

บทที่ 3

เจเนติกอัลกอริทึม

เจเนติกอัลกอริทึม [29-33] เป็นวิธีออปติไมซ์แบบสุ่ม (Stochastic optimization) อย่างหนึ่งที่เกี่ยวข้องแบบหลักการถ่ายทอดทางพันธุกรรม (Natural genetics) ทางธรรมชาติ เพื่อหาค่าเหมาะสมโดยรวม (Global optimum) โดยอาศัยการสมมติจุดค่าตอบขึ้นมาหลายๆจุด (Population of solutions) ก่อน แล้วประยุกต์ใช้หลักการค้นหาจุดที่เหมาะสมที่สุดซึ่งมีโอกาสที่จะอยู่รอดมากที่สุด (Survival of the fittest) เพื่อหาค่าตอบที่ดียิ่งขึ้นในแต่ละรุ่นของการถ่ายทอด (Generation) สำหรับในแต่ละรุ่นของการถ่ายทอด จะมีการประเมินความเหมาะสม (Fitness) ของจุดค่าตอบแต่ละจุดแล้วพิจารณาเลือกจุดค่าตอบใหม่จากค่าความเหมาะสมนี้ โดยอาศัยวิธีการทางพันธุศาสตร์มาประยุกต์ใช้ วิธีการทางพันธุศาสตร์ที่ใช้ประกอบด้วย การรีโพรดักชัน การครอสโอเวอร์และการมิวเทชัน จุดค่าตอบแต่ละจุดจะประกอบไปด้วยสตริง (String) ของตัวแปรที่ถูกลงรหัสไว้เรียกว่าโครโมโซม (Chromosomes) ซึ่งสามารถถอดรหัสเป็นค่าของตัวแปรจริงได้ โดยทั่วไปนิยมลงรหัสตัวแปรให้เป็นเลขฐานสอง [29]

จากหลักการข้างต้นแสดงให้เห็นว่าการออปติไมซ์โดยใช้เจเนติกอัลกอริทึมนั้นจะแตกต่างจากวิธีออปติไมซ์วิธีอื่นๆ ดังนี้

- 1) เจเนติกอัลกอริทึม ใช้รหัสของตัวแปรเป็นเครื่องมือในการออปติไมซ์แทนที่จะใช้ค่าของตัวแปรโดยตรง ดังนั้นวิธีนี้จึงสะดวกในการแก้ปัญหาเกี่ยวกับตัวแปรชนิดใดก็ได้ ไม่จำเป็นต้องเป็นตัวแปรต่อเนื่อง
- 2) เจเนติกอัลกอริทึม เป็นวิธีออปติไมซ์ที่หาจากจุดเริ่มต้นหลายๆจุด เป็นการหาจุดเหมาะสมโดยรวมโดยเทคนิคการออปติไมซ์แบบขนาน ทำให้ค่าตอบที่ได้เป็นค่าที่ใกล้เคียงกับค่าที่เหมาะสมโดยรวม
- 3) เจเนติกอัลกอริทึม ใช้ข้อมูลเพียงแค่ค่าฟังก์ชันเป้าหมายเท่านั้น ดังนั้นวิธีนี้สามารถใช้กับฟังก์ชันเป้าหมายได้ทุกชนิด ไม่จำเป็นต้องต่อเนื่องหรือหาอนุพันธ์ได้
- 4) เจเนติกอัลกอริทึม ใช้ทฤษฎีทางความน่าจะเป็นในการหาค่าตอบ

3.1 ส่วนประกอบของเจเนติกอัลกอริทึม

3.1.1 การเข้ารหัสและถอดรหัส (Coding and decoding)

เนื่องจากเจเนติกอัลกอริทึมใช้รหัสของตัวแปรในการอุปติไมซ์ ดังนั้นถ้าเลือกวิธีลงรหัสที่เหมาะสมย่อมทำให้เจเนติกอัลกอริทึมมีประสิทธิภาพดีขึ้น โดยทั่วไปนิยมใช้เลขฐานสอง (0 และ 1) เป็นส่วนประกอบของสตริงในการลงรหัส ความยาวของสตริงเป็นตัวกำหนดความละเอียดของตัวแปรที่เราต้องการ ตัวอย่างเช่น ตัวแปรตัวเนื่อง x มีค่าในช่วง -1 ถึง 2 และต้องการความละเอียดถึงทศนิยมตำแหน่งที่ 6 ดังนั้นในช่วงตัวแปร -1 ถึง 2 จึงควรถูกแบ่งออกเป็นอย่างน้อย $(2 - (-1)) * 1000000 = 3000000$ ช่วงย่อยๆ นั้นหมายถึงเราต้องใช้สตริงที่มีความยาว 22 บิตเนื่องจาก

$$2097152 = 2^{21} < 3000000 < 2^{22} = 4194304$$

ส่วนการถอดรหัสจากสตริงให้เป็นค่าจริงของตัวแปรนั้นสามารถทำได้ 2 ขั้นตอนคือ

1) แปลงจากเลขฐานสอง $\langle b_{21}b_{20}\dots b_0 \rangle$ ให้เป็นเลขฐานสิบซึ่งมีค่า x' ที่สามารถทำได้โดยอาศัยสมการ

$$x' = \sum_{i=0}^{21} b_i * 2^i \quad (3.1)$$

2) หาค่าจริงของตัวแปร x จากการประมาณค่าในช่วง (Interpolate) ด้วยสมการ

$$x = -1.0 + x' * \frac{(2 - (-1))}{2^{22} - 1} \quad (3.2)$$

โดยที่ -1 คือขอบล่างของตัวแปร และ 2 คือขอบบนของตัวแปร

3.1.2 การกำหนดประชากรเริ่มต้น (Initial population)

โดยทั่วไปนิยมกำหนดประชากรเริ่มต้นโดยการสุ่มเลือกจำนวนโครโมโซมเท่ากับจำนวนประชากรทั้งหมด

3.1.3 การประเมินความเหมาะสม (Fitness evaluation)

เจเนติกอัลกอริทึมจะพิจารณาเลือกจุดค่าตอบใหม่ๆจากจุดค่าตอบเดิมโดยอาศัยค่าความเหมาะสมที่ไม่เป็นลบ โดยทั่วไปค่าความเหมาะสมนี้จะมีค่าเท่ากับค่าของฟังก์ชันเป้าหมาย แต่ในบางกรณีค่าความเหมาะสมนี้อาจจะหามาจากการจัดลำดับชั้น (Ranking) [34] ค่าของฟังก์ชันเป้าหมาย

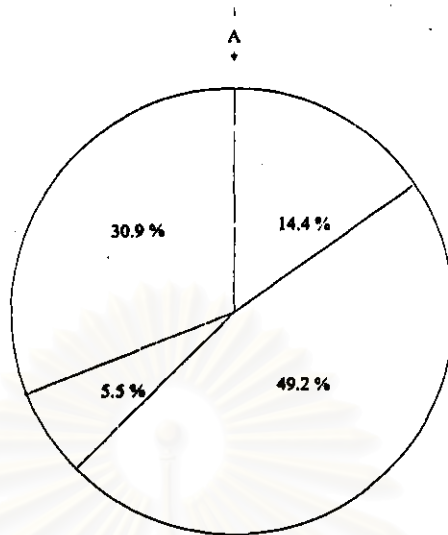
3.1.4 การดำเนินการทางพันธุศาสตร์ (Genetic operator)

3.1.4.1 รีโพรดักชัน (Reproduction)

เป็นขั้นตอนที่จะเลือกว่าโครโมโซมแต่ละตัวในกลุ่มประชากรนั้นว่าจะอยู่รอดหรือไม่ ในรุ่นต่อไป โดยพิจารณาจากค่าความเหมาะสมของโครโมโซมแต่ละตัว ถ้าโครโมโซมใดมีค่าความเหมาะสมสูงก็มีโอกาสที่จะอยู่รอดมาก ส่วนโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมต่ำก็มีโอกาสอยู่รอดน้อย ตารางที่ 3.1 แสดงตัวอย่างค่าความเหมาะสมของโครโมโซมจำนวน 4 ตัว ที่คิดเป็นสัดส่วนเทียบกับผลรวมค่าความเหมาะสมของประชากรทั้งหมด จากนั้นนำสัดส่วนดังกล่าวไปจัดให้อยู่ในรูปแผนภูมิวงกลม ดังในรูปที่ 3.1 การเลือกโครโมโซมจะทำการหมุนแผนภูมิวงกลมดังกล่าวอย่างสุ่มจำนวน 4 ครั้ง (เท่ากับจำนวนประชากรทั้งหมด) ถ้าเข็ม A ชี้ตรงกับพื้นที่ใดในแผนภูมิดังกล่าว โครโมโซมตัวนั้นก็จะได้รับการคัดเลือกให้อยู่รอด

ตารางที่ 3.1 การรีโพรดักชัน

ลำดับที่	สตริง	ค่าความเหมาะสม	สัดส่วนความเหมาะสม
1	01101	169	14.4
2	11000	576	49.2
3	01000	64	5.5
4	10011	361	30.9
ผลรวม		1170	100.0



รูปที่ 3.1 การรีโพรดักชัน

3.1.4.2 การครอสโอเวอร์ (Crossover)

เป็นกระบวนการที่โครโมโซมคู่หนึ่งๆจะแลกเปลี่ยนบิตกันในบางตำแหน่งเพื่อให้กำเนิดโครโมโซมโครงสร้างใหม่ๆขึ้นมาด้วยความน่าจะเป็นค่าหนึ่งซึ่งเรียกว่า ความน่าจะเป็นของการครอสโอเวอร์ (Probability of crossover) ความน่าจะเป็นของการครอสโอเวอร์ก็คือเลขจริงระหว่าง 0 ถึง 1 ที่เรากำหนดขึ้นมาเพื่อบอกว่าโครโมโซมมีโอกาสจะครอสโอเวอร์มากน้อยแค่ไหน รูปที่ 3.2 แสดงการครอสโอเวอร์ โดยในขั้นแรกจะสุ่มเลขจริงในช่วง 0 ถึง 1 ขึ้นมาถ้าเลขที่สุ่มนี้มีค่าสูงกว่าความน่าจะเป็นของการครอสโอเวอร์ก็จะไม่ครอสโอเวอร์ แต่ถ้าเลขที่สุ่มขึ้นมาที่มีค่าต่ำกว่าความน่าจะเป็นของการครอสโอเวอร์ก็จะครอสโอเวอร์ โดยโครโมโซมคู่หนึ่งจะถูกสุ่มขึ้นมาเรียกว่าโครโมโซมพ่อแม่จากนั้นก็สุ่มตำแหน่งครอสโอเวอร์ (Cross site) ขึ้นมา หลังจากนั้นโครโมโซมคู่นั้นก็จะแลกเปลี่ยนบิตกันนับตั้งแต่ตำแหน่งที่อยู่หลังตำแหน่งครอสโอเวอร์เป็นต้นไปเพื่อให้เกิดโครโมโซมใหม่ขึ้นมาเรียกว่าโครโมโซมลูก จะกระทำเช่นนี้จนได้โครโมโซมชุดใหม่ขึ้นมาจนครบจำนวนประชากรที่เราต้องการ

3.1.4.3 มิวเทชัน (Mutation)

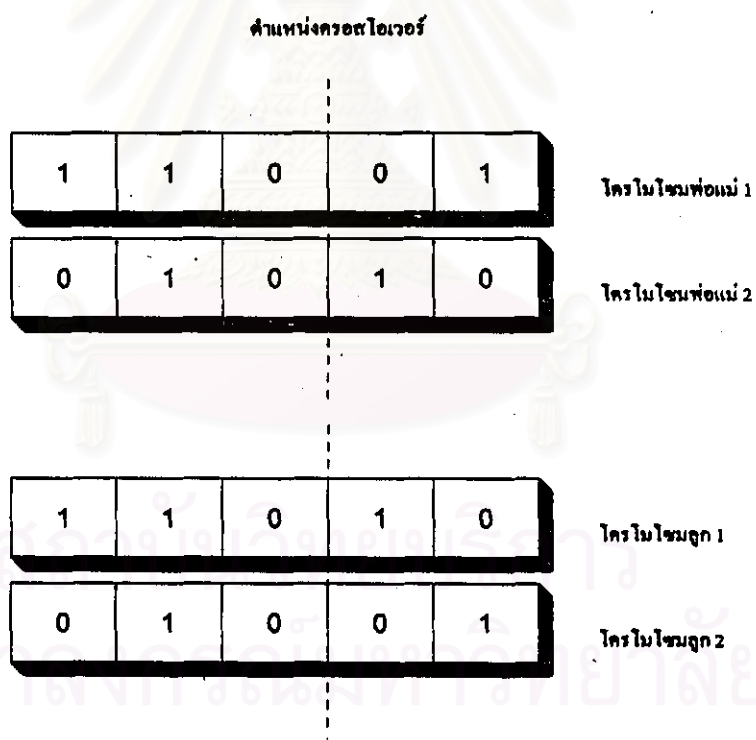
เป็นกระบวนการที่ป้องกันการรู้เข้าก่อนกำหนดและไม่ให้สูญเสียข้อมูลที่สำคัญบางอย่างไปในระหว่างกระบวนการถ่ายทอด โดยการเปลี่ยนค่าของโครโมโซมที่ตำแหน่งใดๆด้วยความน่าจะเป็นค่าหนึ่งซึ่งเรียกว่าความน่าจะเป็นของการมิวเทชัน (Probability of mutation) รูปที่ 3.3 แสดงการมิวเทชัน โดยในขั้นแรกจะสุ่มเลขจริงในช่วง 0 ถึง 1 แล้วเปรียบเทียบกับเลขที่สุ่มกับความน่าจะเป็นของ

การมีวเทร้น ถ้าเลขที่คู่มีค่าสูงกว่าความน่าจะเป็นของการมีวเทร้นก็จะไม่มีวเทร้น แต่ถ้าเลขที่คู่มีค่าต่ำกว่าความน่าจะเป็นของการมีวเทร้นก็จะมีการมีวเทร้นที่บิตตำแหน่งนั้น โดยที่จะเปลี่ยนบิตที่ตำแหน่งนั้นจาก 0 เป็น 1 หรือ 1 เป็น 0

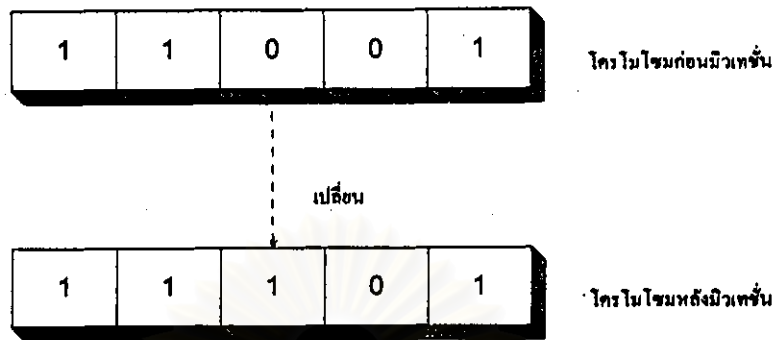
3.1.5 เงื่อนไขการหยุด

เงื่อนไขการหยุดของเจเนติกอัลกอริทึม มีอยู่หลายวิธี เช่นค่าของฟังก์ชันเป้าหมายเปลี่ยนแปลงไปน้อยกว่าค่าที่ยอมรับได้ หรือ มีการเปลี่ยนแปลงบิตในโครโมโซมแต่ละตัวน้อยกว่าจำนวนที่ยอมรับได้ แต่โดยทั่วไปนิยมหยุดหาค่าตอบเมื่อครบจำนวนรอบสูงสุดที่กำหนดเอาไว้ [29]

จากส่วนประกอบข้างต้น ขั้นตอนการหาจุดเหมาะสมโดยรวมของเจเนติกอัลกอริทึมสามารถแสดงได้ดังในรูปที่ 3.4

