

การจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม



นางสาวศิริวรรณ จันทร์แก่น

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

CHULALONGKORN UNIVERSITY

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต  
สาขาวิชาคณิตศาสตร์ประยุกต์และวิทยาการคอมพิวเตอร์ ภาควิชาคณิตศาสตร์และวิทยาการ  
คอมพิวเตอร์

คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ปีการศึกษา 2556

ลิขสิทธิ์ของจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

บทคัดย่อและแฟ้มข้อมูลฉบับเต็มของวิทยานิพนธ์ตั้งแต่ปีการศึกษา 2554 ที่ให้บริการในคลังปัญญาจุฬาฯ (CUIR)

เป็นแฟ้มข้อมูลของนิสิตเจ้าของวิทยานิพนธ์ ที่ส่งผ่านทางบัณฑิตวิทยาลัย

The abstract and full text of theses from the academic year 2011 in Chulalongkorn University Intellectual Repository (CUIR) are the thesis authors' files submitted through the University Graduate School.

AIRCRAFT ROUTING AND MAINTENANCE SCHEDULING USING GENETIC ALGORITHM

Miss Siriwan Chankan

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

CHULALONGKORN UNIVERSITY

A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements  
for the Degree of Master of Science Program in Applied Mathematics and  
Computational Science

Department of Mathematics and Computer Science

Faculty of Science

Chulalongkorn University

Academic Year 2013

Copyright of Chulalongkorn University

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม
โดย	นางสาวศิริวรรณ จันทร์แก่น
สาขาวิชา	คณิตศาสตร์ประยุกต์และวิทยาการคอมพิวเตอร์
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก	อาจารย์ ดร. บุญฤทธิ์ อินทียศ
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ชวลิต จินอนันต์

---

คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย อนุมัติให้หัวข้อวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต

.....คณบดีคณะวิทยาศาสตร์  
(ศาสตราจารย์ ดร. สุพจน์ ทารหนองบัว)

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

.....ประธานกรรมการ  
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. กรุง สีนอมิรมย์สรานู)

.....อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก  
(อาจารย์ ดร. บุญฤทธิ์ อินทียศ)

.....อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม  
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ชวลิต จินอนันต์)

.....กรรมการ  
(อาจารย์ ดร. พันทิพา ทิพย์วิวัฒน์พจนาน)

.....กรรมการภายนอกมหาวิทยาลัย  
(ดร. บุญทริกา เกษมสันติธรรม)

ศิริวรรณ จันทร์แก่น : การจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม. (AIRCRAFT ROUTING AND MAINTENANCE SCHEDULING USING GENETIC ALGORITHM) อ.ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: อ. ดร. บุญฤทธิ์ อินทียศ, อ.ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม: ผศ. ดร. ขวลิต จินอนันต์, 117 หน้า.

ปัญหาการจัดตารางของเครื่องบินและจัดตารางซ่อมบำรุงเครื่องบินเป็นปัญหาการมอบหมายงานที่ใช้ในการจัดตารางซ่อมบำรุงให้กับเครื่องบินแต่ละแบบโดยต้องสอดคล้องกับกฎการซ่อมบำรุงของกรมการบินพลเรือนและไม่ทำให้ตารางบินของสายการบินเกิดการเปลี่ยนแปลงเป้าหมายเพื่อให้การจัดตารางการบินสำหรับเครื่องบินแต่ละลำเป็นไปอย่างมีประสิทธิภาพ โดยให้เครื่องบินแต่ละลำบินให้มากที่สุดก่อนที่จะเข้าซ่อมบำรุงตามกฎ และใช้เวลารอเพื่อซ่อมบำรุงน้อยที่สุด โดยที่จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุงในแต่ละฐานมีจำนวนจำกัด งานวิจัยนี้ได้นำเสนอแบบจำลองทางคณิตศาสตร์สำหรับปัญหานี้ โดยวิธีการหาค่าตอบนั้นได้ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อแก้ปัญหา โดยใช้ข้อมูลของบริษัทการบินไทยเป็นกรณีศึกษา

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย  
CHULALONGKORN UNIVERSITY

ภาควิชา	คณิตศาสตร์และวิทยาการคอมพิวเตอร์	ลายมือชื่อนิสิต .....
สาขาวิชา	คณิตศาสตร์ประยุกต์และวิทยาการคณนา	ลายมือชื่อ อ.ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก .....
		ลายมือชื่อ อ.ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม .....
ปีการศึกษา	2556	

# # 5572129023 : MAJOR APPLIED MATHEMATICS AND COMPUTATIONAL SCIENCE  
 KEYWORDS: AIRCRAFT ROUTING AND MAINTENANCE SCHEDULING / GENETIC  
 ALGORITHM

SIRIWAN CHANKAN: AIRCRAFT ROUTING AND MAINTENANCE SCHEDULING  
 USING GENETIC ALGORITHM. ADVISOR: BOONYARIT INTIYOT, Ph.D., CO-  
 ADVISOR: ASST. PROF. CHAWALIT JEENANUNTA, Ph.D., 117 pp.

An aircraft routing and maintenance scheduling problem is an assignment problem that constructs a maintenance schedule that conforms to the Department of Civil Aviation regulations and does not affect the airline's flight plan. The aim is to make the schedule for each aircraft effective by having each aircraft fly as much as possible before going through a maintenance procedure according to regulations and by minimizing the waiting time for maintenance under capacity constraints of the maintenance base. This research proposes a mathematical model for this problem. Genetic algorithm is applied to solve this problem using a case study of Thai Airways.



Department: Mathematics and  
 Computer Science

Field of Study: Applied Mathematics  
 and Computational  
 Science

Academic Year: 2013

Student's Signature .....

Advisor's Signature .....

Co-Advisor's Signature .....

## กิตติกรรมประกาศ

ด้วยพระมหากรุณาธิคุณอย่างหาที่สุดมิได้ ในสมเด็จพระเทพรัตนราชสุดาฯ สยามบรมราชกุมารีที่พระราชทานพระราชานุญาตให้ทุนการศึกษาตั้งแต่ชั้นมัธยมศึกษาปีที่ 1 ถึงระดับปริญญาตรี ทรงเป็นแรงบันดาลใจให้มีความมุ่งมั่นในการศึกษาจนสำเร็จ และมีความตั้งใจในการเรียนอย่างสม่ำเสมอ

วิทยานิพนธ์เล่มนี้เสร็จสมบูรณ์ได้ด้วยการสนับสนุนจากหลายๆ ด้าน ทางผู้วิจัยขอขอบพระคุณ อาจารย์ ดร. บุญฤทธิ์ อินทียศ และ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ขวลิต จินอนันต์ ที่สละเวลาให้คำปรึกษาและแนะนำแนวทางในการทำวิทยานิพนธ์เล่มนี้จนประสบผลสำเร็จ

ขอขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. กรุง สีนอภิรมย์สรานู ประธานกรรมการสอบ อาจารย์ ดร. พันทิพา ทิพย์วิวัฒน์พจนา กรรมการสอบ และ ดร. บุญพริกา เกษมสันติธรรม กรรมการภายนอกมหาวิทยาลัย ที่สละเวลาในการสอบวิทยานิพนธ์ ตลอดจนให้คำแนะนำ ปรับปรุงแก้ไขวิทยานิพนธ์เล่มนี้ให้มีความถูกต้องสมบูรณ์ยิ่งขึ้น

ขอขอบคุณบริษัทการบินไทยจำกัด (มหาชน) ที่ได้ให้ความร่วมมือในงานวิจัยและข้อมูลสำหรับการทำวิจัยเป็นอย่างดี

สุดท้ายนี้ผู้วิจัยขอกราบขอบพระคุณ บิดา มารดา คณาจารย์ ภาควิชาคณิตศาสตร์และวิทยาการคอมพิวเตอร์ทุกท่านที่ได้อบรมสั่งสอน ให้การช่วยเหลือในทุกๆ ด้าน และให้กำลังใจจนประสบผลสำเร็จ

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย  
CHULALONGKORN UNIVERSITY

## สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อภาษาไทย.....	ง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	จ
กิตติกรรมประกาศ.....	ฉ
สารบัญ.....	ช
สารบัญตาราง.....	ฅ
สารบัญภาพ.....	ฎ
บทที่ 1 บทนำ.....	1
1.1    ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	1
1.2    วัตถุประสงค์ของการวิจัย.....	2
1.3    ขอบเขตของงานวิจัย.....	2
1.4    ลำดับขั้นตอนในการนำเสนอผลการวิจัย.....	2
บทที่ 2 ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	3
2.1    แนวคิดและทฤษฎี.....	3
2.2    ผลงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	6
บทที่ 3 ตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์และวิธีการหาคำตอบ.....	8
3.1    ปัญหาการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงสำหรับบริษัทการบินไทย.....	8
3.2    แนวคิดในการแก้ปัญหา.....	9
3.2.1    ตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์.....	10
3.2.2    การประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับปัญหาการจัดเส้นทางการบินและตาราง ซ่อมบำรุง.....	14
บทที่ 4 การทดลองและผลการทดลอง.....	20
4.1    รายละเอียดชุดข้อมูล.....	20
4.2    การทดลอง.....	21
4.3    ผลการทดลอง.....	21
4.3.1    ผลการทดลองทดสอบพารามิเตอร์จำนวนรุ่นและจำนวนโครโมโซม.....	21
4.3.2    ผลการทดลองทดสอบพารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม.....	39
4.3.3    การลู่เข้าของคำตอบ.....	58

บทที่ 5 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ .....	61
รายการอ้างอิง .....	62
ภาคผนวก.....	64
ภาคผนวก ก ข้อมูลเที่ยวบิน.....	65
ภาคผนวก ข ผลการทดสอบพารามิเตอร์จำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่น .....	68
ภาคผนวก ค การวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA).....	109
ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์ .....	117





สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
4.1 รายละเอียดของจำนวนเที่ยวบินและจำนวนเครื่องบิน .....	20
4.2 รายละเอียดของแต่ละชุดข้อมูล.....	20
4.3 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 1 .....	22
4.4 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 1 .....	24
4.5 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบินของข้อมูลชุดที่ 1 .....	24
4.6 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 2 .....	27
4.7 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 2 .....	29
4.8 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบินของข้อมูลชุดที่ 2 .....	29
4.9 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 3 .....	32
4.10 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 3 .....	34
4.11 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบินของข้อมูลชุดที่ 3 .....	34
4.12 จำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่นที่ให้คำตอบที่ดีที่สุดของแต่ละวิธีและแต่ละข้อมูล .....	37
4.13 ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยและเวลาเฉลี่ยของชุดพารามิเตอร์ที่ให้คำตอบที่ดีที่สุดของแต่ละวิธีและแต่ละข้อมูล.....	37
4.14 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.6 โดยการใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด .....	40
4.15 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.7 โดยการใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด .....	40
4.16 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.8 โดยการใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด .....	41

4.17 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.9	
โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด .....	41
4.18 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.6	
โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด .....	46
4.19 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.7	
โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด .....	46
4.20 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.8	
โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด .....	47
4.21 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.9	
โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด .....	47
4.22 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.6	
โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน .....	52
4.23 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.7	
โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน .....	52
4.24 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.8	
โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน .....	53
4.25 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.9	
โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน .....	53
4.26 ค่าความเหมาะสมโดยเฉลี่ยของการใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีน ระหว่างโครโมโซมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมทั้ง 3 แบบ.....	58

สารบัญภาพ

ภาพที่	หน้า
3.1 ตัวอย่างการสร้างโครโมโซม .....	14
3.2 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม.....	15
3.3 ตัวอย่างของการคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต.....	16
3.4 ตัวอย่างขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด.....	17
3.5 ตัวอย่างขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด.....	17
3.6 ตัวอย่างขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน.....	18
3.7 ตัวอย่างการกลายพันธุ์.....	18
4.1 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 1.....	23
4.2 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 1.....	23
4.3 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 1.....	25
4.4 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 1.....	25
4.5 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนเฉพาะฝูงบินของข้อมูลชุดที่ 1 .....	26
4.6 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน ของข้อมูลชุดที่ 1.....	26
4.7 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 2.....	28
4.8 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 2.....	28
4.9 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 2.....	30
4.10 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 2.....	30
4.11 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนเฉพาะฝูงบินของข้อมูลชุดที่ 2 .....	31





4.43 จำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขของการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน โดยใช้ พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.9 .....	57
4.44 ค่าความเหมาะสมของการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน โดยใช้พารามิเตอร์ อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.9 .....	57
4.45 ค่าความเหมาะสมที่ได้จากการใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด .....	59
4.46 ค่าความเหมาะสมที่ได้จากการใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด .....	59
4.47 ค่าความเหมาะสมที่ได้จากการใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน .....	60



จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย  
CHULALONGKORN UNIVERSITY

# บทที่ 1

## บทนำ

### 1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

ในปัจจุบันธุรกิจการบินมีการแข่งขันสูงขึ้น ในขณะที่ผู้บริโภคก็มีความต้องการที่หลากหลาย ดังนั้นสายการบินจำเป็นต้องวางแผนการดำเนินการให้ดีเพื่อลดต้นทุนของสายการบิน และยังคงวางแผนการดำเนินการให้สอดคล้องกับความต้องการของผู้บริโภคด้วย เพื่อดึงดูดผู้โดยสารให้มาใช้บริการให้มากขึ้น ซึ่งจะส่งผลให้สายการบินมีผลกำไรมากยิ่งขึ้น ดังนั้นจะเห็นได้ว่าการวางแผนการดำเนินการของสายการบินเป็นส่วนที่สำคัญอย่างมากต่อสายการบิน

การดำเนินการของสายการบินโดยทั่วไปสามารถแบ่งออกได้เป็น 2 ส่วน ส่วนแรก คือ การวางแผนที่เหมาะสมที่สุด (planning optimization) ซึ่งประกอบไปด้วย

1. การจัดตารางเที่ยวบิน (flight scheduling) ในส่วนนี้สายการบินจะทำการกำหนดเที่ยวบินทั้งหมดของสายการบิน โดยมีวัตถุประสงค์คือต้องการตารางเที่ยวบินที่สอดคล้องกับความต้องการของผู้โดยสาร โดยที่แต่ละเที่ยวบินจะมีข้อมูลของสนามบินต้นทาง สนามบินปลายทาง และเวลาในการเดินทาง

2. การมอบหมายงานให้ฝูงบิน (fleet assignment) เป็นการมอบหมายเที่ยวบินที่สร้างขึ้นจากการจัดตารางเที่ยวบินให้กับแต่ละฝูงบิน (fleet) โดยเที่ยวบินที่ถูกมอบหมายให้กับแต่ละฝูงบินจะสามารถใช้เครื่องบินในฝูงบินนั้นบินเท่านั้น ไม่สามารถนำเครื่องบินจากฝูงบินอื่นมาบินแทนได้

3. การจัดเส้นทางการบิน (aircraft routing) ในส่วนนี้จะถูกดำเนินการหลังจากขั้นตอนการมอบหมายงานให้กับฝูงบิน โดยจะทำการจัดเส้นทางการบินให้กับเครื่องบินแต่ละลำในแต่ละฝูงบิน

4. การจัดตารางพนักงานสายการบิน (crew scheduling) เป็นการมอบหมายงานให้กับพนักงานให้ทำงานในเที่ยวบินต่างๆ โดยสอดคล้องกับกฎข้อบังคับต่างๆ

และส่วนที่สองคือการวางแผนการปฏิบัติการต่างๆ และอำนวยความสะดวกการบินที่เหมาะสมที่สุด (operation and dispatching optimization) เช่นการตั้งราคาที่นั่ง การวางแผนการเติมน้ำมัน เป็นต้น [1, 2]

สำหรับในงานวิจัยนี้จะพิจารณาปัญหาการจัดเส้นทางการบินของเครื่องบินพร้อมกับจัดตารางซ่อมบำรุงเครื่องบิน โดยการดำเนินการในส่วนนี้จะนำคำตอบที่ได้จากการมอบหมายงานให้ฝูงบินมาทำการหาเส้นทางการบินให้กับเครื่องบินแต่ละลำและนอกจากนี้ยังต้องกำหนดเวลาที่เครื่องบินแต่ละลำต้องถูกซ่อมบำรุงด้วย ซึ่งปัญหานี้เป็นปัญหาการมอบหมายงานที่มีขนาดใหญ่และมีความซับซ้อน เนื่องจากในการจัดตารางซ่อมบำรุงเครื่องบินนั้นเครื่องบินทุกฝูงบินจะต้องมีการใช้ฐานซ่อมบำรุงร่วมกัน ดังนั้นการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงของทุกฝูงบินจึงต้องทำพร้อมกัน ไม่สามารถแยกจัดเฉพาะสำหรับแต่ละฝูงบินได้ นอกจากนี้ข้อจำกัดทางด้านความจุของฐานซ่อมบำรุงแล้วการจัดเส้นทางการบินของเครื่องบินพร้อมกับจัดตารางซ่อมบำรุงเครื่องบินยังต้องสอดคล้องกับกฎการซ่อมบำรุง ภาระการทำงานของพนักงาน และกฎข้อบังคับต่างๆ ของบริษัท โดยปกติแล้วในการ

หาคำตอบของปัญหานี้จะใช้ตัวแบบ 0-1 กำหนดการเชิงจำนวนเต็ม ซึ่งมักจะใช้เวลาคำนวณนาน เนื่องจากปัญหามีขนาดใหญ่ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นวิธีการทางฮิวริสติกที่ใช้เวลาในการคำนวณน้อยกว่า ถึงแม้ว่าคำตอบที่ได้จากวิธีการนี้อาจจะไม่ใช่ว่าคำตอบที่ดีที่สุดแต่บางครั้งก็เป็นคำตอบที่ดีที่สุดเพียงพอที่สามารถนำไปใช้ได้แล้วในทางปฏิบัติ

## 1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย

เพื่อศึกษาและประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับแก้ปัญหาการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงโดยใช้ข้อมูลของบริษัทการบินไทยเป็นกรณีศึกษา โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อกำหนดเส้นทางการบินและกำหนดเวลาซ่อมบำรุงให้กับเครื่องบินแต่ละลำที่ช่วยลดค่าใช้จ่ายของสายการบิน โดยต้องสอดคล้องกับเงื่อนไขการซ่อมบำรุงของทางบริษัทและระเบียบปฏิบัติของสถาบันการบินพลเรือน ค่าใช้จ่ายในที่นี้จะพิจารณาเฉพาะเวลารอก่อนซ่อมบำรุงและเวลาบินที่เหลือที่เครื่องบินยังสามารถบินได้ก่อนต้องนำเครื่องเข้าซ่อมบำรุงของเครื่องบินทุกลำรวมกัน

## 1.3 ขอบเขตของงานวิจัย

ศึกษาปัญหาการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงของบริษัทการบินไทย สร้างตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์สำหรับปัญหานี้ และนำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับจัดเส้นทางการบินและจัดตารางซ่อมบำรุงโดยใช้ข้อมูลของบริษัทการบินไทยเป็นกรณีศึกษา ข้อมูลที่ใช้ในงานวิจัยเป็นข้อมูลของเครื่องบิน 4 รุ่น ได้แก่ A340-600, A330-300, B777-200ER และ B777-300 จำนวนเครื่องบินรวม 30 ลำ และจำนวนเที่ยวบินรวม 62 เที่ยวบินต่อวัน และทำการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงเป็นเวลา 7 วัน ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้ต้องสอดคล้องกับเงื่อนไขการซ่อมบำรุงของทางบริษัทและระเบียบปฏิบัติของสถาบันการบินพลเรือน

## 1.4 ลำดับขั้นตอนในการนำเสนอผลการวิจัย

วิทยานิพนธ์เล่มนี้ลำดับการนำเสนอตามหัวข้อต่างๆ ดังนี้

บทที่ 2 กล่าวถึงความรู้พื้นฐานขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งเป็นขั้นตอนวิธีที่ใช้แก้ปัญหาในงานวิจัยนี้ และงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับปัญหาการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุง

บทที่ 3 กล่าวถึงข้อมูลทั่วไปและกฎข้อบังคับต่างๆ ของบริษัทรวมถึงแนวคิดที่ใช้ในการแก้ปัญหา ตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์ของปัญหานี้ และการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการหาคำตอบ

บทที่ 4 แสดงการทดลองและผลการทดลอง

บทที่ 5 กล่าวถึงข้อสรุป ปัญหาและข้อเสนอแนะเพิ่มเติมสำหรับงานวิจัยนี้



## บทที่ 2

### ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

#### 2.1 แนวคิดและทฤษฎี

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) ถูกคิดค้นและพัฒนาขึ้นโดย John Holland และคณะ [3] ในปี ค.ศ. 1975 โดยได้รับแนวคิดมาจากหลักการคัดเลือกทางธรรมชาติและธรรมชาติทางพันธุกรรม นั่นคือสิ่งมีชีวิตที่มีความสมบูรณ์แข็งแรงมากกว่าจะมีโอกาสที่จะมีชีวิตรอดสูงกว่า และสามารถเป็นต้นแบบที่ดีในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมให้กับประชากรรุ่นต่อไป เนื่องจากประชากรรุ่นใหม่ที่เกิดจากสายพันธุ์ที่ดี ดังนั้นจึงควรมีความสมบูรณ์และแข็งแรงมากขึ้น พื้นฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเริ่มจากการสุ่มสร้างประชากรขึ้นมาซึ่งประกอบด้วยโครโมโซมจำนวนหนึ่ง โดยแต่ละโครโมโซมจะใช้เพื่อแทนคำตอบของปัญหาซึ่งอาจจะอยู่ในรูปแบบของเลขฐานสอง เลขจำนวนจริงหรือตัวอักษรมาเรียงต่อกันในแบบต่างๆ และในการวัดคุณภาพของโครโมโซมจะวัดจากค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ที่คำนวณมาจากฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function) ส่วนใหญ่แล้วฟังก์ชันความเหมาะสมจะถูกสร้างขึ้นโดยเกี่ยวข้องกับฟังก์ชันจุดประสงค์ของแต่ละปัญหา โดยโครโมโซมใดมีค่าความเหมาะสมมากก็จะมีคุณสมบัติแข็งแรงมาก โอกาสที่จะอยู่รอดไปยังรุ่นต่อไปก็มากขึ้นเช่นกัน หลังจากคำนวณค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมแล้วจะนำประชากรดังกล่าวผ่านกระบวนการทางชีววิทยา ได้แก่

- 1) การคัดเลือกโครโมโซม (Selection) จะทำการคัดเลือกโครโมโซมเพื่อไปผ่านกระบวนการสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมและการกลายพันธุ์เพื่อให้ได้ประชากรในรุ่นถัดไป โดยในการคัดเลือกโครโมโซมนั้นจะขึ้นอยู่กับค่าความเหมาะสมของโครโมโซม โดยโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมาก โอกาสที่จะถูกเลือกก็มากตามไปด้วย
- 2) การสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม (Crossover) เป็นการนำโครโมโซม 2 โครโมโซม ที่ถูกคัดเลือกจากกระบวนการข้างต้นมาผสมกันเพื่อให้ได้โครโมโซมรุ่นลูกที่มีทั้งยีน (Gene) ของโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่รวมกัน การสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมมีหลายแบบ แต่ในที่นี้ได้ยกตัวอย่างที่นิยมใช้มา 2 แบบดังนี้

- การสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด (One – point crossover)

การสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด คือ การสุ่มตำแหน่ง  $r$  ในการสืบเปลี่ยน โครโมโซมรุ่นลูกจะเกิดจากการสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่ตั้งแต่ตำแหน่ง  $r$  เป็นต้นไป

- การสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด (Two – point crossover)

การสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด คือ การสุ่มตำแหน่ง ในการสืบเปลี่ยน 2 ตำแหน่ง คือ  $r$  และ  $s$  โดยที่  $r < s$  และหลังจากนั้นทำการสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่ตั้งแต่ตำแหน่ง  $r$  จนถึง  $s$  เพื่อให้ได้ประชากรรุ่นลูกที่มียีนของโครโมโซมพ่อและแม่ผสมกัน

- 3) การกลายพันธุ์ (Mutation) เป็นการสุ่มเพื่อเปลี่ยนค่าของยีนในโครโมโซมเพียงยีนเดียวเท่านั้น เพื่อให้ได้โครโมโซมรุ่นต่อไป

ตัวอย่าง ต้องการหาค่าสูงสุดของ  $f(x) = x^2$  เมื่อ  $x$  เป็นจำนวนเต็มที่อยู่ในช่วง  $[0,31]$  โดยประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

- โครโมโซมมักจะใช้แทนคำตอบ เราจึงใช้โครโมโซมแทนค่าของ  $x$  โดยใช้วิธีการเข้ารหัสโครโมโซมในรูปแบบของเลขฐานสองที่มี 5 บิต ที่สามารถใช้แทนจำนวนเต็มตั้งแต่ 0 ถึง 31
- สำหรับฟังก์ชันความเหมาะสมที่ใช้คำนวณค่าความเหมาะสมนั้นกำหนดให้เป็น  $f(x) = x^2$  เนื่องจากวัตถุประสงค์ของปัญหานี้คือต้องการให้ค่าของ  $f(x)$  มีค่ามากที่สุด เช่นเดียวกับค่าความเหมาะสมที่เราต้องการให้มีค่ามากขึ้น
- การคัดเลือกโครโมโซมเพื่อจะทำการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมและการกลายพันธุ์ เลือกใช้การคัดเลือกโครโมโซมแบบวงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel Selection) โดยมีความน่าจะเป็น  $p_i$  ที่โครโมโซม  $x_i$  จะถูกเลือก ซึ่งความน่าจะเป็น  $p_i$  จะขึ้นอยู่กับค่าความเหมาะสมของโครโมโซม  $x_i$  ตามความสัมพันธ์ต่อไปนี้

$$p_i = \frac{F_i}{\sum_{j=1}^n F_j}$$

โดยที่  $F_i$  คือ ค่าความเหมาะสมของโครโมโซม  $x_i$  ซึ่งคำนวณจาก  $f(x_i)$

$n$  คือ จำนวนประชากร

- สำหรับการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม เป็นการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมแบบ 1 จุด
- สมมติให้จำนวนประชากรในแต่ละรุ่น คือ 4
- กำหนดจำนวนรุ่นคือ 5 รุ่น

รุ่นที่ 1

- สุ่มสร้างประชากรรุ่นแรกทีประกอบด้วยโครโมโซม 4 โครโมโซม ดังต่อไปนี้

0 1 1 0 1      1 1 0 0 0      0 1 0 0 0      1 0 0 1 1

- คำนวณค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม โดยเริ่มจากการแปลงค่าของแต่ละโครโมโซมออกมาเป็นเลขจำนวนเต็ม

0 1 1 0 1 แปลงเป็นเลขจำนวนเต็มได้เป็น 13

1 1 0 0 0 แปลงเป็นเลขจำนวนเต็มได้เป็น 24

0 1 0 0 0 แปลงเป็นเลขจำนวนเต็มได้เป็น 8

1 0 0 1 1 แปลงเป็นเลขจำนวนเต็มได้เป็น 19

หลังจากนั้นคำนวณค่าความเหมาะสมจากฟังก์ชันความเหมาะสมและคำนวณค่าความน่าจะเป็นที่แต่ละโครโมโซมจะถูกเลือกซึ่งแสดงดังตารางต่อไปนี้

$i$	โครโมโซม	$x_i$	ฟังก์ชันความเหมาะสม ( $F_i$ ) $f(x_i) = x_i^2$	$p_i$
1	01101	13	169	0.14
2	11000	24	576	0.50
3	01000	8	64	0.05
4	10011	19	361	0.31
ค่าสูงสุด	11000	24	576	0.50

3. ต่อไปเราจะคัดเลือกโครโมโซมจากประชากรในรุ่นที่ 1 เพื่อทำการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมและการกลายพันธุ์เพื่อให้ได้ประชากรในรุ่นต่อไป จากตารางจะเห็นได้ว่า โครโมโซมที่ 2 มีโอกาสที่จะถูกเลือกเพื่อที่จะนำมาทำการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมและการกลายพันธุ์มากที่สุด เนื่องจากมีค่าความเหมาะสมมากที่สุด และเพื่อให้เห็นตัวอย่างของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมและการกลายพันธุ์ดังนั้นจึงกำหนดสัดส่วนในการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมเป็น 0.5 และสัดส่วนในการกลายพันธุ์เป็น 0.5 นั่นคือประชากรในรุ่นลูกจะเกิดจากการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 โครโมโซม และอีก 2 โครโมโซมมาจากการกลายพันธุ์

- การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม

สุ่มเลือกโครโมโซมขึ้นมา 2 โครโมโซมเพื่อทำการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม

0 1 1 0 1                      1 1 0 0 0

หลังจากนั้นสุ่มตำแหน่งที่จะทำการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมตั้งแต่ตำแหน่งที่ 4 และทำการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม ได้โครโมโซมรุ่นลูกดังต่อไปนี้

0 1 1 0 0                      1 1 0 0 1

- การกลายพันธุ์

สุ่มเลือกโครโมโซมจากประชากรรุ่นแรกขึ้นมา 2 โครโมโซมเพื่อทำการกลายพันธุ์

1 0 0 1 1                      1 1 0 0 0

หลังจากนั้นสุ่มตำแหน่งที่จะทำการเปลี่ยนค่าของยีนในโครโมโซม โดยโครโมโซมแรกสุ่มได้ในตำแหน่งที่ 2 และโครโมโซมที่ 2 สุ่มได้ในตำแหน่งที่ 4 และทำการเปลี่ยนค่าของยีน ได้โครโมโซมรุ่นลูกดังต่อไปนี้

1 1 0 1 1                      1 1 0 1 0

ดังนั้นเราจะได้ประชากรในรุ่นที่ 2 ที่มาทั้งจากการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมและการกลายพันธุ์ ดังนี้

0 1 1 0 0                      1 1 0 0 1                      1 1 0 1 1                      1 1 0 1 0  
 หลังจากนั้นนำประชากรรุ่นที่ 2 นี้ไปทำซ้ำในขั้นตอนที่ 1 ถึง 3 จนได้ประชากรในรุ่นที่ 5 ดังต่อไปนี้

1 1 0 1 0                      1 1 0 1 1                      1 1 1 1 0                      1 1 1 1 1

ซึ่ง 1 1 1 1 1 เป็นคำตอบที่ดีที่สุดในเรื่องที่ 5 คือ มีค่า 31 และ มีค่าความเหมาะสมเป็น 691

## 2.2 ผลงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

จากการทบทวนงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับปัญหาการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุง พบว่ามีงานวิจัยมากมายที่ได้ศึกษาปัญหานี้ โดยมีเป้าหมายต่างๆ กัน เช่น เพื่อลดค่าใช้จ่ายในการซ่อมบำรุง ตรวจสอบนโยบายในการซ่อมบำรุง เป็นต้น เมื่อมองในแง่ของวิธีการแก้ปัญหา งานวิจัยโดยส่วนใหญ่มักจะสร้างตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์ในรูปแบบของตัวแบบ 0-1 กำหนดการเชิงจำนวนเต็ม [4, 5, 6, 7] นอกจากนี้ยังมีงานวิจัยที่ใช้วิธีการอื่นๆ ในการแก้ปัญหา เช่น two-phase heuristic algorithm [8], Benders decomposition [9], วิธีการค้นหาในแนวลึก (depth first search) ร่วมกับการค้นหาแบบสุ่ม (random search) [10]

ในหัวข้อนี้ต้องการมุ่งความสนใจไปยังงานวิจัยที่ศึกษาปัญหาการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุง โดยมีเป้าหมายเพื่อให้เครื่องบินได้ใช้งานมากที่สุดก่อนเข้าซ่อมบำรุงตามกฎหรือเพื่อให้เวลารอก่อนเข้าซ่อมบำรุงน้อยที่สุด ซึ่งเป็นเป้าหมายเดียวกันกับในงานวิจัยนี้ ตัวอย่างของงานวิจัยดังกล่าวมีต่อไปนี้

Sarac, Batta และ Rump [11] ได้พัฒนาตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์สำหรับปัญหาการจัดตารางซ่อมบำรุงเครื่องบิน ซึ่งเขาได้ใช้รูปแบบเซตพาร์ทิชันนิ่งในการสร้างตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์ของปัญหา โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อลดจำนวนชั่วโมงที่เครื่องบินไม่ได้ถูกใช้งาน การหาคำตอบของปัญหาเขาได้นำเสนอวิธีการบรันชแอนด์โพรซ์

Afsar, Espinouse และ Penz [12] ได้ศึกษาปัญหาการจัดตารางบินและตารางซ่อมบำรุง และทำการเปรียบเทียบนโยบายการซ่อมบำรุงต่างๆ โดยมีเป้าหมายเพื่อให้เครื่องบินได้ใช้งานสูงสุดก่อนได้รับการซ่อมบำรุงโดยไม่เกินชั่วโมงบินที่กำหนด ในการหาคำตอบใช้วิธีการทางฮิวริสติกคือ ขั้นตอนวิธีการหาวิถีที่ยาวที่สุด (longest path algorithm) ซึ่งสามารถหาคำตอบสำหรับตารางบินและซ่อมบำรุง 1 สัปดาห์ ได้ในเวลา 2 – 7 นาที

