศึกษาสำนึก	ไม่ใช่พื้นฐานทางด้านคณิตศาสตร์ ง่ายในการสร้างลำดับเริ่มต้น สำหรับวิธีอื่น ๆ	บ่อยครั้งที่จะได้ผลตรงกันข้ามกับ วิธีการอื่น ๆ
วิธีวิวัฒน์	แสดงให้เห็นถึงลำดับใหม่โดยการ พัฒนา	ขึ้นอยู่กับแผนการหรือวิธีการ ต้องการลำดับเริ่มต้นที่ดี
วิธีขั้นตอนวิธี	พิสูจน์ทางคณิตศาสตร์ สามารถใช้เครื่องคอมพิวเตอร์ช่วย ในการคำนวณได้ ง่ายในการหาลำดับที่เหมาะสมที่ รองลงมา	ถูกจำกัดโดยขนาดของปัญหา

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นวิธีการหาความเหมาะสมอีกวิธีหนึ่ง ซึ่งจัดอยู่ในวิธีการแบบที่ 3 แต่มีรายละเอียดขั้นตอนที่ต่างไปจากที่กล่าวมาแล้ว โดยวิธีการนี้จำลองกระบวนการวิวัฒนาการของดาร์วิน ซึ่งเป็นกระบวนการที่เกิดขึ้นตามธรรมชาติในกระบวนการทางพันธุกรรมของสายโครโมโซม ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะกระทำโดยวิธีการนำเอาสายอักขระที่ใช้แทนโครโมโซมของสิ่งมีชีวิตมาใช้แก้ปัญหาที่ได้กำหนดไว้ โดยกำหนดจำนวนของสายอักขระสำหรับประชากร ซึ่งแต่ละสายอักขระจะแทนแนวทางในการแก้ปัญหาที่นั้น ๆ เมื่อประชากรทั้งหมดของสายอักขระถูกทดสอบโดยการแก้ปัญหานั้นแล้ว แต่ละตัวจะได้ค่าของความเหมาะสมในการแก้ปัญหาที่นั้น ๆ จากนั้นประชากรของสายอักขระที่มีความเหมาะสมมากที่สุดจะถูกคัดเลือก และนำไปปฏิบัติการตามขั้นตอนของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมตามสัดส่วนที่ได้กำหนดไว้ นั่นคือบางส่วนถูกกำเนิดใหม่ (Reproduction) โดยวิธีการคัดลอกลักษณะของสายพันธุ์เดิมมาทั้งหมด บางส่วนนำไปสลับไขว้ (Crossover) ซึ่งเป็นวิธีการรวมเอาลักษณะของสายพันธุ์เดิม 2 สายพันธุ์มาแลกเปลี่ยนซึ่งกันและกันได้สายพันธุ์ที่มีลักษณะที่แตกต่างจากเดิม และบางส่วนจะถูกกำหนดให้กลายพันธุ์ (Mutation) โดยวิธีการสุ่มเพื่อเปลี่ยนแปลงอักขระบางอักขระของสายอักขระเพื่อเกิดสายพันธุ์ใหม่ที่อาจจะไม่มีในกลุ่มประชากรเดิม ซึ่งอัตราการกลายพันธุ์จะมีค่าค่อนข้างต่ำ

ด้วยวิธีการดังกล่าวจะสามารถสร้างประชากรสายพันธุ์ใหม่ (ซึ่งแทนด้วยสายอักขระ) ซึ่งเป็นลูกหลานที่จะถูกใช้ในการแก้ปัญหาในรอบการคำนวณครั้งต่อ ๆ ไป

### 1.1 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย

1. พัฒนาการหาลำดับการกลั่นที่เหมาะสมหรือใกล้เคียงความเหมาะสมมากที่สุดโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ
2. ศึกษาการนำเอาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการมาใช้ในการงานวิศวกรรมเคมี

### 1.2 ขอบเขตของงานวิจัย

งานวิจัยนี้เป็นการศึกษาเพื่อพัฒนาเทคนิคการหาสภาวะที่เหมาะสมที่เรียกว่า ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการเพื่อใช้ในการหาลำดับการกลั่นแบบแยกชัดเจน (Sharp Distillation Sequence) ที่เหมาะสมหรือใกล้เคียงภาวะเหมาะสมที่สุด กล่าวคือ ต้องการหาลำดับการกลั่นที่มีต้นทุนการผลิตต่ำที่สุด โดยผู้วิจัยจะพัฒนาโปรแกรมคอมพิวเตอร์โดยใช้ภาษา PASCAL ที่สามารถคำนวณหาลำดับการกลั่นที่เหมาะสมที่สุดจากข้อมูลราคาค่าก่อสร้างและค่าดำเนินการหอกั่น ทำการทดสอบโปรแกรมคอมพิวเตอร์ที่ได้กับปัญหาการกลั่นแยกสารของผสม 4 และ 5 องค์ประกอบ และทดสอบตัวแปรต่าง ๆ ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ เช่น ขนาดของประชากร (Population Size) ความน่าจะเป็นของการสลับไขว้ (Crossover Probability) และความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ (Mutation Probability)

### 1.3 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

ได้โปรแกรมคอมพิวเตอร์ที่สามารถใช้ในการคำนวณหาลำดับการกลั่นที่เหมาะสมที่สุด และเกิดความเข้าใจถึงการประยุกต์วิธีการขั้นตอนเชิงพันธุการในการแก้ปัญหา

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



## บทที่ 2

### ทฤษฎีและวารสารปริทรรศน์

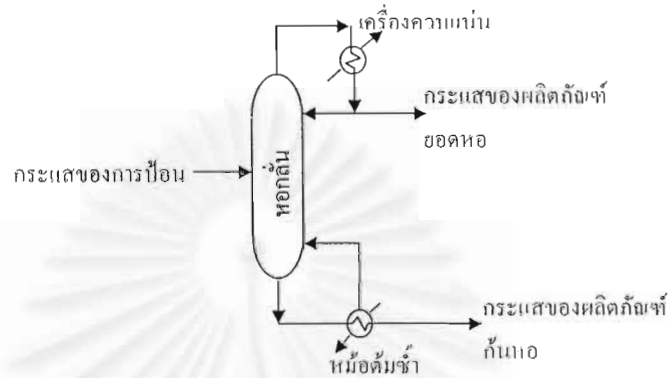
การกลั่นเป็นเทคนิคการแยกสารวิธีหนึ่งที่มีการใช้งานกันมาอย่างยาวนานในอุตสาหกรรม และถือได้ว่าการกลั่นเป็นส่วนประกอบสำคัญของต้นทุนการผลิตในกระบวนการทางเคมี กล่าวคือ ต้นทุนการแยกสารของผสมหลายองค์ประกอบเพื่อให้ได้สารผลิตภัณฑ์ที่บริสุทธิ์ตามต้องการ โดยการกลั่นลำดับส่วนมีบทบาทต่อเศรษฐศาสตร์ของกระบวนการทางเคมีอย่างมาก จึงมีผลงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์ลำดับการกลั่น (Distillation Sequence Synthesis) ตีพิมพ์อย่างมากมาย งานวิจัยส่วนใหญ่ได้กำหนดภาวะของปัญหาเพื่อหาความเหมาะสมในลักษณะการออกแบบลำดับการกลั่นแบบแยกชัดเจน โดยให้มีการป้อนของผสมหลายองค์ประกอบเพียง 1 สายและทราบภาวะต่าง ๆ ของสายป้อน เช่น อุณหภูมิ ความดัน อัตราการไหล และองค์ประกอบ จากนั้นทำการสังเคราะห์กระบวนการเพื่อหาลำดับการแยกสารของผสมหลายองค์ประกอบให้ได้สารผลิตภัณฑ์ที่บริสุทธิ์ตามต้องการ โดยหาต้นทุนการผลิต (ผลรวมของเงินทุนกับค่าใช้จ่ายในการปฏิบัติการ) ต่ำที่สุด Nishida และคณะ (1981) ได้แสดงถึงวิธีการแก้ปัญหาเชิงการจัด (Combinatorial Problem) ไว้ 3 วิธีคือ วิธีศึกษาสำนึก วิธีวิวัฒน์ และวิธีขั้นตอนวิธี ซึ่งวิธีขั้นตอนวิธีนั้นเป็นวิธีเดียวที่สามารถรับรองว่าได้คำตอบที่เหมาะสม ไม่เพียงแต่เท่านั้นวิธีขั้นตอนวิธียังเป็นพื้นฐานในการทำการพัฒนาด้านกำหนดการเชิงคณิตศาสตร์ด้วย

#### 2.1 การจัดลำดับการกลั่นโดยการใช้หอกลั่นอย่างง่าย

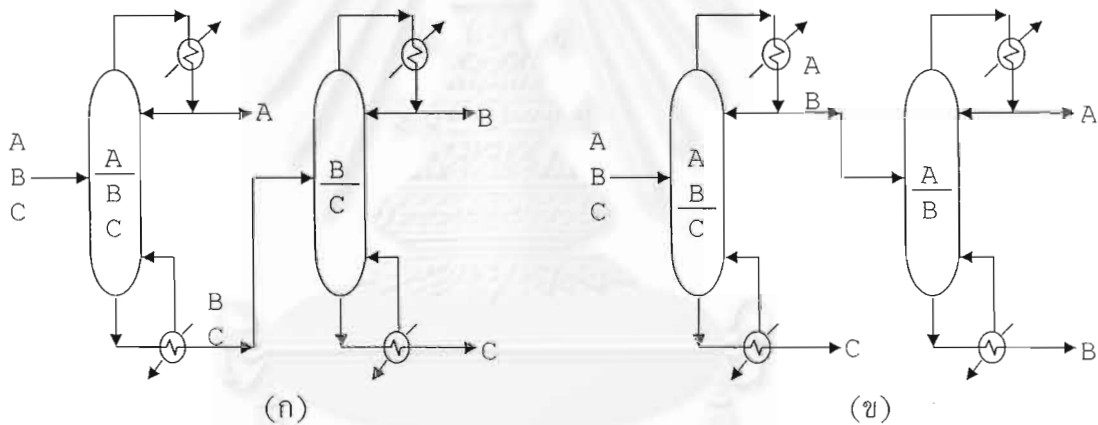
สมมุติฐานอันดับแรกในการออกแบบของระบบการกลั่นคือหอกลั่นเป็นหอกลั่นอย่างง่ายเพียงอย่างเดียว หอกลั่นอย่างง่ายคือหอกลั่นที่มีสายการป้อน 1 สาย สายของผลิตภัณฑ์ 2 สาย และใช้หม้อต้มซ้ำ (Reboiler) กับเครื่องควบแน่น (Condenser) อย่างละ 1 ตัว ดังรูปที่ 2.1 กระบวนการจะเริ่มด้วยการป้อนสารของผสมที่ประกอบด้วยสารองค์ประกอบ R องค์ประกอบ โดยสารองค์ประกอบแต่ละตัวจะถูกจัดเรียงตามค่าการระเหยสัมพัทธ์ (Relative Volatility) ลดลงตามลำดับ และสมมุติว่าลำดับของค่าการระเหยสัมพัทธ์จะยังคงคงที่ตลอดกระบวนการ เพื่อที่จะแยกสารให้ได้สารองค์ประกอบที่มีความบริสุทธิ์มากที่สุด R ผลิตภัณฑ์

ถ้ากระบวนการมีการป้อนสารของผสม 3 องค์ประกอบ ประกอบด้วยสาร A B และ C และใช้หอกลั่นอย่างง่ายในการแยกสารของผสม การจัดลำดับการกลั่นของหอกลั่นจะสามารถแสดงได้ 2 ลำดับดังรูปที่ 2.2 การจัดลำดับการกลั่นของหอกลั่นดังรูปที่ 2.2 (ก) เรียกว่าการจัดลำดับโดยตรง (Direct Sequence) ที่ซึ่งสารองค์ประกอบที่เบาที่สุดจะถูกแยกที่บริเวณ

ยอดหอในแต่ละหอกลับ ส่วนรูปที่ 2.2 (ข) เรียกว่า การจัดลำดับไม่ใช่โดยตรง (Indirect Sequence) ที่ซึ่งสารองค์ประกอบที่หนักที่สุดจะถูกแยกที่บริเวณก้นหอในแต่ละหอกลับ การจัดลำดับการกลั่นของทั้ง 2 แบบนี้ นำไปสู่ความแตกต่างกันในเรื่องของเงินลงทุนและค่าใช้จ่ายในการปฏิบัติการ



รูปที่ 2.1 หอกลับอย่างง่ายที่ใช้ในการพิจารณาหาการจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสม



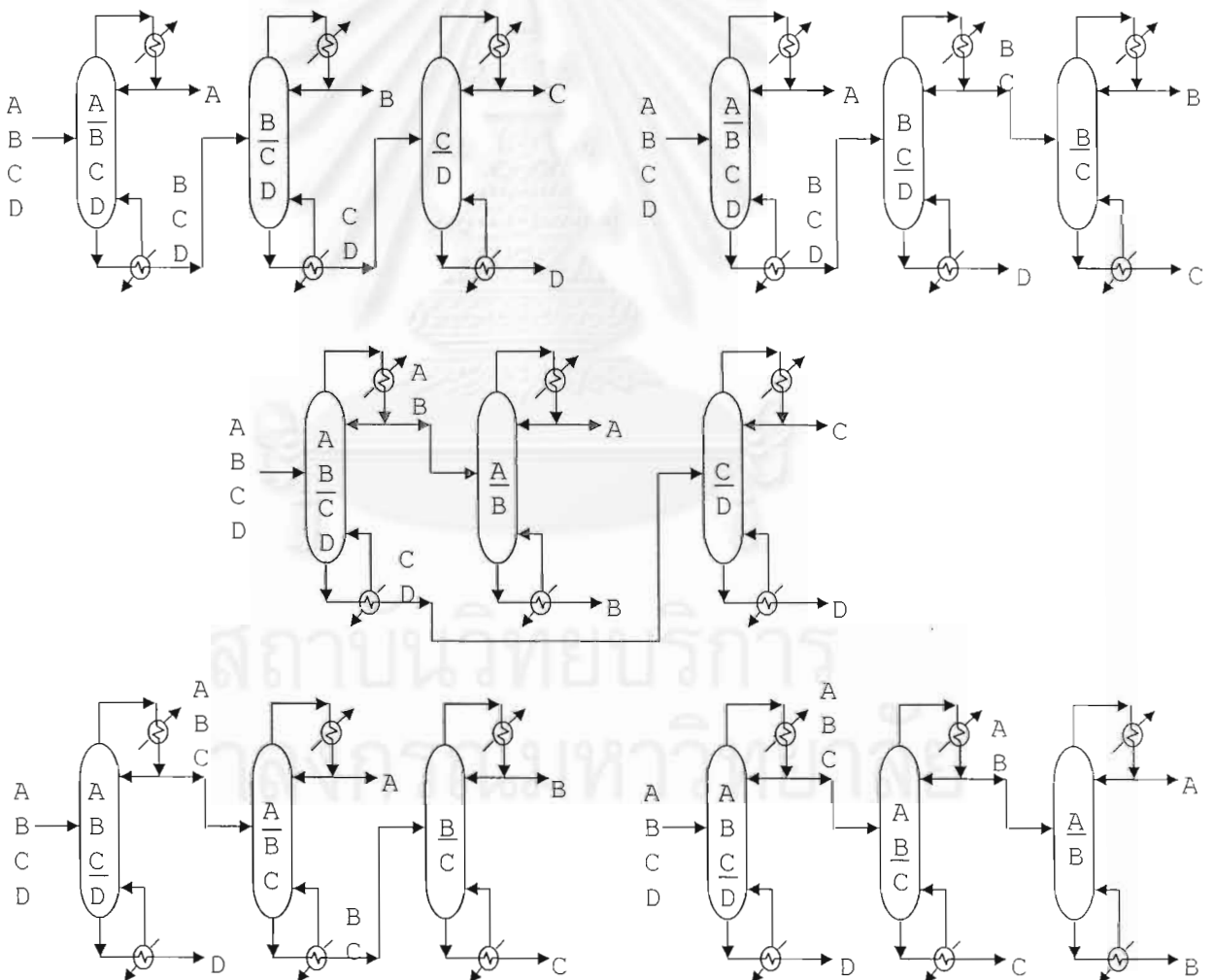
รูปที่ 2.2 การจัดลำดับสำหรับการแยกสารของผสม 3 องค์ประกอบ (ก) การจัดลำดับโดยตรง (ข) การจัดลำดับไม่ใช่โดยตรง

Tompson และ King (1972) ได้เสนอสมการสำหรับการหาจำนวนของลำดับการกลั่น, S ในการแยกสารของผสม R องค์ประกอบเพื่อให้ได้ R ผลิตภัณฑ์ สามารถที่จะพัฒนาได้ในรูปแบบดังนี้ สำหรับหอกลับแรกในลำดับการกลั่น  $(R-1)$  เป็นจุดของการแยกสารของผสมที่เป็นไปได้ทั้งหมด  $j$  เป็นจำนวนของสารองค์ประกอบที่ปรากฏในผลิตภัณฑ์ยอดหอ และ  $(R-j)$  จะเท่ากับจำนวนของสารองค์ประกอบที่ปรากฏในผลิตภัณฑ์ก้นหอ ถ้า  $S_j$  เป็นจำนวนของลำดับที่เป็นไปได้สำหรับสาร  $i$  องค์ประกอบ ดังนั้นการแยกสารของผสมในหอกลับแรก จำนวนของลำดับการ

กลั่นจะเป็น  $S_j S_{R-j}$  แต่ในหอกลั่นแรก  $(R-1)$  เป็นความเป็นไปได้ของการแยกสารของผสมที่แตกต่างกัน เพราะฉะนั้นจำนวนของลำดับการกลั่นทั้งหมดสำหรับ  $R$  องค์ประกอบคือ

$$S_R = \sum_{j=1}^{R-1} S_j S_{R-j} = \frac{[2(R-1)]!}{R!(R-1)!} \quad (2.1)$$

สำหรับ  $R$  เท่ากับ 2 จะมีลำดับการกลั่นเพียงลำดับเดียวเท่านั้น ซึ่งประกอบด้วยหอกลั่นเพียงหนึ่งตัวที่เป็นไปได้ ดังนั้นจากสมการ 2.1  $S_2 = S_1 S_1 = 1$  และ  $S_1 = 1$  ในทำนองเดียวกัน สำหรับ  $R = 3$ ,  $S_3 = S_1 S_2 + S_2 S_1 = 2$  ดังแสดงในรูปที่ 2.2 ส่วนตารางที่ 2.1 แสดงลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมด โดย  $R$  มีค่าถึง 11 องค์ประกอบ สำหรับการจัดลำดับการแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบ แสดงได้ดังรูปที่ 2.3



รูปที่ 2.3 ลำดับการกลั่นสำหรับการแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบ (ก)  $j = 1$  (ข)  $j = 2$ , ลำดับสมมาตร (ค)  $j = 3$

ตารางที่ 2.1 จำนวนของหอกลับ ลำดับการกลับ กลุ่มย่อย และหน่วยแยก สำหรับวิธีการแยกสาร  
โดยการใช้หอกลับอย่างง่าย (Henley and Seader, 1981)

R , จำนวนของ สารองค์ประกอบ	(R-1) , จำนวน ของหอกลับที่ใช้ ในลำดับการกลับ	S , จำนวนของ ลำดับการกลับ	G , จำนวนของ กลุ่มย่อย	U , จำนวนของ หน่วยแยกหรือ หอกลับ
2	1	1	3	1
3	2	2	6	4
4	3	5	10	10
5	4	14	15	20
6	5	42	21	35
7	6	132	28	56
8	7	429	36	84
9	8	1,430	45	120
10	9	4,862	55	165
11	10	16,796	66	220

การแยกสารของผสมหลายองค์ประกอบที่ป้อนเข้ามาในหอกลับ และได้ผลิตภัณฑ์ที่เป็นสารของผสมที่มีสารองค์ประกอบจัดเรียงตามลำดับของค่าการระเหยสัมพันธ์ที่อยู่ใกล้เคียงกัน โดยสารองค์ประกอบที่ป้อนและผลิตภัณฑ์ที่ได้ในแต่ละหอกลับเรียกว่า กลุ่มย่อย (Subgroup) ตัวอย่างเช่นกระบวนการป้อนสารของผสม 4 องค์ประกอบที่มีการจัดเรียงตามลำดับของค่าการระเหยสัมพันธ์ สามารถที่จะหากกลุ่มย่อยที่แตกต่างกันได้ถึง 10 แบบจากการจัดลำดับการแยกสารที่แตกต่างกันดังรูปที่ 2.3 สำหรับรูปแบบของกลุ่มย่อยที่แตกต่างกันของสารของผสม 4 องค์ประกอบจะแสดงในตารางที่ 2.2 สำหรับสมการทั่วไปที่ใช้ในการหาจำนวนของกลุ่มย่อย, G ทั้งหมดที่แตกต่างกันคือ

$$G = \sum_{j=1}^R j = \frac{R(R+1)}{2} \quad (2.2)$$

สำหรับกระบวนการป้อนสารของผสม 4 องค์ประกอบ ต้องการหอกลับเพียง 3 หอในการจัดลำดับการกลับแต่ละแบบทั้ง 5 แบบ ดังรูปที่ 2.3 ดังนั้นจำนวนหอกลับทั้งหมดสำหรับการจัดลำดับหอกลับทั้ง 5 แบบคือ 15 หอ อย่างไรก็ตามจากรูปที่ 2.3 และตารางที่ 2.3 พบว่ามีหอกลับเพียงแค่ 10 หอเท่านั้นที่แตกต่างกัน ซึ่งคำนวณหาได้จากการหาหน่วยแยก (Unique Splits), U โดยมีความสัมพันธ์ดังนี้

$$U = \sum_{j=1}^{R-1} j(R-j) = \frac{R(R-1)(R+1)}{6} \quad (2.3)$$

ค่ากลุ่มย่อย  $G$  และค่าหน่วยแยก  $U$  สำหรับ  $R$  ที่มีค่าถึง 11 รวมอยู่ในตารางที่ 2.1 จากตารางจะสังเกตได้ว่า ถ้า  $R$  เพิ่มขึ้น  $S$ ,  $G$  และ  $U$  ก็จะเพิ่มขึ้นด้วย อย่างไรก็ตามสมการดังกล่าวมีข้อจำกัดอยู่คือ ถ้า  $R \rightarrow \infty$ ,  $G\{R+1\}/G\{R\} \rightarrow 1$ ,  $U\{R+1\}/U\{R\} \rightarrow 1$  แต่  $S\{R+1\}/S\{R\} \rightarrow 4$

ตารางที่ 2.2 กลุ่มย่อยสำหรับกระบวนการป้อนสารของผสม 4 องค์ประกอบ

(Henley and Seader, 1981)

กระบวนการป้อน หอกลับหอแรก	กระบวนการป้อน หอกลับที่เหลือ	ผลิตภัณฑ์
$\begin{pmatrix} A \\ B \\ C \\ D \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} A \\ B \\ C \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} A \\ B \\ C \\ D \end{pmatrix}$
	$\begin{pmatrix} B \\ C \\ D \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} B \\ C \\ D \end{pmatrix}$

ตารางที่ 2.3 หน่วยแยกสำหรับกระบวนการป้อนสารของผสม 4 องค์ประกอบ

(Henley and Seader, 1981)

หน่วยแยกสำหรับ หอกลับหอแรก	หน่วยแยกสำหรับหอกลับที่เหลือ	ผลิตภัณฑ์
$\begin{pmatrix} \underline{A} \\ B \\ C \\ D \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} \underline{A} \\ \underline{B} \\ C \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} \underline{A} \\ B \\ C \\ D \end{pmatrix}$
$\begin{pmatrix} A \\ \underline{B} \\ \underline{C} \\ D \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} A \\ \underline{B} \\ \underline{C} \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} B \\ \underline{B} \\ \underline{C} \\ D \end{pmatrix}$
$\begin{pmatrix} A \\ B \\ C \\ \underline{D} \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} B \\ \underline{C} \\ \underline{D} \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} C \\ \underline{C} \\ \underline{D} \\ D \end{pmatrix}$

## 2.2 การหาความเหมาะสม (Optimization)

ปัจจุบันมีผู้เสนอวิธีต่าง ๆ อย่างมากมายสำหรับการหาจุดความเหมาะสมของปัญหา เช่น แคลคูลัสตามแบบฉบับ (Classical Calculus) ตัวคูณลากราง (Lagrangian Multipliers) หรือ กำหนดการเชิงคณิตศาสตร์ (Mathematical Programming) และทฤษฎีการควบคุมแบบจำลองเหล่านี้ ใช้เทคนิคที่เป็นทั้งการบรรยายและการคาดคะเน โดยที่แบบจำลองเป็นการรวมความสัมพันธ์เชิงปริมาณระหว่างตัวแปรของระบบ และอธิบายกิจกรรมภายในของระบบ ลักษณะของการคาดคะเนจะรวมการวิเคราะห์โครงสร้างของแบบจำลองเหล่านี้ โดยวิธีการที่แน่นอนเพื่อค้นหาค่าสูงสุดต่ำสุดของฟังก์ชันจุดมุ่งหมาย (Objective Function) ที่เจาะจงลงไป เทคนิคการกำหนดการเชิงคณิตศาสตร์ที่ใช้ในการแก้ปัญหา ได้แก่ กำหนดการเชิงเส้น (Linear Programming (LP)) กำหนดการเชิงพลวัต (Dynamic Programming (DP)) หรือกำหนดการไม่เป็นเชิงเส้น (Nonlinear Programming (NLP))

การวิเคราะห์และออกแบบกระบวนการอุตสาหกรรมหรือระบบควบคุมที่ใช้ในกระบวนการอุตสาหกรรมจำเป็นต้องทราบธรรมชาติและสมบัติต่าง ๆ ของกระบวนการและอุปกรณ์ต่าง ๆ ที่ใช้ในกระบวนการทั้งหมด ซึ่งการศึกษารวมธรรมชาติและสมบัติต่าง ๆ ของกระบวนการมี 2 วิธีคือ

1. การศึกษาสมบัติของกระบวนการโดยใช้ผลการทดลอง การวิเคราะห์กระบวนการสามารถทำได้โดยใช้อุปกรณ์วัดและเครื่องควบคุมทดลองป้อนสัญญาณเข้าและสังเกตผลจากการเปลี่ยนแปลงสัญญาณออกของกระบวนการและอุปกรณ์ต่าง ๆ การวิเคราะห์กระบวนการโดยวิธีนี้เสียเวลาและค่าใช้จ่ายมาก

2. การศึกษาสมบัติของกระบวนการโดยใช้วิธีการวิเคราะห์ทางคณิตศาสตร์และการคำนวณ เนื่องจากการออกแบบระบบส่วนใหญ่ต้องทำให้สำเร็จเรียบร้อยก่อนการก่อสร้างและติดตั้งอุปกรณ์วัดและควบคุมต่าง ๆ ในกระบวนการอุตสาหกรรมจริง การศึกษาสมบัติของกระบวนการโดยการวิเคราะห์ผลจากการทดลองป้อนสัญญาณเข้าให้อุปกรณ์ทุกตัวและสังเกตผลของการเปลี่ยนแปลงของสัญญาณออก จึงไม่สามารถจะทำได้ การวิเคราะห์กระบวนการอุตสาหกรรมส่วนใหญ่จึงต้องทำโดยแทนสมบัติของอุปกรณ์และกระบวนการด้วยสมการคณิตศาสตร์ซึ่งสามารถอธิบายสมบัติการทำงานของอุปกรณ์และกระบวนการนั้น ๆ

การหาความสัมพันธ์ทางคณิตศาสตร์เพื่ออธิบายปรากฏการณ์ต่าง ๆ ของกระบวนการหรือการสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของกระบวนการจึงมีความจำเป็นที่จะต้องนำมาใช้ในการออกแบบระบบควบคุม การสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์สามารถทำได้โดยพิจารณาการเปลี่ยนแปลงปริมาณพื้นฐานทางฟิสิกส์ 3 ประการคือ มวลสาร (Mass) พลังงาน (Energy) และโมเมนตัม (Momentum) โดยแสดงปริมาณพื้นฐานทั้ง 3 ประการในรูปของตัวแปรอื่นที่สามารถ

วัดค่าได้โดยตรง หรือไม่สามารถวัดค่าได้โดยตรงก็ตาม สมการทางคณิตศาสตร์ที่ใช้ในแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ สามารถหาได้จากกฎพื้นฐานทางวิทยาศาสตร์กายภาพ (Physical Science) สาขาต่าง ๆ การสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ของกระบวนการอุตสาหกรรมต่าง ๆ เช่น ถังผสมถ่ายเทความร้อน หม้อกำเนิดไอน้ำ หอกลิ้น หรือกระบวนการผลิตแบบกะ สามารถทำได้โดยใช้หลักการอนุรักษ์ (Principle of Conservation) มวลสาร พลังงาน และโมเมนตัม ซึ่งสรุปความได้ว่า “การเปลี่ยนแปลงของปริมาณพื้นฐานในกระบวนการคือ มวลสาร พลังงาน และโมเมนตัม เท่ากับผลรวมทางพีชคณิตของปริมาณพื้นฐานนั้น ที่เข้าสู่กระบวนการและออกจากกระบวนการ” จากรูปที่ 2.4 การสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์โดยใช้หลักการอนุรักษ์ สามารถสรุปผลได้ดังนี้

$$\begin{aligned} \frac{\text{การเปลี่ยนแปลงปริมาณพื้นฐาน}}{\text{เวลา กระบวนการ}} &= \frac{\text{ปริมาณพื้นฐานที่เข้าสู่}}{\text{เวลา กระบวนการ}} - \frac{\text{ปริมาณพื้นฐานที่ออกจาก}}{\text{เวลา กระบวนการ}} \\ &+ \frac{\text{ปริมาณพื้นฐานที่เกิดขึ้น}}{\text{เวลา กระบวนการ}} - \frac{\text{ปริมาณพื้นฐานที่ถูกทำลาย}}{\text{เวลา กระบวนการ}} \end{aligned}$$

รูปที่ 2.4 สภาพแวดล้อมภายนอกที่มีผลกระทบต่อสภาพของกระบวนการ

โดยหลักการแล้วการดำเนินการแต่ละครั้งของการจำลองกระบวนการภายใต้ภาวะที่จะได้รับการตอบสนองที่ดีที่สุดเป็นของง่าย แต่ในทางปฏิบัติจำนวนทางเลือกจะเพิ่มขึ้นเป็นจำนวนมหาศาลอย่างรวดเร็ว เมื่อจำนวนสารประกอบในกระบวนการเพิ่มขึ้น ทำให้การแก้ปัญหาต้องใช้เวลามากขึ้นและก่อให้เกิดค่าใช้จ่ายที่มากเกินกว่าจะจัดหาให้ได้ จากผลดังกล่าวนี้จึงได้มีผู้เริ่มพัฒนาการใช้แบบจำลองการหาความเหมาะสม เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการวิเคราะห์ทางเลือกที่ผันแปรต่าง ๆ วิธีการดังกล่าวรวมถึงวิธีกำหนดการเชิงเส้น (LP) วิธีกำหนดการเชิงพลวัต (DP) และวิธีกำหนดการไม่เป็นเชิงเส้นด้วย (NLP) ลักษณะโดยทั่วไปของการหาความเหมาะสมทั้งหมดจะแตกออกได้เป็น

- ฟังก์ชันจุดประสงค์เพื่อหาความเหมาะสม และ
- กลุ่มของภาวะเงื่อนไขบังคับ

ฟังก์ชันจุดประสงค์เพื่อหาความเหมาะสมเป็นคำบอกกล่าวในรูปคณิตศาสตร์ถึงเป้าหมายที่ต้องการบรรลุ ดังเช่น ราคาต่ำสุด หรือผลกำไรสูงสุด กลุ่มของเงื่อนไขบังคับโดยปกติแล้วเป็นจำนวนของสมภาพ (Equality Constraints) หรือ อสมภาพ (Inequality Constraints) ซึ่งแสดงถึงความต้องการหรือข้อจำกัดของระบบในปัญหา

ปัญหาการหาความเหมาะสมโดยทั่วไปนั้นเขียนเป็นโครงงานทั่วไปในพจน์ของตัวแปร,  $x$  ซึ่งมีฟังก์ชันจุดประสงค์ดังนี้

หาความเหมาะสม	$f(x)$	ฟังก์ชันจุดประสงค์
ขึ้นอยู่กับข้อจำกัด	$h(x) = 0$	ข้อจำกัดสมภาพ
	$g(x) \geq 0$	ข้อจำกัดอสมภาพ
และขอบเขตข้อจำกัดของตัวแปร		
	$a < x < b$	

โดยที่  $x$  เป็นเวกเตอร์ของตัวแปร  $n$  ตัว  $(x_1, x_2, \dots, x_n)$ ,  $h(x)$  และ  $g(x)$  เป็นเวกเตอร์ของสมการ  $m_1$  และ  $m_2$  ที่เรียกว่าข้อจำกัด โดย  $a, b$  เป็นขอบเขตต่ำกว่าหรือสูงกว่าตามลำดับของตัวแปร และจำนวนของข้อจำกัดทั้งหมดเป็น  $m = (m_1 + m_2)$  การหาผลลัพธ์ที่เป็นไปได้ (Feasible Solution) ของปัญหาการหาความเหมาะสมคือ กลุ่มของตัวแปร และระบบสมการที่สอดคล้องกับข้อจำกัด บริเวณที่เป็นไปได้ (Feasible Region) คือบริเวณของผลเฉลยที่สอดคล้องกับผลลัพธ์ที่ข้อจำกัดต่าง ๆ ผลเฉลยที่เหมาะสม (Optimal Solution) คือกลุ่มของค่าของตัวแปรซึ่งสอดคล้องกับข้อจำกัดและให้ค่าที่เหมาะสมที่สุดสำหรับฟังก์ชันจุดประสงค์

การแบ่งปัญหาความเหมาะสมขึ้นอยู่กับธรรมชาติของฟังก์ชันจุดมุ่งหมายและข้อจำกัด โดยแยกแยะออกได้ดังนี้: (ก) ปัญหาเชิงเส้น (Linear) กับปัญหาไม่เป็นเชิงเส้น (Nonlinear) (ข) ปัญหาเชิงกำหนด (Deterministic) กับปัญหาความน่าจะเป็น (Probabilistic) (ค) ปัญหาสถิต (Static) กับปัญหาพลวัต (Dynamics) (ง) ปัญหาต่อเนื่อง (Continuous) กับปัญหาทันที (Discrete) และ (จ) ปัญหาพารามิเตอร์แบบรวม (Lumped Parameter) กับปัญหาพารามิเตอร์แบบกระจาย (Distributed Parameter)

ปัญหากำหนดการเชิงเส้นเป็นปัญหาซึ่งฟังก์ชันจุดมุ่งหมายและข้อจำกัดทั้งหมดเป็นเชิงเส้น ปัญหากำหนดการไม่เป็นเชิงเส้น แสดงโดยสมการไม่ใช่เชิงเส้น นั่นคือส่วนหนึ่งหรือทั้งหมดของข้อจำกัดหรือฟังก์ชันจุดประสงค์ไม่ใช่เชิงเส้น ปัญหาเชิงกำหนดประกอบด้วยสัมประสิทธิ์และพารามิเตอร์สามารถกำหนดให้เป็นค่าแน่นอนได้ ส่วนปัญหาแบบความน่าจะเป็นประกอบด้วยพารามิเตอร์มีค่าความไม่แน่นอน (Uncertain Parameter) ตัวแปรในสมการเป็นตัวแปรสุ่ม (Random Variable) ปัญหาสถิตเป็นปัญหาที่ตัวแปรไม่ได้ขึ้นอยู่กับเวลา ปัญหาพลวัตเป็นปัญหาซึ่งตัวแปรขึ้นอยู่กับเวลา ปัญหาต่อเนื่องมีตัวแปรซึ่งสามารถหาค่าต่อเนื่องได้ โดยที่



ปัญหาไม่ต่อเนื่องมีตัวแปรที่มีค่าเป็นช่วง ๆ โดยทั่วไปแล้วปัญหาไม่ต่อเนื่องได้แก่ปัญหาประเภท กำหนดการเชิงจำนวนเต็ม (Integer Programming) ซึ่งตัวแปรที่มีค่าเป็นเลขจำนวนเต็ม ส่วน กำหนดการเชิงจำนวนเต็มผสม (Mixed Integer Programming) จะใช้ทั้งตัวแปรต่อเนื่องและ ตัวแปรที่เป็นช่วงในการแก้ปัญหา ปัญหาแบบรวมจะพิจารณาใช้ตัวแปรและพารามิเตอร์ค่า เดียวตลอดทั้งระบบ ส่วนปัญหาแบบกระจายนั้นให้รายละเอียด ตัวแปรขึ้นอยู่กับพฤติกรรมของ ระบบจากจุดหนึ่งไปยังอีกจุดหนึ่ง

วิธีการหาความเหมาะสมที่นำไปใช้ประโยชน์จะขึ้นอยู่กับ 1) ชนิดของฟังก์ชันจุดมุ่งหมาย 2) ชนิดของข้อจำกัด 3) จำนวนของตัวแปร Edgar และ Himmelblau (1988) ได้แสดงถึง ขั้นตอนโดยทั่วไปในการแก้ปัญหาความเหมาะสมได้ดังตารางที่ 2.4 ในบางปัญหาวิศวกรจะ ต้องดำเนินการตามลำดับขั้นตอน แต่ในแต่ละขั้นตอนวิศวกรจะต้องพิจารณาถึงกระบวนการ พร้อมกันไปด้วย จุดมุ่งหมายในการหาความเหมาะสม คือการหากลุ่มค่าของตัวแปรซึ่งสอดคล้อง กับข้อจำกัด และทำให้ฟังก์ชันจุดประสงค์ให้ค่าที่เหมาะสมที่สุด

ตารางที่ 2.4 ขั้นตอน 6 ขั้นตอนที่ใช้ในการแก้ปัญหาความเหมาะสม  
(Edgar and Himmelblau, 1988)

1. วิเคราะห์กระบวนการเพื่อกำหนดตัวแปรของกระบวนการ และสมบัติที่เจาะจงของสิ่งที่นำเสนอใจ
2. หาเกณฑ์ของความเหมาะสม และกำหนดฟังก์ชันจุดประสงค์ในพจน์ของตัวแปรในข้อหนึ่งพร้อม ทั้งสัมประสิทธิ์ของแต่ละตัวแปร ขั้นตอนนี้จะให้แบบจำลองสมรรถนะ (Performance Model) (บางทีเราเรียก ว่าแบบจำลองทางเศรษฐศาสตร์ ซึ่งขึ้นอยู่กับความเหมาะสม)
3. พัฒนาแบบจำลองทางคณิตศาสตร์แสดงถึงกระบวนการที่เป็นไปได้หรือแบบจำลองอุปกรณ์ เครื่องมือ (Equipment Models) ซึ่งสัมพันธ์ไปถึงตัวแปรด้านเข้า-ด้านออกของกระบวนการ และสัมประสิทธิ์ที่ เกี่ยวข้อง รวมทั้งข้อจำกัดสมภาพและอสมภาพ ใช้หลักทางกายภาพเช่น ดุลมวล (Mass Balance) ดุลพลังงาน (Energy Balance) การสัมพันธ์เชิงประสพการณ์ (Empirical Relation) แนวความคิดโดยนัย (Implicit Concept) และขีดจำกัดภายนอกชี้ให้เห็นถึงตัวแปรอิสระและไม่อิสระ เพื่อหาจำนวนองศาของความอิสระ (Degree of Freedom)
4. ถ้าปัญหามีขนาดใหญ่มาก ให้ดำเนินการ
  - (ก) แยกออกเป็นส่วนที่จัดการได้ หรือ
  - (ข) ทำฟังก์ชันจุดมุ่งหมายและแบบจำลองให้ง่ายลง
5. ประยุกต์ใช้เทคนิคการหาความเหมาะสมที่ดีกับการบรรยายทางคณิตศาสตร์ของปัญหา
6. ตรวจสอบผลเฉลย และตรวจสอบความไว (Sensitivity) ของผลเฉลยที่ได้ต่อการเปลี่ยนแปลง สัมประสิทธิ์และสมมติฐานของปัญหา

