

บทที่ 3

วิธีดำเนินการวิจัย

การวิจัยครั้งนี้ได้นำทฤษฎีของเจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่ายและเจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจายมาเปรียบเทียบ โดยมีการปรับเปลี่ยนค่าพารามิเตอร์ต่างๆ เพื่อวัดประสิทธิภาพและหาข้อดีข้อเสีย โดยใช้ปัญหาการเดินทางของเซลส์แมน (Traveling Salesman Problem หรือ TSP) เป็นปัญหาในการทดสอบอัลกอริทึมทั้งสองแบบ โดยมีวิธีการดำเนินการวิจัยดังนี้

1. ศึกษาเอกสาร ทฤษฎีที่จะนำมาใช้ และงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง และรวบรวมข้อมูลในการวัดประสิทธิภาพและปัญหาที่นำมาวัดประสิทธิภาพ
2. วิเคราะห์ปัญหาการเดินทางของเซลส์แมนและออกแบบข้อมูลที่จะนำไปใช้
3. ประยุกต์เจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่ายกับปัญหาการเดินทางของเซลส์แมน
4. ประยุกต์เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจายกับปัญหาการเดินทางของเซลส์แมน
5. กำหนดรายละเอียดพารามิเตอร์และรายละเอียดในการเปรียบเทียบ
6. เครื่องมือที่ใช้ในการวิจัย
7. พัฒนาโปรแกรมเพื่อแก้ปัญหาในการเดินทางของเซลส์แมนโดยใช้เจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่ายและเจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย เพื่อทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพ
8. รวบรวมข้อมูลในการทดลอง
9. เปรียบเทียบประสิทธิภาพเพื่อหาข้อดี ข้อเสีย ในการแก้ไขปัญหของเจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่ายและเจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย

1. ศึกษาเอกสาร ทฤษฎีที่จะนำมาใช้ และงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง และรวบรวมข้อมูลในการวัดประสิทธิภาพและปัญหาที่นำมาวัดประสิทธิภาพ

ผู้วิจัยได้ศึกษาทฤษฎีของเจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่ายและเจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย และเอกสารงานวิจัยที่เกี่ยวข้องเพื่อนำมาเป็นพื้นฐานในการทำวิจัย ตลอดจนการปรับพารามิเตอร์ต่างๆของเจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่าย เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย และวิธีการวัดประสิทธิภาพเพื่อนำมาเปรียบเทียบหาข้อดีข้อเสีย โดยเสนอรายละเอียดของทฤษฎีงานวิจัยที่เกี่ยวข้องไว้ในบทที่ 2

2. วิเคราะห์ปัญหาการเดินทางของเซลล์แมนและออกแบบข้อมูลที่น่าไปใช้

งานวิจัยนี้ได้ใช้ปัญหาการเดินทางของเซลล์แมนเป็นปัญหามาตรฐาน เพราะปัญหาการเดินทางของเซลล์แมนสามารถเพิ่มขนาดของปัญหาให้ใหญ่ขึ้นได้เรื่อยๆ ขึ้นอยู่กับข้อมูลของเส้นทางที่มี ในงานวิจัยนี้ใช้ข้อมูลในการเดินทางของเซลล์แมนในการเดินทางในประเทศไทย

ฐานข้อมูลในการพัฒนาโปรแกรม มีทั้งหมด 2 ตาราง โดยตารางแรกประกอบไปด้วยรหัสจังหวัด (Code) ชื่อของจังหวัด และภูมิภาคที่ตั้งของจังหวัด ประกอบไปด้วย 6 ภูมิภาค 76 จังหวัด มีรายละเอียดดังตารางต่อไปนี้

1. ภาคกลาง(Central region)

ภาคกลางมีทั้งหมด 12 จังหวัดโดยใช้รหัสจังหวัดตั้งแต่ c01 ถึง c12 สามารถแสดงได้ดังตารางต่อไปนี้

ตาราง 2 แสดงรายละเอียดจังหวัดของภาคกลาง (Central region)

รหัสจังหวัด Code	จังหวัด Provinces	ภูมิภาค (Regions)
c01	อ่างทอง Ang Thong	ภาคกลาง Central region
c02	อยุธยา Ayutthaya	
c03	กรุงเทพ Bangkok	
c04	ชัยนาท Chainat	
c05	ลพบุรี Lop Buri	
c06	นครปฐม Nakhon Pathom	
c07	นนทบุรี Nonthaburi	
c08	ปทุมธานี Patumthani	
c09	สมุทรปราการ Samut Prakan	
c10	สมุทรสาคร Samut Sakhon	
c11	สระบุรี Saraburi	
c12	สิงห์บุรี Sing Buri	

2. ภาคตะวันออก (Eastern region)

ภาคตะวันออกมีทั้งหมด 8 จังหวัดโดยใช้รหัสจังหวัดตั้งแต่ c13 ถึง c20 สามารถแสดงได้ดังตารางต่อไปนี้

ตาราง 3 แสดงรายละเอียดจังหวัดของภาคตะวันออก (Eastern region)

Code	จังหวัด Provinces	ภูมิภาค (Region)
c13	ฉะเชิงเทรา Chachoengsao	ภาคตะวันออก Eastern region
c14	จันทบุรี Chanthaburi	
c15	ชลบุรี Chon Buri	
c16	นครนายก Nakhon Nayok	
c17	ปราจีนบุรี Prachin Buri	
c18	ระยอง Rayong	
c19	สระแก้ว Sa Kaew	
c20	ตราด Trat	

3. ภาคเหนือ (Northern region)

ภาคเหนือมีทั้งหมด 17 จังหวัดโดยใช้รหัสจังหวัดตั้งแต่ c21 ถึง c37 สามารถแสดงได้ดังตารางต่อไปนี้

ตาราง 4 แสดงรายละเอียดจังหวัดของภาคเหนือ (Northern region)

