

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

(วิทยานิพนธ์มีจำนวนทั้งสิ้น 62 หน้า)