## 2.3 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ในปัจจุบันนี้ปัญหาทางวิทยาศาสตร์ วิศวกรรมศาสตร์ คอมพิวเตอร์ หรือในการทำงานต่าง ๆ ที่ต้องการหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุด (Optimal Solution) สามารถหาคำตอบได้หลากหลายวิธี โดยมีความแตกต่างตามลักษณะของปัญหา แนวคิด เทคนิค และวิธีการวิเคราะห์ปัญหานั้น ๆ ทฤษฎีหรือเทคนิคใหม่ ๆ เริ่มนำแนวคิดและความรู้เกี่ยวกับทฤษฎีหรือกฎเกณฑ์ทางธรรมชาติมาใช้ในการพัฒนาเทคนิค เช่น เครือข่ายประสาท (Neural Network) ตรรกวิภังค์นัย (Fuzzy Logic) เป็นต้น ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นอีกวิธีหนึ่งในการหาคำตอบที่เหมาะสมแบบสุ่ม (Stochastic Optimization) ที่จำลองรูปแบบวิธีการทางชีววิทยา ในการให้กำเนิดประชากรรุ่นใหม่ หรือขยายเผ่าพันธุ์ไปสู่รุ่นลูก รุ่นหลานต่อไป ซึ่งอาศัยพื้นฐานความคิดของทฤษฎีวิวัฒนาการทางธรรมชาติและการถ่ายทอดลักษณะต่าง ๆ ทางพันธุกรรม โดยปฏิบัติตามกระบวนการถ่ายทอดทางพันธุกรรม เพื่อใช้ในการหาคำตอบที่ดีที่สุดหรือใกล้เคียงที่สุด

ปี ค.ศ. 1975 John Holland เริ่มสนใจศึกษาในทฤษฎีวิวัฒนาการทางธรรมชาติ (Natural Evolution) ในการกำเนิดประชากรและวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตในรุ่นต่อ ๆ ไป โดยกระบวนการธรรมชาติอันประกอบด้วยการคัดเลือกทางธรรมชาติ (Natural Selection) คือสิ่งมีชีวิตใดแข็งแรงกว่าย่อมมีโอกาสอยู่รอดได้มากกว่านั้นหมายถึงการมีโครโมโซม (Chromosome) ซึ่งประกอบด้วยยีนส์ (Genes) ต่าง ๆ ที่มีลักษณะที่ต้นนั้น จะมีโอกาสอยู่รอดได้มากกว่าโครโมโซมที่อ่อนแอ โครโมโซมที่อยู่รอดมีโอกาสถูกถ่ายทอดยีนส์ที่มีลักษณะดีเหล่านั้นไปยังลูกหลานได้มากกว่าเช่นกัน และกระบวนการทางพันธุศาสตร์ (Genetic Operation) คือการกำเนิดโครโมโซมใหม่โดยการผสมพันธุ์เพื่อถ่ายทอดยีนส์จากการสลับไขว้หรือการกลายพันธุ์

จากความรู้ทางวิวัฒนาการของธรรมชาติที่แสดงถึงการพัฒนาของสิ่งมีชีวิตโดยการถ่ายทอดลักษณะต่าง ๆ บนโครโมโซมนั้นมีสมบัติทั่วไปที่ยอมรับกันคือ

1. วิวัฒนาการเป็นผลที่เกิดขึ้นเนื่องจากความเปลี่ยนแปลงบนโครโมโซมที่เป็นอยู่ ซึ่งเป็นตัวบันทึกลักษณะของสิ่งมีชีวิตนั้น ๆ
2. ธรรมชาติของการคัดเลือกมีความสัมพันธ์กับโครโมโซมที่แสดงถึงลักษณะหรือโครงสร้างที่ดี ที่จะถูกถ่ายทอดส่วนของโครงสร้างที่ดี
3. การถ่ายทอดในขณะที่เกิดวิวัฒนาการนั้น โครโมโซมพ่อ-แม่มีการแลกเปลี่ยนส่วนโครงสร้างกันเพื่อสร้างโครโมโซมลูก และเหตุผลที่ทำให้เกิดโครโมโซมลูกที่แตกต่างกันออกไปคือกระบวนการผ่าเหล่า
4. วิวัฒนาการทางธรรมชาติมิได้เป็นสิ่งที่เกิดจากความจดจำ แต่เป็นกระบวนการที่เกิดจากโครงสร้างต่าง ๆ ในโครโมโซมที่เหมาะสมกับสภาพแวดล้อมที่เกิดขึ้นในขณะนั้น

John Holland เสนอว่า แนวความคิดจากสมบัติเหล่านี้จะนำมาปรับใช้กับการแก้ปัญหาซับซ้อนโดยใช้คอมพิวเตอร์เพื่อหาคำตอบที่ดีที่สุดหรือใกล้เคียงที่สุด เขาจึงได้ทำการวิจัยโดยทำการจำลองวิธีการเพื่อทดลองกับปัญหาแบบต่าง ๆ โดยมีจุดมุ่งหมายที่จะศึกษากระบวนการปรับตัวเอง (Self Adaptive Process) และสร้างโปรแกรมระบบผู้เชี่ยวชาญ (Artificial System Software) เพื่อแก้ปัญหา โดยอาศัยแนวความคิดของระบบทางธรรมชาติ และค้นพบวิธีการใหม่ซึ่งเรียกว่า ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm : GA)

หลักการเบื้องต้นในการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแก้ปัญหา โดยจะต้องมีการปรับปรุงรูปแบบปัญหาในการนำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในลักษณะที่เหมาะสม เพราะขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นวิธีการค้นหาคำตอบ โดยอาศัยวิธีการเลียนแบบการคัดเลือกทางธรรมชาติและธรรมชาติทางพันธุกรรมโดยการรวมกันหรือสลับเปลี่ยนค่าของตัวแปรต่าง ๆ อันเป็นองค์ประกอบโครงสร้างของปัญหาที่ให้คำตอบที่ต้องการ ซึ่งอาศัยหลักการสุ่มเพื่อปรับปรุงและค้นหาคำตอบที่ดีที่สุด การค้นหาคำตอบจากรุ่นหนึ่งไปยังรุ่นถัดไปตามวิวัฒนาการทางธรรมชาตินั้น คำตอบในรุ่นใหม่ได้จากการสร้างโครงสร้างใหม่โดยให้โอกาสกับโครงสร้างที่มีค่าฟังก์ชันจุดประสงค์สูงมากกว่าโครงสร้างที่มีค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ต่ำจึงทำให้ได้คำตอบที่ดีที่สุด จะเห็นได้ว่าวิธีการพื้นฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นการคำนวณแบบสุ่ม Goldberg (1989) แสดงให้เห็นว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมีข้อแตกต่างจากวิธีการหาค่าเหมาะสมที่สุดวิธีอื่น ๆ และกระบวนการค้นหาแบบอื่นในหลาย ๆ วิธีดังนี้

1. ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นการทำงานกับการเข้ารหัสอักขระที่มีความยาวจำกัดกับเซตของพารามิเตอร์ของปัญหา ไม่ได้เป็นการทำงานกับตัวพารามิเตอร์โดยตรง เช่นในการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $f(x) = x^2$  , ในช่วงของค่าจำนวนเต็ม  $[0, 31]$  โดยทั่ว ๆ ไปจะพิจารณาโดยการแทนค่า  $x$  ในสมการ แต่ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะพยายามหาวิธีเข้ารหัสพารามิเตอร์  $x$  ให้อยู่ในรูปของอักขระที่มีความยาวจำกัด ซึ่งวิธีการเข้ารหัสมีได้มากมายหลายวิธี
2. ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมีกระบวนการค้นหาจากประชากรในหลาย ๆ จุดของปัญหา ไม่ได้ค้นหาจากจุด ๆ เดียว เช่นในปัญหาที่มีพารามิเตอร์หลาย ๆ ตัว ในฟังก์ชัน  $f$  ที่แทนสมการทางคณิตศาสตร์ของ  $f(s_1, s_2, s_3, s_4, s_5) = f$  โดยที่  $s$  เป็นสวิตช์เปิดปิดมีค่าเป็น 0 หรือ 1 เพื่อหาค่า  $f$  ที่มีค่ามากที่สุด วิธีการทั่ว ๆ ไปจะตรวจสอบค่า  $f$  โดยการเปลี่ยนค่าแต่ละสวิตช์ แต่ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะใช้วิธีเข้ารหัสพารามิเตอร์  $s$  ให้อยู่ในรูปของสายอักขระที่มีความยาว 5 ซึ่งเป็นการค้นหาในหลาย ๆ จุดเข้าไปหาจุดสูงสุด
3. ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใช้การให้คำตอบแทนตามจุดประสงค์ของการแก้ปัญหาในการค้นหา ไม่ได้ใช้ข้อมูลจากฐานความรู้อื่น ๆ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นการค้นหาแบบคนตาบอดทำการค้นหาไปในทางที่ดีขึ้นไปเท่านั้นโดยอาศัยการวัดค่าตอบแทนที่ได้

4. ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการใช้กฎของการเปลี่ยนแปลงสถานะโดยอาศัยความน่าจะเป็นในการนำทางการค้นหา ไม่ได้ใช้กฎของการเปลี่ยนแปลงสถานะที่กำหนดขึ้นมาก่อนอย่างตายตัว ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการใช้การตัดสินใจโดยวิธีการสุ่มในทุก ๆ การปฏิบัติการในการค้นหาคำตอบที่เหมาะสมกับปัญหา

### 2.3.1 ฟังก์ชันจุดประสงค์กับฟังก์ชันความเหมาะสม

การหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดของปัญหาตามขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการมีพื้นฐานอยู่บนผลลัพธ์จากการหาคำตอบที่ผ่านมา วิธีการขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการจะพิจารณาขั้นตอนของการแก้ปัญหาโดยตัดสินใจคำตอบใหม่ที่ได้รับจากฟังก์ชันจุดมุ่งหมาย (Objective Function :  $f$ ) ดีขึ้น หรือเป็นคำตอบที่ใกล้เคียงคำตอบที่ต้องการหรือไม่ เนื่องจากแต่ละปัญหาจะถูกกำหนดฟังก์ชันจุดประสงค์ซึ่งเป็นฟังก์ชันที่แสดงความสัมพันธ์ระหว่างแต่ละตัวแปรและพารามิเตอร์ของปัญหานั้น ๆ สำหรับฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function :  $F$ ) เป็นฟังก์ชันที่กำหนดค่าความเหมาะสม (Fitness) ของแต่ละโครโมโซมเปรียบเสมือนค่าความสามารถในการอยู่รอดของแต่ละโครโมโซมและเป็นฟังก์ชันที่กำหนดโอกาส หรือสัดส่วนที่แต่ละโครโมโซมจะถูกคัดเลือกมากน้อยเพียงใด นั่นคือฟังก์ชันความเหมาะสมจะเป็นฟังก์ชันที่แสดงถึงค่าความเหมาะสมของคำตอบที่เกิดขึ้นจากชุดตัวแปรของปัญหาของโครโมโซมนั้น โดยทั่วไปแล้วฟังก์ชันจุดประสงค์มักถูกใช้เป็นฟังก์ชันความเหมาะสมหรืออาจปรับฟังก์ชันจุดประสงค์ให้เหมาะสมกับการใช้ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ

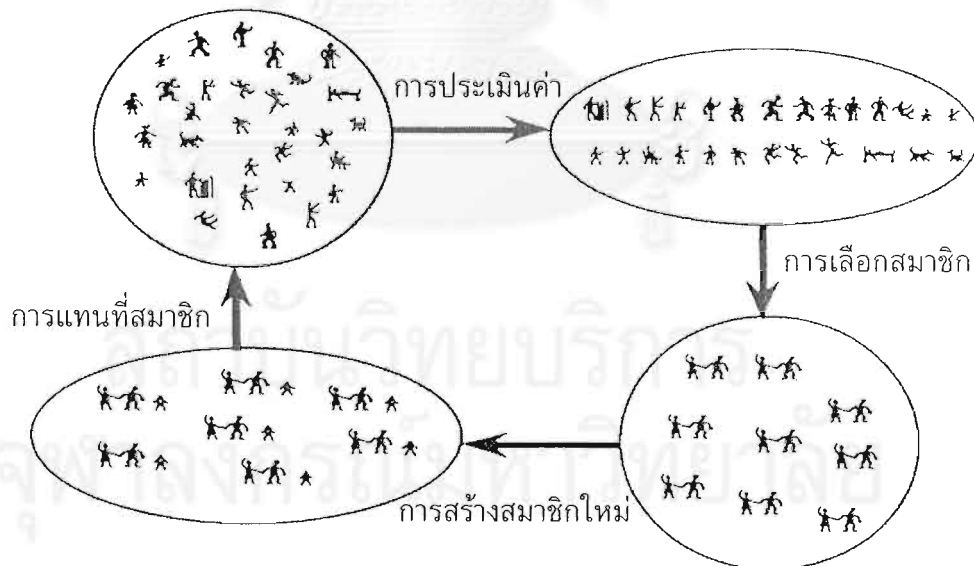
### 2.3.2 รูปแบบโครโมโซม

จากทฤษฎีวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตซึ่งอธิบายว่าการเปลี่ยนแปลงต่าง ๆ เกิดขึ้นจากการเปลี่ยนแปลงของโครโมโซม ดังนั้นจุดเริ่มต้นของการจำลองตามแบบธรรมชาติโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ เพื่อแก้ปัญหาจึงเริ่มจากการมองปัญหาเทียบกับสิ่งมีชีวิตชนิดหนึ่ง มีฟังก์ชันจุดประสงค์เป็นโครโมโซมซึ่งประกอบด้วยยีนส์ลักษณะต่าง ๆ ทำหน้าที่เก็บลำดับข้อมูลต่าง ๆ ที่จะแปลความหมายแล้วให้คำตอบของปัญหานั้น ๆ การมองภาพยีนส์ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการให้ถือเสมือนยีนส์ทางพันธุกรรมที่แสดงความหมายหรือเป็นส่วนหนึ่งของตัวแทนคำตอบหรือลักษณะใดลักษณะหนึ่งทางกรรมพันธุ์ ในทางพันธุศาสตร์ยีนส์เป็นตัวแสดงลักษณะที่อยู่รอดในสภาพแวดล้อม ขณะที่ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการยีนส์เป็นตัวแสดงค่าคำตอบของปัญหาที่แปรผันไปตามการประยุกต์ใช้งาน ซึ่งโดยทั่วไปยีนส์หมายถึงตัวแปรหรือพารามิเตอร์ที่เป็นองค์ประกอบของปัญหา ดังนั้นการกำหนดรูปแบบโครโมโซมของแต่ละปัญหาโดยการแปลงตัวแปรและพารามิเตอร์ให้อยู่ในรูปลำดับของยีนส์บนโครโมโซมหรือเรียกว่าสายอักขระ (String) อันประกอบด้วยบิต (Bit) หรือเรียกว่าอักขระ (Character) ซึ่งลักษณะต่าง ๆ ที่เป็นได้ของแต่ละ

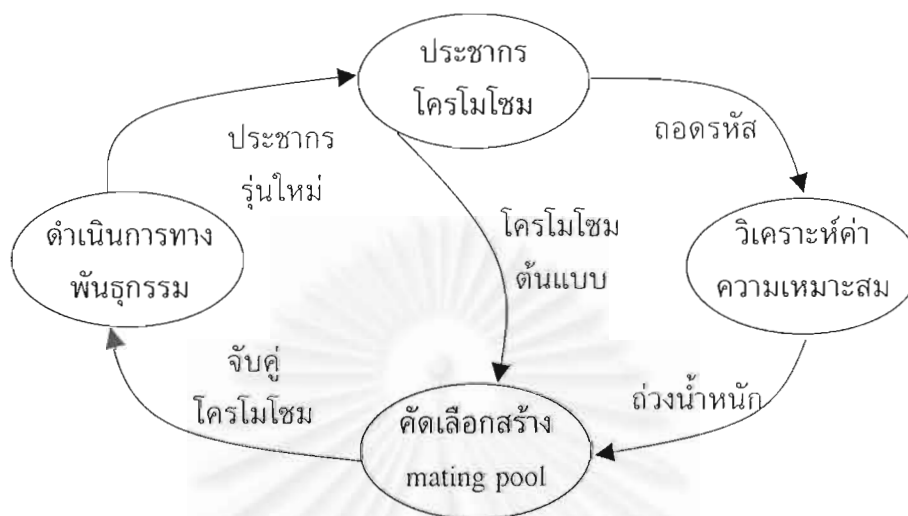
ยีนส์คือค่าของบิต (Bit Value) หรือค่าตัวแปรพารามิเตอร์ต่าง ๆ ที่เป็นไปได้ รูปแบบของค่าบิตที่จัดเรียงเป็นโครโมโซมคือ ยีนไทป์ (Genotype) ค่าของตัวแปรและพารามิเตอร์ต่าง ๆ ในหน่วยกายภาพคือ ฟีนไทป์ (Phenotype) นั่นเอง การกำหนดรูปแบบโครโมโซมของปัญหาให้เป็นตามแบบธรรมชาติ โดยกำหนดรหัสในรูปแบบตัวเลขหรือตัวอักษรในช่วงที่จำกัดตามค่าตัวแปรหรือพารามิเตอร์ และประกอบรวมกันเป็นจำนวนยีนส์หรือความยาวของโครโมโซมที่คงที่ เช่น หากต้องการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์  $y = x^2$  ที่  $x$  เป็นจำนวนเต็มอยู่ในช่วง  $[0,31]$  แล้ว วิธีการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการในการแก้ปัญหาโดยกำหนดรูปแบบโครโมโซมจากการกำหนดรหัสตัวแปร  $x$  เป็นตัวเลขไบนารี 0 หรือ 1 จำนวน 5 ตำแหน่ง ซึ่ง  $x$  จะมีค่าตั้งแต่ 00000 ถึง 11111 เป็นค่า 0 ถึง 31 ตามต้องการ เป็นต้น

### 2.3.3 วัฏจักรของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ

เมื่อกำหนดรูปแบบโครโมโซมและฟังก์ชันความเหมาะสมของปัญหาแล้ว ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการจะสามารถประมวลผลหาค่าตอบของปัญหาได้ โดยสร้างวิวัฒนาการกลุ่มคำตอบในรุ่นต่อไปตามวัฏจักรการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ (Genetic Algorithm Cycle) ดังรูปที่ 2.5 และ 2.6 ซึ่งมี 4 ขั้นตอนคือ



รูปที่ 2.5 หลักการพื้นฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ



รูปที่ 2.6 วัฏจักรของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ

1. สร้างประชากรชุดใหม่โดยใช้โครโมโซมรุ่นเก่า โดยประชากรต้นกำเนิด (Initial Population) เกิดจากการสร้างชุดโครโมโซมต้นกำเนิด จากการสุ่มสร้างค่าแต่ละบิตของแต่ละโครโมโซม
2. วิเคราะห์ค่าความเหมาะสมแต่ละโครโมโซม โดยถอดรหัสค่าตัวแปรพารามิเตอร์ต่าง ๆ ของแต่ละบิตในโครโมโซม และคำนวณค่าความเหมาะสมจากฟังก์ชันความเหมาะสมที่กำหนดไว้
3. สร้าง Mating Pool คือชุดโครโมโซมต้นแบบหรือชุดโครโมโซมพ่อ-แม่ ที่สามารถอยู่รอดเป็นต้นแบบ ซึ่งอาศัยการจำลองการคัดเลือกตามธรรมชาติ โดยพิจารณาถ่วงน้ำหนักค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม หากโครโมโซมใดมีค่าความเหมาะสมมากก็จะมีโอกาสถูกคัดเลือกเป็นต้นแบบมาก
4. ดำเนินการทางพันธุศาสตร์โดยสุ่มจับคู่โครโมโซมต้นแบบใน Mating Pool เพื่อสร้างประชากรโครโมโซมรุ่นใหม่ ซึ่งตัวดำเนินการทางพันธุศาสตร์ประกอบด้วย การสลับไขว้โดยการแลกเปลี่ยนค่าบิตบางส่วนของโครโมโซมซึ่งกันและกัน หรือกลายพันธุ์โดยสุ่มเปลี่ยนค่าบิตบางบิตของแต่ละโครโมโซมเป็นต้น

การค้นหาคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการจะประมวลผลซ้ำตามวัฏจักรขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการจนกว่าจะได้รับคำตอบที่พอใจตามกฎเกณฑ์ที่ตั้งไว้ หรือในระยะเวลาตามจำนวนรุ่นที่ดำเนินการที่ต้องการ Michalewicz (1992) แสดงขั้นตอนวิธีการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการดังนี้

```

BEGIN
  t := 0; //สร้างประชากรโครโมโซมต้นกำเนิดโดยการสุ่ม
  Initpopulation P(t); //วิเคราะห์ค่าความเหมาะสมแต่ละโครโมโซมประชากรต้นกำเนิด
  Evaluate P(t);
  //ตรวจสอบเงื่อนไขความพอใจ (เช่น เวลา,ค่าความเหมาะสม เป็นต้น)
  while not terminate
  begin
    t := t+1;
    //คัดเลือกโครโมโซมต้นแบบจากกลุ่มประชากรรุ่นก่อน
    P'(t) := Selecparents P(t-1);
    //แลกเปลี่ยนส่วนยีนส์ภายในโครโมโซมต้นแบบ
    Recombine P'(t);
    //กลายพันธุ์โครโมโซมต้นแบบ
    Mutate P'(t);
    //วิเคราะห์ค่าความเหมาะสมของประชากรรุ่นใหม่
    Evaluate P'(t);
    //ประชากรรุ่นใหม่กลายเป็นประชากรรุ่นเก่าต่อไป
    P(t) := P'(t);
  end;
END.

```

ตารางที่ 2.5 แสดงคำศัพท์ทางพันธุศาสตร์กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ (Goldberg, 1989)

Natural Genetic	Genetic Algorithm
Chromosome	String
Gene	Character , Bit
Allele	Character value , Bit value
Locus	String position
Genotype	Structure
Phenotype	A decode structure

#### 2.3.4 พันธุศาสตร์ทางชีววิทยากับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ

เปรียบเทียบลักษณะโครงสร้างทางพันธุศาสตร์กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการได้โดยสรุปดังนี้  
คือ ในทางพันธุศาสตร์ แต่ละโครโมโซมประกอบด้วยหน่วยเก็บลักษณะหรือยีนส์ ซึ่งเก็บค่าแสดง

ลักษณะหรือแอลลี (Allele) และแต่ละแบบของชุดยีนส์เรียกว่ายีนไทป์ ซึ่งแสดงลักษณะภายนอกที่ปรากฏเรียกว่า ฟีนไทป์

สำหรับในทางขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ ตัวแปรหรือพารามิเตอร์ของปัญหาจะถูกแปลงให้อยู่ในรูปของสายอักขระ ซึ่งมักเรียกกันว่าโครโมโซม ประกอบด้วยอักขระหรือบิต แต่ละตำแหน่งของโครโมโซมจะเก็บค่าอักขระหรือค่าของบิต ที่แสดงถึงโครงสร้างของแต่ละโครโมโซมที่มีค่าตัวแปรหรือพารามิเตอร์ของปัญหาแตกต่างกัน และเป็นตัวกำหนดค่าความเหมาะสมตามฟังก์ชันความเหมาะสมของแต่ละปัญหา ซึ่งสรุปความหมายเปรียบเทียบคำศัพท์ที่ใช้ทางพันธุศาสตร์กับทางขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการได้ดังตารางที่ 2.5

### 2.3.5 ส่วนประกอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการในยุคเริ่มแรกของ Holland นั้นคือ ขั้นตอนวิธีแบบง่าย (Simple Genetic Algorithm : SGA) ซึ่งมีขั้นตอนพื้นฐานที่มีกระบวนการไม่มากนักและง่ายในการศึกษาความเข้าใจแต่ละขั้นตอนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ เพื่อแก้ปัญหาในการหาค่าตอบดังแสดงในรูปที่ 2.7 แบ่งออกเป็น 2 ส่วนคือ ขั้นตอนเตรียมการและขั้นตอนการทำงาน

สำหรับในส่วนของขั้นตอนเตรียมการนั้นเป็นส่วนของการปรับรูปแบบของปัญหาให้เหมาะสมสำหรับการนำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการเพื่อใช้ในการแก้ปัญหา นั้น ๆ ประกอบด้วย

1. **กำหนดฟังก์ชันความเหมาะสม** เพื่อความสะดวกและง่ายต่อความเข้าใจในขั้นตอนการทำงานต่าง ๆ จะยกตัวอย่างปัญหาสำหรับอธิบายรายละเอียดการหาค่าตอบของ SGA คือ ปัญหาการหาค่าสูงสุดของฟังก์ชัน  $y = x^2$  ที่  $x$  มีค่าระหว่างจำนวนเต็ม  $[0,31]$

ตัวอย่าง : ฟังก์ชันจุดประสงค์คือ  $f = x^2$

และกำหนดให้ฟังก์ชันความเหมาะสมคือ  $F = x^2$

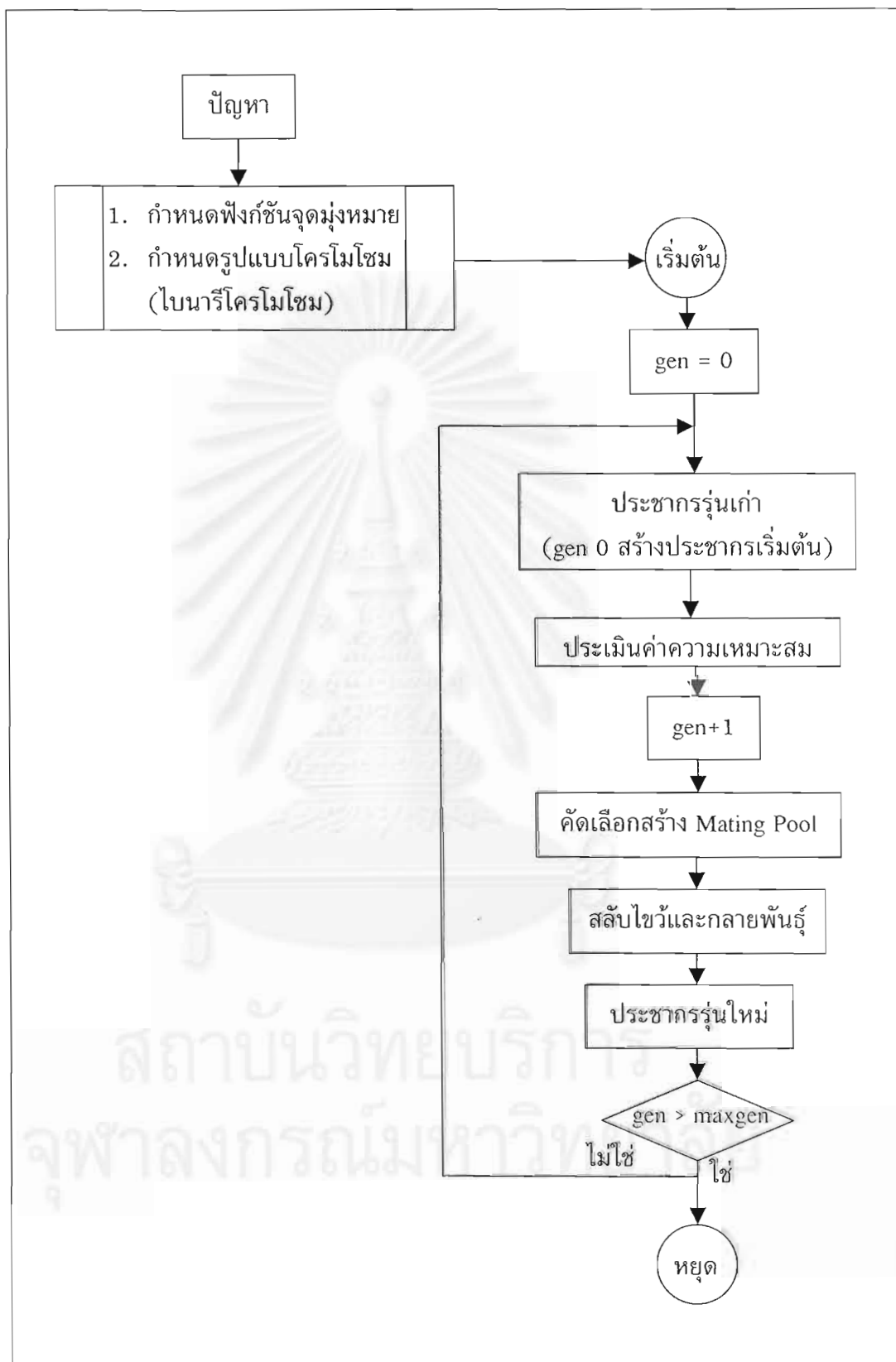
ซึ่งคำตอบที่ดีที่สุดคือ ค่า  $x$  ที่มีความเหมาะสมสูงสุด (MAX (F))

2. **กำหนดรูปแบบโครโมโซม** รูปแบบโครโมโซมของ SGA นั้นเป็นแบบไบนารี โดยค่าตัวแปรหรือค่าพารามิเตอร์ของปัญหาจะถูกแปลงให้อยู่ในรูปของไบนารีโครโมโซมอันประกอบด้วยบิตที่มีค่าเป็น 0 หรือ 1 ซึ่งเป็นเลขฐานสองและมีความยาว (Chromosome Length : LChrom) ตามแต่จะกำหนด ซึ่งแสดงด้วยสัญลักษณ์ได้ดังนี้

$B_1$	$B_2$	$B_3$	...	$B_{LChrom}$
-------	-------	-------	-----	--------------

ซึ่ง  $B_i \in \{0,1\}$





รูปที่ 2.7 ผังงานการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการแบบง่าย

ตัวอย่าง : วิธีการเข้ารหัสแบบไบนารีโดยแปลงค่าพารามิเตอร์  $x$  ให้อยู่ในรูปไบนารีบิต 5 บิต (LChrom = 5) ดังนั้นโครโมโซมของปัญหาจะมีค่าอยู่ในช่วง 00000 ถึง 11111 ซึ่งเมื่อถอดรหัสแล้วจะทำให้  $x$  มีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 31 ตามที่ต้องการ

ในส่วนรายละเอียดขั้นตอนการทำงานของวิธีเชิงพันธุการจะมีขั้นตอนพื้นฐานแบบง่ายประกอบด้วย

1. ประชากรรุ่นเก่า (Old Population) เป็นชุดโครโมโซมที่จะถูกคัดเลือกไปเป็นต้นแบบสำหรับสร้างประชากรรุ่นใหม่ (New Population) ในวิวัฒนาการ (Generation : Gen) รุ่นต่อไป โดยประชากรเริ่มต้นที่ Gen = 0 จะถูกสร้างขึ้นโดยการสุ่มตามจำนวนโครโมโซมหรือขนาดของประชากร (Population Size : PopSize) ในแต่ละรุ่นที่กำหนด

ตัวอย่าง :

ลำดับ	โครโมโซม	
1	0 1 1 0 1	ชุดโครโมโซมในรุ่นเริ่มต้นนี้เป็นชุดโครโมโซมที่กำหนดให้ในแต่ละรุ่นประกอบด้วย 4 โครโมโซม
2	1 1 0 0 0	ซึ่งแต่ละโครโมโซมเกิดจากการสุ่มค่าไบนารี 0
3	0 1 0 0 0	หรือ 1 จำนวน 5 ครั้ง
4	1 0 0 1 1	

2. วิเคราะห์ค่าความเหมาะสม เป็นขั้นตอนของการถอดรหัสจากรูปแบบโครโมโซมที่กำหนดไว้ เพื่อคำนวณค่าความเหมาะสมตามฟังก์ชันความเหมาะสมของปัญหาของแต่ละโครโมโซม ในที่นี้ฟังก์ชันจุดประสงค์หรือฟังก์ชันความเหมาะสม คือ  $F = x^2$  ดังนั้นการวิเคราะห์ค่าความเหมาะสมของ SGA โดยถอดรหัสเลขฐาน 2 ของแต่ละโครโมโซมเป็นค่าของตัวแปร  $x$  และคำนวณค่าความเหมาะสมคือค่า  $x^2$

ตัวอย่าง :

ลำดับ	โครโมโซม	$x$	ค่าความเหมาะสม, $x^2$	
1	0 1 1 0 1	13	169	ชุดโครโมโซมในรุ่นเริ่มต้นมี
2	1 1 0 0 0	24	576	ค่าความเหมาะสมเป็น 169
3	0 1 0 0 0	8	64	576 64 และ 361 ตามลำดับ
4	1 0 0 1 1	19	361	

3. การคัดเลือก เป็นขั้นตอนที่จำลองแบบการคัดเลือกตามธรรมชาติเพื่อสร้าง Mating Pool โดยคัดเลือกชุดโครโมโซมรุ่นเก่าให้เป็นโครโมโซมต้นแบบหรือโครโมโซมพ่อ-แม่ เพื่อใช้สร้างโครโมโซมลูกเป็นรุ่นต่อไป สำหรับการคัดเลือกของ SGA เป็นแบบอ้างอิงค่าความเหมาะสม

(Fitness-based Selection) โดยพิจารณาค่าความเหมาะสมเป็นตัวตัดสินว่า โครโมโซมใดในรุ่นเก่ามีโอกาสจะถูกเลือกเป็นโครโมโซมพ่อ-แม่อย่างน้อยเพียงใด โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีจะถูกกำหนดให้ค่าความน่าจะเป็นที่จะถูกเลือกแต่ละครั้งมีค่าสูง การกำหนดค่าความน่าจะเป็นที่จะถูกเลือกต่อการสุ่มเลือกแต่ละครั้ง (Probability of Selected Value : PSelect) ของแต่ละโครโมโซม กำหนดจากค่าความเหมาะสมเทียบกับผลรวมของค่าความเหมาะสมทั้งหมด ดังสมการที่ 2.4

$$PSelect_i = \frac{F_i}{\sum F} \quad (2.4)$$

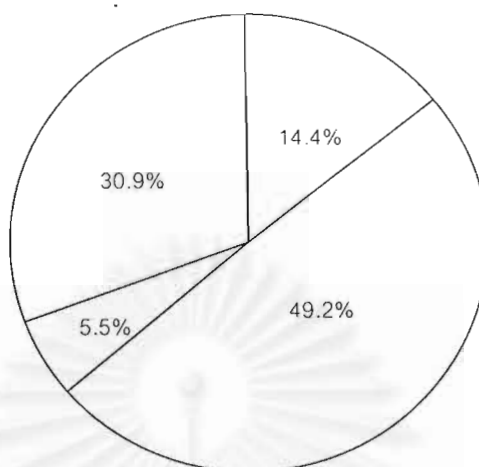
ซึ่งสามารถคำนวณค่าที่คาดหวังว่าจะสุ่มได้ (Expected Value : E) ของแต่ละโครโมโซมในแต่ละรุ่นดังสมการที่ 2.5

$$E_i = PSelect_i * PopSize = \frac{F_i}{F} \quad (2.5)$$

สำหรับวิธีการสุ่มโครโมโซมต้นแบบของ SGA เป็นแบบจำลองการหมุนวงล้อถ่วงน้ำหนัก (Roulette Wheel : RW) ซึ่งกำหนดขนาดแต่ละช่องของวงล้อค่าความน่าจะเป็นที่จะสุ่มได้ในแต่ละครั้งของแต่ละโครโมโซม ดังรูปที่ 2.8

ตัวอย่าง :

ลำดับ	โครโมโซม	x	ค่าความเหมาะสม (F)	ค่าความน่าจะเป็น (PSelect <sub>i</sub> )	จำนวนที่คาดหวัง (E <sub>i</sub> )	จำนวนที่สุ่มได้จาก RW
1	0 1 1 0 1	13	169	0.14	0.58	1
2	1 1 0 0 0	24	576	0.49	1.97	2
3	0 1 0 0 0	8	64	0.06	0.22	0
4	1 0 0 1 1	19	361	0.31	1.23	1
รวม			1170	1.00	4.00	4.0
ค่าเฉลี่ย			293	0.25	1.00	1.0
ค่าสูงสุด			576	0.49	1.97	2.0



รูปที่ 2.8 การคัดเลือกแบบจำลองการหมุนวงล้อถ่วงน้ำหนัก

4. ดำเนินการทางพันธุศาสตร์ เป็นขั้นตอนที่จำลองแบบธรรมชาติทางพันธุกรรม โดยกระบวนการทางพันธุศาสตร์ของ SGA คือ การสลับไขว้และการกลายพันธุ์ ซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

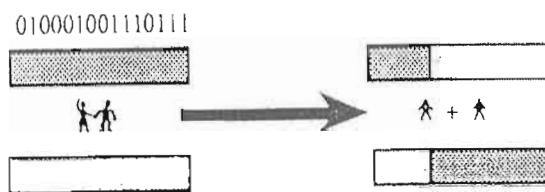
4.1 การสลับไขว้ เป็นตัวดำเนินการในการแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซมพ่อ-แม่ ตามการกำหนดอัตราความน่าจะเป็นของการสลับไขว้ (Probability of Crossover :  $P_c$ ) เพื่อสร้างชุดโครโมโซมรุ่นใหม่หรือโครโมโซมลูกมีขั้นตอนการทำงานคือ

4.1.1 สุ่มเลือกคู่ของโครโมโซมพ่อ-แม่ใน Mating Pool ที่สร้างไว้จากการคัดเลือก

4.1.2 สร้างเลขสุ่มจำนวนจริง ( $r$ ) มีค่าอยู่ในช่วง  $[0.0, 1.0]$  โดยถ้า  $r \leq P_c$  แล้วโครโมโซมพ่อ-แม่นั้นจึงมีการสลับไขว้

4.1.3 สลับไขว้โดยแลกเปลี่ยนส่วนของคู่โครโมโซมพ่อ-แม่นั้น การสลับไขว้ของ SGA เป็นการสลับไขว้แบบ 1 จุด (One-point Crossover) แสดงดังรูปที่ 2.9 ดังนี้

- สุ่มเลือกตำแหน่ง, Pos ที่จะใช้เป็นตำแหน่งในการสลับไขว้ ซึ่ง Pos มีค่าอยู่ในช่วง  $[1, LChrom - 1]$
- แลกเปลี่ยนค่าในแต่ละบิตของคู่โครโมโซมพ่อ-แม่ตั้งแต่ตำแหน่งที่ Pos+1 ถึง LChrom ซึ่งจะทำให้เกิดโครโมโซมรุ่นใหม่สองโครโมโซม



รูปที่ 2.9 การสลับไขว้แบบ 1 จุด

4.2 การกลายพันธุ์ เป็นกระบวนการผ่าเหล่าที่อาจช่วยให้โครโมโซม มีค่าความเหมาะสม ดีขึ้นหลังจากการสลับไขว้ โดยกลับค่าของบิตเป็นค่าใหม่ในตำแหน่งบิตที่สุ่มได้ ตามอัตราความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ในแต่ละบิต (Probability of Mutation :  $P_m$ ) ที่กำหนด สำหรับการกลายพันธุ์ของ SGA นั้นเป็นแบบไบนารี (Binary Mutation) โดยกลับค่าบิตเป็นค่าคอมพลีเมนต์คือจาก 0 เป็น 1 หรือจาก 1 เป็น 0 ดังรูปที่ 2.10



รูปที่ 2.10 การกลายพันธุ์แบบ 1 จุด

5. ประชากรรุ่นใหม่ เป็นชุดโครโมโซมลูกที่เกิดจากขั้นตอนวิวัฒนาการต่าง ๆ ทั้งหมด ซึ่งประชากรรุ่นใหม่ทั้งหมดที่เกิดขึ้น จะกลายเป็นประชากรรุ่นเก่าสำหรับวิวัฒนาการในรุ่นถัดไป ซึ่งเรียกววิวัฒนาการแบบนี้ว่า การถ่ายทอดแบบทั่วไปหรือการเกิดใหม่แบบทั่วไป (General Reproduction)

