บทที่ 3

ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม

3.1 แนวคิดหลักของวิธีการทางพันธุกรรม [2],[3],[4],[13]

ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม เป็นวิธีการแก้ปัญหาค่าขีดสุดแบบสุ่ม (Stochastic optimization) อย่างหนึ่งที่เลียนแบบหลักการถ่ายทอดทางพันธุกรรมทางธรรมชาติ (Natural genetics) เพื่อหาค่าเหมาะสมโดยรวม (Global optimum) โดยอาศัยการสมมติจุดคำตอบขึ้นมาหลายๆจุดก่อน (Population of solutions) แล้วประยุกต์ใช้หลักการค้นหาจุดที่เหมาะสมที่สุดซึ่งมีโอกาสที่จะอยู่รอดมากที่สุด (Survival of the fittest) เพื่อหาคำตอบที่ดียิ่งขึ้นในแต่ละรุ่นของการถ่ายทอด (Generation) สำหรับในแต่ละรุ่นของการถ่ายทอดจะมีการประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness) ของจุดคำตอบแต่ละจุดแล้วพิจารณาเลือกจุดคำตอบใหม่จากค่าความเหมาะสมนี้ โดยอาศัยวิธีการคัดเลือกสายพันธุ์ วิธีการคัดเลือกดังกล่าวประกอบด้วย การคัดเลือก การข้ามสายพันธุ์ และการผ่าเหล่า จุดคำตอบแต่ละจุดจะประกอบไปด้วยสตริง (String) ของตัวแปรที่ถูกลงรหัสไว้เรียกว่าโครโมโซม (Chromosomes) ซึ่งสามารถถอดรหัสเป็นค่าของตัวแปรจริงได้ ซึ่งโดยทั่วไปนิยมลงรหัสตัวแปรให้เป็นระบบเลขฐานสอง

จากหลักการข้างต้นแสดงให้เห็นว่าการแก้ปัญหาค่าขีดสุดโดยใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมนั้นจะแตกต่างจาก วิธีการแก้ปัญหาค่าขีดสุดวิธีอื่นๆ ดังนี้

1) ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม ใช้รหัสของตัวแปรเป็นเครื่องมือในการแก้ปัญหาค่าขีดสุดแทนที่จะใช้ค่าของตัวแปรโดยตรง ดังนั้นวิธีนี้จึงสะดวกในการแก้ปัญหากับตัวแปรชนิดใดก็ได้ โดยไม่จำเป็นต้องเป็นตัวแปรชนิดต่อเนื่อง

2) ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม เป็นวิธีการแก้ปัญหาค่าขีดสุดที่หาจากจุดเริ่มต้นหลายๆจุด เป็นการหาจุดเหมาะสมโดยรวมโดยเทคนิคการแก้ปัญหาค่าขีดสุดแบบขนาน ซึ่งทำให้คำตอบที่ได้เป็นค่าที่ใกล้เคียงกับค่าที่เหมาะสมโดยรวม

3) ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม ใช้ข้อมูลเพียงแค่ค่าของฟังก์ชันเป้าหมายเท่านั้น ดังนั้นวิธีนี้สามารถใช้กับฟังก์ชันเป้าหมายได้ทุกชนิด ไม่จำเป็นต้องต่อเนื่องหรือหาอนุพันธ์ได้

4) ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม ใช้ทฤษฎีทางความน่าจะเป็นในการหาคำตอบ ในขณะที่วิธีการอื่นๆส่วนมากใช้วิธีการทางแคลคูลัสของเวคเตอร์ (Vector Calculus)

สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ
ห้องสมุดงานวิจัย
วันที่ 10 ม.ค. 2555
เลขทะเบียน 248398
เลขเรียกหนังสือ

3.2 กระบวนการขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม

การแก้ปัญหาค่าขีดสุดโดยใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม ประกอบไปด้วยขั้นตอนพื้นฐานทั้งหมด 7 ขั้นตอน ได้แก่

1. การลงรหัส
2. การสร้างประชากรเริ่มต้น
3. การประเมินค่าความเหมาะสม
4. การคัดเลือก
5. การดำเนินการทางพันธุกรรม
6. การเลือกโครโมโซมที่โดดเด่นเพื่อรักษาไว้ในรุ่นถัดไป
7. เงื่อนไขการหยุด

3.2.1 การลงรหัส (Encoding)

เนื่องจากขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมใช้รหัสของตัวแปรในการแก้ปัญหาค่าขีดสุด ดังนั้น หากเราเลือกวิธีลงรหัสที่เหมาะสมย่อมทำให้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมมีประสิทธิภาพดีขึ้นด้วย การลงรหัสที่นิยมใช้โดยทั่วไปจะเป็นการลงรหัสโดยอาศัยระบบเลขฐานสอง (0 และ 1) เป็นส่วนประกอบของโครโมโซมในการลงรหัส ความยาวของสตริงถูกกำหนดจากความละเอียดของตัวแปรที่เราต้องการ ตามเงื่อนไขดังสมการที่ 3.1