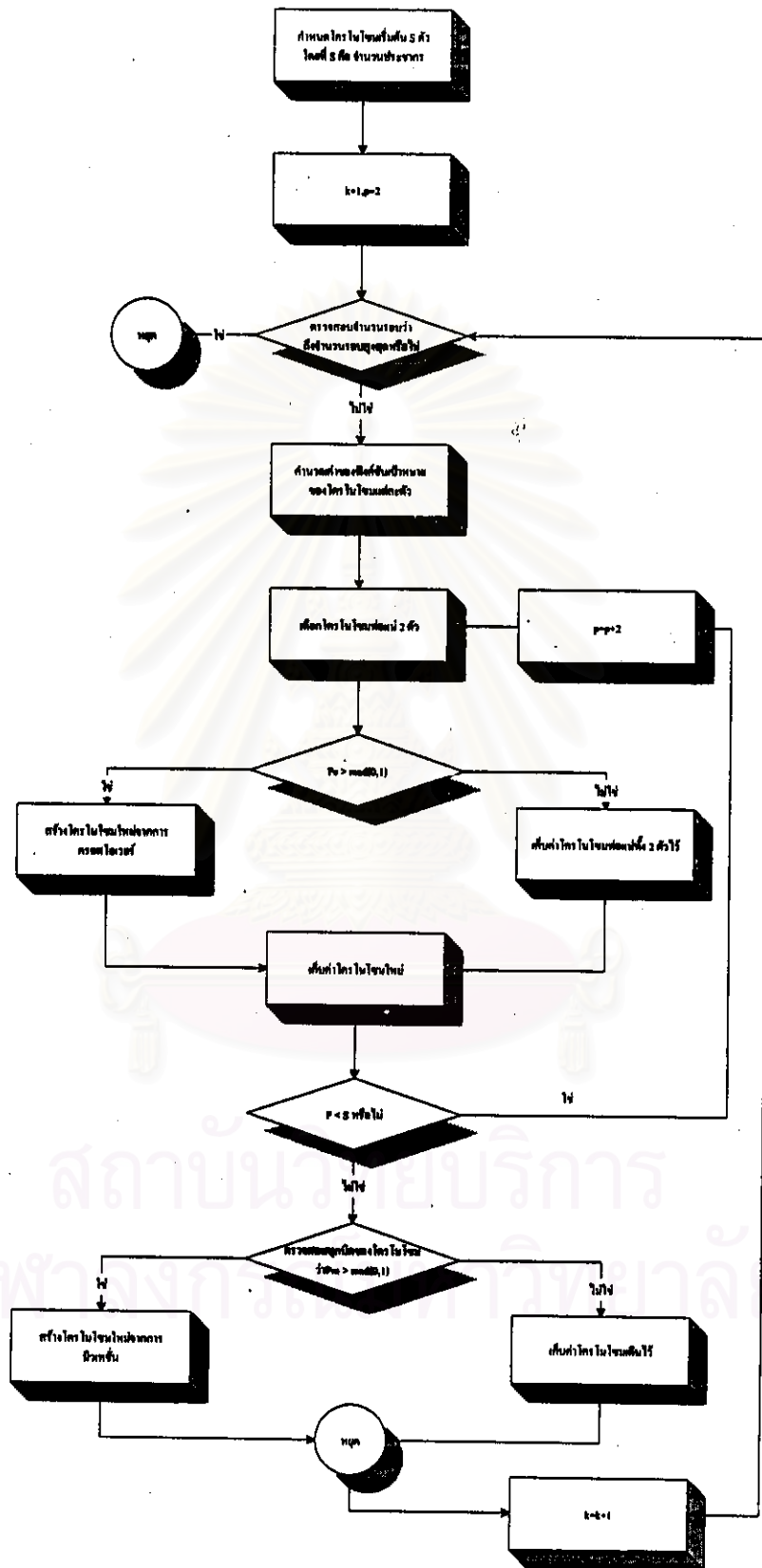


รูปที่ 3.2 การครอสโอเวอร์



รูปที่ 3.3 การมิวเทชัน

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



รูปที่ 3.4 ขั้นตอนการทำงานของเจนดิกอัลกอริทึม

3.2 ทฤษฎีบทสคิมมา (Schema theorem)

เจเนติกอัลกอริทึมคำนวณหาจุดเหมาะสมโดยรวมโดยอาศัยทฤษฎีความน่าจะเป็นและหลักการถ่ายทอดทางพันธุศาสตร์มาประยุกต์กับโครโมโซมซึ่งประกอบไปด้วยบิตสตริงที่ได้มาจากการลงรหัสของตัวแปรในการออปติไมซ์ ทฤษฎีที่อธิบายหลักการเจเนติกอัลกอริทึมเรียกว่าทฤษฎีบทสคิมมา [29] สคิมมา (Schema) คือ ส่วนย่อยของสตริงที่มีความเหมือนกันในบางตำแหน่ง ในการลงรหัสด้วยเลขฐานสองสคิมมา จะประกอบไปด้วยบิตที่มี 3 ลักษณะได้แก่ 0, 1 และ * 0 และ 1 คือเลขฐานสองที่ใช้ในการลงรหัสตนเอง ส่วน * เรียกว่า Don't care symbol ซึ่งมีความหมายว่าที่ตำแหน่งนั้นในสคิมมาเราไม่สนใจว่าบิตจะเป็น 0 หรือ 1 ตัวอย่างของสคิมมา เช่น

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

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

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

สคิมมา จะมีคุณสมบัติที่สำคัญอยู่ 2 อย่างได้แก่

1. อันดับของสคิมมา (Order:O(H)) คือ จำนวนตำแหน่งของบิต 0 และ 1 ที่ประกอบอยู่ในสคิมมา นั้นๆ ตัวอย่างเช่น

$$O(H_1) = 6$$

$$O(H_2) = 3$$

$$O(H_3) = 8$$

2. ความยาวกำหนด (Defining length: $\delta(H)$) คือ ระยะห่างระหว่างตำแหน่ง 0 หรือ 1 ตัวแรกในสคิมมา และตำแหน่ง 0 หรือ 1 ตัวสุดท้ายในสคิมมา ตัวอย่างเช่น

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

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

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

ในระหว่างการวิโพรดักชัน โครโมโซมหรือบิตสตริงมีโอกาสที่จะได้รับเลือกให้ถูกรอดตามสัดส่วนค่าความเหมาะสมของบิตสตริงนั้นๆต่อค่าความเหมาะสมรวมของบิตสตริงในประชากรทั้งหมด กำหนดให้ $m(H,t)$ แทนสคิมมา H ที่เวลา t โดย $f(H)$ คือความเหมาะสมเฉลี่ยของบิตสตริงทุกตัวที่สอดคล้องกับสคิมมา H ซึ่งหากำได้ตามหัวข้อที่ 3.1.3 และ \bar{f} คือ ความเหมาะสมเฉลี่ยของบิตสตริงทั้งหมดในประชากร เราจะได้ว่าภายหลังการวิโพรดักชัน สคิมมา H จะหาได้จาก

$$m(H,t+1) = m(H,t) * \frac{f(H)}{\bar{f}} \quad (3.3)$$

ซึ่งแสดงให้เห็นว่าในระหว่างการรีโพรดักชัน สติมมาโคที่มีความเหมาะสมเฉลี่ยสูงกว่าความเหมาะสมเฉลี่ยของประชากรทั้งหมดจะมีจำนวนเพิ่มมากขึ้นแบบเอ็กซ์โปเนนเชียล (Exponential) ภายหลังการรีโพรดักชัน ในขณะที่สติมมาโคที่มีความเหมาะสมเฉลี่ยต่ำกว่าความเหมาะสมเฉลี่ยของประชากรทั้งหมดจะมีจำนวนลดน้อยลงแบบเอ็กซ์โปเนนเชียลภายหลังการรีโพรดักชัน

ถึงแม้ว่าการรีโพรดักชันจะสามารถให้บิตสตริงที่มีค่าความเหมาะสมที่สูงขึ้นเรื่อยๆ ในแต่ละรอบของการรีโพรดักชัน แต่การรีโพรดักชันก็ไม่ใช่วิธีการที่เพียงพอในการได้ค่าที่เหมาะสมโดยรวม ทั้งนี้เพราะบิตสตริงที่ได้ก็จะเป็นสตริงชุดเดียวกับที่กำหนดเริ่มต้นขึ้นมาในครั้งแรก ดังนั้นจึงต้องมีการครอสโอเวอร์ เพื่อให้กำเนิดบิตสตริงที่มีโครงสร้างใหม่ๆ ขึ้นมา ในการครอสโอเวอร์เราจะสุ่มตำแหน่งในบิตสตริงขึ้นมาตำแหน่งหนึ่งเรียกว่าตำแหน่งครอสโอเวอร์ จากนั้นบิตสตริง 2 ชุดก็จะแลกเปลี่ยนบิตกันในตำแหน่งตั้งแต่ตำแหน่งครอสโอเวอร์จนถึงบิตสุดท้ายของบิตสตริง พิจารณาบิตสตริง A ที่สอดคล้องกับ H_1 และ H_2

$$\begin{aligned} A &= 0111001 \\ H_1 &= *1****0 \\ H_2 &= ***10** \end{aligned}$$

A, H_1 และ H_2 มีความยาวบิตสตริง 7 (มี 6 ตำแหน่งที่มีโอกาสเป็นตำแหน่งครอสโอเวอร์) สมมติตำแหน่งครอสโอเวอร์คือตำแหน่งที่อยู่ระหว่างบิตที่ 3 และบิตที่ 4

$$\begin{aligned} A &= 011|1001 \\ H_1 &= *1*|****0 \\ H_2 &= ***|10** \end{aligned}$$

เมื่อเกิดครอสโอเวอร์ขึ้น H_1 จะถูกทำลายไปเนื่องมาจากบิต 1 ในตำแหน่งที่ 2 และบิต 0 ในตำแหน่งที่ 7 จะถูกแยกออกจากกันภายหลังครอสโอเวอร์ ในขณะที่ H_2 จะอยู่รอดเนื่องมาจากบิต 1 ในตำแหน่งที่ 4 และบิต 0 ในตำแหน่งที่ 5 จะอยู่ด้วยกันภายหลังครอสโอเวอร์ จะสังเกตเห็นว่าหากตำแหน่งครอสโอเวอร์เป็นตำแหน่งที่อยู่ภายในความยาวกำหนดของสติมมา ซิมมา นั่นๆ ก็จะถูกทำลายภายหลังการครอสโอเวอร์ ดังนั้นสติมมาที่มีความยาวกำหนดน้อยๆ มีโอกาสที่จะอยู่รอดมากกว่าสติมมาที่มีความยาวกำหนดสูงๆ จากข้างต้น $\delta(H_1) = 5$ และ $\delta(H_2) = 1$ ดังนั้น H_2 มีโอกาสจะอยู่รอดสูงกว่า H_1 ภายหลังครอสโอเวอร์ กำหนดให้ 1 คือ ความยาวของบิตสตริง และ p_s คือ ความน่าจะเป็นหรือโอกาสที่สติมมาจะอยู่รอดภายหลังการครอสโอเวอร์ ซึ่งสามารถคำนวณได้จากความสัมพันธ์

$$p_s = 1 - \frac{\delta(H)}{1 - 1} \quad (3.4)$$

และเมื่อพิจารณาถึงความน่าจะเป็นของการครอสโอเวอร์ (p_c) ความน่าจะเป็นหรือโอกาสที่สติมมาจะอยู่รอดภายหลังการครอสโอเวอร์ก็คือ

$$p_s \geq 1 - \frac{p_c * \delta(H)}{1 - 1} \quad (3.5)$$

เมื่อรวมผลการวิโพรคักชั้นและการครอตโอเวอร์ สติคมา H สามารถคำนวณได้จาก

$$m(H,t+1) \geq m(H,t) * \frac{f(H)}{f} \left[1 - \frac{p_c * \delta(H)}{1 - 1} \right] \quad (3.6)$$

สติคมา H จะอยู่รอดหรือถูกทำลายไปขึ้นอยู่กับค่าความเหมาะสมและความยาวกำหนดของสติคมานั้นๆ สติคมาใดที่มีค่าความเหมาะสมสูงกว่าค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของประชากรทั้งหมดและมีความยาวกำหนดน้อยก็มีโอกาสที่จะเพิ่มจำนวนภายหลังการวิโพรคักชั้นและครอตโอเวอร์แบบเอ็กซ์โปเนนเชียล

เมื่อผ่านการวิโพรคักชั้นและครอตโอเวอร์แล้ว ขั้นตอนสุดท้ายของเจนเนติกอัลกอริทึมก็คือการมีวเทชั่น ซึ่งจะทำการบิตทุกตำแหน่งในบิตสตริงใดๆ โดยการเปลี่ยนบิตที่ตำแหน่งนั้นจาก 0 เป็น 1 หรือ 1 เป็น 0 ด้วยความน่าจะเป็นค่าหนึ่งเรียกว่าความน่าจะเป็นของการมีวเทชั่น (p_m) สติคมา H จะอยู่รอดก็ต่อเมื่อตำแหน่ง 1 และ 0 ทุกตำแหน่งใน H ไม่เปลี่ยนแปลง ดังนั้นโอกาสอยู่รอดภายหลังมีวเทชั่นจะสัมพันธ์โดยตรงกับจำนวน 1 และ 0 ใน สติคมา หรืออันดับของสติคมานั้นเอง โอกาสอยู่รอดภายหลังมีวเทชั่นสามารถหาได้จากความสัมพันธ์

$$p_s \geq (1 - p_m)^{O(H)} \quad (3.7)$$

โดยปกติ $p_m \ll 1$ ดังนั้นโอกาสอยู่รอดของสติคมา ภายหลังมีวเทชั่นสามารถประมาณได้เป็น

$$p_s \geq 1 - p_m * O(H) \quad (3.8)$$

เมื่อรวมผลของวิโพรคักชั้น ครอตโอเวอร์ และมิวเทชั่น สติคมา H สามารถหาได้จาก

$$m(H,t+1) \geq m(H,t) * \frac{f(H)}{f} \left[1 - \frac{p_c * \delta(H)}{1 - 1} - O(H) * p_m \right] \quad (3.9)$$

กล่าวคือ สติคมาที่มีค่าความเหมาะสมเฉลี่ยสูงกว่าค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของประชากรทั้งหมด มีความยาวกำหนดที่สั้นๆ และมีอันดับต่ำๆ จะเป็นสติคมาที่จะมีจำนวนเพิ่มขึ้นแบบเอ็กซ์โปเนนเชียลในแต่ละรอบของเจนเนติกอัลกอริทึม

3.3 การปรับปรุงเจเนติกอัลกอริทึม

เจเนติกอัลกอริทึมที่กล่าวไว้ในหัวข้อที่ 3.1 เป็นเพียงเจเนติกอัลกอริทึมแบบพื้นฐานที่ใช้กันมานาน แต่ในบางครั้ง เจเนติกอัลกอริทึมแบบพื้นฐานดังกล่าวจะให้คำตอบที่ไม่ดี ทั้งนี้เนื่องมาจาก ในบางครั้งเมื่อแก้ปัญหาออปติไมซ์ด้วยเจเนติกอัลกอริทึมแบบพื้นฐานนั้นคำตอบที่ได้ อาจจะเป็นจุดเหมาะสมเฉพาะที่ (Local optimum) เนื่องจากการสุ่มเข้าก่อนกำหนด

ในหัวข้อนี้จะกล่าวถึงการปรับปรุงเจเนติกอัลกอริทึมให้มีประสิทธิภาพในการหาจุดเหมาะสมโดยรวมมากขึ้น โดยการปรับเปลี่ยนและเพิ่มขั้นตอนบางขั้นตอนในระหว่างกระบวนการถ่ายทอด

3.3.1 ยูนิฟอร์มครอสโอเวอร์ (Uniform crossover)

