

## บทที่ 3

### หลักการของเจเนติกอัลกอริทึม

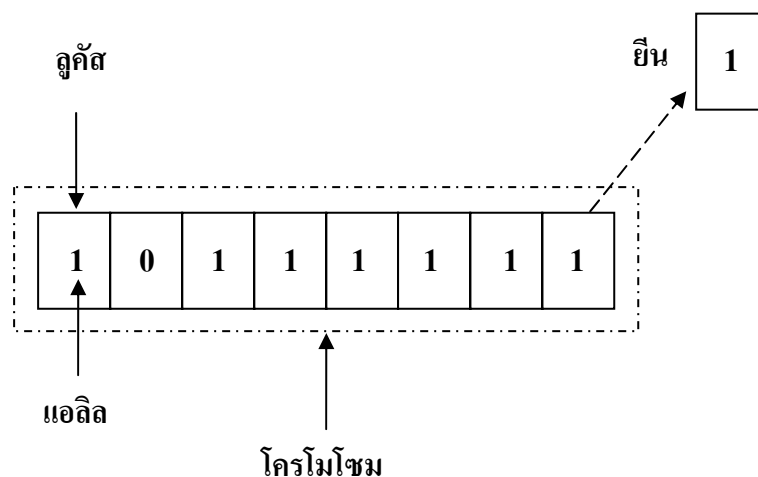
#### 3.1 บทนำ

เจเนติกอัลกอริทึมเป็นวิธีการหนึ่งที่ใช้ในการค้นหาและแก้ปัญหาเพื่อให้ได้จุดที่เหมาะสมที่สุด ได้รับการพัฒนาโดยการจำลองวิธีการมาจากกระบวนการทางพันธุกรรม (Holland, 1975) สำหรับหลักการของวิธีการนี้คือสิ่งมีชีวิตทั้งหลายมีทั้งส่วนที่ดีและส่วนที่ไม่ดี ซึ่งลักษณะที่ดีจะได้รับการสนับสนุนให้มีการถ่ายทอดพันธุกรรมจากบรรพบุรุษสู่รุ่นลูกหลาน โดยวิธีนี้ข้อมูลจะถูกพิจารณาในรูปแบบของการเข้ารหัสที่เรียกว่าโครโมโซมซึ่งจะมีการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจากบรรพบุรุษสู่รุ่นลูกหลาน โดยใช้ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective Function) ที่สอดคล้องกับปัญหาในการพิจารณาหาค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ของโครโมโซมที่มีต่อปัญหา ในการคำนวณจะใช้ตัวดำเนินการทางพันธุกรรมมากระทำกลุ่มของโครโมโซมเริ่มต้นจนได้โครโมโซมรุ่นใหม่ที่มีค่าความเหมาะสมกับปัญหามากขึ้น และกระทำซ้ำจนกระทั่งได้โครโมโซมที่แทนคำตอบที่ถูกต้องหรือเหมาะสมที่สุดกับปัญหา โดยเจเนติกอัลกอริทึมจะมีลักษณะที่เป็นพื้นฐาน ดังนี้ (Michalewicz, 1996)

1. เจเนติกอัลกอริทึมจะไม่ใช้ค่าของจุดต่างๆ ในเซตของการค้นหาโดยตรง แต่จะทำการเข้ารหัสแก่จุดนั้นๆ แทน
2. เจเนติกอัลกอริทึมจะทำการค้นหาโดยใช้กลุ่มของค่าเริ่มต้น
3. เจเนติกอัลกอริทึมจะใช้ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ในการวัดค่าความเหมาะสมของตัวแปรที่ต้องการค้นหากับปัญหาที่ต้องการพิจารณา
4. เจเนติกอัลกอริทึมจะใช้ตัวดำเนินการทางพันธุกรรม (Genetic Operators) กระทำกับกลุ่มข้อมูลที่ถูกเข้ารหัสระหว่างการคำนวณในขั้นตอนของการกำเนิดใหม่ (Reproduction)

เนื่องจากเจเนติกอัลกอริทึมเป็นกระบวนการคำนวณที่เลียนแบบกลไกการวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต ดังนั้นในกระบวนการคำนวณของเจเนติกอัลกอริทึมจึงมีคำศัพท์เฉพาะทางชีววิทยาเข้ามาเกี่ยวข้องด้วยโดยอธิบายได้ดังนี้ กระบวนการเจเนติกอัลกอริทึมจะเริ่มต้นด้วยการสุ่มเซตผลผลิตที่เกิดจากการเข้ารหัสโดยใช้สายของตัวอักษร (String) ซึ่งเทียบได้กับโครโมโซม (Chromosome) เพื่อแทนผลผลิตจริงของปัญหา ซึ่งโครโมโซมเหล่านี้จะประกอบด้วยส่วนประกอบย่อยคือตัวอักษร (Character) คือ ยีน (Gene) โดยบริเวณที่อยู่ของยีนบนโครโมโซมคือ ลูคี (Locus) และสถานะของยีนที่อยู่บนโครโมโซมเรียกว่าแอลลีล (allele) ลักษณะเฉพาะของ

โครโมโซมที่ถูกเข้ารหัสเหล่านี้เทียบได้กับจีโนไทป์ (Genotype) และเมื่อมีการถอดรหัสโครโมโซม จะได้ผลเฉลยจริงของปัญหาซึ่งผลเฉลยจริงของปัญหานี้จะเทียบได้กับฟีโนไทป์ (Phenotype) ซึ่งลักษณะของโครโมโซมแสดงดังภาพประกอบ 3.1

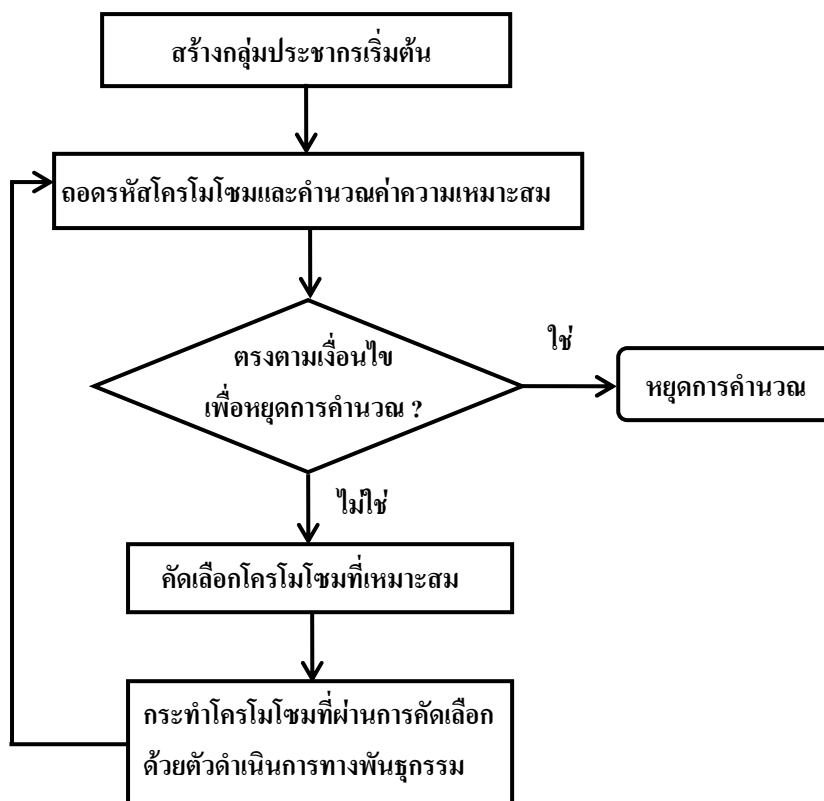


ภาพประกอบ 3.1 แสดงลักษณะของโครโมโซม

### 3.2 เจเนติกอัลกอริทึมอย่างง่าย (Simple Genetic Algorithm)

กระบวนการเจเนติกอัลกอริทึมอย่างง่าย (Goldberg, 1989) ซึ่งได้อธิบายถึงองค์ประกอบพื้นฐานตลอดจนถึงกลไกของเจเนติกอัลกอริทึม โดยกระบวนการของเจเนติกอัลกอริทึมอย่างง่ายแสดงดังแผนภูมิสายงานในภาพประกอบ 3.2 และอธิบายเป็นขั้นตอนได้ดังนี้

1. สร้างกลุ่มของโครโมโซมซึ่งเป็นประชากร (Population) เริ่มต้นโดยการสุ่ม
2. ถอดรหัสโครโมโซมทุกโครโมโซมเพื่อให้ได้ตัวแปรจริงของปัญหา
3. นำตัวแปรจริงของปัญหาที่ได้มาคำนวณค่าวัตถุประสงค์ของแต่ละโครโมโซมในประชากร
4. คำนวณค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ของโครโมโซมจากค่าวัตถุประสงค์
5. สร้างประชากรชุดใหม่จากประชากรชุดเก่าด้วยการคัดเลือก (Selection) โดยพิจารณาจากค่าความเหมาะสม
6. นำประชากรที่ผ่านการคัดเลือกมากระทำด้วยตัวดำเนินการพันธุกรรม (Genetic Operators) อันได้แก่ การผสมข้ามพันธุ์ (Crossing Over) และ การกลายพันธุ์ (Mutation) เป็นต้น
7. กลับไปทำตามขั้นตอนที่ 2 ถึง 6 จนกระทั่งเข้าสู่คำตอบของปัญหาที่ต้องการหรือเท่ากับจำนวนรอบของการทำซ้ำที่กำหนดไว้ ซึ่งจำนวนหนึ่งรอบจากตอนที่ 2 ถึง 6 เรียกว่าหนึ่งรุ่นของการคำนวณ (Generation)

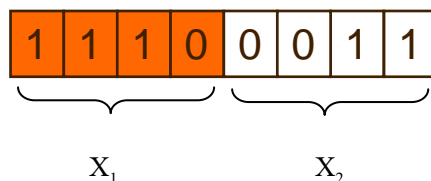


ภาพประกอบ 3.2 แผนภูมิสายงานแสดงกระบวนการเจเนติกอัลกอริทึม

จากกระบวนการข้างต้นจะเห็นว่ากระบวนการหลักๆของเจเนติกอัลกอริทึมอย่างง่ายมี 5 ขั้นตอนได้แก่ การเข้ารหัสโครโมโซม (Chromosome Coding), การประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness Evaluation), การคัดเลือก, การผสมข้ามพันธุกรรม และการกลายพันธุ์ ซึ่งกระบวนการเหล่านี้จะได้อธิบายรายละเอียดดังนี้

### 3.2.1 การเข้ารหัสโครโมโซม

เจเนติกอัลกอริทึมจะทำการคำนวณในปริภูมิของตัวแปรที่เกิดจากการเข้ารหัสตัวแปรที่ต้องการค้นหา โดยทั่วไปรูปแบบของรหัสที่ใ้ใช้มักจะอยู่ในรูปของเลขฐานสอง ซึ่งโครโมโซมที่ใช้แทนคำตอบของปัญหาแต่ละปัญหาประกอบไปด้วยเซตของยีน 0 หรือ 1 ส่วนความยาวของโครโมโซมจะถูกกำหนดตามความต้องการซึ่งมักจะขึ้นอยู่กับลักษณะของปัญหา โดยตัวอย่างของโครโมโซมที่เป็นเลขฐานสองแสดงดังภาพประกอบ 3.3



ภาพประกอบ 3.3 โครโมโซมยาว 10 บิต ใช้แทนคำตอบของปัญหาที่ประกอบด้วยตัวแปร  $X_1$  และ  $X_2$

### 3.2.2 การประเมินความเหมาะสม (Fitness Evaluation)

โดยทั่วไปค่าความเหมาะสมของแต่ละ โครโมโซมจะมีความสัมพันธ์กับค่าวัตถุประสงค์ที่คำนวณได้จากการถอดรหัสโครโมโซมแต่ละโครโมโซมไปเป็นตัวแปรจริงของปัญหาแทนตัวแปรที่ได้จากการถอดรหัสลงในฟังก์ชันวัตถุประสงค์ซึ่งใช้วัดคุณสมบัติของโครโมโซมว่าเหมาะสมกับปัญหานั้นๆ เพียงใด โดยถ้าเป็นปัญหาในการหาเงื่อนไขที่ดีที่สุด หรือปัญหาการหาจุดสูงสุด เราสามารถนำค่าวัตถุประสงค์ไปใช้เป็นค่าความเหมาะสมได้เลย แต่ถ้าเป็นปัญหาในการหาเงื่อนไขน้อยที่สุด (Minimization) หรือปัญหาการหาจุดต่ำสุด ค่าความเหมาะสมจะหาได้โดย

$$\text{Fitness Value} = C_{\max} - \text{Objective Value}$$

โดยที่  $C_{\max}$  คือ จำนวนจริงบวกที่มั่นใจว่ามากกว่าค่าความเหมาะสมที่ได้จากปริภูมิของการค้นหาเสมอ โดยที่ค่า  $C_{\max}$  มักจะหาพิจารณาใช้ค่าสูงสุดของค่าวัตถุประสงค์ของประชากรชุดแรก

### 3.2.3 การคัดเลือก

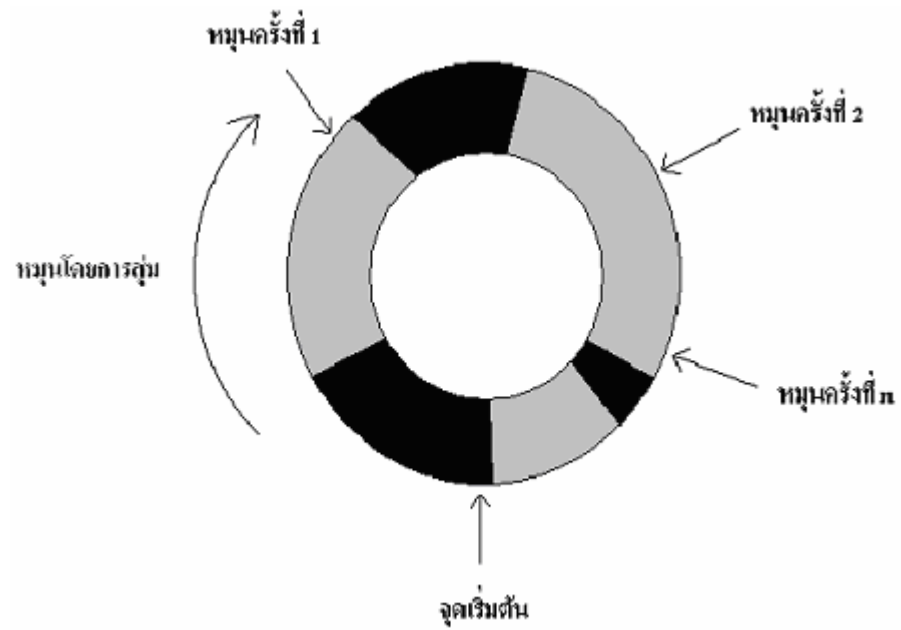
เจเนติกอัลกอริทึมจะทำงาน โดยการสนับสนุนให้โครโมโซมที่มีความเหมาะสมสามารถสืบต่อไปยังรุ่นต่อไปของการคำนวณ โดยใช้กระบวนการการคัดเลือก โดยโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากจะมีโอกาสที่จะถูกเลือกไปเป็นประชากรรุ่นใหม่มากกว่าโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อย เทคนิคของการคัดเลือกที่นิยมใช้มีสองชนิดได้แก่ การคัดเลือกชนิดวงล้อรูเลต (Roulette Wheel Selection) และการคัดเลือกชนิด Stochastic Universal Sampling ซึ่งจะได้อธิบายในรายละเอียดดังนี้

### - การคัดเลือกชนิดวงล้อรูเลต

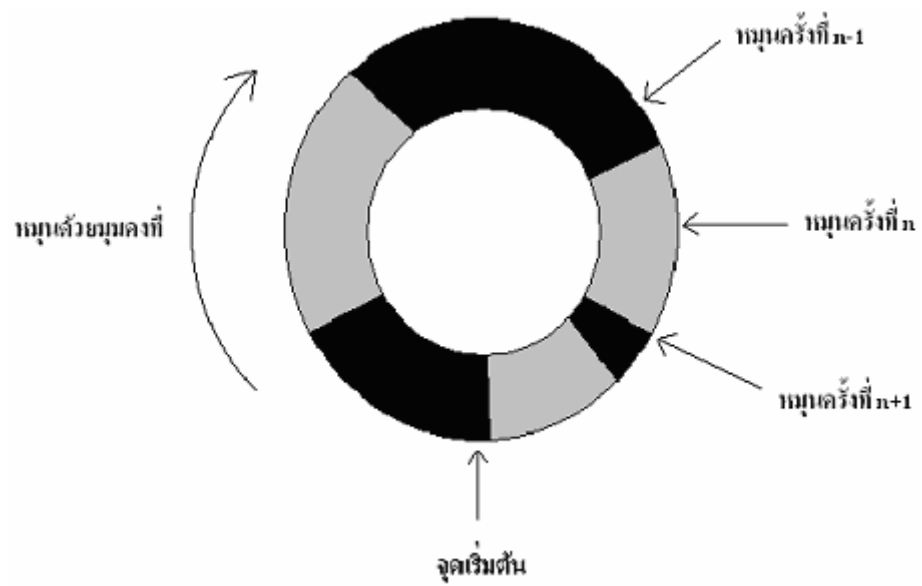
การคัดเลือกชนิดวงล้อรูเลตเป็นเทคนิคที่ง่ายที่สุด เทคนิคนี้จะมีลักษณะที่เปรียบเทียบได้กับวงล้อรูเลตที่มีช่องไม่เท่ากัน โดยช่องของวงล้อรูเลตที่มีขนาดใหญ่จะเทียบได้กับโอกาสที่จะถูกเลือกของโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมาก และในทางกลับกันช่องที่มีขนาดเล็กจะเทียบได้กับโอกาสที่จะถูกเลือกของโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อย ซึ่งขนาดช่องของวงล้อรูเลตแต่ละช่องที่เทียบได้กับขนาดของโอกาสในการถูกเลือกของโครโมโซมแต่ละตัวจะหาได้จากอัตราส่วนของค่าความเหมาะสมของโครโมโซมแต่ละตัวกับค่าความเหมาะสมรวมของโครโมโซมทุกตัว ในการคัดเลือกกระทำโดยการกำหนดจุดคงที่จุดหนึ่ง จากนั้นทำการหมุนวงล้อรูเลตโดยการสุ่ม และเมื่อวงล้อรูเลตหยุดหมุน จุดที่กำหนดไว้ไปตรงกับตำแหน่งของช่องบนวงล้อช่องใดโครโมโซมที่ถูกแทนโดยช่องนั้นบนวงล้อจะถูกคัดเลือกไปเป็นโครโมโซมของประชากรรุ่นต่อไป จากนั้นทำการหมุนวงล้อโดยการสุ่มต่อไปเพื่อคัดเลือกโครโมโซมจนครบตามจำนวนประชากรเริ่มต้น แผนภูมิของการคัดเลือกชนิดวงล้อรูเลต แสดงดังภาพประกอบ 3.4 (a) มีข้อสังเกตอยู่ว่าหากวงล้อรูเลตถูกหมุนโดยการสุ่มอย่างแท้จริงแล้วการคัดเลือกจะเป็นไปตามวัตถุประสงค์ที่ต้องการคือโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากจะมีโอกาสที่จะถูกเลือกมากและในทางตรงกันข้ามกับโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อย แต่จำนวนครั้งของการหมุนของวงล้อรูเลตถูกจำกัดโดยจำนวนประชากร ซึ่งจะทำให้การคัดเลือกโดยวิธีนี้ไม่เป็นไปตามวัตถุประสงค์ของการคัดเลือกอย่างแท้จริง คือ โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากอาจจะมีโอกาสที่จะถูกเลือกน้อยกว่าหรือเท่ากับโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อย ปัญหานี้สามารถแก้ไขได้โดยการใช้เทคนิคการคัดเลือกแบบ Stochastic Universal Sampling ซึ่งจะอธิบายต่อไป

### - การคัดเลือกแบบ Stochastic Universal Sampling

การคัดเลือกโดยเทคนิคนี้จะมีลักษณะคล้ายกับการคัดเลือกแบบวงล้อรูเลตจะแตกต่างกันเฉพาะที่การหมุนวงล้อรูเลต คือ ทำการหมุนวงล้อรูเลตไปเป็นมุมที่แน่นอนครั้งละ  $360/n$  ในแต่ละครั้งของการหมุน โดยที่  $n$  คือ จำนวนประชากรทั้งหมด การหมุนในแต่ละครั้งก็จะทำให้ได้โครโมโซมหนึ่งตัว ซึ่งเมื่อหมุน  $n$  ครั้งก็จะได้ประชากรครบตามจำนวนเดิม แผนภูมิของการคัดเลือกแบบ Stochastic Universal Sampling แสดงดังภาพประกอบ 3.4 (b) การหมุนด้วยมุมที่คงที่นี้จะทำให้โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากจะมีโอกาสที่จะถูกเลือกมากและโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยจะมีโอกาสที่จะถูกเลือกน้อย ซึ่งสามารถแก้ปัญหที่เกิดขึ้นจากเทคนิคการคัดเลือกชนิดวงล้อรูเลตได้



(a) แผนภูมิของการคัดเลือกชนิดวงล้อรูเลต



(b) แผนภูมิของการคัดเลือกแบบ Stochastic Universal Sampling

ภาพประกอบ 3.4 แสดงแผนภูมิของการคัดเลือกชนิดวงล้อรูเลตและแผนภูมิของการ

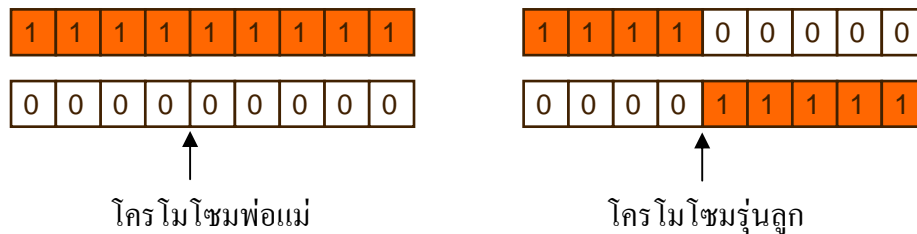
คัดเลือกแบบ Stochastic Universal Sampling

### 3.2.4 การผสมข้ามพันธุ

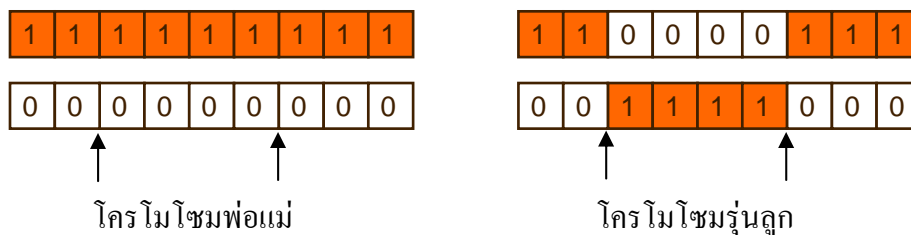
ดังที่กล่าวไว้ข้างต้นว่าเจเนติกอัลกอริทึมจะคำนวณโดยใช้ตัวดำเนินการทางพันธุกรรมเพื่อเปลี่ยนแปลงโครโมโซมที่ผ่านกระบวนการคัดเลือกมาแล้ว โดยตัวดำเนินการทางพันธุกรรมชนิดหนึ่งที่มีผลกระทบต่อกระบวนการเปลี่ยนแปลงของโครโมโซมอย่างมาก คือ ดำเนินการการผสมข้ามพันธุซึ่งกระบวนการนี้จะโดยเริ่มต้นด้วยการเลือกโครโมโซมมาคู่หนึ่งจากโครโมโซมที่ผ่านกระบวนการคัดเลือกมาแล้วด้วยการสุ่ม ซึ่งโครโมโซมคู่นี้จะเรียกว่าโครโมโซมพ่อแม่ จากนั้นจะมีการแลกเปลี่ยนยีนกันระหว่างโครโมโซมพ่อแม่ซึ่งจะได้โครโมโซมลูกมาสองตัว และใช้กระบวนการเดียวกันนี้กับโครโมโซมที่เหลืออยู่จนได้โครโมโซมลูกครบตามจำนวนประชากรเดิม โดยทั่วไปแล้วการผสมข้ามพันธุจะไม่ได้เกิดขึ้นกันทุกโครโมโซมพ่อแม่ที่เลือกมา แต่จะมีการกำหนดความเป็นไปได้ในการเกิดการผสมข้ามพันธุ (Crossing Over Probability) ซึ่งโดยทั่วไปแล้วจะมีค่าอยู่ในช่วง 0.7 ถึง 0.9 โดยหากไม่เกิดการผสมข้ามพันธุจะทำให้โครโมโซมลูกที่ได้มีลักษณะเหมือนโครโมโซมพ่อแม่ทุกประการ เทคนิคของการผสมข้ามพันธุที่ใช้กันมากมีสองเทคนิคคือ การผสมข้ามพันธุชนิดที่กำหนดจำนวนจุดให้เกิดการผสมข้ามพันธุ (n-Point Crossing Over) และการผสมข้ามพันธุชนิดยูนิฟอร์ม (Uniform) โดยรายละเอียดของทั้งสองเทคนิคนี้จะอธิบายดังนี้

#### - การผสมข้ามพันธุชนิดที่กำหนดจำนวนจุดให้เกิดการผสมข้ามพันธุแบบหนึ่งมิติ

เทคนิคการผสมข้ามพันธุชนิดนี้จะมีการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมรุ่นลูกที่จับคู่กัน โดยที่การแลกเปลี่ยนยีนนี้จะเกิดขึ้นในด้านหนึ่งของจุดกำหนดให้เกิดการผสมข้ามพันธุ (Crossing-Over Site) แล้วสลับกันไปตามจุดของเกิดการผสมข้ามพันธุ โดยจำนวนจุดของการผสมข้ามพันธุ  $n$  จุดจะต้องมีค่ามากกว่าหรือเท่ากับ 1 แผนภูมิแสดงการเกิดการผสมข้ามพันธุแบบ 1 จุด และ 2 จุด แสดงดังภาพประกอบ 3.5 (a) และ ภาพประกอบ 3.5 (b) ตามลำดับ จากภาพประกอบ 3.5 (a) จะเห็นได้ว่าการแลกเปลี่ยนยีนจะเกิดขึ้นด้านขวาของจุดของเกิดการผสมข้ามพันธุ ในกรณีของการผสมข้ามพันธุแบบ 1 จุด ส่วนในกรณีของการผสมข้ามพันธุแบบ 2 จุดแสดงในภาพประกอบ 3.5(b) และจากทั้งสองกรณีข้างต้นหลังจากการเกิดการผสมข้ามพันธุจะมีทั้งยีนของทั้งโครโมโซมพ่อและแม่ โดยรูปแบบของการแลกเปลี่ยนยีนจะขึ้นอยู่กับตำแหน่งของจุดของเกิดการผสมข้ามพันธุซึ่งจะถูกเลือกขึ้นมาโดยการสุ่ม



(a) แสดงแผนภูมิแสดงการเกิดการผสมข้ามพันธุ์แบบ 1 จุด



(b) แสดงแผนภูมิแสดงการเกิดการผสมข้ามพันธุ์แบบ 2 จุด

ภาพประกอบ 3.5 แสดงแผนภูมิแสดงการเกิดการผสมข้ามพันธุ์แบบ 1 จุด และแผนภูมิแสดงการเกิดการผสมข้ามพันธุ์แบบ 2 จุด โดยที่หัวของลูกศรคือจุดกำหนดให้เกิดการผสมข้ามพันธุ์

- การผสมข้ามพันธุ์ชนิดยูนิฟอร์ม

เทคนิคการผสมข้ามพันธุ์ชนิดตามที่กล่าวมาแล้วจะพิจารณาการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมพ่อแม่โดยพิจารณาจากจุดที่เกิดการผสมข้ามพันธุ์ แต่เทคนิคการผสมข้ามพันธุ์ชนิดยูนิฟอร์ม จะพิจารณาการแลกเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมพ่อแม่โดยใช้โครโมโซมต้นแบบของการผสมข้ามพันธุ์ ซึ่งเป็นสายตัวอักษรที่เป็นตัวเลขฐานสองที่มีความยาวเท่ากับโครโมโซมพ่อแม่ โดยในการเกิดการผสมข้ามพันธุ์จะพิจารณายีนทุกยีนของโครโมโซมโดยการกำหนดว่ายีนของโครโมโซมรุ่นลูกจะมาจากโครโมโซมพ่อแม่ตัวใดจะตัดสินจากโครโมโซมต้นแบบของลูกแต่ละตัว หากยีนของโครโมโซมต้นแบบเป็น 0 จะใช้ยีนจากโครโมโซมพ่อแม่อีกตัวหนึ่ง แต่หากยีนของโครโมโซมต้นแบบเป็น 1 จะใช้ยีนจากโครโมโซมพ่อแม่ตัวเดิม แผนภูมิแสดงการเกิดการผสมข้ามพันธุ์ชนิดยูนิฟอร์ม แสดงดังภาพประกอบ 3.6



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

(a) โครโมโซมพ่อแม่

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

(b) โครโมโซมต้นแบบ

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

(c) โครโมโซมลูก

ภาพประกอบ 3.6 แสดงแผนภูมิแสดงการเกิดการผสมข้ามพันธุ์ชนิดยูนิฟอร์ม

### 3.2.5 การกลายพันธุ์

การกลายพันธุ์เป็นตัวดำเนินการหนึ่งี่สร้างโครโมโซมใหม่จากโครโมโซมเดิมตัวหนึ่ง ซึ่งจะส่งผลให้โครโมโซมตัวใหม่นี้จะถูกเปลี่ยนแปลงไปเพียงเล็กน้อยโดยการกลับค่าสถานะของยีนตัวอย่างเช่นในกรณีการกลายพันธุ์ของโครโมโซมเลขฐานสองจะเกิดขึ้นโดยการกลับบิตของข้อมูล (Bit Flipped) ซึ่งแสดงดังภาพประกอบ 3.7

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

ภาพประกอบ 3.7 การกลายพันธุ์ของโครโมโซมเลขฐานสองการกลายพันธุ์โดยการกลับบิตของข้อมูล

จากภาพประกอบ 3.7 บริเวณที่เกิดการกลายพันธุ์ คือ ตำแหน่งลูกศรที่ 4 ของโครโมโซม โดยยีนที่ตำแหน่งนี้จะถูกเปลี่ยนจาก 1 เป็น 0 ซึ่งการเกิดการกลายพันธุ์จะไม่ได้เกิดขึ้นในทุกตำแหน่งของยีนบนโครโมโซม แต่การกลายพันธุ์จะถูกกำหนดโดยความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ (Mutation Probability) ซึ่งโดยทั่วไปแล้วจะอยู่ในช่วง 0 ถึง 0.1 ซึ่งเห็นได้ว่าเมื่อเทียบกับความน่าจะเป็นในการผสมข้ามพันธุ์ที่มีค่าเข้าใกล้ 1 แล้วพบว่า การผสมข้ามพันธุ์จะเป็นตัวดำเนินการหลักที่มีผลอย่างมากต่อการคำนวณของเจเนติกอัลกอริทึม ส่วนการกลายพันธุ์แม้จะมีโอกาสในการเกิดน้อยกว่าจึงทำให้มีผลต่อการคำนวณน้อยแต่ก็เป็นตัวดำเนินการหนึ่งที่สามารถสร้างโครโมโซมที่มีความเหมาะสมกว่าประชากรรุ่นพ่อแม่ได้

### 3.3 ตัวดำเนินการทางพันธุกรรมอื่นๆ

ตัวดำเนินการทางพันธุกรรมพิเศษอื่นๆ รับการพัฒนาขึ้นในช่วงหลายปีที่ผ่านมา เพื่อที่จะเพิ่มประสิทธิภาพของเจเนติกอัลกอริทึมอย่างง่าย ในงานวิจัยนี้ได้เลือกใช้ตัวดำเนินการทางพันธุกรรม คือ กลยุทธ์การคัดสรร (Elitist Strategy) และการผสมข้ามพันธุ์ชนิดที่กำหนดจำนวนจุดให้เกิดการผสมข้ามพันธุ์แบบสองมิติ (2D n-Point Crossing Over)

#### 3.3.1 กลยุทธ์การคัดสรร

กลยุทธ์การคัดสรรเป็นตัวดำเนินการที่สนับสนุนให้โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุดสามารถสืบทอดไปเป็นประชากรรุ่นต่อไปได้ ซึ่งถือว่าเป็นการคัดเลือกชนิดหนึ่งโดยเหตุผลหลักของการใช้ตัวดำเนินการนี้คือการรับประกันว่าจะสามารถเก็บรักษาโครโมโซมที่ดีที่สุดในแต่ละรุ่นของการคำนวณได้โดยไม่ถูกเปลี่ยนแปลงไปโดยการผสมข้ามพันธุ์และการกลายพันธุ์ กลยุทธ์การคัดสรรกระทำได้โดยการเลือกเอาโครโมโซมที่ดีที่สุดเป็นจำนวน  $n$  ตัวเพื่อสืบทอดเป็นประชากรรุ่นต่อไปโดยไม่ผ่านกระบวนการทางพันธุกรรมใดเลย โดยทั่วไปมักจะใช้ค่า  $n$  เท่ากับ 2

#### 3.3.2 การผสมข้ามพันธุ์ชนิดที่กำหนดจำนวนจุดให้เกิดการผสมข้ามพันธุ์แบบสองมิติ

(Li, et al., 1995)

การผสมข้ามพันธุ์ชนิดที่กำหนดจำนวนจุดให้เกิดการผสมข้ามพันธุ์แบบสองมิตินี้มีลักษณะคล้ายกับการผสมข้ามพันธุ์ชนิดที่กำหนดจำนวนจุดให้เกิดการผสมข้ามพันธุ์แบบหนึ่งมิติ แต่ในการแลกเปลี่ยนยีนจะมีลักษณะเป็นสองมิติคือการแลกเปลี่ยนของกลุ่มยีนที่อยู่ในช่วงสี่เหลี่ยมระหว่างจุดที่กำหนดให้เกิดการผสมข้ามพันธุ์สองจุด และในการเกิดการผสมข้ามพันธุ์แบบสองมิตินี้จะเกิดขึ้นได้สองกรณีคือการผสมข้ามพันธุ์ในแนวดิ่ง (Vertical Direction) และในแนว

ขวาง (Horizontal Direction) ซึ่งจะกำหนดให้ออกาสในการเกิดทั้งแนวดิ่งและแนวขวางเท่ากัน โดยการผสมข้ามพันธุ์ชนิดที่กำหนดจำนวนจุดให้เกิดการผสมข้ามพันธุ์แบบสองมิติแสดงดังภาพประกอบ 3.8

โครโมโซมพ่อแม่



โครโมโซมลูก

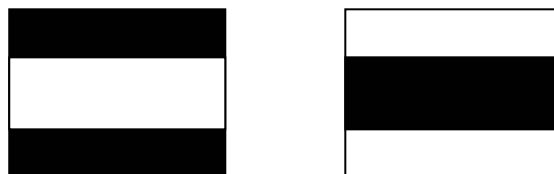


(a) การผสมข้ามพันธุ์ในแนวตั้ง

โครโมโซมพ่อแม่



โครโมโซมลูก



(b) การผสมข้ามพันธุ์ในแนวขวาง

ภาพประกอบ 3.8 แสดงการผสมข้ามพันธุ์ชนิดที่กำหนดจำนวนจุดให้เกิดการผสมข้ามพันธุ์แบบ  
สองมิติที่มีจุดในการผสมข้ามพันธุ์สามจุด  
ที่มา : Li, *et al.*, 1995