



ใบรับรองวิทยานิพนธ์  
บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต (วิทยาการคอมพิวเตอร์)

ปริญญา

วิทยาการคอมพิวเตอร์

วิทยาการคอมพิวเตอร์

สาขา

ภาควิชา

เรื่อง การวิเคราะห์ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่เข้ารหัสด้วยอัลกอริทึม LZW  
ด้วยทฤษฎีเค้าร่าง

An Analysis of LZW Genetic Algorithm using Schema Theorem

นามผู้วิจัย นายพงศกร แดงทรัพย์

ได้พิจารณาเห็นชอบโดย

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

( ผู้ช่วยศาสตราจารย์วรเศรษฐ สุวรรณิก, วศ.ด. )

หัวหน้าภาควิชา

( อาจารย์เสกฐวิทย์ เกิดผล, Ph.D. )

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์รับรองแล้ว

( รองศาสตราจารย์กัญจนา วีระกุล, D.Agr. )

คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

วันที่ ..... เดือน ..... พ.ศ. ....

วิทยานิพนธ์

เรื่อง

การวิเคราะห์ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่เข้ารหัสด้วยอัลกอริทึม LZW ด้วยทฤษฎีเค้าร่าง

An Analysis of LZW Genetic Algorithm using Schema Theorem

โดย

นายพงศกร แดงทรัพย์

เสนอ

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

เพื่อขอความสมบูรณ์แห่งปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (วิทยาการคอมพิวเตอร์)

พ.ศ. 2553

ลิขสิทธิ์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

พงศกร แดงทรัพย์ 2553: การวิเคราะห์ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่เข้ารหัสด้วย  
อัลกอริทึม LZW ด้วยทฤษฎีเค้าร่าง ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (วิทยาการ  
คอมพิวเตอร์) สาขาวิทยาการคอมพิวเตอร์ ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์  
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: ผู้ช่วยศาสตราจารย์วรเศรษฐ สุวรรณิก, วศ.ค.  
60 หน้า

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม คืออัลกอริทึมที่ใช้วิธีเลียนแบบวิวัฒนาการทางพันธุกรรมใน  
การแก้ปัญหา โดยแปลงปัญหาให้อยู่ในรูปโครโมโซมเลขฐานสอง มีทฤษฎีเค้าร่างเป็นตัวอธิบาย  
พฤติกรรมการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เค้าร่าง คือต้นแบบของโครโมโซม  
เลขฐานสอง มีลักษณะเหมือนกับโครโมโซมเกือบทุกประการยกเว้นไม่ได้มีแค่เลขฐานสองเป็น  
องค์ประกอบ แต่มี \* เป็นองค์ประกอบด้วย โดยทฤษฎีเค้าร่างสามารถใช้นำมาคำนวณของ  
ประชากรที่เข้าคู่กับเค้าร่าง ในรุ่นถัดไปได้

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่เข้ารหัสด้วยอัลกอริทึม LZW เป็นขั้นตอนที่พัฒนามาจาก GA  
โดยการบีบอัดโครโมโซมของ GA โครโมโซมของ LZWGA จะอยู่ในรูปแบบที่เข้ารหัสด้วย  
อัลกอริทึม LZW ทำให้โครโมโซมแตกต่างไปจากโครโมโซม GA เดิม โดยโครโมโซมของ  
LZWGA จะประกอบไปด้วยสายของเลขจำนวนเต็ม การวิเคราะห์ LZWGA ต้องมีการปรับแต่ง  
ทฤษฎีเค้าร่างใหม่เพื่อให้สามารถวิเคราะห์โครโมโซมของ LZWGA ในการทดลอง  
การปรับแต่งทฤษฎีเค้าร่างสามารถให้ผลการทำนายเค้าร่างในรุ่นถัดไปมีความแม่นยำ 92.14%  
และ 92.86% เมื่อทดลองกับปัญหา OneMax และ ปัญหา RoyalRoad

ลายมือชื่อนิติต

ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

Pongsakorn Tangsub 2010: An Analysis of LZW Genetic Algorithm using Schema Theorem. Master of Science (Computer Science), Major Field: Computer Science, Department of Computer Science. Thesis Advisor: Assistant Professor Worasait Suwannik, Ph.D. 60 pages.

Simple Genetic algorithm (GA) is an algorithm that solves problems by immitating natural evolution. A chromosome in GA is a binary string. A schema theorem explains the behavior of GA. A schema is a template of binary chromosomes. It has the same length as binary chromosomes but consists of 3 alphabets: 0, 1, and \*. The theorem can estimate the number of individuals in the next generation.

LZW Genetic Algorithm (LZWGA) combines compression with GA. A chromosome in LZWGA is in a format which can be decompressed by LZW decompression algorithm. Unlike GA, an LZWGA chromosome is an array of integer. Therefore, in order to analyze LWZGA, we changed the definition of a schema. From the experiment, a modified schema theorem can accurately predict the number of LZWGA individual in the next generation. The prediction is 92.14% and 92.86% accurate when tested with OneMax and RoyalRoad problem.

---

Student's signature

---

Thesis Advisor's signature

## กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงได้ดีด้วยความช่วยเหลืออย่างดียิ่งของ ผศ. ดร. วรเศรษฐ สุวรรณิก ประธานกรรมการที่ปรึกษา ที่ได้สั่งสอนให้คำแนะนำ วิธีการและ ขั้นตอนในการดำเนินงาน ชี้แนะแนวทางแก้ไขปัญหา ตรวจสอบแก้ข้อบกพร่องต่างๆ ในงานวิจัย และ ข้อเสนอแนะในการทำวิทยานิพนธ์นี้

ขอกราบขอบพระคุณ คุณพ่อสุเทพ คุณแม่ณงนุช และน้องวรรณิสสา ที่ได้ให้กำลังใจ ให้การ สนับสนุน และความช่วยเหลืออย่างที่สุดมาโดยตลอดจนสำเร็จการศึกษา ขอขอบพระคุณ คณาจารย์ทุกท่านที่ให้การอบรม สั่งสอนวิชาความรู้ต่างๆมาจนสำเร็จการศึกษา

ขอขอบคุณเพื่อนๆ พี่ น้องทุกท่านที่ช่วยให้วิทยานิพนธ์นี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี

ขอขอบคุณ โครงการปริญญาโทภาคพิเศษ ที่ได้สนับสนุนด้านอุปกรณ์ และสถานที่ตลอด ระยะเวลาในการทำวิทยานิพนธ์

พงศกร แต่งทรัพย์

เมษายน 2553

## สารบัญ

	หน้า
สารบัญ	(1)
สารบัญตาราง	(2)
สารบัญภาพ	(3)
คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ	(4)
คำนำ	1
วัตถุประสงค์	3
การตรวจเอกสาร	4
อุปกรณ์และวิธีการ	20
อุปกรณ์	20
วิธีการ	21
ผลและวิจารณ์	26
ผล	26
วิจารณ์	43
สรุปและข้อเสนอแนะ	47
สรุป	47
ข้อเสนอแนะ	47
เอกสารและสิ่งอ้างอิง	48
ภาคผนวก	50
ประวัติการศึกษา และการทำงาน	60

## สารบัญตาราง

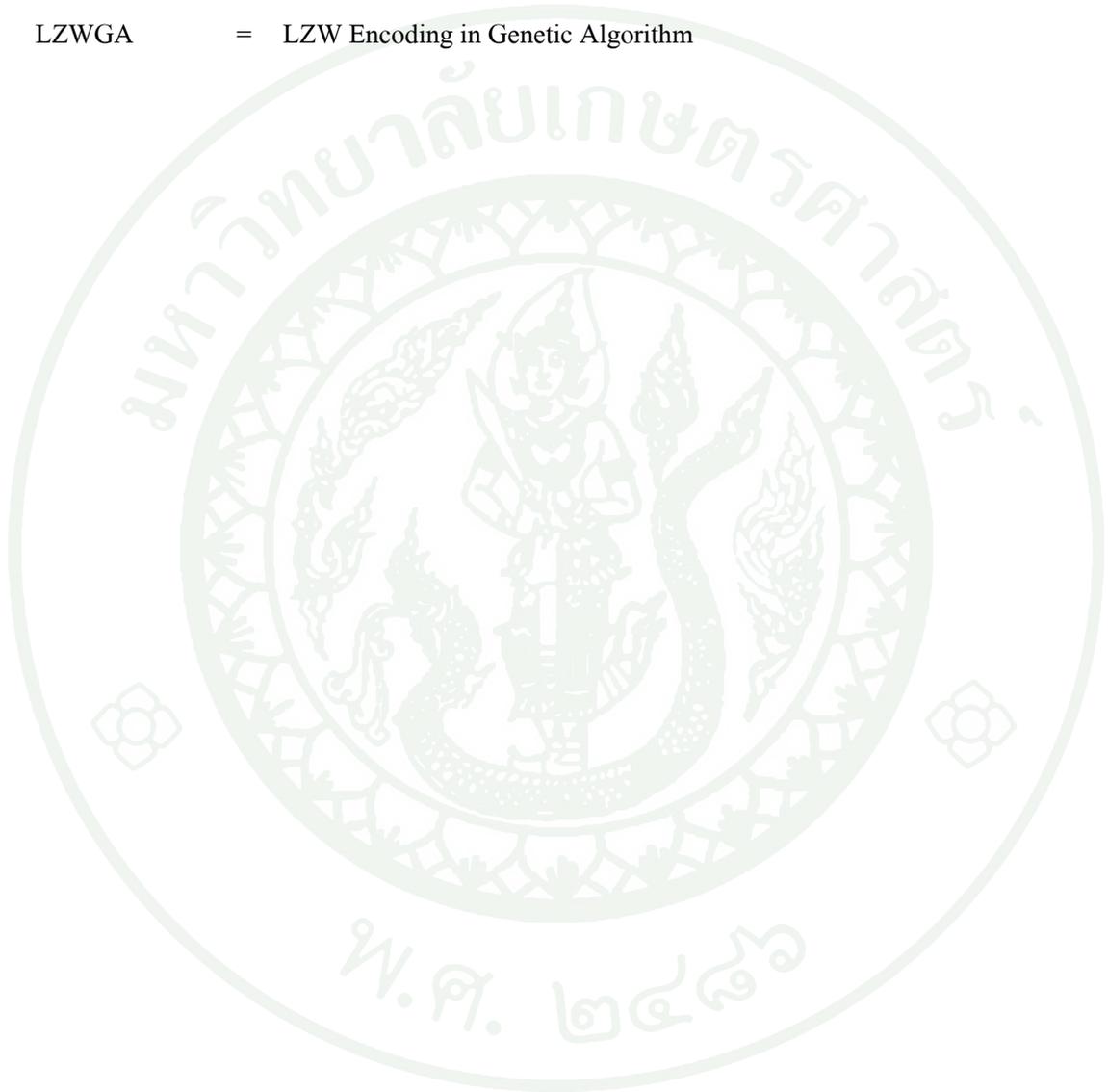
ตารางที่		หน้า
1	อัลกอริทึมการคลายของ LZW	9
2	อัลกอริทึมการสร้างเค้รำง	23
3	ผลที่เกิดจากการ Roulette Wheel Selection และผลการทำนาย	26
4	โคร โม โชมที่ถูกเลือกตรงกับผลการทำนายด้วยค่าคาดหวัง	29
5	ผลที่เกิดจากการไขว้เปลี่ยนใน LZWGA	30
6	ผลที่เกิดจากการกลายพันธุ์ใน LZWGA โคร โม โชมตัวที่ 1	33
7	ผลที่เกิดจากการกลายพันธุ์ใน LZWGA โคร โม โชมตัวที่ 2	34
8	ผลของประชากร LZWGA หลังจากทำ Operator ทั้งหมดแล้วใน LZWGA	36
9	ผลตัวอย่างการนับเค้รำง และค่าคาดหวังของเค้รำงใน LZWGA	39
10	ตัวอย่าง Building Block Hypothesis ของปัญหา OneMax	44
11	ตัวอย่าง Building Block Hypothesis ของปัญหา RoyalRoad ที่ขนาดบล็อคเท่ากับ 4	45

## สารบัญภาพ

ภาพที่		หน้า
1	ขั้นตอนการทำงานของวิธีเชิงพันธุกรรม	4
2	ขั้นตอนการทำงานของวิธีเชิงพันธุกรรมแบบ LZW	7
3	กระบวนการทำงานของ CGA	16
4	กระบวนการทำงานของ LZWGA	17
5	ภาพรวมวิธีการวิจัย	21
6	ขั้นตอนการเปรียบเทียบเค้ร่า่งในการทำงานของ LZWGA	24
7	การตรวจสอบค่าคาดหวัง เทียบกับจำนวนที่พบจริงในแต่ละรุ่นของการแก้ปัญหา Onemax ด้วย GA ขนาดโครโมโซม 8 บิต และ LZWGA ความยาวโครโมโซม 8 หน่วย โดย GA ทั้ง 2 แบบมีจำนวนประชากร 1,000 ตัว	41
8	การตรวจสอบค่าคาดหวัง เทียบกับจำนวนที่พบจริงในแต่ละรุ่นของการแก้ปัญหา RoyalRoad ด้วย GA ขนาดโครโมโซม 8 บิต และ LZWGA ความยาวโครโมโซม 8 หน่วย โดย GA ทั้ง 2 แบบมีจำนวนประชากร 1,000 ตัว	42
9	ขั้นตอนการเข้ารหัสของ LZW	46

## คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ

GA	=	Genetic Algorithm
LZW	=	Lempel-Ziv-Welch Algorithm
LZWGA	=	LZW Encoding in Genetic Algorithm



# การวิเคราะห์ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่เข้ารหัสด้วยอัลกอริทึม LZW ด้วยทฤษฎีเค้าร่าง

## An Analysis of LZW Genetic Algorithm using Schema Theorem

### คำนำ

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม คืออัลกอริทึมที่เลียนแบบวิธิต่างพันธุกรรมเพื่อใช้ในการค้นหาคำตอบในกลุ่มประชากรของคำตอบ การค้นหามีลักษณะเป็นแบบสุ่ม มีค่าความเหมาะสมเป็นตัวกำหนดแนวทางของคำตอบ (Goldberg, 1989, 2002) คำตอบแต่ละตัวในกลุ่มประชากรถูกเข้ารหัสให้อยู่ในรูปทางพันธุกรรมที่เรียกว่า โครโมโซมเลขฐานสอง โครโมโซมในกลุ่มประชากรเดียวกันมีขนาดบิตหรือความยาวโครโมโซมเท่ากัน ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมีหลักการทำงานโดยการกำหนดค่าความเหมาะสมที่เป็นคำตอบ จากนั้นสร้างโครโมโซมที่ได้กำหนดไว้ นำโครโมโซมในประชากรเริ่มต้นไปวัดค่าความเหมาะสม (fitness) ตรวจสอบค่าความเหมาะสมว่าเป็นคำตอบหรือไม่ หากไม่ใช่คำตอบ ประชากรเริ่มต้นถูกส่งเข้าสู่กระบวนการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยการเลือกโครโมโซมเก็บไว้ (selection) นำโครโมโซมที่เลือกไว้มาทำการไขว้เปลี่ยน (crossover) และการกลายพันธุ์ (mutation) เพื่อให้ได้โครโมโซมชุดใหม่ นำไปวัดค่าความเหมาะสม หากยังไม่ได้คำตอบให้ทำการวนเข้าสู่กระบวนการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ต่อไปจนกว่าได้คำตอบ ต่อมามีการพัฒนาเทคนิคเพื่อให้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมหาคำตอบได้ดีขึ้น เช่น Lempel-Ziv-Welch Genetic Algorithm (LZWGA)

LZWGA คือขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่มีการย่อขนาดของโครโมโซมด้วยการเข้ารหัสโครโมโซมที่สามารถกลายได้ด้วยอัลกอริทึม Lempel-Ziv-Welch (LZW) (นริศ กุณาสด และคณะ, 2548) และสามารถนำไปแก้ปัญหาด่าง ๆ เช่น ปัญหา OneMax (Kunaso, et al., 2006) ปัญหา Royal Road ลักษณะโครโมโซมของ LZWGA เป็นการบีบอัดโครโมโซมที่มีชุดตัวเลขเป็นเลขฐานสองให้อยู่ในโครโมโซมที่มีชุดตัวเลขเป็นเลขจำนวนเต็มบวก โดยมีตารางดิคชันนารีใช้ในการคลายโครโมโซมกลับไปสู่ชุดตัวเลขฐานสอง การย่อหรือบีบอัดโครโมโซมทำให้สามารถหาคำตอบของปัญหาที่มีขนาดใหญ่ได้ เช่น ปัญหา Onemax ขนาดหนึ่งล้านบิต เป็นต้น

ลักษณะภายในของโครโมโซมที่ถูกบีบอัดด้วยอัลกอริทึม LZW เป็นเลขจำนวนเต็มที่เรียงต่อกันจากน้อยไปมาก โดยค่าของตัวเลขในแต่ละตำแหน่งของโครโมโซมมีค่าได้ตั้งแต่ 0 จนถึงค่าตำแหน่งของโครโมโซมนั้น เช่น ตำแหน่งที่ 1 ของโครโมโซมมีค่าคือ 0 หรือ 1 และตำแหน่งที่ 2 ของโครโมโซมมีค่า 0 ถึง 2 แต่กระบวนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมยังคงคล้ายรูปแบบเดิม เพียงแต่ต้องเพิ่มอัลกอริทึมการคลายโครโมโซมก่อนการวัดหาค่าความเหมาะสม ดังนั้นสิ่งที่เปลี่ยนแปลงไปอย่างเห็นได้ชัดของ LZWGA คือ ลักษณะภายในของโครโมโซมที่เปลี่ยนแปลงไป ทำให้ยากต่อการอธิบายการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม วิธีที่ใช้บ่อยที่สุดในการอธิบายการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม คือการใช้ทฤษฎีเค้าร่างในการศึกษาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ทฤษฎีเค้าร่าง คือทฤษฎีพื้นฐานในการอธิบายการทำงานของ GA แบบเลขฐานสอง เค้าร่างคือแม่แบบของโครโมโซมที่สามารถใช้กำหนดลักษณะภายในของโครโมโซมได้ ลักษณะภายในของเค้าร่างประกอบไปด้วยเลข 0, 1, และ \* สัญลักษณ์ \* สามารถแทนเลข 0 หรือ 1 ได้ ทำให้ลักษณะของโครโมโซมที่มีรูปร่างเข้ากับเค้าร่างมีได้หลากหลาย เช่นเค้าร่าง  $*0*1$  มีโครโมโซมที่เข้ากับเค้าร่างนี้ 4 ตัวคือ 0001, 0011, 1001, 1011 เนื่องจากลักษณะภายในโครโมโซมของ LZWGA เป็นชุดของโครโมโซมเลขจำนวนเต็มบวก ดังนั้นลักษณะภายในของเค้าร่างต้องมีมากกว่าเลข 0 หรือ 1 แต่เป็นเลขจำนวนเต็ม ด้วยเหตุนี้สัญลักษณ์ \* สามารถแทนตัวเลขจำนวนเต็มทำให้โครโมโซมที่เข้าคู่ได้กับเค้าร่างมีจำนวนมากกว่าแบบเลขฐานสองหลายเท่า

