การแก้ปัญหาการจัดตารางสอบด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม สำหรับคณะบริหารธุรกิจ และเทคโนโลยีสารสนเทศ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลสุวรรณภูมิ

Solving Examination Scheduling Problem with the Genetic Algorithm for Faculty of Business Administration and Information Technology, Rajamangala University of Technology Suvarnbhumi

ลิขิต แจ่มอุทัย[1*] และ สมบูรณ์ เอนกฤทธิ์มงคล[2]

Likit Chamuthai1[*] and Somboon Anekritmongkol[2]

[1]นักศึกษาปริญญาโท หลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาเทคโนโลยีสารสนเทศ วิทยาลัยเทคโนโลยีสารสนเทศและการสื่อสาร มหาวิทยาลัยรังสิต ถนนพหลโยธิน ตำบลหลักหก อำเภอเมือง จังหวัดปทุมธานี 12000*

[2]อาจารย์ประจำ หลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาเทคโนโลยีสารสนเทศ วิทยาลัยเทคโนโลยีสารสนเทศและการสื่อสาร มหาวิทยาลัยรังสิต ถนนพหลโยธิน ตำบลหลักหก อำเภอเมือง จังหวัดปทุมธานี 12000

[1]Graduate student in Master of Science in Information Technology, College of Information and Communication Technology, Rangsit University, Phahonyothin Rd., Lak-hok, Patumtanee, Thailand 12000*

Corresponding author,E mail: likit.c@rmutsb.ac.th

[2]Lecturer in Master of Science in Information Technology, College of Information and Communication Technology, Rangsit University, Phahonyothin Rd., Lak-hok, Patumtanee, Thailand 12000

บทคัดย่อ

ปัญหาการจัดตารางสอบในระดับมหาวิทยาลัยมีความซับซ้อน ใช้เวลามาก ทำให้เกิดความล่าช้า และอาจเกิดความผิดพลาดได้ การจัดตารางสอบจะมีเงื่อนไขในการจัดตารางสอบ เช่น ในรายวิชาเดียวกันจะต้องสอบพร้อมกัน อาจารย์คุมสอบสามารถคุมสอบได้วิชาเดียว ในการคุมสอบต้องมีอาจารย์คุมสอบอย่างน้อย 2 ท่าน เป็นต้น ดังนั้นการจัดตารางสอบจึงมีความสำคัญเป็นอย่างยิ่ง คณะบริหารธุรกิจและเทคโนโลยีสารสนเทศ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลสุวรรณภูมิ มีปัญหาในการจัดตารางสอบ โดยใช้บุคลากรในการจัดตารางสอบ ทำให้เกิดความล่าช้า เสียเวลาและขาดความถูกต้องแม่นยำในการจัดตารางสอบ ซึ่งงานวิจัยนี้ได้พัฒนาโปรแกรม โดยนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) มาช่วยในการแก้ปัญหาจัดตารางสอบ ในงานวิจัยนี้ยังหาประสิทธิภาพที่ดีที่สุด ในด้านความเร็วและความถูกต้องของผลลัพธ์ โดยปรับค่า Crossover Rate และ Mutation Rate เพื่อทำการทดลองหาจุดที่มีระสิทธิภาพดีที่สุด ซึ่งใช้ข้อมูลวิชา กลุ่มนักศึกษา อาจารย์ ห้องสอบ เป็นข้อมูลเบื้องต้นที่ใช้ในการทดลอง ทำให้การจัดตารางสอบรวดเร็วและถูกต้องตามเงื่อนไขที่กำหนดไว้

***คำสำคัญ**: ปัญหาการจัดตารางสอบ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม การสลับสายพันธุ์ การกลายพันธุ์*

Abstract

The problem of examination scheduling at the university level is caused by its complexity, time-consuming, delays and unexpected mistake since there are some conditions relating to the scheduling. For example, the similar subjects are needed to be tested on the same time; one invigilator can be responsible for only one single subject and two invigilators are need for each invigilation. Therefore, the examination scheduling is considerably important. Faculty of Business and Information Technology, Rajamangala University of Technology Suvarnabhumi, found the problem in scheduling the examination through the use of personnel for scheduling the examination which leads to the delay, waste of time and accuracy in scheduling. This research developed the program using genetic algorithm to facilitate and solve the problem of the examination scheduling. In addition, this research also determined the best performance in the speed and accuracy of the result by adjusting the Crossover Rate and Mutation Rate of the experiment to determine the most effective point. The data of subject details, student groups, instructors and examination rooms were used as a preliminary examination in the trial in order to make the process in scheduling the examination faster and more accurate.

Keywords: *Examination scheduling problem, Genetic algorithm, Crossover, Mutation*

1. บทนำ

ในระดับมหาวิทยาลัย ปัญหาเกี่ยวกับการจัดตารางสอบ คือต้องจัดสรรผู้คุมสอบหลัก ผู้คุมสอบร่วม นักศึกษาที่สอบ วิชาที่สอบ ห้องสอบ วันและเวลาที่สอบลงในตารางสอบอย่างเหมาะสมและมีความสัมพันธ์กัน Wu, H. (2015) ซึ่งปัจจุบันมีหลายวิธีที่ใช้ในการแก้ไขปัญหาการจัดตารางสอบ เช่น ขั้นตอนวิธีการค้นหาแบบตาบู (Tabu Search Algorithm) Darmawan, I. (2013). ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) Yang, S. (2011). หรือใช้ทั้งสองวิธีมาช่วยในการจัดตารางสอบ ทั้งนี้อาจไม่ตรงตามความต้องการของแต่ละสถานศึกษา เพราะว่าแต่ละสถานศึกษามีความต้องการที่แตกต่างกัน สำหรับในกรณีของ คณะบริหารธุรกิจและเทคโนโลยีสารสนเทศ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลสุวรรณภูมิ มีรูปแบบการจัดตารางสอบ โดยใช้บุคลากรในการจัดตารางสอบ ทำให้ใช้เวลานานและเกิดความผิดพลาด ซึ่งยังขาดระบบที่จะนำมาช่วยในการจัดตารางสอบให้มีความถูกต้องแม่นยำมากยิ่งขึ้น

ด้วยเหตุนี้ทางผู้วิจัยจึงได้ทำการแก้ปัญหาการจัดตารางสอบ ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยการกำหนดรูปแบบของโครโมโซม สร้างประชากรเริ่มต้น การประเมินค่าคะแนน คัดเลือกสายพันธุ์ สลับสายพันธุ์ กลายพันธุ์ แทนที่โครโมโซม และเงื่อนไขการหยุดทำงาน โดยใช้กรณีศึกษาของคณะบริหารธุรกิจและเทคโนโลยีสารสนเทศ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลสุวรรณภูมิ เพื่อช่วยในการแก้ปัญหาการจัดตารางสอบที่มีความซับซ้อน ให้มีความสอดคล้อง เหมาะสม และแก้ปัญหาตามเงื่อนไขที่ต้องการได้

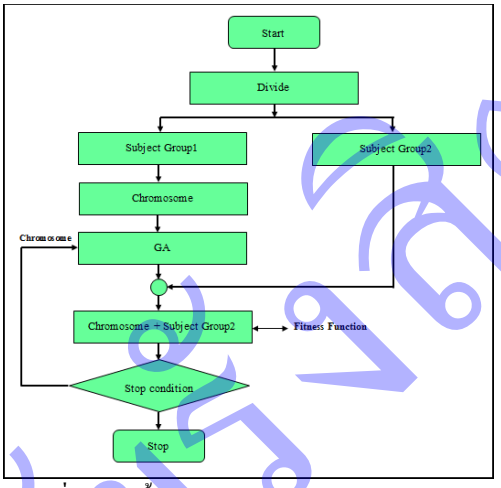
2. วัตถุประสงค์

เพื่อนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเข้ามาช่วยแก้ปัญหาการจัดตารางสอบของคณะบริหารธุรกิจและเทคโนโลยีสารสนเทศ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลสุวรรณภูมิ

3. วิธีดำเนินการวิจัย

การจัดตารางสอบ คือ การจัดรายวิชา ผู้คุมสอบลงในห้องสอบและเวลาสอบอย่างเหมาะสมและถูกต้อง การจัดตารางสอบเป็นปัญหาที่เกี่ยวข้องกับเงื่อนไข Manar, H. (2014). ซึ่งมีหลายเงื่อนไข ทำให้เกิดความซับซ้อน เงื่อนไขอาจมีความแตกต่างกันตามความต้องการของแต่ละสถานศึกษา โดยเงื่อนไขการจัดตารางสอบมี 2 ประเภท คือ เงื่อนไขบังคับและเงื่อนไขผ่อนปรน สำหรับเงื่อนไขบังคับและเงื่อนไขผ่อนปรน ที่ได้รวบรวมจากสถานศึกษา ได้แก่ วิชาเดียวกันต้องสอบในวันและเวลาเดียวกัน ผู้คุมสอบ 1 ท่านไม่สามารถคุมสอบในวันและเวลาเดียวกันได้ ห้องสอบ 1 ห้องต้องมีผู้คุมสอบ 2 คน ผู้คุมสอบ 1 คน ต้องมีวันว่างอย่างน้อย 1 วัน ใน 1 สัปดาห์ นักศึกษา 1 กลุ่มต้องไม่สอบในวันและเวลาเดียวกัน ห้องสอบต้องมีที่นั่งมากกว่าหรือเท่ากับจำนวนนักศึกษา ผู้คุมสอบสามารถเลือกวันว่างได้ ห้องสอบต้องใช้อย่างเหมาะสม 1 ห้อง ใช้สอบ 2 ช่วงเวลา

ขั้นตอนการแก้ปัญหาการจัดตารางสอบ ได้รวบรวมข้อมูลวิชา กลุ่มนักศึกษา อาจารย์ ห้องสอบของภาคการศึกษาที่ 1 ปีการศึกษา 2558 มาใช้เป็นข้อมูลเบื้องต้นในการทดลอง และได้พัฒนาโปรแกรมเพื่อใช้ในการทดลองในสถานการณ์ต่างๆ โดยเก็บข้อมูลวิชา กลุ่มนักศึกษา อาจารย์ และห้องสอบ ในรูปแบบอาร์เรย์ โดยมีขั้นตอนและวิธีการแสดงในรูปที่ 1



รูปที่ 1 แสดงขั้นตอนการแก้ปัญหาการจัดตารางสอบ

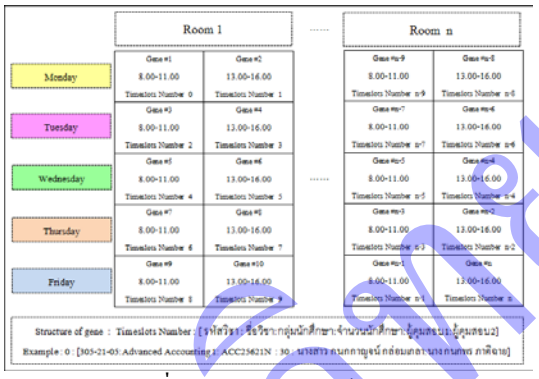
นำขั้นตอนวิธีประเภทแบ่งเพื่อเอาชนะ มาช่วยในการจัดตารางสอบ Van, D. A. (2013). เป็นการแบ่งข้อมูลเป็นกลุ่มเล็กๆ เพื่อง่ายต่อการแก้ปัญหา โดยแบ่งรายวิชาออกเป็น 2 กลุ่มย่อย คือ กลุ่มที่ 1 จะทำการจัดด้วย GA ซึ่งจะกล่าวในย่อหน้าถัดไป ส่วนกลุ่มที่ 2 จะทำการจัดตารางสอบโดยการจัดเรียงข้อมูลลงไปใน Timeslot และตรวจสอบเงื่อนไขต่างๆ ให้ถูกต้อง ซึ่ง Timeslot จะแบ่งไว้เฉพาะกลุ่ม โดยเงื่อนไขการแบ่งกลุ่มย่อย คือ รายวิชาที่มีนักศึกษาสอบไม่เกิน 2 กลุ่ม จะแบ่งอยู่ในกลุ่มแรก ที่เหลือจะถูกแบ่งอยู่ในกลุ่มที่สอง เมื่อทั้งสองกลุ่มจัดข้อมูลลงใน Timeslot เสร็จแล้วจะทำการรวมข้อมูลทั้ง 2 กลุ่มเข้าด้วยกัน แล้วนำไปตรวจสอบ Fitness Function เพื่อประเมินค่าตารางสอบ

การนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมาใช้ในการจัดตารางสอบมีขั้นตอนการทำงาน คือ การกำหนดรูปแบบของโครโมโซม การสร้างประชากรเริ่มต้น การประเมินค่าคะแนน การคัดเลือกสายพันธุ์ การสลับสายพันธุ์ การกลายพันธุ์ การแทนที่โครโมโซม และเงื่อนไขการหยุดทำงานของโปรแกรม ซึ่งแสดงในรูปที่ 2

```
Generate initial population P(0)
t <- 0
Fitness <- true
While  Fitness  Do
        Evaluate (P(t))
        Pa(t) <- Select(P(t))
        Pc(t) <- Crossover(Pa(t))
        Pm(t) <- Mutation(Pc(t))
        Fitness <- evaluate (Pm(t))
        P(t+1) <-  Replace(P(t), Pm(t))
        t <- t +1
End while
Return best solution found
```

รูปที่ 2 Genetic Algorithm (Pseudo-code)

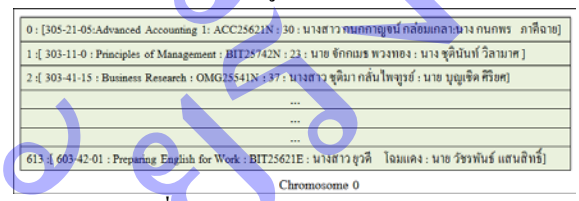
การนำเสนอรูปแบบของโครโมโซม Hong, L. Y. (2013). ได้ออกแบบโครโมโซมเป็นลักษณะ เป็นโครโมโซมต้นแบบ ซึ่งประกอบกับยีนจำนวนมากต่อกัน ดังแสดงในรูปที่ 3



รูปที่ 3 แสดงโครโมโซมต้นแบบ

จากรูปที่ 3 ประกอบด้วยห้องแต่ละห้องเรียงต่อกันไป โดยใน 1 ห้องประกอบด้วย วันทั้ง 5 วัน และ ในแต่ละวันจะประกอบด้วย 2 Timeslots และในแต่ละ Timeslots จะบ่งบอกถึงช่วงเวลาที่ใช้สอบอยู่คือ ลำดับที่หนึ่งคือช่วงเวลา 8.00-11.00 น. และลำดับที่สองคือช่วงเวลา 13.00-16.00 ซ้ำกันไปเรื่อยๆ จนกระทั่งถึงวันศุกร์ ดังนั้น 1 ห้อง จึงมี จำนวน Timeslots ทั้งหมด 10 Timeslots ตั้งแต่ Timeslots0 – Timeslots 9 และในแต่ละ Timeslots จะประกอบด้วยยีน ซึ่งภายในแต่ละยีนประกอบด้วย Timeslots Number รหัสวิชา ชื่อวิชา กลุ่มนักศึกษา จำนวนนักศึกษา อาจารย์ผู้คุมสอบ ซึ่งจำนวนของ Timeslots หมายถึงจำนวนของวิชาที่กลุ่มเรียนลงทะเบียนแล้วมีการจัดสอบทั้งหมด

เมื่อนำข้อมูลมาสุ่มลงไปเก็บไว้ในแต่ละ Timeslot จะได้เป็นรูปแบบ Structure of gene โครโมโซม 1 โครโมโซม ซึ่งแสดงในรูปที่ 4



รูปที่ 4 แสดงรูปแบบ Structure of gene

ฟังก์ชันความเหมาะสม สำหรับการจัดตารางสอบ ใช้ค่าน้ำหนัก (W) เป็นตัวแปรสำหรับคำนวณค่าความเหมาะสม Potuzak, T. (2015). โดยจะตรวจสอบเงื่อนไขบังคับ 6 เงื่อนไข ซึ่งแสดงในตารางที่ 1 โดยค่าน้ำหนักเงื่อนไขบังคับเท่ากับ 100 คะแนน และเงื่อนไขผ่อนปรน 2 เงื่อนไข ซึ่งแสดงในตารางที่ 2 โดยค่าน้ำหนักเงื่อนไขผ่อนปรนมีค่าเท่ากับ 10 คะแนน โดยมีการตรวจสอบ คือ เมื่อละเมิดเงื่อนไขในแต่ละเงื่อนไขจะเก็บค่าน้ำหนักไว้ในตัวแปร H1 – H6 และ S1 - S2 แล้วบวกคะแนนสะสมไว้ในแต่ละรอบ และนำไปคำนวณคะแนนรวมใน fitness function

ตารางที่ 1 แสดงเงื่อนไขบังคับสำหรับคำนวณค่าความเหมาะสม

ตัวแปร	เงื่อนไขบังคับ
H1	วิชาเดียวกันต้องสอบในวันและเวลาเดียวกัน
H2	ผู้คุมสอบ 1 ท่านไม่สามารถคุมสอบในวันและเวลาเดียวกันได้
H3	ห้องสอบ 1 ห้องต้องมีผู้คุมสอบ 2 คน

ตารางที่ 1 แสดงเงื่อนไขบังคับสำหรับคำนวณค่าความเหมาะสม(ต่อ)

ตัวแปร	เงื่อนไขบังคับ
H4	ผู้คุมสอบ 1 คน ต้องมีวันว่างอย่างน้อย 1 วัน ใน 1 สัปดาห์
H5	นักศึกษา 1 กลุ่ม ต้องไม่สอบในวันและเวลาเดียวกัน
H6	ห้องสอบต้องมีที่นั่งมากกว่าหรือเท่ากับจำนวนนักศึกษา

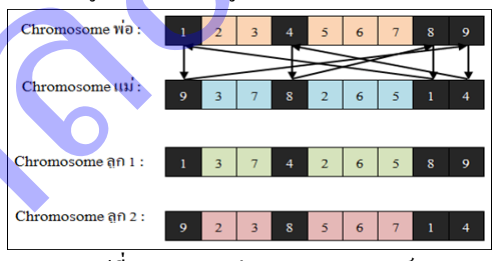
ตารางที่ 2 แสดงเงื่อนไขผ่อนปรนสำหรับคำนวณค่าความเหมาะสม

ตัวแปร	เงื่อนไขผ่อนปรน
S1	ผู้คุมสอบสามารถเลือกวันว่างได้
S2	ห้องสอบต้องใช้อย่างเหมาะสม 1 ห้อง ใช้สอบ 2 ช่วงเวลา

สูตรการคำนวณค่า Fitness Function คือ Fitness Function = 100000 – (H1+H2+H3+H4+H5+H6+S1+S2) โดยที่ 100000 คือค่าที่กำหนดขึ้นมาเพื่อลบค่าน้ำหนักออก เพื่อให้แสดงว่า Fitness Function ที่มีค่ามาก ละเมิดเงื่อนไขบังคับและเงื่อนไขผ่อนปรนน้อย เนื่องจากจะนำไปใช้ในขั้นตอนการคัดเลือกสายพันธ์ต่อไป

การคัดเลือกสายพันธุ์ จะใช้การคัดเลือกแบบ Elitist เป็นแนวคิดที่ป้องกันการหายของเส้นทางที่ดีที่สุด โดยการคัดลอกโครโมโซมที่ดีที่สุดไว้ก่อน ส่วนประชากรส่วนที่เหลือ จะใช้การคัดเลือกแบบ Roulette Wheel Liming, Z. (2012). คือ โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีกว่า มีโอกาสถูกเลือกมากกว่า โดยจะนำค่าความเหมาะสม Fitness Function ของโครโมโซมแต่ละตัวมาคำนวณหาสัดส่วนจาก 100% โดยมีสูตรการคำนวณคือ ค่าความเหมาะสม * 100 / ค่าความเหมาะสมรวม และนำมาคำนวณผลรวมสะสม เมื่อได้ค่าผลรวมสะสมแล้วจะทำการสุ่มค่าตั้งแต่ 0 ถึง 100 หากสุ่มค่าแล้วได้ค่าในพื้นที่ของโครโมโซมใด จะคัดเลือกโครโมโซมนั้น โดยจะคัดเลือกโครโมโซมไปทำในขั้นตอนการสลับสายพันธ์จำนวน 2 โครโมโซม ซึ่งการสุ่มโครโมโซมอาจเกิดการสุ่มซ้ำโครโมโซมได้

การสลับสายพันธุ์ จะใช้การสลับสายพันธุ์แบบวัฏจักร Mudaliar, D. N. (2013). เป็นการใช้ความสัมพันธ์ระหว่างโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่เก็บค่าที่สัมพันธ์กันไว้ในวัฏจักร แล้วนำมาสร้างโครโมโซมลูกซึ่งแสดงในรูปที่ 5



รูปที่ 5 แสดงตัวอย่างการสลับสายพันธุ์

มีขั้นตอนการทำงาน คือ ขั้นตอนแรกเก็บค่าของโครโมโซมพ่อในตำแหน่งแรกไว้ ขั้นที่สองนำไปตรวจสอบค่าของโครโมโซมแม่ในตำแหน่งแรก ถ้าโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่ในตำแหน่งแรกเท่ากันให้ทำตามขั้นตอนแรกโดยเลื่อนตำแหน่งเป็นตำแหน่งถัดไป แต่ถ้าโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่ในตำแหน่งแรกไม่เท่ากัน ให้เก็บค่าโครโมโซมแม่ในตำแหน่งแรกไว้ ขั้นที่สามจะใช้โครโมโซมแม่เป็นหลักโดยนำค่าโครโมโซมแม่ในตำแหน่งที่เก็บค่าไว้ตรวจสอบหาค่าที่ตรงกันในโครโมโซมพ่อ เมื่อพบค่าที่เท่ากันจะเก็บค่าตำแหน่งของโครโมโซมพ่อไว้ แล้วตรวจสอบค่าโครโมโซมแม่ในตำแหน่งเดียวกันว่าเท่ากับ

ตำแหน่งแรกของโครโมโซมพ่อหรือไม่ ถ้าไม่เท่ากันจะทำตามขั้นที่สามจนกว่าจะพบตำแหน่งโครโมโซมแม่ที่มีค่าตำแหน่งเท่ากับตำแหน่งแรกของโครโมโซมพ่อ ตำแหน่งที่ได้ คือวัฏจักรที่มีความสัมพันธ์กันของโครโมโซมพ่อและแม่ ซึ่งสามารถทำการสลับสายพันธุ์โดยใช้วิธีคงค่าข้อมูลในตำแหน่งที่อยู่ในวัฏจักรเอาไว้ ส่วนตำแหน่งที่ไม่อยู่ในวัฏจักรให้ทำการสลับข้อมูลระหว่างโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่ในตำแหน่งเดียวกัน

การกลายพันธุ์ จะทำการสลับที่ยีนในโครโมโซมที่ถูกเลือก Croitoru, N. E. (2014). โดยจะสุ่มค่าจากระบบ ถ้าค่าที่สุ่มได้อยู่ในช่วงของค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ โดยจะเลือกโครโมโซมมาหนึ่งโครโมโซมหลังจากนั้นทำการสุ่มหาค่าตำแหน่งของยีนสองตำแหน่งเพื่อกลายพันธุ์ เมื่อได้ตำแหน่งกลายพันธุ์ก็จะเปลี่ยนแปลงค่า ณ ตำแหน่งที่สุ่มนั้น

เงื่อนไขในการหยุดกระบวนการหาคำตอบ เมื่อค่าคะแนน Best Score มีค่าคะแนนเดิมไม่เพิ่มขึ้นติดต่อกันจำนวน 50 รอบ เป็นการหยุดการทำงานเมื่อผ่านเงื่อนไขที่กำหนด Engelbrecht, A. P. (2014). หรือจนกว่าจะครบ 1000 รอบ จึงจะหยุดการทำงาน

การแทนที่ จะนำโครโมโซมไปแทนที่โครโมโซมรุ่นพ่อแม่ Neven, S. (2014). โดยจะนำโครโมโซมพ่อแม่และโครโมโซมลูกรวมกัน หลังจากนั้นทำการจัดเรียงตามการประเมินค่าความเหมาะสมจากมากไปน้อย และเลือกโครโมโซมที่ดีที่สุดตามจำนวนโครโมโซมเริ่มต้น

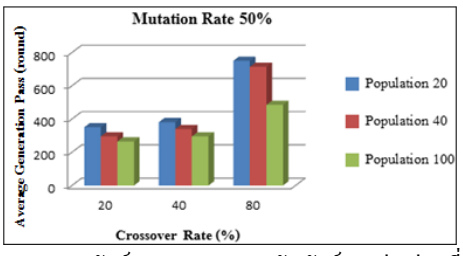
เงื่อนไขการทดลอง จะทำการปรับเปลี่ยนพารามิเตอร์โดย จะแบ่งออกเป็น 9 การทดลองหลักตามขนาดของประชากรเริ่มต้น คือ 20, 40, 100 และทำการทดลองย่อยตามอัตราการสลับสายพันธุ์ (Crossover Rate) คือ 20%, 40%, 80% และอัตราการกลายพันธุ์ (Mutation Rate) 10%, 20% และ 50% และในแต่ละการทดลองจะทดสอบทั้งหมด 5 ครั้งเพื่อหาค่าเฉลี่ย

การบันทึกผลการทดลองจะบันทึกตามเงื่อนไขการทดลอง เพื่อนำไปใช้ในการสรุปผลและเปรียบเทียบผลลัพธ์ ได้แก่ รุ่นแรกที่ผ่านเงื่อนไขบังคับ เวลาที่ผ่านเงื่อนไขในครั้งแรก ค่าคะแนน fitness ที่ดีที่สุดในรอบที่ผ่าน ค่าคะแนน fitness ที่ดีที่สุด เวลาการทำงานทั้งหมด

จากการทดลองจะหาจุดที่มีประสิทธิภาพมากที่สุด โดยการปรับค่าพารามิเตอร์ของประชากรต้นกำเนิด อัตราการสลับสายพันธุ์ และอัตราการกลายพันธุ์ ว่าการทดลองใด ให้ประสิทธิภาพดีที่สุด ซึ่งเป็นการทดสอบขั้นตอนการทำงานว่าสามารถนำไปประยุกต์ใช้ได้จริงก่อนการนำไปใช้งานจริง

4. ผลการวิจัย

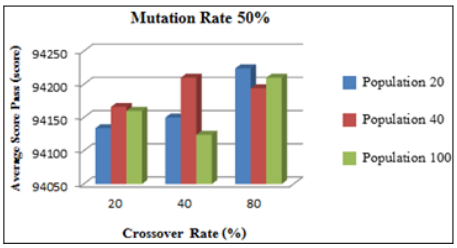
ผลลัพธ์จากการทดลองในสถานการณ์ต่างๆ จะนำเสนอในส่วนของการทดลองที่ให้ผลลัพธ์ดีที่สุด ตามอัตราการกลายพันธุ์ คือ 10%, 20% และ 50% ดังต่อไปนี้



รูปที่ 6 แสดงผลลัพธ์การทดลองความสัมพันธ์ระหว่างค่าเฉลี่ยของรุ่นที่ผ่านครั้งแรกกับอัตราการสลับสายพันธุ์

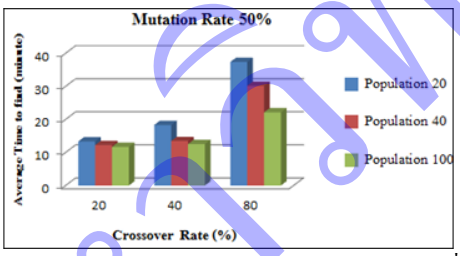
จากรูปที่ 6 ผลลัพธ์การทดลองความสัมพันธ์ระหว่างค่าเฉลี่ยของรุ่นที่ผ่านครั้งแรกกับอัตราการสลับ

สายพันธุ์ โดยอัตราการกลายพันธุ์ 50% ได้ผลลัพธ์ดีที่สุด โดยจะเห็นว่าประชากรเริ่มต้น 100 และ อัตราการสลับสายพันธุ์ 20% ผ่านเงื่อนไขเร็วที่สุด โดยค่าเฉลี่ยประมาณ 200 รอบ



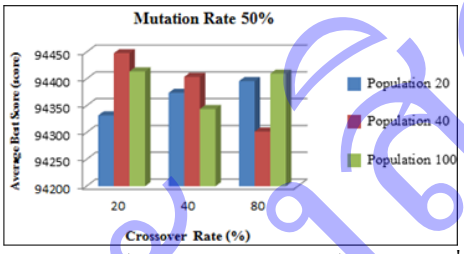
รูปที่ 7 แสดงผลลัพธ์การทดลองความสัมพันธ์ระหว่างค่าเฉลี่ยของคะแนนที่ผ่านครั้งแรกกับอัตราการสลับสายพันธุ์

จากรูปที่ 7 ผลลัพธ์การทดลองความสัมพันธ์ระหว่างค่าเฉลี่ยของคะแนนที่ผ่านครั้งแรกกับอัตราการสลับสายพันธุ์ โดยอัตราการกลายพันธุ์ 50% ได้ผลลัพธ์ดีที่สุด โดยจะเห็นว่าประชากรเริ่มต้น 20 และ อัตราการสลับสายพันธุ์ 80% มีค่าคะแนนดีที่สุด โดยค่าเฉลี่ยประมาณ 94200 คะแนน



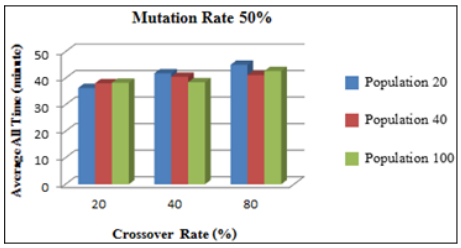
รูปที่ 8 แสดงผลลัพธ์การทดลองความสัมพันธ์ระหว่างค่าเฉลี่ยของเวลาที่ผ่านครั้งแรกกับอัตราการสลับสายพันธุ์

จากรูปที่ 8 ผลลัพธ์การทดลองความสัมพันธ์ระหว่างค่าเฉลี่ยของเวลาที่ผ่านครั้งแรกกับอัตราการสลับสายพันธุ์ โดยอัตราการกลายพันธุ์ 50% ได้ผลลัพธ์ดีที่สุด โดยจะเห็นว่าประชากรเริ่มต้น 100 และ อัตราการสลับสายพันธุ์ 20% ใช้เวลาในการผ่านเงื่อนไขน้อยที่สุด โดยค่าเฉลี่ยประมาณ 10 นาที



รูปที่ 9 แสดงผลลัพธ์การทดลองความสัมพันธ์ระหว่างค่าเฉลี่ยของคะแนนที่ดีที่สุดกับอัตราการสลับสายพันธุ์

จากรูปที่ 9 ผลลัพธ์การทดลองความสัมพันธ์ระหว่างค่าเฉลี่ยของคะแนนที่ดีที่สุดกับอัตราการสลับสายพันธุ์ โดยอัตราการกลายพันธุ์ 50% ได้ผลลัพธ์ดีที่สุด โดยจะเห็นว่าประชากรเริ่มต้น 40 และ อัตราการสลับสายพันธุ์ 20% มีค่าคะแนนดีที่สุด โดยค่าเฉลี่ยประมาณ 94400 คะแนน โดยค่าคะแนนจะแตกต่างกันที่การผ่านเงื่อนไขผ่อนปรน ซึ่งไม่แตกต่างกันมาก



รูปที่ 10 แสดงผลลัพธ์การทดลองความสัมพันธ์ระหว่างค่าเฉลี่ยของเวลาทั้งหมดกับอัตราการสลับสายพันธุ์

จากรูปที่ 10 ผลลัพธ์การทดลองความสัมพันธ์ระหว่างค่าเฉลี่ยของเวลาทั้งหมดกับอัตราการสลับสายพันธุ์ โดยอัตราการกลายพันธุ์ 50% ได้ผลลัพธ์ดีที่สุด โดยจะเห็นว่าประชากรเริ่มต้น 20 และ อัตราการสลับสายพันธุ์ 20% ใช้เวลารวมทั้งหมดน้อยที่สุด โดยค่าเฉลี่ยประมาณ 30 นาที

5.อภิปรายผล

การนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมาใช้ในการแก้ปัญหาการจัดตารางสอบช่วยให้สามารถจัดตารางสอบได้มีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น โดยสามารถผ่านเงื่อนไขบังคับได้ทั้งหมด แต่ยังไม่สามารถผ่านเงื่อนไขผ่อนปรนได้ทั้งหมด สำหรับการกำหนดค่าพารามิเตอร์ที่ใช้ในการทดลองจะกำหนดในส่วนประชากรเริ่มต้น โดยจะกำหนดที่ 20,40 และ 100 โครโมโซม ส่วนอัตราการสลับสายพันธุ์จะกำหนดที่ 10%, 20% และ 80% และอัตราการกลายพันธุ์จะกำหนดที่ 10%, 20% และ 50% ซึ่งผลลัพธ์ที่เป็นที่มีประสิทธิภาพดี คือ ใช้เวลาในการผ่านเงื่อนไขบังคับน้อย มีค่าคะแนนสูงและมีข้อผิดพลาดต่ำ โดยอัตราการกลายพันธุ์ที่ 50% ซึ่งปกติจะกำหนดที่ 0.1% - 1% แต่งานวิจัยนี้ไม่สามารถกำหนดได้เนื่องจากเป็นปัญหาที่ซับซ้อน จึงต้องการอัตราที่สูงกว่าปกติ เพื่อให้ผ่านเงื่อนไขบังคับได้ทั้งหมด โดยในด้านของรุ่นที่ผ่านเงื่อนไขบังคับเร็วที่สุด จะกำหนดประชากรเริ่มต้นที่ 100 อัตราการสลับสายพันธุ์ 20% และอัตราการกลายพันธุ์ 50% จะได้ผลลัพธ์ที่มีประสิทธิภาพที่สุด ส่วนในด้านคะแนนการประเมินค่าตารางสอบ จะกำหนดประชากรเริ่มต้นที่ 20 อัตราการสลับสายพันธุ์ 80% และอัตราการกลายพันธุ์ 50% จะได้ผลลัพธ์ที่มีประสิทธิภาพที่สุด และในด้านของเวลาที่ผ่านเงื่อนไขบังคับเร็วที่สุด จะกำหนดประชากรเริ่มต้นที่ 100 อัตราการสลับสายพันธุ์ 20% และอัตราการกลายพันธุ์ 50% จะได้ผลลัพธ์ที่มีประสิทธิภาพที่สุด ซึ่งการกำหนดอัตราการสลับสายพันธุ์ที่ต่ำและอัตราการกลายพันธุ์ที่สูง ทำให้ได้ผลลัพธ์ด้านของเวลาที่ใช้ในการแก้ปัญหาการจัดตารางสอบ การผ่านเงื่อนไขบังคับ เงื่อนไขผ่อนปรนและความถูกต้องของผลลัพธ์มีประสิทธิภาพ

6. บทสรุป

จากการทดลองจึงสรุปได้ว่า การนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมาใช้ในการแก้ปัญหาการจัดตารางสอบช่วยให้สามารถจัดตารางสอบได้มีประสิทธิภาพดียิ่งขึ้น โดยการกำหนดอัตราการสลับสายพันธุ์ที่ต่ำและอัตราการกลายพันธุ์ที่สูง ทำให้ได้ผลลัพธ์ด้านของเวลาที่ใช้ในการแก้ปัญหาการจัดตารางสอบรวดเร็ว สามารถผ่านเงื่อนไขบังคับได้ทั้งหมด แต่เงื่อนไขผ่อนปรนยังไม่สามารถผ่านได้ทั้งหมด ซึ่งถือได้ว่าการจัดตารางสอบมีความถูกต้องของผลลัพธ์และประสิทธิภาพดี

สำหรับการวิจัยนี้ประสบปัญหาและอุปสรรคในการดำเนินงาน ด้านออกแบบโครโมโซมต้นแบบ ซึ่งโครโมโซมจะสอดคล้องกับปัญหาแต่การออกแบบซับซ้อนเกินความจำเป็นทำให้ระบบใช้เวลาในการแก้ปัญหาช้าทำให้ประสิทธิภาพต่ำลง ปัญหาการออกแบบสมการค่าความเหมาะสม (Fitness Function) ต้องคำนึงถึงเงื่อนไขบังคับและเงื่อนไขผ่านปรนได้ เป็นสิ่งสำคัญ ซึ่งบางเงื่อนไขมีความซับซ้อน ตรวจสอบหลายขั้นตอนทำให้ใช้เวลาในการแก้ปัญหาช้าลง

7. กิตติกรรมประกาศ

ผู้วิจัยขอขอบพระคุณเงินทุนอุดหนุนการวิจัยสำหรับนักศึกษาปริญญาโท ปีการศึกษา 2558 จากมหาวิทยาลัยรังสิต

8. เอกสารอ้างอิง

Croitoru, N. E. (2014). High-Probability Mutation in Basic Genetic Algorithms. Symbolic and Numeric Algorithms for Scientific Computing (SYNASC), 301 – 305.

Darmawan, I., Kuspriyanto, Priyan, Y., Joseph, I. M. (2013). Integration of Genetic and Tabu Search algorithm based load balancing for heterogenous grid computing. Computer Control Informatics and Its Applications (IC3INA), 325-329.

Engelbrecht, A. P. (2014). Fitness function evaluations: A fair stopping condition. Swarm Intelligence (SIS), 1-8.

Hong, L. Yin. (2013). GA with Special Encoding Chromosome for FJSP with Machine Disruptions. Computational Intelligence and Security, 298-302.

Liming, Z., Huiyou, C., Ruitian, X. (2012). Equal-width Partitioning Roulette Wheel Selection in Genetic Algorithm. TAAI, 62-67.

Manar, H., Muhrah, A. O. (2014). A Mutation-BasedGenetic Algorithm for Room and Proctor Assignment in Examination Scheduling. Science and Information Conference, 260-268.

Mudaliar, D. N., Modi, N. K. (2013). Unraveling Travelling Salesman Problem by genetic algorithm using m-crossover operator. Signal Processing Image Processing & Pattern Recognition (ICSIPR), 127 – 130.

Neven, S., Samanta, R., Amr, S., Manal, A. W., Gabriella, B. (2014). Application of Quality Function Deployment and Genetic Algorithm for Replacement of Medical Equipment: p. CIBEC, 91-94.

Potuzak, T., Lipka, R. (2015). Analysis of fitness function of genetic algorithm for road traffic network division. Human System Interactions (HSI), 40 – 46.

Van, D. A. (2013). A general divide and conquer approach for process mining. Computer Science and Information Systems (FedCSIS), 1- 10.

Wu, H., Huang, M. (2015). Algorithms for scheduling problem with different deterioration jobs under depending on waiting times. Software Engineering and Service Science (ICSESS), 706 – 709.

Yang, S., Jat, S. N. (2011). Genetic Algorithms With Guided and Local Search Strategies for University Course Timetabling, 93 - 106.