

สารบัญ

บทที่

หน้า

1 บทนำ.....	1
ความเป็นมาของปัญหา.....	1
จุดมุ่งหมายของการวิจัย.....	2
ความสำคัญของการวิจัย.....	3
ขอบเขตของการวิจัย.....	3
ข้อตกลงเบื้องต้นในการบรรจุกล่องผลิตภัณฑ์.....	3
เนื้อหาและรูปแบบการนำเสนอวิทยานิพนธ์.....	4
2 ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	5
ปัญหาการจัดเรียงกล่องลงในคอนเทนเนอร์ (Container packing problem).....	5
ประเภทของปัญหาการจัดเรียงกล่องลงในคอนเทนเนอร์.....	5
ฮิวริสติกในการจัดเรียงกล่อง (Heuristic for arrangement).....	8
วิธีการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุด (Optimization algorithms).....	11
วิธีการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดโดยอาศัยหลักการทางคณิตศาสตร์ (Conventional optimization algorithms: COAs).....	11
วิธีการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดโดยอาศัยหลักของการประมาณ (Approximation optimization algorithms: AOAs).....	12
การออกแบบการทดลองและการวิเคราะห์ข้อมูลเชิงสถิติ.....	38
การออกแบบการทดลอง (The design of the experiment).....	39
การวิเคราะห์ข้อมูลเชิงสถิติ (The statistical analysis of the data).....	45
ตัวอย่างงานวิจัยที่เกี่ยวข้องและบทวิจารณ์งานวิจัย.....	51

สารบัญ (ต่อ)

บทที่

หน้า

3 วิธีดำเนินการวิจัย.....	58
เครื่องมือและอุปกรณ์ที่ใช้ดำเนินการวิจัย.....	58
ขั้นตอนการดำเนินการวิจัย.....	58
ศึกษาและรวบรวมข้อมูล.....	59
วิเคราะห์และออกแบบเพิ่มข้อมูลนำเข้า.....	63
วิเคราะห์และออกแบบเพิ่มข้อมูลนำออก.....	63
การประยุกต์ใช้เจเนติกอัลกอริทึมสำหรับปัญหาการจัดเรียงกล่องลงใน คอนเทนเนอร์.....	65
4 ผลการวิเคราะห์และการอภิปรายผล.....	89
การทดลองที่ 1.....	91
การทดลองที่ 2.....	100
การทดลองที่ 3.....	110
การทดลองที่ 4.....	115
การทดลองที่ 5.....	121
5 บทสรุปและข้อเสนอแนะ.....	130
สรุปผลการวิจัย.....	130
ข้อเสนอแนะสำหรับงานวิจัยในอนาคต (Future work).....	132

สารบัญ (ต่อ)

บทที่

หน้า

บรรณานุกรม.....133

ภาคผนวก.....140

ภาคผนวก ก การสลับสายพันธุ์ และการกลายพันธุ์.....141

ภาคผนวก ข การวิเคราะห์เชิงซ้อนด้วยวิธีการพิสัยของดันแดน.....154

ประวัติผู้วิจัย.....162



บัญชีตาราง

ตาราง	หน้า
1 แสดงสัญลักษณ์ลำดับอักษร 4 ตัวคือ ($\alpha / \beta / \gamma / \delta$) (Dyckhoff, 1990).....	6
2 แสดงตัวอย่างประเภทของปัญหาการตัดและการบรรจุ (Dyckhoff, 1990).....	7
3 แสดงการสลับสายพันธุ์ในแบบต่างๆ.....	23
4 แสดงการกลายพันธุ์ในแบบต่างๆ.....	25
5 แสดงการออกแบบเศษหนึ่งส่วนสามแบบ 3^{3-1}	42
6 การออกแบบลาตินสแควร์.....	44
7 แสดงผลการทดสอบสมมติฐาน (ยุทธ ไกยวรรณ, 2546).....	46
8 แสดงรูปแบบข้อมูลการทดลองเชิงแฟกทอเรียลเมื่อมี 2 ปัจจัย.....	47
9 ตารางการวิเคราะห์ความแปรปรวนของการทดลองเชิงแฟกทอเรียล 2 ตัวแปร แบบ Fixed effects model.....	49
10 แสดงข้อจำกัดของการหมุน หรือพลิกวางกล่องที่แบ่งออกเป็น 2 ประเภท.....	62
11 แสดงตัวอย่างเพิ่มข้อมูลของกล่อง.....	63
12 แสดงปัจจัยและระดับของการทดลองที่ 1.....	91
13 แสดงวิธีการครอสโอเวอร์ และวิธีการมิวเตชัน ที่นำมาพิจารณาในการทดลองที่ 1.....	92
14 แสดงการออกแบบเศษส่วนเชิงแฟกทอเรียลแบบ 3^{3-1} (the one-third fraction of the 3^3 factorial design).....	93
15 แสดงการออกแบบ 9×9 Latin squares ที่ฝังการออกแบบเศษส่วนเชิงแฟกทอเรียล แบบ 3^{3-1} (The one-third fraction of the 3^3 factorial design embedded within 9×9 Latin squares).....	94
16 แสดงผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนของการทดลองที่ 1.....	95
17 แสดงค่าพารามิเตอร์และกระบวนการ GA ที่เหมาะสมที่สุด จากผลการทดลองที่ 1.....	99
18 แสดงปัจจัยและระดับของการทดลอง 2.1.....	101
19 แสดงผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนของการทดลอง 2.1.....	101
20 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ของการเก็บโครโมโซมชั้นดี (Elitist probability: %E) ที่เหมาะสมที่สุด จากผลการทดลอง 2.1.....	105
21 แสดงปัจจัยและระดับของการทดลอง 2.2.....	105

บัญชีตาราง (ต่อ)

ตาราง

หน้า

22	แสดงผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนของการทดลอง 2.2.....	106
23	แสดงวิธีการคัดสรรโครโมโซม (Selection mechanism: SM) ที่เหมาะสมที่สุด จากผลการทดลอง 2.2.....	109
24	แสดงปัจจัยและระดับของการทดลองที่ 3.....	110
25	แสดงผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนของการทดลองที่ 3.....	111
26	แสดงรูปแบบการวางตัวของกล่องที่เหมาะสมที่สุด จากผลการทดลองที่ 3.....	114
27	แสดงปัจจัยและระดับของการทดลองที่ 4.....	115
28	แสดงผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนของการทดลองที่ 4.....	116
29	แสดง S&A และ HA ที่เหมาะสมที่สุด จากผลการทดลองที่ 4.....	120
30	แสดงรายละเอียดการกำหนดค่า SGA และ MGA ของการทดลอง 5.1.....	121
31	แสดงผลลัพธ์ที่ได้จากการทดลอง 5.1.....	122
32	แสดงผลการจัดเรียงกล่องที่มีเจ้าของเดียวกันให้อยู่ในคอนเทนเนอร์เดียวกัน.....	125
33	แสดงผลการวิเคราะห์ปัจจัยหลัก %C ด้วยวิธีการของ Duncan.....	154
34	แสดงผลการวิเคราะห์ปัจจัยหลัก %M ด้วยวิธีการของ Duncan.....	155
35	แสดงผลการวิเคราะห์ปัจจัยหลัก MOP ด้วยวิธีการของ Duncan.....	156
36	แสดงผลการวิเคราะห์ปัจจัยหลัก %E ด้วยวิธีการของ Duncan.....	157
37	แสดงผลการวิเคราะห์ปัจจัยหลัก SM ด้วยวิธีการของ Duncan.....	158
38	แสดงผลการวิเคราะห์ปัจจัยหลักรูปแบบการวางตัวของกล่อง ด้วยวิธีการของ Duncan.....	159
39	แสดงผลการวิเคราะห์ปัจจัยหลัก S&A ด้วยวิธีการของ Duncan.....	160

บัญชีภาพ

ภาพ

หน้า

1	แสดงการบรรจุแบบ Wall-building approach (George & Robinson, 1980).....	9
2	แสดงการบรรจุแบบ Guillotine cutting approach.....	10
3	แสดงการบรรจุแบบ Cuboid arrangement approach (Bortfeldt & Gehring, 1997)...	10
4	แสดงโครงสร้างการทำงานของ SGA (Modified from Gen & Cheng, 1997).....	17
5	แสดงรูปแบบของโครโมโซมที่มี 8 ยีน.....	19
6	แสดงลำดับของการทำกระบวนการ GA แบบอนุกรม.....	20
7	แสดงลำดับของการทำกระบวนการ GA แบบขนาน.....	21
8	แสดงการสลับสายพันธุ์.....	22
9	แสดงการกลายพันธุ์.....	24
10	แสดงวิธีดำเนินการจัดเก็บโครโมโซมลูกแบบแทนที่.....	26
11	แสดงวิธีดำเนินการจัดเก็บโครโมโซมลูกแบบขยาย.....	27
12	แสดงรูปแบบของวงล้อเสี่ยงทายจากตัวอย่าง 2.....	31
13	แสดงกลไกการทำงานของ Elitist strategy แบบ Murata et al. (1996).....	33
14	แสดงกลไกการทำงานของ Elitist selection.....	34
15	แสดงวิธีการเลือกเก็บโครโมโซมพันธุ์ดี (Elite chromosome).....	35
16	แสดงการจัดเก็บโครโมโซมพันธุ์ดีลงในลิสต์ (Elitis list).....	36
17	แสดงโครโมโซมที่ถูกเลือกเพื่อแทนที่ด้วยโครโมโซมพันธุ์ดี (Elite chromosome).....	36
18	แสดงการแทนที่โครโมโซมพันธุ์ดีลงในประชากรรุ่นปัจจุบัน.....	37
19	แสดงตัวอย่างของการออกแบบลาตินสแควร์.....	44
20	แสดงรูปคอนเทนเนอร์.....	60
21	แสดงรูปแบบการวางตัวของกล่องผลิตภัณฑ์.....	61
22	แสดงตัวอย่างเพิ่มข้อมูลนำออกของคอนเทนเนอร์โปรแกรม.....	64
23	แสดงแผนผังการทำงานของ GA สำหรับ CPP.....	66
24	แสดงลักษณะของโครโมโซมสำหรับ CPP.....	67
25	แสดงผังลำดับขั้นตอนการสร้างประชากร.....	68
26	แสดงการลำเลียงกล่องเข้าคอนเทนเนอร์.....	70

บัญชีภาพ (ต่อ)

ภาพ

หน้า

27	แสดงลักษณะการเปรียบเทียบแบบ GAS-BP และ GAS-BH.....	71
28	แสดงการเปรียบเทียบกล่องที่ต้องการจัดเรียงกับกล่องต้นแบบ.....	72
29	แสดงการพลิกกล่องโดยที่มีความยาวใกล้เคียงกับกล่องต้นแบบเท่าเดิม.....	72
30	แสดงวิธีการเลือกรูปแบบการวางตัวที่เหมาะสมของกล่อง.....	73
31	แสดงการนำเข้าเพิ่มข้อมูลขาเข้า.....	75
32	แสดงหน้าจอหลักของโปรแกรม.....	75
33	แสดงส่วนของการกำหนดค่าสำหรับเจเนติกอัลกอริทึม.....	76
34	แสดงการเลือกชนิดของการสลับสายพันธุ์ (ชาย) และการกลายพันธุ์ (ขวา).....	77
35	แสดงการเลือกรูปแบบการคัดสรร.....	78
36	แสดงส่วนของการกำหนดรายละเอียดหลักสำหรับปัญหาการจัดเรียง.....	78
37	แสดงการเลือกชนิดของคอนเทนเนอร์.....	79
38	แสดงการกำหนดค่าสำหรับการวางตัวของกล่องแบบ 1 แกน.....	79
39	แสดงการกำหนดค่าสำหรับการเลือกแบบ 3 แกน.....	80
40	แสดงส่วนของการกำหนดรายละเอียดเสริมสำหรับปัญหาการจัดเรียง.....	80
41	แสดงรายละเอียดของกล่องทั้งหมดสำหรับการระบุความเป็นเจ้าของ.....	81
42	แสดงการคลิกเพื่อระบุความเป็นเจ้าของให้กับกล่องนั้น.....	81
43	แสดงหน้าต่างสำหรับการระบุชื่อเจ้าของของกล่องที่ได้เลือกเอาไว้.....	82
44	แสดงผลลัพธ์หลังการระบุความเป็นเจ้าของ.....	82
45	แสดงรายละเอียดของกล่องทั้งหมดสำหรับการกำหนดการจัดวางแบบตายตัว.....	83
46	แสดงวิธีการกำหนดการจัดวางแบบตายตัวให้กับกล่องต่างๆ.....	83
47	แสดงผลลัพธ์หลังการกำหนดรูปแบบการจัดวางแบบตายตัว.....	84
48	แสดงส่วนของการกำหนดตำแหน่งและชื่อของการบันทึกเพิ่มข้อมูลขาออก.....	84
49	แสดงส่วนของปุ่มต่างๆ ทั้ง 3 ปุ่ม.....	85
50	แสดงหน้าจอแสดงผล.....	85
51	แสดงส่วนของผลลัพธ์เชิงภาพรวม.....	86
52	แสดงการแสดงผลเชิงรายละเอียด (Detail result).....	87

