

## บทที่ 2

### ปริทรรศน์วรรณกรรม

ในบทนี้จะได้นำเสนองานวิจัยซึ่งเสนอแนวทางในการปรับปรุงขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยการรักษาความหลากหลายของประชากรในหลายรูปแบบได้แก่ วิธีกลุ่มเฉพาะ(niching method) แรงค์สเปซ(ranked spaces) การจับคู่แบบมีข้อกำหนด(restricted mating) DCGA(diversity control oriented genetic algorithm) CSGA(complementary surrogate genetic algorithm) ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบ multiploid และงานวิจัยอื่นๆ

#### 2.1 วิธีกลุ่มเฉพาะ

วิธีกลุ่มเฉพาะเป็นวิธีการที่เป็นที่รู้จักกันดีมากที่สุดของวิธีการปรับปรุงขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยการรักษาความหลากหลายของประชากร [37] รูปแบบวิธีกลุ่มเฉพาะที่ถูกใช้มากที่สุดรูปแบบหนึ่งคือการแบ่ง (sharing) ซึ่งเป็นเทคนิคที่ได้รับแรงบันดาลใจจากระบบนิเวศน์ของสิ่งมีชีวิต โดยเทคนิคนี้หน่วยชีวิตแต่ละหน่วยจะถูกบังคับให้แบ่งส่วนของค่าความเหมาะสมของตนให้แก่หน่วยชีวิตเพื่อนบ้าน(neighbor) ซึ่งอยู่ในบริเวณใกล้เคียง ด้วยเหตุนี้หน่วยชีวิตที่จะสามารถอยู่รอดได้ดีคือหน่วยชีวิตที่มีค่าความเหมาะสมสูงและพยายามอยู่ห่าง(แตกต่าง)จากหน่วยชีวิตเพื่อนบ้านให้มากที่สุด จึงเป็นกลไกให้เกิดการรักษาความหลากหลายของกลุ่มประชากรในระหว่างขั้นตอนวิวัฒนาการ

งานวิจัย [37] ได้เสนอการใช้วิธีกลุ่มเฉพาะในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ทั้งนี้เนื่องจากขั้นตอนเชิงพันธุกรรมปกติซึ่งใช้กระบวนการคัดเลือกแบบ elitism มีความเหมาะสมที่จะใช้กับเฉพาะในการหาค่าที่ดีที่สุดของปัญหา unimodal ทั้งนี้เนื่องจากวิธีการดังกล่าวสามารถเข้าสู่คำตอบได้อย่างรวดเร็ว แต่สำหรับปัญหาในโลกจริงบ่อยครั้งที่พบว่าเป็นปัญหาที่มีลักษณะ multimodal การหาคำตอบของปัญหาจำเป็นต้องทำการค้นหาตอบที่ดีที่สุด ในหลายบริเวณ ด้วยลักษณะของปัญหาแบบนี้วิธีกลุ่มเฉพาะซึ่งส่งเสริมให้เกิดกลุ่มประชากรย่อยซึ่งทำการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดในแต่ละบริเวณจึงมีความสำคัญในการหาคำตอบของปัญหาประเภทนี้

วิธีกลุ่มเฉพาะถูกพัฒนาขึ้นเพื่อลดปัญหาการเกิดภาวะพันธุกรรมเลื่อนลอย(genetic drift) อันเป็นผลมากระบวนการคัดเลือกของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ เป็นเทคนิคที่รักษาความ

หลายหลายของประชากรและส่งเสริมการค้นหาคำตอบของปัญหาจากหลายบริเวณพร้อมกันแบบคู่ขนาน หรืออีกนัยหนึ่งวิธีกลุ่มเฉพาะเป็นเทคนิคที่ป้องกันกระบวนการวิวัฒนาการไม่ให้เกิดการติด(trap)อยู่กับจุดที่ดีที่สุดในท้องถิ่น(local optima)

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้วิธีกลุ่มเฉพาะถูกสร้างขึ้นโดยมีพื้นฐานมาจากแนวคิดระบบนิเวศน์ของสิ่งมีชีวิต ในธรรมชาติสัตว์ทั้งหลายต่างต้องแข่งขันในการดำรงชีวิตด้วยการล่าหาอาหาร หรือผสมพันธุ์ เป็นต้น สิ่งมีชีวิตในแต่ละสปีชีส์(species)ต่างวิวัฒนาการตามบทบาทของตนเอง กลุ่มเฉพาะสามารถเปรียบเทียบได้กับบริเวณย่อยในสภาพแวดล้อมซึ่งสามารถรองรับสิ่งมีชีวิตที่แตกต่างหลายสายพันธุ์ได้ สปีชีส์ถูกนิยามเป็นกลุ่มของสิ่งมีชีวิตที่มีลักษณะทางพันธุกรรมเหมือนกันซึ่งสามารถผสมพันธุ์กันได้ภายในกลุ่มแต่ไม่สามารถผสมพันธุ์กับสิ่งมีชีวิตที่ต่างกลุ่มหรือต่างสปีชีส์ได้ ในแต่ละกลุ่มเฉพาะจะมีทรัพยากรที่จำกัดและซึ่งต้องแบ่งปัน โดยปกติกลุ่มเฉพาะมักถูกอ้างอิงถึงจุดที่ดีที่สุดในแต่ละบริเวณ ค่าความเหมาะสมแทนทรัพยากรในสภาพแวดล้อม และสปีชีส์แทนหน่วยชีวิตที่เหมือนกันตามวิธีการตรวจวัดความเหมือนใดๆที่กำหนด รูปแบบวิธีกลุ่มเฉพาะที่ถูกใช้มากรูปแบบหนึ่งคือการแบ่ง

การแบ่งเป็นวิธีการปรับภูมิประเทศ(landscape)ของการค้นหาโดยการลดค่าความเหมาะสมของหน่วยชีวิตแต่ละหน่วยตามปริมาณความเหมือนที่หน่วยชีวิตอื่น ๆ มีต่อหน่วยชีวิตดังกล่าว หากกำหนดให้  $f$  แทนค่าความเหมาะสมของหน่วยชีวิตและ  $f'$  แทนค่าความเหมาะสมใหม่ที่เกิดจากการแบ่ง จะได้ความสัมพันธ์ตามสมการ

$$f' = \frac{f}{m_i} \quad (2.1)$$

เมื่อ  $m_i$  แทนค่าประมาณความเหมือนที่หน่วยชีวิตอื่น ๆ มีต่อหน่วยชีวิตดังกล่าว ซึ่งสามารถคำนวณได้จากสมการ

$$m_i = \sum_{j=1}^N sh(d_{ij}) \quad (2.2)$$

เมื่อ  $N$  แทนจำนวนประชากร  $d_{ij}$  แทนความแตกต่างระหว่างหน่วยชีวิตที่  $i$  และหน่วยชีวิตที่  $j$  โดยสามารถตรวจวัดได้หลายรูปแบบทั้งทางด้านลักษณะของจีน(genotype) เช่น ระยะทางฮัมมิง และลักษณะที่แสดงออก(phenotype) เช่นระยะทางยูคลิเดียน(euclidian distance) เป็นต้น สำหรับ  $sh$  แทนฟังก์ชันการแบ่ง โดยฟังก์ชันการแบ่งที่นิยมใช้เป็นไปตามสมการ

$$sh(d_{ij}) = \begin{cases} 1 - (d_{ij} / \sigma_s)^\alpha, & \text{if } d < \sigma_s \\ 0, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (2.3)$$