$$2^{n_i-1} \leq (U_i - L_i) \times 10^{m_i} < 2^{n_i} \qquad (3.1)$$

โดย n_i คือ ความยาวโครโมโซมของตัวแปร i

U_i คือ ค่าขอบเขตบนของตัวแปร i

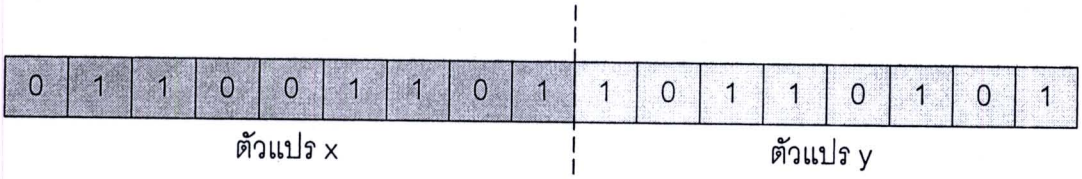
L_i คือ ค่าขอบเขตล่างของตัวแปร i

m_i คือ ค่าความละเอียดของตัวแปร i

ตัวอย่างเช่น หากเรามีตัวแปรต่อเนื่อง x ซึ่งมีค่าอยู่ในช่วง -1 ถึง 2 และตัวแปรต่อเนื่อง y ซึ่งมีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 2 และต้องการความละเอียดถึงทศนิยมตำแหน่งที่ 2 ในการคำนวณ ตัวแปร x ในช่วง -1 ถึง 2 จึงควรถูกแบ่งออกเป็นอย่างน้อย (2 – (-1))*100 = 300 ช่วงย่อยๆ และตัวแปร y ในช่วง 0 ถึง 2 จึงควรถูกแบ่งออกเป็นอย่างน้อย (2 – 0)*100 = 200 ช่วงย่อยๆ นั่นหมายถึงตัวแปร x และ y ต้องใช้โครโมโซมที่มีความยาว 9 บิตและ 8 บิต ตามลำดับ เนื่องจาก

$$256 = 2^8 < 300 < 2^9 = 512 \text{ และ } 128 = 2^7 < 300 < 2^8 = 256$$

หลังจากกำหนดความยาวของโครโมโซมในแต่ละตัวแปรแล้วจึงนำมาลงรหัสด้วยโครโมโซมเลขฐานสอง ดังรูปที่ 3.1



รูปที่ 3.1 ตัวอย่างการลงรหัสด้วยโครโมโซมเลขฐานสอง

3.2.2 การสร้างประชากรเริ่มต้น (Initialization)

การสร้างประชากรเริ่มต้น หมายถึงการหารูปแบบของคำตอบในรูปแบบของโครโมโซมขึ้นมาจำนวนหนึ่งโดยการสุ่มให้เท่ากับจำนวนประชากรที่ต้องการ การกำหนดประชากรเริ่มต้นที่ดีจึงต้องมีค่าไม่มากจนทำให้เสียเวลาในการคำนวณเริ่มต้นมาก แต่ก็ต้องไม่น้อยจนเกินไปเพื่อทำให้มีโอกาสเกิดการผสมสายพันธุ์ที่หลากหลาย

3.2.3 การประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness Value)

แต่ละค่าคำตอบที่ผ่านการถอดรหัสจากโครโมโซมในขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมจะถูกประเมินความเหมาะสมโดยทั่วไปค่าความเหมาะสมนี้จะขึ้นอยู่กับค่าของฟังก์ชันเป้าหมาย ตัวอย่างเช่น วิทยานิพนธ์ฉบับนี้มีวัตถุประสงค์ต้องการให้ต้นทุนในการผลิตไฟฟ้ามีค่าน้อยที่สุด นั่นคือ ต้องการให้ค่าของฟังก์ชั่นเป้าหมายมีค่าน้อยๆ จึงกำหนดให้ค่าความเหมาะสมมีค่าเท่ากับส่วนกลับของค่าฟังก์ชันเป้าหมายดังสมการที่ 3.2

$$f(x) = 1/F(x) \tag{3.2}$$

เมื่อ $f(x)$ คือ ค่าความเหมาะสมของตัวแปร x

$F(x)$ คือ ค่าฟังก์ชันเป้าหมายของตัวแปร x

เมื่อมีการประเมินค่าความเหมาะสมแล้ว ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมจะทำการพิจารณาเลือกเซตคำตอบใหม่ จากเซตคำตอบเดิมโดยอาศัยค่าความเหมาะสมนี้ ดังนั้น การเลือกใช้วิธีการ

ประเมิน และฟังก์ชันประเมินค่าความเหมาะสมอย่างเหมาะสมจะช่วยให้การค้นหาคำตอบเป็นไปอย่างรวดเร็วและมีประสิทธิภาพที่ดีขึ้น

3.2.4 การคัดเลือก (Selection)

การคัดเลือกเป็นขั้นตอนที่จะเลือกว่าโครโมโซมแต่ละตัวในกลุ่มประชากรนั้นควรจะอยู่รอดในรุ่นต่อไปหรือไม่ โดยจะพิจารณาจากค่าความเหมาะสมของโครโมโซมแต่ละตัว ถ้าโครโมโซมใดมีค่าความเหมาะสมสูงก็มีโอกาสที่จะอยู่รอดมาก ส่วนโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมต่ำก็มีโอกาสอยู่รอดน้อย สำหรับวิธีในการคัดเลือกประชากรที่นิยมใช้คือ การสุ่มแบบวงล้อ (Roulette wheel)

การสุ่มแบบวงล้อ เป็นกระบวนการคัดเลือกประชากรแบบสุ่ม โดยใช้ค่าความเหมาะสมเพื่อกำหนดความน่าจะเป็นของโครโมโซม (P_i) ตามสมการที่ 3.3 จากนั้น ทำการสุ่มความน่าจะเป็นในช่วง 0 ถึง 1 (U(0,1)) เพื่อเปรียบเทียบกับความน่าจะเป็นสะสมของโครโมโซม (C_i=$\sum_{j=1}^{i} P_j$) หากค่าความน่าจะเป็นดังกล่าวเป็นไปตามเงื่อนไข $C_{i-1} < U(0,1) \leq C_i$ โครโมโซม i จะได้รับการคัดเลือก

ตารางที่ 3.1 และรูปที่ 3.2 แสดงตัวอย่างการคัดเลือกและความน่าจะเป็นที่โครโมโซมแต่ละตัวจะถูกเลือกของโครโมโซมจำนวน 4 ตัว

$$P_i = \left(\frac{f_i}{\sum_{i=1}^{n} f_i}\right) * 100 \tag{3.3}$$

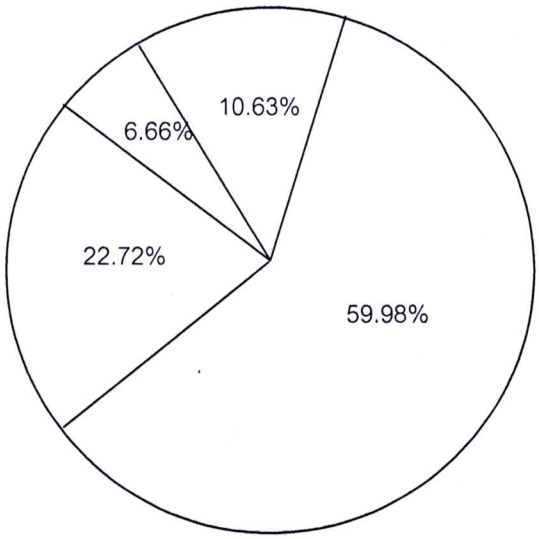
โดย f_i คือ เป็นค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม

n คือ เป็นจำนวนประชากรโครโมโซมทั้งหมด (Population Size)

P_i คือ โอกาสของโครโมโซมที่ถูกเลือก (Probability of Selection)

ตารางที่ 3.1 ตารางแสดงตัวอย่างการคัดเลือก

ลำดับที่	โครโมโซม	ค่าความเหมาะสม	อันดับความเหมาะสม	โอกาสโครโมโซมจะถูกเลือก
1	11010	0.005917	2	22.72 %
2	11000	0.001736	4	6.66 %
3	10000	0.015625	1	59.98 %
4	10011	0.00277	3	10.63 %
ผลรวม		0.026048	ผลรวม	100 %



รูปที่ 3.2 แผนภาพแสดงความน่าจะเป็นที่โครโมโซมแต่ละตัวจะถูกเลือก

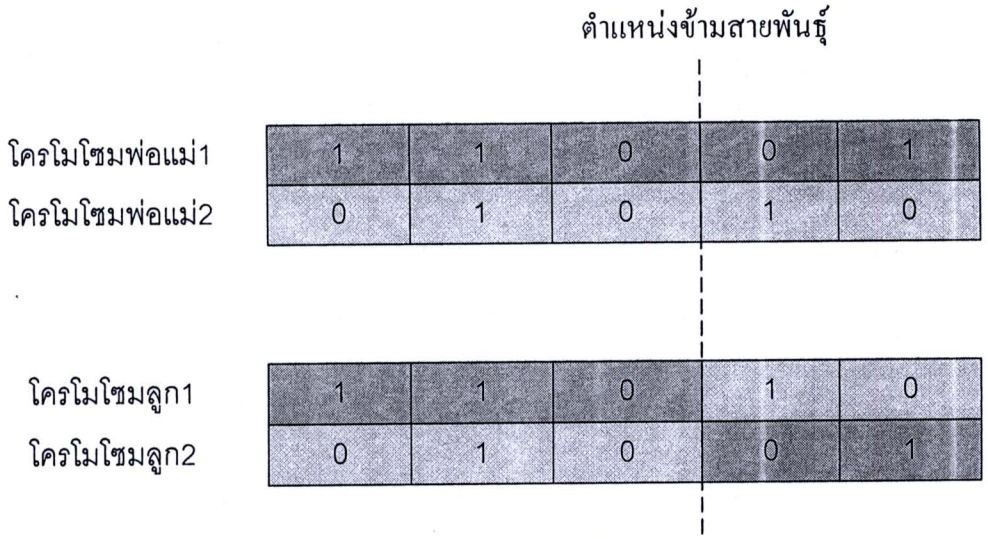
3.2.5 การดำเนินการทางพันธุกรรม (Genetic Operator)

ขั้นตอนการดำเนินการทางพันธุกรรมทำหน้าที่สร้างเซตคำตอบใหม่ๆ จากเซตคำตอบที่ผ่านขั้นตอนการคัดเลือกประชากรมาแล้ว โดยการดำเนินการทางพันธุกรรมที่นิยมใช้ คือ การข้ามสายพันธุ์ และการผ่าเหล่า

(1) การข้ามสายพันธุ์ (Crossover)

เป็นกระบวนการสร้างประชากรรุ่นใหม่โดยอาศัยการแลกเปลี่ยนข้อมูลระหว่างโครโมโซมพ่อแม่ (Parents) จำนวน 2 โครโมโซม เพื่อกำเนิดโครโมโซมลูก (Offspring) จำนวน 2 โครโมโซม พื้นฐานการข้ามสายพันธุ์เป็นกระบวนการที่โครโมโซมคู่หนึ่งๆจะแลกเปลี่ยนบิตกันในบางตำแหน่ง เพื่อให้กำเนิดโครโมโซมโครงสร้างใหม่ๆขึ้นมาด้วยความน่าจะเป็นค่าหนึ่งซึ่งเรียกว่า ความน่าจะเป็นของการข้ามสายพันธุ์ (Probability of crossover; P_C) ความน่าจะเป็นของการข้ามสายพันธุ์ก็คือเลขจริงระหว่าง 0 ถึง 1 ที่เรากำหนดขึ้นมาเพื่อบอกว่าโครโมโซมมีโอกาสจะข้ามสายพันธุ์มากน้อยเพียงใด รูปที่ 3.3 แสดงพื้นฐานการข้ามสายพันธุ์ โดยในขั้นแรกจะสุ่มเลขจริงในช่วง 0 ถึง 1 ขึ้นมาถ้าเลขที่สุ่มนี้มีค่าน้อยกว่าความน่าจะเป็นของการข้ามสายพันธุ์ก็จะไม่ทำการข้ามสายพันธุ์ แต่ถ้าเลขที่สุ่มขึ้นมานั้นมีค่ามากกว่าความน่าจะเป็นของการข้ามสายพันธุ์ก็จะทำการข้ามสายพันธุ์ โดยโครโมโซมคู่หนึ่งจะถูกคัดเลือกขึ้นมาเรียกว่า โครโมโซมพ่อแม่ (Parent Chromosomes) จากนั้นก็จะสุ่มตำแหน่งในการข้ามสายพันธุ์ (Cross site) ขึ้นมา หลังจากนั้นโครโมโซมคู่นั้นก็จะเปลี่ยนบิตกันในตั้งแต่ตำแหน่งที่อยู่หลังตำแหน่งข้ามสายพันธุ์เป็นต้นไป เพื่อให้กำเนิดโครโมโซม

ใหม่ขึ้นมาเรียกว่า โครโมโซมลูก กระบวนการนี้จะถูกกระทำซ้ำจนได้โครโมโซมชุดใหม่ขึ้นมาครบตามจำนวนประชากรที่เราต้องการ



รูปที่ 3.3 การข้ามสายพันธุ์พื้นฐาน

การข้ามสายพันธุ์ตามหลักการดังกล่าวนั้นเรียกว่า การข้ามสายพันธุ์แบบจุดเดียว (Single point crossover) ซึ่งจะให้ผลดีในบางปัญหา เช่น ปัญหาที่มีตัวแปรควบคุมไม่มากนักและปัญหาที่มีความยาวของบิตโครโมโซมน้อยๆ แต่เมื่อปัญหาค่าขีดสุดมีขนาดใหญ่ขึ้นและมีจำนวนตัวแปรควบคุมมากขึ้น การข้ามสายพันธุ์แบบจุดเดียวดังกล่าวจะให้ผลที่ไม่ดีนัก ทั้งนี้เนื่องมาจากการข้ามสายพันธุ์แบบจุดเดียวนั้น ผลลัพธ์ที่ได้จะขึ้นอยู่กับตำแหน่งข้ามสายพันธุ์กล่าวคือโครโมโซมคู่หนึ่งๆจะแลกเปลี่ยนบิตโครโมโซมกันในตำแหน่งที่อยู่หลังตำแหน่งข้ามสายพันธุ์ (ตามรูปที่ 3.3) ซึ่งจะเห็นว่าบิตโครโมโซมที่อยู่ในตำแหน่งแรกของโครโมโซมพ่อแม่จะไม่มีโอกาสได้แลกเปลี่ยนบิตกับโครโมโซมอื่นเลย ซึ่งในบางครั้งโครโมโซมในตำแหน่งดังกล่าวอาจจะเป็นประโยชน์ในการแก้ปัญหาค่าขีดสุดก็ได้

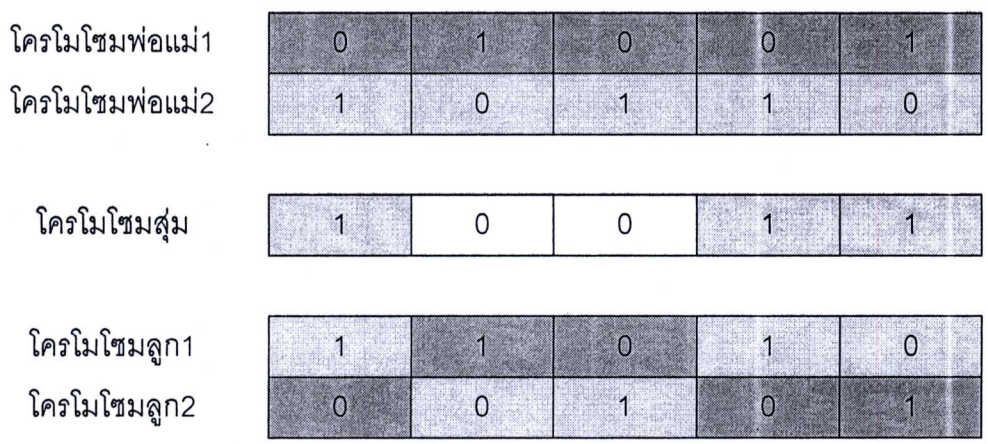
ด้วยเหตุผลดังกล่าว หลักการปรับปรุงการข้ามสายพันธุ์ด้วยวิธียูนิฟอร์มครอสโอเวอร์จึงได้ถูกพัฒนาขึ้น โดยการปรับปรุงดังกล่าวจะแบ่งออกเป็น 3 ขั้นตอน คือ ในขั้นแรก เราจะสุ่มคัดเลือกโครโมโซมที่จะข้ามสายพันธุ์ขึ้นมาคู่หนึ่งก่อนเรียกว่าโครโมโซมพ่อแม่ จากนั้นในขั้นตอนที่สอง จะทำการสุ่มเลขระหว่าง 0 ถึง 1 ขึ้นมาโดยถ้าเลขสุ่มดังกล่าวมีค่าสูงกว่าความน่าจะเป็นของการข้ามสายพันธุ์ก็จะทำการข้ามสายพันธุ์ แต่ถ้าเลขสุ่มดังกล่าวต่ำกว่าความน่าจะเป็นของการข้ามสายพันธุ์ก็จะไม่ทำการข้ามสายพันธุ์ สรุปคือการข้ามสายพันธุ์จะเกิดขึ้นก็ต่อเมื่อเป็นไปตามเงื่อนไขดังสมการที่ 3.4

$$P_R \geq P_C \tag{3.4}$$

โดย P_R คือ ความน่าจะเป็นที่ถูกสุ่มขึ้นมาในแต่ละคู่โครโมโซม

P_C คือ ความน่าจะเป็นของการข้ามสายพันธุ์

ในกรณีที่ต้องมีการข้ามสายพันธุ์ ในขั้นตอนที่สาม จะทำการสุ่มบิตโครโมโซม 0 ถึง 1 ที่มีความยาวเท่ากับความยาวบิตของโครโมโซมพ่อแม่ขึ้นมาชุดหนึ่ง จากนั้นถ้าตำแหน่งใดของบิตโครโมโซมที่สุ่มขึ้นมามีค่าเป็น 1 ก็จะทำการแลกเปลี่ยนบิตตำแหน่งนั้นระหว่างโครโมโซมพ่อแม่คู่นั้น ถ้าตำแหน่งใดของบิตสตริงที่สุ่มขึ้นมามีค่าเป็น 0 ก็จะคงบิตตำแหน่งนั้นเหมือนเดิม ดังรูปที่ 3.4 ซึ่งหลักการปรับปรุงการข้ามสายพันธุ์ด้วยวิธีการดังกล่าวเรียกว่าการทำยูนิฟอร์มครอสโอเวอร์ (Uniform Crossover)



รูปที่ 3.4 การปรับปรุงการข้ามสายพันธุ์ด้วยวิธียูนิฟอร์มครอสโอเวอร์

จากหลักการดังกล่าวจะเห็นว่าการทำยูนิฟอร์มครอสโอเวอร์เป็นการข้ามสายพันธุ์ที่ทุกบิตในโครโมโซมมีโอกาสที่จะแลกเปลี่ยนบิตกับโครโมโซมอื่นๆเท่าเทียมกัน ดังนั้นการข้ามสายพันธุ์วิธีนี้จะได้ผลลัพธ์ที่ไม่ขึ้นกับตำแหน่งข้ามสายพันธุ์หรือความยาวบิตของโครโมโซมพ่อแม่

(2) การผ่าเหล่า (Mutation)

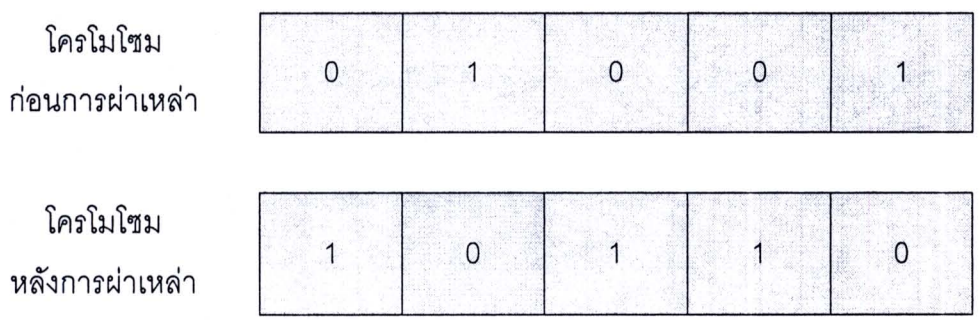
เป็นกระบวนการที่ป้องกันการลู่เข้าก่อนกำหนดและไม่ให้สูญเสียข้อมูลที่สำคัญบางอย่างไปในระหว่างกระบวนการถ่ายทอด โดยเราจะกำหนดความน่าจะเป็นค่าหนึ่งซึ่งเรียกว่า ความ

น่าจะเป็นของการผ่าเหล่า (Probability of mutation; P_M) โดยในขั้นแรกจะสุ่มเลขในช่วงระหว่าง 0 ถึง 1 ที่ทุกๆบิตของโครโมโซม แล้วเปรียบเทียบเลขที่สุ่มแต่ละบิตกับความน่าจะเป็นของการผ่าเหล่า ถ้าเลขที่สุ่มในบิตตำแหน่งใดมีค่าต่ำกว่าความน่าจะเป็นของการผ่าเหล่าบิตตำแหน่งนั้นก็จะไม่ผ่าเหล่า แต่ถ้าเลขที่สุ่มในบิตตำแหน่งใดมีค่าสูงกว่าความน่าจะเป็นของการผ่าเหล่าก็จะผ่าเหล่าที่บิตตำแหน่งนั้น โดยเปลี่ยนบิตที่ตำแหน่งนั้นจาก 0 เป็น 1 หรือ 1 เป็น 0 สรุปคือการผ่าเหล่า (Mutation) จะเกิดขึ้นก็ต่อเมื่อเป็นไปตามเงื่อนไขดังสมการที่ 3.5

$$P_{R_i} \geq P_M \tag{3.5}$$

โดย P_{R_i} คือ ความน่าจะเป็นที่ถูกสุ่มขึ้นมาในแต่ละบิตโครโมโซม

P_M คือ ความน่าจะเป็นของการผ่าเหล่า



รูปที่ 3.5 แสดงตัวอย่างการผ่าเหล่ากรณี $i = 2$

3.2.6 การเลือกโครโมโซมที่โดดเด่นเพื่อรักษาไว้ในรุ่นถัดไป

การดำเนินการทางพันธุกรรมเป็นกระบวนการที่อาศัยความน่าจะเป็นในการถ่ายทอดประชากรจากรุ่นหนึ่งไปยังอีกรุ่นหนึ่ง ซึ่งไม่มีหลักประกันว่าในรอบถัดไปจะมีประชากรที่ดีกว่ารุ่นแรก และในบางครั้งก็อาจจะสูญเสียโครโมโซมที่ดีที่สุดไปในระหว่างการถ่ายทอด จากปัญหานี้เองจึงได้เกิดแนวคิดที่ว่าควรจะเก็บโครโมโซมที่ดีที่สุดในแต่ละรอบของการถ่ายทอดเอาไว้เพื่อส่งต่อไปในรอบถัดไป ทั้งนี้ เพื่อเป็นหลักประกันว่าโครโมโซมที่ดีที่สุดในรอบถัดไปจะดีกว่าในรอบก่อนหน้านี้เสมอ หลักการนี้เรียกว่า อิลิทิสซึม (Elitism)

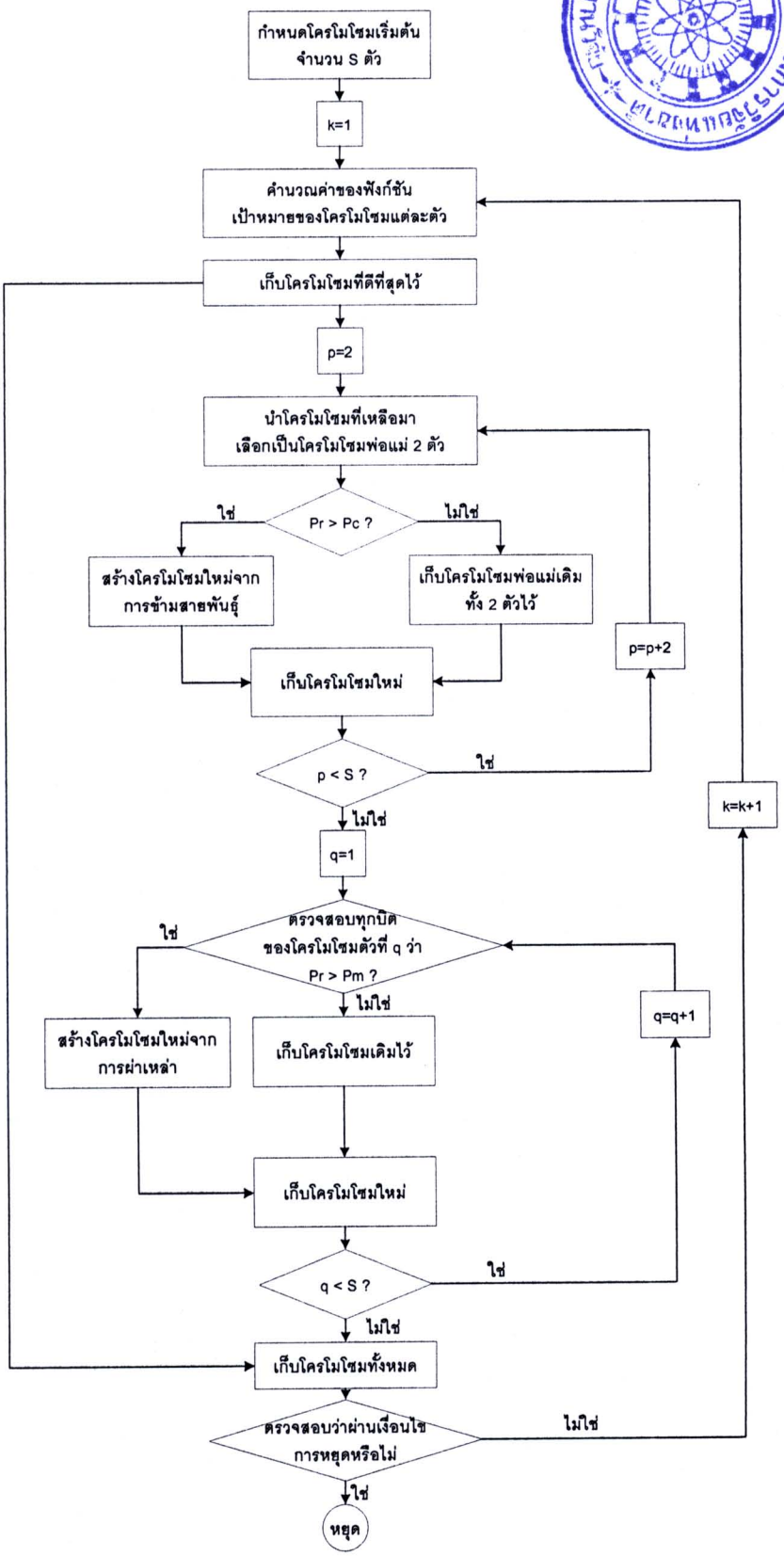
3.2.7 เงื่อนไขการหยุด

ในวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เงื่อนไขการหยุดของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมก็คือ หยุดหาคำตอบเมื่อครบจำนวนรุ่นการถ่ายทอดสูงสุดที่กำหนดเอาไว้ หรือค่าฟังก์ชันเป้าหมายในแต่ละรุ่นไม่มีการเปลี่ยนแปลงครบจำนวนครั้งที่กำหนดไว้

จากองค์ประกอบข้างต้น การแก้ปัญหาค่าขีดสุดโดยรวมของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมมีขั้นตอนดังนี้

1) กำหนดประชากรเริ่มต้นโดยการสุ่ม
2) หาค่าความเหมาะสมของโครโมโซมแต่ละตัว จากขั้นตอนที่อธิบายในหัวข้อ 3.4
3) จากประชากรทั้งหมด จะเลือกโครโมโซมที่ดีที่สุด (มีความเหมาะสมมากที่สุด) เก็บเอาไว้
4) นำโครโมโซมที่ไม่ได้รับคัดเลือกไปผ่านขั้นตอนการคัดเลือก การข้ามสายพันธุ์และการผ่าเหล่า
5) นำโครโมโซมจากขั้นที่ 3) และขั้นที่ 4) มารวมกัน
6) ย้อนไปทำขั้นที่ 2) จนผ่านเงื่อนไขการหยุดที่กำหนดไว้

ขั้นตอนการแก้ปัญหาค่าขีดสุดโดยรวมของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม สรุปได้ดังรูปที่ 3.6



รูปที่ 3.6 ขั้นตอนการทำงานของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม

3.3 ตัวอย่างการหาจุดเหมาะสมโดยขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม

ในตัวอย่างนี้จะแสดงให้วิธีการประยุกต์ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมในการแก้ปัญหา Optimization ทั่วไป

ตัวอย่าง จงหาจุดสูงสุดของฟังก์ชัน

$$F(x,y) = \frac{1}{(x+0.5)^2 + 2(y-0.5)^2 - 0.3\cos(3x) - 0.4\cos(4y) + 0.8}$$

โดยที่ $-1 \le x \le 1$, $-1 \le y \le 1$

จากโจทย์จะเห็นว่าปัญหาดังกล่าวเป็นปัญหาออปติไมซ์แบบมีเงื่อนไขที่มีความซับซ้อนมากในระดับหนึ่ง การแก้ปัญหาดังกล่าวด้วยวิธีการเชิงเลขโดยทั่วไปอาจจะเกิดปัญหาการไม่ลู่เข้าของคำตอบได้เนื่องจากฟังก์ชันเป้าหมายประกอบด้วยตัวแปรแบบตรีโกณมิติซึ่งเป็นส่วนที่ทำให้ค่าอนุพันธ์ของฟังก์ชันมีการเปลี่ยนแปลงสูงมาก สำหรับในตัวอย่างนี้ จะแสดงวิธีการแก้ปัญหาโดยใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแทน

ขั้นตอนที่1 การลงรหัสและถอดรหัส

ในปัญหานี้หากเราต้องการความละเอียดของตัวแปรถึงทศนิยมตำแหน่งที่ 8 ดังนั้นเราต้องใช้โครโมโซมที่มีความยาวเท่ากับ 28 บิตของทั้งสองตัวแปรในการลงรหัส โดยอาศัยหลักการที่กล่าวไว้ในหัวข้อที่ 3.2

$$134{,}217{,}728 = 2^{27} \le (1-(-1)) * 10^8 \le 2^{28} = 268{,}435{,}456$$

ส่วนการถอดรหัสโครโมโซมให้เป็นตัวแปร สามารถใช้สมการ

$$x = -1 + x' \frac{(1-(-1))}{2^{28}-1}$$

โดยที่ x' คือเลขฐานสิบที่ได้จากการแปลงบิตโครโมโซมที่เป็นเลขฐานสอง $(b_{27}b_{26}...b_0)$ ซึ่งหาได้จากสมการ

$$x' = \sum_{i=0}^{27} b_i \times 2^i$$

ขั้นตอนที่ 2 การกำหนดประชากรเริ่มต้น

การกำหนดประชากรเริ่มต้นจะใช้วิธีการสุ่มในการกำหนดประชากรเริ่มต้นโดยในตัวอย่างนี้จำนวนประชากรที่ใช้คือ 10 โครโมโซม

ขั้นตอนที่ 3 การประเมินค่าความเหมาะสม

เนื่องจากปัญหาในตัวอย่างนี้เป็นการหาจุดสูงสุดของฟังก์ชัน ดังนั้นจึงสามารถใช้ค่าของฟังก์ชันเป้าหมายเป็นค่าความเหมาะสมได้

ขั้นตอนที่ 4 การดำเนินการทางพันธุกรรม

การดำเนินการทางพันธุกรรมประกอบด้วย 3 ส่วนคือ การคัดเลือก การข้ามสายพันธุ์ และการผ่าเหล่า โดยได้แสดงตัวอย่างขั้นตอนวิธีของทั้ง 3 ส่วนไว้ในหัวข้อที่ 3.5, 3.6.1.2 และหัวข้อที่ 3.6.2 ตามลำดับ ในปัญหานี้จะใช้ความน่าจะเป็นในการข้ามสายพันธุ์เท่ากับ 0.2 และความน่าจะเป็นในการผ่าเหล่าเท่ากับ 0.9

ขั้นตอนที่ 5 เงื่อนไขการหยุด

เงื่อนไขการหยุดสำหรับตัวอย่างนี้จะกำหนดให้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมหยุด เมื่อถึงจำนวนรุ่นสูงสุดเท่านั้น คือ 300 รุ่น

ผลลัพธ์

จากการแก้ปัญหาOptimization ในตัวอย่างนี้ด้วยวิธีการทางพันธุกรรมจนลู่เข้าตามเงื่อนไขที่กำหนดไว้ จำนวน 10 ครั้ง ผลลัพธ์สามารถแสดงได้ดังตารางที่ 3.2

ตารางที่ 3.2 ผลการแก้ปัญหาของฟังก์ชันในตัวอย่างหัวข้อ 3.8

ครั้งที่	x	y	$F(x,y)$
1	-0.65520646	0.50019384	7.94669185
2	-0.65450311	0.49992539	7.94656419
3	-0.65396537	0.49952304	7.94534425
4	-0.65544111	0.49946427	7.94603018
5	-0.65506383	0.50010460	7.94678061
6	-0.65504573	0.49995404	7.94680082
7	-0.65525521	0.49950477	7.94623201
8	-0.65520674	0.50000230	7.94677143
9	-0.65522559	0.49956098	7.94635569
10	-0.65504812	0.50015253	7.94675579

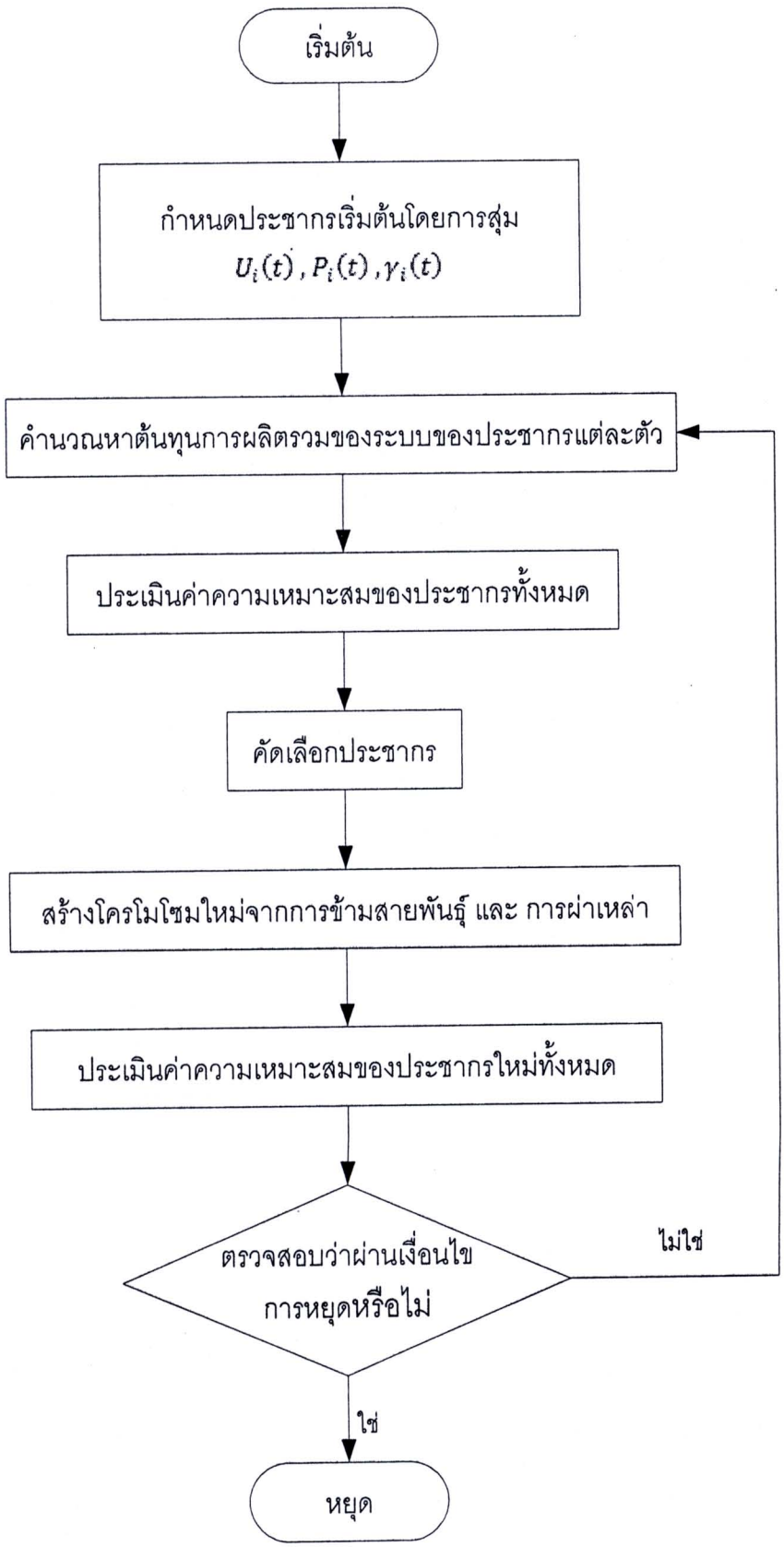
จากตารางที่ 3.2 คำตอบของปัญหาOptimization โดยใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมทั้ง 10 ครั้งจะได้คำตอบที่ดีที่สุดในตัวอย่างนี้ คือ $x = -0.65504573$ และ $y = 0.49995404$ โดยที่ค่าของฟังก์ชันเป้าหมาย ($F(x, y)$) มีค่าเท่ากับ 7.94680082

3.4 การประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมในการแก้ปัญหาการจัดสรรเชื้อเพลิงอย่างเหมาะสมสำหรับระบบผลิตไฟฟ้า

การแก้ปัญหาค่าเหมาะสมโดยใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมเป็นวิธีใหม่ที่มีประสิทธิภาพสามารถประยุกต์ใช้ในการแก้ปัญหาการจัดสรรเชื้อเพลิงอย่างเหมาะสมสำหรับระบบผลิตไฟฟ้าได้ ทั้งนี้ ด้วยความสัมพันธ์อันซับซ้อนของตัวแปร ฟังก์ชันจุดประสงค์ และฟังก์ชันเงื่อนไขบังคับต่างๆ ของปัญหาการจัดสรรเชื้อเพลิงอย่างเหมาะสมสำหรับระบบผลิตไฟฟ้า อาจทำให้บางครั้งวิธีการดั้งเดิมที่นำมาแก้ปัญหาค่าเหมาะสมไม่สามารถหาผลเฉลยได้ หรือถ้าจะหาได้ก็ต้องละเลยเงื่อนไขที่ซับซ้อนบางอย่างไป หรือไม่ก็ต้องทำการประมาณฟังก์ชันที่ซับซ้อนให้อยู่ในรูปที่สามารถแก้ปัญหาโดยวิธีดั้งเดิมได้ แต่สำหรับการแก้ปัญหาค่าเหมาะสมโดยใช้ขั้นตอนวีธีทางพันธุกรรมแล้วจะใช้เพียงค่าฟังก์ชันจุดประสงค์และฟังก์ชันเงื่อนไขบังคับมาเป็นข้อมูลในการหาผลเฉลยเท่านั้น โดยไม่สนใจรูปแบบของฟังก์ชันและความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรต่างๆ

ในการหาผลเฉลยของการแก้ปัญหาการจัดสรรเชื้อเพลิงอย่างเหมาะสมสำหรับระบบผลิตไฟฟ้า การประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมมีฟังก์ชันจุดประสงค์ คือ การหาต้นทุนการผลิตรวมต่ำสุดโดยใช้เชื้อเพลิงที่มีอยู่ให้คุ้มค่าที่สุดและมีการทำงานเป็นไปตามเงื่อนไขที่กำหนด สามารถทำได้โดย ขั้นตอนแรก เริ่มจากการแทนค่าตัวแปรควบคุมต่างๆ ให้อยู่ในรูปของโครโมโซมด้วยระบบเลขฐานสองโดยอาศัยหลักการที่กล่าวไว้ในหัวข้อที่ 3.2.1 จากนั้นทำการกำหนดประชากรเริ่มต้นขึ้นมาตามจำนวนที่ต้องการด้วยการสุ่ม และนำโครโมโซมที่ได้ไปคำนวณหาต้นทุนการผลิตรวมของระบบ พร้อมทั้งตรวจสอบเงื่อนไขบังคับต่างๆในระบบ และทำการประเมินค่าความเหมาะสมของประชากรทั้งหมดโดยอาศัยหลักการที่กล่าวไว้ในหัวข้อที่ 3.2.3 หลังจากนั้นนำประชากรเหล่านี้ไปทำการคัดเลือกเพื่อนำไปผ่านการดำเนินการทางพันธุกรรม ที่ประกอบไปด้วยการข้ามสายพันธ์และการผ่าเหล่าต่อไป หลังจากอาศัยหลักการที่กล่าวไว้ในหัวข้อที่ 3.2.4 – 3.2.6 เราจะเริ่มกระบวนการใหม่อีกรอบ แล้วทำวนซ้ำไปจนกว่าจะผ่านเงื่อนไขการหยุด

ขั้นตอนการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมในการแก้ปัญหาการจัดสรรเชื้อเพลิงอย่างเหมาะสมสำหรับระบบผลิตไฟฟ้า สามารถสรุปได้ดังรูปที่ 3.7



รูปที่ 3.7 ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมในการแก้ปัญหาการจัดสรรเชื้อเพลิงอย่างเหมาะสม