Jeeanuntha, Kasemsontitum และ Noichawee [1] ศึกษาปัญหาการจัดเส้นทางการบินของเครื่องบินและจัดตารางซ่อมบำรุงเครื่องบินของบริษัทการบินไทย โดยกำหนดเงื่อนไขในการซ่อมบำรุงคือเครื่องบินทุกลำต้องได้รับการซ่อมเดือนละ 1 ครั้ง ในการสร้างตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์ได้ใช้ตัวแบบการไหลของสินค้าโภคภัณฑ์หลายชนิด (multi-commodity flow model) โดยมีเป้าหมายเพื่อลดเวลารอเพื่อเข้าซ่อมบำรุง สำหรับการหาคำตอบได้ใช้ซอฟต์แวร์ IBM ILOG CPLEX 12.10 ในการหาคำตอบ

งานวิจัยที่ศึกษาปัญหาดังกล่าวนี้นี้มีเพียงงานวิจัยเดียวที่พบที่นำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมาใช้ในการหาคำตอบสำหรับปัญหานี้ ดังต่อไปนี้

Yang และ Yang [13] ได้ศึกษาปัญหาการจัดตารางซ่อมบำรุงเครื่องบินและขั้นตอนวิธีในการหาคำตอบ ได้นำเสนอตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์ของปัญหา โดยมีจุดประสงค์คือต้องการลดค่าใช้จ่ายในการซ่อมบำรุง และการซ่อมบำรุงเป็นไปตามกฎการซ่อมบำรุง ซึ่งได้ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการหาคำตอบ โดยในการเข้ารหัสโครโมโซมได้แบ่งเป็น 2 ส่วน คือ ส่วนของเที่ยวบิน (flight string) และ ส่วนของการซ่อมบำรุง (maintenance string) สำหรับการวัดคุณภาพของโครโมโซมได้กำหนดฟังก์ชันความเหมาะสมเป็นส่วนกลับของฟังก์ชันจุดประสงค์ที่มาจากตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์ ในการคัดเลือกได้ใช้วิธีการคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต สำหรับการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมเป็นการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมแบบ 1 จุด และการกลายพันธุ์เป็นการเปลี่ยนฐานซ่อมบำรุง โดยได้ทดลองหาคำตอบสำหรับวันที่ 1 – 5 ตุลาคม พ.ศ. 2555 กับข้อมูลของสายการบินในประเทศไทย

ในงานวิจัยนี้ศึกษาปัญหาการจัดเส้นทางการบินของเครื่องบินและจัดตารางซ่อมบำรุงเครื่องบินของบริษัทการบินไทยเหมือนกับปัญหาใน [1] แต่เพิ่มเงื่อนไขในการซ่อมบำรุงเป็นชั่วโมงการใช้งานของเครื่องบินก่อนการซ่อมบำรุงจะต้องอยู่ในช่วงเวลาที่กำหนด เพื่อหลีกเลี่ยงกรณีที่เครื่องบินถูกใช้งานน้อยเกินไปเนื่องจากทำให้เสียค่าใช้จ่ายในการซ่อมบำรุงมากเกินไป

## บทที่ 3

### ตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์และวิธีการหาคำตอบ

ในบทนี้จะกล่าวถึงปัญหาการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงของบริษัทการบินไทย และแนวคิดในการแก้ปัญหาดังกล่าว โดยมีเป้าหมายเพื่อให้เวลารอก่อนเข้าซ่อมบำรุงและชั่วโมงบินที่เหลือก่อนเข้าซ่อมบำรุงของเครื่องบินแต่ละลำมีค่าน้อยที่สุด

#### 3.1 ปัญหาการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงสำหรับบริษัทการบินไทย

บริษัท การบินไทย จำกัด (มหาชน) เป็นรัฐวิสาหกิจ ในสังกัดกระทรวงคมนาคม ที่ให้บริการ ทั้งเที่ยวบินภายในประเทศและเที่ยวบินระหว่างประเทศในสถานะสายการบินแห่งชาติ ที่มีฝูงบินทั้งหมดรวม 16 ฝูงบิน รวมจำนวนเครื่องบินทั้งหมด 101 ลำ [14] เนื่องจากบริษัทมีเครื่องบินจำนวนมากและเครื่องบินเหล่านี้มีการใช้งานเป็นประจำ เพื่อความปลอดภัยเครื่องบินเหล่านี้จำเป็นต้องได้รับการซ่อมบำรุงภายในช่วงเวลาที่เหมาะสมและสอดคล้องกับกฎการซ่อมบำรุง และกฎข้อบังคับต่างๆ ของบริษัท ประกอบกับจำนวนฐานซ่อมบำรุงที่จำกัดของบริษัทการบินไทย ทำให้ปัญหาการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงเป็นปัญหาที่มีขนาดใหญ่และมีความซับซ้อน

โดยปกติแล้วการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงจะเริ่มหลังจากเสร็จสิ้นการมอบหมายงานให้กับฝูงบิน โดยคำตอบของขั้นตอนการมอบหมายงานให้กับฝูงบินคือเที่ยวบินต่างๆ ของสายการบินถูกมอบหมายให้กับฝูงบินที่เหมาะสม ซึ่งคำตอบเหล่านี้จะเป็นข้อมูลที่เราจะนำมาใช้ในการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงต่อไป

ปัญหาการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงเป็นปัญหาที่มีขนาดใหญ่และมีความซับซ้อนที่จะต้องทำการจัดเส้นทางการบินให้กับเครื่องบินแต่ละลำในแต่ละฝูงบินตามที่ได้รับมอบหมายไว้ พร้อมทั้งต้องกำหนดเวลาที่จะทำการซ่อมบำรุงให้กับเครื่องบินแต่ละลำด้วย โดยที่เราไม่สามารถที่จะทำการจัดเส้นทางการบินพร้อมกับกำหนดเวลาซ่อมบำรุงให้กับเครื่องบินที่แต่ละฝูงบินได้ เนื่องจากข้อจำกัดทางด้านจำนวนของฐานซ่อมบำรุงและความจุของฐานซ่อมบำรุง ซึ่งฐานซ่อมบำรุงของบริษัทการบินไทยมีเพียงฐานเดียวเท่านั้นคือท่าอากาศยานสุวรรณภูมิ (Suvarnabhumi Airport Thailand) และในฐานซ่อมบำรุงนี้สามารถรับเครื่องบินเข้าซ่อมบำรุงได้วันละ 2 กะ กะที่หนึ่งเริ่มต้นที่เวลา 00.00 – 12.00 น. และกะที่สองเริ่มต้นเวลา 12.00 – 00.00 น. โดยในแต่ละกะสามารถรับเครื่องบินเข้าซ่อมบำรุงได้จำนวนมากที่สุด 5 ลำ ดังนั้นในหนึ่งวันสามารถรับเครื่องบินเข้าซ่อมบำรุงได้มากที่สุด 10 ลำ เพื่อให้การจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงมีประสิทธิภาพ เราจึงจำเป็นต้องทำการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงของเครื่องบินทุกฝูงบินพร้อมกัน

ในการพิจารณาความถี่ในการซ่อมบำรุงของเครื่องบินแต่ละลำขึ้นอยู่กับผลรวมของชั่วโมงบินและจำนวนรอบการบินขึ้น-ลงของเครื่องบิน ถ้าเครื่องบินลำใดที่ครบกำหนดที่จะต้องทำการซ่อมบำรุงแล้ว แต่เครื่องบินลำนั้นไม่ได้รับการซ่อมบำรุง ก็จะไม่สามารถนำไปบินในเที่ยวบินต่อไปได้จนกว่าจะได้รับการซ่อมบำรุง สำหรับกฎการซ่อมบำรุงต่างๆ มีข้อกำหนดดังต่อไปนี้

องค์การบริหารการบินแห่งประเทศสหรัฐอเมริกา (Federal Aviation Administration (FAA)) ได้แบ่งการซ่อมบำรุงเครื่องบินออกเป็น 4 ประเภท [2] ซึ่งแตกต่างกันในเรื่องของช่วงเวลาและความถี่ของการซ่อมบำรุง แต่สำหรับบริษัทการบินไทยได้จัดกลุ่มการซ่อมทั้ง 4 ประเภทนี้ ได้เป็น 2 ประเภท [1] ดังนี้

### 1. การซ่อมบำรุงอย่างเบา (Light Maintenance)

ชนิด A ทำการซ่อมบำรุงทุกๆ 65 ชั่วโมงบินหรือสัปดาห์ละครั้ง โดยตรวจสอบระบบหลักของเครื่องบิน เช่น ล้อลงดิน เครื่องยนต์ ส่วนควบคุมทิศทาง เป็นต้น

ชนิด B ทำการซ่อมบำรุงทุกๆ 300 - 600 ชั่วโมงบิน โดยตรวจสอบสภาพความหล่อลื่นของชิ้นส่วนที่เคลื่อนที่ทั้งหมดและทำการตรวจสอบด้วยสายตาอย่างละเอียด

### 2. การซ่อมบำรุงอย่างละเอียด (Line Maintenance)

ชนิด C และ ชนิด D ทำการซ่อมบำรุงอย่างละเอียดทุกๆ 1 และ 4 ปี ตามลำดับ การซ่อมบำรุงชนิด C และ ชนิด D แต่ละครั้งใช้เวลา 1 เดือน ดังนั้นเครื่องบินจะไม่สามารถนำไปใช้งานได้ในช่วงระหว่างช่วงเวลาดังกล่าว

โดยทั่วไปแล้วในการจัดตารางบินและตารางซ่อมบำรุงจะไม่นำเงื่อนไขการซ่อมบำรุง ชนิด C และ ชนิด D มาพิจารณาเนื่องจากมีช่วงเวลาในการซ่อมที่กว้างซึ่งเกินกว่าช่วงเวลาที่ใช้ในการวางแผนการดำเนินการ ที่โดยปกติจะจัดทำประมาณ 1 - 4 สัปดาห์

สำหรับในงานวิจัยนี้ได้ใช้กฎการซ่อมบำรุงแบบเดียวกับ [1] ซึ่งพบเฉพาะในบริษัทการบินไทยเท่านั้นคือรวมการซ่อมชนิด A และ B ไว้ด้วยกัน และเรียกการซ่อมชนิดนี้ว่า การซ่อมชนิด A และทำการซ่อมทุกๆ 300-600 ชั่วโมงบินหรือเดือนละหนึ่งครั้ง ในการซ่อมบำรุงชนิด A ของบริษัทการบินไทยหนึ่งครั้งใช้เวลา 12 ชั่วโมง ซึ่งในงานวิจัยนี้ได้ใช้เงื่อนไขการซ่อมบำรุงคือเครื่องบินจะได้รับการซ่อมบำรุงทุกๆ 300-600 ชั่วโมงบินหรือเดือนละหนึ่งครั้ง (1 เดือน คือ 28 วัน) โดยมีเป้าหมายเพื่อให้เครื่องบินได้ใช้งานได้มากที่สุดก่อนทำการซ่อมบำรุงและเวลารอก่อนซ่อมบำรุงโดยรวมน้อยที่สุด

## 3.2 แนวคิดในการแก้ปัญหา

เนื่องจากบริษัทการบินไทยมีเที่ยวบินที่บินไปสนามบินปลายทางต่างๆ มากมายทั้งในและต่างประเทศ แต่ฐานซ่อมบำรุงของบริษัทมีเพียงที่เดียวคือท่าอากาศยานสุวรรณภูมิที่เครื่องบินทุกลำจะต้องได้รับการซ่อมบำรุงที่ฐานซ่อมบำรุงนี้ ดังนั้นเพื่อลดขนาดและข้อจำกัดของปัญหานี้ เราจึงได้ทำการจัดคู่เที่ยวบินที่มีสนามบินต้นทางและสนามบินปลายทางคือท่าอากาศยานสุวรรณภูมิขึ้น ซึ่งก็คือการรวมเที่ยวบินที่มีสนามบินต้นทางคือท่าอากาศยานสุวรรณภูมิกับสนามบินปลายทาง(สมมติว่าชื่อ X) รวมกับเที่ยวบินที่มีสนามบินต้นทางเป็นสนามบิน X และปลายทางเป็นท่าอากาศยานสุวรรณภูมิ เวลาในการออกเดินทางของคู่เที่ยวบินก็จะเป็นเวลาที่เดินทางออกจากท่าอากาศยานสุวรรณภูมิ และเวลาที่เดินทางกลับมาถึงก็จะเป็นเวลาที่เดินทางกลับมาที่ท่าอากาศยานสุวรรณภูมิอีกครั้ง ชั่วโมงบินรวมของคู่เที่ยวบินคือชั่วโมงบินรวมของทุกเที่ยวบินในคู่เที่ยวบินนั้น และไม่ไดรวมเวลารอก่อนที่จะนำเครื่องบินลำนี้มาบินในเที่ยวบินถัดไป ตัวอย่างเช่น เที่ยวบินขาไป TG 401 ออกจากสนามบินต้นทาง

คือ ท่าอากาศยานสุวรรณภูมิ (BKK) เวลา 19.25 น. ถึงสนามบินปลายทางคือ ท่าอากาศยานสิงคโปร์ชางงี (SIN) เวลา 21.45 น. ตามเวลาของประเทศไทย ชั่วโมงบินรวมคือ 2 ชั่วโมง 20 นาที และเที่ยวบินขากลับ TG 402 ออกจากสนามบินต้นทางคือ ท่าอากาศยานสิงคโปร์ชางงี (SIN) เวลา 07.15 น. ตามเวลาของประเทศไทย ถึงสนามบินปลายทางคือ ท่าอากาศยานสุวรรณภูมิ (BKK) เวลา 09.35 น. ชั่วโมงบินรวมคือ 2 ชั่วโมง 20 นาที ดังนั้นเราจะทำการจัดคู่เที่ยวบินได้เป็น TG 401 – TG 402 ที่มีสนามบินต้นทางและปลายทางคือ ท่าอากาศยานสุวรรณภูมิ (BKK) เวลาออกเดินทางคือ 19.25 น. และกลับมาถึงสนามบินปลายทางเวลา 09.35 น. ชั่วโมงบินรวมคือ 4 ชั่วโมง 40 นาที ดังนั้นต่อไปนี้มีถ้ามีการกล่าวถึงคู่เที่ยวบินจะหมายถึงคู่เที่ยวบินที่มีการรวมเที่ยวบินมากกว่า 1 เที่ยวบินไว้ด้วยกันที่มีสนามบินต้นทางและปลายทางคือท่าอากาศยานสุวรรณภูมิ (BKK) และเวลาต่างๆ เป็นไปตามที่กล่าวไว้ข้างต้น

### 3.2.1 ตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์

ในการสร้างตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์เราได้ประยุกต์ใช้ตัวแบบการไหลของสินค้าโภคภัณฑ์หลายชนิด(multi-commodity flow model) โดยกำหนดให้โครงข่ายงาน นิยามโดยกราฟ  $G = (N, A)$  เมื่อ  $N$  คือเซตของจุดต่อ (node) และ  $A$  คือเซตของอาร์ก (arc)

เราจะเริ่มจากการสร้างโครงข่ายงานของแต่ละฝูงบิน โดยที่แต่ละจุดต่อแทนการดำเนินการที่สนามบินที่ได้ถูกกำหนดเวลาไว้แล้วสำหรับในแต่ละจุดต่อ และแต่ละอาร์กใช้แทนกิจกรรมต่างๆ ตัวอย่างเช่น เครื่องบินอยู่ที่สนามบิน เครื่องบินทำการซ่อมบำรุง หรือ เครื่องบินบินในเที่ยวบินต่างๆ เป็นต้น เราสามารถแบ่งอาร์กออกได้เป็น 6 ชนิด ดังต่อไปนี้

1. Flight arc คือ อาร์กที่แสดงถึงคู่เที่ยวบิน โดยแต่ละคู่เที่ยวบินมีข้อมูลของเวลาเริ่มต้น เวลาสิ้นสุดของเที่ยวบิน และชั่วโมงบินรวมของเที่ยวบินบนอาร์กนี้ และเวลาสำหรับจัดเตรียมเครื่องบินเพื่อให้พร้อมที่จะบินในเที่ยวบินต่อไป สำหรับในแต่ละเที่ยวบินเราต้องการให้มีเครื่องบินไปบินเพียงลำเดียวเท่านั้นดังนั้นขอบเขตล่างและขอบเขตบนของอาร์กนี้คือ 1
2. Ground arc คืออาร์กที่แสดงถึงการที่เครื่องบินอยู่ที่สนามบินและไม่ได้ถูกนำไปใช้งาน ขอบเขตล่างของอาร์กนี้คือ 0 เนื่องจากเครื่องบินทุกลำอาจถูกใช้ในกิจกรรมต่างๆ ทั้งหมด และไม่มีขอบเขตบนของอาร์กนี้เนื่องจากสนามบินสามารถรองรับเครื่องบินทุกลำของสายการบินให้มาจอดที่สนามบินได้
3. Cyclic arc คืออาร์กที่เชื่อมระหว่างจุดต่อสุดท้ายกับจุดต่อเริ่มต้นของแต่ละฝูงบิน เนื่องจากเที่ยวบินแต่ละเที่ยวบินจะต้องมีการนำเครื่องบินในฝูงบินเดิมกลับมาบินซ้ำในเที่ยวบินนี้อีกในช่วงเวลาต่อไป ขอบเขตล่างและขอบเขตบนของ cyclic arc เหมือนกับ ground arc
4. Maintenance arc คืออาร์กที่แสดงถึงการเข้าซ่อมบำรุงของเครื่องบิน เนื่องจากฐานซ่อมบำรุงมีการรับเครื่องเข้าซ่อมบำรุง 2 กะต่อ 1 วัน ดังนั้นในงานวิจัยนี้จึงมี 2 maintenance arc ต่อวัน คือ อาร์กแรก เริ่มต้นที่เวลา 00.00 น. และสิ้นสุดที่เวลา 12.00 น. และอาร์กต่อมาแทนกะที่สอง เริ่มต้นที่เวลา 12.00 น. และสิ้นสุดที่เวลา 24.00 น. โดยฐานซ่อมบำรุงสามารถรับเครื่องเข้าซ่อม



ในแต่ละกะได้มากที่สุดคือ 5 ลำ ดังนั้นขอบเขตบนของอาร์กนี้คือ 5 และของเขตล่างของอาร์กนี้คือ 0 เนื่องจากฐานซ่อมบำรุงมีโอกาสที่จะว่างได้

5. Waiting arc คืออาร์กที่แสดงถึงการที่เครื่องบินรอก่อนจะเข้าซ่อมบำรุง โดยขอบเขตล่างและขอบเขตบนของอาร์กนี้จะเหมือนกับ ground arc
  6. Finished arc คืออาร์กที่เชื่อมระหว่างเวลาที่สิ้นสุด maintenance arc กับเที่ยวบินต่อไป ขอบเขตล่างและขอบเขตบนของอาร์กนี้จะเหมือนกับ maintenance arc
- ต่อไปจะกล่าวถึงสัญลักษณ์ที่ใช้ในการอธิบายตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์

เซต

$N$  คือเซตของจุดต่อทั้งหมด

$A$  คือเซตของอาร์กทั้งหมด

$MA$  คือเซตของ maintenance arc

$WA$  คือเซตของ waiting arc

$GA$  คือเซตของ ground arc

$AC$  คือเซตของเครื่องบิน

$D$  คือเซตของวันที่จะทำการจัดตาราง

$F$  คือเซตของฝูงบิน

$C$  คือเซตของ cyclic arc

$S$  คือเซตของกะการซ่อมบำรุง

$MA_s$  คือเซตของ maintenance arc ในกะที่  $s$

$MA_d$  คือเซตของ maintenance arc ในวันที่  $d$

$FL_s$  คือเซตของ flight arc ของกะ ที่  $s$

ตัวแปรตัดสินใจ

$X_{(i,j)}^a$  คือตัวแปรตัดสินใจแสดงถึงการไหลของเครื่องบิน  $a$  จากจุดต่อ  $i$  ไปยังจุดต่อ  $j$  ที่มีค่าเป็น 0 หรือ 1

ตัวแปรช่วย

$T_s^a$  คือชั่วโมงบินรวมของเครื่องบิน  $a$  ในกะที่  $s$

$D_d^a$  คือจำนวนวันที่ถูกใช้งานรวมของเครื่องบิน  $a$  ในวันที่  $d$

ดัชนี

$i_p$	คือดัชนีอ้างอิงจุดต่อ โดยที่ $p \in \{1, 2, \dots, n\}$ และ $n =  N $
$i, j, k, l$	คือดัชนีอ้างอิงจุดต่อ
$a$	คือดัชนีอ้างอิงเครื่องบิน
$s$	คือดัชนีอ้างอิงกะการซ่อมบำรุง
$d$	คือดัชนีอ้างอิงวัน

พารามิเตอร์

$L_{(i,j)}$	คือขอบเขตล่างของอาร์ก $(i, j)$
$U_{(i,j)}$	คือขอบเขตบนของอาร์ก $(i, j)$
$W_{(i,j)}$	คือเวลารอสำหรับอาร์ก $(i, j)$
$t_{(i,j)}$	คือชั่วโมงที่เครื่องบินถูกใช้งานของอาร์ก $(i, j)$
$T_0^a$	คือชั่วโมงบินรวมเริ่มต้นของเครื่องบิน $a$
$D_0^a$	คือจำนวนวันที่ถูกใช้งานรวมเริ่มต้นของเครื่องบิน $a$
$f_i$	คือฝูงบินที่สัมพันธ์กับจุดต่อ $i$
$f_a$	คือฝูงบินที่สัมพันธ์กับเครื่องบิน $a$
$f_{(i,j)}$	คือฝูงบินที่สัมพันธ์อาร์ก $(i, j)$
$B$	คือตัวเลขที่มีค่ามากๆ

ฟังก์ชันจุดประสงค์

$$\begin{aligned} & \text{minimize } \left( \sum_{a \in AC} \sum_{(i_2, i_1) \in WA} W_{(i_2, i_1)} X_{(i_2, i_1)}^a + \right. \\ & \sum_{a \in AC} \sum_{(i_2, i_1) \in WA} \sum_{(i_3, i_2) \in GA} W_{(i_3, i_2)} X_{(i_3, i_2)}^a X_{(i_2, i_1)}^a + \dots + \\ & \left. \sum_{a \in AC} \sum_{(i_2, i_1) \in WA} \sum_{(i_3, i_2) \in GA} \dots \sum_{(i_n, i_{n-1}) \in GA} W_{(i_n, i_{n-1})} \prod_{p=1}^{n-1} X_{(i_p+1, i_p)}^a \right) + \\ & \left( \sum_{a \in AC} \sum_{s \in S} \sum_{(i, j) \in MA_s} (600 - T_{s-1}^a) X_{(i, j)}^a \right) \end{aligned} \quad (1)$$

ภายใต้เงื่อนไขบังคับ

$$X_{(i, j)}^a = 1, \forall a \in AC; (i, j) \in C; f_{(i, j)} = f_a \quad (2)$$

$$X_{(i, j)}^a = 0, \forall a \in AC; (i, j) \in A; f_{(i, j)} \neq f_a \quad (3)$$

$$\sum_{(i, j) \in A} X_{(i, j)}^a - \sum_{(k, i) \in A} X_{(k, i)}^a = 0, \forall a \in AC; i \in N \quad (4)$$

$$L_{(i, j)} \leq \sum_{a \in AC} X_{(i, j)}^a \leq U_{(i, j)}, \forall (i, j) \in A \quad (5)$$

$$300 - T_{s-1}^a \leq B \prod_{(i, j) \in MA_s} (1 - X_{(i, j)}^a), \forall a \in AC; \forall s \in S \quad (6)$$

$$T_{s-1}^a - 600 \leq B \prod_{(i, j) \in MA_s} X_{(i, j)}^a, \forall a \in AC; \forall s \in S \quad (7)$$

$$T_s^a = \left( \prod_{(i, j) \in MA_s} (1 - X_{(i, j)}^a) \right) \left( \sum_{(k, l) \in FL_s} t_{(k, l)} X_{(k, l)}^a + T_{s-1}^a \right), \forall a \in AC; \forall s \in S \quad (8)$$

$$D_d^a = \left[ \prod_{(i, j) \in MA_d} (1 - X_{(i, j)}^a) \right] (D_{d-1}^a + 1), \forall a \in AC; \forall d \in D \quad (9)$$

$$D_d^a \leq 28, \forall a \in AC; \forall d \in D \quad (10)$$

$$X_{(i, j)}^a \in \{0, 1\}, \forall a \in AC; \forall (i, j) \in A \quad (11)$$

ตัวแบบนี้สร้างขึ้นภายใต้ข้อสมมติว่าเครื่องบินแต่ละลำจะถูกนำเข้าซ่อมบำรุงได้ไม่เกิน 1 ครั้ง ในช่วงระยะเวลาที่วางแผน โดยในงานวิจัยนี้มีเป้าหมายในการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุง คือต้องการลดเวลาในการรอก่อนเข้าซ่อมบำรุงและต้องการที่จะให้เครื่องบินได้ถูกใช้งานมากที่สุดก่อนเข้าซ่อมบำรุงซึ่งก็คือต้องการลดเวลาในการรอก่อนเข้าซ่อมบำรุงและการลดชั่วโมงบินที่เหลือนตามกฎการซ่อมบำรุงตั้งในฟังก์ชันจุดประสงค์ (1) สำหรับเงื่อนไขบังคับ (2) เป็นการบังคับให้มีการไหลจากจุดต่อแรกไปยังจุดต่อสุดท้ายในโครงข่ายงาน เงื่อนไขบังคับ (3) คือ เครื่องบินจะสามารถบินได้เฉพาะในอาร์กที่กำหนดไว้สำหรับฝูงบินของเครื่องบินลำนั้นเท่านั้น เงื่อนไขบังคับ (4) คือ Flow conservation constraints จำนวนเครื่องบินที่เข้าในแต่ละจุดต่อต้องเท่ากับจำนวนเครื่องบินที่ออกมาจากจุดต่อ นั้น เงื่อนไขบังคับ (5) เป็นการกำหนดขอบเขตล่างและขอบเขตบนของแต่ละอาร์กนั้น ซึ่งรวมถึงเงื่อนไขความจุของฐานซ่อมบำรุงที่สามารถรับเครื่องบินเข้าซ่อมได้ไม่เกิน 5 ลำ เงื่อนไขบังคับ (6) และ (7) เป็นเงื่อนไขชั่วโมงบินสำหรับการซ่อมบำรุง โดยเครื่องบินแต่ละลำจะต้องมีชั่วโมงบินอยู่ระหว่าง 300–600 ชั่วโมงบิน จึงจะเข้าซ่อมบำรุงได้ เงื่อนไขบังคับ (8) คือนิยามของชั่วโมงบินรวมของเครื่องบินแต่ละลำและในแต่ละกะซ่อมบำรุง เงื่อนไขบังคับ (9) คือนิยามจำนวนวันรวมของเครื่องบินแต่ละลำในแต่ละวัน เงื่อนไขบังคับ (10) คือเงื่อนไขการซ่อมบำรุง ที่เครื่องบินทุกลำจะบินได้ไม่เกิน 1 เดือน และต้องได้รับการซ่อมบำรุงเมื่อครบกำหนด และเงื่อนไขบังคับ (11) คือเงื่อนไขที่กำหนดค่าของตัวแปรตัดสินใจต้องมีค่าเป็น 0 หรือ 1 เท่านั้น

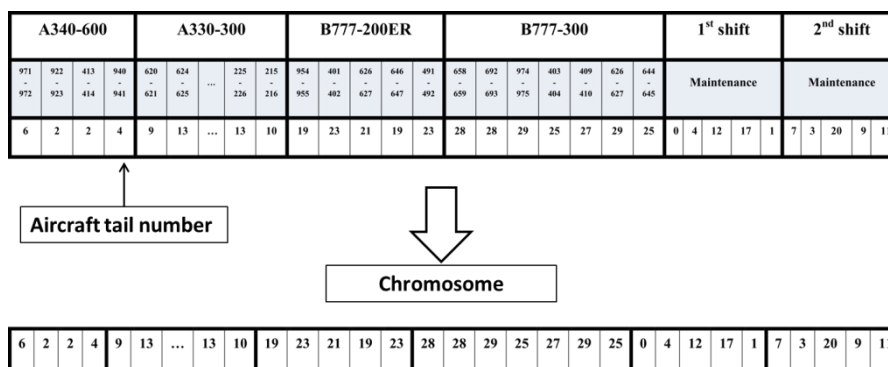
เราทดลองสร้างตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์สำหรับ 7 วัน ของเครื่องบิน 4 ฝูงบินของบริษัทการบินไทย ได้แก่ A340-600, A330-300, B777-200ER และ B777-300 มีจำนวนเครื่องบินรวม 30 ลำ และจำนวนเที่ยวบินรวม 62 เที่ยวบินต่อวัน เราพบว่าโครงข่ายงานมีขนาดใหญ่ โดยมีจำนวนจุดต่อ 433 จุด จำนวนอาร์ก 689 อาร์ก จำนวนตัวแปร 20,670 ตัวแปร และจำนวนเงื่อนไข 35,939 เงื่อนไข

เนื่องจากปัญหาการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงมีขนาดใหญ่ มีความซับซ้อนและไม่เป็นเชิงเส้น ในการแก้ปัญหาโดยตรงจะใช้เวลาในการหาคำตอบนานมาก ดังนั้นในงานวิจัยนี้ได้นำเสนอวิธีการทางฮิวริสติกเพื่อใช้ในการหาคำตอบของปัญหา เนื่องจากวิธีการทางฮิวริสติกโดยทั่วไปสามารถหาคำตอบที่ใกล้เคียงคำตอบที่ดีที่สุดโดยใช้เวลาในการหาคำตอบน้อยกว่าการแก้ปัญหาโดยตรงมาก

### 3.2.2 การประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับปัญหาการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุง

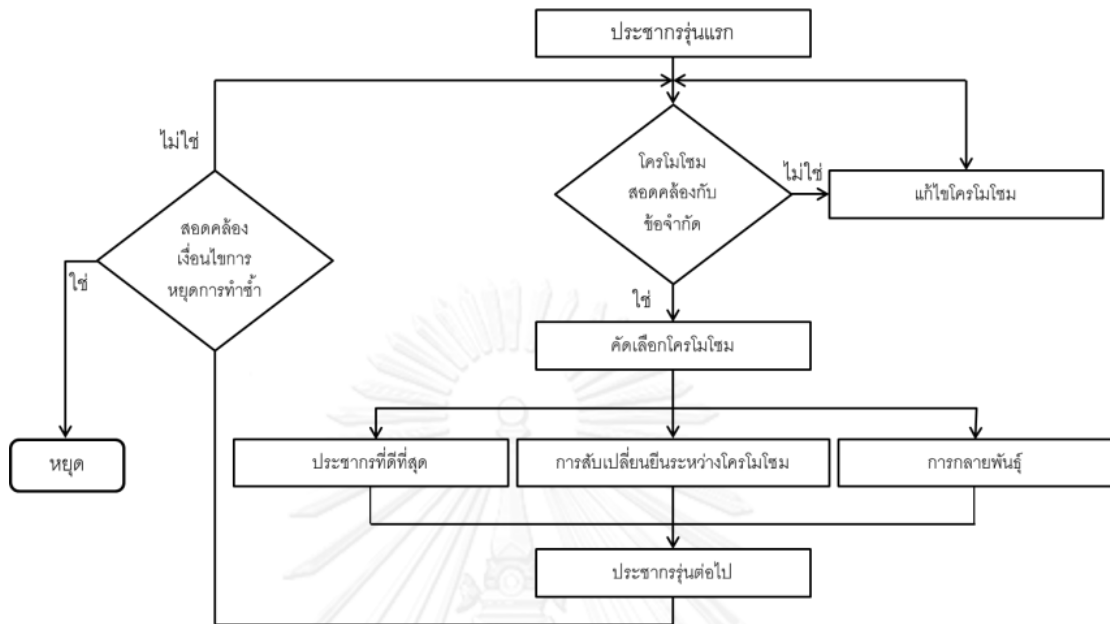
#### 3.2.2.1 วิธีการเข้ารหัสโครโมโซม (Chromosome encoding)

สำหรับงานวิจัยนี้การเข้ารหัสโครโมโซมอยู่ในรูปแบบของการเข้ารหัสแบบไม่ใช่เลขฐานสอง (non-binary encoding) มีลักษณะเป็นแถวลำดับ (array) ที่มีความยาวเท่ากับจำนวนคู่เที่ยวบินรวมกับความจุของฐานซ่อมบำรุง โดยแต่ละตำแหน่งของโครโมโซมจะถูกกำหนดเที่ยวบินไว้ และนอกจากนี้แต่ละเที่ยวบินยังได้ถูกกำหนดให้กับแต่ละฝูงบิน และไม่สามารถสลับเที่ยวบินให้เครื่องบินในฝูงบินอื่นมาบินแทนได้ ค่าของยีนแสดงถึงหมายเลขของเครื่องบินแต่ละเครื่อง (aircraft tail number) ซึ่งมีตั้งแต่ 1, 2, ...,  $N$  เมื่อ  $N$  แทนจำนวนเครื่องบิน ในตำแหน่งที่กำหนดให้เป็นของฝูงบิน  $i$  ก็จะสามารถรับเฉพาะหมายเลขเครื่องบินที่เป็นของฝูงบิน  $i$  ในตำแหน่งที่ถูกกำหนดไว้สำหรับการซ่อมบำรุงสามารถรับเครื่องบินจากทุกฝูงบินเข้าซ่อมบำรุงได้ เนื่องจากการซ่อมบำรุงมี 2 กะ ในแต่ละวันและแต่ละกะสามารถรับเครื่องบินเข้าซ่อมบำรุงได้ 5 ลำ ดังนั้นจึงมี 10 ยีนสำหรับในตำแหน่งการซ่อมบำรุง ซึ่งอาจเป็นไปได้ว่าบางช่องของฐานซ่อมบำรุงจะว่าง สำหรับกรณีที่ช่องของฐานซ่อมบำรุงว่าง ค่าของยีนที่ตำแหน่งนั้นจะมีค่าเป็น 0 ตัวอย่างของโครโมโซมแสดงในภาพ 3.1 โดยเป็นการสร้างโครโมโซมสำหรับ 1 วันที่มีฝูงบิน 4 ฝูงบิน จำนวนคู่เที่ยวบิน 31 คู่เที่ยวบิน และจำนวนเครื่องบิน 30 ลำ



ภาพที่ 3.1 ตัวอย่างการสร้างโครโมโซม

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการวิจัยครั้งนี้มีขั้นตอนทั้งหมดดังภาพที่ 3.2



ภาพที่ 3.2 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

### 3.2.2.2 การคัดเลือกโครโมโซม (Selection)

สำหรับในงานวิจัยนี้ประชากรในรุ่นถัดไปจะเกิดจากการส่งผ่านประชากรที่ดีที่สุดจากรุ่นปัจจุบัน (elitism) เป็นจำนวนร้อยละ 10 ของประชากร และประชากรอีกร้อยละ 90 ของประชากรในรุ่นถัดไปมาจากการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมและการกลายพันธุ์ เนื่องจากเราได้ทำการส่งผ่านประชากรที่ดีที่สุดจากรุ่นปัจจุบันไปยังรุ่นถัดไป ดังนั้นจึงมั่นใจได้ว่าประชากรในรุ่นถัดไปจะมีค่าความเหมาะสมที่ดีขึ้นหรือเท่าเทียมเท่านั้น ในการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมและการกลายพันธุ์นั้นโอกาสที่โครโมโซมแต่ละโครโมโซมจะถูกเลือกมาผ่านกระบวนการทั้งสองจะขึ้นอยู่กับค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม โดยค่าความเหมาะสมของโครโมโซมจะถูกคำนวณมาจากฟังก์ชันความเหมาะสม

ในงานวิจัยนี้มีเป้าหมายในการจัดเส้นทางการบินพร้อมกับจัดตารางซ่อมบำรุงเพื่อให้เครื่องบินแต่ละลำได้ใช้งานมากที่สุดโดยไม่เกินชั่วโมงบินที่กำหนดก่อนได้รับการซ่อมบำรุงและเวลารอก่อนซ่อมบำรุงน้อยที่สุด นั่นคือต้องการให้ชั่วโมงบินที่เหลือจากชั่วโมงบินตามกฎการซ่อมบำรุงและเวลารอก่อนเข้าซ่อมบำรุงน้อยที่สุด ดังนั้น ฟังก์ชันความเหมาะสมจึงถูกนิยามให้เป็นผลรวมของชั่วโมงบินที่เหลือกับเวลารอก่อนเข้าซ่อมบำรุงของเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุง ถ้าโครโมโซมใดที่มีค่าความเหมาะสมน้อยกว่าก็จะหมายความว่าโครโมโซมนั้นมีความสมบูรณ์แข็งแรงมากกว่า ฟังก์ชันความเหมาะสมนิยามดังต่อไปนี้

$$f(x_c) = \sum_{i=1}^n [(36000 - H_i) + W_i]$$

$H_i$  แทน ชั่วโมงบินรวมก่อนเข้าซ่อมบำรุงของเครื่องบิน  $i$  (นาทีก)

$W_i$  แทน เวลารอก่อนเข้าซ่อมบำรุงของเครื่องบิน  $i$  (นาทีก)

$n$  แทน จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุง

$x_c$  แทน โครโมโซมที่  $c$  โดยที่  $c = \{1, 2, \dots, M\}$  เมื่อ  $M$  แทนจำนวนประชากร

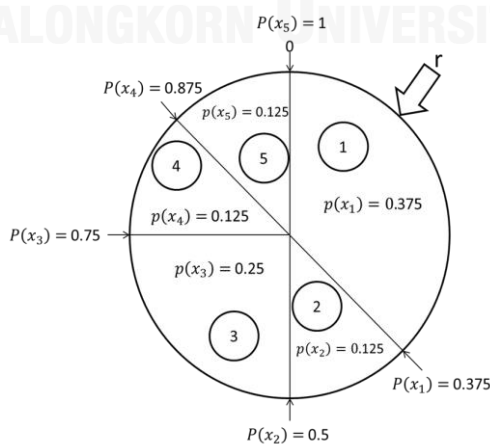
เนื่องจากฟังก์ชันความเหมาะสมของเรากำหนดให้โครโมโซมที่มีความเหมาะสมน้อยกว่าเป็นโครโมโซมที่สมบูรณ์แข็งแรงกว่า ดังนั้นในทำนองเดียวกันคือโครโมโซมใดที่มีค่าความเหมาะสมน้อย โอกาสที่จะถูกเลือกก็ต้องมากตามไปด้วย ดังนั้นค่าความน่าจะเป็นที่แต่ละโครโมโซม  $x_c$  จะถูกเลือกจึงถูกคำนวณมาจาก

$$p(x_c) = 1 - \frac{f(x_c)}{\sum_{b=1}^M f(x_b)}$$

และสำหรับในการคัดเลือกโครโมโซมเพื่อมาทำการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมและการกลายพันธุ์ จะใช้การคัดเลือกแบบวงล้อสุ่ม ซึ่งวิธีการคือกำหนดให้ความกว้างของแต่ละช่องคำนวณจากความน่าจะเป็นที่แต่ละโครโมโซมจะถูกเลือก ถ้าโครโมโซมใดมีค่าความน่าจะเป็นมาก ขนาดของช่องในวงล้อสุ่มก็จะใหญ่ โดยค่าที่ตำแหน่งต่างๆ ของวงล้อสุ่มจะคิดมาจากความน่าจะเป็นสะสมและค่าที่แต่ละช่องของวงล้อสุ่มจะเป็นดังนี้  $0, P(x_1), P(x_2), \dots, P(x_M)$  โดยที่ความน่าจะเป็นสะสมคำนวณมาจากฟังก์ชันต่อไปนี้

$$P(x_c) = \frac{\sum_{a=1}^c p(x_a)}{\sum_{b=1}^M p(x_b)}$$

หลังจากนั้นเราจะทำการสุ่มค่า  $r$  ที่อยู่ในช่วง  $[0, 1]$  ถ้าค่าของ  $r$  อยู่ในช่วงของโครโมโซมใดก็จะเลือกโครโมโซมนั้นมาเพื่อผ่านกระบวนการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมหรือการกลายพันธุ์ ตัวอย่างเช่นเรามีโครโมโซมอยู่ 5 โครโมโซม โดยที่แต่ละโครโมโซมมีค่าความน่าจะเป็นที่จะถูกเลือกเป็น  $p(x_1) = 0.375, p(x_2) = 0.125, p(x_3) = 0.25, p(x_4) = 0.125$  และ  $p(x_5) = 0.125$  ตามลำดับ หลังจากนั้นทำการสุ่มค่าของ  $r = 0.125$  ซึ่ง  $0 < r \leq P(x_1)$  ดังนั้นโครโมโซมที่ถูกเลือกคือ โครโมโซมที่ 1 ซึ่งวิธีการคัดเลือกนี้สามารถแสดงให้เห็นได้โดยง่ายดังภาพที่ 3.3



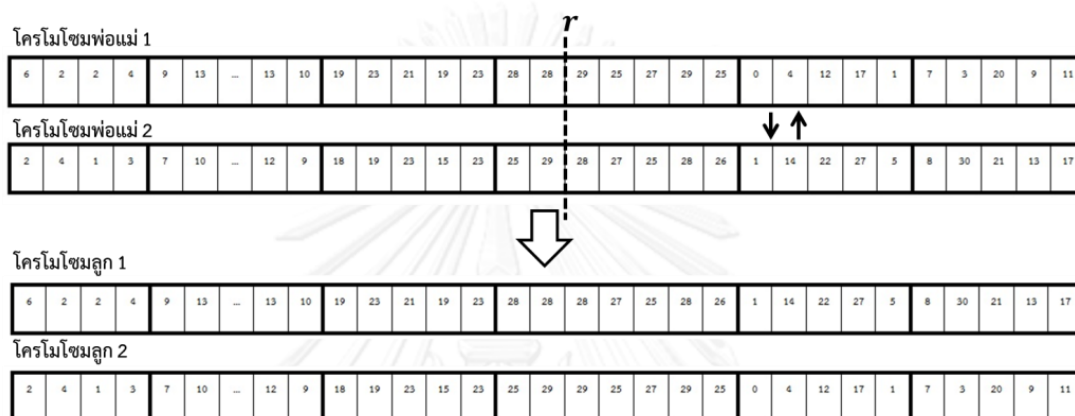
ภาพที่ 3.3 ตัวอย่างของการคัดเลือกแบบวงล้อสุ่ม

### 3.2.2.3 การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม (Crossover)

ในงานวิจัยนี้ได้ทำการทดลองการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 3 แบบด้วยกันคือ

- การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด (One – point crossover)

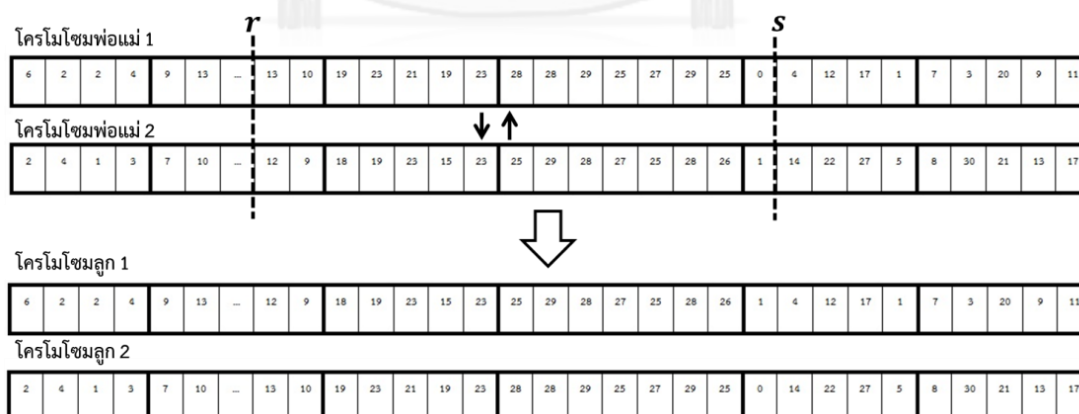
การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด คือ การสุ่มตำแหน่ง  $r$  ในการสับเปลี่ยนโครโมโซมรุ่นลูกจะเกิดจากการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่ตั้งแต่ตำแหน่ง  $r$  จนถึงตำแหน่งสุดท้ายของโครโมโซม



ภาพที่ 3.4 ตัวอย่างขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด

- การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด (Two – point crossover)

การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด คือ การสุ่มตำแหน่ง ในการสับเปลี่ยน 2 ตำแหน่ง คือ  $r$  และ  $s$  โดยที่  $r < s$  และหลังจากนั้นทำการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่ตั้งแต่ตำแหน่ง  $r$  จนถึง  $s$  เพื่อให้ได้ประชากรรุ่นลูกที่มียีนของโครโมโซมพ่อและแม่ผสมกัน

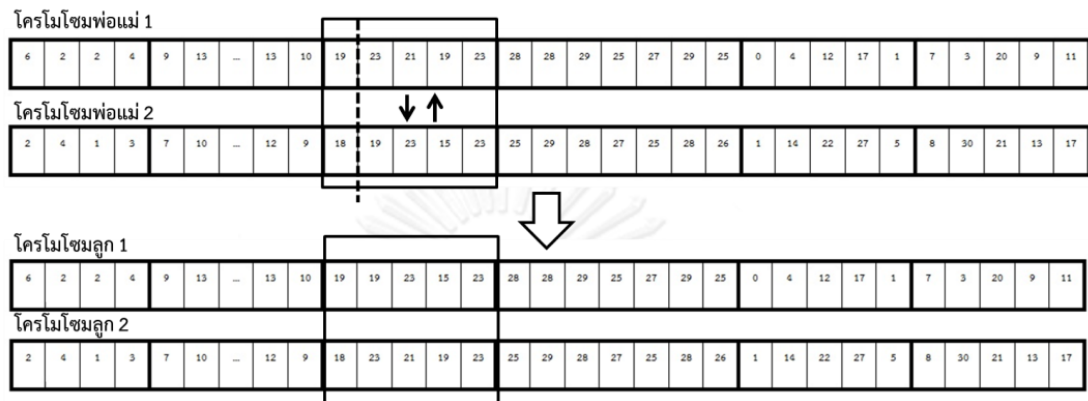


ภาพที่ 3.5 ตัวอย่างขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด

- การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน (Fleet crossover)

การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน คือ การสุ่มตำแหน่ง  $r$  ในการสับเปลี่ยน และทำการตรวจสอบตำแหน่ง  $r$  ว่าอยู่ที่เที่ยวบินของฝูงบินใด หรืออยู่ที่ตำแหน่งของการซ่อมบำรุง ถ้าอยู่ที่

เที่ยวบินของฝูงบินใดฝูงบินหนึ่งจะทำการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่ตั้งแต่ตำแหน่ง  $r$  ถึงตำแหน่งสิ้นสุดของเที่ยวบินของฝูงบินนี้ หรือถ้าอยู่ที่ตำแหน่งของการซ่อมบำรุงจะทำการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่ตั้งแต่ตำแหน่ง  $r$  ถึงตำแหน่งสุดท้ายของการซ่อมบำรุง เพื่อให้ได้โครโมโซมรุ่นลูก

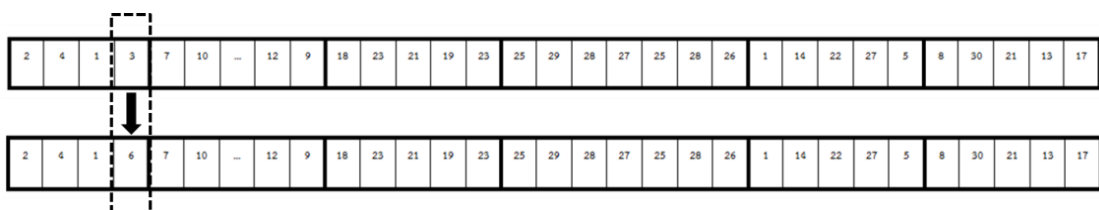


ภาพที่ 3.6 ตัวอย่างขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน

จะเห็นได้ว่าการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบินนี้จะคล้ายคลึงกับการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด แต่ต่างกันตรงที่การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบินจะมีการกำหนดจุดสิ้นสุดของการสับเปลี่ยนยีนไว้แล้ว

#### 3.2.2.4 การกลายพันธุ์ (Mutation)

การกลายพันธุ์ (Mutation) เป็นการสุ่มเพื่อเปลี่ยนค่าของยีนในโครโมโซมเพียงยีนเดียวเท่านั้นเพื่อให้ได้โครโมโซมรุ่นต่อไป โดยทำการสุ่มตำแหน่งที่จะทำการกลายพันธุ์ สำหรับงานวิจัยนี้ตำแหน่งที่สุ่มได้จะมี 2 กรณี กรณีแรกคือสุ่มได้ตำแหน่งของเที่ยวบิน ในการสุ่มเพื่อเปลี่ยนค่าของยีนในตำแหน่งนี้จะต้องสุ่มเลือกเครื่องบินลำอื่นที่อยู่ฝูงบินเดียวกับเครื่องบินที่อยู่ตำแหน่งที่มีการกลายพันธุ์เท่านั้น เนื่องจากเรามีการกำหนดฝูงบินไว้กับเที่ยวบินทั้งหมดแล้วและไม่สามารถเปลี่ยนเครื่องบินจากฝูงบินอื่นมาบินแทนได้ กรณีที่สองคือสุ่มได้ตำแหน่งของการซ่อมบำรุง สำหรับกรณีนี้ในการสุ่มเพื่อเปลี่ยนค่าของยีนสามารถสุ่มหมายเลขของเครื่องบินทุกลำที่มีอยู่เนื่องจากฐานซ่อมบำรุงสามารถรับเครื่องบินไปซ่อมได้ทุกฝูงบินหรืออาจจะสุ่มได้ 0 ซึ่งหมายถึงไม่มีเครื่องบินลำใดเข้าซ่อมที่เวลานี้เลยก็เป็นได้ ตัวอย่างเช่นในภาพ 3.7



ภาพที่ 3.7 ตัวอย่างการกลายพันธุ์



### 3.2.2.5 การแก้ไขโครโมโซม

เนื่องจากประชากรรุ่นแรกเกิดจากการสุ่มเครื่องบินให้กับเที่ยวบินต่างๆ และสุ่มเครื่องบินเพื่อเข้าซ่อมบำรุง ซึ่งอาจไม่สอดคล้องกับข้อจำกัดของปัญหา และประชากรในรุ่นถัดไปเกิดจากการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมและการกลายพันธุ์ ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้อาจจะไม่ได้โครโมโซมที่สอดคล้องกับข้อจำกัดของปัญหาเสมอไป ดังนั้นในงานวิจัยนี้จึงได้เพิ่มขั้นตอนการตรวจสอบความเป็นไปได้ของโครโมโซม (feasibility testing) และแก้ไขโครโมโซมในกรณีที่จำเป็น โครโมโซมที่ไม่สอดคล้องกับข้อจำกัดของปัญหามีอยู่ 2 กรณี คือ

1. มีเครื่องบินที่เมื่อได้รับมอบหมายให้บินในคู่เที่ยวบินหนึ่งแล้วผลรวมของชั่วโมงบินเกินกว่าชั่วโมงบินที่กำหนดหรือจำนวนวันที่ใช้งานของเครื่องบินเกินกว่าที่กำหนดไว้
  2. มีเครื่องบินที่เวลาในการบินในคู่เที่ยวบินที่ได้รับมอบหมายหรือเวลาในการเข้าซ่อมบำรุงไม่สอดคล้องกับกำหนดการบินที่ได้รับมอบหมาย
- การแก้ไขโครโมโซมที่ไม่สอดคล้องเงื่อนไข มีขั้นตอนดังต่อไปนี้
- ขั้นตอนที่ 1 เราจะทำการตรวจสอบว่าคู่เที่ยวบินใดหรือตำแหน่งซ่อมบำรุงใดที่ไม่สอดคล้องกับข้อจำกัด
  - ขั้นตอนที่ 2 คือการซ่อมแซมโครโมโซม โดยแบ่งการซ่อมแซมออกเป็น 2 กรณี คือ
    - ถ้าคู่เที่ยวบินนี้ไม่สอดคล้องกับข้อจำกัดข้อที่ 1 เราจะทำการเปลี่ยนให้เครื่องบินลำอื่นในฝูงบินเดียวกันกับเครื่องบินลำนี้มาบินในเที่ยวบินนี้แทน และหาตำแหน่งซ่อมบำรุงที่ว่างให้เครื่องบินลำนี้เนื่องจากเครื่องบินลำนี้มีชั่วโมงบินเหลือน้อยเกินกว่าจะทำการบินต่อไป
    - ถ้าคู่เที่ยวบินนี้ไม่สอดคล้องกับข้อจำกัดข้อที่ 2 เราจะทำการหาเครื่องบินลำอื่นในฝูงบินเดียวกันกับเครื่องบินลำนี้มาบินแทนในคู่เที่ยวบินนี้ในกรณีของตำแหน่งที่เป็นเที่ยวบิน และเราจะทำการส่งเครื่องบินเข้าซ่อมในตำแหน่งซ่อมบำรุงที่เหมาะสมสำหรับตำแหน่งที่เป็นตำแหน่งของการซ่อมบำรุง
  - โครโมโซมนี้ไม่สามารถซ่อมแซมได้เมื่อเกิดกรณีที่ เป็นคู่เที่ยวบินที่จำเป็นต้องหาเครื่องบินในฝูงบินเดียวกันมาบินแทน แต่เราไม่สามารถหาเครื่องบินมาบินแทนได้

## บทที่ 4

### การทดลองและผลการทดลอง

ในการทดสอบขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรม ได้ใช้กรณีศึกษาของบริษัทการบินไทยที่มีทั้งเที่ยวบินในประเทศและเที่ยวบินระหว่างประเทศของฝูงบิน A340-600, A330-300, B777-200ER และ B777-300 โดยรายละเอียดแสดงดังตารางที่ 4.1

ฝูงบิน	จำนวนเที่ยวบินต่อวัน	จำนวนเครื่องบิน
A340-600	8	6
A330-300	34	12
B777-200ER	10	6
B777-300	10	6
รวม	62	30

ตารางที่ 4.1 รายละเอียดของจำนวนเที่ยวบินและจำนวนเครื่องบิน

ในการทดลองได้ทำการหาคำตอบสำหรับช่วงเวลา 1 สัปดาห์ และได้แบ่งชุดการทดลองเป็น 3 ชุด ซึ่งรายละเอียดได้แสดงไว้ในหัวข้อต่อไปนี้

#### 4.1 รายละเอียดชุดข้อมูล

เราได้จัดชุดการทดลองออกเป็น 3 ชุดการทดลอง ที่มีขนาดแตกต่างกันตามจำนวนฝูงบิน และจำนวนเที่ยวบินแตกต่างกันตามภาระงานที่แต่ละฝูงบินได้รับมอบหมาย เพื่อแสดงว่าขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรมที่เราได้นำเสนอสามารถหาคำตอบได้ในข้อมูลที่มีขนาดแตกต่างกันออกไป โดยข้อมูลทั้ง 3 ชุดแสดงดังตารางต่อไปนี้

	ชุดข้อมูลที่ 1	ชุดข้อมูลที่ 2	ชุดข้อมูลที่ 3
จำนวนเที่ยวบินต่อวัน	34	52	62
จำนวนเที่ยวบินทั้งหมด	238	364	434
จำนวนเครื่องบิน	12	24	30
จำนวนฝูงบิน	1	3	4

ตารางที่ 4.2 รายละเอียดของแต่ละชุดข้อมูล

## 4.2 การทดลอง

ในการทำการทดลองได้ทำการสุ่มสร้างชั่วโมงบินเริ่มต้น (จำนวนชั่วโมงที่บินไปแล้ว) และจำนวนวันที่ใช้งานไปแล้วของเครื่องบินแต่ละลำขึ้น โดยเครื่องบินแต่ละลำจะถูกสุ่มชั่วโมงบินเริ่มต้นพร้อมกับจำนวนวันที่ใช้งานไปแล้วโดยชั่วโมงบินอยู่ระหว่าง 300 – 600 ชั่วโมงบิน และจำนวนที่วันใช้งานไม่เกิน 28 วัน

โปรแกรมที่ใช้ในงานวิจัยนี้เขียนขึ้นโดยใช้ภาษาไพทอน (Python) ประมวลผลบน Oracle VM VirtualBox version 4.3.4r91027 by software Sage [15] version 5.7 ด้วยระบบปฏิบัติการ Windows 7(64 บิต) บนเครื่องคอมพิวเตอร์ที่มี CPU แบบ Intel core i7 Ivy 3.7 GHz Boost Up to 4.1 GHz และแรมขนาด 8.00 GB ในงานวิจัยนี้ทำการทดลองโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 3 แบบคือ

1. การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด
2. การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด
3. การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน

ทำการทดสอบค่าพารามิเตอร์คือจำนวนโครโมโซม จำนวนรุ่น และอัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม และนอกจากนี้ยังได้กำหนดเงื่อนไขการหยุดการทำซ้ำเป็นเมื่อค่าความเหมาะสมไม่เกิดการเปลี่ยนแปลงเป็นจำนวน 10 รุ่น เพื่อดูแนวโน้มการลดลงของค่าความเหมาะสม ซึ่งผลการทดลองได้แสดงดังต่อไปนี้

## 4.3 ผลการทดลอง

### 4.3.1 ผลการทดลองทดสอบพารามิเตอร์จำนวนรุ่นและจำนวนโครโมโซม

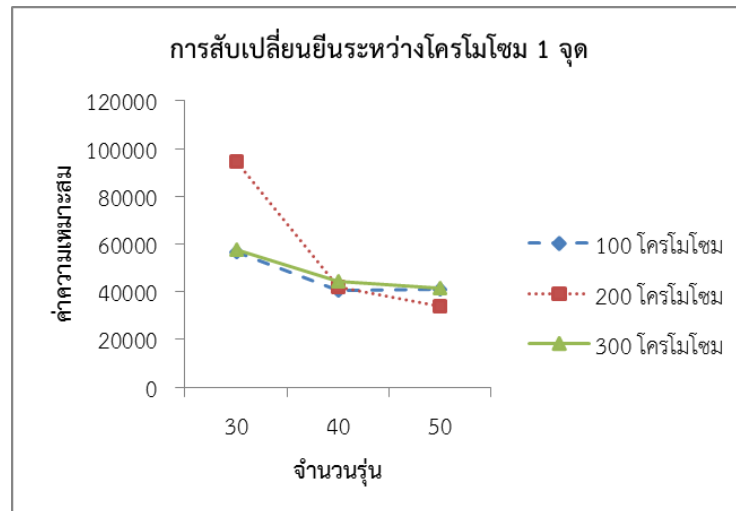
ในส่วนนี้เราได้ทำการทดสอบพารามิเตอร์จำนวนรุ่นและจำนวนโครโมโซม โดยกำหนดจำนวนโครโมโซมเป็น 100, 200 และ 300 และกำหนดจำนวนรุ่นเป็น 30, 40 และ 50 รวมชุดพารามิเตอร์ทั้งหมดคือ 9 ชุดพารามิเตอร์ โดยแต่ละกรณีทำการทดลองซ้ำ 10 ครั้ง สำหรับข้อมูลและพารามิเตอร์แต่ละชุด ในการทำซ้ำแต่ละครั้งใช้ตัวเลขเริ่มต้น (seed number) ที่ต่างกัน และหลังจากนั้นนำข้อมูลที่ได้มาวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) เพื่อวิเคราะห์ดูว่าจำนวนรุ่นและจำนวนโครโมโซมมีผลต่อค่าความเหมาะสมหรือไม่ ซึ่งผลการทดลองได้แสดงดังต่อไปนี้

#### 4.3.1.1 ผลการทดลองขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับข้อมูลชุดที่ 1

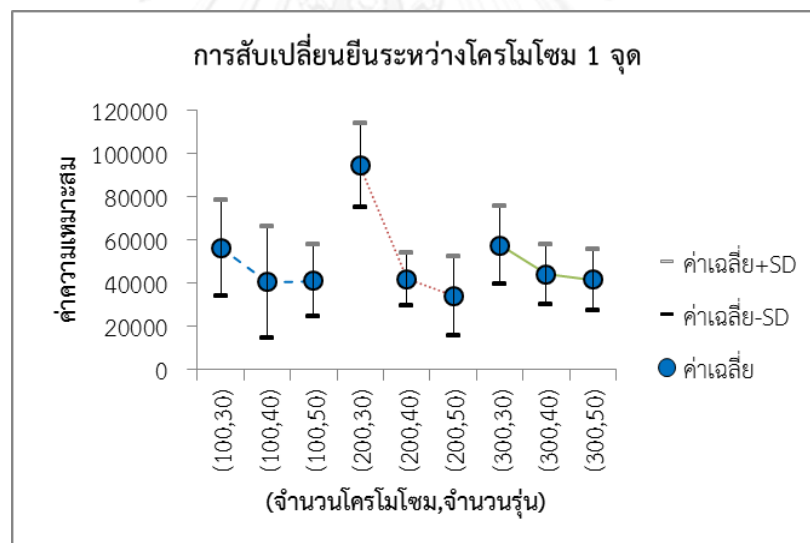
การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด				
จำนวนประชากร	จำนวนรุ่น	ค่าความเหมาะสมเฉลี่ย $\pm$ SD (นาที)	จำนวนเครื่องบินที่เข้าข่อมโดยเฉลี่ย $\pm$ SD	เวลาเฉลี่ย $\pm$ SD (วินาที)
100	30	56469.00 $\pm$ 22236.30	4.70 $\pm$ 1.34	135.79 $\pm$ 8.50
	40	40522.50 $\pm$ 25887.47	4.40 $\pm$ 1.78	179.20 $\pm$ 9.04
	50	41041.20 $\pm$ 16697.09	4.70 $\pm$ 1.16	228.14 $\pm$ 8.29
200	30	94431.00 $\pm$ 19441.03	6.00 $\pm$ 1.03	281.50 $\pm$ 9.42
	40	41945.40 $\pm$ 12121.96	4.50 $\pm$ 0.71	357.50 $\pm$ 16.44
	50	34174.90 $\pm$ 18292.58	4.00 $\pm$ 1.05	439.30 $\pm$ 17.91
300	30	57650.60 $\pm$ 18127.79	5.10 $\pm$ 0.88	396.43 $\pm$ 17.38
	40	44249.00 $\pm$ 13893.94	4.30 $\pm$ 0.82	504.36 $\pm$ 26.08
	50	41597.40 $\pm$ 14140.52	4.50 $\pm$ 1.27	642.42 $\pm$ 43.36

ตารางที่ 4.3 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้

การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 1



ภาพที่ 4.1 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 1



ภาพที่ 4.2 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 1

การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด				
จำนวนประชากร	จำนวนรุ่น	ค่าความเหมาะสมเฉลี่ย $\pm$ SD (นาทีก)	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมเฉลี่ย $\pm$ SD	เวลาเฉลี่ย $\pm$ SD (วินาที)
100	30	46765.10 $\pm$ 11843.69	4.40 $\pm$ 0.84	136.53 $\pm$ 3.84
	40	41252.20 $\pm$ 13826.57	3.80 $\pm$ 0.79	177.88 $\pm$ 8.23
	50	42644.60 $\pm$ 20463.86	4.30 $\pm$ 1.06	220.46 $\pm$ 10.06
200	30	40603.00 $\pm$ 14609.09	4.00 $\pm$ 0.94	256.63 $\pm$ 12.05
	40	49725.50 $\pm$ 14769.44	4.80 $\pm$ 0.92	355.27 $\pm$ 12.62
	50	41752.60 $\pm$ 16754.85	4.10 $\pm$ 0.99	437.70 $\pm$ 18.26
300	30	36626.40 $\pm$ 9835.78	4.10 $\pm$ 0.88	385.52 $\pm$ 16.94
	40	47814.50 $\pm$ 14252.54	4.90 $\pm$ 1.20	516.51 $\pm$ 21.88
	50	24845.70 $\pm$ 15214.97	3.50 $\pm$ 1.08	653.99 $\pm$ 24.88

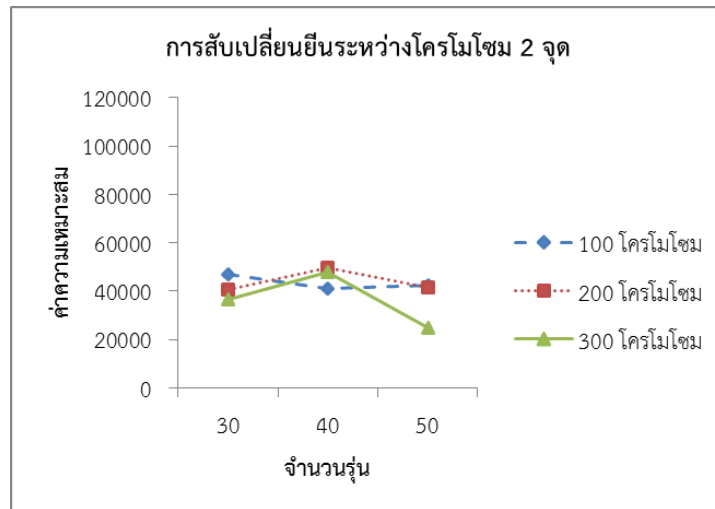
ตารางที่ 4.4 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้

การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 1

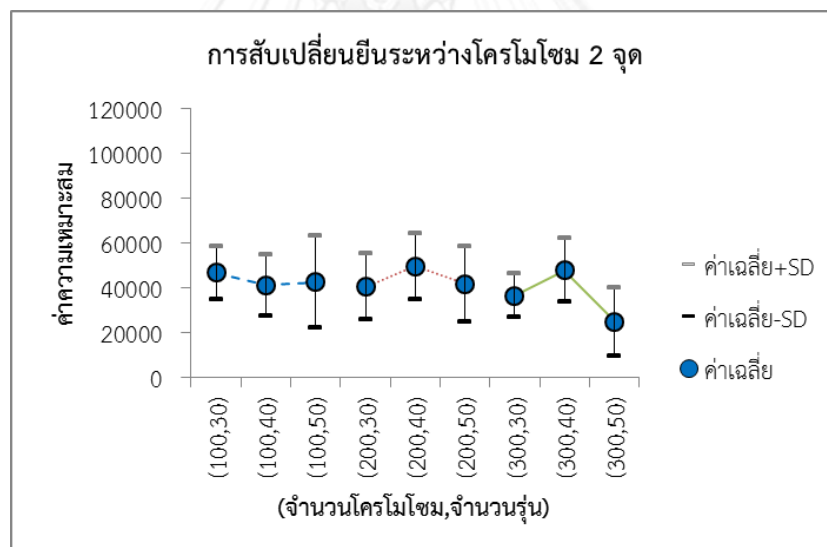
การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน				
จำนวนประชากร	จำนวนรุ่น	ค่าความเหมาะสมเฉลี่ย $\pm$ SD (นาทีก)	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมเฉลี่ย $\pm$ SD	เวลาเฉลี่ย $\pm$ SD (วินาที)
100	30	73619.70 $\pm$ 24101.37	5.90 $\pm$ 1.29	143.67 $\pm$ 4.81
	40	56724.30 $\pm$ 21735.38	4.90 $\pm$ 1.29	368.52 $\pm$ 10.04
	50	61722.90 $\pm$ 23853.45	5.20 $\pm$ 1.03	236.99 $\pm$ 5.58
200	30	63684.30 $\pm$ 19485.56	5.50 $\pm$ 1.27	273.52 $\pm$ 10.84
	40	48657.40 $\pm$ 14895.22	4.50 $\pm$ 0.85	365.22 $\pm$ 9.44
	50	56345.20 $\pm$ 19607.60	4.70 $\pm$ 1.16	458.53 $\pm$ 11.78
300	30	63895.10 $\pm$ 10150.76	5.80 $\pm$ 0.92	419.39 $\pm$ 3.89
	40	52302.40 $\pm$ 15560.61	5.20 $\pm$ 0.92	544.62 $\pm$ 14.89
	50	51025.50 $\pm$ 26800.67	4.70 $\pm$ 1.57	670.89 $\pm$ 28.56

