

วิทยานิพนธ์นี้นำเสนอการใช้ขั้นตอนวิธีระบบอาณานิคมมาทดสอบกับปัญหาการประกอบชิ้นส่วนดีเอ็นเอ ปัญหานี้จัดว่าเป็นปัญหาการหาค่าเหมาะที่สุดเชิงการจัดโดยมีเป้าหมายการหาลำดับและทิศทางที่ถูกต้องของแต่ละชิ้นส่วนดีเอ็นเอซึ่งผลของลำดับที่ได้นำไปสู่ลำดับสอดคล้อง โดยจะถูกแสดงผลในเชิงรูปแบบการเรียงสับเปลี่ยน ปัญหานี้สามารถหาคำตอบโดยใช้การหาเชิงกำหนดหรือเฟ้นสุ่ม แต่อย่างไรก็ตามการเรียงลำดับที่ต่างกันของคำตอบอาจให้ลำดับสอดคล้องที่เหมือนกันและสิ่งนี้ทำให้ประสิทธิภาพในการหาคำตอบลดลง ในวิทยานิพนธ์ได้เสนอรูปแบบคำตอบเป็นแบบอันดับไม่สมมาตรซึ่งได้จากเส้นทางที่สร้างขึ้นจากมดทุกตัวในอาณานิคมร่วมกันหาคำตอบ โดยความเหมาะสมของลำดับชิ้นส่วนที่สร้างขึ้นจะสามารถพิจารณาได้จากผลรวมของค่าซ้อนเหลื่อมระหว่างชิ้นส่วนที่ติดกันแต่ละคู่ในลำดับการจัด ปัญหาที่จะนำมาทดสอบมี 2 แบบคือ ปัญหาแบบคอนทิกเดียวกับปัญหาแบบหลายคอนทิก ในปัญหาแบบคอนทิกเดียวจะมีชิ้นส่วนดีเอ็นเออย่างน้อย 2 ชิ้นที่ครอบคลุมทุกตำแหน่งคู่เบสดีเอ็นเอในลำดับหรือกล่าวได้ว่าไม่มีช่องว่างบนลำดับสอดคล้อง ในทางตรงกันข้ามกรณีของปัญหาแบบหลายคอนทิกจะไม่มีการซ้อนเหลื่อมของชิ้นส่วนบนบางตำแหน่งลำดับการเรียง ผลลัพธ์การทดลองแสดงให้เห็นว่าในปัญหาแบบคอนทิกเดียวการใช้ขั้นตอนวิธีระบบอาณานิคมเทียบกับกฎฮิวริสติกเพื่อนบ้านใกล้เคียงที่สุดให้ค่าผลลัพธ์เหมือนกัน ในขณะที่กรณีของปัญหาแบบหลายคอนทิกขั้นตอนวิธีระบบอาณานิคมจะให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่ากฎฮิวริสติกเพื่อนบ้านใกล้เคียงที่สุด

This thesis presents the use of an ant colony system algorithm in a DNA (deoxyribonucleic acid) fragment assembly problem. The assembly problem can be classified as a combinatorial optimization problem where the aim of the search is to find the right order and orientation of each fragment in the fragment ordering sequence that leads to the formation of a consensus sequence. With the use of a permutation representation, the assembly problem can be solved using a deterministic or stochastic search. However, different ordering solutions with such a representation can produce the same consensus sequence; this leads to reduction in the search efficiency. In this thesis, asymmetric ordering representation is proposed where a path co-operatively generated by all ants in the colony represents the search solution. The optimality of the fragment layout obtained is then determined from the sum of the overlapping scores calculated for each pair of consecutive fragments in the layout. Two types of assembly problem are investigated: single-contig and multiple-contig problems. In a single-contig problem, there are at least two overlapping fragments covering each location of a DNA base pair in the ordering sequence. In other words, there are no gaps on the resulting consensus sequence. In contrast, there are no overlapping fragments at certain locations of the ordering sequence in the case of multiple-contig problem. The experiment results indicate that in the single-contig problems, the performance of the ant colony system algorithm is approximately the same as that of a nearest neighbor heuristic algorithm. On the other hand, the ant colony system algorithm outperforms the nearest neighbor heuristic algorithm when multiple-contig problems are considered.