การอธิบายการทำงานของ LZWGA ด้วยเค้าร่างแบบ GA ทั่วไปไม่สามารถทำได้ต้องมีการปรับแต่งเค้าร่างใหม่เพื่อให้เค้าร่างสามารถเข้าคู่ได้กับ LZWGA ที่มีโครโมโซมเป็นชุดเลขจำนวนเต็มบวก ในวิทยานิพนธ์นี้ได้ทำการปรับแต่งเค้าร่างเพื่อให้สามารถเข้าคู่ได้กับ LZWGA และอธิบายการทำงานของ LZWGA ผลที่ได้จากการปรับแต่งทำให้เค้าร่างที่ปรับแต่งแล้วสามารถอธิบายการทำงานของ LZWGA ได้

## วัตถุประสงค์

1. เพื่อปรับแต่งเค้าร่างให้สามารถวิเคราะห์ โครโมโซมแบบ LZWGA ได้
2. เพื่อให้เค้าร่างที่ปรับแต่งแล้ว ทำนายลักษณะโครโมโซมในรุ่นถัดไปได้
3. เพื่อให้เค้าร่างที่ปรับแต่งแล้วสามารถหาโครโมโซมที่ดีที่สุดในการแก้ปัญหา Onemax และ RoyalRoad

## ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. สามารถวิเคราะห์ LZWGA ในการแก้ปัญหา OneMax และ Royal Road ได้
2. ใช้เป็นแนวทางในการศึกษาและพัฒนา LZWGA ต่อไป ด้วยการวิเคราะห์ LZWGA ด้วยเค้าร่างที่ปรับแต่ง

## ขอบเขตและข้อจำกัด

พัฒนาทฤษฎีเค้าร่างให้สามารถวิเคราะห์อัลกอริทึม LZWGA โดยใช้ตัวอย่างปัญหา OneMax และ Royal Road ในการวิเคราะห์

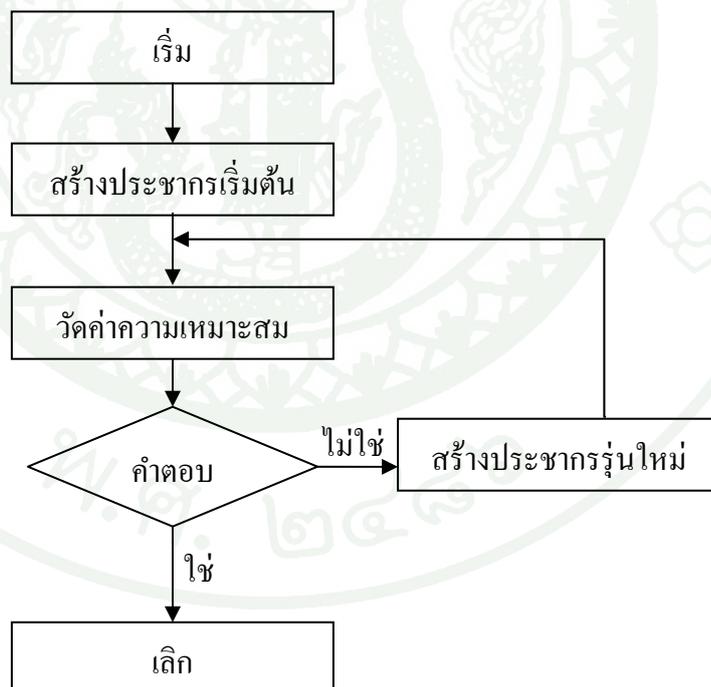
## การตรวจเอกสาร

### ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง

ทฤษฎีที่เกี่ยวข้องประกอบด้วย ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม, การเข้ารหัสแบบ LZW ในขั้นตอนเชิงพันธุกรรม, และทฤษฎีเค้าร่างของ Holland

#### 1. ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm)

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม คือการหาคำตอบของปัญหาโดยใช้วิธีเลียนแบบวิวัฒนาการพันธุกรรม โดยการค้นหาคำตอบได้จากกลุ่มประชากรของคำตอบ มีค่าความเหมาะสมเป็นตัวกำหนดแนวทางของคำตอบ มีขั้นตอนการทำงานดังภาพที่ 1



ภาพที่ 1 ขั้นตอนการทำงานของวิธีเชิงพันธุกรรม

### 1.1 สร้างประชากรเริ่มต้น

การสร้างประชากรเริ่มต้น คือการสุ่มสร้างกลุ่มโครโมโซม (population) โดยในแต่ละบิต ถูกสุ่มด้วยบิต 0 หรือบิต 1

### 1.2 วัดค่าความเหมาะสม (fitness function)

การวัดค่าความเหมาะสม ขึ้นอยู่กับปัญหาที่นำมาใช้ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยค่าความเหมาะสมจะเป็นแนวทางของคำตอบของปัญหาเช่น ปัญหา Onemax คือค่าที่ได้จากการนับจำนวนบิตที่เป็น บิต 1 ในโครโมโซม โดยต้องการหาโครโมโซมที่มีค่าเป็นบิต 1 ทั้งหมด ยังมีบิต 1 ในโครโมโซมมากค่าความสมก็จะเท่ากับจำนวนบิต 1 ที่มีอยู่ในโครโมโซม

### 1.3 สร้างประชากรรุ่นใหม่ (reproduction)

การสร้างประชากรรุ่นใหม่ คือการสร้างประชากรรุ่นถัดไป ที่จะนำมาหาคำตอบในรอบถัดไปของวิธีเชิงพันธุกรรม โดยวิธีการสร้างเริ่มจากเลือก โครโมโซม 2 ตัวจากประชากรรุ่นเดิม คือ สายโครโมโซมพ่อ และ สายโครโมโซมแม่ และนำ โครโมโซมพ่อ และ โครโมโซมแม่ มาทำการไขว้เปลี่ยน และการกลายพันธุ์

### 1.4 การเลือก (selection)

การเลือกคือการสุ่มเลือกโครโมโซมจากประชากรรุ่นเดิม 2 ตัว มาเป็นโครโมโซมพ่อ และโครโมโซมแม่ วิธีการสุ่มเลือกมีได้หลายวิธีเช่น คัดเลือกโครโมโซมพ่อแม่แบบสุ่มวงล้อ (Roulette Wheel Selection) คือ โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมสูง มีโอกาสที่ถูกสุ่มเลือกจากการ Roulette Wheel มากที่สุด โดยค่าความน่าจะเป็นของการถูกเลือกแต่ละโครโมโซม มาจากค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมผันตรงกับจำนวนประชากร

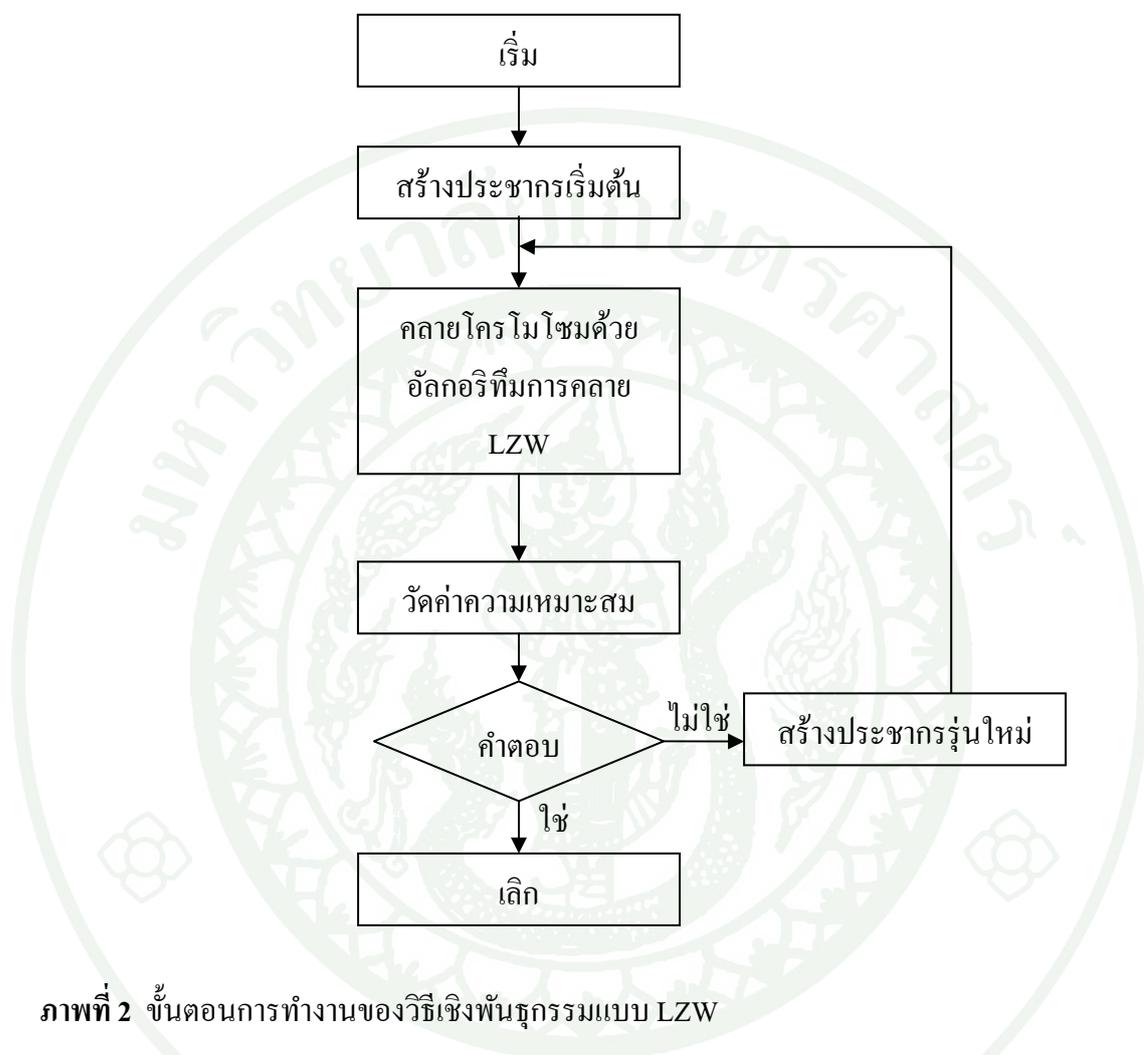
### 1.5 การไขว้เปลี่ยน (crossover)

การไขว้เปลี่ยนคือการผสมกันระหว่างโครโมโซม โดยการตัดส่วนหนึ่งจากโครโมโซมพ่อ มาผสมกับโครโมโซมแม่เพื่อให้ได้โครโมโซมใหม่ วิธีการไขว้เปลี่ยนมีหลายวิธี เช่น วิธีการไขว้เปลี่ยนแบบจุดเดียว, วิธีการไขว้เปลี่ยนแบบสองจุด, และวิธีการไขว้เปลี่ยนแบบยูนิฟอร์ม

### 1.6 การกลายพันธุ์ (mutation)

การกลายพันธุ์ คือ การเปลี่ยนแปลงบิตในโครโมโซมเป็นบิตตรงกันข้าม เช่น จาก 0 เป็น 1 หรือ จาก 1 เป็น 0 โดยตำแหน่งที่เปลี่ยนแปลงบิตได้มาจากการสุ่ม มีอัตราการกลาย เป็นตัวกำหนดความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์

## 2. การเข้ารหัสแบบ LZW ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (LZW Encoding in Genetic Algorithm)



ภาพที่ 2 ขั้นตอนการทำงานของวิธีเชิงพันธุกรรมแบบ LZW

การเข้ารหัสแบบ LZW ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (LZW Encoding in Genetic Algorithm - LZWGA) (นริศ, 2548) เป็นการนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมาประยุกต์ใหม่โดยเพิ่มวิธีการบีบอัดแบบ Lempel-Ziv-Welch (LZW) ที่โครโมโซม ขั้นตอนการทำงานยังคงรูปแบบของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ยกเว้นก่อนทำการวัดค่าความเหมาะสม ต้องมีการคลายโครโมโซมที่เข้ารหัสด้วย Lempel-Ziv-Welch ให้อยู่ในรูปโครโมโซมของ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมก่อน

## 2.1 ประชากร

ประชากรของวิธีเชิงพันธุกรรมจะเป็นกลุ่มโครโมโซมเลขฐานสอง แต่ประชากรของ LZWGA เป็นกลุ่มโครโมโซมของเลขจำนวนเต็ม ที่เกิดจากการเข้ารหัสจากโครโมโซมเลขฐานสอง เดิมเป็นโครโมโซมเลขจำนวนเต็มโดยมีค่าตั้งแต่  $0 - n$  โดย  $n$  คือค่าของโครโมโซมที่ถูกเข้ารหัส แต่ละค่าในโครโมโซมที่ถูกเข้ารหัสมีค่าได้ไม่เกินตำแหน่งในสายโครโมโซม สมการที่ 1 เป็นสมการที่ใช้สร้างประชากรรุ่นแรกของ LZWGA

$$C(a_1 \dots a_n) = \begin{cases} a_1 \in \{0,1\} \\ a_n = x \bmod (i + 1), i \in (2 \dots n) \end{cases} \quad (1)$$

โดย  $a_i$  = ค่าตัวเลข ตำแหน่ง  $i$  ของโครโมโซมที่บีบอัดอยู่

$x$  = ค่าตัวเลขที่ถูกสุ่มขึ้นมา

$C$  = โครโมโซมของประชากรรุ่นแรก

$n$  = ขนาดของโครโมโซม

## 2.2 การวัดค่าความเหมาะสม

การวัดค่าความเหมาะสมในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถทำได้ทันที แต่ใน LZWGA ต้องนำแต่ละโครโมโซมเข้าสู่อัลกอริทึมการคลายโครโมโซม เพื่อนำไปวัดค่าความเหมาะสมต่อไป

### 2.3 การคลายโครโมโซม

การคลายโครโมโซม คือการคลายการบีบอัดโครโมโซมจากเลขจำนวนเต็ม ให้กลับเป็นโครโมโซมเลขฐานสอง มีอัลกอริทึมการคลายโครโมโซมดังแสดงในตารางที่ 1

ตารางที่ 1 อัลกอริทึมการคลายของ LZW

อัลกอริทึม การคลายของ LZW	
1	add entries 0,1 to the dictionary;
2	read $p$ and output one character corresponding to it;
3	while $c$ are still left
4	if $c$ is not in the dictionary
5	enter in dictionary $str(p) + fc(str(p))$ ;
6	output $str(p) + fc(str(p))$ ;
7	else
8	enter in dictionary $str(p)+fc(str(c))$ ;
9	output $str(c)$ ;
10	$p = c$ ;

ที่มา: นริศ (2550)

จากอัลกอริทึมการคลาย ตารางที่ 1 ในขั้นตอนแรก จะมีการสร้างค่าเริ่มต้นเป็น 0 และ 1 ใน dictionary ขั้นตอนที่ 2 จะมีการอ่านค่าเข้ามาเก็บไว้ที่ตัวแปร  $p$  ก่อน หลังจากนั้นจะค้นคืนค่าใน dictionary ที่ตำแหน่ง  $p$  เพื่อส่งค่าออกไปไว้ที่โครโมโซม ดังนั้นค่าที่รับเข้ามาต้องเป็นค่าที่สามารถค้นคืนจาก dictionary เริ่มต้นได้ ซึ่งก็คือ 0 และ 1 เท่านั้น ขั้นตอนที่ 5 - 8 มีการค้นคืนค่าที่ยังในรอบก่อนหน้าโดยจะมีการอ้างถึงตัวแปร  $p$  ซึ่งเก็บค่าที่ยังอ่านเข้ามาในรอบก่อนหน้า ดังนั้นหากค่าของคีย์  $p$  ยังไม่ถูกเพิ่มเข้าไปใน dictionary อัลกอริทึม LZW จะไม่สามารถคลายโครโมโซมออกได้

### 3. ทฤษฎีเค้าร่างสำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมของ Holland

ทฤษฎี คือกลุ่มของอุปกรณ์ที่ใช้ในการวิเคราะห์เพื่อช่วยในการตอบคำถาม ดังนั้นทฤษฎีเอาไว้ทำหน้าที่สองอย่างคือ ทำนาย และอธิบาย

เค้าร่าง หมายถึง รายละเอียดของโครงสร้าง หรือเป็นแม่แบบโครงสร้างของสิ่งที่เราสนใจ

ทฤษฎีเค้าร่างของ Holland (Holland, 1975) เป็นทฤษฎีที่ใช้เพื่ออธิบายการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม สำหรับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบเลขฐานสอง เค้าร่างที่ใช้วิเคราะห์ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม คือ สายของสัญลักษณ์ที่เกิดมาจากอักขระ  $\{0,1,*\}$  ตัวอักขระ \* ใช้แทนเลข 0 หรือ 1 ใดๆอย่างหนึ่ง

คำนิยามเค้าร่างของ Holland

- โครโมโซมเลขฐานสองที่มีความยาวโครโมโซม  $l$  บิต

$$v \in \{0,1\}^l \quad (2)$$

โดย  $v$  คือ ค่าในโครโมโซม

$l$  คือ ความยาวโครโมโซม

- เค้าร่างถูกแทนด้วยสายของอักขระต้นแบบรวมถึงสัญลักษณ์ wildcard (\*)

$$s \in \{0,1,*\}^l \quad (3)$$

โดย  $s$  คือ อักขระในเค้าร่าง

$l$  คือ ความยาวของเค้าร่าง

- เค้าร่างจะหมายถึง กลุ่มอักขระย่อยของกลุ่มอักขระ  $v^l$  ที่ทุกโครโมโซมมีค่าในโครโมโซมที่กำหนดตรงกัน

$$v \in s \text{ iff } \forall i \in \{0 \dots l\}, v_i = s_i \vee s_i = * \quad (4)$$

โดย  $v$  คือ ค่าในโครโมโซม

$s$  คือ อักขระในเค้าร่าง

- $l$  คือ ความยาวโครโมโซม  
 $i$  คือ ตำแหน่งในโครโมโซม หรือเคำร่าง

ตัวอย่าง ถ้ากำหนดเคำร่าง  $H = 01 * 1 *$  ลักษณะของโครโมโซมที่เป็นไปได้ทั้งหมดคือ