เมื่อ  $\sigma_r$  แทนค่าจำกัดของความต่าง (หน่วยชีวิตที่ต่างจากหน่วยชีวิตที่  $i$  เกินค่านี้จะไม่นำมาคำนวณ) และ  $\alpha$  แทนค่าคงที่ซึ่งใช้ในการกำหนดรูปร่างของฟังก์ชันการแบ่ง

ข้อจำกัดของการแบ่งคือพารามิเตอร์  $\sigma_r$  เป็นพารามิเตอร์ที่ต้องใช้ความรู้ก่อนหน้า (priori knowledge) ในการกำหนดให้มีความใกล้เคียงกับระยะห่างระหว่างจุดที่ดีที่สุดที่อยู่ติดกัน ซึ่งสำหรับปัญหาในโลกจริงไม่มีข้อมูลความรู้ในส่วนนี้ อีกทั้งการกำหนดค่า  $\sigma_r$  เพียงค่าเดียวจะเหมาะสมกับปัญหาที่มีระยะพีค (peak) สม่่าเสมอเท่าๆกัน การกำหนดค่าพารามิเตอร์  $\sigma_r$  ที่ไม่เหมาะสมกับปัญหาอาจมีผลให้การรักษาประชากรย่อยในแต่ละบริเวณล้มเหลว ข้อจำกัดอีกประการหนึ่งของเทคนิคนี้คือการใช้การคำนวณที่สูง ( $O(N^2)$ ) ซึ่งเกิดจากขั้นตอนการหาค่าประมาณความเหมือน

ในการวิจัยได้ทำการทดลองการใช้การแบ่งในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับปัญหาทดสอบ 3 ปัญหา ได้แก่ ปัญหาฟังก์ชัน multimodal แบบพีคเท่ากัน ปัญหาฟังก์ชัน multimodal แบบพีคไม่เท่ากัน และปัญหาฟังก์ชัน deceptive แบบ bimodal ผลการทดลองพบว่าการใช้การแบ่งในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมประสบผลสำเร็จสำหรับปัญหา multimodal ทั้งสองแบบ แต่ไม่ประสบผลสำเร็จสำหรับปัญหา deceptive เนื่องด้วยความยากของการแบ่งแยกจุดที่ดีที่สุดท้องถิ่น (local optima) และจุดที่ดีที่สุดที่แท้จริง (global optima) ของปัญหา

## 2.2 แรงค์สเปซ

แรงค์สเปซ [38] เป็นเทคนิคซึ่งมีกลไกในการรักษาความหลากหลายของประชากรอย่างชัดเจนโดยการใช้อันดับของหน่วยชีวิต 2 อันดับในการคัดเลือกหน่วยชีวิต อันดับแรกคืออันดับเชิงคุณภาพ (quality rank) ซึ่งจะทำให้การเรียงลำดับหน่วยชีวิตทั้งหมดตามค่าความเหมาะสม อันดับที่สองคืออันดับเชิงความหลากหลาย (diversity rank) ซึ่งจะเรียงลำดับหน่วยชีวิตตามค่าความแตกต่างจากหน่วยชีวิตที่ได้ถูกคัดเลือกไปก่อนหน้า อันดับรวมของทั้ง 2 อันดับจะใช้เป็นเกณฑ์ในการพิจารณาโอกาสที่หน่วยชีวิตแต่ละหน่วยจะถูกคัดเลือก ด้วยกระบวนการนี้หน่วยชีวิตที่มีค่าความเหมาะสมสูงจะถูกคัดเลือกไว้ อีกทั้งยังเป็นการรักษาความหลากหลายของประชากรไปพร้อมๆกัน

ขั้นตอนการทำงานของวิธีแรงค์สเปซเริ่มจากการสร้างอันดับเชิงคุณภาพ หน่วยชีวิตที่คุณภาพที่ดีที่สุด (ค่าความเหมาะสมสูงสุด) ในประชากรจะถูกคัดเลือกเป็นหน่วยชีวิตแรกและจัดเก็บไว้เป็นประชากรของหน่วยชีวิตชั่วคราว จากนั้นจึงสร้างอันดับเชิงคุณภาพและอันดับเชิงความหลากหลายของหน่วยประชากรที่เหลือ อันดับเชิงคุณภาพสามารถสร้างได้จากการตรวจวัดค่าความเหมาะสมของหน่วยชีวิตแต่ละหน่วย สำหรับอันดับเชิงความหลากหลายสามารถสร้างได้จาก

การเรียงลำดับความแตกต่างของหน่วยชีวิตที่เหลือทุกหน่วยกับหน่วยชีวิตแรกที่ถูกเลือก (การวัดความแตกต่างอาจสามารถทำได้โดยการวัดระยะทางฮัมมิงของหน่วยชีวิตทั้งสอง) เมื่อได้อันดับทั้ง 2 อันดับแล้ว ขั้นตอนต่อไปคือการคัดเลือกหน่วยชีวิตเพิ่มเติมเพื่อจัดเก็บไว้เป็นสมาชิกของหน่วยประชากรของชั่วคราว ผลรวมของอันดับทั้ง 2 อันดับจะถูกใช้ในการคำนวณโอกาสในการคัดเลือกโดยหน่วยชีวิตที่มีค่าความเหมาะสมสูงสุดและมีค่าความแตกต่างจากหน่วยชีวิตแรกมากที่สุดจะได้รับโอกาสที่มากที่สุดในการถูกคัดเลือก อนึ่งในการรวมอันดับของอันดับทั้งสองแบบอาจเกิดกรณีที่ได้ผลรวมของอันดับที่เท่ากัน ในกรณีนี้ให้ยึดอันดับตามความหลากหลายเป็นหลัก ซึ่งแสดงถึงการให้น้ำหนักความแตกต่างมากกว่าคุณภาพของหน่วยชีวิต

การคัดเลือกหน่วยชีวิตตามอันดับรวมมีลักษณะเป็นแบบการคัดเลือกแบบแรงค์ (rank selection) กล่าวคือโอกาสในการคัดเลือกจะลดหลั่นลงมาสำหรับหน่วยชีวิตแต่ละอันดับ โดยโอกาสในการถูกคัดเลือกในแต่ละอันดับนี้จำเป็นต้องกำหนดก่อนเริ่มการทดลอง