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการเป็นการคำนวณหาจุดเหมาะสมโดยรวม โดยอาศัยทฤษฎีความน่าจะเป็นและหลักการถ่ายทอดทางพันธุศาสตร์มาประยุกต์กับโครโมโซมซึ่งประกอบไปด้วยบิตที่ได้มาจากการลงรหัส (Encoding) ของตัวแปรในการหาความเหมาะสม ทฤษฎีอธิบายหลักการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการเรียกว่า ทฤษฎีบทสกีมา (Schema Theorem) ซึ่ง Michalewicz (1992) ได้อธิบายไว้ว่า สกีมาคือ ส่วนย่อยของสายอักขระที่มีความเหมือนกันในบางตำแหน่งในการลงรหัสด้วยเลขฐานสอง สกีมาจะประกอบไปด้วยบิตที่มี 3 ลักษณะได้แก่ 0 1 และ \* ที่ซึ่ง 0 และ 1 เป็นเลขฐานสองที่ใช้ในการลงรหัสนั้นเอง ส่วน \* เรียกว่า สัญลักษณ์ไม่สนใจ (Don't Care Symbol) มีความหมายว่าที่ตำแหน่งนั้นในสกีมาเราไม่สนใจว่าบิตจะเป็น 0 หรือ 1 ตัวอย่างของสกีมาเช่น

$$H_1 = (**001*110)$$

$$H_2 = (**00**0*)$$

$$H_3 = (11101**001)$$

สกีมาจะมีสมบัติที่สำคัญอยู่ 2 อย่างได้แก่

1. ส่วนเจาะจงหรืออันดับของสกีมา (Order :  $O(H)$ ) คือจำนวนตำแหน่งของบิต 0 หรือ 1 ที่ประกอบอยู่ในสกีมานั้น ๆ ตัวอย่างเช่น

$$O(H_1) = 6$$

$$O(H_2) = 3$$

$$O(H_3) = 8$$

ส่วนเจาะจงนี้เป็นสมบัติที่สำคัญในการคำนวณหาความน่าจะเป็นในการมีชีวิตรอดของแต่ละสกีมาในกระบวนการกลายพันธุ์

2. ส่วนกำหนดความยาว (Defining Length :  $\delta(H)$ ) คือระยะห่างระหว่างตำแหน่ง 0 หรือ 1 ตัวแรกในสกีมา และตำแหน่ง 0 หรือ 1 ตัวสุดท้ายในสกีมา ตัวอย่างเช่น

$$\delta(H_1) = 10 - 4 = 6$$

$$\delta(H_2) = 9 - 5 = 4$$

$$\delta(H_3) = 10 - 1 = 9$$

ส่วนกำหนดความยาวนี้เป็นสมบัติที่สำคัญในการคำนวณหาความน่าจะเป็นในการมีชีวิตรอดของแต่ละสกีมาในกระบวนการสลับไขว้

ในระหว่างการเกิดใหม่ โครโมโซมหรือสายอักขระมีโอกาสที่จะได้รับเลือกให้อยู่รอดตามสัดส่วนค่าความเหมาะสมของสายอักขระนั้น ๆ ต่อค่าความเหมาะสมรวมของสายอักขระในประชากรทั้งหมด กำหนดให้  $m(H,t)$  แทนสกีมา  $H$  ที่เวลา  $t$  โดย  $f(H)$  คือความเหมาะสมเฉลี่ยของสายอักขระทุกตัวที่สอดคล้องกับสกีมา  $H$  และ  $\bar{f}$  คือ ความเหมาะสมเฉลี่ยของสายอักขระทั้งหมดในประชากร เราจะได้ว่าภายหลังการเกิดใหม่ สกีมา  $H$  จะหาได้จาก

$$m(H,t+1) = m(H,t) * \frac{f(H)}{\bar{f}} \quad (2.6)$$

ซึ่งแสดงให้เห็นว่าในระหว่างการเกิดใหม่ สกีมาใดที่มีความเหมาะสมเฉลี่ยสูงกว่าความเหมาะสมเฉลี่ยของประชากรทั้งหมด จะมีจำนวนเพิ่มมากขึ้นแบบเอ็กซ์โปเนนเชียล (Exponential) ภายหลังการเกิดใหม่ ในขณะที่สกีมาใดที่มีความเหมาะสมเฉลี่ยต่ำกว่าความเหมาะสมเฉลี่ยของประชากรทั้งหมด จะมีจำนวนลดน้อยลงแบบเอ็กซ์โปเนนเชียลภายหลังการเกิดใหม่

ถึงแม้ว่าการเกิดใหม่จะสามารถให้สายอักขระที่มีค่าความเหมาะสมที่สูงขึ้นเรื่อย ๆ ในแต่ละรอบของการเกิดใหม่ แต่การเกิดใหม่ก็ไม่ใช่วิธีการที่ดีในการได้คำตอบที่เหมาะสมโดยรวม ทั้งนี้เพราะสายอักขระที่ได้ก็จะเป็นอักขระชุดเดียวกับที่กำหนดเริ่มต้นขึ้นมาในครั้งแรก ดังนั้นจึงต้องมีการสลับไขว้ เพื่อให้กำเนิดสายอักขระที่มีโครงสร้างใหม่ ๆ ขึ้นมา ในการสลับไขว้เราจะสุ่มตำแหน่งในสายอักขระขึ้นมาตำแหน่งหนึ่งเรียกว่าตำแหน่งสลับไขว้ จากนั้นสายอักขระ 2 ชุดก็จะ

แลกเปลี่ยนบิตกันในตำแหน่งตั้งแต่ตำแหน่งสลับไขว้ จนถึงบิตสุดท้ายของบิตสตริง พิจารณาสายอักขระ  $A$  ที่สอดคล้องกับ  $H_1$  และ  $H_2$

$$A = 0111001$$

$$H_1 = *1****0$$

$$H_2 = ***10**$$

$A$ ,  $H_1$  และ  $H_2$  มีความยาวสายอักขระ 7 (มี 6 ตำแหน่งที่มีโอกาสเป็นตำแหน่งสลับไขว้) สมมุติตำแหน่งสลับไขว้คือตำแหน่งที่อยู่ระหว่างบิตที่ 3 และบิตที่ 4

$$A = 011 \mid 1001$$

$$H_1 = *1* \mid ****0$$

$$H_2 = *** \mid 10**$$

เมื่อเกิดการสลับไขว้ขึ้น  $H_1$  จะถูกทำลายไปเนื่องมาจากบิต 1 ในตำแหน่งที่ 2 และบิต 0 ในตำแหน่งที่ 7 จะถูกแยกออกจากกันภายหลังการสลับไขว้ ในขณะที่  $H_2$  จะอยู่รอดเนื่องมาจากบิต 1 ในตำแหน่งที่ 4 และบิต 0 ในตำแหน่งที่ 5 จะอยู่ด้วยกันภายหลังการสลับไขว้ จะสังเกตเห็นว่าหากตำแหน่งการสลับไขว้เป็นตำแหน่งที่อยู่ภายในส่วนกำหนดความยาวของสกีมานั้น ๆ ก็จะถูกทำลายภายหลังการสลับไขว้ ดังนั้นสกีมาที่มีความยาวกำหนดน้อย ๆ มีโอกาสที่จะอยู่รอดมากกว่าสกีมาที่มีส่วนกำหนดความยาวสูง ๆ จากข้างต้น  $\delta(H_1) = 5$  และ  $\delta(H_2) = 1$  ดังนั้น  $H_2$  มีโอกาสจะอยู่รอดสูงกว่า  $H_1$  ภายหลังการสลับไขว้ กำหนดให้  $l$  คือความยาวของสายอักขระ และ  $P_s$  คือความน่าจะเป็นหรือโอกาสที่สกีมาจะอยู่รอดภายหลังการสลับไขว้ ซึ่งสามารถคำนวณได้จากความสัมพันธ์

$$P_s = 1 - \frac{\delta(H)}{l-1} \quad (2.7)$$

และเมื่อพิจารณาถึงความน่าจะเป็นของการสลับไขว้ ( $P_c$ ) ความน่าจะเป็นหรือโอกาสที่สกีมาจะอยู่รอดภายหลังการสลับไขว้ก็คือ

$$P_x \geq 1 - P_c \cdot \frac{\delta(H)}{l-1} \quad (2.8)$$

เมื่อรวมผลการเกิดใหม่และการสลับไขว้ สกีมา  $H$  สามารถคำนวณได้ดังนี้

$$m(H, t+1) = m(H, t) * \frac{f(H)}{\bar{f}} \left[ 1 - P_c \cdot \frac{\delta(H)}{l-1} \right] \quad (2.9)$$

สกีมา  $H$  จะอยู่รอดหรือถูกทำลายไปขึ้นอยู่กับค่าความเหมาะสมและความยาวกำหนดของสกีมานั้น ๆ สกีมาใดที่มีค่าความเหมาะสมสูงกว่าค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของประชากรทั้งหมดและมี

ส่วนกำหนดความยาวนานก็จะมีโอกาสที่จะเพิ่มจำนวนภายหลังการเกิดใหม่และการสลับไขว้แบบ เอ็กซ์โปเนนเชียล

เมื่อผ่านการเกิดใหม่และการสลับไขว้แล้ว ขั้นตอนสุดท้ายของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการก็คือการกลายพันธุ์ ซึ่งจะกำกับทิศทางตำแหน่งในสายอักขระใด ๆ โดยการเปลี่ยนแปลงบิตที่ตำแหน่งนั้นจาก 0 เป็น 1 หรือ 1 เป็น 0 ด้วยความน่าจะเป็นค่าหนึ่งเรียกว่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ ( $P_m$ ) สกีม่า H จะอยู่รอดก็ต่อเมื่อตำแหน่ง 1 และ 0 ทุกตำแหน่งใน H ไม่เปลี่ยนแปลง ดังนั้นโอกาสอยู่รอดภายหลังการกลายพันธุ์จะสัมพันธ์โดยตรงกับจำนวน 1 และ 0 ในสกีม่า หรือส่วนเจาะจงของสกีมานั้นเอง โอกาสอยู่รอดภายหลังการกลายพันธุ์สามารถหาได้จากความสัมพันธ์

$$P_s \geq (1 - P_m)^{O(H)} \quad (2.10)$$

โดยปกติ  $P_m \ll 1$  ดังนั้นโอกาสอยู่รอดของสกีม่าภายหลังการกลายพันธุ์สามารถประมาณได้เป็น

$$P_s \geq 1 - P_m * O(H) \quad (2.11)$$

เมื่อรวมผลของการเกิดใหม่ การสลับไขว้ และการกลายพันธุ์ สกีม่า H สามารถหาได้จาก

$$m(H, t+1) = m(H, t) * \frac{f(H)}{\bar{f}} \left[ 1 - P_c * \frac{\delta(H)}{l-1} - o(H) * P_m \right] \quad (2.12)$$

กล่าวคือ สกีม่าที่มีความเหมาะสมเฉลี่ยสูงกว่าค่าความเหมาะสมเฉลี่ย ของประชากรทั้งหมด มีส่วนกำหนดความยาวที่สั้น ๆ และมีส่วนเจาะจงต่ำ ๆ จะเป็นสกีม่าที่จะมีจำนวนเพิ่มขึ้นแบบเอ็กซ์โปเนนเชียลในแต่ละรอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ

จากวิธีการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการที่กล่าวมาข้างต้น สามารถสรุปได้ว่า ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการเป็นวิธีการหาความเหมาะสมแบบสุ่มวิธีหนึ่ง ที่เลียนแบบกระบวนการถ่ายทอดพันธุกรรมในธรรมชาติ โดยจะกระทำผ่านกลุ่มโครโมโซมที่ประกอบไปด้วยรหัสของตัวแปรโครโมโซมแต่ละตัวจะมีค่าความเหมาะสมของตัวเอง จากนั้นประยุกต์ใช้หลักการที่ว่าโครโมโซมใดที่มีค่าความเหมาะสมมากก็จะมีโอกาสอยู่รอดมากด้วย

ในแต่ละรอบของการถ่ายทอด โครโมโซมในกลุ่มประชากรแต่ละตัวจะต้องผ่านกระบวนการพื้นฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการซึ่งประกอบไปด้วย การเกิดใหม่ การสลับไขว้ และการกลายพันธุ์ เพื่อให้กำเนิดชุดโครโมโซมใหม่ขึ้นมาที่มีค่าความเหมาะสมโดยเฉลี่ยสูงกว่าในรุ่นที่ผ่านมา



## 2.4 งานวิจัยในอดีต

Manolas, D.A., Gialamas, T.P., Frangopoulos, C.A. และ Tsahalis, D.T. (1996) ได้ศึกษาถึงการนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมาใช้ในการหาปฏิบัติการที่เหมาะสมของระบบก่อเกิดร่วม (Cogeneration System) ในอุตสาหกรรม โดยศึกษาถึงผลของการเปลี่ยนขนาดประชากรที่ใช้ 6 ขนาดคือ 10, 20, 40, 60, 80 และ 100 สายอักขระ และความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ 1% และ 6% ของทุกขนาดประชากร โดยการทำงานจะสิ้นสุดเมื่อครบ 100 รุ่นแล้ว จากผลการทดลองพบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถนำมาประยุกต์ใช้สำหรับการหาความเหมาะสมของการปฏิบัติการระบบก่อเกิดร่วมได้เป็นอย่างดี และการทำงานของทั้งสองชนิด (ความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ 1% และ 6%) จะได้ผลดีมากที่สุดเมื่อขนาดประชากรเป็น 40-80 สายอักขระ

Floquet, P.P., Domenech, S.A. และ Pibouleau, L.G. (1994) ศึกษาถึงการสร้างฟังก์ชันก่อเกิด (Generating Function) ของจำนวนลำดับการแยกสารที่เป็นไปได้ทั้งหมด โดยใช้เครื่องมือการแยกสารแบบแยกชัดเจน (Sharp Separation) ที่มีสายการป้อน 1 สายและมีสายของผลิตภัณฑ์ 2 หรือ 3 สายเพียงอย่างเดียว และการสร้างฟังก์ชันก่อเกิดของจำนวนเครื่องมือแยกสารแบบซับซ้อน (Complex Separator) ที่แตกต่างกัน จากผลการทดลองที่ได้สามารถยอมรับนิยามนี้ว่าเป็นบรรทัดฐานที่มีประสิทธิภาพ สำหรับการแก้ปัญหาการสังเคราะห์การจัดลำดับการแยกสารที่เหมาะสม

Flowers, T.L., Harrison, B.K. และ Niccolai, M.J. (1994) ศึกษากระบวนการจัดลำดับการกลั่นแบบอัตโนมัติ (Automated Distillation Sequencing System, DSEQSYS) ที่ซึ่งประกอบด้วย 3 องค์ประกอบคือ โปรแกรมควบคุม (Control Program) โปรแกรมการสังเคราะห์ศึกษาสำนักคลุมเครือ (Fuzzy Heuristic Synthesis Program) และโปรแกรมการจำลองกระบวนการ เมื่อมีการประยุกต์ DSEQSYS ใช้กับปัญหาก่อน ๆ ที่ได้มีผู้ศึกษาไว้ ทำให้ทราบว่า การใช้วิธีศึกษาสำนักหรือกำหนดการเชิงคณิตศาสตร์เพียงอย่างเดียวจะมีข้อเสีย สำหรับการสังเคราะห์โปรแกรมศึกษาสำนักคลุมเครือนั้นจะเขียนโดยใช้ Microsoft Fortran 5.1 และโปรแกรมการจำลองกระบวนการใช้ Aspen Plus ทำการจำลองการออกแบบ หาขนาดของเครื่องมือ และวิเคราะห์ต้นทุนของกระบวนการ โดยโปรแกรมทั้งหมดจะทำงานบนเครื่องไมโครคอมพิวเตอร์ 486 ความเร็ว 66 MHz เพื่อทดสอบกับปัญหาต่าง ๆ จากงานวิจัยอื่น ๆ ที่ได้มีการรายงานไว้ ซึ่งผลการทดลองที่ได้แสดงว่าวิธีผสมนี้จะให้ประสิทธิภาพและการออกแบบที่ดีกว่าการใช้วิธีศึกษาสำนัก กำหนดการเชิงคณิตศาสตร์ หรือการจำลองกระบวนการเพียงอย่างเดียว

Androulakis, I.P. และ Venkatasubramanian, V. (1991) ศึกษาถึงการนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมาประยุกต์ใช้ในการหาความเหมาะสม และการออกแบบของเครือข่ายเครื่องแลกเปลี่ยนความร้อน (Heat Exchanger Network) ซึ่งต้องการต้นทุนต่ำที่สุด โดยการนำพลังงานกลับมาใช้ใหม่มากที่สุดและใช้จำนวนเครื่องแลกเปลี่ยนความร้อนน้อยที่สุด และได้ขยายความคิดพื้นฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อพัฒนาวิธีขึ้นมาใหม่เรียกว่า Extended Genetic Search (EGS) สำหรับปัญหาความเหมาะสมแบบต่อเนื่อง โดยทดสอบกับกรณีปัญหาความเหมาะสมแบบมีข้อจำกัดและไม่มีข้อจำกัดไม่เชิงเส้น และเปรียบเทียบการทำงานของเทคนิคนี้กับวิธีอื่น ๆ รวมทั้ง Simulated Annealing ปรากฏว่าวิธีนี้จะมีประสิทธิภาพที่ดีและสามารถได้คำตอบที่เหมาะสมทั้งหมดของปัญหาที่ซึ่งขั้นตอนวิธีแบบลาดเอียง (Gradient-based Algorithm) ไม่สามารถทำได้

Wahl, P.E. และ Lien, K.M. (1990) ได้อธิบายถึงการใช้เทคนิคทางคณิตศาสตร์ทั่วไปที่เรียกว่า ฟังก์ชันก่อเกิด (Generating Function) เพื่ออธิบายถึงที่มาของสมการการหาจำนวนลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมด และสมการการหาจำนวนเครื่องมือแยกสารที่แตกต่างกันทั้งหมดของ Thompsom และ King (1972) ซึ่ง Thompson และ King ได้เสนอสมการรูปแบบสุดท้ายไว้ โดยไม่ได้อธิบายถึงที่มาของสมการ สมการที่เสนอใช้สำหรับเครื่องมือแยกสารแบบแยกชัดเจนโดยมีสายป้อน 1 สายและสายผลิตภัณฑ์ 2 สายเพียงอย่างเดียว แต่ Wahl และ Lien ยังได้เสนอสมการที่ใช้ในการหาลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ และสมการการหาจำนวนเครื่องมือแยกสารที่เป็นไปได้แตกต่างกัน สำหรับเครื่องมือแยกสารที่ให้สายผลิตภัณฑ์มากกว่า 2 สายด้วย

Gadkari, P.B. และ Govind, R. (1988) ศึกษาเกี่ยวกับการพัฒนาบรรทัดฐานด้านปริมาณ คือการใช้พื้นฐานอัตราการไหลระหว่างขั้น (Interstage) ทั้งหมดในหอกกลั่น บรรทัดฐานนี้สามารถหาต้นทุนที่เหมาะสมทั้งหมดของหอกกลั่นได้ และใช้ร่วมกับความรู้ทางด้านศึกษาสำนึก ทำให้สามารถที่จะออกแบบเลือกลำดับการกลั่นที่ใกล้เคียงความเหมาะสม จากลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมดของการแยกสารแบบแยกชัด คือการแยกสารที่ซึ่งสารองค์ประกอบกุญแจเบา (Light Key Component) ไม่ออกที่บริเวณก้นหอก และสารองค์ประกอบกุญแจหนัก (Heavy Key Component) ไม่ออกที่บริเวณยอดหอก โดยทดสอบกับการป้อนสารของผสม 3 องค์ประกอบ ผลการทดลองที่ได้จะพบว่าลำดับการกลั่นของทั้ง 2 แบบจะมีต้นทุนการผลิตที่ไม่แตกต่างกัน และเมื่อเปรียบเทียบกับวิธีการของคนอื่นก็พบว่าจะได้คำตอบที่เหมือนกัน

Pibouleau, L. และ Domenech, S. (1986) ศึกษาวิธีการสังเคราะห์ของการจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสม โดยใช้ 2 วิธีคือ วิธีไม่ต่อเนื่อง (Discrete Approach) วิธีนี้จะปัญหา

เกี่ยวกับกำหนดการเชิงจำนวนเต็ม (Integer Programming) จากการตั้งสมมติฐานอย่างง่าย ๆ โดยใช้เครื่องมือแยกสารแบบแยกชัดเจน การแก้ปัญหาด้วยการใช้ขั้นตอนวิธีแบบกิ่งก้านและขอบเขต (Branch-and-Bound Algorithm) และวิธีต่อเนื่อง (Continuous Approach) วิธีนี้ใช้กับปัญหาปัญหาเกี่ยวกับการโปรแกรมไม่ใช่เชิงเส้นที่มีขอบเขตกว้าง (Large-scale Nonlinear Programming) โดยเฉพาะปัญหาที่ค่อนข้างยาก โดยใช้เทคนิคขั้นตอนวิธีลาดลดลง (Reduced-gradient Algorithm) สำหรับเครื่องมือแยกสารแบบไม่แยกชัดเจน (Non-sharp) มีตัวอย่างประกอบกับลักษณะของวิธีทั้ง 2 วิธี ซึ่งวิธีไม่ต่อเนื่องจะได้จุดที่เป็นไปได้เริ่มต้นที่ดีสำหรับวิธีต่อเนื่อง



สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

### บทที่ 3

#### การประยุกต์ของเทคนิคขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

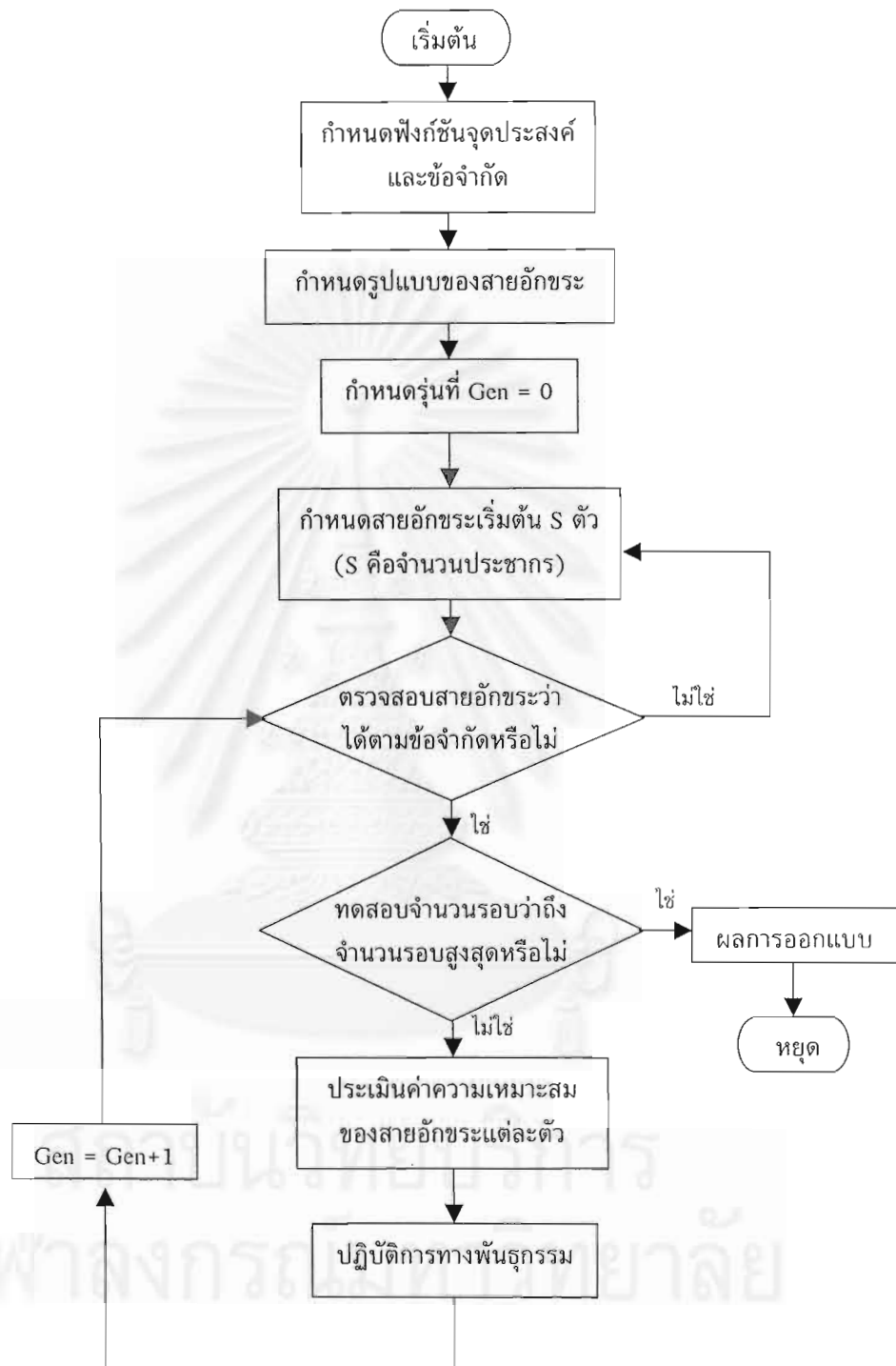
ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นวิธีการหาความเหมาะสมวิธีหนึ่ง โดยจำลองกระบวนการทางพันธุกรรมที่ต้องการค้นหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดในรูปของสายอักขระ ซึ่งสายอักขระจะประกอบด้วยบิตหลาย ๆ บิต ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะประกอบด้วยการปฏิบัติการด้านพันธุกรรม กล่าวคือมีการพัฒนาการของสายอักขระจนกระทั่งได้สายอักขระที่ดีที่สุดตามวัตถุประสงค์ที่ต้องการ การประเมินค่าว่าบิตหรือสายอักขระมีคุณภาพมากน้อยเพียงใดขึ้นอยู่กับค่าความเหมาะสม ซึ่งเป็นค่าที่ใช้ในการประเมินประสิทธิภาพของสายอักขระนั้น ดังนั้นการประยุกต์ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับการแก้ปัญหาการหาความเหมาะสมในการจัดลำดับการกลั่น จำเป็นที่จะต้องกำหนดฟังก์ชันจุดประสงค์และข้อจำกัดต่าง ๆ ในรูปของแบบจำลองกำหนดการเชิงเส้นจำนวนเต็มผสม (Mixed Integer Linear Programming , MILP) และรูปแบบค่าความเหมาะสมของแต่ละสายอักขระ เพื่อนำไปใช้ในการปฏิบัติการด้านพันธุกรรม สามารถเขียนเป็นผังงาน (Flowchart) ได้ดังรูปที่ 3.1

#### 3.1 แบบจำลองกำหนดการเชิงเส้นจำนวนเต็มผสม (MILP) สำหรับการจัดลำดับการกลั่น

Grossmann (1985) ได้เสนอไว้ว่า กำหนดการเชิงเส้นจำนวนเต็มผสมเกี่ยวข้องกับเทคนิคการหาความเหมาะสม ซึ่งฟังก์ชันจุดประสงค์เป็นฟังก์ชันที่ใช้ในการหาความเหมาะสม โดยขึ้นอยู่กับทั้งข้อจำกัดสมภาพและอสมภาพ และตัวแปร 2 ชนิดคือ ตัวแปรต่อเนื่อง (Continuous Variables) มีค่าเป็นจำนวนจริงใด ๆ ภายในขอบเขตที่กำหนด และตัวแปรไบนารี (Binary Variables) หรือตัวแปรตัดสินใจ (Decision Variables) มีค่าเป็น 0 หรือ 1 เท่านั้น

สำหรับวิธีการกำหนดการเชิงเส้นจำนวนเต็มผสมนั้น ตัวแปรต่อเนื่อง,  $x$  จะมีความสัมพันธ์กับ อัตราการไหล ขนาดอุปกรณ์ ความดัน และอุณหภูมิ ขณะที่ตัวแปรตัดสินใจ,  $y$  จะมีความสัมพันธ์กับลักษณะหอกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมดที่แตกต่างกันในการหาลำดับการกลั่น สามารถเขียนปัญหาได้ในรูปแบบสมการทั่วไปคือ

$$\begin{aligned} \text{Min } C &= f(x,y) \\ \text{s.t. } h(x,y) &= 0 \\ g(x,y) &\leq 0 \\ x &\in R^n, y \in \{0,1\}^m \end{aligned} \tag{3.1}$$



รูปที่ 3.1 ผังงานแสดงขั้นตอนการแก้ปัญหาในการจัดลำดับการกลั่น

ฟังก์ชันจุดประสงค์  $C = f(x,y)$  เป็นรูปแบบทั่วไปที่ต้องการวัดในเชิงเศรษฐศาสตร์ นั่นคือ ต้องการต้นทุนการผลิตต่ำที่สุดนั่นเอง ขณะที่ข้อจำกัดสมภาพ,  $h(x,y)$  และอสมภาพ,  $g(x,y)$  ได้มาจากการทำดุลมวลสาร ดุลพลังงาน สมการการออกแบบ หรือข้อจำกัดทางกายภาพ

Andreovich และ Westerberg (1985) ได้อธิบายถึงการสร้างแบบจำลอง MILP สำหรับปัญหาการจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสม โดยในขั้นแรกจะเริ่มจากการพิจารณาฟังก์ชันจุดประสงค์เพื่อใช้ในการเปรียบเทียบกับทางเลือกอื่น ๆ ที่แตกต่างกัน ทางเลือกที่เห็นได้ชัดเจนสำหรับฟังก์ชันจุดประสงค์คือต้นทุนการผลิต ต้นทุนการผลิตเกิดจากต้นทุนของอุปกรณ์และต้นทุนในการปฏิบัติการ ซึ่งต้นทุนของอุปกรณ์จะคิดแต่หลัก ๆ ในระบบการกลั่นคือ หอกกลั่น และเครื่องแลกเปลี่ยนความร้อนที่ใช้ในเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำ และสำหรับต้นทุนในการปฏิบัติการเป็นต้นทุนของอัตราประโยชน์ (Utility) ที่นำไปใช้ในเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำ ฟังก์ชันจุดประสงค์จะพิจารณาจากต้นทุนของทั้งสองชนิดนี้

### 3.1.1 ฟังก์ชันจุดประสงค์ของ MILP

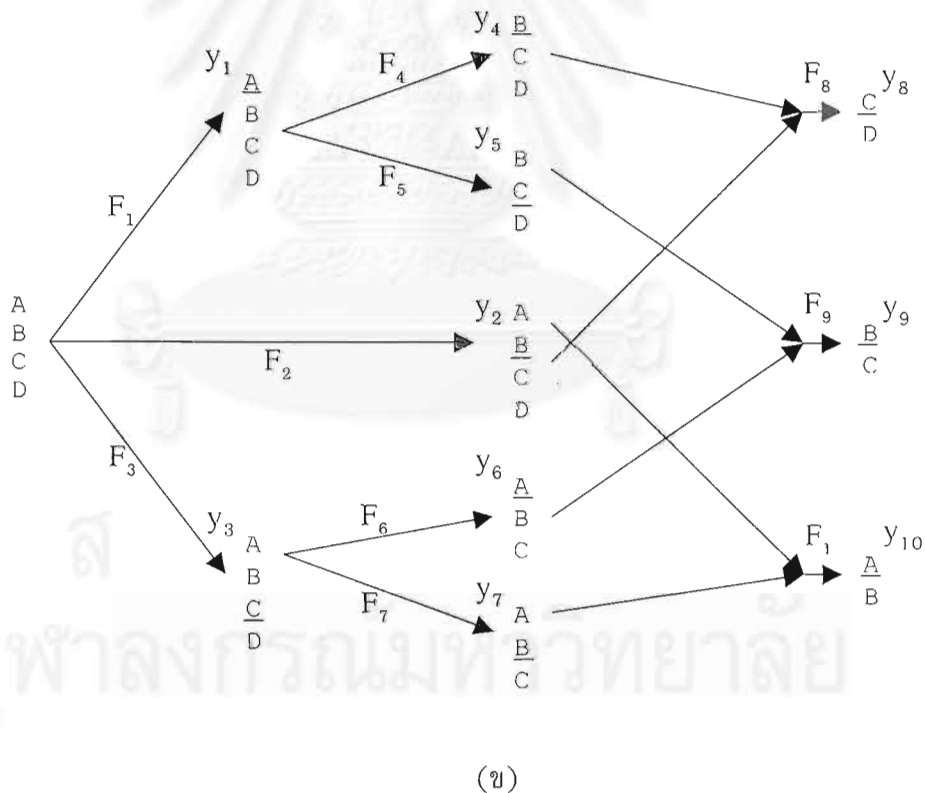
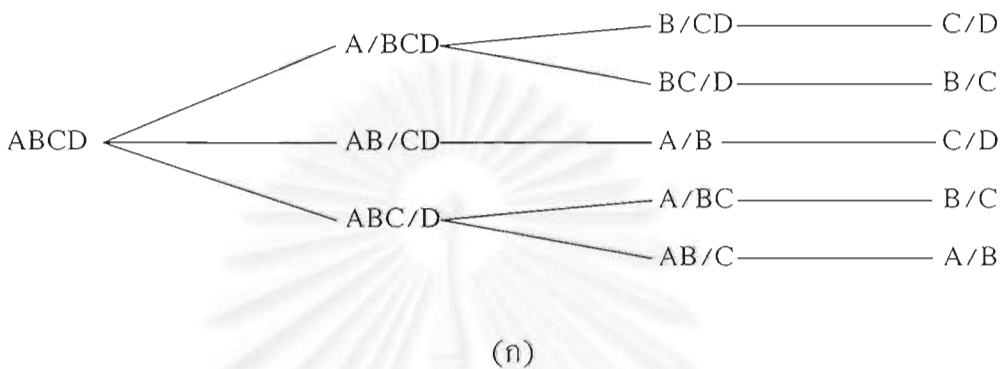
ต้นทุนของหอกกลั่นเป็นฟังก์ชันของตัวแปรต่าง ๆ มากมาย เช่น อัตราการป้อน สัดส่วนป้อนกลับ (Reflux Ratio) จำนวนชั้นในหอกกลั่น (Number of Trays) อุณหภูมิ ความดัน และสมบัติทางกายภาพของสารองค์ประกอบในการป้อน ค่าตัวแปรต่าง ๆ นี้จะถือว่าไม่มีการเปลี่ยนแปลงใด ๆ ในโครงสร้างรวม (Superstructure) ซึ่งการสร้างโครงสร้างรวมนี้สามารถแสดงได้ดังรูปที่ 3.2 และ 3.3 โดยรูปที่ 3.2 (ก) และ 3.3 (ก) เป็นลำดับการกลั่นแยกทั้งหมดที่เป็นไปได้สำหรับสารของผสม 4 และ 5 องค์ประกอบ สามารถเขียนเป็นโครงสร้างรวมโดยใช้หอกกลั่นเป็นไปได้ทั้งหมดที่แตกต่างกันเท่านั้นดังรูปที่ 3.2 (ข) และ 3.3 (ข) ต้นทุนของหอกกลั่นจะเพิ่มขึ้นกับการเพิ่มขึ้นของอัตราการป้อน ถ้าตัวแปรอื่น ๆ ทั้งหมดคงที่ไม่มีการเปลี่ยนแปลงใด ๆ ความสัมพันธ์ระหว่างการเพิ่มขึ้นของอัตราการป้อนกับต้นทุนของหอกกลั่นจะไม่ใช่เชิงเส้น แต่สามารถใช้กฎ Six-tenths Factor ของ Peter และ Timmerhaus (1991) ร่วมกับการเขียนส่วนตัดต้นทุนของเครื่องมือเพื่อการประมาณเชิงเส้นได้ดังรูปที่ 3.4 กฎนี้คือ

$$Cost_2 = (Capacity_2 / Capacity_1)^{0.6} * Cost_1 \quad (3.2)$$

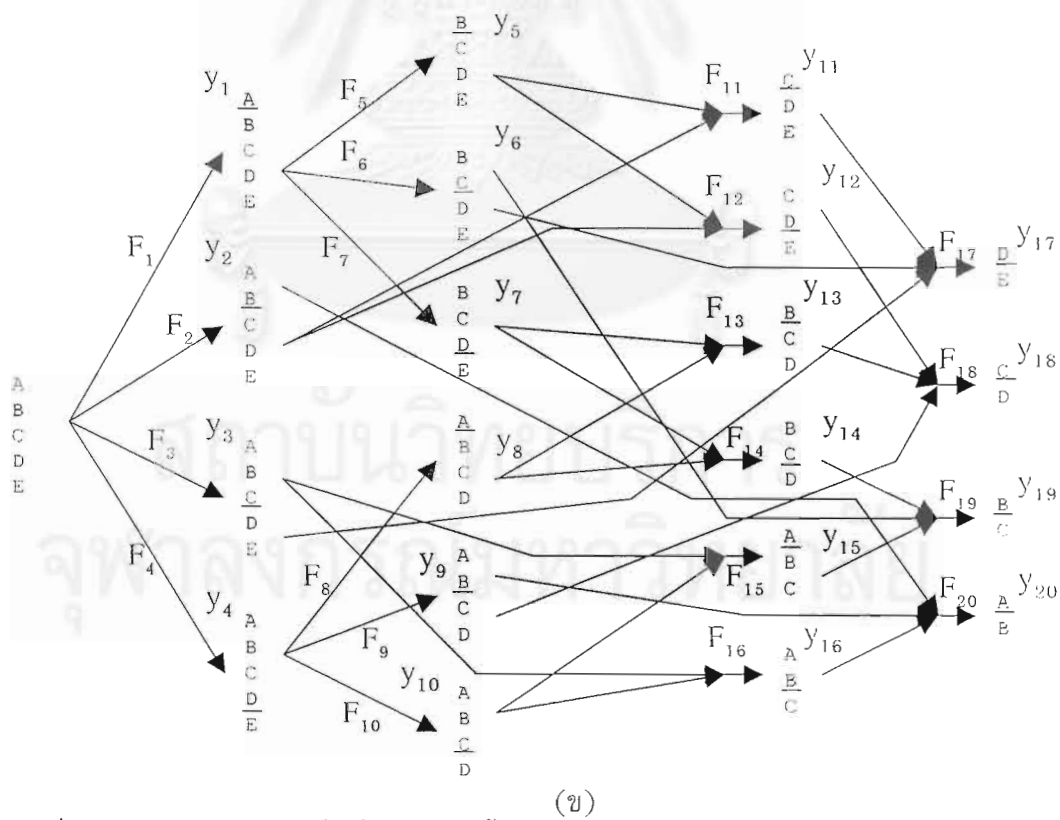
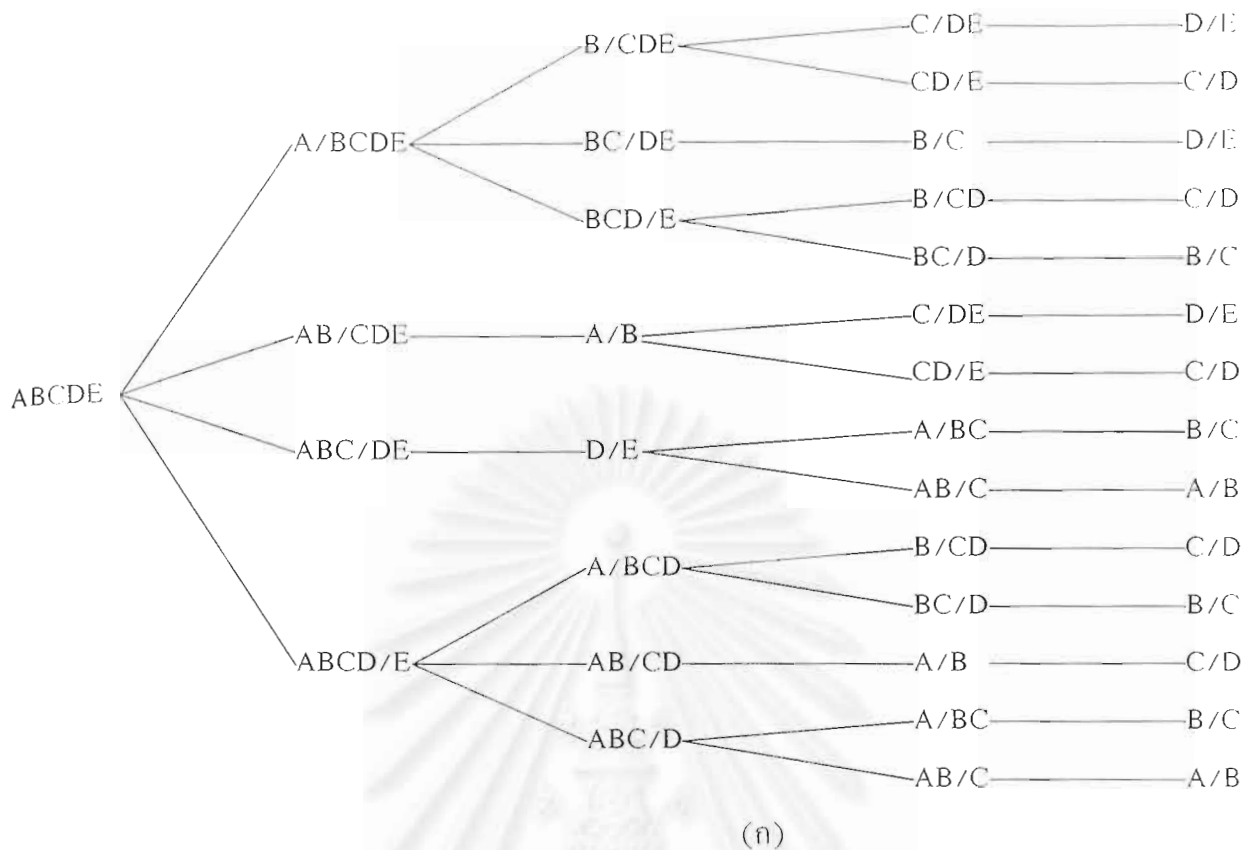
ซึ่ง  $Cost_1$  เป็นต้นทุนของหอกกลั่นที่  $Capacity_1$  และ  $Cost_2$  เป็นต้นทุนของหอกกลั่นที่  $Capacity_2$  การประมาณเชิงเส้นในพฤติกรรมที่ไม่ใช่เชิงเส้นจำเป็นสำหรับปัญหานี้ เพราะกำหนดการเชิงเส้นไม่สามารถที่จะใช้ร่วมกับฟังก์ชันที่ไม่ใช่เชิงเส้นได้ ต้นทุนของหอกกลั่นแต่ละหอในโครงสร้างรวมจะแสดงเป็นฟังก์ชันของอัตราการป้อนได้จากรูปที่ 3.4 ซึ่งต้นทุนของหอกกลั่นสามารถที่จะประมาณโดยฟังก์ชันของรูปแบบดังนี้

$$\text{Column Cost} = FC + V * F \tag{3.3}$$

ซึ่ง FC เป็นต้นทุนคงที่ (Fixed Cost) มีความสัมพันธ์กับหอกลับที่ถือใช้ในการจัดลำดับการกลั่น และ V เป็นความชันของเส้นตรงแสดงความสัมพันธ์ระหว่าง ต้นทุนของหอกลับกับอัตราการป้อนเข้าไปในหอกลับ, F