01010

01011

01110

01111

ในทฤษฎีเคำร่างของ Holland มีค่าที่เกี่ยวข้องกับเคำร่างคือ order (แทนด้วยสัญลักษณ์  $o$ ) หมายถึง จำนวนของอักขระโครโมโซมที่ไม่ใช่  $*$  ในเคำร่าง ตัวอย่างเช่น

$$o(** * 0 ** *) = 1$$

ยิ่ง order มีค่ามาก (high order) หมายถึงจำนวนที่ไม่ใช่  $*$  ในเคำร่างมีน้อย ทำให้โอกาสในการกลายพันธุ์ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมีค่ามาก ส่งผลให้โอกาสที่จะพบเคำร่างในรุ่นถัดไปมีค่าน้อย ในทางกลับกัน หากค่า order มีค่าน้อย (low order) หมายถึง จำนวน  $*$  ในเคำร่างมีจำนวนมาก ทำให้โอกาสที่จะกลายพันธุ์ของเคำร่างมีน้อย โอกาสที่จะพบเคำร่างนี้ในรุ่นถัดไปก็จะยังมีค่าสูงขึ้นไป เช่น

เคำร่าง  $H = 01 * 1 *$  หากมีการกลายพันธุ์ในตำแหน่งที่เป็น  $*$  เคำร่างก็จะไม่เปลี่ยนแปลงลักษณะภายใน แต่หากมีการกลายพันธุ์ในตำแหน่งที่ 1 ที่มีค่า 0 ก็จะกลายเป็น 1 เคำร่าง  $H$  ก็จะเปลี่ยนไปเป็น  $H = 11 * 1 *$  ทำให้เคำร่างเดิมไม่ถูกพบในรุ่นถัดไป

$\delta$  (แทนด้วยสัญลักษณ์  $\delta$ ) คือระยะระหว่างบิตตัวแรกและตัวสุดท้ายที่ไม่ใช่บิต  $*$  ในเคำร่างตัวอย่างเช่น

$$\delta(** * 0 ** *) = 4 - 4 = 0$$

$$\delta(* 0 ** * 1 *) = 6 - 2 = 4$$

หากค่า length มีค่ามาก (longer length) ยังมีโอกาสมากที่เค้าร่างจะถูกเปลี่ยนแปลงโดยกระบวนการไขว้เปลี่ยนของวิธีเชิงพันธุกรรม ทำให้มีโอกาสไม่พบเค้าร่างนี้ในรุ่นถัดไป ในทางกลับกันหากเค้าร่างมีค่า length น้อย (short length) มีโอกาสน้อยที่เค้าร่างจะถูกเปลี่ยนแปลงโดยกระบวนการไขว้เปลี่ยน และมีโอกาสมากที่จะพบเค้าร่างนี้ในรุ่นถัดไป เช่น

เค้าร่าง  $H_1 = 101***$  และ  $H_2 = 1*0*1*$  หากทำการไขว้เปลี่ยนที่ตำแหน่งที่ 4 คือ  $101|***$  และ  $1*0|***$  ไขว้เปลี่ยนเป็น  $101***$  และ  $1*0***$  จะเห็นได้ว่าหลังการไขว้เปลี่ยนเค้าร่างยังคงเดิม แต่หากไขว้เปลี่ยนตำแหน่งที่ 3 จะได้เค้าร่างใหม่คือ  $100***$  และ  $1*1***$  เค้าร่างเดิมหายไป คือไม่ถูกพบในรุ่นถัดไป

ทฤษฎีเค้าร่างของ Holland ใช้วิเคราะห์ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม สองส่วนคือ ส่วนทำนายและอธิบาย

ทำนาย เช่น เค้าร่างที่มี short length, low order, ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยสูง มีโอกาสสูงที่จะเป็นเค้าร่างในประชากรรุ่นถัดไป

อธิบาย เช่น เค้าร่างที่มีลักษณะ short length, low order, และสามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ ลักษณะของเค้าร่างแบบนี้ถูกเรียกว่า Building Block Hypothesis (BBH)

การหาความน่าจะเป็นของเค้าร่างในแต่ละรุ่น และค่าความคาดหวังของเค้าร่างที่จะเจอในประชากรรุ่นถัดไป โดยค่าความน่าจะเป็นในแต่ละรุ่นหาได้จากสมการที่ 5

$$P(h \in H) = \frac{m(H,t)f(H,t)}{Mf(t)} \quad (5)$$

โดย

$P(h \in H)$	คือค่าความน่าจะเป็นของเค้าร่าง
$m(H, t)$	คือจำนวนของโครโมโซมที่เข้ากับเค้าร่าง $H$ ในรุ่น $t$
$f(H, t)$	คือค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของกลุ่มโครโมโซมที่เข้ากับเค้าร่าง $H$
$M$	คือจำนวนโครโมโซมในประชากร

$f(t)$  คือค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของกลุ่มประชากรในรุ่น  $t$

ดังนั้นค่าความคาดหวังที่เค้าร่าง  $H$  จะมีโอกาสพบในรุ่นถัดไปหาได้จากสมการที่ 3

$$E[m(H, t + 1)] = M \times P(h \in H) = \frac{m(H,t)f(H,t)}{f(t)} \quad (6)$$

ในส่วนของค่าความน่าจะเป็นและค่าความคาดหวังของเค้าร่างยังต้องคำนึงถึงการทำงานของ GA ประกอบด้วยมีการไขว้เปลี่ยน หรือ การกลายพันธุ์ ยกตัวอย่างเช่น ใช้การไขว้เปลี่ยนจุดเดียวและกลายพันธุ์จุดเดียว เมื่อคำนึงถึงการไขว้เปลี่ยน ค่าความน่าจะเป็นที่เค้าร่างจะมีโอกาสพบในรุ่นถัดไปคือ

$$P(H_{\text{survives}}) = 1 - \frac{\delta(H)}{l-1} \times \left[1 - \frac{m(H,t)}{M}\right] \quad (7)$$

โดย

$m(H, t)$  คือจำนวนโครโมโซมที่เข้ากับเค้าร่าง  
 $M$  คือจำนวนโครโมโซมทั้งหมด  
 $\delta(H)$  คือระยะระหว่างตำแหน่งโครโมโซมตัวแรกและตัวสุดท้ายที่ไม่ใช่อักขระ \* ในเค้าร่าง  
 $l$  คือความยาวโครโมโซม

ส่วนการกลายพันธุ์ในลำดับของเค้าร่างอักขระ \* ในเค้าร่างจะไม่มีการกลายพันธุ์ ดังนั้นเมื่อคิดความน่าจะเป็นของเค้าร่างส่วนของการกลายพันธุ์จะได้ดังสมการ 8

$$P(H_{\text{survives}}) = (1 - p_m)^{o(H)} \quad (8)$$

โดย

$o(H)$  คือ จำนวนของอักขระโครโมโซมที่ไม่ใช่ \* ในเค้าร่าง  
 $p_m$  คือ ค่าอัตราการกลายพันธุ์ที่กำหนดใน GA

ดังนั้นเมื่อคิดถึงความน่าจะเป็นทั้งหมดที่ทำให้มีโอกาสพบเค้าร่างในรุ่นถัดไปคือ

$$E[m(H, t + 1)] \geq \frac{m(H,t)f(H,t)}{f(t)} \{ 1 - p_c \frac{\delta(H)}{1-l} p_{diff}(H, t) - o(H) \} p_m \quad (9)$$

ตัวอย่างการนับเค้าร่างของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เช่น ประชากรเริ่มต้น 5 ตัว ของโครโมโซมขนาด 6 บิต ในปัญหา OneMax

1 0 0 1 1 1      ค่าความเหมาะสมเท่ากับ 4

1 1 0 1 0 1      ค่าความเหมาะสมเท่ากับ 4

1 0 1 1 1 1      ค่าความเหมาะสมเท่ากับ 5

0 1 0 0 0 1      ค่าความเหมาะสมเท่ากับ 2

0 0 1 1 1 0      ค่าความเหมาะสมเท่ากับ 3

เค้าร่าง  $H = 1 * * * * 1$  มีโครโมโซมที่เข้าคู่ได้กับเค้าร่างนี้ 3 ตัวคือ

1 0 0 1 1 1      ค่าความเหมาะสมเท่ากับ 4

1 1 0 1 0 1      ค่าความเหมาะสมเท่ากับ 4

1 0 1 1 1 1      ค่าความเหมาะสมเท่ากับ 5

ค่าความเหมาะสมของเค้าร่าง  $H$  มีค่าเท่ากับค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของโครโมโซมที่เข้าคู่ได้กับเค้าร่าง  $H$  มีค่าเท่ากับ  $(4 + 4 + 5)/3 = 4.33$

## งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

ในงานวิจัยนี้เป็นการตรวจสอบการทำงานของ LZWGA โดยใช้ทฤษฎีเค้าร่างมาช่วยในการอธิบายการทำงานของ LZWGA ดังนั้นกระบวนการที่ต้องสนใจในงานวิจัยคืองานวิจัยที่เกี่ยวกับ LZWGA และทฤษฎีเค้าร่าง

### ขั้นตอนเชิงวิธีพันธุกรรมแบบบีบอัด (Compressed Genetic Algorithm)

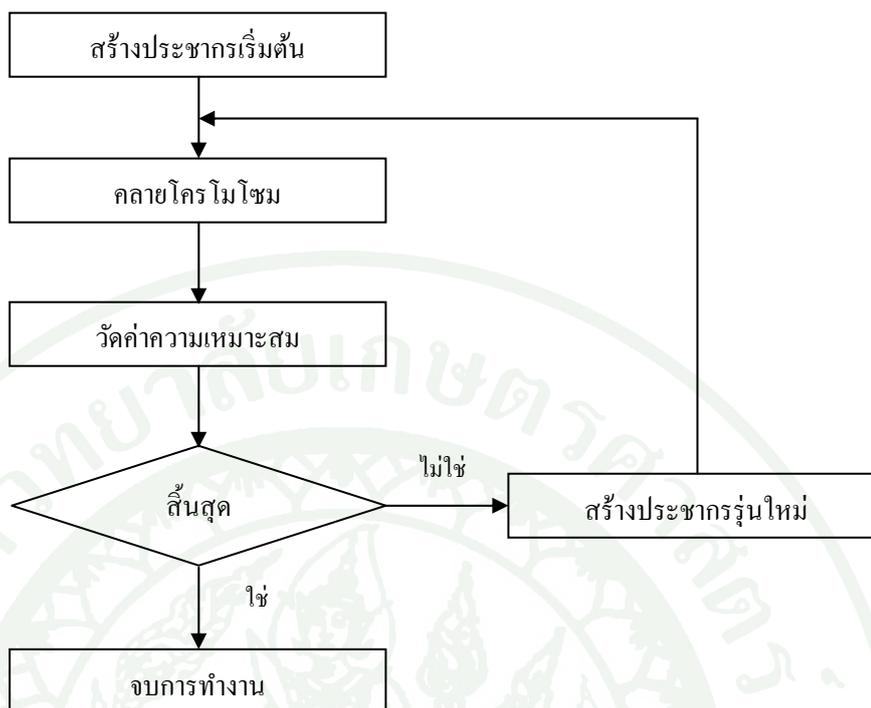
งานวิจัย LZWGA ได้พัฒนามาจากงานวิจัยวิธีเชิงพันธุกรรมแบบบีบอัด (Compressed Genetic Algorithm - CGA) (วรเศรษฐ สุวรรณิก และคณะ, 2548) CGA เป็นอัลกอริทึมพัฒนาวิธีการมาจาก GA อัลกอริทึม CGA เป็นอัลกอริทึมที่ใช้ในการเข้ารหัสโครโมโซม GA ให้เป็นโครโมโซมที่ถูกบีบอัด และอัลกอริทึม CGA ต้องสามารถคลายโครโมโซมที่ถูกบีบอัดไว้ด้วยดังภาพที่ 3 ดังนั้นเมื่อนำ CGA และ GA มาแก้ปัญหาเดียวกัน โครโมโซมใน CGA ใช้จำนวนบิตน้อยกว่าโครโมโซมใน GA

การบีบอัดของ CGA ทำโดยสังเกตการซ้ำกันของช่วงข้อมูลโครโมโซม เรียกได้ว่า CGA เกิดจากการต่อเรียงกันของชุดข้อมูลที่ซ้ำกัน รูปแบบของชุดข้อมูลที่ซ้ำประกอบด้วย 3 ส่วน

1. ความยาวของช่วงที่ซ้ำ 4 บิต
2. จำนวนช่วงที่ซ้ำ 4 บิต
3. ช่วงที่ซ้ำ

โครโมโซม CGA คือ 0111 0011 1000000 สามารถคลายได้เป็น 100000010000001000000 นั่นคือโครโมโซม มีความยาวของช่วงที่ซ้ำ 7 บิต ช่วงที่ซ้ำ 3 บิต และชุดตัวเลขที่ซ้ำคือ 1000000

การวัดค่าความเหมาะสมต้องคลายโครโมโซมของ CGA ให้เป็นโครโมโซม GA ก่อนแล้วทำการวัดค่าความเหมาะสม ในการทดลองได้ใช้ปัญหา OneMax เปรียบเทียบประสิทธิภาพระหว่าง CGA และ GA ด้วยโครโมโซมขนาด 128 ผลการทดลองที่ได้คือ CGA สามารถแก้ปัญหาได้โดยใช้จำนวนรุ่นน้อยกว่า GA เมื่อนำจำนวนรุ่นที่ GA และ CGA ใช้แก้ปัญหามาหาค่าเฉลี่ย พบว่า CGA ใช้จำนวนรุ่นในการหาค่าตอบน้อยกว่าของ GA ถึง 805 เท่า



ภาพที่ 3 กระบวนการทำงานของ CGA

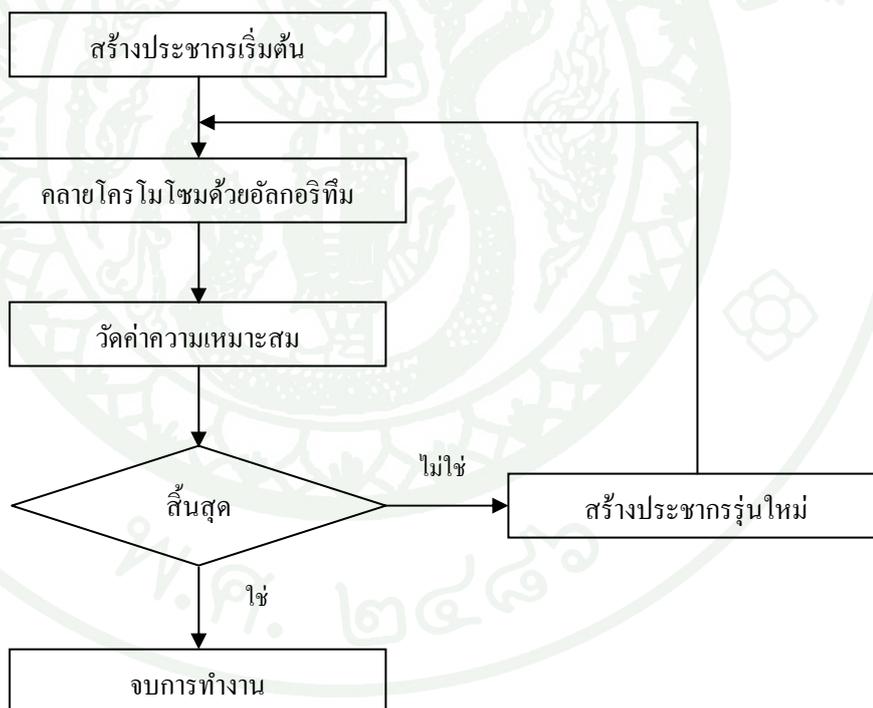
### การเข้ารหัสแบบ LZW ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

LZWGA (นริศ กุณาศล และคณะ, 2548) ปรับปรุงพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยใช้การลดขนาดของปริภูมิการค้นหาด้วยการเข้ารหัสโครโมโซมในรูปแบบที่สามารถคลายได้ด้วยอัลกอริทึม LZW สิ่ง LZWGA ต่างจาก GA ทั่วไปคือรูปร่างของโครโมโซม โครโมโซมของ GA ประกอบด้วย 0 และ 1 แต่ โครโมโซมของ LZWGA เป็นเลขจำนวนเต็มบวกตั้งแต่ 0 จนถึง  $n$  การสร้างประชากรรุ่นแรกต้องสร้างด้วยเงื่อนไขของรูปแบบ LZW เพื่อให้สามารถคลายได้ด้วยอัลกอริทึม LZW

การกลายโครโมโซม LZW ต้องนำโครโมโซมไปผ่านอัลกอริทึมการคลาย LZW ให้เป็นโครโมโซมเลขฐานสอง เพื่อให้สามารถวัดค่าความเหมาะสมได้

วิธีการทดลองของงานวิจัยฉบับนี้เริ่มจากการนำ LZWGA มาใช้เพื่อแก้ปัญหา Onemax ทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำงานของ LZWGA, วิธีเชิงพันธุกรรมแบบบิวด (CGA) และ

ต่อมาได้มีการนำ LZWGA ไปแก้ปัญหาจำนวนบิตขนาดใหญ่ ได้แก่งานวิจัย Solving One-Million-Bit Problems using LZWGA (Kunasol, et al., 2006) ด้วยเหตุที่ว่าตัวโปรแกรม GA ธรรมดาใช้เวลานานมากในการแก้ปัญหาโครโมโซมขนาดใหญ่ โดยงานวิจัยนี้ (Kunasol, et al., 2006) กล่าวถึงโครโมโซมขนาด 1 ล้านบิต จึงได้นำ LZWGA มาใช้ในการแก้ปัญหาแทน เพราะโครโมโซมใน LZWGA อยู่ในรูปแบบบีบอัด และสามารถคลายด้วยอัลกอริทึม LZW ด้วยเหตุที่ถูกบีบอัดอยู่ทำให้ขนาดของโครโมโซมมีขนาดเล็ก และใช้เวลาน้อยในการแก้ไขปัญหาได้ ปัญหาที่ใช้ทดสอบ LZWGA มี ปัญหา OneMax และ Royal Road และผลลัพธ์ที่ได้จากงานวิจัยนี้ แสดงให้เห็นว่า LZWGA สามารถแก้ปัญหาที่ใช้จำนวนบิตขนาดใหญ่ได้



ภาพที่ 4 กระบวนการทำงานของ LZWGA

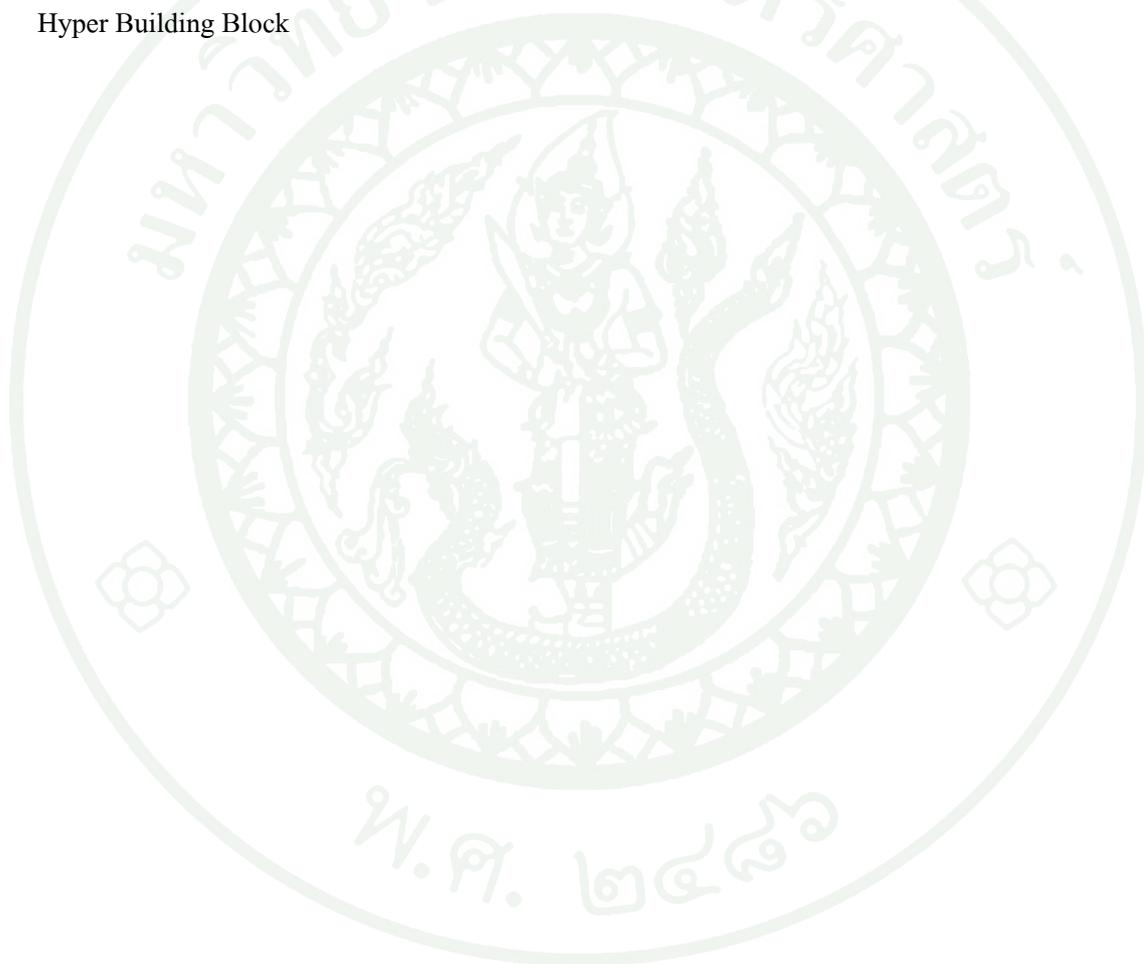
### ทฤษฎีเค้าร่างของ Holland

นอกจากนี้งานวิจัยที่แสดงการใช้ทฤษฎีเค้าร่างวิเคราะห์ GA กับปัญหา Royal Road (Goldberg, 1989,2002) งานวิจัยนี้ใช้หลักทฤษฎีเค้าร่างของ Holland (Holland, 1975) โดยมีการทำงานสองส่วน ส่วนแรกวิเคราะห์เค้าร่างของ GA เพื่อใช้อธิบายพฤติกรรมของ GA ส่วนที่สองคือนำ เค้าร่างที่ได้ไปวิเคราะห์การแก้ปัญหา Royal Road ผลการทำงานแสดงให้เห็นว่าประสิทธิภาพการทำงานของ GA ลดต่ำลงในการแก้ปัญหา Royal Road สาเหตุเกิดมาจากการสะดุด (hitchhiking) และตัวเค้าร่างแสดงให้เห็นว่ามีบางจุด ที่มีความน่าจะเป็นที่เค้าร่างมีโอกาสที่จะพบในรุ่นถัดไป โดยเฉพาะตัวที่มีค่าความเหมาะสมสูง มีโอกาสที่ถูกเลือกให้เข้าไปทำกระบวนการ selection

งานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับทฤษฎีเค้าร่างที่น่าสนใจอีกฉบับคือ A Schema Theorem for Genetic Programming with One-point Crossover and Point Mutation (Riccardo, 1998) งานวิจัยนี้ได้เสนอรูปแบบใหม่ของการทำการไขว้เปลี่ยน โดยใช้จุดไขว้เปลี่ยนจุดเดียวกันทั้งโครโมโซมพ่อ และโครโมโซมแม่ วิธีนี้ถูกเรียกว่า strict one-point crossover มีจุดเด่นที่ใช้ประโยชน์ได้มากมายในการทดสอบในอนาคต การทดลองแสดงผลออกมาอย่างชัดเจนว่าระหว่างการใช้เปลี่ยนธรรมดา กับการใช้เปลี่ยนรูปแบบใหม่ การใช้เปลี่ยนแบบใหม่มีคุณสมบัติที่น่าสนใจหลายจุดด้วยกัน ยกตัวอย่างเช่น ตามหลักการไขว้เปลี่ยนเราสามารถอธิบายได้ด้วยเค้าร่าง ผลกระทบของการไขว้เปลี่ยนบนเค้าร่างอธิบายได้ตามหลักการทางคณิตศาสตร์ หรือจากการทดลองแสดงให้เห็นว่าการไขว้เปลี่ยนแบบใหม่สามารถตัดปัญหา การขยายขนาดของโครโมโซม (bloating problem) ได้โดยตรงและยังทำให้การรวมกลุ่มประชากรเป็นไปตามรูปแบบ GA ด้วย และในอนาคตงานวิจัยนี้สามารถที่ใช้นัยผลลัพธ์ในการแก้ปัญหาอื่น ๆ ต่อไป

งานวิจัยที่ทำการพัฒนาทฤษฎีเค้าร่าง A Schema Theorem for Context-Free Grammars (Whigham, 1995) แก้ไขสำหรับระบบการเรียนรู้ไวยากรณ์ context-free grammar หรือโครโมโซมที่ไม่สามารถระบุขนาดได้ ถูกใช้ในการกำหนดโครโมโซมที่เข้ากับค่าความเหมาะสม โดย derivation trees กับ โครโมโซมเหล่านี้ถูกใช้เพื่อกำหนดเค้าร่าง ลักษณะของเค้าร่างอาจมีผลกระทบจากการไขว้เปลี่ยนและการกลายพันธุ์บนเค้าร่าง เค้าร่างได้ถูกพัฒนาเพื่ออธิบายว่าเพราะอะไรโครโมโซมได้ขยายขนาดออกไประหว่างการพัฒนา ผลลัพธ์ที่ได้จากการพัฒนาเค้าร่างบางกรณีสามารถทำให้เข้าใจการทำงานของ GA ที่มีขนาดโครโมโซมไม่แน่นอนได้

งานวิจัยที่ได้ขยายผลของสมการค่าความคาดหวังของเค้าร่าง หัวข้อบทความว่า New Results in the Schema Theory for GP with One-Point Crossover which Account for Schema Creation, Survival and Disruption (Riccardo, 1999) โดยในงานวิจัยนี้ได้เสนอมุมมองใหม่ของทฤษฎีเค้าร่าง โดยสังเกตที่การใช้การไขว้เปลี่ยนจุดเดียวเป็นตัวกำหนดทิศทางของค่าขอบเขตล่างในการถูกเลือกในรุ่นถัดไป โดยงานวิจัยนี้แสดงให้เห็นว่า Building Block Hypothesis ไม่จำเป็นที่โครโมโซมทั้งหมดจะต้อง short, low-order, และค่าความเหมาะสมสูงถึงจะเป็นโครโมโซมที่ดี แต่สามารถทำให้โครโมโซมเป็นโครโมโซมที่ดีได้ด้วยการ ไขว้เปลี่ยน เรียกโครโมโซมแบบนี้ว่า Hyper Building Block



## อุปกรณ์และวิธีการ

### สมมุติฐาน

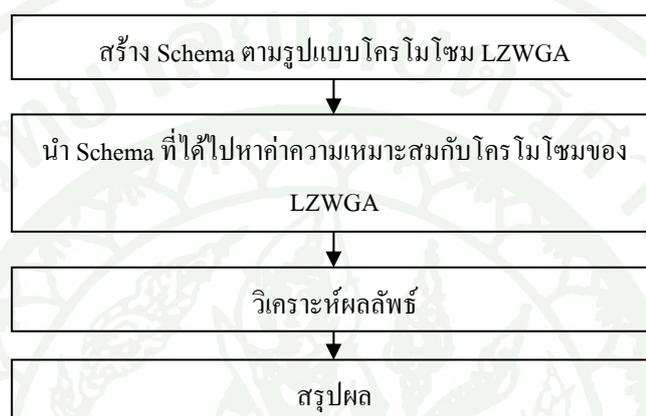
- พฤติกรรมการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่เข้ารหัสด้วย LZW ทำงานได้ถูกต้องตามการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเดิมของ Holland
- คำร่างในแต่ละรุ่นที่มีค่าความเหมาะสมเฉลี่ยสูง และมากกว่าค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของประชากรในรุ่นมีโอกาสที่พบคำร่างนี้ในรุ่นถัดไป หรือคำร่างนี้เป็นคำตอบของปัญหา ส่วนคำร่างที่มีค่าความเหมาะสมเฉลี่ยต่ำมีโอกาสสูงที่ไม่ถูกพบในรุ่นถัดไป
- Building Block Hypothesis เป็นลักษณะของคำร่างที่ดีในการเป็นต้นแบบของโครโมโซมในการแก้ปัญหาต่าง ๆ

### อุปกรณ์

1. ฮาร์ดแวร์
  - 1.1. Intel Core Duo 2.00 GHz
  - 1.2. Ram 2 GB
  - 1.3. Harddisk 200 GB
2. ซอฟต์แวร์
  - 2.1. Java Development Toolkit: JDK1.5
  - 2.2. NetBeans IDE 5.0
3. ระบบปฏิบัติการ
  - 3.1. Microsoft Windows XP

## วิธีการ

ขั้นตอนและกระบวนการที่แสดงในภาพที่ 5 ขั้นแรกคือ สร้างสมมุติฐาน จากนั้นสร้างเค้าร่าง และนำเค้าร่างที่ได้ไปตรวจสอบกับ ประชากรใน LZWGA วิเคราะห์ผลที่ได้จากการตรวจสอบตามสมมุติฐาน



ภาพที่ 5 ภาพรวมวิธีการวิจัย

ขั้นตอนการสร้าง ทฤษฎีเค้าร่าง สร้างเค้าร่างทุกรูปแบบที่เป็นไปได้ตามขนาดของโครโมโซม ของ LZWGA โดยใช้เทคนิคการสร้าง permutation แบบ duplication (SanDro Magi, 2008) โดยรูปแบบทั้งหมดของเค้าร่างมีจำนวนโตเป็นแฟกทอเรียล ของขนาดโครโมโซม

$$A = \frac{(K+2)!}{2} \quad (10)$$

โดย

$A$  คือ จำนวนรูปแบบของเค้าร่าง

$K$  คือ ขนาดของโครโมโซม LZWGA

โดยตัวเลขในแต่ละช่องของโครโมโซม มีขนาดไม่เกินตำแหน่งของช่องนั้น โดยนับรวม 0 และ \* ดังเงื่อนไขที่ 11

$$G \in \{0,1,\dots,n,*\} \text{ โดยที่ } 0 \leq G \leq i \leq n \text{ และ } 0 \leq * \leq i \quad (11)$$

โดย

$G$  คือ อักขระในโครโมโซมในที่นี้  $G$  จะเป็นเลขจำนวนเต็ม

$n$  คือ ขนาดความยาวของโครโมโซม

$i$  คือ เลขตำแหน่งในโครโมโซม

เช่น โครโมโซม LZWGA มีขนาดความยาวโครโมโซม 4 เค້าร่างที่ได้คือ

ชุดอักขระโครโมโซม LZWGA	0-1,*	0-2,*	0-3,*	0-4,*
ตำแหน่ง	1	2	3	4

หมายความว่าในตำแหน่งแรกของโครโมโซม สามารถเป็นได้ทั้งเลข 0, 1, และ \* ตำแหน่งที่สองสามารถเป็นเลขได้ตั้งแต่ 0 จนถึง 2 และ \* ตำแหน่งถัดไปก็จะเป็นได้  $\frac{(4+2)!}{2} = 360$  ตั้งแต่เลข 0 จนถึงเลขค่าของตำแหน่งนั้น กับสัญลักษณ์ \* รูปร่างของเคัาร่างที่เป็นไปได้ทั้งหมดมีค่าแบบ ตั้งแต่ 0000 จนถึง \* \* \* \*

## ตารางที่ 2 อัลกอริทึมการสร้างเคำร่าง

### อัลกอริทึม การสร้างเคำร่าง

```

1    $carry \leftarrow 0$ 
2    $K \leftarrow \text{size of array}$ 
3    $slots[K] \leftarrow 0$ 
4   Do
5     OUTPUT( $slots$ )
6      $i \leftarrow 0$ 
7      $carry \leftarrow 1$ 
8     Do
9        $b \leftarrow slots[i] + carry$ 
10       $carry \leftarrow b \text{ div } (i+3)$ 
11       $slots[i] \leftarrow b \text{ mod } (i+3)$ 
12       $++i$ 
13    While ( $i < K$ )
14  While ( $carry \leftarrow 0$ )

```

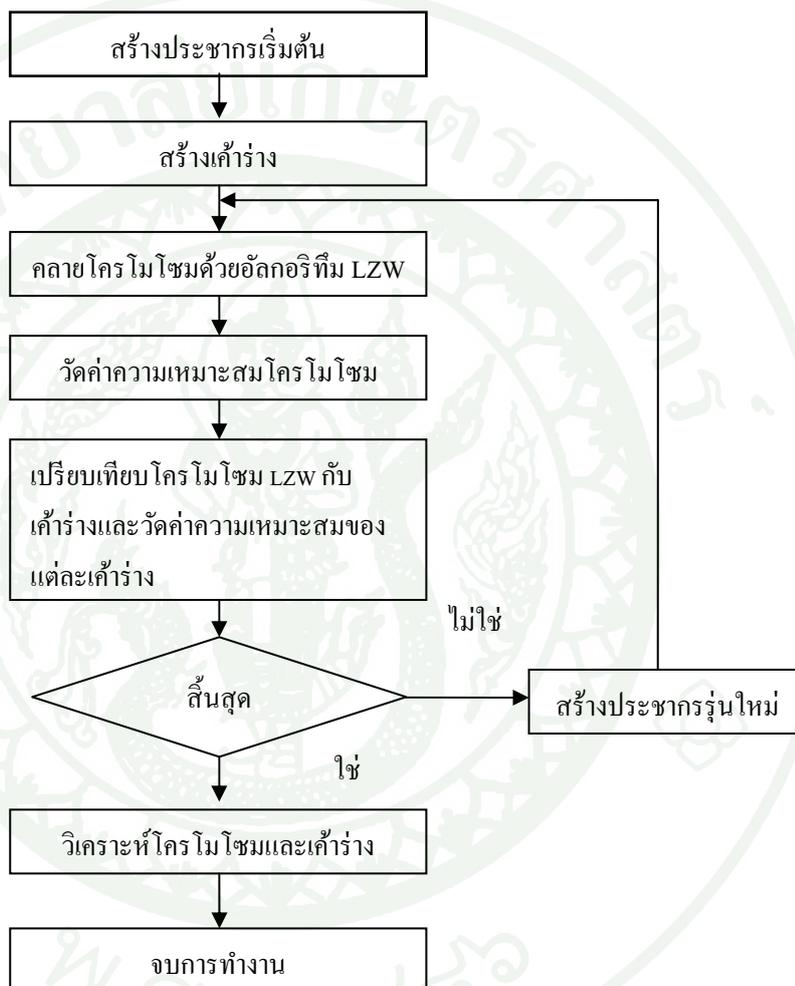
**หมายเหตุ**  $carry$  ตัวแสดงจุดจบของเคำร่าง

$K$  คือขนาดโครโมโซม

$slots$  คืออาร์เรย์โครโมโซม

จากตารางที่ 2 อัลกอริทึมนี้ดัดแปลงมาจากการสร้าง Permutations with Duplicates (Magi, 2008) โดยขั้นแรกกำหนดค่าเริ่มต้นของ  $carry$ ,  $K$  และ  $slots$  ให้เป็น 0 เมื่อเข้าไปในลูปแรกทำการแสดงเคำร่าง โดยในรอบแรกค่าใน  $slots$  ทั้งหมดเป็น 0 ทุกช่องของอาร์เรย์และเมื่อเข้าไปสู่ลูปที่สองค่าของ  $slots$  แต่ละช่องเกิดจากการเพิ่มค่า  $slots$  แต่ละช่องด้วยการบวกกับ  $carry$  และนำไปหารกับตำแหน่งของอาร์เรย์ของช่อง  $slots$  นั้น ที่บวกด้วย 3 ทำให้ได้เคำร่างตัวใหม่ออกมาจนกระทั่งค่า  $carry$  มีค่าเท่ากับ 0

ขั้นตอนการนำเค้าร่างที่ได้ไปตรวจสอบกับ LZWGA โดยตรวจสอบว่าในประชากรแต่ละรุ่นมีตัวใดตรงกับเค้าร่าง หาค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของประชากรรุ่นนั้น และค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของโครโมโซมที่ตรงกับรูปแบบของเค้าร่าง ตามภาพที่ 6



ภาพที่ 6 ขั้นตอนการเปรียบเทียบเค้าร่างในการทำงานของ LZWGA

ขั้นตอนวิเคราะห์ข้อมูล และสรุปผลการทดลอง โดยนำผลการทดลองที่ได้มาวิเคราะห์และตรวจสอบกับสมมุติฐานวิเคราะห์ที่ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของเค้าร่างในแต่ละรุ่น โดยดูเค้าร่างที่มีค่าความเหมาะสมเฉลี่ยสูง ว่าพบเค้าร่างนี้ในรุ่นถัดไปหรือไม่ รวมดูเค้าร่างที่มีความเหมาะสมต่ำว่ายังพบเค้าร่างนี้ในรุ่นถัดไปหรือไม่ รวมถึงการตรวจสอบค่าความคาดหวัง สมการค่าความคาดหวังเดิมของ Holland ใช้กับเค้าร่างที่เป็นเลขฐานสอง ดังนั้น โครโมโซมแบบ LZW เป็น



## ผลและวิจารณ์

### ผล

การทดลองได้ทำการทดลองกับโครโมโซมจำนวน 50 ตัว และแต่ละโครโมโซมมีความยาว 8 ตำแหน่งแก้ปัญหา Onemax ทำการทดลองซ้ำ 5 ครั้ง โดยในแต่ละครั้งจะตรวจสอบการทำงานของขั้นตอนเชิงพันธุกรรมตั้งแต่การเลือก, การไขว้เปลี่ยน และการกลายพันธุ์ โดยสิ่งที่จะตรวจสอบคือ ความน่าจะเป็นในการถูกเลือก ค่าความคาดหวัง และทำการนับจำนวนที่พบจริงเพื่อตรวจสอบว่าเป็นไปตามผลของความน่าจะเป็นแต่ละค่าหรือไม่

ในตารางที่ 3-6 จะแสดงตัวอย่างครั้งที่ 1 ในจำนวนทั้งหมด 5 ครั้ง เพื่อแสดงผลของแต่ละส่วนใน LZWGA ตั้งแต่การเลือก, การไขว้เปลี่ยน, และการกลายพันธุ์ ในตารางที่ 3 แสดงผลการทำนายค่าความคาดหวัง (expected count) จากการเลือกโดยใช้ roulette wheel ผลที่ได้จะเป็นค่าทำนายถึงขอบเขตล่างที่จะถูกเลือก ส่วนตารางที่ 4 และ 5 จะแสดงผลของการไขว้เปลี่ยนและการกลายพันธุ์ ตามลำดับ ผลที่ได้จากการทำการไขว้เปลี่ยนและการกลายพันธุ์ แล้วจะได้ประชากรรุ่นถัดไปในดังแสดงในตารางที่ 6 ในส่วนของเค้าร่างจะแสดงในตารางที่ 7 ซึ่งแสดงผลจากการคำนวณค่าความคาดหวังของเค้าร่าง 2 ตัว

ตารางที่ 3 ผลที่เกิดจากการ Roulette Wheel Selection และผลการทำนาย

ลำดับที่	โครโมโซมเริ่มต้น	ค่าความน่าจะเป็นของ			จำนวนที่พบจริงจากการเลือก
		ค่าความเหมาะสม $(f_i)$	การถูกเลือก $P(\text{select})$ $\frac{f_i}{\sum f}$	ค่าคาดหวัง $\frac{f_i}{f}$	
0	1,2,0,4,2,0,2,2	9	0.02	1.15	2
1	0,0,2,1,3,0,1,2	2	0.01	0.26	0
2	0,1,1,1,5,2,4,7	10	0.03	1.28	0
3	1,1,3,0,3,2,7,3	13	0.03	1.66	1
4	0,0,2,3,0,0,4,6	0	0.00	0.00	0
5	0,0,2,0,1,3,2,8	1	0.00	0.13	0

ตารางที่ 3 (ต่อ)

ลำดับที่	โครโมโซมเริ่มต้น	ค่าความน่าจะเป็นของ			จำนวนที่พบจริงจากการเลือก
		ค่าความเหมาะสม ( $f_i$ )	การถูกเลือก $P(\text{select}_i)$ $\frac{f_i}{\sum f}$	ค่าคาดหวัง $\frac{f_i}{f}$	
6	0,1,2,4,1,0,5,4	7	0.02	0.90	0
7	1,1,1,0,3,1,6,7	11	0.03	1.41	1
8	0,1,3,1,3,6,3,6	14	0.04	1.79	1
9	1,1,0,2,1,4,4,8	8	0.02	1.02	0
10	1,0,3,1,2,2,3,2	5	0.01	0.64	1
11	1,1,3,1,5,0,6,2	11	0.03	1.41	3
12	1,1,3,0,1,2,5,6	10	0.03	1.28	1
13	0,0,1,1,4,1,0,3	6	0.02	0.77	0
14	1,0,2,0,1,1,6,2	7	0.02	0.90	1
15	0,2,3,4,4,2,2,3	0	0.00	0.00	0
16	1,1,3,4,5,4,7,0	18	0.05	2.30	5
17	1,1,1,2,2,3,1,7	13	0.03	1.66	1
18	0,0,3,2,2,4,7,0	0	0.00	0.00	0
19	0,0,1,1,5,6,3,5	10	0.03	1.28	1
20	0,1,3,1,5,4,5,6	14	0.04	1.79	0
21	0,1,2,3,5,6,0,1	9	0.02	1.15	1
22	1,2,3,3,1,1,7,2	15	0.04	1.92	2
23	1,0,2,1,1,1,5,3	8	0.02	1.02	2
24	0,2,2,1,5,5,3,7	7	0.02	0.90	1
25	0,1,3,1,3,5,7,0	11	0.03	1.41	1
26	1,1,2,3,2,2,3,6	15	0.04	1.92	2
27	1,1,2,0,4,5,2,6	11	0.03	1.41	3
28	1,1,0,0,2,3,4,8	5	0.01	0.64	1
29	0,0,2,4,1,0,3,7	1	0.00	0.13	0
30	0,0,2,2,3,2,7,5	0	0.00	0.00	0
31	1,0,3,2,5,6,0,3	7	0.02	0.90	1
32	0,2,1,3,3,2,2,7	3	0.01	0.38	0

ตารางที่ 3 (ต่อ)

ลำดับที่	โครโมโซมเริ่มต้น	ค่าความน่าจะเป็นของ การถูกเลือก			จำนวนที่ พบจริงจาก การเลือก
		ค่าความ เหมาะสม ( $f_i$ )	$P(\text{select}_i)$ $\frac{f_i}{\sum f}$	ค่าคาดหวัง $\frac{f_i}{f}$	
33	1,2,3,3,0,3,2,8	17	0.04	2.17	2
34	1,2,1,2,2,1,4,8	14	0.04	1.79	2
35	0,1,3,4,1,0,6,2	9	0.02	1.15	0
36	0,2,1,3,5,3,5,8	6	0.02	0.77	3
37	1,2,2,4,3,0,6,6	17	0.04	2.17	2
38	1,2,0,0,4,0,7,2	5	0.01	0.64	1
39	1,2,1,1,2,0,3,6	12	0.03	1.53	3
40	1,2,2,0,4,0,5,4	10	0.03	1.28	0
41	1,1,2,1,1,0,4,1	10	0.03	1.28	3
42	0,0,0,0,0,1,0,1	2	0.01	0.26	0
43	0,0,2,1,2,3,5,5	3	0.01	0.38	0
44	0,0,3,0,2,4,0,5	0	0.00	0.00	0
45	0,0,0,1,4,0,1,8	5	0.01	0.64	0
46	0,1,0,3,3,3,5,7	8	0.02	1.02	1
47	0,0,2,3,3,5,7,7	0	0.00	0.00	0
48	0,2,2,4,3,6,6,8	0	0.00	0.00	0
49	1,2,2,1,1,3,0,2	12	0.03	1.53	1
รวม		391	1.00	50.00	50.00
ค่าเฉลี่ย		7.82	0.02	1.00	1.00
ค่าสูงสุด		18	0.05	2.30	5.00

จากตารางที่ 3 แสดงผลจากการเลือกโดยใช้ Roulette Wheel Selection เหตุผลที่เลือก Roulette Wheel Selection เพราะ Roulette Wheel Selection จะใช้ค่าความเหมาะสมเป็นตัวกำหนดทิศทางในการเลือก คือยิ่งค่าความเหมาะสมของโครโมโซมสูง ยิ่งมีโอกาสที่จะถูกเลือกสูง โดยแสดงออกมาในรูปแบบค่าความน่าจะเป็น หาได้จากฟังก์ชัน  $P(\text{select}_i)$  ฟังก์ชันนี้เป็นอัตราส่วนระหว่างค่าความเหมาะสมของโครโมโซม กับค่าความเหมาะสมรวมของโครโมโซมทั้งหมดในรุ่น

ตารางที่ 4 โครโมโซมที่ถูกเลือกตรงกับผลการทำนายด้วยค่าคาดหวัง

โครโมโซมเริ่มต้น	ค่าความ เหมาะสม( $f$ )	ค่าคาดหวัง $\frac{f_i}{f}$	จำนวนที่พบจริงจาก การเลือก
1,2,0,4,2,0,2,2	9	1.15	2
1,1,3,1,5,0,6,2	11	1.41	3
1,1,3,4,5,4,7,0	18	2.30	5
1,2,3,3,1,1,7,2	15	1.92	2
1,0,2,1,1,1,5,3	8	1.02	2
1,1,2,3,2,2,3,6	15	1.92	2
1,1,2,0,4,5,2,6	11	1.41	3
1,2,3,3,0,3,2,8	17	2.17	2
1,2,1,2,2,1,4,8	14	1.79	2
0,2,1,3,5,3,5,8	6	0.77	3
1,2,2,4,3,0,6,6	17	2.17	2
1,2,1,1,2,0,3,6	12	1.53	3
1,1,2,1,1,0,4,1	10	1.28	3

ตารางที่ 4 แสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกในรุ่นถัดไป เทียบจากตารางที่ 3 ที่ตรงกับผลการทำนายด้วยค่าคาดหวัง ซึ่งแสดงให้เห็นว่าโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมสูงมีโอกาสถูกเลือกสูงในรุ่นถัดไป โดยค่าความหวังจะแสดงผลทำนายถึงขอบเขตล่างว่าจะพบโครโมโซมแบบนี้กี่ตัวในรุ่นถัดไป

ตารางที่ 5 ผลที่เกิดจากการไขว้เปลี่ยนใน LZWGA

โครโมโซม จาก การเลือก ตัวที่ 1 (ตารางที่ 3)	โครโมโซมจาก การเลือก ตัวที่ 2 (ตารางที่ 3)	ตำแหน่งที่ไขว้เปลี่ยน ในโครโมโซม	แสดงตำแหน่งที่ ไขว้เปลี่ยน โครโมโซมจาก การเลือกตัวที่ 1	แสดงตำแหน่งที่ ไขว้เปลี่ยน โครโมโซมจาก การเลือกตัวที่ 2	โครโมโซมใหม่หลัง การไขว้เปลี่ยนตัวที่ 1	โครโมโซมใหม่หลัง การไขว้เปลี่ยนตัวที่ 2
16	41	1	1 1,3,4,5,4,7,0	1 1,2,1,1,0,4,1	1,1,2,1,1,0,4,1	1,1,3,4,5,4,7,0
27	10	6	1,1,2,0,4,5 2,6	1,0,3,1,2,2 3,2	1,1,2,0,4,5,3,2	1,0,3,1,2,2,2,6
16	31	1	1 1,3,4,5,4,7,0	1 0,3,2,5,6,0,3	1,0,3,2,5,6,0,3	1,1,3,4,5,4,7,0
19	24	7	0,0,1,1,5,6,3 5	0,2,2,1,5,5,3 7	0,0,1,1,5,6,3,7	0,2,2,1,5,5,3,5
23	8	3	1,0,2 1,1,1,5,3	0,1,3 1,3,6,3,6	1,0,2,1,3,6,3,6	0,1,3,1,1,1,5,3
23	26	5	1,0,2,1,1 1,5,3	1,1,2,3,2 2,3,6	1,0,2,1,1,2,3,6	1,1,2,3,2,1,5,3
39	16	7	1,2,1,1,2,0,3 6	1,1,3,4,5,4,7 0	1,2,1,1,2,0,3,0	1,1,3,4,5,4,7,6
41	38	3	1,1,2 1,1,0,4,1	1,2,0 0,4,0,7,2	1,1,2,0,4,0,7,2	1,2,0,1,1,0,4,1
17	0	5	1,1,1,2,2 3,1,7	1,2,0,4,2 0,2,2	1,1,1,2,2,0,2,2	1,2,0,4,2,3,1,7
46	34	2	0,1 0,3,3,3,5,7	1,2 1,2,2,1,4,8	0,1,1,2,2,1,4,8	1,2,0,3,3,3,5,7
25	34	1	0 1,3,1,3,5,7,0	1 2,1,2,2,1,4,8	0,2,1,2,2,1,4,8	1,1,3,1,3,5,7,0
11	28	5	1,1,3,1,5 0,6,2	1,1,0,0,2 3,4,8	1,1,3,1,5,3,4,8	1,1,0,0,2,0,6,2
3	36	7	1,1,3,0,3,2,7 3	0,2,1,3,5,3,5 8	1,1,3,0,3,2,7,8	0,2,1,3,5,3,5,3
7	12	2	1,1 1,0,3,1,6,7	1,1 3,0,1,2,5,6	1,1,3,0,1,2,5,6	1,1,1,0,3,1,6,7

ตารางที่ 5 (ต่อ)

โครโมโซม จาก การเลือก ตัวที่ 1 (ตารางที่ 3)	โครโมโซมจาก การเลือก ตัวที่ 2 (ตารางที่ 3)	ตำแหน่งที่ไขว้เปลี่ยน ในโครโมโซม	แสดงตำแหน่งที่ ไขว้เปลี่ยน โครโมโซมจาก การเลือกตัวที่ 1	แสดงตำแหน่งที่ ไขว้เปลี่ยน โครโมโซมจาก การเลือกตัวที่ 2	โครโมโซมใหม่หลัง การไขว้เปลี่ยนตัวที่ 1	โครโมโซมใหม่หลัง การไขว้เปลี่ยนตัวที่ 2
33	39	7	1,2,3,3,0,3,2 8	1,2,1,1,2,0,3 6	1,2,3,3,0,3,2,6	1,2,1,1,2,0,3,8
33	14	6	1,2,3,3,0,3 2,8	1,0,2,0,1,1 6,2	1,2,3,3,0,3,6,2	1,0,2,0,1,1,2,8
0	26	6	1,2,0,4,2,0 2,2	1,1,2,3,2,2 3,6	1,2,0,4,2,0,3,6	1,1,2,3,2,2,2,2
16	37	3	1,1,3 4,5,4,7,0	1,2,2 4,3,0,6,6	1,1,3,4,3,0,6,6	1,2,2,4,5,4,7,0
27	37	7	1,1,2,0,4,5,2 6	1,2,2,4,3,0,6 6	1,1,2,0,4,5,2,6	1,2,2,4,3,0,6,6
27	22	7	1,1,2,0,4,5,2 6	1,2,3,3,1,1,7 2	1,1,2,0,4,5,2,2	1,2,3,3,1,1,7,6
16	36	5	1,1,3,4,5 4,7,0	0,2,1,3,5 3,5,8	1,1,3,4,5,3,5,8	0,2,1,3,5,4,7,0
49	41	4	1,2,2,1 1,3,0,2	1,1,2,1 1,0,4,1	1,2,2,1,1,0,4,1	1,1,2,1,1,3,0,2
21	39	6	0,1,2,3,5,6 0,1	1,2,1,1,2,0 3,6	0,1,2,3,5,6,3,6	1,2,1,1,2,0,0,1
11	36	3	1,1,3 1,5,0,6,2	0,2,1 3,5,3,5,8	1,1,3,3,5,3,5,8	0,2,1,1,5,0,6,2
22	11	2	1,2 3,3,1,1,7,2	1,1 3,1,5,0,6,2	1,2,3,1,5,0,6,2	1,1,3,3,1,1,7,2

จากตารางที่ 5 คอลัมน์ที่ 1 และคอลัมน์ที่ 2 คือตัวเลขลำดับจากตารางที่ 3 นำผลที่ได้จากการเลือกของตารางที่ 3 มาทำการไขว้เปลี่ยนตำแหน่งที่ไขว้เปลี่ยนจะแทนด้วยสัญลักษณ์ “|” หลังจากไขว้เปลี่ยนจะได้โครโมโซมใหม่ 2 ตัวในคอลัมน์ โครโมโซมใหม่หลังการไขว้เปลี่ยนตัวที่ 1 และโครโมโซมใหม่หลังการไขว้เปลี่ยนตัวที่ 2 การไขว้เปลี่ยนทำให้เกิดโครโมโซมใหม่ 2 ตัว โดยที่ตัวเลขภายในโครโมโซมที่เปลี่ยนไปอาจเป็นโครโมโซมใหม่ที่ไม่ได้อยู่ในโครโมโซมก่อนการไขว้เปลี่ยน หรือ อาจเป็นโครโมโซมที่มีอยู่ในโครโมโซมก่อนการไขว้เปลี่ยน แสดงให้เห็นว่าโครโมโซมก่อนการไขว้เปลี่ยนมีโอกาสถูกพบในรุ่นถัดไปหรือไม่ขึ้นอยู่กับผลที่ได้หลักจากการไขว้เปลี่ยนด้วย และมีผลกระทบโดยตรงกับผลการเลือกจริงในรุ่นถัดไป

ตารางที่ 6 ผลที่เกิดจากการกลายพันธุ์ใน LZWGA โครโมโซมตัวที่ 1

โครโมโซมหลัง การไขว้เปลี่ยนตัว ที่ 1	ตำแหน่งที่กลายพันธุ์ ในโครโมโซมตัวที่ 1	ค่าที่กลายพันธุ์ใน โครโมโซมตัวที่ 1	โครโมโซมใหม่ตัวที่ 1 หลัง กลายพันธุ์
1,1,2,1,1,0,4,1	0	0	0,1,2,1,1,0,4,1
1,1,2,0,4,5,3,2	5	2	1,1,2,0,4,2,3,2
1,0,3,2,5,6,0,3	6	3	1,0,3,2,5,6,3,3
0,0,1,1,5,6,3,7	2	2	0,0,2,1,5,6,3,7
1,0,2,1,3,6,3,6	1	2	1,2,2,1,3,6,3,6
1,0,2,1,1,2,3,6	0	0	0,0,2,1,1,2,3,6
1,2,1,1,2,0,3,0	3	3	1,2,1,3,2,0,3,0
1,1,2,0,4,0,7,2	0	1	1,1,2,0,4,0,7,2
1,1,1,2,2,0,2,2	2	2	1,1,2,2,2,0,2,2
0,1,1,2,2,1,4,8	0	0	0,1,1,2,2,1,4,8
0,2,1,2,2,1,4,8	4	1	0,2,1,2,1,1,4,8
1,1,3,1,5,3,4,8	1	1	1,1,3,1,5,3,4,8
1,1,3,0,3,2,7,8	5	6	1,1,3,0,3,6,7,8
1,1,3,0,1,2,5,6	2	3	1,1,3,0,1,2,5,6
1,2,3,3,0,3,2,6	7	5	1,2,3,3,0,3,2,5
1,2,3,3,0,3,6,2	5	3	1,2,3,3,0,3,6,2
1,2,0,4,2,0,3,6	0	0	0,2,0,4,2,0,3,6
1,1,3,4,3,0,6,6	2	0	1,1,0,4,3,0,6,6
1,1,2,0,4,5,2,6	5	2	1,1,2,0,4,2,2,6
1,1,2,0,4,5,2,2	4	1	1,1,2,0,1,5,2,2
1,1,3,4,5,3,5,8	0	0	0,1,3,4,5,3,5,8
1,2,2,1,1,0,4,1	4	4	1,2,2,1,4,0,4,1
0,1,2,3,5,6,3,6	2	3	0,1,3,3,5,6,3,6
1,1,3,3,5,3,5,8	6	1	1,1,3,3,5,3,1,8
1,2,3,1,5,0,6,2	6	7	1,2,3,1,5,0,7,2

ตารางที่ 7 ผลที่เกิดจากการกลายพันธุ์ใน LZWGA โครโมโซมตัวที่ 2

โครโมโซมหลัง การไขว้เปลี่ยน ตัวที่ 2	ตำแหน่งที่กลายพันธุ์ ในโครโมโซมตัวที่ 2	ค่าที่กลายพันธุ์ใน โครโมโซมตัวที่ 2	โครโมโซมใหม่ตัวที่ 2 หลังกลายพันธุ์
1,1,3,4,5,4,7,0	2	1	1,1,1,4,5,4,7,0
1,0,3,1,2,2,2,6	6	1	1,0,3,1,2,2,1,6
1,1,3,4,5,4,7,0	5	0	1,1,3,4,5,0,7,0
0,2,2,1,5,5,3,5	4	0	0,2,2,1,0,5,3,5
0,1,3,1,1,1,5,3	0	1	1,1,3,1,1,1,5,3
1,1,2,3,2,1,5,3	3	1	1,1,2,1,2,1,5,3
1,1,3,4,5,4,7,6	6	0	1,1,3,4,5,4,0,6
1,2,0,1,1,0,4,1	2	3	1,2,3,1,1,0,4,1
1,2,0,4,2,3,1,7	5	1	1,2,0,4,2,1,1,7
1,2,0,3,3,3,5,7	3	2	1,2,0,2,3,3,5,7
1,1,3,1,3,5,7,0	2	3	1,1,3,1,3,5,7,0
1,1,0,0,2,0,6,2	5	0	1,1,0,0,2,0,6,2
0,2,1,3,5,3,5,3	2	0	0,2,0,3,5,3,5,3
1,1,1,0,3,1,6,7	6	7	1,1,1,0,3,1,7,7
1,2,1,1,2,0,3,8	0	1	1,2,1,1,2,0,3,8
1,0,2,0,1,1,2,8	0	1	1,0,2,0,1,1,2,8
1,1,2,3,2,2,2,2	7	3	1,1,2,3,2,2,2,3
1,2,2,4,5,4,7,0	7	7	1,2,2,4,5,4,7,7
1,2,2,4,3,0,6,6	4	0	1,2,2,4,0,0,6,6
1,2,3,3,1,1,7,6	2	1	1,2,1,3,1,1,7,6
0,2,1,3,5,4,7,0	0	0	0,2,1,3,5,4,7,0
1,1,2,1,1,3,0,2	0	0	0,1,2,1,1,3,0,2
1,2,1,1,2,0,0,1	4	5	1,2,1,1,5,0,0,1
0,2,1,1,5,0,6,2	2	3	0,2,3,1,5,0,6,2
1,1,3,3,1,1,7,2	4	1	1,1,3,3,1,1,7,2

จากตารางที่ 6 และตารางที่ 7 เป็นการนำลูกตัวที่ 1 และลูกตัวที่ 2 จากตารางที่ 5 มาทำการ  
 กลายพันธุ์ ตำแหน่งที่จะกลายพันธุ์ เกิดจากการสุ่ม และค่าที่ได้จากการกลายพันธุ์ เกิดจากการสุ่ม  
 เช่นกัน โดยตำแหน่งที่กลายพันธุ์ในโครโมโซมลูกนับตำแหน่งเริ่มจาก 0 โดยตารางนี้แสดงถึงการ  
 เปลี่ยนแปลงค่าบางส่วนในโครโมโซม ผลจากการเปลี่ยนแปลงค่าในโครโมโซมทำให้โครโมโซม  
 เปลี่ยนไป เมื่อโครโมโซมเปลี่ยนจะส่งผลกระทบต่อกับการถูกพบในรุ่นถัดไปด้วย เพราะถ้า  
 โครโมโซมเปลี่ยนจนไม่เหลือรูปแบบเดิมก่อนการไขว้เปลี่ยนเลย ถือว่าเป็นโครโมโซมใหม่ หาก  
 โครโมโซมใหม่มีค่าความเหมาะสมสูง ก็มีโอกาสดูถูกเลือกสูง และส่งผลกับ จำนวนที่พบจริงจาก  
 การเลือก ในรุ่นถัดไป เพราะจะไม่ตรงกับโครโมโซมเดิมเลย ก็จะไม่มีการนับโครโมโซมนี้ใน  
 จำนวนที่พบจริงจากการเลือกในรุ่นถัดไป

ตารางที่ 8 ผลของประชากร LZWGA หลังจากทำ Operator ทั้งหมดแล้วใน LZWGA

ประชากรรุ่นใหม่	ค่าความน่าจะเป็น ของการถูกเลือก			จำนวนที่พบ จริงในการทำ Selection
	ค่าความ เหมาะสม	$P(\text{select}_i)$	ค่าคาดหวัง	
	$f_i$	$\frac{f_i}{\sum f}$	$\frac{f_i}{f}$	
0,1,2,1,1,0,4,1	7	0.01	0.64	0
1,1,1,4,5,4,7,0	13	0.02	1.19	2
1,1,2,0,4,2,3,2	12	0.02	1.10	0
1,0,3,1,2,2,1,6	7	0.01	0.64	0
1,0,3,2,5,6,3,3	7	0.01	0.64	0
1,1,3,4,5,0,7,0	11	0.02	1.01	0
0,0,2,1,5,6,3,7	9	0.02	0.83	1
0,2,2,1,0,5,3,5	3	0.01	0.28	1
1,2,2,1,3,6,3,6	20	0.04	1.84	1
1,1,3,1,1,1,5,3	11	0.02	1.01	3
0,0,2,1,1,2,3,6	3	0.01	0.28	0
1,1,2,1,2,1,5,3	12	0.02	1.10	0
1,2,1,3,2,0,3,0	12	0.02	1.10	0
1,1,3,4,5,4,0,6	19	0.03	1.75	4
1,1,2,0,4,0,7,2	8	0.01	0.74	1
1,2,3,1,1,0,4,1	13	0.02	1.19	2
1,1,2,2,2,0,2,2	12	0.02	1.10	0
1,2,0,4,2,1,1,7	9	0.02	0.83	2
0,1,1,2,2,1,4,8	8	0.01	0.74	2
1,2,0,2,3,3,5,7	15	0.03	1.38	3
0,2,1,2,1,1,4,8	6	0.01	0.55	2
1,1,3,1,3,5,7,0	12	0.02	1.10	0
1,1,3,1,5,3,4,8	16	0.03	1.47	2
1,1,0,0,2,0,6,2	8	0.01	0.74	2
1,1,3,0,3,6,7,8	18	0.03	1.65	3
0,2,0,3,5,3,5,3	0	0.00	0.00	0
1,1,3,0,1,2,5,6	10	0.02	0.92	1

ตารางที่ 8 (ต่อ)

ประชากรรุ่นใหม่	ค่าความน่าจะเป็น ของการถูกเลือก			จำนวนที่พบ จริงในการทำ Selection
	ค่าความ เหมาะสม	$P(\text{select}_i)$	ค่าคาดหวัง	
	$f_i$	$\frac{f_i}{\sum f}$	$\frac{f_i}{\bar{f}}$	
1,1,1,0,3,1,7,7	10	0.02	0.92	0
1,2,3,3,0,3,2,5	17	0.03	1.56	0
1,2,1,1,2,0,3,8	14	0.03	1.29	1
1,2,3,3,0,3,6,2	15	0.03	1.38	2
1,0,2,0,1,1,2,8	7	0.01	0.64	1
0,2,0,4,2,0,3,6	0	0.00	0.00	0
1,1,2,3,2,2,2,3	14	0.03	1.29	1
1,1,0,4,3,0,6,6	5	0.01	0.46	3
1,2,2,4,5,4,7,7	23	0.04	2.11	3
1,1,2,0,4,2,2,6	13	0.02	1.19	0
1,2,2,4,0,0,6,6	8	0.01	0.74	0
1,1,2,0,1,5,2,2	10	0.02	0.92	0
1,2,1,3,1,1,7,6	13	0.02	1.19	1
0,1,3,4,5,3,5,8	21	0.04	1.93	2
0,2,1,3,5,4,7,0	6	0.01	0.55	1
1,2,2,1,4,0,4,1	13	0.02	1.19	0
0,1,2,1,1,3,0,2	6	0.01	0.55	0
0,1,3,3,5,6,3,6	18	0.03	1.65	1
1,2,1,1,5,0,0,1	8	0.01	0.74	0
1,1,3,3,5,3,1,8	14	0.03	1.29	1
0,2,3,1,5,0,6,2	5	0.01	0.46	0
1,2,3,1,5,0,7,2	11	0.02	1.01	1
1,1,3,3,1,1,7,2	12	0.02	1.10	0
<b>รวม</b>	544	1.00	50.00	50.00
<b>ค่าเฉลี่ย</b>	10.88	0.02	1.00	1.00
<b>ค่าสูงสุด</b>	23	0.04	2.11	4.00

ตารางที่ 8 แสดงผลลัพธ์ที่ได้ใกล้เคียงกับตารางที่ 3 เพียงแต่เป็นประชากรรุ่นถัดไป หลังจากผ่านกระบวนการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแล้ว โดยจะเห็นได้ว่าค่าความเหมาะสมโดยเฉลี่ยจะเพิ่มขึ้นจากรางที่ 3



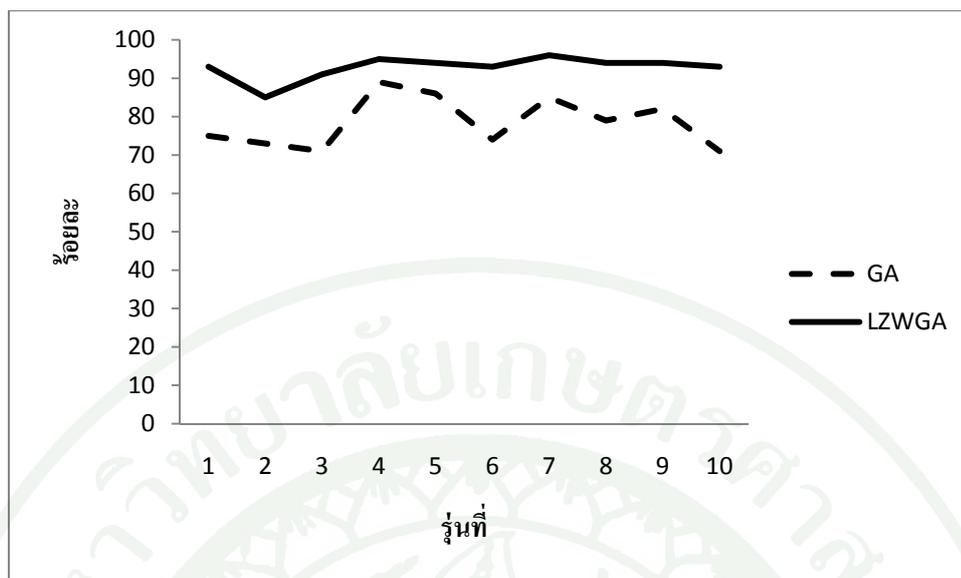
ตารางที่ 9 ผลตัวอย่างการนับเค้าร่าง และค่าคาดหวังของเค้าร่างใน LZWGA

ลำดับ	เค้าร่าง	ก่อนเปลี่ยนแปลงโครโมโซม		หลังเปลี่ยนแปลงโครโมโซม		
		ลำดับที่จากตารางที่ 3 ของสายโครโมโซม ที่เข้าคู่ได้กับเค้าร่าง	จำนวน	ค่าความเหมาะสมเฉลี่ย ของเค้าร่าง $f(H)$	ค่าคาดหวังของเค้าร่าง $\frac{m(H,t)f(H,t)}{f(t)}$	จำนวนที่พบจริง
$H_1$	1,*,*,*,*,*,*,*	1,2,4,5,6,8,13,15,18,19,20,21,24,25, 29,30,32,35,36,42,43,44,45,46,47,48	24	10.96	33.63	37
$H_2$	0,*,*,*,*,*,*,*	0,3,7,9,10,11,12,14,16,17,22,23,26, 27,28,31,33,34,37,38,39,40,41,49	26	4.92	16.37	13

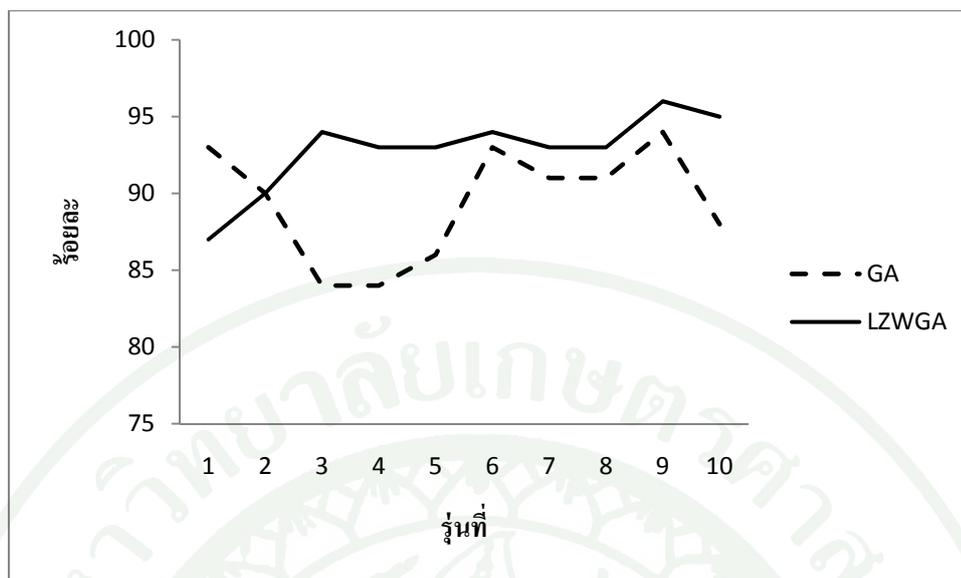
ตารางที่ 9 เป็นการแสดงผลจากการนำโครโมโซมไปเข้ากับเค้าร่าง นับจำนวนที่เข้าคู่ได้ หาค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของเค้าร่าง  $H_1$  และ  $H_2$  จากนั้นคำนวณหาค่าความคาดหวังที่มีโอกาสพบเค้าร่างนี้ในรุ่นถัดไป และนับจำนวนจริงที่พบในรุ่นถัดไป โดยในตารางที่ 9 จะแสดงให้เห็นว่า เค้าร่างที่มีค่าความเหมาะสมเฉลี่ยสูงมีโอกาที่จะพบเค้าร่างนี้ในรุ่นถัดไปสูงด้วย

การปรับแต่งเค้าร่างจากโครโมโซมแบบ LZW ทำให้สามารถนำโครโมโซมแบบ LZW ไปเข้ากับเค้าร่าง และนับจำนวนโครโมโซมในที่เข้ากับแต่ละเค้าร่าง เทียบกับค่าที่ได้จากสมการค่าความคาดหวังดังแสดงในภาพที่ 7 และภาพที่ 8

ภาพที่ 7 และภาพที่ 8 แสดงค่าความคาดหวังในแต่ละรุ่นกับปัญหา Onemax และ Royal Road ตามลำดับ โดยใช้ GA ที่มีโครโมโซมความยาว 8 บิต และ LZWGA ที่มีความยาว 8 หน่วย และมีจำนวนประชากร 1,000 ตัว ในการแก้ปัญหา จากนั้นตรวจสอบประชากรในแต่ละรุ่นว่าเข้ากับ เค้าร่างตัวไหน หาค่าความคาดหวังของแต่ละเค้าร่างจากสมการค่าความคาดหวัง แล้วนำมาตรวจดูกับรุ่นถัดไปว่า ได้ค่าตรงกับค่าคาดหวังหรือไม่ แล้วนำมาคิดเป็นร้อยละจากจำนวนของเค้าร่างทั้งหมดที่มีการพบในรุ่นถัดไป โดยในภาพที่ 7 ส่วนของ GA จะได้ค่าความถูกต้องของค่าคาดหวังอยู่ในช่วง 77.91 % ส่วน LZWGA จะได้ค่าอยู่ในช่วง 92.14 % และในภาพที่ 8 GA จะได้ค่าความถูกต้องของค่าคาดหวังอยู่ในช่วง 91.79 % และ LZWGA 92.86 % แสดงให้เห็นว่าสมการค่าความคาดหวังเดิมยังสามารถใช้ได้กับ LZWGA เหมือนกับ GA



ภาพที่ 7 การตรวจสอบค่าคาดหวัง เทียบกับจำนวนที่พบจริงในแต่ละรุ่นของการแก้ปัญหา Onemax ด้วย GA ขนาดโครโมโซม 8 บิต และ LZWGA ความยาวโครโมโซม 8 หน่วย โดย GA ทั้ง 2 แบบมีจำนวนประชากร 1,000 ตัว



**ภาพที่ 8** การตรวจสอบค่าคาดหวัง เทียบกับจำนวนที่พบจริงในแต่ละรอบของการแก้ปัญหา RoyalRoad ด้วย GA ขนาดโครโมโซม 8 บิต และ LZWGA ความยาวโครโมโซม 8 หน่วย โดย GA ทั้ง 2 แบบมีจำนวนประชากร 1,000 ตัว

## วิจารณ์

### 1. วิจารณ์ผลการทดลองเกี่ยวกับขนาดของโครโมโซม

ผลการทดลองที่ได้เกิดจากการทดลองที่ใช้โครโมโซมขนาด 8 หน่วย ของ LZWGA ถ้าโครโมโซมมีขนาดใหญ่ต้องใช้เวลาในการทดลองนาน เพราะต้องสร้างเค้าร่างทุกรูปแบบที่เป็นไปได้ เพื่อมาเข้ากับโครโมโซม ยิ่งขนาดของโครโมโซมใหญ่มาก จำนวนเค้าร่างที่ได้ก็มีจำนวนเป็นแฟกทอเรียลของขนาดโครโมโซม ผลการทดลองที่ได้จะแสดงเฉพาะผลการทดลองที่เกิดจากขนาดโครโมโซมขนาดเล็ก อาจได้ข้อมูลมากขึ้นหากสามารถทดลองกับขนาดของโครโมโซมที่ใหญ่ขึ้น

### 2. วิจารณ์ผลการทดลองเกี่ยวกับค่าความคาดหวัง

สมการค่าความคาดหวังเดิมของ Holland สามารถใช้ได้กับเค้าร่างที่ปรับแต่งให้เข้าคู่ได้กับ LZWGA เพราะค่าความคาดหวังขึ้นอยู่กับค่าความเหมาะสม ก่อนที่จะได้ค่าความเหมาะสมโครโมโซมแบบ LZWGA ต้องคลายโครโมโซมให้อยู่ในรูปโครโมโซมแบบเลขฐานสอง ดังนั้นรูปแบบของโครโมโซมที่ถูกบีบอัดไม่ส่งผลกระทบต่อสมการค่าความคาดหวังของ Holland

### 3. วิจารณ์การทดลองเกี่ยวกับ Building Block Hypothesis (BBH)

BBH คือลักษณะของเค้าร่างที่ดีที่สุดในการแก้ไขปัญหาดัง ๆ การสร้าง BBH ให้เหมาะสมกับปัญหาที่แก้ไขด้วย LZWGA นั้นทำได้ยากในปัญหา OneMax และ RoyalRoad เมื่อเปรียบเทียบการแก้ไขปัญหาดัง ๆ ด้วย GA เดิมของ Holland ที่สามารถหา BBH ของปัญหาทั้งคู่ได้ ตัวอย่าง ลักษณะ BBH ของ OneMax ใน GA ของ Holland ดังตารางที่ 10 และตัวอย่าง BBH ของ RoyalRoad ดังตารางที่ 11

ตารางที่ 10 ตัวอย่าง Building Block Hypothesis ของปัญหา OneMax

เค้าร่าง	ลักษณะเค้าร่าง	ค่าความเหมาะสม
$h_1$	1 * * * * *	1
$h_2$	* 1 * * * * *	1
$h_3$	** 1 * * * * *	1
$h_4$	*** 1 * * * * *	1
$h_5$	**** 1 * * * * *	1
$h_6$	***** 1 * * * * *	1
$h_7$	***** 1 * * * * *	1
$h_8$	***** 1 * * * * *	1
$h_9$	***** 1 * * * * *	1
$h_{10}$	***** 1 * * * * *	1
$h_{11}$	***** 1 * * * * *	1
$h_{12}$	***** 1 * * * * *	1
$h_{13}$	***** 1 * * * * *	1
$h_{14}$	***** 1 * * * * *	1
$h_{15}$	***** 1 * * * * *	1
$h_{16}$	***** 1 * * * * *	1
$h_{17} = h_1 + h_2$	1 1 * * * * *	2
$h_{18} = h_3 + h_4$	** 1 1 * * * * *	2
$h_{19} = h_5 + h_6$	*** 1 1 * * * * *	2
$h_{20} = h_7 + h_8$	***** 1 1 * * * * *	2
$h_{21} = h_9 + h_{10}$	***** 1 1 * * * * *	2
$h_{22} = h_{11} + h_{12}$	***** 1 1 * * * * *	2
$h_{23} = h_{13} + h_{14}$	***** 1 1 * * * * *	2
$h_{24} = h_{15} + h_{16}$	***** 1 1 * * * * *	2
$h_{25} = h_{17} + h_{18}$	1 1 1 1 * * * * *	4
$h_{26} = h_{19} + h_{20}$	***** 1 1 1 1 * * * * *	4
$h_{27} = h_{21} + h_{22}$	***** 1 1 1 1 * * * * *	4

ตารางที่ 10 (ต่อ)

เค้าร่าง	ลักษณะเค้าร่าง	ค่าความเหมาะสม
$h_{28} = h_{23} + h_{24}$	* * * * * 1 1 1 1	4
$h_{29} = h_{25} + h_{26}$	1 1 1 1 1 1 1 * * * * *	8
$h_{30} = h_{27} + h_{28}$	* * * * * 1 1 1 1 1 1 1	8
$h_{result}$	1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1	16

ตารางที่ 11 ตัวอย่าง Building Block Hypothesis ของปัญหา RoyalRoad ที่ขนาดบล็อกเท่ากับ 4

เค้าร่าง	ลักษณะเค้าร่าง	ค่าความเหมาะสม
$h_1$	1 1 1 1 * * * * * * * * * *	1
$h_2$	* * * * 1 1 1 1 * * * * * * * *	1
$h_3$	* * * * * * * 1 1 1 1 * * * * *	1
$h_4$	* * * * * * * * * * 1 1 1 1	1
$h_5 = h_1 + h_2$	1 1 1 1 1 1 1 1 * * * * * * * *	1
$h_6 = h_3 + h_4$	* * * * * * * 1 1 1 1 1 1 1 1	1
$h_{result}$	1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1	16

เมื่อพิจารณา ลักษณะ BBH ที่ได้จากรายการที่ 10 และ รายการที่ 11 ค่าของ BBH จะมีลักษณะรูปแบบแค่ เลข 1 กับ \* และ \* แทนเลข 0 หรือ 1 แต่ใน BBH ของ LZW จะมีเลขได้หลายค่าตั้งแต่ 1 จนถึงค่าตำแหน่งนั้น ๆ และการเข้ารหัสของ LZW นั้น จะนำผลของตำแหน่งก่อนหน้ามาเป็นผลลัพธ์ของตำแหน่งถัดไปด้วย ตามอัลกอริทึมการเข้ารหัสของ LZW ดังภาพที่ 9 ทำให้การสร้างค่าตำแหน่งที่ถัดจาก \* เป็นไปได้หลายค่า ไม่สามารถหา BBH ที่ถูกต้องได้

## LZW\_Compress

```
1  add entries 0,1 to the dictionary;
2  initialize string s to the first letter from input;
3  while any input left
4      read character c;
5          if s+c is in the dictionary
6              s = s+c;
7          else output codeword(s);
8              enter s+c to the dictionary;
9              s = c;
10         output codeword(s);
10        p = c;
```

ภาพที่ 9 ขั้นตอนการเข้ารหัสของ LZW

ที่มา: นริศ (2550)

## สรุปและข้อเสนอแนะ

### สรุป

ผลการทดลอง จะแสดงให้เห็นการทำงานของ LZWGA ในตารางที่ 7 จะแสดงให้เห็นว่า คำร่าทั้ง H1 และ H2 มีค่าคาดหวัง และค่าการพบจริงตรงตามทฤษฎีคำร่าเดิม และในภาพที่ 7 แสดงให้เห็นว่า คำร่าที่มีค่าความเหมาะสมเฉลี่ยสูงจะมีโอกาสพบในรุ่นถัดไปสูง

ทฤษฎีคำร่าของ Holland ที่ปรับแต่งคำร่าให้เข้ากับโครโมโซม LZWGA สามารถใช้วิเคราะห์ LZWGA ได้ แต่ผลที่ได้ในตอนนี้อาจบอกได้เพียงผลของค่าคาดหวังที่พบจำนวนโครโมโซมที่เข้ากับคำร่าในแต่ละรุ่น โดยที่สมการค่าความคาดหวังเดิมของ Holland สามารถใช้หาค่าประมาณจำนวนที่จะพบโครโมโซมแบบ LZW ที่เข้ากับคำร่าในรุ่นถัดไปได้ เพราะว่าโครโมโซมแบบ LZW เป็นการบีบอัดโครโมโซมจากโครโมโซม GA ปกติแต่เวลาตรวจสอบค่าความเหมาะสมต้องทำการคลายโครโมโซม LZW ให้อยู่ในรูปแบบ GA ปกติ และค่าความคาดหวังใช้ค่าความเหมาะสมเป็นตัวแปรในการคำนวณ

ดังนั้นโครโมโซม LZW จึงไม่มีผลกระทบกับค่าคาดหวัง การใช้ LZWGA แก้ปัญหา Onemax ค่าความคาดหวังมีความแม่นยำ 92.14% ส่วน GA มีความแม่นยำ 77.91% และ LZWGA แก้ปัญหา RoyalRoad ค่าความคาดหวังมีความแม่นยำ 92.86% ส่วน GA มีความแม่นยำ 91.79% แสดงให้เห็นว่าค่าความคาดหวังของ Holland สามารถใช้ได้กับ LZWGA ด้วยและให้ผลความแม่นยำเท่ากับค่าความคาดหวังของ GA เดิม

### ข้อเสนอแนะ

งานวิจัยนี้แสดงให้เห็นว่าทฤษฎีคำร่าที่ปรับแต่งคำร่าให้เข้ากับโครโมโซม LZWGA สามารถใช้วิเคราะห์ LZWGA ได้ แต่ผลที่ได้ในตอนนี้อาจบอกได้เพียงผลของค่าคาดหวังที่พบจำนวนโครโมโซมที่เข้ากับคำร่าในแต่ละรุ่น และการกระจายตัวของคำร่าในแต่ละรุ่น อาจต้องทำการทดลองเกี่ยวกับ Building Block Hypothesis เพิ่มเติมโดยหา Building Block Hypothesis จากปัญหาอื่นที่มีลักษณะใกล้เคียงกับโครโมโซม LZW ต่อไป

## เอกสารและสิ่งอ้างอิง

นริศ กุณาศล, วรเศรษฐ สุวรรณิก และ ประภาส จงสถิตย์วัฒนา, การเข้ารหัสแบบ LZW ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม หรือ LZW-Encoding in Genetic Algorithm, Proceedings of Electrical Engineering Conference (EECON-28), หน้า 861-864, ตุลาคม 20-21, 2548.

วรเศรษฐ สุวรรณิก, นริศ กุณาศล และ ประภาส จงสถิตย์วัฒนา, ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบบีบอัด หรือ Compressed Genetic Algorithm, Proceedings of Northeastern Computer Science and Engineering Conference (NECSEC), หน้า 203-211, มีนาคม 31-เมษายน 1, 2548.

สมรักษ์ นุ่มนาค และ วรเศรษฐ สุวรรณิก, การปรับปรุงการกลายพันธุ์ใน LZWGA, Proceedings of International Joint Conference on Computer Science and Software Engineering (JCSSE) Thai Track, pp. 389-394, May 2-4, 2550.

สมรักษ์ นุ่มนาค และ วรเศรษฐ สุวรรณิก, เปรียบเทียบประสิทธิภาพวิธีการไว้เปลี่ยนใน LZWGA, การประชุมวิชาการระดับชาติด้านคอมพิวเตอร์และเทคโนโลยีสารสนเทศ ครั้งที่ 3, The 3<sup>rd</sup> National Conference on Computing and Information Technology (ISCIT), pp. 328 – 333, May 25-26, 2550.

Melanie Mitchell, An Introduction to Genetic Algorithms, First MIT Press paperback edition, pp. 127-128, 1998.

Naris Kunasol, Worasait Suwannik, Prabhas Chongstitvatana, Solving One-Million-Bit Problems Using LZWGA, Proceedings of International Symposium on Communications and Information Technologies (ISCIT), pp. 32-36, October 18-20, 2006

Goldberg D.E., Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, Addison-Wesley, January 1, 1989.

Goldberg D.E., The Design of Innovation, Kluwer Academic Publishers, USA, 2002.

J.H. Holland, (1998) Adaptation in Natural and Artificial Systems: An Introductory Analysis with Applications to biology, control and artificial intelligence. MIT Press, ISBN 0-262-58111-6. (NB original printing 1975).

P.A. Whigham. A schema theorem for context-free grammars. In 1995 IEEE Conference on Evolutionary Computation, volume 1, pages 178-181, Perth, Australia, 29 November – 1 December 1995. IEEE Press.

Riccardo Poli, William B. Langdon, Schema theory for genetic programming with one-point crossover and point mutation, Evolutionary Computation, Volume 6 , Issue 3 (Fall 1998), Pages 231-252

Ricardo Pori, New Results in the Schema Theory for GP with One-Point Crossover which Account for Schema Creation, Survival and Disruption, December 1999.

SanDro Magi, Permutations with Duplicates in C (online)

[<http://higherlogics.blogspot.com/2008/04/permutations-with-duplicates-in-c.html>]

Siddharta K Shakya, A Simple analysis of Schema Theorem and Royal Road Functions (online)

[<http://www.comp.rgu.ac.uk/staff/ss/Articals/SchemataAnalysisandRRfunctions.htm>]



## การวิเคราะห์ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่เข้ารหัสด้วยอัลกอริทึม LZW ด้วยทฤษฎีเค้าร่าง

### An Analysis of LZW Genetic Algorithm using Schema Theorem

พงศกร แดงทรัพย์<sup>1</sup> และ วรเสรษฐ สุวรรณิก<sup>1</sup>

Pongsakorn Tangsub<sup>1</sup> and Worasait Suwannik<sup>1</sup>

#### บทคัดย่อ

LZWGA พัฒนามาจากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (GA) โดยที่ LZWGA มีโครโมโซมเป็นชุดตัวเลขจำนวนเต็ม การอธิบายการทำงานของ LZWGA ด้วยทฤษฎีเค้าร่างแบบ GA ทั่วไปไม่สามารถทำได้ ต้องมีการปรับแต่งเค้าร่างใหม่เพื่อให้เค้าร่างสามารถเข้าคู่ได้กับโครโมโซมของ LZWGA ในบทความนี้ได้ปรับแต่งเค้าร่างเพื่อให้สามารถเข้าคู่ได้กับ LZWGA ผลที่ได้จากการปรับแต่งทำให้เค้าร่างที่ปรับแต่งแล้วสามารถอธิบายการทำงานของ LZWGA ได้ โดยบอกค่าคาดหวังที่พบจำนวนโครโมโซมที่เข้าคู่ได้กับเค้าร่างที่ปรับแต่งแล้วในแต่ละรุ่น เมื่อใช้ LZWGA แก้ปัญหา Onemax ค่าความคาดหวังมีความแม่นยำ 92.14 % ส่วน GA มีความแม่นยำ 77.91 % และเมื่อใช้ LZWGA แก้ปัญหา RoyalRoad ค่าความคาดหวังมีความแม่นยำ 92.86 % ส่วน GA มีความแม่นยำ 91.79 %

#### ABSTRACT

LZWGA was developed from Genetic Algorithm (GA). LZWGA's chromosome is an integer. It is not possible to use normal schema theorem for Genetic Algorithm (GA) to explain behavior. As a result, the LZWGA Algorithm can be explained by using the refined schema. We can show expect value of adaptation schema match the chromosome. For the experiment use LZWGA solve Onemax problem, expect value has accuracy about 92.14% and GA has about 77.91. For RoyalRoad problem use LZWGA has accuracy of expect value about 92.86 % and GA has about 91.79%

Key words : genetic algorithm, Lempel-Ziv-Welch, schema theorem

P.Tangsub : g49642135@ku.ac.th

W.Suwannik : worasait.suwannik@gmail.com

<sup>1</sup> ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

Department of Computer Science, Faculty of Science, Kasetsart University.

## คำนำ

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm – GA) เป็นวิธีในทางปัญญาประดิษฐ์ที่สามารถนำไปแก้ปัญหาได้หลากหลาย การทำงานของอัลกอริทึมนี้ จำลองกระบวนการวิวัฒนาการ วิธีที่ใช้บ่อยที่สุดในการอธิบายการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม คือการใช้ทฤษฎีเค้า-ร่าง (Schema Theorem) มีการพัฒนาเทคนิคเพื่อให้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมหาคำตอบได้ดีขึ้น เช่น Lempel-Ziv-Welch Genetic Algorithm (LZWGA) พัฒนาการเข้ารหัสโครโมโซมด้วยอัลกอริทึม LZW แต่ก็ทำให้ลักษณะของโครโมโซมเปลี่ยนไปและยากต่อการอธิบายการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

### ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm)

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม คือการสร้างรูปแบบทางชีววิทยาที่เลียนแบบวิวัฒนาการเพื่อใช้ในการค้นหาคำตอบในกลุ่มประชากรของคำตอบ การค้นหามีลักษณะเป็นแบบสุ่ม โดยมีค่าความเหมาะสมเป็นตัวกำหนดแนวทางของคำตอบ (Goldberg D.E., 1989) คำตอบแต่ละตัวในกลุ่มประชากรถูกเข้ารหัสให้อยู่ในรูปทางพันธุกรรมที่เรียกว่า “โครโมโซม” ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นอาร์เรย์ของเลขฐานสอง โครโมโซมในกลุ่มประชากรเดียวกันมีขนาดบิตหรือความยาวโครโมโซมเท่ากัน

การทำงานของ GA (แสดงในตารางที่ 1) เริ่มจากสร้างกลุ่มของโครโมโซม (ประชากรเริ่มต้น) นำโครโมโซมในประชากรเริ่มต้นไปวัดค่าความเหมาะสม (fitness) เมื่อค่าความเหมาะสมที่วัดได้ไม่ใช่คำตอบ ประชากรเริ่มต้นถูกส่งเข้าสู่กระบวนการของ GA โดยการเลือกโครโมโซมจากกลุ่มประชากรเริ่มต้น (selection) นำโครโมโซมที่เลือกไว้มาทำการไขว้เปลี่ยน (crossover) และการกลายพันธุ์ (mutation) เพื่อให้ได้โครโมโซมใหม่ และกลุ่มประชากรใหม่ นำกลุ่มของประชากรที่ได้ ไปวัดค่าความเหมาะสมเพื่อหาคำตอบ ทำซ้ำกระบวนการ GA จนกว่าจะพบคำตอบ

### ตารางที่ 1 Pseudo code การทำงานของ genetic algorithm

#### ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

1. *Initial population of individuals*
2. *Evaluate the fitness of each individual in that population*
3. *Repeat on this generation until termination: (time limit, found solution, limit generation)*
  1. *Select the best-fit individuals for reproduction*
  2. *Breed new individuals through crossover and mutation operations to give birth to offspring*
  3. *Evaluate the individual fitness of new individuals*
  4. *Replace least-fit population with new individuals*

### ทฤษฎีโครงร่างของ Holland (Holland's Schema Theorem)

ทฤษฎีโครงร่างของ Holland ถูกนำมาใช้อย่างกว้างขวางสำหรับอธิบายการทำงานของ GA โครงร่างเป็นแม่แบบที่ระบุชุดย่อยของสายอักขระที่มีเหมือนกันในบางตำแหน่ง. โครงร่างของ Holland ที่ใช้อธิบายการทำงานของ GA ประกอบไปด้วยเลข 0,1, และสัญลักษณ์ \* ซึ่งสัญลักษณ์ดังกล่าวสามารถแทนเลข 0 หรือ 1 ได้ ทำให้ลักษณะของโครโมโซมที่มีรูปร่างเข้าคู่กับโครงร่างมีได้หลากหลาย เช่นโครงร่าง \*0\*1 มีโครโมโซมที่เข้าคู่กับโครงร่างนี้ 4 ตัวคือ 0001, 0011, 1001, 1011 ในทฤษฎีโครงร่างของ Holland มีค่าที่เกี่ยวข้องกับโครงร่างคือ order (แทนด้วยสัญลักษณ์  $o$ ) หมายถึง จำนวนของอักขระโครโมโซมที่ไม่ใช่สัญลักษณ์ \* ในโครงร่าง ตัวอย่างเช่น  $o(* ** 0 ** *) = 1$  และ length (แทนด้วยสัญลักษณ์  $\delta$ ) คือระยะระหว่างบิตตัวแรก และตัวสุดท้ายไม่ใช่บิตสัญลักษณ์ \* ในโครงร่างเช่น  $\delta(* ** 0 ** *) = 4 - 4 = 0$  ในทฤษฎีโครงร่างของ Holland สามารถทำนายถึงลักษณะของโครงร่างที่พบในประชากรรุ่นถัดไปได้จากสมการความคาดหวัง

สมการความคาดหวัง คือ การหาค่าความคาดหวังของโครงร่างที่จะเจอในประชากรรุ่นถัดไป ค่าความคาดหวังของโครงร่าง ต้องคำนึงถึงค่าความเหมาะสมของโครโมโซมและการทำงานของ GA ประกอบด้วยมีการไขว้เปลี่ยน หรือ การกลายพันธุ์ ยกตัวอย่างเช่น ใช้การไขว้เปลี่ยนจุดเดียวและกลายพันธุ์จุดเดียว การหาค่าความคาดหวังดังแสดงในสมการที่ 2

$$E[m(H, t + 1)] \geq \frac{m(H,t)f(H,t)}{f(t)} \{ 1 - p_c \frac{\delta(H)}{1-l} p_{diff}(H, t) - o(H)p_m \} \quad (1)$$

โดย

$E[m(H, t + 1)]$  คือ ค่าความคาดหวังของจำนวนโครงร่างที่จะเจอในประชากรรุ่นถัดไป

$m(H, t)$	คือ จำนวนของโครโมโซมที่เข้าคู่กับโครงร่าง $H$ ในรุ่น $t$
$f(H, t)$	คือ ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของกลุ่มโครโมโซมที่เข้าคู่กับโครงร่าง $H$
$f(t)$	คือ ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของกลุ่มประชากรในรุ่น $t$
$\delta(H)$	คือ ระยะระหว่างตำแหน่งโครโมโซมตัวแรกและตำแหน่งตัวสุดท้ายที่ไม่ใช่อักขระ * ในโครงร่าง
$l$	คือ ความยาวโครโมโซม
$p_{diff}(H, t)$	คือ ความน่าจะเป็นที่โครงร่าง $H$ จะเปลี่ยนรูปร่างโดยการไขว้เปลี่ยน
$o(H)$	คือ จำนวนของอักขระโครโมโซมที่ไม่ใช่ * ในโครงร่าง
$p_m$	คือ ค่าอัตราการกลายพันธุ์ที่กำหนดใน GA

### Lempel-Ziv-Welch Genetic Algorithm

LZWGA เป็นขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้วิธีลดขนาดของปริภูมิการค้นหาด้วยการเข้ารหัสโครโมโซมที่สามารถคลายได้ด้วยอัลกอริทึม Lempel-Ziv-Welch (LZW) (นริศ กุณาศล และคณะ, 2005) และสามารถนำไปแก้ปัญหามหาขนาดใหญ่มาก เช่น ปัญหา OneMax ขนาดหนึ่งล้านบิต (Naris Kunasol, et al., 2006) ปัญหา Royal Road ลักษณะโครโมโซมของ LZWGA เป็นการบีบอัดโครโมโซมที่มีชุดอักขระเป็นเลขฐานสอง ให้อยู่ในโครโมโซมที่มีชุดอักขระเป็นตัวเลข โดยใช้หลักการดำเนินงานเดิมของ GA เพียงเพิ่มส่วนของการคลายโครโมโซม (Decompress) จากชุดตัวเลขไปเป็นโครโมโซมชุดตัวเลขฐานสอง

#### ตารางที่ 2 Pseudo code การทำงานของ LZWGA

##### LZWGA

1. *Initial population of compress individuals*
2. *Decompress individuals*
3. *Evaluate the fitness of each individual in that population*
4. *Repeat on this generation until termination: (time limit, found solution, limit generation)*
  1. *Select the best-fit individuals for reproduction*
  2. *Breed new individuals through crossover and mutation operations to give birth to offspring*
  3. *Evaluate the individual fitness of new individuals*
  4. *Replace least-fit population with new individuals*

เนื่องจาก LZWGA เป็นชุดของโครโมโซมตัวเลข ดังนั้นสายอักขระของเค้าร่างมีมากกว่าอักขระ 0 หรือ 1 แต่เป็นเลขจำนวนเต็ม ด้วยเหตุนี้สัญลักษณ์ \* สามารถแทนตัวเลขจำนวนเต็มทำให้โครโมโซมที่เข้าคู่ได้กับเค้าร่างมีจำนวนมากกว่าแบบเลขฐานสองหลายเท่า

การอธิบายการทำงานของ LZWGA ด้วยเค้าร่างแบบ GA ทั่วไปไม่สามารถทำได้ต้องมีการปรับแต่งเค้าร่างใหม่เพื่อให้เค้าร่างสามารถเข้าคู่ได้กับ LZWGA ที่มีโครโมโซมเป็นชุดตัวเลข ในบทความนี้ได้ทำการปรับแต่งเค้าร่างเพื่อให้สามารถเข้าคู่ได้กับ LZWGA และอธิบายการทำงานของ LZWGA

## วิธีการ

### 1. ปรับแต่งรูปร่างของเค้าร่าง

คือการปรับแต่งรูปร่างของเค้าร่างเดิมที่สามารถเข้าคู่ได้กับสายอักขระเลขฐานสอง ให้สามารถเข้าคู่ได้กับสายอักขระเลขฐานสิบ โดยตัวเลขในแต่ละช่องของสายอักขระ มีค่าตัวเลขไม่เกินตำแหน่งของช่องนั้น รวมสัญลักษณ์ \* ดังเงื่อนไขที่ 2

$$G \in \{0, 1, \dots, n, *\} \text{ โดยที่ } 0 \leq G \leq i \leq n \text{ และ } 0 \leq * \leq i \quad (2)$$

โดย

$G$  คือ อักขระในโครโมโซม  $G$  เป็นเลขจำนวนเต็ม

$n$  คือ ความยาวของโครโมโซม

$i$  คือ ตำแหน่งในโครโมโซม

เช่น โครโมโซม LZWGA มีขนาดความยาวโครโมโซม 4 ตำแหน่ง เค้าร่างที่ได้คือ

ชุดอักขระโครโมโซม LZWGA

0-1,*	0-2,*	0-3,*	0-4,*
-------	-------	-------	-------

ตำแหน่ง

1      2      3      4

หมายความว่าในตำแหน่งแรกของโครโมโซม สามารถเป็นได้ทั้งเลข 0, 1 และ \* ตำแหน่งที่สองสามารถเป็นเลขได้ตั้งแต่ 0 จนถึง 2 และ \* ตำแหน่งถัดไปก็จะเป็นได้ตั้งแต่เลข 0 จนถึงเลขค่าของตำแหน่งของโครโมโซม กับสัญลักษณ์ \* โดยรูปแบบทั้งหมดของเค้าร่างมีจำนวนโคเป็นแฟคทอเรียล ของขนาดโครโมโซม ดังแสดงในสมการที่ 3

$$A = \frac{(K+2)!}{2} \quad (3)$$

โดย

$A$  คือ จำนวนรูปแบบของเค้าร่าง

$K$  คือ ขนาดของโครโมโซม LZWGA

เช่น รูปร่างของเค้าร่างที่เป็นไปได้ทั้งหมดตั้งแต่ 0 0 0 0 จนถึง \* \* \* \* มี  $(4+2)!/2 = 360$  แบบ โดยวิธีการสร้างเค้าร่างทั้งหมดที่เป็นไปได้ตามความยาวของโครโมโซม ดังแสดงในตารางที่ 3

### ตารางที่ 3 อัลกอริทึมการสร้างเคำร้งแบบ LZW

#### การสร้าง Schema

```

Initialize carry = 0
Initialize K = size of individual
Initialize slots[K] = 0
While (carry == 0)
    output(slots)
    i = 0
    carry = 1
    While (i < K)
        b = slots[i] + carry
        carry = b/(i+3)
        slots[i] = b mod (i+3)
    End While
End While

```

ในตารางที่ 3 อัลกอริทึมดัดแปลงมาจากอัลกอริทึม Permutations with Duplicates (SanDro Magi, 2008) โดยขั้นแรกกำหนดค่าเริ่มต้นของ carry ตัวแสดงจุดจบของเคำร้งให้เป็น 0, K คือขนาดโครโมโซม, และ slots คืออาร์เรย์ของโครโมโซม เมื่อเข้าไปในลูป while แรก ทำการแสดงเคำร้งด้วยคำสั่ง output โดยในรอบแรกค่าใน slots ทั้งหมดเป็น 0 ทุกช่องของ array และเมื่อเข้าไปสู่ลูป while ที่สองค่าของ slots แต่ละช่องเกิดจากการเพิ่มค่า slots แต่ละช่องด้วยการบวกกับ carry แล้วนำไปหารกับตำแหน่งของอาร์เรย์ของช่อง slots นั้น ที่บวกด้วย 3 ทำให้ได้เคำร้งตัวใหม่ออกมา จนกระทั่งค่า carry มีค่าเท่ากับ 0

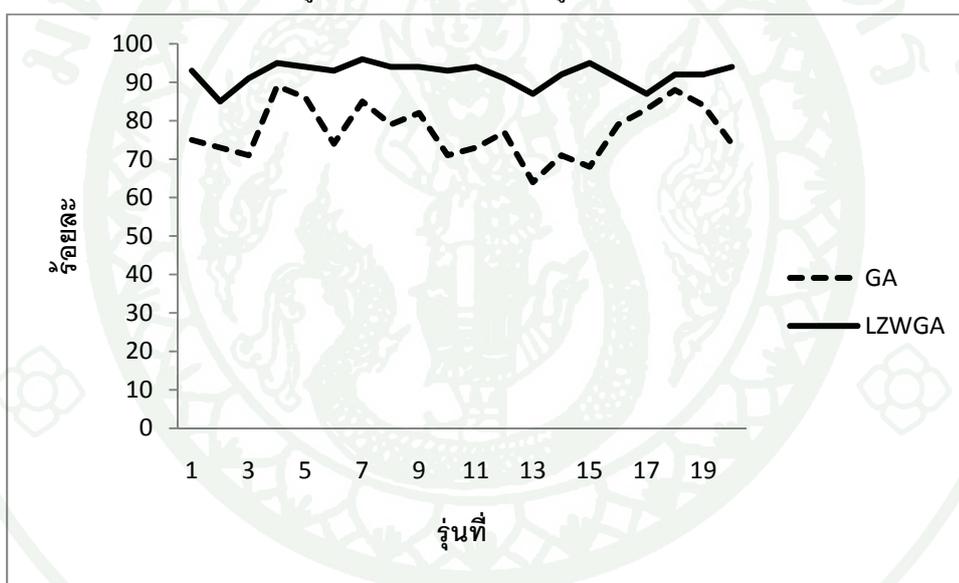
#### ตรวจสอบค่าคาดหวัง

สมการค่าความคาดหวังเดิมของ Holland ใช้กับเคำร้งที่เป็นสายอักขระเลขฐานสอง ดังนั้นโครโมโซมแบบ LZW เป็นโครโมโซมที่อยู่ในรูปแบบการบีบข้อมูลเลขฐานสองให้อยู่ในรูปแบบเลขฐานสิบ ต้องมีการพิสูจน์ว่าสมการเดิมสามารถใช้งานได้หรือไม่ ด้วยการทดสอบกับการทำงานระหว่าง GA กับ LZWGA ในการแก้ปัญหา OneMax และ RoyalRoad คู่ผลของเคำร้งที่ถูกพบในรุ่นถัดไป และนับจำนวนจากโครโมโซมที่เข้าคู่ได้กับเคำร้งในแต่ละรุ่นเทียบกับค่าที่ได้จากสมการค่าความคาดหวัง

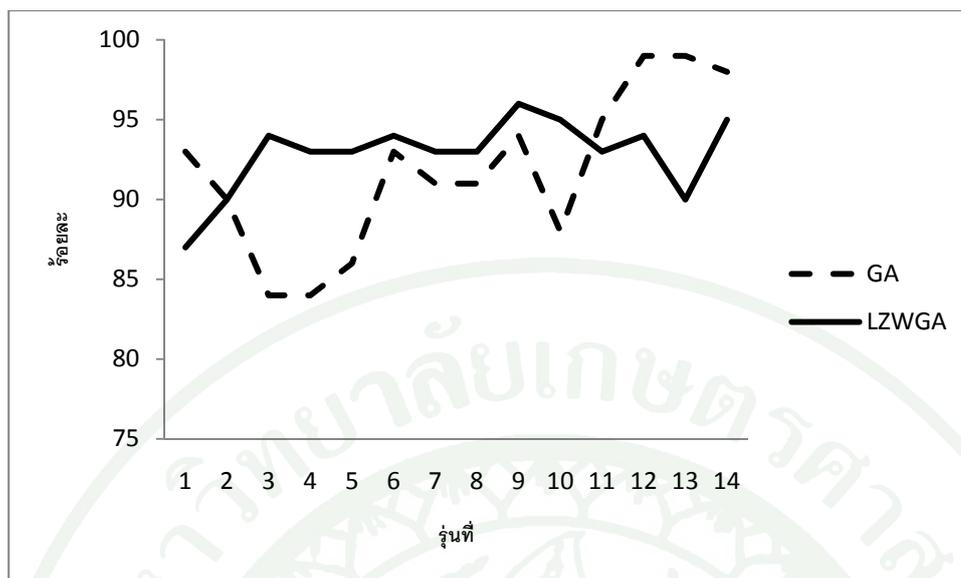
### ผลการทดลอง

การปรับแต่งเค้าร่างจากโครโมโซมแบบ LZW ทำให้สามารถนำโครโมโซมแบบ LZW ไปเข้ากับเค้าร่าง และนับจำนวนโครโมโซมในทีเข้าคู่กับแต่ละเค้าร่าง เทียบกับค่าที่ได้จากสมการค่าความคาดหวังดังแสดงในภาพที่ 1 และภาพที่ 2

ภาพที่ 1 และภาพที่ 2 แสดงค่าความคาดหวังในแต่ละรุ่นกับปัญหา Onemax และ RoyalRoad ตามลำดับ โดยใช้ GA ที่มีโครโมโซมความยาว 8 บิต และ LZWGA ที่มีความยาว 8 ขนาดประชากร 1000 ตัว แก้ปัญหา จากนั้นตรวจสอบประชากรในแต่ละรุ่นว่าเข้ากับ เค้าร่างตัวไหน หากค่าความคาดหวังของแต่ละเค้าร่างจากสมการค่าความคาดหวัง แล้วนำมาตรวจดูกับรุ่นถัดไปว่า ได้ค่าตรงกับค่าคาดหวังหรือไม่ แล้วนำมาคิดเป็นร้อยละจากจำนวนของเค้าร่างทั้งหมดที่มีการพบในรุ่นถัดไป โดยในภาพที่ 1 ส่วนของ GA จะได้ค่าความถูกต้องของค่าคาดหวังอยู่ในช่วง 77.91 % ส่วน LZWGA จะได้ค่าอยู่ในช่วง 92.14 % และในภาพที่ 2 GA จะได้ค่าความถูกต้องของค่าคาดหวังอยู่ในช่วง 91.79 % และ LZWGA 92.86 %



ภาพที่ 1 แสดงการตรวจสอบค่าคาดหวัง เทียบกับจำนวนที่พบจริงในแต่ละรุ่นของการแก้ปัญหา Onemax ด้วย GA ขนาดโครโมโซม 8 บิต และ LZWGA ความยาวโครโมโซม 8 โดย GA ทั้ง 2 แบบมีจำนวนประชากร 1,000 ตัว



ภาพที่ 2 แสดงการตรวจสอบค่าคาดหวัง เทียบกับจำนวนที่พบจริงในแต่ละรุ่น ของการแก้ปัญหา RoyalRoad ด้วย GA ขนาดโครโมโซม 8 บิต และ LZWGA ความยาวโครโมโซม 8 โดย GA ทั้ง 2 แบบมีจำนวนประชากร 1,000 ตัว

### สรุป

ทฤษฎีเค้าร่างของ Holland ที่ปรับแต่งเค้าร่างให้เข้ากับโครโมโซม LZWGA สามารถใช้วิเคราะห์ LZWGA ได้ แต่ผลที่ได้ในตอนนี้สามารถบอกได้เพียงผลของค่าคาดหวังที่พบจำนวนโครโมโซมที่เข้าคู่ได้กับเค้าร่างในแต่ละรุ่น โดยที่สมการค่าความคาดหวังเดิมของ Holland สามารถใช้หาค่าประมาณจำนวนที่จะพบโครโมโซมแบบ LZW ที่เข้ากับเค้าร่างในรุ่นถัดไปได้ เพราะว่าโครโมโซมแบบ LZW เป็นการบีบอัดโครโมโซมจากโครโมโซม GA ปกติแต่เวลาตรวจสอบค่าความเหมาะสมต้องทำการคลายโครโมโซม LZW ให้อยู่ในรูปแบบ GA ปกติ และค่าความคาดหวังใช้ค่าความเหมาะสมเป็นตัวแปรในการคำนวณ ดังนั้นโครโมโซม LZW จึงไม่มีผลกระทบกับค่าคาดหวัง การใช้ LZWGA แก้ปัญหา Onemax ค่าความคาดหวังมีความแม่นยำ 92.14 % ส่วน GA มีความแม่นยำ 77.91 % และ LZWGA แก้ปัญหา RoyalRoad ค่าความคาดหวังมีความแม่นยำ 92.86 % ส่วน GA มีความแม่นยำ 91.79 % แสดงให้เห็นว่าค่าความคาดหวังของ Holland สามารถใช้ได้กับ LZWGA ด้วยและให้ผลความแม่นยำเท่ากับค่าความคาดหวังของ GA เดิม

### เอกสารอ้างอิง

นริศ กุณาศล, วรเศรษฐ สุวรรณิก, และ ประภาส จงสถิตย์วัฒนา, การเข้ารหัสแบบ LZW ในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

หรือ LZW-Encoding in Genetic Algorithm, Proceedings of Electrical Engineering Conference

(EECON-28), หน้า 861-864, October 20-21, 2005.

Goldberg D.E., Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, Addison-Wesley, January 1, 1989.

Goldberg D.E., The Design of Innovation, Kluwer Academic Publishers, USA, 2002.

J.H. Holland, (1998) Adaptation in Natural and Artificial Systems: An Introductory Analysis with Applications to biology, control and artificial intelligence. MIT Press, ISBN 0-262-58111-6. (NB original printing 1975).

Naris Kunasol, Worasait Suwannik, and Prabhas Chongstitvatana, Solving One-Million-Bit Problems Using

LZWGA, Proceedings of International Symposium on Communications and Information Technologies (ISCIT), pp. 32-36, October 18-20, 2006

## ประวัติการศึกษา และการทำงาน

ชื่อ	นายพงศกร แดงทรัพย์
เกิดวันที่	30 มีนาคม 2526
สถานที่เกิด	จังหวัดปทุมธานี
ประวัติการศึกษา	วท.บ. (วิทยาศาสตร์) มหาวิทยาลัยราชภัฏจันทรเกษม
ตำแหน่งปัจจุบัน	โปรแกรมเมอร์
สถานที่ทำงานปัจจุบัน	บริษัทบิบบินชอย จำกัด