หน่วยชีวิตที่ถูกคัดเลือกในขั้นตอนนี้จะถูกเพิ่มเป็นสมาชิกของประชากรของหน่วยชีวิตชั่วคราว จากนั้นอันดับทั้งสองจะถูกปรับปรุงเพื่อการคัดเลือกหน่วยชีวิตหน่วยต่อไป อันดับเชิงคุณภาพจะถูกปรับปรุงโดยง่ายโดยการลบอันดับของหน่วยชีวิตที่ถูกเลือกออกไป สำหรับอันดับเชิงความหลากหลายจำเป็นต้องสร้างใหม่ทั้งหมด เนื่องจากการคำนวณความแตกต่างครั้งใหม่จะทำให้การรวมผลของความแตกต่างของหน่วยชีวิตที่เหลือกับหน่วยชีวิตที่ถูกคัดเลือกไปแล้วทั้ง 2 หน่วย (โดยกระบวนการนี้ทำให้อันดับเชิงความหลากหลายต้องถูกสร้างขึ้นใหม่ทุกครั้ง) จากนั้นจึงเข้าสู่กระบวนการรวมอันดับและคัดเลือกหน่วยชีวิตต่อไป โดยสมาชิกของประชากรหน่วยชีวิตชั่วคราวจะเพิ่มขึ้นเป็นลำดับ

เมื่อได้จำนวนสมาชิกของประชากรชั่วคราวตามที่กำหนด ขั้นตอนต่อไปคือการสร้างประชากรของหน่วยชีวิตรุ่นใหม่ซึ่งเกิดจากการปฏิบัติการเชิงพันธุกรรมไขว้เปลี่ยน และการกลายของประชากรของหน่วยชีวิตชั่วคราว จนได้จำนวนประชากรของหน่วยชีวิตรุ่นใหม่ครบจำนวนตามที่กำหนด

ปัญหาของวิธีแรงค์สเปซคือการใช้การคำนวณที่สูงในขั้นตอนของการสร้างอันดับเชิงความหลากหลาย ซึ่งต้องทำการสร้างใหม่ทุกครั้งเมื่อมีการคัดเลือกหน่วยชีวิต

### 2.3 การจับคู่แบบมีข้อกำหนด

การจับคู่แบบมีข้อกำหนดเป็นกลุ่มของเทคนิคซึ่งมีการใช้ข้อจำกัดหรือข้อส่งเสริมในการจับคู่เพื่อการผสมพันธุ์ของหน่วยชีวิต ตัวอย่างเช่นในงานวิจัย [4] หน่วยชีวิตและคู่ถูกจำกัดให้มีจำนวนบิตในโครโมโซมที่แตกต่างกันจำนวนหนึ่งจึงจะสามารถผสมพันธุ์กันได้ หน่วยชีวิตหน่วยแรกจะถูกคัดเลือกโดยกระบวนการปกติในขณะที่การคัดเลือกหน่วยชีวิตที่สองจะถูกกระทำซ้ำๆ จนกว่าจะได้หน่วยชีวิตที่สอดคล้องกับข้อจำกัดที่กำหนดกล่าวคือมีจำนวนบิตที่แตกต่างจากหน่วยชีวิตแรกมากเพียงพอ โดยจำนวนบิตที่แตกต่างจะค่อยๆ ถูกปรับลดลงเมื่อพบว่าไม่สามารถเลือกหน่วยชีวิตใดเลยที่สอดคล้องกับข้อจำกัดนั้นได้

ในงานวิจัย [39] ได้มีการนำเสนอเทคนิคการคัดเลือกแบบใหม่ซึ่งได้รับแรงบันดาลใจมาจากพฤติกรรมของการเลือกคู่ของสัตว์ในธรรมชาติ แนวคิดนี้นำเสนอการใช้เกณฑ์วัดที่แตกต่างกันระหว่างคู่ของหน่วยชีวิต กล่าวคือหน่วยชีวิตหน่วยแรกจะถูกคัดเลือกโดยเกณฑ์ปกติซึ่งโอกาสในการถูกคัดเลือกจะขึ้นอยู่กับค่าความเหมาะสมของหน่วยชีวิตนั้นเพียงอย่างเดียว ในขณะที่หน่วยชีวิตที่สองจะถูกคัดเลือกโดยใช้เกณฑ์ที่แตกต่างออกไป โดยเกณฑ์การคัดเลือกใหม่นี้อาจมีความสัมพันธ์กับหน่วยชีวิตหน่วยแรกที่ถูกคัดเลือกหรือไม่ก็ได้โดยเรียกกระบวนการนี้ว่าการชักจูง (seduction)

ในธรรมชาติการแสดงอวดทางเพศ (sexual display) มีบทบาทที่สำคัญต่อการเลือกคู่ของสัตว์หลายชนิด ขนหางของนกยูงตัวผู้ที่มีลักษณะที่รุ่งรังและไม่เหมาะสมต่อการดำรงชีวิต หากแต่กลับเป็นปัจจัยสำคัญในการชักจูงตัวเมียเพื่อการผสมพันธุ์ สิ่งมีชีวิตหน่วยหนึ่งจะตายโดยปราศจากการมีทายาทจากสาเหตุสำคัญ 2 ประการคือสิ่งมีชีวิตหน่วยนั้นขาดความสามารถในการผสมพันธุ์ หรือสิ่งมีชีวิตหน่วยนั้นมีความสามารถในการผสมพันธุ์หากแต่ไม่สามารถชักจูงสิ่งมีชีวิตเพศตรงข้ามเพื่อทำการผสมพันธุ์ได้ ปัจจัยสำคัญ 2 ประการนี้สามารถอธิบายถึงการมีอยู่ของขนหางของนกยูงตัวผู้ได้ดี ดังที่กล่าวข้างต้นขนหางของนกยูงไม่มีความจำเป็นและไม่เหมาะสมต่อการดำรงชีวิต หรือไม่ได้ทำให้ค่าความเหมาะสมเพิ่มขึ้นเมื่อเปรียบเทียบกับหน่วยชีวิตในขั้นตอนวิวัฒนาการ หากแต่บทบาทสำคัญที่แท้จริงของขนหางคือการชักจูงตัวเมียเพื่อการผสมพันธุ์ซึ่งทำให้นกยูงตัวนั้นสามารถให้กำเนิดทายาทต่อไป

จากพฤติกรรมการเลือกคู่ของสัตว์ตามธรรมชาติดังกล่าวทำให้เกิดแนวคิดของการใช้เกณฑ์วัดที่แตกต่างกันระหว่างคู่ของหน่วยชีวิตในการตัดสินใจยอมรับ ตัวอย่างเช่นสำหรับการแก้ปัญหา royal road ค่าความเหมาะสมสามารถใช้ในการคัดเลือกหน่วยชีวิตหน่วยแรกซึ่งเป็นการคัดเลือกตามปกติ ในขณะที่เกณฑ์วัดใหม่ที่ใช้ในการเลือกหน่วยชีวิตที่สองอาจพิจารณาจาก

ผลรวมคะแนนของกรณีต่างๆซึ่งมีรูปแบบตรงกับโครโมโซมของหน่วยชีวิตนั้น (รายละเอียดของปัญหา royal road แสดงในหัวข้อที่ 4.6) งานวิจัยนี้ยังได้เสนออีกว่าเกณฑ์วัดใหม่สามารถมีความสัมพันธ์กับหน่วยชีวิตแรกได้ อย่างไรก็ดีเฉพาะกรณีที่เกณฑ์วัดใหม่ไม่มีความสัมพันธ์กับหน่วยชีวิตแรกได้ถูกศึกษาในงานวิจัยนี้

ต่อมาในงานวิจัย [9] ได้ทำการศึกษากฎเกณฑ์ที่เกณฑ์ข้อใหม่มีความสัมพันธ์กับหน่วยชีวิตแรก โดยโอกาสที่หน่วยชีวิตที่ 2 จะถูกเลือกขึ้นอยู่กับผลรวมแบบถ่วงน้ำหนักของค่าความเหมาะสมและความแตกต่างจากหน่วยชีวิตแรกที่ถูกคัดเลือก โดยค่าการถ่วงน้ำหนักเป็นค่าที่ต้องกำหนดก่อนการทดลอง

งานวิจัยได้นำเสนอการใช้เกณฑ์วัดที่แตกต่างระหว่างคู่ของหน่วยชีวิตประกอบกับการใช้ตัวปฏิบัติการทางพันธุกรรมอื่นในการแก้ปัญหา royal road และปัญหา non-stationary knapsack ผลการทดลองเปรียบเทียบประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาพบว่า วิธีการที่นำเสนอมีประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาที่สูงกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ อีกทั้งวิธีการใหม่นี้มีความสามารถในการรักษาความหลากหลายของประชากรที่สูงกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติอีกด้วย

โดยสรุปเนื่องจากเทคนิคของการจับคู่แบบมีข้อกำหนดนี้สามารถสร้างความแตกต่างระหว่างคู่ของหน่วยชีวิตได้จึงเป็นอีกเทคนิคซึ่งสามารถใช้ในการรักษาความหลากหลายของประชากรโดยทางอ้อม

## 2.4 DCGA

DCGA(diversity control oriented genetic algorithm) เป็นวิธีเพิ่มประสิทธิภาพขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยการรักษาความหลากหลายของประชากรที่ถูกนำเสนอในงานวิจัย [10] ในกระบวนการของ DCGA ประชากรของหน่วยชีวิตรุ่นต่อไปจะถูกคัดเลือกจากผลการรวม(merged) ของประชากรของหน่วยชีวิตรุ่นเดิมและประชากรลูก(offspring)ของหน่วยชีวิตรุ่นเดิมนั้น ประกอบกับการใช้ตัวปฏิบัติการ CPSS (cross-generational probabilistic survival selection) และการสร้างประชากรของหน่วยชีวิตเสริมเมื่อพบว่าในประชากรของหน่วยชีวิตมีความหลากหลายไม่เพียงพอ โครงร่างขั้นตอนการทำงานของ DCGA แสดงดังรูปที่ 2.1

จำนวนหน่วยชีวิตใน  $P(t)$  มีค่าเท่ากับ  $N$  หน่วย หน่วยชีวิตใน  $P'(t-1)$  ถูกสร้างโดยการสุ่มจับคู่หน่วยชีวิตใน  $P(t-1)$  จากนั้นทำการไขว้เปลี่ยนและการกลายประชากรของหน่วย

ชีวิต  $P'(t-1)$  เพื่อสร้างเป็นประชากรของหน่วยชีวิตลูก  $C(t)$  ประชากรของหน่วยชีวิต  $P'(t-1)$  และ  $C(t)$  จะถูกรวมและสร้างเป็นประชากรของหน่วยชีวิตรวม  $M(t)$  ซึ่งทำให้มีจำนวนประชากรของหน่วยชีวิตทั้งสิ้น  $2N$  หน่วย หน่วยชีวิตจะถูกจัดเรียงลำดับตามค่าความเหมาะสมจากมากไปน้อย ซึ่งประชากรของหน่วยชีวิตรวมนี้จะถูกนำไปสร้างเป็นประชากรของหน่วยชีวิตรุ่นใหม่  $P(t)$  ต่อไป

เริ่มต้น

$$t = 0$$

สร้างประชากรของหน่วยชีวิตเริ่มต้น  $P(t)$

ตรวจวัดประสิทธิภาพของแต่ละหน่วยชีวิตใน  $P(t)$  โดยฟังก์ชันความเหมาะสม

ในขณะที่ยังไม่พบเงื่อนไขจบการทำงาน

เริ่มต้น

$$t = t + 1$$

สร้างประชากรของหน่วยชีวิต  $P'(t-1)$  จากการสุ่มจับคู่ของหน่วยชีวิตใน  $P(t-1)$

สร้างประชากรของหน่วยชีวิตลูก  $C(t)$  จากการไขว้เปลี่ยนและการกลายของหน่วยชีวิตใน  $P'(t-1)$

ตรวจวัดประสิทธิภาพของแต่ละหน่วยชีวิตใน  $C(t)$  โดยฟังก์ชันความเหมาะสม

สร้างประชากรของหน่วยชีวิตรวม  $M(t)$  จากการรวมหน่วยชีวิตใน  $P'(t-1)$  และ  $C(t)$  เข้าด้วยกันและเรียงลำดับหน่วยชีวิตทั้งหมดตามค่าความเหมาะสม

คัดเลือกหน่วยชีวิตจากลำดับรวม  $M(t)$  เพื่อสร้างเป็นประชากรของหน่วยชีวิตรุ่นใหม่  $P(t)$  โดยกระบวนการดังต่อไปนี้

- (1) ลบหน่วยชีวิตที่ซ้ำซ้อนกันออกจาก  $M(t)$  ให้เหลือเพียงหน่วยเดียว
- (2) คัดเลือกหน่วยชีวิตโดยตัวปฏิบัติการ CPSS
- (3) หากจำนวนหน่วยชีวิตใน  $P(t)$  มีไม่เพียงพอให้สร้างหน่วยชีวิตเพิ่มจนครบ

จำนวน  $N$  หน่วย

จบ

จบ

รูปที่ 2.1 ขั้นตอนการทำงานของ DCGA

รายละเอียดของการสร้างประชากรของหน่วยชีวิตรุ่นใหม่  $P(t)$  เริ่มจากการค้นหาและลบหน่วยชีวิตที่ซ้ำซ้อนกันออกจาก  $M(t)$  ให้เหลือเพียงหน่วยเดียวและสร้างเป็นประชากรของหน่วยชีวิต  $M'(t)$  ซึ่งเป็นประชากรของหน่วยชีวิตที่ไม่มีความซ้ำซ้อน (unique) จากนั้นหน่วยชีวิตแต่ละหน่วยจะถูกคัดเลือกโดยตัวปฏิบัติการ CPSS โดยโอกาสที่แต่ละหน่วยชีวิตจะถูกคัดเลือกเป็นไปตามสมการ

$$p_s = \left\{ (1-c) \frac{h}{L} + c \right\}^\alpha \quad (2.4)$$

เมื่อ	$p_s$	แทนโอกาสที่แต่ละหน่วยชีวิตจะถูกคัดเลือก
	$h$	แทนระยะทางฮัมมิงของหน่วยชีวิตที่กำลังพิจารณาคัดเลือกกับหน่วยชีวิตที่มีค่าความเหมาะสมสูงสุด (หน่วยชีวิตลำดับแรกใน $M'(t)$ )
	$L$	แทนความยาวของโครโมโซม และ
	$c$ และ $\alpha$	แทนค่าคงที่ที่ต้องกำหนด

ในขั้นตอนการคัดเลือกหน่วยชีวิตจะทำการคำนวณโอกาสที่หน่วยชีวิตนั้นจะถูกคัดเลือก  $p_s$  ตามสมการที่ 2.4 จากนั้นทำการสุ่มตัวเลขจำนวนจริงในช่วง  $[0,1]$  หากพบว่าตัวเลขสุ่มที่ได้มีค่าน้อยกว่าค่า  $p_s$  หน่วยชีวิตนั้นจะได้รับการคัดเลือก การคัดเลือกจะเริ่มกระทำจากหน่วยชีวิตที่มีค่าความเหมาะสมสูงสุดไปยังหน่วยชีวิตที่มีค่าความเหมาะสมน้อยที่สุดตามลำดับ ทั้งนี้หากในการคัดเลือกได้จำนวนประชากรของหน่วยชีวิตครบ  $N$  หน่วยเมื่อใดขั้นตอนของการคัดเลือกก็จะยุติลงโดยหน่วยชีวิตใน  $M'(t)$  ที่เหลือในลำดับถัดไปจะไม่ถูกคัดเลือก ในกรณีที่การคัดเลือกดำเนินไปถึงหน่วยชีวิตลำดับสุดท้ายแต่พบว่าจำนวนหน่วยชีวิตที่ถูกคัดเลือกมีจำนวนไม่ครบ  $N$  หน่วย จะทำการสุ่มสร้างหน่วยชีวิตเพิ่มเติมจนครบตามจำนวน

กลไกการรักษาความหลากหลายของประชากรใน DCGA มาจากการทำงาน 3 ส่วนคือ

1. การลบหน่วยชีวิตที่ซ้ำซ้อน ประชากรของหน่วยชีวิตที่มีความซ้ำซ้อนสูงเป็นผลให้ความหลากหลายของประชากรมีต่ำ ซึ่งมักก่อให้เกิดปัญหาการลู่เข้าก่อนกำหนด ทั้งนี้เนื่องจากหน่วยชีวิตที่ซ้ำซ้อนกันมักสร้างหน่วยชีวิตรุ่นต่อไปที่มีความคล้ายคลึงกันเป็นจำนวนมาก
2. การคัดเลือกโดยตัวปฏิบัติการ CPSS ตัวปฏิบัติการ CPSS ส่งเสริมให้หน่วยชีวิตที่ถูกคัดเลือกมีความหลากหลาย โดยหน่วยชีวิตที่จะมีโอกาสถูกคัดเลือกสูงคือหน่วยชีวิตที่มีความเหมาะสมสูง(อยู่ลำดับต้นๆใน  $M'(t)$ ) และต้องมีความแตกต่างจากหน่วยชีวิตที่ดีที่สุดของรุ่นหลายๆ (วัดโดยระยะทางฮัมมิง) และ



3. การสร้างหน่วยชีวิตเพิ่ม เมื่อพบว่าประชากรของหน่วยชีวิตมีความหลากหลายไม่เพียงพอ ซึ่งสามารถทราบได้จากการที่หน่วยชีวิตไม่ผ่านการคัดเลือกจำนวนมากอันเป็นผลมาจากความแตกต่างจากหน่วยชีวิตที่ดีที่สุดไม่เพียงพอ DCGA จะทำการเพิ่มความหลากหลายให้แก่ประชากรโดยการสร้างหน่วยชีวิตใหม่เพิ่มเติมจนครบจำนวน

ในการวิจัยได้ทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพ DCGA กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติกับปัญหา 3 ปัญหาได้แก่ ปัญหาฟังก์ชัน deceptive ปัญหาฟังก์ชัน multimodal และปัญหา traveling salesman ซึ่งพบว่าด้วยกลไกการรักษาความหลากหลายของประชากรทำให้ DCGA มีประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาที่ดึกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติอย่างชัดเจน ทั้งนี้เนื่องจากปัญหาทั้ง 3 ปัญหาที่ใช้ในการทดลองเป็นปัญหาที่มีความยากสูง การค้นหาคำตอบของปัญหาเหล่านี้จำเป็นต้องกระจายจุดค้นในบริเวณต่างๆเพื่อให้สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดที่แท้จริง(global optimum)ได้ ด้วยเหตุนี้การรักษาความหลากหลายของประชากรจึงเป็นสิ่งสำคัญสำหรับการค้นหาคำตอบของปัญหาดังกล่าวจึงทำให้ DCGA มีความเหมาะสมในการใช้งาน

ข้อจำกัดของ DCGA คือขั้นตอนการทำงานที่มีมาก การค้นหาและลบหน่วยชีวิตที่ซ้ำซ้อนกันออกจากประชากรของหน่วยชีวิตทำให้เกิดภาระในการคำนวณเพิ่มขึ้น นอกจากนั้นพารามิเตอร์  $c$  และ  $\alpha$  ที่ใช้ในการคัดเลือกแบบ CPSS นั้นจำเป็นต้องกำหนดให้เหมาะสมกับปัญหา จึงจำเป็นต้องมีความรู้ก่อนหน้า(priori knowledge)ในการกำหนดพารามิเตอร์ดังกล่าวก่อนเริ่มการทดลอง

## 2.5 CSGA

ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติการใช้การไขว้เปลี่ยนแปลงเพียงลำพังไม่สามารถรับประกันความสำเร็จในการหาคำตอบได้ การกลายจึงเป็นตัวปฏิบัติการทางพันธุกรรมที่นิยมใช้อย่างกว้างขวางเพื่อแก้ปัญหาการสูญเสียความหลากหลายของประชากรอันเป็นผลให้เกิดการลู่เข้าก่อนกำหนด ในงานวิจัย [40] ได้นำเสนอวิธี CSGA (complementary surrogate genetic algorithm) ซึ่งเป็นขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งใช้การคัดเลือกและการไขว้เปลี่ยนแปลงตามปกติโดยปราศจากการใช้การไขว้ปฏิบัติการการกลายอย่างชัดแจ้ง(explicit) หากแต่เป็นวิธีที่รับประกันได้ว่าในประชากรของหน่วยชีวิต แต่ละบิตในโครโมโซมจะมีความหลากหลาย(ไม่เป็น '0' หรือ '1' เหมือนกันหมดทุกหน่วยชีวิต) จึงสามารถหลีกเลี่ยงการเกิดปรากฏการณ์ของการลู่เข้าก่อนกำหนดได้

คุณลักษณะของ CSGA ที่แตกต่างจากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติคือการเพิ่ม CSS (complementary surrogate set) ในประชากรของหน่วยชีวิต โดย CSS คือโครโมโซมหรือกลุ่มของโครโมโซมที่ถูกเพิ่มขึ้นเพื่อรักษาความสมดุลของประชากรเพื่อให้เกิดความมั่นใจว่าที่ทุกๆ ตำแหน่งในโครโมโซมจะยังคงมีความหลากหลายอยู่ รูปแบบของ CSS ที่ง่ายที่สุดคือคู่ของโครโมโซมที่ตรงข้ามกัน (inverse) โครโมโซมแรกถูกกำหนดค่าในแต่ละบิตตามต้องการ (arbitrary) ส่วนโครโมโซมที่สองจะกำหนดให้แต่ละบิตเป็นค่าตรงข้ามกับโครโมโซมแรก โดยในงานวิจัยได้ตั้งชื่อรูปแบบของ CSS แบบนี้ว่า *cs01* โดยกำหนดให้โครโมโซมแรกมีค่าทุกๆบิตเป็น '0' ทั้งหมด ในขณะที่โครโมโซมที่สองมีค่าทุกๆบิตเป็น '1' ทั้งหมด

รูปแบบที่ 2 ของ CSS ที่นำเสนอในงานวิจัย [40] เรียกว่า *csbib* โดยโครโมโซมที่จะถูกเพิ่มในประชากรของหน่วยชีวิตมีเพียงโครโมโซมเดียว ซึ่งในแต่ละบิตของโครโมโซมถูกกำหนดให้เป็นค่าตรงข้ามกับโครโมโซมของหน่วยชีวิตที่ดีที่สุดในรอบนั้นๆ

รูปแบบสุดท้ายของ CSS ที่เสนอในงานวิจัย [40] เรียกว่า *csbirst* โดยโครโมโซมที่จะถูกเพิ่มในประชากรของหน่วยชีวิตมีเพียงโครโมโซมเดียว โดยในแต่ละบิตของโครโมโซมจะถูกกำหนดเป็นค่า '0' เมื่อพบว่าที่ตำแหน่งนั้นโครโมโซมของทุกหน่วยชีวิตมีค่าเป็น '1' และในทางกลับกันโครโมโซมจะถูกกำหนดเป็นค่า '1' เมื่อพบว่าที่ตำแหน่งนั้นโครโมโซมของทุกหน่วยชีวิตมีค่าเป็น '0' เพื่อเป็นการรักษาสมดุลในประชากรของหน่วยชีวิตให้เกิดความหลากหลายในทุกๆบิตของโครโมโซม ในกรณีที่บิตใดๆในโครโมโซมของหน่วยชีวิตยังคงมีความหลากหลายกล่าวคือมีทั้งที่เป็นค่า '0' และค่า '1' โครโมโซมของ CSS ณ ตำแหน่งบิตนั้นจะเกิดกรณีไม่สนใจ (don't care) กล่าวคือสามารถมีค่าเป็น '0' หรือ '1' ก็ได้ โดยในกรณีนี้งานวิจัยได้กำหนดให้โครโมโซมของ CSS ณ ตำแหน่งบิตนั้นมีค่าเหมือนกันกับโครโมโซมของหน่วยชีวิตที่ดีที่สุดในรอบนั้น

CSS ได้ถูกเพิ่มในประชากรของหน่วยชีวิตเสมือนหน่วยชีวิตธรรมดาทั่วไป โดย CSS จะถูกสร้างขึ้นใหม่ในทุกๆรุ่นและถูกตรวจวัดค่าความเหมาะสมเช่นเดียวกับหน่วยชีวิตปกติ การคัดเลือกและการไขว้เปลี่ยนของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติสามารถนำมาใช้กับ CSGA ได้โดยไม่ต้องแก้ไข จุดเด่นของ CSGA คือการไม่ใช้ตัวปฏิบัติการกลายอย่างชัดเจนในการรักษาความหลากหลายของประชากร หากแต่การกลายถูกแฝงอยู่กับ CSS ที่เพิ่มขึ้นในประชากรของหน่วยชีวิต

ในงานวิจัยได้ทำการทดสอบประสิทธิภาพ CSGA กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ โดยปัญหาที่ใช้ในการทดสอบได้แก่ฟังก์ชันของ DeJong Rastrigin Schwefel และ Griewangk ซึ่งพบว่าสำหรับปัญหาที่มีความยากวิธี CSGA มีประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาที่ดีกว่าขั้นตอนวิธีเชิง

พันธุกรรมปกติ ทั้งนี้เนื่องจากสำหรับปัญหาที่มีความยากสูง กระบวนการวิวัฒนาการคำตอบของขั้นตอนเชิงพันธุกรรมปกติมักประสบกับปัญหาการติดอยู่กับจุดที่ดีที่สุดท้องถิ่น(local optimum) บ่อยครั้งโดยไม่สามารถสร้างคำตอบที่ดียิ่งขึ้นได้ ปรากฏการณ์นี้เป็นผลมาจากการลู่เข้าสู่คำตอบหนึ่งคำตอบได้อย่างรวดเร็วเกินไป เป็นผลให้ความหลากหลายของหน่วยชีวิตลดลงอย่างรวดเร็ว ความหลากหลายในแต่ละบิตของโครโมโซมของหน่วยชีวิตอาจไม่คงเหลืออยู่ โดยในแต่ละตำแหน่งของโครโมโซมจะมีเพียงค่า '0' หรือค่า '1' ค่าใดค่าหนึ่งเพียงค่าเดียวในทุกๆโครโมโซมของหน่วยชีวิต การสร้างคำตอบที่ดียิ่งขึ้นจึงเป็นไปได้ยากเนื่องจากส่วนที่แตกต่างกันอันอาจเป็นส่วนสำคัญที่จำเป็นต่อการสร้างคำตอบใหม่ที่ดีขึ้นในอนาคตได้ถูกขจัดทิ้งไปจนหมด ด้วยเหตุนี้ CSGA ซึ่งเป็นขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งมีกระบวนการของการรักษาความหลากหลายของประชากรซึ่งรับประกันได้ว่าที่ทุกๆตำแหน่งในโครโมโซมจะยังคงมีความหลากหลายอยู่จึงมีประสิทธิภาพที่ดีในการหาคำตอบโดยเฉพาะกับปัญหาที่มีความยากสูง

## 2.6 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบ multiploid

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมส่วนใหญ่จะถูกออกแบบให้หน่วยชีวิตมีโครโมโซมเพียงเส้นเดียว (haploid) อย่างไรก็ตามในธรรมชาติจริงจะพบได้ว่ามีสิ่งมีชีวิตจำนวนมากที่โครโมโซมมีหลายเส้น (multiploid) ประกอบกับการมีกระบวนการในการกำหนดว่าจีนของโครโมโซมเส้นใดจะถูกแสดงผล โดยกระบวนการนี้สามารถนำไปใช้ในการออกแบบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมรูปแบบใหม่ซึ่งสามารถทำงานได้ดีกับปัญหาหลายประเภท เนื่องด้วยประเด็นสำคัญคือการรักษาความหลากหลายของประชากรที่มีประสิทธิภาพกล่าวคือ จีนของหน่วยชีวิตที่ยังไม่ถูกใช้งานในปัจจุบันจะถูกป้องกันไม่ให้สูญหายไปในการบวนการวิวัฒนาการ ซึ่งจีนดังกล่าวอาจเป็นส่วนสำคัญที่จะถูกใช้ในอนาคต

ในการบวนการวิวัฒนาการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ บ่อยครั้งที่พบกับปัญหาการลู่เข้าก่อนกำหนดอันเป็นผลมาจากการขาดความหลากหลายของประชากรเมื่อกระบวนการวิวัฒนาการดำเนินไปแล้วระยะหนึ่ง ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ออกแบบให้โครโมโซมมีหลายเส้นสามารถลดการเกิดปัญหาดังกล่าวเนื่องจากการมีกลไกในการรักษาความหลากหลายของประชากรที่ดีกว่าและส่งผลให้ได้คำตอบที่มีคุณภาพที่ดีกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบปกติในที่สุด อย่างไรก็ตามประสิทธิภาพที่เพิ่มขึ้นของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบ multiploid ต้องแลกด้วยการคำนวณที่ต้องมีมากขึ้นประกอบกับเนื้อที่ในการจัดเก็บข้อมูลที่มากขึ้นกว่าขั้นตอนวิธีเชิง

พันธุกรรมปกติ นอกจากนั้นในการที่ประชากรของหน่วยชีวิตมีความหลากหลายของประชากรมากขึ้นจะส่งผลให้อัตราการเข้าสู่สู่คำตอบช้าลงหากแต่จะเป็นผลดีต่อการสร้างคำตอบที่ดียิ่งขึ้นต่อไปในอนาคต

ในงานวิจัย [7] ได้ออกแบบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบ multiploid โดยหน่วยชีวิตแต่ละหน่วยประกอบไปด้วยโครโมโซมหลายเส้น หน่วยชีวิตประกอบไปด้วยโครโมโซมทั้งสิ้น  $p$  เส้น โดยแต่ละเส้นมีความยาว  $L$  บิต และ mask ทำหน้าที่ในการคัดเลือกว่าจีนของโครโมโซมเส้นใด (เส้นที่ 0 ถึง  $p-1$ ) จะถูกแสดงผลหรือเป็นจีนเด่น (dominant) ตัวอย่างหน่วยชีวิตของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบ multiploid แสดงในรูปที่ 2.2 ขนาดความยาวของ mask โดยปกติจะเท่ากับ ความยาวของโครโมโซมคือ  $L$  บิต แต่ mask สามารถยืดยอความยาวลงได้โดยการกำหนดให้ mask มีความยาว  $m$  บิตโดยแต่ละบิตของ mask จะกำหนดจีนเด่นของหน่วยชีวิตเป็นบิตล็อกซึ่งมีขนาด  $L/m$  บิต ดังตัวอย่างในรูปที่ 2.3

mask :	0 0 0 1 1 1 2 2 2
โครโมโซม[0] :	a a a a a a a a
โครโมโซม[1] :	b b b b b b b b
โครโมโซม[2] :	c c c c c c c c
ลักษณะที่แสดงออก :	a a b b b c c c

รูปที่ 2.2 ตัวอย่างหน่วยชีวิตของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบ multiploid

mask :	0 1 2
โครโมโซม[0] :	a a a a a a a a
โครโมโซม[1] :	b b b b b b b b
โครโมโซม[2] :	c c c c c c c c
ลักษณะที่แสดงออก :	a a b b b c c c

รูปที่ 2.3 ตัวอย่างหน่วยชีวิตของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบ multiploid ซึ่งความยาวของ mask น้อยกว่าความยาวโครโมโซม

ในขั้นตอนการทำงานเริ่มต้นของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบ multiploid โครโมโซม  $p$  เส้นของหน่วยชีวิตแต่ละหน่วยจะถูกสร้างโดยการสุ่ม สำหรับ mask ในแต่ละตำแหน่งจะถูกสุ่มค่า

เป็นจำนวนเต็มในช่วง  $[0, p - 1]$  ซึ่งใช้ในการระบุว่าตำแหน่งนั้นเงินของโครโมโซมเส้นใดเป็นเงินเด่นซึ่งจะถูกแสดงออก หน่วยชีวิตแต่ละหน่วยจะถูกตรวจวัดค่าความเหมาะสมโดยพิจารณาจากลักษณะที่แสดงออกของหน่วยชีวิตนั้น

หน่วยชีวิตแบบ multiploid จะถูกคัดเลือกเพื่อผสมพันธุ์ตามวิธีการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ ในขั้นตอนของการไขว้เปลี่ยนจะทำการสุ่มโครโมโซมหรือ mask ที่ทำการไขว้เปลี่ยนระหว่างหน่วยชีวิตทั้งสอง อนึ่งการไขว้เปลี่ยนจะกระทำเฉพาะโครโมโซมเส้นเดียวกัน(หรือระหว่าง mask ของหน่วยชีวิตทั้งสอง)เท่านั้น สำหรับโครโมโซมและ mask เส้นที่ไม่ได้รับเลือกเพื่อไขว้เปลี่ยนจะถูกส่งผ่านไปยังหน่วยชีวิตลูกโดยการสุ่ม โดยหน่วยชีวิตลูกหน่วยหนึ่งจะได้รับโครโมโซม(หรือ mask)เส้นนี้จากหน่วยชีวิตแรกและหน่วยชีวิตลูกหน่วยที่เหลือจะได้รับโครโมโซมจากหน่วยชีวิตที่สอง

การกลายของหน่วยชีวิตแบบ multiploid สามารถกระทำได้ทั้งส่วน mask และส่วนโครโมโซมของหน่วยชีวิต อนึ่งการกลายจะไม่กระทำกับลักษณะที่แสดงออกของหน่วยชีวิตนั้นโดยตรง โดยกระบวนการนี้แม้หน่วยชีวิตที่มีลักษณะที่แสดงออกเหมือนกันทุกประการ หากแต่ยังคงมีความหลากหลายของเงินในโครโมโซม เป็นผลให้เกิดการรักษาความหลากหลายของประชากรของหน่วยชีวิต

จากการทดลองเปรียบเทียบประสิทธิภาพขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบ multiploid กับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติพบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบ multiploid มีประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาที่สูงกว่าเมื่อกำหนดจำนวนโครโมโซมที่ใช้เหมาะสม

## 2.7 งานวิจัยอื่นๆ

ยังมีงานวิจัยอื่นๆซึ่งเสนอแนวทางในการปรับปรุงขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยการรักษาความหลากหลายของประชากรเช่น ในงานวิจัย [41] ได้เสนอการใช้การคัดเลือกแบบใหม่เรียกว่า FUSS (fitness uniform selection scheme) แนวคิดของออกแบบการคัดเลือกแบบใหม่เนื่องมาจากข้อสังเกตในกระบวนการวิวัฒนาการคำตอบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม สิ่งที่ต้องการจากกระบวนการนี้คือหน่วยชีวิตเพียงหน่วยใดหน่วยหนึ่งถูกวิวัฒนาการจนมีค่าความเหมาะสมที่สุดและเป็นคำตอบของปัญหา การที่ประชากรของหน่วยชีวิตทั้งหมดถูกวิวัฒนาการให้มีค่าความเหมาะสมที่สุดนั้นไม่ได้เป็นสิ่งที่ต้องการแต่อย่างใด