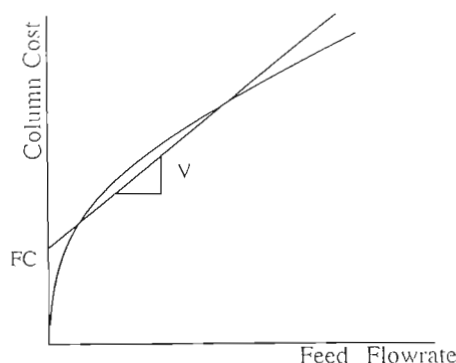


รูปที่ 3.2 (ก) ลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมดในการแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบ และ (ข) โครงสร้างรวมสำหรับการแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบ (Biegler et al., 1997)



รูปที่ 3.3 (ก) ลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมดในการแยกสารของผสม 5 องค์ประกอบ และ (ข) โครงสร้างรวมสำหรับการแยกสารของผสม 5 องค์ประกอบ





รูปที่ 3.4 การประมาณเชิงเส้นระหว่างต้นทุนของหอกลั่นกับอัตราการป้อน  
(Paules IV and Floudas, 1988)

สำหรับต้นทุนการปฏิบัติการในระบบการกลั่น จะพิจารณาถึงต้นทุนของอรรถประโยชน์ความร้อน (Heat Utility,  $C_H$ ) ที่ใช้ในหม้อต้มซ้ำ และอรรถประโยชน์ความเย็น (Cold Utility,  $C_C$ ) ที่ใช้ในเครื่องควบแน่น ซึ่งต้นทุนต่อหน่วยของพลังงานที่เกิดขึ้นและออกไปได้จากการระบุไว้ในแต่ละตัวอย่างปัญหา ดังนั้นฟังก์ชันจุดประสงค์สำหรับ MILP สามารถที่จะกำหนดของแต่ละหอกลั่นในโครงสร้างรวมได้ดังนี้

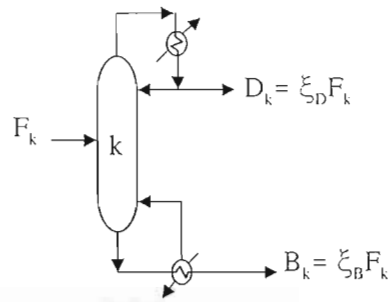
$$\begin{aligned} \text{Venture Cost} &= \text{CAC} + \text{OPC} \\ &= FC_k + V_k F_k + C_H Q_k + C_C Q_k \end{aligned} \quad (3.4)$$

ซึ่ง CAC เป็นต้นทุนของเงินลงทุนประจำปี (Capital Annual Cost) สำหรับอุปกรณ์และการติดตั้ง OPC เป็นต้นทุนการปฏิบัติการประจำปี (Annual Operating Cost) และ  $k$  เป็นหอกลั่นหอที่  $k$  ในโครงสร้างรวม ฟังก์ชันจุดประสงค์ที่ได้จะขึ้นอยู่กับข้อจำกัด 3 ชนิดคือ ข้อจำกัดดุลมวลสาร (Material Balance Constraints) แสดงถึงเส้นทางที่เป็นไปได้ในการไหลของมวลสารจากหอกลั่นหนึ่งไปยังหอกลั่นอื่น ๆ ในโครงสร้างรวม ข้อจำกัดดุลพลังงาน (Energy Balance Constraints) อธิบายถึงความสัมพันธ์ของพลังงานความร้อนที่ใช้ในเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำของแต่ละหอกลั่น และข้อจำกัดจำนวนเต็ม (Integrality Constraints) แสดงถึงความสัมพันธ์ของตัวแปรต่อเนื่องกับตัวแปรตัดสินใจ

### 3.1.2 ข้อจำกัดดุลมวลสาร

ข้อจำกัดดุลมวลสารนั้นแสดงความสัมพันธ์กับอัตราการไหลเข้าและออกของมวลสารจากหอกลั่นทั้งหมดในโครงสร้างรวม หอกลั่นแต่ละตัวในโครงสร้างรวมจะใช้สำหรับการแยกสายป้อน 1 สายให้เป็นสายของผลิตภัณฑ์ 2 สาย ดังรูปที่ 3.5 ซึ่งเขียนเป็นความสัมพันธ์ได้ดังนี้

$$\begin{aligned} D_k &= \xi_D F_k \\ B_k &= \xi_B F_k = (1 - \xi_D) F_k \end{aligned} \quad (3.5)$$



รูปที่ 3.5 ดุลมวลสารสำหรับการแยกของผสมหลายองค์ประกอบ

โดย  $\xi_D$  เป็นเศษส่วนโมลของสายป้อนสำหรับหอกลับ  $k$  ที่ออกบริเวณยอดหอ และ  $\xi_B$  เป็นเศษส่วนโมลของสายป้อนสำหรับหอกลับ  $k$  ที่ออกบริเวณก้นหอ ซึ่งการเชื่อมต่อระหว่างหอกลับในโครงสร้างรวมสามารถที่จะอธิบายได้โดยการใช้ข้อจำกัดดุลมวลสารนี้เช่นกัน สำหรับสารผลิตภัณฑ์ระหว่างทาง (Intermediate Product, IP) แต่ละตัวที่มีสารองค์ประกอบสองหรือมากกว่าในโครงสร้างรวมนี้ ข้อจำกัดเขียนโดยภาวะที่ว่าจำนวนของสารผลิตภัณฑ์ระหว่างทางที่ถูกผลิตขึ้นโดยหอกลับในโครงสร้างจะเท่ากับจำนวนของสารผลิตภัณฑ์ระหว่างทางที่ถูกป้อนเข้าไปในหอกลับที่จะใช้แยกเป็นผลิตภัณฑ์ต่อไป สามารถเขียนเป็นสมการได้ดังนี้

$$\sum_{i \in PS_m} \xi_i F_i - \sum_{j \in FS_m} F_j = 0 \quad m \in IP \quad (3.6)$$

โดย  $PS_m$  เป็นเซตของหอกลับทั้งหมดที่ให้ผลิตภัณฑ์เป็นสารผลิตภัณฑ์ระหว่างทาง,  $m$  ทั้งในผลิตภัณฑ์ยอดหอและก้นหอ  $FS_m$  เป็นเซตของหอกลับทั้งหมดที่มีสายการป้อนเป็นสารผลิตภัณฑ์ระหว่างทางป้อนเข้าไปในหอกลับ  $F_i$  เป็นอัตราการป้อนเข้าในหอกลับ  $i$  IP เป็นเซตของสารผลิตภัณฑ์ระหว่างทางทั้งหมด และ  $\xi$  เป็นเศษส่วนการแยก (Split Fraction) ที่แสดงความสัมพันธ์ของการไหลบริเวณยอดหอหรือก้นหอกับอัตราการไหลดังรูปที่ 3.5 ข้อจำกัดนี้จะถูกเขียนสำหรับสารผลิตภัณฑ์ระหว่างทางแต่ละตัว ในทำนองเดียวกันสมการจำเป็นที่แสดงถึงอัตราการป้อนเริ่มต้นทั้งหมดในระบบการกลั่นเขียนเป็นสมการได้ดังนี้

$$\sum_{k \in FS_F} F_k = F_{TOT} \quad (3.7)$$

อัตราการป้อนทั้งหมด,  $F_{TOT}$  ที่เข้าไปในระบบจะเท่ากับผลรวมของอัตราการป้อนเข้าไปในหอกลับทั้งหมดที่มีการป้อนเริ่มต้น โดยที่  $FS_F$  เป็นเซตของหอกลับทั้งหมดที่มีอัตราการป้อนเป็นอัตราการป้อนเริ่มต้น

### 3.1.3 ข้อจำกัดดุลพลังงาน

การทำดุลพลังงานในกรณีศึกษานี้เป็นการสมมุติว่าภาวะความร้อน (Heat Duty) ในเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำของแต่ละหอกลั่นมีค่าเท่ากัน ซึ่งสมมุติฐานนี้สามารถแสดงได้โดยการพิจารณาดุลพลังงานรอบหอกลั่นหนึ่งตัว พลังงานความร้อนที่เข้าไปในระบบคือ หม้อต้มซ้ำและสายการป้อน ส่วนพลังงานความร้อนที่ออกจากระบบคือ เครื่องควบแน่น และสายของผลิตภัณฑ์ยอดหอและก้นหอ โดยที่ผลิตภัณฑ์ยอดหอและก้นหอปกติแล้วจะเป็นของเหลวอิ่มตัว ถ้าสมมุติต่อไปอีกว่าสายการป้อนเป็นของเหลวอิ่มตัวเช่นกัน ดังนั้นผลต่างระหว่างพลังงานความร้อนในสายการป้อนกับพลังงานความร้อนในผลิตภัณฑ์ยอดหอและก้นหอมีค่าน้อยมาก และภาวะความร้อนในเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำ จะมีผลต่อระบบมากกว่าผลต่างพลังงานความร้อนข้างต้นมากโดยเฉพาะที่สัดส่วนป้อนกลับสูง ๆ ด้วยเหตุนี้การทำดุลพลังงานจึงละเลยพลังงานความร้อนในส่วนของสายการป้อนและผลิตภัณฑ์ยอดหอและก้นหอ ดังนั้นดุลพลังงานจะได้ว่าภาวะความร้อนในเครื่องควบแน่นเท่ากับภาวะความร้อนในหม้อต้มซ้ำ และภาวะความร้อนในแต่ละเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำจะเป็นฟังก์ชันกับอัตราการป้อนเพียงอย่างเดียว ซึ่งภาวะความร้อนนี้จะป็นสัดส่วนโดยตรงกับอัตราการป้อนดังนี้

$$Q_k = Q_{ref,k} \frac{F_k}{F_{ref,k}} \quad (3.8)$$

ดังนั้น

$$Q_k = Q_{cond,k} = Q_{reb,k} = K_k F_k \quad (3.9)$$

ซึ่ง  $Q_{ref,k}$  เป็นภาวะความร้อนในเครื่องควบแน่นหรือหม้อต้มซ้ำของหอกลั่น  $k$  ด้วยอัตราการป้อน  $F_{ref,k}$   $Q_k$  เป็นภาวะความร้อนในเครื่องควบแน่นหรือหม้อต้มซ้ำของหอกลั่น  $k$  ด้วยอัตราการป้อน  $F_k$  และ  $K_k$  เป็นค่าคงที่ที่ได้จากสมการ 3.8 โดย  $Q_k$  เป็นหน่วยความร้อนที่ออกจากระบบในเครื่องควบแน่นและเพิ่มขึ้นให้กับระบบในหม้อต้มซ้ำ

### 3.1.4 ข้อจำกัดจำนวนเต็ม

ข้อจำกัดนี้เป็นการพิจารณาสำหรับข้อเท็จจริงที่ว่าแต่ละทางเลือกในระบบการกลั่นจะใช้หอกลั่นเพียงเล็กน้อยเท่านั้นจากโครงสร้างรวม ดังนั้นตัวแปรจำนวนเต็มและข้อจำกัดต่าง ๆ จึงนำมาพิจารณาสำหรับข้อจำกัดนี้ ตัวแปรตัดสินใจจะมีความสัมพันธ์กับหอกลั่นแต่ละตัวในเครื่องเสริมสร้าง ซึ่งตัวแปรนี้จะแสดงว่าหอกลั่นใดถูกเลือกมาใช้ในระบบการกลั่น ถ้าหอกลั่นใดที่มีตัวแปรตัดสินใจมีค่าเป็น 1 แสดงว่าหอกลั่นนั้นได้ถูกเลือกมาใช้เป็นตัวแปรในการหาคำตอบของปัญหา และถ้าตัวแปรตัดสินใจมีค่าเป็น 0 แสดงว่าหอกลั่นนั้นไม่ได้นำมาพิจารณาในการหาคำตอบ

ตัวแปรตัดสินใจนี้คิดรวมอยู่ในฟังก์ชันจุดประสงค์ด้วย โดยการพิจารณาร่วมกับต้นทุนของเงินลงทุนในลำดับการกลั่นตามสมการที่ 3.3 ต้นทุนของหอกลั่นคือ  $Column\ Cost = FC + V \cdot F$ ,  $FC$  เป็นต้นทุนคงที่และ  $V$  เป็นค่าความชันของเส้นตรงที่มีความสัมพันธ์ระหว่างต้นทุนของหอกลั่นกับอัตราการป้อนดังรูปที่ 3.4 ซึ่งต้นทุนคงที่ในแต่ละหอกลั่นขึ้นอยู่กับตัวแปรตัดสินใจเพื่อที่จะแสดงว่าหอกลั่นนั้นปรากฏในการคำนวณค่าของฟังก์ชันจุดประสงค์หรือไม่ ความสัมพันธ์ของค่าตัวแปรต่อเนื่องกับค่าตัวแปรตัดสินใจจะมีความจำเป็นมาก โดยเฉพาะอัตราการป้อนและภาวะความร้อนจะมีความสัมพันธ์กับหอกลั่นใด ๆ ที่ซึ่งไม่ปรากฏในการหาค่าตอบให้เป็น 0 ดังนั้นเราจึงต้องพิจารณาข้อจำกัดสำหรับหอกลั่นแต่ละตัวในโครงสร้างรวมด้วย เขียนเป็นสมการได้ดังนี้

$$F_k - U_k y_k \leq 0 \quad (3.10)$$

$U_k$  เป็นขอบเขตบนของอัตราการป้อนในหอกลั่น  $k$  ซึ่งก็คืออัตราการป้อนทั้งหมดนั่นเอง ถ้าตัวแปรตัดสินใจ  $y_k$  นี้มีค่าเป็น 0 ข้อจำกัดนี้จะกลายเป็น

$$F_k \leq U_k \quad (3.11)$$

ถ้าตัวแปรตัดสินใจมีค่าเป็น 0 อัตราการป้อนก็จะเป็น 0 ด้วยเช่นกัน และถ้าอัตราการป้อนเป็น 0 ภาวะความร้อนจะเป็น 0 ด้วย เพราะว่าภาวะความร้อนเป็นสัดส่วนโดยตรงกับอัตราการป้อน

### 3.1.5 แบบจำลอง MILP สมบูรณ์

จากสมการที่ 3.3 ถึง 3.11 เป็นฟังก์ชันจุดประสงค์และข้อจำกัดต่าง ๆ สามารถเขียนรวมกันให้อยู่ในรูปของแบบจำลอง MILP ได้ดังนี้ (Biegler et al., 1997)

$$\begin{aligned} \min \quad C &= \sum_{k \in COLS} [\alpha_k y_k + \beta_k F_k + (C_H + C_C) Q_k] \\ \text{s.t.} \quad \sum_{k \in FS_F} F_k &= F_{TOT} \\ \sum_{i \in PS_m} \xi_i F_i - \sum_{j \in FS_m} F_j &= 0 \quad m \in IP \\ Q_k - K_k F_k &= 0 \quad k \in COLS \\ F_k - U_k y_k &\leq 0 \quad k \in COLS \\ F_k, Q_k &\geq 0, y_k = 0, 1 \quad k \in COLS \end{aligned} \quad (3.12)$$

ซึ่ง  $\alpha$  เป็นต้นทุนคงที่ ( $FC$ )  $\beta$  เป็นค่าความชันของเส้นตรงที่แสดงถึงความสัมพันธ์ระหว่างต้นทุนของหอกลั่นกับอัตราการป้อน ( $V$ ) และ  $COLS$  เป็นจำนวนหอกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมด

### 3.2 รูปแบบของสายอักขระ

เนื่องจากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการใช้การลงรหัส (Coding) ของตัวแปรในการหาความเหมาะสม ดังนั้นถ้าเลือกวิธีการลงรหัสที่เหมาะสมย่อมทำให้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการมีประสิทธิภาพดีขึ้น โดยทั่วไปนิยมใช้เลขฐานสอง (0 และ 1) เป็นส่วนประกอบของสายอักขระในการลงรหัส ความยาวของสายอักขระจะเป็นตัวกำหนดความละเอียดของตัวแปรที่เราต้องการ สำหรับการแก้ปัญหาการจัดลำดับการกลั่นนั้น ใช้วิธีการลงรหัสโดยใช้ตัวแปรไบนารีหรือตัวแปรตัดสินใจที่มีค่าเป็น 0 หรือ 1 ในการแทนที่บิตแต่ละบิตในสายอักขระ ซึ่งความยาวของสายอักขระจะมีความยาวเท่ากับจำนวนหอกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมดในโครงสร้างรวม นั่นคือถ้ามีการป้อนสารของผสม 4 องค์ประกอบ ความยาวของสายอักขระที่ได้จะมี 10 บิต และจะมีเพียงแค่ 3 บิตเท่านั้นที่เป็น 1 โดยการจำกัดในการบังคับสายอักขระให้เป็นไปตามต้องการ ดังนั้นการกำหนดรูปแบบของสายอักขระสามารถเขียนให้อยู่ในรูปทั่วไปดังนี้

$$\begin{array}{|c|c|c|c|c|} \hline y_1 & y_2 & y_3 & \dots & y_k \\ \hline \end{array} \quad k \in \text{COLS}$$

ตัวอย่าง การแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบ สายอักขระที่เป็นไปได้ทั้งหมดในการลงรหัสคือ

1001000100

1000100010

0100000101

0010010010

0010001001

### 3.3 การประเมินค่าความเหมาะสม

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการจะพิจารณาเลือกชุดคำตอบใหม่ ๆ จากชุดคำตอบเดิมโดยอาศัยค่าความเหมาะสมที่ไม่เป็นลบ โดยทั่วไปค่าความเหมาะสมนี้จะมีค่าเท่ากับค่าของฟังก์ชันจุดประสงค์ แต่สำหรับปัญหาการจัดลำดับการกลั่นแล้ว ต้องการสายอักขระที่มีค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ของต้นทุนการผลิตต่ำที่สุด ดังนั้นจะต้องกำหนดค่าความเหมาะสมให้มากที่สุดสำหรับสายอักขระที่มีค่าฟังก์ชันจุดประสงค์น้อยที่สุด ซึ่งการกำหนดค่าความเหมาะสมนี้ทำได้จากการนำค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ที่มีค่ามากที่สุดที่พบลบบด้วยค่าของฟังก์ชันจุดมุ่งหมายของแต่ละสายอักขระนั่นเอง เราจะได้ว่าถ้าค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ของสายอักขระใดมีค่าน้อยที่สุดก็จะมีค่าความเหมาะสมมากที่สุด ทำให้โอกาสที่จะถูกเลือกเพื่อกำเนิดใหม่ในรุ่นถัดไปของสายอักขระนั้นก็จะมีมากขึ้นด้วย และสำหรับสายอักขระที่มีค่าฟังก์ชันจุดประสงค์มากที่สุดก็จะมีโอกาสที่จะกำเนิดใหม่ในรุ่นต่อไปได้เลย

### 3.4 การดำเนินการทางพันธุกรรม

กระบวนการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการโดยใช้สายอักขระที่จำกัดความยาวในการค้นหาวิธีการแก้ปัญหาขั้นตอนหลัก ๆ ซึ่งประกอบด้วย การกำเนิดใหม่ การสลับไขว้ และการกลายพันธุ์ สามารถเขียนเป็นผังงานได้ดังรูปที่ 3.6 โดยมีขั้นตอนดังนี้

3.4.1 สร้างประชากรเริ่มต้น เป็นสายอักขระที่มีความยาวตามหากลันที่เป็นไปได้ทั้งหมดในโครงสร้างรวม โดยอาศัยการสุ่มและการทดสอบว่าสายอักขระที่สุ่มได้เป็นไปตามข้อจำกัดที่กำหนดไว้ในแบบจำลอง MILP หรือไม่ ถ้าไม่เป็นไปตามข้อจำกัดก็ให้ทำการสุ่มสายอักขระนั้นใหม่จนกว่าจะได้สายอักขระที่เป็นไปตามข้อจำกัดที่ต้องการ

3.4.2 ปฏิบัติตามขั้นตอนต่อไปนี้ ซ้ำไปเรื่อย ๆ จนกระทั่งถึงเป้าหมายที่ได้ตั้งเงื่อนไขไว้

- ทำการประเมินค่าความเหมาะสมของแต่ละสายอักขระในประชากรทั้งหมด โดยกำหนดให้สายอักขระใดที่มีค่าฟังก์ชันจุดประสงค์น้อยที่สุดจะมีค่าความเหมาะสมมากที่สุด
- สร้างประชากรของโปรแกรมขึ้นใหม่บนพื้นฐานของค่าความเหมาะสมของแต่ละสายอักขระที่ได้จากการปฏิบัติการ และค่าความน่าจะเป็นของแต่ละกระบวนการทางพันธุกรรม ซึ่งประกอบด้วย 3 กระบวนการคือ

*การกำเนิดใหม่* โดยทำการคัดลอกสายอักขระเดิมไปใช้ในประชากรใหม่ตามพื้นฐานของค่าความเหมาะสมของแต่ละสายอักขระ

*การสลับไขว้* มีค่าความน่าจะเป็น  $P_c$  โดยทำการสร้างสายอักขระใหม่ขึ้นมาโดยอาศัยการแลกเปลี่ยนของสายอักขระสองสายที่สุ่มเลือกได้ เพื่อสร้างเป็นสายอักขระใหม่สองสายที่นำไปใช้ในประชากรใหม่และใช้ตำแหน่งการสลับไขว้เพียงหนึ่งตำแหน่งจากการสุ่มเลือก

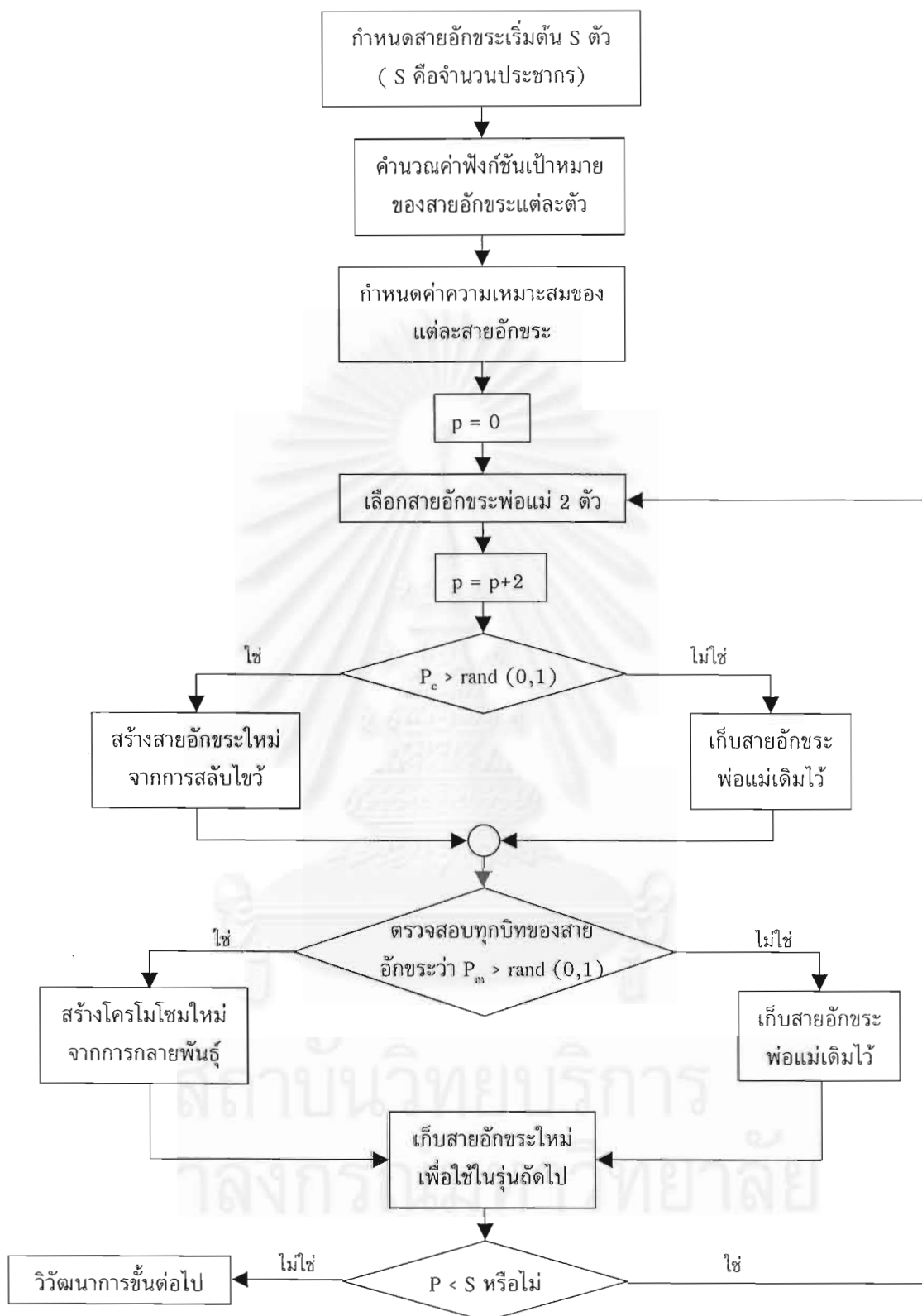
*การกลายพันธุ์* มีค่าความน่าจะเป็น  $P_m$  โดยการสลับค่าของสายอักขระในตำแหน่งของบิตที่ถูกสุ่มเลือก ทำให้เกิดสายอักขระใหม่ขึ้นมาในประชากรใหม่

- ทำการทดสอบว่าสายอักขระที่ผ่านขั้นตอนการดำเนินการทางพันธุกรรมแล้วยังเป็นไปตามข้อจำกัดที่กำหนดไว้ในแบบจำลอง MILP หรือไม่อีกครั้ง ถ้าไม่เป็นไปตามข้อจำกัดก็ให้ทำการสุ่มสายอักขระนั้นใหม่จนกว่าจะได้สายอักขระที่เป็นไปตามข้อจำกัดที่ต้องการ

3.4.3 คัดเลือกสายอักขระที่ดีที่สุดจากประชากรทั้งหมด เมื่อค่าฟังก์ชันจุดประสงค์เฉลี่ยของประชากรเท่ากับค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ต่ำสุดของสายอักขระในประชากร ซึ่งสายอักขระที่ได้จะเป็นคำตอบหรือใกล้เคียงกับคำตอบของปัญหาที่ได้กำหนดไว้

### 3.5 ตัวอย่างปัญหาที่ใช้ในการทดสอบ

#### 3.5.1 สารของผสม 4 องค์ประกอบ



รูปที่ 3.6 ผังงานแสดงขั้นตอนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการแก้ปัญหา

สำหรับข้อมูลต่าง ๆ ในการทดสอบกับปัญหาการแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบโดยใช้การจัดลำดับการกลั่นนั้นได้จาก Biegler และคณะ (1997) ดังแสดงในตารางที่ 3.1 ส่วนตัวอย่างนิยามของเซตต่าง ๆ สามารถอธิบายได้ดังนี้

ตารางที่ 3.1 ข้อมูลสำหรับการทดสอบปัญหาการแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบ  
(Biegler et al., 1997)

ก) ข้อมูลเริ่มต้น

$F_{TOT} = 1000 \text{ kmol/hr}$

สารองค์ประกอบ (เศษส่วนโมล)

A	0.15
B	0.3
C	0.35
D	0.2

ข) ข้อมูลทางเศรษฐศาสตร์และสัมประสิทธิ์การระเหย

k	หอกลิ้น	ต้นทุนของเงินลงทุน		สัมประสิทธิ์การระเหยความร้อน, $K_k$ , ( $10^6 \text{ kJ/kmol}$ )
		$\alpha_k$ , คงที่ ( $10^3 \text{ \$/yr}$ )	$\beta_k$ , เปลี่ยนแปลง ( $10^3 \text{ \$/hr/kmol yr}$ )	
1	A/BCD	145	0.42	0.028
2	AB/CD	52	0.12	0.042
3	ABC/D	76	0.25	0.054
4	B/CD	38	0.14	0.040
5	BC/D	66	0.21	0.047
6	A/BC	125	0.78	0.024
7	AB/C	44	0.11	0.039
8	C/D	58	0.19	0.044
9	B/C	37	0.08	0.036
10	A/B	112	0.39	0.022
ต้นทุนของอรรถประโยชน์				
	น้ำหล่อเย็น	$C_C = 1.3$	$(10^3 \text{ \$/}10^6 \text{ kJ yr})$	
	ไอน้ำ	$C_H = 34$	$(10^3 \text{ \$/}10^6 \text{ kJ yr})$	

IP = {m | m เป็นผลิตภัณฑ์ระหว่างทาง}  
= {(ABC),(BCD),(AB),(BC),(CD)}



COLS = {k | k เป็นหอกลับในเครื่องเสริมสร้าง}

$$= \{1,2,3,4,5,6,7,8,9,10\}$$

FS<sub>F</sub> = {หอกลับ k ที่มีการป้อนของผสมเริ่มต้น}

$$= \{1,2,3\}$$

FS<sub>m</sub> = {หอกลับ k ที่มีการป้อนสารผลิตภัณฑ์ระหว่างทาง m}

$$= \{4,5\} \text{ สำหรับ } m = (\text{BCD})$$

PS<sub>m</sub> = {หอกลับ k ที่ให้ผลิตภัณฑ์เป็นผลิตภัณฑ์ระหว่างทาง m}

$$= \{2,4\} \text{ สำหรับ } m = (\text{CD})$$

ข้อจำกัดสำหรับอัตราการป้อนเริ่มต้น (ตารางที่ 3.1) ในโครงสร้างรวม

$$F_1 + F_2 + F_3 = 1000$$

และข้อจำกัดสมดุลมวลสารสำหรับสารผลิตภัณฑ์ระหว่างทางแสดงได้ดังนี้

$$m = \text{BCD} \quad ; \quad F_4 + F_5 - F_1 = 0$$

$$m = \text{ABC} \quad ; \quad F_6 + F_7 - F_3 = 0$$

$$m = \text{AB} \quad ; \quad F_{10} - F_2 - F_7 = 0$$

$$m = \text{BC} \quad ; \quad F_9 - F_5 - F_6 = 0$$

$$m = \text{CD} \quad ; \quad F_8 - F_2 - F_4 = 0$$

ข้อจำกัดอื่น ๆ คือ

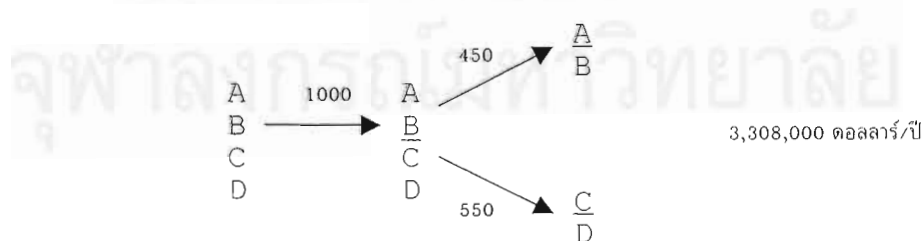
$$F_k - 1000y_k \leq 0, \quad F_k \geq 0, \quad y_k = 0,1, \quad k = 1, \dots, 10$$

$$Q_k = K_k F_k, \quad k = 1, \dots, 10$$

สุดท้ายฟังก์ชันจุดประสงค์จะให้โดยผลรวมของต้นทุนการผลิตต่ำที่สุดแสดงได้ดังนี้

$$\min \quad C = \sum_{k=1}^{10} (\alpha_k y_k + \beta_k F_k) + (34 + 1.3) \sum_{k=1}^{10} Q_k$$

ซึ่งสัมประสิทธิ์ของต้นทุน  $\alpha_k$  และ  $\beta_k$  ให้ในตารางที่ 3.1 ผลที่ได้จากการแก้ปัญหา MILP ข้างต้น โดยใช้โปรแกรม LINDO เราจะได้ลำดับการกลั่นที่เหมาะสมดังแสดงในรูปที่ 3.7 มีต้นทุนการผลิตประจำปีเป็น 3,308,000 ดอลลาร์/ปี



รูปที่ 3.7 ลำดับการกลั่นที่เหมาะสมมากที่สุด ของตัวอย่างปัญหาการแยกสารของผสม

4 องค์ประกอบ

### 3.5.2 สารของผสม 5 องค์ประกอบ

สำหรับข้อมูลต่าง ๆ ในการทดสอบของการแยกสารของผสม 5 องค์ประกอบแสดงได้ดังตารางที่ 3.2 ซึ่งจำนวนชั้นในหอกลับ สัดส่วนป้อนกลับ และภาวะความร้อน ของแต่ละหอกลับคำนวณได้จากการใช้โปรแกรม HYSYS (ภาคผนวก ก) การหาจำนวนชั้นในหอกลับได้จากการคำนวณทางลัด (Short-cut Calculation) โดยใช้สัดส่วนป้อนกลับเป็น 1.2 เท่าของสัดส่วนป้อนกลับน้อยที่สุดที่คำนวณได้ ใช้ความดัน 1 บรรยากาศและใช้สมมติฐานต่าง ๆ ในการทดสอบดังนี้

- หอกลับแต่ละหอกมีปฏิบัติการแยกโดยใช้ร้อยละการกู้กลับ 98 (98% Recovery) ขององค์ประกอบกุญแจ (Key Components)
- ต้นทุนของการบีบระหว่างหอกลับในลำดับการกลั่นจะถือว่าน้อยมาก เมื่อเทียบกับต้นทุนทั้งหมด จึงไม่นำมาคิดรวมในการหาต้นทุนการผลิต
- สายการป้อนและสายของผลิตภัณฑ์ทั้งหมดเป็นของเหลวอิ่มตัว

สำหรับการคิดต้นทุนของหอกลับคิดจากวิธีการและข้อมูลของ Peters และ Timmerhaus (1991) และสำหรับต้นทุนของเครื่องแลกเปลี่ยนความร้อนในเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำคิดจากวิธีการและข้อมูลของ Douglas (1988) (ภาคผนวก ข) การหาค่าสัมประสิทธิ์ของต้นทุน  $\alpha_k$  และ  $\beta_k$  หาได้จากกฎ Six-tenths Factor ของ Peter และ Timmerhaus (1991) (ภาคผนวก ค) และการหาค่าสัมประสิทธิ์ของภาวะความร้อนได้จากการใช้โปรแกรม HYSYS (ภาคผนวก ง) ส่วนตัวอย่างนิยามของเซตต่าง ๆ มีองค์ประกอบดังนี้

$$IP = \{(ABCD), (BCDE), (ABC), (BCD), (CDE), (AB), (BC), (CD), (DE)\}$$

$$COLS = \{1, 2, 3, \dots, 20\}$$

$$FS_F = \{1, 2, 3, 4\}$$

$$FS_m = \{11, 12\} \quad \text{สำหรับ } m = (CDE)$$

$$PS_m = \{11, 6, 3\} \quad \text{สำหรับ } m = (DE)$$

ข้อจำกัดสำหรับอัตราการป้อนเริ่มต้น (ตารางที่ 3.2) ในโครงสร้างรวม

$$F_1 + F_2 + F_3 + F_4 = 360$$

และข้อจำกัดสมดุลมวลสารสำหรับสารผลิตภัณฑ์ระหว่างทางแสดงได้ดังนี้

$$m = ABCD \quad ; \quad F_8 + F_9 + F_{10} - F_4 = 0$$

$$m = BCDE \quad ; \quad F_5 + F_6 + F_7 - F_1 = 0$$

$$m = ABC \quad ; \quad F_{15} + F_{16} - F_{10} - F_3 = 0$$

$$m = BCD \quad ; \quad F_{13} + F_{14} - F_7 - F_8 = 0$$

$$m = CDE \quad ; \quad F_{11} + F_{12} - F_5 - F_2 = 0$$

ตารางที่ 3.2 ข้อมูลสำหรับการทดสอบปัญหาการแยกสารของผสม 5 องค์ประกอบ

ก) ข้อมูลเริ่มต้น

$$F_{\text{TOT}} = 360 \text{ kmol/hr}$$

สารองค์ประกอบ (เศษส่วนโมล)

A	Propane	0.05
B	i-Butane	0.15
C	n-Butane	0.25
D	i-Pentane	0.20
E	n-Pentane	0.35

ข) ข้อมูลทางเศรษฐศาสตร์และสัมประสิทธิ์การระเหยความร้อน

k	หอกลิ้น	ต้นทุนของเงินลงทุน		สัมประสิทธิ์การระเหยความร้อน, $K_k$ , ( $10^6$ kJ/kmol)
		$\alpha_k$ , คงที่ ( $10^3$ \$/yr)	$\beta_k$ , เปลี่ยนแปลง ( $10^3$ \$hr/kmol yr)	
1	A/BCDE	1.4	0.086	0.007
2	AB/CDE	2.5	0.149	0.026
3	ABC/DE	1.6	0.095	0.021
4	ABCD/E	3.7	0.225	0.067
5	B/CDE	2.4	0.143	0.028
6	BC/DE	1.6	0.094	0.021
7	BCD/E	3.8	0.230	0.072
8	A/BCD	1.8	0.111	0.009
9	AB/CD	3.4	0.203	0.039
10	ABC/D	2.1	0.126	0.026
11	C/DE	1.6	0.098	0.021
12	CD/E	4.0	0.241	0.077
13	B/CD	3.0	0.199	0.040
14	BC/D	2.1	0.127	0.027
15	A/BC	2.3	0.141	0.011
16	AB/C	4.4	0.266	0.052
17	D/E	4.9	0.296	0.101
18	C/D	2.3	0.140	0.027
19	B/C	4.5	0.271	0.056
20	A/B	3.8	0.228	0.015

ต้นทุนของอรรถประโยชน์

น้ำหล่อเย็น

$$C_c = 4.5$$

$$(10^3 \text{ \$}/10^6 \text{ kJ yr})$$

ไอน้ำ

$$C_H = 30$$

$$(10^3 \text{ \$}/10^6 \text{ kJ yr})$$

$$\begin{aligned}
 m = AB & \quad ; \quad F_{20} - F_2 - F_9 - F_{16} = 0 \\
 m = BC & \quad ; \quad F_{19} - F_6 - F_{14} - F_{15} = 0 \\
 m = CD & \quad ; \quad F_{18} - F_9 - F_{12} - F_{13} = 0 \\
 m = DE & \quad ; \quad F_{17} - F_3 - F_6 - F_{11} = 0
 \end{aligned}$$

ข้อจำกัดอื่น ๆ คือ

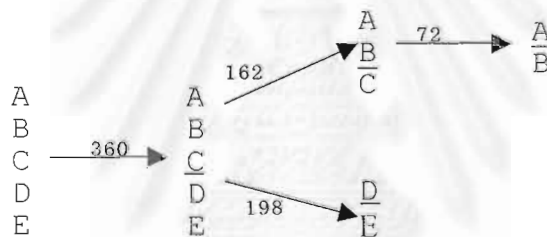
$$F_k - 360y_k \leq 0, \quad F_k \geq 0, \quad y_k = 0, 1, \quad k = 1, \dots, 20$$

$$Q_k = K_k F_k, \quad k = 1, \dots, 20$$

สุดท้ายฟังก์ชันจุดประสงค์จะให้โดยผลรวมของต้นทุนการผลิตต่ำที่สุดแสดงได้ดังนี้

$$\min C = \sum_{k=1}^{20} (\alpha_k y_k + \beta_k F_k) + (30 + 4.5) \sum_{k=1}^{20} Q_k$$

สำหรับผลที่ได้จากการแก้ปัญหาการแยกสารของผสม 5 องค์ประกอบได้จาก Flowers และคณะ (1994) ผลการจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสมแสดงได้ดังรูปที่ 3.8



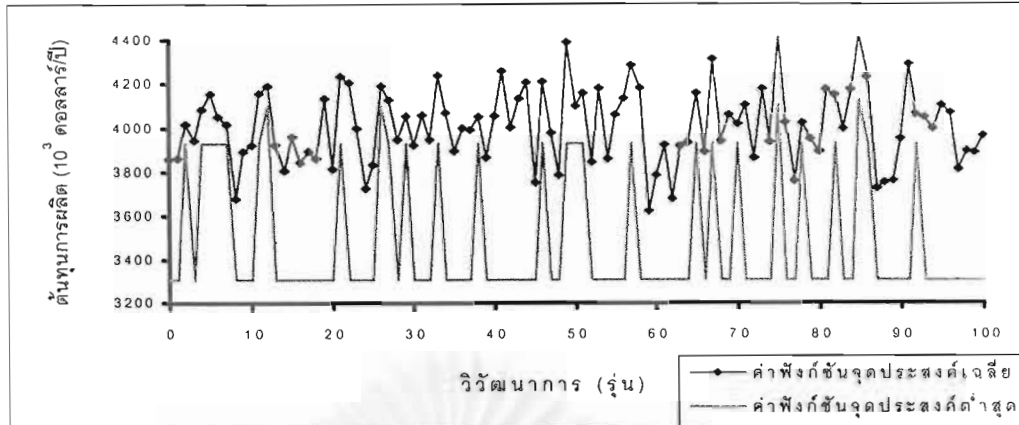
รูปที่ 3.8 ลำดับการกลั่นที่เหมาะสมมากที่สุด ของตัวอย่างปัญหาการแยกสารของผสม 5 องค์ประกอบ

## บทที่ 4

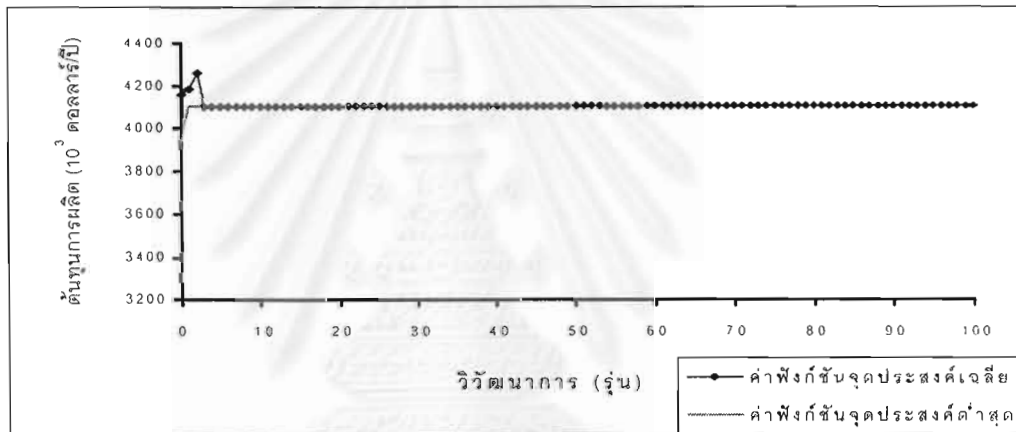
### ผลการคำนวณ

โดยการนำเอากรณีศึกษาที่มีผู้รายงานไว้มาใช้เพื่อการศึกษาประสิทธิผลและประสิทธิภาพของวิธีการหาค่าความเหมาะสมโดยวิธีเชิงพันธุการ ปัญหาการจัดลำดับการกลั่นของการแยกสารของผสม 4 และ 5 องค์ประกอบโดยการใช้หากลั่นอย่างง่ายแบบแยกชัดเจน ถูกนำมาเป็นปัญหาเพื่อการศึกษาดังกล่าว โดยทำการปรับเปลี่ยนค่าพารามิเตอร์เช่น ขนาดของประชากร (PopSize) ความน่าจะเป็นของการสลับไขว้ ( $P_c$ ) และความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ ( $P_m$ ) จากการทดลองพบว่าตัวแปรต่าง ๆ ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการจะมีผลต่อการหาผลเฉลย จากนิยามของการสลับไขว้และการกลายพันธุ์ ทำให้เข้าใจว่าขั้นตอนการปฏิบัติการทั้งสองเป็นกลไกสำคัญในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการ รูปที่ 4.1 และ 4.2 แสดงถึงผลของการสลับไขว้และการกลายพันธุ์ที่มีต่อการค้นหาชั้นลำดับ มีผู้วิจัยต่าง ๆ มากมายได้อธิบายถึงค่าความน่าจะเป็นของการสลับไขว้และความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ไว้ว่า ค่าความน่าจะเป็นของการสลับไขว้ควรจะมีค่าสูง ๆ และความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ควรมีค่าต่ำ ๆ (Man et al., 1996) เมื่อมีการประยุกต์การกลายพันธุ์เพียงอย่างเดียวในการค้นหา ซึ่งก็เหมือนกับมีการสุ่มเพียงอย่างเดียวในระบบค้นหา ดังนั้นผลที่ได้จากการทดลองจึงไม่เข้าสู่ค่าที่เหมาะสมหรืออาจจะเข้าสู่ค่าที่เหมาะสมก็ได้แต่ต้องใช้เวลาในการวิวัฒนาการนานมาก และเมื่อมีการประยุกต์การสลับไขว้เพียงอย่างเดียว การค้นหาได้คำตอบรวดเร็วขึ้น แต่คำตอบที่ได้จะไม่ใช่ว่าคำตอบที่เหมาะสมมากที่สุด เรียกการเกิดปรากฏการณ์นี้ว่า การเข้าสู่ความเหมาะสมก่อนกำหนด (Premature Convergence) (Androlakis and Venkatasubramanian, 1991) เนื่องจากเมื่อค่าฟังก์ชันจุดประสงค์เฉลี่ยของประชากรเท่ากับค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ต่ำสุดในประชากรแล้ว ทำให้ไม่มีโอกาสที่จะเกิดสายอักขระใหม่ ๆ ขึ้นมาได้ ดังนั้นจึงไม่สามารถที่จะหาคำตอบที่เหมาะสมมากที่สุดต่อไปได้อีก

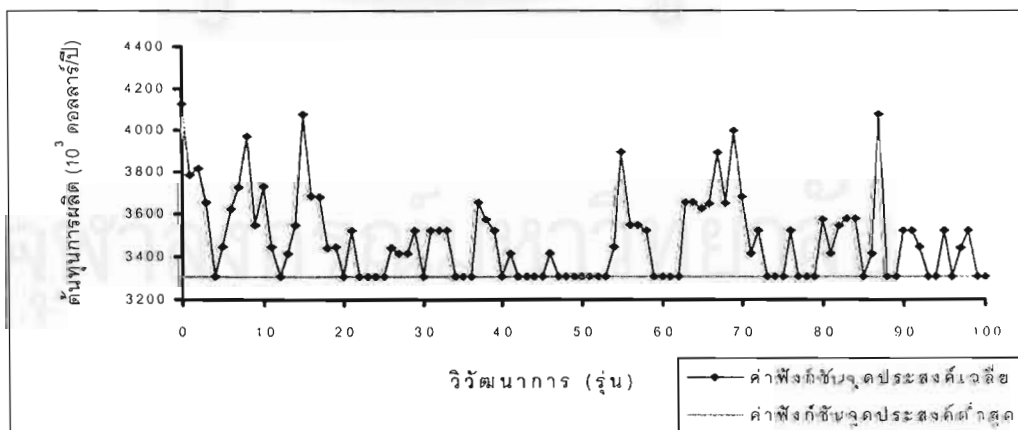
ขนาดของประชากรที่ใช้ในการค้นหาเป็นอีกตัวแปรหนึ่งที่มีผลต่อการค้นหาคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการด้วย รูปที่ 4.3 ถึง 4.11 เป็นผลของการเปลี่ยนแปลงขนาดของประชากรที่มีผลต่อการค้นหาคำตอบ โดยรูปที่ 4.3 ถึง 4.8 เป็นผลการเปลี่ยนแปลงขนาดของประชากรสำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ ซึ่งขนาดของประชากรที่ใช้ในการค้นหาคือ 6 10 20 30 40 และ 50 ตามลำดับ สำหรับการแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบจะมีลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้เพียง 5 ลำดับเท่านั้น แต่เนื่องจากจำนวนประชากรในการหาคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการที่ใช้จะต้องเป็นเลขคู่เท่านั้น เพราะว้ขั้นตอนการสลับไขว้ของ SGA เป็นการเลือกสายอักขระพ่อแม่สองสายนำมาสลับไขว้ และได้สายอักขระใหม่สองสายเพื่อใช้ในการวิวัฒนาการในรุ่นต่อไป



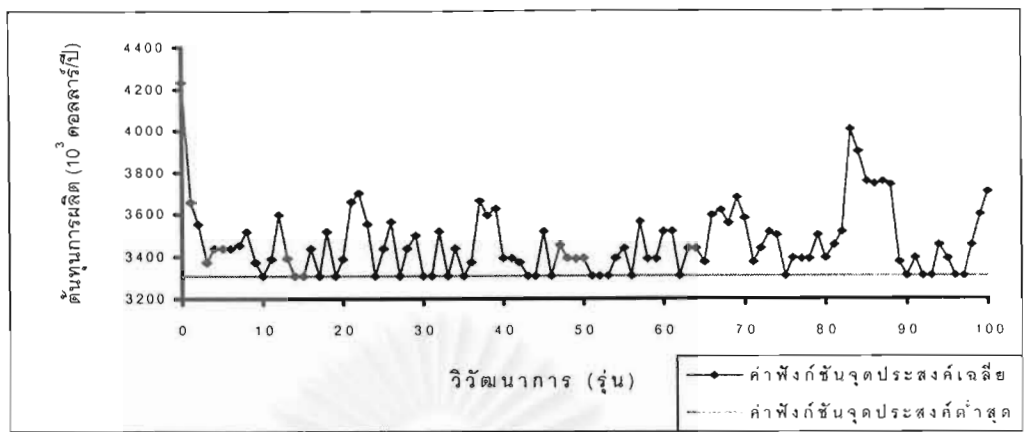
รูปที่ 4.1 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 0$  และ  $P_m = 1$   
สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



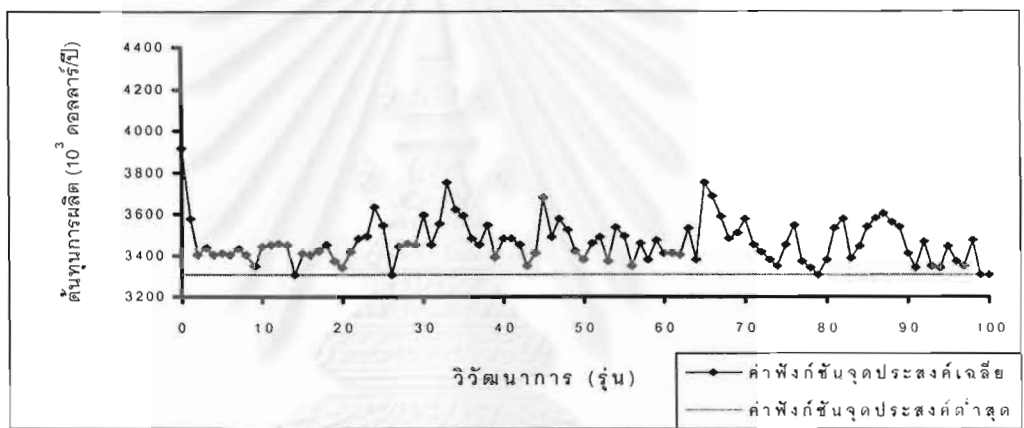
รูปที่ 4.2 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 1$  และ  $P_m = 0$   
สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



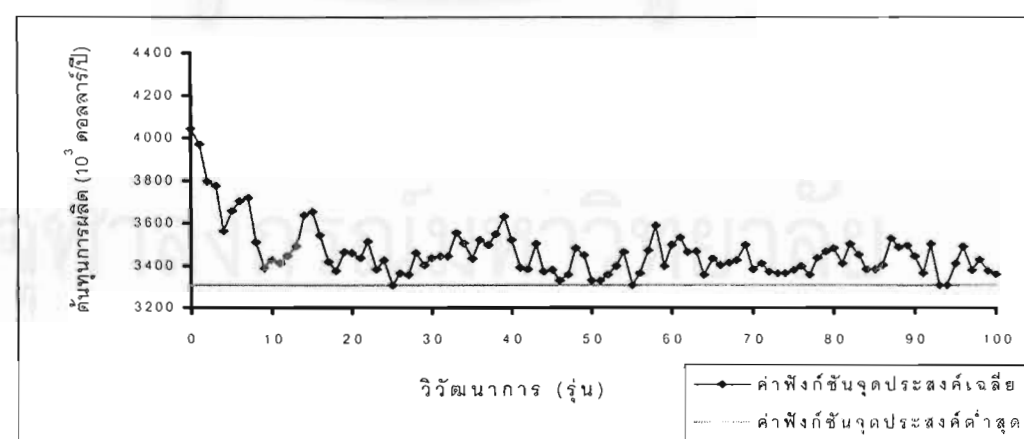
รูปที่ 4.3 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 0.8$  และ  $P_m = 0.01$   
สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



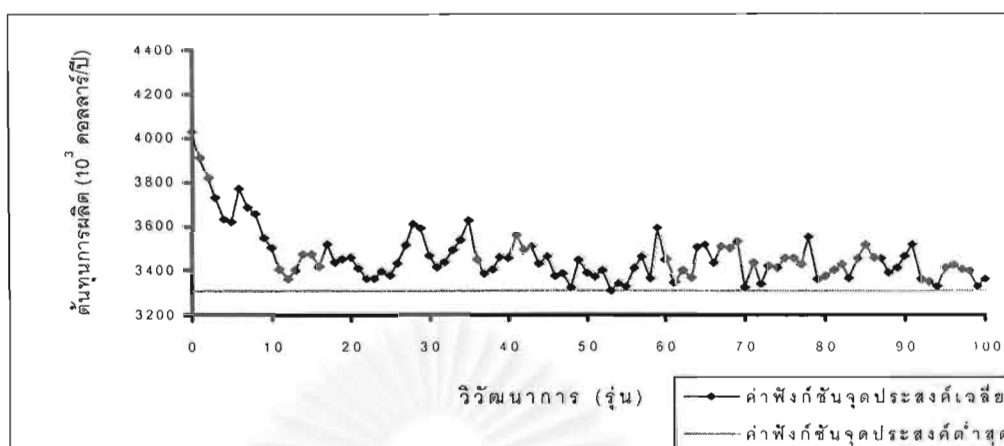
รูปที่ 4.4 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 10$  ,  $P_c = 0.8$  และ  $P_m = 0.01$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



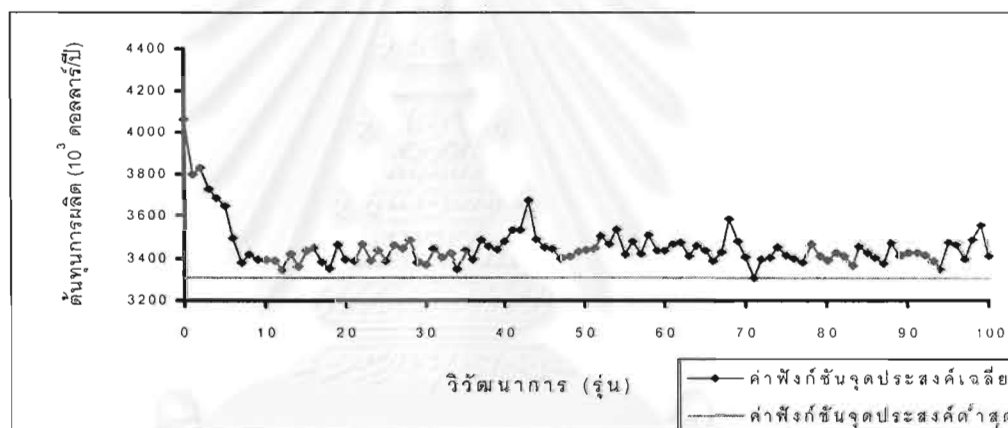
รูปที่ 4.5 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 20$  ,  $P_c = 0.8$  และ  $P_m = 0.01$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



รูปที่ 4.6 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 30$  ,  $P_c = 0.8$  และ  $P_m = 0.01$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



รูปที่ 4.7 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 40$  ,  $P_c = 0.8$  และ  $P_m = 0.01$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ

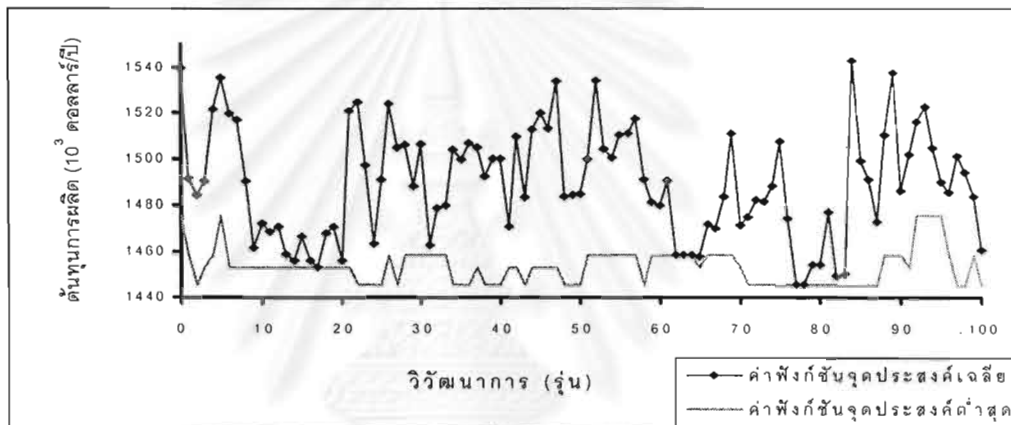


รูปที่ 4.8 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 50$  ,  $P_c = 0.8$  และ  $P_m = 0.01$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ

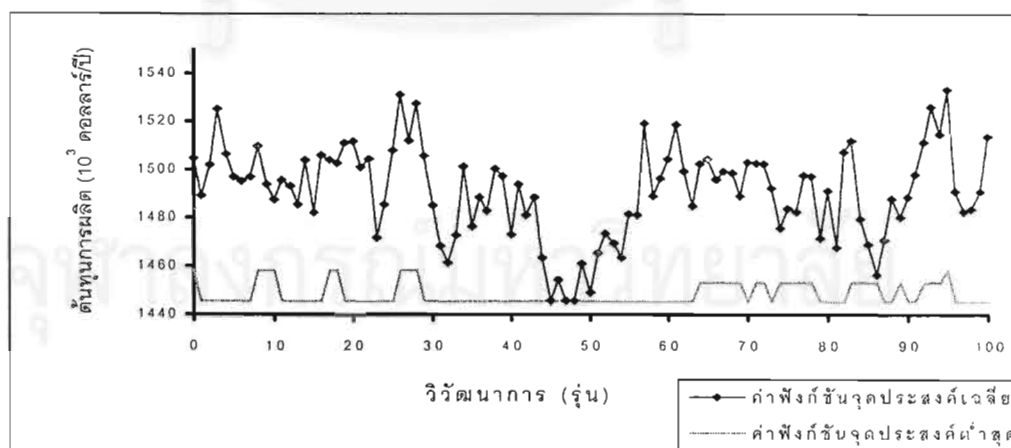
ขนาดของประชากรที่ใช้ในการทดสอบจึงเริ่มต้นจาก 6 และเพิ่มขึ้นไปเรื่อย ๆ จนถึง 50 สายอักขระ ผลที่ได้จากการเพิ่มขนาดของประชากรนี้ ทำให้ทราบว่าถ้าเพิ่มขนาดของประชากรมากกว่าลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมด โอกาสที่ค่าฟังก์ชันจุดประสงค์เฉลี่ยเท่ากับค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ต่ำสุดในประชากรจะใช้เวลาในการวิวัฒนาการนานขึ้น เนื่องจากเมื่อมีขนาดของประชากรมากขึ้นทำให้โอกาสที่จะเกิดการกลายพันธุ์ก็มากขึ้นด้วย และการที่จะทำให้สายอักขระในประชากรทุกตัวเป็นค่าที่เหมาะสมมากที่สุดจำเป็นต้องใช้เวลาในการวิวัฒนาการนานพอสมควรจากรูปที่ 4.3 ถึง 4.8 สังเกตเห็นได้อีกว่า เมื่อได้คำตอบที่เหมาะสมแล้ว และมีการกลายพันธุ์เกิดขึ้นค่าฟังก์ชันจุดประสงค์เฉลี่ยของประชากรที่ขนาดของประชากรน้อย ๆ จะมีการเปลี่ยนแปลงมากกว่าที่ขนาดของประชากรมาก ๆ เนื่องจากถ้าขนาดของประชากรน้อย การเปลี่ยนแปลงเพียงสายอักขระเดียวก็จะมีผลต่อค่าฟังก์ชันจุดประสงค์เฉลี่ยมากกว่าขนาดของประชากรที่มี



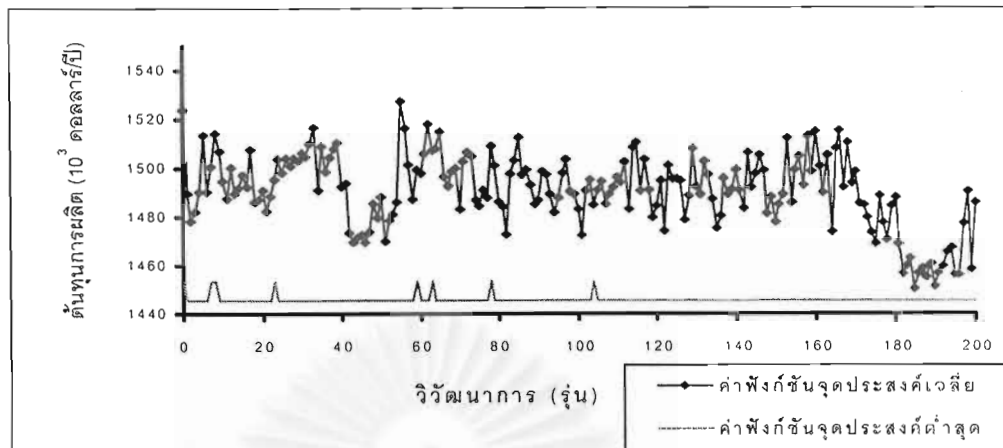
ขนาดมาก ๆ แต่การเปลี่ยนแปลงนี้ไม่มีผลกระทบแต่อย่างใดในการค้นหาคำตอบ ดังนั้นขนาดของประชากรที่เหมาะสมจึงควรมีขนาดใกล้เคียงกับจำนวนของลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมด เพื่อไม่ต้องใช้เวลาในการค้นหาคำตอบนานเกินไป จากรูปที่ 4.9 ถึง 4.11 เป็นผลการเปลี่ยนแปลงขนาดของประชากรที่มีต่อการค้นหาคำตอบสำหรับของผสม 5 องค์ประกอบ โดยทดสอบกับขนาดของประชากร 3 ขนาดคือ ขนาดของประชากรที่น้อยกว่าจำนวนของลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมด ขนาดของประชากรที่เท่ากับจำนวนของลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมด และขนาดของประชากรที่มากกว่าจำนวนของลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมดเป็น 8 14 และ 30 ตามลำดับ พบว่าถ้าใช้ขนาดของประชากรน้อยกว่าจำนวนลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมด ทำให้โอกาสที่จะเกิดการเข้าสู่ความเหมาะสมก่อนกำหนดมาก จึงเป็นผลให้ต้องใช้เวลาในการวิวัฒนาการนานกว่าจะได้ค่าความเหมาะสมมากที่สุด เนื่องจากขนาดของประชากรที่น้อยเกินไป



รูปที่ 4.9 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 8$  ,  $P_c = 0.8$  และ  $P_m = 0.004$  สำหรับของผสม 5 องค์ประกอบ



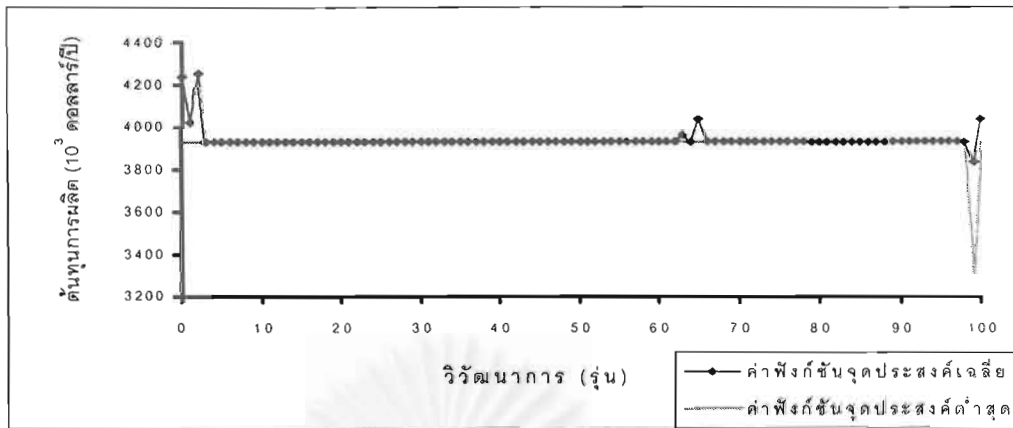
รูปที่ 4.10 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 14$  ,  $P_c = 0.8$  ,  $P_m = 0.004$  สำหรับของผสม 5 องค์ประกอบ



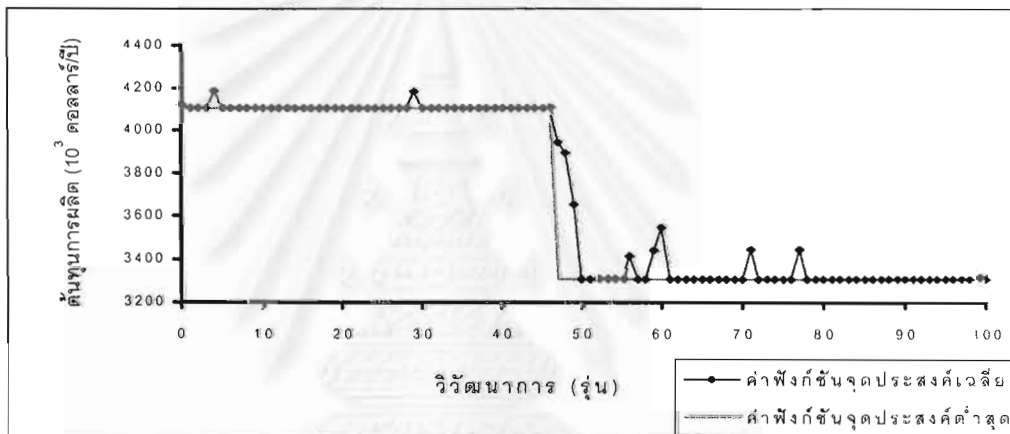
รูปที่ 4.11 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 30$  ,  $P_c = 0.8$  และ  $P_m = 0.004$  สำหรับของผสม 5 องค์ประกอบ

ทำให้ไม่สามารถรักษาค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ต่ำสุดที่พบได้ และถ้าใช้ขนาดของประชากรมากกว่าจำนวนลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้ทั้งหมดจะมีผลเช่นเดียวกับสารของผสม 4 องค์ประกอบ

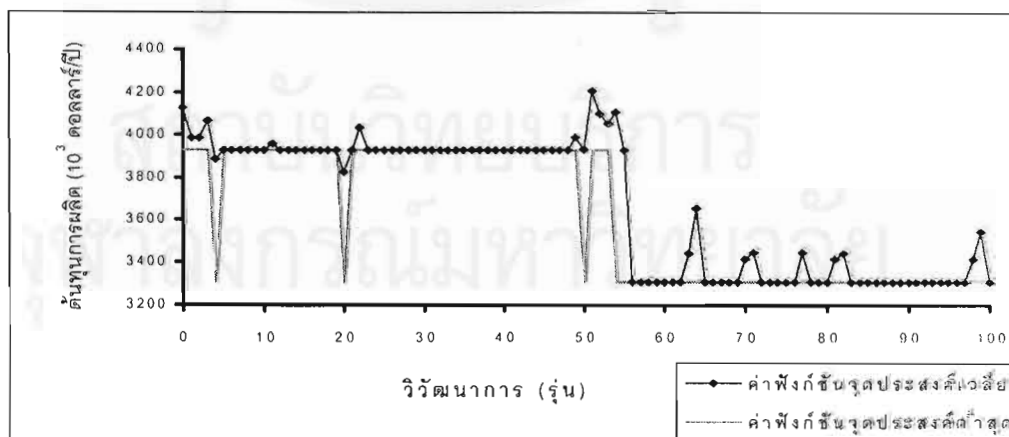
การเปลี่ยนแปลงค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์มีผลกระทบต่อการค้นหาคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการด้วยเช่นกัน ดังแสดงในรูปที่ 4.12 ถึง 4.21 เป็นผลการเปลี่ยนแปลงค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ที่เพิ่มขึ้นจาก 0.001 ถึง 0.01 ที่ความน่าจะเป็นของการสลับไขว้ 1.0 คงที่ พบว่าเมื่อค่าความน่าจะเป็นเพิ่มขึ้นทำให้โอกาสที่ช่วงของค่าฟังก์ชันจุดประสงค์เฉลี่ยของประชากรเท่ากับค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ต่ำสุดในประชากรลดลง เนื่องจากโอกาสที่จะทำให้เกิดการกลายพันธุ์ของสายอักขระมีมากขึ้น ด้วยเหตุนี้ที่ค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์น้อย ๆ ต้องใช้เวลาในการวิวัฒนาการนานขึ้นเมื่อเกิดการเข้าสู่ความเหมาะสมก่อนกำหนด นั่นคือเมื่อได้คำตอบที่ไม่ใช่คำตอบที่เหมาะสมมากที่สุดแล้ว โอกาสที่จะกลับมาได้คำตอบที่มีความเหมาะสมมากที่สุดจึงน้อยลงหรือก็คือต้องใช้เวลาในการวิวัฒนาการนานมากดังรูปที่ 4.12 4.13 และ 4.14 ที่ค่าความน่าจะเป็นของกลายพันธุ์เป็น 0.001 0.002 และ 0.003 ตามลำดับ แต่ถ้าเรากำหนดค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ให้มากเกินไปก็จะทำให้โอกาสที่ค่าฟังก์ชันจุดประสงค์เฉลี่ยของประชากรเท่ากับค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ต่ำสุดในประชากรลดลง เนื่องจากการกำหนดค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์สูง ๆ สายอักขระในประชากรจึงมีโอกาสที่จะเปลี่ยนแปลงมากขึ้น จึงเป็นเหตุให้ต้องใช้เวลาในการวิวัฒนาการนานขึ้นดังรูปที่ 4.21 สำหรับรูปที่ 4.16 ค่าฟังก์ชันจุดประสงค์เฉลี่ยของประชากรและค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ต่ำสุดในประชากรมีการเปลี่ยนแปลงมาก เนื่องจากค่าความน่าจะเป็นของการสลับไขว้มีค่ามากเกินไปทำให้เมื่อได้ค่าที่เหมาะสมมากที่สุดแต่ก็ยังมีเปลี่ยนแปลงค่าความเหมาะสมได้อีก



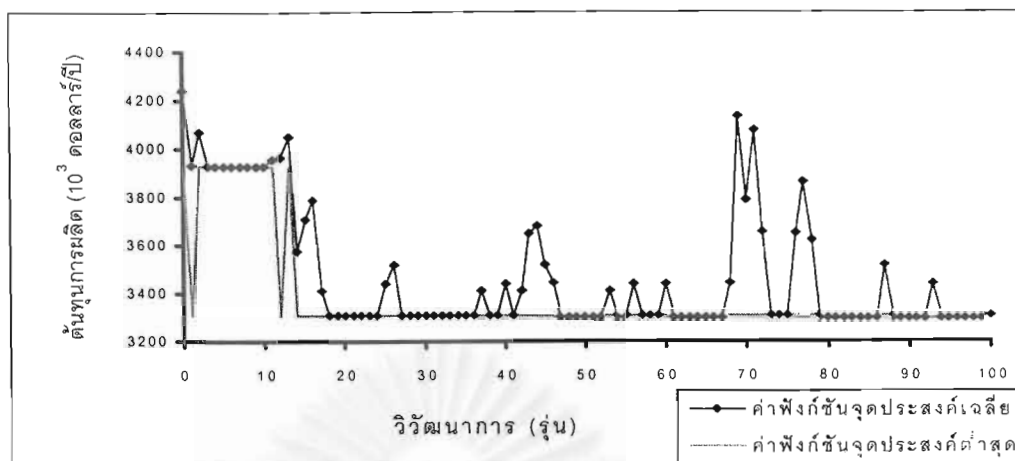
รูปที่ 4.12 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 1.0$  และ  $P_m = 0.001$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



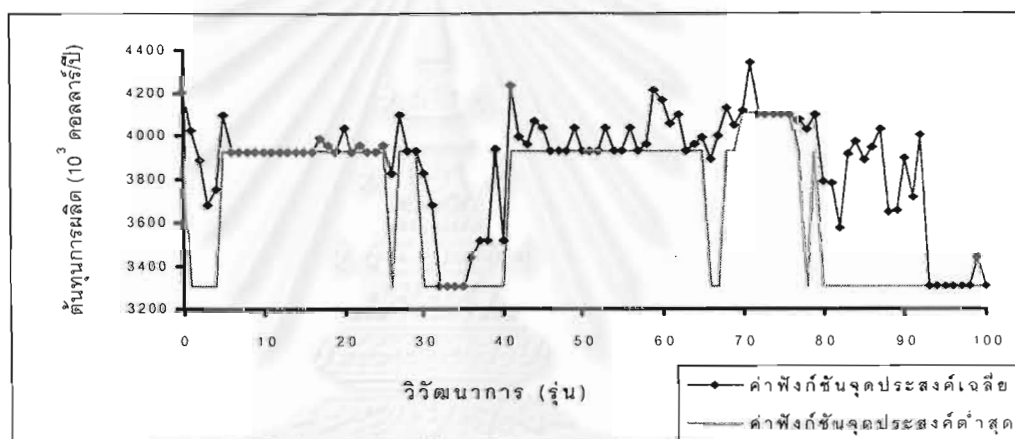
รูปที่ 4.13 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 1.0$  และ  $P_m = 0.002$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



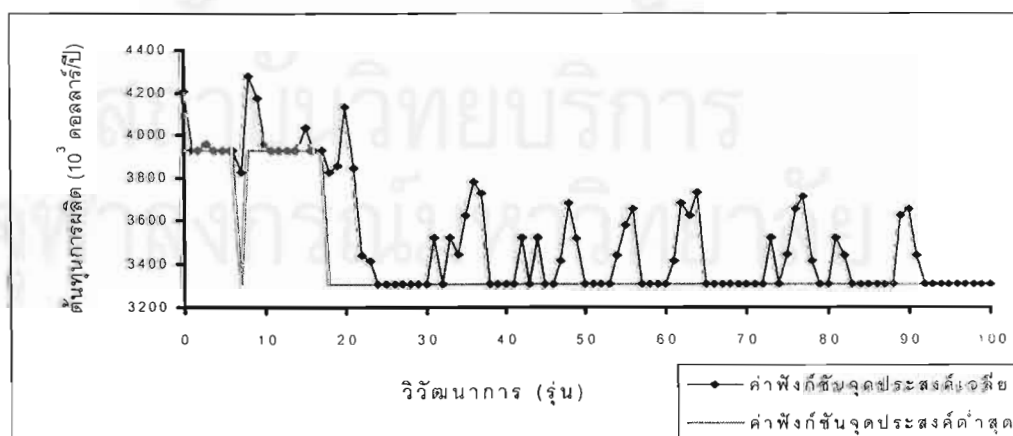
รูปที่ 4.14 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 1.0$  และ  $P_m = 0.003$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



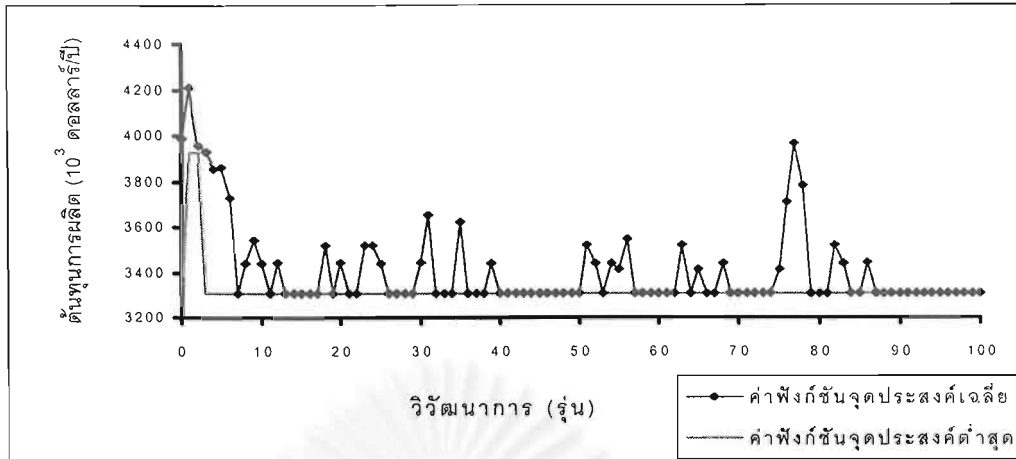
รูปที่ 4.15 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 1.0$  และ  $P_m = 0.004$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



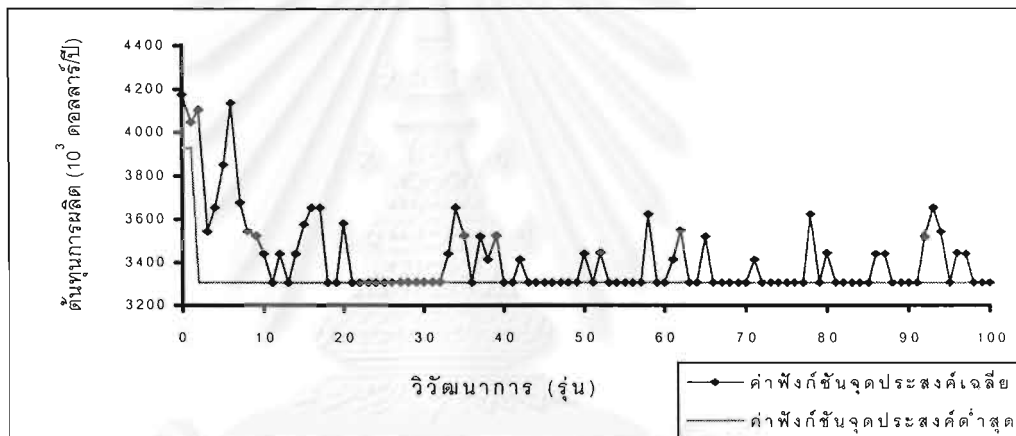
รูปที่ 4.16 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 1.0$  และ  $P_m = 0.005$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



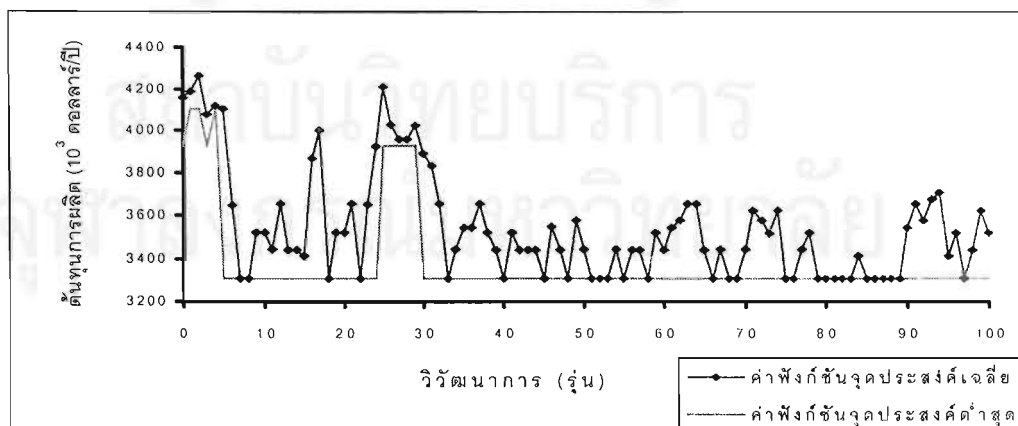
รูปที่ 4.17 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 1.0$  และ  $P_m = 0.006$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



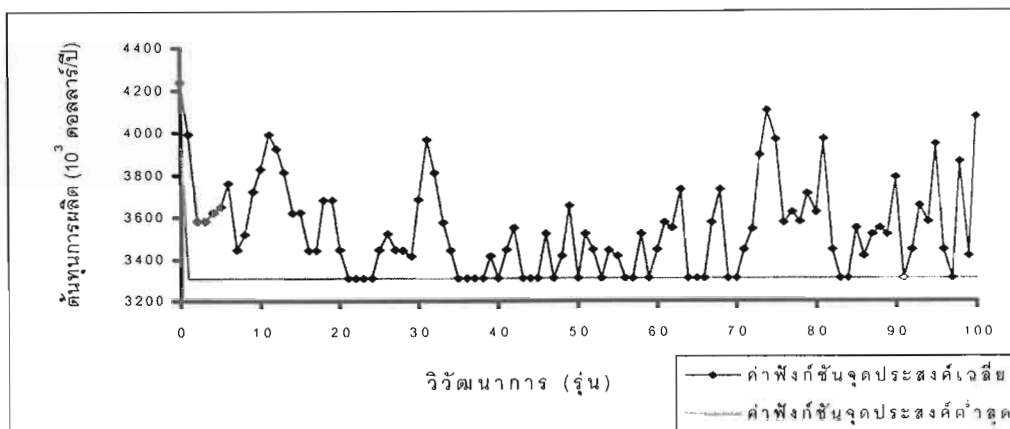
รูปที่ 4.18 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 1.0$  และ  $P_m = 0.007$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



รูปที่ 4.19 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 1.0$  และ  $P_m = 0.008$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



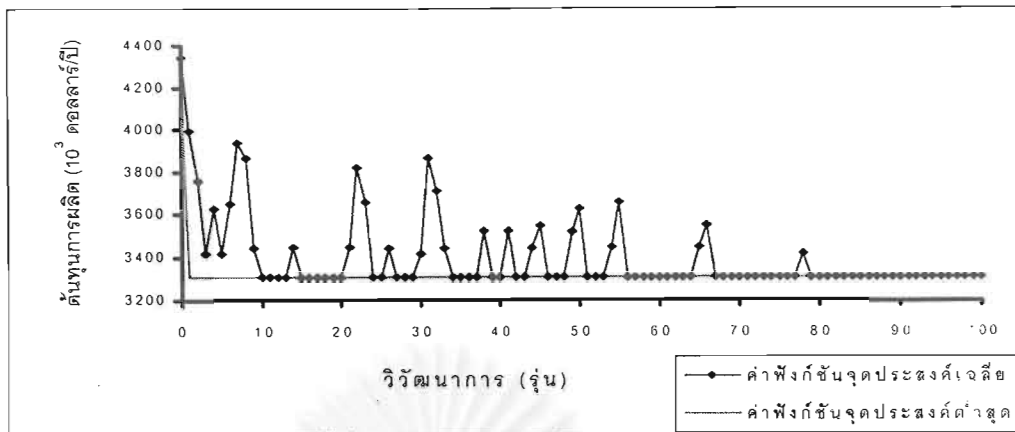
รูปที่ 4.20 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 1.0$  และ  $P_m = 0.009$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



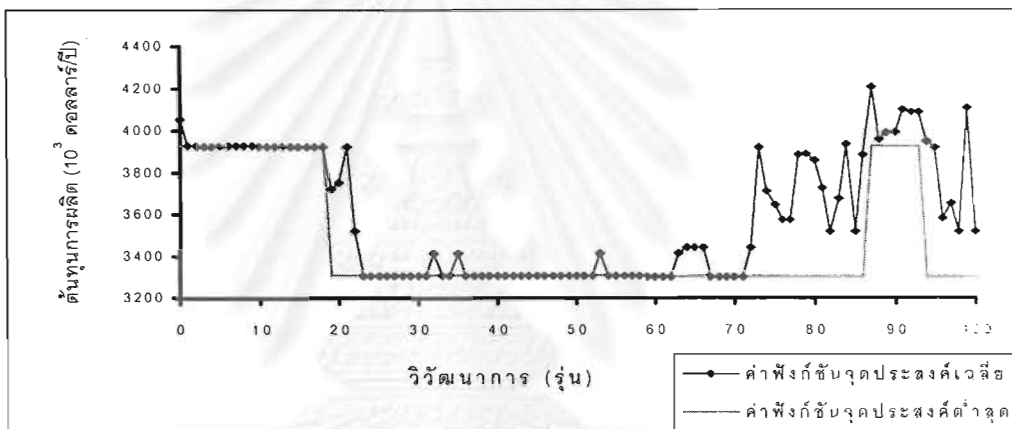
รูปที่ 4.21 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 1.0$  และ  $P_m = 0.01$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ

การเปลี่ยนแปลงค่าความน่าจะเป็นของการสลับไข้วมีผลกระทบต่อการค้นหาคำตอบของวิธีเชิงพันธุการด้วยเช่นกัน ดังแสดงในรูปที่ 4.22 ถึง 4.27 เป็นผลของการเปลี่ยนแปลงค่าความน่าจะเป็นของการสลับไข้วโดยลดค่าลงจาก 1.0 มาถึง 0.5 โดยมีค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์คงที่ที่ 0.004 พบว่าถ้าค่าความน่าจะเป็นของการสลับไข้วมีค่าสูงเกินไป ส่งผลให้ต้องใช้เวลาในการวิวัฒนาการนานขึ้นมากจึงจะได้ค่าที่เหมาะสมที่สุด เนื่องจากเมื่อความน่าจะเป็นของการสลับไข้วที่มีค่าสูงๆ จะทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงขึ้นมากในช่วงแรกของการคำนวณ ทำให้ไม่สามารถรักษาค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ต่ำสุดเอาไว้ได้และโอกาสที่จะพัฒนาค่าคำตอบเข้าสู่ความเหมาะสมก่อนกำหนดมาก จึงต้องใช้เวลาในการวิวัฒนาการมากขึ้น ดังรูปที่ 4.22 เมื่อได้ค่าความเหมาะสมมากที่สุดแล้วและมีการกลายพันธุ์เกิดขึ้นเพียงสายอักขระเดียวก็สมารถที่จะทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงอย่างมากในประชากรทั้งหมดดังรูปที่ 4.23 และถ้าความน่าจะเป็นของการสลับไข้วน้อยเกินไปทำให้โอกาสที่จะได้สายอักขระใหม่ ๆ น้อยลง ดังนั้นจึงต้องใช้เวลาในการวิวัฒนาการนานขึ้นเช่นกัน โดยเฉพาะในกรณีที่มีการสุ่มสร้างประชากรเริ่มต้นไม่พบค่าที่เหมาะสมมากที่สุดในประชากรดังรูปที่ 4.27

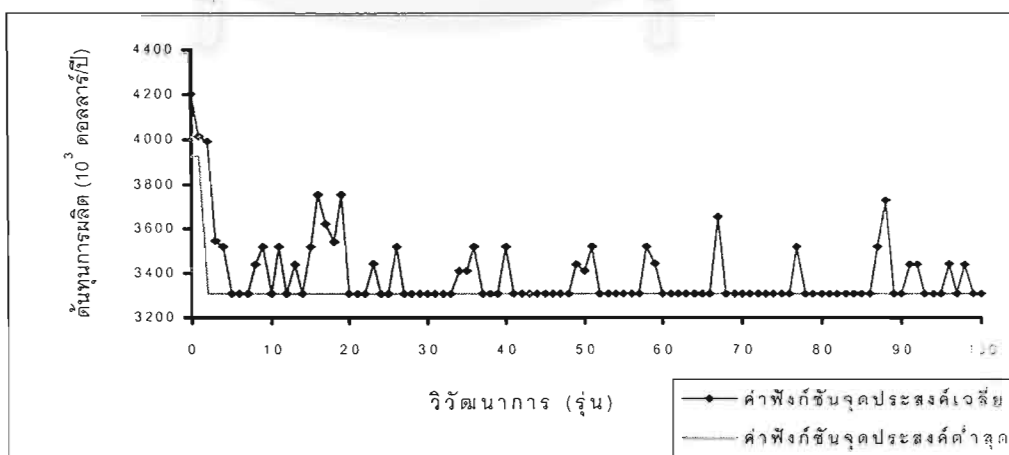
จากรูปที่ 4.24 และ 4.10 เป็นการทดสอบที่ค่าความน่าจะเป็นของการสลับไข้วและความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์เดียวกันคือ 0.8 และ 0.004 ตามลำดับ สังเกตได้ว่าสำหรับสารของผสม 5 องค์ประกอบ เมื่อค่าฟังก์ชันจุดประสงค์เฉลี่ยของประชากรเท่ากับค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ต่ำสุดแล้ว โอกาสที่ค่าฟังก์ชันจุดประสงค์เฉลี่ยของประชากรมีการเปลี่ยนแปลงมากกว่าสารของผสม 4 องค์ประกอบ เนื่องจากขนาดประชากรและความยาวของสายอักขระมากกว่าสารของผสม 4 องค์ประกอบ ทำให้โอกาสที่บิตแต่ละบิตในสายอักขระจะเกิดการกลายพันธุ์มีมากขึ้นด้วย ดังนั้นถ้ามีการทดสอบกับการจัดลำดับการกลั่นสำหรับสารของผสมหลายองค์ประกอบที่มีสารองค์ประกอบมากขึ้น ควรจะมีการลดค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์และความน่าจะเป็นของการสลับไข้วให้เหมาะสม



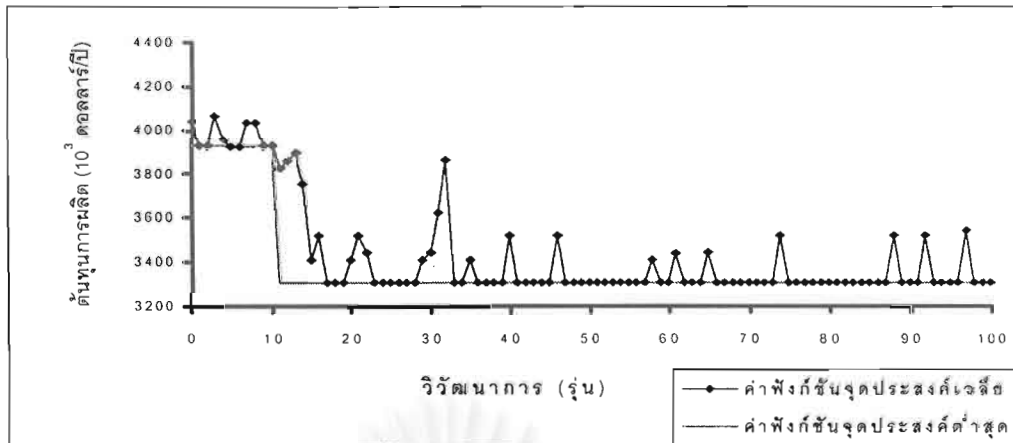
รูปที่ 4.22 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 1.0$  และ  $P_m = 0.004$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



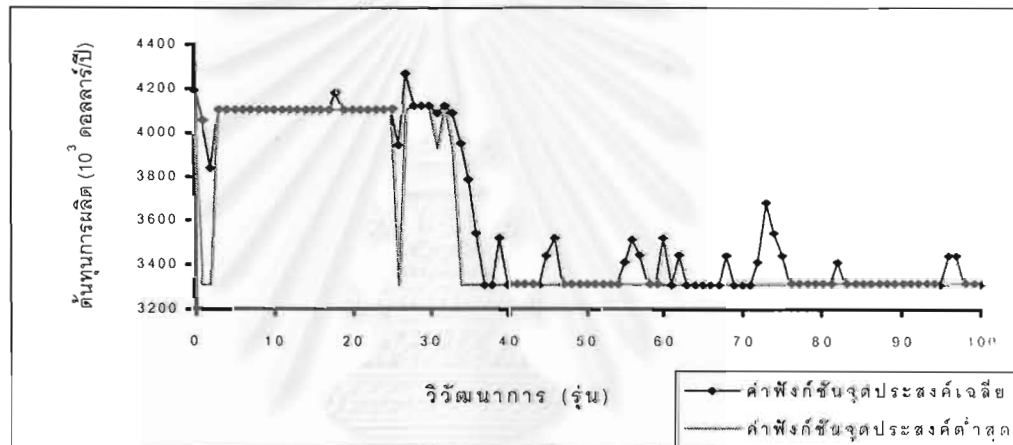
รูปที่ 4.23 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 0.9$  และ  $P_m = 0.004$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



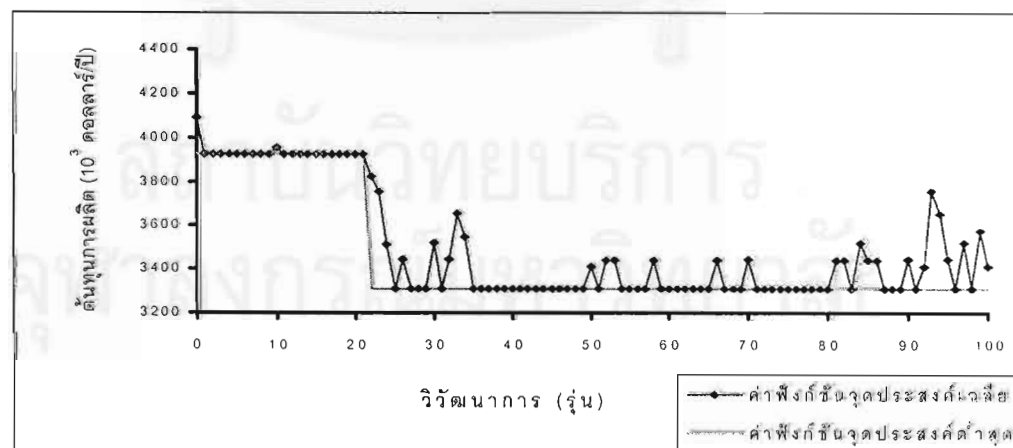
รูปที่ 4.24 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 0.8$  และ  $P_m = 0.004$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



รูปที่ 4.25 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 0.7$  และ  $P_m = 0.004$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ

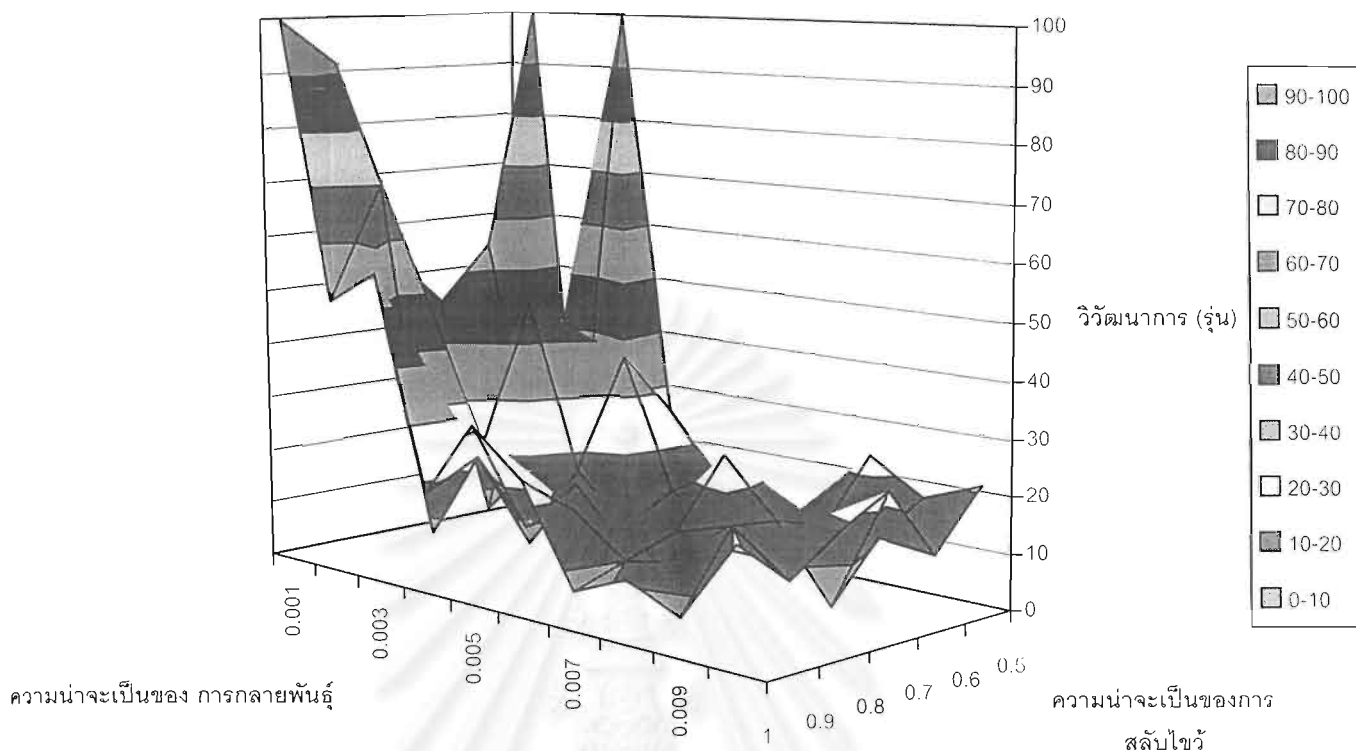


รูปที่ 4.26 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 0.6$  และ  $P_m = 0.004$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ



รูปที่ 4.27 การเปลี่ยนแปลงของประชากรที่  $PopSize = 6$  ,  $P_c = 0.5$  และ  $P_m = 0.004$  สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ





รูปที่ 4.28 ผลการเปลี่ยนแปลงของ  $P_c$  กับ  $P_m$  ที่มีผลต่อการวิวัฒนาการ สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ

จากรูปที่ 4.28 แสดงผลการเปลี่ยนแปลงของค่าความน่าจะเป็นของการสลับไขว้กับค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ที่มีผลต่อการหาลำดับการกลั่นที่เหมาะสมของปัญหาการแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบ จากการสังเกตจะพบว่าในปัญหาการแยกสารของผสม 4 องค์ประกอบ มีขอบเขตของค่าความน่าจะเป็นของการสลับไขว้และค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ค่าหนึ่งที่ทำให้จำนวนรอบการวิวัฒนาการของประชากรมีค่าต่ำสุด (ช่วงค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ระหว่าง 0.004-0.005 และค่าความน่าจะเป็นของการสลับไขว้ระหว่าง 0.7-0.85) ดังนั้นในการแก้ปัญหาการแยกสารของผสมหลายองค์ประกอบทั่วไปน่าจะมีปรากฏการณ์เช่นนี้เกิดขึ้นเช่นกัน กล่าวคือมีขอบเขตของค่าความน่าจะเป็นของการสลับไขว้และค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ค่าหนึ่ง ๆ ที่ทำให้การวิวัฒนาการของประชากรต่ำสุด

## บทที่ 5

### สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

#### 5.1 สรุปผลการวิจัย

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นทฤษฎีที่เลียนแบบกระบวนการวิวัฒนาการทางธรรมชาติ ซึ่งประยุกต์ใช้กับคอมพิวเตอร์ในการแก้ปัญหาเพื่อหาคำตอบของปัญหาในลักษณะการสุ่ม โดยอาศัยหลักการพิจารณาจากกลุ่มคำตอบที่สร้างขึ้นและปรับปรุงแก้ไขคำตอบให้ได้ดีขึ้นด้วยกระบวนการทางพันธุกรรม วิธีการนี้จะประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับแต่ละปัญหาจะต้องปรับปรุงรูปแบบของปัญหาให้อยู่ในรูปแบบของโครโมโซมหรือสายอักขระที่เข้ากับกระบวนการต่าง ๆ ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม สำหรับปัญหาการจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสม สายอักขระที่ใช้จะถูกกำหนดโดยการใช้ตัวแปรตัดสินใจในแบบจำลองคณิตศาสตร์ในรูปแบบ MILP เป็นตัวแทนค่าบิตแต่ละบิตในสายอักขระ และใช้ความยาวของสายอักขระเท่ากับจำนวนหอกลั่นเป็นไปได้อย่างเต็มที่ที่แตกต่างกัน แต่ลักษณะของโครโมโซมจะแตกต่างกันไปตามสภาพของปัญหา และโครโมโซมของปัญหาหนึ่ง ๆ สามารถนำเสนอได้ในหลายรูปแบบโครโมโซม ซึ่งจะต้องสัมพันธ์กับกระบวนการของตัวดำเนินการทางพันธุกรรมของปัญหานั้น เพื่อความถูกต้องของการประมวลผลและปรับปรุงคำตอบให้ดีขึ้น

ค่าพารามิเตอร์ที่จำเป็นสำหรับการประมวลผลหาคำตอบในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมประกอบด้วย ขนาดของประชากร ค่าความน่าจะเป็นของการสลับไขว้ และค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ โดยทั่วไปแล้วค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ ที่นิยมใช้สำหรับการหาผลเฉลยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมคือ ขนาดของประชากร ค่าความน่าจะเป็นของการสลับไขว้ และค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์มีค่าเป็น 100 0.6 และ 0.003 ตามลำดับ (Frenzel, 1993) อย่างไรก็ตามอาจจะเป็นค่าที่ไม่เหมาะสมสำหรับบางปัญหา ซึ่งอาจจะต้องใช้วิธีการทำการทดลองเพื่อหาค่าที่เหมาะสมสำหรับปัญหานั้น ๆ ในเบื้องต้นและนำค่าที่เหมาะสมไปใช้กับปัญหานั้นต่อไป ดังนั้นจะเห็นได้จากการทดลองใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับการแก้ปัญหาการจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสม โดยผลการจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสมที่ได้จะเหมือนกับผลที่มีผู้ที่ได้เคยรายงานไว้ แต่ก็ยังต้องขึ้นกับค่าพารามิเตอร์หลักที่ใช้ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมด้วยเช่นกัน และจากการทดสอบค่าตัวแปรหลักต่าง ๆ เหล่านี้ พบว่าขนาดของประชากรที่เหมาะสมควรมีขนาดใกล้เคียงกับลำดับการกลั่นที่เป็นไปได้อย่างเต็มที่ของปัญหา เพื่อใช้เวลาในการวิวัฒนาการน้อยลง สำหรับของผสม 4 องค์ประกอบ ค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ควรมีค่าอยู่ในช่วง 0.004-0.008 เพื่อไม่ให้มีการเปลี่ยนแปลงเกิดขึ้นมากหรือน้อยเกินไปเมื่อเข้าสู่ภาวะที่

เหมาะสม ค่าความน่าจะเป็นของการสลับไขว้ควรจะมีค่าอยู่ในช่วง 0.6–0.8 เพื่อที่จะไม่ให้เกิดภาวะการเข้าสู่ค่าที่เหมาะสมก่อนกำหนดและพยายามรักษาค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ต่ำสุดในประชากรเอาไว้ แต่ก็ไม่สามารถที่จะยืนยันได้ว่าโอกาสที่ค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ต่ำสุดในประชากรจะไม่มีเปลี่ยนแปลงเกิดขึ้น เพราะมีโอกาสที่จะเกิดขึ้นได้เสมอ ดังนั้นจึงควรที่จะมีการพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการเพื่อจะรักษาค่าฟังก์ชันจุดประสงค์ต่ำสุดในประชากรที่พบไว้ไม่ให้เกิดการเปลี่ยนแปลงเกิดขึ้น โดยอาจใช้วิธีการที่เรียกว่า อีลิทิสซึม (Elitism) ซึ่งวิธีการนี้เกิดจากแนวคิดที่ว่าควรจะมีโครโมโซมที่ดีที่สุดในแต่ละรอบของการวิวัฒนาการเอาไว้ในรุ่นถัดไปเพื่อเป็นหลักประกันว่าโครโมโซมที่ดีที่สุดที่รุ่นถัดไปจะดีกว่าในรุ่นก่อนหน้านั้นเสมอ และจากการทดสอบกับสารของผสม 5 องค์ประกอบ พบว่าค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ที่เหมาะสมควรมีค่าน้อยกว่าค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ที่เหมาะสมสำหรับสารของผสม 4 องค์ประกอบ และถ้ามีการทดสอบกับสารของผสมหลายองค์ประกอบที่มีสารองค์ประกอบมาก ๆ ควรจะมีค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ที่น้อยลงด้วย

## 5.2 ข้อเสนอแนะ

- การแยกสารของผสมหลายองค์ประกอบในอุตสาหกรรมเคมีส่วนใหญ่แล้วจะเป็นการแยกสารแบบไม่แยกชัดเจน (Non-sharp Separation) ดังนั้นจึงควรมีการพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการในการจัดลำดับการกลั่นแบบไม่แยกชัดเจนด้วย เพื่อให้สามารถนำไปใช้ในการหาการจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสมของอุตสาหกรรมเคมีที่เกิดขึ้นจริงได้
- การจัดลำดับการกลั่นที่เหมาะสมมีอยู่วิธีการหนึ่งที่จะช่วยลดต้นทุนการผลิตลงได้อีก วิธีการนี้เรียกว่า การจัดลำดับการกลั่นแบบลดพลังงานความร้อน (Heat-Integrated Distillation Sequence) เป็นการใช้พลังงานความร้อนที่ได้จากเครื่องควบแน่นตัวหนึ่งไปใช้ในหม้อต้มซ้ำตัวหนึ่ง ซึ่งจะช่วยลดค่าใช้จ่ายในหม้อต้มซ้ำนั้นได้ โดยการจัดลำดับการกลั่นแบบลดพลังงานความร้อนนี้สามารถใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการในการหาลำดับการกลั่นที่เหมาะสมได้เช่นกัน ดังนั้นในการพัฒนาการหาลำดับการกลั่นที่เหมาะสมโดยการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุการเพื่อหาต้นทุนการผลิตต่ำที่สุด จึงควรมีการพิจารณาการจัดลำดับการกลั่นแบบลดพลังงานความร้อนด้วย

## รายการอ้างอิง

- Andrecovich, M.J., and Westerberg, A.W. An MILP formulation for heat-integrated distillation sequence synthesis. *AIChE Journal* 31 No.9 (1985): 1461-1474.
- Androlakis, I.P., and Venkatasubramanian, V. A. Genetic algorithmic framework for process design and optimization. *Computers and Chemical Engineering* 15 No.4 (1991): 217-228 .
- Bezzina, M.; Pibouleau, L.; and Domenech, S. A statistical approach to the synthesis of separation sequences. *Computers and Chemical Engineering* 13 No.6 (1989): 651-660.
- Biegler, L.T.; Grossmann, E.I.; and Westerberg A.W. *Systematic methods of chemical process design*. New Jersey: Prentice-Hall, 1997.
- Davis, L. *Handbook of genetic algorithms*. New York: Van Nostrand Reinhold, 1991.
- Douglas, J.M. *Conceptual design of chemical processes*. Singapore: McGraw-Hill Book, 1988.
- Edgar, T.F., and Himmelblau, D.M. *Optimization of chemical processes*. New York: McGraw-Hill Book, 1989.
- Floquet, P.; Pibouleau, L.; and Domenech, S. Fuzzy heuristic approach for sharp separation sequence synthesis. *Computers and Chemical Engineering* 18 No.9 (1994): 785-795.
- Floudas, C.A., and Anastasiadis, S.H. Synthesis of distillation sequences with several multicomponent feed and product streams. *Chemical Engineering Science* 43 No.9 (1988): 2407-2419.
- Flowers, T.L.; Harrison, B.K.; and Niccolai, M.J. Automated synthesis of distillation sequences using fuzzy logic and simulation. *AIChE Journal* 40 No.8 (1994): 1341-1348.
- Frenzel, J.F. Genetic algorithms : A new breed of optimization. *IEEE Potentials* October (1993): 21-24.
- Gadkari, P.B., and Givind, R. Analytical screening criterion for sequencing of distillation columns. *Computers and Chemical Engineering* 12 No.12 (1988): 1199-1213.

- Goldberg, D.E. Genetic algorithms in search optimization and machine learning. MA: Addison-Wesley, 1989.
- Grossmann, I.E. Mixed-Integer Programming approach for the synthesis of integrated process flowsheets. Computers and Chemical Engineering 9 No.5 (1985): 463-482.
- Henley, E.J., and Seader, J.D. Equilibrium-stage separation operations in chemical engineering. New York: Wiley and Sons, 1981.
- Kakhu, A.I., and Flower, J.R. Synthesising heat-integrated distillation sequences using mixed integer programming. Chemical Engineering Research and Design 66 May (1988): 241-254.
- Krotzmaier, J. Optimizing engineering designs. Singapore: McGraw-Hill Book, 1993.
- Man, K.F.; Tang, K.S.; and Kwong, S. Genetic algorithms : Concepts and Applications. IEEE Transactions on Industrial Electronics 43 No. 5 (1996): 519-531.
- Manolas, D.A.; Gialamas, T.P.; Frangopoulos, C.A.; and Tsahalis, D.T. A genetic algorithm for operation optimization of an industrial cogeneration system. Computers and Chemical Engineering 20 No.10 (1996): S1107-S1112.
- Michalewicz, Z. Genetic algorithms + data structures = evolution programs. New York: Springer-Verlag, 1996.
- Nishida, N.; Stephanopoulos, G.; and Westerberg, A.W. A review of process synthesis. AIChE Journal 27 No.3 (1981): 321-351.
- Paules IV, G.E., and Floudas, C.A. Synthesis of flexible distillation sequences for multiperiod operation. Computers and Chemical Engineering 12 No.4 (1988): 267-280.
- Perry, R. H., and Green, D.W. Perry's chemical engineers' handbook. 6th ed. New York: McGraw-Hill, 1984.
- Peter, M.S., and Timmerhaus, K.D. Plant design and economics for chemical engineers. 4 th ed. Singapore: McGraw-Hill Book, 1991.
- Pibouleau, L., and Domenech, S. Discrete and continuous approaches to the optimal synthesis of distillation sequences. Computers and Chemical Engineering 10 No.5 (1986): 479-491.
- Smith, R., and Linnhoff, B. The design of separators in the context of overall processes. Chemical Engineering Research and Design 66 May (1988); 195-228.

- Tompson, R.W., and King, C.J. Systematic synthesis of separation schemes. *AIChE Journal* 18 No.5 (1972): 941-949.
- Wehe, R.R., and Westerberg, A.W. An algorithmic procedure for the synthesis of distillation sequences with bypass. *Computers and Chemical Engineering* 11 No.6 (1987): 619-627.
- Wahl, P.E., and Lien, K.M. Combinatorial aspects of sharp split separation system synthesis. *AIChE Journal* 36 No.10 (1990): 1601-1604.



สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



ภาคผนวก

สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ภาคผนวก ก

ผลการคำนวณของโปรแกรม HYSYS

ตารางที่ ก.1 จำนวนชั้นในหอกลั่น สัดส่วนป้อนกลับ และภาวะความร้อน จากการคำนวณของโปรแกรม HYSYS สำหรับการแยกสารของผสม 5 องค์ประกอบ

หอกลั่น	จำนวนชั้น (Number of Stage)	ชั้นที่ป้อนสาร (Feed Stage)	สัดส่วนป้อนกลับ (Reflux Ratio)	ภาวะความร้อน ของเครื่อง ควบแน่น ( $10^6$ kJ/hr)	ภาวะความร้อน ของหม้อต้มซ้ำ ( $10^6$ kJ/hr)
A/BCDE	16	5	5.84	2.489	2.736
AB/CDE	40	16	5.25	9.636	10.210
ABC/DE	19	10	0.97	7.244	7.803
ABCD/E	53	27	3.10	23.760	24.120
B/CDE	41	16	7.25	9.619	9.784
BC/DE	19	10	1.16	6.957	7.353
BCD/E	52	28	3.62	24.340	24.600
A/BCD	15	5	4.80	2.110	2.253
AB/CD	39	17	4.72	9.003	9.168
ABC/D	20	11	0.65	6.055	6.263
C/DE	19	9	1.86	5.827	6.071
CD/E	55	27	4.53	22.160	22.320
B/CD	40	17	6.39	8.617	8.679
BC/D	20	11	0.76	5.650	5.796
A/BC	15	5	3.93	1.794	1.875
AB/C	38	18	4.30	8.338	8.394
D/E	57	25	9.90	20.100	20.110
C/D	19	10	1.14	4.357	4.453
B/C	39	17	5.80	7.923	7.935
A/B	15	6	2.01	1.089	1.130



## ภาคผนวก ข

### ผลการคำนวณหาเงินลงทุนของหอกลิ้น

การคำนวณหาเงินลงทุนของแต่ละหอกลิ้นจะเป็นการคิดรวมกันของ หอ เครื่องควบแน่น และหม้อต้มฆ่า การคำนวณหาเงินลงทุนของหอใช้วิธีการและข้อมูลจาก Peter และ Timmerhaus (1991) และการคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องแลกเปลี่ยนความร้อนที่ใช้ในเครื่องควบแน่นและหม้อต้มฆ่าใช้วิธีการและข้อมูลจาก Douglas (1988) โดยใช้สมมติฐานต่าง ๆ เหมือนกันทุก หอกลิ้นดังตารางที่ ข.1 และสมมุติว่าอุปกรณ์แต่ละชนิดมีอายุการใช้งาน 10 ปี

ตารางที่ ข.1 ข้อมูลต่าง ๆ ในการหาต้นทุนของแต่ละหอกลิ้น

วัสดุที่ใช้ในการทำหอ	Carbon Steel	ความหนาแน่นของวัสดุ	490 lb/ft <sup>2</sup>
วัสดุที่ใช้ในการทำชั้น	Carbon Steel	ความหนาของชั้น	0.01 ft
ชนิดของชั้น	Sieve	ช่องว่างระหว่างชั้น	2 ft
ประสิทธิภาพของชั้น	1	เส้นผ่าศูนย์กลางของหอ	4.921 ft
Manhole ของแต่ละชั้น	18 in	ความหนาของผนัง	0.052 ft
สารหล่อเย็น	R-502	ความหนาแน่นของ R-502	1293 kg/m <sup>3</sup>
อุณหภูมิและความดันของ R-502	5 atm, -50 °C	ความจุความร้อนของ R-502	103.89 kJ/kgmole °C
ปริมาตรการไหลของ R-502	38.89 m <sup>3</sup> /hr	น้ำหนักโมเลกุลของ R-502	111.64

น้ำหนักทั้งหมดของหอจะคิดรวมส่วนหัว (Head) และฐาน (Skirt) เป็น 1.12 เท่าของ น้ำหนักหอ จาก Douglas (1988) ได้สมมุติค่าสัมประสิทธิ์การถ่ายเทความร้อน (Overall Heat-transfer Coefficient,  $U_c$ ) สำหรับเครื่องควบแน่นเป็น 100 บีทียู/(ชั่วโมง ตารางฟุต องศาฟาเรนไฮต์) และสมมุติค่าประมาณของ  $U_R \Delta T_m$  สำหรับหม้อต้มฆ่าเป็น 11250 บีทียู/(ชั่วโมง ตารางฟุต) วิธีการและข้อมูลของ Douglas (1988) ในการคำนวณหาต้นทุนการซื้อ (Purchased Cost) และต้นทุนการติดตั้ง (Installed Cost) ของเครื่องแลกเปลี่ยนความร้อนที่ใช้ในเครื่องควบแน่นและหม้อต้มฆ่าแสดงได้ดังสมการ

$$Purchased\ Cost = \left( \frac{M \& S}{280} \right) (101.3A^{0.65} F_c)$$

$$Installed\ Cost = \left( \frac{M \& S}{280} \right) 101.3A^{0.65} (2.29 + F_c)$$

โดย  $F_c = (F_d + F_p)F_m$  สำหรับ  $F_m$  มีค่าเป็น 1.00 สำหรับวัสดุ Carbon Steel ที่ใช้ในการทำเครื่องแลกเปลี่ยนความร้อน  $F_p$  มีค่าเป็น 0 สำหรับการออกแบบที่ความดันน้อย ๆ  $F_d$  มีค่าเป็น 1.35 สำหรับหม้อต้มฆ่า และมีค่าเป็น 1 สำหรับเครื่องควบแน่น M&S เป็นดัชนีของ Marshall และ Swift มีค่าเป็น 904 และ A เป็นพื้นที่ที่ใช้ในการแลกเปลี่ยนความร้อน

### ข.1 หอกลับ A/BCDE

$$\text{ความสูงของหอค} = (16 \cdot 0.01) + ((16+1) \cdot 2) = 34.2 \text{ ฟุต}$$

$$\text{น้ำหนักทั้งหมดของหอค} = (4.921)(0.052)(3.14)(34.2)(490)(1.12) = 15,090 \text{ ปอนด์}$$

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของหอคได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	48,187	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	35,496	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	8,857	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของหอคคือ	92,540	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	1560.22 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ	230.52 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	38,922	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	128,052	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มซ้ำ	15,161	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มซ้ำ	40,877	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	223,011	ดอลลาร์

ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอคกลับคือ	315,551	ดอลลาร์
หรือ	31,555.1	ดอลลาร์/ปี

### ข.2 หอกลับ AB/CDE

$$\text{ความสูงของหอค} = (40 \cdot 0.01) + ((40+1) \cdot 2) = 82.4 \text{ ฟุต}$$

$$\text{น้ำหนักทั้งหมดของหอค} = (4.921)(0.052)(3.14)(82.4)(490)(1.12) = 36,401 \text{ ปอนด์}$$

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของหอคได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	83,818	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	85,608	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	17,899	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของหอคคือ	187,325	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	2,566.58 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ	860.24 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	53,790	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	176,969	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มฆ่า	35,683	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มฆ่า	96,211	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	362,652	ดอลลาร์
ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกลับคือ	549,977	ดอลลาร์
หรือ	54,997.7	ดอลลาร์/ปี

### ข.3 หอกลับ ABC/DE

ความสูงของหอก =  $(19 \times 0.01) + ((19+1) \times 2) = 40.2$  ฟุต

น้ำหนักทั้งหมดของหอก =  $(4.921)(0.052)(3.14)(40.2)(490)(1.12) = 17,754$  ปอนด์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของหอกได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	52,641	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	41,760	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	9,203	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของหอกคือ	103,604	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มฆ่าได้

ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	1,133.65 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มฆ่าคือ	657.44 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	31,625	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	104,046	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มฆ่า	29,961	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มฆ่า	80,784	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	246,417	ดอลลาร์
ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกลับคือ	350,021	ดอลลาร์
หรือ	35,002.1	ดอลลาร์/ปี

### ข.4 หอกลับ ABCD/E

ความสูงของหอก =  $(53 \times 0.01) + ((53+1) \times 2) = 109$  ฟุต

น้ำหนักทั้งหมดของหอก =  $(4.921)(0.052)(3.14)(109)(490)(1.12) = 47,944$  ปอนด์

จากวิธีการและข้อมูลของสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของท่อได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	103,118	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	112,752	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	23,716	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของท่อคือ	239,586	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้

ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	5,039.59 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ	2,032.23 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	83,402	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	274,393	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มซ้ำ	62,393	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มซ้ำ	168,230	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	588,418	ดอลลาร์

ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกลับคือ

หรือ 82,800.4 ดอลลาร์/ปี

#### ข.5 หอกลับ B/CDE

ความสูงของท่อ =  $(41 * 0.01) + ((41 + 1) * 2) = 84.4$  ฟุต

น้ำหนักทั้งหมดของท่อ =  $(4.921)(0.052)(3.14)(84.4)(490)(1.12) = 37,289$  ปอนด์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของท่อได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	85,303	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	87,696	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	18,346	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของท่อคือ	191,345	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้

ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	1,815.56 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ	824.35 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	42,951	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	141,310	ดอลลาร์

ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มข้าว	34,708	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มข้าว	93,582	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	312,551	ดอลลาร์
ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกถั่วคือ	503,897	ดอลลาร์
หรือ	50,389.7	ดอลลาร์/ปี

#### ข.6 หอกถั่ว BC/DE

$$\text{ความสูงของหอก} = (19 \cdot 0.01) + ((19+1) \cdot 2) = 40.2 \text{ ฟุต}$$

$$\text{น้ำหนักทั้งหมดของหอก} = (4.921)(0.052)(3.14)(40.2)(490)(1.12) = 17,754 \text{ ปอนด์}$$

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของหอกได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	52,641	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	41,760	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	9,203	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของหอกคือ	103,604	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มข้าวได้ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	949.35 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มข้าวคือ	619.53 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	28,180	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	92,714	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มข้าว	28,827	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มข้าว	77,725	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	227,446	ดอลลาร์
ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกถั่วคือ	331,050	ดอลลาร์
หรือ	33,105.0	ดอลลาร์/ปี

#### ข.7 หอกถั่ว BCD/E

$$\text{ความสูงของหอก} = (52 \cdot 0.01) + ((52+1) \cdot 2) = 107 \text{ ฟุต}$$

$$\text{น้ำหนักทั้งหมดของหอก} = (4.921)(0.052)(3.14)(107)(490)(1.12) = 47,056 \text{ ปอนด์}$$

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของหอกได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	101,634	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	110,664	ดอลลาร์

ต้นทุนการติดตั้ง	23,268	ดอลลาร์
<u>ต้นทุนทั้งหมดของหอคือ</u>	<u>235,566</u>	ดอลลาร์
จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้		
ดังนี้		
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ		4,620.36 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ		2,072.67 ตารางฟุต
เพราะฉะนั้น		
ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	78,824	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	259,331	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มซ้ำ	63,197	ดอลลาร์
<u>ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มซ้ำ</u>	<u>170,399</u>	ดอลลาร์
<u>ต้นทุนทั้งหมดคือ</u>	<u>571,751</u>	ดอลลาร์
ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกลับคือ	807,317	ดอลลาร์
หรือ	80,731.7	ดอลลาร์/ปี

#### ข.8 หอกลับ A/BCD

ความสูงของหอ =  $(15 \times 0.01) + ((15+1) \times 2) = 32.2$  ฟุต

น้ำหนักทั้งหมดของหอ =  $(4.921)(0.052)(3.14)(32.2)(490)(1.12) = 14,202$  ปอนด์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของหอได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	46,702	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	33,408	ดอลลาร์
<u>ต้นทุนการติดตั้ง</u>	<u>8,650</u>	ดอลลาร์
<u>ต้นทุนทั้งหมดของหอคือ</u>	<u>88,760</u>	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้

ดังนี้		
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ		1,268.14 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ		189.83 ตารางฟุต
เพราะฉะนั้น		

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	34,016	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	111,911	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มซ้ำ	13,362	ดอลลาร์
<u>ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มซ้ำ</u>	<u>36,029</u>	ดอลลาร์
<u>ต้นทุนทั้งหมดคือ</u>	<u>195,318</u>	ดอลลาร์

ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกลับคือ	284,078	ดอลลาร์
หรือ	28,407.8	ดอลลาร์/ปี

### ข.9 หอกลับ AB/CD

$$\text{ความสูงของหอก} = (39 \cdot 0.01) + ((39+1) \cdot 2) = 80.4 \text{ ฟุต}$$

$$\text{น้ำหนักทั้งหมดของหอก} = (4.921)(0.052)(3.14)(80.4)(490)(1.12) = 35,513 \text{ ปอนด์}$$

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของหอกได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	82,334	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	83,520	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	17,631	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของหอกคือ	183,485	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	2,234.01 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ	772.45 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	49,150	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	161,704	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มซ้ำ	33,271	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มซ้ำ	89,709	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	333,835	ดอลลาร์
ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกลับคือ	517,319	ดอลลาร์
หรือ	51,731.9	ดอลลาร์/ปี

### ข.10 หอกลับ ABC/D

$$\text{ความสูงของหอก} = (20 \cdot 0.01) + ((20+1) \cdot 2) = 42.2 \text{ ฟุต}$$

$$\text{น้ำหนักทั้งหมดของหอก} = (4.921)(0.052)(3.14)(42.2)(490)(1.12) = 18,642 \text{ ปอนด์}$$

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของหอกได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	54,126	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	43,848	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	9,226	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของหอกคือ	107,200	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้  
ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	914.11 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ	527.69 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	27,496	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	90,462	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มซ้ำ	25,972	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มซ้ำ	70,027	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	213,956	ดอลลาร์
ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกลับคือ	321,156	ดอลลาร์
หรือ	32,115.6	ดอลลาร์/ปี

#### ข.11 หอกลับ C/DE

$$\text{ความสูงของหอก} = (19 \times 0.01) + ((19+1) \times 2) = 40.2 \text{ ฟุต}$$

$$\text{น้ำหนักทั้งหมดของหอก} = (4.921)(0.052)(3.14)(40.2)(490)(1.12) = 17,754 \text{ ปอนด์}$$

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของหอกได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	52,641	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	41,760	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	9,203	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของหอกคือ	103,604	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้  
ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	692.68 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ	511.51 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	22,960	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	75,537	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มซ้ำ	25,451	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มซ้ำ	68,624	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	192,573	ดอลลาร์
ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกลับคือ	296,177	ดอลลาร์
หรือ	29,617.7	ดอลลาร์/ปี



### ข.12 ท่อกลั่น CD/E

ความสูงของท่อ =  $(55 \times 0.01) + ((55+1) \times 2) = 113$  ฟุต

น้ำหนักทั้งหมดของท่อ =  $(4.921)(0.052)(3.14)(113)(490)(1.12) = 49,720$  ปอนด์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของท่อได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	106,088	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	116,928	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	24,611	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของท่อคือ	247,626	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	3,137.24 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ	1,880.57 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	61,288	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	201,638	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มซ้ำ	59,326	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มซ้ำ	159,959	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	482,210	ดอลลาร์

ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของท่อกลั่นคือ	729,837	ดอลลาร์
หรือ	72,983.7	ดอลลาร์/ปี

### ข.13 ท่อกลั่น B/CD

ความสูงของท่อ =  $(40 \times 0.01) + ((40+1) \times 2) = 82.4$  ฟุต

น้ำหนักทั้งหมดของท่อ =  $(4.921)(0.052)(3.14)(82.4)(490)(1.12) = 36,401$  ปอนด์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของท่อได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	83,818	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	85,608	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	17,899	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของท่อคือ	187,325	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	1,555.00 ตารางฟุต
-------------------------------------------------------	-------------------

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มฆ่าคือ		731.25 ตารางฟุต
เพราะฉะนั้น		
ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	38,837	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	127,774	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มฆ่า	32,107	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มฆ่า	86,569	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	285,286	ดอลลาร์
ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกลับคือ	472,611	ดอลลาร์
หรือ	47,261.1	ดอลลาร์/ปี

#### ข.14 หอกลับ BC/D

$$\text{ความสูงของหอก} = (20 \times 0.01) + ((20+1) \times 2) = 42.2 \text{ ฟุต}$$

$$\text{น้ำหนักทั้งหมดของหอก} = (4.921)(0.052)(3.14)(42.2)(490)(1.12) = 18,642 \text{ ปอนด์}$$

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของหอกได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	54,126	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	43,848	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	9,226	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของหอกคือ	107,200	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มฆ่าได้

ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	743.75 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มฆ่าคือ	488.34 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	24,046	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	79,112	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มฆ่า	24,696	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มฆ่า	66,587	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	194,441	ดอลลาร์
ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกลับคือ	301,641	ดอลลาร์
หรือ	30,164.1	ดอลลาร์/ปี

#### ข.15 หอกลับ A/BC

$$\text{ความสูงของหอก} = (15 \times 0.01) + ((15+1) \times 2) = 32.2 \text{ ฟุต}$$

น้ำหนักทั้งหมดของห่อ =  $(4.921)(0.052)(3.14)(32.2)(490)(1.12) = 14,202$  ปอนด์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของห่อได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	46,702	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	33,408	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	8,650	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของห่อคือ	88,760	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	1,037.01 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ	157.98 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	29,846	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	98,192	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มซ้ำ	11,859	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มซ้ำ	31,975	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	171,871	ดอลลาร์

ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของห่อกลั่นคือ	260,631	ดอลลาร์
หรือ	26,063.1	ดอลลาร์/ปี

#### ข.16 หอกลิ้น AB/C

ความสูงของห่อ =  $(38 \cdot 0.01) + ((38+1) \cdot 2) = 78.4$  ฟุต

น้ำหนักทั้งหมดของห่อ =  $(4.921)(0.052)(3.14)(78.4)(490)(1.12) = 34,625$  ปอนด์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของห่อได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	80,849	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	81,432	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	17,179	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของห่อคือ	179,460	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	1,994.45 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ	707.24 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	45,657	ดอลลาร์
--------------------------------	--------	---------

ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	150,211	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มซ้ำ	31,417	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มซ้ำ	84,711	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	311,996	ดอลลาร์
ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกลับคือ	491,456	ดอลลาร์
หรือ	49,145.6	ดอลลาร์/ปี

### ข.17 หอกลับ D/E

$$\text{ความสูงของหอก} = (57 \cdot 0.01) + ((57+1) \cdot 2) = 117 \text{ ฟุต}$$

$$\text{น้ำหนักทั้งหมดของหอก} = (4.921)(0.052)(3.14)(117)(490)(1.12) = 51,496 \text{ ปอนด์}$$

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของหอกได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	109,057	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	121,104	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	25,506	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของหอกคือ	255,667	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้

ดังนี้

$$\text{พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ} \quad 1,931.28 \text{ ตารางฟุต}$$

$$\text{พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ} \quad 1,694.37 \text{ ตารางฟุต}$$

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	44,711	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	147,101	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มซ้ำ	55,438	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มซ้ำ	149,478	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	396,728	ดอลลาร์
ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกลับคือ	652,395	ดอลลาร์
หรือ	65,239.5	ดอลลาร์/ปี

### ข.18 หอกลับ C/D

$$\text{ความสูงของหอก} = (19 \cdot 0.01) + ((19+1) \cdot 2) = 40.2 \text{ ฟุต}$$

$$\text{น้ำหนักทั้งหมดของหอก} = (4.921)(0.052)(3.14)(40.2)(490)(1.12) = 17,754 \text{ ปอนด์}$$

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของหอกได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	52,641	ดอลลาร์
---------------	--------	---------

ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	41,760	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	9,203	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของหอคือ	103,604	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้  
ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	500.91 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ	375.19 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	18,598	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	61,187	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มซ้ำ	20,807	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มซ้ำ	56,100	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	156,695	ดอลลาร์

ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกลับคือ	260,299	ดอลลาร์
หรือ	26,029.9	ดอลลาร์/ปี

#### ข.19 หอกลับ B/C

$$\text{ความสูงของหอคือ} = (39 \times 0.01) + ((39+1) \times 2) = 80.4 \text{ ฟุต}$$

$$\text{น้ำหนักทั้งหมดของหอคือ} = (4.921)(0.052)(3.14)(80.4)(490)(1.12) = 35,513 \text{ ปอนด์}$$

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของหอคือได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	82,334	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	83,520	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	17,631	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของหอคือ	183,485	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้  
ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	1,389.69 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ	668.56 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	36,101	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	118,772	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มซ้ำ	30,290	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มซ้ำ	81,670	ดอลลาร์

	ต้นทุนทั้งหมดคือ	266,832	ดอลลาร์
ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกลับคือ		450,317	ดอลลาร์
	หรือ	45,031.7	ดอลลาร์/ปี

### ข.20 หอกลับ A/B

ความสูงของหอก =  $(15 \cdot 0.01) + ((15+1) \cdot 2) = 32.2$  ฟุต

น้ำหนักทั้งหมดของหอก =  $(4.921)(0.052)(3.14)(32.2)(490)(1.12) = 14,202$  ปอนด์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของหอกได้ดังนี้

ต้นทุนการซื้อ	46,702	ดอลลาร์
ต้นทุนของการติดตั้ง Manhole	33,408	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้ง	8,650	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดของหอกคือ	88,760	ดอลลาร์

จากวิธีการและข้อมูลสามารถคำนวณหาเงินลงทุนของเครื่องควบแน่นและหม้อต้มซ้ำได้ดังนี้

พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องควบแน่นคือ	616.30 ตารางฟุต
พื้นที่ถ่ายเทความร้อนโดยประมาณสำหรับเครื่องต้มซ้ำคือ	95.21 ตารางฟุต

เพราะฉะนั้น

ต้นทุนการซื้อของเครื่องควบแน่น	21,281	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของเครื่องควบแน่น	70,014	ดอลลาร์
ต้นทุนการซื้อของหม้อต้มซ้ำ	8,533	ดอลลาร์
ต้นทุนการติดตั้งของหม้อต้มซ้ำ	23,007	ดอลลาร์
ต้นทุนทั้งหมดคือ	122,834	ดอลลาร์

ดังนั้นต้นทุนของเงินลงทุนทั้งหมดของหอกกลับคือ	211,594	ดอลลาร์
หรือ	21,159.4	ดอลลาร์/ปี

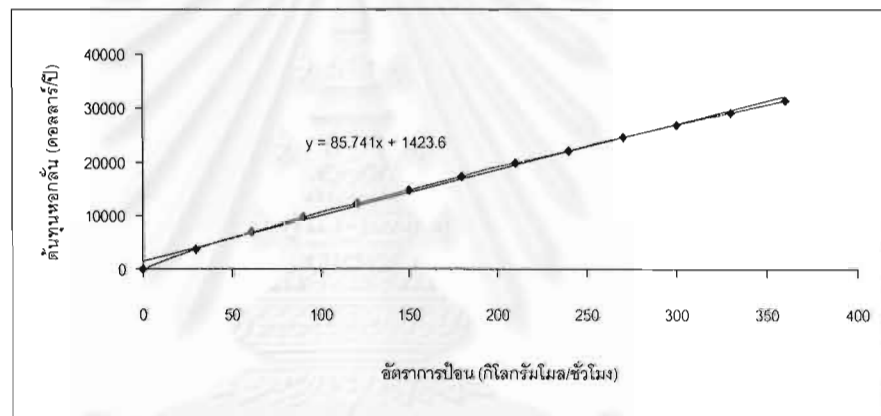
สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

## ภาคผนวก ค

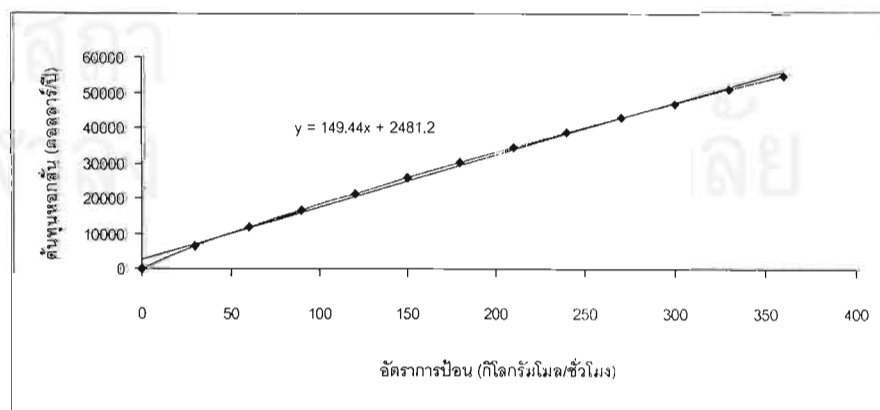
### การหาค่าสัมประสิทธิ์ $\alpha$ และ $\beta$

การหาค่าสัมประสิทธิ์  $\alpha$  และ  $\beta$  ของแต่ละหอกลับในโครงสร้างรวม สามารถได้จากกฎ Six-tenths factor ของ Peter และ Timmerhaus (1991) โดย  $\alpha$  เป็นจุดตัดแกน y และ  $\beta$  เป็นความชันของการประมาณเชิงเส้น ซึ่งตัวเลขยกกำลังของสมการ (3.2) จะเปลี่ยนไปตามเครื่องมือที่ใช้ สำหรับหอกลับที่ใช้ชนิดของชั้นเป็น Sieve จะมีตัวเลขยกกำลังเป็น 0.86 สามารถเขียนเป็นสมการได้ดังนี้

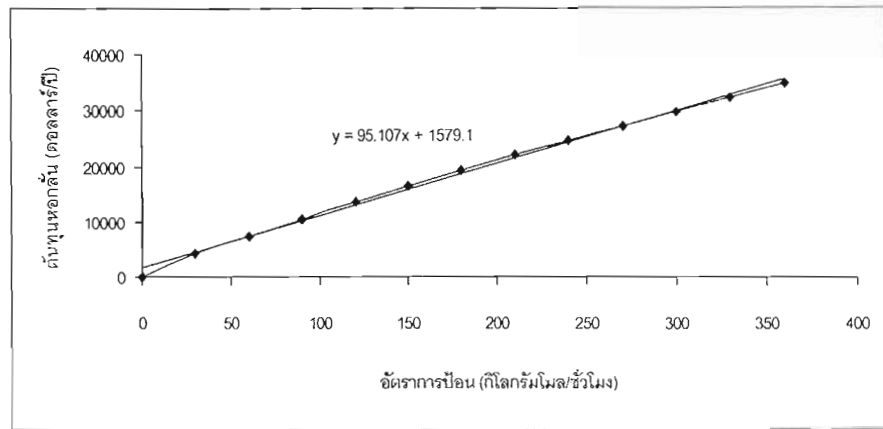
$$\text{Cost}_2 = (\text{Capacity}_2 / \text{Capacity}_1)^{0.86} * \text{Cost}_1$$



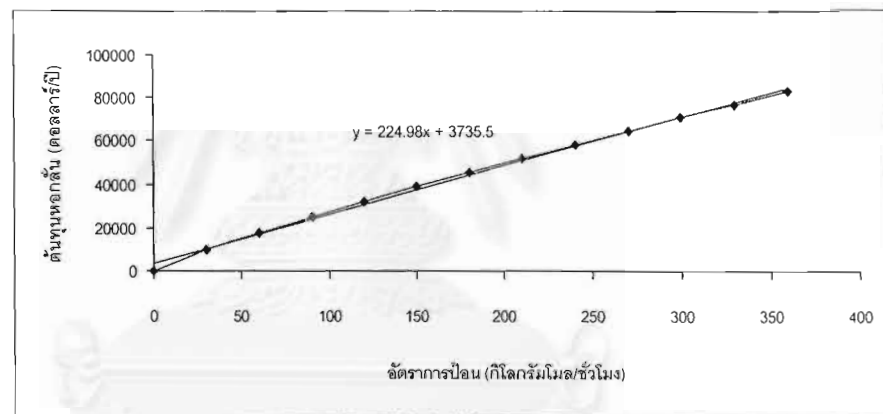
รูปที่ ค.1 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ A/BCDE



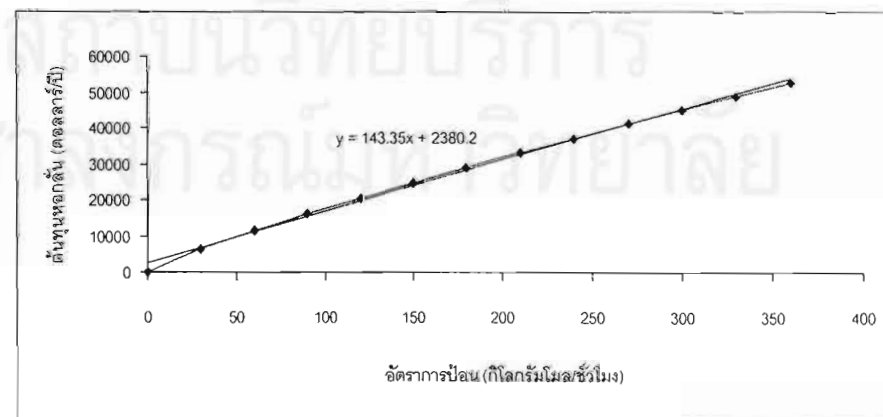
รูปที่ ค.2 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ AB/CDE



รูปที่ ค.3 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ ABC/DE

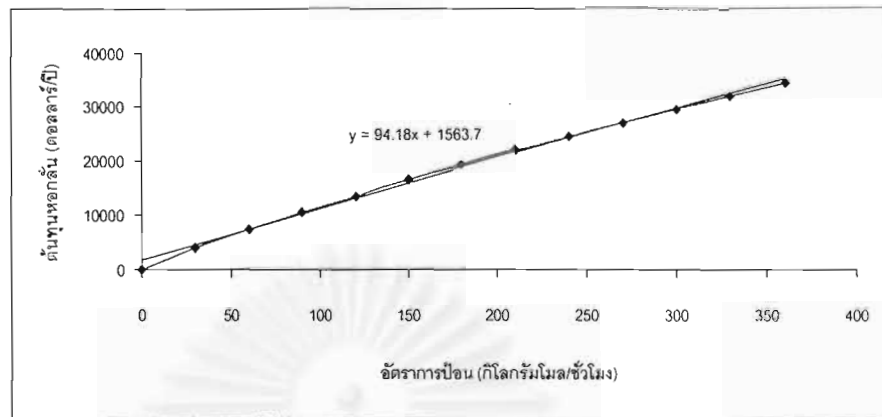


รูปที่ ค.4 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ ABCD/E

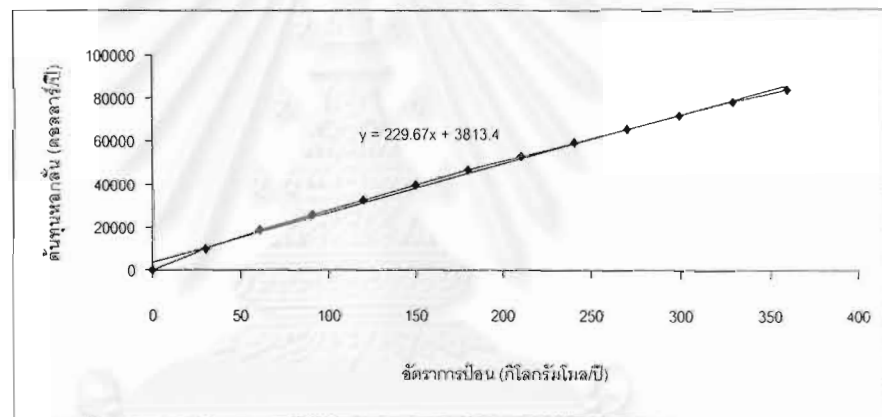


รูปที่ ค.5 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ B/CDE

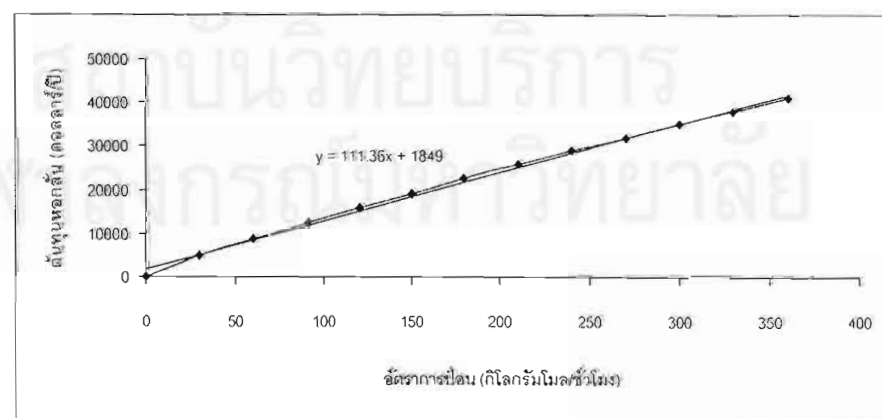




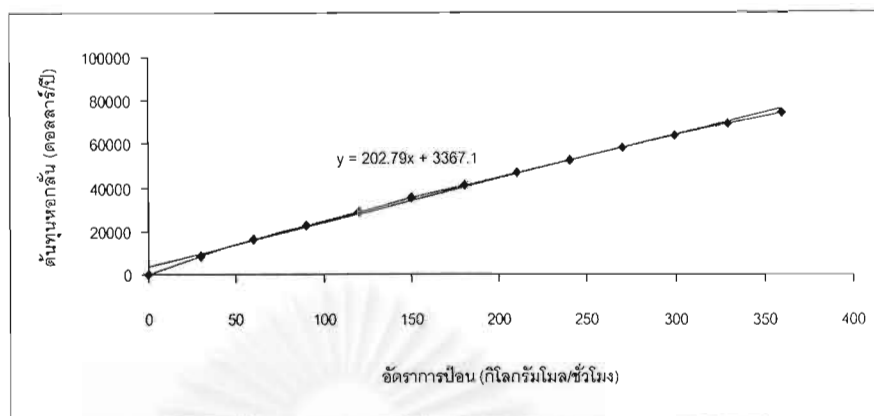
รูปที่ ค.6 การประมาณเชิงเส้นของหอกลิ้น BC/DE



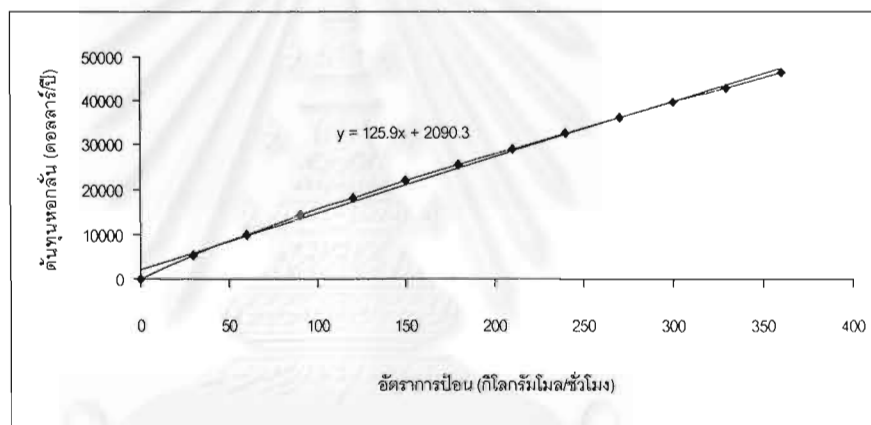
รูปที่ ค.7 การประมาณเชิงเส้นของหอกลิ้น BCD/E



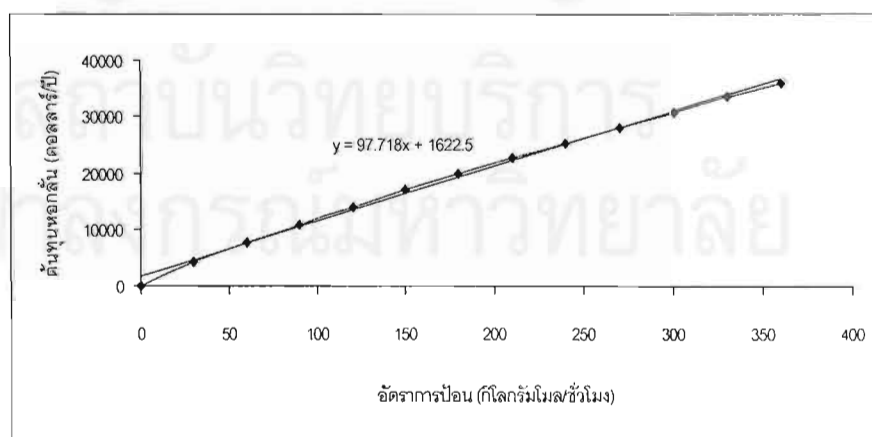
รูปที่ ค.8 การประมาณเชิงเส้นของหอกลิ้น A/BCD



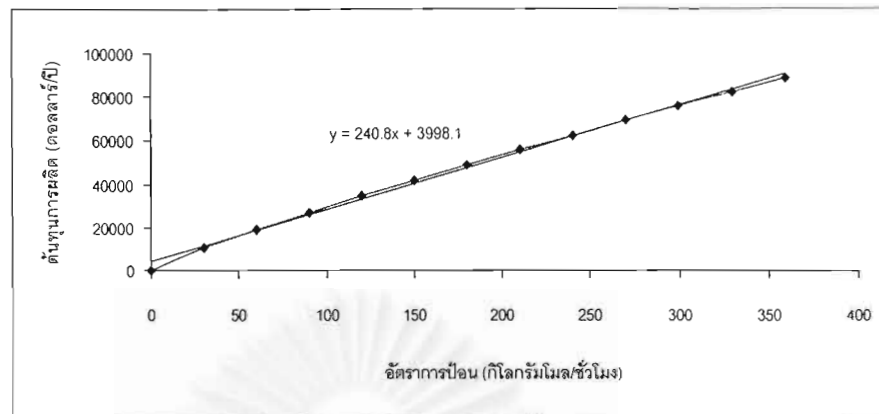
รูปที่ ค.9 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ AB/CD



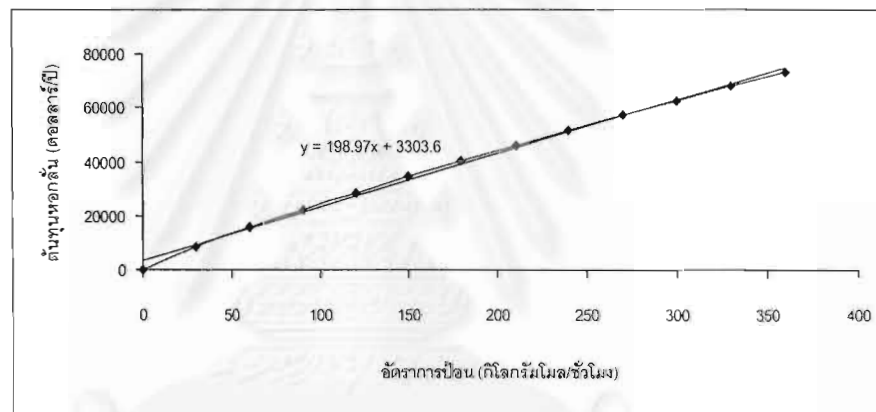
รูปที่ ค.10 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ ABC/D



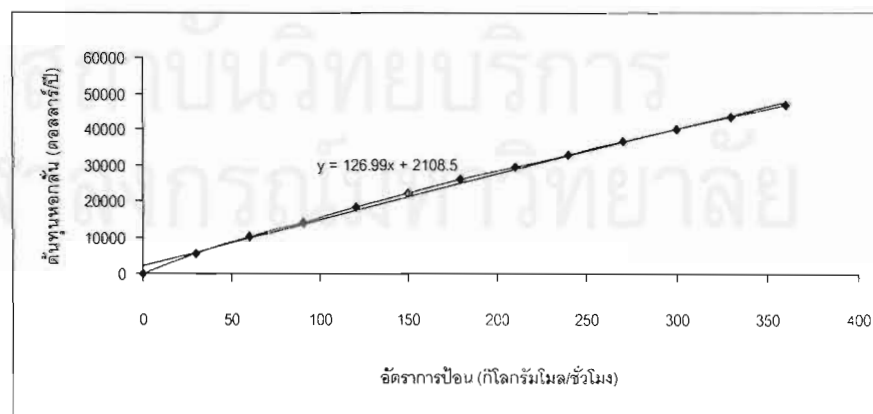
รูปที่ ค.11 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ C/DE



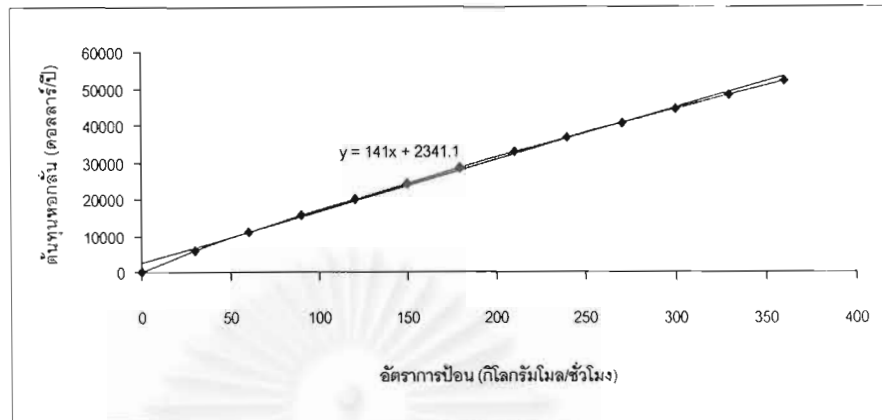
รูปที่ ค.12 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ CD/E



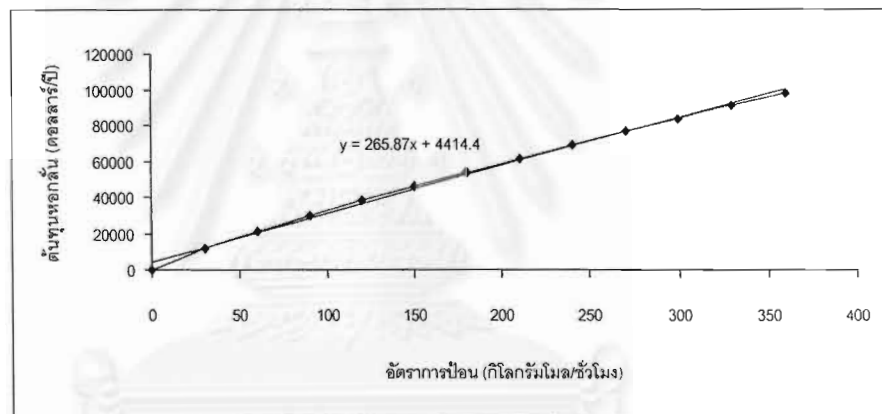
รูปที่ ค.13 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ B/CD



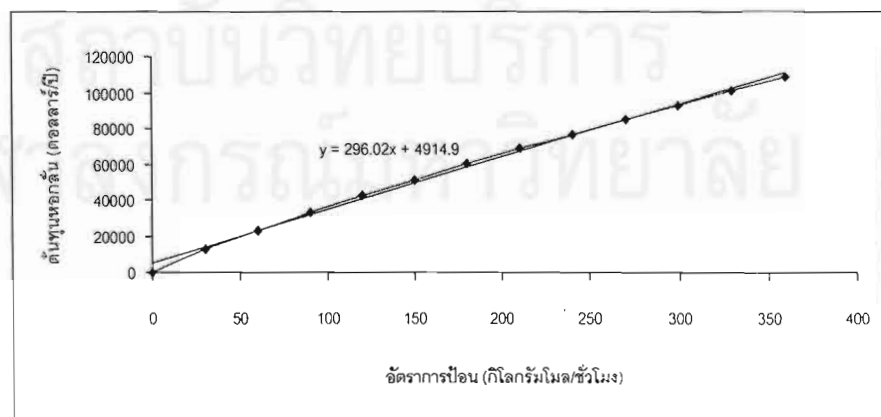
รูปที่ ค.14 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ BC/D



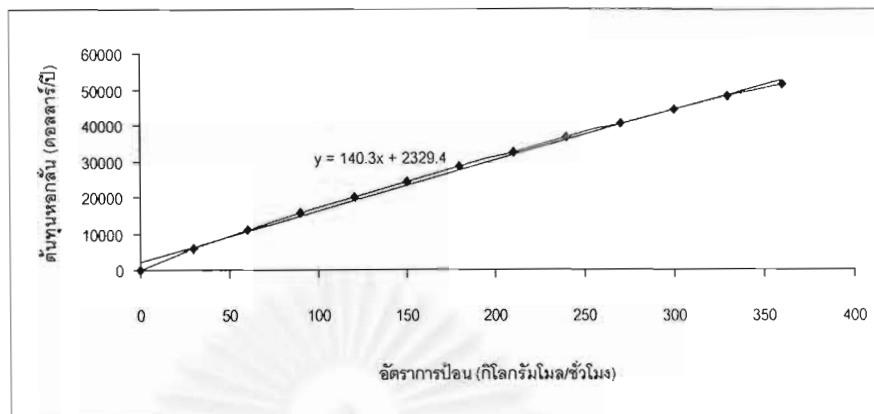
รูปที่ ค.15 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ A/BC



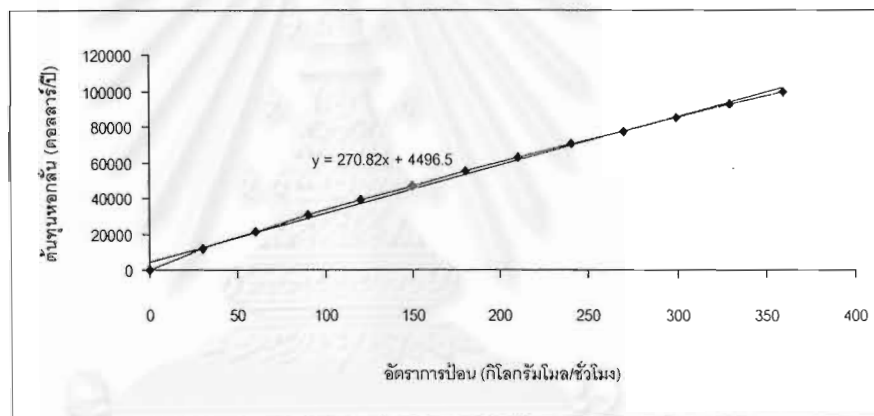
รูปที่ ค.16 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ AB/C



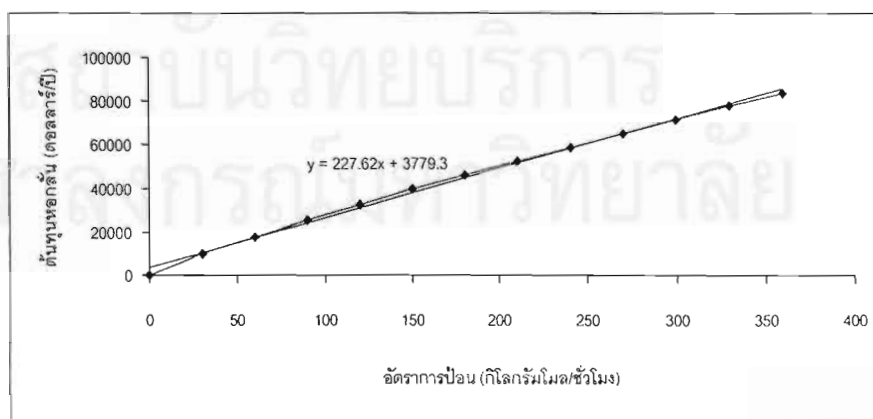
รูปที่ ค.17 การประมาณเชิงเส้นของหอกลับ D/E



รูปที่ ค.18 การประมาณเชิงเส้นของหอกลิ้น C/D



รูปที่ ค.19 การประมาณเชิงเส้นของหอกลิ้น B/C



รูปที่ ค.20 การประมาณเชิงเส้นของหอกลิ้น A/B

ภาคผนวก ง

การหาค่าสัมประสิทธิ์ภาระความร้อน

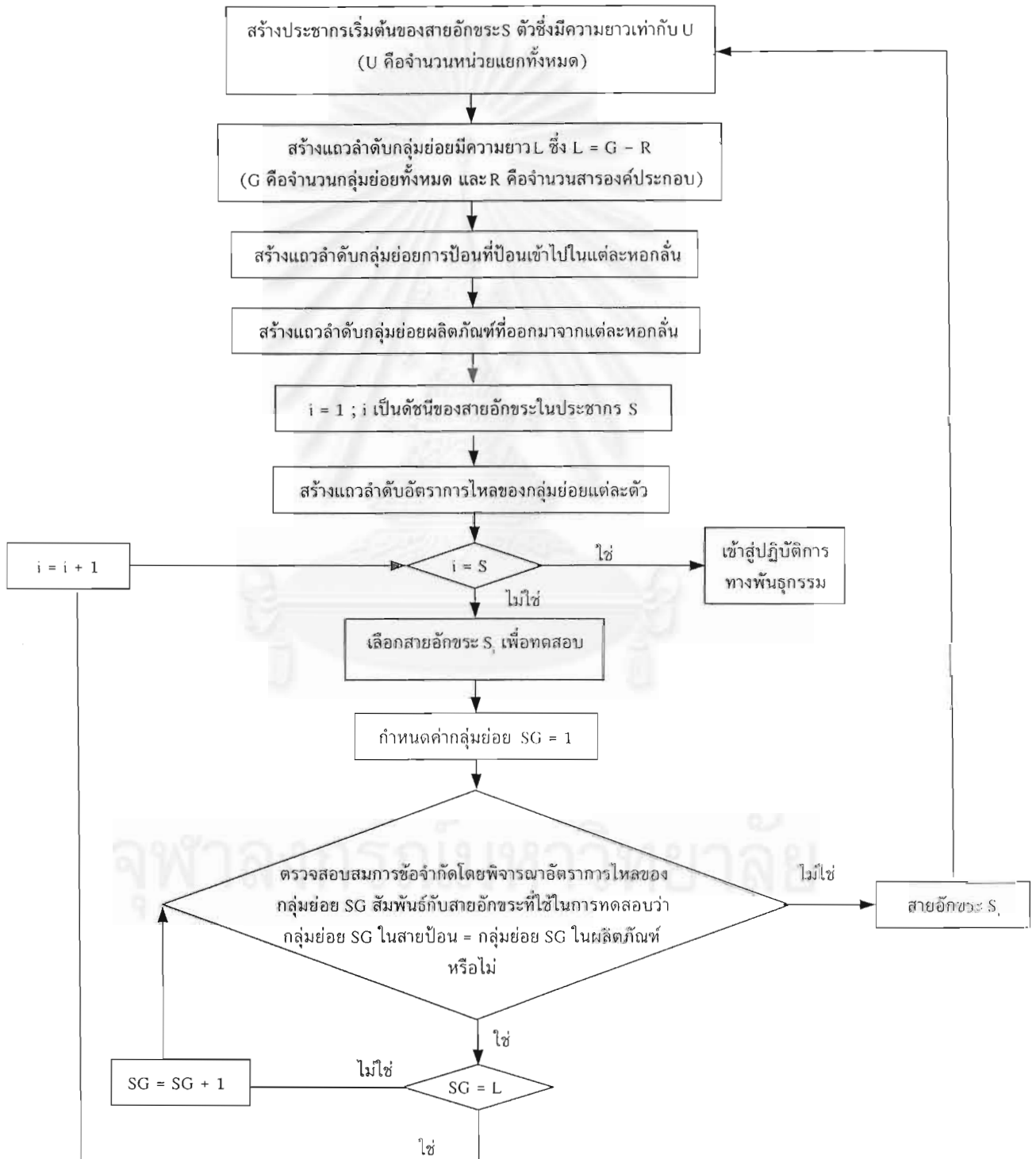
ตารางที่ ง.1 การหาค่าสัมประสิทธิ์ภาระความร้อนของแต่ละหอกลิ้นในโครงสร้างรวม  
สำหรับการแยกสารของผสม 5 องค์ประกอบ

หอกลิ้น	ภาระความร้อน ของเครื่อง ควบแน่น	ภาระความร้อน ของหม้อต้มซ้ำ	ภาระความร้อน เฉลี่ย (Q)	อัตรา การป้อน (F)	ค่าสัมประสิทธิ์ ภาระความร้อน (Q/F)
A/BCDE	2.489	2.736	2.613	360.00	0.0073
AB/CDE	9.636	10.210	9.923	360.00	0.0278
ABC/DE	7.244	7.803	7.524	360.00	0.0209
ABCD/E	23.760	24.120	24.440	360.00	0.0665
B/CDE	9.619	9.784	9.702	341.28	0.0284
BC/DE	6.957	7.353	7.155	341.28	0.0210
BCD/E	24.340	24.600	24.470	341.28	0.0717
A/BCD	2.110	2.253	2.182	235.08	0.0093
AB/CD	9.003	9.168	9.086	235.08	0.0386
ABC/D	6.055	6.263	6.159	235.08	0.0262
C/DE	5.827	6.071	5.949	287.26	0.0207
CD/E	22.160	22.320	22.240	287.26	0.0774
B/CD	8.617	8.679	8.648	216.36	0.0400
BC/D	5.650	5.796	5.723	216.36	0.0265
A/BC	1.794	1.875	1.835	161.61	0.0114
AB/C	8.338	8.394	8.366	161.61	0.0518
D/E	20.100	20.110	20.105	198.32	0.1014
C/D	4.357	4.453	4.405	162.34	0.0271
B/C	7.923	7.935	7.929	142.89	0.0555
A/B	1.089	1.130	1.110	72.684	0.0153

## ภาคผนวก จ

### ผังงานแสดงขั้นตอนการตรวจสอบสายอักขระ

รูปที่ จ.1 ผังงานการตรวจสอบสายอักขระของประชากรว่าเป็นไปตามข้อจำกัดหรือไม่



ตัวอย่างการตรวจสอบสายอักขระสำหรับสารของผสม 4 องค์ประกอบ

การจำแนกกลุ่มย่อยและเก็บกลุ่มย่อยแต่ละตัวไว้ในตัวแปรแถวลำดับ Subgroup โดยใช้กระบวนการ CreateSubgroup ในรูปแบบรายการโยงได้ดังนี้

Subgroup [1] = [A,B,C,D]

Subgroup [2] = [B,C,D]

Subgroup [3] = [A,B,C]

: :

Subgroup [6] = [A,B]

การสร้างกลุ่มย่อยการป้อนและเก็บกลุ่มย่อยแต่ละตัวไว้ในตัวแปรแถวลำดับ SubStr โดยใช้กระบวนการ TotSubgroup ในรูปแบบรายการโยงได้ดังนี้

SubStr [1] = [A,B,C,D]

SubStr [2] = [A,B,C,D]

SubStr [3] = [A,B,C,D]

SubStr [4] = [B,C,D]

SubStr [5] = [B,C,D]

: :

SubStr [10] = [A,B]

การสร้างกลุ่มย่อยผลิตภัณฑ์และเก็บกลุ่มย่อยแต่ละตัวไว้ในตัวแปรแถวลำดับ 2 มิติของ Product โดยใช้กระบวนการ SplitComp ในรูปแบบรายการโยงได้ดังนี้

Product [1,1] = [A]

Product [1,2] = [BCD]

Product [1,1] = [A]

Product [1,2] = [BCD]

: :

Product [10,1] = [A]

Product [10,2] = [B]

หรือสามารถเขียนเป็นตารางได้ดังนี้

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	A	AB	ABC	B	BC	A	AB	C	B	A
2	BCD	CD	D	CD	D	BC	C	D	C	B



การสร้างอัตราการผลิตแต่ละกลุ่มย่อยและเก็บอัตราการผลิตแต่ละตัวไว้ในตัวแปร แถวลำดับ FlowrateSub โดยใช้กระบวนการงาน CreateFlowrate ได้ดังนี้

$$\text{FlowrateSub [1]} = 1000$$

$$\text{FlowrateSub [2]} = 850$$

$$\text{FlowrateSub [3]} = 800$$

$$\text{FlowrateSub [4]} = 550$$

$$\text{FlowrateSub [5]} = 650$$

$$\text{FlowrateSub [6]} = 450$$

ตรวจสอบความสอดคล้องกับสมการข้อจำกัดโดยกระบวนการงาน Constraint

Subgroup	A B C D	B C D	A B C	C D	B D	A C B				การจำแนกกลุ่มย่อยที่ ต้องการแยกสาร	
SubStr	A B C D	A B C D	A B C D	B C D	B C D	A B C	A B C	C D	B C A	การจำแนกหากลั่นตาม ลักษณะการป้อน	
Product	A B C D	A B C D	A B C D	B C D	B C D	A B C	A B C	C D	B C A	การจำแนกหากลั่นตาม ลักษณะการแยก	
Chromosome, S <sub>i</sub>	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	สายอักขระที่นำมาทำ การตรวจสอบ
FlowrateSub	1000	850	800	550	650	450					

ขั้นตอนการตรวจสอบนั้นจะทำการตรวจสอบกลุ่มย่อยในแถวลำดับ Subgroup ทุก ๆ กลุ่ม ซึ่งจะตรวจสอบทีละกลุ่ม โดยตรวจสอบกับแถวลำดับ SubStr แถวลำดับ Product และสายอักขระ เพื่อตรวจสอบว่าเป็นไปตามข้อจำกัดต่าง ๆ หรือไม่ ตัวอย่างเช่น

สำหรับกลุ่มย่อยกลุ่มแรก Subgroup [1] = [A,B,C,D] ทำการตรวจสอบกับแถวลำดับ SubStr ว่ามีกลุ่มย่อยดังกล่าวในแถวลำดับหรือไม่ ถ้ามีให้ตรวจสอบต่อไปอีกว่าตำแหน่งนั้นในสายอักขระที่จะทำการตรวจสอบเป็น 1 หรือไม่ ถ้าการตรวจสอบทั้งหมดสอดคล้องกัน ให้กำหนดค่าอัตราการผลิตให้กับตำแหน่งของแถวลำดับที่สอดคล้องกัน โดยใช้ตัวแปร Sum1 เป็นผลรวมอัตราการผลิตของกลุ่มย่อยดังกล่าว และทำการทดสอบว่า  $\text{Sum1} = F_{\text{TOT}}$  หรือไม่

สำหรับกลุ่มย่อยตั้งแต่กลุ่มที่สอง Subgroup [2] จนถึงกลุ่มที่หก Subgroup [6] ทำการตรวจสอบกับทั้งแถวลำดับ SubStr และแถวลำดับ Product ว่ามีกลุ่มย่อยดังกล่าวในแถวลำดับทั้งสองหรือไม่ ถ้ามีให้ตรวจสอบต่อไปอีกว่าตำแหน่งนั้นในสายอักขระที่จะทำการตรวจสอบเป็น 1 หรือไม่ ถ้าการตรวจสอบทั้งหมดสอดคล้องกัน ให้กำหนดค่าอัตราการใช้ให้กับตำแหน่งของแถวลำดับที่สอดคล้องกัน โดยใช้ตัวแปร Sum1 เป็นผลรวมอัตราการใช้ของกลุ่มย่อยที่ตรวจสอบกับแถวลำดับ SubStr และ Sum2 เป็นผลรวมอัตราการใช้ของกลุ่มย่อยที่ตรวจสอบกับแถวลำดับ Product และทำการทดสอบว่า  $Sum1 = Sum2$  หรือไม่

ถ้าการตรวจสอบกลุ่มย่อยกลุ่มใดกลุ่มหนึ่งไม่เป็นไปตามข้อกำหนดให้ทำการสลับสายอักขระใหม่เพื่อมาแทนที่สายอักขระนี้ และนำมาทำการตรวจสอบอีกครั้ง แต่ถ้าการตรวจสอบกลุ่มย่อยทุกกลุ่มเป็นไปตามข้อกำหนดทุกกลุ่มก็ให้รักษาสายอักขระนั้นไว้ในประชากรและทำการตรวจสอบสายอักขระต่อไปจนครบประชากรทั้งหมด



สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

## ภาคผนวก ฉ

### โปรแกรมต้นแบบ

```
Program ODSusingGA;  
  { Optimal Distillation Sequence using Genetic Algorithm }  
  {   By Mr.Uthai Thitiprayoonwongse   }  
  { Adviser Assist.Prof.Pornpote Piumsomboon }  
Uses Crt;  
Const MaxPop = 150;  
  MaxString = 165;  
  MaxComp = 10;  
  MaxSubGroup = 45;  
Type Allele = Boolean; { Bit Position : Binary Variables or Decision Variables }  
Chromosome = Array [1..MaxString] of Allele; { String of Bits : Sequence of Columns }  
Individual = Record  
  Chrom : Chromosome; { Genotype : Bit String }  
  Obj : Real; { Objective Function Value }  
  Parent1 , Parent2 , Xsite : Integer; { Parent & Cross Point }  
End;  
Population = Array [1..MaxPop] of Individual;  
CompPointer = ^CompRec;  
CompRec = Record  
  Component : Char;  
  Position : Integer;  
  Next : CompPointer;  
End;  
Produced = Array [1..MaxString,1..2] Of CompPointer;  
SubG_FlowR = Array [1..MaxSubGroup] Of CompPointer;  
SubGlnStr = Array [1..MaxString] Of CompPointer;  
MoleFraction = Array [1..MaxComp] Of Real;  
FlowRateNo = Array [1..MaxString] Of Real;  
FlowRateSub = Array [1..MaxSubGroup] Of Real;  
Cost = Array [1..MaxString] of Real;  
Name = String [15];  
DataRecord = Record  
  FC : Real;  
  VC : Real;  
  HDC : Real;
```

```

End;
Var OldPop , NewPop : Population; † Two Non-Overlapping Populations †
    PopSize , LChrom , Gen , NComp , TotSub , MaxGen : Integer; † Integer Global Variables †
    Percross , Pmutation , SumObj , Ftot , Cc , Ch : Real; † Real Global Variables †
    Nmutation , Ncross , Bit : Integer; † Integer Statistics †
    Avg , Max , Min , Maximum , OptCost : Real; † Real Statistics †
    FixCost , VarCost , HDCost : Cost;
    InitComp : CompPointer;
    SubGroup , Flowrate : SubG_FlowR;
    Product : Produced;
    SubStr : SubGInStr;
    MoleFrac : MoleFraction;
    FR : FlowRateSub;
    FRNo : FlowRateNo;
    OptSeq : Chromosome;
    DataFile : Text;
    Data : DataRecord;
    DataRec : File of DataRecord;
    FileName , TextName : Name;
Procedure SetWindow (UX,UY,LX,LY : Byte; BackGr,ForeGr : Byte);
Begin
    Window (UX,UY,LX,LY);
    TextBackGround (BackGr); TextColor (ForeGr);
End;
Procedure Skip (Lines : Integer);
Var I : Integer;
Begin
    For I := 1 To Lines Do Writeln;
End;
Procedure CenterLine (Message : String); † Center in Line of Message †
Var I : Integer;
Begin
    For I := 1 to (80 - Length (Message)) DIV 2 Do Write (' ');
    Writeln (Message);
End;
Procedure CenterScreen (Message : String); † One Line Center Screen †
Begin
    GotoXY (1,12); ClrEol;
    GotoXY (40 - (Length (Message) DIV 2),12);
    Write (Message);

```

```

End;
Procedure Await;
Begin
    GotoXY (1,24); CenterLine ('Press Enter to Continue...'); GotoXY (55,24); ReadLn;
End;
Procedure Wait;
Begin
    ClrScr; CenterScreen ('Please Wait .....');
End;
Function Factorial (Comp : Integer) : LongInt;
Begin
    If Comp = 0 Then Factorial := 1 Else Factorial := Comp * Factorial (Comp - 1)
End;
Function TotCol (Comp : Integer) : Integer;
Begin
    TotCol := Comp * (Comp - 1) * (Comp + 1) DIV 6
End;
Function FindSubGroup (Comp : Integer) : Integer;
Begin
    FindSubGroup := (Comp * (Comp + 1)) DIV 2 - Comp;
End;
Function NoSeq (Comp : Integer) : Integer;
Begin
    NoSeq := (Factorial (2 * (Comp - 1))) DIV ((Factorial (Comp)) * (Factorial (Comp - 1)));
End;
Function FindColumn (SubStr : SubGfnStr) : Integer;
Var I : Integer;
Begin
    For I := 1 To I.Chrom Do
        If SubStr [I] = NH Then Begin FindColumn := I; Exit; End;
    End;
Procedure CreateFile (FileName : Name);
Begin
    Assign (DataRec,FileName); ReWrite (DataRec); Close (DataRec);
End;
Procedure ReadFile (FileName : Name; Var FixCost , VarCost , HDCost : Cost);
Var RecNo : Integer;
Begin
    RecNo := 0; Assign (DataRec,FileName); Reset (DataRec);
    While Not Eof (DataRec) Do

```

```

Begin
  Read (DataRec,Data); RecNo := RecNo + 1;
  With Data Do
    Begin
      FixCost [RecNo] := FC;
      VarCost [RecNo] := VC;
      HDCost [RecNo] := HDC;
    End;
  End;
Close (DataRec);
End;
Procedure Writefile (FileName : Name; FixCost , VarCost , HDCost : Cost; I : Integer);
Begin
  Assign (DataRec,FileName); Reset (DataRec); Seek (DataRec,FileSize (DataRec));
  With Data Do
    Begin
      FC := FixCost [I];
      VC := VarCost [I];
      HDC := HDCost [I];
      Write (DataRec,Data);
    End;
  Close (DataRec);
End;
Procedure EconomicData;
Var Ans1 , Ans2 : Char; Col , No , I : Integer;
Begin
  ClrScr;
  Repeat
    CenterScreen ('Do you have DAT File of your problem (y/n)? '); Readln (Ans1); Ans1 := Ucase (Ans1);
  Until (Ans1 = 'Y') Or (Ans1 = 'N');
  Case Ans1 Of
    'Y' : Begin
      ClrScr; CenterScreen ('Enter Name of File to Read : '); Readln (FileName);
      Readfile (FileName,FixCost,VarCost,HDCost);
      End;
    'N' : Begin
      Repeat
        ClrScr; Writeln; Writeln ('Economic Data and Heat Duty Coefficients');
        Writeln; Writeln ('Investment Cost:44,Heat Duty:25);
        Writeln ('Number of Column',chr(224):10,',','Fixed',chr(225):10,',','Variable',Coefficients,K:20);

```

```

LChrom := TotCol (NComp); No := 0;
For Col := 1 to LChrom Do
Begin
  No := No + 1; Write (Col:8);
  GotoXY (29,No+5); Readln (FixCost[Col]);
  GotoXY (46,No+5); Readln (VarCost[Col]);
  GotoXY (64,No+5); Readln (HDCost[Col]);
  If No = 18 Then
  Begin
    For I := 1 To No Do Begin GotoXY (I,I+5); ClrEol; End;
    No := 0;
    GotoXY (1,No+6);
  End;
End;
ClrScr;
Repeat
  CenterScreen ('Do you want to repair of Economic Data (y/n) ? '); Readln (Ans2);
  Ans2 := Uppcase (Ans2);
  Until (Ans2 = 'Y') Or (Ans2 = 'N');
Until Ans2 = 'N';
ClrScr;
Repeat
  CenterScreen ('Do you save your problem to DAT File (y/n) ? '); Readln (Ans2);
  Ans2 := Uppcase (Ans2);
  Until (Ans2 = 'Y') Or (Ans2 = 'N');
  If Ans2 = 'Y' Then
  Begin
    ClrScr;
    CenterScreen ('Enter Name of File to Write : '); Readln (FileName);
    CreateFile (FileName);
    For I := 1 to LChrom Do WriteFile (FileName,FixCost,VarCost,HDCost,I);
  End;
End;
End;
Procedure Title;
Begin
  ClrScr; Skip (7);
  CenterLine ('Welcome to Program'); Skip (1);
  CenterLine ('Optimal Distillation Sequence using Genetic Algorithm'); Skip (1);

```

```

CenterLine ('By'); Skip (1);
CenterLine ('Mr.Uthai Thitiprayoonwongse'); Skip (1);
CenterLine ('Adviser'); Skip (1);
CenterLine ('Assist.Prof. Pornpote Piumsomboon'); Await;
End;
Procedure DataDS;
Var I, J : Integer; Sum : Real;
Begin
  ClrScr;
  CenterLine ('The data on the composition of mixture,');
  CenterLine ('the constants for heat balance,');
  CenterLine ('and the cost data,');
  Writeln ('Input Data for Your Problem'); Writeln;
  Write ('Total Feed Flowrate (Kmol/hr) : '); Readln (Ftot);
  Repeat
    GotoXY (1,8); ClrEol;
    Write ('Number of Composition : '); Readln (NComp);
  Until (NComp > 2) And (NComp <= 10);
  Writeln; Writeln ('Composition':28,'Mole Fraction':30);
  Writeln; For I := 1 to NComp Do Writeln (Chr(i+64):23);
  Sum := 0;
  While Abs (Sum - 1) > 1E-10 Do
  Begin
    Sum := 0;
    For J := 1 to NComp Do
    Begin
      GotoXY (50,J+11); ClrEol; Readln (MoleFrac [J]); Sum := Sum + MoleFrac [J];
    End;
    Writeln; GotoXY (1,NComp+13);
    Write ('Summation of Fraction is ':35);
    Write (Sum:18:2);
  End;
  Await; ClrScr; EconomicData; ClrScr;
  Writeln ('Cost of Utilities :');
  Write (' Cooling Water Cc = '); Readln (Cc); Write (' Steam Ch = '); Readln (Ch);
End;
Procedure DataGA;
Var Ans : Char;
Begin
  ClrScr; CenterLine ('***** Genetic Algorithm Data Entry and Initialization *****'); Writeln;

```



```
PopSize := NoSeq (NComp);
```

```
Case NComp Of
```

```
  2..7 : Begin
```

```
    If (PopSize MOD 2) = 0 Then
```

```
      Begin
```

```
        Repeat
```

```
          Write ('Population Size is ',PopSize,' (y/n)? '); Readln (Ans);
```

```
          Ans := Uppcase (Ans);
```

```
        Until (Ans = 'Y') Or (Ans = 'N');
```

```
        Case Ans Of
```

```
          'Y' : PopSize := PopSize;
```

```
          'N' : Begin Write ('Enter Population Size : '); Readln (PopSize); End;
```

```
        End;
```

```
      End
```

```
    Else
```

```
      Begin
```

```
        PopSize := PopSize + 1;
```

```
        Repeat
```

```
          Write ('Population Size is ',PopSize,' (y/n)? '); Readln (Ans);
```

```
          Ans := Uppcase (Ans);
```

```
        Until (Ans = 'Y') Or (Ans = 'N');
```

```
        Case Ans Of
```

```
          'Y' : PopSize := PopSize;
```

```
          'N' : Begin Write ('Enter Population Size : '); Readln (PopSize); End;
```

```
        End;
```

```
      End;
```

```
    End;
```

```
  8..10 : Begin
```

```
    Repeat
```

```
      Write ('Population Size is 150 (y/n)? '); Readln (Ans);
```

```
      Ans := Uppcase (Ans);
```

```
    Until (Ans = 'Y') Or (Ans = 'N');
```

```
    Case Ans Of
```

```
      'Y' : PopSize := 150;
```

```
      'N' : Begin Write ('Enter Population Size : '); Readln (PopSize); End;
```

```
    End;
```

```
  End;
```

```
End;
```

```
Lchrom := TotCol(NComp);
```

```
WriteLn ('Chromosome Length is ',Lchrom);
```

```

Repeat
  Write ('Maximum Generation is 100 (y/n)? '); Readln (Ans);
  Ans := Uppcase (Ans);
Until (Ans = 'Y') Or (Ans = 'N');
Case Ans Of
  'Y' : MaxGen := 100;
  'N' : Begin Write ('Enter Maximum Generation : '); Readln (MaxGen); End;
End;

Repeat
  Write ('Crossover Probability is 1.0 (y/n)? '); Readln (Ans);
  Ans := Uppcase (Ans);
Until (Ans = 'Y') Or (Ans = 'N');
Case Ans Of
  'Y' : Pcross := 1.0;
  'N' : Begin Write ('Enter Crossover Probability : '); Readln (Pcross); End;
End;

Repeat
  Write ('Mutation Probability is 0.001 (y/n)? '); Readln (Ans);
  Ans := Uppcase (Ans);
Until (Ans = 'Y') Or (Ans = 'N');
Case Ans Of
  'Y' : Pmutation := 0.001;
  'N' : Begin Write ('Enter Mutation Probability : '); Readln (Pmutation); End;
End;

End;

Function ObjFunc (Chrom : Chromosome; FRNo : FlowRateNo) : Real;
Var I, J : Integer; Cost, Accum : Real;
Begin
  Accum := 0.0;
  For J := 1 to Lchrom Do
    Begin
      Cost := 0.0; If Chrom [J] Then I := 1 Else I := 0;
      Cost := (FixCost[J] * I) + (VarCost[J] * FRNo[J]) + ((Ch + Ccf) * (HDCost[J] * FRNo[J]));
      Accum := Accum + Cost;
    End;
  ObjFunc := Accum;
End;

Procedure Statistics (Popsiz : Integer; Var Max, Avg, Min, SumObj : Real; Var Pop : Population);
Var I : Integer;
Begin { Initialize }

```

```

SumObj := Pop[I].Obj; Min := Pop[I].Obj; Max := Pop[I].Obj;
↓ Loop For Max , Min , SumObj ↓
For I := 2 to PopSize Do
  With Pop[I] Do
    Begin
      SumObj := SumObj + Obj; ↓ Accumulate Obj Sum ↓
      If Obj > Max Then Max := Obj; ↓ New Max ↓
      If Obj < Min Then Min := Obj; ↓ New Min ↓
    End;
  ↓ Calculate Average ↓
  Avg := SumObj / PopSize;
End;
Procedure CreateSubGroup (Var P : CompPointer; Top : Integer; I : Integer);
Var K : Integer; Comp : Char; Head , Last , Extra : CompPointer;
Begin
  K := 1; Comp := Chr (Top); Head := NIL; New (Head);
  With Head^ Do
    Begin
      Component := Comp; Position := K;
    End;
  Last := Head; K := Succ (K); Comp := Succ (Comp);
  Repeat
    New (Extra);
    With Extra^ Do
      Begin
        Component := Comp; Position := K;
      End;
      Last^.Next := Extra; Last := Extra; K := Succ (K); Comp := Succ (Comp);
    Until Comp = Chr (Top + 1);
    Last^.Next := NIL; P := Head;
  End;
Procedure SplitComp (Var P : CompPointer; I , J , K , L : Integer);
Var Produce , Prev,After,Head : CompPointer;
Begin
  CreatSubGroup (Produce,I,J); Head := Produce;
  While Head <> NIL Do
    If Head^.Position <> K Then
      Begin
        Prev := Head; Head := Head^.Next
      End

```

```

Else
Begin
  After := Head^.Next; Break
End;

Head^.Next := NIL; If L = 1 Then P := Produce Else P := After;
End;

Procedure TotSubGroup;
Var Top, NColumn, I, H, J, K, L: Integer;
Begin
  TotSub := FindSubGroup (NComp); CreateSubGroup (InitComp,65,NComp);
  For I := 1 To TotSub Do SubGroup [I] := NIL;
  For I := 1 To LChrom Do SubStr [I] := NIL;
  I := 1;
  For H := 0 To (NComp - 2) DO
  Begin
    Top := 65 + H;
    Repeat
      CreateSubGroup (SubGroup [I],Top,(NComp - H)); NColumn := FindColumn (SubStr); I := I;
      For K := NColumn To NColumn + (NComp - H - 2) Do
      Begin
        SubStr [K] := SubGroup [I];
        For J := 1 To 2 Do SplitComp (Product [K,J],Top,(NComp - H),L,J); L := L + 1;
      End;
      I := I + 1; Top := Top - 1;
    Until Top < 65;
  End;
End;

Function SumMoleFrac (Top,Bottom : Integer) : Real;
Var I: Integer; J: Real;
Begin
  J := 0; For I := Top To Bottom Do J := J + MoleFrac [I]; SumMoleFrac := J;
End;

Procedure CreateFlowRate ;
Var I, J, K, L : Integer;
Begin
  For K := 1 To TotSub Do FR [K] := 0; K := 1;
  For L := 0 To NComp Do
  Begin
    I := L + 1; J := NComp;
    Repeat

```

```

    FR [K] := SumMoleFrac (I,J) * Ftot; K := K + 1; I := I + 1; J := J + 1;
Until I < I;
End;
End;
Function CheckSubGroup (P , P1 : CompPointer) : Boolean;
Var Find : Boolean;
Begin
    Find := False;
    While Not Find And (P <> NIL) Do
        Begin
            If P^.Component <> P1^.Component Then Find := True
            Else
                Begin
                    P := P^.Next; P1 := P1^.Next;
                End;
            End;
        End;
    If P1 <> NIL Then CheckSubGroup := Find Else CheckSubGroup := Not Find;
End;
Procedure FindFlowRate (Chrom : Chromosome);
Var I , J : Integer;
Begin
    For I := 1 To L.Chrom Do FRNo [I] := 0;
    For I := 1 To TotSub Do
        Begin
            For J := 1 To L.Chrom Do
                Begin
                    If (SubGroup [I] = SubStr [J]) And (Chrom [J]) Then FRNo [I] := FR [J];
                End;
            End;
        End;
    End;
End;
Function Flip (Probability : Real) : Boolean;
Begin
    If Probability = 1.0 Then Flip := True Else Flip := (Random <= Probability);
End;
Function Rnd (Low , High : Integer) : Integer;
Var I : Integer;
Begin
    If Low >= High Then I := Low
    Else
        Begin

```

```

        I := Trunc (Random * (High - Low + 1) + Low); If I > High Then I := High;
    End;
    Rnd := i;
End;
Procedure CreateChrom (Var Chrom : Chromosome);
Const Prob = 0.5;
Var I, J : Integer;
Begin
    Repeat
        I := 0;
        For J := 1 to NComp - 1 Do
            Begin
                Chrom[J] := Flip(Prob); If Chrom [J] Then I := I + 1;
            End;
        Until I = 1;
        Repeat
            I := 0;
            For J := NComp To L.Chrom Do
                Begin
                    Chrom [J] := Flip (Prob); If Chrom [J] Then I := I + 1;
                End;
            Until I = NComp - 2;
        End;
Procedure InitPop;
Var J : Integer;
Begin
    Randomize;
    For J := 1 to PopSize Do
        With OldPop[J] Do
            Begin
                CreateChrom (Chrom); Parent1 := 0; Parent2 := 0; Xsite := 0;
            End;
    End;
End;
Procedure InitReport;
Begin
    ChrSer; CenterLine ('Genetic Algorithm Parameters');
    CenterLine ('-----'), Skip (1);
    Writeln ('Population Size (PopSize)      = ',PopSize);
    Writeln ('Chromosome Length (L.Chrom)      = ',L.Chrom);
    Writeln ('Maximum # of Generation (MaxGen) = ',MaxGen);

```

```

Writeln ('Crossover Probability (Pcross) = ',PCross:1:3);
Writeln ('Mutation Probability (Mutation) = ',PMutation:1:3); Skip (5);
CenterLine ('Initial Generation Statistics');
CenterLine ('-----'); Skip(1);
Writeln ('Initial Population Maximum Objective = ',Max:1:2);
Writeln ('Initial Population Average Objective = ',Avg:1:2);
Writeln ('Initial Population Minimum Objective = ',Min:1:2);
Writeln ('Initial Population Sum of Objective = ',SumObj:1:2); Await;
End;
Procedure WriteChrom (Chrom : Chromosome; Lchrom : Integer);
Var I : Integer;
Begin
  For I := 1 to Lchrom Do If Chrom[I] Then Write ('1') Else Write ('0');
End;
Procedure WriteReport (Gen : Integer);
Var J : Integer;
Begin
  ChrScr;
  Write ('Generation ',Gen-1); Write (' ');
  Writeln ('Generation ',Gen); Write (' ');
  Writeln ('Parent  xsite');
  For J := 1 to PopSize Do
    Begin
      With OldPop[J] Do
        Begin
          WriteChrom (Chrom,LChrom); Write (Obj:15:2);
        End;
      With NewPop[J] Do
        Begin
          Write (Parent1:10,',',Parent2:2); Write (xsite:8); Write (' '); WriteChrom (Chrom,LChrom);
          Writeln (Obj:15:2);
        End;
    End;
  Write ('Maximum is ',Max:1:2,';', ' Average is ',Avg:1:2,';', ' Minimum is ',Min:1:2);
End;
Procedure WriteDesign (Seq : Chromosome; OpCost : Real);
Var I : Integer;
Begin
  ChrScr; GotoXY (1,8);
  CenterLine ('Result of Design Problem'); GotoXY (20,10);

```

```

Write ('Optimal Distillation Sequence is ');
For I := 1 to L.Chrom Do
  If Seq [I] Then Write ('1') Else Write ('0');
GotoXY (20,11);
Write ('Optimal Cost is ',OpCost:1:2);
GotoXY (1,24);
CenterLine ('End of Solution');
End;

Function Constraint (I : Integer; Chrom : Chromosome) : Boolean;
Var J , J1 : Integer; Sum1 , Sum2 : Real; Test : Boolean;
Begin
  Sum1 := 0;
  Sum2 := 0;
  If I = 1 Then
    Begin
      For J := 1 To L.Chrom Do
        Begin
          If (SubGroup [I] = SubStr [J]) And Chrom [J] Then Sum1 := Sum1 + FR [I];
        End;
        If Abs (Ftot - Sum1) > 1E-10 Then Constraint := False Else Constraint := True;
      End
    End
  Else
    Begin
      For J := 1 To L.Chrom Do
        Begin
          If (SubGroup [I] = SubStr [J]) And Chrom [J] Then Sum1 := Sum1 + FR [I];
        End;
        For J1 := 1 to L.Chrom Do
          Begin
            For J1 := 1 To 2 Do
              Begin
                If SubGroup [I]^Component = Product [J,J1]^Component Then
                  Begin
                    Test := CheckSubGroup (SubGroup [I] , Product [J,J1]);
                    If Test And Chrom [J] Then Sum2 := Sum2 + FR [I];
                  End
                End;
              End;
            End;
          End;
        End;
        If Abs (Sum1 - Sum2) > 1E-10 Then Constraint := False Else Constraint := True;
      End;
    End;
  End;
End;

```



```

End;
Procedure Check (Var Chrom : Chromosome);
Var I : Integer;
    Test : Boolean;
Begin
    Randomize;
    Test := False;
    I := 1;
    Repeat
        Test := Constraint (I,Chrom);
        If Test Then I := I + 1 Else
            Begin
                CreateChrom (Chrom);
                I := 1;
            End;
    Until I = TotSub + 1;
End;
Procedure CheckConst (Var Pop : Population);
Var I : Integer;
Begin
    For I := 1 To PopSize Do
        With Pop [I] Do
            Begin
                Check (Chrom);
                Delay (1000);
                FindFlowRate (Chrom);
                Obj := ObjFunc (Chrom,FRNo);
            End;
    End;
End;
Procedure CreateName (Var TextName : Name);
Var Ans : Char;
Begin
    Repeat
        ClrScr;
        CenterScreen ('Do you save to TEXT File ? (y/n) : '); Readln (Ans);
        Ans := Upcase (Ans);
    Until (Ans = 'Y') Or (Ans = 'N');
    If Ans = 'Y' Then
        Begin
            CenterScreen ('Enter Name of File : '); Readln (TextName);

```

```

End;
End;
Procedure Initialize;
Begin
  Title;
  DataDs;
  DataGA;
  Wait;
  TotSubGroup;
  CreateFlowrate;
  InitPop;
  CheckConst (OldPop);
  Statistics (Popsize,Max,Avg,Min,SumObj,OldPop);
  CreateName (TextName);
  InitReport;
End;
Function Select (PopSize : Integer;Var Maximum : Real;
  Var Pop : Population) : Integer;
  { Select a Single Individual via Roulette Wheel Selection }
  Var Rand , PartSum , Sum : Real; { Random Point on Wheel , Partial Sum }
  I , J : Integer;      { Population Index }
  Fitness : Array [1..MaxPop] Of Real;
Begin
  If Gen = 0 Then Maximum := Max
  Else
  Begin
    For J := 1 to PopSize Do
      With Pop[J] Do
        Begin
          If Max < Maximum Then Maximum := Max; { New Max }
        End;
      End;
    End;
    For I := 1 To PopSize Do Fitness [I] := Maximum - Pop[I].Obj;
    Sum := 0.0;
    For I := 1 To PopSize Do Sum := Sum + Fitness [I];
    PartSum := 0.0; J := 0;
    Rand := Random * Sum;
  Repeat
    J := J + 1;
    PartSum := PartSum + Fitness [J];

```

```

Until (PartSum >= Rand) Or (J = PopSize);
Select := J;
End;
Function Mutation (Allelevel : Allele; Pmutation : Real;
                  Var Nmutation : Integer) : Allele;
Var Mutate : Boolean;
Begin
Mutate := Flip (Pmutation);
If Mutate Then
  Begin
    Nmutation := Nmutation + 1;
    Mutation := Not Allelevel; { Change Bit Value }
  End
Else Mutation := Allelevel; { No Change }
End;
End;
Procedure CrossOver (Var Parent1 , Parent2 , Child1 , Child2 : Chromosome;
                   Var Lchrom , Ncross , Nmutation , Jcross : Integer;
                   Var Pcross , Pmutation : Real);
Var J : Integer;
Begin
If Flip (Pcross) Then
  Begin
    Jcross := Rnd (1, Lchrom - 1);
    Ncross := Ncross + 1;
  End
Else
  Jcross := Lchrom;
For J := 1 to Jcross Do
  Begin
    Child1[J] := Mutation (Parent1[J], Pmutation, Nmutation);
    Child2[J] := Mutation (Parent2[J], Pmutation, Nmutation);
  End;
If Jcross <> Lchrom Then
  For J := Jcross + 1 to Lchrom Do
    Begin
      Child1[J] := Mutation (Parent2[J], Pmutation, Nmutation);
      Child2[J] := Mutation (Parent1[J], Pmutation, Nmutation);
    End;
End;
End;

```

Procedure Generation:

Var J , Mate1 , Mate2 , Jcross : Integer;

Begin

  J := 1;

  Repeat

    Mate1 := Select (PopSize,Maximum,OldPop);

    Mate2 := Select (PopSize,Maximum,OldPop);

    CrossOver (OldPop[Mate1].Chrom,OldPop[Mate2].Chrom,

      NewPop[J ].Chrom,NewPop[J + 1].Chrom,

      J.chrom,Ncross,Nmutation,Jcross,PCross,PMutation);

  With NewPop[J ] Do

    Begin

      Parent1 := Mate1;

      Parent2 := Mate2;

      Xsite := Jcross;

    End;

  With NewPop[J+1] Do

    Begin

      Parent1 := Mate1;

      Parent2 := Mate2;

      Xsite := Jcross;

    End;

  J := J + 2;

  Until J > PopSize;

End;

Begin

  SetWindow (1,1,80,25,1,10);

  Gen := 0;

  OptCost := 0;

  Initialize;

  Assign (DataFile,TextName);

  ReWrite (DataFile);

  Writeln (DataFile,'Minimum Object');

  Writeln (DataFile,'Components : ',NComp);

  Writeln (DataFile,'PopSize : ',PopSize);

  Writeln (DataFile,'PCross : ',PCross);

  Writeln (DataFile,'PMutation : ',PMutation);

  Writeln (DataFile,'Gen   Max   Avg   Min');

  Writeln (DataFile,Gen,' ',Max,' ',Avg,' ',Min);

  ClrScr;

```

Wait;
Repeat
  Gen := Gen + 1;
  Generation;
  CheckConst (NewPop);
  Statistics (Popsize,Max,Avg,Min,SumObj,NewPop);
  WriteLn (DataFile,Gen,' ',Max,',',Avg,',',Min);
  WriteReport (Gen);
  OldPop := NewPop;
  If (Avg = Min) And (OptCost < 1) Then
  Begin
    With OldPop [1] Do
    Begin
      For Bit := 1 to LChrom Do OptSeq [Bit] := Chrom [Bit];
      OptCost := Avg;
    End;
  End
  Else
  Begin
    If (Avg = Min) And (Avg < OptCost) Then
    Begin
      With OldPop [1] Do
      Begin
        For Bit := 1 to LChrom Do OptSeq [Bit] := Chrom [Bit], OptCost := Avg;
      End;
    End;
  End;
  End;
Until (Gen >= MaxGen);
WriteDesign (OptSeq,OptCost);
WriteLn (DataFile);
WriteLn (DataFile,'Solution of Problem');
Write (DataFile,'Optimal Distillation Sequence is ');
For Bit := 1 to LChrom Do If OptSeq [Bit] Then Write (DataFile,'1') Else Write (DataFile,'0');
WriteLn (DataFile);
Write (DataFile,'Optimal Cost is ',OptCost);
Close (DataFile);
Sound (420); Delay (1000);
NoSound;
End.

```

## ประวัติผู้เขียน

นายอุทัย ฐิติประยูรวงศ์ เกิดวันที่ 17 พฤศจิกายน พ.ศ. 2517 ที่นครราชสีมา สำเร็จการศึกษาปริญญาตรีวิทยาศาสตร์บัณฑิต สาขาเทคโนโลยีอุตสาหกรรมอาหาร คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยหอการค้าไทย ในปีการศึกษา 2538 และเข้าศึกษาต่อในหลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต ที่จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย เมื่อ พ.ศ. 2539 และสำเร็จการศึกษาหลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิตเมื่อเดือนเมษายน พ.ศ. 2543



สถาบันวิทยบริการ  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย