



การแก้ปัญหาการเลือกสถานที่ตั้งและการมอบหมายเส้นทางแบบหลายลำดับขั้น หลายต้นกำเนิดและหลายจุดประสงค์ด้วยกระบวนการโมติฟายติฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน

Solving a Multi-Objective, Source & Stage Location-Allocation Problem Using MODDE

ทองพูน ทองดี^{1*} และ ระพีพันธุ์ ปีตาอะโส²

Thongpoon Thongdee^{1*} and Rapeepan Pitakaso²

¹นักศึกษาระดับปริญญาโท วิศวกรรมศาสตรดุษฎีบัณฑิต สาขาวิศวกรรมอุตสาหการ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี

²รองศาสตราจารย์ ภาควิชาวิศวกรรมอุตสาหการ คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยอุบลราชธานี

*Correspondent author: thongpoonthongdee@gmail.com

บทคัดย่อ

วัตถุประสงค์ของงานวิจัยนี้คือการเลือกโรงงานที่มีศักยภาพ ที่สามารถจะเปิดเป็นโรงงานเอทานอลได้ โดยโรงงานที่จะเปิดจะเลือกใช้ชานอ้อยจากโรงงานน้ำตาล และกากมันสำปะหลังจากโรงงานมันสำปะหลังอุตสาหกรรมมาเป็นวัตถุดิบของกระบวนการผลิต ภายใต้วัตถุประสงค์หลักด้านเศรษฐศาสตร์ สิ่งแวดล้อม และความปลอดภัย โดยได้กำหนดขอบเขตในพื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทยเป็นกรณีศึกษา ซึ่งงานวิจัยนี้เป็นรูปแบบการขนส่งแบบหลายลำดับขั้น หลายสถานที่และหลายวัตถุประสงค์ กระบวนการของการแก้ปัญหาเริ่มจากกำหนดแบบจำลองทางคณิตศาสตร์เพื่อเป็นตัวแทนของกรณีศึกษา และจากนั้นทำการแก้ปัญหาด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป Lingo v.11 แต่ไม่สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ หาคำตอบได้แค่ที่ใกล้เคียงเท่านั้นโดยที่ใช้เวลากว่า 5 ชั่วโมงในการคำนวณ ดังนั้นในงานวิจัยนี้เราจึงได้พัฒนาอัลกอริทึมที่มีการแก้ไขวิวัฒนาการ (MODDE) เพื่อแก้ปัญหากรณีศึกษา นี้ จากผลการคำนวณพบว่า MODDE ได้คำตอบที่ให้ต้นทุนสูงกว่าประมาณ 5% แต่ใช้เวลาเร็วกว่า Lingo 99%

Abstract

The objective of this research is to select some potential sites to be opened as the ethanol plants. The selected plants will use bagasse from sugar industries and cassava pulp from cassava flour industries as the raw material of their production process. The case study will scope in northeastern area of Thailand. The objectives function that we consider including economic, environmental and social risk objectives. The case study addressed above is the multi-stages multi objectives location allocation. The process of solving the case study is as following: firstly, we formulate the mathematical model to represent the case study and then solve it by optimization software package (Lingo v.11). Lingo v.11 can not find optimal solution but can find as lower bound solution and use time

more than 5 hours computational time. Currently in this article, we develop the modified differential evolutionary algorithm (MODDE) to solve the case study. From the computational result MODDE can find 5% higher cost than that of Lingo but use 99% less computational time.

คำสำคัญ: ปัญหาการเลือกสถานที่ตั้ง, ปัญหาการเลือกเส้นทาง, การตัดสินใจแบบหลายจุดประสงค์, ดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน

Keywords: Location allocation problem, Location routing problem, multi-objective optimization, Differential evolutionary algorithm

1. บทนำ

มีงานวิจัยหลายชิ้นที่พยายามแก้ปัญหา ในการสรรหาโอกาสที่จะเปิดโรงงานเอทานอลไม่ว่าจะเป็นโรงงานที่ใช้กากอ้อยหรือกากมันเป็นวัตถุดิบในการผลิตหรือแม้กระทั่งใช้ทั้งสองเป็นวัตถุดิบในโรงงานเดียวกัน เริ่มแรก Buddadee et al. (1,2) ทำการศึกษาการเลือกสถานที่ตั้งโรงงานเอทานอลที่ใช้ชานอ้อย โดยศึกษาถึงผลของควมคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์ และผลกระทบต่อสิ่งแวดล้อม และพบว่าการใช้ชานอ้อยดังกล่าวมีความคุ้มค่าทางเศรษฐศาสตร์และช่วยลดผลกระทบต่อสิ่งแวดล้อมในแง่การลดปริมาณก๊าซเรือนกระจกที่ปล่อยสู่ชั้นบรรยากาศ ต่อมา Nanthasamroeng et al. (3) ได้ศึกษาการแก้ปัญหาการเลือกสถานที่ตั้งโรงงานเอทานอลจากชานอ้อยแบบหลายจุดประสงค์ (multi-objectives) โดยที่การระบุปัญหาการเลือกสถานที่ตั้งจะมีลักษณะเฉพาะ 4 ประการ คือ 1. ที่ตั้งของลูกค้านั้นมีที่แน่นอนอยู่แล้ว 2. ที่ตั้งโรงงานที่ต้องการหาตำแหน่งที่ตั้งเอง 3. ที่ตั้งที่ลูกค้าและโรงงานตั้งอยู่ 4. ระยะทางในการเดินทางระหว่างโรงงานกับลูกค้า นอกจากนี้การศึกษายังเป็นการเลือกสถานที่ตั้งแบบสองระดับ ซึ่งเป็นการจัดเส้นทางการขนส่งยานพาหนะแบบสองระดับ (two-level location routing problem)

หลังจากนั้น ทองพูน และ ระพีพันธุ์ (4,5) ได้ทำการศึกษาในปัญหาเดียวกันกับนันทพงศ์แต่ขยายรูปแบบของปัญหาเป็นการเพิ่มแหล่งของวัตถุดิบเป็นหลายแหล่ง (Multi-Source) กล่าวคือมีการพิจารณาถึงแหล่งวัตถุดิบที่จะนำมาใช้ผลิตเอทานอลเป็นกากอ้อยและกากมัน โดยปัญหาดังกล่าวสามารถแก้ได้ด้วยโปรแกรม

สำเร็จรูป LINGO Version 11.0 ถ้าขนาดของปัญหานั้นมีขนาดเล็ก นั้นหมายความว่ามีความจำนวนโรงงานที่จะให้เลือกเปิดหรือเลือกส่งวัตถุดิบจำนวนน้อยแต่ก็ยังใช้เวลาในการคำนวณนานพอสมควร ซึ่งผลการทดลองที่ได้แต่ละครั้งไม่ต่ำกว่า 30 ชั่วโมง อย่างไรก็ตามการทดลองด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป LINGO Version 11 นั้นเมื่อทำการเพิ่มจำนวนขนาดของแหล่งวัตถุดิบและจุดที่มีศักยภาพในการตั้งโรงงานผลิตเอทานอลให้มีจำนวนมากขึ้น พบว่าไม่สามารถใช้โปรแกรมสำเร็จรูป LINGO Version 11 ในการแก้ปัญหาได้เนื่องจากหน่วยความจำสำรองของโปรแกรมไม่เพียงพอกับความซับซ้อนของปัญหาที่เพิ่มมากขึ้น ดังนั้นจึงมีความจำเป็นอย่างยิ่งที่จะต้องพัฒนาระบบการเมตาฮิวริสติกขึ้นมาเพื่อช่วยในการแก้ปัญหาให้ได้คำตอบที่เกือบดีที่สุดและใช้เวลาในการทดลองน้อยสุด

2. วิธีวิจัย

งานวิจัยจะแบ่งออกเป็น 3 ระยะ คือ ระยะเตรียมการ ระยะดำเนินการออกอัลกอริทึมและระยะหลังดำเนินการ โดยสามารถแบ่งออกได้เป็น 4 ขั้นตอนดังนี้

1. ตรวจสอบเอกสารงานวิจัยเกี่ยวกับกระบวนการเมตาฮิวริสติก ในเรื่องที่เกี่ยวข้องกับการแก้ปัญหาการเลือกเส้นทางและสถานที่ตั้ง (location routing problem) แบบหลายลำดับขั้น (multi-stage) หลายต้นกำเนิด (multi-source) และหลายจุดประสงค์ (multi-objective)

2. คัดเลือกระเบียบวิธีการอัลกอริทึมที่เหมาะสมกับปัญหาเหมาะสมกับกรณีศึกษา รวมทั้งตอบสนองต่อความท้าทายของผู้วิจัย

3. ออกแบบระเบียบวิธีการของอัลกอริทึมในการแก้ปัญหาและทำการทดสอบผล

4. สรุป อภิปรายผลการทดลอง

2.1 การทบทวนวรรณกรรม

2.1.1 กระบวนการเมตาฮิวริสติก

ระพีพันธ์ (6) ได้สรุปหลักการเบื้องต้นของเมตาฮิวริสติกไว้ว่า (1) เมตาฮิวริสติกมีระเบียบวิธีในการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดภายในเซตของคำตอบที่เป็นไปได้ (Feasible region), (2) เมตาฮิวริสติกมีวัตถุประสงค์เพื่อหาคำตอบที่ดีที่สุดหรือคำตอบที่ใกล้เคียงคำตอบที่ดีที่สุด, (3) วิธีการทางเมตาฮิวริสติกอาจมีทั้งแบบซับซ้อนและไม่ซับซ้อน, (4) เมตาฮิวริสติกเป็นขั้นตอนการประมาณคำตอบ, (5) เมตาฮิวริสติกอาจเกิดจากการรวมกันของหลายเทคนิคเพื่อค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดภายในพื้นที่คำตอบที่เป็นไปได้, (6) เมตาฮิวริสติกมีระเบียบขั้นตอนที่แน่นอนแต่สามารถปรับเปลี่ยนในรายละเอียดเมื่อนำไปใช้ในแต่ละปัญหา, (7) เมตาฮิวริสติกสามารถใช้ได้กับปัญหาที่หลากหลาย, (8) เมตาฮิวริสติกอาจเป็นคำบรรยายโดยย่อหรือเป็นหลักการทางคณิตศาสตร์ก็ได้ และ, (9) เมตาฮิวริสติกสับบางประเภทมีการใช้ความจำชั่วคราวเพื่อจำคำตอบเดิมซึ่งเป็นประโยชน์ในการค้นหาคำตอบใหม่ที่ไม่แตกต่างไปจากเดิม นอกจากนี้ ระพีพันธ์ (6) ยังได้เสนอวิธีการจำแนกเมตาฮิวริสติกออกเป็น 5 วิธีได้แก่ (1) เมตาฮิวริสติกที่เกิดจากแรงบันดาลใจทางธรรมชาติ เช่น วิธีระบบมด, วิธีการทางพันธุกรรม ฯลฯ และไม่เกิดจากแรงบันดาลใจทางธรรมชาติ เช่น วิธีการค้นหาต้องห้าม ฯลฯ, (2) เมตาฮิวริสติกแบบใช้ประชากร เช่น ระบบมด, วิธีการทางพันธุกรรม ฯลฯ และไม่ใช้ประชากร เช่น วิธีการเลียนแบบการรอบอ้อน, วิธีการค้นหาต้องห้าม ฯลฯ, (3) เมตาฮิวริสติกแบบเป้าหมายคงที่ เช่น วิธีระบบมด, วิธีการทางพันธุกรรม ฯลฯ และแบบเปลี่ยนสมการเป้าหมาย เช่น วิธี Guide local search ฯลฯ, (4) เมตาฮิวริสติกแบบที่มีการเปลี่ยนวิธีการหาคำตอบใกล้เคียง เช่น วิธีการค้นหาจากคำตอบใกล้เคียงแบบมีเงื่อนไข ฯลฯ และแบบที่วิธีการหาคำตอบใกล้เคียงคงที่ เช่น วิธีระบบมด, วิธีการทางพันธุกรรม ฯลฯ และ, (5) เมตาฮิวริสติกที่มีการใช้หน่วยความจำเช่นวิธีระบบมด, วิธีการค้นหาต้อง

ห้าม ฯลฯ และไม่ใช้หน่วยความจำ เช่น วิธีการค้นหาในพื้นที่บางส่วนของพื้นที่คำตอบที่เป็นไปได้แบบวนรอบ

2.1.2 สรุประเบียบวิธีอัลกอริทึมของเมตาฮิวริสติก

มีงานวิจัยจำนวนมากที่ได้เสนอวิธีอัลกอริทึมของเมตาฮิวริสติกที่เป็นที่นิยม ดังนั้นทางผู้วิจัยจึงได้สรุปมาเฉพาะในส่วนที่มีความสำคัญ และจะสามารถนำมาประยุกต์ใช้ในการศึกษาเพื่อหาสถานที่ตั้งโรงงานผลิตเอทานอลที่ใช้วัตถุดิบ มาจากชานอ้อยและกากมันที่มีต้นทุนการดำเนินการต่ำที่สุด ส่งผลกระทบต่อสิ่งแวดล้อมน้อยที่สุด มีความเสี่ยงด้านความปลอดภัยต่ำ ดังนี้

1) Ant colony optimization (ACO) Doerner et al. (7) ระเบียบวิธีที่เลียนแบบพฤติกรรม การหาแหล่งอาหารของมดจากแหล่งที่อยู่อาศัย เมื่อนำพฤติกรรมการหาอาหารของมดมาหาเชิงเลข ระเบียบวิธีนี้จะให้ผลดีในค่าคำตอบเหมาะสมปรากฏเฉพาะที่มีข้อจำกัดการประยุกต์ใช้ที่การกำหนดข้อจำกัด หากฟังก์ชันมีค่า Local Optima จำนวนมาก และเป็นค่าที่เท่ากันหรือใกล้เคียงกัน อาจจะไม่เจอ Global Optima เช่นเดียว กับพฤติกรรมมดที่เจออาหารในขนาดปริมาณที่เท่ากัน หลายจุด มดจะตอมเฉพาะจุดที่เจอก่อนเป็นจำนวนมาก แทนที่จะตอมในปริมาณที่เท่ากัน ต่อเมื่อใช้รอบการค้นหากพอที่จะเจอ Global Optima ได้เช่นกัน จึงเป็นวิธีที่ต้องระมัดระวังในการใช้พารามิเตอร์ต่างๆค่อนข้างมาก

2) Tabu search (TS) Lin and Kwok (8) เป็นระเบียบวิธีที่คล้ายกันกับ Simulated Annealing ถือเป็นระเบียบวิธีประเภทเชิงเรียนรู้ประสบการณ์ Tabu Search ซึ่งใช้วิธีหาคำตอบที่ดีกว่าโดยจดจำและป้องกันค่าเดิมๆ ที่แยกไว้ใน Tabu list ซึ่งจะช่วยให้การปรับปรุงรอบการค้นต่อไปจนกว่าจะถึงเกณฑ์ที่ยอมรับได้ แต่วิธีนี้อาศัยหน่วยความจำของเครื่องคอมพิวเตอร์เข้ามาเกี่ยวข้องค่อนข้างมาก ทำให้การทำงานที่ยุ่งยากซับซ้อน

3) Particle Sworn Optimization (PSO) เป็นระเบียบวิธีการหาค่าความเหมาะสมแบบ Stochastic ซึ่งได้รับแรงบันดาลใจจากพฤติกรรมการบินของนกเป็นกลุ่ม เช่นกลุ่มของฝูงนกที่กำลังบินตามจำ

ฝูง PSO ประกอบด้วย กลุ่มของอนุภาคที่กำลังเคลื่อนที่ ในหลายมิติ เป็นการค้นหาคำตอบของการแก้ปัญหาบน พื้นฐานจำนวนจริงแต่ละอนุภาค ตำแหน่ง ความเร็วใน เวกเตอร์ เก็บในหน่วยความจำ เปรียบเทียบกับอนุภาคที่อยู่ใกล้กัน (neighbor particle) แล้วคัดเลือกศึกษาอนุภาค ที่มีศักยภาพความเร็วและเวกเตอร์ที่เป็นเวกเตอร์นำ เคลื่อนตัวไปในทิศทางใหม่ๆ จนกว่าจะได้เวกเตอร์คำตอบครอบคลุม (Global Solution Vector)

4) Genetic Algorithms (GAs) Doerner et al. (9) เป็นระเบียบวิธีการหาค่าความเหมาะสมแบบ Stochastic โดยมีแนวคิดสมมุติฐานเชิงพันธุกรรม เลียนแบบขั้นตอนการวิวัฒนาการทางธรรมชาติ (Natural Evolution) ตั้งอยู่บนพื้นฐานแนวคิดการคัดเลือกเผ่าพันธุ์ตามธรรมชาติ นำมาประยุกต์เชิงเลขในการค้นหาคำตอบของปัญหาการตัดสินใจที่มีความสลับซับซ้อน มีตัวแปร และเงื่อนไขจำนวนมากได้ดี

5) Differential Evolution (DE) เป็น ระเบียบวิธีการหาค่าความเหมาะสมแบบ Stochastic และเป็น Random base Global Search Space ซึ่งทำการสุ่มหาคำตอบแบบครอบคลุม โดยมีแนวคิดสมมุติฐานเชิงพันธุกรรมเช่นเดียวกับ GAs แต่มีข้อดีที่โดดเด่นกว่าคือ

มีโครงสร้างของระเบียบวิธีที่ ซับซ้อนน้อยกว่า มีความยืดหยุ่นมาก (Generalizations) นอกจากนั้นยังสามารถใช้ค่าจำนวนจริง (Floating Point Real Number) ในการคำนวณโดยไม่จำเป็นต้องแปลงค่าตัวแปรตัดสินใจ เป็นเลขฐานสอง จึงเป็นเหตุผลสำคัญที่ทำให้วิธีการ DE มีความรวดเร็วและมีประสิทธิภาพสูง (Robustness) ในการค้นหาคำตอบกว่าวิธีอื่น

2.1.3 คัดเลือกระเบียบวิธีการอัลกอริทึม

จากการตรวจสอบวรรณกรรมที่เกี่ยวข้องกับงานวิจัยพบว่าการพัฒนาอัลกอริทึมด้วยวิธีดิวเฟอเรนเชียลอีโวลูชันนั้นมีความเหมาะสมที่สุด ด้วยวิธีการจัดลำดับของเมตาฮิวริสติกส์ที่ไม่แพร่หลายในการแก้ปัญหา เช่นเดียวกับงานวิจัย (Ranking A,B,C) ในการประยุกต์ใช้กับการแก้ปัญหาลำดับขั้น (Multi-Stage) หลายต้นกำเนิด (Multi-Source) และหลายจุดประสงค์นั้น (Multi-Objective) มีเพียงบางงานวิจัยที่ประยุกต์ใช้กับการแก้ปัญหาที่มีหลายจุดประสงค์ ดังนั้นจึงเป็นความท้าทายและได้รับแรงบันดาลใจเมื่อได้ทำการทบทวนวรรณกรรมเกี่ยวกับการพัฒนาวิธีการเมตาฮิวริสติกส์ ด้วยวิธีดิวเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน ดังตารางที่ 1

ตารางที่ 1. สรุปงานวิจัยที่ทำการทบทวนวรรณกรรมเพื่อสรุปผลการเลือกอัลกอริทึม

Problem (MOSS-LAP)	Differential evolution (DE)	Genetic algorithm (GA)	Tabu search (TS)	Particle swarm optimization (PSO)	Ant Colony Optimization (ACO)	Simulated Annealing (SA)	Iterated Local Search (ILS)	Total Article Review
Multi-objective		13	6	2	1	1	1	24
Multi-source								0
Multi-stage							1	4
Location-allocation		17	6		1	4	2	30
Total	0	30	12	2	2	5	4	58
Ranking	A			B	C			

จากตารางที่ 1 จะพบว่า วรรณกรรมทั้งหมด 58 ฉบับ ที่ทำการทบทวนในลักษณะของปัญหาที่ใกล้เคียงกับงานวิจัยนี้จะพบว่า มีการใช้ GA ถึง 30 กรณี TS=12, PSO=2, ACO=2, SA=5 และ ILS ถึง 4 กรณี ซึ่งต่างกับ DE ไม่มีการใช้ในการทดลองเลย ดังนั้นจึงเป็นความท้าทายใหม่ของผู้วิจัย

3. ผลการวิจัยและอภิปราย

3.1 กรณีศึกษาโรงงานผลิตเอทานอลจากขานอ้อยและกากมันในภาคตะวันออกเฉียงเหนือ

โรงงานน้ำตาลจำนวน 16 โรง และโรงงานแป้งมัน 46 โรง ในภาคตะวันออกเฉียงเหนือได้ถูกกำหนดให้เป็นแหล่งวัตถุดิบซึ่งกระจายตัวอยู่ในจังหวัดต่างๆ งานวิจัยนี้เป็นการคัดเลือกโรงงานเอทานอลที่มีอยู่เดิมในพื้นที่ภาคตะวันออกเฉียงเหนือที่ทำการผลิตอยู่จริง เพื่อมาทำการพัฒนาและต่อเติมเทคโนโลยีการผลิตให้สามารถใช้วัตถุดิบจากขานอ้อยและกากมันมาผลิตเป็นเอทานอลได้ โดยยังคงกำลังการผลิตไว้เท่าเดิม ซึ่งรายละเอียดของข้อมูลต่างๆ ตลอดจนสมการทางคณิตศาสตร์

ทั้งหมดอ้างอิงจาก ทองพูน และ ระพีพันธุ์ (4,5) ซึ่งได้นำเสนอในปัญหาเดียวกันแต่แก้ปัญหาด้วยโปรแกรมสำเร็จรูป Lingo V.11

3.2 การพัฒนาอัลกอริทึมด้วยวิธีดิลฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน

ผู้วิจัยได้ทำการออกแบบและพัฒนาอัลกอริทึมในสองส่วนด้วยกันคือ 1) อัลกอริทึมในส่วนของการหาคำตอบเริ่มต้น โดยกำหนดเลือกตำแหน่งที่จะเปิดโรงงาน และกำหนดเส้นทางที่จะทำการขนส่งวัตถุดิบและสินค้าที่เป็นเอทานอล 2) อัลกอริทึมในส่วนของการปรับปรุงคำตอบที่ได้

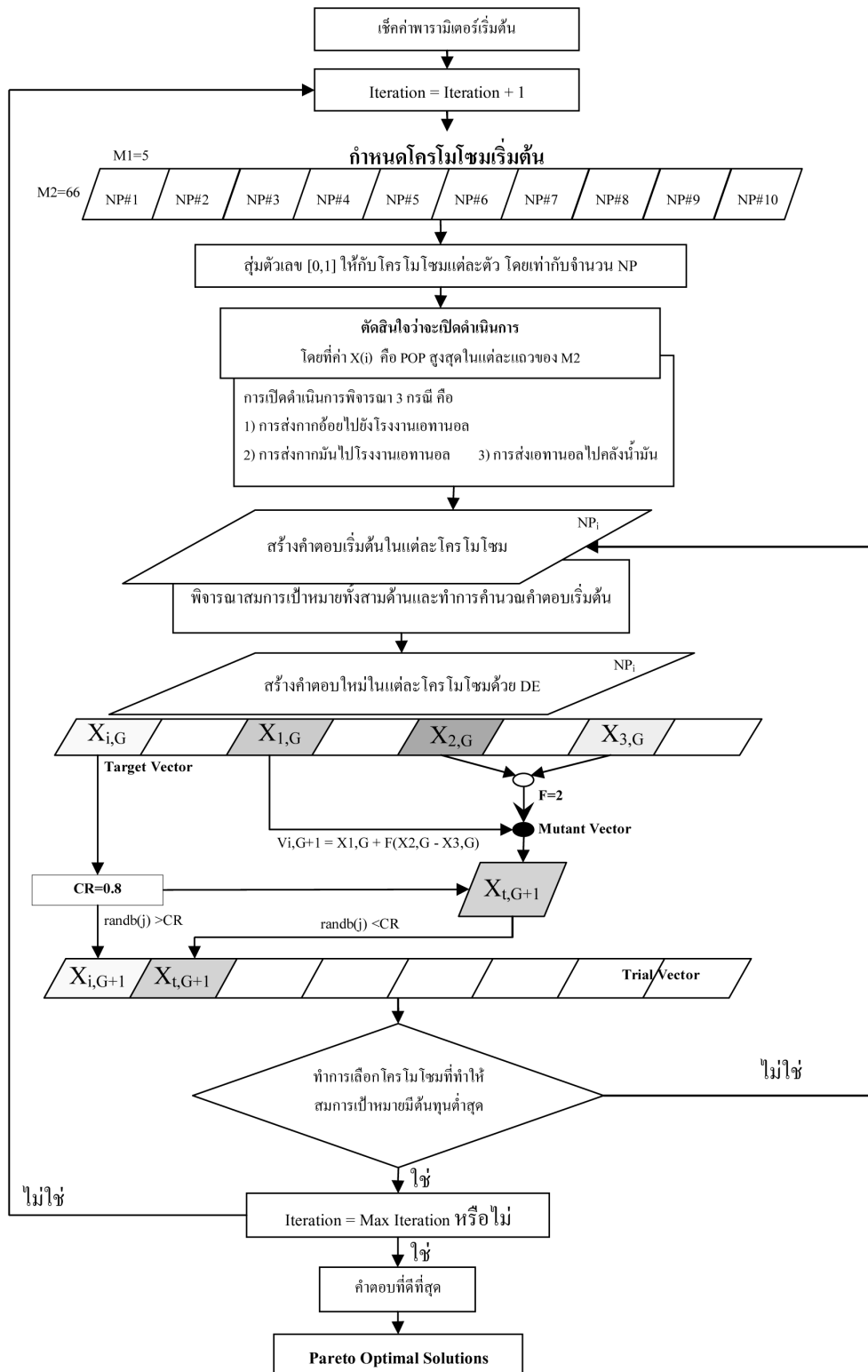
กระบวนการในการพัฒนาอัลกอริทึม และวิธีการคำนวณหาสถานที่ตั้งโรงงานผลิตเอทานอลที่ใช้วัตถุดิบมาจากขานอ้อยและกากมันที่มีต้นทุนการดำเนินการต่ำที่สุด ส่งผลกระทบต่อสิ่งแวดล้อมน้อยที่สุด มีความเสี่ยงด้านความปลอดภัยต่ำที่สุด โดยผู้วิจัยเสนอวิธีการพัฒนาเมตาฮิวริสติกส์เพื่อใช้ในการคำนวณหาที่ตั้งซึ่งแสดงได้ตามรหัสเทียม (Pseudo-Code) ในการนำไปใช้งานเพื่อใช้เขียนโปรแกรม C++ ตามรูปที่ 1 และขั้นตอนของ Flow Chart ตามรูปที่ 2

Pseudo-code for the DE algorithm

```

Begin
  Set CR = 0.88, F = 2 and NP = 10
  G = 0
  Generate the initial population  $X_{i,g} \forall i, i=1, \dots, NP$ 
  Evaluate the fitness (function value) for each individual  $f(X_{i,g}) \forall i, i=1, \dots, NP$ 
  While stopping criterion (100 Loop) is not satisfied Do
    For i=1 to NP Do
      Select uniform randomly  $r1 \neq r2 \neq r3 \neq i$ 
       $j_{rand} = \text{randint}[1, M_1, M_2]$ 
      For j=1 to  $[M_1, M_2]$  Do
        If  $(\text{rand}_j [0,1] < CR \text{ or } j=j_{rand})$  Then
           $U_{i,j,g+1} = X_{j,r1,g} + F(X_{j,r2,g} - X_{j,r3,g})$ 
        Else
           $U_{i,j,g+1} = X_{i,j,g}$ 
        End If
      End For
    End For
    For i=1 to NP Do
      Evaluate the fitness (function value) for each individual  $f(U_{i,g+1}) \forall i, i=1, \dots, NP$ 
      If  $(f(U_{i,g+1}) \text{ is better than or equal to } f(X_{i,g}))$  Then
        Replace  $X_{i,g+1}$  with  $U_{i,g+1}$ 
      Else
        Replace  $X_{i,g+1}$  with  $X_{i,g}$ 
      End If
    End For
    G = G+1
  End While
End
  
```

รูปที่ 1. แสดงรหัสเทียม (Pseudo-Code) การนำไปใช้เขียนโปรแกรม C++



รูปที่ 2. แสดงกระบวนการพัฒนาอัลกอริทึมด้วยวิธีดิฟเฟอเรนเชียลโวลูชัน

3.2.1 การหาคำตอบเริ่มต้น

กระบวนการหาคำตอบเริ่มต้นซึ่งได้รับแรงบันดาลใจจากวิธี Genetic Algorithm (GA) โดยการกำหนดให้มีจำนวนของพาร์ติเคิลที่เป็นโครโมโซมเท่ากับจำนวนของโรงงานเอทานอลที่มีศักยภาพ โดยพาร์ติเคิลที่โครอสกัน ในโครโมโซมนั้นจะมีส่วนของโรงงานน้ำตาล โรงงานแป้ง มัน และคลังน้ำมัน ที่เป็นเซลล์ในแนวนอน ส่วนโรงงานเอทานอลเป็นเซลล์ในแนวตั้ง โดยตัวอย่างของโครโมโซมที่ใช้หาคำตอบเริ่มต้นแสดงได้ดังตารางที่ 2

สำหรับการหาคำตอบเริ่มต้นของอัลกอริทึมนี้ จะเริ่มจากการกำหนดโครโมโซมเริ่มต้นซึ่งก็คือตัวแปร NP มีค่าเท่ากับ 10 ที่แสดงในรหัสเทียมตามรูปที่ 1

ซึ่งหมายถึงมีการกำหนดให้มีคำตอบเริ่มต้นที่ 10 คำตอบ จากนั้นจะเริ่มด้วยการสุ่มตัวเลขที่มีค่าตั้งแต่ 0.0 – 1.0 ให้กับ array ต่างๆ ที่อยู่ในโครโมโซมโดยผ่านกระบวนการทำงานตามหลักของ RBS ซึ่งเริ่มจากการสร้าง array ที่มีจำนวนคอลัมน์ $M1 = 5$ และ คอลัมน์ $M2 = 66$ จากนั้นจึงทำการสุ่มค่าตั้งแต่ 0.0 – 1.0 ลงไปในแต่ละ array เมื่อได้ค่าของแต่ละ array แล้วจึงจะเริ่มทำการเปรียบเทียบค่า โดยที่ array ใดมีค่าสูงสุดในแต่ละแถว ($M2$) จะถูกเลือกให้เปิดดำเนินการหรือให้มีการขนส่งระหว่างกันเกิดขึ้น ซึ่งเป็นตัวตัดสินใจว่าจะเปิดหรือไม่เปิดโรงงานเอทานอลนั่นเอง โดยตัวอย่างการหาคำตอบเริ่มต้นแสดงได้ดังตารางที่ 2

ตารางที่ 2. แสดงโครโมโซมในการหาคำตอบเริ่มต้น

	X(i) (POP if Max, then Open)				
	Chromosome: G, NP.1 (Target Vector)				
	j1	j2	j3	j4	j5
i1	0.47	0.41	0.14	0.70	0.67
i2	0.21	0.12	0.17	0.95	0.06
i3	0.37	0.00	0.37	0.02	0.12
i4	0.94	0.59	0.53	0.52	0.83
i5	0.68	0.15	0.57	0.82	0.85
t1	0.47	0.93	0.15	0.89	0.58
t2	0.80	0.81	0.65	0.36	0.82
t3	0.89	0.22	0.30	0.60	1.00
t4	0.64	0.06	0.82	0.87	0.43
t5	0.19	0.78	0.65	0.36	0.98
k1	0.54	0.57	0.02	0.70	0.40
k2	0.61	0.35	0.28	0.92	0.08
k3	0.37	0.25	0.30	0.59	0.79
k4	0.97	0.93	0.30	0.16	0.49
	500000000	381000000	333000000	1253000000	1253000000
	60,990				MB

3.2.2 การปรับปรุงคำตอบที่ได้ด้วยวิธี ดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน

กระบวนการปรับปรุงคำตอบเริ่มจากกระบวนการกลายพันธุ์ (Mutation) จากนั้นก็เข้าสู่ขั้นตอนทางพันธุกรรมแบบครอสโอเวอร์ (Crossover) และท้ายที่สุดคือกระบวนการคัดเลือก (Selection)

3.2.2.1 กระบวนการกลายพันธุ์ (Mutation)

เริ่มต้นที่วิวัฒนาการการกลายพันธุ์ โดยได้รวบรวมเวกเตอร์เป้าหมายเพื่อเริ่มผลิตเวกเตอร์ที่กลายพันธุ์ ในเวกเตอร์เป้าหมายแต่ละตัวคือ $X_{i,g}$ ซึ่งเป็นเวกเตอร์ในรุ่น g สำหรับเวกเตอร์ที่กลายพันธุ์ คือ $V_{i,g}$ โดยได้ถูกสร้างขึ้นตามสมการดังต่อไปนี้

$$V_{i,j} = X_{r1,g} + F(X_{r2,g} - X_{r3,g}) \quad (1)$$

มีข้อสังเกตว่า X_{r1}, X_{r2}, X_{r3} ได้ถูกสุ่มเลือกจากเวกเตอร์ของประชากร ซึ่งแตกต่างจากเวกเตอร์เป้าหมาย (Target Vector) $X_{i,g}$ ส่วน F เป็นระดับปัจจัยที่ควบคุมระดับความแตกต่างของเวกเตอร์ระหว่าง X_{r2}, X_{r3} แล้วเพิ่มไปที่เวกเตอร์พื้นฐานซึ่งก็คือ X_{r1} โดยที่ค่า F นั้นถูกออกแบบให้มีการปรับค่าได้ด้วยตัวเอง (SELF ADJUSTED) โดยการปรับค่าตามประชากรของคำตอบที่ถูกออกแบบไว้สามระดับคือ สูง กลาง ต่ำ จากนั้นค่า

F จะมีการปรับระดับค่ากลางตามค่าของกลุ่มประชากรที่ได้คำตอบดีที่สุด

สมการที่ 1) เป็นสมการที่จะนำไปใช้ในการกลายพันธุ์ของ Vector ที่ได้จากการกำหนดคำตอบเริ่มต้น ซึ่งเมื่อคำตอบเริ่มต้นนั้นได้ผ่านขั้นตอนนี้แล้วจะทำให้เราได้ค่าของ Vector ใหม่เกิดขึ้น ซึ่งต่อไปจะถูกเรียกว่า Mutant Vector โดยที่ Mutant Vector นั้นจะเกิดจากการสุ่มค่าของ Vector X_{r1}, X_{r2}, X_{r3} ที่อยู่ในแต่ละแถวของ $M2$ โดยที่ลักษณะการสุ่มในแต่ละแถวนั้นจะแตกต่างกันไป และเป็นอิสระต่อกัน หลังจากนั้นก็จะแทนค่าในสมการซึ่งจะได้คำตอบใหม่ดังแสดงในตารางที่ 3

3.2.2.2 ขั้นตอนทางพันธุกรรมแบบครอสโอเวอร์ (Crossover)

เป็นวิวัฒนาการที่เกิดจากการผสมพันธุ์แบบครอสโอเวอร์ระหว่าง $X_{i,g}$ และ $V_{i,g}$ ในการสร้างเวกเตอร์การทดลองซึ่งก็คือ $U_{i,g}$ ที่ได้จากโครโมโซมชุดของคำตอบเริ่มต้นกับ โครโมโซมชุดของคำตอบที่มาจากกระบวนการกลายพันธุ์ โดยมีหลักการคือการสุ่มเลือกตัวเลขที่มีค่าตั้งแต่ 0 ถึง 1 ให้กับชุดของโครโมโซมเริ่มต้นกระบวนการครอสโอเวอร์ ซึ่งต่อไปจะเรียกว่า Trial Vector ซึ่งลักษณะการสุ่มเลือกนั้นเป็นลักษณะที่คล้ายกันกับการกำหนดชุดคำตอบเริ่มต้น โดยตัวอย่างที่ทำการสุ่มเลือกได้นั้นแสดงได้ตามตารางที่ 4

ตารางที่ 3. แสดงโครโมโซมที่ผ่านกระบวนการกลายพันธุ์

	F	2	Vi,G+1 = Xr1,G + F(Xr2,G - Xr3,G)		
	Mutant Vector				
	j1	j2	j3	j4	j5
i1	1.01	-0.71	0.19	1.10	0.01
i2	0.12	-1.42	1.95	0.64	-0.02
i3	-0.36	0.70	0.15	-0.47	0.13
i4	1.06	0.60	-0.09	0.30	0.00
i5	-0.16	-0.35	0.50	1.17	0.63
t1	2.03	-0.56	0.76	1.11	-0.07
t2	1.13	1.38	-0.28	0.39	0.51

ตารางที่ 3. แสดงโครโมโซมที่ผ่านกระบวนการกลายพันธุ์ (ต่อ)

	F	2	Vi,G+1 = Xr1,G + F(Xr2,G - Xr3,G)		
	Mutant Vector				
	j1	j2	j3	j4	j5
t3	0.71	-0.38	-0.49	0.83	-0.17
t4	-0.89	-0.03	1.69	0.45	0.80
t5	0.45	1.38	-0.60	1.93	1.90
k1	1.66	-0.80	0.62	0.43	-0.65
k2	0.75	-0.92	1.95	-0.14	-0.58
k3	0.26	-0.33	-0.09	1.43	0.66
k4	2.23	1.19	-0.35	-0.80	-0.85

ตารางที่ 4. แสดงโครโมโซมที่สุ่มจำนวนจริง 0 ถึง 1 ก่อนการทำครอสโอเวอร์

	randb(j) = การสุ่ม จำนวนจริงมีค่า 0 ถึง 1				
	Trial Vector				
	j1	j2	j3	j4	j5
i1	0.45	0.93	0.97	0.06	0.74
i2	0.11	0.72	0.80	0.10	0.73
i3	0.47	0.80	0.08	0.45	0.20
i4	0.83	0.72	0.89	0.86	0.82
i5	0.03	0.66	0.20	0.71	0.86
t1	0.30	0.50	0.30	0.52	0.03
t2	0.51	0.48	0.94	0.80	0.14
t3	0.37	0.92	0.47	0.66	0.10
t4	0.65	0.05	0.74	0.55	0.75
t5	0.79	0.93	0.13	0.56	0.64
k1	0.83	0.40	0.14	0.19	0.12
k2	0.70	0.87	0.04	0.45	0.48
k3	0.89	0.56	0.69	0.73	0.31
k4	0.23	0.91	0.65	0.53	0.04

สำหรับวิวัฒนาการแบบคลาสสิกนี้มีรูปแบบการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมและเวกเตอร์การทดลองที่ถูกสร้างตามสมการด้านล่างนี้

$$u_{j,i,g} = \begin{cases} v_{j,i,g}, & \text{if } u_j \leq c_r \text{ or } j = j_u \\ x_{j,i,g}, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (2)$$

เมื่อ C_r (Crossover Rate หรือ CR) เป็นค่าคงที่มีค่าตั้งแต่ $[0,1]$

$$i = 1, 2, \dots, N; j = 1, 2, \dots, D$$

โดยที่สมการที่ 2) นั้นอธิบายได้ว่าเมื่อทำการสุ่มเลือกค่าให้แต่ละ array ในโครโมโซมแล้วซึ่งเป็นตัวเลขที่มีค่าตั้งแต่ 0 ถึง 1 ถ้าค่าที่สุ่มเลือกได้มีค่าน้อยกว่าหรือเท่ากับ C_r (Crossover Rate) ให้เลือกค่าของเวกเตอร์ที่มาจากเวกเตอร์กลายพันธุ์ (Mutant Vector) และถ้าเป็นอย่างอื่นให้เลือกค่าของเวกเตอร์ที่มาจากเวกเตอร์เป้าหมาย (Target Vector)

เมื่อดำเนินการสุ่มค่า 0 ถึง 1 ให้กับโครโมโซมแต่ละ array แล้วซึ่งได้ค่าตามตารางที่ 4 นั้น จากนั้นก็เข้าสู่กระบวนการประสมพันธุ์ โดยเงื่อนไขนั้นเป็นไปตามสมการที่ 2) โดยที่จะต้องทำการเปรียบเทียบกันในแต่ละตำแหน่ง array ระหว่างโครโมโซมที่เป็นชุดของคำตอบเริ่มต้นกับโครโมโซมของชุดคำตอบที่ได้จากการกลายพันธุ์ โดยเมื่อดำเนินการจนเสร็จสิ้นในทุกๆ array แล้วจะทำให้ได้ชุดของคำตอบใหม่ซึ่งเป็นโครโมโซมของชุดคำตอบใหม่ที่ต่อไปจะเรียกว่า Trial Vector จากนั้นจะต้องทำการคำนวณหาผลลัพธ์ของคำตอบที่ได้ตามฟังก์ชันของสมการเป้าหมายเพื่อที่จะทำการเปรียบเทียบคำตอบที่ได้ว่าดีกว่าหรือแย่กว่าของโครโมโซมคำตอบเริ่มต้นโดยรายละเอียดทั้งหมดแสดงได้ตามตารางที่ 5 ที่แสดงโครโมโซมของ Trial Vector

จากสมการที่ 2) เป็นเพียงแค่กระบวนการการกลายพันธุ์ (Crossover หรือ Recombination) แบบพื้นฐานของ DE เท่านั้น ซึ่งยังไม่ได้ทำการปรับปรุงให้มีประสิทธิภาพที่ดีขึ้น ดังนั้นผู้วิจัยจึงทำการปรับปรุงกระบวนการนี้โดยที่ค่า CR นั้นถูกออกแบบให้มีการปรับค่าได้ด้วยตัวเอง (SELF ADJUSTED) เช่นเดียวกับค่า F และได้รับแรงบันดาลใจจากกระบวนการผสมสายพันธุ์ใน GA โดยปกติแล้วจะใช้การแลกเปลี่ยนข้อมูลของ

โครโมโซมที่แตกต่างกันแต่ DE ไม่ใช่ ดังนั้นจึงเป็นข้อได้เปรียบในการพัฒนากระบวนการผสมสายพันธุ์ของ DE ดังสมการที่ 3)

$$U_{j,i,g} = V_{j,i,g} + A(V_{gbest}) + B(V_{ibest}) + C(V_{friend}) \quad (3)$$

เมื่อ u_j (ค่าที่สุ่มได้) $> CR_1 + CR_2$; X_{ij} (จะใช้คำตอบเริ่มต้น)

u_j (ค่าที่สุ่มได้) $> CR_1$; $GbestX_{ij}$ (จะใช้คำตอบที่ดีที่สุด)

u_j (ค่าที่สุ่มได้) $< CR_1$; U_{ij} (จะใช้คำตอบล่าสุด)

3.2.2.3 การคัดเลือก (Selection)

เป็นกระบวนการคัดสรรคำตอบ ซึ่งเวกเตอร์ที่ให้คำตอบที่ดีกว่าจะอยู่รอดต่อไป วิธีการคือเปรียบเทียบ function value ของ trial vector กับ target vector ในกรณีที่ trial vector ให้ค่า function value ที่ดีกว่ามันก็จะแทนที่ target vector ใน generation ต่อไป จากนั้นทำซ้ำขั้นตอนที่ 3.2.2.1 ถึง 3.2.2.3 จนครบทุก vector ใน current generation จากนั้นแทนที่ current generation ด้วย next generation ถ้าหาก function value ที่ได้นั้นดีกว่าแล้วทำซ้ำกระบวนการทั้งหมดจนถึง stopping criteria

การดำเนินการคัดเลือกได้กำหนดเป้าหมายเวกเตอร์แต่ละตัวไว้ที่ $X_{i,g}$ และเวกเตอร์การทดลองที่สอดคล้องกันคือ $U_{i,g}$ ซึ่งใช้ทดลองเวกเตอร์เปรียบเทียบผลลัพธ์ของสมการเป้าหมาย กับการมีชีวิตรอดเพื่อเป็นทายาทรุ่นต่อไป และเวกเตอร์ $X_{i,g+1}$ จะถูกเลือกตามเกณฑ์ที่กำหนดไว้ดังนี้

$$x_{i,g+1} = \begin{cases} U_{i,g}, & \text{if } f(U_{i,g}) \leq f(x_{i,g}) \\ x_{i,g}, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (4)$$

เมื่อดำเนินการตามเงื่อนไขของสมการที่ 4) โดยการแทนค่าของ function value ที่เป็นสมการเป้าหมายของงานวิจัยนี้โดยอ้างอิงตามทองพูน และ ระพีพันธุ์ (4,5) ทำการเปรียบเทียบค่าของ function value ที่ได้โดยชุดของโครโมโซมคำตอบเริ่มต้นที่ได้้นั้นเท่ากับ 120,309 ล้านบาท ส่วนชุดของโครโมโซมคำตอบที่ได้จากการทำ Trial Vector นั้นเท่ากับ 120,707 ล้านบาท ดังนั้นทำให้สรุปได้ว่าชุดของคำตอบหรือโครโมโซมของ Generation

ถัดไป (G+1) นั้นจะเป็นชุดของโครโมโซมที่เป็นคำตอบ ของ Trial Vector โดยที่รายละเอียดแสดงการคัดเลือกนั้น เริ่มต้นเนื่องจาก function value นั้นต่ำกว่าชุดโครโมโซม เป็นไปตามตารางที่ 6

ตารางที่ 5. แสดงโครโมโซมที่ผ่านกระบวนการครอสโอเวอร์

	0.8		CR = Crossover Rate		
	Trial Vector				
	j1	j2	j3	j4	j5
i1	1.01	0.41	0.14	1.10	0.01
i2	0.12	-1.42	0.17	0.64	-0.02
i3	-0.36	0.00	0.15	-0.47	0.13
i4	0.94	0.60	0.53	0.52	0.83
i5	-0.16	-0.35	0.50	1.17	0.85
t1	2.03	-0.56	0.76	1.11	-0.07
t2	1.13	1.38	0.65	0.39	0.51
t3	0.71	0.22	-0.49	0.83	-0.17
t4	-0.89	-0.03	1.69	0.45	0.80
t5	0.45	0.78	-0.60	1.93	1.90
k1	0.54	-0.80	0.62	0.43	-0.65
k2	0.75	0.35	1.95	-0.14	-0.58
k3	0.37	-0.33	-0.09	1.43	0.66
k4	2.23	0.93	-0.35	-0.80	-0.85
	940000000	381000000	626000000	1253000000	0
	63,340				MB

ตารางที่ 6. แสดงโครโมโซมที่ผ่านกระบวนการคัดเลือก

	Selection Process				
	Chromosome: NP.1				
	j1	j2	j3	j4	j5
i1	0.47	0.41	0.14	0.70	0.67
i2	0.21	0.12	0.17	0.95	0.06
i3	0.37	0.00	0.37	0.02	0.12
i4	0.94	0.59	0.53	0.52	0.83
i5	0.68	0.15	0.57	0.82	0.85

ตารางที่ 6. แสดงโครโมโซมที่ผ่านกระบวนการคัดเลือก (ต่อ)

	Selection Process				
	Chromosome: NP.1				
	j1	j2	j3	j4	j5
t1	0.47	0.93	0.15	0.89	0.58
t2	0.80	0.81	0.65	0.36	0.82
t3	0.89	0.22	0.30	0.60	1.00
t4	0.64	0.06	0.82	0.87	0.43
t5	0.19	0.78	0.65	0.36	0.98
k1	0.54	0.57	0.02	0.70	0.40
k2	0.61	0.35	0.28	0.92	0.08
k3	0.37	0.25	0.30	0.59	0.79
k4	0.97	0.93	0.30	0.16	0.49
	60,990				MB

ตารางที่ 7. แสดงผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพการแก้ปัญหาระหว่าง Lingo และ DE

Solving Methods	Comparison		Remark
	Objective Value (MB)	Time (sec)	
1) Lingo	5.850e+006 ¹	16,988	N/A
2) DE-Standard	6.381e+006 ²	122.875	CR=0.7, F=2.75
3) DE-Modified	6.142e+006 ²	114.688	CR1=0.5, CR2=0.5, F=-8

หมายเหตุ: ¹ทดสอบโดย Lingo test แบบ Lower bound (เวลาทดลอง 4:43:08, hh:mm:ss)

²ทดสอบโดยอัลกอริทึมดิวเฟอเรนเชียลอีโวลูชัน ด้วยโปรแกรม Dev-C++

กระบวนการคัดเลือกที่แสดงนั้นเป็นเพียงตัวอย่างที่แสดงเพียงแค่การเปรียบเทียบแค่โครโมโซมเดียวเท่านั้น แต่ถ้าหากมีชุดของโครโมโซมที่มากกว่าหนึ่ง จะต้องทำการเปรียบเทียบทั้งหมดด้วย เช่นตาม Flow Chart ที่แสดงในรูปที่ 2 นั้น จะเห็นว่าการกำหนดค่าตอบเริ่มต้นนั้นจะกำหนดให้มี 10 โครโมโซม นั้นหมายความว่าในแต่ละรอบของการคำนวณจะต้องนำ Target Vector 10 โครโมโซมเปรียบเทียบกับ Trial Vector 10 โครโมโซม

ในแต่ละ NP ก่อน จากนั้นจึงนำชุดของโครโมโซมคำตอบแต่ละ NP (1,2,...,10) มาเปรียบเทียบกับกันจึงจะได้คำตอบที่ดีที่สุดในแต่ละรอบการคำนวณ

3.3 การแก้ปัญหาหลายจุดประสงค์ด้วยเทคนิคพารโดฟรอน

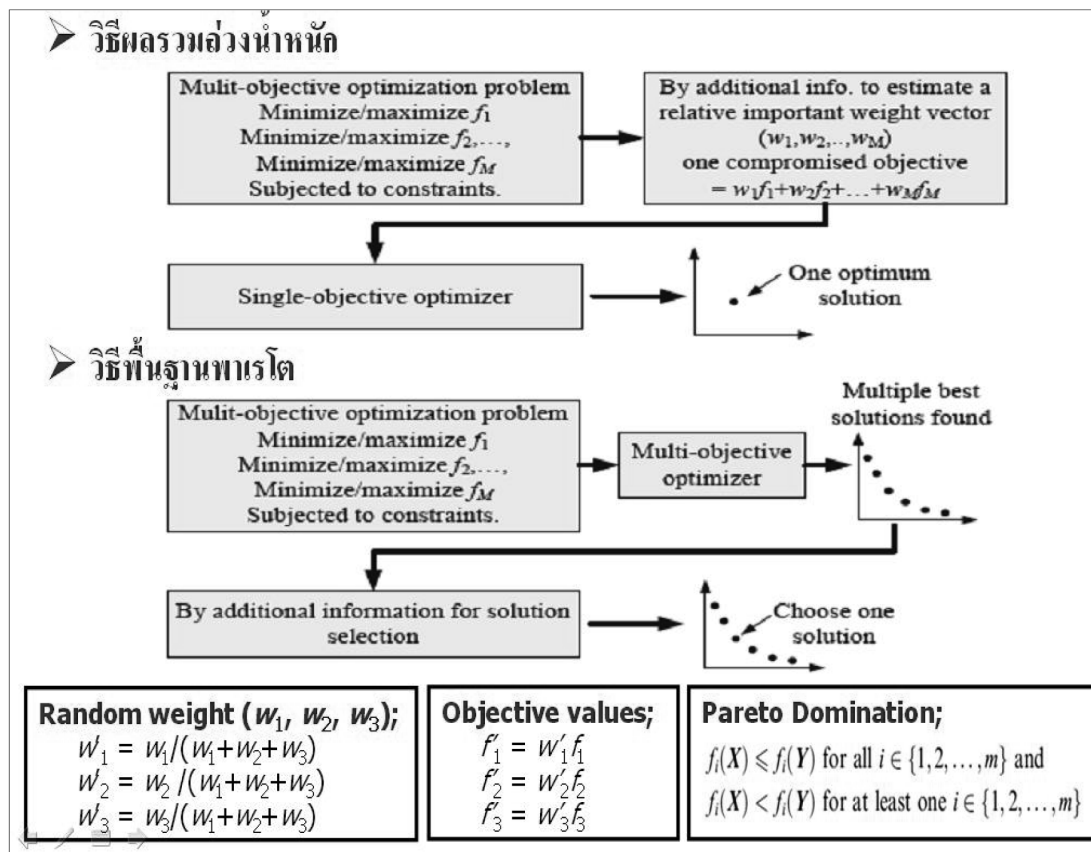
สำหรับการหาค่าเหมาะที่สุดวัตถุประสงค์หลายอย่างจะมี 2 วิธีหลักๆ ที่ใช้ ซึ่งก็คือ วิธีผลรวมถ่วงน้ำหนัก (Weighted-sum Approach) และวิธีพื้นฐานพา

เรโด (Pareto-based Approach) สำหรับวิธีผลรวมถ่วงน้ำหนักนั้นทุกวัตถุประสงค์จะจับมารวมกันโดยถ่วงน้ำหนักจนเหลือเพียงวัตถุประสงค์เดียว หลังจากนั้นก็ใช้ตัวหาค่าเหมาะที่สุดวัตถุประสงค์เดียวในการหาคำตอบ เทคนิคนี้ก็ค่อนข้างเป็นที่นิยมเนื่องจากง่ายในการใช้ เนื่องจากเป็นไปได้ที่จะมีเพียงคำตอบเดียวที่ให้วัตถุประสงค์ดีที่สุดพร้อมกันทุกวัตถุประสงค์สำหรับปัญหาวัตถุประสงค์หลายอย่าง กลุ่มคำตอบที่เหมาะสมของปัญหานี้คือคำตอบที่ไม่ถูกครอบงำเมื่อเปรียบเทียบกับคำตอบทั้งหมด ซึ่งคำตอบนี้สามารถหาได้โดยใช้แบบพารेटโตซึ่งเป็นหลักการ “การครอบงำแบบพารेटโต (Pareto Domination)” คือ คำตอบ x ใดๆ จะครอบงำหรือดีกว่าคำตอบ y ถ้าเงื่อนไขทั้งสองข้อต่อไปนี้เป็นความจริง

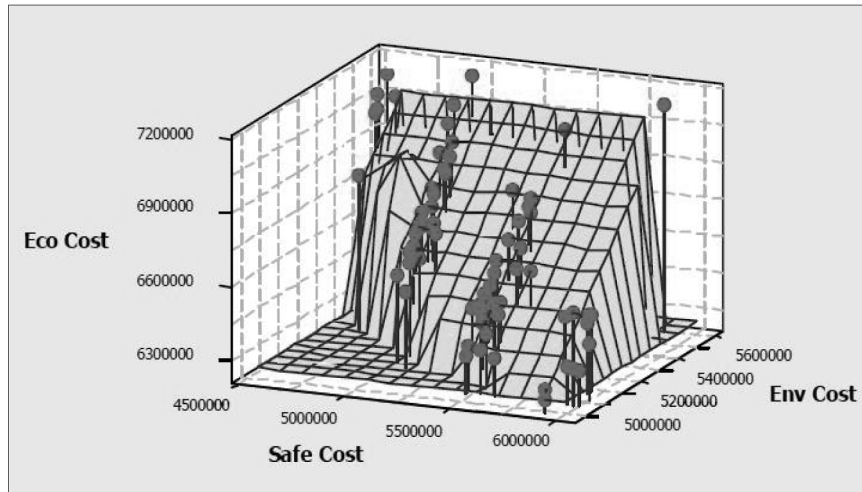
a) ไม่มีวัตถุประสงค์ใด ที่คำตอบ x แย่กว่าคำตอบ y

b) มีอย่างน้อย 1 วัตถุประสงค์ ที่คำตอบ x ดีกว่าคำตอบ y

สำหรับงานวิจัยนี้ได้ใช้เทคนิคของพารेटโตเช่นกัน โดยการกำหนดน้ำหนักให้แต่ละวัตถุประสงค์ก่อน โดยค่าน้ำหนักที่ได้้นั้นมาจากการสุ่มในแต่ละรอบของการคำนวณ ซึ่งหลักการที่ใช้แสดงได้ตามรูปที่ 3 จากนั้นก็เข้าสู่กระบวนการของการครอบงำจนได้คำตอบที่หลากหลาย แล้วนำมาทำกราฟเพื่อกำหนดขอบเขตที่ไม่มีการครอบงำ ซึ่งผลที่ได้จากการทำพารेटโตนั้นแสดงได้ตามรูปที่ 4



รูปที่ 3. แสดงหลักการสุ่มน้ำหนักและจัดทำพารेटฟรอนของกรณีศึกษา
(ที่มา : ปรับปรุงมาจาก กิตติพงศ์) (10)



รูปที่ 4. แสดงพารेटฟรอนสำหรับการหาค่าเหมาะสมที่สุดของปัญหาหลายจุดประสงค์

4. สรุป

ผลการวิจัยที่ได้ตามตารางที่ 7 สรุปได้ว่า กระบวนการเมตาฮิวริสติกสามารถนำมาประยุกต์ใช้ในการแก้ปัญหาที่มีความซับซ้อนมากได้เป็นอย่างดี การออกแบบอัลกอริทึมด้วยการโมดิฟายขั้นตอนโครอสโอเวอร์ของวิธีดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชันนั้นให้คำตอบต้นทุนสูงกว่าประมาณ 5% แต่ใช้เวลาเร็วกว่า Lingo 99% ซึ่งประหยัดเวลาในการแก้ปัญหา ทั้งนี้ในงานวิจัยก่อนที่จะทำการปรับปรุงอัลกอริทึมนั้น ก็ได้ทำการทดสอบปัญหากับอัลกอริทึมด้วยวิธีดิฟเฟอเรนเชียลอีโวลูชันแบบมาตรฐาน ซึ่งให้คำตอบและใช้เวลาได้ไม่ดีเท่ากับแบบที่โมดิฟายแล้ว แต่ทั้งนี้ MODDE ก็ยังไม่ดีพอ เนื่องจากคำตอบที่ได้ยังสูงกว่า Lingo อยู่ถึง 5% ดังนั้นในงานวิจัยต่อไปจะต้องคิดค้นหรือเพิ่มความได้เปรียบของ DE ด้วยการนำพฤติกรรมที่ดีของ PSO มาใช้ในการพัฒนาด้วย PSO จะมีความเร่งในการวิ่งเข้าหาคำตอบ โดยที่ DE จะมองหาหากลุ่มคำตอบอย่างกว้างๆ แล้ว PSO จะหาคำตอบที่ดีที่สุดในกลุ่มนั้นๆ เพื่อให้ได้คำตอบที่ดีขึ้นและเร็วขึ้น

5. กิตติกรรมประกาศ

คณะผู้ทำการวิจัยขอขอบคุณมหาวิทยาลัยอุบลราชธานีที่ให้ความรู้ในการทำวิจัย และขอขอบคุณกองทุนเพื่อการส่งเสริมการอนุรักษ์พลังงาน กระทรวงพลังงาน ที่ให้ทุนสนับสนุนการวิจัยในครั้งนี้

6. เอกสารอ้างอิง

- (1) Bancha Buddadee, Wanpen Wirojanagud, Daniel J. Watts and Rapeepan Pitakaso. The development of multi-objective optimization model for excess bagasse utilization: A case study for Thailand, Environmental Impact Assessment Review. 2008; 28(6): 380-91.
- (2) Bancha Buddadee, Wanpen Wirojanagud, Pisit Techarungpaisan, Rapeepan Pitakaso. Environmental system optimization of excess bagasse utilization for sugar mills in the Northeastern of Thailand, Thai environmental engineering journal. 2009; 24(2): 1-13.
- (3) Natthapong Nanthasamroeng, Rapeepan Pitakaso and Bancha Buddadee. "A multiobjective

- model for multi-echelon location problem: Application in ethanol plant location analysis in Thailand”, Proceeding in International Conference on Intelligent Manufacturing and Logistics 2008, Waseda University; 2008.
- (4) Thongpoon Thongdee and Repeepan Pitakaso. Solving a multi-objective, source & stage location-allocation problem: a case study of a bagasse and cassava pulp ethanol plant in northeastern Thailand, *KKU Res. J.* 2012; 17(1): 71-87.
- (5) Thongpoon Thongdee and Repeepan Pitakaso. “Solving a Multi-Objective, Source & Stage Location-Allocation Problem Using Differential Evolution”, Proceeding in International Conference on APIEMS 2012, AIT; 2012.
- (6) Rapeepan Pitakaso. Meta-heuristic methods to solve production planning and management, logistics series. Bangkok. Technology Promotion Association (Thailand-Japan) 2011.
- (7) K.Doerner,A.FockeandW.J.Gutjahr.Multicriteria tour planning for mobile healthcare facilities in a developing country, *Eur. J. Oper. Res.* 2007; 179: 1078–96.
- (8) C.K.Y. Lin, R.C.W. Kwok. Multi-objective metaheuristics for a location-routing problem with multiple use of vehicles on real data and simulated data, *Eur. J. Oper. Res* 2006; 175(3): 1833–49.
- (9) K.F. Doerner, W.J. Gutjahr and P.C. Nolz. Multi-criteria location planning for public facilities in tsunami-prone coastal areas, *OR Spectrum.* 2009; 31(3): 651–78.
- (10) Kittipong Boonlong. Genetic Algorithms for Multi-objective Optimization, *Burapha Sci. J.* 2011; 16 (1): 107-14.