กำหนดให้  $f_{\min}$  และ  $f_{\max}$  แทนค่าความเหมาะสมน้อยที่สุดและมากที่สุดของหน่วยชีวิตในรุ่นใดๆ การคัดเลือกแบบ FUSS จะทำการคัดเลือกค่าความเหมาะสมในช่วง  $[f_{\min}, f_{\max}]$  อย่างเท่ากัน (uniform) หน่วยชีวิตที่มีค่าความเหมาะสมใกล้เคียงกับค่าความเหมาะสมที่เลือกที่สุดจะถูกคัดเลือกเพื่อสร้างเป็นประชากรของหน่วยชีวิตรุ่นต่อไป โดยกระบวนการนี้ทำให้การคัดเลือกแบบ FUSS สามารถรักษาความหลากหลายของประชากรได้ดีกว่าการคัดเลือกแบบปกติ(เช่นการคัดเลือกแบบสัดส่วน) เนื่องจากประชากรของหน่วยชีวิตที่ถูกคัดเลือกจะกระจาย(distribute) ตามค่าความเหมาะสมต่างๆทำให้หน่วยชีวิตแต่ละหน่วยมีลักษณะที่แตกต่างกัน โดยแตกต่างจากแนวคิดของการคัดเลือกแบบปกติซึ่งหน่วยชีวิตที่มีค่าความเหมาะสมสูงได้รับการคัดเลือกเป็นจำนวนมากเป็นผลให้ความหลากหลายของประชากรมีน้อย

งานวิจัย [42] ได้ศึกษาผลกระทบของความหลากหลายของประชากรในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับปัญหา job shop scheduling โดยได้เสนอการคัดเลือกใหม่เพื่อรักษาความหลากหลายของประชากรโดยเรียกว่า DOS(diversity oriented selection) 2 แบบ การคัดเลือกแบบ DOS เกิดจากการสุ่มเลือกหน่วยชีวิตจำนวน  $N$  หน่วยจากประชากรทั้งสิ้น  $G$  หน่วย จากนั้นทำการสร้างหน่วยชีวิตเพื่อนบ้านสำหรับแต่ละหน่วยชีวิตที่เลือกขึ้นมาจำนวน  $M$  หน่วย หน่วยชีวิตและหน่วยชีวิตเพื่อนบ้านจำนวน  $MV$  หน่วยจะถูกคัดเลือกโดยการสุ่มให้เหลือเพียง  $G$  หน่วยและสร้างเป็นประชากรของหน่วยชีวิตใหม่ การคัดเลือกและผสมพันธุ์ตามกระบวนการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะกระทำกับประชากรของหน่วยชีวิตใหม่นี้

ประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้การคัดเลือกแบบใหม่ได้ถูกเปรียบเทียบกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ ซึ่งพบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่นำเสนอใหม่มีประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาที่สูงกว่าเนื่องจากความสามารถในการรักษาระดับความหลากหลายของประชากรได้ดีกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ

งานวิจัย [43] ได้ศึกษาถึงผลกระทบของการเกิดหน่วยชีวิตที่ซ้ำซ้อน(duplicate genotype)ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบสถานะคงที่ (steady-state genetic algorithms) โดยเสนอว่าการเกิดหน่วยชีวิตที่ซ้ำซ้อนในประชากรมาจากสาเหตุ 3 ประการได้แก่ 1) ความซ้ำซ้อนที่เกิดในขั้นตอนการสร้างประชากรของหน่วยชีวิตเริ่มต้นที่เกิดจากการสุ่ม 2) ความซ้ำซ้อนที่เกิดจากหน่วยชีวิตรุ่นลูกที่ถูกสร้างขึ้นมีลักษณะที่เหมือนกับหน่วยชีวิตพ่อแม่หน่วยใดหน่วยหนึ่ง 3) ความซ้ำซ้อนที่เกิดจากหน่วยชีวิตรุ่นลูกที่ถูกสร้างขึ้นมีลักษณะที่แตกต่างจากหน่วยชีวิตพ่อแม่ แต่มีลักษณะที่เหมือนกับหน่วยชีวิตอื่นในประชากร

ในงานวิจัยได้ทำการทดลองเปรียบเทียบประสิทธิภาพขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งทำการลดหน่วยชีวิตที่ซ้ำซ้อนกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ โดยพบว่าผลการลดหน่วยชีวิตที่ซ้ำซ้อนมีผลให้ความหลากหลายของประชากรมีสูงขึ้นเป็นผลให้สามารถหาคำตอบที่มีคุณภาพดีกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติ

## 2.8 สรุป

ในบทนี้ได้กล่าวถึงงานวิจัยซึ่งได้เสนอวิธีการต่างๆเพื่อปรับปรุงประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยใช้กลไกของการรักษาความหลากหลายของประชากรในระหว่างกระบวนการวิวัฒนาการในรูปแบบต่างๆ ซึ่งผลการทดลองเปรียบเทียบประสิทธิภาพในงานวิจัยดังกล่าวแสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาที่ดีกว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมปกติโดยเฉพาะกับปัญหาที่มีความยากสูง

ปัญหาที่พบได้บ่อยครั้งของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมคือการเกิดปรากฏการณ์ของการลู่เข้าก่อนกำหนด ซึ่งเป็นปรากฏการณ์ที่กระบวนการวิวัฒนาการคำตอบลู่เข้าสู่คำตอบใดคำตอบหนึ่งอย่างรวดเร็วจนเกินไป ซึ่งอาจเป็นผลให้กระบวนการวิวัฒนาการติดอยู่กับจุดที่ดีที่สุดท้องถิ่นโดยไม่สามารถสร้างคำตอบที่ดียิ่งขึ้นต่อไปได้ในอนาคต โดยปรากฏการณ์นี้จะพบได้บ่อยครั้งโดยเฉพาะกับปัญหาที่มีความยากสูงและปราศจากการรักษาความหลากหลายของประชากรที่ดีเพียงพอ

แม้จะมีงานวิจัยจำนวนมากที่ได้เสนอกฎของการรักษาความหลากหลายของประชากรที่มีประสิทธิภาพในกระบวนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ซึ่งสามารถหลีกเลี่ยงการเกิดปรากฏการณ์ของการลู่เข้าก่อนกำหนดดังกล่าวข้างต้นได้เป็นอย่างดี หากแต่วิธีการที่นำเสนอใหม่หลายวิธียังคงมีข้อจำกัดในการใช้งาน โดยจำเป็นต้องกำหนดค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมสำหรับปัญหาที่จะทำการทดลอง (ได้แก่พารามิเตอร์  $\sigma$ , ในการแบ่ง โอกาสในการถูกคัดเลือกในแต่ละอันดับในวิธีแรงค์สเปซ จำนวนบิตที่ต้องแตกต่างกันในการจับคู่แบบมีข้อกำหนด และพารามิเตอร์  $c$  และ  $\alpha$  ในวิธี DCGA เป็นต้น) ค่าของพารามิเตอร์ที่กำหนดจะส่งผลถึงความหลากหลายของประชากรในระหว่างกระบวนการวิวัฒนาการ การกำหนดค่าพารามิเตอร์ที่ไม่เหมาะสมจะส่งผลให้ความหลากหลายของประชากรมีมากหรือน้อยจนเกินไป ด้วยเหตุนี้การกำหนดค่าพารามิเตอร์ในการทดลองจึงจำเป็นต้องศึกษาปัญหามาเป็นอย่างดี หรือทำการทดลองใช้โดยการลองผิดลองถูก

หลายๆครั้ง จากข้อจำกัดนี้ระบบควบคุมความหลากหลายของประชากรที่สามารถปรับตัวให้  
เหมาะสมกับปัญหาเองได้จึงเป็นประเด็นที่น่าสนใจในการทำการศึกษ



ศูนย์วิทยทรัพยากร  
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย