

บทที่ 4

วิธีการแก้ปัญหาที่นำเสนอ

ปัจจุบันมีความเจริญก้าวหน้าทางเทคโนโลยีในด้านต่าง ๆ มากมาย ส่งผลให้ปัญหาที่มีความซับซ้อนเพิ่มมากขึ้น ไม่ว่าจะเป็นปัญหาทางด้านคณิตศาสตร์หรือปัญหาทางด้านวิศวกรรม ทำให้ผู้ศึกษาเกี่ยวกับสาขาวิชาการดังกล่าวให้ความสนใจในการคิดค้นวิธีการแก้ปัญหาใหม่ๆ เพื่อนำมาใช้แก้ปัญหาให้มีประสิทธิภาพเพิ่มขึ้น ส่งผลให้มีวิธีการแก้ปัญหาที่ได้ค่าเหมาะสม (Optimization techniques) เกิดขึ้นมากมายหลายวิธี ซึ่งแต่ละวิธีก็มีจุดเด่นและข้อดีข้อเสียที่แตกต่างกัน งานวิจัยฉบับนี้จึงได้ให้ความสนใจเกี่ยวกับการนำระเบียบวิธีการหาคำตอบแบบใหม่เพื่อนำมาปรับปรุงการจ่ายโหลดอย่างประหยัดให้ได้คำตอบที่ดีขึ้นกว่าวิธีเดิม เพื่อรองรับความซับซ้อนของปัญหาที่อาจจะเพิ่มขึ้นในอนาคต งานวิจัยนี้ได้ทำการศึกษาวิธีการแก้ปัญหาทั้งหมดสามวิธีด้วยกัน ประกอบไปด้วย

1. วิธีการหาคำตอบแบบฮาร์โมนี (Harmony search algorithm, HS)
2. วิธีการหาคำตอบเชิงพันธุกรรม (Genetic algorithm, GA)
3. วิธีการหาคำตอบแบบจุดภายใน (Interior point methods, ITP)

ซึ่งแต่ละวิธีจะมีลักษณะการคำนวณที่แตกต่างกันออกไป สามารถสรุปหลักการพื้นฐานของแต่ละวิธีได้ดังนี้

4.1 ระเบียบวิธีการหาคำตอบแบบฮาร์โมนี (Harmony search algorithm HS)

HS นั้นเป็นระเบียบวิธีที่สามารถใช้ในการหาคำตอบของการปรับปรุงค่าที่เหมาะสม (Zong, 2001; Zong, 2007; Kang, 2005) โดยอาศัยการสุ่มทำในแต่ละรอบ ซึ่งหลังจากสิ้นสุดการคำนวณในรอบสุดท้าย HS จะทำการเลือกคำตอบที่ดีที่สุดมาจากเซตของคำตอบที่คำนวณได้ทั้งหมด อ้างอิงสมการ (4.1-4.23) โดยมีวิธีการหาคำตอบซึ่งสามารถอธิบายเป็นขั้นตอนได้ดังนี้

ขั้นตอนที่ 1 ระบุปัญหา (Objective) และข้อจำกัดของปัญหา (Equality & inequality constraint)

$$\text{Minimize } f(x) \quad (4.1)$$

$$\text{Subject to } x_i \in X_i, i = 1, 2, \dots, N \quad (4.2)$$

$$\text{Constraint } g(x) \leq 0, h(x) = 0 \quad (4.3)$$

โดย

$f(x)$ คือ ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective function)

X_i คือ เซตของตัวแปรที่สนใจ

x_i คือ เซตของตัวแปรที่ถูกสุ่มมาจาก X_i

$g(x)$ คือ Inequality Constrain

$h(x)$ คือ Equality Constrain

ขั้นตอนที่ 2 สุ่มค่าเริ่มต้นในฮาโมนีเมมโมรี (Harmony memory, (HM))

หลังจากที่กำหนดค่าของตัวแปรต่าง ๆ แล้วจะต้องสร้าง HM เมตริก โดยในการสร้าง HM โดยการสุ่มเลือกค่า x_i เริ่มต้นให้แก่สมาชิกในเมตริก HM โดยเลือกจาก X_i แสดงได้ดังนี้

$$HM = \begin{bmatrix} x_1^1 & x_2^1 & \dots & x_N^1 \\ x_1^2 & x_2^2 & \dots & x_N^2 \\ \vdots & \vdots & \dots & \vdots \\ x_1^N & x_2^N & \dots & x_N^N \end{bmatrix} \quad (4.4)$$

โดย

$\begin{bmatrix} \blacksquare & \blacksquare \end{bmatrix}$ คือ จำนวนพารามิเตอร์ที่ต้องการปรับปรุงหลักของเมตริก HM

$\begin{bmatrix} \blacksquare \\ \blacksquare \end{bmatrix}$ คือ ขนาดของเมตริก HM หรือ Harmony Memory Size (HMS)

ขั้นตอนที่ 3 สุ่มเลือกค่า x_i ขึ้นมาใหม่

เหตุผลที่ต้องสุ่มเลือกค่า x_i ใหม่ เพื่อให้เป็นการปรับปรุงค่าใน HM ในแต่ละแถวมีค่าที่เข้าใกล้คำตอบมากขึ้นในแต่ละรอบการคำนวณโดยถ้าค่า x_i ใหม่ที่ได้จากการสุ่มให้ค่าของฟังก์ชันที่ดีกว่าค่า x_i เก่าที่แย่ที่สุดใน HM จะทำการละทิ้งค่านั้นแล้วบันทึกค่าใหม่ที่ดีกว่าทดแทนทำเช่นนี้ไปเรื่อย ๆ จะทำให้ในที่สุดค่าของคำตอบจะเข้าสู่คำตอบที่แท้จริง โดยหลักในการสุ่มเลือกมีดังนี้

ทำการสุ่ม x_i ขึ้นมาใหม่โดยมีหลักการในการสุ่มดังนี้ ;

Harmony Consideration (HMCR)

$$x'_i \in \begin{cases} x'_i \in x_i^{1'}, x_i^{2'}, \dots, x_i^{HMS} \text{ w.p. } HMCR \\ x'_i \in X'_i \text{ w.p. } (1 - HMCR) \end{cases} \quad (4.5)$$

โดยที่ x'_i คือค่า x_i ใหม่ที่ถูกเลือก ถ้าค่าที่ถูกเลือกมาเป็นสมาชิกใน HMS จะมีความน่าจะเป็นในการสุ่มเลือกเป็น (HMCR) แต่ถ้า x'_i เป็นค่าที่ถูกสุ่มมาแล้วไม่อยู่ใน X_i จะมีความน่าจะเป็นในการสุ่มเป็น

(1-HMCR)

Pitch adjust rate (PAR)

$$PAR \text{ for } x'_i \in \begin{cases} YES \text{ w.p. } PAR \\ NO \text{ w.p. } (1 - PAR) \end{cases} \quad (4.6)$$

Pitch Adjust Rate หรือ PAR คือความสามารถในการเลื่อนค่า x'_i ออกไปเหนือขอบบนหรือขอบล่างทั้งนี้เพื่อจะทำให้ค่าของการสุ่มหลากหลายมากขึ้น โดยสามารถทำการปรับค่าได้ตามสมการ

$$x'_i \in x_i * rand * bw \quad (4.7)$$

โดย

bw คือ พิสัยข้อมูลที่ใช้ในการสุ่ม

$rand$ คือ ตัวเลขแบบสุ่มตั้งแต่ 0 ถึง 1

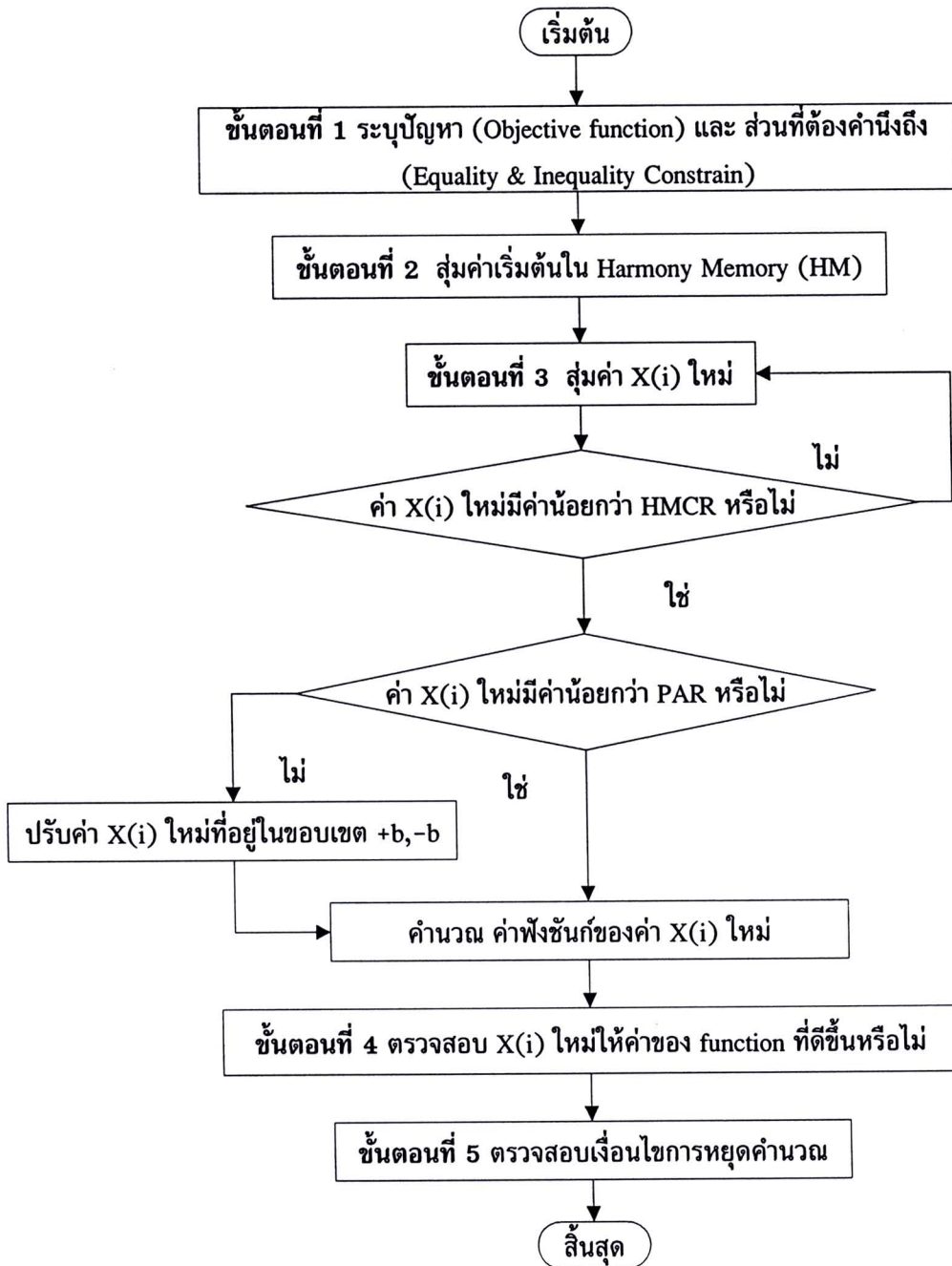
ขั้นตอนที่ 4 ปรับเปลี่ยนค่าใน HM

เมื่อได้ค่า x'_i ที่ได้จากการสุ่มในขั้นตอนที่ 3 แล้วขั้นตอนต่อไปจะเป็นการปรับปรุงเมตริก HM เพื่อให้ในแต่ละแถวนั้นมีค่าของฟังก์ชันที่เข้าใกล้ค่าตอบมากขึ้น ซึ่งทำได้ตรวจสอบค่าของฟังก์ชัน $f(x'_i)$ หลังจากนั้นทำการแทนค่า x_i ในแต่ละแถวของ HM ลงไปใน $f(x_i)$ เพื่อหาแถวที่ให้ค่าฟังก์ชันที่แย่ที่สุด แล้วถ้าค่าฟังก์ชัน $f(x'_i)$ ให้ค่าของฟังก์ชันที่ดีกว่า $f(x_i)$ ของแถวที่แย่ที่สุดใน HM ก็ทำการละทิ้ง x_i ภายในแถวนั้นแล้วแทนที่ค่าของตัวแปรใหม่ทั้งแถวด้วย x'_i ที่ให้ค่าของฟังก์ชันที่ดีกว่า



ขั้นตอนที่ 5 ตรวจสอบเงื่อนไขการหยุดคำนวณ

ในการหาคำตอบแบบ HS นั้นเงื่อนไขในการหยุดคำนวณมีเพียงการกำหนดรอบในการคำนวณเท่านั้นโดยกำหนดให้ NI แทนรอบในการคำนวณด้วย HS



ภาพที่ 4.1 วิธีการหาคำตอบ HS

4.2 ระเบียบวิธีการหาคำตอบแบบพันธุกรรม (Genetic algorithm, GA)

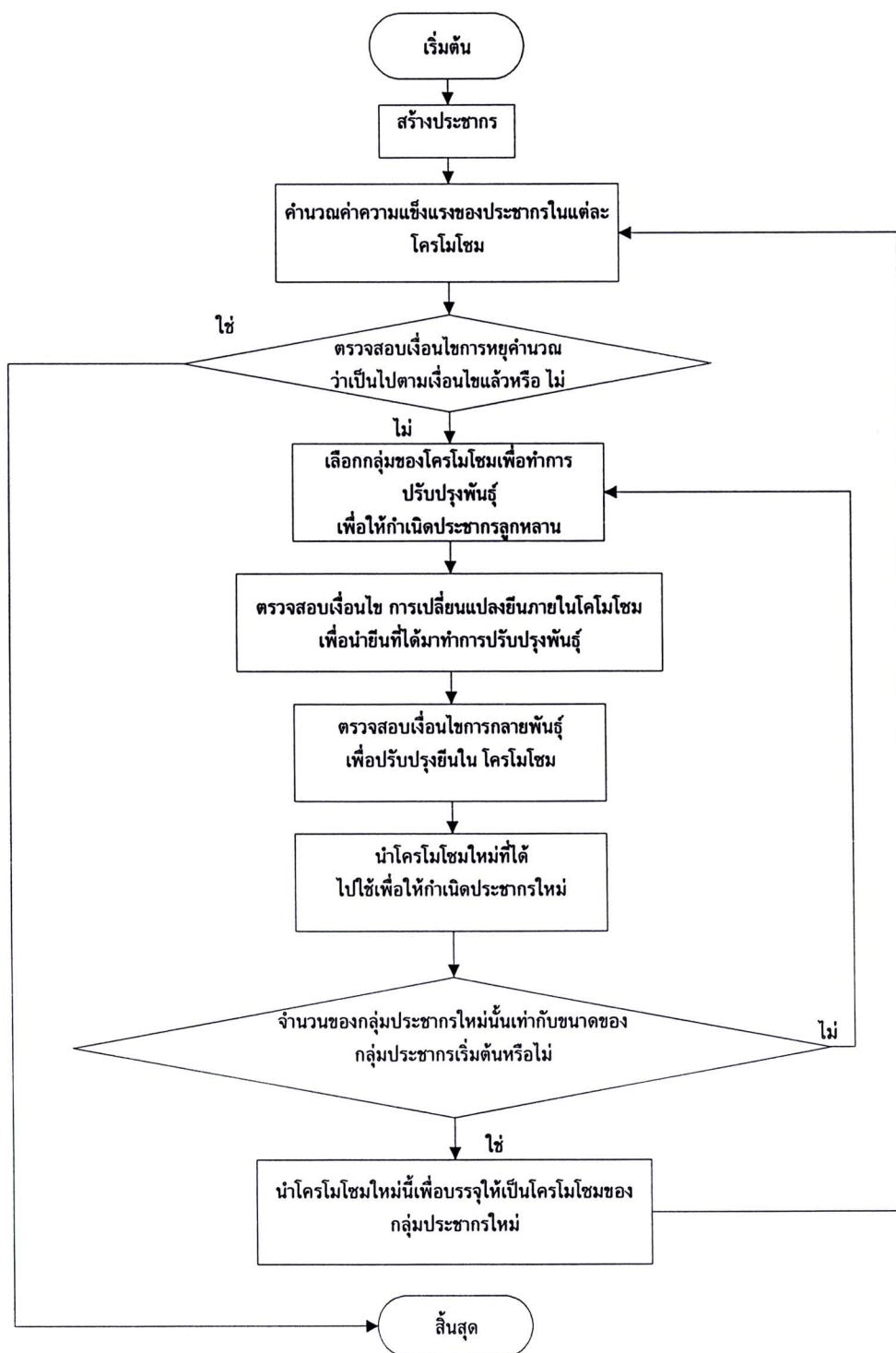
วิธีเชิงพันธุกรรมเป็นวิธีการปัญหาทางคณิตศาสตร์วิธีหนึ่ง (ปริญา อุทัยทัศน์, 2547) เพื่อใช้ในการหาคำตอบที่เหมาะสม (Optimization techniques) ซึ่งได้รับความนิยมเป็นอย่างมาก นับตั้งแต่การนำเสนอครั้งแรกในปี 1975 โดย Holland โดยมีหลักการมาจากการวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต ดังนั้น การกำหนดพารามิเตอร์ต่าง ๆ หรือกระบวนการต่างที่ใช้คำนวณเกือบทั้งหมดจึงเป็นค่าที่มาจากชีววิทยา เช่น การคัดเลือกพันธุ์ (Selection) การกลายพันธุ์ (Mutation) การสลับสายพันธุ์ (Mutation) การสร้างประชากรลูกหลาน (Offspring) ซึ่งกระบวนการที่กล่าวมาทั้งหมดได้รับการสนับสนุนจากนักคณิตศาสตร์ว่าสามารถใช้ในการคำนวณหาจุดที่เหมาะสมที่สุดโดยรวม (Global optimum point) ได้ เนื่องจากการวิวัฒนาการจะนำไปสู่สิ่งที่ดีที่สุดของสายพันธุ์ เพื่อให้ดำรงอยู่ได้โดยไม่สูญพันธุ์

ระเบียบวิธีการหาคำตอบแบบพันธุกรรม เป็นกระบวนการหาคำตอบลักษณะหนึ่งซึ่งมีพื้นฐานมาจากการเลียนแบบกลไกการวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตที่พยายามจะรักษาเผ่าพันธุ์ของตัวเองให้อยู่รอดภายใต้สภาวะธรรมชาติที่เปลี่ยนแปลงไป การเลียนแบบพฤติกรรมดังกล่าวอาศัยหลักการทางคณิตศาสตร์ เพื่อนำมาสร้างโมเดลจำลองการทำงานในแต่ละกระบวนการวิวัฒนาการ เพื่อให้สอดคล้องกับคำกล่าวที่ว่า “ผู้แข็งแกร่งเท่านั้นที่จะอยู่รอด ผู้ที่อ่อนแอต้องตายไป” ของ ชาร์ล ดาร์วิน (Charles Darwin, 1859) เพื่อสร้างให้เผ่าพันธุ์ใหม่ที่จะสามารถดำรงอยู่ในสภาพแวดล้อมต่าง ๆ ได้อย่างเหมาะสม

ซึ่งจากหลักการดังกล่าวสามารถสรุปเป็นขั้นตอนการหาคำตอบแบบ GA ได้ดังนี้

- ขั้นตอนที่ 1 กำหนดปัญหา ความยาวของโครโมโซม ความน่าจะเป็นในการปรับปรุงพันธุ์ และการกลายพันธุ์
- ขั้นตอนที่ 2 กำหนดค่าความแข็งแรง เทคนิคการเข้ารหัส และถอดรหัสทางพันธุกรรม
- ขั้นตอนที่ 3 สร้างจำนวนประชากรให้มีขนาดเท่ากับจำนวนที่กำหนดไว้ในขั้นตอนที่ 1
- ขั้นตอนที่ 4 การคำนวณค่าความแข็งแรง
- ขั้นตอนที่ 5 จับคู่โครโมโซมที่มีลักษณะที่เหมาะสมเพื่อทำการปรับปรุงพันธุ์
- ขั้นตอนที่ 6 สร้างประชากรลูกหลาน ด้วยโครโมโซมที่ได้จากขั้นตอนที่ 5 หลังจากทีกระบวนการกลายพันธุ์
- ขั้นตอนที่ 7 บรรจุโครโมโซมที่ได้ลงในรหัสพันธุกรรมของกลุ่มประชากรใหม่
- ขั้นตอนที่ 8 ทำการคำนวณซ้ำจนกว่าจะได้ประชากรใหม่จากจำนวนประชากรเท่ากับในขั้นตอนที่ 1
- ขั้นตอนที่ 9 ปรับปรุงโครโมโซมพ่อแม่จากโครโมโซมที่ได้จากขั้นตอนที่ 8
- ขั้นตอนที่ 10 ตรวจสอบเงื่อนไขการหยุดคำนวณ

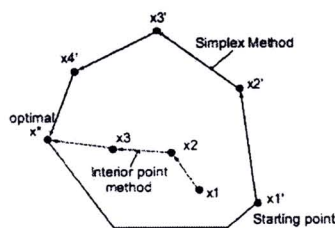
จากขั้นตอนที่กล่าวมาทั้งหมดสามารถสรุปและเขียนเป็นแผนภาพได้ ดังนี้



ภาพที่ 4.2 วิธีการหาคำตอบด้วย GA (ปริญา อุทัยทัศน์, 2547)

4.3 ระเบียบวิธีการหาคำตอบแบบจุดภายใน (Interior point methods, ITP)

วิธีจุดภายในเป็นการแก้ปัญหาเชิงเส้น (Linear programming) วิธีหนึ่ง (ปริญา อุทัยทัศน์, 2547) ซึ่งมีรูปแบบหรือวิธีการคำนวณโดยการทำซ้ำ (Iteration method) ในการหาคำตอบภายในโดเมนของคำตอบรูปหลายเหลี่ยมที่เป็นไปได้ (Feasible region)



ภาพที่ 4.3 เส้นทางกรู้เข้าของคำตอบแบบ ITP (ปริญา อุทัยทัศน์, 2547)

วิธีจุดภายในแบบพริ้มล-ดูเอล (Primal-Dual) อาศัยความสัมพันธ์ ระหว่างวิธีจุดภายในสเกลสดคล้อง (Affine scaling interior point method) กับทฤษฎีดูอัล (Dual) ดังแสดงในสมการต่อไปนี้

ปัญหาพริ้มล (Primal problem)

$$\text{Minimize } Z = c^T x \quad (4.8)$$

$$\text{Subject to } Ax = b, x \geq 0 \quad (4.9)$$

ปัญหาดูเอล (Dual problem)

$$\text{Maximize } Z = b^T w \quad (4.10)$$

$$\text{Subject to } Aw + s = c, s \geq 0, w \quad (4.11)$$

ระเบียบวิธีจุดภายในแบบพริ้มล-ดูเอลมีขั้นตอน ดังนี้ เริ่มแรกกำหนดจุดเริ่มต้นของตัวแปรพริ้มลและตัวแปรดูอัลให้สอดคล้องกับสมการที่ (4.8) - (4.11) จากนั้นคำนวณทิศทางเคลื่อนที่อาศัยเงื่อนไขของ Karush Kuhn-Tucker และวิธี Newton ดังสมการที่ (4.12)-(4.14)

$$A(x + \Delta x) = b \quad (4.12)$$

$$A(w + \Delta w) + (s + \Delta s) = c \quad (4.13)$$

$$(x + \Delta x)(s + \Delta s) = \mu \quad (4.14)$$

จัดรูปสมการ (4.12)-(4.14) ใหม่ได้สมการที่ (3.15)-(3.17) จากนั้นแก้สมการหาค่า $\Delta w, \Delta s, \Delta x$

$$A\Delta x = b - Ax = r \quad (4.15)$$

$$A\Delta w + \Delta s = c - Aw - s = r \quad (4.16)$$

$$S\Delta x + X\Delta s = \mu e - XSe = v(\mu) \quad (4.17)$$

โดยที่ S , X , e , D เป็น เมตริกเส้นทแยงมุมของเวกเตอร์แปรรูปอัลกับตัวแปรพรีมัล
เวกเตอร์ที่มีสมาชิกทุกตัวมีค่าเท่ากับ 1 และ $D = SX$ ตามลำดับ

$$\Delta w = -(ADA)[ASv(\mu) - ADr - r] \quad (4.18)$$

$$\Delta s = -A\Delta w + r \quad (4.19)$$

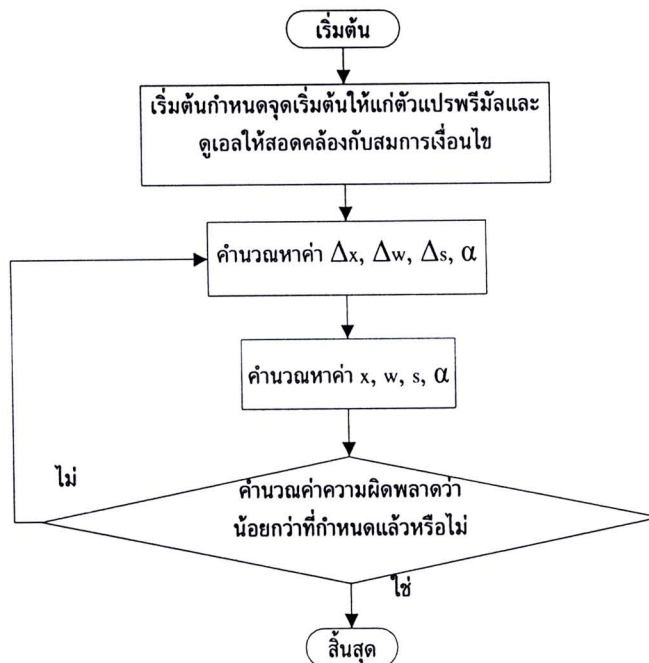
$$\Delta x = Sv(\mu) - D\Delta s \quad (4.20)$$

$$x = x + \alpha\Delta x \quad (4.21)$$

$$w = w + \alpha\Delta w \quad (4.22)$$

$$s = s + \alpha\Delta s \quad (4.23)$$

ขณะที่ตัวแปร r เป็นค่าเหลือ (Residual value) จากการคำนวณ ส่วนค่าเวกเตอร์ $\Delta w, \Delta x, \Delta s$ เป็นทิศทางในการเคลื่อนที่จะอาศัยค่าเวกเตอร์เดิมของตัวแปรพรีมัลกับดูเอลรวมกับเวกเตอร์ทิศทาง $\Delta w, \Delta x, \Delta s$ เพื่อหาค่าใหม่ของ w, s, x ตามสมการ (4.21)-(4.23) ซึ่งขั้นตอนทั้งหมดสามารถสรุปเป็นแผนภาพได้ ดังนี้



ภาพที่ 4.4 วิธีการหาค่าตอบด้วย ITP (ปริญา อุทัยทัศน์, 2547)

โดยสามารถสรุปเป็นขั้นตอนได้ ดังนี้

- ขั้นที่ 1 กำหนดจุดเริ่มต้น (Interior point) ให้ตรงตามเงื่อนไข
- ขั้นที่ 2 คำนวณเพื่อหาค่า กำหนดจุดเริ่มต้น (Interior point) จากค่าที่ได้จาก ขั้นที่ 1
- ขั้นที่ 3 คำนวณค่าความผิดพลาด จนกว่าจะมีค่าน้อยกว่าที่กำหนด