บัญชีภาพ (ต่อ)

ภาพ

หน้า

53 แสดงกราฟผลกระทบจากปัจจัยหลัก (Main effect plot) ที่มีนัยสำคัญทางสถิติ.....	96
54 แสดงกราฟผลกระทบจากปัจจัยหลัก (Main effect plot) ที่ไม่มีนัยสำคัญทางสถิติ.....	97
55 แสดงกราฟการวิเคราะห์ส่วนตกค้าง (Residual analysis).....	98
56 แสดงกราฟผลกระทบจากปัจจัยหลัก (Main effect plot) %E.....	102
57 แสดงกราฟการวิเคราะห์ส่วนตกค้าง (Residual analysis).....	104
58 แสดงกราฟผลกระทบจากปัจจัยหลัก (Main effect plot) SM.....	107
59 แสดงกราฟการวิเคราะห์ส่วนตกค้าง (Residual analysis).....	108
60 แสดงกราฟผลกระทบจากปัจจัยหลัก (Main effect plot).....	112
61 แสดงกราฟการวิเคราะห์ส่วนตกค้าง (Residual analysis).....	113
62 แสดงกราฟผลกระทบจากปัจจัยหลัก (Main effect plot).....	117
63 แสดงกราฟผลกระทบที่เกิดจากปฏิสัมพันธ์ของปัจจัยแบบ 2 ทาง.....	118
64 แสดงกราฟการวิเคราะห์ส่วนตกค้าง (Residual analysis).....	119
65 แสดงกราฟเปรียบเทียบ MGA และ SGA ของปัญหาขนาดต่างๆ.....	123
66 แสดงเวลาที่ใช้ในการทำงาน (Time usage) ของ MGA กับ SGA.....	124
67 แสดงการทำงานการสลับสายพันธุ์ Cycling crossover.....	142
68 แสดงการทำงานการสลับสายพันธุ์ Edge recombination crossover.....	143
69 แสดงการทำงานการสลับสายพันธุ์ Enhanced edge recombination crossover.....	144
70 แสดงการทำงานการสลับสายพันธุ์ Maximal preservation crossover.....	144
71 แสดงการทำงานการสลับสายพันธุ์ One point crossover.....	145
72 แสดงการทำงานการสลับสายพันธุ์ Ordered crossover.....	146
73 แสดงการทำงานการสลับสายพันธุ์ Position based crossover.....	146
74 แสดงการทำงานการสลับสายพันธุ์ Partially mapped crossover.....	147
75 แสดงการทำงานการสลับสายพันธุ์ Two points center crossover.....	148
76 แสดงการทำงานการกลายพันธุ์ Center inverse mutation.....	148
77 แสดงการทำงานการกลายพันธุ์ Enhanced two operations random swap mutation.....	149

บัญชีภาพ (ต่อ)

ภาพ

หน้า

78 แสดงการทำงานการกลายพันธุ์ Inversion mutation.....	149
79 แสดงการทำงานการกลายพันธุ์ Shift operation mutation.....	150
80 แสดงการทำงานการกลายพันธุ์ Two edge inverse mutation.....	150
81 แสดงการทำงานการกลายพันธุ์ Two operations adjacent swap mutation.....	151
82 แสดงการทำงานการกลายพันธุ์ Two operations random swap mutation.....	151
83 แสดงการทำงานการกลายพันธุ์ Three operations adjacent swap mutation.....	152
84 แสดงการทำงานการกลายพันธุ์ Three operations random swap mutation.....	152



อักษรย่อ

อักษรย่อ

: คำอธิบาย

SGA	: เจเนติกอัลกอริทึมอย่างง่าย (Simple genetic algorithm)
GA	: เจเนติกอัลกอริทึม (Genetic algorithm)
CPP	: ปัญหาการบรรจุกล่องผลิตภัณฑ์ลงในคอนเทนเนอร์ (Container packing problem)
S&A	: วิธีการหาลำดับการจัดเรียงกล่องและรูปแบบการวางตัวที่เหมาะสมของ กล่อง (Sequencing and arrangement)
GAR	: วิธีการให้ GA หาคำตอบทั้งหมด (GA random arrange)
GAS	: วิธีการให้ GA หาลำดับการจัดเรียงกล่อง และใช้วิธีการหารูปแบบการ วางตัวของกล่องที่ปรับปรุงขึ้นหารูปแบบการวางตัวที่เหมาะสมของกล่อง (GA smart arrange)
GAS-BP	: วิธีการ GAS แบบเปรียบเทียบความเหมาะสมกับกล่องก่อนหน้านี้ (GA smart base on previous items)
GAS-BH	: วิธีการ GAS แบบเปรียบเทียบความเหมาะสมกับกล่องที่ใหญ่ที่สุดใน ระดับชั้นของการวางกล่องนั้น (GA smart base on highest item)
HA	: ฮิวริสติกในการจัดเรียงกล่อง (Heuristic for arrangement)
SM	: วิธีการคัดสรรโครโมโซม (Selection mechanism)
RWS	: การคัดสรรด้วยวงล้อเสี่ยงทาย (Roulette wheel selection)
SUS	: การคัดสรรด้วยการสุ่มอย่างทั่วถึง (Stochastic universal sampling)
TOS	: การคัดสรรด้วยการแข่งขัน (Tournament selection)
ES	: การคัดสรรด้วยการรักษาเผ่าพันธุ์ชั้นดี (Elitist strategy)
%E	: เปอร์เซ็นต์ของการเก็บโครโมโซมพันธุ์ดี (Percentage of keeping elite chromosome)
Bx	: เซตของจำนวนกล่องที่ต้องการจัดเรียง (Set of boxs)
Aa	: เซตของรูปแบบการวางตัวของกล่อง (Set of arrangement)
P	: ขนาดของประชากร (Population size)

อักษรย่อ (ต่อ)

อักษรย่อ : คำอธิบาย

G	: จำนวนรุ่น (Number of generation)
%C	: ความน่าจะเป็นของการสลับสายพันธุ์ (Probability of crossover)
%M	: ความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ (Probability of mutation)
COP	: ชนิดของการสลับสายพันธุ์ (Crossover operation)
CX	: การสลับสายพันธุ์แบบไซคลิง (Cycling crossover)
ERX	: การสลับสายพันธุ์แบบเอดจ์รีคอมบิเนชัน (Edge recombination crossover)
EERX	: การสลับสายพันธุ์แบบเอนฮานซ์เอดจ์รีคอมบิเนชัน (Enhanced edge recombination crossover)
MPX	: การสลับสายพันธุ์แบบแมกซ์มีมัลพรีเซิร์ฟเวชัน (Maximal preservation crossover)
1PX	: การสลับสายพันธุ์แบบวันพอยท์ (One point crossover)
OX	: การสลับสายพันธุ์แบบออเดอร์ (Ordered crossover)
PMX	: การสลับสายพันธุ์แบบพาร์เชียลแมป (Partially mapped crossover)
PBX	: การสลับสายพันธุ์แบบโพสิชันเบส (Position based crossover)
2PCX	: การสลับสายพันธุ์แบบทูพอยท์เซนเตอร์ (Two point center crossover)
MOP	: ชนิดของการกลายพันธุ์ (Mutation operation)
CIM	: การกลายพันธุ์แบบเซ็นเตอร์อินเวอร์ส (Center inverse mutation)
E2ORS	: การกลายพันธุ์แบบเอนฮานซ์ทูโอเปอเรชันส์แรนดอมสวอป (Enhanced two operations random swap mutation)
IM	: การกลายพันธุ์แบบอินเวอร์ชัน (Inversion mutation)
SOM	: การกลายพันธุ์แบบชิฟต์โอเปอเรชัน (Shift operation mutation)
3OAS	: การกลายพันธุ์แบบทรีโอเปอเรชันส์แอดจาเซนส์สวอป (Three operations adjacent swap mutation)

อักษรย่อ (ต่อ)

อักษรย่อ	: คำอธิบาย
3ORS	: การกลายพันธุ์แบบทรีโอเปอเรชันส์แรนดอมสแควป (Three operations random swap mutation)
2OAS	: การกลายพันธุ์แบบทูโอเปอเรชันส์แอดจาเซนส์สแควป (Two operations adjacent swap mutation)
2ORS	: การกลายพันธุ์แบบทูโอเปอเรชันส์แรนดอมสแควป (Two operations random swap)
2EIM	: การกลายพันธุ์แบบทูเอจอินเวิร์ส (Two edge inverse mutation)
$f(x_k)$	: ฟังก์ชันเป้าหมาย (Objective function)
eval (vk)	: ค่าความเหมาะสมของโครโมโซม (Fitness value)
pk	: ความน่าจะเป็นในการถูกเลือกของโครโมโซม (Selection probability)
XW	: ค่าคำตอบที่แย่ที่สุด (The worst chromosome)
COAs	: วิธีการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดโดยอาศัยหลักการทางคณิตศาสตร์ (Conventional optimization algorithms)
AOAs	: วิธีการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดโดยอาศัยหลักการของการประมาณ (Approximation optimization algorithms)
ACO	: แอนท์โคโลนีออปติไมเซชัน (Ant colony optimization)
SA	: ซิมูเลตเตดแอนนีลลิง (Simulated annealing)
t	: อุณหภูมิ (Temperature)
t0	: อุณหภูมิเริ่มต้น (Initial temperature)
TS	: ทาบูเสิร์จ (Tabu search)
m	: รอบการทำงานของทาบูเสิร์จ
NN	: นิวรอลเน็ตเวิร์ค (Neural network)
ANOVA	: การวิเคราะห์ความแปรปรวน (Analysis of variance)
FFD	: การออกแบบเชิงแฟกทอเรียลสมบูรณ์ (Full factorial design)

อักษรย่อ (ต่อ)

อักษรย่อ : คำอธิบาย

Sig. : นัยสำคัญ (Significant)

SS : ผลรวมกำลังสอง (Sum of square)

DF : องศาแห่งความอิสระ (Degrees of freedom)

MS : ค่าเฉลี่ยกำลังสอง (Mean squares)

F value : ค่า F

H0 : สมมติฐานไร้นัยสำคัญ (Null hypothesis)

H1 : สมมติฐานทางเลือก (Alternative hypothesis)

σ^2 : ค่าความแปรปรวน

y_{ijk} : ผลตอบสนองที่สังเกตได้เมื่อปัจจัยตัวที่ 1 อยู่ในระดับ i และปัจจัยตัวที่ 2 อยู่ในระดับ j สำหรับ เรพลีเคตที่ k

μ : ค่าเฉลี่ยทั้งหมด

τ_i : ผลที่เกิดจากระดับที่ i ของแถวของปัจจัย

β_j : ผลที่เกิดจากระดับที่ j ของสดมภ์ของปัจจัย

$(\tau\beta)_{ij}$: ผลที่เกิดจากการปฏิสัมพันธ์ระหว่าง τ_i กับ β_j

ϵ_{ijk} : องค์ประกอบของความผิดพลาดแบบสุ่ม

S_y : ค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน

$\bar{Y}$: ค่าเฉลี่ยของสิ่งตัวอย่าง

RP : พิสัยที่มีนัยสำคัญน้อยที่สุด

$r\alpha(p,f)$: ค่าพิสัยที่มีนัยสำคัญ

p : จำนวนทริตเมนต์ที่ทำการศึกษา

f : ค่าองศาแห่งความอิสระของตัวประมาณค่าความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน