



ใบรับรองวิทยานิพนธ์
บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต (วิศวกรรมอุตสาหกรรม)

ปริญญา

วิศวกรรมอุตสาหกรรม

วิศวกรรมอุตสาหกรรม

สาขา

ภาควิชา

เรื่อง ระบบสนับสนุนการตัดสินใจด้วยการใช้วิธีการทางพันธุกรรมสำหรับการตัดแบ่งแบบ
2 มิติ ที่ใช้เครื่องตัดแบบกิโยติน

Genetic Algorithm Based Decision Support System for Two Dimensional Cutting Stock
Problem Using Guillotine Cutting Machine

นามผู้วิจัย นางสาวอมใจ ฉลาด

ได้พิจารณาเห็นชอบโดย

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

(รองศาสตราจารย์อนันต์ มุ่งวัฒนา, Ph.D.)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

(อาจารย์วิสุทธิ์ สุพิทักษ์, Ph.D.)

หัวหน้าภาควิชา

(รองศาสตราจารย์อนันต์ มุ่งวัฒนา, Ph.D.)

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์รับรองแล้ว

(รองศาสตราจารย์กัญญา ชีระกุล, D.Agr.)

คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

วันที่ เดือน พ.ศ.

วิทยานิพนธ์

เรื่อง

ระบบสนับสนุนการตัดสินใจด้วยการใช้วิธีการทางพันธุกรรมสำหรับการตัดแบ่งแบบ 2 มิติที่ใช้
เครื่องตัดแบบกิโยติน

Genetic Algorithm Based Decision Support System for Two Dimensional Cutting Stock Problem
Using Guillotine Cutting Machine

โดย

นางสาวอมใจ ฉลาด

เสนอ

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

เพื่อความสมบูรณ์แห่งปริญญาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต (วิศวกรรมอุตสาหกรรม)

พ.ศ. 2552

ออมใจ ฉลาด 2552: ระบบสนับสนุนการตัดสินใจด้วยการใช้วิธีการทางพันธุกรรม
สำหรับการตัดแบ่งแบบ 2 มิติที่ใช้เครื่องตัดแบบกิโอติน ปริญญาวิศวกรรมศาสตร
มหาบัณฑิต (วิศวกรรมอุตสาหกรรม) สาขาวิศวกรรมอุตสาหกรรม ภาควิชาวิศวกรรม
อุตสาหกรรม อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: รองศาสตราจารย์อนันต์ มุ่งวัฒนา, Ph.D.
142 หน้า

งานวิจัยนี้ได้จัดทำเพื่อพัฒนาระบบสนับสนุนการตัดสินใจสำหรับการตัดแบ่งแบบ 2 มิติ
ที่ใช้เครื่องตัดแบบกิโอติน โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อลดการสูญเสียของเศษที่เกิดขึ้นเนื่องจากการตัด
เนื่องจากความซับซ้อนของปัญหา การค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดจึงเป็นเรื่องยากในการที่จะสามารถ
หาคำตอบได้ในเวลาที่มีอยู่อย่างจำกัด ซึ่งในที่นี้ระบบสนับสนุนการตัดสินใจที่จัดทำขึ้นได้นำ
วิธีการทางพันธุกรรมมาประยุกต์ใช้ในระบบเพื่อช่วยในการตัดสินใจเพื่อหาผลลัพธ์ที่ดีที่สุด
ภายใต้ข้อกำหนดของเวลาที่มีอยู่อย่างจำกัด โดยระบบสนับสนุนการตัดสินใจประกอบด้วย
ส่วนประกอบหลัก 3 ส่วน คือ ฐานข้อมูล ส่วนติดต่อกับผู้ใช้งาน และส่วนอัลกอริทึม โดยส่วน
ของฐานข้อมูลประกอบไปด้วย ชนิด, ความหนา และขนาดของแผ่นวัสดุดิบ ส่วนการติดต่อกับ
ผู้ใช้ จะทำการรับข้อมูล ชนิด ขนาด และจำนวนที่ชิ้นงานที่ลูกค้าต้องการ ส่วนอัลกอริทึมที่มี
หน้าที่ในการออกแบบนั้น เป็นขั้นตอนการออกแบบการจัดเรียงชิ้นงานสำหรับการตัดแบบ
กิโอตินเพื่อให้มีประสิทธิภาพสูงสุด โดยจะประกอบไปด้วย ขั้นตอนแรกคือ ทำการวางชิ้นงาน
ด้วยการวางชิ้นงานแบบลงล่างชิดซ้าย และหลังจากนั้น จะทำการปรับปรุงคำตอบด้วยวิธีการทาง
พันธุกรรม เพื่อให้มีประสิทธิภาพมากขึ้น โดยทำการเปรียบเทียบผลการทดลองที่ได้กับ โปรแกรม
steelGA ซึ่งผลที่ได้จากการทดลองแสดงให้เห็นว่า คำตอบที่ได้จากระบบสนับสนุนการตัดสินใจ
ที่พัฒนาขึ้นนั้นมีค่าที่ดีกว่าค่าที่ได้จาก โปรแกรม steelGA และนอกจากนี้การหาคำตอบโดยการใช้
ระบบสนับสนุนการตัดสินใจนั้นสามารถทำได้ในเวลาไม่มากนัก

Omjai Chalard 2009: Genetic Algorithm Based Decision Support System for Two Dimensional Cutting Stock Problem Using Guillotine Cutting Machine. Master of Engineering (Industrial Engineering), Major Field: Industrial Engineering, Department of Industrial Engineering. Thesis Advisor: Associate Professor Anan Mungwattana, 142 pages.

This research project is to develop a decision support system for two-dimensional cutting problem using Guillotine cutting machines. The objective of the system is to minimize the loss from inefficient cutting patterns. Due to the complexity of the problem, finding optimal solutions is unlikely for large problems within an acceptable amount of time. Therefore, a genetic algorithm is embedded into the system to obtain efficient cutting patterns within the limited amount of time. The system consists of three main components, which are a database system, an algorithm and a user interface. Data regarding type, thickness and size of raw material sheet is maintained in the database. The user interface communicates with decision makers by allow them to input orders from customer in terms of type, size and quantity needed. The function of the algorithm is to design patterns from the guillotine cutting processes in order to minimize looses. The algorithm includes two steps for designing the patterns. First, an initial solution is obtained by using bottom-left algorithm. Then, the initial solution is improved by genetic algorithm. The developed system has been compared with steelGA program by Mann-Whitney test. The experimental results show that the developed system can provide good cutting patterns when compared with results from steelGA program. In addition, the computational times are also acceptable.

Student's signature

Thesis Advisor's signature

____ / ____ / ____

กิตติกรรมประกาศ

ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณคณาจารย์ภาควิชาวิศวกรรมอุตสาหกรรม คณะ
วิศวกรรมศาสตร์ทุกท่านที่ประสิทธิ์ประสาทวิชาความรู้ด้านวิศวกรรมอุตสาหกรรมให้แก่ข้าพเจ้า
ซึ่งเป็นประโยชน์อย่างมากกับตัวของข้าพเจ้า ขอกราบพระคุณ รองศาสตราจารย์อนันต์ มุ่งวัฒนา
ประธานกรรมการที่ปรึกษา อาจารย์วิสุทธิ สุพิทักษ์ กรรมการที่ปรึกษา ที่สละเวลาให้คำปรึกษา
แนะนำและช่วยเหลือในการทำวิทยานิพนธ์ของข้าพเจ้าในครั้งนี้ให้สำเร็จลุล่วงไปด้วยดี

ขอขอบคุณคุณแม่ เพื่อน และพี่น้อง ของข้าพเจ้าที่คอยให้กำลังใจตลอดในการทำ
วิทยานิพนธ์ของข้าพเจ้า จนทำให้ข้าพเจ้าสามารถทำวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ได้สำเร็จลุล่วงด้วยดี

ออมใจ ฉลาด

พฤษภาคม 2552

สารบัญ

	หน้า
สารบัญ	(1)
สารบัญตาราง	(2)
สารบัญภาพ	(4)
คำนำ	1
วัตถุประสงค์	3
การตรวจเอกสาร	4
อุปกรณ์และวิธีการ	36
อุปกรณ์	36
วิธีการ	36
ผลและวิจารณ์	64
สรุปและข้อเสนอแนะ	89
สรุป	89
ข้อเสนอแนะ	90
เอกสารและสิ่งอ้างอิง	91
ภาคผนวก	95
ภาคผนวก ก คู่มือการใช้งานโปรแกรม	96
ภาคผนวก ข ตารางแสดงข้อมูลความกว้างและความยาวของชิ้นงานที่ใช้ ในการทดลองแต่ละการทดลอง	109
ภาคผนวก ค ตัวอย่างผลที่ได้จากการรัน โปรแกรม cuttingGA	117
ประวัติการศึกษา และการทำงาน	142

สารบัญตาราง

ตารางที่		หน้า
1	ความสัมพันธ์ระหว่าง โครงสร้างและระยะห่าง Distance Structure	25
2	แสดงข้อมูลของชิ้นงานที่ต้องการทำการตัด	48
3	ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษสูญเสียที่ได้จากงานวิจัย เมื่อกำหนดค่าความน่าจะเป็นในการคลอส โอเวอร์และมิวเตชันให้มีความแตกต่างกัน	60
4	พารามิเตอร์ที่ใช้ในการแก้ปัญหาการตัดแบบสองมิติโดยใช้ วิธีการทางพันธุกรรม	66
5	ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากการทดลองที่ 1 โดยใช้แผ่นวัสดุคิบขนาด 500 ม.ม. 1000 ม.ม.	69
6	ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากการทดลองที่ 2 โดยใช้แผ่นวัสดุคิบขนาด 500 ม.ม. 1000 ม.ม.	71
7	ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากการทดลองที่ 3 โดยใช้แผ่นวัสดุคิบขนาด 500 ม.ม. 1000 ม.ม.	74
8	ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานจากการทดลองที่ 1 โดยใช้แผ่นวัสดุคิบขนาด 500 ม.ม. 1000 ม.ม.	76
9	ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานจากการทดลองที่ 2 โดยใช้แผ่นวัสดุคิบขนาด 500 ม.ม. 1000 ม.ม.	79
10	ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานจากการทดลองที่ 3 โดยใช้แผ่นวัสดุคิบขนาด 500 ม.ม. 1000 ม.ม.	81
11	ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัย จากการทดลองที่ 1, 2 และ 3 โดยใช้แผ่นวัสดุคิบขนาด 500 ม.ม. 1000 ม.ม.	84
12	ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัย จากการทดลองที่ 1, 2 และ 3 โดยใช้แผ่นวัสดุคิบขนาด 500 ม.ม. 1000 ม.ม.	86

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางผนวกที่		หน้า
ข1	ตารางแสดงความกว้าง, ความยาวและจำนวนของชิ้นงานที่ใช้ในการทดลองที่ 1 กรณีที่แผ่นวัสดุคิบมีขนาด 500 ม.ม.× 1000 ม.ม. ในการสู่ม้ำครั้งที่ 1	110
ข2	ตารางแสดงความกว้าง, ความยาวและจำนวนของชิ้นงานที่ใช้ในการทดลองที่ 1 กรณีที่แผ่นวัสดุคิบมีขนาด 500 ม.ม.× 1000 ม.ม. ในการสู่ม้ำครั้งที่ 2	112
ข3	ตารางแสดงความกว้าง, ความยาวและจำนวนของชิ้นงานที่ใช้ในการทดลองที่ 1 กรณีที่แผ่นวัสดุคิบมีขนาด 500 ม.ม.× 1000 ม.ม. ในการสู่ม้ำครั้งที่ 3	114

สารบัญภาพ

ภาพที่		หน้า
1	แสดงรูปแบบการวางชิ้นผ้าเพื่อนำไปตัด	5
2	แสดงการตัดชิ้นงานที่มีมิติเดียว	6
3	การตัดชิ้นงานที่มีลักษณะเป็น 2 มิติและเป็นสี่เหลี่ยมมุมฉาก	6
4	การตัดชิ้นงานที่มีลักษณะเป็น 2 มิติและมีรูปร่างไม่แน่นอน	7
5	การตัดชิ้นงานแบบกิโลติน	8
6	ระบบของวิธีการทางพันธุกรรมกับวิธีการ LDA	15
7	โครงสร้างการทำงานของวิธีการทางพันธุกรรม	17
8	ตัวอย่างโครโมโซมในการจัดรหัสแบบ Binary	18
9	ตัวอย่างโครโมโซมในการจัดรหัสแบบ Permutation	18
10	ตัวอย่างโครโมโซมในการจัดรหัสแบบ Value	19
11	ตัวอย่างของโครโมโซมในการจัดรหัสแบบ Tree	19
12	แสดงลักษณะรูปแบบของวงล้อเสี่ยงทาย	20
13	ขั้นตอนการเลือกสรรประชากรแบบ Roulette wheel	21
14	ขั้นตอนการเลือกสรรประชากรแบบ Stochastic universal sampling	22
15	ย่านในแบบ Linear ลักษณะ Full ring และ Half ring	23
16	ย่านในแบบ Two-dimensional ลักษณะ Full cross และ Half cross	24
17	ย่านในแบบ Two-dimensional ลักษณะ Full star และ Half star	24
18	การคลอสโอเวอร์แบบจุดเดียว	26
19	การคลอสโอเวอร์แบบหลายจุดที่ใช้จุดตัด 3 จุด	27
20	การคลอสโอเวอร์แบบ Uniform	28
21	การมิวเตชันแบบกลับบิต	29
22	การมิวเตชันแบบแลกเปลี่ยนข้อมูล	29
23	การมิวเตชันแบบ Inversion	30
24	การมิวเตชันแบบ Insertion	31
25	การมิวเตชันแบบ Displacement Mutation	31

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
26	การมีวเต้ชั้นแบบ Boundary	32
27	การมีวเต้ชั้นแบบ Uniform random	32
28	แสดงสมมติฐานของปัญหาการตัดและการบรรจุวัสดุประเภท 2/V/D/R	38
29	รูปแบบการตัดชิ้นงานตามแนวอนด้วยเครื่องตัดแบบกิโยติน	39
30	รูปแบบการตัดชิ้นงานตามแนวตั้งด้วยเครื่องตัดแบบกิโยติน	40
31	แสดงรูปแบบการแทนโครโมโซมที่ใช้การจัดรหัสแบบ value	43
32	รูปแสดงตำแหน่งพิกัดที่(0,0) และลักษณะการจัดวางแบบลงล่างชิดซ้าย	44
33	แผนผังการไหลของโปรแกรมในขั้นตอนเริ่มต้นของการวางรูปแบบการตัดแบบกิโยติน	45
34	แผนผังการไหลของโปรแกรมในขั้นตอนเบื้องต้นของการจัดเรียงชิ้นงานตามรูปแบบการตัดแบบกิโยติน	47
35	แสดงรูปแบบการจัดวางชิ้นงานลงบนแผ่นวัสดุคิบ 6 X 8	49
36	การจัดวางรูปแบบการตัดชิ้นงานแบบกิโยตินตั้งตรงและแผนภูมิต้นไม้	50
37	แสดงการคัดเลือกประชากรต้นกำเนิดด้วยการใช้วิธีการ roulette wheel	53
38	แสดงตัวอย่างการคลอสโอเวอร์แบบจุดเดียว	56
39	ผังการไหลของกระบวนการทางพันธุกรรม	63
40	ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 1	70
41	ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียโดยใช้วิธีการของ Mann-Whitney ในการทดลองที่ 1	70
42	ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 2	72
43	ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียโดยใช้วิธีการของ Mann-Whitney ในการทดลองที่ 2	73

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
44	ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 3	75
45	ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียโดยใช้วิธีการของ Mann-Whitney ในการทดลองที่ 3	75
46	ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานจากการทดลองที่ 1 โดยใช้แผ่นวัสดุคืบขนาด 500 มม. 1000 มม.	77
47	ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของเวลาในการดำเนินงาน โดยใช้วิธีการของ Mann-Whitney ในการทดลองที่ 1	78
48	ค่าเฉลี่ยของที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 2	80
49	ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของเวลาในการดำเนินงาน โดยใช้วิธีการของ Mann-Whitney ในการทดลองที่ 2	80
50	ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 3	82
51	ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของเวลาในการดำเนินงาน โดยใช้วิธีการของ Mann-Whitney ในการทดลองที่ 3	83
52	เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัย ในการทดลองที่ 1, 2 และ 3	85
53	ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียโดยใช้วิธีการของ Kruskal-Wallis ในการทดลองที่ 1, 2 และ 3	85
54	เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของเวลาที่ได้จากงานวิจัย ในการทดลองที่ 1, 2 และ 3	87
55	ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงาน โดยใช้วิธีการของ Kruskal-Wallis ในการทดลองที่ 1, 2 และ 3	88

ระบบสนับสนุนการตัดสินใจด้วยการใช้วิธีการทางพันธุกรรมสำหรับการตัดแบ่งแบบ 2 มิติที่ใช้เครื่องตัดแบบกิโยติน

Genetic Algorithm Based Decision Support System for Two Dimensional Cutting Stock Problem Using Guillotine Cutting Machine

คำนำ

ปัญหาการตัดวัสดุ (Cutting Stock Problem) คือปัญหาของการตัดชิ้นงานจากวัสดุให้ได้ตามรูปแบบหรือขนาดต่างๆที่ต้องการ โดยมีข้อจำกัดที่แตกต่างกันออกไปตามลักษณะของวิธีการในการตัด ปัญหาการตัดวัสดุที่มีวัตถุประสงค์เพื่อต้องการตัดชิ้นงานสองมิติด้วยเครื่องตัดแบบกิโยติน (Guillotine Cutting Machine) พบได้ในอุตสาหกรรมจำนวนมาก อาทิเช่น อุตสาหกรรมการผลิตกระดาษ เหล็ก กระดาษ พลาสติก เป็นต้น ปัญหาในการตัดเป็นปัญหาสำคัญในอุตสาหกรรมเนื่องจากในการวางแผนที่ดี ทำให้ลดจำนวนวัตถุดิบที่ใช้ในการตัด จึงเป็นการลดต้นทุนค่าใช้จ่ายเนื่องจากในปัจจุบันวัตถุดิบประเภทต่างๆ มีแนวโน้มที่จะมีราคาเพิ่มสูงขึ้นเรื่อยๆ ดังนั้น วัตถุประสงค์ที่สำคัญของการตัดคือ

1. เพื่อที่จะสามารถตัดวัสดุให้ได้จำนวนชิ้นงานตามที่ต้องการ
2. เพื่อให้เศษสูญเสียที่เกิดขึ้นจากการตัดวัสดุน้อยที่สุด
3. เพื่อให้เกิดมูลค่าโดยรวมของวัสดุที่ได้จากการตัดสูงที่สุด

งานวิจัยนี้มีจุดมุ่งหมายเพื่อหาวิธีการในการแก้ปัญหาการวางแผนและออกแบบการตัดวัสดุซึ่งปัญหาในการออกแบบการตัดวัสดุสำหรับงานวิจัยนี้คือ การจัดหารูปแบบในการบรรจุชิ้นงานสี่เหลี่ยมขนาดเล็กที่มีขนาดแตกต่างกันเล็กน้อย ลงบนพื้นที่สี่เหลี่ยมมุมฉากขนาดใหญ่ที่มีขนาดจำกัด เพื่อนำรูปแบบการจัดเรียงที่ได้จากการวางแผนไปตัดวัสดุให้มีขนาดเล็กลงตามที่ได้กำหนดไว้โดยใช้เครื่องตัดแบบกิโยติน โดยวัตถุประสงค์ของการออกแบบการตัดวัสดุ คือเพื่อใช้ประโยชน์จากพื้นที่สี่เหลี่ยมมุมฉากขนาดใหญ่ให้เกิดผลประโยชน์สูงสุด

จากลักษณะของปัญหาที่ได้กล่าวมา การแก้ปัญหการวางแผนและออกแบบการตัดวัสดุ ให้เป็นชิ้นงานสี่เหลี่ยมสองมิติ มีวิธีการที่พัฒนาขึ้นเพื่อหาคำตอบที่ดีที่สุดจำนวนมาก อาทิเช่น อัลกอริธึม, กราฟ AND/OR, วิธีการในการประมาณค่า และวิธีการของ Wang การตัดสินใจในการ แก้ไขปัญหาการตัดวัสดุ จะใช้เทคโนโลยีเข้ามาช่วย โดยใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์เพื่อกำหนดขนาด แผ่นงาน และชิ้นงานที่ต้องการตัด และการวางรูปแบบในการตัดแบ่งที่เหมาะสม โดยนำแนวคิด จากวิธีการทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) มาใช้ในการแก้ไขปัญหา เพื่อใช้ประโยชน์จากวัสดุ สูงสุด และเพื่อให้การตัดสินใจถูกต้องและแม่นยำ

วัตถุประสงค์

การวางรูปแบบการจัดเรียงชิ้นงานในการตัดแบ่งชิ้นงานแบบกิโยติน 2 มิติ เพื่อให้ได้รูปแบบการจัดเรียงที่ทำให้เกิดประโยชน์สูงสุด จะต้องบรรลุวัตถุประสงค์ดังต่อไปนี้

1. พัฒนาแนวคิดและวิธีการในการจัดเรียงชิ้นงานสี่เหลี่ยมมุมฉากขนาดเล็กลงบนแผ่นวัสดุคิบเพื่อลดเศษสูญเสียที่เกิดขึ้นจากการตัด
2. พัฒนาโปรแกรมคอมพิวเตอร์ เพื่อเป็นเครื่องมือช่วยในการตัดสินใจในการหารูปแบบการจัดเรียงชิ้นงานบนแผ่นวัสดุคิบ
3. เพื่อศึกษาหลักการทำงานของวิธีการทางพันธุศาสตร์ ให้เข้าใจถึงรายละเอียดต่างๆและการประยุกต์นำไปใช้งาน
4. ประเมินประสิทธิภาพของวิธีการที่พัฒนาขึ้น

ขอบเขต

1. ชิ้นงานสี่เหลี่ยมที่ต้องการตัดมีขนาดแตกต่างกันไม่เกิน 10 ขนาด
2. การออกแบบการตัดชิ้นงานใช้ในการตัดแบบกิโยติน 2 ชั้นตอนเท่านั้น
3. การตัดชิ้นงานสี่เหลี่ยมที่ใช้ในงานวิจัยเป็นการตัดชิ้นงานสี่เหลี่ยมที่มีลักษณะเป็น 2 มิติ
4. แผ่นวัสดุคิบที่ใช้ในการจัดเรียงแต่ละครั้งนั้นกำหนดให้มีเพียงขนาดเดียว

การตรวจเอกสาร

ทฤษฎี

ทฤษฎีที่เกี่ยวข้องกับงานวิจัยนี้ จะเป็นการศึกษาปัญหาเกี่ยวกับการตัดวัสดุ โดยแบ่งออกเป็น 2 ส่วนใหญ่ๆ ในส่วนแรกคือปัญหาการตัดวัสดุ กล่าวถึงลักษณะทั่วไปของปัญหาการตัดและแนวคิดในการแก้ไขปัญหา ในส่วนที่สองคือทฤษฎีวิธีการทางพันธุกรรมจะเป็นการอธิบายหลักการพื้นฐานของวิธีการทางพันธุกรรมซึ่งจะนำมาประยุกต์ใช้กับงานวิจัย

ปัญหาการตัดวัสดุ

Fan and *et al.* (1996) ปัญหาการตัดจะเป็นการตัดชิ้นงานจากวัสดุให้ได้ตามขนาดที่ต้องการ โดยเน้นให้ความสำคัญสูญเสียที่เกิดจากเศษการตัดมีค่าน้อยที่สุด ซึ่งเป็นปัญหาที่เกิดในหลายอุตสาหกรรม อาทิเช่น อุตสาหกรรมต่อเรือ, หนัง, แผ่นเหล็ก, แก้ว, พลาสติก, กระดาษ, เฟอร์นิเจอร์ และทอผ้า เป็นต้น ปัญหาในการตัดเป็นปัญหาที่สำคัญที่เกิดในอุตสาหกรรม เพราะจะส่งผลกระทบต่อกำไรของบริษัท โดยเฉพาะอย่างยิ่ง เมื่อวัตถุดิบมีมูลค่าสูงจะมีผลกระทบอย่างมาก

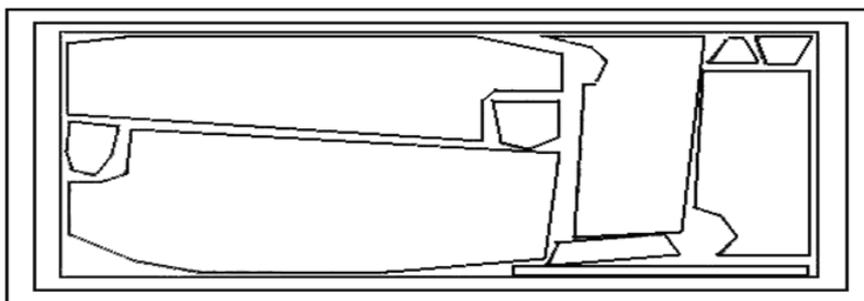
1. อุตสาหกรรมการตัดวัสดุ

เนื่องจากหลายอุตสาหกรรมการผลิตสินค้ามีการใช้การตัดวัสดุเข้ามาเกี่ยวข้อง จึงยกตัวอย่างไว้ดังนี้

1.1 อุตสาหกรรมทอผ้า มักพบในอุตสาหกรรมเสื้อผ้าสำเร็จรูป ผ้าแต่ละชิ้นจะได้รับการออกแบบในการตัด เพื่อนำมาประกอบเป็นเสื้อหรือกางเกง ดังนั้นต้องวางรูปแบบชิ้นผ้าลงบนผืนผ้า เพื่อให้เกิดเศษน้อยที่สุด ดังตัวอย่างเช่นในภาพที่ 1

1.2 อุตสาหกรรมเหล็ก การตัดเหล็กนั้นจะแบ่งออกเป็นทั้งการตัดในลักษณะที่เป็น 1 มิติและ 2 มิติ การตัดแบบ 1 มิติจะพบในการตัดเหล็กเส้นและท่อนเหล็ก ส่วนใหญ่แล้วจะเป็นอุตสาหกรรมขนาดใหญ่ เน้นการตัดที่ทำให้เกิดจำนวนของชิ้นงานมากที่สุด เพื่อให้เกิดประโยชน์

สูงสุด และในการตัดแบบ 2 มิติ จะเป็นการนำเหล็กมีว่นขนาดใหญ่มาตัดแบ่งก่อนในขั้นต้นแรก ให้เกิดแผ่นงานขนาดใหญ่ และนำแผ่นงานที่ได้นำมาตัดให้มีขนาดเล็กลงตามคำสั่งการผลิต จุดประสงค์คือ ต้องการลดเศษที่เกิดขึ้นจากตัด



ภาพที่ 1 แสดงรูปแบบการวางชิ้นผ้าเพื่อนำไปตัด

1.3 อุตสาหกรรมอะลูมิเนียม จะมีลักษณะคล้ายกับอุตสาหกรรมเหล็ก ดังเช่น ในการผลิตขอบหน้าต่าง อะลูมิเนียมจะถูกนำมาตัดให้มีขนาดพอดีกับกรอบ โดยเน้นให้เศษมีค่าน้อยที่สุด

1.4 อุตสาหกรรมไม้ ไม้เป็นวัตถุดิบที่นำไปใช้ผลิตผลิตภัณฑ์ที่หลากหลาย และเนื่องจากไม้เป็นทรัพยากรธรรมชาติที่มีอยู่อย่างจำกัด และในปัจจุบันมีราคาสูงมาก การใช้ไม้ให้เกิดประโยชน์สูงสุด จึงมุ่งประเด็นเพื่อแก้ไขปัญหาการตัด เพื่อให้เศษที่เกิดขึ้นมีน้อยมากที่สุด เพื่อจะใช้ประโยชน์จากไม้ได้มากที่สุด

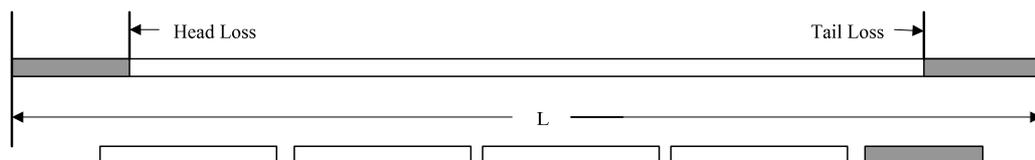
1.5 อุตสาหกรรมกระดาษ ในอุตสาหกรรมกระดาษจะเป็นการตัดแบบ 2 มิติ จะเป็นการตัดกระดาษที่ผลิตไว้เป็นม้วนนำมาตัดตามขนาดที่ลูกค้าต้องการ ซึ่งจะมีขนาดหลากหลายและแตกต่างกันไป โดยต้องการให้ค่าใช้จ่ายที่เกิดจากเศษที่เกิดขึ้นมีค่าน้อยที่สุด

2. ลักษณะของการตัดวัสดุ

การแบ่งกลุ่มตามคุณลักษณะของปัญหาด้านการตัดวัสดุสามารถแบ่งออกได้หลายประเภท ดังยกตัวอย่างได้ดังนี้

2.1 แบ่งตามรูปร่าง

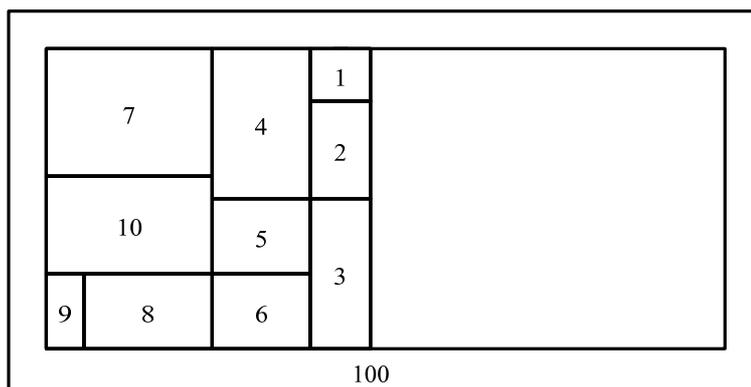
2.1.1 มิติเดียว (One-dimensional) เป็นการตัดชิ้นงานที่มีมิติเดียว โดยตัดตามความยาว ดังเช่น การตัดแท่งเหล็ก ท่อ เหล็กเส้น หรืออลูมิเนียม เป็นต้น



ภาพที่ 2 แสดงการตัดชิ้นงานที่มีมิติเดียว

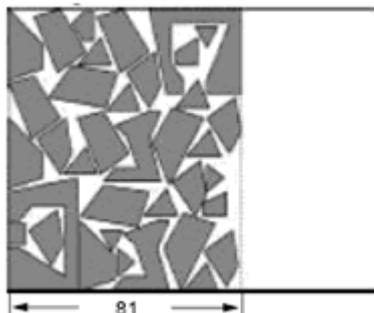
2.1.2 สองมิติ (Two-dimensional) เป็นการตัดชิ้นส่วนที่มีขนาด 2 มิติ โดยแบ่งเป็นด้านความยาวและด้านความกว้าง โดยทั่วไปจะมีลักษณะเป็นแผ่น ดังเช่น การตัดผ้า แผ่นเหล็ก กระดาษ หรือแก้ว เป็นต้น การตัดแบ่งแบบ 2 มิติจะสามารถแบ่งลักษณะของชิ้นงานได้เป็น 2 ชนิดคือ

2.1.2.1 การตัดที่มีรูปแบบชิ้นงานเป็นสี่เหลี่ยมมุมฉาก (Rectangular pattern)



ภาพที่ 3 การตัดชิ้นงานที่มีลักษณะเป็น 2 มิติและเป็นสี่เหลี่ยมมุมฉาก

2.1.2.2 การตัดที่มีรูปแบบชิ้นงานที่มีรูปร่างไม่แน่นอน (Free Pattern) ในกรณีนี้ไม่ค่อยมีการศึกษามากนัก



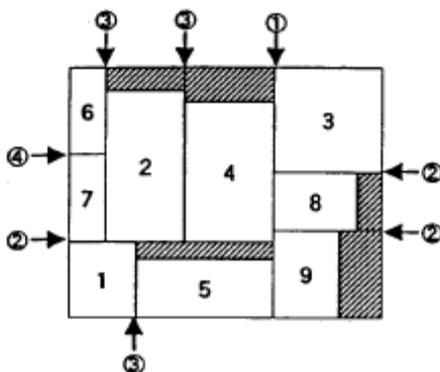
ภาพที่ 4 การตัดชิ้นงานที่มีลักษณะเป็น 2 มิติและมีรูปร่างไม่แน่นอน

2.1.3 สามมิติ (Two-dimensional) เป็นการตัดชิ้นส่วนที่มีขนาด 3 มิติ เป็นรูปแบบของการตัดหรือการบรรจุวัสดุที่มีรูปร่างเป็นสี่เหลี่ยมลูกบาศก์ขนาดต่างๆ ลงในภาชนะรูปสี่เหลี่ยมลูกบาศก์เช่นเดียวกัน เช่น การตัดแท่งโลหะ แท่งไม้ พลาสติกแท่ง การบรรจุกล่อง การบรรจุตู้สินค้า เป็นต้น

2.1.4 มากกว่าสามมิติ (N-dimensional with $N > 3$) ซึ่งเป็นรูปแบบของการตัดหรือการบรรจุให้อยู่ในรูปแบบของสมการทางคณิตศาสตร์ที่มีตัวแปรมากกว่าสามตัวแปร

2.2 แบ่งตามวิธีในการตัด

2.2.1 การตัดแบบกิโยติน (Guillotine cutting) การตัดแบ่งแบบกิโยตินจะเป็นการตัดแบ่งชิ้นงานโดยลักษณะการตัดเป็นแบบขอบถึงขอบ ในการตัดแต่ละครั้งแผ่นงานขนาดใหญ่จะถูกแบ่งออกเป็น 2 ส่วน โดยทั่วไปถ้าเป็นการตัดในปัญหาแบบ 2 มิติจะเป็นการตัดชิ้นงานที่มีพื้นที่เป็นสี่เหลี่ยม



ภาพที่ 5 การตัดชิ้นงานแบบกิโลติน

2.2.2 การตัดแบบนอนกิโลติน (Non-Guillotine cutting) การตัดแบบนอนกิโลติน เป็นการตัดแบ่งชิ้นงานที่มีวิธีการคล้ายการใช้กรรไกรตัดผ้า ในการตัดแบบ 2 มิติชิ้นงานจะมีลักษณะเป็นสี่เหลี่ยมมุมฉากหรือมีรูปร่างที่ไม่แน่นอนก็ได้

3. โครงสร้างของการแก้ไขปัญหาด้านการตัด มีพื้นฐานที่จำเป็นดังนี้

3.1 ข้อมูลของแผ่นงานขนาดใหญ่ที่จะทำการตัด ต้องกำหนดรูปร่างและขนาด ซึ่งอาจจะมีลักษณะเป็น 1 มิติ หรือ 2 มิติ

3.2 ข้อมูลของชิ้นงานที่ต้องการ ซึ่งจะต้องตัดให้ได้ขนาดและจำนวนชิ้นงานตามความต้องการของลูกค้า

3.3 การวางแผนการเรียงชิ้นงานบนแผ่นงานขนาดใหญ่ ในกรณี 1 มิติ หรือ 2 มิติ เพื่อทำการตัด จะคำนึงถึงเศษสูญเสีย (Trim Loss) เป็นหลัก

4. เทคนิคที่นำมาใช้ในการคำนวณการวางแผนการตัด โดยทั่วไป จะแบ่งได้ดังนี้

4.1 ใช้สมองมนุษย์ วิธีการนี้เป็นวิธีพื้นฐานที่มีการใช้ในอุตสาหกรรมโดยทั่วไป แต่มีข้อเสียคือ ใช้เวลาค่อนข้างนาน และมีข้อจำกัดอยู่หลายด้าน คือ จำนวนชิ้นงานที่ทำการตัดต้องมี

จำนวนไม่มาก และชิ้นงานต้องมีขนาดไม่หลากหลายมากนัก เพราะหาปัญหาที่มีความซับซ้อนมาก การใช้สมองมนุษย์เช่นวิธีการวาดด้วยมือ คำตอบที่ได้มาอาจไม่ใช่คำตอบที่ดีที่สุด

4.2 ใช้ระบบสนับสนุน วิธีการนี้จะนำวิธีการฮิวริสติกมาแก้ไขปัญหาการจัดเรียงชิ้นงานบนแผ่นงานขนาดใหญ่เพื่อทำการตัด อาทิเช่น AND-OR Graph, $O(M^3)$, Approximation, tree search, Wrang Algorithm, Linear Programming และ Branch-and-Bound เป็นต้น แต่วิธีการเหล่านี้ค่อนข้างมีการคำนวณที่ซับซ้อนและใช้เวลาคำนวณค่อนข้างมาก ดังนั้นเราจะนำซอฟต์แวร์ทางคอมพิวเตอร์มาใช้ในการค้นหาการจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่นงานขนาดใหญ่ก่อนนำไปตัด ซึ่งจะทำให้เวลาคำนวณลดลง แม่นยำ และน่าเชื่อถือได้

Deckhoff (1981) ทำการศึกษาและรวบรวมปัญหาการตัดและการบรรจุวัสดุ (Cutting and Packing) และได้จัดกลุ่มประเภทของปัญหาการตัดและบรรจุวัสดุ เพื่อสร้างรูปแบบมาตรฐานของปัญหา โดยแบ่งเป็นประเภทที่ชัดเจนโดยใช้ 4 ลำดับอักษร ($\alpha/\beta/\gamma/\delta$) ที่บ่งบอกถึง จำนวนขนาดของมิติ การกำหนดชนิด ลักษณะของแผ่นวัสดุขนาดใหญ่ และลักษณะของชิ้นงานขนาดย่อย โดยมีรายละเอียดดังต่อไปนี้

ลำดับอักษรที่ 1 (α) แทนมิติ (Dimensionality)

N) ขนาดมิติ (Number of dimensions)

ลำดับอักษรที่ 2 (β) แทนการกำหนดชนิด (Kind of assignment)

B) เลือกชิ้นงานขนาดเล็กโดยกำหนดแผ่นวัสดุขนาดใหญ่ (All large objects and a selection of small items)

V) เลือกวัสดุแผ่นขนาดใหญ่โดยกำหนดชิ้นงานขนาดเล็ก (A selection of large objects and all small items)

ลำดับอักษรที่ 3 (γ) แทนลักษณะของแผ่นวัสดุขนาดใหญ่ (Assortment of large objects)

O) แผ่นวัสดุขนาดใหญ่ขนาดเดียว (One large object)

I) แผ่นวัสดุขนาดใหญ่หลายชิ้นขนาดเท่ากัน (Many identical large objects)

D) แผ่นวัสดุขนาดใหญ่หลายชิ้นขนาดแตกต่างกัน (Different large objects)

ลำดับอักษรที่ 4 (D) แทนลักษณะของชิ้นงานขนาดเล็ก (Assortment of small items)

- F) ชิ้นงานขนาดเล็กมีจำนวนน้อยขนาดและมีขนาดแตกต่างกันเล็กน้อย
(Few items of different dimensions)
- M) ชิ้นงานขนาดเล็กมีจำนวนมากขนาดและมีขนาดแตกต่างกันมาก (Many items of many different dimensions)
- R) ชิ้นงานขนาดเล็กมีจำนวนมากขนาดและมีขนาดแตกต่างกันน้อย (Many items of relatively few dimensions)
- C) ชิ้นงานขนาดเล็กมีจำนวนมากขนาดและมีขนาดเท่ากัน (Many identical items)

McHale and Shah (1999) เสนอแนวทางในการแก้ปัญหาการตัดแผ่นกระดาษให้มีขนาดเล็กลง โดยมีลักษณะเป็น 2 มิติ และการตัดเป็นแบบกิโลดิส ผู้เขียนได้ใช้โปรแกรมโปรล็อกในการแก้ไขปัญหาค่านี้ ซึ่งโปรแกรมนี้จะช่วยทำให้เวลาในการวางแผนลดลง และทำให้การสูญเสียของเศษมีค่าน้อยลง โดยโปรแกรมจะนำแผ่นชิ้นงานไปวางบนพื้นที่ที่ว่าง และจะทำวนไปเรื่อยๆ จนกระทั่งไม่มีพื้นที่ว่างเหลือพอในการวางชิ้นงาน ในการเรียงชิ้นงานจะเป็นการควบคุมจากบนลงล่าง และซ้ายไปขวา โดยนำโปรแกรมทางคอมพิวเตอร์ Visual Basic มาใช้ในส่วนของการแสดงผล

Hifi and Zissimopoulos (1996) กล่าวว่าวิธี Gilmore and Gomery เป็นวิธีการที่ดีอย่างหนึ่งที่สามารถแก้ปัญหาการตัดแบบ 2 มิติ ส่วนวิธี Herz มีประสิทธิภาพมากกว่าแต่ใช้ในกรณีที่ไม่มีการถ่วงน้ำหนัก ผู้เขียนจึงได้เสนอวิธีการใหม่ recursive ที่สามารถใช้ได้ทั้งกรณีที่ไม่ถ่วงน้ำหนัก และมีประสิทธิภาพมากกว่าวิธีการทั้งสองวิธีที่กล่าวมา ซึ่งวิธีนี้เป็นที่ดัดแปลงมาจากวิธี Gilmore and Gomery โดยใช้ dynamic programming และปัญหา knapsack แบบ 1 มิติ ในการแก้ไขปัญหาค่าตัดแบบ 2 มิติ จะเหมือนใน ปัญหา knapsack 1 มิติ โดยใช้วิธีการ Branch and Bound ในการหาคำตอบที่ดีที่สุดและนำ dynamic programming มาใช้ในการแก้ไขปัญหาค่าตัดวัสดุประสงค้งองงานวิจัยคือ ตัดชิ้นงานสี่เหลี่ยมตามขนาดที่ต้องการโดยให้เกิดเศษสูญเสียน้อยที่สุด หรือใช้ประโยชน์จากวัตถุดิบที่มีอยู่ให้เกิดกำไรมากที่สุด ซึ่งวิธี recursive นี้จะช่วยลดเวลาในการหาคำตอบ

Fan and *et al.* (1996) ได้ศึกษากรณีการตัดแบบ 2 มิติ โดยใช้เครื่องตัดแบบ กิโยติน โดยค้นหาวิธีการในการตัดแผ่นงานสี่เหลี่ยมขนาดใหญ่ ให้เป็นชิ้นงานสี่เหลี่ยมขนาดเล็ก ตามความต้องการของลูกค้า และจำนวนชิ้นงานมีขนาดเท่ากัน โดยมีวัตถุประสงค์คือ ต้องการให้ จำนวนของชิ้นงานสี่เหลี่ยมที่เกิดจากการตัดแผ่นงานมีค่ามากที่สุด (Maximize) และต้องการให้ จำนวนของเศษสูญเสียที่เกิดจากการตัดมีค่าน้อยที่สุด ซึ่งจะนำวิธีการ โปรแกรมเชิงเส้น (Integer Programming) มาใช้ในการแก้ปัญหาโดยใช้แนวคิดพื้นฐานมาจากวิธี Enumerical และได้นำวิธีการ ไปทดลองใช้ในอุตสาหกรรมขนาดเล็ก โดยเปรียบเทียบกับการใช้ layout การตัดทั่วไป ผลที่ได้คือ ทำให้ประหยัดแผ่นงานมากกว่า จากการคำนวณจะเห็นได้ว่าวิธีการนี้มีประสิทธิภาพ น่าเชื่อถือได้ และประหยัดเวลา ซึ่งเราสามารถนำไปประยุกต์ใช้กับปัญหาการบรรจุแบบ 2 มิติ หรือปัญหาการตัด แบบ 2 มิติที่ชิ้นงานสี่เหลี่ยมที่ต้องการตัดมีขนาดไม่เท่ากันได้

Parada and *et al.* ศึกษาการตัดแบบกิโยติน 2 มิติ โดยปัญหาคือการวางชิ้นงานที่จะตัดลง บนแผ่นงานอย่างไรให้ดีที่สุด ในบทความจะศึกษา 3 combinatorial และวิธีการแก้ไขปัญหแบบ ฮิวริสติก 2 วิธีการ คือวิธีการ Wrang Algorithm (WA), Modifield Wrang Algorithm (WM), Additive And/Or Method (AAO), Simulation Annealing (SA) และ Evolutionary Algorithm (GAO) โดยวิธีการเหล่านี้จะนำไปทดสอบบนเครื่อง Silicon Graphic Machine โดยประสิทธิภาพของแต่ละ วิธีการ จะคิดอยู่ในรูปของเปอร์เซ็นต์ของเสีย และเวลาในการทำงาน ในการแก้ไขปัญหในตัวอย่าง 1000 ตัวอย่าง ผลที่ได้คือ GAO และ SA เป็นวิธีที่ดีในการแก้ไขปัญห โดยใช้เวลาประมวลผลน้อย และ เปอร์เซ็นต์ของเสียมีค่าไม่เกิน 20% ส่วนวิธี WM และวิธี AAO ได้เปอร์เซ็นต์ของเสียน้อยกว่า WA ในปัญหาที่มีจำนวนเงื่อนไขน้อย และในวิธี GAO และ SA จะใช้ได้ดีในปัญหาที่มีความ ซับซ้อน เมื่อทำการเปรียบเทียบ GAO และ SA เวลาในการประมวลผลของ GAO ดีกว่า และ เปอร์เซ็นต์ของเสียมีค่าน้อยกว่า

Puchinger and *et al.* นำเสนอวิธีการในการแก้ไขปัญหในการวางแผนการตัดแบบ 2 มิติ ของแผ่นแก้ว ซึ่งจะได้รับ การตัดให้เป็นชิ้นงานขนาดเล็กตามความต้องการของลูกค้า เป้าหมายคือ ให้ความสูญเสียที่เกิดขึ้นน้อยที่สุด การตัดจะเป็นแบบกิโยติน 3 ขั้นตอน (tree-staged guillotine cutting) ผู้เขียนจะนำเสนอวิธีการ First Fit Heuristic (FFFWS), two branch-and-bound (B&B) และ วิธี evolutionary (EA) เมื่อทำการเปรียบเทียบกัน ในทั้ง 3 วิธี โดยพิจารณาในการแก้ไขปัญหการตัด ของโรงงานกระดาษต่างๆ ไป วิธี FFFWS เป็นวิธีที่มีความเร็วและเหมาะสมในการแก้ไขปัญห ส่วน วิธี EA ใช้ได้ดีกับการทำงานที่มีขั้นตอนการทำงานจำนวนมาก และในวิธี B&B จะใช้แก้ไขปัญห

โดยให้คำตอบที่ดีที่สุดใบบางกรณีเท่านั้น ซึ่งจากการเปรียบเทียบ การใช้วิธี EA จะให้คำตอบที่น่าพอใจมากที่สุด

วิธีการทางพันธุกรรม

1. ความหมายของวิธีการทางพันธุกรรม

วิธีการทางพันธุกรรมเกิดจากคำสองคำมารวมกัน คือ พันธุศาสตร์ (Genetic) และ ขั้นตอน (Algorithm)

1.1 พันธุศาสตร์

คือ วิชาพันธุศาสตร์ ที่ว่าด้วยการศึกษากระบวนการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม จากบรรพบุรุษสู่รุ่นลูกหลาน โดยมีโครโมโซมเป็นตัวแทนในการถ่ายทอด โครโมโซมคือสายรหัสของ DNA ประกอบไปด้วยยีนซึ่งแต่ละยีนจะมีการบ่งบอกลักษณะพิเศษเอาไว้ เช่น สีตา สีผม ซึ่งโครโมโซมเหล่านี้ มีบทบาทอย่างมากในกระบวนการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจากรุ่นหนึ่ง ไปยังอีกรุ่นหนึ่ง ซึ่งจะมีปรากฏการณ์ทางธรรมชาติเกิดขึ้น ในระหว่างการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงในแต่ละรุ่น ซึ่งกระบวนการที่เกิดขึ้นการเหล่านี้ทำให้เกิดวิวัฒนาการ (Evolution) กระบวนการที่ว่านี้ ได้แก่การกลายพันธุ์ (mutation) และการข้ามสายพันธุ์ (crossover)

1.2 ขั้นตอน

คือ ชุดคำสั่งที่มีการเรียงลำดับขั้นตอนไว้อย่างดีด้วยกระบวนการทางด้านคณิตศาสตร์และทางตรรกะเพื่อแก้ปัญหาใดปัญหาหนึ่ง ซึ่ง Alan Turing (Boukreev, 2001) เป็นผู้พิสูจน์ว่าคำตอบที่ได้จากการพิสูจน์ทางคณิตศาสตร์หรือปัญหาทางตรรกะสามารถตัดสินใจได้ด้วยชุดของขั้นตอนวิธีที่ถูกต้อง ขั้นตอนและวิธีเป็นการค้นหาคำตอบที่ถูกต้องให้กับปัญหาใดๆ โดยการแบ่งย่อยปัญหานั้นออกเป็นขั้นตอนง่ายๆ นอกจากนี้ยังเป็นการใช้เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการทำงานของคอมพิวเตอร์ได้อีกด้วย เช่น ในการเขียน โปรแกรมถ้ามีการออกแบบขั้นตอนที่ดี โปรแกรมนั้นย่อมมีความถูกต้องและมีประสิทธิภาพที่ดีและมีขนาดเล็ก เป็นต้น

2. ลักษณะของวิธีการทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm)

วิธีการทางพันธุกรรม คือ วิธีแก้ปัญหาหนึ่งซึ่งใช้ในการค้นหา (Search) เพื่อให้ได้จุดที่เหมาะสมที่สุด ที่เรียกว่า Optimum point โดยได้พัฒนาและจำลองวิธีการมาจากกระบวนการทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตตามหลักทฤษฎีวิวัฒนาการ หรือทฤษฎีการอยู่รอดของสิ่งมีชีวิต โดยจะใช้หลักการของการอยู่รอดของสิ่งมีชีวิต คือ ผู้ที่มีความแข็งแกร่งกว่าย่อมมีโอกาสอยู่รอดมากกว่าผู้ที่มีความอ่อนแอ โดยผู้ที่มีความแข็งแกร่งจะได้รับการคัดเลือกเพื่อสืบพันธุ์ให้กำเนิดลูกที่มีความแข็งแกร่งต่อไป เพื่อสืบทอดคุณลักษณะและพัฒนาให้เผ่าพันธุ์มีความแข็งแกร่งหรือมีความสามารถที่จะดำรงชีวิตอยู่ภายใต้สิ่งแวดล้อมนั้น ได้ดีมากยิ่งขึ้น โดยทฤษฎีนี้เป็นของ Charles Darwin (Ono, 1999) จากหลักการนี้แสดงให้เห็นว่าโครโมโซมที่ดีจะมีโอกาสอยู่รอดได้มากกว่า โดยโครโมโซมที่อยู่รอดได้จะถ่ายทอดลักษณะที่ดีไปยังลูกหลาน

จากทฤษฎีที่ได้กล่าวมานี้ John Holland (Holland, 1992) นักวิทยาศาสตร์สาขาวิทยาการคอมพิวเตอร์ ได้ทำการคิดค้นและลอกเลียนแบบขั้นตอนทางธรรมชาติของการพัฒนาสิ่งมีชีวิตขึ้นในปี คริสต์ศักราช 1975 โดยพัฒนาขึ้นร่วมกับเพื่อนร่วมงานและนักศึกษาของมหาวิทยาลัย Michigan ประเทศสหรัฐอเมริกา โดยที่เขามีจุดมุ่งหมายเพื่ออธิบายการเปลี่ยนแปลงกระบวนการทางธรรมชาติของพันธุกรรมและเพื่อที่จะนำกลไกการเปลี่ยนแปลงเหล่านี้มาประยุกต์ใช้กับการเขียนโปรแกรมซึ่งมีความหวังว่าจะเป็นการค้นหาที่มีความสำคัญทั้งกับกลไกทางธรรมชาติของสิ่งมีชีวิต และการคิดค้นสิ่งประดิษฐ์ทางวิทยาศาสตร์ และจากการคิดค้นของ John Holland ทำให้สามารถค้นหาและแก้ปัญหาได้ในปัญหาที่ต้องการให้ได้จุดที่เหมาะสมที่สุดทั้งจุดต่ำสุด (Minimum point) หรือจุดสูงสุด (Maximum point) สำหรับหลักการของวิธีการค้นหาแบบวิธีการทางพันธุกรรมคือสิ่งมีชีวิตทั้งหมดจะมีทั้งลักษณะที่ดีและไม่ดี ซึ่งในการกำหนดว่าสิ่งมีชีวิตไหนมีลักษณะที่ดีหรือไม่ดีนั้นจะถูกกำหนดจากทฤษฎีค่าความเหมาะสม (Optimization Theory) ซึ่งสิ่งมีชีวิตที่มีลักษณะที่ดีนั้นจะได้รับการสนับสนุนให้มีการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม เพื่อให้ได้สิ่งมีชีวิตใหม่ที่ดีขึ้น ในส่วนที่มีลักษณะที่ไม่ดีจะไม่ถูกสนับสนุนหรือไม่นำมาพิจารณา ดังนั้นในหลักการทำงานของวิธีการทางพันธุกรรม จึงเป็นการนำเสนอข้อมูลในรูปแบบของโครโมโซม ซึ่งหมายความว่า คำตอบที่สามารถเป็นไปได้ทั้งหมดของปัญหาจะถูกนำมาแปลงเป็นโครโมโซม เพื่อนำโครโมโซมไปใช้ในกระบวนการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม โดยจะใช้ฟังก์ชันค่าความเหมาะสม (Fitness Function) ที่มีความสอดคล้องกับฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective Function) กำหนดให้แต่ละโครโมโซม และโครโมโซมเหล่านั้นจะถูกนำมาพิจารณาว่าโครโมโซมใดควร

นำมาสืบสายพันธุ์ต่อไปหรือโครโมโซมใดไม่ควรนำมาสืบสายพันธุ์ และจากการหาคำตอบโดยใช้โครโมโซม ในแต่ละรุ่น(Generations) จะมีการสุ่มคำตอบที่เป็นไปได้ทั้งหมดของปัญหา จึงทำให้วิธีการทางพันธุกรรมสามารถหาคำตอบที่มีค่าสูงสุดหรือต่ำสุดได้สมบูรณ์ และเหมาะสมที่สุด

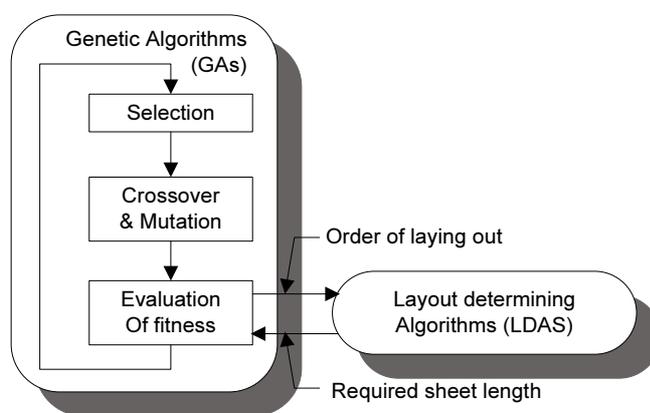
วิธีการทางพันธุกรรมเป็นวิธีการหาคำตอบที่ช่วยในการหาคำตอบของปัญหาที่มีขนาดใหญ่และซับซ้อน เนื่องจากมีคุณสมบัติการเลียนแบบการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมตามธรรมชาติ ซึ่งจะนำค่าที่เหมาะสมที่สุดจากประชากรรุ่นก่อนมาใช้พิจารณาในการหาคำตอบของประชากรรุ่นถัดไป ซึ่งมีการใช้ตัวดำเนินการ (Operator) คือ selection, crossover และ mutation เป็นตัวสุ่มในการหาคำตอบในบริเวณของปัญหาซึ่งจะช่วยให้มีความหลากหลาย (Diversity) ในการหาคำตอบทุกบริเวณของปัญหา

วิธีการหาคำตอบทางพันธุกรรมเป็นกระบวนการหนึ่ง สำหรับใช้ในการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดซึ่งมีข้อดีเมื่อเปรียบเทียบกับกระบวนการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดแบบดั้งเดิม คือ สามารถแก้ปัญหาในปริภูมิที่ไม่ต่อเนื่อง (Discontinuous search space) ได้และไม่จำเป็นต้องทราบข้อมูลเกี่ยวกับอนุพันธ์ของฟังก์ชันวัตถุประสงค์ของปัญหา แต่มีข้อเสีย คือ ต้องอาศัยการวนซ้ำคำนวณหลายๆ รอบจึงทำให้ต้องใช้เวลาในการคำนวณนาน อย่างไรก็ตามเทคโนโลยีทางด้านคอมพิวเตอร์ได้มีการพัฒนาไปอย่างรวดเร็วและต่อเนื่อง ทำให้วิธีการทางพันธุกรรมได้รับความสนใจเพิ่มมากขึ้นเป็นลำดับ ดังเห็นได้จากการนำวิธีการทางพันธุกรรมมาประยุกต์ใช้ในการแก้ปัญหาที่เหมาะสมที่สุดในงานวิจัยต่างๆ เช่น

Ono and Watanabe (1997) ได้แบ่งวิธีการตัดวัสดุออกเป็น 2 แบบ อันดับแรกเป็นการหาค่าที่ดีที่สุดในการตัดแบบ 1 มิติ ในที่นี้จะยกตัวอย่างในอุตสาหกรรมเหล็กแท่ง โดยเหล็กแท่งที่ต้องการตัดจะมีความยาวหลากหลายตามความต้องการของลูกค้า มีวัตถุประสงค์คือ ความยาวของเศษรวมทั้งหมดจะต้องมีค่าน้อยที่สุดเพื่อให้ความสูญเสียที่เกิดขึ้นน้อยที่สุด และจำนวนของเหล็กแท่งที่ตัดเสร็จจะต้องเท่ากับจำนวนของเหล็กแท่งที่ลูกค้าต้องการ โดยใช้วิธีการทางพันธุกรรมในการแก้ไขปัญหา ซึ่งจากการทำการจำลองสถานการณ์ พบว่าวิธีการทางพันธุกรรมให้ค่าดีกว่า Neural network และวิธีการตัดวัสดุแบบที่สองคือการตัดชิ้นงานแบบ 2 มิติจากแผ่นงานขนาดใหญ่ ซึ่งปัญหาจะมีข้อกำหนด 2 ลักษณะ คือ ชิ้นงานมีรูปแบบเป็นสี่เหลี่ยมมุมฉาก และชิ้นงานมีรูปแบบไม่แน่นอน วัตถุประสงค์ของปัญหาการตัดแบบสองมิติ คือ วางชิ้นงานลงบนแผ่นงานโดยไม่มีการทับซ้อนกันและเพื่อให้ความยาวของแผ่นงานมีค่าน้อยที่สุด โดยใช้วิธีการทางพันธุกรรม

และ LDA (Layout Determine Algorithm) ในการแก้ไขปัญหาคือ วิธีการพันธุกรรมจะใช้ในการตัดสินใจเพื่อเรียงลำดับชิ้นงาน และ LDA จะกำหนดตำแหน่งของชิ้นงานทั้งหมดโดยไม่มีทับซ้อนกัน ซึ่งจะทำให้การศึกษาในกรณีที่ชิ้นงานมีรูปแบบเป็นหลายเหลี่ยมด้านไม่เท่าและขยายต่อไปยังชิ้นงานที่มีรูปแบบไม่แน่นอน ผลจากการคำนวณได้ข้อสรุปว่าความยาวของแผ่นงานมีค่าลดลง

Ono (1999) ทำการศึกษาหาค่าที่ดีที่สุดในการตัดแบบกิโลติน 2 มิติ ในกระบวนการตัดแผ่นงานขนาดใหญ่ เราจะต้องรู้จำนวนของชิ้นงานสี่เหลี่ยมที่มีขนาดหลากหลาย และนำชิ้นงานเหล่านั้นเรียงบนแผ่นงานโดยเครื่องตัดแบบกิโลตินสามารรถตัดได้ และทำให้เกิดเศษสูญเสียน้อยที่สุด รวมทั้งต้องได้รับผลประโยชน์สูงสุด การจัดเรียงจะแบบเป็นแนวตั้งและแนวนอน โดยเรียงชิ้นงานทั้งหมดลงบนแผ่นงานไปเรื่อยๆจนกระทั่งชิ้นงานทั้งหมดเรียงอยู่บนแผ่นงาน การจัดเรียงชิ้นงานเราจะใช้วิธีการ Layout Algorithm และจากวิธีการทางพันธุกรรม โดยชิ้นงานจะถูกจัดเรียงด้วยข้อกำหนดที่ว่าความยาวของแผ่นงานจะมีค่าน้อยที่สุดเท่าที่จะเป็นไปได้ จากการรวมกันของ 2 กระบวนการ ดังภาพที่ 6 สรุปได้ว่าวิธีการในการแก้ไขปัญหานี้จะให้ค่าที่เหมาะสมที่สุด



ภาพที่ 6 ระบบของวิธีการทางพันธุกรรมกับวิธีการ LDA

Rahmani and Ono (1996) ได้พัฒนาวิธีการเพื่อแก้ไขปัญหาคัดแบบ 2 มิติ โดยมีพื้นฐานมาจากวิธีการทางพันธุกรรม ปัญหาการตัดแบบ 2 มิติ โดยทั่วไป จะเป็นปัญหาในการตัดแผ่นงานสี่เหลี่ยมขนาดใหญ่ให้มีขนาดสี่เหลี่ยมเล็กๆ และต้องการให้ได้ผลรวมชิ้นงานในการตัดมีค่ามากที่สุด การตัดแบบกิโลตินจะพบได้บ่อยในอุตสาหกรรมการตัดกระดาษและแผ่นกระจก ในงานวิจัยนี้ผู้เขียนจะใช้โปรแกรมทางคอมพิวเตอร์ภาษาซี ในการกำหนดรหัสเพื่ออธิบายวิธีการทาง

พันธุกรรม ซึ่งจะเป็นการง่ายในการแก้ไขปัญหาเกี่ยวกับการตัดแบบ 2 มิติทั่วไป และการใช้วิธีการทางพันธุกรรมจะพบว่าทำให้เกิดผลลัพธ์ที่ดีกว่า

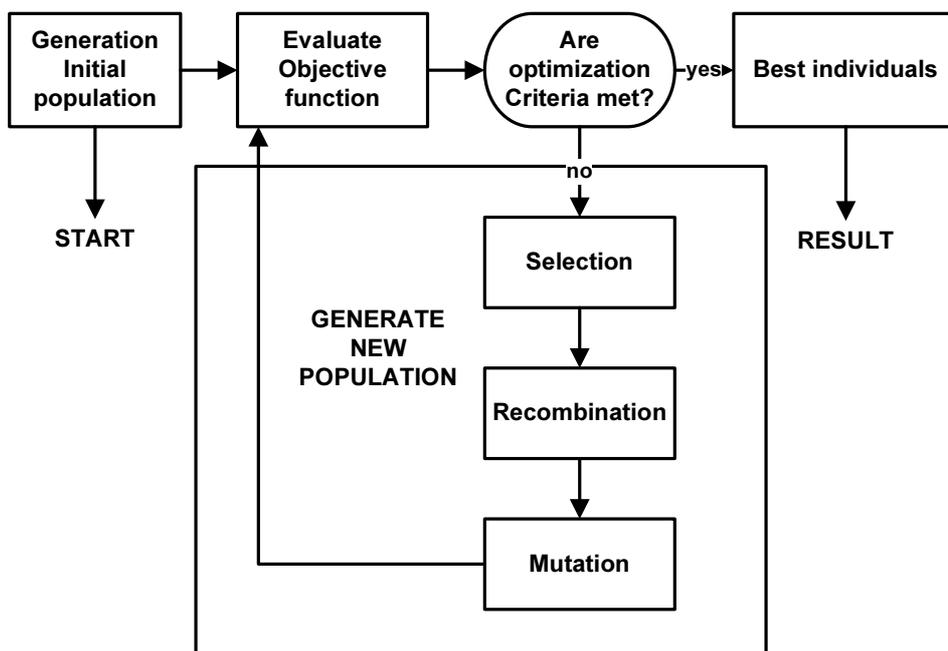
3. ทฤษฎีพื้นฐานของวิธีการทางพันธุกรรม

เมื่อนำแนวคิดทางพันธุกรรมมาประยุกต์ใช้ในการแก้ปัญหาค่าเหมาะสมที่สุด (Optimization problem) ที่จุดเริ่มต้นของกระบวนการ ขั้นตอนแรกคือ การสุ่มสร้างประชากรขึ้นในชุดแรก จากนั้นคำนวณค่าความแข็งแรง (Fitness) ของประชากรแต่ละตัวโดยใช้ฟังก์ชันวัตถุประสงค์เพื่อหาค่าความแข็งแรงในแต่ละประชากร ซึ่งฟังก์ชันวัตถุประสงค์ จะเปรียบเสมือนกับดัชนีที่ใช้บ่งชี้ถึงความสามารถในการดำรงชีวิตอยู่ภายใต้สิ่งแวดล้อม จากนั้นทำการเลือกสรร (Selection) ประชากรที่มีความแข็งแรงเพื่อนำมาให้กำเนิดประชากรรุ่นถัดไป

การให้กำเนิดประชากรรุ่นใหม่ในกลุ่มจะเกิดจากการแลกเปลี่ยนข้อมูลระหว่างรุ่นพ่อแม่ที่ได้รับการเลือกสรรมาแล้ว โดยอาศัยสมมุติฐานที่ว่า เมื่อนำข้อมูลจากรุ่นพ่อแม่ที่มีความแข็งแรงมาผสมกันแล้วย่อมมีโอกาสที่จะได้รุ่นลูกที่มีความแข็งแรงยิ่งขึ้น ซึ่งคล้ายกับการแลกเปลี่ยนรหัสทางพันธุกรรมของยีน (Gene) ของสิ่งมีชีวิตในธรรมชาติ และนำประชากรนั้นผ่านกระบวนการกลายพันธุ์ โดยการกลายพันธุ์นั้นมีโอกาสเกิดขึ้นต่ำ จากนั้นนำประชากรรุ่นใหม่ที่เกิดขึ้นไปแทนที่ประชากรเดิมบางตัวหรือทุกตัวในกลุ่ม แล้วทำการตรวจสอบเงื่อนไขในการหาค่าเหมาะสมที่สุด ถ้ายังไม่สอดคล้อง ก็ทำขั้นตอนเหล่านี้ซ้ำไปเรื่อยๆจนกระทั่งได้ผลลัพธ์ที่เป็นค่าเหมาะสมที่สุด ขั้นตอนการคำนวณสามารถแสดงได้ดังภาพที่ 7

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถเขียนในรูปชุดคำสั่งเทียมได้ดังนี้

- 1) สร้างประชากรรุ่นแรกโดยการสุ่ม
- 2) วัดค่าความเหมาะสมของโครโมโซมแต่ละตัวในประชากรที่เพิ่งถูกสร้าง
- 3) สร้างประชากรรุ่นใหม่โดยการเลือกโครโมโซมที่ดีมาทำการข้ามสายพันธุ์ (crossover), กลายพันธุ์ (mutation) หรือ สืบพันธุ์ (recombination)
- 4) ทำซ้ำขั้นตอนที่ 2 และ 3 จนกระทั่งพบคำตอบที่ต้องการหรือถึงรุ่นการวิวัฒนาการที่กำหนด



ภาพที่ 7 โครงสร้างการทำงานของวิธีการทางพันธุกรรม

เมื่อพิจารณากระบวนการคิดของวิธีการทางพันธุกรรม พบว่ามีความแตกต่างจากวิธีการคำนวณหาค่าเหมาะสมที่สุดในแบบดั้งเดิม ดังนี้

- 1) วิธีการทางพันธุกรรมจะคำนวณข้อมูลหลายๆ จุดพร้อมกัน ในขณะที่วิธีดั้งเดิมจะคำนวณทีละจุด
- 2) วิธีการทางพันธุกรรมไม่ต้องการทราบข้อมูลของค่าอนุพันธ์ของฟังก์ชันจุดประสงค์ สมการเงื่อนไข และอสมการเงื่อนไข
- 3) วิธีการทางพันธุกรรมใช้หลักการของความน่าจะเป็นเข้าช่วยในการแก้ปัญหา

4. องค์ประกอบของวิธีการทางพันธุกรรม

องค์ประกอบของวิธีการทางพันธุกรรม ที่ใช้ในขั้นตอนการคำนวณของวิธีการทางพันธุกรรม สามารถอธิบายได้ดังต่อไปนี้

4.1 การเข้ารหัส (Encoding)

รูปแบบโครโมโซม คือปัญหาแรกที่จะเริ่มแก้ไขในขั้นตอนการคำนวณวิธีการทางพันธุกรรม โดยโครโมโซมจะแสดงถึงข้อมูลเกี่ยวกับคำตอบในการแก้ไขปัญหา จึงจำเป็นต้องมีการ

จัดรหัสของประชากรเพื่อแปลงชุดคำตอบให้อยู่ในรูปของโครโมโซม รูปแบบของโครโมโซมนั้นสามารถที่จะทำได้ในหลายรูปแบบซึ่งแล้วแต่ความเหมาะสมของปัญหา โดยทั่วไปแล้วการจัดรหัสจะเป็นแบบไบนารี (Binary Encoding) และมีอีกหลายทางในการจัดรหัส ดังนี้

4.1.1 การจัดรหัสแบบ Binary (Binary Encoding)

การจัดรหัสแบบ Binary ได้รับความนิยมใช้มากที่สุด เพราะวิธีการนี้ไม่มีความซับซ้อนมากนัก โดยโครโมโซมจะแสดงโดยเป็นสายสตริง (String) ที่ประกอบด้วยบิต 0 หรือ 1 ปัญหาที่ใช้การจัดรหัสแบบ Binary ได้แก่ ปัญหาการจัดเรียง (knapsack)

Chromosome A	101100101100101011100101
Chromosome B	111111100000110000011111

ภาพที่ 8 ตัวอย่างโครโมโซมในการจัดรหัสแบบ Binary

4.1.2 การจัดรหัสแบบ Permutation (Permutation Encoding)

การจัดรหัสแบบ Permutation เป็นการจัดรหัสที่ใช้ในปัญหาการจัดเรียงลำดับ โดยทุกตำแหน่งของยีนบนโครโมโซมจะเป็นค่าของจำนวนนับที่แทนตำแหน่งในลำดับ ปัญหาที่ใช้ในการจัดรหัสแบบ Permutation ได้แก่ ปัญหาการขายคนส่ง (Traveling salesman) และปัญหาการเรียงลำดับความสำคัญ (Task ordering)

Chromosome A	1 5 3 2 6 4 7 9 8
Chromosome B	8 5 6 7 2 3 1 4 9

ภาพที่ 9 ตัวอย่างโครโมโซมในการจัดรหัสแบบ Permutation

4.1.3 การจัดรหัสแบบ Value (Value Encoding)

การจัดรหัสแบบ Value เป็นการจัดรหัสที่ใช้ได้ในปัญหาที่มีความซับซ้อน

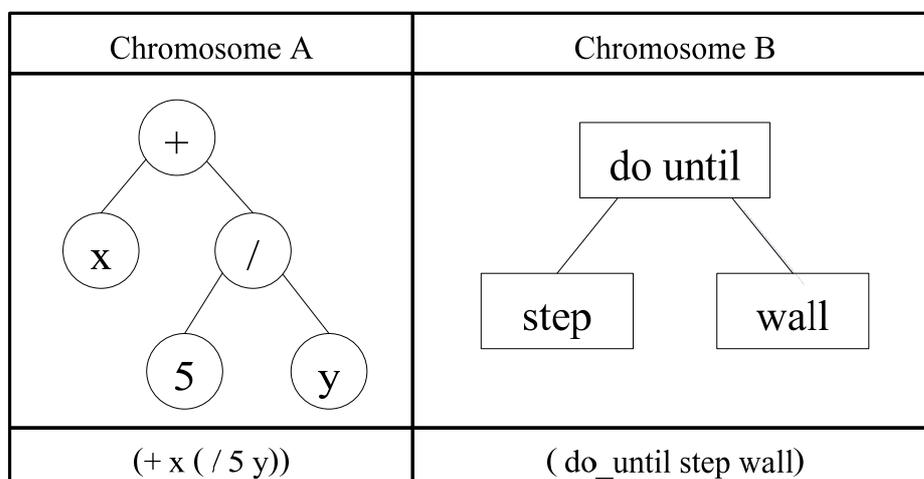
มากขึ้น ทุกตำแหน่งของยีนของโครโมโซมจะมีค่าบางค่าซึ่งสามารถเชื่อมโยงกับปัญหาได้ เช่น ตัวอักษร, จำนวนจริง, คำสั่ง หรืออื่นๆ รูปแบบโครโมโซมแบบนี้สามารถใช้ได้กับปัญหาที่ค่อนข้างซับซ้อน

Chromosome A	1.2324 5.3243 0.4556 2.3293 2.4545
Chromosome B	ABDJEIFJDHDIERJFDLDFLFEGT
Chromosome C	(back), (back), (right), (forward), (left)

ภาพที่ 10 ตัวอย่างโครโมโซมในการจัดรหัสแบบ Value

4.1.4 Tree Encoding

การจัดรหัสแบบ Tree ถูกนำมาใช้ในแก้ปัญหาสำหรับการพัฒนาโปรแกรม (Genetic Programming) เช่น ภาษา LISP โดยโครโมโซมจะแสดงเป็นลักษณะของรากต้นไม้



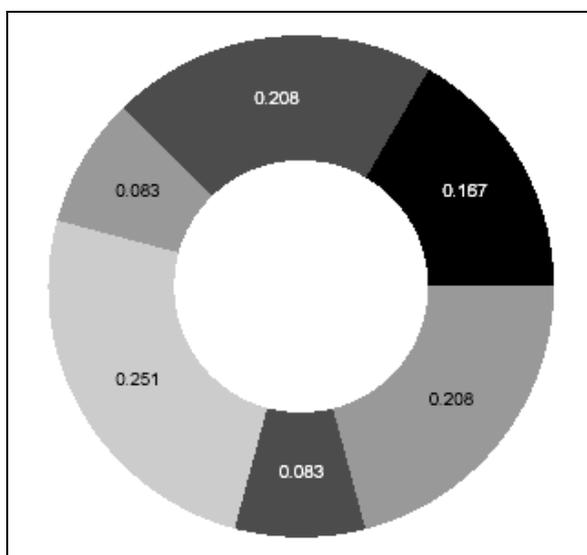
ภาพที่ 11 ตัวอย่างของโครโมโซมในการจัดรหัสแบบ Tree

4.2 การเลือกสรร (Selection)

การเลือกสรร (Selection) เป็นขั้นตอนสำหรับเลือกประชากรเพื่อใช้ในการให้กำเนิดประชากรรุ่นถัดไป โดยโครโมโซมจะถูกเลือกจากประชากรเพื่อเป็นโครโมโซมพ่อแม่สำหรับการทำคลอสโอเวอร์ โดยในขั้นแรกจะต้องหาค่าความแข็งแรง (Fitness) ของประชากรแต่ละตัวในกลุ่มจากฟังก์ชันวัตถุประสงค์ จากนั้นจึงเลือกประชากรเพื่อนำมาใช้ในการกำเนิดรุ่นถัดไป โดยการเลือกสรรแต่ละวิธีจะอยู่ในหลักการที่ว่า ประชากรที่มีความแข็งแรงมากกว่า ย่อมมีโอกาสได้รับการคัดเลือกเพื่อนำไปให้กำเนิดรุ่นถัดไปมากกว่า วิธีการเลือกสรรมีหลากหลายวิธี ดังนี้

4.2.1 การเลือกสรรแบบ Roulette-wheel (Roulette-wheel selection)

การเลือกโครโมโซมพ่อแม่จะถูกเลือกโดยใช้คุณลักษณะของวงล้อเสี่ยงทาย (Roulette wheel) คือ โครโมโซมทุกตัวในประชากรจะถูกจัดวางลงใน Roulette wheel เป็นค่าสัดส่วน เมื่อเราขว้างลูกดกไปใน Roulette wheel ที่หมุนอยู่ เมื่อ Roulette wheel หยุดลง จะทำการเลือกโครโมโซมที่ถูกดกที่ปาไปนั้นปักอยู่ โดยโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่จะมีโอกาสที่ถูกเลือกมากกว่าโครโมโซมที่มีขนาดเล็ก และเห็นได้ว่าโครโมโซมที่มีค่าใหญ่มีโอกาสที่จะถูกเลือกได้ในหลายๆครั้ง แสดงให้เห็นตัวอย่าง roulette wheel ดังภาพที่ 12

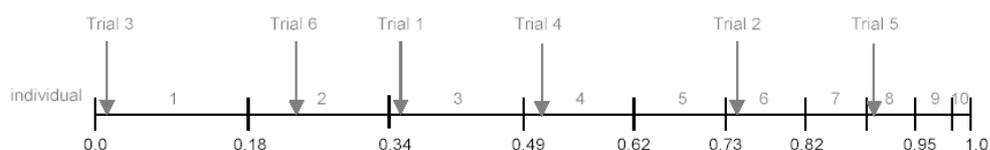


ภาพที่ 12 ลักษณะรูปแบบของวงล้อเสี่ยงทาย

การเลือกสรรแบบ Roulette-wheel เป็นกระบวนการเลือกสรรแบบการสุ่มตัวอย่างไม่ต่อเนื่อง (stochastic sampling) ซึ่งอธิบายกระบวนการอย่างง่ายได้ดังนี้

- 1) นำประชากรแต่ละตัวมาเรียงต่อกันเป็นเส้นตรงความยาวตั้งแต่ 0 ถึง 1 โดยให้ช่วงความยาวของเส้นตรงของแต่ละประชากรขึ้นกับค่าความแข็งแรง คือ หากมีความแข็งแรงมาก ก็จะมีช่วงความยาวบนเส้นตรงที่สร้างขึ้นแทนค่าของประชากรตัวนั้นยาว
- 2) สุ่มตัวเลขขึ้นมาเพื่อใช้เป็นตัวชี้ไปยังตำแหน่งบนเส้นตรง
- 3) หากตัวชี้ชี้ไปยังประชากรตัวใดแล้วก็ถือว่าประชากรตัวนั้นเป็นผู้ที่ถูกเลือกเพื่อใช้ในการให้กำเนิดรุ่นถัดไป
- 4) ทำซ้ำตั้งแต่ขั้นตอนที่ 1) ถึง 3) จนกระทั่งได้ประชากรครบตามจำนวนที่จะใช้ในการให้กำเนิดรุ่นถัดไป

การเลือกสรรประชากรวิธี Roulette-wheel selection จากการสุ่ม 6 ครั้ง สามารถแสดงได้ดังภาพที่ 13



ภาพที่ 13 ขั้นตอนการเลือกสรรประชากรแบบ Roulette wheel

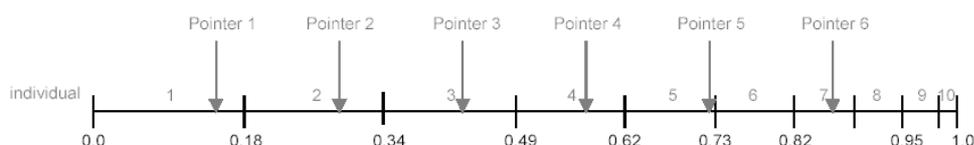
4.2.2 การเลือกสรรแบบ Stochastic universal (Stochastic universal sampling)

การเลือกสรรแบบ Stochastic universal เป็นการเลือกสรรที่มีวิธีการดำเนินการคล้ายๆ กับวิธี Roulette Wheel Selection แตกต่างกันเพียงในขั้นตอนสร้างตัวชี้ ซึ่งในวิธีนี้จะให้ระยะห่างระหว่างตัวชี้ที่ซึ่งสามารถแสดงเป็นขั้นตอนได้ดังนี้

- 1) นำประชากรแต่ละตัวมาเรียงต่อกันเป็นเส้นตรงความยาวตั้งแต่ 0 ถึง 1 โดยให้ช่วงความยาวของเส้นตรงของแต่ละประชากรขึ้นกับค่าความแข็งแรง
- 2) สร้างตัวชี้ โดยจำนวนตัวชี้จะเท่ากับจำนวนประชากรที่ต้องการใช้ในการให้กำเนิดรุ่นถัดไป และตัวชี้แต่ละตัวจะชี้ไปยังตำแหน่ง $order * N_{point} - 1$ เมื่อ N_{point} คือ จำนวนตัวชี้ ซึ่งจะเท่ากับจำนวนรุ่นพ่อแม่ที่จะใช้ในการให้กำเนิดรุ่นถัดไป และ $order$ คือ ลำดับตัวชี้ มีค่าตั้งแต่ 1 ถึง N_{point}

3) หากตัวชี้ชี้ไปยังประชากรตัวใดแล้วก็ถือว่าประชากรตัวนั้นเป็นผู้ที่ถูกเลือกเพื่อใช้ในการให้กำเนิดรุ่นถัดไป

การเลือกสรรประชากรวิธี Stochastic universal sampling จากจำนวนตัวชี้ 6 ตัว สามารถแสดงได้ดังภาพที่ 14



ภาพที่ 14 ขั้นตอนการเลือกสรรประชากรแบบ Stochastic universal sampling

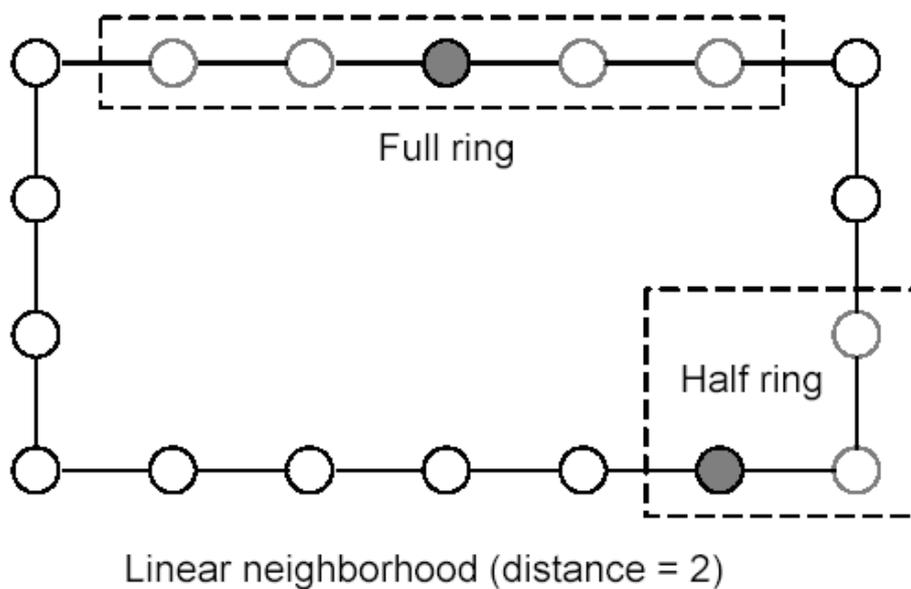
4.2.3 การเลือกสรรแบบ Local (Local selection)

การเลือกสรรแบบ Local เป็นวิธีการเลือกสรรที่จะสนใจเฉพาะประชากรที่อยู่ในย่านที่กำหนด (Neighborhood) ซึ่งมีความแตกต่างจาก 2 วิธีแรก คือใน 2 วิธีแรก ย่านที่กำหนดจะเป็นทุกประชากรในกลุ่ม โดยย่านที่กำหนดในการเลือกสรรแบบ Local นี้จะขึ้นอยู่กับโครงสร้างของประชากรแต่ละตัวที่เรียงต่อกันอยู่ และระยะห่างที่กำหนด (Distance) หรืออาจกล่าวได้ว่าย่านคือ กลุ่มย่อยของประชากรที่เราสนใจเลือก ซึ่งเหมาะกับการวิเคราะห์ปัญหาที่ต้องใช้จำนวนประชากรมากและสามารถแสดงเป็นขั้นตอนได้ดังนี้

- 1) เลือกประชากรที่อยู่ในกลุ่ม อาจใช้วิธีสุ่มโดยตรงหรือใช้วิธีการเลือกสรรแบบ Roulette-wheel selection หรือ การเลือกสรรแบบ stochastic universal sampling ก็ได้
- 2) กำหนดย่านของประชากรที่ถูกเลือกนี้ พร้อมทั้งกำหนดระยะห่างที่พิจารณา
- 3) ในย่านที่กำหนด เลือกประชากรตัวที่มีความแข็งแกร่งที่สุด เพื่อนำมาใช้ในการให้กำเนิดประชากรรุ่นถัดไป
- 4) ทำซ้ำตั้งแต่ขั้นตอนที่ 1) ถึง 3) จนกระทั่งได้ประชากรครบจำนวนที่จะใช้ในการกำเนิดรุ่นถัดไป

รูปแบบของย่านที่กำหนดจะมีรูปแบบดังนี้

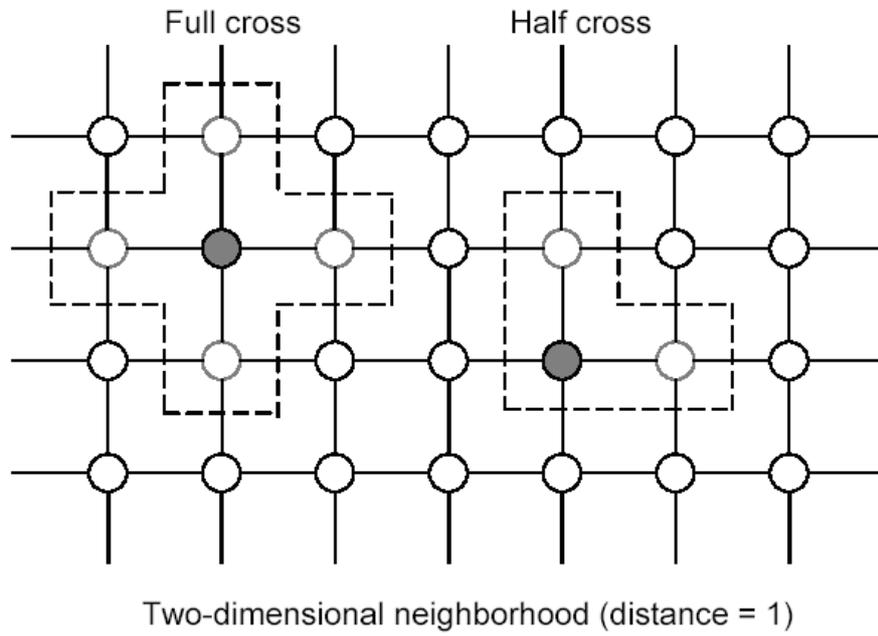
1. Linear จะแบ่งออกเป็น Full ring และ Half ring ดังภาพที่ 15



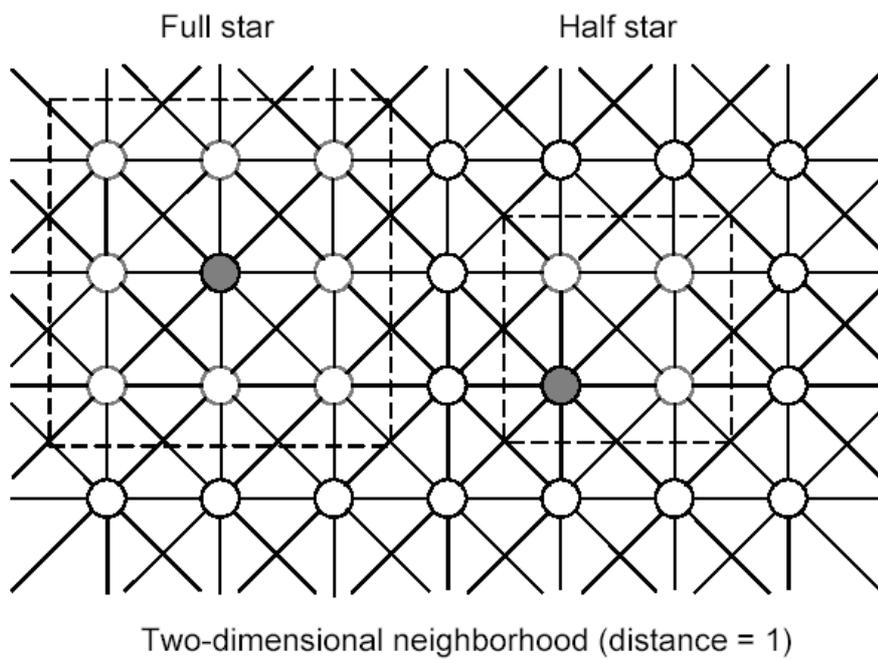
ภาพที่ 15 ย่านในแบบ Linear ลักษณะ Full ring และ Half ring

2. Two-dimensional จะแบ่งออกเป็น Full cross, Half cross, Full star และ Half star ดังภาพที่ 16 และ 17

3. Three-dimensional และวิธีอื่นๆที่มีความซับซ้อน กว่า 2 แบบข้างต้น ระยะห่าง (Distance) จะเป็นค่าที่กำหนดจำนวนประชากรในย่านซึ่งสามารถแสดงได้ดัง ตารางที่ 1



ภาพที่ 16 ย่านในแบบ Two-dimensional ลักษณะ Full cross และ Half cross



ภาพที่ 17 ย่านในแบบ Two-dimensional ลักษณะ Full star และ Half star

ตารางที่ 1 ความสัมพันธ์ระหว่างโครงสร้างและระยะห่าง Distance Structure

Structure	Distance	
	1	2
Full ring	2	4
Half ring	1	2
Full cross	4	8(12)
Half cross	2	4(5)
Full Star	8	24
Half Star	3	8

4.2.4 การเลือกสรรแบบ Truncation (Truncation selection)

Truncation selection เป็นวิธีคัดเลือกประชากรที่จะใช้ในการให้กำเนิดรุ่นลูก โดยการตัด ประชากรที่มีความแข็งแรงน้อยกว่า ออกไปก่อน ซึ่งประชากรที่มีความแข็งแรงเกินกว่า ค่าขีดจำกัดที่กำหนด (Threshold) เท่านั้นจึงจะมีสิทธิในการได้รับเลือกให้กำเนิดรุ่นลูกต่อไป

4.2.5 การเลือกสรรแบบ Tournament (Tournament selection)

Tournament selection เป็นการคัดเลือกประชากร โดยจัดกลุ่มย่อยแบบสุ่ม ให้กับประชากร และประชากรที่มีความแข็งแรงที่สุดในกลุ่มย่อยก็จะได้เป็นผู้ที่ถูกเลือกให้กำเนิดรุ่นลูกต่อไป

4.2.6 การเลือกสรรแบบ Rank (Rank selection)

การเลือกแบบ Roulette wheel มีปัญหาคือเมื่อมีความแตกต่างกันอย่างมาก ระหว่างโครโมโซม ตัวอย่างเช่น เมื่อโครโมโซมที่เหมาะสมมีค่า 90% ของโครโมโซมทั้งหมด ทำให้โครโมโซมอื่นๆ มีโอกาสที่ถูกเลือกเพียงเล็กน้อยเท่านั้น ในการเลือกแบบ Rank จะเรียงลำดับโครโมโซมก่อนโดยทุกๆ โครโมโซมมีโอกาที่จะถูกเลือกเท่าๆ กัน อย่างไรก็ตามวิธีนี้จะทำให้หาคำตอบได้ช้า เพราะโครโมโซมที่ดีที่สุดมักไม่แตกต่างจากโครโมโซมอื่นๆ

4.2.7 การเลือกแบบ Steady-stage (Steady-stage selection)

หลักสำคัญของการเลือกประชากรใหม่คือ ชิ้นส่วนโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่ จะรอดชีวิตต่อไปเรื่อยๆ ไป โดยในทุกรุ่นโครโมโซมที่ดีจะถูกเลือกเพื่อสร้างเป็นโครโมโซมลูก และโครโมโซมที่ไม่ดีจะถูกขจัดออกและ โครโมโซมลูกจะถูกแทนที่เป็นโครโมโซมพ่อแม่ในรุ่นต่อไป โดยประชากรที่เหลือจะมีชีวิตสืบต่อไป

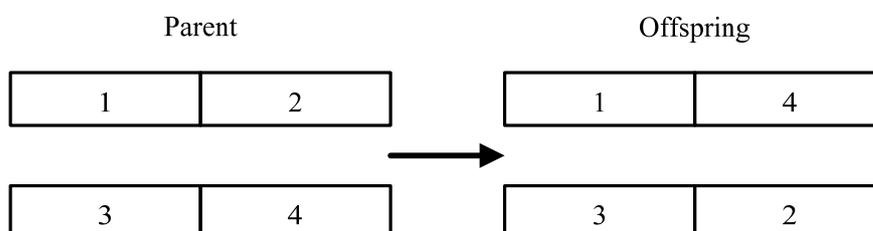
4.3 การแลกเปลี่ยนข้อมูล (Recombination/Crossover)

ในการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตเกิดขึ้นเมื่อมีการแบ่งตัวของเซลล์สิ่งมีชีวิต โดยอาศัยวิธีการจับคู่และจำลองโครโมโซมของทั้งพ่อและแม่เพื่อให้ได้โครโมโซมใหม่ โดยโครโมโซมจะมีโอกาสแลกเปลี่ยนบางส่วนซึ่งกันและกัน ทำให้เกิดวิธีการที่เรียกว่า คลอสโอเวอร์ ซึ่งจะทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงลักษณะของยีน ทำให้สิ่งมีชีวิตลูกที่เกิดขึ้นมีความหลากหลายมากขึ้นและอยู่รอดอย่างเหมาะสมกับสภาพแวดล้อม

การแลกเปลี่ยนข้อมูลหรือคลอสโอเวอร์ (Crossover) เป็นขั้นตอนที่ใช้สร้างประชากรรุ่นใหม่ โดยอาศัยการแลกเปลี่ยนข้อมูลระหว่างประชากรต้นกำเนิด (Parents) ซึ่งขั้นตอนการแลกเปลี่ยนข้อมูล สามารถแบ่งออกได้หลายแบบ ดังนี้

4.3.1 การคลอสโอเวอร์แบบจุดเดียว (Single-point crossover)

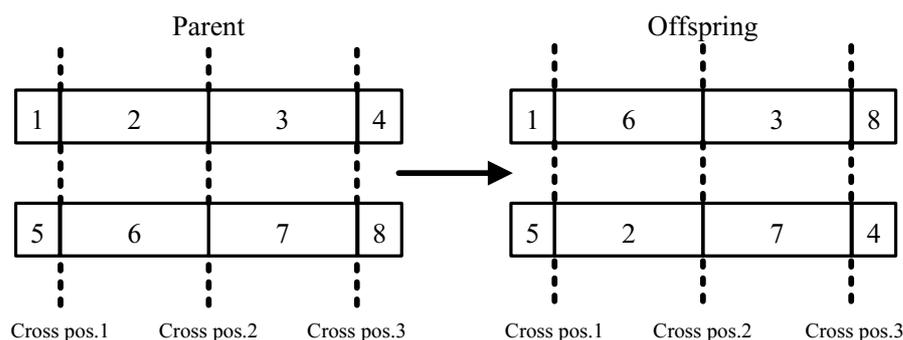
กระบวนการคลอสโอเวอร์แบบจุดเดียว จะเริ่มต้นกระบวนการจากการสุ่มตัวเลขที่ใช้แทนจุดตัดในการแลกเปลี่ยนข้อมูลจากผู้ให้กำเนิดมาซึ่งรุ่นลูก โดยจะเลือกมาเพียงจุดเดียวเท่านั้น สามารถแสดงได้ดังภาพที่ 18



ภาพที่ 18 การคลอสโอเวอร์แบบจุดเดียว

4.3.2 การคลอสโอเวอร์แบบหลายจุด (Multi-point crossover)

การคลอสโอเวอร์แบบหลายจุด เป็นกระบวนการที่คล้ายกับวิธีการคลอสโอเวอร์แบบจุดเดียว โดยแตกต่างกันที่ ในวิธีนี้จะสุ่มตัวเลขเพื่อใช้เป็นจุดตัดข้อมูลจากผู้ให้กำเนิดมาซึ่งรุ่นลูกจำนวนหลายจุด ซึ่งสามารถแสดงได้ดังภาพที่ 19



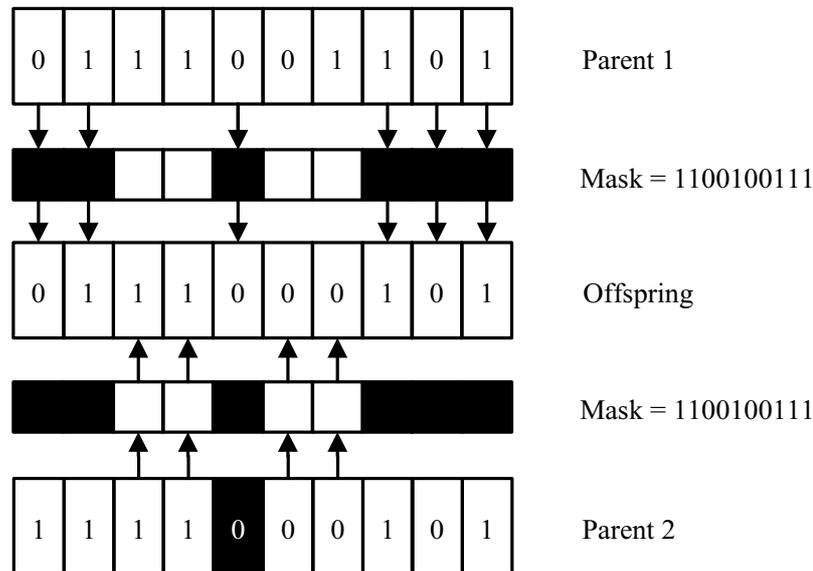
ภาพที่ 19 การคลอสโอเวอร์แบบหลายจุดที่ใช้จุดตัด 3 จุด

4.3.3 การคลอสโอเวอร์แบบ Uniform (Uniform crossover)

การคลอสโอเวอร์แบบ Uniform เป็นวิธีการคลอสโอเวอร์ ที่ไม่กำหนดจำนวนจุดตัดที่ใช้เป็นจุดตัดข้อมูลของผู้ให้กำเนิด แต่จะเลือกมาร์ค (Mask) เพื่อคัดลอกข้อมูล โดยในการเลือกมาร์คที่ใช้ในการแลกเปลี่ยนข้อมูลจากประชากรพ่อแม่จะกระทำโดยการสุ่ม และทำการคัดลอกข้อมูลมาจากประชากรพ่อและประชากรแม่ แสดงได้ดังภาพที่ 20

4.3.4 การคลอสโอเวอร์แบบ Shuffle (Shuffle crossover)

Shuffle crossover เป็นวิธีที่คล้ายกับการ Crossover ที่กล่าวมาแล้วข้างต้น แต่แตกต่างกันที่ก่อนการนำข้อมูลของผู้ให้กำเนิดมาแลกเปลี่ยนกันเพื่อให้กำเนิดรุ่นลูก จะต้องสลับตำแหน่งบิตก่อนการแลกเปลี่ยนข้อมูล เพื่อลดผลของความสำคัญของลำดับข้อมูล เมื่อแลกเปลี่ยนข้อมูลเสร็จแล้วก็จะจัดลำดับบิตตามเดิม



ภาพที่ 20 การคลอสโอเวอร์แบบ Uniform

4.4 การกลายพันธุ์หรือการผ่าเหล่า (Mutation)

การผ่าเหล่า คือ การเปลี่ยนแปลงลักษณะของยีนต่างๆ ไปจากเดิมที่ควรจะเป็นไปตามลักษณะของการถ่ายทอด ซึ่งเป็นสาเหตุทำให้เกิดลักษณะแปลกๆ ของสิ่งมีชีวิต การผ่าเหล่านั้นทุกลักษณะในแต่ละยีนย่อมมีโอกาสที่จะเกิดการเปลี่ยนแปลงได้พอกัน และถ้าเหมาะสมกับสภาพแวดล้อมก็จะอยู่รอดต่อไป ส่วนถ้าไม่เหมาะสมก็จะไม่ถูกคัดเลือกและหายไป

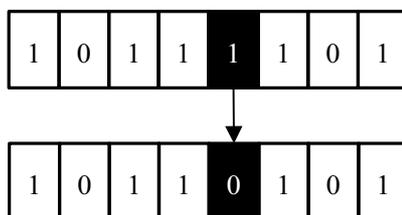
ขั้นตอนนี้จะเปรียบเหมือนการผ่าเหล่าของสิ่งมีชีวิตที่เกิดขึ้นในธรรมชาติ ซึ่งกระบวนการนี้จะใช้กับประชากรที่เกิดขึ้นใหม่เท่านั้น ถ้าหากเปรียบเทียบกับ การแก้ปัญหาการหาค่าเหมาะสมที่สุด ขั้นตอนนี้เป็นขั้นตอนที่จะทำให้มีโอกาสที่ผลตอบจะเข้าสู่จุดคำตอบในช่วงอื่นๆ ที่มีค่าดีกว่าเพราะปัญหาในบางครั้งอาจจะมีจุดคำตอบหลายจุดก็ได้ (Sub-optimum) กระบวนการนี้สามารถแบ่งออกได้ดังนี้

4.4.1 การมิวเตชันแบบ Flip bit (Flip bit mutation)

เป็นการกลับค่าของยีนที่ถูกเลือก จาก 0 เป็น 1 หรือจาก 1 เป็น 0 การมิวเตชัน แบบ Flip bit นี้จะใช้ในรูปแบบการแทน โครโมโซมที่ยีนมีค่าเป็น ไบนารี

ตัวอย่าง: $1011101 \rightarrow 1011001$

เกิดการผ่าเหล่าที่บิตที่ 5



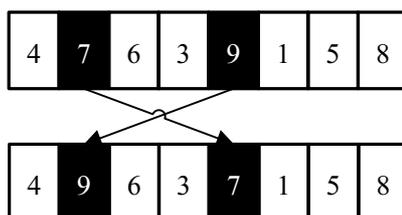
ภาพที่ 21 การมิวเตชันแบบ Flip bit

4.4.2 การมิวเตชันแบบ Reciprocal exchange (Reciprocal exchange mutation or swap bits)

เป็นการสลับค่าระหว่าง 2 บิต ที่ถูกเลือกมาอย่างสุ่ม โดยการมิวเตชันแบบ Reciprocal exchange นี้ใช้สำหรับการแทนรูปแบบโครโมโซมที่ยีนที่มีค่าเป็นจำนวนเต็ม และ เลขทศนิยม

ตัวอย่าง: $47639158 \rightarrow 49637158$

เกิดการผ่าเหล่าที่บิตที่ 2 และ 5



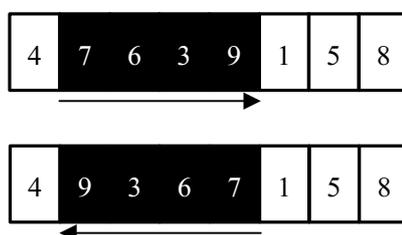
ภาพที่ 22 การมิวเตชันแบบ Reciprocal exchange

4.4.3 การ mutation แบบ Inversion (Inversion mutation)

ทำการเลือกจุดตัด 2 จุด และทำการกลับค่าบิต ระหว่างจุดตัดทั้งสองจุด การมิวเตชันแบบ Inversion นี้ใช้สำหรับรูปแบบการแทนโครโมโซมที่ยีน มีค่าเป็น ไบนารี, จำนวนเต็ม และ เลขทศนิยม

ตัวอย่าง: $4\ 7\ 6\ 3\ 9\ 1\ 5\ 8 \rightarrow 4\ 9\ 3\ 6\ 7\ 1\ 5\ 8$

เกิดการผ่าเหล่าที่บิตที่ 2,3,4 และ 5



ภาพที่ 23 การมิวเตชันแบบ Inversion

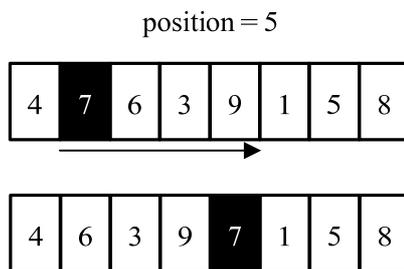
4.4.4 การมิวเตชัน แบบ Insertion (Insertion Mutation)

ทำการสุ่มเลือกยีนและสุ่มเลือกตำแหน่งในการจัดวาง แล้วนำยีนที่สุ่มมานั้นไปแทรกในตำแหน่งที่เลือกไว้ การมิวเตชันแบบ Insertion นี้ใช้สำหรับรูปแบบการแทนโครโมโซมที่ยีนมีค่าเป็น ไบนารี, จำนวนเต็ม และ เลขทศนิยม

ตัวอย่าง: ยีน $\rightarrow 7$

ตำแหน่ง $\rightarrow 5$

$4\ 7\ 6\ 3\ 9\ 1\ 5\ 8 \rightarrow 4\ 6\ 3\ 9\ 7\ 1\ 5\ 8$

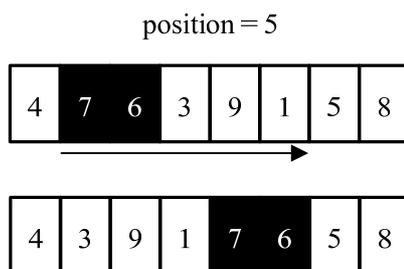


ภาพที่ 24 การมิวเตชันแบบ Insertion

4.4.5 การมิวเตชันแบบ Displacement (Displacement Mutation)

ทำการเลือกยีนขึ้นมาหนึ่งชุด (เป็นยีนที่เรียงต่อกัน) เพื่อนำไปแทรกในตำแหน่งที่ทำการสุ่มไว้ การมิวเตชันแบบ Displacement นี้ใช้สำหรับรูปแบบการแทนโครโมโซมที่ยีนมีค่าเป็น ไบนารี, จำนวนเต็ม และ เลขทศนิยม

ตัวอย่าง: ยีน \rightarrow 7 6
 ตำแหน่ง \rightarrow 5
 4 7 6 3 9 1 5 8 \rightarrow 4 3 9 1 7 6 5 8



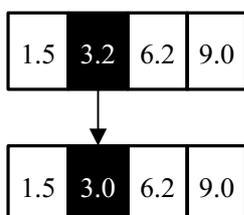
ภาพที่ 25 การมิวเตชันแบบ Displacement Mutation

4.4.6 การมิวเตชันแบบ Boundary (Boundary mutation)

เป็นการแทนค่าของยีนที่ถูกเลือก ด้วยขอบเขตบน (upper bound) หรือ ขอบเขตล่าง (lower bound) การมิวเตชันแบบ Displacement นี้ใช้สำหรับรูปแบบการแทนโครโมโซมที่ยีน มีค่าเป็นจำนวนเต็ม และเลขทศนิยม

ตัวอย่าง: ขอบเขตบนและขอบเขตล่าง คือ [3,4]
 1.5 3.2 6.2 9.0 → 1.5 3.0 6.2 9.0

เกิดการผ่าเหล่าที่บิตที่ 2



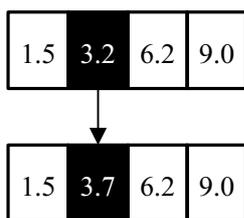
ภาพที่ 26 การมิวเตชันแบบ Boundary

4.4.7 การมิวเตชันแบบ Uniform random (Uniform random mutation)

แทนค่าอื่นที่ถูกเลือกด้วยค่าที่สุ่มขึ้นมาด้วยการสุ่มแบบ uniform โดยสุ่มค่าที่อยู่ระหว่าง ขอบเขตบนและขอบเขตล่าง การมิวเตชันแบบ Uniform random นี้ใช้สำหรับรูปแบบการแทนโครโมโซมที่ยีนมีค่าเป็นไบนารี, จำนวนเต็ม และ เลขทศนิยม

ตัวอย่าง: ขอบเขตบนและขอบเขตล่าง คือ [3,4]
 1.5 3.2 6.2 9.0 → 1.5 3.7 6.2 9.0

เกิดการผ่าเหล่าที่บิตที่ 2



ภาพที่ 27 การมิวเตชันแบบ Uniform random

4.5 การแทนที่ (Reinsertion)

ขั้นตอนนี้จะป็นขั้นตอนการแทนที่ประชากรรุ่นใหม่ที่เกิดขึ้นในประชากรเดิม ซึ่งแบ่งวิธีการแทนที่สามารถแสดงได้ดังนี้

4.5.1 Pure reinsertion คือ การแทนที่ประชากรเดิมทั้งหมดด้วยประชากรรุ่นใหม่ที่เกิดขึ้น

4.5.2 Uniform reinsertion คือ การแทนที่ประชากรเดิมบางส่วนด้วยประชากรรุ่นใหม่ที่เกิดขึ้นด้วยการสุ่ม วิธีการนี้ในบางครั้งทำให้ประชากรรุ่นเดิมที่มีความแข็งแกร่งถูกแทนที่ด้วยประชากรรุ่นใหม่ ซึ่งเป็นผลให้ข้อมูลบางส่วนหายไป(Encoding)

4.5.3 Elitist reinsertion คือ การแทนที่ประชากรเดิมบางส่วนด้วยประชากรรุ่นใหม่ที่เกิดขึ้น โดยการแทนที่จะเริ่มจากการเรียงประชากรรุ่นเดิมตามค่าความแข็งแกร่งแล้วจึงแทนประชากรรุ่นใหม่ ลงไปในตำแหน่งที่มีความแข็งแกร่งน้อยที่สุด แทนไปเรื่อยๆ จนกระทั่งประชากรรุ่นใหม่ที่สร้างขึ้นถูกแทนที่ลงไปจนหมด

4.5.4 Fitness-based reinsertion คือ การแทนที่ประชากรเดิมบางส่วนหรือทั้งหมดด้วยประชากรรุ่นใหม่ที่มีความแข็งแกร่ง นั่นคือประชากรรุ่นใหม่ที่เกิดขึ้นมีเฉพาะส่วนที่มีความแข็งแกร่งเท่านั้น จึงจะมีสิทธิเข้าแทนที่ประชากรในกลุ่มเดิม ขั้นตอนการแทนที่จะเริ่มจากการคัดเฉพาะประชากรรุ่นใหม่ที่มีความแข็งแกร่ง จากนั้นจึงนำไปแทนที่ในประชากรเดิม

งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

Sherma and *et al.* (1997) เสนอวิธีการทางพันธุกรรมในปัญหาการตัด โดยไม่มีการทับซ้อนกันของชิ้นงานบนแผ่นงานสี่เหลี่ยม วัตถุประสงค์ของงานวิจัยคือเพื่อใช้ประโยชน์จากแผ่นงานได้สูงสุด โดยวิธีการทางพันธุกรรมจะทำการค้นหาตำแหน่งของการวางชิ้นงาน ผู้เขียนจะใช้วิธีการทางพันธุกรรมสร้าง Pseudo Layout ของชิ้นงานบนแผ่นวัสดุคิบ โดยมีเงื่อนไขคือ ชิ้นงานต้องอยู่ภายในแผ่นวัสดุคิบ ชิ้นงานต้องไม่มีการทับซ้อนกัน และขนาดชิ้นงานที่ต้องการต้องเท่ากับขนาดชิ้นงานตามใบเบิกวัสดุคิบ ผู้เขียนได้นำไปทำการทดลองในอุตสาหกรรมการตัดหนัง โดยกำหนดให้ขนาดชิ้นงานแตกต่างกัน แผ่นวัสดุคิบแตกต่างกัน เมื่อทำการวัดประสิทธิภาพของการวางชิ้นงานจะมีค่าประมาณ 65-75%

Yazgac and Ozdemir (2004) ได้ศึกษาแนวคิดแบบ 2 ขั้นตอน (two-stage Algorithm) ในการพัฒนาปัญหาการจัดเรียงการตัดในอุตสาหกรรม ซึ่งประกอบไปด้วย 4 สถานี คือ NC cutting,

NC adhesive taping, NC drilling และ NC milling เนื่องจากในขั้นตอนการ ตัดวัสดุดิบเป็นระบบการผลิตแบบยืดหยุ่น ถ้าไม่มีการวางแผนที่ดีจะทำให้เกิดคอขวด ดังนั้น เราจะ แก้ไขปัญหาในขั้นตอนการตัดโดยใช้แนวคิดแบบ 2 ขั้นตอนซึ่งเป็นวิธีการที่พัฒนามาจากปัญหาการจัดเรียงการตัดในอุตสาหกรรมเฟอร์นิเจอร์ใน Istanbul ในขั้นตอนแรกจะนำรูปแบบของสมการ เชิงเส้น (Integer linear programming Model) มาใช้ในการตัดสินใจจำนวนของชิ้นงานที่ต้องการตัด โดยจะใช้ซอฟต์แวร์ทางคอมพิวเตอร์ในการออกแบบ ขั้นตอนที่ 2 จะเป็นการนำขั้นตอนการตัดที่ได้จากขั้นตอนแรกมาพิจารณาตามจำนวนการสั่งและจำนวนของสินค้าที่ต้องการ จากคำชี้แจง ของผู้เชี่ยวชาญในโรงงานเฟอร์นิเจอร์ สรุปได้ว่าเครื่องมือนี้มีประโยชน์อย่างมากต่อบริษัท

Ackerman and *et al.* (2004) ได้ทำการศึกษาตัวแปร 2 ตัวในปัญหาการแบ่งชิ้นงานสี่เหลี่ยมให้มีขนาดเล็กลง ตัวแปรแรก R คือแผ่นงานสี่เหลี่ยม ตัวแปรที่สอง RP คือการแบ่งย่อย R เป็นชิ้นงานสี่เหลี่ยมมุมฉาก โดยไม่มีการทับซ้อนกันของส่วนที่ขนานกัน และใช้ตัวแปรที่สองในการหาจำนวนการแบ่งชิ้นงาน ในขั้นแรกจะพิจารณาจุดตัวแปร Point-free ซึ่งคือการแบ่ง R เป็นชิ้นงานสี่เหลี่ยมขนาดเล็กโดยไม่มีการทับซ้อนกัน และจำนวนสี่เหลี่ยมที่แบ่งออกมามีค่าเท่ากับ n โดยผู้เขียนเสนอการทำ bijection ในการแบ่งชิ้นงาน และสลับลำดับกัน โดยวิธีเบคเตอร์ ขั้นที่สองจะดู point-constrained ผู้เขียนจะแสดงถึงการเปลี่ยนลำดับของ quasi-monotone และสลับลำดับกัน โดยใช้วิธีเบคเตอร์

Dowland (2004) ได้เสนอวิธีการทางพันธุกรรมในการแก้ไขปัญหาค่าเหมาะที่สุด ชิ้นงานแบบ 2 มิติ โดยนำวิธีทางพันธุกรรมมาปรับปรุงปัญหาค่าเหมาะที่สุดของบรรดบรรทุกให้มี ประสิทธิภาพ ซึ่งจะปรับปรุงโดยการใช้หลักการ crossover operator และปรับปรุงให้ดีขึ้นด้วยการ ใช้ mutation operator และ fitness function โดยใช้วิธี one-point crossover ซึ่งวิธีนี้จะทำให้เกิด ประสิทธิภาพ สูงสุดในปัญหาค่าเหมาะสมที่สุด แนวคิดที่นำเสนอ นั้นสามารถนำไปประยุกต์ใช้กับ ปัญหาอื่นๆ ได้ อีกมากมาย

Belov and Scheithaver (2003) ได้กล่าวไว้ว่าปัญหาในการตัดและบรรจุพบได้ทั่วไป อาทิ เช่น ด้านวิทยาศาสตร์คอมพิวเตอร์ วิศวกรรมอุตสาหกรรม ลอจิสติก และอุตสาหกรรมการผลิต เป็นต้น ซึ่งปัญหาการตัดสามารถนำมาประยุกต์ใช้กับปัญหาการบรรจุได้ ในงานวิจัยนี้ เป็น การศึกษา รูปแบบของการตัดแบบ 2 มิติ 2 ขั้นตอน (Two-stage) โดยจะตัดชิ้นงานสี่เหลี่ยมบนแผ่น งานแต่ละแผ่นให้มีจำนวนงานจากการตัดมากที่สุด และเกิดเศษสูญเสีย น้อยที่สุด โดยใช้วิธี Gilmore-Gomery

ในการแก้ปัญหาในการตัดหรือในการบรรจุ จากการทดลองตัวแบบต่างๆ ตัวแบบ ที่ไม่กำหนด
ความกว้างของชิ้นงานสี่เหลี่ยมจะมีผลที่แย่กว่าตัวแบบที่มีการกำหนดความกว้างของ ชิ้นงาน

อุปกรณ์และวิธีการ

อุปกรณ์

คอมพิวเตอร์ฮาร์ดแวร์ที่ใช้สำหรับการพัฒนาซอฟต์แวร์ มีส่วนช่วยในการแก้ไขปัญหาการตัดแบ่งชิ้นงานแบบสองมิติ และแสดงผลรูปแบบการวางชิ้นงานบนแผ่นวัสดุขนาดใหญ่ก่อนทำการตัด ซึ่งมีรายละเอียดดังต่อไปนี้

1. คอมพิวเตอร์ฮาร์ดแวร์ (Computer Hardware)
 - 1.1 หน่วยประมวลผลกลาง Pentium M
 - 1.2 หน่วยความจำ 60Mb
 - 1.3 ความจุของ HD
2. คอมพิวเตอร์ซอฟต์แวร์ (Computer Software)
 - 2.1 ภาษาที่ใช้ในการเขียนโปรแกรม คือ ภาษาจาวา
 - 2.2 ฐานข้อมูลที่ใช้ในการจัดเก็บข้อมูล คือ Microsoft Office Access 2003
 - 2.3 โปรแกรม Netbeans IDE 5.5
 - 2.4 โปรแกรมสำเร็จรูป Minitab รุ่น 15

วิธีการ

ข้อมูลที่ใช้ในการพิจารณา

1. ข้อมูลของแผ่นวัตถุดิบสี่เหลี่ยมขนาดใหญ่ ประกอบด้วย
 - 1.1 ชนิด (Raw material Type) คือ ชื่อชนิดของแผ่นวัตถุดิบที่จะทำการตัด ซึ่งชนิดของแผ่นวัตถุดิบกำหนดตามความต้องการของลูกค้า

1.2 ความหนา (Raw material Thickness) คือ ความหนาของแผ่นวัตถุดิบที่มีอยู่ในคลังสินค้า

1.3 ขนาด (Raw material Size) คือ ความกว้าง (W) และ ความยาว (L) ของแผ่นวัตถุดิบ

1.4 ข้อกำหนดของการวาง (Raw material Orientation) กำหนดการวางรูปแบบของแผ่นวัตถุดิบสี่เหลี่ยมขนาดใหญ่และชิ้นงานที่ต้องการตัด คือ ต้องมีความกว้างของแผ่นวัตถุดิบน้อยกว่าความยาวของแผ่นวัตถุดิบ หรือแผ่นวัตถุดิบนั้นมีรูปแบบการวางเป็นแนวนอน

2. ข้อมูลของชิ้นงานสี่เหลี่ยมขนาดเล็ก ประกอบด้วย

2.1 ขนาด (Order Size) คือ ความกว้าง (w) และ ความยาว (l) ของชิ้นงาน ตามความต้องการของลูกค้า

2.2 ปริมาณ (Order Quantity) คือ ปริมาณชิ้นงานที่ถูกคำสั่งต้องการในแต่ละขนาดหน่วยที่ใช้ คือจำนวนแผ่น

2.3 ข้อกำหนดของการวาง (Order Orientation) กำหนดการวางรูปแบบของชิ้นงานสี่เหลี่ยมที่ต้องการ ว่าต้องมีความกว้างของชิ้นงานน้อยกว่าความยาวชิ้นงาน หรือต้องวางชิ้นงานแนวนอนซึ่งเป็นแนวเดียวกันกับแผ่นวัตถุดิบ

ลักษณะเบื้องต้นของปัญหาในการตัดแบบกิโอติ

1. สมมติฐานเบื้องต้นของปัญหา

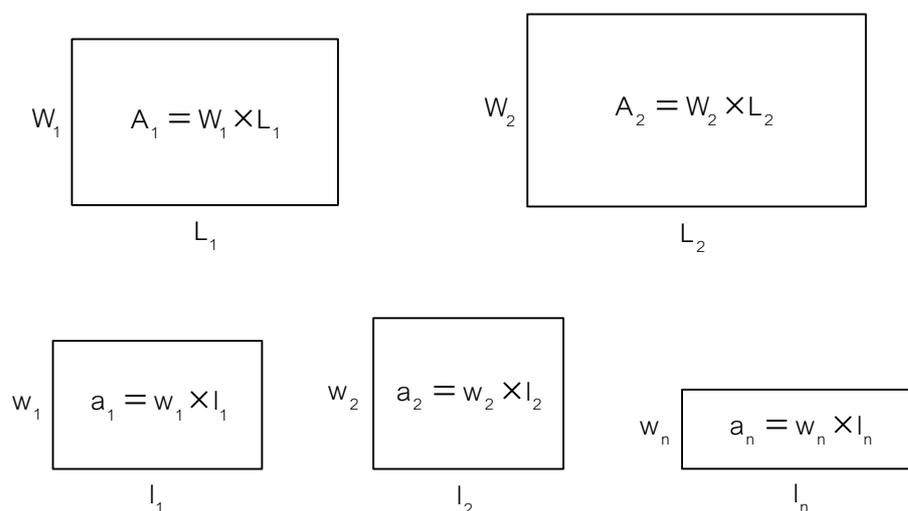
1.1 รูปแบบในการตัดเป็นการตัดแบบกิโอติสองมิติ

1.2 เลือกแผ่นวัตถุดิบขนาดใหญ่โดยกำหนดชิ้นงานขนาดเล็ก คือจัดเรียงชิ้นงานสี่เหลี่ยมขนาดเล็กวางลงบนแผ่นวัตถุดิบขนาดใหญ่ โดยไม่ทราบจำนวนแผ่นวัตถุดิบที่แน่นอน

1.3 จำนวนของแผ่นวัสดุบิสี่เหลี่ยมมุมฉากขนาดใหญ่ที่ต้องการตัดมีหลายชิ้น และมีขนาดแตกต่างกัน โดยแผ่นวัสดุนั้นมีขนาดเท่ากันทุกแผ่น

1.4 จำนวนชิ้นงานขนาดเล็กที่ต้องการเลือกตัดมีจำนวนมาก และมีขนาดแตกต่างกันเล็กน้อย

จากสมมติฐานเบื้องต้นของปัญหาที่กล่าวมา เมื่อจัดตามปัญหาการตัดและบรรจุชิ้นงานจะเป็นประเภท 2/V/D/R (Dyckhoff, 1990) ซึ่งสามารถนำมาสร้างแบบจำลองทางคณิตศาสตร์ (Mathematical Model) ได้ดังนี้

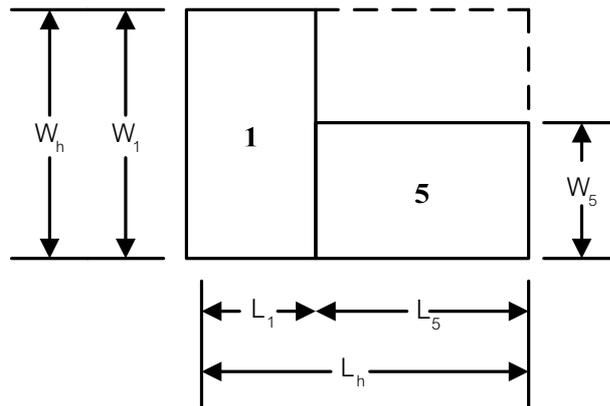


ภาพที่ 28 แสดงสมมติฐานของปัญหาการตัดและการบรรจุวัสดุประเภท 2/V/D/R

กำหนดให้	a_n	คือ พื้นที่ของชิ้นงานสี่เหลี่ยมขนาดที่ n ($w_n \times l_n$)
	A_1	คือ พื้นที่ของแผ่นวัสดุบิสี่เหลี่ยมขนาดใหญ่ตามที่ได้กำหนดไว้ ($H_1 \times W_1$)
	A_2	คือ พื้นที่ของแผ่นงานวัสดุบิสี่เหลี่ยมขนาดใหญ่แผ่นสุดท้าย ($H_2 \times W_2$)

รูปแบบการตัดแบบกิโลตินตั้งตรง

รูปแบบการตัดแบบกิโลตินตั้งตรง (Orthogonal Cutting Patterns) เป็นการตัดแบ่งวัสดุด้วยเครื่องตัดแบบกิโลติน โดยลักษณะการตัดสามารถแบ่งออกได้เป็น 2 แบบ คือ แนวนอน (Horizontal Integration of rectangles) และแนวตั้ง (Vertical integration of rectangles)



ภาพที่ 29 รูปแบบการตัดชิ้นงานตามแนวนอนด้วยเครื่องตัดแบบกิโลติน
ที่มา: Ono, 1999

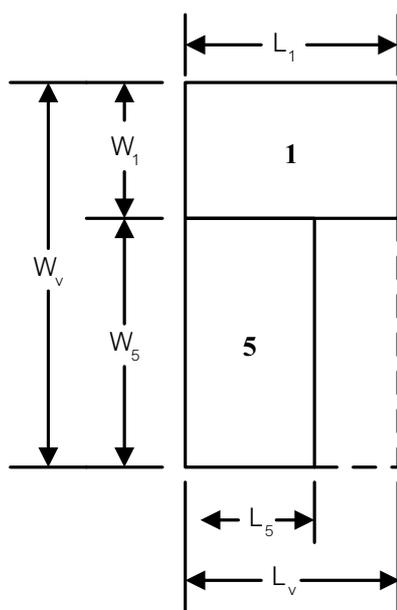
การตัดแบบกิโลตินตั้งตรงแนวนอนนั้น เป็นการตัดแบ่งชิ้นงานออกจากกันตามแนวนอน โดยสัญลักษณ์ที่ใช้แสดงการตัดคือ “H” ดังตัวอย่างเช่น สัญลักษณ์ “1 5 H” หมายถึง ชิ้นงานหมายเลข 1 และชิ้นงานหมายเลข 2 ตัดขาดออกจากกัน โดยการตัดชิ้นงานตามแนวนอนด้วยเครื่องตัดแบบกิโลติน ดังภาพที่ 29 และสามารถคำนวณความยาวและความกว้างน้อยที่สุดของชิ้นงานที่เหลือทั้งสองชิ้นงาน ได้ดังสมการดังต่อไปนี้

$$L_h = L_1 + L_5 \quad , \quad W_h = \max(W_1, W_5) \quad (1)$$

ในแนวทางเดียวกับการตัดแบ่งชิ้นงานแบบกิโลตินตั้งตรงตามแนวนอน การตัดแบบกิโลตินตั้งตรงแบบแนวตั้ง สัญลักษณ์ที่ใช้แสดงการตัดคือ “L” ตัวอย่างเช่น สัญลักษณ์ “1 5 V” หมายถึง ชิ้นงานหมายเลข 1 และชิ้นงานหมายเลข 2 ตัดขาดออกจากกัน โดยการตัดชิ้นงานตาม

แนวตั้งด้วยเครื่องตัดแบบกิโยติน ดังภาพที่ 30 และสามารถคำนวณความยาวและความกว้างน้อยที่สุดของชิ้นงานสี่เหลี่ยมทั้งสองชิ้นงาน ได้ดังสมการดังต่อไปนี้

$$L_h = \max(L_1, L_5) \quad , \quad W_h = W_1 + W_5 \quad (2)$$



ภาพที่ 30 รูปแบบการตัดชิ้นงานตามแนวตั้งด้วยเครื่องตัดแบบกิโยติน
ที่มา: (Ono, 1999)

การประยุกต์ใช้เงินเนติกอัลกอริทึม

ในหัวข้อนี้จะกล่าวถึงการสร้างกลไกการตัดสินใจในการจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่นวัสดุคืบ เพื่อให้ได้ประโยชน์สูงสุด ซึ่งในวิทยานิพนธ์ฉบับนี้จะใช้วิธีการทางพันธุกรรมเป็นกลไกการตัดสินใจ เนื่องจากในแต่ละปัญหาของการจัดเรียงจะมีรูปแบบที่ไม่แน่นอน ทำให้รูปแบบของฟังก์ชันวัตถุประสงค์เป็นฟังก์ชันที่ไม่ต่อเนื่องและไม่สามารถหาอนุพันธ์ได้ และปัญหามีลักษณะที่มีขอบเขตกว้าง ด้วยลักษณะของปัญหาจึงเหมาะสำหรับการใช้วิธีการทางพันธุกรรมมาประยุกต์ใช้ในการแก้ปัญหา

โครงสร้างพื้นฐานของวิธีการทางพันธุกรรม

1. [Start] สร้างประชากรต้นกำเนิด (Initial Population) โดยทำการสุ่มสร้างแต่ละบิตในแต่ละโครโมโซม จำนวน n โครโมโซม (โดยลักษณะของโครโมโซมต้องมีความสอดคล้องและเหมาะสมกับลักษณะของปัญหา)

2. [Fitness] ทำการคำนวณหาค่าความเหมาะสม (fitness) $f(x)$. โดยคำนวณทุกโครโมโซม x ในประชากร โดยถอดรหัสค่าตัวแปร พารามิเตอร์ต่างๆของแต่ละบิตในโครโมโซมและคำนวณค่าความเหมาะสมจากฟังก์ชันความเหมาะสมจากฟังก์ชันความเหมาะสมที่ได้กำหนดไว้

3. [New population] สร้างประชากรใหม่โดยวนซ้ำตามขั้นตอนต่อไปนี้จะกระทำสร้างประชากรใหม่เสร็จสิ้น

3.1 [Selection] ทำการสร้างชุดโครโมโซม โดยคัดเลือกโครโมโซมมาชุดหนึ่ง เพื่อนำมาเป็นโครโมโซมพ่อแม่ จากประชากร โดยใช้วิธีการคัดเลือกทางธรรมชาติ ที่พิจารณาจากค่าความเหมาะสม (ค่าความเหมาะสมที่ดี, มีโอกาสที่จะถูกเลือกมากกว่า)

3.2 [Crossover] จากค่าความน่าจะเป็นของการคลอสโอเวอร์ ถ้าเกิดการคลอสโอเวอร์ จะให้กำเนิดโครโมโซมใหม่(โครโมโซมลูก) โดยการแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซมพ่อแม่ แต่ถ้าไม่เกิดการคลอสโอเวอร์ จะทำการคัดลอกโครโมโซมมาจากโครโมโซมต้นกำเนิด(Reproduction)

3.3 [Mutation] จากค่าความน่าจะเป็นของการมิวเตชัน จะให้กำเนิดโครโมโซมใหม่จากการการกลายพันธุ์(สลับเปลี่ยนตำแหน่งในโครโมโซม)

3.4 [Accepting] วางประชากรลูกไว้ในประชากรใหม่

4. [Replace] ให้ประชากรที่ก่อกำเนิดใหม่แทนที่ประชากรเก่าเพื่อใช้ในการคำนวณค่าของกระบวนการต่อไป

5. [Test] ถ้าเงื่อนไขในการหยุดเป็นที่น่าพอใจ ทำการหยุดกระบวนการ และส่งกลับค่าคำตอบที่ดีที่สุดของประชากรปัจจุบัน

6. [Loop] วงซ้ำที่ขั้นตอนที่ 2

วิธีการทางพันธุกรรมที่ใช้เพื่อแก้ไขปัญหานั้น มีองค์ประกอบหลักจำเป็นอยู่ 5 อย่าง คือ:

- รูปแบบโครโมโซม (Genetic representation) คือรูปแบบโครโมโซมที่ใช้เพื่อใช้แสดงรายละเอียดในการแก้ไขปัญหา

- การสร้างประชากรเริ่มต้น (Initial Population) เพื่อนำเข้าไปใช้ในกระบวนการแก้ไขปัญหของกระบวนการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม

- ฟังก์ชันในการประเมินค่า (evaluation function) ใช้สำหรับวัดค่าเพื่อประเมินประสิทธิภาพของคำตอบ โดยจะเรียกว่า Fitness

- กระบวนการดำเนินการทางพันธุศาสตร์ (Genetic operator) เพื่อพัฒนาองค์ประกอบของประชากรลูก อาทิเช่น กระบวนการเลือกสรร, กระบวนการคลอสโอเวอร์, กระบวนการมิวเตชัน เป็นต้น

- ค่าพารามิเตอร์ ที่ใช้ในวิธีการทางพันธุกรรม อาทิเช่น ขนาดของประชากร(Population size), ค่าความน่าจะเป็นของการคลอสโอเวอร์(probability crossover), ค่าความน่าจะเป็นของการมิวเตชัน(probability mutation) เป็นต้น

อธิบายถึงองค์ประกอบในแต่ละส่วนได้ดังต่อไปนี้

1. รูปแบบการแทนโครโมโซม (Representation)

ในการแก้ปัญหาโดยวิธีการทางพันธุกรรมนั้น ได้กำหนดปัญหาเท่ากับโครโมโซมหนึ่งซึ่งประกอบไปด้วยยีนลักษณะต่างๆ เปรียบเหมือนกันตัวแสดงค่าคำตอบของปัญหาที่แปรผันไป

ตามการประยุกต์ใช้งานซึ่งได้แก่ ตัวแปร พารามิเตอร์ เงื่อนไขหรือข้อกำหนดต่างๆ ที่เป็นองค์ประกอบของปัญหา ดังนั้นการกำหนดรูปแบบโครโมโซมของแต่ละปัญหาโดยการแปลงตัวแปร พารามิเตอร์ เงื่อนไขหรือข้อกำหนดต่างๆ ให้อยู่ในรูปแบบของยีนบนโครโมโซม ซึ่งก็คือสายสตริง โดยประกอบไปด้วยบิต (Bit) หรืออักขระ (Character) ซึ่งลักษณะต่างๆที่เป็นไปได้ของแต่ละยีนคือค่าของบิต (bit value) หรือค่าตัวแปร พารามิเตอร์ ต่างๆที่เป็นไปได้

ในงานวิจัยนี้เราจะใช้การกำหนดรูปแบบของโครโมโซม (Chromosome representation) ด้วยการให้การแทนโครโมโซมเป็นการจัดรหัสแบบ value โดยยีนจะแสดงถึงรูปแบบของชิ้นงาน โดยความยาวสายสตริงขึ้นอยู่กับจำนวนชิ้นงานที่กำหนดโดยลูกค้า การกำหนดรูปแบบของโครโมโซมนี้ สามารถแสดงได้ดังภาพที่ 31

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	1	1	1	3	3	2	2	2	1	1	1	3	3
Row 1	Row 1	Row 2	Row 2	Row 3	Row 3	Row 4	Row 4	Row 1	Row 1	Row 1	Row 2	Row 2	Row 3
sheet 1								sheet 2					

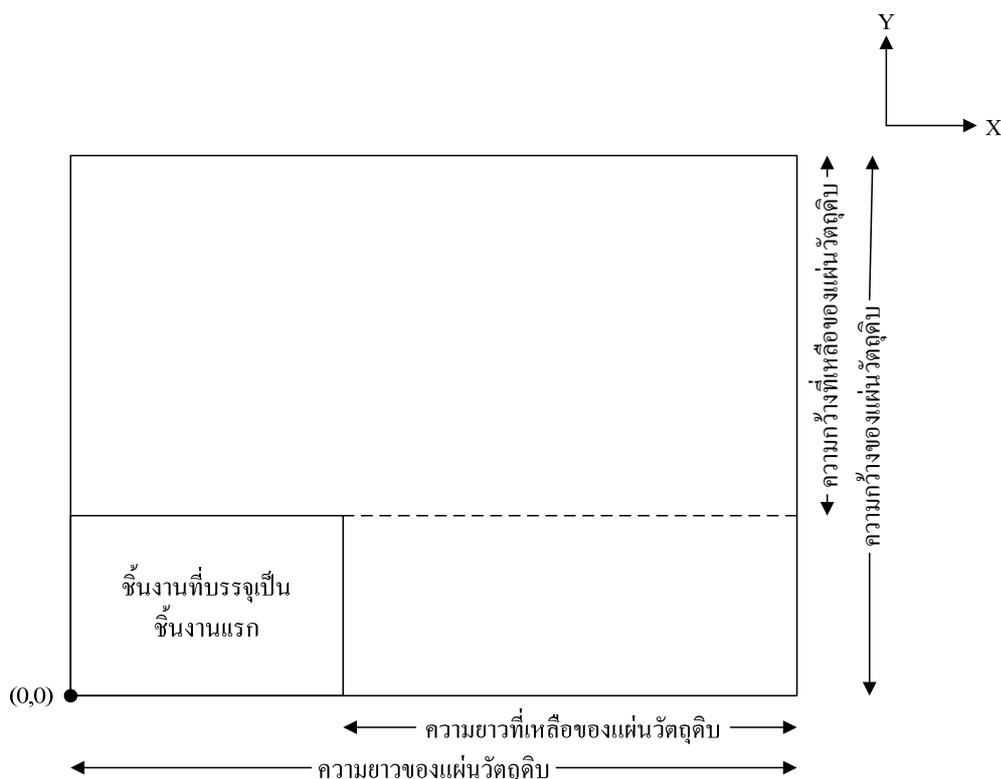
ภาพที่ 31 แสดงรูปแบบการแทนโครโมโซมที่ใช้การจัดรหัสแบบ value

2. ประชากรเริ่มต้น (Initial Population)

เป็นขั้นตอนแรกก่อนที่จะเข้ากระบวนการทางพันธุกรรม โดยส่วนมากแล้วกระบวนการสร้างประชากรเริ่มต้นสามารถทำได้ง่าย คือ เริ่มต้นสร้างประชากรโดยจำนวนประชากรมีขนาดเท่ากับขนาดของประชากรที่ได้กำหนดไว้ และในโครโมโซมแต่ละตัวนั้นจะประกอบด้วยยีนจำนวนทั้งหมดเท่ากับจำนวนชิ้นงานที่ได้รับการสั่งซื้อจากลูกค้าหรือผู้ใช้โปรแกรม โดยประชากรแต่ละตัวนั้นจะได้อมาโดยการสุ่ม ซึ่งในกระบวนการสร้างประชากรเริ่มต้นจะไม่ต้องคำนึงถึงค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม การสร้างประชากรนี้มีจุดมุ่งหมายเพื่อนำประชากรที่สร้างขึ้นไปใช้ในกระบวนการของวิธีการทางพันธุกรรมต่อไป

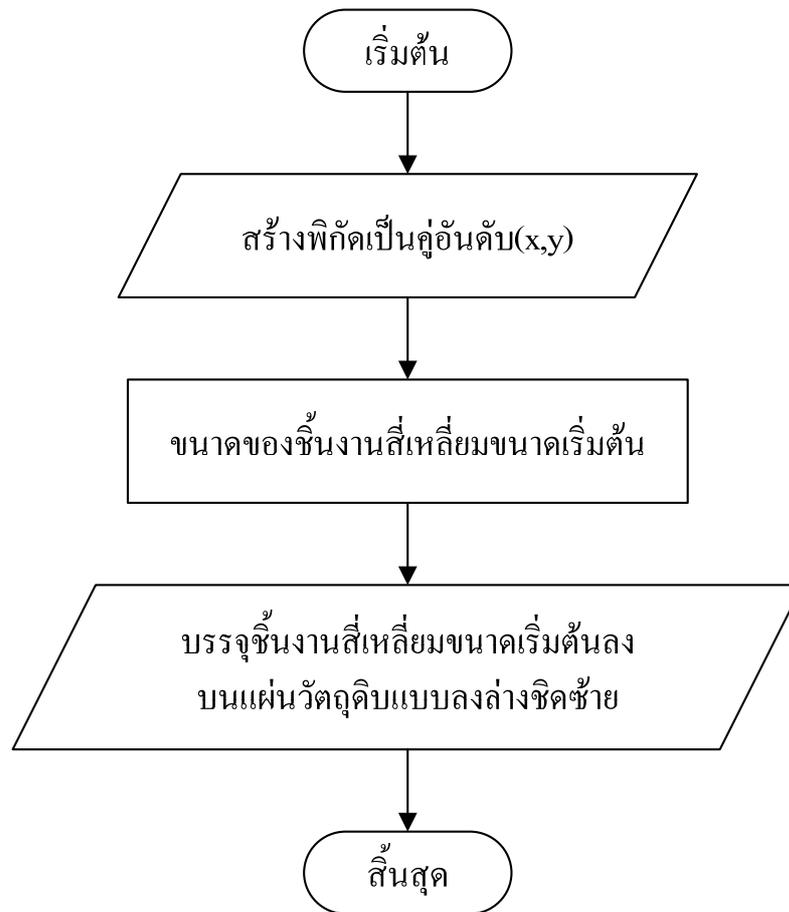
2.1 วิธีการในการจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่นวัสดุคืบ

ในขั้นตอนเริ่มต้น(Initial Stage) นั้น เราต้องกำหนดจุดพิกัดให้กับแผ่นวัสดุคืบขนาดใหญ่ การกำหนดจุดพิกัดให้กับแผ่นวัสดุคืบนั้น เป็นการกำหนดค่าคู่อันดับ X, Y เนื่องจากการตัดชิ้นงานแบบ 2 มิติ โดยจะมีจำนวนของพิกัดทั้งสิ้น $W \times L$ พิกัด (ความกว้าง \times ความยาว)



ภาพที่ 32 รูปแสดงตำแหน่งพิกัดที่ (0,0) และลักษณะการจัดวางแบบลงล่างชิดซ้าย

ในการจัดวางชิ้นงานลงบนแผ่นวัสดุคืบนั้น จะทำการจัดวางแบบลงล่างชิดซ้าย ดังนั้นการตั้งแกนเพื่อใช้ในการอ้างอิงพิกัดของการจัดเรียงชิ้นงานนั้น จะทำการทำการตั้งแกนพิกัด (0,0) ไว้ที่มุมล่างซ้ายของแผ่นวัสดุคืบ ดังภาพที่ 32 โดยการกำหนดพิกัดนี้จะใช้สำหรับคำนวณค่าและแสดงผลลัพธ์ต่อไป ในขั้นตอนเริ่มต้นของการวางรูปแบบการตัดแบบกิโอตินด้วยการจัดเรียงแบบลงล่างชิดซ้ายนั้น แสดงได้ดังภาพที่ 33



ภาพที่ 33 แผนผังการไหลของโปรแกรมในขั้นตอนเริ่มต้นของการวางรูปแบบการตัดแบบกิโลติน

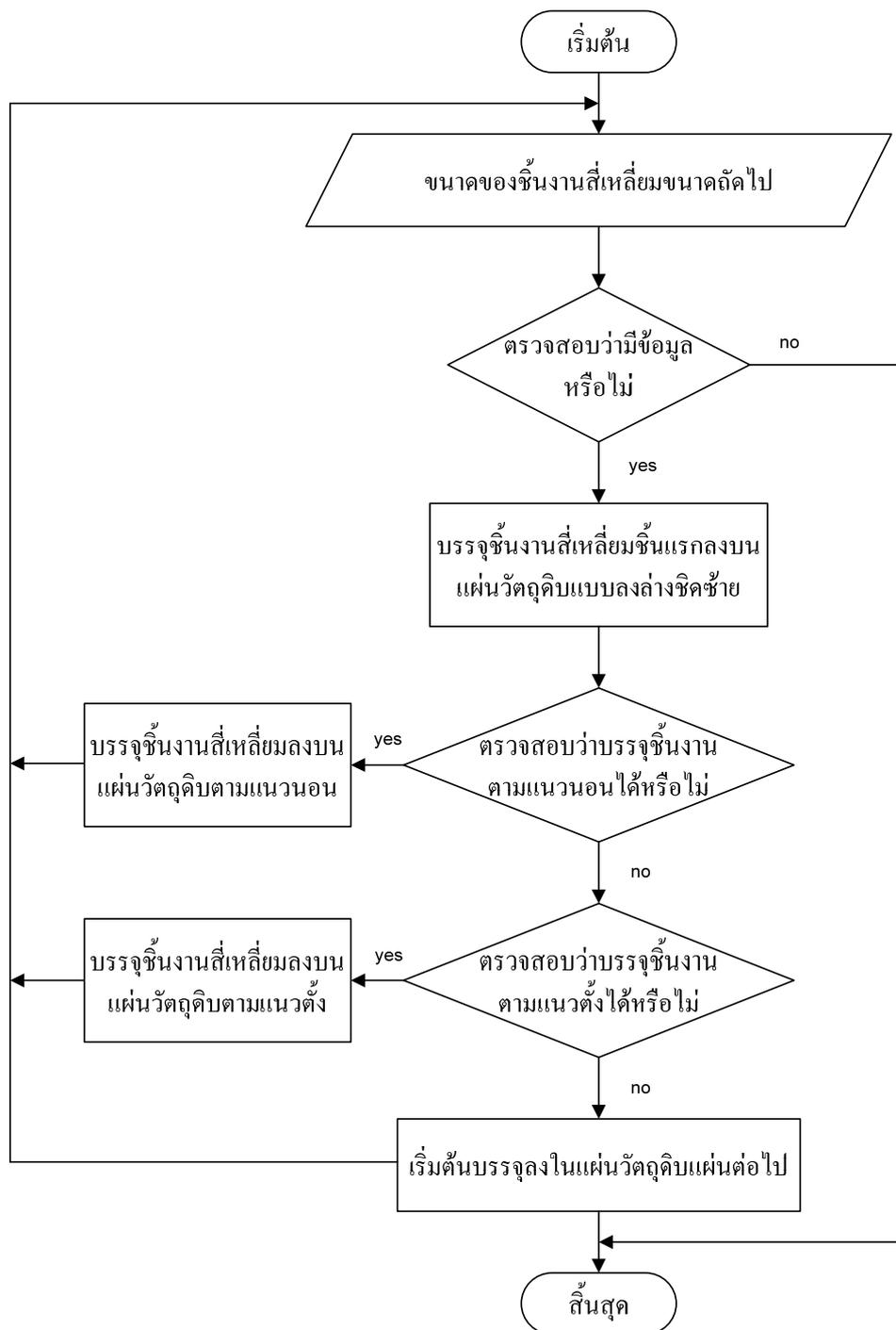
ในการจัดเรียงชิ้นงานที่เล็ยมุมจากลงบนแผ่นวัสดุแบบลงล่างชิดซ้ายนั้น ชิ้นงานที่เล็ยขนาดเล็กชิ้นแรกจะถูกสุ่ม (Random) ขึ้นมาเพื่อจัดเรียงลงบนแผ่นวัสดุเป็นชิ้นแรก และเลือกสุ่มชิ้นงานมาจัดเรียงลงบนแผ่นวัสดุต่อไปเรื่อยๆจนครบตามจำนวนชิ้นงานที่ต้องการ การจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่นวัสดุขนาดใหญ่เบื้องต้นนั้น แสดงได้ดังภาพที่ 34 โดยมีกระบวนการในการตรวจสอบการวางชิ้นงานในทั้งแนวตั้งและแนวนอน ซึ่งเป็นวิธีการวางรูปแบบการตัดกิโลตินแบบเบื้องต้นเท่านั้น ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้จะนำไปปรับปรุงผลด้วยวิธีการทางพันธุกรรมเพื่อให้ได้คำตอบที่ดีขึ้นต่อไป

2.2 การตรวจสอบขอบเขตการวางชิ้นงานและการวางซ้อนทับกัน

ในการวางชิ้นงาน เนื่องจากต้องไม่ให้ชิ้นงานเรียงกันเกินขนาดของแผ่นวัสดุดิบ และเพื่อให้การจัดเรียงชิ้นงานอยู่ในขอบเขตที่สามารถนำชิ้นงานไปตัดโดยเครื่องตัดแบบกิโลตินได้ ต้องคำนึงถึงเงื่อนไขของการตัดกิโลตินแบบ 2 ชั้นตอนดังนั้นในการพิจารณาจึงต้องมีการคำนึงถึงขอบเขตในการวาง โดยต้องตรวจสอบการวางชิ้นงานก่อนทำการจัดเรียงลงบนแผ่นวัสดุ และเนื่องจากเมื่อทำการวางชิ้นงานลงในตำแหน่งได้แล้ว เพื่อให้ชิ้นงานที่จะทำการบรรจุต่อไป ไม่เกิดการซ้อนทับ (Overlap) กับชิ้นงานที่ได้จัดเรียงไว้แล้ว จึงต้องกำหนดเงื่อนไขเพื่อป้องกันการวางซ้อนทับกัน

โดยในขอบเขตของการวางชิ้นงานอันดับแรกนั้น คือการวางชิ้นงานไม่ให้ความยาวชิ้นรวมในแต่ละแถวมีความยาวเกินความยาวของแผ่นวัสดุดิบ โดยหากว่าความยาวชิ้นงานที่ต้องการจัดวางเมื่อนำไปรวมกับความยาวของชิ้นงานที่จัดวางอยู่ก่อนหน้าแล้วมีความยาวเกินกว่าความยาวของแผ่นวัสดุดิบ ให้นำชิ้นงานนั้นจัดเรียงลงบนแถวถัดไปของแผ่นวัสดุดิบ

ในการวางชิ้นงานในแถวต่อไปนั้นเนื่องจากเครื่องตัดแบบกิโลตินไม่สามารถตัดชิ้นงานที่วางซ้อนทับกันได้ ดังนั้นในการวางชิ้นงานในแถวถัดไปของวัสดุดิบนั้นจะวางชิ้นงานที่ตำแหน่งสูงสุดของความกว้างรวมของชิ้นงานสูงสุดของแถวที่ได้จัดเรียงไปก่อนหน้า และทำการวางชิ้นงานแบบลงล่างชิดซ้ายลงบนแผ่นวัสดุดิบตามความกว้างสูงสุดของชิ้นงานรวมตลอดทั้งแถว และทำเช่นนี้ไปเรื่อยๆ จนกระทั่งความกว้างของชิ้นงานที่จะทำการจัดเรียงทำให้ความกว้างรวมของชิ้นงานในแต่ละแถวมีค่ามากกว่าความกว้างของแผ่นวัสดุดิบ เมื่อเป็นเช่นนั้น ให้ทำการจัดเรียงชิ้นงานนั้นลงบนแผ่นวัสดุดิบแผ่นต่อไป จนกระทั่งชิ้นงานที่ต้องการถูกจัดเรียงลงบนแผ่นวัสดุดิบทั้งหมด



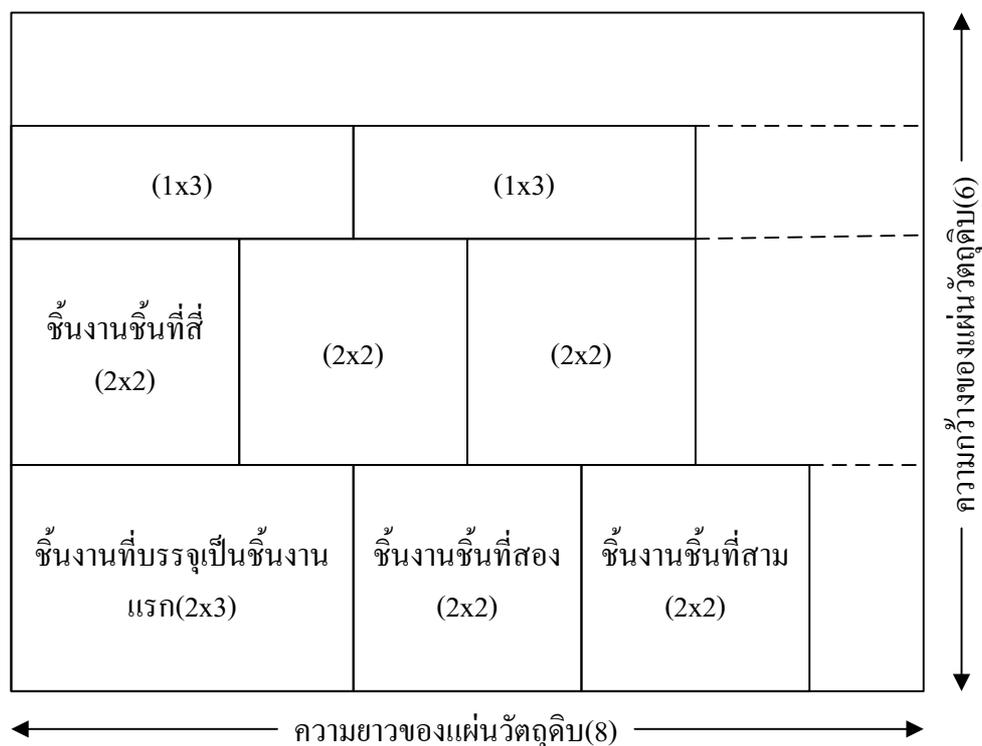
ภาพที่ 34 แผนผังการไหลของโปรแกรมในขั้นตอนเบื้องต้นของการจัดเรียงชิ้นงานตามรูปแบบการตัดแบบกิโลติน

ขั้นตอนในการจัดวางรูปแบบการตัดแบบกโยคินเบื้องต้นนั้นสามารถแสดงตัวอย่างได้ดังต่อไปนี้ กำหนดให้เป็นการตัดแผ่นวัสดุสี่เหลี่ยมขนาดใหญ่ ($W \times L$) โดยมีขนาดเท่ากับ 6×8 หน่วย และชิ้นงานสี่เหลี่ยมขนาดเล็กที่ต้องการตัดมีขนาดความกว้าง (w) และความยาว (l) ดังตารางที่ 2

ตารางที่ 2 แสดงข้อมูลของชิ้นงานที่ต้องการทำการตัด

แบบที่ (Order Number)	ความกว้าง (Width)	ความยาว (Length)	จำนวน(แผ่น) (Quantity)
1	2	3	1
2	2	2	5
3	1	3	2

ขั้นตอนแรกทำการสุ่มเลือกชิ้นงานขึ้นมาหนึ่งชิ้น และนำชิ้นงานที่สุ่มได้มาทำการจัดเรียงลงบนแผ่นวัสดุแบบลงล่างชิดซ้าย ในที่นี้กำหนดให้ชิ้นงานแบบที่ 1 ถูกสุ่มเป็นชิ้นงานแรก และเมื่อได้ทำการจัดเรียงชิ้นงานชิ้นแรกแล้ว ทำการสุ่มเลือกหาชิ้นงานต่อไปเรื่อยๆ จนกว่าชิ้นงานทั้งหมดที่ต้องการ ได้รับการจัดเรียงบนแผ่นวัสดุ โดยการจัดเรียงต้องคำนึงถึงข้อกำหนดของขอบเขตการวางชิ้นงานและการวางซ้อนทับกัน ดังที่ได้กล่าวมา สามารถแสดงได้ดังรูปภาพที่ 35 โดยกำหนดให้การสุ่มชิ้นงานในตัวอย่างนี้ สมมติว่าสุ่มได้ชิ้นงานที่ 1 เป็นอันดับแรก และสุ่มได้ชิ้นงานที่ 2 เป็นจำนวน 5 ชิ้นงานเป็นอันดับต่อมา และสุดท้ายสุ่มชิ้นงานที่ 3 ได้เป็นจำนวน 2 ชิ้นเป็นอันดับสุดท้าย

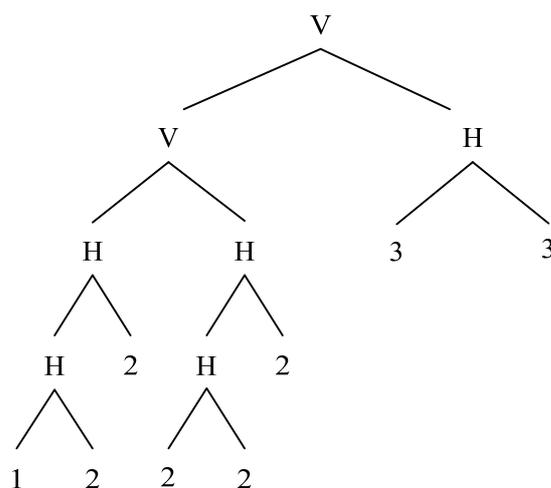
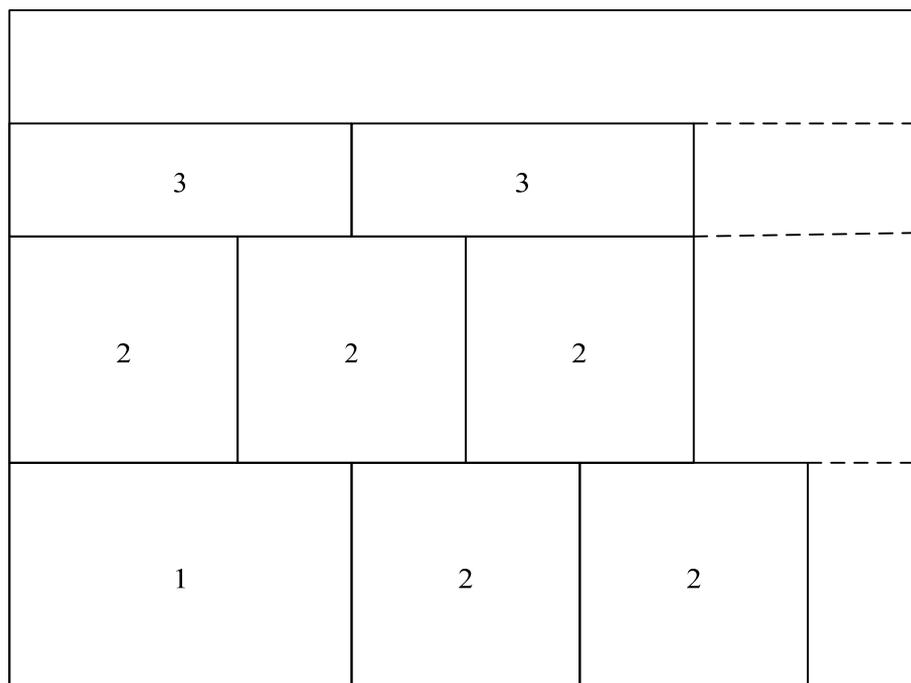


ภาพที่ 35 แสดงรูปแบบการจัดวางชิ้นงานลงบนแผ่นวัสดุคิบ 6×8

เมื่อได้รูปแบบการจัดวางชิ้นงานเบื้องต้นเพื่อนำไปตัดด้วยเครื่องตัดแบบกิโอตินแล้ว สามารถแสดงสัญลักษณ์ในการตัดแบบกิโอตินแบบตั้งตรงได้ดังนี้

1 2 2 H H 2 2 2 H H 3 3 H V V

ความหมายของสัญลักษณ์ สามารถอธิบายได้คือ ชิ้นงานรูปแบบที่ 1 ถูกตัดแบ่งออกจากชิ้นงานรูปแบบที่ 2 ชิ้นที่ 1 ด้วยการตัดแบบกิโอตินตามแนวนอน ชิ้นงานรูปแบบที่ 2 ชิ้นที่ 2 ถูกตัดแบ่งออกจาก ชิ้นงานรูปแบบที่ 2 ชิ้นที่ 1 ด้วยการตัดแบบกิโอตินตามแนวนอน และสัญลักษณ์ V V นั้นหมายถึง ว่าแผ่นวัสดุคิบได้รับการตัดแบบกิโอตินตามแนวตั้งเป็นจำนวนสองครั้ง โดยครั้งแรกเป็นการตัดแบ่งชิ้นงานที่อยู่ในแถวแรก (1 2 2) จากแถวที่สอง (2 2 2) สัญลักษณ์นี้สามารถแสดง (Ono, 1999) เป็นรูปแบบในการจัดเรียงชิ้นงาน และแผนภูมิต้นไม้ ได้ดังภาพที่ 36



ภาพที่ 36 การจัดวางรูปแบบการตัดชิ้นงานแบบกิโยตินตั้งตรงและแผนภูมิต้นไม้

2.3 ฟังก์ชันการประเมินค่า (evaluation function)

โครโมโซมทุกตัวจะต้องมีค่าบ่งบอกถึงความเหมาะสมเพื่อที่จะพิจารณาว่าสมควรนำไปสืบสายพันธุ์ต่อหรือไม่ ดังนั้นจึงต้องมีการหาค่าความเหมาะสมในแต่ละโครโมโซมเพื่อนำค่าความเหมาะสมนั้นไปพิจารณาต่อ โดยการหาค่าความเหมาะสม ต้องใช้สมการในการคำนวณหาค่าความเหมาะสมที่สอดคล้องกับปัญหาและวัตถุประสงค์

ฟังก์ชันเป้าหมาย(Objective function) เป็นฟังก์ชันที่แสดงความสัมพันธ์ของแต่ละตัวแปร พารามิเตอร์ เงื่อนไขหรือข้อกำหนดต่างๆของปัญหานั้นๆ ที่ระบุคำตอบใดคำตอบหนึ่งที่สามารถเป็นไปได้ที่ค่าพารามิเตอร์ เงื่อนไข หรือข้อกำหนดชุดนั้นๆ

ส่วนฟังก์ชันค่าความเหมาะสม(Fitness function) เป็นฟังก์ชันที่กำหนดค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมเปรียบเสมือนกันค่าความสามารถในการอยู่รอดของแต่ละโครโมโซม และยังเป็นฟังก์ชันที่กำหนดโอกาสหรือสัดส่วนที่แต่ละโครโมโซมจะถูกคัดเลือกด้วย

สรุปได้ว่า ค่าความเหมาะสม คือตัวที่ใช้ประเมินว่าในแต่ละเส้นทางเลือก (Solution) นั้นๆมีความเหมาะสม หรือสามารถใช้แก้ไขปัญหาได้ดีมากน้อยเพียงใด โดยทั่วไปฟังก์ชันเป้าหมายคือฟังก์ชันความเหมาะสม

ฟังก์ชันความเหมาะสมในงานวิจัยนี้คือ ฟังก์ชันที่ใช้ในการตรวจสอบว่าทำให้เกิดเปอร์เซ็นต์ของเศษสูญเสียมากน้อยเพียงใด ค่าความเหมาะสมในงานวิจัยนี้คือขนาดพื้นที่สูญเสียไปบนแผ่นวัตถุดิบภายหลังการจัดเรียง โดยจากการตัดชิ้นงานจากแผ่นวัตถุดิบนั้น จะทำให้เกิดเศษจากการตัดเกิดขึ้น ซึ่งการจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่นวัตถุดิบที่ดีจะทำให้ค่าเศษสูญเสียที่เกิดขึ้นมีค่าน้อยซึ่งสามารถคำนวณได้ดังสมการต่อไปนี้

ผลลัพธ์ที่ได้จากการคำนวณของฟังก์ชันความเหมาะสม โดยทั่วไปแล้ว จะมีค่าอยู่ระหว่าง 0.0-1.0 โดยที่ค่าความเหมาะสมจะใช้วัดค่าประสิทธิภาพของคำตอบทั้งในปัญหาที่เป็นการหาค่าคำตอบที่น้อยที่สุด (Minimize Optimization) และการหาค่าคำตอบที่มากที่สุด (Maximize Optimization) โดยในปัญหาที่ต้องการค่าคำตอบน้อยที่สุด สามารถแปลความหมายของค่าความเหมาะสมได้ คือ ถ้าค่าความเหมาะสมมีค่าเข้าใกล้ 0.0 หมายถึง ผลลัพธ์ที่ได้เป็นค่าที่ดี และหากค่าความเหมาะสมมีค่าเข้าใกล้ 1.0 หมายถึง ผลลัพธ์ที่ได้เป็นค่าที่ไม่ดี และในทำนองเดียวกันนั้น การหาค่าคำตอบสำหรับปัญหาที่ต้องการค่าคำตอบที่มากที่สุด สามารถแปลความหมายของค่าความเหมาะสมได้ คือ ถ้าค่าความเหมาะสมมีค่าเข้าใกล้ 1.0 หมายถึง ผลลัพธ์ที่ได้เป็นค่าที่ดี และหากค่าความเหมาะสมมีค่าเข้าใกล้ 0.0 หมายถึงผลลัพธ์ที่ได้เป็นค่าที่ไม่ดี

ในงานวิจัยนี้ วิจัยนี้จะทำการคำนวณค่าความเหมาะสมเป็นเปอร์เซ็นต์ ซึ่งการคำนวณค่าความเหมาะสมสามารถคำนวณได้ดังสมการต่อไปนี้

เปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ย

$$\begin{aligned}
 &= \frac{\text{พื้นที่ของแผ่นวัสดุทั้งหมด} - \text{พื้นที่รวมของชิ้นงานทั้งหมด}}{\text{พื้นที่ของแผ่นวัสดุทั้งหมด}} \times 100 \\
 &= \frac{\sum_{i=1}^m (W_i \times L_i) - \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{r_i} (w_{ij} \times l_{ij})}{\sum_{i=1}^m (W_i \times L_i)} \times 100 \quad (3)
 \end{aligned}$$

โดยที่	m	คือ จำนวนของแผ่นวัสดุที่ใช้ในการจัดเรียงชิ้นงานทั้งหมด
	r_i	คือ จำนวนของชิ้นงานที่จัดเรียงลงบนแผ่นวัสดุที่ i
	w_{ij}	คือ ความกว้างของชิ้นงานที่ j ที่จัดเรียงลงบนแผ่นวัสดุที่ i
	l_{ij}	คือ ความยาวของชิ้นงานที่ j ที่จัดเรียงลงบนแผ่นวัสดุที่ i
	W_i	คือ ความกว้างของแผ่นวัสดุที่ i
	L_i	คือ ความยาวของแผ่นวัสดุที่ i

ผลลัพธ์ที่ได้จากการคำนวณของฟังก์ชันความเหมาะสม จะมีค่าอยู่ระหว่าง 0 ถึง 100 เปอร์เซ็นต์ โดยที่ 0% หมายถึง ไม่เกิดพื้นที่สูญเสียเปล่าภายหลังการจัดเรียง ดังนั้นแสดงให้เห็นว่าค่าที่เข้าใกล้ 0% เป็นค่าที่ดี ส่วนค่าที่เข้าใกล้ 100% แสดงว่าการจัดเรียงทำให้เกิดเศษจำนวนมาก ทำให้ค่าที่เข้าใกล้ 100% นั้นเป็นค่าที่ไม่ดี เนื่องจากค่าที่ดีที่สุดคือฟังก์ชันความเหมาะสมที่ให้ผลลัพธ์เป็นค่าที่น้อยที่สุด แสดงให้เห็นว่าโคร โม โชมที่ทำให้เกิดเศษที่สูญเสียน้อยที่สุด คือ โคร โม โชมที่ดีที่สุด

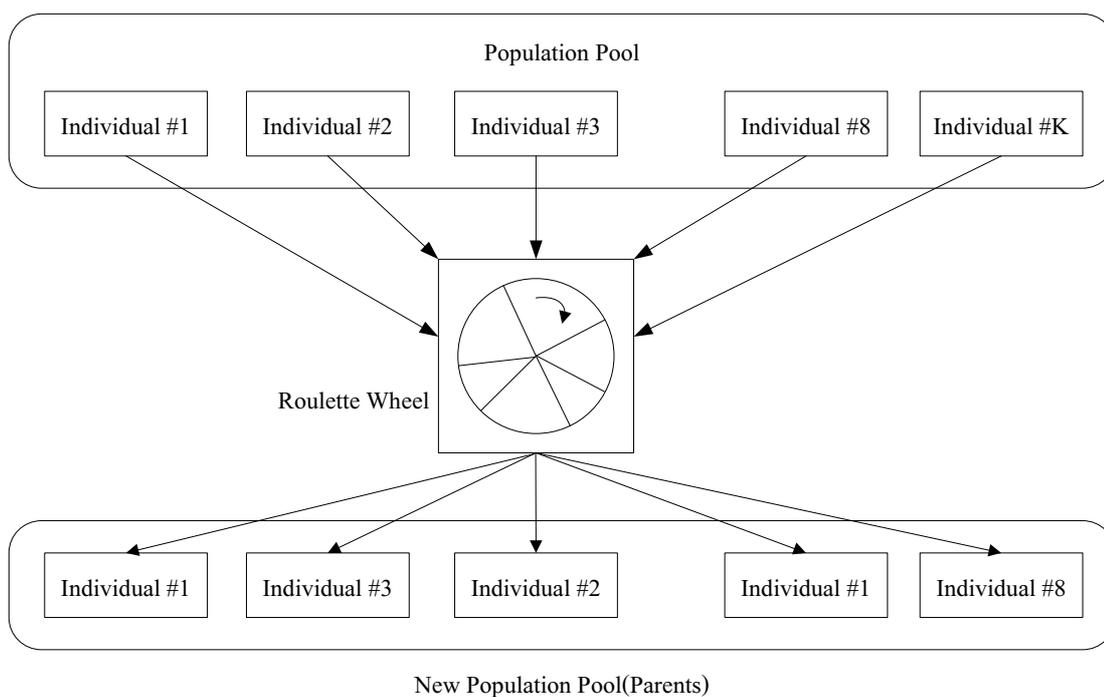
และเพื่อให้ได้ประโยชน์สูงสุดในการจัดเรียงชิ้นงาน กรณีที่พื้นที่ของวัสดุที่มีมากพอที่จะนำไปใช้ประโยชน์ต่อไปได้ เมื่อทำการจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่นวัสดุเสร็จสิ้นแล้ว จะนำความกว้างที่เหลือของแผ่นวัสดุไปเปรียบเทียบกับความกว้างหรือความยาวของชิ้นงานที่มีค่าน้อยที่สุด หากความกว้างที่เหลือของแผ่นวัสดุมีค่ามากกว่า จะไม่นำค่าพื้นที่ตรงส่วนนั้นมาคิดเป็นเศษ โดยจะถือว่าพื้นที่ส่วนนั้นสามารถนำไปใช้งานให้เป็นประโยชน์ในงานตัดอื่นๆ ได้ โดยในการคำนวณนั้นให้นำพื้นที่ของวัสดุที่สามารถนำไปใช้งานต่อได้นั้นลบออกจากสมการการคิดค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ย

2.4 ตัวดำเนินการทางพันธุกรรม (Genetic operator)

ระหว่างกระบวนการของวิธีการทางพันธุกรรม มีตัวดำเนินการทางพันธุกรรมหลายกระบวนการ โดยอธิบายได้ดังต่อไปนี้

2.4.1 การเลือกสรร (Selection)

หลังจากที่ทำการวิเคราะห์ค่าความเหมาะสมแล้วขั้นตอนต่อไปจะเป็นการคัดเลือกโครโมโซมต้นแบบเพื่อที่จะสร้างประชากรต้นแบบ(New population pool) ด้วยวิธีการจำลองการหมุนวงล้อถ่วงน้ำหนัก (Roulette wheel) สามารถแสดงได้ดังภาพที่ 37



ภาพที่ 37 แสดงการคัดเลือกประชากรต้นกำเนิดด้วยการใช้วิธีการ roulette wheel

ในกระบวนการเลือกสรรแบบ roulette wheel เป็นกระบวนการเลือกโดยที่ใช้ค่าความเหมาะสม (fitness) เป็นตัวกำหนด โดยขั้นตอนจะแสดงได้ดังต่อไปนี้

1) คำนวณค่าความเหมาะสม $eval(v_i)$ ในแต่ละโครโมโซม v_i โดยที่
($i = 1, \dots, pop_size$)

2) คำนวณค่าความเหมาะสมรวม (total fitness) ของประชากร

$$F = \sum_{i=1}^{pop_size} eval(v_i) \quad (4)$$

3) คำนวณค่าความน่าจะเป็นของการคัดเลือก (probability of selective) p_i
ในแต่ละโครโมโซม v_i ($i = 1, \dots, pop_size$)

$$p_i = eval(v_i) / F \quad (5)$$

4) คำนวณค่าความน่าจะเป็นสะสม (cumulative probability) q_i ในแต่ละ
โครโมโซม v_i ($i = 1, \dots, pop_size$) คำนวณค่าความน่าจะเป็นสะสม (cumulative probability) ที่
 pop_size เท่ากับ $q_i = \sum_{j=1}^i p_j$

กระบวนการคัดเลือกมีหลักการคือทำการสุ่มเลือกโดยใช้ roulette wheel
จำนวนเท่ากับจำนวนประชากร (pop_size) โดยในการเลือกแต่ละครั้ง เราจะได้โครโมโซมหนึ่งตัว
ขึ้นมาเป็นประชากรใหม่ โดยมีวิธีการดังนี้

- ทำการสุ่มเลข r โดยมีค่าตั้งแต่ $[0, \dots, 1]$

- กรณีแรกถ้า $r < q_1$ ให้เลือกค่าโครโมโซมแรก (first chromosome) หรือ
เลือกโครโมโซมลำดับอื่น v_i โดย ($2 \leq i \leq pop_size$) เมื่อ $q_{i-1} \leq r < q_i$

จากที่กล่าวมาแล้วนั้น แสดงให้เห็นว่าโครโมโซมบางตัวนั้นมีโอกาสที่จะ
ถูกเลือกขึ้นมาได้มากกว่า 1 ครั้ง โดยโครโมโซมที่ดีที่สุด (best chromosome) นั้นมีโอกาสสูงในการถูก
คัดเลือก โครโมโซมที่มีค่าปานกลาง (average) จะมีโอกาสได้รับเลือกอยู่บ้าง ส่วนโครโมโซมที่ไม่
ดี (worst) แทบจะไม่มีโอกาสได้รับการคัดเลือกเลย โดยในการคัดเลือกประชากรนั้น จะคัดเลือก
โครโมโซมมาจำนวนเท่ากับจำนวนประชากรที่มีการคลอสโอเวอร์เกิดขึ้น

2.4.2 การคลอสโอเวอร์ (recombination)

หากมีการคลอสโอเวอร์เกิดขึ้น ประชากรจะถูกสร้างขึ้นโดยการนำประชากรพ่อและแม่บางส่วนมาผสมกัน โดยการคลอสโอเวอร์ถูกสร้างขึ้นเพื่อหวังว่าโครโมโซมใหม่ที่ถูกสร้างขึ้นจะได้รับส่วนที่ดีของโครโมโซมเก่าและอาจจะทำให้โครโมโซมใหม่ที่ถูกสร้างขึ้นนั้นดีกว่าเดิม โดยถ้ามีการคลอสโอเวอร์เกิดขึ้นบ่อยจะทำให้เกิดผลลัพธ์ที่หลากหลาย

ต่อมาคือตัวดำเนินการคลอสโอเวอร์ เราจะทำการคัดเลือกโครโมโซมมา 2 ตัว และทำการเลือกจุดในการคลอสโอเวอร์ โดยวิธีการสุ่ม ในงานวิจัยนี้จะใช้วิธีการในการคลอสโอเวอร์แบบจุดเดียว (Single point crossover) ในการคลอสโอเวอร์จะคัดลอกข้อมูลจากตำแหน่งแรกถึงตำแหน่งในการคลอสโอเวอร์ของประชากรตัวแรก และคัดลอกข้อมูลจากตำแหน่งในการคลอสโอเวอร์จนถึงตำแหน่งสุดท้ายจากประชากรตัวที่สอง

ในกระบวนการคลอสโอเวอร์จะอ้างอิงตามโอกาสในการเกิดการคลอสโอเวอร์ โดยถ้าตรงตามเงื่อนไขที่กำหนดไว้จะเกิดการคลอสโอเวอร์ ดังนั้นในขั้นตอนการคลอสโอเวอร์นั้น อันดับแรกต้องกำหนดค่าความน่าจะเป็นในการคลอสโอเวอร์ (Probability of crossover) ซึ่งพารามิเตอร์ที่ใช้ในระบบ วิธีการทางพันธุกรรม คือ p_c และดำเนินการตามวิธีการดังต่อไปนี้

- สร้างเลขสุ่ม r ที่มีค่าระหว่าง $[0, \dots, 1]$
- ถ้า $r \leq p_c$ ให้ทำการคลอสโอเวอร์โครโมโซม

เมื่อมีการคลอสโอเวอร์เกิดขึ้น จะทำการคลอสโอเวอร์ระหว่าง 2 โครโมโซม ซึ่งเราจะเลือกจุดในการคลอสโอเวอร์มาอย่างสุ่ม โดยจะทำการสุ่มเลือกค่า pos (integer number) ที่มีค่าอยู่ในช่วง $[1, \dots, m-1]$ (โดย m คือ ความยาวของโครโมโซมหรือจำนวนยีนในโครโมโซม และค่า pos แสดงถึงตำแหน่งของจุดที่ใช้คลอสโอเวอร์ (crossover point) แสดงตัวอย่างของกระบวนการคลอสโอเวอร์ได้ดังนี้

กำหนดให้ความน่าจะเป็นของการเกิดคลอสโอเวอร์เป็น 85% และ

กำหนดให้ในการสุ่มค่านั้นต้องอยู่ในช่วง 0 ถึง 100 นั้นหมายความว่าหากสุ่มตัวเลข ได้ค่าที่มีค่าน้อยกว่าหรือเท่ากับ 85 ก็จะเกิดการคลอสโอเวอร์ นอกนั้นจะไม่เกิดการคลอสโอเวอร์ โดยจะคัดลอกโครโมโซม (Reproduction) สู่ประชากรรุ่นต่อไปเลย หากว่าถ้าเราทำการสุ่มเลือกตัวเลขมา มีค่าเท่ากับ 20 ซึ่งมีค่าน้อยกว่า 85 ในกรณีนี้จะเกิดการคลอสโอเวอร์ขึ้น เมื่อมีการคลอสโอเวอร์เกิดขึ้น เราจะทำการคลอสโอเวอร์ ตามเงื่อนไขของการคลอสโอเวอร์ที่เป็นการคลอสโอเวอร์แบบจุดเดี่ยว (single crossover) แสดงได้ดังภาพที่ 38

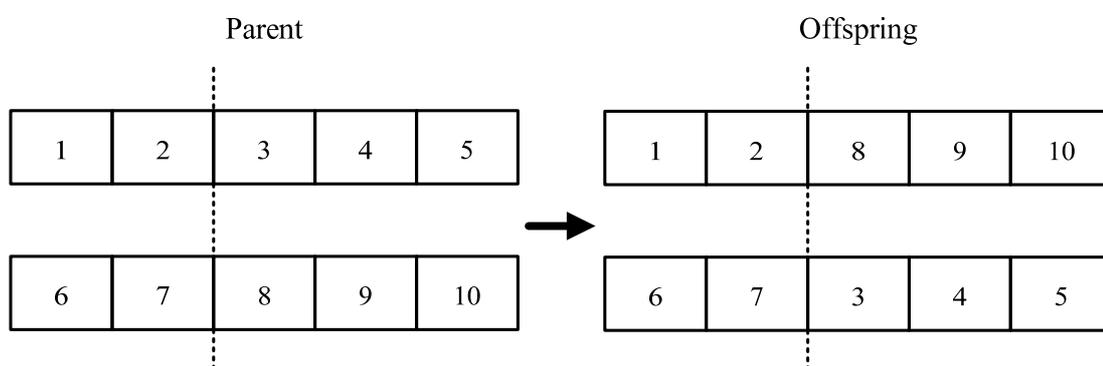
parent 1 : < 1 , 2 | 3 , 4 , 5 >

parent 2 : < 6 , 7 | 8 , 9 , 10 >

สัญลักษณ์ | เป็นเครื่องหมายชี้แสดงถึงจุดในการเกิดการคลอสโอเวอร์

offspring 1: < 1 , 2 , 8 , 9 , 10 >

offspring 2: < 6 , 7 , 3 , 4 , 5 >



ภาพที่ 38 แสดงตัวอย่างการคลอสโอเวอร์แบบจุดเดี่ยว

การคลอสโอเวอร์แบบจุดเดี่ยวโดยทั่วไปนั้นไม่ตรงกับข้อกำหนดเบื้องต้นของปัญหา เนื่องจากในงานวิจัยนี้จำนวนของชิ้นงานในแต่ละขนาดนั้นมีได้จำนวนมากกว่า 1 ชิ้นงาน ทำให้หมายเลขชิ้นงานมีค่าซ้ำกันในแต่ละโครโมโซม และการเมื่อทำกระบวนการทางพันธุศาสตร์เสร็จสิ้นแล้ว ชิ้นงานจะต้องมีค่าเท่าเดิม ดังนั้นจะประยุกต์การคลอสโอเวอร์ โดยแบ่งเป็นขั้นตอน(stage) ดังต่อไปนี้ ขั้นแรกนั้น ทำการคัดลอกข้อมูลจากตำแหน่งแรกถึงตำแหน่งในการคลอสโอเวอร์จากประชากรตัวแรก ขั้นที่สอง ทำการคัดลอกข้อมูลจากตำแหน่งในการคลอสโอเวอร์ถึงตำแหน่งสุดท้ายจากประชากรตัวที่สอง โดยหากว่าหมายเลขชิ้นงานที่ทำการคัดลอกมานั้นมี

ค่ามากกว่าจำนวนที่กำหนดไว้เมื่อเริ่มต้นแล้ว ให้ทำการตัดชิ้นงานนั้นออก และขั้นตอนสุดท้าย หาก ยีนในโครโมโซมยังไม่ครบตามที่กำหนด จะทำการใส่ข้อมูลของชิ้นงานให้ครบโดยดูหมายเลข ชิ้นงานจากตำแหน่งแรกของประชากรแรก หากข้อมูลซ้ำให้ทำการตัดออก และหากข้อมูลไม่ซ้ำให้ ทำการคัดลอกค่าใส่ลงไปประชากรลูก และใช้หลักการคลอสโอเวอร์เช่นเดียวกันนี้เพื่อสร้าง ประชากรลูกตัวที่สอง โดยสามารถแสดงตัวอย่างได้ดังต่อไปนี้

parent 1 : $\langle 1, 2, 1, 3, 3 \mid 4, 1, 4, 2, 2 \rangle$
 parent 2 : $\langle 2, 3, 4, 2, 1 \mid 3, 2, 1, 4, 1 \rangle$
 สัญลักษณ์ \mid เป็นเครื่องหมายชี้แสดงถึงจุดในการเกิดการคลอสโอเวอร์
 stage 1 : $\langle 1, 2, 1, 3, 3 \mid 3, 2, 1, 4, 1 \rangle$
 stage 2 : $\langle 1, 2, 1, 3, 3 \mid x, 2, 1, 4, x \rangle$
 $\langle 1, 2, 1, 3, 3 \mid 2, 1, 4, x, x \rangle$
 stage 3 : $\langle 1, 2, 1, 3, 3 \mid 2, 1, 4, 2, 4 \rangle$
 ดังนั้นจะได้ประชากรลูกดังนี้
 offspring 1: $\langle 1, 2, 1, 3, 3 \mid 2, 1, 4, 2, 4 \rangle$
 offspring 2: $\langle 2, 3, 4, 2, 1 \mid 4, 1, 2, 1, 3 \rangle$

2.4.3 มิวเตชัน

เป็นกระบวนการที่เกิดขึ้นหลังจากการคลอสโอเวอร์เสร็จสิ้น นั่นหมายความว่า ได้ประชากรรุ่นลูกที่เกิดจากการผสมจากรุ่นพ่อแม่หรือทำการคัดลอกโครโมโซมมาจาก ประชากรเดิมแล้ว จึงนำประชากรรุ่นลูกที่ได้มาดำเนินการมิวเตชัน โดยจะทำการเปลี่ยนค่าของ โครโมโซมเป็นค่าใหม่ในตำแหน่งที่สุ่มได้ ตามอัตราความน่าจะเป็นในการมิวเตชัน โดยในงานวิจัย นี้จะเป็นการมิวเตชันแบบแลกเปลี่ยนข้อมูล (Reciprocal exchange) โดยจะทำการแลกเปลี่ยนข้อมูล ในโครโมโซม คือ สลับยีนสองตำแหน่งในโครโมโซม เมื่อความน่าจะเป็นมีค่าเท่ากับ อัตราความ น่าจะเป็นในการมิวเตชัน (probability of mutation) ซึ่งพารามิเตอร์ที่ใช้ในระบบวิธีการทาง พันธุกรรม คือ p_m โดยหากค่าที่สุ่มได้มีค่าน้อยกว่าหรือเท่ากับอัตราความน่าจะเป็นในการมิวเตชัน ให้ทำการมิวเตชัน ซึ่งถ้าเกิดการมิวเตชันแล้วนั้น จะทำการสุ่มค่ายีนที่อยู่ในโครโมโซมเดียวกัน เพื่อ ทำการสลับตำแหน่งยีนในโครโมโซม โดยโอกาสในการเกิดการมิวเตชัน มีวิธีการดังนี้

- ทำการสุ่มเลข(r)ที่มีค่าอยู่ในช่วง $[0, \dots, 1]$
- ถ้า $r \leq p_m$ ให้ทำการสลับค่าขึ้น

ตัวอย่างแสดงการเกิดกระบวนการมิวเตชัน ขั้นแรกกำหนดให้อัตราความน่าจะเป็นของการเกิดการมิวเตชัน เป็น 1% โดยกำหนดให้ค่าที่สุ่มมีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 100 นั้นหมายความว่า ณ ตำแหน่งนั้น หากสุ่มตัวเลขได้ค่าที่น้อยกว่าหรือเท่ากับ 1 ก็จะเกิดการมิวเตชัน

2.4.4 Elitist

เมื่อทำการสร้างประชากรใหม่โดยใช้การคลอสโอเวอร์ และมิวเตชัน จะทำให้มีโอกาสสูงที่จะเกิดโอกาสที่จะสูญเสียโครโมโซมที่ดีที่สุดไป ซึ่ง Elitist เป็นวิธีการหนึ่ง ที่ใช้ในการคัดลอกโครโมโซมที่ดีที่สุด (หรือ โครโมโซมที่ดีจำนวนหนึ่ง) ไว้ในประชากรใหม่ โดยไม่ต้องผ่านกระบวนการของวิธีการทางพันธุกรรม คือ คัดลอกโครโมโซมไปสู่รุ่นถัดไปโดยไม่ต้องผ่านกระบวนการคลอสโอเวอร์ และมิวเตชัน โดยทั่วไปแล้วในการคัดลอกโครโมโซมของวิธีการ elitist จะพิจารณาจากค่าความเหมาะสม โดยจะคัดลอกโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุด แสดงให้เห็นว่า Elitist เป็นวิธีการที่ดีที่ทำให้สามารถเพิ่มประสิทธิภาพของคำตอบในวิธีการทางพันธุกรรม

2.5 พารามิเตอร์

พารามิเตอร์ที่สำคัญหรือเป็นพื้นฐานของวิธีการทางพันธุกรรม มี 5 ตัว คือ

2.5.1 อัตราความน่าจะเป็นในการเกิดการคลอสโอเวอร์ (Crossover Probability (p_c)) คือ ความน่าจะเป็นของการคลอสโอเวอร์ ที่แสดงให้เห็นว่ามีโอกาสในการเกิดการคลอสโอเวอร์มากน้อยเพียงใด ถ้าหากไม่มีการคลอสโอเวอร์ (0%) ผลที่ได้คือการทำสำเนา (reproduction) จากประชากรต้นกำเนิดไปสู่ลูกเลย โดยปรกติแล้วความน่าจะเป็นของการคลอสโอเวอร์ มีค่าที่อยู่ในช่วง 0 – 100 จากการทดลองของนักวิทยาศาสตร์หลายท่าน ได้พบว่าความน่าจะเป็นของการคลอสโอเวอร์ ส่วนใหญ่อยู่ที่ 60% - 95% บางปัญหาอาจจะแก้ปัญหาก็ดีเมื่อมีความน่าจะเป็นอยู่ที่ 85% - 95%

2.5.2 อัตราความน่าจะเป็นในการเกิดการมิวเตชัน (Mutation Probability (p_m)) คือ ความน่าจะเป็นของการมิวเตชัน ที่แสดงให้เห็นว่าในแต่ละส่วนของโครโมโซมมีโอกาสที่จะเกิดการสลับเปลี่ยนมากน้อยเพียงใด โดยจะมีค่าที่อยู่ในช่วง 0 – 100 จากการทดลองของ นักวิทยาศาสตร์หลายท่าน ได้พบว่าความน่าจะเป็นของการมิวเตชัน ส่วนใหญ่อยู่ที่ 0% - 1% ต่อ 1 ตำแหน่งของโครโมโซม ในกรณีที่ไม่มีการมิวเตชันหรือความน่าจะเป็นในการเกิดการมิวเตชัน เป็น 0% นั้นหมายความว่าผลที่ได้เกิดจากการคลอสโอเวอร์เพียงอย่างเดียว แต่ถ้าหากมีความน่าจะเป็นในการเกิดมิวเตชัน เป็น 100% จะทำให้ทุกตำแหน่งบนโครโมโซมมีการเปลี่ยนแปลงทั้งหมด ซึ่ง การเกิด มิวเตชัน จะไม่เกิดบ่อยมากนักเพราะจะทำให้วิธีการทางพันธุกรรม เป็น random search

2.5.3 ขนาดของประชากร (Population size) หรือ จำนวนโครโมโซมในแต่ละรุ่น ถ้ากำหนดให้ถ้ามีจำนวนน้อยจะทำให้เกิดการคลอสโอเวอร์น้อย ดังนั้น โอกาสที่จะได้รับค่าคำตอบ ที่ดีขม่น้อยลง แต่ถ้กำหนดให้จำนวนโครโมโซมมีค่ามากเกินไป จะทำให้เสียเวลาในการ ประมวลผลมากและทำให้ทำงานได้ช้าลง โดยทั่วไปแล้วค่าของขนาดของประชากรจะมีค่าเท่ากับ จำนวนการโคลนคูณกับจำนวนยีนในแต่ละ โครโมโซม

2.5.4 ขนาดของรุ่น(Generation Size) คือ จำนวนรุ่นที่นำมาใช้ในการคำนวณ

2.5.5 จำนวนการโคลน(Cloning size) คือ จำนวนของประชากรที่มีค่าคำตอบที่ดี ที่สุดของประชากรรุ่นก่อน ที่นำไปใช้ในรุ่นปัจจุบันตามวิธีการ elitist

การหาความน่าจะเป็นในการคลอสโอเวอร์และมิวเตชันในงานวิจัยนี้ นั้น จะทำการ ทดลองโดยแบ่งออกเป็น การทดลองทั้งหมด 16 การทดลอง แสดงได้ดังตารางที่ 3 โดยกำหนดให้ค่า ความน่าจะเป็นในการคลอสโอเวอร์มีค่าเป็น 0.6, 0.7, 0.8 และ 0.9 ส่วนความน่าจะเป็นในการมิว เตชันจะกำหนดให้มีค่าเป็น 0.01, 0.05, 0.1 และ 0.15 โดยในแต่ละการทดลองนั้นทำการกำหนดให้ ขนาดชิ้นงาน มีค่าตั้งแต่ 5-10 ขนาด และทำการทดลองซ้ำจำนวนทั้งหมด 10 ครั้ง เพื่อนำมาหา ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษสูญเสียที่เกิดขึ้น ซึ่งในการทดลองนั้นจะกำหนดให้จำนวนรุ่น มีค่าเท่ากับ 10 รุ่น เพื่อลดความผันแปรอันเกิดจากการวนซ้ำของวิธีการทางพันธุศาสตร์ เนื่องจากอาจทำให้ค่าได้ ขึ้นได้

ตารางที่ 3 ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษสูญเสียน้ำที่ได้จากงานวิจัย เมื่อกำหนดค่าความน่าจะเป็นในการคลอส โอเวอร์และมิวเตชันให้มีความแตกต่างกัน

ความน่าจะเป็นในการ คลอสโอเวอร์	ความน่าจะเป็นในการมิวเตชัน			
	0.01	0.05	0.1	0.15
0.6	6.68	7.802	6.75	6.71
0.7	6.28	6.147	6.543	6.23
0.8	6.41	6.778	6.467	6.45
0.9	6.993	6.873	6.77	7.15

จากตารางพบว่าค่าที่ดีที่สุดคือค่า 6.147 ดังนั้น ในงานวิจัยนี้จึงใช้ค่าความน่าจะเป็นในการมิวเตชันเท่ากับ 0.7 และ ความน่าจะเป็นในการคลอสโอเวอร์เท่ากับ 0.05

2.6 เงื่อนไขในการหยุดกระบวนการหาคำตอบ

ในการหยุดกระบวนการหาคำตอบของ วิธีการทางพันธุกรรม นั้นมีได้หลายวิธีด้วยกัน เช่น

2.6.1 ครบรอบการทำงานตามจำนวนรอบที่ได้กำหนดไว้

2.6.2 พบเป้าหมายหรือคำตอบที่ต้องการ

2.6.3 พบว่าคำตอบได้เริ่มลู่เข้าสู่คำตอบที่ดีที่สุด เช่น คำตอบที่ได้จากประชากรแบบไม่มีความเปลี่ยนแปลงหรือ คงที่เป็นจำนวนติดต่อกัน

ในงานวิจัยนี้ใช้เงื่อนไขการหยุดคือ ครบรอบการทำงานตามจำนวนรอบที่ได้กำหนดไว้ คือ ถ้าจำนวนรุ่นที่สร้างขึ้นมีจำนวนเท่ากับขนาดของรุ่น (Generation size) ที่ได้กำหนดไว้ให้หยุดการทำงานของกระบวนการ วิธีการทางพันธุกรรม และเมื่อค่าเปอร์เซ็นต์การสูญเสียน้ำของเศษมีค่าเท่ากับ 0 ซึ่งเป็นค่าที่ดีที่สุด นั่นคือกรณีที่ไม่มีเศษที่เกิดขึ้นจากการตัดวัสดุเกิดขึ้นเลย

การประยุกต์ใช้ขั้นตอนของ วิธีการทางพันธุกรรม ในงานวิจัยนี้ สามารถแสดงได้เป็น ขั้นตอนดังต่อไปนี้

1. กำหนดค่า พารามิเตอร์ที่เกี่ยวข้องในการแก้ปัญหา ดังนี้

- | | |
|------------------------------------|--------------------------------------------|
| 1.1 รุ่น (Generation) | = จำนวนมากที่สุด 100 รุ่น |
| 1.2 ประชากร (Population size) | = $2 \times n$ ประชากร โดย n คือจำนวนยีน |
| 1.3 ร้อยละการคลอสโอเวอร์ (P_c) | = 0.7 |
| 1.4 ร้อยละการกลายพันธุ์ (P_m) | = 0.05 |
| 1.5 จำนวนการ โคลน | = 2 |

2. สร้างประชากรเริ่มต้น โดยการสร้างประชากรในรอบแรกจะทำโดยการสุ่มสร้าง ประชากร (Populations) เท่ากับจำนวนประชากรที่กำหนดไว้ เพื่อแทนผังการจัดเรียงชิ้นงาน โดยใน ประชากรแต่ละตัวจะประกอบด้วยตัวเลขแทนลักษณะของชิ้นงาน เช่น 12333222111 เป็นต้น

3. หาค่าความแข็งแรงของแต่ละประชากร โดยทำการคำนวณหาค่าเปอร์เซ็นต์การสูญเสีย ของเศษในหลายๆประชากร เพื่อเป็นเกณฑ์ในการวัดความเหมาะสม โดยค่าเปอร์เซ็นต์การสูญเสีย ของเศษแต่ละตัวคำนวณจากสมการเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ย

4. ทำการจัดเรียงลำดับผลลัพธ์ ตามค่าคำตอบที่ดีที่สุดไปยังคำตอบที่ไม่ดี เพื่อคัดลอก ประชากรที่มีผลคำตอบที่ดีที่สุดไปยังประชากรรุ่นถัดไป เป็นจำนวนเท่ากับจำนวนการโคลน ตาม หลักการของกระบวนการ elitist

5. คัดเลือกประชากรพ่อ-แม่ โดยใช้วิธีการเลือกสรรแบบ roulette wheel โดยจะจากนั้นนำ ประชากรพ่อ-แม่ ที่ได้ไปใช้ในการแลกเปลี่ยนข้อมูลเพื่อให้กำเนิดประชากรรุ่นใหม่ต่อไป

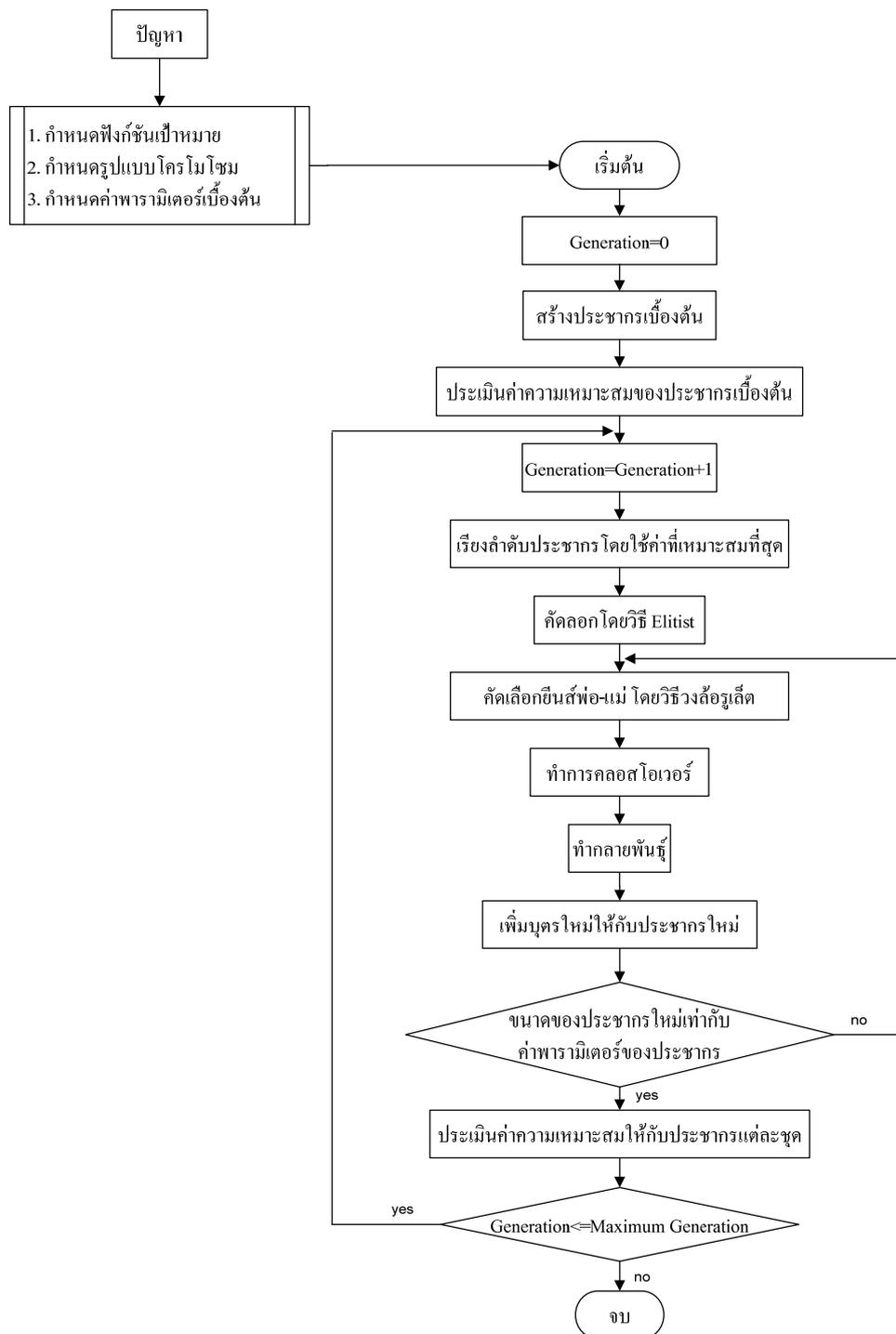
6. การแลกเปลี่ยนข้อมูลจะเป็นขั้นตอนที่ใช้สร้างประชากรรุ่นใหม่จากประชากรรุ่นเก่าโดย ใช้การจับคู่ประชากรพ่อ-แม่เพื่อแลกเปลี่ยนข้อมูลกัน ดังนั้นจากการแลกเปลี่ยนข้อมูลจึงทำให้ได้ ประชากรรุ่นใหม่จำนวน 2 ตัว โดยการแลกเปลี่ยนข้อมูลที่ใช้ คือ การการแลกเปลี่ยนแบบจุดเดียว (Single point crossover)

7. เมื่อได้ประชากรรุ่นใหม่ที่ได้ครบแล้ว ทำการสุ่มเพื่อให้เกิดการกลายพันธุ์ของข้อมูลในประชากรรุ่นใหม่

8. วนซ้ำการคำนวณตั้งแต่ข้อ 3 – 8 ไปเรื่อยๆ จนกระทั่งได้คำตอบที่ต้องการ

ขั้นตอนการทำงานของกระบวนการ วิธีการทางพันธุกรรม ที่นำมาประยุกต์ใช้ในงานวิจัย สามารถแสดงเป็นกระบวนการไหล (Flow Chart) ได้ดังภาพที่ 39

ในบทนี้ได้แสดงถึงขั้นตอนของวิธีการทางพันธุกรรมและการนำมาประยุกต์ใช้เพื่อเป็นกลไกการตัดสินใจในการจัดเรียงชิ้นงานสี่เหลี่ยมลงบนแผ่นวัตถุตามที่ต้องการ โดยจัดเรียงให้พื้นที่สูญเปล่าที่เกิดขึ้นหลังจากการจัดเรียง หรือเศษที่เกิดขึ้นจากการจัดชิ้นงานมีค่าน้อยที่สุด เพื่อให้เกิดประสิทธิภาพสูงสุดในการจัดเรียงชิ้นงาน



ภาพที่ 39 ผังการไหลของกระบวนการทางพันธุกรรม

ผลและวิจารณ์

1. การทดลอง

เพื่อทำการประเมินประสิทธิภาพของวิธีการที่พัฒนาขึ้น จะทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของวิธีการทางพันธุกรรมที่ใช้ในการแก้ปัญหาการตัดวัสดุในงานวิจัย กับโปรแกรม steelGA โดยทำการทดลองทั้งหมดจำนวน 3 การทดลอง และในแต่ละการทดลองแบ่งเป็นปัญหาย่อยจำนวน 10 การทดลอง โดยในการทดลองทั้ง 3 การทดลองนั้น กำหนดให้ขนาดชิ้นงานที่ต้องการ และแผ่นวัสดุมีค่าเท่ากัน ซึ่งในการทดลองจะใช้ค่าความเหมาะสมในการเปรียบเทียบค่าเพื่อวัดประสิทธิภาพ อธิบายลักษณะของวิธีการที่นำมาใช้ในการเปรียบเทียบกับผลที่ได้จากงานวิจัยได้ดังนี้

1.1 โปรแกรม steelGA

โปรแกรม steelGA เป็นระบบ โปรแกรมที่สนับสนุนการตัดสินใจในการออกแบบการตัดแบบกิโลตินแบบ 2 มิติ โดยในงานวิจัยนี้ (ปอง แซ่เหี้ย, 2549) ใช้กระบวนการวิธีการทางพันธุกรรม ในแก้ปัญหาไขปัญหาการตัดวัสดุโดยมีวัตถุประสงค์เพื่อนำระบบฐานข้อมูลของ โลหะแผ่นที่ตัดเหลือค้างและแผ่นโลหะแผ่นโลหะขนาดมาตรฐานทั่วไปที่อยู่ในคลังเชื่อมโยงกับโปรแกรมการออกแบบการตัด เพื่อนำไปจัดทำระบบโปรแกรมสนับสนุนการตัดสินใจในการออกแบบการตัดแบบสองมิติ โดยกำหนดให้ ชิ้นงานที่นำมาทดลองใน โปรแกรม มีขนาดแตกต่างกันสูงสุด 6 แบบ และขนาดของวัสดุมีขนาดเดียวกันตลอดการคำนวณของโปรแกรม

ข้อกำหนดเบื้องต้นของกระบวนการ วิธีการทางพันธุกรรม ในการแก้ไขปัญหามีสามารถอธิบายรายละเอียด ได้ดังนี้

1.1.1 ในการกำหนดรูปแบบโครโมโซมที่ใช้เพื่อแสดงรายละเอียดในการแก้ไขปัญหามีการใช้การเข้ารหัส(encoding) แบบไบนารี โดยกำหนดให้ 1 แทนยีนปรกติที่ไม่ได้มีการหมุนชิ้นงาน ส่วน 0 แทนยีนที่มีการหมุนชิ้นงาน

1.1.2 การสร้างประชากรเริ่มต้น(Initial Population) ใช้การสุ่มแบบมีเงื่อนไข โดยทำการสุ่มชิ้นงานลงบนแผ่นวัสดุคิบ โดยใช้รูปแบบการจัดเรียงเป็นแบบลงล่างชิดซ้าย เมื่อจัดเรียงชิ้นงานแรกแล้ว ชิ้นงานต่อไปที่จะทำการจัดเรียง จะใช้วิธีสุ่มแบบมีเงื่อนไข คือ ชิ้นงานที่เหลือมีขนาดเดียวกับชิ้นงานที่จัดเรียงไปก่อนหน้า ให้ทำการเลือกชิ้นงานที่มีขนาดเท่ากันนั้นมาจัดเรียงลงบนแผ่นวัสดุคิบ หรือถ้าไม่มีชิ้นงานขนาดเท่ากัน ให้เลือกสุ่มชิ้นงานที่มีความกว้างของชิ้นงานเท่ากันกับชิ้นงานก่อนหน้าจัดเรียงลงบนแผ่นวัสดุคิบเป็นอันดับต่อไป โดยทำการสุ่มชิ้นงานไปเรื่อยๆ จนชิ้นงานทั้งหมดถูกจัดเรียงลงบนแผ่นวัสดุคิบครบตามจำนวนที่ต้องการ

1.1.3 การคำนวณค่าความเหมาะสม เพื่อใช้สำหรับประเมินประสิทธิภาพของคำตอบ สามารถคำนวณได้ตามสมการเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ยซึ่งเป็นสมการเดียวกับงานวิจัยนี้

1.1.4 ตัวดำเนินการทางพันธุกรรม(Genetic operator) ใช้เพื่อพัฒนาองค์ประกอบของประชากรลูก แสดงรายละเอียดได้ดังนี้

1.1.4.1 กระบวนการคัดเลือกสายพันธุ์ในรุ่นปัจจุบันเพื่อพัฒนาเป็นรุ่นต่อไป ใช้วิธีการคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต

1.1.4.2 กระบวนการสลับสายพันธุ์ เพื่อสร้างโครโมโซมใหม่ นั้นใช้วิธีการเลือกยีนจากประชากรพ่อและแม่ขึ้นมาแบบสุ่ม

1.1.4.3 กระบวนการกลายพันธุ์ ใช้วิธีการกลายพันธุ์โดยหมุนชิ้นงาน สลับความกว้างและความยาวของชิ้นงาน โดยมีข้อกำหนดคือ จะหมุนชิ้นงานได้ต่อเมื่อความยาวชิ้นงานมีค่าน้อยกว่าหรือเท่ากับความกว้างของแถวที่ชิ้นงานนั้นวางอยู่ และกรณีที่ชิ้นงานหมุนแล้วความยาวต้องไม่เกินความยาวของวัสดุคิบ

1.1.4.4 ค่าพารามิเตอร์ที่ใช้ในการแก้ปัญหาคัดวัสดุในกระบวนการ วิธีการทางพันธุกรรม สามารถแสดงได้ดังตารางที่ 4

ตารางที่ 4 พารามิเตอร์ที่ใช้ในการแก้ปัญหาการตัดแบบสองมิติโดยใช้วิธีการทางพันธุกรรม

พารามิเตอร์	ค่า
รุ่น	มีค่ามากกว่า 50 รุ่น
ประชากร	มีค่ามากกว่า 100 ประชากร
ร้อยละการโคลน	0.1
ร้อยละการคลอสโอเวอร์	0.9
ร้อยละการกลายพันธุ์	0.1

1.1.4.4.1 ร้อยละการโคลน คือ ร้อยละประชากรที่มีค่าคำตอบที่ดีที่สุดของประชากรรุ่นก่อนเพื่อที่จะนำมาอยู่ในรุ่นปัจจุบัน ซึ่งร้อยละการโคลนมีค่าเท่ากับ 1- ร้อยละการคลอสโอเวอร์

1.1.4.4.2 ร้อยละการคลอสโอเวอร์ คือ ร้อยละของประชากร ที่สร้างขึ้นโดยวิธีการคลอสโอเวอร์ เพื่อควบคุมให้จำนวนประชากรในแต่ละรุ่นมีค่าคงที่

1.1.4.4.3 ร้อยละการกลายพันธุ์ คือ ร้อยละของเลขสุ่มที่ใช้ในการตัดสินการทำงานในกระบวนการเปลี่ยนแปลงยีน 1 ตัว หรือมากกว่า ของประชากรที่ถูกเลือก

2. การทดสอบสมมติฐานทางสถิติ

ในงานวิจัยนี้ใช้การทดสอบสมมติฐานทางสถิติด้วยสถิติที่ไม่ใช้พารามิเตอร์ ซึ่งข้อมูลที่จะนำมาเพื่อวิเคราะห์ด้วยสถิติที่ไม่ใช้พารามิเตอร์ จะต้องมีหลักเกณฑ์สอดคล้องอย่างน้อยเกณฑ์หนึ่งจากหลักเกณฑ์ต่อไปนี้

ข้อมูลทางสถิติที่นำมาวิเคราะห์เป็นจำนวนนับ เช่น ข้อมูลที่เป็นความถี่ของกลุ่มต่างๆ ของตารางแจกแจงความถี่

- วิธีการที่ใช้กับข้อมูลที่มีลักษณะเป็นความถี่ หรือมีมาตรวัดแบบนามบัญญัติ
- วิธีการที่ใช้กับข้อมูลที่มีลักษณะเป็นลำดับที่ หรือมีมาตรวัดแบบเรียงลำดับ

- เป็นการอ้างอิงที่ไม่เกี่ยวกับค่าพารามิเตอร์ของประชากร เช่น สมมติฐานเกี่ยวกับความเป็นสุ่ม

- การแจกแจงของประชากรที่ตัวอย่างถูกสุ่มมาไม่จำเป็นต้องทราบรายละเอียด

ดังนั้นวิธีการของสถิติที่ไม่ใช้พารามิเตอร์เป็นวิธีการทางสถิติที่ถูกลำเอียงมาใช้แทนวิธีการทางสถิติที่ใช้พารามิเตอร์ เมื่อไม่แน่ใจเกี่ยวกับลักษณะการแจกแจงของประชากร หรือข้อมูลที่นำมาวิเคราะห์มีลักษณะเป็นความถี่หรือลำดับที่ โดยสามารถมีลักษณะคล้ายกับสถิติที่ใช้พารามิเตอร์ คือ การทดสอบสมมติฐาน การประมาณค่าพารามิเตอร์ รวมทั้งยังสามารถให้คำตอบในปัญหาต่างๆที่เป็นการสรุปผล ที่ไม่เกี่ยวกับค่าพารามิเตอร์ของประชากรโดยตรง ซึ่งในขณะนี้สถิติที่ใช้พารามิเตอร์ไม่สามารถให้คำตอบได้ ในงานวิจัยนี้ใช้การทดสอบทางสถิติที่ไม่ใช้พารามิเตอร์ดังต่อไปนี้

2.1 การทดสอบของ Man-Whitney

บางครั้งเรียกว่า Man-Whitney U Test หรือ Man-Whitney-Willcoxon Test การทดสอบนี้เป็นการทดสอบว่าประชากรสองกลุ่มมีค่ามัธยฐานแตกต่างกันหรือไม่ โดยข้อมูลประกอบด้วยตัวอย่างสุ่ม คือค่า X_1, X_2, \dots, X_{n_1} จากประชากรที่ 1 และค่า Y_1, Y_2, \dots, Y_{n_2} จากประชากรที่ 2 ซึ่งเป็นอิสระกัน

การทดสอบทางสมมติฐาน ถ้าให้ M_x และ M_y แทนค่ามัธยฐานของประชากรที่ 1 และ 2 ตามลำดับ อาจทำการทดสอบสองหางหรือหางเดียว ได้ดังนี้

$$H_0 : M_x = M_y$$

$$H_1 : M_x \neq M_y$$

หรือ $H_0 : M_x \geq M_y$

$$H_1 : M_x < M_y$$

หรือ $H_0 : M_x \leq M_y$

$$H_1 : M_x > M_y$$

ในการวิเคราะห์ค่า สามารถวิเคราะห์ได้โดยนำค่า p-value ที่ได้จากโปรแกรม minitab มาทำการเปรียบเทียบค่า กับระดับนัยสำคัญ (α) ที่กำหนดไว้ และจะปฏิเสธสมมติฐานหลักเมื่อค่า p-value มีค่าน้อยกว่าหรือเท่ากับระดับนัยสำคัญ

2.2 การทดสอบของครัสคาลและวอลลิส

ใช้ทดสอบว่า ประชากร k กลุ่มมีค่ามัธยฐานเท่ากันหรือไม่ โดยมีวิธีการสำคัญคือ ค่าคาดหวังของลำดับที่ของข้อมูลตัวอย่างแต่ละกลุ่ม ควรมีค่าพอกๆกัน ข้อมูลที่นำมาทดสอบ ประกอบด้วยข้อมูลจากตัวอย่างสุ่ม k ชุด แต่ละชุดอาจจะมีขนาดตัวอย่างแตกต่างกัน ข้อมูลที่จะใช้วิเคราะห์ต้องมีมาตรวัดอย่างน้อยเป็นแบบเรียงลำดับ (Ordinal Scale) และมีการแจกแจงแบบต่อเนื่อง สมมติฐานที่ใช้ในการทางสถิติ คือ

H_0 : ค่ามัธยฐานของประชากร k กลุ่มไม่แตกต่างกัน

H_1 : ค่ามัธยฐานของประชากรอย่างน้อย 1 คู่แตกต่างกัน

ในการวิเคราะห์ค่า สามารถวิเคราะห์ได้โดยนำค่า p-value ที่ได้จากโปรแกรม minitab มาทำการเปรียบเทียบค่า กับระดับนัยสำคัญ (α) ที่กำหนดไว้ และจะปฏิเสธสมมติฐานหลักเมื่อค่า p-value มีค่าน้อยกว่าหรือเท่ากับระดับนัยสำคัญ

3. ผลการทดลอง

ในงานวิจัยนี้ทำการทดลองเพื่อวัดประสิทธิภาพ โดยทำเปรียบเทียบประสิทธิภาพของผลที่จากงานวิจัยและ โปรแกรม steelGA โดยใช้ค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียเป็นตัววัดประสิทธิภาพ ซึ่งจะทำการทดลองจำนวนทั้งหมด 30 การทดลอง โดยแบ่งออกเป็น 3 การทดลองใหญ่ คือ การทดลองแรกกำหนดให้ จำนวนชิ้นงานในแต่ละขนาดมีค่าระหว่าง 1-9 ชิ้น การทดลองที่สอง กำหนดให้จำนวนชิ้นงานที่ทำการทดลองมีจำนวนชิ้นงานเพิ่มเป็น 5 เท่าของการทดลองแรก และการทดลองที่สาม กำหนดให้จำนวนชิ้นงานที่ทำการทดลองมีจำนวนเพิ่มเป็น 10 เท่าของการทดลองแรก โดยในแต่ละการทดลองนั้นจะถูกแบ่งออกเป็นปัญหาย่อยจำนวน 10 ปัญหา คือในแต่ละปัญหาย่อยจะถูกกำหนดให้ขนาดของชิ้นงานมีค่าแตกต่างกันตั้งแต่กันออกไป โดยขนาดชิ้นงานจะมีค่าแตกต่างกันตั้งแต่ 1 ถึง 10 ขนาด ซึ่งในการทำการทดลองนั้นจะกำหนดให้ขนาดแผ่นวัตถุดิบมีขนาดเดียวกัน

ทุกการทดลอง คือมีขนาด 500 มม. × 1000 มม. ส่วนการกำหนดขนาดของชิ้นงานในการทดลอง ได้แก่ ความกว้างของชิ้นงาน ความยาวของชิ้นงาน และจำนวนชิ้นงาน จะถูกกำหนดโดยการสุ่ม โดยจะสุ่มค่าจำนวน 3 ครั้ง เพื่อทำการทดลองซ้ำ 3 ครั้งในแต่ละปัญหา และนำมาหาผลเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์ของเศษที่สูญเสียและเวลาที่ใช้ในการดำเนินงาน ซึ่งผลที่ได้จากการทดลองสามารถแสดงรายละเอียดได้ดังต่อไปนี้

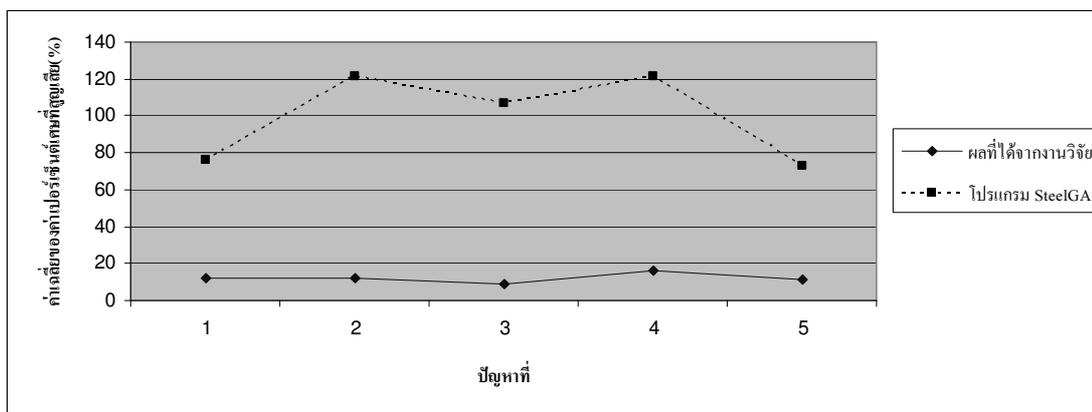
3.1 ผลการวิเคราะห์ค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียในการทดลองที่ 1

ตารางที่ 5 ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากการทดลองที่ 1 โดยใช้แผ่นวัสดุขนาด 500 มม. × 1000 มม.

ปัญหาที่	ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสีย(%)	
	ผลที่ได้จากงานวิจัย	โปรแกรม steelGA
1	12.00	76.00
2	12.00	121.00
3	8.92	106.75
4	16.32	121.30
5	11.39	72.50

จากตารางที่ 5 แสดงค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA เมื่อกำหนดให้แผ่นวัสดุมีขนาด 500 มม. × 1000 มม. โดยในแต่ละปัญหานั้น กำหนดให้รูปแบบของชิ้นงานมีค่าเพิ่มมากขึ้นเรื่อยๆ จนรูปแบบของชิ้นงานมีขนาดแตกต่างกันสูงสุดจำนวน 10 ชิ้นงาน โดยจำนวนชิ้นงานในแต่ละขนาดมีค่าระหว่าง 1-9 ชิ้น

เนื่องจากในงานวิจัยสามารถจัดเรียงวัสดุลงบนแผ่นวัสดุได้เป็นจำนวนที่มากกว่า โดยสามารถจัดเรียงชิ้นงานในขนาดที่แตกต่างกันได้จำนวน 10 ขนาด ซึ่งในโปรแกรม steelGA สำหรับการทดลองนี้นั้น สามารถจัดเรียงชิ้นงานในขนาดที่แตกต่างกันได้จำนวน 5-6 ขนาดเท่านั้น ดังนั้นในการเปรียบเทียบจึงใช้ปัญหาจำนวน 5 ปัญหาในการเปรียบเทียบผลการวิจัย



ภาพที่ 40 ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์แรงเฉือนที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 1

จากภาพที่ 40 เป็นกราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์แรงเฉือนที่สูญเสียที่เกิดจากการจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่นวัสดุคืบในการทดลองที่ 1 พบว่าเมื่อนำค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์แรงเฉือนที่สูญเสียที่เกิดขึ้นจากการทดลองในงานวิจัยมาทำการเปรียบเทียบกับโปรแกรม steelGA ทำให้ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์แรงเฉือนที่สูญเสียที่เกิดขึ้นจากการทดลองในงานวิจัยมีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์แรงเฉือนที่สูญเสียที่เกิดจากโปรแกรม steelGA สรุปได้ว่าค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์แรงเฉือนที่สูญเสียที่เกิดขึ้นจากการทดลองในงานวิจัยมีค่าที่ดีกว่า

Mann-Whitney Test and CI: DBP1, DBP2		
	N	Median
DBP1	5	12.00
DBP2	5	106.75
Point estimate for ETA1-ETA2 is -94.75		
96.3 Percent CI for ETA1-ETA2 is (-109.92,-60.49)		
W = 15.0		
Test of ETA1 = ETA2 vs ETA1 < ETA2 is significant at 0.0061		
The test is significant at 0.0060 (adjusted for ties)		

ภาพที่ 41 ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์แรงเฉือนที่สูญเสียโดยใช้วิธีการของ Mann-Whitney ในการทดลองที่ 1

สมมติฐาน

H_0 : ค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 1 มีค่าไม่แตกต่างกัน

H_1 : ค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากงานวิจัยมีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 1

เพื่อทำการเปรียบเทียบค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 1 ว่าค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยมีค่าดีกว่าค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากโปรแกรม steelGA หรือไม่ ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 เราจะเลือกใช้วิธีการทดสอบของ Man-Whitney เนื่องจากต้องการเปรียบเทียบค่าตัวอย่าง 2 กลุ่มที่เป็นอิสระกัน

จากภาพที่ 41 เมื่อทำการทดสอบสมมติฐานเพื่อตรวจสอบความสัมพันธ์ของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียของงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 1 โดยใช้โปรแกรม minitab พบว่า ค่า p-value มีค่าเท่ากับ 0.0060 เมื่อนำมาเปรียบเทียบกับระดับนัยสำคัญที่กำหนดให้ มีค่าเท่ากับ 0.05 พบว่ามีค่าน้อยกว่า ดังนั้นจึงปฏิเสธสมมติฐานหลัก นั่นคือ ค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัย มีค่าน้อยกว่า ค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 1 สรุปได้ว่า การจัดเรียงชิ้นงานสี่เหลี่ยมขนาดเล็กลงบนแผ่นวัสดุคิบโดยใช้โปรแกรมที่จัดทำขึ้นมาในงานวิจัยนี้มีประสิทธิภาพมากกว่า

3.2 ผลการวิเคราะห์ค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียในการทดลองที่ 2

ตารางที่ 6 ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากการทดลองที่ 2 โดยใช้แผ่นวัสดุคิบขนาด 500 มม. × 1000 มม.

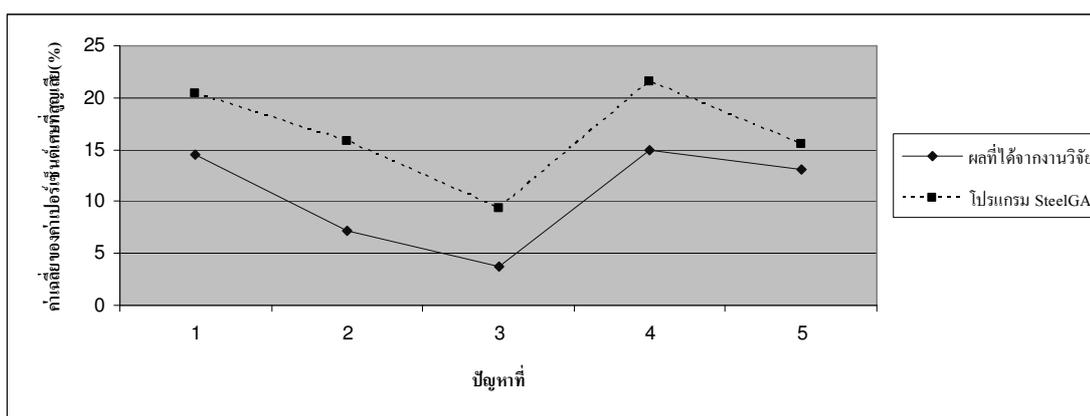
การทดลองที่	ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสีย(%)	
	ผลที่ได้จากงานวิจัย	โปรแกรม steelGA
1	14.50	20.33
2	7.17	15.83

ตารางที่ 6 ต่อ

การทดลองที่	ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสีย(%)	
	ผลที่ได้จากงานวิจัย	โปรแกรม steelGA
3	3.75	9.31
4	14.90	21.57
5	13.04	15.53

จากตารางที่ 6 แสดงค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA เมื่อกำหนดให้แผ่นวัสดุคืบมีขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. โดยในแต่ละปัญหา นั้น กำหนดให้รูปแบบของชิ้นงานมีค่าเพิ่มมากขึ้นเรื่อยๆ จนรูปแบบของชิ้นงานมีขนาดแตกต่างกัน สูงสุดจำนวน 10 ชิ้นงาน โดยจำนวนชิ้นงานในการทดลองนี้มีขนาดเป็น 5 เท่าของการทดลองที่ 1

เนื่องจากในงานวิจัยสามารถจัดเรียงวัสดุลงบนแผ่นวัสดุคืบได้เป็นจำนวนที่มากกว่า โดยสามารถจัดเรียงชิ้นงานในขนาดที่แตกต่างกันได้จำนวน 10 ขนาด ซึ่งใน โปรแกรม steelGA สำหรับการทดลองนี้นั้นสามารถจัดเรียงชิ้นงานในขนาดที่แตกต่างกันได้จำนวน 5 ขนาดเท่านั้น ดังนั้นในการเปรียบเทียบจึงใช้ปัญหาจำนวน 5 ปัญหาในการเปรียบเทียบผลการวิจัย



ภาพที่ 42 ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 2

จากภาพที่ 42 เป็นกราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่เกิดจากการจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่นวัสดุคืบในการทดลองที่ 2 พบว่าเมื่อนำค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์ของเศษที่สูญเสียที่เกิดขึ้นจากการทดลองในงานวิจัยมาทำการเปรียบเทียบกับ โปรแกรม steelGA ทำให้ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่เกิดขึ้นจากการทดลองในงานวิจัยมีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่เกิดขึ้นจากโปรแกรม steelGA สรุปได้ว่าค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์ของเศษที่สูญเสียที่เกิดขึ้นจากการทดลองในงานวิจัยมีค่าที่ดีกว่า

Mann-Whitney Test and CI: DBP1, DBP2		
	N	Median
DBP1	5	13.04
DBP2	5	15.83
Point estimate for ETA1-ETA2 is -5.83		
96.3 Percent CI for ETA1-ETA2 is (-14.40,3.73)		
W = 18.0		
Test of ETA1 = ETA2 vs ETA1 < ETA2 is significant at 0.0301		

ภาพที่ 43 ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียโดยใช้วิธีการของ Mann-Whitney ในการทดลองที่ 2

สมมติฐาน

H_0 : ค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 2 มีค่าไม่แตกต่างกัน

H_1 : มีค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากงานวิจัยมีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 2

เพื่อทำการเปรียบเทียบค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยและ โปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 2 ว่าค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยมีค่าดีกว่าค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากโปรแกรม steelGA หรือไม่ ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 เราจะเลือกใช้วิธีการทดสอบของ Man-Whitney เนื่องจากต้องการเปรียบเทียบค่าตัวอย่าง 2 กลุ่มที่เป็นอิสระกัน

จากภาพที่ 43 เมื่อทำการทดสอบสมมติฐานเพื่อดูความสัมพันธ์ของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียของงานวิจัยและ โปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 2 โดยใช้โปรแกรม minitab พบว่า ค่า

p-value มีค่าเท่ากับ 0.0301 เมื่อนำมาเปรียบเทียบกับระดับนัยสำคัญที่กำหนดให้มีค่าเท่ากับ 0.05 พบว่ามีค่าน้อยกว่า ดังนั้นจึงปฏิเสธสมมติฐานหลัก นั่นคือ ค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัย มีค่าน้อยกว่า ค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 2 สรุปได้ว่า การจัดเรียงชิ้นงานสี่เหลี่ยมขนาดเล็กลงบนแผ่นวัสดุคิบ โดยใช้โปรแกรมที่จัดทำขึ้นมาในงานวิจัยนี้มีประสิทธิภาพมากกว่า

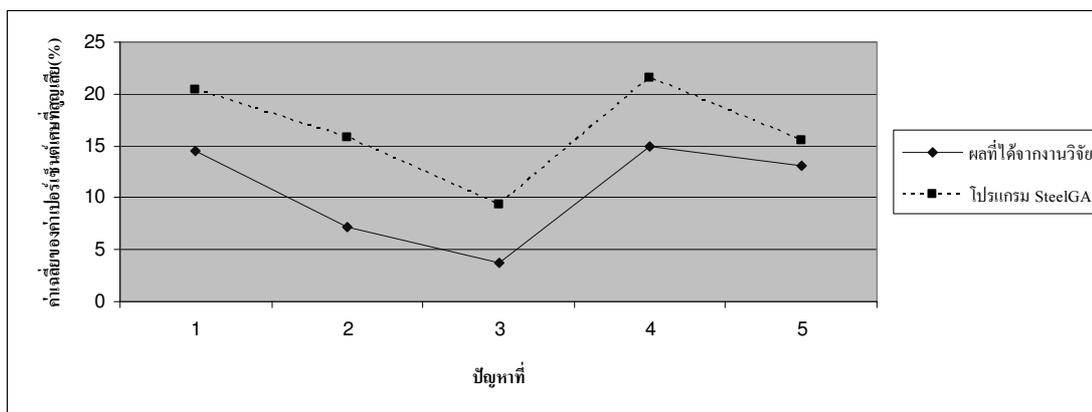
3.3 ผลการวิเคราะห์ค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียในการทดลองที่ 3

ตารางที่ 7 ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากการทดลองที่ 3 โดยใช้แผ่นวัสดุคิบขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม.

การทดลองที่	ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสีย(%)	
	ผลที่ได้จากงานวิจัย	โปรแกรม steelGA
1	14.86	16.76
2	6.45	16.97
3	6.54	14.45
4	13.36	16.57

จากตารางที่ 7 แสดงค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA เมื่อกำหนดให้แผ่นวัสดุคิบมีขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. โดยในแต่ละปัญหานั้น กำหนดให้รูปแบบของชิ้นงานมีค่าเพิ่มมากขึ้นเรื่อยๆ จนรูปแบบของชิ้นงานมีขนาดแตกต่างกันสูงสุดจำนวน 10 ชิ้นงาน โดยจำนวนชิ้นงานในการทดลองนี้มีขนาดเป็น 10 เท่าของการทดลองที่ 1

เนื่องจากในงานวิจัยสามารถจัดเรียงวัสดุลงบนแผ่นวัสดุคิบได้จำนวนที่มากกว่าโดยสามารถจัดเรียงชิ้นงานในขนาดที่แตกต่างกันได้จำนวน 10 ขนาด ซึ่งในโปรแกรม steelGA สำหรับการทดลองนี้นั้นสามารถจัดเรียงชิ้นงานในขนาดที่แตกต่างกันได้จำนวน 4-5 ขนาดเท่านั้น ดังนั้นในการเปรียบเทียบจึงใช้ปัญหาจำนวน 4 ปัญหาในการเปรียบเทียบผลการวิจัย



ภาพที่ 44 ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 3

จากภาพที่ 44 เป็นกราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่เกิดจากการจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่นวัสดุคืบในการทดลองที่ 3 พบว่าเมื่อนำค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่เกิดขึ้นจากการทดลองในงานวิจัยมาทำการเปรียบเทียบกับโปรแกรม steelGA ทำให้ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่เกิดขึ้นจากการทดลองในงานวิจัยมีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่เกิดจากโปรแกรม steelGA สรุปได้ว่าค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่เกิดขึ้นจากการทดลองในงานวิจัยมีค่าที่ดีกว่า

Mann-Whitney Test and CI: DBP1, DBP2		
	N	Median
DBP1	4	9.950
DBP1	4	16.665
Point estimate for ETA1-ETA2 is -5.758		
97.0 Percent CI for ETA1-ETA2 is (-10.515,0.408)		
W = 11.0		
Test of ETA1 = ETA2 vs ETA1 < ETA2 is significant at 0.0303		

ภาพที่ 45 ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียโดยใช้วิธีการของ Mann-Whitney ในการทดลองที่ 3

สมมติฐาน

H_0 : ค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากงานวิจัยและโปรแกรมsteelGAในการทดลองที่ 3 มีค่า ไม่แตกต่างกัน

H_1 : มีค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากงานวิจัยมีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียจากโปรแกรมsteelGA ในการทดลองที่ 3

เพื่อทำการเปรียบเทียบค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยและ โปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 2 ว่าค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัยมีค่าดีกว่าค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จาก โปรแกรม steelGA หรือไม่ ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 เราจะเลือกใช้วิธีการทดสอบของ Man-Whitney เนื่องจากต้องการเปรียบเทียบค่าตัวอย่าง 2 กลุ่มที่เป็นอิสระกัน

จากภาพที่ 45 เมื่อทำการทดสอบสมมติฐานเพื่อตรวจสอบความสัมพันธ์ของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียของงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 3 โดยใช้โปรแกรม minitab พบว่า ค่า p-value มีค่าเท่ากับ 0.0303 เมื่อนำมาเปรียบเทียบกับ ระดับนัยสำคัญที่กำหนดให้มีค่าเท่ากับ 0.05 พบว่ามีค่าน้อยกว่า ดังนั้นจึงปฏิเสธสมมติฐานหลัก นั่นคือ ค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัย มีค่าน้อยกว่า ค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จาก โปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 3 สรุปได้ว่า การจัดเรียงชิ้นงานสี่เหลี่ยมขนาดเล็กลงบนแผ่นวัสดุคิบโดยใช้โปรแกรมที่จัดทำขึ้นมาในงานวิจัยนี้มีประสิทธิภาพมากกว่า

3.4. ผลการวิเคราะห์ค่าเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานในการทดลองที่ 1

ตารางที่ 8 ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานจากการทดลองที่ 1 โดยใช้แผ่นวัสดุคิบขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม.

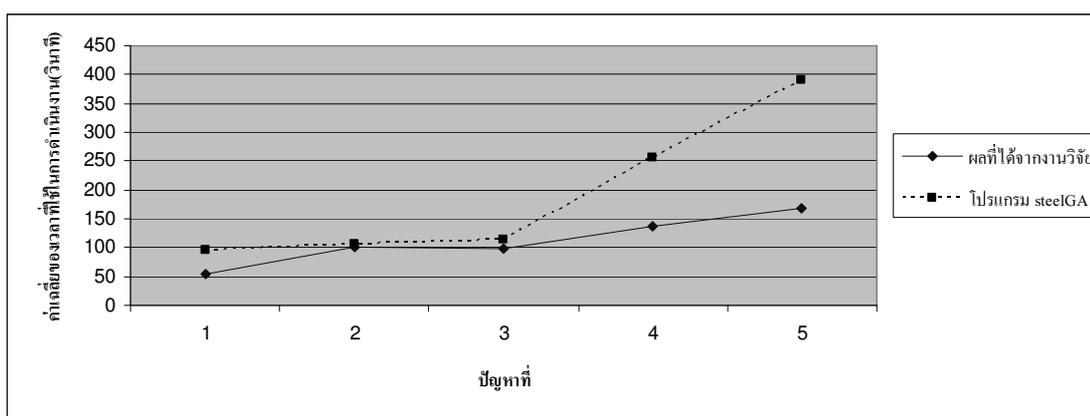
การทดลองที่	ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงาน(วินาที)	
	ผลที่ได้จากงานวิจัย	โปรแกรม steelGA
1	54	96
2	101	107

ตารางที่ 8 ต่อ

การทดลองที่	ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงาน(วินาที)	
	ผลที่ได้จากงานวิจัย	โปรแกรม steelGA
3	98	113
4	138	255
5	169	390

จากตารางที่ 8 แสดงค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA เมื่อกำหนดให้แผ่นวัสดุคิบมีขนาด 500 ม.ม.× 1000 ม.ม. โดยในแต่ละปัญหานั้น กำหนดให้รูปแบบของชิ้นงานมีค่าเพิ่มมากขึ้นเรื่อยๆ จนรูปแบบของชิ้นงานมีขนาดแตกต่างกันสูงสุดจำนวน 10 ชิ้นงาน โดยจำนวนชิ้นงานในแต่ละขนาดมีค่าระหว่าง 1-9 ชิ้น

เนื่องจากในงานวิจัยสามารถจัดเรียงวัสดุลงบนแผ่นวัสดุคิบได้จำนวนที่มากกว่าโดยสามารถจัดเรียงชิ้นงานในขนาดที่แตกต่างกันได้จำนวน 10 ขนาด ซึ่งใน โปรแกรม steelGA สำหรับการทดลองนี้นั้นสามารถจัดเรียงชิ้นงานในขนาดที่แตกต่างกันได้จำนวน 5-6 ขนาดเท่านั้น ดังนั้นในการเปรียบเทียบจึงใช้ปัญหาจำนวน 5 ปัญหาในการเปรียบเทียบผลการวิจัย



ภาพที่ 46 ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 1

จากภาพที่ 46 เป็นกราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานในการทดลองที่ 1 พบว่าเมื่อนำค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่เกิดขึ้นจากการงานวิจัยมาทำการเปรียบเทียบกับโปรแกรม steelGA ทำให้ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ดำเนินงานในงานวิจัยมีค่าน้อยกว่าค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ดำเนินงานใน โปรแกรม steelGA สรุปได้ว่าเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัยมีค่าที่ต่ำกว่าทุกปัญหา ซึ่งเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานทั้งสองแตกต่างกันเล็กน้อย

Mann-Whitney Test and CI: DBP1, DBP2		
	N	Median
DBP1	5	101.0
DBP2	5	113.0
Point estimate for ETA1-ETA2 is -42.0		
96.3 Percent CI for ETA1-ETA2 is (-289.0,56.0)		
W = 23.0		
Test of ETA1 = ETA2 vs ETA1 not = ETA2 is significant at 0.4034		

ภาพที่ 47 ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของเวลาในการดำเนินงาน โดยใช้วิธีการของ Mann-Whitney ในการทดลองที่ 1

สมมติฐาน

H_0 : ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานจากงานวิจัยและsteelGA ในการทดลองที่ 1 มีค่าไม่แตกต่างกัน

H_1 : ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานจากงานวิจัยและsteelGA ในการทดลองที่ 1 มีค่าแตกต่างกัน

เพื่อทำการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 1 ว่าเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัยมีค่าแตกต่างจากเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากโปรแกรม steelGA หรือไม่ ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 เราจะเลือกใช้วิธีการทดสอบของ Man-Whitney เนื่องจากต้องการเปรียบเทียบค่าตัวอย่าง 2 กลุ่มที่เป็นอิสระกัน

จากภาพที่ 47 เมื่อทำการทดสอบสมมติฐานเพื่อตรวจสอบความสัมพันธ์ของค่าเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานของงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 1 โดยใช้โปรแกรม minitab พบว่าค่า p-value มีค่าเท่ากับ 0.4034 เมื่อนำมาเปรียบเทียบกับระดับนัยสำคัญที่กำหนดให้มีค่าเท่ากับ 0.05 พบว่ามีค่ามากกว่า ดังนั้นจึงยอมรับสมมติฐานหลัก นั่นคือ ค่าเฉลี่ยของเวลาในการดำเนินงานจากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 1 มีค่าไม่แตกต่างกัน

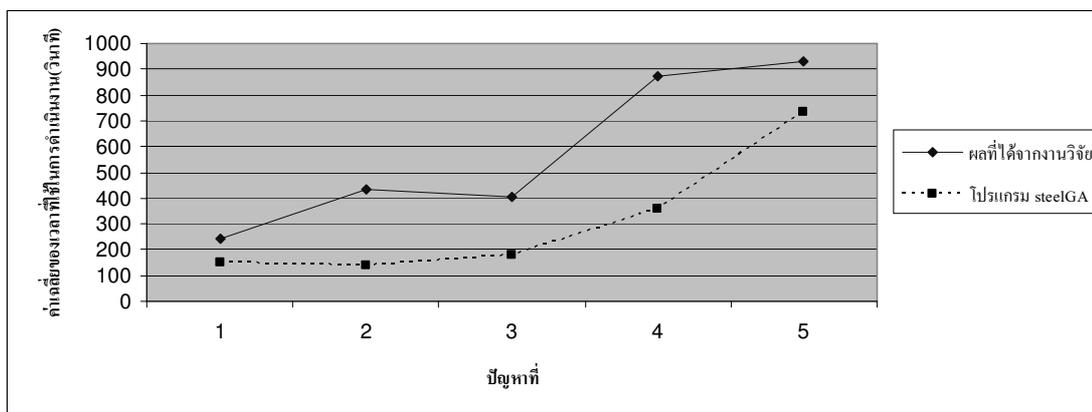
3.5 ผลการวิเคราะห์ค่าเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานในการทดลองที่ 2

ตารางที่ 9 ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานจากการทดลองที่ 2 โดยใช้แผ่นวัสดุคิบขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม.

การทดลองที่	ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงาน(วินาที)	
	ผลที่ได้จากงานวิจัย	โปรแกรม steelGA
1	240	151
2	434	141
3	402	180
4	874	360
5	933	734

จากตารางที่ 9 แสดงค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA เมื่อกำหนดให้แผ่นวัสดุคิบมีขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. โดยในแต่ละปัญหานั้น กำหนดให้รูปแบบของชิ้นงานมีค่าเพิ่มมากขึ้นเรื่อยๆ จนรูปแบบของชิ้นงานมีขนาดแตกต่างกันสูงสุดจำนวน 10 ชิ้นงาน โดยจำนวนชิ้นงานในการทดลองนี้มีขนาดเป็น 5 เท่าของการทดลองที่ 1

เนื่องจากในงานวิจัยสามารถจัดเรียงวัสดุลงบนแผ่นวัสดุคิบได้จำนวนที่มากกว่าโดยสามารถจัดเรียงชิ้นงานในขนาดที่แตกต่างกันได้จำนวน 10 ขนาด ซึ่งในโปรแกรม steelGA สำหรับการทดลองนี้นั้นสามารถจัดเรียงชิ้นงานในขนาดที่แตกต่างกันได้จำนวน 5 ขนาดเท่านั้น ดังนั้นในการเปรียบเทียบจึงใช้ปัญหาจำนวน 5 ปัญหาในการเปรียบเทียบผลการวิจัย



ภาพที่ 48 ค่าเฉลี่ยของที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัยและ โปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 2

จากภาพที่ 48 เป็นกราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานในการทดลองที่ 2 พบว่าเมื่อนำค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่เกิดขึ้นจากการงานวิจัยมาทำการเปรียบเทียบกับโปรแกรม steelGA ทำให้ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ดำเนินงานในงานวิจัยมีค่ามากกว่าค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ดำเนินงานในโปรแกรม steelGA แต่เวลาที่ใช้ในการดำเนินงานของทั้ง 2 วิธี มีความแตกต่างกันในเวลาเพียงเล็กน้อย

Mann-Whitney Test and CI: DBP1, DBP2		
	N	Median
DBP1	5	434.0
DBP2	5	180.0
Point estimate for ETA1-ETA2 is 251.0		
96.3 Percent CI for ETA1-ETA2 is (-299.9,753.1)		
W = 36.0		
Test of ETA1 = ETA2 vs ETA1 not = ETA2 is significant at 0.0947		

ภาพที่ 49 ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของเวลาในการดำเนินงาน โดยใช้วิธีการของ Mann-Whitney ในการทดลองที่ 2

สมมติฐานที่

H_0 : ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานจากงานวิจัยและsteelGAในการทดลองที่ 2 มีค่าไม่แตกต่างกัน

H_1 : ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานจากงานวิจัยและsteelGAในการทดลองที่ 2 มีค่าแตกต่างกัน

เพื่อทำการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 2 ว่าเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัยมีค่าแตกต่างจากเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากโปรแกรม steelGA หรือไม่ ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 เราจะเลือกใช้วิธีการทดสอบของ Man-Whitney เนื่องจากต้องการเปรียบเทียบค่าตัวอย่าง 2 กลุ่มที่เป็นอิสระกัน

จากภาพที่ 49 เมื่อทำการทดสอบสมมติฐานเพื่อดูความสัมพันธ์ของค่าเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานของงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 2 โดยใช้โปรแกรม minitab พบว่าค่า p-value มีค่าเท่ากับ 0.0947 เมื่อนำมาเปรียบเทียบกับ ักับระดับนัยสำคัญที่กำหนดให้ มีค่าเท่ากับ 0.05 พบว่ามีค่ามากกว่า ดังนั้นจึงยอมรับสมมติฐานหลัก นั่นคือ ค่าเฉลี่ยของเวลาในการดำเนินงานจากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 2 มีค่าไม่แตกต่างกัน

3.6 ผลการวิเคราะห์ค่าเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานในการทดลองที่ 3

ตารางที่ 10 ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานจากการทดลองที่ 3 โดยใช้แผ่นวัสดุคืบขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม.

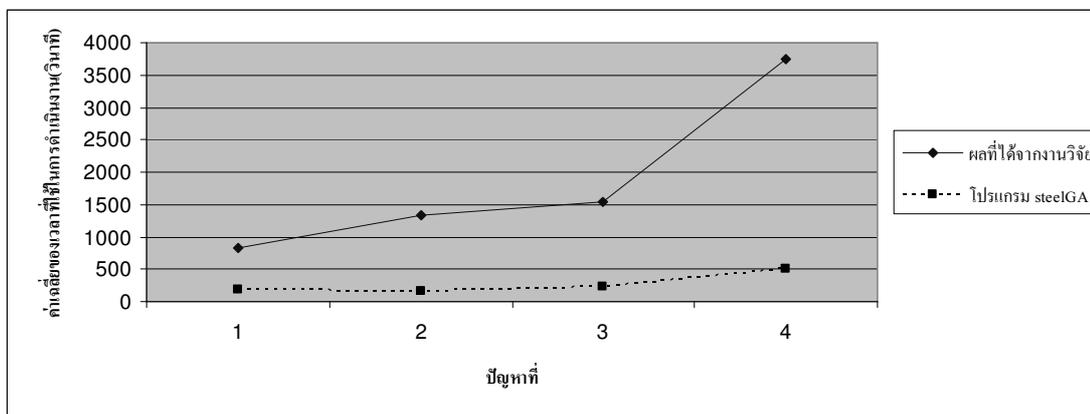
การทดลองที่	ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงาน(วินาที)	
	ผลที่ได้จากงานวิจัย	โปรแกรม steelGA
1	827	176
2	1328	150
3	1534	222

ตารางที่ 10 (ต่อ)

การทดลองที่	ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงาน(วินาที)	
	ผลที่ได้จากงานวิจัย	โปรแกรม steelGA
4	3749	507

จากตารางที่ 10 แสดงค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA เมื่อกำหนดให้แผ่นวัสดุคิบมีขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. โดยในแต่ละปัญหานั้น กำหนดให้รูปแบบของชิ้นงานมีค่าเพิ่มมากขึ้นเรื่อยๆ จนรูปแบบของชิ้นงานมีขนาดแตกต่างกันสูงสุดจำนวน 10 ชิ้นงาน โดยจำนวนชิ้นงานในการทดลองนี้มีขนาดเป็น 10 เท่าของการทดลองที่ 1

เนื่องจากในงานวิจัยสามารถจัดเรียงวัสดุลงบนแผ่นวัสดุคิบได้จำนวนที่มากกว่าโดยสามารถจัดเรียงชิ้นงานในขนาดที่แตกต่างกันได้จำนวน 10 ขนาด ซึ่งในโปรแกรม steelGA สำหรับการทดลองนี้นั้นสามารถจัดเรียงชิ้นงานในขนาดที่แตกต่างกันได้จำนวน 4-5 ขนาดเท่านั้น ดังนั้นในการเปรียบเทียบจึงใช้ปัญหาจำนวน 4 ปัญหาในการเปรียบเทียบผลการวิจัย



ภาพที่ 50 ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 3

จากภาพที่ 50 เป็นกราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานในการทดลองที่ 3 พบว่าเมื่อนำค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่เกิดขึ้นจากการงานวิจัยมา

ทำการเปรียบเทียบกับโปรแกรม steelGA ทำให้ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ดำเนินงานในงานวิจัยมีค่ามากกว่าค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ดำเนินงานในโปรแกรม steelGA ค่อนข้างมาก ทั้งนี้เนื่องจากข้อกำหนดเบื้องต้นของกระบวนการวิธีการทางพันธุกรรม ที่กำหนดไว้มีความแตกต่างกัน

Mann-Whitney Test and CI: DBP1, DBP2		
	N	Median
DBP1	4	1431.0
DBP2	4	199.0
Point estimate for ETA1-ETA2 is 1165.0		
97.0 Percent CI for ETA1-ETA2 is (320.0,3599.1)		
W = 26.0		
Test of ETA1 = ETA2 vs ETA1 not = ETA2 is significant at 0.0304		

ภาพที่ 51 ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของเวลาในการดำเนินงาน โดยใช้วิธีการของ Mann-Whitney ในการทดลองที่ 3

สมมติฐาน

H_0 : ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานจากงานวิจัยและsteelGA ในการทดลองที่ 3 มีค่าไม่แตกต่างกัน

H_1 : ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานจากงานวิจัยและsteelGA ในการทดลองที่ 3 มีค่าแตกต่างกัน

เพื่อทำการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 3 ว่าเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัยมีค่าแตกต่างจากเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากโปรแกรม steelGA หรือไม่ ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 เราจะเลือกใช้วิธีการทดสอบของ Man-Whitney เนื่องจากต้องการเปรียบเทียบค่าตัวอย่าง 2 กลุ่มที่เป็นอิสระกัน

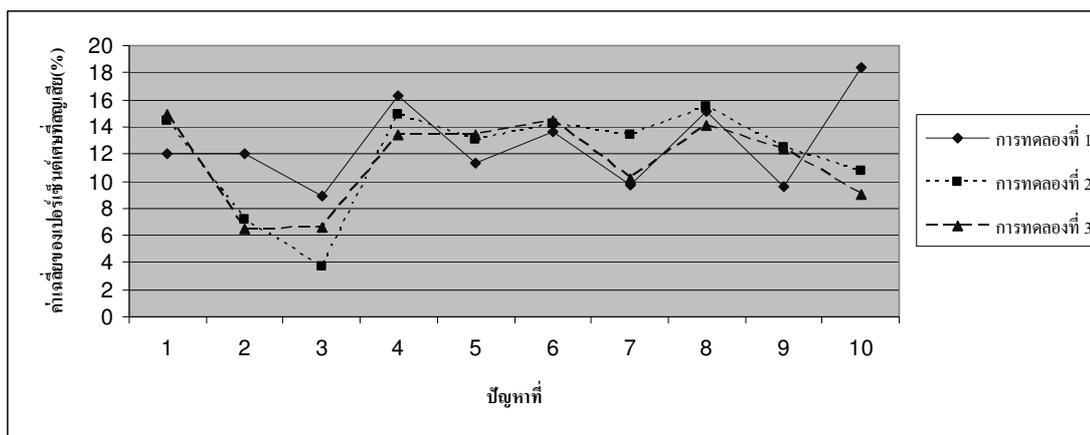
จากภาพที่ 52 เมื่อทำการทดสอบสมมติฐานเพื่อดูความสัมพันธ์ของค่าเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานของงานวิจัยและโปรแกรม steelGA ในการทดลองที่ 3 โดยใช้โปรแกรม minitab พบว่า

ค่า p-value มีค่าเท่ากับ 0.0304 เมื่อนำมาเปรียบเทียบกับระดับนัยสำคัญที่กำหนดให้มีค่าเท่ากับ 0.05 พบว่ามีค่าน้อยกว่า ดังนั้นจึงปฏิเสธสมมติฐานหลัก นั่นคือ ค่าเฉลี่ยของเวลาในการดำเนินงานจากงานวิจัยและsteelGAในการทดลองที่ 3 มีค่าแตกต่างกัน

3.7 ผลการวิเคราะห์ค่าเปอร์เซ็นต์ของเศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัย

ตารางที่ 11 ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัย จากการทดลองที่ 1, 2 และ 3 โดยใช้แผ่นวัสดุขนาด 500 ม.ม.× 1000 ม.ม.

ปัญหาที่	ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัย(%)		
	การทดลองที่ 1	การทดลองที่ 2	การทดลองที่ 3
1	12.00	14.50	14.86
2	12.00	7.17	6.45
3	8.92	3.75	6.54
4	16.32	14.90	13.36
5	11.39	13.04	13.42
6	13.65	14.25	14.47
7	9.68	13.39	10.12
8	15.19	15.45	14.07
9	9.64	12.46	12.40
10	18.43	10.77	8.98



ภาพที่ 52 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียที่ได้จากงานวิจัย ในการทดลองที่ 1, 2 และ 3

จากตารางที่ 11 และ ภาพที่ 52 เห็นได้ว่าการเพิ่มจำนวนของชิ้นงานให้กับการทดลองที่ 2 และ 3 ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียไม่มีความเกี่ยวเนื่องกัน และในทำนองเดียวกันพบว่าจากการเพิ่มรูปแบบของชิ้นงานให้กับปัญหาที่ 1 ถึง 10 ไม่ทำให้ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์ของเศษที่สูญเสียมีความเกี่ยวเนื่องกัน แสดงให้เห็นว่าการทดลองในทุกการทดลองสามารถมีค่าเข้าใกล้ค่าที่ดีที่สุดได้ โดยไม่เกี่ยวข้องกับการเพิ่มจำนวนชิ้นงานหรือการเพิ่มรูปแบบของชิ้นงาน

Kruskal-Wallis Test: Response versus Factor				
Kruskal-Wallis Test on Response				
Factor	N	Median	Ave Rank	Z
1	10	12.00	16.2	0.31
2	10	13.22	16.4	0.40
3	10	12.88	13.9	-0.70
Overall	30		15.5	
H = 0.50 DF = 2 P = 0.780				
H = 0.50 DF = 2 P = 0.780 (adjusted for ties)				

ภาพที่ 53 ผลการวิเคราะห์หาค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียโดยใช้วิธีการของ Kruskal-Wallis ในการทดลองที่ 1, 2 และ 3

สมมติฐาน

H_0 : ค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียในการทดลองที่ 1, 2 และ 3 มีค่าไม่แตกต่างกัน
 H_1 : มีค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียในการทดลองที่ 1, 2 และ 3 อย่างน้อย 1 คู่ ที่มีค่าแตกต่างกัน

เพื่อทำการเปรียบเทียบค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียในการทดลองที่ 1, 2 และ 3 ว่าจะให้ผลแตกต่างกันหรือไม่ ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 เราจะเลือกใช้วิธีการทดสอบของ Kruskal-Wallis เนื่องจากข้อมูลที่ต้องการเปรียบเทียบเป็นตัวอย่าง 3 กลุ่มที่เป็นอิสระกัน

จากภาพที่ 53 เมื่อทำการทดสอบสมมติฐานเพื่อดูความสัมพันธ์ของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียในการทดลองที่ 1, 2 และ 3 โดยใช้โปรแกรม minitab พบว่า ค่า p-value มีค่าเท่ากับ 0.780 เมื่อนำมาเปรียบเทียบกับค่า กับระดับนัยสำคัญที่กำหนดให้มีค่าเท่ากับ 0.05 พบว่ามีค่ามากกว่า ดังนั้นจึงยอมรับสมมติฐานหลัก นั่นคือ ค่าเฉลี่ยของค่าเปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียในปัญหาที่ 1, 2 และ 3 มีค่าไม่แตกต่างกัน

3.8 ผลการวิเคราะห์ค่าของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัย

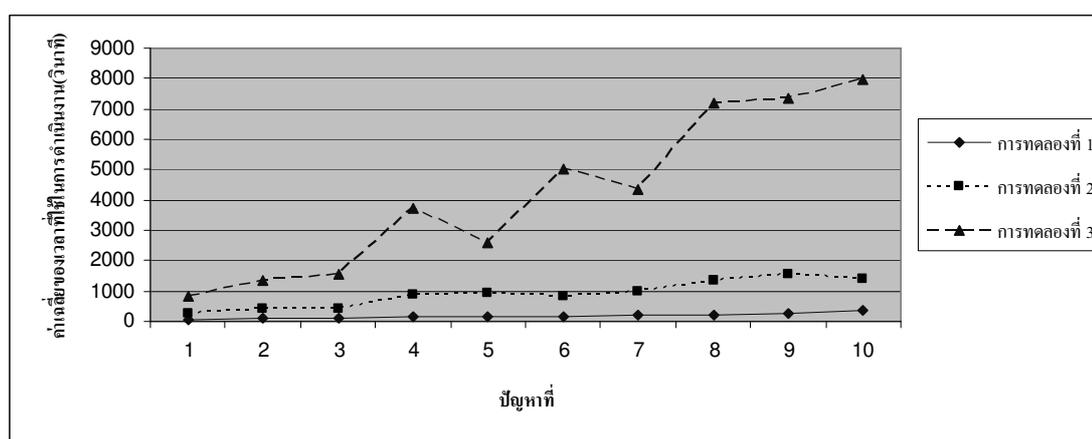
ตารางที่ 12 ผลลัพธ์ของข้อมูล ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้จากงานวิจัย จากการทดลองที่ 1, 2 และ 3 โดยใช้แผ่นวัสดุดิบขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม.

การทดลองที่	ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินการที่ได้จากงานวิจัย(วินาที)		
	การทดลองที่ 1	การทดลองที่ 2	การทดลองที่ 3
1	54	240	827
2	101	434	1328
3	98	402	1534
4	138	874	3749
5	169	933	2591
6	156	826	5030

ตารางที่ 12 ต่อ

การทดลองที่	ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินการที่ได้จากงานวิจัย(วินาที)		
	การทดลองที่ 1	การทดลองที่ 2	การทดลองที่ 3
7	190	960	4339
8	213	1321	7184
9	272	1547	7367
10	379	1415	7987

จากตารางที่ 12 และ ภาพที่ 54 เห็นได้ว่าการเพิ่มจำนวนของชิ้นงานให้กับการทดลองที่ 2 และ 3 ทำให้ค่าเฉลี่ยเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานที่ได้มีค่าเพิ่มมากขึ้นเรื่อยๆ ทั้งนี้แสดงให้เห็นว่าเมื่อเราทำการเพิ่มจำนวนชิ้นงาน จะทำให้จำนวนประชากรมีค่ามากขึ้น ซึ่งจะทำให้เวลาที่ใช้ในการดำเนินการมีค่าเพิ่มขึ้น และในทำนองเดียวกัน เมื่อดูจากปัญหาจะเห็นได้ว่าเวลาที่ใช้ในการดำเนินงานมีแนวโน้มที่จะเพิ่มสูงขึ้น ทั้งนี้เนื่องจากการเพิ่มรูปแบบของชิ้นงานให้มีจำนวนมากขึ้น มีโอกาสทำให้ประชากรมีค่ามากขึ้น จึงทำให้เวลาที่ใช้ในการดำเนินงานมีค่าเพิ่ม



ภาพที่ 54 เปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของเวลาที่ได้จากงานวิจัย ในการทดลองที่ 1, 2 และ 3

Kruskal-Wallis Test: Response versus Factor				
Kruskal-Wallis Test on Response				
Factor	N	Median	Ave Rank	Z
1	10	162.5	5.7	-4.31
2	10	903.5	16.2	0.31
3	10	4044.0	24.6	4.00
Overall	30		15.5	
H = 23.14 DF = 2 P = 0.000				

ภาพที่ 55 ผลการวิเคราะห์ค่าเฉลี่ยของเวลาที่ใช้ในการดำเนินงาน โดยใช้วิธีการของ Kruskal-Wallis ในการทดลองที่ 1, 2 และ 3

สมมติฐาน

H_0 : ค่าเฉลี่ยเวลาที่ใช้ในการดำเนินการในการทดลองที่ 1, 2 และ 3 มีค่าไม่แตกต่างกัน

H_1 : มีค่าเฉลี่ยเวลาที่ใช้ในการดำเนินการในการทดลองที่ 1, 2 และ 3 อย่างน้อย 1 คู่ ที่มีค่าแตกต่างกัน

เพื่อทำการเปรียบเทียบเวลาที่ใช้ในการดำเนินการในการทดลองที่ 1, 2 และ 3 ว่าจะให้ผลแตกต่างกันหรือไม่ ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 เราจะเลือกใช้วิธีการทดสอบของ Kruskal-Wallis เนื่องจากข้อมูลที่ต้องการเปรียบเทียบเป็นตัวอย่าง 3 กลุ่มที่เป็นอิสระกัน

จากภาพที่ 55 เมื่อทำการทดสอบสมมติฐานเพื่อดูความสัมพันธ์ของเวลาที่ใช้ในการดำเนินการในการทดลองที่ 1, 2 และ 3 โดยใช้โปรแกรม minitab พบว่า ค่า p-value มีค่าเท่ากับ 0.000 เมื่อนำมาเปรียบเทียบกับระดับนัยสำคัญที่กำหนดให้ มีค่าเท่ากับ 0.05 พบว่ามีค่าน้อยกว่า ดังนั้นจึงปฏิเสธสมมติฐานหลัก นั่นคือ มีค่าเฉลี่ยเวลาที่ใช้ในการดำเนินการในปัญหาที่ 1, 2 และ 3 อย่างน้อย 1 คู่ ที่มีความแตกต่างกัน

สรุปและข้อเสนอแนะ

สรุป

ปัญหาการตัดวัสดุแบบ 2 มิติ ด้วยการตัดกิโยตินแบบตั้งตรงนั้น เหมาะสำหรับการตัดที่มีข้อจำกัดสำหรับการการตัดแบบกิโยตินเท่านั้น ซึ่งแสดงรายละเอียดของกระบวนการตัดแบบกิโยตินนั้นมีลักษณะที่เป็นปัญหาเฉพาะ เมื่อนำกระบวนการ วิธีการทางพันธุกรรม มาประยุกต์มาใช้เพื่อปรับปรุงคำตอบให้ดีขึ้น เห็นได้ว่าผลลัพธ์ที่ได้มีผลที่น่าพอใจ และตอบสนองต่อปัญหาการตัดแบบกิโยตินได้เป็นอย่างดี

การศึกษาวิธีการตัดแบบสองมิติด้วยเครื่องตัดแบบกิโยติน เพื่อให้เกิดเศษที่สูญเสียน้อยที่สุด โดยในกระบวนการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดจะนำกระบวนการวิธีการทางพันธุกรรมมาช่วยหาคำตอบของปัญหา เมื่อนำค่าเปอร์เซ็นต์เศษสูญเสียน้อยไปเปรียบเทียบกับโปรแกรม steelGA เห็นได้ว่าค่าเปอร์เซ็นต์เศษของเศษสูญเสียที่ได้มีค่าที่ดีกว่า ซึ่งสามารถสรุปได้ว่าผลจากงานวิจัย ทำให้เกิดประสิทธิภาพที่ดีกว่าในการจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่นวัสดุดิบ ไม่ว่าจะกำหนดให้ชิ้นงานมีขนาดน้อยหรือมากก็ตาม

และจากการใช้โปรแกรมที่พัฒนาขึ้นเพื่อกระบวนการ วิธีการทางพันธุกรรม สำหรับคำนวณหารูปแบบการจัดเรียงชิ้นงาน เพื่อนำไปตัดด้วยเครื่องตัดแบบกิโยติน เมื่อเปรียบเทียบกับโปรแกรม steelGA ในกรณีที่ชิ้นงานมีจำนวนน้อย จะให้เวลาในการดำเนินการน้อยกว่า แต่เมื่อชิ้นงานมีจำนวนมากจะใช้เวลาในการดำเนินการมากกว่า ทั้งนี้เกิดขึ้นเนื่องมาจากข้อกำหนดเบื้องต้นทางวิธีการทางพันธุกรรมที่แตกต่างกัน

การคำนวณรูปแบบการจัดเรียงชิ้นงานบนแผ่นวัสดุดิบขนาดใหญ่ ในงานวิจัยนี้สามารถจัดเรียงชิ้นงานที่มีขนาดแตกต่างกันได้จำนวน 10 ขนาด ซึ่งในโปรแกรม steelGA สามารถจัดเรียงชิ้นงานที่มีขนาดแตกต่างกันได้จำนวน 4-6 ขนาด ตามความมากน้อยของจำนวนชิ้นงาน ทำให้สามารถแก้ไขปัญหาได้ในขอบเขตที่กว้างกว่า

แสดงให้เห็นว่าโปรแกรมนี้สามารถนำไปประยุกต์ใช้ในปัญหาการตัดแบบสองมิติด้วยการตัดแบบกิโยตินสองมิติได้เป็นอย่างดี

ข้อเสนอแนะ

ข้อเสนอแนะนี้เป็นข้อเสนอเพื่อเป็นแนวทางในการพัฒนาวิธีการทางพันธุกรรม และขอบเขตในการตัดชิ้นงาน โดยมีแนวทางดังต่อไปนี้

1. ในงานวิจัยนี้ใช้การตัดกิโลตินแบบ 2 ขั้นตอน ซึ่งสามารถพัฒนาเป็นหลายขั้นตอนได้
2. โปรแกรมที่จัดทำขึ้นมีข้อจำกัดในเรื่องการนำวัตถุดิบมาใช้งาน ดังนั้นยังสามารถปรับปรุงเพิ่มเติมให้มีการนำเอาวัตถุดิบหลายขนาดมาทำการคำนวณได้
3. ในงานวิจัยนี้ใช้ตัวดำเนินการทางพันธุกรรม คือ การเลือกสรร การคลอสโอเวอร์ และมิวเตชัน ที่เป็นพื้นฐาน ซึ่งวิธีการดำเนินการเหล่านี้สามารถพัฒนาเป็นวิธีอื่นๆได้
4. เนื่องจากข้อจำกัดของโปรแกรมทำให้ไม่สามารถกำหนดค่าจำนวนรุ่นให้มีขนาดใหญ่ได้ ซึ่งจำนวนรุ่นสามารถกำหนดให้มีค่ามากขึ้นได้อีก เพื่อให้คำตอบมีค่าที่ดีขึ้นในบางกรณี
5. ในการประมวลผลข้อมูล ใช้เวลามากในการดำเนินการ ขึ้นอยู่กับหน่วยความจำและขนาดแรมของคอมพิวเตอร์ที่ใช้ในการประมวลผล

เอกสารและสิ่งอ้างอิง

ปอง แซ่เหี้ย. 2549. ระบบสนับสนุนการตัดสินใจในการตัดแบ่งแบบสองมิติเพื่อให้เกิดการสูญเสีย
น้อยที่สุดสำหรับโรงงานตัดเหล็กที่ใช้เครื่องตัดแบบกึ่งอัตโนมัติ. การศึกษาค้นคว้าอิสระ,
มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์.

พัฒนา พงศ์จริยา. 2545. การประยุกต์ใช้เงินเนติกอัลกอริทึมในการจำลองตลาดซื้อขายไฟฟ้า.
วิทยานิพนธ์ปริญญาโท, จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.

อุมาพร จันทศร. 2542. สถิติที่ไม่ใช่พารามิเตอร์. พิมพ์ครั้งที่ 1. สำนักพิมพ์ฟิสิกส์เซ็นเตอร์,
กรุงเทพฯ.

Ackerman, E., G. Barequet and R. Pinter. 2004. On the number of rectangular partitions.

The Society for industrial and Applied Mathematics. 8: 736-745

Belov, G. and G. Scheithauer. 2003. **Model with variable strip widths for two-dimensional**

twostage cutting. Two-dimensional Two-stage Cutting. Available source:

<http://www.math.tu-berlin.de/~capad/PAPERS/03-varwidth.ps>, June 18, 2007.

Boukreev, K. 2001. **Genetic Algorithm and TravelingSalesman Problem.** Genetic

Algorithm. <http://www.howtoencode.net/software-development/general/genetic-algorithms-and-the-traveling-salesman-problem>, June 18, 2007.

Bodenhofer, U. 2003. **Genetic Algorithms.** Genetic Algorithms Theory and Applications.

Available source: <http://www.fill.jku.at>, June 18, 2007.

Dowland, K.A., E.A. Herbert, G. Kendall, and E. Burke. 2006. Using tree search bounds to

enhance a genetic algorithm approach to two rectangle packing problems. **European
journal of operational research.** 168: 390-402

- Dyckhoff, H. 1981. A new linear programming approach the cutting stock problem. **Operations Research**. 29:1092-1104
- Fan, Z., J. Ma and P. Tian. 1996. An algorithm for the special two-dimensional cutting Problem. **National Natural Science Foundation of China**. 99:404-409.
- Gen, M. and R. Cheng. 1997. **Genetic algorithms and engineering design**. John Wiley & Son, Inc., New York.
- Goldberg, E. 1989. **Genetic Algorithm in search, optimization, and machine learning**. Addison-Wisley publishing company, Inc., Hong Kong.
- Herz, J.C. 1972. A recursive computing procedure for two dimensional stock cutting. **Journal of Research and Development**. 16: 462-469.
- Hifi, M. and V.Zissmopoulos. 1996. A recursive exact algorithm for weight two-dimensional Cutting. **European journal of operational research**. 9: 553- 564.
- 1975, *Adaptation in Natural and Artificial Systems* John Henry Holland
- Holland, J.H. **Adaptation in Natural and Artificial Systems: An Introductory Analysis with Applications to Biology, Control, and Artificial Intelligence**. The MIT Press, Cambridge, USA
- Man, K.F., K.S.Tang and S.Kwong. 1999. **Genetic Algorithms**. 2nd ed. Spring-Verlag, London, Great Britain
- McHale, M. and R. Shah. 1999. **Cutting the guillotine down to size**. Cutting Stock Problem. Available source: <http://www.amzi.com/articles/papercutter.htm>, June 18, 2007.

- Mitchell, J. 1995. Guillotine subdivisions approximate polygonal subdivisions: A simple new method for the geometric k-mst problem. **Proc. 7th Symp. Discrete Algorithms**. 7: 402-408.
- Michalewicz, Z. 1994. **Genetic Algorithms + Data structures = Evolution Programs**. 2nd ed. Springer-Verlag, London, Great Britain
- Obitko, M. 1998. **Genetic Algorithms**. Introduction to genetic algorithms with Java Applets. Available Source: <http://cs.felk.cvut.cz/~xobitko/ga/>, June 18, 2007.
- Ono, T. 1999. Optimizing Two-dimensional Guillotine Cut by Genetic Algorithms. **Proc. Of the ninth ajou-fit-nust joint seminar**. 12: 40-47.
- Ono, T. and G. Watanabe. 1997. Genetic Algorithms for Optimizing Cutting. **Evolutionary Algorithm in Engineering Applications**. 6: 515-530.
- Ono, T. and T. Ikeda. 1998. Optimization of Two-dimensional Guillotine Cutting by Genetic Algorithms . **European Congress on Intelligent Techniques & soft computation**. 6: 450-454.
- Ono, T. and T. Yokoi. 1998. Optimizing Cutting of Two-dimensional Free Pattern Using Genetic Algorithms. **Proc. Of the ninth ajou-fit-nust joint seminar**. 5: 10-18.
- Parada, V., R. Palma, D. Sales and A. Gomes. 2000. A comparative numerical analysis for the guillotine two-dimensional cutting problem. **Analysis of operations research**. 96: 245-254.
- Puchinger, J., G.R. Raidl, and G. Koller. 2004. Solving a real-world glass cutting problem. In J. Gottlieb and G. Raidl, eds. **Proceedings of the Fourth International Conference on**

Combinatorial Optimization (EvoCOP 2004). Institute of computer Graphics and Algorithms, Vienna University of Technology, Vienna.

Rahmani, A.T. and N. Ono. 1996. A Genetic Algorithm for the Two-Dimensional General Guillotine Cutting Problem. **Journal of Advanced Software Research.** 3: 66-70

Sharma, R., T. balanchander, C. McCord, S. Anand and Q. Zhang. 1997. **Genetic Algorithms for the single-sheet and multi-sheet non-convex cutting stock problem.** Genetic Algorithm. Available source <http://math.uc.edu/~mccord/papers/industrial/genetic1.pdf>, June 18, 2007.

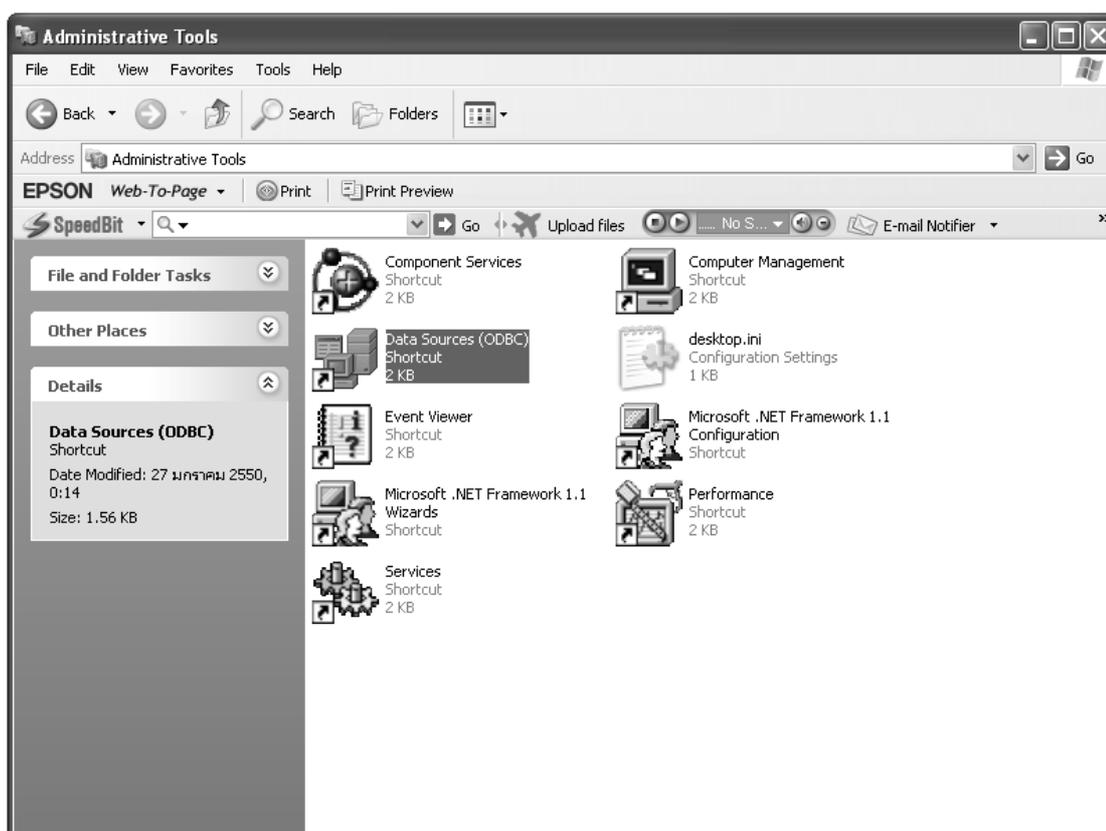
Yazgac, T. and R. Ozdemir. 2004. A cutting sequencing approach to modular manufacturing. **Journal of manufacturing technology management.** 15: 20-28.

ภาคผนวก

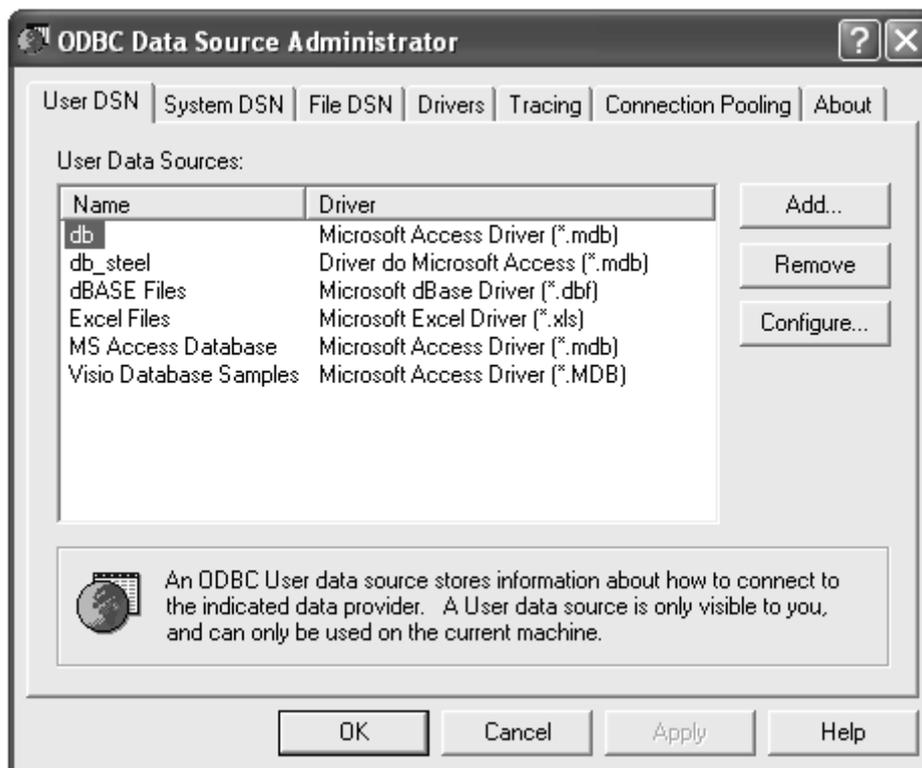
ภาคผนวก ก
คู่มือการใช้งานโปรแกรม

คู่มือการใช้งาน โปรแกรม Cutting GA

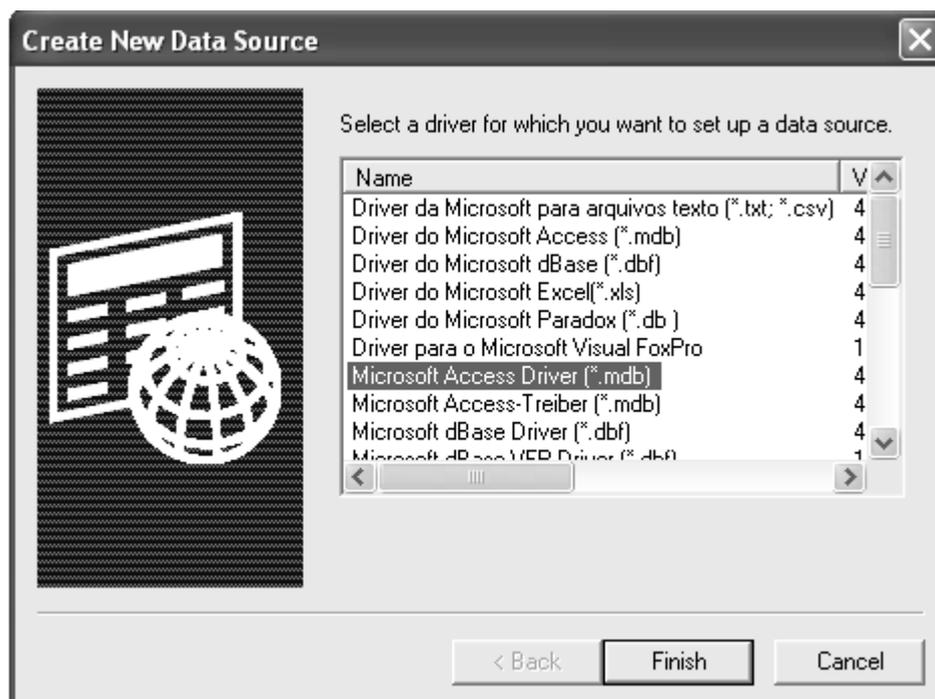
1. ทำการติดตั้งโปรแกรม Cutting GA.zip และ ไฟล์ฐานข้อมูล db_cutting.mdb ไว้ในไดเรกทอรีที่สร้างขึ้น
2. ทำการลงโปรแกรมอ่านภาษา Java โดยทำการเปิดไฟล์ jdk.exe
3. ตั้งค่าการทำงานในส่วนการเรียกฐานข้อมูล ที่ Control panels/Performance and Maintenance/Administrative tool/ Data Source(ODBC) ตามรูป



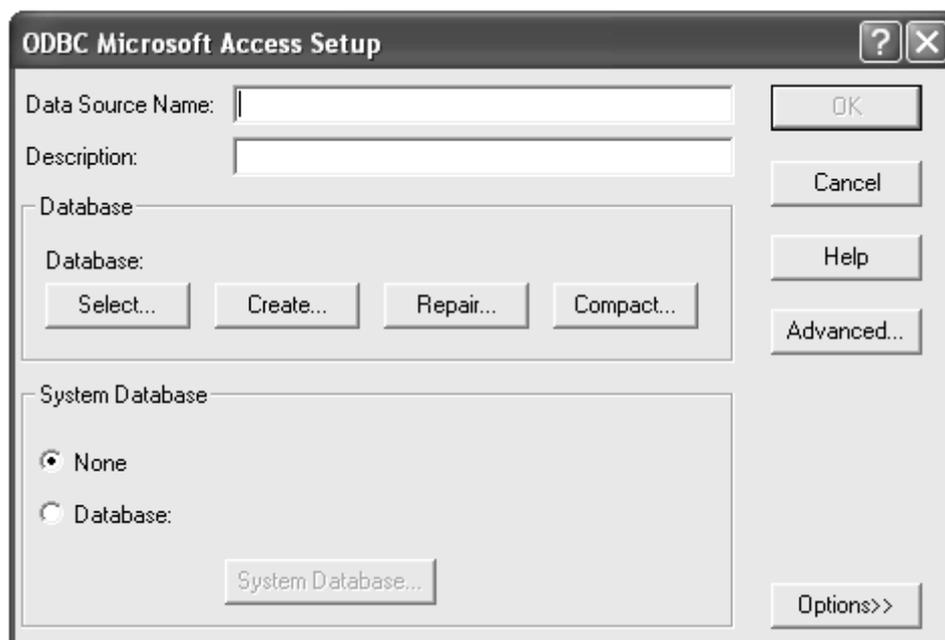
จากนั้นให้กดดับเบิลคลิกที่ Data Source (ODBC) เพื่อทำการตั้งค่าให้กับระบบ เมื่อทำการดับเบิลคลิกที่ Data Source (ODBC) จะปรากฏหน้าต่างขึ้นดังรูป



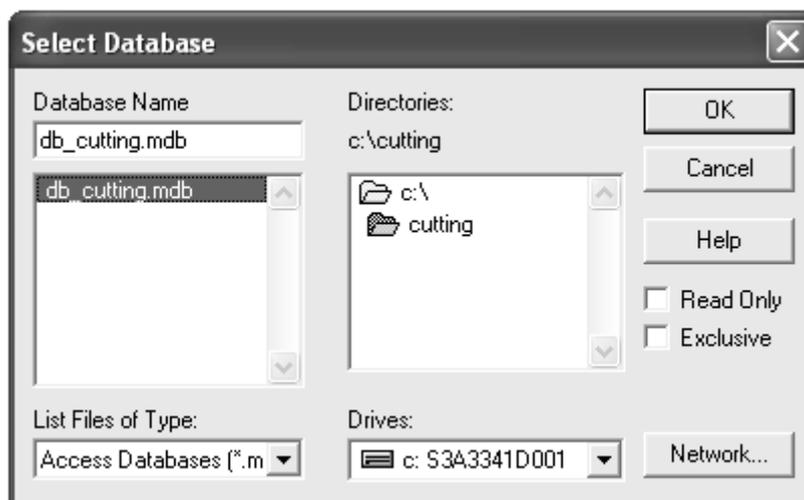
เมื่อปรากฏหน้าต่าง ODBC Data Source Administrator ให้ทำการเลือก Add เพื่อทำการเพิ่มไฟล์ฐานข้อมูลเข้าไปสู่ในระบบของเครื่องคอมพิวเตอร์ที่จะใช้งาน โปรแกรม และหลังจากที่เลือก Add จะปรากฏหน้าต่าง Create New Data Source



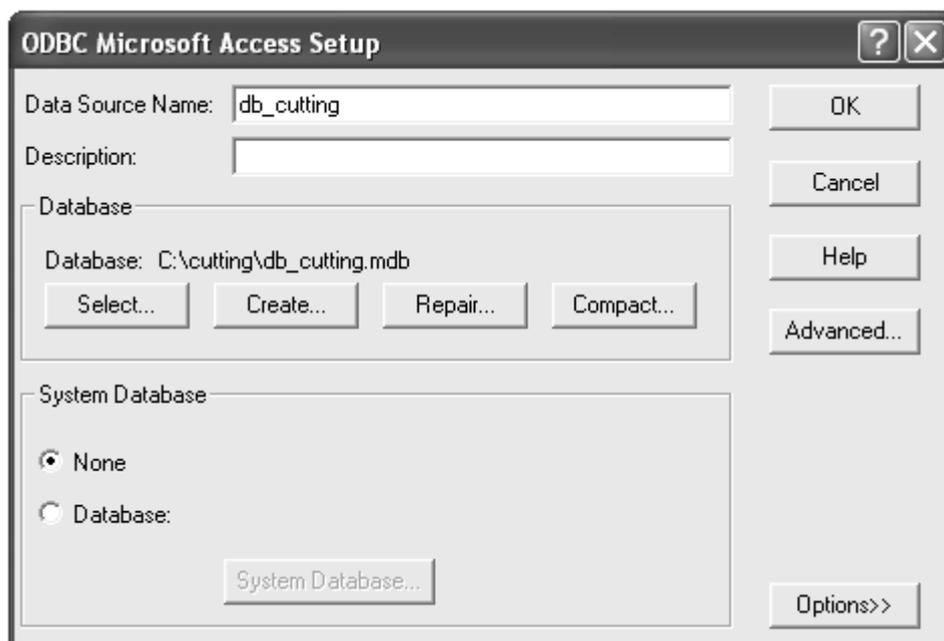
ที่หน้าต่าง Create New Data Source จะทำการเลือก Microsoft Access Driver (*.mdb) แล้วเลือกปุ่ม Finish เพื่อเข้าสู่หน้าต่าง ODBC Microsoft Access Setup



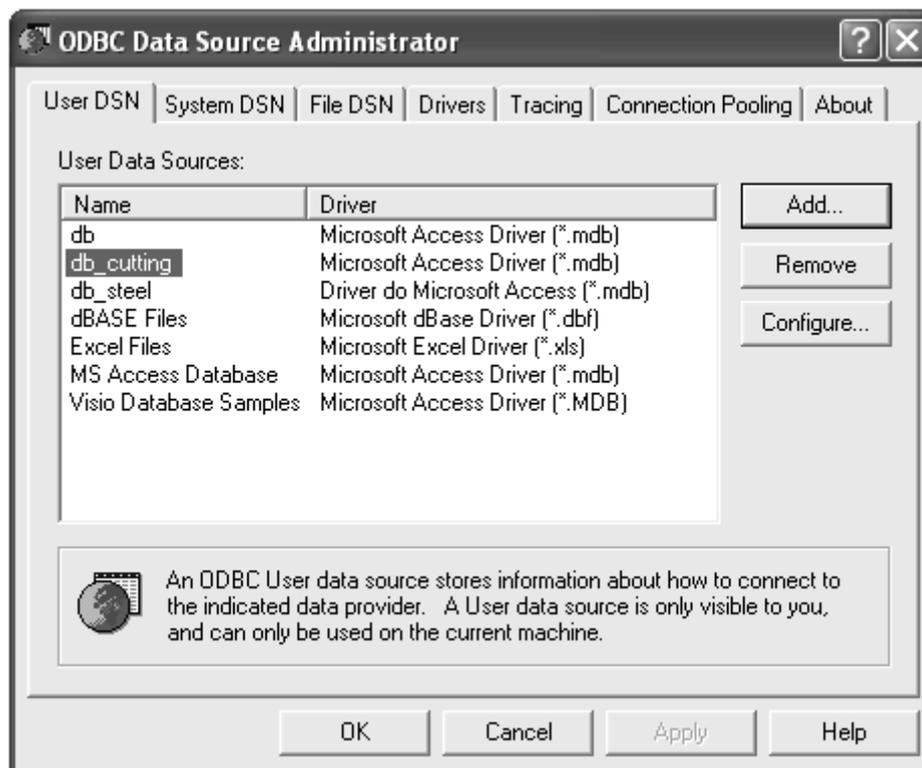
จากนั้นให้คลิก select แล้วจะปรากฏหน้าต่าง Select Database ขึ้น ให้ทำการเลือกไฟล์ฐานข้อมูลที่ต้องการ คือ db_cutting.mdb จากไดเรกทอรีที่สร้างไว้



จากนั้นให้เลือกปุ่ม OK เพื่อทำการตกลง เพื่อกลับมายังหน้าต่าง ODBC Microsoft Access Setup จากนั้นให้ทำการตั้งชื่อที่ Data source name = db_cutting เมื่อทำการตั้งชื่อเสร็จ ให้เลือกปุ่ม OK เป็นขั้นตอนสุดท้ายเพื่อตกลง



จากนั้นจะกลับมายังหน้าต่าง ODBC Data Source Administrator ซึ่งในหน้าต่างนี้จะปรากฏไฟล์ฐานข้อมูลที่เราได้ทำการติดตั้งไปเป็นที่เรียบร้อยแล้ว ดังภาพที่ปรากฏ จากนั้นให้เลือกปุ่ม OK เพื่อทำการปิดหน้าต่างและเริ่มใช้งาน โปรแกรม Cutting GA



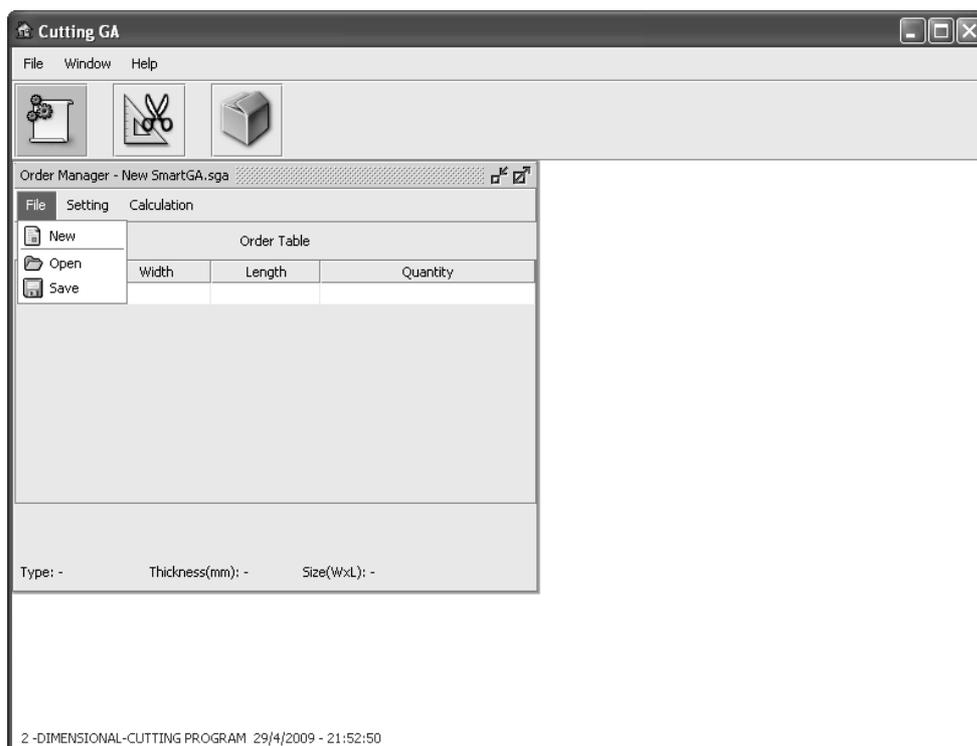
4. ทำการเปิดไฟล์ start.bat ให้ไดเร็กทอรีที่ทำการติดตั้ง
5. จะพบหน้าต่าง Cutting GA ปรากฏขึ้นดังรูป



ไอคอน Create new order ใช้สำหรับป้อนข้อมูลเพื่อใช้ในการคำนวณหารูปแบบการตัดชิ้นงาน เมื่อกดไอคอนจะปรากฏหน้าต่าง order manager

คุณสมบัติของ File

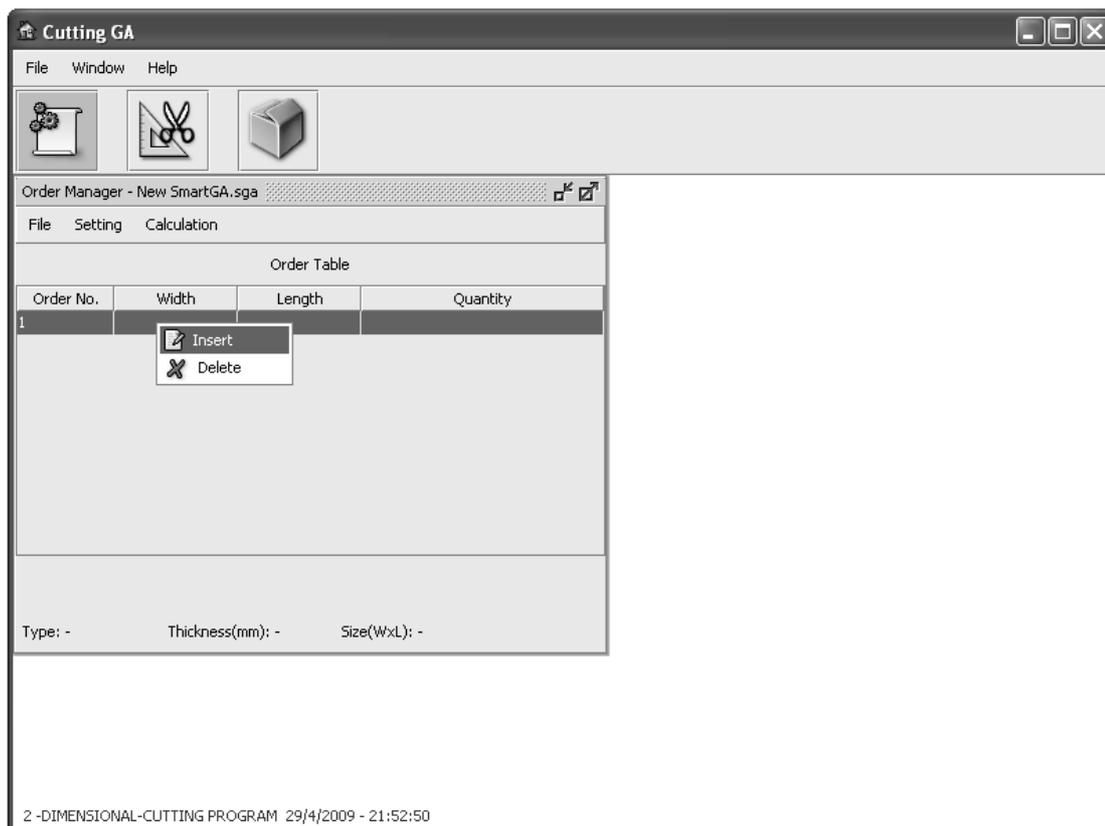
- New สำหรับป้อนข้อมูลรายละเอียดรูปแบบการตัดใหม่
- Open สำหรับเปิดข้อมูลรายละเอียดรูปแบบการตัดเดิมที่มีอยู่
- Save สำหรับบันทึกข้อมูลรายละเอียดการตัดเพื่อสามารถเรียกกลับมาใช้ใหม่ได้



ซึ่งในหน้าต่าง order manager จะปรากฏตารางรูปแบบการสั่ง (order table) โดยเราสามารถกรอกรายละเอียด ข้อมูลได้ดังต่อไปนี้

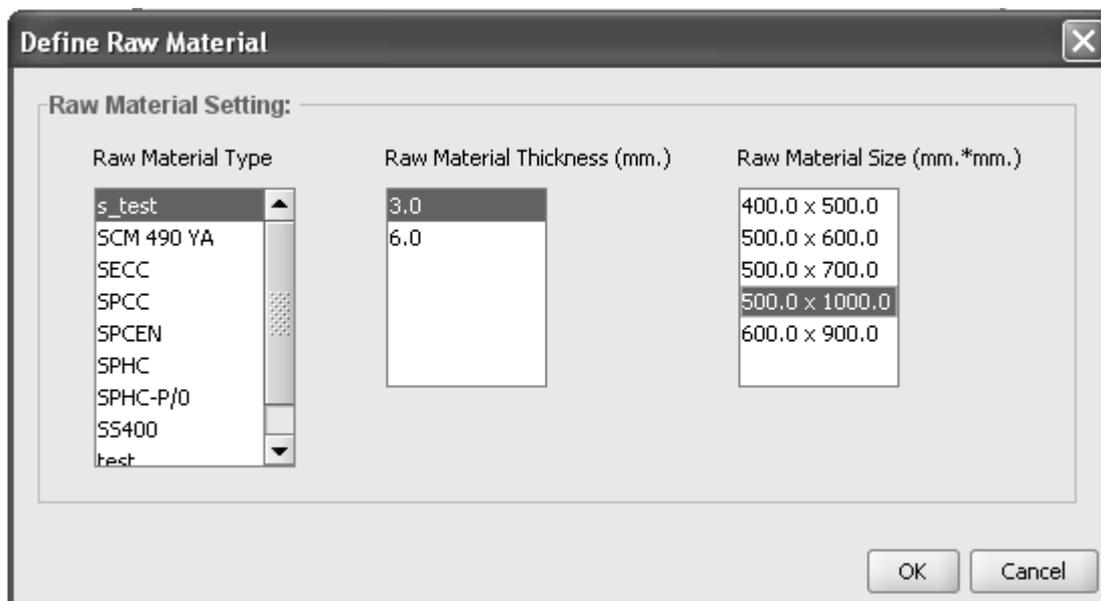
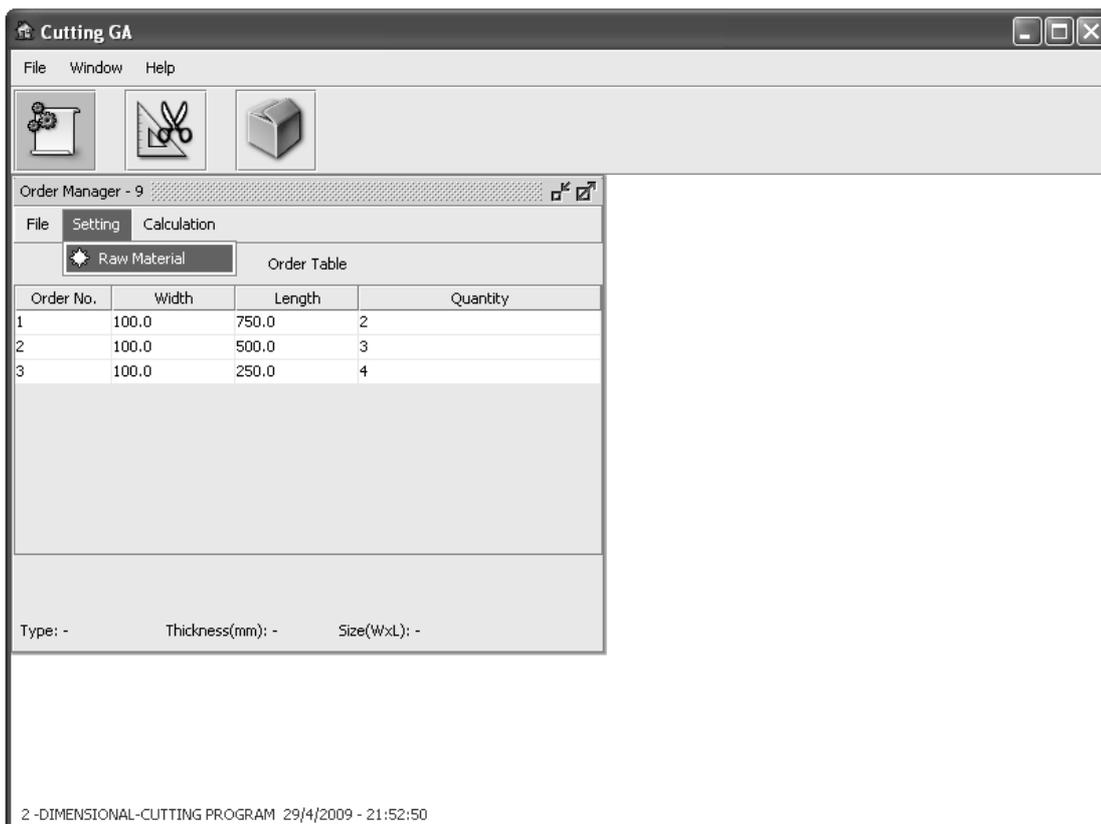
- width (ความกว้างของชิ้นงาน)
- length (ความยาวของชิ้นงาน)
- Quantity (จำนวนที่ต้องการ)

โดยสามารถทำการการเพิ่มหรือลบข้อมูลที่ต้องการ ด้วยการกดคลิกขวาที่เมาส์ จะปรากฏหน้าต่าง Insert (เพิ่มข้อมูล) , Delete (ลบข้อมูล) ตามรูปภาพ



คุณสมบัติของ Setting

- Raw material ใช้ตั้งค่าชนิดและความหนาของวัตถุดิบที่เราต้องการ โดยความหนาและชนิดของวัตถุดิบที่ปรากฏขึ้นบนหน้าต่าง Define material จะปรากฏเพียงวัตถุดิบและชนิดของวัตถุดิบที่มีในฐานข้อมูลเท่านั้น ดังแสดงตามภาพ

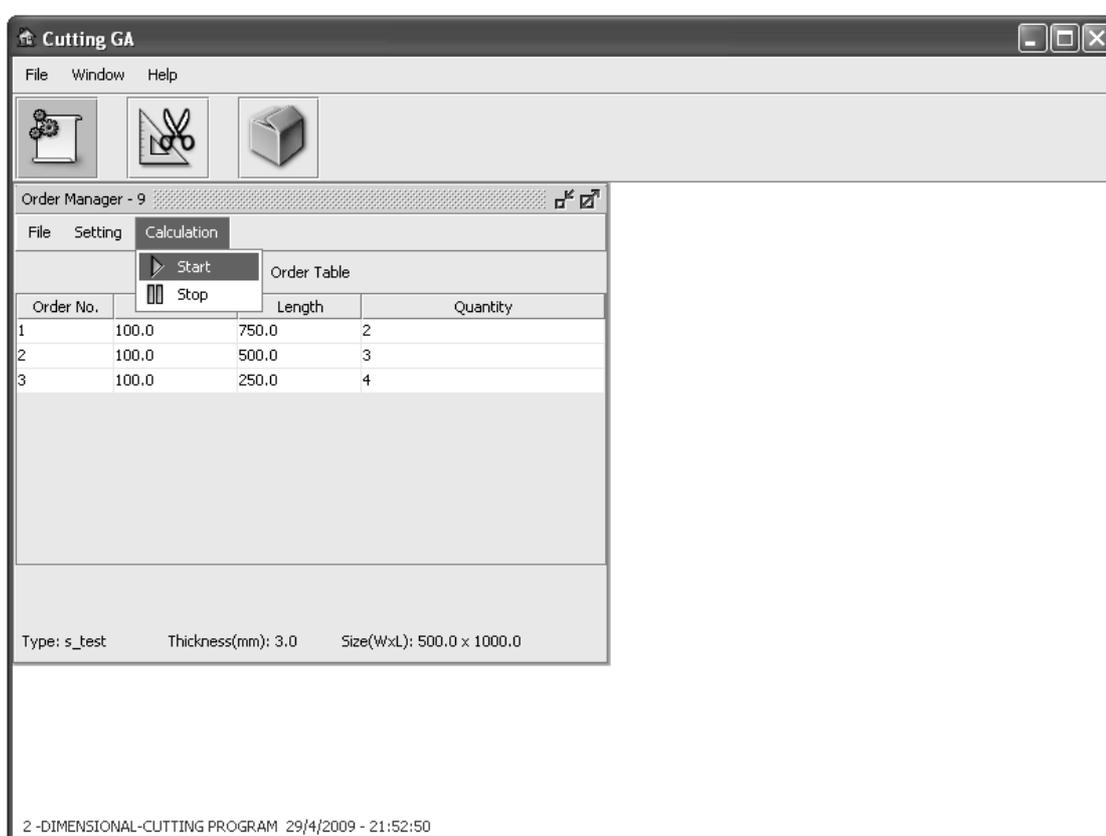


จากภาพจะเห็นว่า s_test จะมีโลหะวัตถุดิบที่มีความหนา 3.0 mm. และ 6.0 mm.อยู่ในฐานข้อมูล และมีวัตถุดิบที่มีความกว้างและความยาวแตกต่างกันจำนวน 5 ขนาด อยู่ในฐานข้อมูล

คุณสมบัติของ Calculation

Start ใช้ในการประมวลผลโปรแกรม Steel GA

Stop ใช้ในการหยุดการประมวลผลโปรแกรม Steel GA



ไอคอน Layout ใช้แสดงการจัดรูปแบบการตัดชิ้นงาน เมื่อกดไอคอนจะปรากฏหน้าต่าง Layout ดังรูป

The screenshot shows the 'Cutting GA' software interface. It includes a menu bar (File, Window, Help), a toolbar with icons for file operations and a 3D cube, and a 'Layout' section. The 'Layout' section contains several data tables:

File

ชนิด	ความหนา	กว้าง	ยาว	จำนวนที่ใช้
g_test	3.0	500.0	1000.0	1

เปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ย
0.00

จำนวนชิ้นงานทั้งหมด

	ลำดับ	กว้าง	ยาว	จำนวน
1	100.0	750.0	2	2
2	100.0	500.0	3	3
3	100.0	250.0	4	4

แบบที่ 1

2		2	
3	3	2	
1			3
1			3

จำนวนวัสดุที่ใช้ 1 แผ่น

	ลำดับ	กว้าง	ยาว	จำนวน
1	100.0	750.0	2	2
2	100.0	500.0	3	3
3	100.0	250.0	4	4

โดยที่หน้าต่าง Layout จะปรากฏส่วนที่แสดงจำนวนวัตถุดิบที่ใช้ เปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสีย จำนวนชิ้นงานที่ได้ทั้งหมด และรูปแบบการตัด



ไอคอน Resources ใช้ในการเลือกวัตถุดิบคงคลังที่มีอยู่ เมื่อกดบนปุ่มไอคอน จะปรากฏหน้าต่าง Raw material manager ดังภาพ

ข้อมูลของวัตถุดิบซึ่งประกอบไปด้วย ความหนา ความกว้าง ความยาว และชนิดของ วัตถุดิบ จะปรากฏข้อมูลดังในตาราง Raw material table

Raw Material Manager				
File Setting				
Raw Material Table				
No.	Thickness	Width	Length	Type
5	4.5	1524.0	3048.0	SS400
6	6.0	1524.0	3048.0	SS400
7	9.0	1524.0	3048.0	SS400
8	9.0	1219.0	2438.0	SS400
9	6.0	1219.0	2438.0	SCM 490 YA
10	3.0	1219.0	2438.0	SS400
11	6.0	1524.0	3048.0	s_test
12	3.0	500.0	1000.0	s_test
13	3.0	600.0	900.0	s_test
14	3.0	500.0	700.0	s_test
15	3.0	400.0	500.0	s_test
16	3.0	500.0	600.0	s_test
17	2.0	300.0	600.0	SCM 490 YA

Thickness ความหนาของวัตถุดิบ

Width ความกว้างของวัตถุดิบ

Length ความยาวของวัตถุดิบ

Type ชนิดของวัตถุดิบ

โดยหน้าต่าง Raw material manager จะประกอบไปด้วย

คำสั่ง File

- New ใช้ในการเพิ่มข้อมูลในฐานข้อมูล
- Save ใช้ในการบันทึกข้อมูลลงบนฐานข้อมูลของโปรแกรม

คำสั่ง Setting

- Type ใช้ในการเพิ่มเติมชนิดของโลหะในฐานข้อมูล

ภาคผนวก ข

ตารางแสดงข้อมูลความกว้างและความยาวของชิ้นงานที่ใช้ในการทดลองแต่ละการทดลอง

ตารางผนวกที่ 1 ตารางแสดงความกว้าง, ความยาวและจำนวนของชิ้นงานที่ใช้ในการทดลอง
ที่ 1 กรณีที่แผ่นวัสดุคิบมีขนาด 500 ม.ม.× 1000 ม.ม. ในการสุมซ้ำครั้งที่ 1

ปัญหาที่	ความกว้างของชิ้นงาน (ม.ม.)	ความยาวของชิ้นงาน (ม.ม.)	จำนวนชิ้นงานที่ต้องการ (ชิ้น)
1	100	1000	3
2	150	250	6
	200	500	3
3	100	750	2
	100	500	3
	100	250	4
4	100	200	5
	100	100	5
	50	100	6
	100	150	3
5	200	200	4
	150	500	4
	150	200	7
	100	100	5
	50	200	4
6	100	800	2
	100	500	3
	100	100	4
	100	300	3
	100	200	2
	50	100	4
7	150	800	2
	100	500	1
	200	200	4

ตารางผนวกที่ 1 (ต่อ)

ปัญหาที่	ความกว้างของชิ้นงาน (ม.ม.)	ความยาวของชิ้นงาน (ม.ม.)	จำนวนชิ้นงานที่ต้องการ (ชิ้น)
7	150	150	3
	100	150	2
	50	200	4
	150	200	4
8	100	150	5
	100	100	5
	50	100	6
	150	200	3
	100	200	8
	200	250	1
	200	200	3
	50	200	5
9	100	150	6
	100	100	7
	50	100	6
	150	200	3
	100	200	8
	200	250	1
	200	300	3
	50	200	6
	250	400	2
10	100	800	2
	100	500	3
	100	100	4
	100	300	3

ตารางผนวกที่ 1 (ต่อ)

ปัญหาที่	ความกว้างของชิ้นงาน (ม.ม.)	ความยาวของชิ้นงาน (ม.ม.)	จำนวนชิ้นงานที่ต้องการ (ชิ้น)
10	100	200	6
	50	100	4
	200	200	4
	200	500	3
	150	200	5
	100	150	2

ตารางผนวกที่ 2 ตารางแสดงความกว้าง, ความยาวและจำนวนของชิ้นงานที่ใช้ในการทดลอง
ที่ 1 กรณีที่แผ่นวัสดุคืบมีขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. ในการสู่มั่วครั้งที่ 2

ปัญหาที่	ความกว้างของชิ้นงาน (ม.ม.)	ความยาวของชิ้นงาน (ม.ม.)	จำนวนชิ้นงานที่ต้องการ (ชิ้น)
1	150	500	4
2	50	250	7
	250	250	6
3	100	700	2
	200	450	4
	100	150	6
4	150	150	7
	100	200	3
	200	750	5
	250	300	8
5	100	200	8
	250	250	7
	200	200	3

ตารางผนวกที่ 2 (ต่อ)

ปัญหาที่	ความกว้างของชิ้นงาน (ม.ม.)	ความยาวของชิ้นงาน (ม.ม.)	จำนวนชิ้นงานที่ต้องการ (ชิ้น)
5	100	100	3
	100	700	8
6	150	250	4
	200	350	2
	200	500	4
	100	150	3
	200	750	9
	150	200	6
7	200	500	9
	50	50	1
	150	150	8
	150	350	2
	100	300	3
	100	600	7
	100	350	2
8	150	750	6
	100	350	9
	200	250	4
	200	500	3
	50	150	2
	150	250	4
	50	100	4
	150	350	3
9	200	250	6
	100	400	2

ตารางผนวกที่ 2 (ต่อ)

ปัญหาที่	ความกว้างของชิ้นงาน (ม.ม.)	ความยาวของชิ้นงาน (ม.ม.)	จำนวนชิ้นงานที่ต้องการ (ชิ้น)
9	200	450	4
	100	800	3
	50	150	1
	50	250	4
	100	100	5
	100	650	2
	250	600	8
10	250	400	6
	100	450	1
	50	100	1
	250	550	3
	50	200	8
	100	300	3
	150	600	2
	100	400	1
	150	200	2
	100	200	1

ตารางผนวกที่ 3 ตารางแสดงความกว้าง, ความยาวและจำนวนของชิ้นงานที่ใช้ในการทดลอง
ที่ 1 กรณีที่แผ่นวัสดุคืบมีขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. ในการสุ่มซ้ำครั้งที่ 3

ปัญหาที่	ความกว้างของชิ้นงาน (ม.ม.)	ความยาวของชิ้นงาน (ม.ม.)	จำนวนชิ้นงานที่ต้องการ (ชิ้น)
1	1	200	4
2	2	150	7
		100	6

ตารางผนวกที่ 3 (ต่อ)

3	3	50	2
		100	4
		200	6
4	4	50	7
		150	3
		150	5
		100	8
5	5	200	8
		150	7
		100	3
		50	3
		150	8
6	6	150	4
		200	2
		100	4
		100	3
		100	9
		200	6
		200	9
7	7	250	1
		150	8
		100	2
		100	3
		50	7
		150	2
		200	6
8	8	200	6
		50	9

ตารางผนวกที่ 3 (ต่อ)

8		100	4
		100	3
		50	2
		200	4
		150	4
		50	3
	9	9	50
		150	2
		200	4
		50	3
		100	1
		150	4
		100	5
		100	2
		100	8
10		10	150
		50	1
		150	1
		100	3
		100	8
		50	3
		200	2
		50	1
		150	2
		200	1

ภาคผนวก ค

ตัวอย่างผลที่ได้จากการรันโปรแกรม cuttingGA

ผลลัพธ์ของข้อมูลการทดลองของปัญหาที่ 1 ในการทดลองที่ 1 โดยจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่น
วัสดุขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. และใช้ข้อมูลชิ้นงานเป็นข้อมูลในการสุ่มซ้ำครั้งที่ 1

Steel GA Layout

** วัสดุคืบ **

ชนิด	ความหนา	ความกว้าง	ความยาว	จำนวนที่ใช้
s_test	3.0	500.0	1000.0	1

** เปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ย 0.00 % **

** จำนวนชิ้นงานที่ได้ทั้งหมด **

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน
1	100.0	1000.0	3

::: แบบที่ 1 จำนวนวัสดุคืบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
1	100.0	1000.0	3	3

tree : [1, 1, 1, V, V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
1	100.0	1000.0	(0.0 , 0.0)
1	100.0	1000.0	(0.0 , 100.0)
1	100.0	1000.0	(0.0 , 200.0)

ผลลัพธ์ของข้อมูลการทดลองปัญหาที่ 2 ในการทดลองที่ 1 โดยจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่นวัสดุคิบ
ขนาด 500 ม.ม.× 1000 ม.ม.

Steel GA Layout

** วัสดุคิบ **

ชนิด	ความหนา	ความกว้าง	ความยาว	จำนวนที่ใช้
s_test	3.0	500.0	1000.0	2

** เปอร์เซนต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ย 12.50 % **

** จำนวนชิ้นงานที่ได้ทั้งหมด **

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน
1	150.0	250.0	6
2	200.0	500.0	3

::: แบบที่ 1 จำนวนวัสดุคิบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
1	150.0	250.0	6	2
2	200.0	500.0	3	3

tree : [2, 2, H, 2, 1, 1, H, H, V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
2	200.0	500.0	(0.0 , 0.0)
2	200.0	500.0	(500.0 , 0.0)

2	200.0	500.0	(0.0 , 200.0)
1	150.0	250.0	(500.0 , 200.0)
1	150.0	250.0	(750.0 , 200.0)

::: แบบที่ 2 จำนวนวัตถุคิบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
1	150.0	250.0	6	4

tree : [1, 1, 1, 1, H, H, H]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
1	150.0	250.0	(0.0 , 0.0)
1	150.0	250.0	(250.0 , 0.0)
1	150.0	250.0	(500.0 , 0.0)
1	150.0	250.0	(750.0 , 0.0)

ผลลัพธ์ของข้อมูลการทดลองของปัญหาที่ 3 ในการทดลองที่ 1 โดยจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่น
วัสดุคืบขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. และใช้ข้อมูลชิ้นงานเป็นข้อมูลในการสุ่มซ้ำครั้งที่ 1

Steel GA Layout

** วัสดุคืบ **

ชนิด	ความหนา	ความกว้าง	ความยาว	จำนวนที่ใช้
s_test	3.0	500.0	1000.0	1

** เปอร์เซนต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ย 0.00 % **

** จำนวนชิ้นงานที่ได้ทั้งหมด **

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน
1	100.0	750.0	2
2	100.0	500.0	3
3	100.0	250.0	4

::: แบบที่ 1 จำนวนวัสดุคืบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
1	100.0	750.0	2	2
2	100.0	500.0	3	3
3	100.0	250.0	4	4

tree : [2, 2, H, 2, 3, 3, H, H, 1, 3, H, 1, 3, H, V, V, V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
2	100.0	500.0	(0.0 , 0.0)
2	100.0	500.0	(500.0 , 0.0)

2	100.0	500.0	(0.0 , 100.0)
3	100.0	250.0	(500.0 , 100.0)

3	100.0	250.0	(750.0 , 100.0)

1	100.0	750.0	(0.0 , 200.0)
3	100.0	250.0	(750.0 , 200.0)

1	100.0	750.0	(0.0 , 300.0)
3	100.0	250.0	(750.0 , 300.0)

ผลลัพธ์ของข้อมูลการทดลองของปัญหาที่ 4 ในการทดลองที่ 1 โดยจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่น
วัสดุขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. และใช้ข้อมูลชิ้นงานเป็นข้อมูลในการสุ่มซ้ำครั้งที่ 1

Steel GA Layout

** วัสดุคืบ **

ชนิด	ความหนา	ความกว้าง	ความยาว	จำนวนที่ใช้
s_test	3.0	500.0	1000.0	1

** เปอร์เซนต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ย 15.00 % **

** จำนวนชิ้นงานที่ได้ทั้งหมด **

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน
1	100.0	200.0	5
2	100.0	100.0	5
3	50.0	100.0	6
4	100.0	150.0	3

::: แบบที่ 1 จำนวนวัสดุคืบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
1	100.0	200.0	5	5
2	100.0	100.0	5	5
3	50.0	100.0	6	6
4	100.0	150.0	3	3

tree : [1, 3, 3, 3, 3, 3, 2, 2, 2, 2, H, 1, 1, 1, 1, 4, H, H, H, H, 4, 4, H, V, V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
1	100.0	200.0	(0.0 , 0.0)
3	100.0	50.0	(200.0 , 0.0)
3	100.0	50.0	(250.0 , 0.0)

3	100.0	50.0	(300.0 , 0.0)
3	100.0	50.0	(350.0 , 0.0)
3	100.0	50.0	(400.0 , 0.0)
3	100.0	50.0	(450.0 , 0.0)
2	100.0	100.0	(500.0 , 0.0)
2	100.0	100.0	(600.0 , 0.0)
2	100.0	100.0	(700.0 , 0.0)
2	100.0	100.0	(800.0 , 0.0)
2	100.0	100.0	(900.0 , 0.0)

1	100.0	200.0	(0.0 , 100.0)
1	100.0	200.0	(200.0 , 100.0)
1	100.0	200.0	(400.0 , 100.0)
1	100.0	200.0	(600.0 , 100.0)
4	100.0	150.0	(800.0 , 100.0)

4	100.0	150.0	(0.0 , 200.0)
4	100.0	150.0	(150.0 , 200.0)

ผลลัพธ์ของข้อมูลการทดลองของปัญหาที่ 5 ในการทดลองที่ 1 โดยจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่น
วัสดุคืบขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. และใช้ข้อมูลชิ้นงานเป็นข้อมูลในการสุ่มซ้ำครั้งที่ 1

Steel GA Layout

** วัสดุคืบ **

ชนิด	ความหนา	ความกว้าง	ความยาว	จำนวนที่ใช้
s_test	3.0	500.0	1000.0	2

** เปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ย 4.00 % **

** จำนวนชิ้นงานที่ได้ทั้งหมด **

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน
1	200.0	200.0	4
2	150.0	500.0	4
3	150.0	200.0	7
4	100.0	100.0	5
5	50.0	200.0	4

::: แบบที่ 1 จำนวนวัสดุคืบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
1	200.0	200.0	4	4
3	150.0	200.0	7	7
4	100.0	100.0	5	5
5	50.0	200.0	4	4

tree : [3, 4, 4, 4, 4, 3, H, H, H, H, H, H, 3, 3, 3, 3, H, H, H, H, 1, 1, 1, 5, 5, 5, 5, H, H, H, H, H, H, H, V,
V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
3	150.0	200.0	(0.0 , 0.0)

4	100.0	100.0	(200.0 , 0.0)
4	100.0	100.0	(300.0 , 0.0)
4	100.0	100.0	(400.0 , 0.0)
4	100.0	100.0	(500.0 , 0.0)
4	100.0	100.0	(600.0 , 0.0)
3	150.0	200.0	(700.0 , 0.0)

3	150.0	200.0	(0.0 , 150.0)
3	150.0	200.0	(200.0 , 150.0)
3	150.0	200.0	(400.0 , 150.0)
3	150.0	200.0	(600.0 , 150.0)
3	150.0	200.0	(800.0 , 150.0)

1	200.0	200.0	(0.0 , 300.0)
1	200.0	200.0	(200.0 , 300.0)
1	200.0	200.0	(400.0 , 300.0)
1	200.0	200.0	(600.0 , 300.0)
5	200.0	50.0	(800.0 , 300.0)
5	200.0	50.0	(850.0 , 300.0)
5	200.0	50.0	(900.0 , 300.0)
5	200.0	50.0	(950.0 , 300.0)

::: แบบที่ 2 จำนวนวัตถุคิบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
2	150.0	500.0	4	4

tree : [2, 2, H, 2, 2, H, V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
2	150.0	500.0	(0.0 , 0.0)
2	150.0	500.0	(500.0 , 0.0)

2	150.0	500.0	(0.0 , 150.0)

2	150.0	500.0	(500.0 , 150.0)
---	-------	-------	-----------------

ผลลัพธ์ของข้อมูลการทดลองของปัญหาที่ 6 ในการทดลองที่ 1 โดยจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่น
วัสดุคืบขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. และใช้ข้อมูลชิ้นงานเป็นข้อมูลในการสุ่มซ้ำครั้งที่ 1

Steel GA Layout

** วัสดุคืบ **

ชนิด	ความหนา	ความกว้าง	ความยาว	จำนวนที่ใช้
s_test	3.0	500.0	1000.0	1

** เปอร์เซนต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ย 0.00 % **

** จำนวนชิ้นงานที่ได้ทั้งหมด **

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน
1	100.0	800.0	2
2	100.0	500.0	3
3	100.0	100.0	4
4	100.0	300.0	3
5	100.0	200.0	2
6	50.0	100.0	4

::: แบบที่ 1 จำนวนวัสดุคืบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
1	100.0	800.0	2	2
2	100.0	500.0	3	3
3	100.0	100.0	4	4
4	100.0	300.0	3	3
5	100.0	200.0	2	2
6	50.0	100.0	4	4

tree : [1, 6, 6, 6, 6, H, H, H, H, 1, 3, 3, H, H, 2, 3, 3, 4, H, H, H, 2, 2, H, 4, 4, 5, 5, H, H, H, V, V, V, V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
1	100.0	800.0	(0.0 , 0.0)
6	100.0	50.0	(800.0 , 0.0)
6	100.0	50.0	(850.0 , 0.0)
6	100.0	50.0	(900.0 , 0.0)
6	100.0	50.0	(950.0 , 0.0)

1	100.0	800.0	(0.0 , 100.0)
3	100.0	100.0	(800.0 , 100.0)
3	100.0	100.0	(900.0 , 100.0)

2	100.0	500.0	(0.0 , 200.0)
3	100.0	100.0	(500.0 , 200.0)
3	100.0	100.0	(600.0 , 200.0)
4	100.0	300.0	(700.0 , 200.0)

2	100.0	500.0	(0.0 , 300.0)
2	100.0	500.0	(500.0 , 300.0)

4	100.0	300.0	(0.0 , 400.0)
4	100.0	300.0	(300.0 , 400.0)
5	100.0	200.0	(600.0 , 400.0)
5	100.0	200.0	(800.0 , 400.0)

ผลลัพธ์ของข้อมูลการทดลองของปัญหาที่ 7 ในการทดลองที่ 1 โดยจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่น
วัสดุคืบขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. และใช้ข้อมูลชิ้นงานเป็นข้อมูลในการสุ่มซ้ำครั้งที่ 1

Steel GA Layout

** วัสดุคืบ **

ชนิด	ความหนา	ความกว้าง	ความยาว	จำนวนที่ใช้
s_test	3.0	500.0	1000.0	2

** เปอร์เซนต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ย 9.25 % **

** จำนวนชิ้นงานที่ได้ทั้งหมด **

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน
1	150.0	800.0	2
2	100.0	500.0	1
3	200.0	200.0	4
4	150.0	150.0	3
5	100.0	150.0	2
6	50.0	200.0	4
7	150.0	200.0	4

::: แบบที่ 1 จำนวนวัสดุคืบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
1	150.0	800.0	2	2
3	200.0	200.0	4	4
4	150.0	150.0	3	1
5	100.0	150.0	2	2
6	50.0	200.0	4	4

tree : [3, 3, 3, 3, 6, 6, 6, 6, H, H, H, H, H, H, H, 1, 5, 5, H, H, 1, 4, H, V, V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
3	200.0	200.0	(0.0 , 0.0)
3	200.0	200.0	(200.0 , 0.0)
3	200.0	200.0	(400.0 , 0.0)
3	200.0	200.0	(600.0 , 0.0)
6	200.0	50.0	(800.0 , 0.0)
6	200.0	50.0	(850.0 , 0.0)
6	200.0	50.0	(900.0 , 0.0)
6	200.0	50.0	(950.0 , 0.0)

1	150.0	800.0	(0.0 , 200.0)
5	150.0	100.0	(800.0 , 200.0)
5	150.0	100.0	(900.0 , 200.0)

1	150.0	800.0	(0.0 , 350.0)
4	150.0	150.0	(800.0 , 350.0)

::: แบบที่ 2 จำนวนวัตถุคิบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
2	100.0	500.0	1	1
4	150.0	150.0	3	2
7	150.0	200.0	4	4

tree : [2, 7, 7, H, H, 7, 4, 4, 7, H, H, H, V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
2	100.0	500.0	(0.0 , 0.0)
7	150.0	200.0	(500.0 , 0.0)
7	150.0	200.0	(700.0 , 0.0)

7	150.0	200.0	(0.0 , 150.0)
4	150.0	150.0	(200.0 , 150.0)
4	150.0	150.0	(350.0 , 150.0)

7	150.0	200.0	(500.0 , 150.0)
---	-------	-------	-----------------

ผลลัพธ์ของข้อมูลการทดลองของปัญหาที่ 8 ในการทดลองที่ 1 โดยจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่น
วัสดุคืบขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. และใช้ข้อมูลชิ้นงานเป็นข้อมูลในการสุ่มซ้ำครั้งที่ 1

Steel GA Layout

** วัสดุคืบ **

ชนิด	ความหนา	ความกว้าง	ความยาว	จำนวนที่ใช้
s_test	3.0	500.0	1000.0	2

** เปอร์เซนต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ย 2.50 % **

** จำนวนชิ้นงานที่ได้ทั้งหมด **

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน
1	100.0	150.0	5
2	100.0	100.0	5
3	50.0	100.0	6
4	150.0	200.0	3
5	100.0	200.0	8
6	200.0	250.0	1
7	200.0	200.0	3
8	50.0	200.0	5

::: แบบที่ 1 จำนวนวัสดุคืบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
1	100.0	150.0	5	5
2	100.0	100.0	5	5
3	50.0	100.0	6	6
4	150.0	200.0	3	3
5	100.0	200.0	8	3
6	200.0	250.0	1	1
7	200.0	200.0	3	3

tree : [7, 7, 7, 1, 1, 1, 1, H, H, H, H, H, H, 6, 1, 4, 4, 4, 5, 5, H, H, H, H, H, H, 5, 2, 2, 2, 2, 2, 3, 3, 3, 3, 3, 3, H,
H, H, H, H, H, H, H, H, H, H, V, V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
7	200.0	200.0	(0.0 , 0.0)
7	200.0	200.0	(200.0 , 0.0)
7	200.0	200.0	(400.0 , 0.0)
1	150.0	100.0	(600.0 , 0.0)
1	150.0	100.0	(700.0 , 0.0)
1	150.0	100.0	(800.0 , 0.0)
1	150.0	100.0	(900.0 , 0.0)

6	200.0	250.0	(0.0 , 200.0)
1	150.0	100.0	(250.0 , 200.0)
4	200.0	150.0	(350.0 , 200.0)
4	200.0	150.0	(500.0 , 200.0)
4	200.0	150.0	(650.0 , 200.0)
5	200.0	100.0	(800.0 , 200.0)
5	200.0	100.0	(900.0 , 200.0)

5	100.0	200.0	(0.0 , 400.0)
2	100.0	100.0	(200.0 , 400.0)
2	100.0	100.0	(300.0 , 400.0)
2	100.0	100.0	(400.0 , 400.0)
2	100.0	100.0	(500.0 , 400.0)
2	100.0	100.0	(600.0 , 400.0)
3	100.0	50.0	(700.0 , 400.0)
3	100.0	50.0	(750.0 , 400.0)
3	100.0	50.0	(800.0 , 400.0)
3	100.0	50.0	(850.0 , 400.0)
3	100.0	50.0	(900.0 , 400.0)
3	100.0	50.0	(950.0 , 400.0)

::: แบบที่ 2 จำนวนวัตถุคิบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
5	100.0	200.0	8	5
8	50.0	200.0	5	5

tree : [5, 5, 5, 5, 5, H, H, H, H, 8, 8, 8, 8, 8, H, H, H, H, V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
5	100.0	200.0	(0.0 , 0.0)
5	100.0	200.0	(200.0 , 0.0)
5	100.0	200.0	(400.0 , 0.0)
5	100.0	200.0	(600.0 , 0.0)
5	100.0	200.0	(800.0 , 0.0)

8	50.0	200.0	(0.0 , 100.0)
8	50.0	200.0	(200.0 , 100.0)
8	50.0	200.0	(400.0 , 100.0)
8	50.0	200.0	(600.0 , 100.0)
8	50.0	200.0	(800.0 , 100.0)

ผลลัพธ์ของข้อมูลการทดลองของปัญหาที่ 9 ในการทดลองที่ 1 โดยจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่น
วัสดุคืบขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. และใช้ข้อมูลชิ้นงานเป็นข้อมูลในการสุ่มซ้ำครั้งที่ 1

Steel GA Layout

** วัสดุคืบ **

ชนิด	ความหนา	ความกว้าง	ความยาว	จำนวนที่ใช้
s_test	3.0	500.0	1000.0	2

** เปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ย 2.00 % **

** จำนวนชิ้นงานที่ได้ทั้งหมด **

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน
1	100.0	150.0	6
2	100.0	100.0	7
3	50.0	100.0	6
4	150.0	200.0	3
5	100.0	200.0	8
6	200.0	250.0	1
7	200.0	300.0	3
8	50.0	200.0	6
9	250.0	400.0	2

::: แบบที่ 1 จำนวนวัสดุคืบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
1	100.0	150.0	6	6
2	100.0	100.0	7	7
3	50.0	100.0	6	6
4	150.0	200.0	3	3
5	100.0	200.0	8	5
6	200.0	250.0	1	1

8 50.0 200.0 6 6

tree : [1, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 2, 3, 3, 3, H, H, H, H, H, H, H, H, H, 1, 3, 3, 3, 1, 1, 1, 1, H, H, H, H, H, H, H, 6, 8,
8, 8, 8, 8, 8, 4, 4, 4, H, H, H, H, H, H, H, H, H, 5, 5, 5, 5, 5, H, H, H, H, V, V, V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
1	100.0	150.0	(0.0 , 0.0)
2	100.0	100.0	(150.0 , 0.0)
2	100.0	100.0	(250.0 , 0.0)
2	100.0	100.0	(350.0 , 0.0)
2	100.0	100.0	(450.0 , 0.0)
2	100.0	100.0	(550.0 , 0.0)
2	100.0	100.0	(650.0 , 0.0)
2	100.0	100.0	(750.0 , 0.0)
3	100.0	50.0	(850.0 , 0.0)
3	100.0	50.0	(900.0 , 0.0)
3	100.0	50.0	(950.0 , 0.0)

1	100.0	150.0	(0.0 , 100.0)
3	100.0	50.0	(150.0 , 100.0)
3	100.0	50.0	(200.0 , 100.0)
3	100.0	50.0	(250.0 , 100.0)
1	100.0	150.0	(300.0 , 100.0)
1	100.0	150.0	(450.0 , 100.0)
1	100.0	150.0	(600.0 , 100.0)
1	100.0	150.0	(750.0 , 100.0)

6	200.0	250.0	(0.0 , 200.0)
8	200.0	50.0	(250.0 , 200.0)
8	200.0	50.0	(300.0 , 200.0)
8	200.0	50.0	(350.0 , 200.0)
8	200.0	50.0	(400.0 , 200.0)
8	200.0	50.0	(450.0 , 200.0)
8	200.0	50.0	(500.0 , 200.0)

4	200.0	150.0	(550.0 , 200.0)
4	200.0	150.0	(700.0 , 200.0)
4	200.0	150.0	(850.0 , 200.0)

5	100.0	200.0	(0.0 , 400.0)
5	100.0	200.0	(200.0 , 400.0)
5	100.0	200.0	(400.0 , 400.0)
5	100.0	200.0	(600.0 , 400.0)
5	100.0	200.0	(800.0 , 400.0)

::: แบบที่ 2 จำนวนวัตถุคิบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
5	100.0	200.0	8	3
7	200.0	300.0	3	3
9	250.0	400.0	2	2

tree : [9, 5, 5, 9, H, H, H, 5, 7, 7, 7, H, H, H, V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
9	250.0	400.0	(0.0 , 0.0)
5	200.0	100.0	(400.0 , 0.0)
5	200.0	100.0	(500.0 , 0.0)
9	250.0	400.0	(600.0 , 0.0)

5	200.0	100.0	(0.0 , 250.0)
7	200.0	300.0	(100.0 , 250.0)
7	200.0	300.0	(400.0 , 250.0)
7	200.0	300.0	(700.0 , 250.0)

ผลลัพธ์ของข้อมูลการทดลองของปัญหาที่ 10 ในการทดลองที่ 1 โดยจัดเรียงชิ้นงานลงบนแผ่น
 วัสดุคืบขนาด 500 ม.ม. × 1000 ม.ม. และใช้ข้อมูลชิ้นงานเป็นข้อมูลในการสุ่มซ้ำครั้งที่ 1

Steel GA Layout

** วัสดุคืบ **

ชนิด	ความหนา	ความกว้าง	ความยาว	จำนวนที่ใช้
s_test	3.0	500.0	1000.0	3

** เปอร์เซ็นต์เศษที่สูญเสียเฉลี่ย 5.33 % **

** จำนวนชิ้นงานที่ได้ทั้งหมด **

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน
1	100.0	800.0	2
2	100.0	500.0	3
3	100.0	100.0	4
4	100.0	300.0	3
5	100.0	200.0	6
6	50.0	100.0	4
7	200.0	200.0	4
8	200.0	500.0	3
9	150.0	200.0	5
10	100.0	150.0	2

::: แบบที่ 1 จำนวนวัสดุคืบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
1	100.0	800.0	2	2
3	100.0	100.0	4	4
4	100.0	300.0	3	2
5	100.0	200.0	6	3
6	50.0	100.0	4	4

7 200.0 200.0 4 4

tree : [1, 3, 3, H, H, 1, 3, 3, H, H, 7, 7, 7, 7, 5, 5, H, H, H, H, H, 4, 6, 6, 6, 6, 4, 5, H, H, H, H, H, H, V, V, V]

ลำดับ ความกว้าง ความยาว ตำแหน่งที่วาง(x,y)

1 100.0 800.0 (0.0 , 0.0)

3 100.0 100.0 (800.0 , 0.0)

3 100.0 100.0 (900.0 , 0.0)

1 100.0 800.0 (0.0 , 100.0)

3 100.0 100.0 (800.0 , 100.0)

3 100.0 100.0 (900.0 , 100.0)

7 200.0 200.0 (0.0 , 200.0)

7 200.0 200.0 (200.0 , 200.0)

7 200.0 200.0 (400.0 , 200.0)

7 200.0 200.0 (600.0 , 200.0)

5 200.0 100.0 (800.0 , 200.0)

5 200.0 100.0 (900.0 , 200.0)

4 100.0 300.0 (0.0 , 400.0)

6 100.0 50.0 (300.0 , 400.0)

6 100.0 50.0 (350.0 , 400.0)

6 100.0 50.0 (400.0 , 400.0)

6 100.0 50.0 (450.0 , 400.0)

4 100.0 300.0 (500.0 , 400.0)

5 100.0 200.0 (800.0 , 400.0)

::: แบบที่ 2 จำนวนวัตถุดิบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ ความกว้าง ความยาว จำนวน จำนวนที่ใช้

4 100.0 300.0 3 1

5 100.0 200.0 6 3

8 200.0 500.0 3 3

9	150.0	200.0	5	2
10	100.0	150.0	2	2

tree : [4, 5, 5, 5, H, H, H, 8, 8, H, 10, 10, 9, 9, 8, H, H, H, H, V, V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
4	100.0	300.0	(0.0 , 0.0)
5	100.0	200.0	(300.0 , 0.0)
5	100.0	200.0	(500.0 , 0.0)
5	100.0	200.0	(700.0 , 0.0)

8	200.0	500.0	(0.0 , 100.0)
8	200.0	500.0	(500.0 , 100.0)

10	150.0	100.0	(0.0 , 300.0)
10	150.0	100.0	(100.0 , 300.0)
9	200.0	150.0	(200.0 , 300.0)
9	200.0	150.0	(350.0 , 300.0)
8	200.0	500.0	(500.0 , 300.0)

::: แบบที่ 3 จำนวนวัตถุดิบ 1 แผ่น :::

ชิ้นงานที่ได้

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	จำนวน	จำนวนที่ใช้
2	100.0	500.0	3	3
9	150.0	200.0	5	3

tree : [9, 9, 9, 2, H, H, H, 2, 2, H, V]

ลำดับ	ความกว้าง	ความยาว	ตำแหน่งที่วาง(x,y)
9	200.0	150.0	(0.0 , 0.0)
9	200.0	150.0	(150.0 , 0.0)
9	200.0	150.0	(300.0 , 0.0)
2	100.0	500.0	(450.0 , 0.0)

ประวัติการศึกษา และการทำงาน

ชื่อ –นามสกุล	นางสาวอมใจ ฉลาด
วัน เดือน ปี ที่เกิด	18 พฤศจิกายน 2526
สถานที่เกิด	ชลบุรี
ประวัติการศึกษา	สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
ตำแหน่งหน้าที่การงานปัจจุบัน	-
สถานที่ทำงานปัจจุบัน	-
ผลงานดีเด่นและรางวัลทางวิชาการ	-
ทุนการศึกษาที่ได้รับ	-