รหัสจังหวัด Code	จังหวัด Provinces	ภูมิภาค (Region)
c21	เชียงใหม่ Chiang Mai	ภาคเหนือ Northern region
c22	เชียงราย Chiang Rai	
c23	กำแพงเพชร Kamphaeng Phet	
c24	ลำปาง Lampang	
c25	ลำพูน Lamphun	
c26	แม่ฮ่องสอน Mae Hong Son	
c27	นครสวรรค์ Nakhon Sawan	
c28	น่าน Nan	
c29	พะเยา Phayao	
c30	เพชรบูรณ์ Phetchabun	
c31	พิจิตร Phichit	
c32	พิษณุโลก Phitsanulok	
c33	แพร่ Phrae	
c34	สุโขทัย Sukhothai	
c35	ตาก Tak	
c36	อุทัยธานี Uthai Thani	
c37	อุดรดิตถ์ Uttaradit	

4. ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ (Northeastern region)

ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ (Northeastern region) มีทั้งหมด 19 จังหวัดโดยใช้รหัสจังหวัดตั้งแต่ c38 ถึง c56 สามารถแสดงได้ดังตารางต่อไปนี้

ตาราง 5 แสดงรายละเอียดจังหวัดของ ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ (Northeastern region)

รหัสจังหวัด Code	จังหวัด Provinces	ภาค (Regions)
c38	อำนาจเจริญ Amnat Charoen	ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ NorthEastern region
c39	บุรีรัมย์ Buriram	
c40	ชัยภูมิ Chaiyaphum	
c41	กาฬสินธุ์ Kalasin	
c42	ขอนแก่น Khon Kaen	
c43	เลย loei	
c44	มหาสารคาม Maha Sarakham	
c45	มุกดาหาร Mukdahan	
c46	นครพนม Nakhon phanom	
c47	นครราชสีมา Nakhon Ratchasima	
c48	หนองบัวลำพู Nong Bua Lamphu	
c49	หนองคาย Nong Khai	
c50	ร้อยเอ็ด Roiet	
c51	สกลนคร Sakon Nakhon	
c52	ศรีสะเกษ Sisaket	
c53	สุรินทร์ Surin	
c54	อุบลราชธานี Ubon Ratchathani	
c55	อุดรธานี Udon Thani	
c56	ยโสธร Yasothon	

5. ภาคใต้ (Southern region)

ภาคใต้ (Southern region) มีทั้งหมด 14 จังหวัด โดยใช้รหัสจังหวัดตั้งแต่ c57 ถึง c70 สามารถแสดงได้ดังตารางต่อไปนี้

ตาราง 6 แสดงรายละเอียดจังหวัดของภาคใต้ (Southern region)

รหัสจังหวัด Code	จังหวัด Provinces	ภูมิภาค (Regions)
c57	ชุมพร Chumphon	ภาคใต้ Southern region
c58	กระบี่ Krabi	
c59	นครศรีธรรมราช Nakhon Si Thammarat	
c60	นารายวาส Narathiwat	
c61	ปัตตานี Pattani	
c62	พังงา Phangnga	
c63	พัทลุง Phatthalung	
c64	ภูเก็ต Phuket	
c65	ระนอง Ranong	
c66	สตูล Satun	
c67	สงขลา Songkla	
c68	สุราษฎร์ธานี Surat Thani	
c69	ตรัง Trang	
c70	ยะลา Yala	

6. ภาคตะวันตก (Western region)

ภาคตะวันตก (Western region) มีทั้งหมด 6 จังหวัด โดยใช้รหัสจังหวัดตั้งแต่ c71 ถึง c76 สามารถแสดงได้ดังตารางต่อไปนี้

ตาราง 7 แสดงรายละเอียดจังหวัดของภาคตะวันตก (Western region)

รหัสจังหวัด	จังหวัด (Provinces)	ภูมิภาค (Regions)
c71	กาญจนบุรี Kanchanaburi	ภาคตะวันตก Western region
c72	เพชรบุรี Phetchaburi	
c73	ประจวบคีรีขันธ์ Prachuap Khiri Khan	
c74	ราชบุรี Ratchaburi	
c75	สมุทรสงคราม Samut Songkram	
c76	สุพรรณบุรี Suphan Buri	

จากตารางดังกล่าวแสดงให้เห็นถึงรายละเอียดของจังหวัดและรหัสจังหวัดที่กำหนดขึ้น เพื่อแทนชื่อจังหวัดในฐานข้อมูล ตารางที่สองเป็นระยะทางระหว่างจังหวัด โดยจะเลือกใช้เส้นทางที่สั้นที่สุดในการเดินทาง สามารถแสดงได้ดังตารางตัวอย่างต่อไปนี้

ตาราง 8 ตัวอย่างระยะทางระหว่างจังหวัด

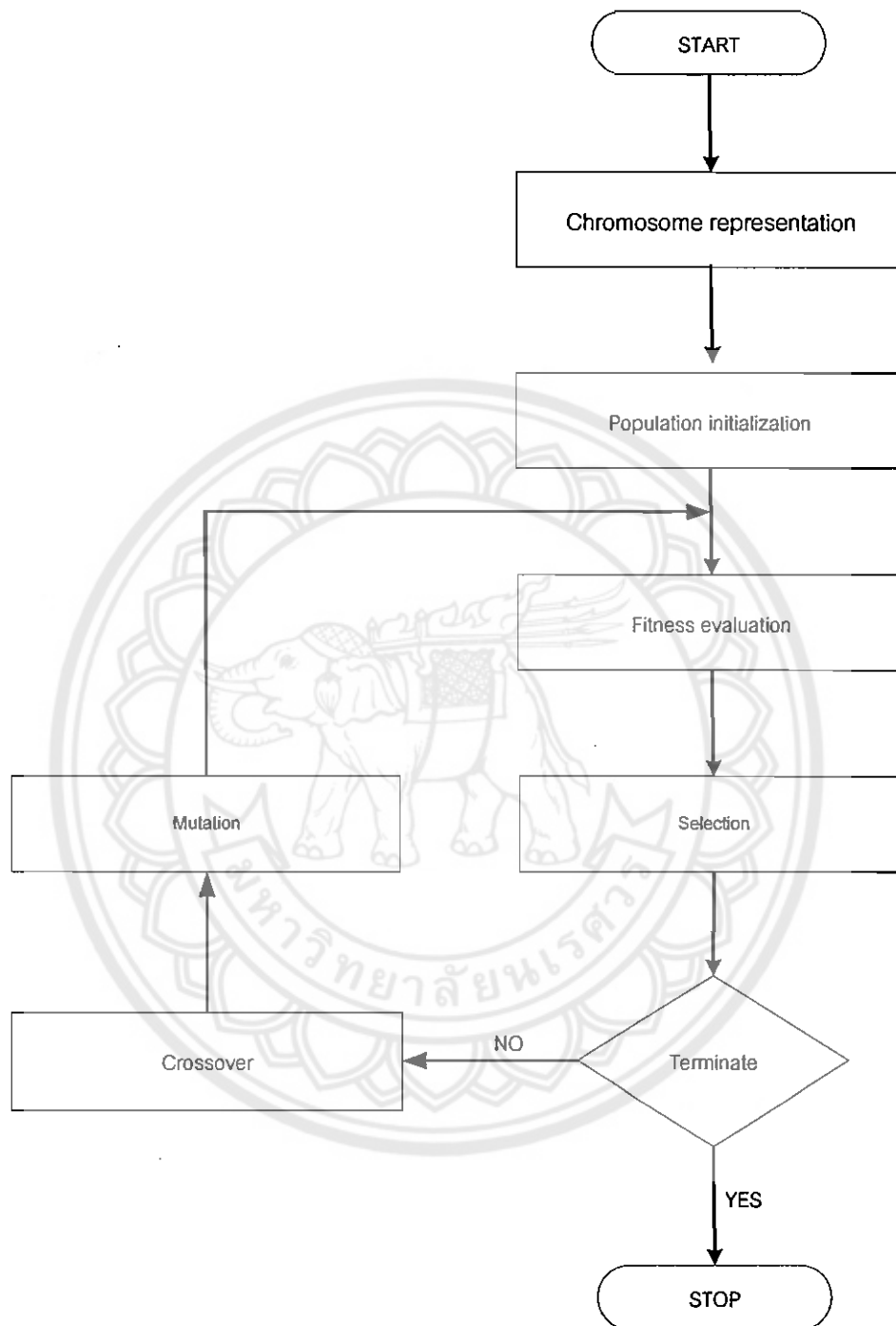
จังหวัดต้นทาง	จังหวัดปลายทาง	ระยะทาง (กิโลเมตร)
c03	c02	76
c03	c01	105
c03	c12	142
c03	c04	194
c03	c36	219

3. ประยุกต์เจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่ายกับปัญหาการเดินทางของเซลล์แมน

สามารถประยุกต์ปัญหาการเดินทางของเซลล์แมนตามขั้นตอนของเจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่ายและสามารถแสดงได้ดังโครงสร้าง ดังนี้

- 3.1 กำหนดรูปแบบโครโมโซม (Chromosome representation)
- 3.2 สร้างประชากรเริ่มต้น (Population initialization)
- 3.3 การประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness evaluation)
- 3.4 การคัดสรร (Selection)
- 3.5 การตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน (Terminate)
- 3.6 การสลับสายพันธุ์ (Crossover)
- 3.7 การผ่าเหล่า (Mutation)





ภาพ 7 แสดงโครงสร้างการประยุกต์เจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่ายกับปัญหาการเดินทางของ เซลล์แมน

3.1 กำหนดรูปแบบโครโมโซม (Chromosome representation)

โครโมโซมประกอบไปด้วยยีน ซึ่งแต่ละยีนคือจังหวัดต่างๆ ที่เซลล์แมนจะต้องเดินทางผ่าน รูปแบบของโครโมโซมในการเดินทางของเซลล์แมนคือนำจังหวัดมาเรียงต่อกันโดยจังหวัดเริ่มต้นและจังหวัดสุดท้ายเป็นจังหวัดเดียวกันโดยเซลล์แมนจะเดินทางวนกลับมายังจังหวัดเริ่มต้น จังหวัดทั้งหมดมี 76 จังหวัดแทนด้วยรหัส ตั้งแต่ c01 ถึง c76 แต่ละโครโมโซมจะต้องมีจำนวนของจังหวัดที่เท่ากันทำให้ความยาวของแต่ละโครโมโซมยาวเท่ากัน

3.2 สร้างประชากรเริ่มต้น (Population initialization)

การสร้างประชากรเริ่มต้นต้องกำหนดจำนวนของประชากรว่าต้องการมีประชากรจำนวนเท่าใด การกำหนดจำนวนประชากรสำหรับปัญหาการเดินทางของเซลล์แมนจะกำหนดจากจำนวนประชากรจำนวนน้อยและเพิ่มจำนวนประชากรมากขึ้นเรื่อย เพื่อค้นหาว่าประชากรจำนวนเท่าใดถึงจะเหมาะสมมากที่สุดในการค้นหาเส้นทางที่สั้นที่สุด

3.3 การประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness evaluation)

การประเมินค่าความเหมาะสมของปัญหาการเดินทางของเซลล์แมน ค่าความเหมาะสมที่น้อยที่สุดเป็นโครโมโซมที่ดีที่สุด สำหรับปัญหาการเดินทางของเซลล์แมน สามารถแสดงการหาค่าความเหมาะสมได้ดังสมการดังต่อไปนี้ (Pullan, W)

$$\min f(\underline{x}) = \left(\sum_{i=1}^{n-1} d_{x_i x_{i+1}} \right) + d_{x_n x_1}$$

โดยที่ $\underline{x}$ คือ เวกเตอร์ของการสับเปลี่ยนของเมืองจำนวน n เมือง ในเซตของเมือง $\{1, 2, \dots, n\}$ หรือ คือลำดับหรือรูปแบบของการเดินทางแบบต่าง ๆ จำนวน n เมือง

x_i คือ เมืองที่ i ของลำดับการเดินทาง ในเวกเตอร์ $\underline{x}$

d_{ij} คือ ระยะทางระหว่างเมือง i กับเมือง j

สามารถแทนค่าได้ดังตัวอย่างต่อไปนี้

$$\begin{aligned} X &= [x_1 \ x_2 \ x_3 \ x_4 \ x_5] \\ X &= [c_{01}, c_{02}, c_{03}, c_{04}, c_{05}] + c_{01} \\ X &= [c_{01}, c_{02}, c_{03}, c_{05}, c_{04}] + c_{01} \\ X &= [c_{01}, c_{03}, c_{05}, c_{02}, c_{04}] + c_{01} \end{aligned}$$

นำระยะทางทั้งหมดมารวมกันเช่น

$$\begin{aligned} X &= (c_{01} + c_{02}), (c_{02} + c_{03}), (c_{03} + c_{04}) + (c_{04} + c_{05}) + (c_{05} + c_{01}) \\ X &= (c_{01} + c_{02}), (c_{02} + c_{03}), (c_{03} + c_{05}) + (c_{05} + c_{04}) + (c_{04} + c_{01}) \\ X &= (c_{01} + c_{03}), (c_{03} + c_{05}), (c_{05} + c_{02}) + (c_{02} + c_{04}) + (c_{05} + c_{01}) \end{aligned}$$

เนื่องจากกระบวนการคัดสรรจะเลือกค่ามากที่สุดเป็นโครโมโซมที่ดีที่สุด แต่ในปัญหาการเดินทางของเซลล์แมนค่าที่มากที่สุดจะเป็นโครโมโซมที่แย่ที่สุด ค่าที่น้อยที่สุดเป็นโครโมโซมที่ดีที่สุด ดังนั้นจึงต้องมีการแปลงค่าจากค่าน้อยเป็นค่ามากก่อนจะนำค่าความเหมาะสมเข้าไปสู่กระบวนการคัดสรร โดยนำค่าความเหมาะสมแต่ละโครโมโซมรวมกันลบด้วยโครโมโซมแต่ละตัว สามารถแสดงได้ดังสมการต่อไปนี้

$$f(c_i) = \left[\sum_{j=1}^{pop_size} d(c_j) \right] - d(c_i)$$

โดยที่ $f(c_i)$ = ค่าความเหมาะสมของโครโมโซม i
 $d(c_i)$ = ระยะทางรวมของโครโมโซม i
 $d(c_j)$ = ระยะทางรวมของโครโมโซม j

จากสมการสามารถแสดงได้ดังตัวอย่างต่อไปนี้

$$\begin{aligned} chromosome1 &= (chromosome1 + chromosome2 + chromosome3) - \\ &\quad chromosome1 \\ chromosome2 &= (chromosome1 + chromosome2 + chromosome3) - \\ &\quad chromosome2 \\ chromosome3 &= (chromosome1 + chromosome2 + chromosome3) - \\ &\quad chromosome3 \end{aligned}$$

3.4 การคัดสรร (Selection)

การคัดสรรมีหลายวิธี ในงานวิจัยนี้ได้เลือก การคัดสรรวิธีวงล้อสุ่ม เพราะเป็นวิธีที่ง่าย และเป็นที่ยอมรับ การคัดสรรของวงล้อสุ่มมีกระบวนการในการคัดสรรดังนี้

3.4.1 นำค่าที่ได้จากการประเมินค่าความเหมาะสมที่ได้รับการแปลงจากค่าน้อยเป็นค่ามากแล้วมาเข้าสู่กระบวนการคัดสรร

3.4.2 นำค่าความเหมาะสมที่ได้แทนค่าในสมการและดำเนินการตามขั้นตอนการคัดสรร ที่ได้กล่าวไว้ในบทที่ 2 กระบวนการคัดสรร (selection)

3.5 การตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงาน (Terminate)

การตรวจสอบเงื่อนไขหยุดการทำงานเป็นการตรวจสอบว่ามีการทำงานครบตามเงื่อนไขหรือไม่ถ้ายังไม่ครบตามเงื่อนไขที่กำหนดให้ทำตามกระบวนการของเจเนติกส์ อัลกอริทึมต่อไป แต่ถ้าครบตามเงื่อนไขที่กำหนดให้หยุดการทำงาน

3.6 การสลับสายพันธุ์ (Crossover)

การสลับสายพันธุ์ในปัญหาการเดินทางของเซลล์แมน เป็นการนำจังหวัดภายในโครโมโซมมาทำการสลับตำแหน่งกัน เพื่อให้เกิดการพัฒนาในการค้นหาเส้นทางที่สั้นที่สุด ในงานวิจัยนี้ได้เลือกการสลับสายพันธุ์แบบ one point วิธีการสลับสายพันธุ์แบบนี้ถือเป็นการสลับสายพันธุ์ที่ง่ายและเป็นที่ยอมรับ เมื่อนำมาประยุกต์ใช้กับปัญหาการเดินทางของเซลล์แมนแสดงได้ดังตัวอย่างต่อไปนี้

โครโมโซมพ่อ [c01,c02,c03,c04,c05,c06,c07,c08]

โครโมโซมแม่ [c02,c01,c06,c03,c04,c08,c07,c05]

โครโมโซมลูกชุดที่ 1 [c01,c02,c03,c04,c06,c08,c07,c05]

โครโมโซมลูกชุดที่ 2 [c02,c01,c06,c03,c04,c05,c07,c08]

3.7 การผ่าเหล่า (Mutation)

การกลายพันธุ์ในปัญหาการเดินทางของเซลล์แมน เป็นการสลับตำแหน่งของจังหวัดภายในโครโมโซมที่ได้ทำการสุ่มเลือกขึ้นมา 1 โครโมโซม ในงานวิจัยนี้ได้เลือกการกลายพันธุ์แบบ Adjacent two genes change วิธีการผ่าเหล่าแบบนี้เป็นการผ่าเหล่าที่ให้ผลเฉลยที่ดีที่สุด (Todd,1997) มีขั้นตอนการผ่าเหล่าดังที่ได้กล่าวไว้ในบทที่ 2 ข้อ 1.8.3 เมื่อนำมาประยุกต์ใช้กับปัญหาการเดินทางของเซลล์แมนแสดงได้ดังตัวอย่างต่อไปนี้

โครโมโซมต้นแบบ [c01,c02,c03,c04,c05,c06,c07,c08]

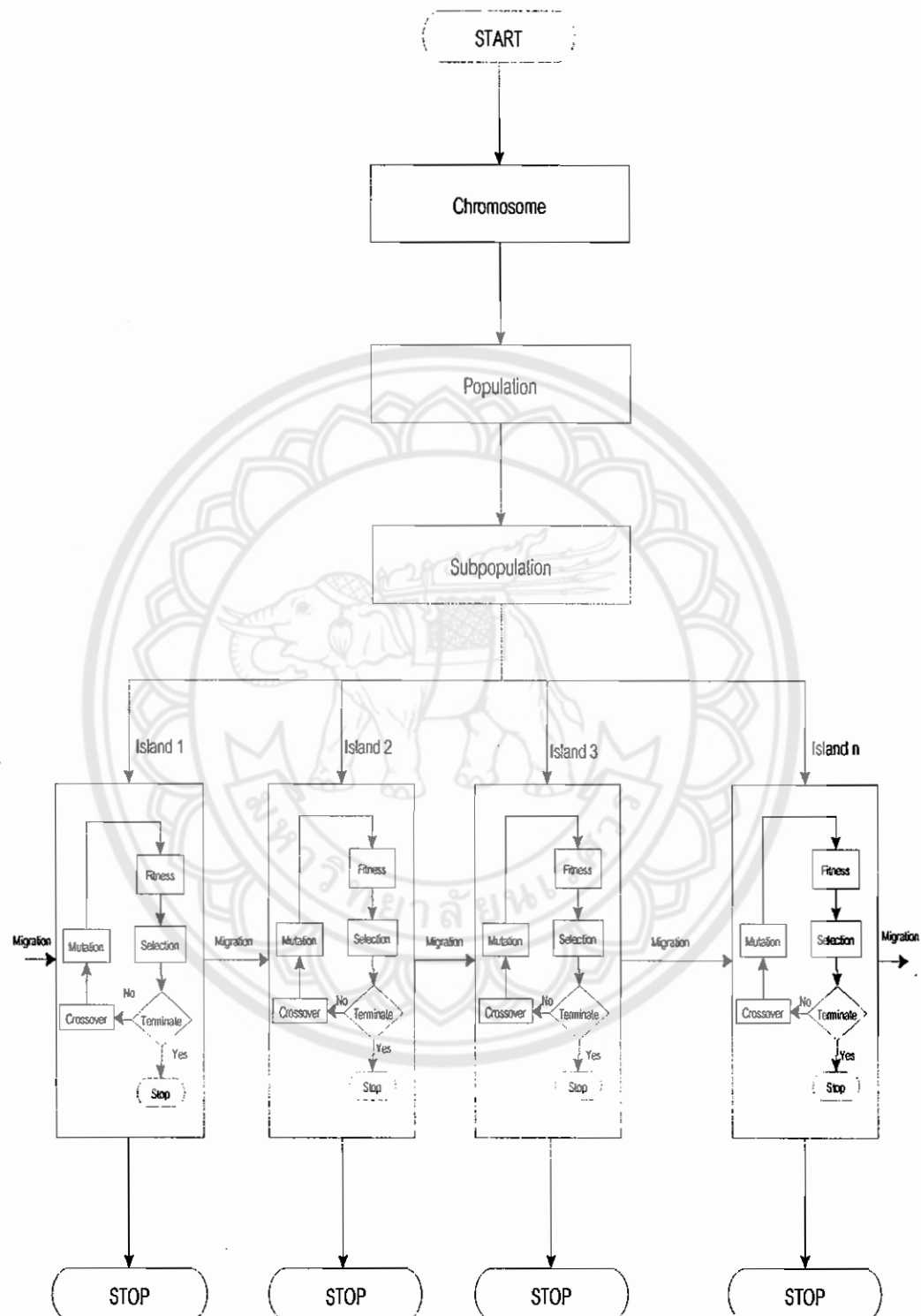
โครโมโซมลูก [c01,c03,c02,c04,c05,c06,c07,c08]

4. ประยุกต์เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจายกับปัญหาการเดินทางของเซลล์แมน

งานวิจัยนี้ได้เลือกใช้เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจายชนิด Coarse-Grain GA's (Island model) เพราะมีความนิยมสูง และรูปแบบของโมเดลเป็นแบบ Heterogeneous Island GA's เนื่องจาก slave แต่ละตัวมีคุณสมบัติของเครื่องไม่เหมือนกัน

สามารถประยุกต์ปัญหาการเดินทางของเซลล์แมนตามขั้นตอนของเจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจายและสามารถแสดงโครงสร้างได้ดังต่อไปนี้

- 4.1 กำหนดรูปแบบโครโมโซม (Chromosome representation)
- 4.2 สร้างประชากรเริ่มต้น (Population initialization)
- 4.3 แบ่งประชากรให้เป็นประชากรกลุ่มย่อย (Subpopulation)
- 4.4 กระจายประชากรกลุ่มย่อยไปแต่ละ Slave
- 4.5 การประมวลผลแต่ละ Slave
- 4.6 การอพยพ (Migration)
- 4.7 การรวมกลุ่มประชากร (Total population)



ภาพ 8 แสดงโครงสร้างการประยุกต์เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจายกับปัญหาการเดินทางของเซลส์แมน

4.1 กำหนดรูปแบบโครโมโซม (Chromosome representation)

การกำหนดรูปแบบโครโมโซมของเจเนติกส์แบบกระจายมีวิธีการเช่นเดียวกับเจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่าย เนื่องจากกระบวนการของเจเนติกส์แบบกระจายเป็นการกระจายการทำงานบางส่วนของเจเนติกส์อย่างง่ายออกเป็นหลาย Slave แต่การกำหนดรูปแบบโครโมโซมจะถูกกำหนดที่ Master ก่อนทำการกระจายการทำงานไปยัง Slave

4.2 สร้างประชากรเริ่มต้น (Population initialization)

เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจายมีวิธีการสร้างประชากรเริ่มต้น เช่นเดียวกับเจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่าย ได้อธิบายไว้ในหัวข้อ 3.2 สร้างประชากรเริ่มต้น (Population initialization) ในบทที่ 3

4.3 แบ่งประชากรให้เป็นประชากรกลุ่มย่อย (Subpopulation)

เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจายหลังจากการสร้างประชากร จะแบ่งประชากรออกเป็นประชากรกลุ่มย่อย จำนวนของประชากรที่แบ่งเป็นกลุ่มย่อยจะต้องมีจำนวนที่เท่ากัน (Balance load) กระจายประชากรกลุ่มย่อยไปยังเครื่อง Slave

4.4 กระจายประชากรกลุ่มย่อยไปแต่ละ Slave

การกระจายประชากรกลุ่มย่อยไปแต่ละ Slave เพื่อทำการประมวลผลในขั้นตอนของเจเนติกส์ต่อไป โดยแต่ละ Slave มีคุณสมบัติของ Processor ที่ไม่เหมือนกัน (Heterogeneous) เพราะมีข้อจำกัดด้านทรัพยากรของอุปกรณ์ที่นำมาทำการทดลองจึงทำให้แต่ละ Slave มีคุณสมบัติไม่เหมือนกัน

4.5 การประมวลผลแต่ละ Slave

การทำงานภายใน Slave จะทำตามขั้นตอนของเจเนติกส์อย่างง่ายคือการประเมินค่าความเหมาะสม การคัดสรร การตรวจสอบเงื่อนไขของการทำงาน การสลับสายพันธุ์ และการผ่าเหล่า ในแต่ละ Slave จะเริ่มทำงานพร้อมกัน แต่อาจจะประมวลผลเสร็จไม่พร้อมกัน เนื่องจากคุณสมบัติของเครื่องไม่เหมือนกัน

4.6 การอพยพ (Migration)

งานวิจัยในครั้งนี้ได้เลือกผู้อพยพ (Migrant selection) ด้วยวิธีการสุ่มเลือกโครโมโซมจาก Slave หนึ่งไปวางยัง Slave ถัดไปด้วยวิธีการสุ่ม เลือกการอพยพแบบ Stepping stone model เนื่องจากเป็นรูปแบบที่มีการกำหนดตำแหน่งของ Slave ในการอพยพโครโมโซมจาก Slave เครื่องใดไปวางที่ Slave ตัวใด และความถี่ในการอพยพ การอพยพจะเกิดขึ้นในเจเนอเรชันที่ทำได้ผู้ใช้เป็นผู้กำหนด ในการอพยพในแต่ละครั้งจะต้องรอให้ทุก Slave ประมวลผลจนถึงเจเนอเรชันที่กำหนดทุกเครื่องก่อนจึงทำการอพยพ

4.7 การรวมกลุ่มประชากร (Total population)

หลังจาก Slave ประมวลผลครบตามเงื่อนไขที่กำหนด จะส่งกลุ่มของประชากรกลับไปยัง Master เพื่อทำการตรวจสอบคำตอบว่าคำตอบใดเป็นคำตอบที่เหมาะสมในการเดินทางของเซลล์แมนมากที่สุดโดยดูจากระยะทางที่สั้นที่สุด

5. กำหนดรายละเอียดพารามิเตอร์และรายละเอียดในการเปรียบเทียบ

การปรับเปลี่ยนค่าพารามิเตอร์เพื่อวัดประสิทธิภาพในการทำงานของเจเนติกส์อัลกอริทึม ทั้ง 2 วิธี เพื่อนำค่าที่ได้ทำการเปรียบเทียบ ซึ่งได้ทำการปรับค่าพารามิเตอร์ต่างกัน พารามิเตอร์ที่ทำการแปรค่าในงานวิจัยในครั้งนี้คือ

5.1 ความยาวโครโมโซม (Chromosome length) แปรค่าความยาวของโครโมโซมโดยทำการเพิ่มจำนวนจังหวัดที่เซลล์แมนต้องเดินทางผ่าน เพิ่มจำนวนจังหวัดที่ต้องเดินทางผ่าน

5.2 จำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ (Crossover) แปรค่าของจำนวนโครโมโซมที่นำมาทำการสลับสายพันธุ์

5.3 จำนวน Slave ในการทดลองนี้มีการเพิ่มจำนวนของเครื่องคอมพิวเตอร์ในการประมวลผลในส่วนของเจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจายโดยเพิ่มจำนวน Slave เป็น 2 และ 4 เครื่องตามลำดับ

ในการเปรียบเทียบแต่ละรูปแบบจะกำหนดค่าตัวแปรอื่นให้คงที่โดยจะแปรเฉพาะค่าที่ทำให้การเปรียบเทียบเท่านั้นสามารถแสดงการเปรียบเทียบได้ดังต่อไปนี้

5.1 เปรียบเทียบเวลาประมวลผลทั้งหมด (total time) ของเจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่ายและเจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย ดังนี้

5.1.1 เจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่ายจำนวนโครโมโซมการสลับสายพันธุ์ 35%

5.1.2 เจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่ายจำนวนโครโมโซมการสลับสายพันธุ์ 65%

5.1.3 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย 2 slave จำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 35%

5.1.4 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย 2 slave จำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 65%

5.1.5 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย 4 slave จำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 35%

5.1.6 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย 4 slave จำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 65%

สามารถกำหนดพารามิเตอร์ในการทดลองได้ดังตารางต่อไปนี้

ตาราง 9 แสดงค่าพารามิเตอร์ในการเปรียบเทียบเวลาในการประมวลผลทั้งหมด

ค่าพารามิเตอร์	เจเนติกส์อัลกอริทึม อย่างง่าย	เจเนติกส์อัลกอริทึม แบบกระจาย
		2,4 slave
จำนวนประชากร	100	100
ความยาวโครโมโซม	8,16,32	8,16,32
จำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์	35,65%	35,65%
จำนวนโครโมโซมการผ่าเหล่า	0.01%	0.01%
จำนวนเจเนอเรชั่น	60	60
อัตราการอพยพ(%)	-	10%
ความถี่ในการอพยพ (เจเนอเรชั่น)	-	20

5.2 เปรียบเทียบความเร็วในการประมวลผลที่เพิ่มขึ้น (Speedup) สามารถคำนวณได้จาก $(\text{Speedup} = \text{Total time of SGA/DGA})$ ของเฉพาะเจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย ถ้าแปรค่าของความยาวโครโมโซม (Chromosome length) แล้วมีผลต่อความเร็วที่เพิ่มขึ้น (Speed up) อย่างไร กำหนดพารามิเตอร์เช่นเดียวกับตารางที่ 9 และสามารถกำหนดรายละเอียดในการเปรียบเทียบได้ดังต่อไปนี้

5.2.1 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย 2 slave จำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 35%

5.2.2 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย 2 slave จำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 65%

5.2.3 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย 4 slave จำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 35%

5.2.4 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย 4 slave จำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 65%

5.3 เปรียบเทียบความเร็วในการประมวลผลที่เพิ่มขึ้น (Speedup) ของเจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจายเมื่อจำนวนของตัวประมวลผลเพิ่มมากขึ้นส่งผลกระทบต่อความเร็วอย่างไร กำหนดพารามิเตอร์เช่นเดียวกับตารางที่ 9 และสามารถกำหนดรายละเอียดในการเปรียบเทียบได้ดังต่อไปนี้

5.3.1 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย ความยาวโครโมโซม 8 จังหวัด จำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 35%

5.3.2 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย ความยาวโครโมโซม 8 จังหวัด จำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 65%

5.3.3 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย ความยาวโครโมโซม 16 จังหวัดจำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 35%

5.3.4 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย ความยาวโครโมโซม 16 จังหวัดจำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 65%

5.3.5 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย ความยาวโครโมโซม 32 จังหวัดจำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 35%

5.3.6 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย ความยาวโครโมโซม 32 จังหวัดจำนวน
โครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 65%

5.4 เปรียบเทียบความยาวของโครโมโซม (chromosome length) มีผลต่อความ
เหมาะสม (fitness) อย่างไร กำหนดพารามิเตอร์เช่นเดียวกับตารางที่ 9 และสามารถกำหนด
รายละเอียดในการเปรียบเทียบได้ดังต่อไปนี้

5.4.1 เจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่ายจำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 35%

5.4.2 เจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่ายจำนวนโครโมโซมในการสลับสายพันธุ์ 65%

5.4.3 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจายจำนวน 2 slave จำนวนโครโมโซมในการ
สลับสายพันธุ์ 35%

5.4.4 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจายจำนวน 2 slave จำนวนโครโมโซมในการ
สลับสายพันธุ์ 65%

5.4.5 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจายจำนวน 4 slave จำนวนโครโมโซมในการ
สลับสายพันธุ์ 35%

5.4.6 เจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจายจำนวน 4 slave จำนวนโครโมโซมในการ
สลับสายพันธุ์ 65%

6. เครื่องมือที่ใช้ในการวิจัย

6.1 ฮาร์ดแวร์

6.1.1 เครื่องคอมพิวเตอร์ Notebook cpu Pentium® M Processor 1.6 GHz

6.1.2 ฮาร์ดดิสก์ขนาด 80 GB

6.1.3 หน่วยความจำ 768 MB

6.1.4 เครื่องคอมพิวเตอร์แบบตั้งโต๊ะ CPU Pentium® 4 3.00 GHz

6.1.5 ฮาร์ดดิสก์ขนาด 80 GB

6.1.6 หน่วยความจำ 512 MB

6.2 ซอฟต์แวร์

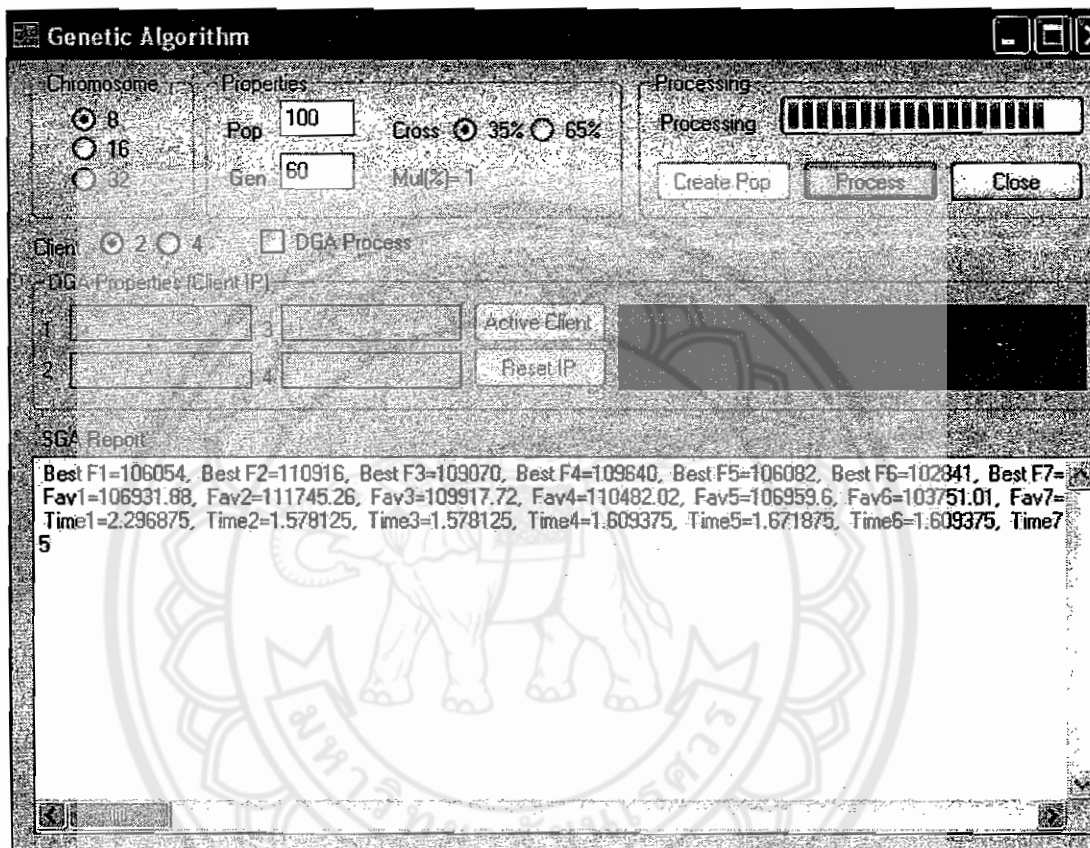
6.2.1 ระบบปฏิบัติการ Windows XP Professional

6.2.2 Microsoft visual basic 2005

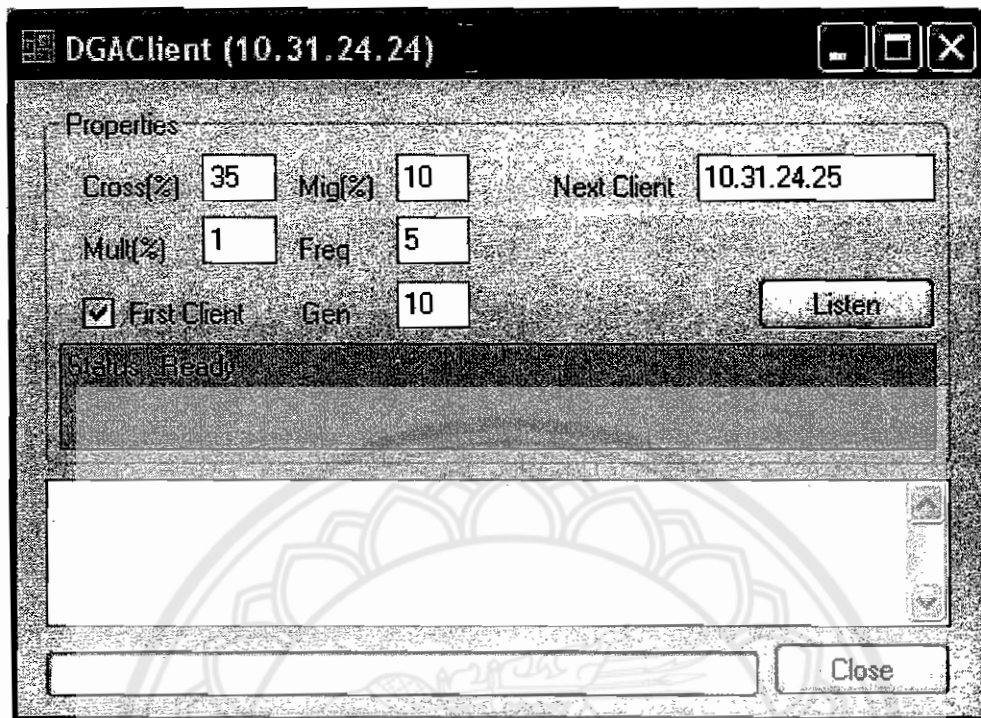
6.2.3 Microsoft Access 2003

6.2.4 Microsoft Excel 2003

7. พัฒนาโปรแกรมเพื่อแก้ปัญหาในการเดินทางของเซลล์แมนโดยใช้เจเนติกส์ อัลกอริทึมอย่างง่ายและเจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย เพื่อทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพ



ภาพ 9 แสดงหน้าจอ Master



ภาพ 10 แสดงหน้าจอ Client

8. รวบรวมข้อมูลในการทดลอง

เมื่อโปรแกรมทำการประมวลผล สิ่งที่ได้คือเวลาที่ใช้ในการประมวลผล ทำการจับเวลาในการประมวลผล เก็บข้อมูลของค่าเฉลี่ยของค่าความเหมาะสม (Average fitness) ค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุด (Best fitness) เก็บผลในรูปแบบของ Text File

9. เปรียบเทียบประสิทธิภาพเพื่อหาข้อดี ข้อเสีย ในการแก้ไขปัญหของเจเนติกส์ อัลกอริทึมอย่างง่ายและเจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย

ทำการเปรียบเทียบโดยนำผลลัพธ์ที่ได้จากการประมวลผล เพื่อดูประสิทธิภาพและสรุปผลในการเปรียบเทียบเพื่อหาข้อดีข้อเสีย ของเจเนติกส์อัลกอริทึมอย่างง่ายและเจเนติกส์อัลกอริทึมแบบกระจาย ได้อย่างชัดเจน และสรุปผลการทดลอง