ตารางที่ 4.5 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้

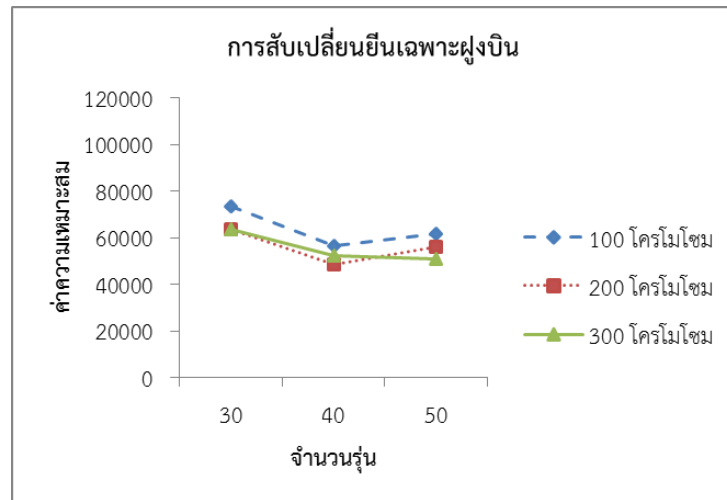
การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน ของข้อมูลชุดที่ 1



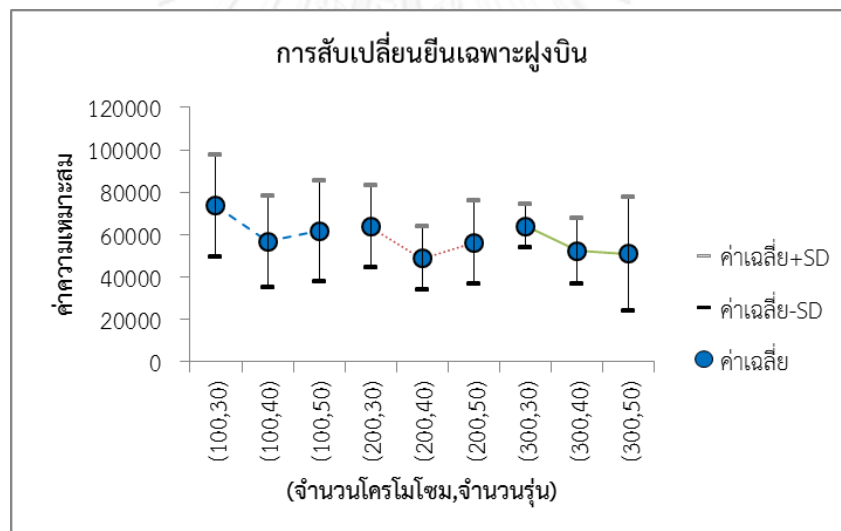
ภาพที่ 4.3 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 1



ภาพที่ 4.4 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 1



ภาพที่ 4.5 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน ของข้อมูลชุดที่ 1



ภาพที่ 4.6 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน ของข้อมูลชุดที่ 1



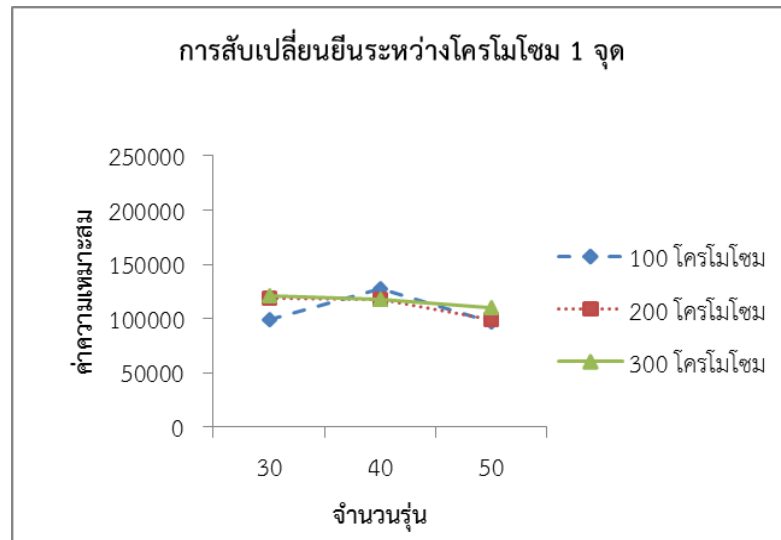
#### 4.3.1.2 ผลการทดลองขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับข้อมูลชุดที่ 2

การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด				
จำนวนประชากร	จำนวนรุ่น	ค่าความเหมาะสมเฉลี่ย $\pm$ SD (นาทีก)	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมเฉลี่ย $\pm$ SD	เวลาเฉลี่ย $\pm$ SD (วินาที)
100	30	98786.50 $\pm$ 42221.14	10.20 $\pm$ 1.81	337.17 $\pm$ 14.34
	40	127540.70 $\pm$ 65974.35	11.80 $\pm$ 3.26	432.28 $\pm$ 38.11
	50	96444.40 $\pm$ 30611.01	10.30 $\pm$ 1.42	510.76 $\pm$ 23.17
200	30	118493.00 $\pm$ 31120.74	12.00 $\pm$ 2.21	608.47 $\pm$ 21.64
	40	117493.80 $\pm$ 31307.94	11.30 $\pm$ 1.49	834.28 $\pm$ 54.69
	50	99122.00 $\pm$ 48230.92	11.10 $\pm$ 2.47	1018.88 $\pm$ 46.99
300	30	120518.40 $\pm$ 46604.43	12.00 $\pm$ 2.36	922.82 $\pm$ 47.99
	40	117847.90 $\pm$ 38389.50	11.50 $\pm$ 1.58	1275.62 $\pm$ 48.99
	50	110284.70 $\pm$ 21431.31	11.40 $\pm$ 1.43	1453.41 $\pm$ 73.74

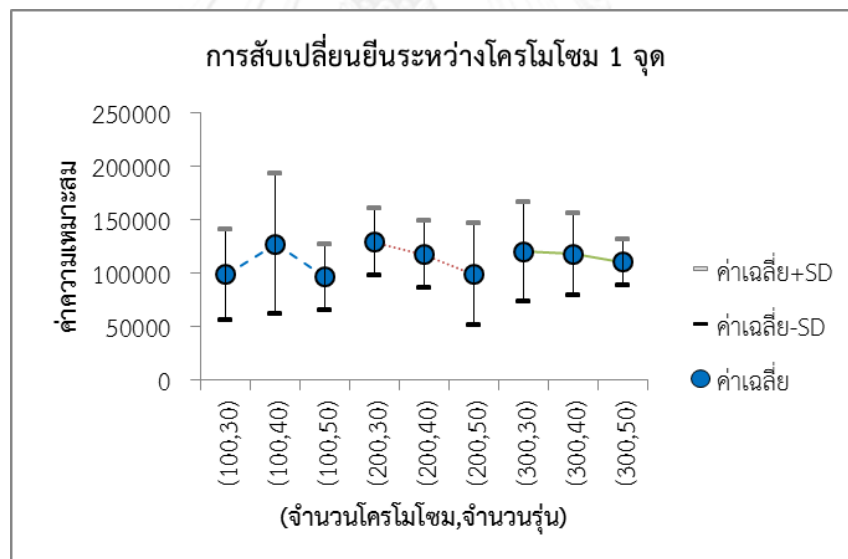
ตารางที่ 4.6 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้

การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 2





ภาพที่ 4.7 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 2



ภาพที่ 4.8 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 2

การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด				
จำนวนประชากร	จำนวนรุ่น	ค่าความเหมาะสมเฉลี่ย ± SD (นาทีก)	จำนวนเครื่องบินที่ เข้าซ่อมเฉลี่ย ± SD	เวลาเฉลี่ย ± SD (วินาที)
100	30	115629.70±26769.24	11.10±2.02	332.63±10.33
	40	109524.40±36005.51	10.70±1.77	424.13±21.71
	50	107975.60±42280.73	10.70±1.64	536.20±23.61
200	30	116983.70±42247.89	11.30±2.31	645.06±18.40
	40	112640.60±35108.34	11.20±2.25	838.11±44.54
	50	104230.70±27815.80	10.70±1.89	1060.92±27.10
300	30	134436.10±47320.94	12.30±2.98	901.82±56.55
	40	143162.60±64538.58	12.30±2.87	1448.83±64.44
	50	90899.50±41305.08	10.40±2.17	1215.87±39.06

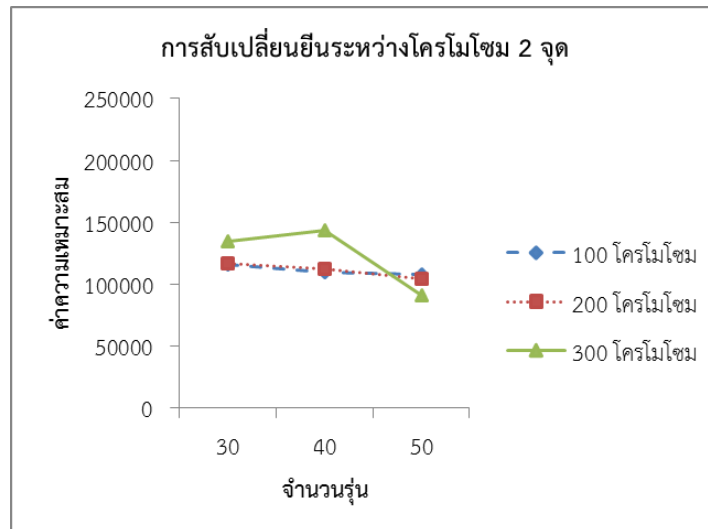
ตารางที่ 4.7 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้

การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 2

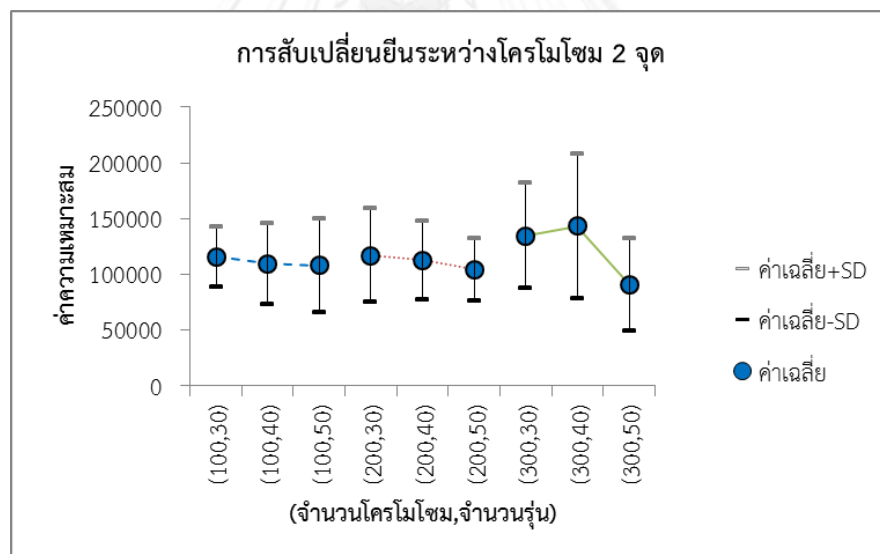
การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน				
จำนวนประชากร	จำนวนรุ่น	ค่าความเหมาะสมเฉลี่ย ± SD (นาทีก)	จำนวนเครื่องบินที่ เข้าซ่อมเฉลี่ย ± SD	เวลาเฉลี่ย ± SD (วินาที)
100	30	159121.00±30269.41	13.00±1.15	333.99±5.55
	40	160904.10±37641.78	14.50±1.84	446.55±26.03
	50	152626.90±30503.22	13.80±1.48	550.33±35.70
200	30	171949.60±39298.14	14.80±2.30	645.24±21.35
	40	152119.80±63036.76	13.20±3.36	836.94±22.27
	50	136521.60±55540.43	12.80±2.94	1050.50±48.68
300	30	185228.30±37344.15	15.40±2.07	941.90±26.45
	40	158696.40±31987.88	13.60±1.84	1225.49±42.78
	50	142294.20±46370.37	13.00±1.83	1525.80±44.02

ตารางที่ 4.8 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้

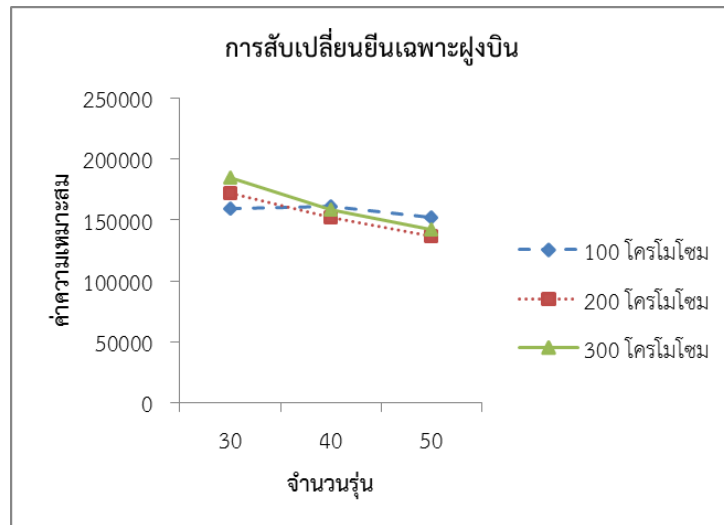
การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน ของข้อมูลชุดที่ 2



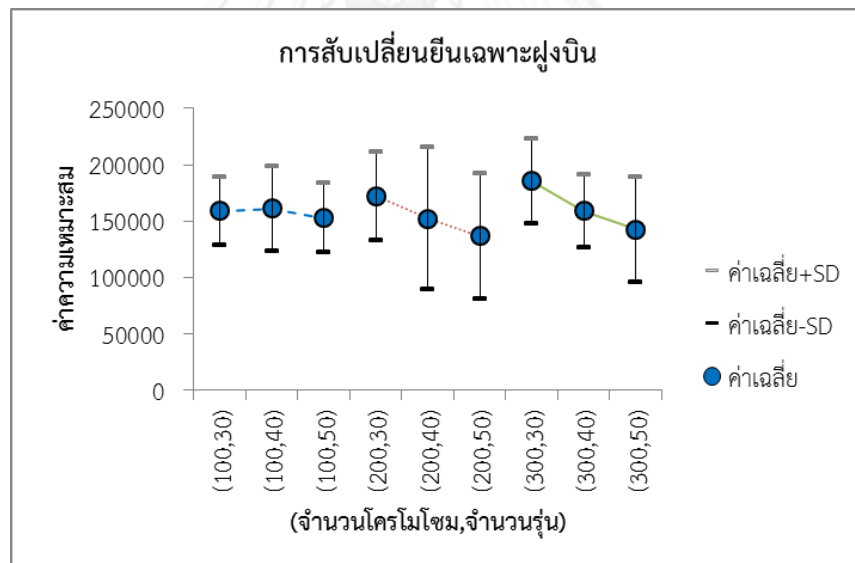
ภาพที่ 4.9 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 2



ภาพที่ 4.10 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 2



ภาพที่ 4.11 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน ของข้อมูลชุดที่ 2



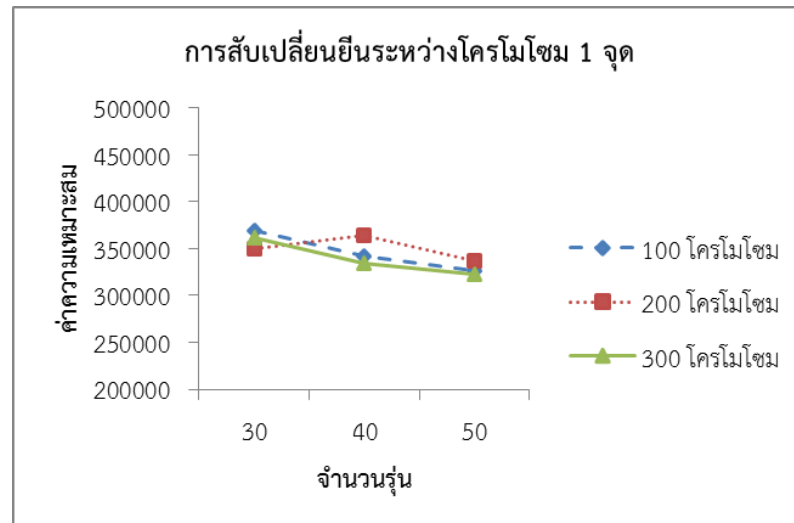
ภาพที่ 4.12 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน ของข้อมูลชุดที่ 2

#### 4.3.1.3 ผลการทดลองขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับข้อมูลชุดที่ 3

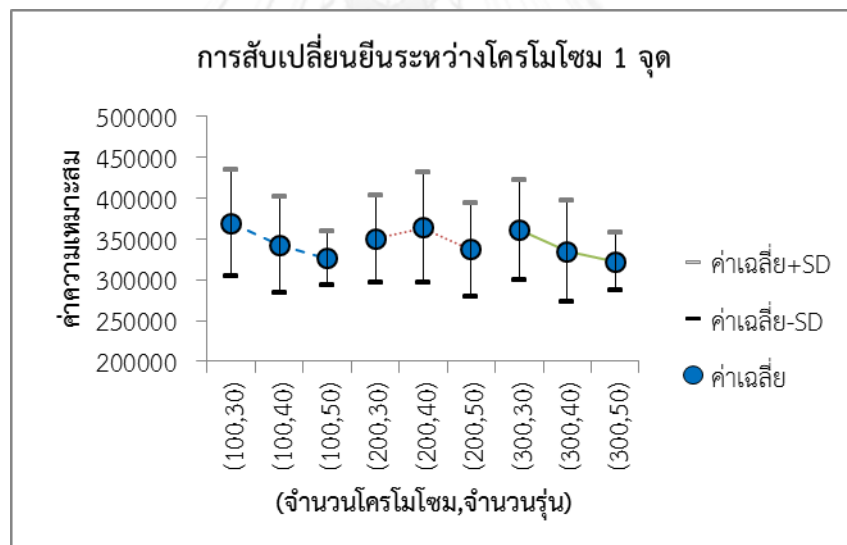
การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด				
จำนวนประชากร	จำนวนรุ่น	ค่าความเหมาะสมเฉลี่ย $\pm$ SD (นาที)	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมเฉลี่ย $\pm$ SD	เวลาเฉลี่ย $\pm$ SD (วินาที)
100	30	369213.30 $\pm$ 65013.17	22.30 $\pm$ 2.95	320.87 $\pm$ 34.47
	40	342405.30 $\pm$ 59130.23	20.60 $\pm$ 2.72	381.29 $\pm$ 9.29
	50	326275.00 $\pm$ 32491.66	19.80 $\pm$ 1.55	532.64 $\pm$ 15.18
200	30	349995.90 $\pm$ 53150.25	21.10 $\pm$ 2.38	679.87 $\pm$ 21.97
	40	363694.84 $\pm$ 67191.23	21.00 $\pm$ 3.02	739.79 $\pm$ 20.06
	50	336763.90 $\pm$ 56814.85	20.60 $\pm$ 2.27	852.31 $\pm$ 14.18
300	30	361509.40 $\pm$ 61125.22	20.70 $\pm$ 2.58	1081.50 $\pm$ 33.55
	40	334568.10 $\pm$ 62043.52	20.10 $\pm$ 2.96	1261.79 $\pm$ 37.29
	50	322089.00 $\pm$ 35696.96	18.40 $\pm$ 1.71	1470.60 $\pm$ 22.94

ตารางที่ 4.9 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้

การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 3



ภาพที่ 4.13 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 3



ภาพที่ 4.14 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ของข้อมูลชุดที่ 3

การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด				
จำนวนประชากร	จำนวนรุ่น	ค่าความเหมาะสมเฉลี่ย $\pm$ SD (นาฬิกา)	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมเฉลี่ย $\pm$ SD	เวลาเฉลี่ย $\pm$ SD (วินาที)
100	30	352177.80 $\pm$ 65152.14	20.50 $\pm$ 2.27	401.40 $\pm$ 41.22
	40	359959.90 $\pm$ 75358.31	21.30 $\pm$ 3.23	406.94 $\pm$ 34.63
	50	320062.60 $\pm$ 52336.56	19.60 $\pm$ 1.84	589.77 $\pm$ 13.50
200	30	346919.30 $\pm$ 28675.80	20.60 $\pm$ 1.43	515.76 $\pm$ 9.84
	40	364409.40 $\pm$ 48295.01	21.00 $\pm$ 2.54	643.13 $\pm$ 13.86
	50	347705.00 $\pm$ 79047.85	20.60 $\pm$ 2.99	864.78 $\pm$ 29.90
300	30	354099.20 $\pm$ 58319.67	20.80 $\pm$ 2.25	1010.64 $\pm$ 23.97
	40	374659.90 $\pm$ 58063.99	21.70 $\pm$ 2.98	1189.92 $\pm$ 38.05
	50	306023.80 $\pm$ 52145.40	18.80 $\pm$ 2.25	1398.39 $\pm$ 36.62

ตารางที่ 4.10 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้

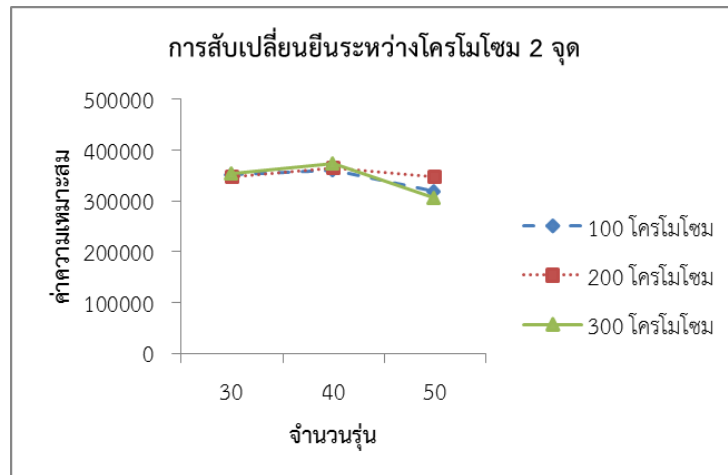
การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 3

การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน				
จำนวนประชากร	จำนวนรุ่น	ค่าความเหมาะสมเฉลี่ย $\pm$ SD (นาฬิกา)	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมเฉลี่ย $\pm$ SD	เวลาเฉลี่ย $\pm$ SD (วินาที)
100	30	367600.20 $\pm$ 28713.73	21.90 $\pm$ 1.91	362.64 $\pm$ 9.13
	40	362890.60 $\pm$ 29087.22	20.90 $\pm$ 1.60	484.73 $\pm$ 10.02
	50	326544.30 $\pm$ 61440.72	19.10 $\pm$ 2.42	605.61 $\pm$ 11.45
200	30	379211.20 $\pm$ 33734.06	21.10 $\pm$ 1.45	701.27 $\pm$ 17.95
	40	346861.30 $\pm$ 68984.70	21.10 $\pm$ 2.64	965.18 $\pm$ 21.84
	50	333375.70 $\pm$ 38284.97	19.50 $\pm$ 1.58	1216.35 $\pm$ 28.21
300	30	349831.10 $\pm$ 31817.48	20.00 $\pm$ 1.41	1068.48 $\pm$ 23.66
	40	355519.20 $\pm$ 27157.03	20.10 $\pm$ 1.52	1439.62 $\pm$ 43.69
	50	344142.30 $\pm$ 44047.40	19.90 $\pm$ 2.08	1783.57 $\pm$ 44.89

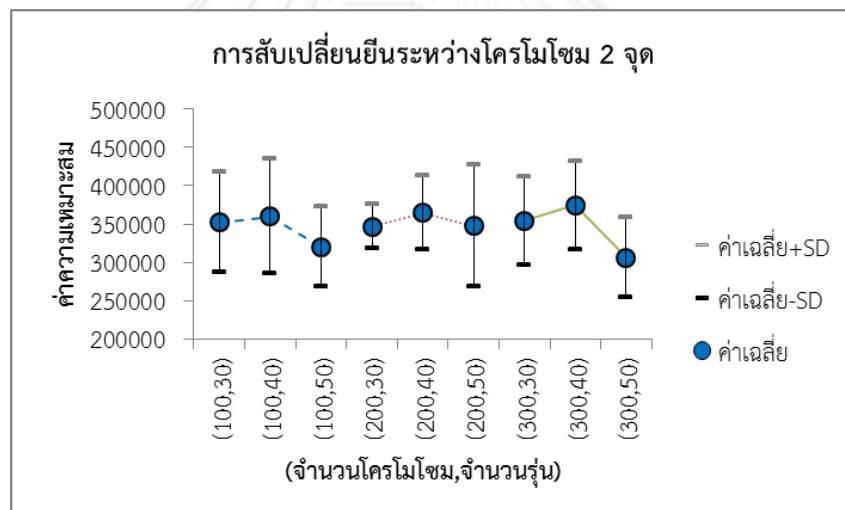
ตารางที่ 4.11 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้

การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน ของข้อมูลชุดที่ 3

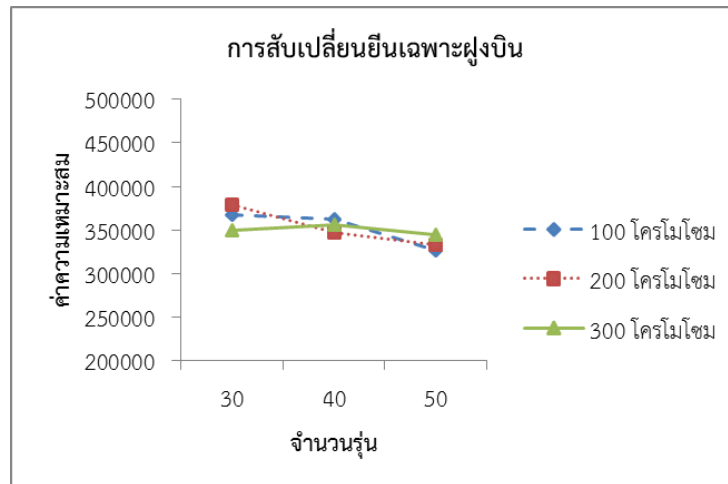




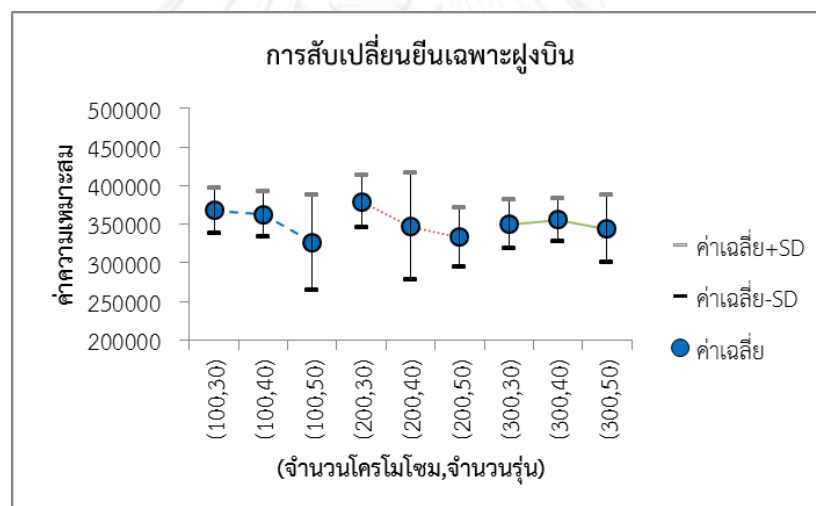
ภาพที่ 4.15 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 3



ภาพที่ 4.16 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด ของข้อมูลชุดที่ 3



ภาพที่ 4.17 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้  
การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน ของข้อมูลชุดที่ 3



ภาพที่ 4.18 ผลการทดลองโดยเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม  
โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน ของข้อมูลชุดที่ 3

หลังจากนำผลการทดลองทั้ง 10 ครั้งไปทำการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) โดยมีค่าความเชื่อมั่น 95% เพื่อวิเคราะห์ดูว่าจำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่นมีผลต่อค่าความเหมาะสมหรือไม่ โดยหลังจากการวิเคราะห์เราพบว่าจำนวนรุ่นที่ต่างกันส่งผลต่อค่าความเหมาะสม โดยคู่พารามิเตอร์ที่ให้คำตอบที่ดีที่สุดของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมแต่ละแบบ ได้ผลการทดลองดังต่อไปนี้

		การสับเปลี่ยนยีน ระหว่างโครโมโซม 1 จุด	การสับเปลี่ยนยีน ระหว่างโครโมโซม 2 จุด	การสับเปลี่ยนยีน เฉพาะฝูงบิน
ข้อมูล ชุดที่ 1	จำนวนโครโมโซม	200	300	200
	จำนวนรุ่น	50	50	40
ข้อมูล ชุดที่ 2	จำนวนโครโมโซม	100	100	200
	จำนวนรุ่น	50	50	50
ข้อมูล ชุดที่ 3	จำนวนโครโมโซม	300	300	100
	จำนวนรุ่น	50	50	50

ตารางที่ 4.12 จำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่นที่ให้คำตอบที่ดีที่สุดของแต่ละวิธีและแต่ละข้อมูล

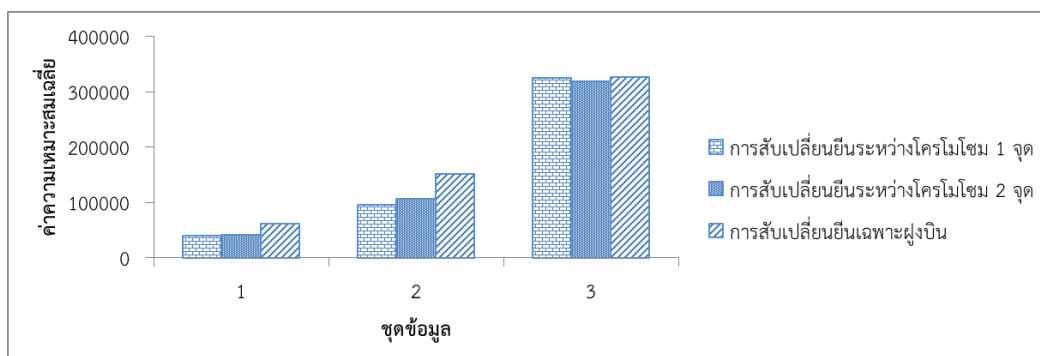
		การสับเปลี่ยนยีน ระหว่างโครโมโซม 1 จุด	การสับเปลี่ยนยีน ระหว่างโครโมโซม 2 จุด	การสับเปลี่ยน ยีนเฉพาะฝูงบิน
ข้อมูล ชุดที่ 1	ค่าความเหมาะสมเฉลี่ย	34174.90	24845.70	48657.40
	เวลาเฉลี่ย (วินาที)	439.30	653.99	365.22
ข้อมูล ชุดที่ 2	ค่าความเหมาะสมเฉลี่ย	96444.40	107975.60	136521.60
	เวลาเฉลี่ย (วินาที)	510.76	536.20	1050.50
ข้อมูล ชุดที่ 3	ค่าความเหมาะสมเฉลี่ย	322089.00	306023.80	326544.30
	เวลาเฉลี่ย (วินาที)	1470.60	1398.39	605.61

ตารางที่ 4.13 ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยและเวลาเฉลี่ยของชุดพารามิเตอร์ที่ให้คำตอบที่ดีที่สุดของแต่ละวิธีและแต่ละข้อมูล

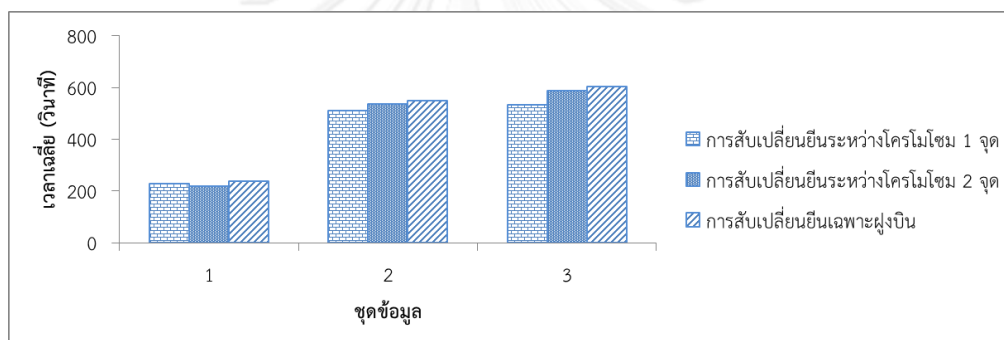
จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนพบว่า การที่จำนวนโครโมโซมต่างกันไม่ทำให้ค่าความเหมาะสมมีความแตกต่างกัน แต่จำนวนรุ่นที่ต่างกันส่งผลต่อค่าความเหมาะสม กล่าวคือเมื่อจำนวนรุ่นเพิ่มขึ้นสามารถพัฒนาค่าความเหมาะสมได้ แต่จำนวนโครโมโซมที่เพิ่มขึ้นไม่สามารถพัฒนาค่าความเหมาะสมได้เสมอไป นอกจากนี้ยังพบว่าเมื่อเราใช้จำนวนโครโมโซมมากยิ่งขึ้นทำให้เวลาในการหาคำตอบจะเพิ่มขึ้นด้วย

ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (standard deviation หรือ SD) ของค่าความเหมาะสมที่ปรากฏในตารางที่ 4.3 - 4.11 บ่งบอกถึงความเสถียรของคำตอบที่ได้จากการทำซ้ำทั้ง 10 ครั้งของแต่ละกรณี หากส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานมีค่าน้อยแสดงว่าคำตอบที่ได้ค่อนข้างเสถียร จากการพิจารณาผลการทดลองในตารางดังกล่าวพบว่า สำหรับข้อมูลชุดเดียวกันไม่พบความสัมพันธ์ระหว่างส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานและการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมแบบต่างๆ หรือระหว่างส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานและค่าพารามิเตอร์ในแบบต่างๆ อย่างไรก็ตาม พบว่าสำหรับข้อมูลชุดที่ 1 ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานจากกรณีต่างๆ อยู่ในช่วง 9,835.78-26,800.67 สำหรับข้อมูลชุดที่ 2 ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานจากกรณีต่างๆ อยู่ในช่วง 21,431.31-65,974.35 และสำหรับข้อมูลชุดที่ 3 ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานจากกรณีต่างๆ อยู่ในช่วง 27,157.03 -79,047.85 ซึ่งจะเห็นว่าข้อมูลชุดที่ 1 ซึ่งเป็นข้อมูลขนาดเล็กให้ช่วงส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานต่ำที่สุด ส่วนข้อมูลชุดที่ 2 (ขนาดกลาง) และชุดที่ 3 (ขนาดใหญ่) ให้ช่วงส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานที่สูงขึ้นตามลำดับ จึงเป็นไปได้ว่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานขึ้นอยู่กับชุดข้อมูล (ซึ่งต่างกันทั้งขนาด รวมถึงฝูงบินและเที่ยวบินที่เกี่ยวข้อง) มากกว่าปัจจัยที่เกี่ยวข้องกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่เลือกใช้

ต่อไปเราจะทำการเปรียบเทียบค่าความเหมาะสมของแต่ละข้อมูลที่ได้มาจากการใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมที่ต่างกัน โดยกำหนดจำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่นเป็น 100 และ 50 ตามลำดับ จากภาพที่ 4.19 และภาพที่ 4.20 แสดงให้เห็นว่า สำหรับข้อมูลชุดที่ 1 และชุดที่ 2 การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด ให้ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยดีที่สุด การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด และการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบินให้ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยรองลงมาตามลำดับ แต่ผลที่ได้จากการทดลองชุดที่ 3 ซึ่งเป็นข้อมูลชุดใหญ่เราพบว่าค่าความเหมาะสมที่ได้จากการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมทั้ง 3 แบบ ให้ค่าความเหมาะสมใกล้เคียงกัน และเมื่อดูเวลาที่ใช้ในการหาคำตอบแล้วจะเห็นได้ว่าในข้อมูลชุดที่ 2 และ 3 จะเห็นได้ว่าการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุดใช้เวลาในการหาคำตอบน้อยกว่าการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมแบบอื่น



ภาพที่ 4.19 ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของชุดพารามิเตอร์ที่ให้คำตอบที่ดีที่สุดของแต่ละวิธีและแต่ละข้อมูล



ภาพที่ 4.20 เวลาเฉลี่ยของชุดพารามิเตอร์ที่ให้คำตอบที่ดีที่สุดของแต่ละวิธีและแต่ละข้อมูล

#### 4.3.2 ผลการทดลองทดสอบพารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม

เราได้ทำการทดสอบพารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม โดยกำหนดเป็น 0.6 0.7 0.8 และ 0.9 เพื่อทดสอบว่าอัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมส่งผลต่อค่าความเหมาะสมอย่างไร และได้ใช้คู่พารามิเตอร์จำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่นเป็น 100 และ 50 ตามลำดับ โดยทำการทดสอบกับข้อมูลชุดที่ 3 ในการทดลองได้มีการทดลองทำซ้ำ 10 ครั้ง และหลังจากนั้นได้นำคำตอบที่ดีที่สุดจากการทำซ้ำทั้ง 10 ครั้งมาวาดกราฟแสดงค่าความเหมาะสมและจำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องกับเงื่อนไขในแต่ละรุ่น ผลการทดลองแสดงดังต่อไปนี้

4.3.2.1 ผลการทดสอบพารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด

ตารางที่ 4.14 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.6

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุง
1	300598.00	18.00
2	260872.00	17.00
3	263898.00	18.00
4	190064.00	15.00
5	377286.00	23.00
6	250838.00	16.00
7	252964.00	18.00
8	149287.00	14.00
9	232319.00	17.00
10	237452.00	14.00
ค่าเฉลี่ย	251557.80	17.00
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	60794.70	2.62

ตารางที่ 4.15 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.7

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุง
1	237414.00	18.00
2	285187.00	19.00
3	212496.00	16.00
4	206535.00	18.00
5	232861.00	16.00
6	331026.00	18.00
7	213421.00	17.00
8	223018.00	16.00
9	367628.00	23.00
10	334613.00	18.00
ค่าเฉลี่ย	264419.90	17.90
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	60123.64	2.08

ตารางที่ 4.16 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.8

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุง
1	299166.00	18.00
2	324293.00	20.00
3	358047.00	21.00
4	360276.00	20.00
5	290782.00	19.00
6	278713.00	18.00
7	317206.00	18.00
8	316219.00	20.00
9	378347.00	22.00
10	339701.00	22.00
ค่าเฉลี่ย	326275.00	19.80
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	32491.66	1.55

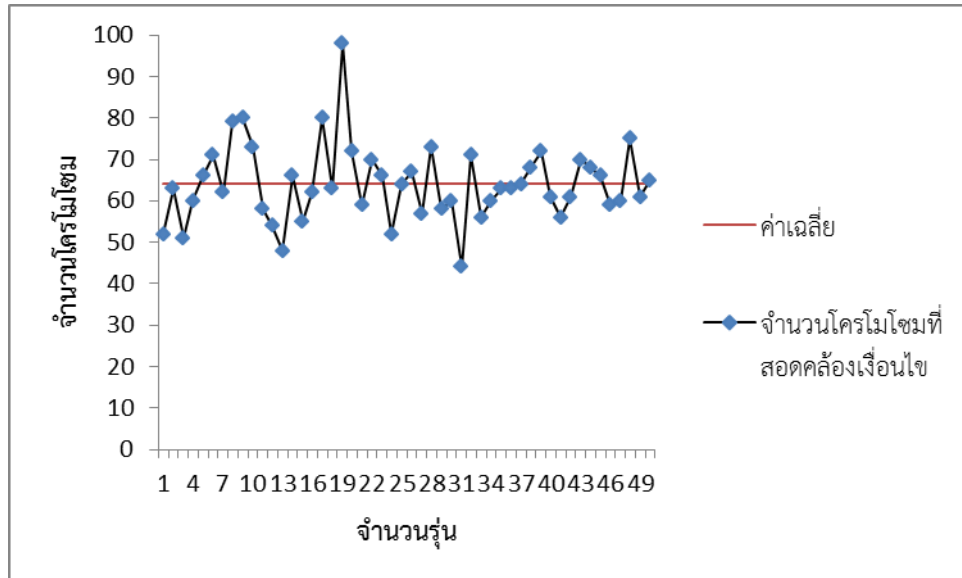
ตารางที่ 4.17 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.9

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด

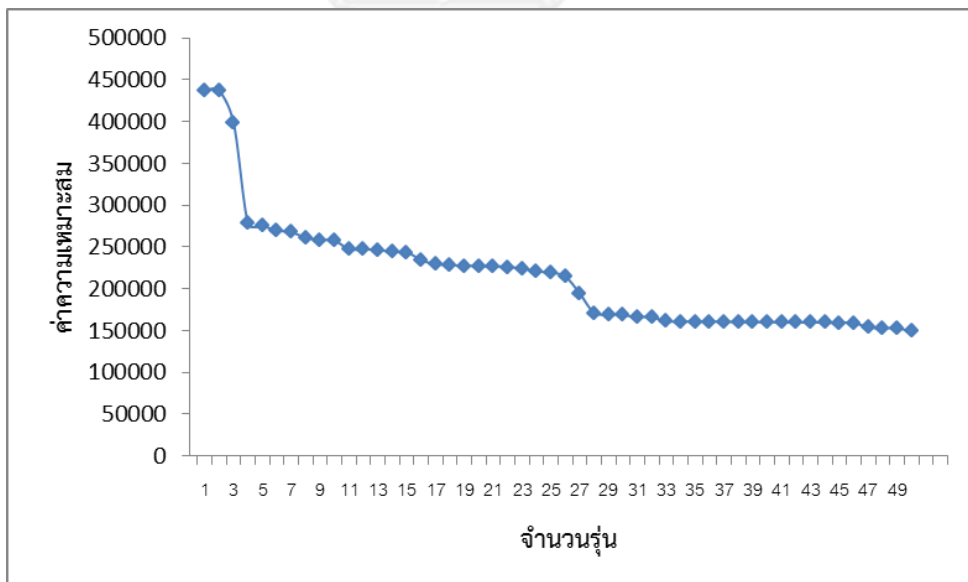
การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุง
1	332728.00	19.00
2	299722.00	19.00
3	226951.00	15.00
4	303310.00	18.00
5	348075.00	20.00
6	270119.00	18.00
7	326637.00	22.00
8	294289.00	20.00
9	267784.00	18.00
10	252344.00	17.00
ค่าเฉลี่ย	292195.90	18.60
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	38099.96	1.90

เมื่อพิจารณาค่าตอบที่ดีที่สุดที่ได้จากการทดลองทดสอบแต่ละพารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมมาวาดกราฟแสดงจำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขและค่าความเหมาะสมในแต่ละรุ่น แสดงดังภาพต่อไปนี้

ภาพที่ 4.21 จำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.6

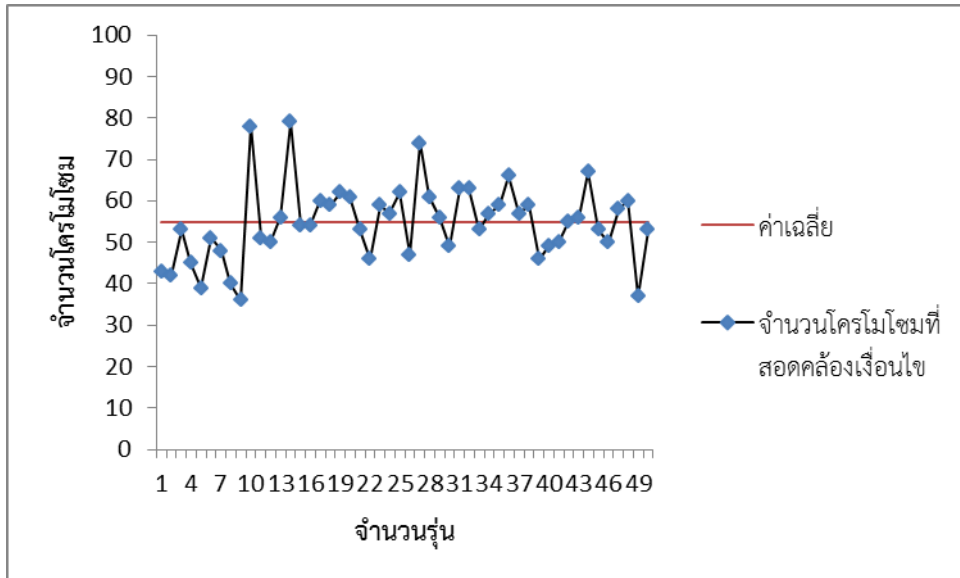


ภาพที่ 4.22 ค่าความเหมาะสมของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.6

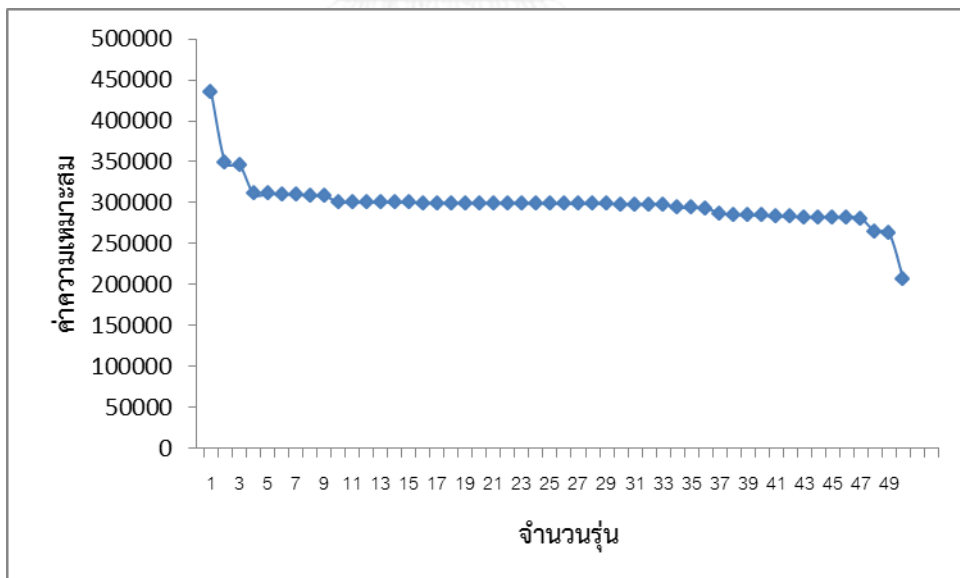




ภาพที่ 4.23 จำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.7

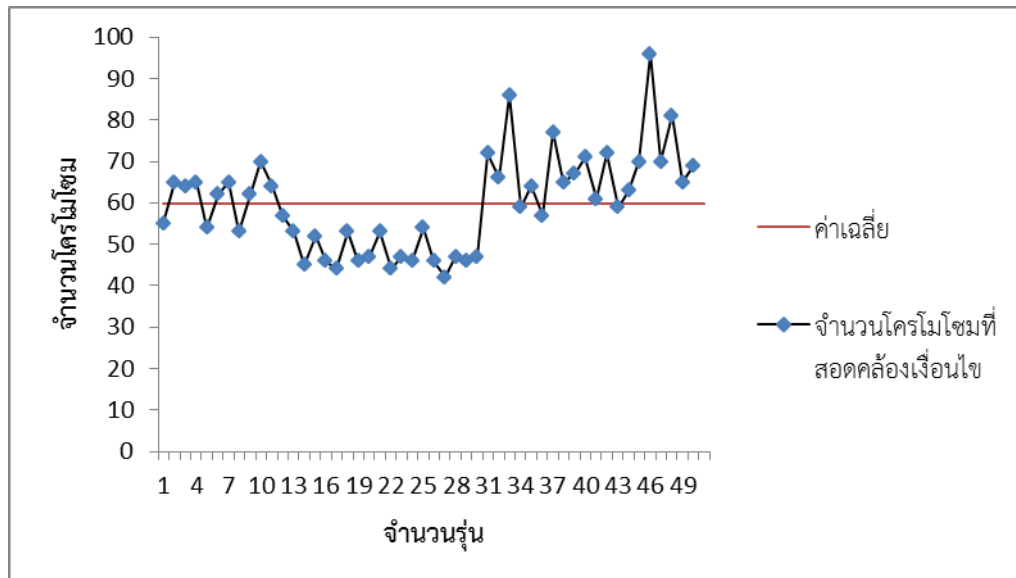


ภาพที่ 4.24 ค่าความเหมาะสมของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.7



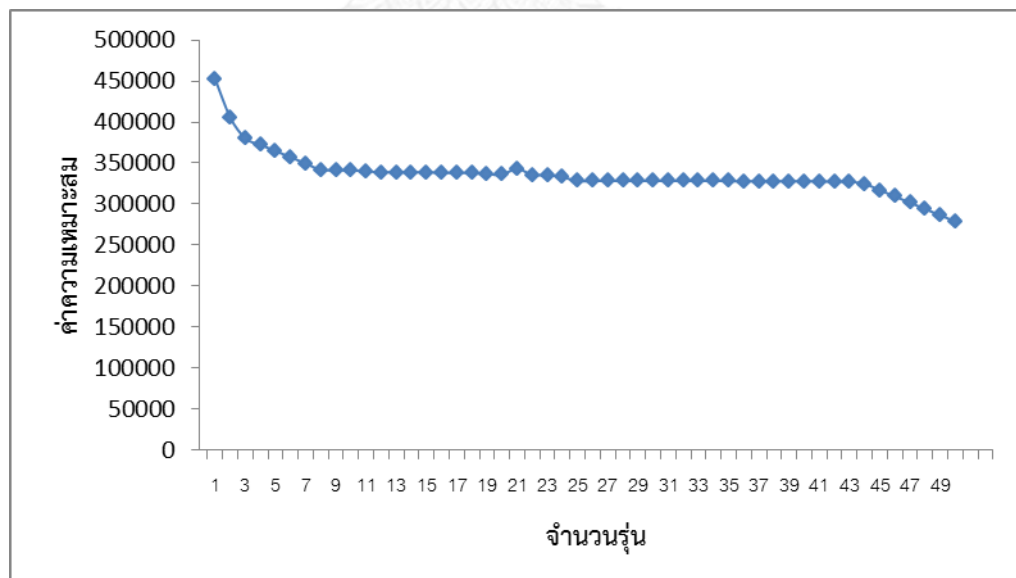
ภาพที่ 4.25 จำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด

โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.8

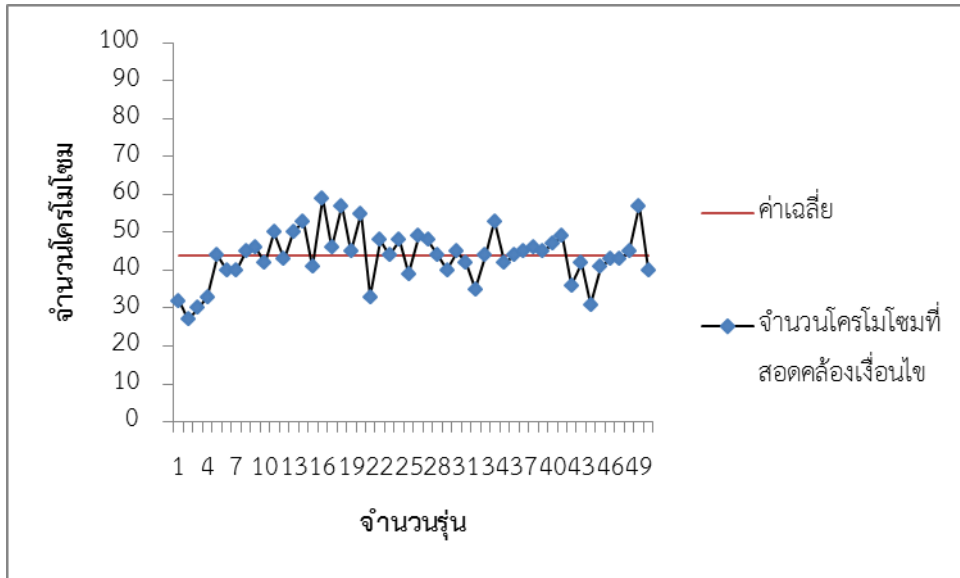


ภาพที่ 4.26 ค่าความเหมาะสมของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด

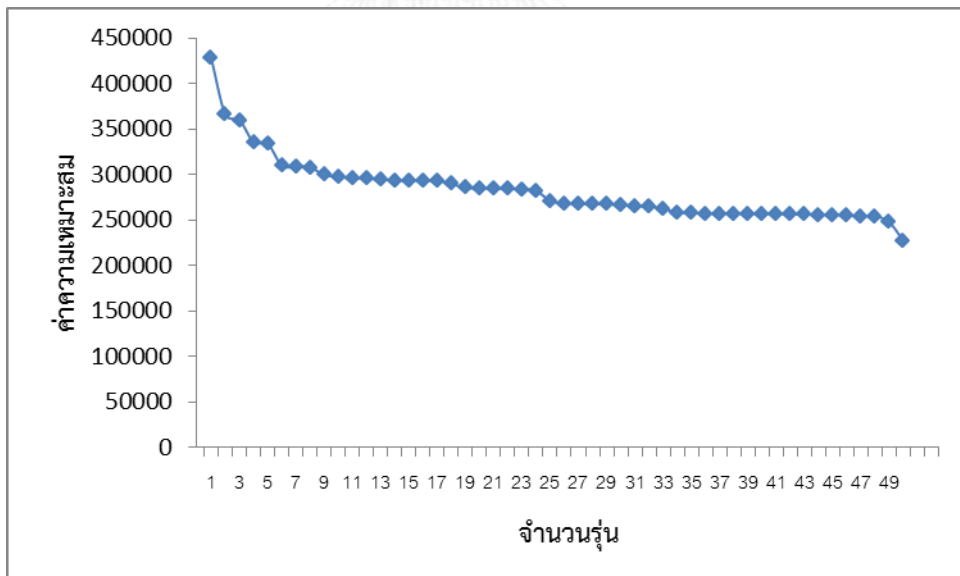
โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.8



ภาพที่ 4.27 จำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.9



ภาพที่ 4.28 ค่าความเหมาะสมของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.9



4.3.2.2 ผลการทดสอบพารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด

ตารางที่ 4.18 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.6

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุง
1	248411.00	17.00
2	246578.00	16.00
3	285763.00	19.00
4	244466.00	17.00
5	250549.00	18.00
6	265678.00	17.00
7	254160.00	17.00
8	275270.00	18.00
9	341462.00	21.00
10	371523.00	22.00
ค่าเฉลี่ย	278386.00	18.20
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	43844.83	1.93

ตารางที่ 4.19 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.7

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุง
1	335769.00	20.00
2	350124.00	23.00
3	333536.00	19.00
4	272219.00	18.00
5	233632.00	15.00
6	305091.00	18.00
7	326485.00	19.00
8	267079.00	16.00
9	291538.00	19.00
10	265098.00	19.00
ค่าเฉลี่ย	298057.10	18.60
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	38233.45	2.17

ตารางที่ 4.20 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.8

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด

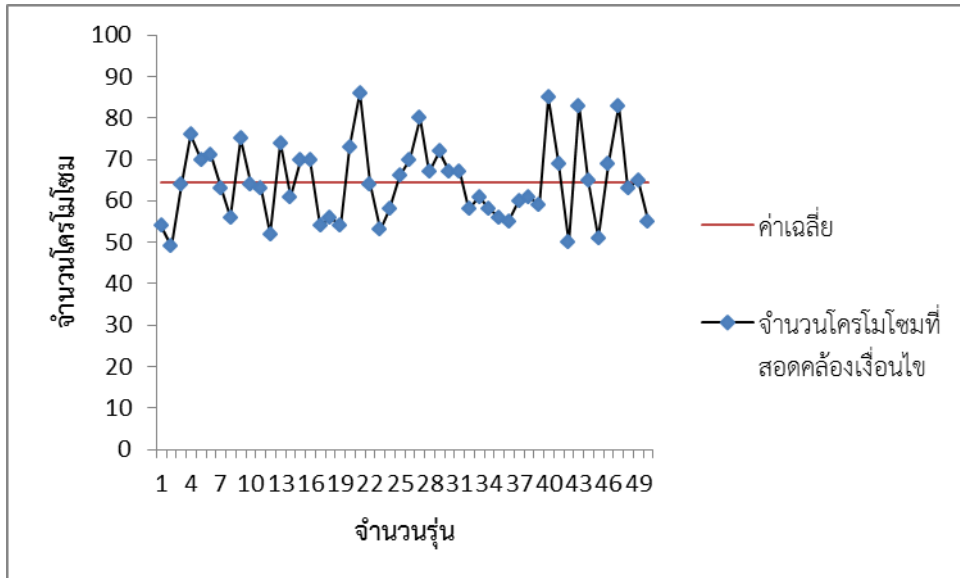
การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุง
1	353663.00	21.00
2	327035.00	21.00
3	297348.00	20.00
4	345110.00	19.00
5	350264.00	21.00
6	262042.00	17.00
7	236987.00	16.00
8	265840.00	19.00
9	361893.00	21.00
10	400444.00	21.00
ค่าเฉลี่ย	320062.60	19.60
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	52336.56	1.84

ตารางที่ 4.21 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.9

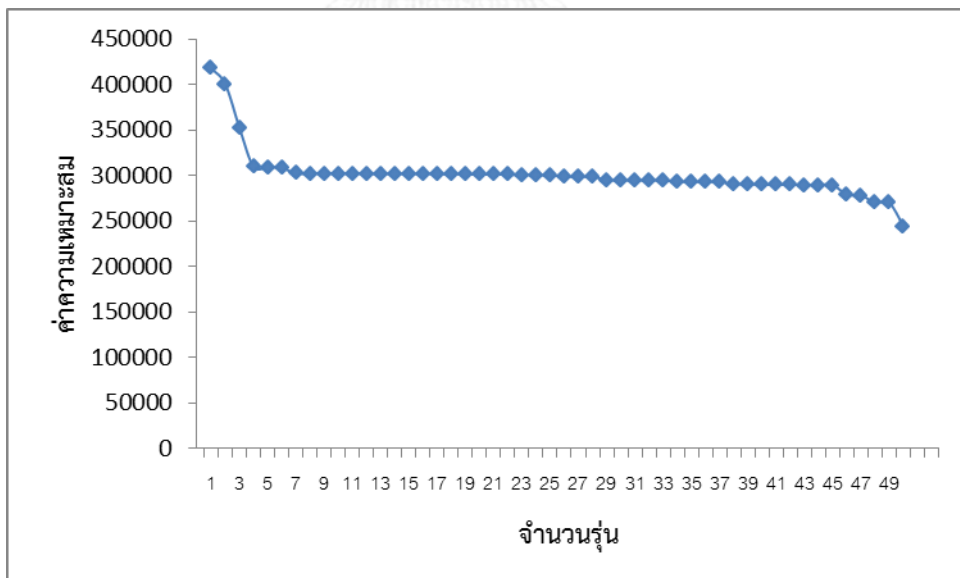
โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุง
1	299937.00	19.00
2	320570.00	19.00
3	265974.00	19.00
4	253861.00	17.00
5	372952.00	21.00
6	261135.00	18.00
7	328126.00	20.00
8	341379.00	21.00
9	271192.00	19.00
10	211394.00	15.00
ค่าเฉลี่ย	292652.00	18.80
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	48518.58	1.81

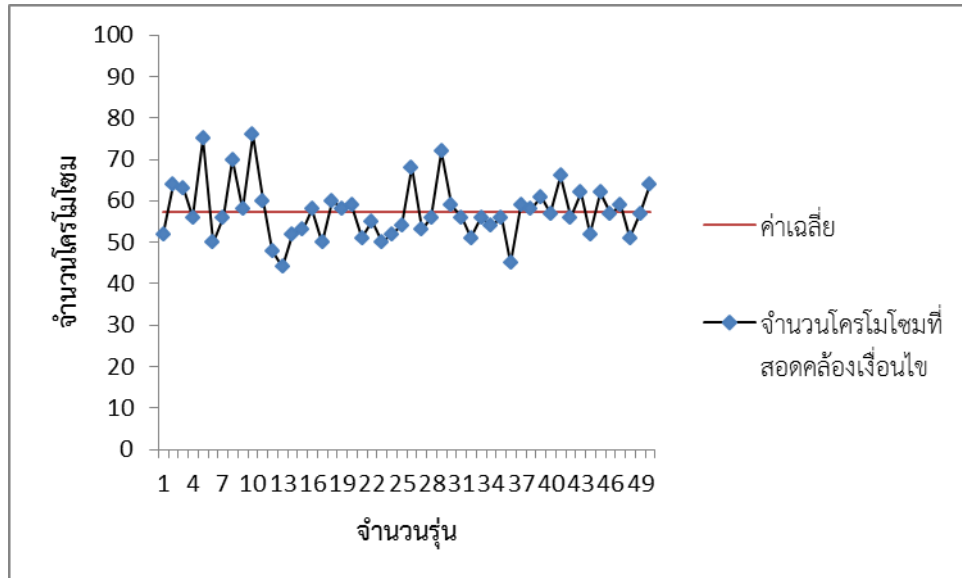
ภาพที่ 4.29 จำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.6



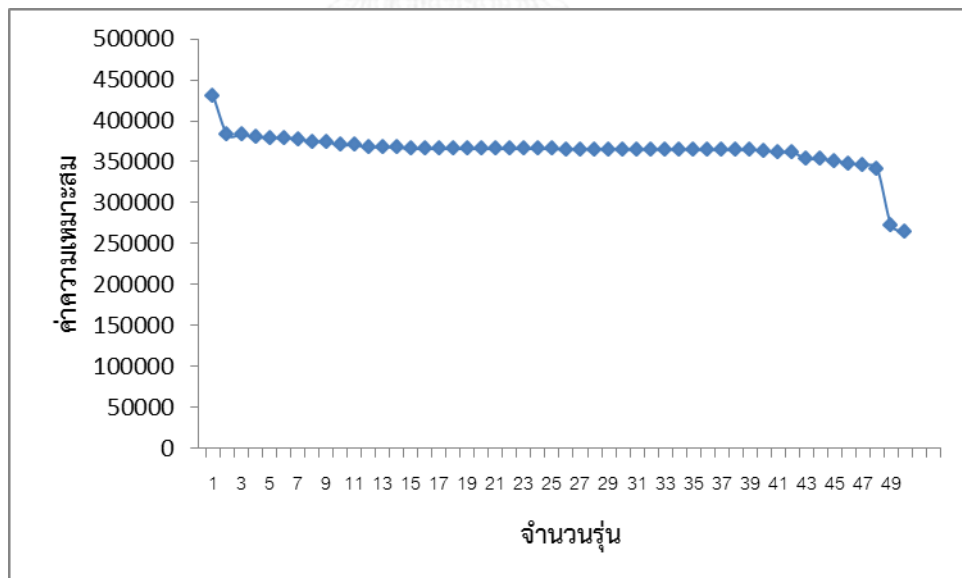
ภาพที่ 4.30 ค่าความเหมาะสมของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.6



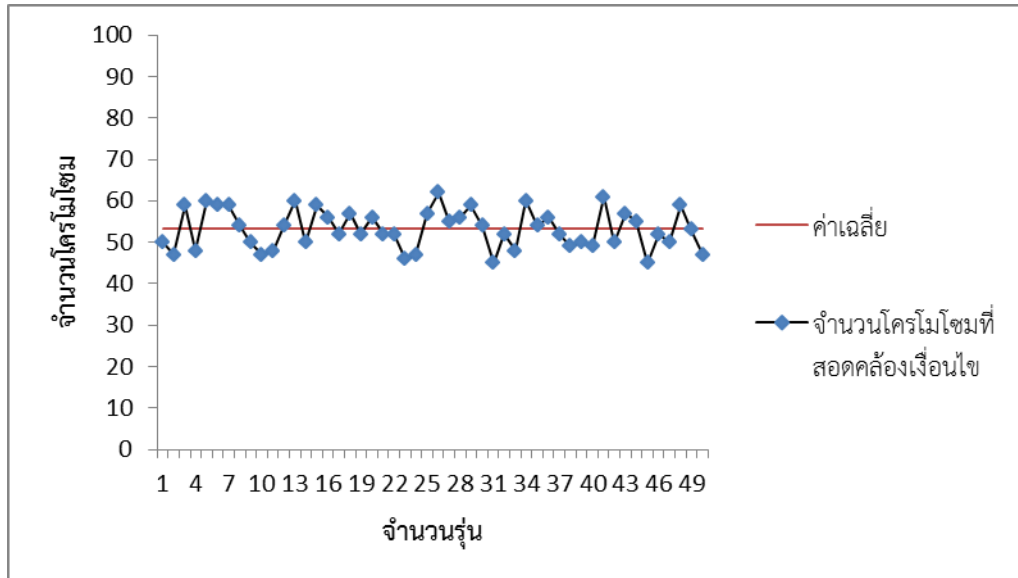
ภาพที่ 4.31 จำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.7



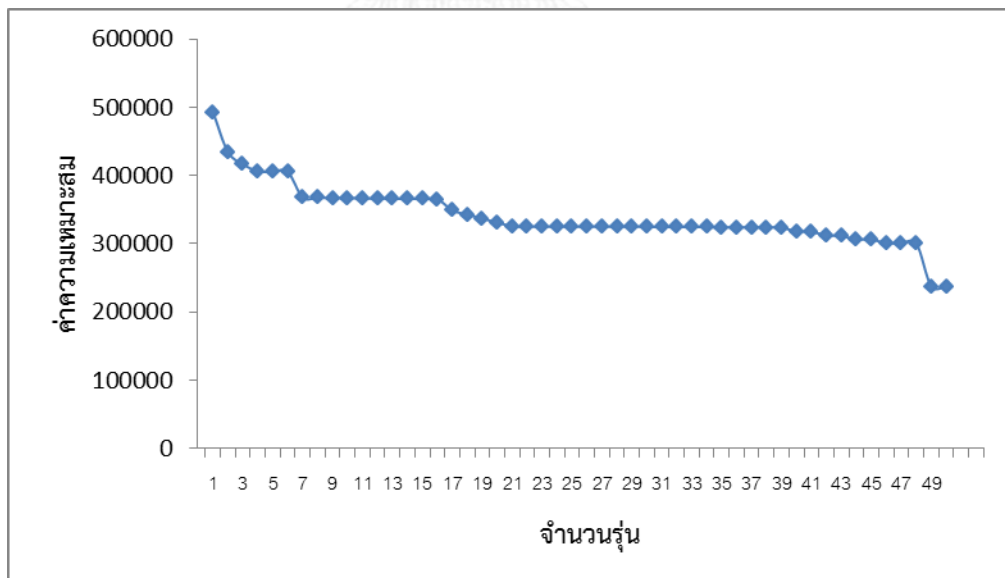
ภาพที่ 4.32 ค่าความเหมาะสมของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.7



ภาพที่ 4.33 จำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.8

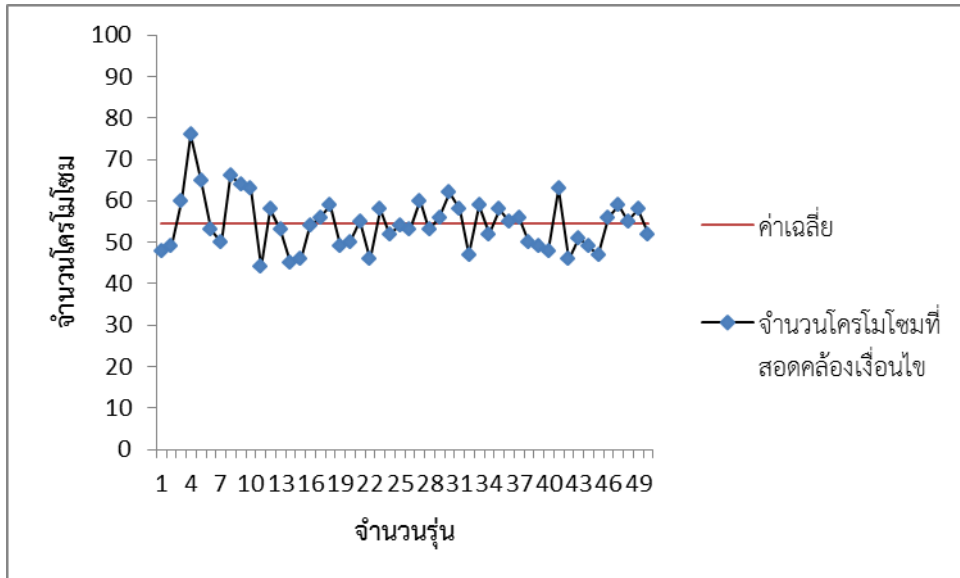


ภาพที่ 4.34 ค่าความเหมาะสมของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.8

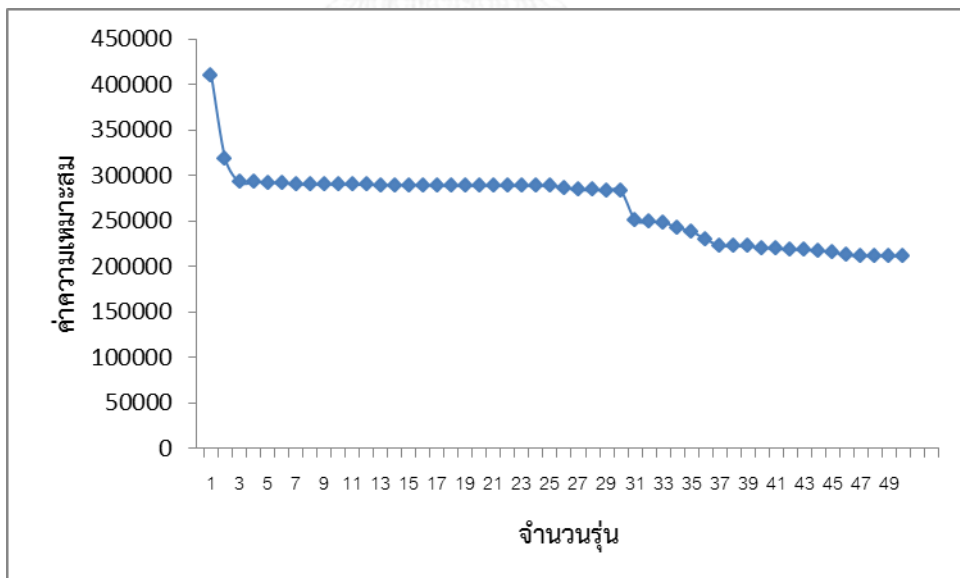




ภาพที่ 4.35 จำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.9



ภาพที่ 4.36 ค่าความเหมาะสมของการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.9



4.3.2.3 ผลการทดสอบพารามิเตอร์อัตราการเปลี่ยนแปลงยีนระหว่างโครโมโซมโดยใช้การเปลี่ยนแปลงยีนเฉพาะฝูงบิน

ตารางที่ 4.22 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการเปลี่ยนแปลงยีนระหว่างโครโมโซม 0.6

โดยใช้การเปลี่ยนแปลงยีนเฉพาะฝูงบิน

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุง
1	214081.00	16.00
2	283918.00	19.00
3	221444.00	15.00
4	309080.00	20.00
5	274908.00	19.00
6	317585.00	21.00
7	245326.00	17.00
8	246273.00	16.00
9	208865.00	19.00
10	334613.00	22.00
ค่าเฉลี่ย	265609.30	18.40
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	45197.49	2.32

ตารางที่ 4.23 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการเปลี่ยนแปลงยีนระหว่างโครโมโซม 0.7

โดยใช้การเปลี่ยนแปลงยีนเฉพาะฝูงบิน

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุง
1	251969.00	18.00
2	251969.00	19.00
3	262490.00	16.00
4	283232.00	18.00
5	326445.00	16.00
6	284471.00	18.00
7	334946.00	17.00
8	236181.00	16.00
9	301828.00	23.00
10	295239.00	18.00
ค่าเฉลี่ย	282877.00	17.90
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	32712.10	2.08

ตารางที่ 4.24 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.8

## โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน

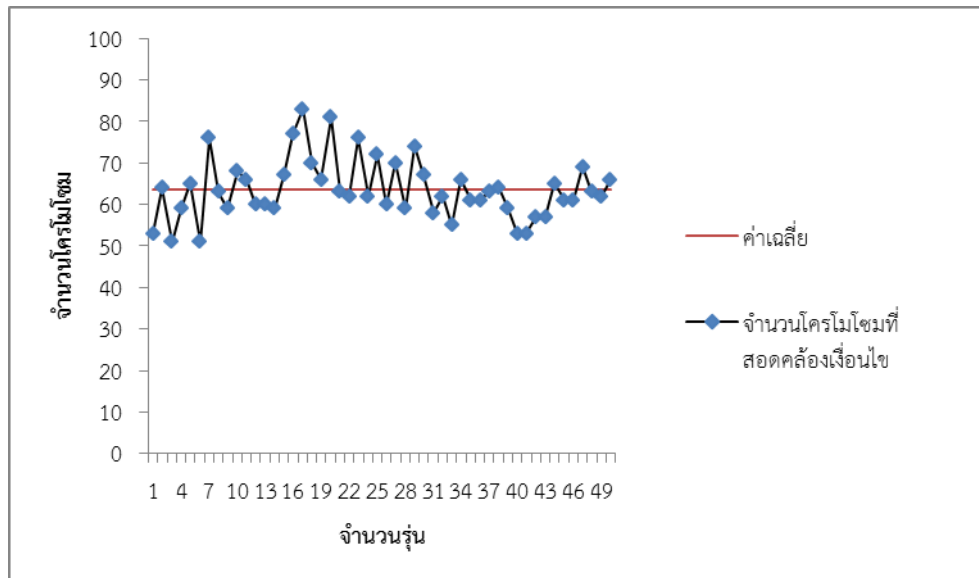
การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุง
1	258219.00	17.00
2	395849.00	22.00
3	294286.00	18.00
4	441480.00	24.00
5	293646.00	19.00
6	379565.00	20.00
7	295641.00	17.00
8	339855.00	19.00
9	255950.00	16.00
10	310952.00	19.00
ค่าเฉลี่ย	326544.30	19.10
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	61440.72	2.42

ตารางที่ 4.25 ผลการทดลองโดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.9

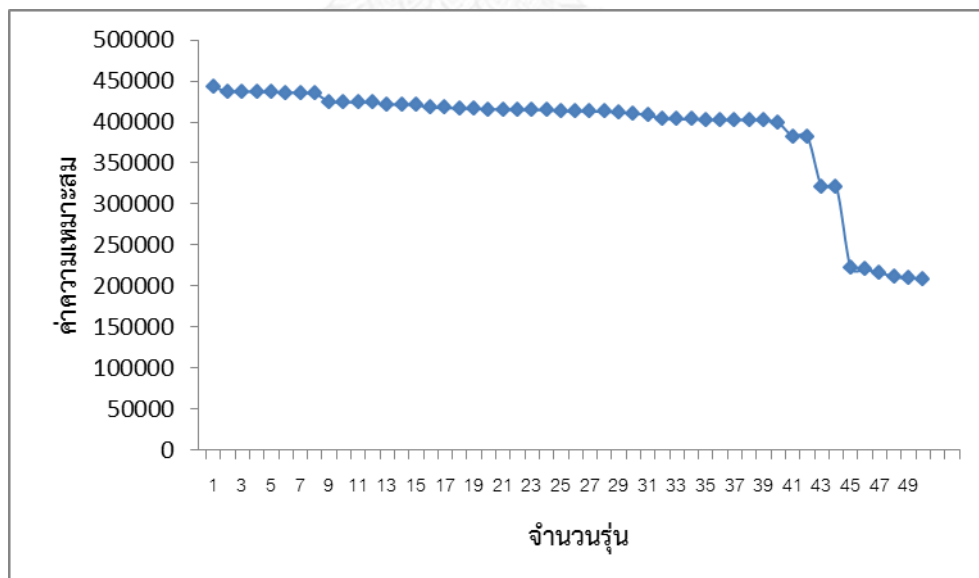
## โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม	จำนวนเครื่องบินที่เข้าซ่อมบำรุง
1	303372.00	18.00
2	311394.00	19.00
3	269752.00	16.00
4	300426.00	18.00
5	232861.00	16.00
6	351407.00	18.00
7	336389.00	22.00
8	315335.00	20.00
9	307993.00	18.00
10	294421.00	18.00
ค่าเฉลี่ย	302335.00	18.30
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	33009.18	1.77

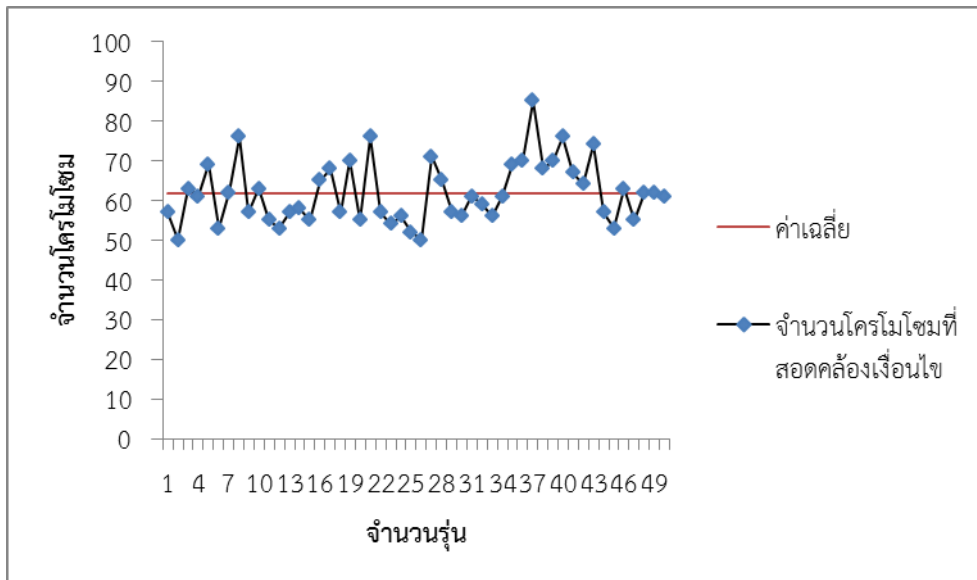
ภาพที่ 4.37 จำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขของการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน  
โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.6



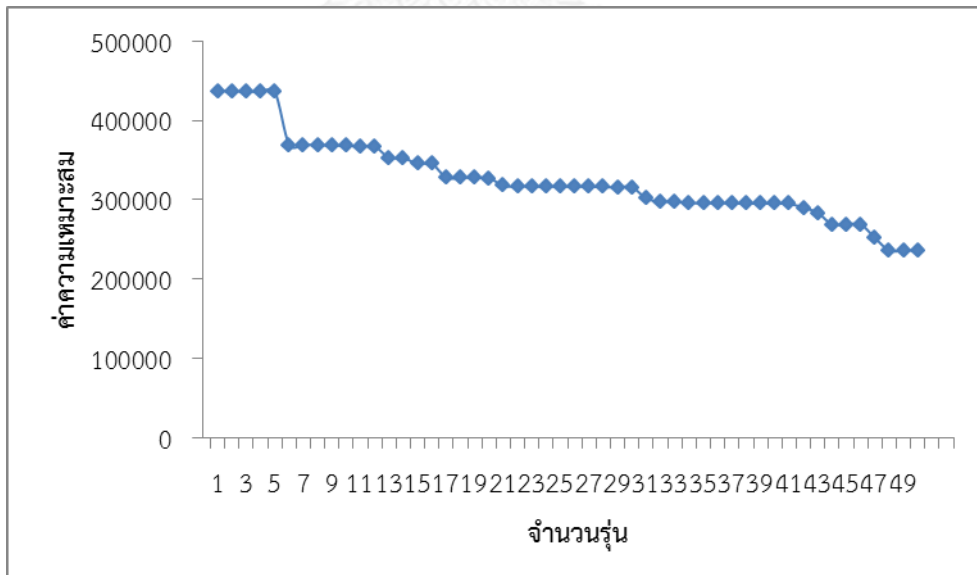
ภาพที่ 4.38 ค่าความเหมาะสมของการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน  
โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.6



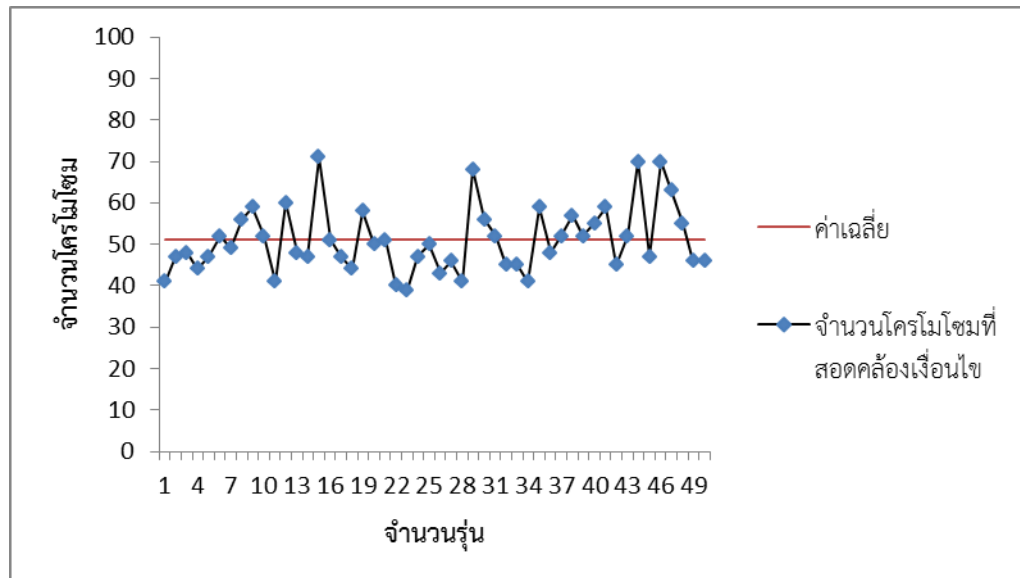
ภาพที่ 4.39 จำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขของการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน  
โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.7



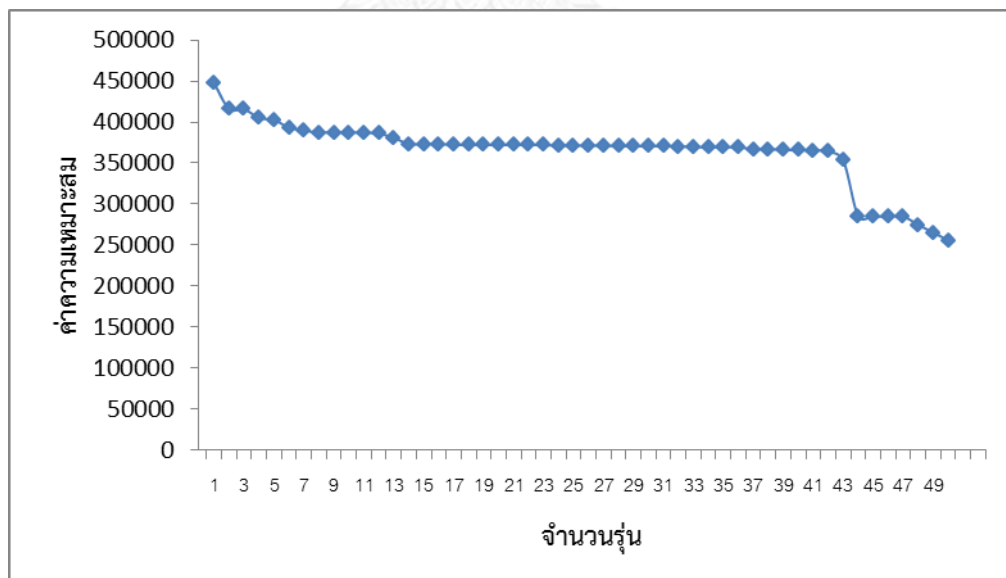
ภาพที่ 4.40 ค่าความเหมาะสมของการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน  
โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.7



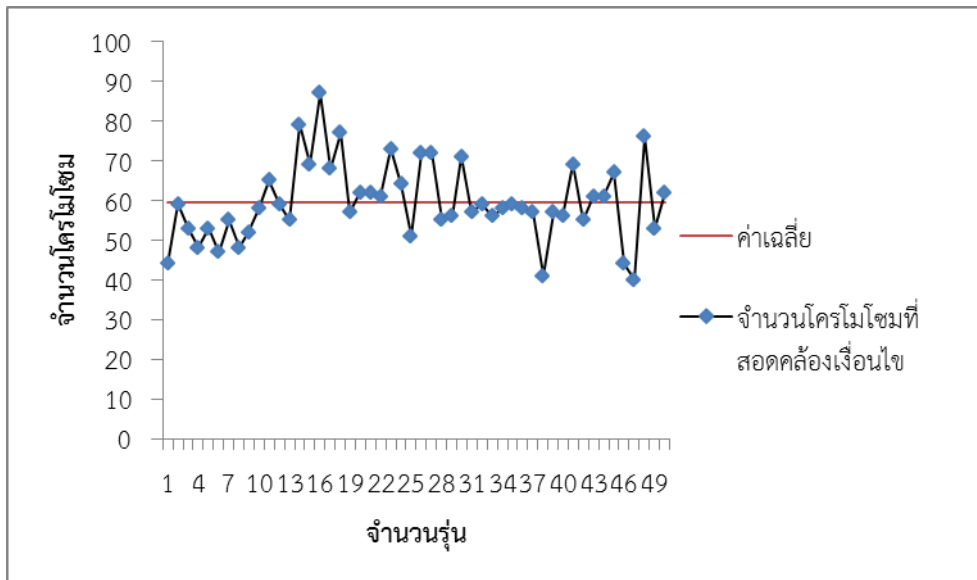
ภาพที่ 4.41 จำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขของการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน  
โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.8



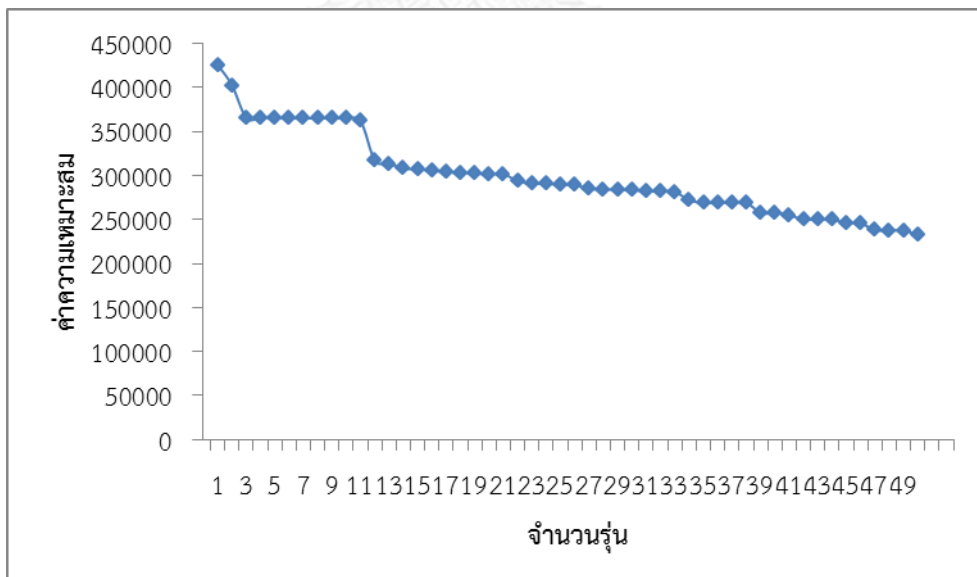
ภาพที่ 4.42 ค่าความเหมาะสมของการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน  
โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.8



ภาพที่ 4.43 จำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขของการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน  
โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.9



ภาพที่ 4.44 ค่าความเหมาะสมของการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน  
โดยใช้พารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 0.9



จากกราฟแสดงจำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขในแต่ละรุ่นของในแต่ละกรณีเราพบว่าจำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องเงื่อนไขมีจำนวนที่ไม่คงที่และมีค่าเฉลี่ยอยู่ระหว่าง 45 – 65 โครโมโซม จากจำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม ซึ่งจากการที่มีโครโมโซมที่ไม่สอดคล้องเงื่อนไขเป็นจำนวนมากในแต่ละรุ่นอาจจะเป็นสาเหตุที่ทำให้ค่าความเหมาะสมในแต่ละรุ่นลดลงซ้ำ

หลังจากนั้นนำค่าเฉลี่ยค่าความเหมาะสมของการทดลองทดสอบพารามิเตอร์อัตราการสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมในแต่ละกรณีมาทำการเปรียบเทียบกัน ได้ผลดังต่อไปนี้

อัตราการสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม	การสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด	การสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด	การสืบเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน
0.6	251557.80±60794.70	278386.00±43844.83	265609.30±45197.49
0.7	264419.90±60123.64	298057.10±38233.45	282877.00±32712.10
0.8	326275.00±32491.66	320062.60±52336.56	326544.30±61440.72
0.9	292195.90±38099.96	292652.00±48518.58	302335.00±33009.18

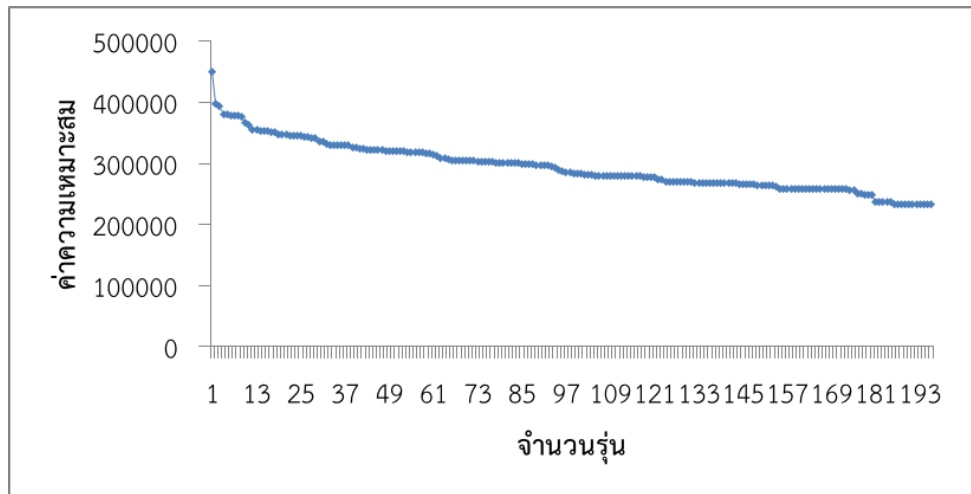
ตารางที่ 4.26 ค่าความเหมาะสมโดยเฉลี่ยของการใช้พารามิเตอร์อัตราการสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมโดยใช้การสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมทั้ง 3 แบบ

จากตารางที่ 4.26 จะเห็นได้ว่าอัตราการสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมเป็น 0.6 ให้ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยน้อยที่สุด สำหรับการสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมทั้ง 3 แบบ สาเหตุอาจเป็นไปได้ว่าที่อัตราการสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมเป็น 0.6 ค่าเฉลี่ยของจำนวนโครโมโซมที่สอดคล้องกับเงื่อนไขมีค่าสูงสุด (ดังจะเห็นได้ในภาพที่ 4.21-4.44) ซึ่งเป็นผลให้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมทำงานได้อย่างมีประสิทธิภาพมากที่สุด

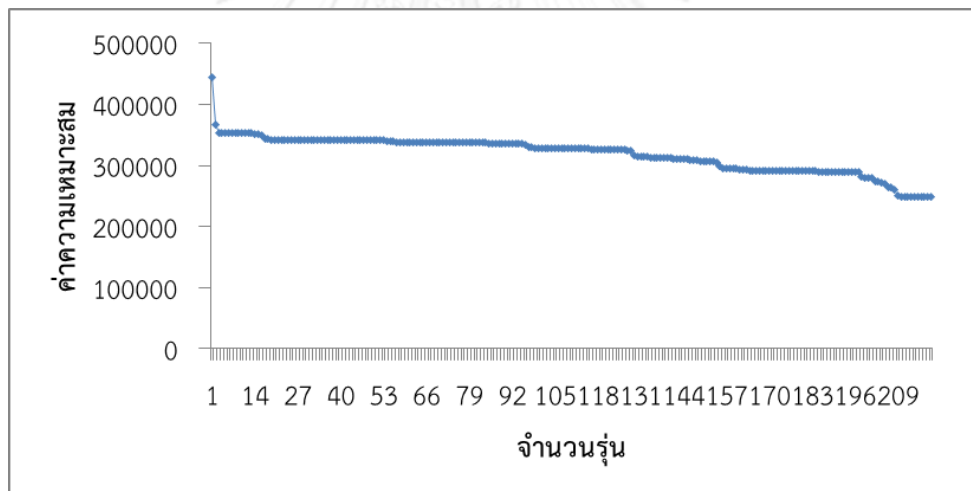
#### 4.3.3 การลู่เข้าของคำตอบ

ในส่วนนี้เราจะทำการกำหนดเงื่อนไขการหยุดการทำงานซ้ำคือค่าความเหมาะสมไม่มีการเปลี่ยนแปลงเมื่อผ่านไป 10 รุ่น โดยเรากำหนดพารามิเตอร์จำนวนโครโมโซมเป็น 100 และอัตราการสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมเป็น 0.6 และใช้พารามิเตอร์นี้ทำการทดลองกับข้อมูลชุดที่ 3 โดยใช้การสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมทั้ง 3 แบบ เพื่อดูการเปลี่ยนแปลงของค่าความเหมาะสมในแต่ละรุ่นจนกระทั่งถึงเงื่อนไขการหยุดที่ได้กำหนดไว้ข้างต้น โดยผลการทดลองแสดงดังต่อไปนี้

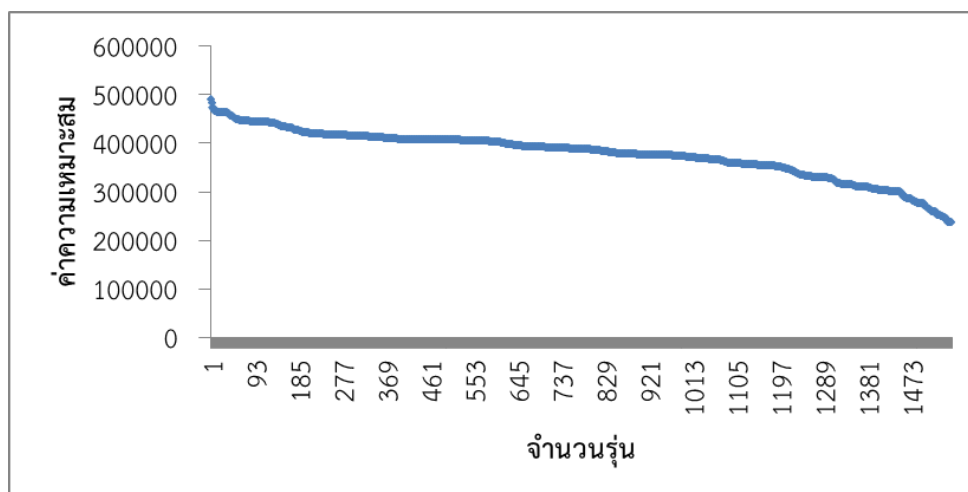




ภาพที่ 4.45 ค่าความเหมาะสมที่ได้จากการใช้การสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด



ภาพที่ 4.46 ค่าความเหมาะสมที่ได้จากการใช้การสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด



ภาพที่ 4.47 ค่าความเหมาะสมที่ได้จากการใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน

เมื่อเราทำการทดลองกับการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมทั้ง 3 แบบ เราพบว่าผลที่ได้คือค่าความเหมาะสมมีการลดลงอย่างรวดเร็วในช่วงแรกและต่อมาก็ลดลงทีละเล็กละน้อยจนกระทั่งพบเงื่อนไขการหยุดที่เราได้กำหนดไว้ แต่สำหรับในกรณีที่ใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบินจะเห็นได้ว่าการลู่เข้าช้ามาก อาจจะเป็นผลมาจากการที่การสับเปลี่ยนยีนแบบนี้เกิดการเปลี่ยนแปลงโครโมโซมจากโครโมโซมพ่อแม่ไม่มากนัก จึงทำให้ค่าความเหมาะสมเกิดการเปลี่ยนแปลงไม่มากจึงเป็นผลทำให้ค่าความเหมาะสมเกิดการลดลงช้า

## บทที่ 5

### สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

งานวิจัยนี้ได้ศึกษาปัญหาการจัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุง โดยได้สร้างตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์สำหรับปัญหานี้ แต่เนื่องจากตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์ที่ได้เป็นตัวแบบเชิงคณิตศาสตร์ที่ไม่เป็นเชิงเส้น ซึ่งแก้โดยวิธีโดยตรงได้ยาก ดังนั้นในงานวิจัยจึงได้นำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการแก้ปัญหา โดยมีการทดลองการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 3 แบบ คือ การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด และการสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน และในการทดสอบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมได้ใช้กรณีศึกษาของบริษัทการบินไทย โดยได้แบ่งชุดข้อมูลออกเป็น 3 ชุด ตามขนาดของข้อมูล คือ ข้อมูลขนาดเล็ก ข้อมูลขนาดกลาง และข้อมูลขนาดใหญ่ และได้ทำการทดสอบพารามิเตอร์คือ จำนวนรุ่น จำนวนประชากร และอัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม เมื่อเราได้ทำการทดลองทดสอบพารามิเตอร์จำนวนรุ่นและจำนวนโครโมโซมโดยได้ทำการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) พบว่าจำนวนรุ่นที่มากจะให้คำตอบที่ดีกว่า แต่จำนวนโครโมโซมมากไม่จำเป็นต้องได้คำตอบที่ดีกว่า โดยปกติแล้วถ้าเราใช้จำนวนรุ่นที่มากขึ้นและจำนวนประชากรเพิ่มขึ้น ก็จะส่งผลต่อเวลาที่ใช้ในการหาคำตอบก็จะเพิ่มขึ้นด้วย สำหรับในงานวิจัยนี้ชุดพารามิเตอร์ที่ให้คำตอบที่ดีที่สุดในแต่ละกรณีสามารถหาคำตอบได้ในช่วงเวลา 6 – 25 นาที ซึ่งยังอยู่ในวิสัยที่สามารถนำไปใช้งานได้จริง เมื่อเราทำการทดสอบพารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมโดยกำหนดจำนวนประชากรเป็น 100 จำนวนรุ่นเป็น 50 จากการทดลองโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมทั้ง 3 แบบ ให้ผลการทดลองที่เหมือนกัน คือพบว่าพารามิเตอร์อัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมเป็น 0.6 ให้ผลการทดลองที่ดีที่สุด และนอกจากนี้ยังได้ทำการทดลองเพื่อดูการลดลงของค่าความเหมาะสมในแต่ละรุ่น โดยได้กำหนดพารามิเตอร์จำนวนโครโมโซมเป็น 100 และอัตราการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมเป็น 0.6 พบว่าค่าความเหมาะสมลู่เข้าช้า โดยเฉพาะในกรณีที่ใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบินการลู่เข้าของค่าความเหมาะสมเกิดขึ้นช้าที่สุด อาจจะมีการการที่การสับเปลี่ยนยีนแบบนี้ทำให้โครโมโซมเกิดการเปลี่ยนแปลงไม่มาก ค่าความเหมาะสมที่ได้ก็เกิดการเปลี่ยนแปลงเพียงเล็กน้อย

สำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ได้นำเสนอในวิทยานิพนธ์นี้ สามารถนำไปพัฒนาต่อยอดได้ในส่วนต่างๆ เช่น พัฒนาการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม พัฒนาการซ่อมแซมโครโมโซมเพื่อให้การลู่เข้าของคำตอบเร็วขึ้น เป็นต้น

## รายการอ้างอิง

- [1] C. Jeenanunta, B. Kasemsontitum and T. Noichawee, "A multi-commodity flow approach for aircraft routing and maintenance problem," *IEEE International Conference on Quality and Reliability*, pp. 150-155, 2011.
- [2] B. Massoud, "Planning Optimization," in *Airline Operations and Scheduling Second Edition*, England, Ashgate Publishing Limited, 2010, pp. 31-83.
- [3] J. H. Holland, *Adaptation in Natural and Artificial Systems: An Introductory Analysis with Applications to Biology*, University of Michigan Press, 1975.
- [4] L. Marcial and C. Amy, "Modifying lines-of-flight in the planning process for improved maintenance robustness," *Computers & Operations Research*, vol. 39, no. 9, pp. 2051-2062, 2012.
- [5] O. Ilkay, K. Muzaffer and K. T. Hikmet, "Concurrent Aircraft Routing and Maintenance Scheduling," *Journal of Aeronautics and Space Technologies*, vol. 5, pp. 73-79, 2011.
- [6] Y. Shangyao, Y. Ta-Hui and C. Hsuan-Hung, "Airline short-term maintenance manpower supply planning," *Transportation Research Part A: Policy and Practice*, vol. 38, no. 9-10, pp. 615-642, 2004.
- [7] S. D. Hanif, B. K. Ebru and Z. Xiaomei, "Airline fleet assignment concepts, models, and algorithms," *European Journal of Operational Research*, vol. 172, no. 1, pp. 1-3, 2006.
- [8] M. Haouari, N. Aissaoui and F. Z. Mans, "Network flow-based approaches for integrated aircraft fleet and routing," *European Journal of Operational Research*, vol. 193, no. 2, pp. 591-599, 2009.

- [9] A. Mercier and F. Soumis, "An integrated aircraft routing, crew scheduling and flight retiming model," *Computers & Operations Research*, vol. 34, no. 8, pp. 2251-2265, 2007.
- [10] C. Sriram and A. Haghani, "An optimization model for aircraft maintenance scheduling and re-assignment," *Transportation Research Part A: Policy and Practice*, vol. 37, no. 1, pp. 29-48, 2003.
- [11] S. Abdulkadir, B. Rajan and R. M. Christopher, "A branch-and-price approach for operational aircraft maintenance routing," *European Journal of Operational Research*, vol. 175, no. 3, pp. 1850-1869, 2006.
- [12] M. H. Afsar, B. Penz and L.-M. Espinouse, "A Two-step Heuristic to Build Flight and Maintenance Planning in a Rolling-horizon," *International Conference on Service Systems and Service Management*, vol. 2, pp. 1251-1256, 2006.
- [13] Z. Yang and G. Yang, "Optimization of Aircraft Maintenance plan based on Genetic Algorithm," *Physics Procedia*, vol. 33, pp. 580-586, 2012.
- [14] "Thai Airways," [Online]. Available: <http://www.thaiairways.co.th/about-thai/company-profile/th/our-aircraft.htm>. [Accessed 20 March 2014].
- [15] S. W and J. D, "Sage: System for algebra and geometry experimentation," *ACM SIGSAM Bulletin*, vol. 39, pp. 61-64, 2005.



ภาคผนวก

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย  
CHULALONGKORN UNIVERSITY

ภาคผนวก ก  
ข้อมูลเที่ยวบิน

ในส่วนนี้แสดงข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรม ที่ได้ใช้กรณีศึกษาของบริษัทการบินไทยที่มีทั้งเที่ยวบินในประเทศและเที่ยวบินระหว่างประเทศของฝูงบิน A340-600, A330-300, B777-200ER และ B777-300 โดยรายละเอียดข้อมูลคู่เที่ยวบินแสดงดังตาราง ก-1 เวลาที่กำหนดในตาราง ก-1 เป็นเวลาตามประเทศไทย



จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย  
CHULALONGKORN UNIVERSITY

Required Fleet Attributes		TG Flight Code		Destination		BKK to Dest Flight Time			Dest to BKK Flight Time			Total Duration (minutes)
TG Fleet Code	Model	Depart	Arrive	TG Code	Name	Depart	Arrive	Duration (minutes)	Depart	Arrive	Duration (minutes)	
346	A340-600	970	971	ZRH	Zurich	0:40	12:25	705	18:30	5:30	660	1365
346	A340-600	922	923	FRA	Frankfurt	12:25	0:00	695	2:10	13:00	650	1345
346	A340-600	413	414	SIN	Singapore	11:15	13:30	135	14:55	17:15	140	275
346	A340-600	940	941	MXP	Milan	0:40	12:35	715	19:05	5:55	650	1365
333	A330-300	624	625	MNL	Manila	15:15	18:30	195	19:30	22:45	195	390
333	A330-300	612	613	KMG	Kunming	10:50	13:05	135	14:20	16:30	130	265
333	A330-300	419	420	KUL	Kuala Lumpur	19:10	21:20	130	7:05	9:15	130	260
333	A330-300	349	350	ISB	Islamabad	19:00	0:10	310	1:20	6:25	305	615
333	A330-300	550	551	SGN	Ho Chi Minh City	7:45	9:15	90	10:20	11:45	85	175
333	A330-300	303	304	RGN	Yangon	7:55	9:20	85	10:20	11:45	85	170
333	A330-300	618	619	CTU	Chengdu	10:15	13:25	190	14:30	17:35	185	375
333	A330-300	104	105	CNX	Chiang Mai	9:20	10:40	80	11:30	12:50	80	160
333	A330-300	120	121	CNX	Chiang Mai	18:40	20:00	80	20:50	22:10	80	160
333	A330-300	235	236	HDY	Hat Yai	13:25	14:50	85	15:35	17:00	85	170
333	A330-300	560	561	HAN	Hanoi	7:45	9:35	110	11:35	13:25	110	220
333	A330-300	225	226	HKT	Phuket	22:40	23:59	79	7:25	8:50	85	164



Required Fleet Attributes		TG Flight Code		Destination		BKK to Dest Flight Time			Dest to BKK Flight Time			Total Duration (minutes)
TG Fleet Code	Model	Depart	Arrive	TG Code	Name	Depart	Arrive	Duration (minutes)	Depart	Arrive	Duration (minutes)	
333	A330-300	215	216	HKT	Phuket	14:15	15:35	80	16:25	17:50	85	165
B77E	B777-200ER	954	955	OSL	Oslo	0:55	12:25	690	19:15	6:15	660	1350
B77E	B777-200ER	401	402	SIN	Singapore	19:40	21:55	135	6:40	9:00	140	275
B77E	B777-200ER	626	627	KIX	Osaka	8:30	14:00	330	15:20	21:10	350	680
B77E	B777-200ER	646	647	NGO	Nagoya	8:15	14:10	355	15:25	21:25	360	715
B77E	B777-200ER	491	492	AKL	Auckland	18:45	5:45	660	8:10	20:25	735	1395
B77R	B777-300	692	693	ICN	Seoul	7:30	12:55	325	17:55	23:40	345	670
B77R	B777-300	974	975	DME	Moscow	10:10	19:55	585	21:25	6:30	545	1130
B77R	B777-300	403	404	SIN	Singapore	8:00	10:15	135	11:25	13:45	140	275
B77R	B777-300	409	410	SIN	Singapore	16:25	18:40	135	19:50	22:10	140	275
B77R	B777-300	644	645	NGO	Nagoya	0:05	6:00	355	15:25	21:25	360	715

ตาราง ก-1 ตารางแสดงข้อมูลเที่ยวบินที่ใช้ในการทดลอง

ภาคผนวก ข

ผลการทดสอบพารามิเตอร์จำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่น

รายละเอียดผลการทดลองขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมทั้ง 3 แบบ โดยกำหนดพารามิเตอร์ 2 ตัว คือจำนวนรุ่นและจำนวนโครโมโซม กำหนดจำนวนโครโมโซมเป็น 100 200 และ 300 และกำหนดจำนวนรุ่นเป็น 30 40 และ 50 ผลการทดลองแสดงดังต่อไปนี้

ตาราง ข-1 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	48556.00	5.00	133.52
2	81130.00	6.00	139.76
3	7605.00	2.00	117.98
4	59090.00	4.00	141.39
5	68910.00	6.00	134.99
6	68543.00	6.00	144.61
7	80970.00	6.00	146.48
8	52056.00	4.00	126.90
9	62149.00	4.00	134.03
10	35681.00	4.00	138.23
ค่าเฉลี่ย	56469.00	4.70	135.79
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	22236.30	1.34	8.50

ตาราง ข-2 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	32693.00	3.00	171.78
2	43253.00	4.00	177.93
3	29502.00	4.00	178.03
4	83908.00	7.00	190.44
5	20964.00	4.00	178.90
6	15773.00	3.00	179.58
7	37607.00	3.00	170.69
8	12773.00	3.00	166.85
9	41492.00	5.00	180.65
10	87260.00	8.00	197.21
ค่าเฉลี่ย	40522.50	4.40	179.20
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	25887.47	1.78	9.04

ตาราง ข-3 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	53072.00	5.00	218.29
2	28252.00	4.00	225.77
3	46661.00	5.00	242.84
4	74969.00	7.00	238.66
5	26257.00	3.00	217.18
6	40988.00	5.00	227.57
7	29255.00	4.00	232.29
8	57150.00	6.00	231.43
9	27755.00	4.00	223.12
10	26053.00	4.00	224.23
ค่าเฉลี่ย	41041.20	4.70	228.14
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	16697.09	1.16	8.29

ตาราง ข-4 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	28601.00	4.00	258.33
2	59759.00	7.00	285.89
3	51786.00	5.00	268.36
4	60687.00	6.00	261.42
5	66283.00	6.00	274.97
6	44972.00	4.00	265.25
7	50917.00	5.00	271.89
8	39059.00	5.00	270.39
9	29646.00	4.00	257.65
10	94431.00	6.00	281.50
ค่าเฉลี่ย	52614.10	5.20	269.57
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	19441.03	1.03	9.42

ตาราง ข-5 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	35127.00	4.00	333.29
2	50182.00	4.00	353.57
3	24301.00	4.00	370.36
4	61076.00	5.00	363.06
5	54241.00	5.00	363.67
6	37836.00	5.00	359.20
7	52508.00	6.00	364.39
8	32832.00	4.00	336.23
9	28985.00	4.00	387.56
10	42366.00	4.00	343.70
ค่าเฉลี่ย	41945.40	4.50	357.50
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	12121.96	0.71	16.44

ตาราง ข-6 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	52718.00	6.00	451.38
2	62227.00	5.00	441.88
3	10578.00	3.00	449.07
4	41135.00	4.00	472.32
5	22341.00	5.00	422.56
6	41982.00	4.00	418.70
7	26385.00	3.00	444.51
8	8805.00	3.00	443.00
9	24672.00	3.00	410.97
10	50906.00	4.00	438.58
ค่าเฉลี่ย	34174.90	4.00	439.30
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	18292.58	1.05	17.91

ตาราง ข-7 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	62496.00	6.00	380.81
2	54530.00	4.00	376.24
3	62166.00	5.00	385.14
4	42306.00	4.00	415.28
5	49488.00	5.00	382.13
6	104460.00	7.00	419.48
7	50064.00	5.00	381.29
8	39004.00	5.00	418.28
9	55916.00	5.00	397.34
10	56076.00	5.00	408.35
ค่าเฉลี่ย	57650.60	5.10	396.43
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	18127.79	0.88	17.38

ตาราง ข-8 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทิจ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	42798.00	4.00	471.27
2	58548.00	5.00	518.93
3	43809.00	5.00	508.58
4	41304.00	5.00	524.84
5	28349.00	4.00	467.15
6	71394.00	5.00	524.63
7	50790.00	5.00	530.49
8	36093.00	3.00	509.35
9	23732.00	3.00	465.32
10	45673.00	4.00	523.03
ค่าเฉลี่ย	44249.00	4.30	504.36
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	13893.94	0.82	26.08

ตาราง ข-9 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทิจ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	44458.00	5.00	679.60
2	59781.00	6.00	687.76
3	37167.00	3.00	609.20
4	25428.00	3.00	619.83
5	59478.00	6.00	681.39
6	19954.00	3.00	558.27
7	28200.00	4.00	607.57
8	56054.00	6.00	635.79
9	43225.00	4.00	661.95
10	42229.00	5.00	682.83
ค่าเฉลี่ย	41597.40	4.50	642.42
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	14140.52	1.27	43.36

ตาราง ข-10 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	36461.00	5.00	131.69
2	41335.00	4.00	130.81
3	51316.00	4.00	136.59
4	63437.00	5.00	138.61
5	62479.00	6.00	142.82
6	26829.00	3.00	133.72
7	43605.00	4.00	139.92
8	45003.00	4.00	139.08
9	57648.00	5.00	137.80
10	39538.00	4.00	134.26
ค่าเฉลี่ย	46765.10	4.40	136.53
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	11843.69	0.84	3.84

ตาราง ข-11 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	45743.00	4.00	167.76
2	24552.00	3.00	184.59
3	55232.00	5.00	187.15
4	33643.00	3.00	166.32
5	36212.00	4.00	176.88
6	65776.00	5.00	180.29
7	20825.00	3.00	171.97
8	44181.00	4.00	176.15
9	35828.00	3.00	175.83
10	50530.00	4.00	191.83
ค่าเฉลี่ย	41252.20	3.80	177.88
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	13826.57	0.79	8.23

ตาราง ข-12 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	44362.00	4.00	226.25
2	32718.00	5.00	218.80
3	49577.00	4.00	217.29
4	33500.00	4.00	216.13
5	78853.00	6.00	228.46
6	18076.00	4.00	213.98
7	57176.00	5.00	233.68
8	49027.00	5.00	229.20
9	7869.00	2.00	222.34
10	55288.00	4.00	198.45
ค่าเฉลี่ย	42644.60	4.30	220.46
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	20463.86	1.06	10.06

ตาราง ข-13 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	49606.00	5.00	270.14
2	37573.00	5.00	262.57
3	55047.00	4.00	239.34
4	8574.00	2.00	269.93
5	40950.00	3.00	238.72
6	50875.00	4.00	248.64
7	41924.00	5.00	271.27
8	58080.00	4.00	254.59
9	28181.00	4.00	253.49
10	35220.00	4.00	257.61
ค่าเฉลี่ย	40603.00	4.00	256.63
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	14609.09	0.94	12.05



ตาราง ข-14 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	50392.00	4.00	362.05
2	57574.00	4.00	345.35
3	36918.00	5.00	343.94
4	42987.00	4.00	376.20
5	64161.00	5.00	363.16
6	50442.00	6.00	342.01
7	75270.00	6.00	356.82
8	26789.00	4.00	370.81
9	34495.00	4.00	340.05
10	58227.00	6.00	352.34
ค่าเฉลี่ย	49725.50	4.80	355.27
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	14769.44	0.92	12.62

ตาราง ข-15 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	31727.00	3.00	425.86
2	8399.00	2.00	415.27
3	35547.00	4.00	419.69
4	45762.00	4.00	440.35
5	36146.00	4.00	437.32
6	65654.00	5.00	428.70
7	45804.00	5.00	431.06
8	47098.00	5.00	467.70
9	65717.00	5.00	442.03
10	35672.00	4.00	469.05
ค่าเฉลี่ย	41752.60	4.10	437.70
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	16754.85	0.99	18.26

ตาราง ข-16 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	37827.00	4.00	391.45
2	51310.00	5.00	376.34
3	39445.00	3.00	379.76
4	26964.00	4.00	402.50
5	14975.00	3.00	343.85
6	38681.00	3.00	385.96
7	38127.00	5.00	385.47
8	44179.00	5.00	401.47
9	34304.00	4.00	394.21
10	40452.00	5.00	394.17
ค่าเฉลี่ย	36626.40	4.10	385.52
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	9835.78	0.88	16.94

ตาราง ข-17 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	53644.00	6.00	513.79
2	43767.00	4.00	529.15
3	55679.00	4.00	533.54
4	38061.00	5.00	516.58
5	61786.00	7.00	537.48
6	51598.00	4.00	532.93
7	18673.00	3.00	463.16
8	46242.00	5.00	499.79
9	38948.00	5.00	519.39
10	69747.00	6.00	519.29
ค่าเฉลี่ย	47814.50	4.90	516.51
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	14252.54	1.20	21.88

ตาราง ข-18 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาที่)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	10278.00	3.00	667.62
2	6450.00	2.00	643.88
3	35806.00	4.00	658.22
4	14187.00	3.00	624.20
5	30749.00	5.00	638.66
6	42434.00	4.00	658.95
7	23878.00	3.00	616.67
8	6650.00	2.00	652.41
9	49536.00	5.00	699.16
10	28489.00	4.00	680.13
ค่าเฉลี่ย	24845.70	3.50	653.99
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	15214.97	1.08	24.88

ตาราง ข-19 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาที่)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	61759.00	6.00	145.63
2	93133.00	6.00	144.81
3	100746.00	8.00	146.13
4	42268.00	4.00	132.25
5	39868.00	6.00	144.58
6	60817.00	5.00	140.05
7	96235.00	6.00	149.09
8	54315.00	4.00	143.86
9	91555.00	7.00	142.06
10	95501.00	7.00	148.22
ค่าเฉลี่ย	73619.70	5.90	143.67
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	24101.37	1.29	4.81

ตาราง ข-20 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทีก)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	28388.00	4.00	371.16
2	72932.00	8.00	377.83
3	63691.00	5.00	374.66
4	45690.00	4.00	363.97
5	71692.00	5.00	361.38
6	72396.00	4.00	349.78
7	76507.00	6.00	378.88
8	76837.00	5.00	376.75
9	17849.00	4.00	356.48
10	41261.00	4.00	374.26
ค่าเฉลี่ย	56724.30	4.90	368.52
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	21735.38	1.29	10.04

ตาราง ข-21 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทีก)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	88308.00	6.00	235.66
2	68654.00	5.00	227.68
3	39849.00	5.00	232.78
4	101541.00	7.00	243.55
5	81100.00	6.00	239.65
6	55273.00	6.00	243.39
7	58340.00	4.00	233.69
8	24050.00	4.00	240.54
9	40513.00	4.00	241.95
10	59601.00	5.00	231.05
ค่าเฉลี่ย	61722.90	5.20	236.99
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	23853.45	1.03	5.58

ตาราง ข-22 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	48829.00	6.00	261.51
2	47223.00	5.00	275.62
3	57987.00	6.00	284.57
4	66428.00	5.00	263.37
5	101638.00	7.00	286.41
6	50670.00	4.00	278.44
7	46494.00	4.00	279.65
8	66991.00	5.00	275.13
9	56586.00	5.00	252.68
10	93997.00	8.00	277.81
ค่าเฉลี่ย	63684.30	5.50	273.52
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	19485.56	1.27	10.84

ตาราง ข-23 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	66072.00	5.00	374.41
2	64817.00	4.00	358.01
3	58071.00	6.00	367.48
4	25986.00	4.00	345.09
5	65696.00	5.00	372.77
6	53472.00	5.00	358.51
7	39580.00	3.00	361.87
8	33031.00	5.00	367.40
9	44237.00	4.00	371.49
10	35612.00	4.00	375.12
ค่าเฉลี่ย	48657.40	4.50	365.22
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	14895.22	0.85	9.44

ตาราง ข-24 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	30700.00	4.00	462.65
2	38775.00	3.00	469.09
3	50186.00	4.00	466.72
4	99752.00	7.00	437.46
5	59042.00	5.00	457.19
6	53578.00	5.00	439.75
7	64033.00	4.00	454.56
8	70883.00	6.00	470.88
9	57062.00	5.00	467.82
10	39441.00	4.00	459.22
ค่าเฉลี่ย	56345.20	4.70	458.53
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	19607.60	1.16	11.78

ตาราง ข-25 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	75038.00	7.00	424.49
2	61943.00	6.00	419.90
3	47384.00	6.00	418.99
4	68585.00	7.00	421.59
5	55658.00	6.00	420.07
6	57274.00	4.00	416.50
7	62766.00	6.00	415.95
8	81311.00	6.00	411.35
9	71120.00	5.00	422.79
10	57872.00	5.00	422.22
ค่าเฉลี่ย	63895.10	5.80	419.39
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	10150.76	0.92	3.89

ตาราง ข-26 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	45800.00	4.00	515.02
2	32704.00	4.00	560.71
3	34975.00	5.00	546.07
4	83301.00	7.00	562.94
5	51280.00	5.00	548.36
6	36452.00	5.00	537.70
7	61841.00	6.00	529.24
8	60849.00	5.00	539.49
9	60405.00	6.00	558.05
10	55417.00	5.00	548.60
ค่าเฉลี่ย	52302.40	5.20	544.62
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	15560.61	0.92	14.89

ตาราง ข-27 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 1 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	29399.00	4.00	669.64
2	47032.00	5.00	689.93
3	83215.00	6.00	700.82
4	98228.00	6.00	702.66
5	57288.00	4.00	679.27
6	27004.00	3.00	642.75
7	12445.00	3.00	617.20
8	40527.00	4.00	644.20
9	71986.00	8.00	666.95
10	43131.00	4.00	695.42
ค่าเฉลี่ย	51025.50	4.70	670.89
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	26800.67	1.57	28.56

ตาราง ข-28 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาที่)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	63020.00	8.00	330.987159
2	145622.00	12.00	317.651356
3	183404.00	13.00	370.358025
4	135088.00	12.00	344.171578
5	63704.00	10.00	339.339662
6	89102.00	10.00	335.74886
7	69123.00	8.00	343.256084
8	84226.00	11.00	324.263721
9	96679.00	10.00	337.043234
10	57897.00	8.00	328.837777
ค่าเฉลี่ย	98786.50	10.20	337.165746
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	42221.14	1.81	14.3350907

ตาราง ข-29 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาที่)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	121472.00	12.00	433.828833
2	186773.00	14.00	511.258898
3	261140.00	17.00	446.777048
4	49453.00	8.00	467.890377
5	112887.00	13.00	430.916682
6	45682.00	8.00	393.77564
7	65763.00	7.00	391.176633
8	153019.00	14.00	424.798761
9	141764.00	14.00	436.075488
10	137454.00	11.00	386.331915
ค่าเฉลี่ย	127540.70	11.80	432.283028
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	65974.35	3.26	38.1136616



ตาราง ข-30 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาที่)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	140458.00	13.00	546.954538
2	132368.00	10.00	483.825294
3	58165.00	10.00	515.707665
4	118504.00	12.00	531.562995
5	73989.00	9.00	502.059931
6	87232.00	9.00	512.246899
7	53553.00	9.00	502.429789
8	85916.00	9.00	493.02091
9	91546.00	11.00	479.273132
10	122713.00	11.00	540.484864
ค่าเฉลี่ย	96444.40	10.30	510.756602
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	30611.01	1.42	23.1654125

ตาราง ข-31 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาที่)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	126852.00	12.00	611.439248
2	163414.00	14.00	665.065303
3	96478.00	10.00	629.473602
4	111343.00	11.00	622.142528
5	160317.00	15.00	652.654757
6	107815.00	11.00	641.937241
7	147969.00	13.00	655.384937
8	84260.00	9.00	668.675005
9	176517.00	16.00	651.412077
10	118493.00	12.00	608.471656
ค่าเฉลี่ย	129345.80	12.30	640.665635
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	31120.74	2.21	21.644526

ตาราง ข-32 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	112273.00	10.00	851.646143
2	128732.00	12.00	841.476756
3	71265.00	9.00	842.054972
4	170506.00	14.00	884.0208
5	145014.00	13.00	897.101088
6	99276.00	11.00	818.565424
7	124746.00	11.00	852.441923
8	89621.00	10.00	858.878573
9	86745.00	11.00	702.956135
10	146760.00	12.00	793.609944
ค่าเฉลี่ย	117493.80	11.30	834.275176
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	31307.94	1.49	54.6873605

ตาราง ข-33 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	91264.00	10.00	951.532383
2	69886.00	11.00	970.026844
3	97099.00	13.00	999.800005
4	86281.00	10.00	1033.07928
5	171038.00	15.00	1117.92417
6	45533.00	9.00	1023.17308
7	60647.00	9.00	1021.08179
8	192575.00	15.00	1063.15035
9	114575.00	11.00	1014.05496
10	62322.00	8.00	994.983584
ค่าเฉลี่ย	99122.00	11.10	1018.88065
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	48230.92	2.47	46.9931542

ตาราง ข-34 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาที่)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	212037.00	15.00	983.235417
2	144355.00	14.00	982.136395
3	130081.00	11.00	978.389641
4	110088.00	11.00	939.21523
5	47669.00	9.00	931.150728
6	120130.00	12.00	899.767614
7	129014.00	12.00	911.089266
8	135803.00	15.00	882.549933
9	51423.00	8.00	864.615599
10	124584.00	13.00	856.05925
ค่าเฉลี่ย	120518.40	12.00	922.820907
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	46604.43	2.36	47.9931683

ตาราง ข-35 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาที่)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	124889.00	11.00	1348.0519
2	49451.00	10.00	1212.50545
3	95953.00	10.00	1251.64353
4	136810.00	13.00	1297.05874
5	99555.00	11.00	1253.51885
6	155948.00	11.00	1303.79152
7	144964.00	14.00	1342.92917
8	180322.00	14.00	1288.16465
9	83998.00	10.00	1206.14326
10	106589.00	11.00	1252.43142
ค่าเฉลี่ย	117847.90	11.50	1275.62385
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	38389.50	1.58	48.9886983

ตาราง ข-36 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	107162.00	11.00	1563.84418
2	106632.00	11.00	1598.83921
3	102833.00	11.00	1374.58107
4	113705.00	13.00	1453.23515
5	70568.00	9.00	1426.95604
6	146083.00	12.00	1431.37059
7	104009.00	10.00	1395.61366
8	95998.00	11.00	1457.36431
9	115312.00	14.00	1448.22827
10	140545.00	12.00	1384.08048
ค่าเฉลี่ย	110284.70	11.40	1453.41129
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	21431.31	1.43	73.7370927

ตาราง ข-37 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	104151.00	11.00	322.38
2	117684.00	10.00	324.55
3	131598.00	14.00	341.44
4	121523.00	11.00	337.41
5	105993.00	10.00	313.66
6	68119.00	8.00	339.80
7	90184.00	9.00	328.96
8	115175.00	11.00	330.96
9	167258.00	14.00	340.12
10	134612.00	13.00	346.98
ค่าเฉลี่ย	115629.70	11.10	332.63
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	26769.24	2.02	10.33

ตาราง ข-38 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	140237.00	12.00	435.81
2	107098.00	10.00	437.33
3	102173.00	11.00	447.91
4	87917.00	9.00	420.38
5	120935.00	11.00	438.58
6	159277.00	12.00	431.54
7	56483.00	9.00	408.13
8	163342.00	14.00	419.37
9	80540.00	11.00	430.70
10	77242.00	8.00	371.52
ค่าเฉลี่ย	109524.40	10.70	424.13
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	36005.51	1.77	21.71

ตาราง ข-39 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	84031.00	10.00	522.28
2	75639.00	9.00	536.97
3	143651.00	12.00	554.88
4	113028.00	10.00	556.28
5	117623.00	11.00	558.68
6	124555.00	13.00	572.79
7	72553.00	10.00	525.67
8	43581.00	8.00	521.06
9	193954.00	13.00	498.20
10	111141.00	11.00	515.21
ค่าเฉลี่ย	107975.60	10.70	536.20
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	42280.73	1.64	23.61

ตาราง ข-40 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	66542.00	10.00	649.27
2	83063.00	10.00	626.19
3	119186.00	14.00	671.27
4	147397.00	11.00	634.70
5	142449.00	12.00	665.43
6	158037.00	12.00	639.82
7	65446.00	8.00	640.16
8	170094.00	14.00	648.12
9	67009.00	8.00	612.33
10	150614.00	14.00	663.27
ค่าเฉลี่ย	116983.70	11.30	645.06
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	42247.89	2.31	18.40

ตาราง ข-41 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	61098.00	7.00	789.35
2	60828.00	10.00	828.16
3	145376.00	15.00	807.56
4	129343.00	11.00	814.13
5	120051.00	12.00	866.99
6	119769.00	11.00	808.73
7	118233.00	11.00	882.04
8	143277.00	13.00	875.45
9	154965.00	13.00	918.86
10	73466.00	9.00	789.87
ค่าเฉลี่ย	112640.60	11.20	838.11
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	35108.34	2.25	44.54

ตาราง ข-42 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	121423.00	11.00	1091.08
2	127044.00	13.00	1071.61
3	109544.00	10.00	1062.83
4	116441.00	11.00	1061.79
5	92656.00	12.00	1075.24
6	157136.00	14.00	1099.93
7	78745.00	8.00	1005.99
8	86162.00	9.00	1057.45
9	92885.00	10.00	1048.01
10	60271.00	9.00	1035.29
ค่าเฉลี่ย	104230.70	10.70	1060.92
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	27815.80	1.89	27.10

ตาราง ข-43 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	138548.00	11.00	926.19
2	67869.00	8.00	847.67
3	226836.00	18.00	925.62
4	130263.00	13.00	1026.41
5	156694.00	12.00	926.66
6	128467.00	13.00	871.78
7	137139.00	12.00	922.95
8	81885.00	9.00	829.37
9	94627.00	11.00	867.10
10	182033.00	16.00	874.46
ค่าเฉลี่ย	134436.10	12.30	901.82
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	47320.94	2.98	56.55

ตาราง ข-44 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	145774.00	12.00	1410.33
2	126864.00	12.00	1563.38
3	255081.00	18.00	1537.40
4	87909.00	11.00	1502.47
5	208936.00	15.00	1385.91
6	106464.00	12.00	1410.39
7	89688.00	8.00	1378.81
8	225048.00	14.00	1408.18
9	118929.00	12.00	1441.52
10	66933.00	9.00	1449.87
ค่าเฉลี่ย	143162.60	12.30	1448.83
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	64538.58	2.87	64.44

ตาราง ข-45 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	169158.00	13.00	1247.94
2	130640.00	14.00	1277.89
3	135751.00	12.00	1258.49
4	75999.00	10.00	1234.92
5	60985.00	11.00	1177.69
6	103276.00	10.00	1217.06
7	57729.00	9.00	1218.90
8	66729.00	7.00	1185.53
9	57136.00	10.00	1177.34
10	51592.00	8.00	1162.95
ค่าเฉลี่ย	90899.50	10.40	1215.87
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	41305.08	2.17	39.06



ตาราง ข-46 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	151137.00	14.00	338.75
2	210650.00	15.00	334.35
3	165625.00	12.00	327.39
4	161705.00	13.00	332.29
5	160542.00	14.00	334.63
6	143323.00	12.00	328.13
7	120391.00	12.00	346.52
8	195131.00	14.00	329.90
9	171340.00	12.00	333.96
10	111366.00	12.00	333.97
ค่าเฉลี่ย	159121.00	13.00	333.99
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	30269.41	1.15	5.55

ตาราง ข-47 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	158749.00	16.00	441.79
2	134041.00	14.00	420.71
3	189019.00	15.00	415.12
4	218612.00	18.00	421.90
5	161110.00	14.00	465.67
6	122671.00	12.00	435.86
7	107961.00	12.00	457.95
8	152308.00	14.00	438.80
9	145869.00	14.00	470.49
10	218701.00	16.00	497.22
ค่าเฉลี่ย	160904.10	14.50	446.55
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	37641.78	1.84	26.03

ตาราง ข-48 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	146735.00	12.00	514.72
2	151446.00	13.00	507.58
3	130162.00	14.00	531.75
4	158220.00	15.00	540.04
5	208240.00	16.00	530.66
6	158702.00	14.00	524.86
7	136482.00	14.00	562.44
8	176055.00	14.00	601.94
9	167856.00	15.00	585.86
10	92371.00	11.00	603.42
ค่าเฉลี่ย	152626.90	13.80	550.33
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	30503.22	1.48	35.70

ตาราง ข-49 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	173326.00	16.00	640.18
2	155601.00	15.00	645.17
3	268253.00	20.00	605.77
4	177175.00	15.00	653.50
5	176749.00	15.00	648.65
6	181885.00	16.00	641.23
7	161584.00	13.00	667.66
8	137497.00	13.00	639.40
9	169379.00	13.00	684.42
10	118047.00	12.00	626.45
ค่าเฉลี่ย	171949.60	14.80	645.24
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	39298.14	2.30	21.35

ตาราง ข-50 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	181959.00	14.00	803.85
2	281884.00	20.00	828.99
3	125662.00	12.00	819.08
4	183455.00	16.00	819.97
5	81179.00	9.00	821.21
6	124785.00	13.00	838.54
7	139259.00	13.00	857.99
8	55921.00	8.00	844.70
9	184364.00	14.00	861.36
10	162730.00	13.00	873.68
ค่าเฉลี่ย	152119.80	13.20	836.94
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	63036.76	3.36	22.27

ตาราง ข-51 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	107961.00	13.00	1032.80
2	284853.00	20.00	997.46
3	110176.00	12.00	1036.29
4	119171.00	14.00	1046.99
5	115489.00	11.00	996.89
6	133746.00	12.00	1088.16
7	133746.00	12.00	1088.16
8	159702.00	14.00	1157.40
9	87657.00	9.00	1025.68
10	112715.00	11.00	1035.21
ค่าเฉลี่ย	136521.60	12.80	1050.50
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	55540.43	2.94	48.68

ตาราง ข-52 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	188086.00	17.00	920.30
2	227680.00	18.00	939.90
3	210645.00	16.00	947.79
4	149372.00	13.00	904.39
5	164093.00	13.00	925.31
6	178397.00	14.00	989.36
7	176368.00	15.00	943.46
8	172641.00	15.00	969.46
9	255640.00	19.00	916.28
10	129361.00	14.00	962.77
ค่าเฉลี่ย	185228.30	15.40	941.90
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	37344.15	2.07	26.45

ตาราง ข-53 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	123102.00	13.00	1292.43
2	188696.00	16.00	1253.67
3	165775.00	16.00	1184.84
4	166699.00	13.00	1252.87
5	110366.00	11.00	1203.67
6	144062.00	12.00	1230.17
7	162245.00	12.00	1230.14
8	133674.00	13.00	1207.41
9	217740.00	16.00	1257.43
10	174605.00	14.00	1142.24
ค่าเฉลี่ย	158696.40	13.60	1225.49
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	31987.88	1.84	42.78

ตาราง ข-54 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 2 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	186365.00	15.00	1469.93
2	114764.00	12.00	1547.13
3	61660.00	11.00	1484.81
4	188086.00	14.00	1496.33
5	128472.00	12.00	1524.98
6	100219.00	11.00	1530.58
7	167968.00	15.00	1507.58
8	213795.00	16.00	1531.93
9	125507.00	12.00	1534.80
10	136106.00	12.00	1629.92
ค่าเฉลี่ย	142294.20	13.00	1525.80
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	46370.37	1.83	44.02

ตาราง ข-55 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	388486.00	23.00	303.19
2	269987.00	18.00	316.17
3	289902.00	19.00	309.91
4	436573.00	26.00	307.43
5	395484.00	23.00	318.14
6	354321.00	21.00	416.22
7	289415.00	19.00	301.91
8	436086.00	26.00	299.43
9	394997.00	23.00	310.14
10	436882.00	25.00	326.14
ค่าเฉลี่ย	369213.30	22.30	320.87
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	65013.17	2.95	34.47

ตาราง ข-56 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	281608.00	18.00	367.90
2	291328.00	18.00	377.34
3	361913.00	21.00	395.85
4	339085.00	21.00	390.62
5	437371.00	26.00	389.74
6	302015.00	19.00	374.66
7	404745.00	23.00	381.26
8	256362.00	17.00	370.55
9	393926.00	22.00	387.47
10	355700.00	21.00	377.48
ค่าเฉลี่ย	342405.30	20.60	381.29
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	59130.23	2.72	9.29

ตาราง ข-57 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	299166.00	18.00	542.39
2	324293.00	20.00	537.73
3	358047.00	21.00	552.93
4	360276.00	20.00	527.52
5	290782.00	19.00	530.20
6	278713.00	18.00	549.24
7	317206.00	18.00	514.09
8	316219.00	20.00	525.80
9	378347.00	22.00	505.01
10	339701.00	22.00	541.55
ค่าเฉลี่ย	326275.00	19.80	532.64
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	32491.66	1.55	15.18

ตาราง ข-58 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	315782.00	20.00	702.62
2	332172.00	21.00	653.71
3	302126.00	19.00	659.19
4	404856.00	23.00	675.02
5	256473.00	17.00	649.32
6	394037.00	22.00	689.93
7	355811.00	21.00	665.95
8	362024.00	21.00	710.05
9	339196.00	21.00	697.49
10	437482.00	26.00	695.37
ค่าเฉลี่ย	349995.90	21.10	679.87
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	53150.25	2.38	21.97

ตาราง ข-59 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	296055.00	20.00	748.78
2	292660.00	19.00	714.64
3	350365.00	19.00	728.13
4	444412.00	25.00	773.44
5	361657.00	19.00	722.82
6	470762.00	26.00	748.23
7	330290.00	19.00	736.60
8	293763.45	19.00	730.64
9	351468.45	19.00	724.13
10	445515.45	25.00	770.44
ค่าเฉลี่ย	363694.84	21.00	739.79
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	67191.23	3.02	20.06

ตาราง ข-60 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทิจ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	258386.00	18.00	847.44
2	289892.00	19.00	860.20
3	277823.00	18.00	879.24
4	316316.00	18.00	844.09
5	315329.00	20.00	855.80
6	377457.00	22.00	835.01
7	338811.00	22.00	871.55
8	354208.00	22.00	843.70
9	401881.00	23.00	844.11
10	437536.00	24.00	841.97
ค่าเฉลี่ย	336763.90	20.60	852.31
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	56814.85	2.27	14.18

ตาราง ข-61 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทิจ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	279691.00	19.00	1102.99
2	434508.00	25.00	1156.01
3	276483.00	17.00	1038.78
4	322517.00	19.00	1050.39
5	345013.00	19.00	1063.19
6	457727.00	23.00	1082.31
7	407168.00	23.00	1106.85
8	341964.00	19.00	1068.56
9	359321.00	20.00	1068.84
10	390702.00	23.00	1077.05
ค่าเฉลี่ย	361509.40	20.70	1081.50
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	61125.22	2.58	33.55



ตาราง ข-62 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	387579.00	21.00	1231.75
2	350365.00	20.00	1318.20
3	355271.00	21.00	1323.90
4	315185.00	20.00	1208.73
5	381970.00	23.00	1275.11
6	382669.00	20.00	1252.13
7	225382.00	15.00	1247.25
8	221816.00	15.00	1251.94
9	362665.00	23.00	1277.56
10	362779.00	23.00	1231.35
ค่าเฉลี่ย	334568.10	20.10	1261.79
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	62043.52	2.96	37.29

ตาราง ข-63 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 1 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	371536.00	19.00	1480.29
2	348724.00	20.00	1472.23
3	270830.00	17.00	1509.21
4	317992.00	18.00	1503.59
5	341179.00	21.00	1451.52
6	291065.00	17.00	1444.19
7	319821.00	19.00	1452.81
8	343900.00	19.00	1447.86
9	349518.00	19.00	1463.16
10	266325.00	15.00	1481.18
ค่าเฉลี่ย	322089.00	18.40	1470.60
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	35696.96	1.71	22.94

ตาราง ข-64 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	281948.00	19.00	361.98
2	306074.00	19.00	362.62
3	335470.00	22.00	366.99
4	441883.00	23.00	369.42
5	246670.00	16.00	480.45
6	338047.00	20.00	406.28
7	398335.00	21.00	461.26
8	393019.00	21.00	411.90
9	341161.00	20.00	399.52
10	439171.00	24.00	393.58
ค่าเฉลี่ย	352177.80	20.50	401.40
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	65152.14	2.27	41.22

ตาราง ข-65 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	314907.00	21.00	372.11
2	420224.00	24.00	402.43
3	312630.00	20.00	402.54
4	470935.00	24.00	394.00
5	269221.00	17.00	362.20
6	470332.00	27.00	381.40
7	383934.00	23.00	393.96
8	345110.00	19.00	452.52
9	350264.00	21.00	456.71
10	262042.00	17.00	451.58
ค่าเฉลี่ย	359959.90	21.30	406.94
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	75358.31	3.23	34.63

ตาราง ข-66 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	353663.00	21.00	591.20
2	327035.00	21.00	570.61
3	297348.00	20.00	578.33
4	345110.00	19.00	602.35
5	350264.00	21.00	602.15
6	262042.00	17.00	603.07
7	236987.00	16.00	588.87
8	265840.00	19.00	567.57
9	361893.00	21.00	591.36
10	400444.00	21.00	602.23
ค่าเฉลี่ย	320062.60	19.60	589.77
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	52336.56	1.84	13.50

ตาราง ข-67 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	362846.00	22.00	512.58
2	336072.00	20.00	523.96
3	338819.00	19.00	504.30
4	369028.00	21.00	520.10
5	379662.00	23.00	513.83
6	315416.00	21.00	514.86
7	321426.00	20.00	525.49
8	354321.00	21.00	516.22
9	302771.00	18.00	496.86
10	388832.00	21.00	529.42
ค่าเฉลี่ย	346919.30	20.60	515.76
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	28675.80	1.43	9.84

ตาราง ข-68 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	380168.00	22.00	636.42
2	275762.00	16.00	639.40
3	452285.00	26.00	636.65
4	312912.00	20.00	627.60
5	342751.00	21.00	660.20
6	389032.00	22.00	618.42
7	391790.00	22.00	646.00
8	360425.00	19.00	652.36
9	387069.00	21.00	657.41
10	351900.00	21.00	656.81
ค่าเฉลี่ย	364409.40	21.00	643.13
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	48295.01	2.54	13.86

ตาราง ข-69 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	278136.00	19.00	841.00
2	182530.00	14.00	802.48
3	332522.00	19.00	868.45
4	374485.00	21.00	883.78
5	308233.00	20.00	887.42
6	405909.00	23.00	880.93
7	354051.00	20.00	848.75
8	452061.00	24.00	911.31
9	432637.00	24.00	859.64
10	356486.00	22.00	864.06
ค่าเฉลี่ย	347705.00	20.60	864.78
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	79047.85	2.99	29.90

ตาราง ข-70 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	236479.00	18.00	983.89
2	330775.00	20.00	994.89
3	369518.00	20.00	1012.69
4	367337.00	20.00	1004.93
5	403291.00	24.00	1005.25
6	387569.00	21.00	997.55
7	454597.00	25.00	1057.46
8	318273.00	19.00	983.31
9	324709.00	19.00	1030.98
10	348444.00	22.00	1035.47
ค่าเฉลี่ย	354099.20	20.80	1010.64
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	58319.67	2.25	23.97

ตาราง ข-71 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	387512.00	21.00	1217.69
2	417295.00	23.00	1181.91
3	467857.00	26.00	1202.54
4	420147.00	23.00	1237.37
5	321455.00	21.00	1178.99
6	367862.00	21.00	1200.97
7	382550.00	24.00	1218.07
8	398020.00	24.00	1206.60
9	306758.00	18.00	1146.09
10	277143.00	16.00	1108.98
ค่าเฉลี่ย	374659.90	21.70	1189.92
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	58063.99	2.98	38.05

ตาราง ข-72 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
ระหว่างโครโมโซม 2 จุด จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	372919.00	21.00	1419.93
2	228080.00	16.00	1354.84
3	257249.00	16.00	1370.61
4	294194.00	20.00	1439.75
5	331052.00	20.00	1362.18
6	296698.00	19.00	1406.46
7	404378.00	23.00	1463.20
8	293546.00	18.00	1362.54
9	305427.00	18.00	1415.10
10	276695.00	17.00	1389.29
ค่าเฉลี่ย	306023.80	18.80	1398.39
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	52145.40	2.25	36.62

ตาราง ข-73 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	346704.00	22	383.56
2	372935.00	23	366.42
3	316481.00	19	358.57
4	413635.00	23	368.16
5	368765.00	23	356.25
6	382041.00	22	353.74
7	376806.00	22	362.42
8	367952.00	24	365.68
9	396308.00	23	359.59
10	334375.00	18	352.06
ค่าเฉลี่ย	367600.20	21.90	362.64
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	28713.73	1.91	9.13

ตาราง ข-74 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	374286.00	23	470.16
2	417265.00	22	502.23
3	337802.00	20	475.31
4	345974.00	21	485.20
5	370786.00	23	479.28
6	340048.00	19	474.39
7	378653.00	21	485.70
8	394572.00	21	489.06
9	344599.00	18	494.40
10	324921.00	21	491.53
ค่าเฉลี่ย	362890.60	20.90	484.73
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	29087.22	1.60	10.02

ตาราง ข-75 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	258219.00	17.00	604.61
2	395849.00	22.00	618.68
3	294286.00	18.00	604.84
4	441480.00	24.00	602.98
5	293646.00	19.00	597.10
6	379565.00	20.00	607.87
7	295641.00	17.00	600.44
8	339855.00	19.00	627.22
9	255950.00	16.00	584.94
10	310952.00	19.00	607.43
ค่าเฉลี่ย	326544.30	19.10	605.61
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	61440.72	2.42	11.45

ตาราง ข-76 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	414698.00	22.00	681.42
2	378970.00	20.00	729.76
3	317386.00	20.00	694.66
4	390502.00	23.00	681.26
5	370411.00	20.00	699.53
6	434164.00	23.00	707.27
7	355383.00	19.00	675.89
8	380104.00	22.00	714.39
9	349407.00	20.00	708.99
10	401087.00	22.00	719.54
ค่าเฉลี่ย	379211.20	21.10	701.27
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	33734.06	1.45	17.95

ตาราง ข-77 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาทึ)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	319558.00	21.00	931.09
2	364566.00	21.00	950.03
3	348608.00	21.00	993.45
4	288596.00	20.00	971.77
5	522844.00	28.00	965.89
6	333654.00	20.00	1006.15
7	368782.00	22.00	955.54
8	274758.00	18.00	955.87
9	338944.00	20.00	951.89
10	308303.00	20.00	970.12
ค่าเฉลี่ย	346861.30	21.10	965.18
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	68984.70	2.64	21.84



ตาราง ข-78 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	273596.00	18.00	1215.17
2	301927.00	18.00	1226.58
3	370387.00	23.00	1213.46
4	302923.00	19.00	1272.59
5	352701.00	19.00	1212.80
6	359251.00	21.00	1176.88
7	292030.00	18.00	1219.96
8	379268.00	20.00	1230.60
9	371615.00	20.00	1171.25
10	330059.00	19.00	1224.19
ค่าเฉลี่ย	333375.70	19.50	1216.35
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	38284.97	1.58	28.21

ตาราง ข-79 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 30 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	316085.00	19.00	1055.30
2	328203.00	20.00	1035.79
3	306916.00	18.00	1088.16
4	330592.00	19.00	1055.21
5	353649.00	20.00	1072.83
6	363917.00	20.00	1097.47
7	355168.00	21.00	1102.74
8	414770.00	21.00	1050.18
9	378710.00	19.00	1043.35
10	350301.00	23.00	1083.82
ค่าเฉลี่ย	349831.10	20.00	1068.48
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	31817.48	1.41	23.66

ตาราง ข-80 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 40 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	398373.00	22.00	1480.99
2	379425.00	22.00	1455.33
3	357081.00	21.00	1446.29
4	343143.00	20.00	1429.53
5	355706.00	20.00	1428.25
6	320087.00	21.00	1531.61
7	383918.00	20.00	1422.30
8	321239.00	19.00	1384.49
9	367177.00	19.00	1433.56
10	329043.00	17.00	1383.88
ค่าเฉลี่ย	355519.20	20.10	1439.62
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	27157.03	1.52	43.69

ตาราง ข-81 ผลการทดลองข้อมูลชุดที่ 3 ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การสับเปลี่ยนยีน  
เฉพาะฝูงบิน จำนวนโครโมโซม 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น 50 รุ่น

การทดลองทำซ้ำครั้งที่	ค่าความเหมาะสม(นาท)	เครื่องบินที่เข้าซ่อม	เวลา(วินาที)
1	317074.00	20.00	1782.40
2	269349.00	17.00	1746.71
3	381995.00	23.00	1731.63
4	296793.00	18.00	1800.93
5	371067.00	21.00	1715.83
6	352136.00	19.00	1768.77
7	387399.00	21.00	1826.67
8	390745.00	21.00	1864.89
9	373057.00	22.00	1802.46
10	301808.00	17.00	1795.45
ค่าเฉลี่ย	344142.30	19.90	1783.57
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	44047.40	2.08	44.89

## ภาคผนวก ค

## การวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA)

การคำนวณค่าของการวิเคราะห์ความแปรปรวน 2 ทาง (Two-way Anova) คือการวิเคราะห์ความแปรปรวนที่มีตัวแปรต้น (ปัจจัย) 2 ตัว คือตัวแปรต้น A และ ตัวแปรต้น B ว่าส่งผลต่อตัวแปรตาม (ผลการทดลอง) หรือไม่ โดยข้อมูลที่จะนำมาทำการวิเคราะห์จะรวบรวมดังตาราง ค-1

ตาราง ค-1 ตารางข้อมูลเพื่อนำไปวิเคราะห์ความแปรปรวน 2 ทาง

ตัวแปรต้น A	ตัวแปรต้น B		รวม	ค่าเฉลี่ย
	1	2		
1	$x_{111}$ $x_{112}$ $x_{113}$	$x_{121}$ $x_{122}$ $x_{123}$	$T_{1..}$	$\bar{x}_{1..}$
2	$x_{211}$ $x_{212}$ $x_{213}$	$x_{221}$ $x_{222}$ $x_{223}$	$T_{2..}$	$\bar{x}_{2..}$
รวม	$T_{.1.}$	$T_{.2.}$	$T_{...}$	
ค่าเฉลี่ย	$\bar{x}_{.1.}$	$\bar{x}_{.2.}$		$\bar{x}_{...}$

จากตาราง ค-1 มีตัวแปรต้น 2 ตัว แต่ละตัวมี 2 ระดับ และในแต่ละระดับมี 3 ข้อมูล โดยค่าต่างๆ ในตารางมีความหมายดังต่อไปนี้

$x_{ijk}$  คือค่าสังเกตของตัวแปรต้น A ระดับที่  $i$  ตัวแปรต้น B ระดับที่  $j$  ในการทดลองครั้งที่  $k$ ,  $i = 1,2$ ;  $j = 1,2$  และ  $k = 1,2,3$

$T_{1..}$  คือ ผลรวมของตัวแปรต้น A ที่ระดับ 1

$T_{2..}$  คือ ผลรวมของตัวแปรต้น A ที่ระดับ 2

$T_{.1.}$  คือ ผลรวมของตัวแปรต้น B ที่ระดับ 1

$T_{.2.}$  คือ ผลรวมของตัวแปรต้น B ที่ระดับ 2

$T_{...}$  คือผลรวมของทุกระดับและทุกข้อมูล

$\bar{x}_{1..}$  คือ ค่าเฉลี่ยของตัวแปรต้น A ที่ระดับ 1

$\bar{x}_{2..}$  คือ ค่าเฉลี่ยของตัวแปรต้น A ที่ระดับ 2

$\bar{x}_{.1}$ . คือ ค่าเฉลี่ยของตัวแปรต้น B ที่ระดับ 1

$\bar{x}_{.2}$ . คือ ค่าเฉลี่ยของตัวแปรต้น B ที่ระดับ 2

$\bar{x}_{...}$  คือค่าเฉลี่ยของทุกระดับและทุกข้อมูล

เมื่อนำข้อมูลที่รวบรวมในตาราง ค-1 ไปวิเคราะห์ความแปรปรวนจะได้ผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนดังตาราง ค-2

ตาราง ค-2 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA)

แหล่งความแปรผัน	SS	df	MS	F
ตัวแปรต้น A	SSA	$r - 1$	$MSA = \frac{SSA}{(r - 1)}$	$\frac{MSA}{MSE}$
ตัวแปรต้น B	SSB	$c - 1$	$MSB = \frac{SSB}{(c - 1)}$	$\frac{MSB}{MSE}$
ผลของปฏิสัมพันธ์ (A × B)	SSAB	$(r - 1)(c - 1)$	$MSAB = \frac{SSAB}{(r - 1)(c - 1)}$	$\frac{MSAB}{MSE}$
ความคลาดเคลื่อน	SSE	$rc(n - 1)$	$MSE = \frac{SSE}{rc(n - 1)}$	
รวม	SST	$rcn - 1$		

โดยที่ SS แทน ผลบวกกำลังสอง

df แทน ระดับขั้นความเสรี

MS แทน ค่าเฉลี่ยผลบวกกำลังสอง

F แทน ค่าสถิติเอฟที่คำนวณได้

r แทน จำนวนระดับของตัวแปรต้น A

c แทน จำนวนระดับของตัวแปรต้น B

n แทน จำนวนข้อมูลในระดับ

$$SSA = \frac{\sum_{i=1}^r T_{i.}^2}{cn} - \frac{T_{..}^2}{rcn}$$

$$SSB = \frac{\sum_{j=1}^c T_{.j}^2}{rn} - \frac{T_{..}^2}{rcn}$$

$$SSAB = \frac{\sum_{i=1}^r \sum_{j=1}^c T_{ij.}^2}{n} - \frac{\sum_{i=1}^r T_{i.}^2}{cn} - \frac{\sum_{j=1}^c T_{.j}^2}{rn} + \frac{T_{..}^2}{rcn}$$

$$SST = \sum_{i=1}^r \sum_{j=1}^c \sum_{k=1}^n x_{ijk}^2 - \frac{T_{..}^2}{rcn}$$

$$SSE = SST - SSA - SSB - SSAB$$

การสรุปผล เราจะนำค่าสถิติ  $F$  จากตาราง ค-2 เปรียบเทียบกับค่าสถิติ  $F_{\alpha, v_1, v_2}$  ที่ได้จากตารางค่าวิกฤติของการแจกแจงเอฟ ที่ระดับนัยสำคัญ  $\alpha$  ระดับขั้นความเสรีของตัวแปรต้น  $v_1$  และระดับขั้นเสรีของความคลาดเคลื่อน  $v_2$  ถ้าค่าสถิติ  $F > F_{\alpha, v_1, v_2}$  หมายความว่าในแต่ละระดับของตัวแปรต้นทำให้ตัวแปรตามแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ถ้าค่าสถิติ  $F \leq F_{\alpha, v_1, v_2}$  หมายความว่าในแต่ละระดับของตัวแปรต้นทำให้ตัวแปรตามแตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ

สำหรับในงานวิจัยนี้เราจะทำการวิเคราะห์ผลการทดลองโดยทำการทดสอบตัวแปรต้นสองตัว คือจำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่น และปฏิสัมพันธ์ของจำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่น ว่าส่งผลต่อค่าความเหมาะสมหรือไม่ โดยกำหนดจำนวนโครโมโซม มี 3 ระดับคือ 100 200 และ 300 โครโมโซม และจำนวนรุ่น มี 3 ระดับ คือ 30 40 และ 50 รุ่น ทำการทดสอบที่ระดับนัยสำคัญ  $\alpha = 0.05$  โดยทำการวิเคราะห์ความแปรปรวนสำหรับข้อมูลแต่ละชุดและการสับเปลี่ยนระหว่างโครโมโซมทั้ง 3 แบบ ผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนของแต่ละกรณีแสดงดังต่อไปนี้

จากตารางค่าวิกฤติของการแจกแจงเอฟจะได้ว่า  $F_{0.05, 2, 81} = 3.11$  และ  $F_{0.05, 4, 81} = 2.48$

ตาราง ค-3 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวนของข้อมูลชุดที่ 1

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด

แหล่งความแปรผัน	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>
จำนวนโครโมโซม	371390351.27	2	185695175.63	0.55
จำนวนรุ่น	4657164424.27	2	2328582212.13	6.93
ผลของปฏิสัมพันธ์ (จำนวนโครโมโซม×จำนวนโครโมโซม)	179908731.47	4	44977182.87	0.13
ความคลาดเคลื่อน	27220801995.10	81	336059283.89	
รวม	32429265502.11	89		

จากตาราง ค-3 พบว่าจำนวนรุ่นมีค่าสถิติ  $F > F_{0.05,2,81}$  จึงสรุปได้ว่าจำนวนรุ่นมีผลต่อค่าความเหมาะสมอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ในขณะที่จำนวนโครโมโซมและปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัยไม่มีผลใดๆ ต่อค่าความเหมาะสม เพราะ ค่าสถิติของจำนวนโครโมโซม  $F < F_{0.05,2,81}$  และค่าสถิติของปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัย  $F < F_{0.05,4,81}$  ตามลำดับ

ตาราง ค-4 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวนของข้อมูลชุดที่ 1

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด

แหล่งความแปรผัน	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>
จำนวนโครโมโซม	1087229787.76	2	543614893.88	2.45
จำนวนรุ่น	1455269731.49	2	727634865.74	3.28
ผลของปฏิสัมพันธ์ (จำนวนโครโมโซม×จำนวนโครโมโซม)	1841204711.11	4	460301177.78	2.08
ความคลาดเคลื่อน	17944886684.80	81	221541810.92	
รวม	22328590915.16	89		

จากตาราง ค-4 พบว่าจำนวนรุ่นมีค่าสถิติ  $F > F_{0.05,2,81}$  จึงสรุปได้ว่าจำนวนรุ่นมีผลต่อค่าความเหมาะสมอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ในขณะที่จำนวนโครโมโซมและปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัยไม่มีผลใดๆ ต่อค่าความเหมาะสม เพราะ ค่าสถิติของจำนวนโครโมโซม  $F < F_{0.05,2,81}$  และค่าสถิติของปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัย  $F < F_{0.05,4,81}$  ตามลำดับ

ตาราง ค-5 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวนของข้อมูลชุดที่ 1

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน

แหล่งความแปรผัน	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>
จำนวนโครโมโซม	1295540856.02	2	647770428.01	1.59
จำนวนรุ่น	3393883383.89	2	1696941691.94	4.16
ผลของปฏิสัมพันธ์ (จำนวนโครโมโซม×จำนวนโครโมโซม)	247431768.38	4	61857942.09	0.15
ความคลาดเคลื่อน	33045738627.00	81	407972081.81	
รวม	37982594635.29	89		

จากตาราง ค-5 พบว่าจำนวนรุ่นมีค่าสถิติ  $F > F_{0.05,2,81}$  จึงสรุปได้ว่าจำนวนรุ่นมีผลต่อค่าความเหมาะสมอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ในขณะที่จำนวนโครโมโซมและปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัยไม่มีผลใดๆ ต่อค่าความเหมาะสม เพราะ ค่าสถิติของจำนวนโครโมโซม  $F < F_{0.05,2,81}$  และค่าสถิติของปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัย  $F < F_{0.05,4,81}$  ตามลำดับ

ตาราง ค-6 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวนของข้อมูลชุดที่ 2

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด

แหล่งความแปรผัน	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>
จำนวนโครโมโซม	1349724796.36	2	674862398.18	0.39
จำนวนรุ่น	5874351360.82	2	2937175680.41	1.71
ผลของปฏิสัมพันธ์ (จำนวนโครโมโซม×จำนวนโครโมโซม)	5324990404.51	4	1331247601.13	0.78
ความคลาดเคลื่อน	139069896335.60	81	1716912300.44	
รวม	151618962897.29	89		

จากตาราง ค-6 พบว่าจำนวนโครโมโซม จำนวนรุ่น และปฏิสัมพันธ์ของทั้งสอง ไม่มีผลใดๆ ต่อค่าความเหมาะสม เพราะค่าสถิติของจำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่น  $F < F_{0.05,2,81}$  และค่าสถิติของปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัย  $F < F_{0.05,4,81}$

ตาราง ค-7 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวนของข้อมูลชุดที่ 2

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด

แหล่งความแปรผัน	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>
จำนวนโครโมโซม	2724009065.09	2	1362004532.54	0.78
จำนวนรุ่น	8848126782.82	2	4424063391.41	2.54
ผลของปฏิสัมพันธ์ (จำนวนโครโมโซม×จำนวนโครโมโซม)	7996891965.11	4	1999222991.28	1.15
ความคลาดเคลื่อน	141322101195.30	81	1744717298.71	
รวม	160891129008.32	89		

จากตาราง ค-7 พบว่าจำนวนโครโมโซม จำนวนรุ่น และปฏิสัมพันธ์ของทั้งสอง ไม่มีผลใดๆ ต่อค่าความเหมาะสม เพราะค่าสถิติของจำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่น  $F < F_{0.05,2,81}$  และค่าสถิติของปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัย  $F < F_{0.05,4,81}$

ตาราง ค-8 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวนของข้อมูลชุดที่ 2

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน

แหล่งความแปรผัน	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>
จำนวนโครโมโซม	1095908616.69	2	547954308.34	0.30
จำนวนรุ่น	12011234797.96	2	6005617398.98	3.29
ผลของปฏิสัมพันธ์ (จำนวนโครโมโซม×จำนวนโครโมโซม)	4061577338.04	4	1015394334.51	0.56
ความคลาดเคลื่อน	147908928200.30	81	1826036150.62	
รวม	165077648952.99	89		

จากตาราง ค-8 พบว่าจำนวนรุ่นมีค่าสถิติ  $F > F_{0.05,2,81}$  จึงสรุปได้ว่าจำนวนรุ่นมีผลต่อค่าความเหมาะสมอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ในขณะที่จำนวนโครโมโซมและปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัยไม่มีผลใดๆ ต่อค่าความเหมาะสม เพราะ ค่าสถิติของจำนวนโครโมโซม  $F < F_{0.05,2,81}$  และค่าสถิติของปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัย  $F < F_{0.05,4,81}$  ตามลำดับ



ตาราง ค-9 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวนของข้อมูลชุดที่ 3

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด

แหล่งความแปรผัน	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>
จำนวนโครโมโซม	1766068596.07	2	883034298.03	0.28
จำนวนรุ่น	15362602750.04	2	7681301375.02	2.45
ผลของปฏิสัมพันธ์ (จำนวนโครโมโซม×จำนวนโครโมโซม)	5791078822.46	4	1447769705.61	0.46
ความคลาดเคลื่อน	253856733091.54	81	3134033741.87	
รวม	276776483260.11	89		

จากตาราง ค-9 พบว่าจำนวนโครโมโซม จำนวนรุ่น และปฏิสัมพันธ์ของทั้งสอง ไม่มีผลใดๆ ต่อค่าความเหมาะสม เพราะค่าสถิติของจำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่น  $F < F_{0.05,2,81}$  และค่าสถิติของปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัย  $F < F_{0.05,4,81}$

ตาราง ค-10 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวนของข้อมูลชุดที่ 3

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด

แหล่งความแปรผัน	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>
จำนวนโครโมโซม	1460891643.29	2	730445821.64	0.21
จำนวนรุ่น	26766999350.29	2	13383499675.14	3.82
ผลของปฏิสัมพันธ์ (จำนวนโครโมโซม×จำนวนโครโมโซม)	8947001627.91	4	2236750406.98	0.64
ความคลาดเคลื่อน	284020353225.50	81	3506424113.90	
รวม	321195245846.99	89		

จากตาราง ค-10 พบว่าจำนวนรุ่นมีค่าสถิติ  $F > F_{0.05,2,81}$  จึงสรุปได้ว่าจำนวนรุ่นมีผลต่อค่าความเหมาะสมอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ในขณะที่จำนวนโครโมโซมและปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัยไม่มีผลใดๆ ต่อค่าความเหมาะสม เพราะ ค่าสถิติของจำนวนโครโมโซม  $F < F_{0.05,2,81}$  และค่าสถิติของปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัย  $F < F_{0.05,4,81}$  ตามลำดับ

ตาราง ค-11 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวนของข้อมูลชุดที่ 3

โดยใช้การสับเปลี่ยนยีนเฉพาะฝูงบิน

แหล่งความแปรผัน	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>F</i>
จำนวนโครโมโซม	179807032.47	2	89903516.23	0.05
จำนวนรุ่น	14779750408.27	2	7389875204.13	4.03
ผลของปฏิสัมพันธ์ (จำนวนโครโมโซม×จำนวนโครโมโซม)	7061056454.87	4	1765264113.72	0.96
ความคลาดเคลื่อน	148483351050.50	81	1833127790.75	
รวม	170503964946.11	89		

จากตาราง ค-11 พบว่าจำนวนรุ่นมีค่าสถิติ  $F > F_{0.05,2,81}$  จึงสรุปได้ว่าจำนวนรุ่นมีผลต่อค่าความเหมาะสมอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 ในขณะที่จำนวนโครโมโซมและปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัยไม่มีผลใดๆ ต่อค่าความเหมาะสม เพราะ ค่าสถิติของจำนวนโครโมโซม  $F < F_{0.05,2,81}$  และค่าสถิติของปฏิสัมพันธ์ของทั้งสองปัจจัย  $F < F_{0.05,4,81}$  ตามลำดับ

## ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์

ชื่อ	นางสาวศิริวรรณ จันทร์แก่น
วัน เดือน ปีที่เกิด	5 กันยายน พ.ศ. 2532
สถานที่เกิด	กาญจนบุรี ประเทศไทย
ประวัติการศึกษา	ปริญญาตรี วิทยาศาสตร์บัณฑิต (สาขาคณิตศาสตร์ประยุกต์) เกียรตินิยมอันดับสอง มหาวิทยาลัยศิลปากร พ.ศ. 2555
ผลงานตีพิมพ์	ศิริวรรณ จันทร์แก่น, บุญฤทธิ์ อินทียศ, ชวลิต จินอนันต์, “ การ จัดเส้นทางการบินและตารางซ่อมบำรุงโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม”, การประชุมวิชาการทาง คณิตศาสตร์ประจำปี 2557 ครั้งที่ 19, 317-326.



จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย  
CHULALONGKORN UNIVERSITY



จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย  
**CHULALONGKORN UNIVERSITY**