ครอสโอเวอร์ที่ใช้ในหัวข้อที่ 3.1.4 นั้นเรียกว่าการครอสโอเวอร์แบบจุดเดียว (Single point crossover) [29] ซึ่งจะให้ผลดีในบางปัญหา เช่น ปัญหาที่มีตัวแปรควมไม่มากนักและปัญหาที่มีความยาวของบิตตริงน้อยๆ แต่เมื่อปัญหาออปติไมซ์มีขนาดใหญ่มากขึ้น มีตัวแปรควมในปัญหามากขึ้น การครอสโอเวอร์แบบจุดเดี่ยวดังกล่าวจะให้ผลที่ไม่ดีนัก ทั้งนี้เนื่องมาจากการครอสโอเวอร์แบบจุดเดี่ยวนั้น ผลลัพธ์ที่ได้จะขึ้นอยู่กับตำแหน่งครอสโอเวอร์ กล่าวคือโครโมโซมคู่หนึ่งๆจะแลกเปลี่ยนบิตตริงกันในตำแหน่งที่อยู่หลังตำแหน่งครอสโอเวอร์ (ตามรูปที่ 3.2) ซึ่งจะเห็นว่าบิตตริงที่อยู่ในตำแหน่งแรกของโครโมโซมพ่อแม่จะไม่มีโอกาสได้แลกเปลี่ยนบิตกับโครโมโซมอื่นเลย ซึ่งในบางครั้งโครโมโซมในตำแหน่งดังกล่าวอาจจะเป็นประโยชน์ในการแก้ปัญหาออปติไมซ์ก็ได้

ด้วยเหตุผลดังกล่าว ยูนิฟอร์มครอสโอเวอร์ [35] จึงถูกนำมาประยุกต์ใช้ หลักการของยูนิฟอร์มครอสโอเวอร์ก็คือ ในขั้นแรกจะสุ่มเลือกโครโมโซมที่จะครอสโอเวอร์ขึ้นมาคู่หนึ่งก่อน จากนั้นก็จะสุ่มเลขระหว่าง 0 ถึง 1 ถ้าเลขสุ่มดังกล่าวมีค่ามากกว่าความน่าจะเป็นของการครอสโอเวอร์ก็จะไม่ทำการครอสโอเวอร์ แต่ถ้าเลขสุ่มดังกล่าวมีค่าต่ำกว่าความน่าจะเป็นของการครอสโอเวอร์ ก็จะครอสโอเวอร์โดยการสุ่มบิตตริง 0 หรือ 1 ที่มีความยาวเท่ากับความยาวบิตตริงของโครโมโซมพ่อแม่ขึ้นมาชุดหนึ่ง จากนั้นถ้าตำแหน่งใดของบิตตริงที่สุ่มขึ้นมา มีค่าเป็น 1 ก็จะแลกเปลี่ยนบิตตำแหน่งนั้นระหว่างโครโมโซมพ่อแม่คู่นั้น ถ้าตำแหน่งใดของบิตตริงที่สุ่มขึ้นมา มีค่าเป็น 0 ก็จะคงบิตตำแหน่งนั้นเหมือนเดิม ดังแสดงในรูปที่ 3.5

1	1	0	0	0	โครโมโซมพ่อแม่ 1
0	1	0	1	1	โครโมโซมพ่อแม่ 2
1	0	1	1	0	ลูก
0	1	0	1	0	โครโมโซมลูก 1
1	1	0	0	1	โครโมโซมลูก 2

รูปที่ 3.5 ยูนิฟอร์มครอสโอเวอร์

จากหลักการยูนิฟอร์มครอสโอเวอร์ดังกล่าว จะเห็นว่าการยูนิฟอร์มครอสโอเวอร์เป็นการครอสโอเวอร์ที่บิดทุกๆตำแหน่งในโครโมโซมมีโอกาสที่จะแลกเปลี่ยนบิดกับโครโมโซมอื่นๆเท่าเทียมกัน ดังนั้นการครอสโอเวอร์แบบนี้จะได้ผลลัพธ์ที่ไม่ขึ้นกับตำแหน่งครอสโอเวอร์หรือความยาวบิดของโครโมโซมพ่อแม่

3.3.2 อิลิติซึม (Elitism)

ในหัวข้อที่ 3.1.4 การดำเนินการทางพันธุศาสตร์ประกอบด้วยกระบวนการ 3 ขั้นตอน คือ การรีโพรดักชัน การครอสโอเวอร์ และการมิวเทชัน ซึ่งกระบวนการทั้ง 3 อย่างเป็นกระบวนการที่อาศัยความน่าจะเป็นในการถ่ายทอดประชากรจากรุ่นหนึ่งไปยังอีกรุ่นหนึ่ง ซึ่งไม่มีหลักประกันว่าในรอบถัดไปจะมีประชากรที่ดีกว่ารุ่นแรก และในบางครั้งก็อาจจะสูญเสียโครโมโซมที่ดีที่สุดไปในระหว่างการถ่ายทอดดังกล่าว จากปัญหานี้เอง จึงได้เกิดแนวคิดที่ว่าควรจะเก็บโครโมโซมที่ดีที่สุดในแต่ละรอบของการถ่ายทอดเอาไว้ในรอบถัดไป เพื่อเป็นหลักประกันว่าโครโมโซมที่ดีที่สุดในรอบถัดไปจะดีกว่าในรอบก่อนหน้านั้นเสมอ ซึ่งหลักการนี้เรียกว่า อิลิติซึม [29]



เมื่อนำอิทธิพลของมาไว้ในเจเนติกอัลกอริทึมจะมีขั้นตอนดังนี้

- 1) กำหนดประชากรเริ่มต้นโดยการสุ่ม
- 2) หาค่าความเหมาะสมของโครโมโซมแต่ละตัว
- 3) จากประชากรทั้งหมด จะเลือกโครโมโซมที่ดีที่สุดเก็บเอาไว้
- 4) นำโครโมโซมที่ไม่ได้รับคัดเลือกไปผ่านขั้นตอนรีโพรดักชัน คrossover และมิวเทชัน
- 5) นำโครโมโซมจากขั้นที่ 3) และขั้นที่ 4) มารวมกัน
- 6) ย้อนไปทำขั้นที่ 2) จนครบจำนวนรอบสูงสุดที่กำหนดไว้

3.4 ตัวอย่างการหาจุดเหมาะสมโดยรวมด้วยเจเนติกอัลกอริทึม

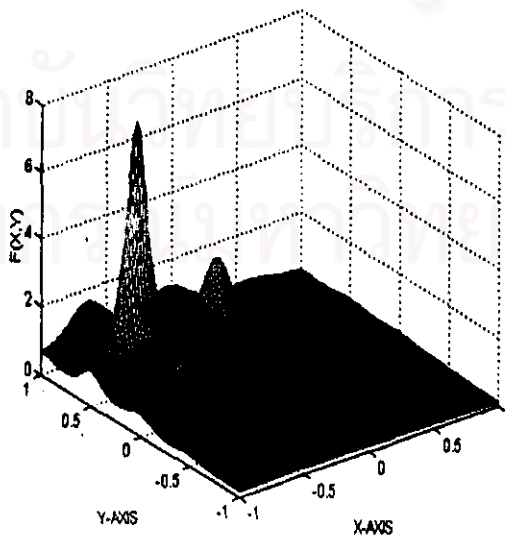
ในหัวข้อนี้จะแสดงให้เห็นวิธีการประยุกต์เจเนติกอัลกอริทึมในการแก้ปัญหาออปติไมซ์

ตัวอย่าง 1 [36] จงหาจุดสูงสุดของฟังก์ชัน

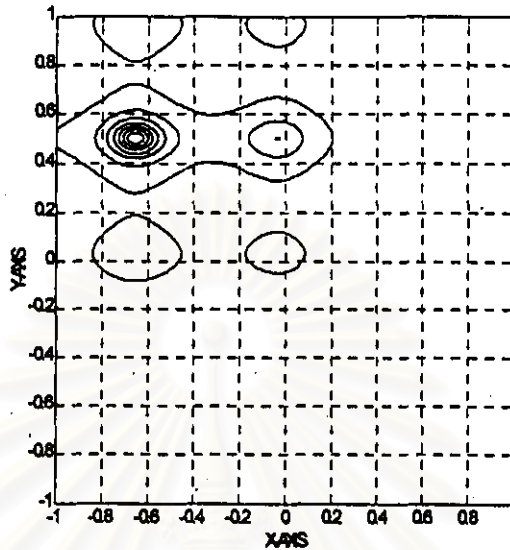
$$F(X,Y) = \frac{1}{(X+0.5)^2 + 2(Y-0.5)^2 - 0.3\cos(3X) - 0.4\cos(4Y) + 0.8}$$

โดยที่ $-1 \leq X \leq 1$, $-1 \leq Y \leq 1$

รูปกราฟแสดงฟังก์ชันในตัวอย่างนี้แสดงในรูปที่ 3.6 และรูปที่ 3.7 ซึ่งจากกราฟจะเห็นว่าฟังก์ชันมีจุดสูงสุดอยู่ที่ $X = -0.65500935$ และ $Y = 0.5$ ซึ่ง $F(X,Y) = 7.94680649$



รูปที่ 3.6 กราฟของฟังก์ชันในตัวอย่างที่ 1



รูปที่ 3.7 คอนทัวร์ของฟังก์ชันในตัวอย่างที่ 1

ขั้นที่ 1 การลงรหัสและถอดรหัส

ในปัญหานี้หากเราต้องการความละเอียดของตัวแปรถึงทศนิยมตำแหน่งที่ 8 ดังนั้นเราต้องใช้สตริงความยาว 28 บิต ค่ะหนึ่งตัวแปรในการลงรหัส เนื่องจาก

$$134217728 = 2^{27} \leq (1 - (-1)) \cdot 10^8 \leq 2^{28} = 268435456$$

ส่วนการถอดรหัสสตริงให้เป็นตัวแปร สามารถใช้สมการ

$$x = -1.0 + x' \cdot \frac{(1 - (-1))}{2^{28} - 1}$$

โดยที่ x' คือ เลขฐานสิบที่ได้จากการแปลงบิตสตริงที่เป็นเลขฐานสอง

ขั้นที่ 2 การกำหนดประชากรเริ่มต้น

ในที่นี้จะใช้วิธีการสุ่มในการกำหนดประชากรเริ่มต้นโดยจำนวนประชากรที่ใช้คือ 60

ขั้นที่ 3 การประเมินค่าความเหมาะสม

เนื่องจากปัญหาในข้อนี้เป็นการหาจุดสูงสุดของฟังก์ชันดังนั้นจึงสามารถใช้ค่าของฟังก์ชันเป้าหมายเป็นค่าความเหมาะสมได้เลย

ขั้นที่ 4 การดำเนินการทางพันธุศาสตร์

การดำเนินการทางพันธุศาสตร์ประกอบด้วย 3 ส่วนคือ รีโพรดักชัน ทรอสโเวอร์และ มิวเทชัน ในปัญหานี้จะใช้ความน่าจะเป็นในการทรอสโเวอร์เท่ากับ 0.8 และความน่าจะเป็นในการมิวเทชันเท่ากับ 0.01

ขั้นที่ 5 เงื่อนไขการหยุด

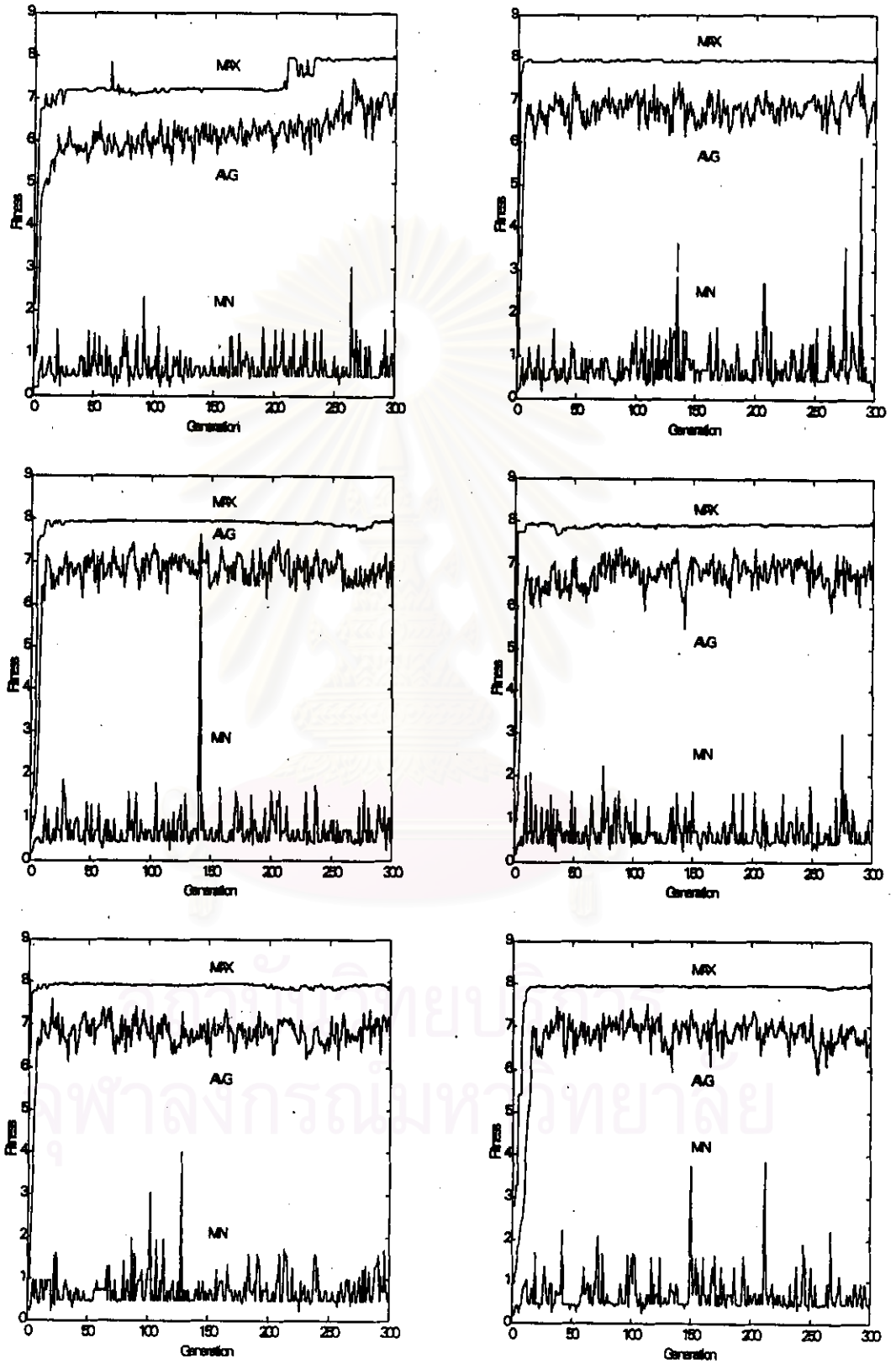
เงื่อนไขการหยุดคือจำนวนรุ่นของการถ่ายทอดสูงสุด ในตัวอย่างนี้จะกำหนดให้จำนวนรุ่นสูงสุดในการถ่ายทอดคือ 300 รุ่น

ผลการแก้ปัญหา

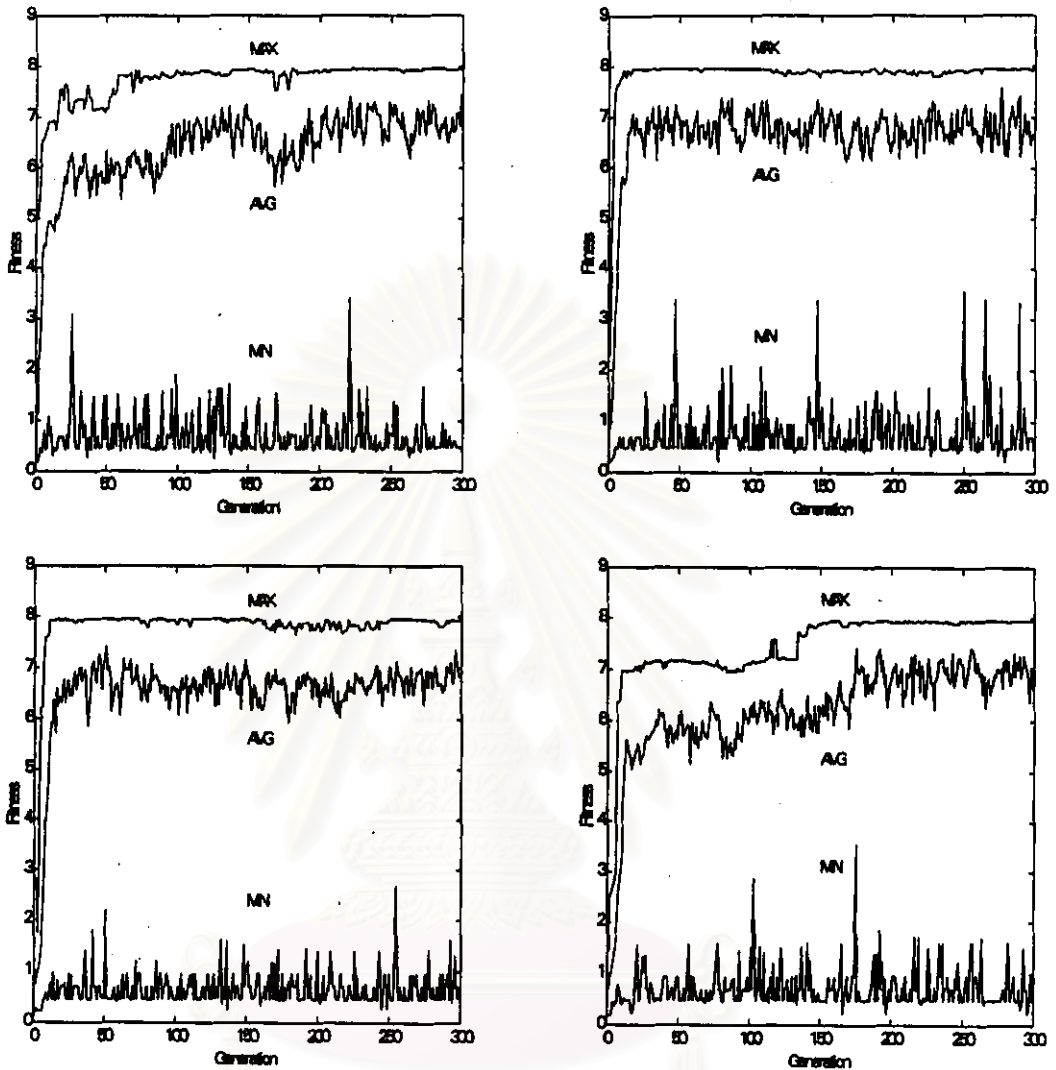
จากการแก้ปัญหาออปติไมซ์ในตัวอย่างนี้จำนวน 10 ครั้ง ผลลัพธ์สามารถแสดงได้ด้วยตารางที่ 3.2 และกราฟในรูปที่ 3.8 ซึ่งแสดงให้เห็นถึงผลการเปลี่ยนแปลงค่าสูงสุด ค่าต่ำสุด และค่าเฉลี่ยความเหมาะสมของประชากรในแต่ละรุ่นของการถ่ายทอดด้วยเจเนติกอัลกอริทึม

ตารางที่ 3.2 ผลการแก้ปัญหาของฟังก์ชันในตัวอย่างที่ 1

ครั้งที่ 1	X	Y	ค่าความเหมาะสม
1	-0.65520646	0.50019384	7.94669185
2	-0.65450311	0.49992539	7.94656419
3	-0.65396537	0.49952304	7.94534425
4	-0.65544111	0.49946427	7.94603018
5	-0.65506383	0.50010460	7.94678061
6	-0.65504573	0.49995404	7.94680082
7	-0.65525521	0.49950477	7.94623201
8	-0.65520674	0.50000230	7.94677143
9	-0.65522559	0.49956098	7.94635569
10	-0.65504812	0.50015253	7.94675579



รูปที่ 3.8 ผลการแก้ปัญหาของฟังก์ชันในตัวอย่างที่ 1



รูปที่ 3.8 (ต่อ) ผลการแก้ปัญหาของฟังก์ชันในตัวอย่างที่ 1

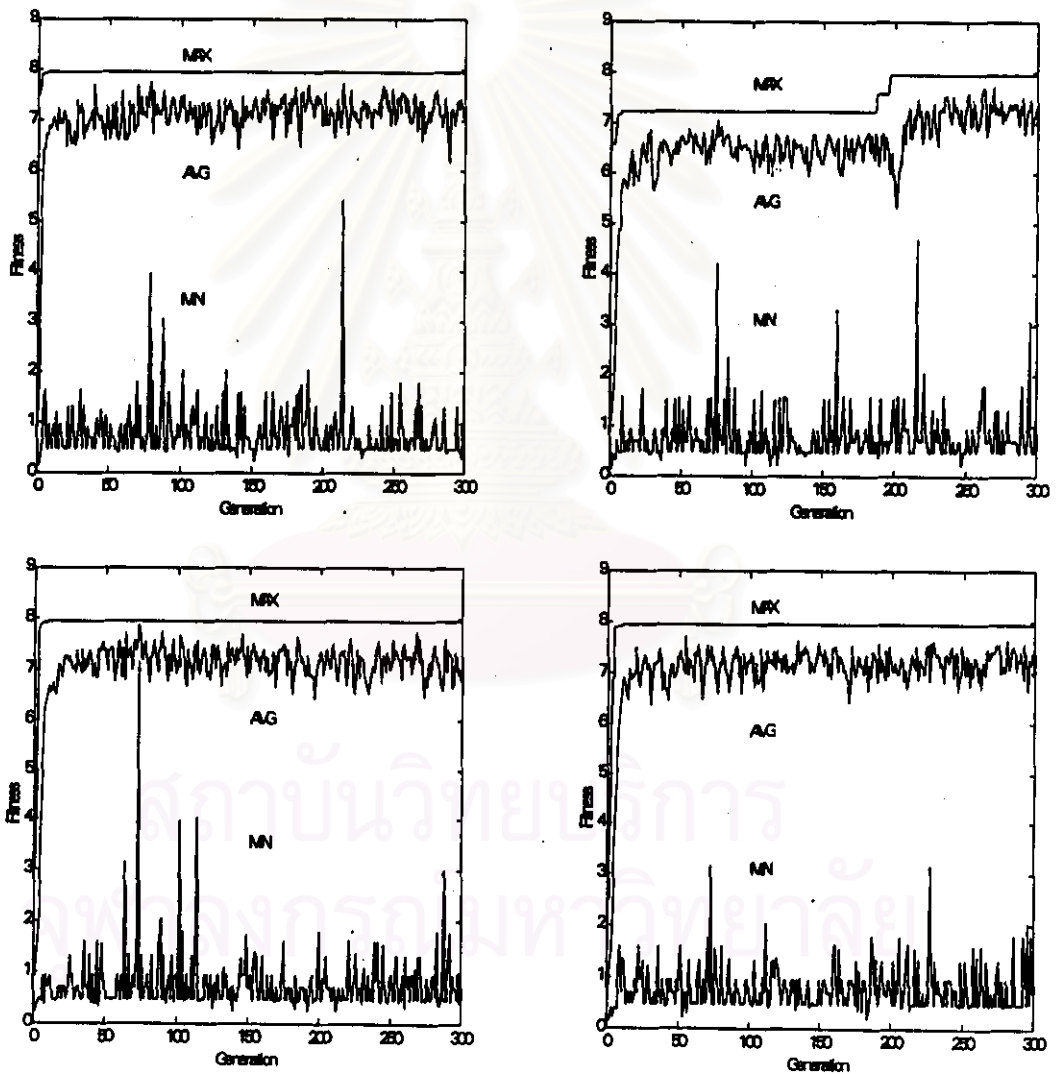
จากตารางที่ 3.2 ค่าตอบของปัญหาออปติไมซ์โดยใช้เจเนติกอัลกอริทึมทั้ง 10 ครั้งจะได้ค่าตอบที่ดีที่สุดตัวอย่างนี้ก็คือ $X = -0.65504573$ และ $Y = 0.49995404$ โดยที่ค่าของฟังก์ชันเป้าหมาย $F(X,Y) = 7.94680082$ และค่าสูงสุดโดยเฉลี่ยจากการแก้ปัญหาทั้ง 10 ครั้งคือ $F(X,Y) = 7.9464326$

ตัวอย่างที่ 2 หาจุดสูงสุดของ $F(X,Y)$ โดยใช้เจเนติกอัลกอริทึมตามหัวข้อที่ 3.3

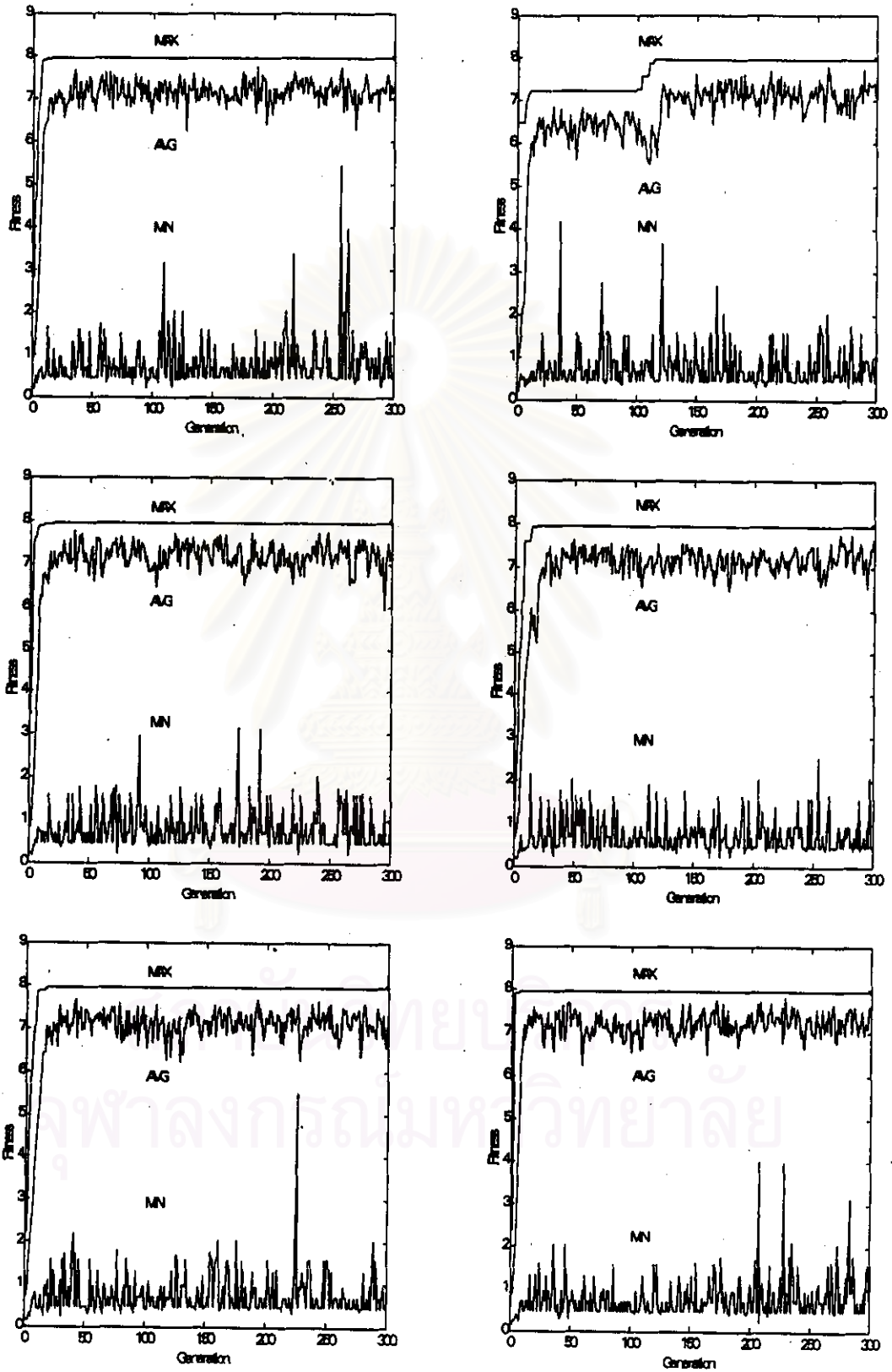
$$F(X,Y) = \frac{1}{(X+0.5)^2 + 2(Y-0.5)^2 - 0.3\cos(3X) - 0.4\cos(4Y) + 0.8}$$

โดยที่ $-1 \leq X \leq 1$, $-1 \leq Y \leq 1$

เมื่อใช้พารามิเตอร์เหมือนในตัวอย่างที่ 1 จะได้ผลลัพธ์แสดงในรูปที่ 3.9 และตารางที่ 3.3



รูปที่ 3.9 ผลการแก้ปัญหาของฟังก์ชันในตัวอย่างที่ 2



รูปที่ 3.9 (ต่อ) ผลการแก้ปัญหาของฟังก์ชันในตัวอย่างที่ 2

ตารางที่ 3.3 ผลการแก้ปัญหาของฟังก์ชันในตัวอย่างที่ 2

ครั้งที่ 1	X	Y	ค่าความเหมาะสม
1	-0.65500935	0.50000001	7.94680649
2	-0.65500940	0.50000001	7.94680649
3	-0.65502930	0.50000000	7.94680613
4	-0.65502930	0.50000001	7.94680613
5	-0.65625001	0.50000000	7.94542165
6	-0.65502930	0.50000000	7.94680613
7	-0.65502930	0.50000001	7.94680613
8	-0.65501023	0.50000000	7.94680649
9	-0.65500935	0.50000000	7.94680649
10	-0.65500926	0.50000000	7.94680648

จากตารางที่ 3.3 ค่าตอบของปัญหาออปติไมซ์โดยใช้เจเนติกอัลกอริทึมทั้ง 10 ครั้งจะได้คำตอบที่ดีที่สุดด้วยนี่ก็คือ $X = -0.65500935$ และ $Y = 0.50000000$ โดยที่ค่าของฟังก์ชันเป้าหมาย $F(X,Y) = 7.94680649$ และค่าสูงสุดโดยเฉลี่ยจากการแก้ปัญหาทั้ง 10 ครั้งคือ $F(X,Y) = 7.94666786$

จากผลการแก้ปัญหาออปติไมซ์ในตัวอย่างที่ 1 และตัวอย่างที่ 2 โดยใช้เจเนติกอัลกอริทึมซึ่งจะเห็นว่าในตัวอย่างที่ 2 จะดูเข้าและให้ผลลัพธ์โดยเฉลี่ยดีกว่าในตัวอย่างที่ 1 หลังจากมีการปรับปรุงบางขั้นตอนในเจเนติกอัลกอริทึมดังในหัวข้อที่ 3.3

3.5 สรุป

ในบทนี้ได้กล่าวถึงเจเนติกอัลกอริทึม ซึ่งเป็นวิธีออปติไมซ์แบบสุ่มวิธีหนึ่งที่เลียนแบบการถ่ายทอดพันธุกรรมในธรรมชาติ โดยจะกระทำผ่านกลุ่มโครโมโซมที่ประกอบไปด้วยรหัสของตัวแปรโครโมโซมแต่ละตัวจะมีค่าความเหมาะสมของตัวเอง จากนั้นประยุกต์ใช้หลักการที่ว่าโครโมโซมใดที่มีค่าความเหมาะสมมากก็จะมีโอกาสอยู่รอดมากด้วย

ในแต่ละรอบของการถ่ายทอด โครโมโซมในกลุ่มประชากรแต่ละตัวจะต้องผ่านกระบวนการพื้นฐานของเจเนติกอัลกอริทึมซึ่งประกอบไปด้วย การรีโพรดักชัน การครอสโอเวอร์และการมิวเทชัน เพื่อให้กำเนิดชุดโครโมโซมใหม่ขึ้นมาที่มีค่าความเหมาะสมโดยเฉลี่ยสูงกว่าในรุ่นที่ผ่านมา