

จินเนติกอัลกอริทึม ตอนที่ 1

อาทิตย์ ศรีแก้ว¹

Srikaew, A.¹, (2002). Genetic Algorithms - Part I. Suranaree J. Sci. Technol. 9:69-83

Abstract

Genetic algorithm is a searching method based on two natural processes: selections and genetics. It is considered as an evolutionary computation which has been proved to be a very powerful optimization method in an artificial intelligence area of interest. There have been various researches and applications of genetic algorithm covering in most fields of studies. This article introduces the genetic algorithm in details including its fundamental elements and structures, procedures, properties and advantages.

Key words : genetic algorithm, searching, optimization, artificial intelligence

บทคัดย่อ

จินเนติกอัลกอริทึม (genetic algorithm) เป็นวิธีการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดโดยใช้หลักการคัดเลือกแบบธรรมชาติ และหลักการทางสายพันธุ์ จินเนติกอัลกอริทึมเป็นการคำนวณอย่างหนึ่งที่ถูกกล่าวได้ว่ามี "วิวัฒนาการ" อยู่ในขั้นตอนของการค้นหาคำตอบ และได้รับการจัดให้เป็นวิธีหนึ่งในกลุ่มของการคำนวณเชิงวิวัฒนาการ ซึ่งปัจจุบันเป็นที่ยอมรับในประสิทธิภาพ และมีการนำไปประยุกต์ใช้อย่างกว้างขวางในงานทางด้านปัญญาประดิษฐ์ต่าง ๆ บทความนี้นำเสนอรายละเอียดขององค์ประกอบและโครงสร้างของจินเนติกอัลกอริทึม เพื่อความเข้าใจและสามารถนำไปออกแบบประยุกต์ใช้งานได้จริง

บทนำ

จินเนติกอัลกอริทึม [1-2] หรือเรียกโดยย่อว่า "GA" ถูกพัฒนาขึ้นในช่วงทศวรรษที่ 60 โดยจำลองเอาแนวคิดของการวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตในระบบชีววิทยา มาใช้ในการคำนวณด้วยคอมพิวเตอร์ GA ได้รับความนิยมโดยการเผยแพร่ของ John Holland ในหนังสือชื่อ "Adaptation in Natural and Artificial Systems"

ซึ่งตีพิมพ์เป็นครั้งแรกเมื่อปี ค.ศ. 1975 หลังจากนั้นจึงมีการนำเอา GA ไปประยุกต์ใช้งานในด้านต่าง ๆ กันอย่างแพร่หลาย พร้อม ๆ กับการศึกษาและพัฒนาองค์ประกอบต่าง ๆ ของ GA ให้มีประสิทธิภาพดียิ่งขึ้น GA ถือว่าเป็นวิธีการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดเชิงผสมผสาน (combinatorial optimization method)

¹ Ph.D., อาจารย์ประจำสาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า สำนักวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี อ.เมือง จ.นครราชสีมา 30000.

แบบปัญหาประติษฐ์ที่มีความสามารถในการค้นหาคำตอบอย่างชาญฉลาดและลดความยุ่งยากในขั้นตอนต่าง ๆ ของการค้นหาทางไป ซึ่งวิธีแบบปัญหาประติษฐ์นี้มีข้อได้เปรียบและมีความแตกต่างไปจากวิธีดั้งเดิม เช่น การคำนวณเชิงตัวเลข การโปรแกรมเชิงเส้นหรือวิธีการค้นหาผลเฉลย ปัจจุบันจึงเห็นได้ว่ามีการนำเอา GA ไปใช้ในเกือบจะทุกสาขาวิชา ตัวอย่างบางส่วนที่น่าสนใจล่าสุด เช่น การประมวลผลสัญญาณดิจิทัล [3-4] การประมวลผลสัญญาณภาพและการมองเห็นด้วยคอมพิวเตอร์ [5-8] ระบบควบคุม [3, 9-11] การสื่อสารและโทรคมนาคม [12-14] อิเล็กทรอนิกส์ [15-17] ไฟฟ้ากำลัง [18-21] คอมพิวเตอร์และอินเทอร์เน็ต [22-24] การแพทย์ [25-27] การเงิน [28] การขนส่ง [29] และอื่น ๆ อีกมากมาย นอกจากนั้นแล้ว GA ยังถูกนำไปใช้ร่วมกับเครื่องมืออื่น ๆ ได้อย่างมีประสิทธิภาพ เช่น ระบบฟัซซี่ลอจิก [30] ระบบที่ใช้เวฟเล็ต [31] ระบบเครือข่ายประสาทเทียม [32] เป็นต้น จะเห็นได้ว่าประสิทธิภาพและสมรรถนะของ GA ได้เป็นที่ยอมรับและมีการนำไปประยุกต์ใช้กันอย่างแพร่หลาย ในบทความนี้จึงขอนำเสนอรายละเอียดของ GA ในทุกองค์ประกอบเพื่อความเข้าใจในหลักการทำงานของ GA อันจะนำไปสู่การนำไปประยุกต์ใช้ได้อย่างมีประสิทธิภาพ

GA คืออะไร?

GA เป็นขั้นตอนในการค้นหาคำตอบให้กับระบบเราสามารถมอง GA เป็นเครื่องมือในการช่วยคำนวณอย่างหนึ่งที่ทำงานอยู่ข้าง ๆ ระบบ วัฏจักรของ GA โดยธรรมชาติแล้วประกอบไปด้วย 3 กระบวนการที่สำคัญได้แก่ (ดังแสดงในรูปที่ 1)

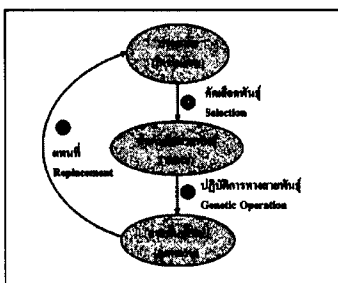


Figure 1. GA cycle.

1. การคัดเลือกสายพันธุ์ (selection)

คือขั้นตอนในการคัดเลือกประชากรที่ดีในระบบไปเป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์เพื่อให้กำเนิดลูกหลานในรุ่นถัดไป

2. ปฏิบัติการทางสายพันธุ์ (genetic operation)

คือกรรมวิธีการเปลี่ยนแปลงโครโมโซมด้วยวิธีการทางสายพันธุ์ เป็นขั้นตอนการสร้างลูกหลานซึ่งได้จากการรวมพันธุของต้นกำเนิดสายพันธุ์เพื่อให้ได้ลูกหลานที่มีส่วนผสมผสานมาจากพ่อแม่หรือได้จากการแปรผันยีนของพ่อแม่เพื่อให้ได้ลูกหลานสายพันธุ์ใหม่เกิดขึ้น

3. การแทนที่ (replacement)

คือขั้นตอนการนำเอาลูกหลานกำเนิดใหม่ไปแทนที่ประชากรเก่าในรุ่นก่อน เป็นขบวนการในการคัดเลือกกว่าควรจะเอาลูกหลานในกลุ่มใดไปแทนประชากรเก่าในกลุ่มใด

GA มีการจำลองวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตในระบบธรรมชาติ กล่าวคือกระบวนการภายในของ GA ทำให้คำตอบของระบบที่มีอยู่เกิดวิวัฒนาการในตัวเองอันจะนำไปสู่การปรับตัวให้กลายเป็นคำตอบที่ดีกว่าและดีที่สุดได้ รายละเอียดขององค์ประกอบในวัฏจักร GA มีดังนี้

o ประชากร (population) - ประกอบไปด้วยกลุ่มของโครโมโซม (chromosome) ซึ่งเป็นตัวแทนของคำตอบในระบบที่ต้องการค้นหา

o ต้นกำเนิดสายพันธุ์ (parents) - กลุ่มประชากรที่ถูกคัดเลือกเพื่อเป็นตัวแทนในการให้กำเนิดสายพันธุ์ใหม่ในรุ่นถัดไป (next generation) ประชากรกลุ่มนี้จะเปรียบเสมือนกับเป็น "พ่อแม่" สำหรับใช้ในการสืบทอดสายพันธุ์ให้ลูกหลานต่อไป

o สายพันธุ์ใหม่ (offspring) - หรือ "ลูกหลาน" เป็นประชากรกลุ่มใหม่ที่ได้รับการถ่ายทอดสายพันธุ์มาจากพ่อแม่โดยคาดหวังที่จะได้รับสายพันธุ์ที่ดีที่สุดเพื่อถ่ายทอดต่อ ๆ กันไปในประชากรรุ่นถัดไป

ขั้นตอนการทำงานของ GA

แผนภาพในรูปที่ 2 แสดงขั้นตอนทั่วไปของ GA และการเชื่อมโยงเข้ากับระบบในโลกจริงเพื่อทำการค้นหา

คำตอบที่ต้องการ คำตอบของระบบที่ต้องการให้ GA ทำการค้นหาจะอยู่ในรูปของโครโมโซมในกลุ่มของประชากรซึ่งคำตอบที่ต้องการจะเป็นโครโมโซมที่ดีที่สุดในกลุ่ม ดังนั้นระบบจะสามารถรู้ได้ว่าคำตอบที่มีอยู่ใน GA ณ เวลาหนึ่ง ๆ นั้นดีหรือไม่คืออย่างไรด้วยการประเมินค่าของโครโมโซมผ่านฟังก์ชันวัตถุประสงค์

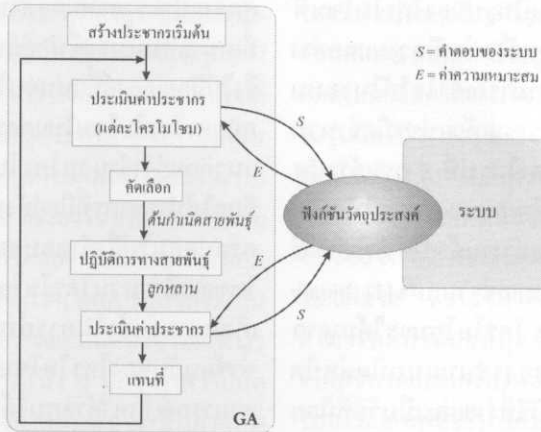


Figure 2. Simple GA process in real-world system.

ขั้นตอนทั่วไปของ GA

1. สร้างประชากร โดยปกติจะใช้การสุ่ม (random)
2. ประเมินค่าโครโมโซมของกลุ่มประชากรทั้งหมด ด้วยฟังก์ชันวัตถุประสงค์ เนื่องจากระบบไม่สามารถเข้าใจค่าของโครโมโซมภายใน GA ดังนั้นโครโมโซมจะต้องผ่านการถอดรหัสก่อนที่จะนำไปทำการคำนวณด้วยฟังก์ชันวัตถุประสงค์ได้
3. คำนวณหาค่าความเหมาะสมแล้วส่งกลับไปยัง GA
4. ใช้ค่าความเหมาะสมทำการคัดเลือกโครโมโซมบางกลุ่มเพื่อนำมาเป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์ซึ่งจะใช้เป็นตัวแทนในการถ่ายทอดสายพันธุ์ให้กับรุ่นถัดไป
5. นำต้นกำเนิดสายพันธุ์มาทำการสร้างลูกหลานด้วยปฏิบัติการทางสายพันธุ์ โครโมโซมที่ได้ในขั้นตอนนี้ก็คือโครโมโซมลูกหลาน
6. คำนวณค่าความเหมาะสมของโครโมโซมลูกหลานโดยใช้ขั้นตอนเดียวกับข้อ 3)
7. โครโมโซมในประชากรเดิมจะถูกแทนที่ด้วยลูกหลานที่ได้จากข้อ 5) ประชากรเพียงบางส่วนเท่า

นั้นที่จะถูกแทนที่ด้วยกลวิธีเฉพาะสำหรับขั้นตอนของการแทนที่โดยใช้ค่าความเหมาะสมในการตัดสินใจ

8. เริ่มต้นทำซ้ำจากขั้นตอนในข้อ 2) ไปเรื่อย ๆ จนกระทั่งได้คำตอบที่ต้องการ คำตอบที่ได้จะมาจากโครโมโซมที่ดีที่สุดในกลุ่มประชารณันเองโดยที่

สามารถใช้ค่าจากฟังก์ชันวัตถุประสงค์เพื่อเป็นการประเมินว่าคำตอบที่ได้เป็นที่ต้องการแล้วหรือไม่

โครโมโซมประชากรและการเข้ารหัส (Population & Encoding Scheme)

การเข้ารหัสประชากรเป็นขั้นตอนแรกและเป็นขั้นตอนที่สำคัญเพราะเป็นการออกแบบให้โครโมโซมเป็นตัวแทนของคำตอบจากระบบ ใน GA ทั่ว ๆ ไปจะให้โครโมโซมอยู่ในรูปของตัวแปรแบบสตริง (string of variables)

$$S = (s_1, s_2, \dots, s_L)$$

โดยที่ S คือโครโมโซมหนึ่ง ๆ และแต่ละ $s_i, i=1,2, \dots, L$ คือแต่ละตัวแปรในชุดคำตอบของระบบ (แต่ละระบบจะมีจำนวนตัวแปรไม่เท่ากัน ขึ้นอยู่กับลักษณะของปัญหา ความซับซ้อนและการออกแบบการแก้ปัญหาของระบบนั้น ๆ)

เมื่อพิจารณาโครโมโซมหนึ่ง ๆ เราสามารถมองได้ว่าเป็นการนำเอาคำตอบทั้งชุดของระบบมาวางเรียงต่อกันเป็นสาย GA จะมองโครโมโซมเป็นหนึ่ง

คำตอบประกอบไปด้วยองค์ประกอบที่เรียกว่ายีน (gene) ซึ่งในทางชีววิทยาคือเป็นส่วนที่เก็บคุณลักษณะสำคัญของสิ่งมีชีวิตเอาไว้ เช่น สีของตาหรือผม เป็นต้น ดังนั้นโครโมโซมใน GA จึงเป็นที่เก็บคุณลักษณะของคำตอบของระบบเอาไว้เพื่อใช้ในการสืบทอดสายพันธุ์ให้ประชากรรุ่นถัดไป ขบวนการภายในของ GA จะมองคำตอบของระบบอยู่ในรูปของโครโมโซมที่เรียกว่า "genotype" รูปแบบดังกล่าวมีความแตกต่างจากรูปของตัวแปรที่เราสามารถเข้าใจได้ในระบบปกติที่เรียกว่า "phenotype" เช่น ตัวแปรชนิดจำนวนจริงหรือจำนวนเต็มดังแสดงในรูปที่ 3 การเข้ารหัสจึงเป็นการจัดวางรูปแบบคำตอบของระบบให้อยู่ในรูปที่ GA สามารถเข้าใจและทำงานด้วยได้ ตัวอย่างวิธีการเข้ารหัสวิธีหนึ่งก็คือแบบเลขฐานสอง [1] (binary string) ดังแสดงในรูปที่ 4 โครโมโซมจะได้รับการเรียงกันด้วยคำตอบของระบบแบบบิตต่อบิต วิธีการเข้ารหัสแบบนี้เป็นวิธีที่ง่ายและเป็นวิธีที่นิยมใช้กันทั่วไปวิธีหนึ่ง วิธีเข้ารหัสอื่น ๆ ก็มีเช่น การเข้ารหัสแบบจำนวนเต็ม [33] (integer) และการเข้ารหัสแบบค่าจริง [33-34] (real-valued) ฯลฯ ข้อดีของวิธีการเข้ารหัสทั้งสองแบบ คือ สามารถเข้าใจและตรวจสอบค่าได้ทันทีโดยไม่ต้องถอดรหัส วิธีการเข้ารหัสแบบค่าจริงเป็นอีกวิธีที่มีข้อดีเหนือกว่าวิธีอื่น ๆ ในแง่ของการคำนวณเชิงตัวเลข อันเนื่องมาจากวิธีดังกล่าวสามารถใช้ตัวแปรแบบจำนวนจริงในการคำนวณโดยตรง จึงไม่มีการสูญเสียความละเอียดของตัวเลขแต่อย่างใด นอกจากนั้นยังสามารถใช้วิธีคำนวณที่หลากหลายกว่าต่อโครโมโซมได้โดยตรงอีกด้วย

วิธีการเข้ารหัสแต่ละวิธีจะมีคุณสมบัติที่ไม่เหมือนกันซึ่งขึ้นอยู่กับปัจจัยหลาย ๆ อย่าง เช่น ชนิดของคำตอบหรือวิธีการคำนวณในระบบ ฯลฯ โดยปกติแล้วถ้า GA ใช้โครโมโซมที่อยู่ในรูปของ phenotype การเข้ารหัสก็เป็นขั้นตอนที่ไม่จำเป็นเนื่องจากโครโมโซมที่เป็น phenotype จะอยู่ในรูปเดียวกับคำตอบของระบบซึ่งสามารถเข้าใจได้ทันที

ปกติแล้วใน GA จะใช้โครโมโซมหลาย ๆ ชุดแทนคำตอบของระบบ คือ $S_i, i=1,2,\dots, N$ นั่นคือในวัฏจักรหนึ่ง ๆ ของ GA จะมีคำตอบอยู่หลาย ๆ ชุด ปกติแล้วขนาดของประชากรจะมีจำนวนอยู่

ระหว่าง 30-100 โครโมโซม ในระบบที่เป็นเวลาจริง (real-time system) มีการใช้ไมโคร GA (micro-GA) ซึ่งมีขนาดของประชากรเพียงประมาณ 10 โครโมโซม เพื่อเพิ่มความเร็วในการคำนวณ ขนาดของประชากรอาจจะกล่าวได้ว่าเป็นสิ่งแรกที่ต้องทำการกำหนดก่อนแน่นอนว่าคำตอบของระบบควรจะเป็นคำตอบที่ดีที่สุดที่สุดจากประชากรที่มีอยู่ ดังนั้นจำนวนของโครโมโซมที่เหมาะสมนั้นจะขึ้นอยู่กับระบบและการออกแบบ จึงไม่มีกฎเกณฑ์ที่แน่นอนในการระบุจำนวนที่เหมาะสมของโครโมโซมในแต่ละครั้งได้ อย่างไรก็ตามก็ยังมีหลักแนวคิดอยู่ว่าจำนวนโครโมโซมที่น้อยเกินไปอาจจะส่งผลให้ประชากรที่มีอยู่ทั้งหมดไม่สามารถขยายพันธุ์ครอบคลุมไปถึงคำตอบของระบบได้ตามที่ต้องการ ในขณะที่จำนวนโครโมโซมที่มากเกินไปก็จะก่อให้เกิดความล่าช้าในการคำนวณและทำให้เกิดความซ้ำซ้อนกันของโครโมโซมซึ่งอาจจะมีผลให้ GA ไม่สามารถลู่เข้าหาคำตอบได้อย่างที่คาดคิด

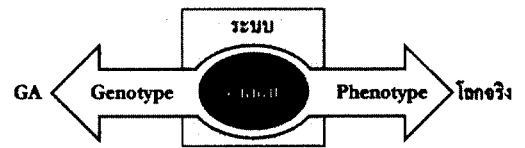


Figure 3. System solution in GA system and real-world system.

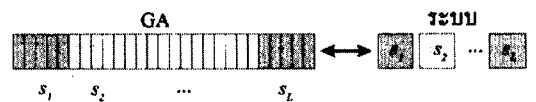


Figure 4. Binary string encoded chromosome.

การประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness Evaluation)

การประเมินค่าความเหมาะสมเป็นขั้นตอนในการประเมินว่าโครโมโซมหนึ่ง ๆ ดีหรือไม่คืออย่างไรเทียบกับโครโมโซมอื่น ๆ ที่มีอยู่ในกลุ่มประชากรนั้น ๆ โดยปกติแล้วการประเมินค่าความเหมาะสมของโครโมโซมจะประกอบไปด้วยการคำนวณค่าของสองฟังก์ชันดังนี้

1) ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (objective function หรือ evaluation function)

เป็นกระบวนการสำคัญที่ใช้ในการประเมินผลคำตอบของระบบว่าดีหรือไม่ดีแค่ไหน ฟังก์ชันวัตถุประสงค์เป็นฟังก์ชันที่ทำการประเมินคำตอบจากโครโมโซม โดยเทียบกับเป้าหมายของระบบ ในกรณีที่ระบบเป็นปัญหาของการค้นหาค่าต่ำสุด (minimization problem) โครโมโซมที่เป็นคำตอบที่ดีที่สุดของระบบจะมีค่าตัวเลขจากฟังก์ชันวัตถุประสงค์ที่น้อยที่สุด ตัวอย่างของฟังก์ชันวัตถุประสงค์ ได้แก่ ฟังก์ชันทั่ว ๆ ไปที่ใช้คำนวณค่าความผิดพลาดของระบบ (error) ดังนั้นวัตถุประสงค์ของระบบดังกล่าวก็คือต้องการให้ค่าความผิดพลาดของระบบมีค่าน้อยที่สุด ค่าการประเมินที่ได้จากฟังก์ชันวัตถุประสงค์จะเป็นตัวบอกว่าคำตอบของระบบขณะนั้นดีหรือไม่ดีเท่าไร ในกรณีนี้ สำหรับคำตอบหนึ่ง ๆ แล้ว ค่าความผิดพลาดที่น้อยกว่าหมายถึงคำตอบนั้นจะเป็นคำตอบที่ดีกว่า เนื่องมาจากฟังก์ชันวัตถุประสงค์ต้องใช้ตัวระบบเป็นที่คำนวณค่าการประเมิน ดังนั้นฟังก์ชันวัตถุประสงค์จึงถือเป็นส่วนสำคัญในการเชื่อมโยง GA เข้ากับระบบในโลกจริงดังแสดงในรูปที่ 5

สังเกตว่าโครโมโซมที่นำไปประเมินค่าด้วยฟังก์ชันวัตถุประสงค์จะต้องอยู่ในรูปที่ระบบเข้าใจ (นั่นคืออยู่ในรูป phenotype) ดังนั้นถ้ากำหนดให้โครโมโซม S ที่เวลา t ใด ๆ คือ $S(t)$ เราสามารถเขียนความสัมพันธ์ของค่าการประเมินของโครโมโซมนี้กับฟังก์ชันวัตถุประสงค์ได้ดังนี้

$$F(S(t)) = F(s_1, s_2, \dots, s_L)$$

โดยที่ s_1, s_2, \dots, s_L คือคำตอบของระบบที่ผ่านการถอดรหัสให้อยู่ในรูปของ phenotype เรียบร้อยแล้ว

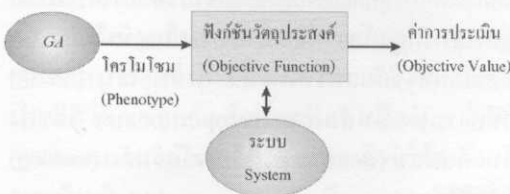


Figure 5. Objective function that connects between GA and real-world.

2) ฟังก์ชันกำหนดค่าความเหมาะสม (fitness function)

เป็นฟังก์ชันที่ทำการจับคู่ค่าการประเมินที่ได้จากฟังก์ชันวัตถุประสงค์ไปเป็นค่าความเหมาะสม (fitness value) จุดประสงค์ของฟังก์ชันนี้ก็เพื่อทำการกำหนดค่าความเหมาะสมให้กับโครโมโซมแต่ละตัว โดยมีค่าเปรียบเทียบกับตนเองภายในกลุ่มประชากร ค่าความเหมาะสมเหล่านี้จะถูกนำไปใช้เป็นเครื่องมือเพื่อตัดสินใจคัดเลือกโครโมโซมที่จะใช้ในการสืบสายพันธุ์ในรุ่นถัดไป สาเหตุที่ GA ไม่ใช้ค่าการประเมินในการคัดเลือกโครโมโซมก็เพราะว่าค่าการประเมินที่ได้จากฟังก์ชันวัตถุประสงค์นั้นจะมีค่าขึ้นอยู่กับระบบ จึงทำให้ตัวเลขที่ได้มีความหลากหลายและแตกต่างกันเกินไป ยกตัวอย่างเช่น ขนาดค่าความผิดพลาดของระบบสามารถมีค่าน้อยที่สุดคือศูนย์และมากที่สุดที่ไม่จำกัดขนาดและเครื่องหมาย จะเห็นได้ชัดว่าเป็นการไม่สะดวกนักที่จะนำเอาค่าดังกล่าวมาใช้ในการคัดเลือกโครโมโซมเนื่องมาจากค่านี้อาจจะมีความแตกต่างกันเกินไป (โดยเฉพาะในแต่ละรอบของ GA ที่มี การประเมินโครโมโซม ค่าความผิดพลาดอาจจะแตกต่างกันโดยสิ้นเชิงได้) ฟังก์ชันกำหนดค่าความเหมาะสมจึงเป็นการคำนวณค่าการประเมินของโครโมโซมทั้งหมดเทียบกับโครโมโซมด้วยกันเอง และทำให้มีค่าที่อยู่บนบรรทัดฐานเดียวกันกล่าวคือ

$$E(F_i) \in [E_{min}, E_{max}], i=1, 2, \dots, N$$

โดยที่ $E(F_i)$ คือฟังก์ชันกำหนดค่าความเหมาะสมจากค่าการประเมิน F_i (ของโครโมโซมตัวที่ i) E_{min} และ E_{max} เป็นค่าต่ำสุดและค่าสูงสุดของค่าความเหมาะสม โดยปกติจะมีค่าคงที่ตลอดระยะเวลาการทำงานของ GA (ซึ่งต่างกับค่าการประเมินที่สามารถเปลี่ยนแปลง

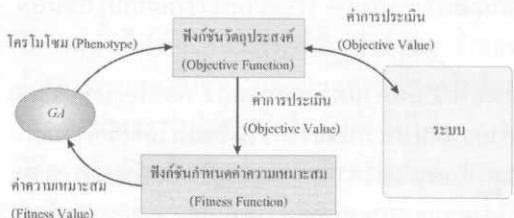


Figure 6. Objective function and fitness function.

ไปตามสภาวะของคำตอบที่คำนวณได้ในแต่ละรอบของ GA) รูปที่ 6 แสดงความสัมพันธ์ระหว่างฟังก์ชันวัตถุประสงค์กับฟังก์ชันกำหนดค่าความเหมาะสม เทคนิคของฟังก์ชันกำหนดค่าความเหมาะสมมีอยู่หลายแบบ เทคนิคที่ง่ายและนิยมใช้ เช่น วิธีกำหนดอย่างเป็นสัดส่วน (proportional) หรือวิธีการกำหนดบรรทัดฐานเชิงเส้น (linear normalization) ฯลฯ รายละเอียดโดยสังเขปของเทคนิคดังกล่าวมีดังต่อไปนี้

เทคนิควิธีกำหนดอย่างเป็นสัดส่วน (Proportional)

กำหนดให้ประชากรประกอบไปด้วยโครโมโซมทั้งหมด N ตัว คือ $S_i, i = 1, 2, \dots, N$ และค่าการประเมินของโครโมโซมตัวที่ i คือ $F_i = F(S_i)$ จะได้ว่าค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมคือ

$$E(F_i) = \frac{F_i}{\sum_{i=1}^N F_i}$$

ค่าความเหมาะสมที่ได้จากวิธีนี้จะถูกทำให้อยู่ในบรรทัดฐานเดียวกัน นั่นคือมีค่าไม่เกิน 1 อย่างไรก็ตาม วิธีนี้ไม่เหมาะที่จะใช้กับค่าการประเมินที่มีค่าเป็นลบ

เทคนิควิธีการกำหนดบรรทัดฐานเชิงเส้น (Linear Normalization)

ทำการจัดเรียงโครโมโซมด้วยค่าการประเมินตามลำดับ โดยที่เรียงจากมากไปน้อยถ้าระบบต้องการหาคำตอบที่มีค่ามากที่สุด ในขณะที่เรียงจากน้อยไปมากจะใช้สำหรับระบบที่ต้องการหาคำตอบที่มีค่าน้อยที่สุด กำหนดให้ตัวชี้ที่แสดงลำดับของการเรียงเป็น r

ให้โครโมโซมที่ดีที่สุดมีค่าความเหมาะสมเป็น E_{best} แล้วโครโมโซมตัวที่ i จะมีค่าความเหมาะสมคือ

$$E_i = E_{best} - (r-1)\lambda$$

โดยที่ λ คือค่าอัตราการลดลง (decrement rate) ค่าความเหมาะสมของโครโมโซมที่ได้จะมีค่าไม่เกิน E_{best} ในขณะที่โครโมโซมที่อยู่ในอันดับแรก ๆ จะมีค่าความเหมาะสมที่ต่ำกว่าตามสัดส่วนของ ค่าอัตราการลดลงจะมีค่าแตกต่างกันไปตามลักษณะของค่าการประเมิน (ซึ่งอาจจะไม่เหมือนกันในแต่ละระบบ)

ด้วยวิธีการกำหนดบรรทัดฐานเชิงเส้น จะเห็นได้ว่าสุดท้ายแล้วค่าการประเมินของระบบจะอยู่ในบรรทัดฐานเดียวกัน โดยมีค่า E_{best} เป็นหลัก ค่าการประเมินอื่น ๆ จะถูกจับคู่ไปเป็นค่าความเหมาะสมที่ไม่ขึ้นอยู่กับค่าการประเมิน แต่จะขึ้นอยู่กับลำดับของค่าการประเมินที่บ่งบอกว่าโครโมโซมนั้นดีหรือไม่ดีอย่างไร

การคัดเลือกสายพันธุ์ (Selection)

การคัดเลือกสายพันธุ์เป็นขั้นตอนในการคัดเลือกโครโมโซมที่ดีที่สุดจากภายในกลุ่มประชากรทั้งหมด โครโมโซมที่ได้จะถูกนำไปใช้เป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์เพื่อใช้ในการให้กำเนิดลูกหลานในรุ่นถัดไป โดยปกติแล้วเพื่อให้ได้สายพันธุ์ที่ดีต้นกำเนิดของสายพันธุ์จะต้องดีด้วย จึงกลายเป็นปัญหาว่าจะทำการคัดเลือกต้นกำเนิดสายพันธุ์ที่ดีได้อย่างไร

การคัดเลือกสายพันธุ์เป็นการจำลองการคัดเลือกโครโมโซมที่สามารถอยู่รอดได้ในแต่ละรุ่นสำหรับ GA จะทำการคัดเลือกโครโมโซมโดยการพิจารณาที่ค่าความเหมาะสมของโครโมโซมนั้น ๆ ดังนั้นโครโมโซมไหนมีค่าความเหมาะสมที่ดีย่อมหมายถึงการเป็นโครโมโซมที่ดีและมีโอกาสที่จะให้ลูกหลาน (offspring) ในจำนวนที่มากกว่าได้ ซึ่งย่อมเป็นการบ่งบอกว่าโอกาสในการอยู่รอดในรุ่นถัดไปก็จะมีเพิ่มมากขึ้นด้วย

ขั้นตอนในการคัดเลือกสายพันธุ์ประกอบไปด้วย 2 ขั้นตอนใหญ่ ๆ ได้แก่ การกำหนดค่าโอกาสในการถูกคัดเลือกเพื่อเป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์ให้กับโครโมโซม และการแปลงค่าโอกาสไปเป็นจำนวนของโครโมโซมลูกหลาน โครโมโซมที่มีโอกาสในการถูกคัดเลือกสูงจะให้จำนวนของโครโมโซมลูกหลานที่สูงด้วย วิธีการกำหนดโอกาสในการถูกคัดเลือกที่ใช้กันแพร่หลายทั่ว ๆ ไป เช่น [35-38] วิธีการแบ่งเป็นสัดส่วน (proportionate) วิธีของโบลต์ซมันน์ (Boltzmann) วิธีการจัดอันดับ (ranking) และวิธีจัดการแข่งขัน (tournament) ฯลฯ สำหรับการแปลงค่าโอกาสหรือที่เรียกว่าการซัดตัวอย่าง (sampling) จะใช้วิธีของวงล้อรูเล็ต (roulette wheel

sampling) หรือวิธีการสุ่มการเพิ่มสุ่มครอบจักรวาล (stochastic universal sampling หรือ SUS) หลักการโดยทั่วไปของกำหนดโอกาสจะใช้ค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมเพื่อช่วยในการคัดเลือกดังรายละเอียดต่อไปนี้

วิธีการแบ่งเป็นสัดส่วน (Proportionate Selection)

วิธีการนี้จะทำการคัดเลือกโครโมโซมอย่างเป็นสัดส่วนจากค่าความเหมาะสมของโครโมโซมนั้น ๆ ถ้ากำหนดให้โครโมโซม S มีค่าความเหมาะสมเป็น $E(S)$ ค่าโอกาสในการถูกคัดเลือกของโครโมโซมนี้คือ

$$P(S) = \frac{E(S)}{E_{avg}}$$

โดยที่ E_{avg} คือ ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของโครโมโซมทั้งหมด ค่า $P(S)$ แสดงให้เห็นว่าโครโมโซมแต่ละตัวสามารถเป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์ในอัตราส่วนที่แตกต่างกัน โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากก็จะมีโอกาสในการสืบสายพันธุ์ด้วยอัตราที่สูงกว่าโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อยกว่า

ข้อจำกัดของการคัดเลือกสายพันธุ์ด้วยวิธีการนี้ คือ ค่าความเหมาะสมจะต้องมีค่าเป็นบวกเท่านั้น อย่างไรก็ตามเราสามารถใส่ค่าเอกซ์โพเนนเชียลของค่าความเหมาะสมซึ่งจะมีค่าเป็นบวกเสมอแทนได้ (วิธีดังกล่าวจะกลายเป็นวิธีของโบลต์ซมันน์นั่นเอง) วิธีการแบ่งเป็นสัดส่วนเป็นวิธีที่ง่ายแต่อาจจะสามารถนำไปสู่ค่าตอบวงแคบเฉพาะถิ่นได้ (local optimum) วิธีการแบบอื่น ๆ จึงถูกพัฒนาและศึกษาในประสิทธิภาพต่อการทำงานของ GA ดังเช่นวิธีของโบลต์ซมันน์หรือวิธีแบบจัดอันดับ

วิธีของโบลต์ซมันน์ (Boltzmann Selection)

วิธีของโบลต์ซมันน์เป็นวิธีการแก้ปัญหาของโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่เป็นลบ นอกจากนี้แล้วยังมีจุดประสงค์เพื่อลดความแตกต่างของค่าความเหมาะสมของประชากรโดยรวม พิจารณาค่าโอกาสในการถูกคัดเลือกของโครโมโซม S ที่มีค่าความเหมาะสมเป็น $E(S)$ สามารถเขียนได้ดังนี้

$$P(S) = \frac{e^{E(S)}}{E_{avg}}$$

สมการข้างต้นได้มาจากการคำนวณค่าเอกซ์โพเนนเชียล

ของค่าความเหมาะสมของโครโมโซมนั้นเอง

วิธีการจัดอันดับ (Ranking Selection)

วิธีการนี้เป็นวิธีการที่ง่าย โดยโครโมโซมจะถูกจัดเรียงให้มีอันดับ r ตามค่าความเหมาะสม โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดจะมีอันดับ N โดยที่ N คือจำนวนโครโมโซมทั้งหมด (N จะเป็นค่าอันดับที่มากที่สุด) ในขณะที่โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ด้อยที่สุดจะมีอันดับ 1 โอกาสในการถูกคัดเลือกของโครโมโซมจะมีค่าเท่ากับ

$$P(S) = \frac{r}{E_{avg}}$$

วิธีการจัดอันดับมีข้อดีที่ค่า P จะไม่แปรผันกับขนาดของค่าความเหมาะสมแต่จะขึ้นกับอันดับของโครโมโซม อย่างไรก็ตามวิธีการดังกล่าวจะมีผลทำให้การเข้าสู่ค่าตอบของ GA ช้า เนื่องจากโครโมโซมที่ด้อยกว่ามีโอกาสในการถูกคัดเลือกที่ดีขึ้นเมื่อเทียบกับวิธีที่กล่าวมาก่อนข้างต้น

วิธีจัดการแข่งขัน (Tournament Selection)

เป็นวิธีการเดียวกับการแข่งขันกีฬาทั่ว ๆ ไป ทำได้โดยการสุ่มแบ่งกลุ่มคัดเลือกโครโมโซมแล้วเลือกเอาโครโมโซมที่ดีที่สุดในกลุ่มนั้นเพื่อเป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์ จำนวนของโครโมโซมในแต่ละกลุ่มนั้นจะแตกต่างกันออกไป โดยปกติแล้วจะใช้วิธีสุ่มแบบจับคู่โครโมโซม (นั่นคือมีเพียง 2 โครโมโซมที่ถูกสุ่มเลือกเข้ามาในแต่ละการแข่งขัน) วิธีจัดการแข่งขันมีความเหมาะสมในการทำให้ปัญหาความเหลื่อมล้ำของค่าความเหมาะสมของโครโมโซมหมดไป

หลังจากที่ได้มีการกำหนดค่าโอกาสในการถูกคัดเลือกให้กับแต่ละโครโมโซมจนหมดแล้ว ขั้นตอนต่อไปก็คือการชักตัวอย่าง ซึ่งเป็นการนำเอาค่าโอกาสนั้นไปทำการแปลงให้เป็นค่าตัวเลข ตัวเลขดังกล่าวจะแสดงถึงจำนวนของลูกหลานที่โครโมโซมนั้น ๆ จะสามารถให้กำเนิดในขั้นต่อไปได้

วิธีการชักตัวอย่างแบบวงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel Sampling)

ในขั้นตอนนี้แรกจะทำการสร้างวงล้อรูเล็ตขึ้นมาก่อน โดยกำหนดให้ P_{total} คือ ผลรวมของค่าโอกาสในการถูกคัดเลือกของโครโมโซมในประชากร

ทั้งกลุ่ม ค่านี้จะมีค่าเทียบเท่ากับเส้นรอบวงของวงล้อรูเล็ต หลังจากนั้นค่า P ของโครโมโซมแต่ละตัวจะถูกแปลงไปยังบนวงล้อรูเล็ตภายในช่วง $[0, P_{total}]$ โดยที่ขนาดบนวงล้อรูเล็ตสำหรับแต่ละโครโมโซมจะสัมพันธ์กับค่า P ของโครโมโซมนั้น ๆ รูปที่ 7 แสดงตัวอย่างของวงล้อรูเล็ตสำหรับประชากร S ที่มีค่าความเหมาะสม $E = \{3,1,5,20,8\}$ ค่า P คือค่าโอกาสในการถูกคัดเลือกของโครโมโซมตัวที่ i ซึ่งได้มาจากวิธีการแบ่งเป็นสัดส่วน สังเกตว่าค่า P ของโครโมโซมจะสัมพันธ์โดยตรงกับค่าความเหมาะสมของโครโมโซม

จากรูปข้างต้น โครโมโซม S_4 ซึ่งมีค่าความเหมาะสมเท่ากับ 20 เป็นค่าสูงที่สุดในกลุ่มจะมีขนาดบนวงล้อรูเล็ตมากที่สุดและมีโอกาสในการถูกคัดเลือกสูงที่สุด (ด้วยค่า P_4) ในขณะที่โครโมโซม S_2 ซึ่งมีค่าความเหมาะสมเท่ากับ 1 เป็นค่าต่ำที่สุดในกลุ่มจะมีขนาดบนวงล้อรูเล็ตเล็กที่สุดและมีโอกาสในการถูกคัดเลือกต่ำที่สุด (ด้วยค่า P_2) ขั้นตอนในการคัดเลือกโครโมโซมจะเริ่มจากการสุ่มค่าตัวชี้ซึ่งเป็นตัวเลขระหว่าง 0 ถึง P_{total} และถ้าตัวเลขดังกล่าวตรงกับโครโมโซมใดบนวงล้อรูเล็ต โครโมโซมนั้นจะถูกเลือก กระบวนการนี้เปรียบได้กับการหมุนวงล้อในเกมรูเล็ตนั่นเอง ในแต่ละครั้งของการหมุนวงล้อก็จะได้โครโมโซมที่จะเป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์มาหนึ่งตัว การสุ่มตัวเลขเพื่อคัดเลือกโครโมโซมจะดำเนินไปเรื่อย ๆ จนกระทั่งได้ต้นกำเนิดสายพันธุ์เท่ากับจำนวนที่ต้องการ ดังนั้นสำหรับการคัดเลือกต้นกำเนิดสายพันธุ์จำนวน N โครโมโซมจะต้องทำการหมุนวงล้อรูเล็ตทั้งหมด N ครั้ง เราจะเห็นได้ว่าโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่สูงสุดจะมีโอกาสถูกคัดเลือกมากกว่าโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ต่ำกว่าซึ่งเป็นปรากฏการณ์ปกติในธรรมชาติทั่ว ๆ ไป

ค่า P ที่ได้จากตัวอย่างในรูปที่ 7 ได้มาจากวิธีการแบ่งเป็นสัดส่วน เราจะเห็นได้ว่าชัดเจนว่าโอกาสของโครโมโซมตัวที่สองจะถูกเลือกนั้นอาจมีค่าน้อยมากอันจะทำให้เกิดความเหลื่อมล้ำในการคัดเลือกขึ้นวิธีอื่น ๆ ที่มีประสิทธิภาพดีกว่าจึงเป็นที่นิยมใช้มากกว่า ยกตัวอย่างเช่นวิธีการจัดอันดับซึ่งจะให้ค่าของโอกาสในการถูกคัดเลือกที่ไม่แปรผันไปตามขนาด

ของค่าความเหมาะสม

วิธีวงล้อรูเล็ตเป็นขบวนการสุ่มคัดเลือกโครโมโซม ในบางโอกาสอาจจะมีโครโมโซมใดโครโมโซมหนึ่งเท่านั้นที่บังเอิญถูกสุ่มในการคัดเลือกทุกครั้ง ถ้าเกิดกรณีดังกล่าวขึ้นประชากรในรุ่นถัดไปจะประกอบไปด้วยโครโมโซมชนิดเดียวกันหมดทั้งกลุ่มซึ่งไม่เป็นประโยชน์ต่อการค้นหาคำตอบแต่อย่างใด วิธีวงล้อรูเล็ตสามารถปรับปรุงได้หลายวิธี วิธีหนึ่งที่ย่างและมีประสิทธิภาพคือกำหนดให้ในแต่ละครั้งที่โครโมโซมถูกคัดเลือก ขนาดของโครโมโซมนั้น ๆ บนวงล้อรูเล็ตจะมีค่าลดลงจนกระทั่งมีขนาดเป็นศูนย์วิธีนี้ทำให้แต่ละโครโมโซมที่เหลือมีขอบเขตในการถูกเลือกที่เท่าเทียมกันและลดโอกาสความเป็นใหญ่ในหมู่ประชากรของโครโมโซมตัวใดตัวหนึ่งได้

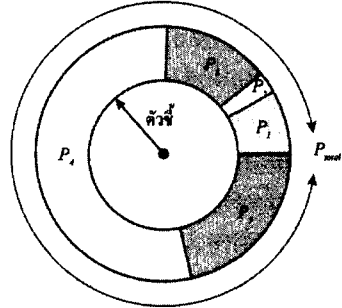


Figure 7. Fitness values of each chromosome in Roulette Wheel selection.

วิธีการชักตัวอย่างแบบกระบวนการสุ่มครอบจักรวาล (Stochastic Universal Sampling)

SUS เป็นวิธีการชักตัวอย่างที่ถูกเรียกใช้เพียงครั้งเดียวก็สามารถคัดเลือกโครโมโซมตามจำนวนที่ต้องการได้ ข้อแตกต่างของ SUS กับแบบวงล้อรูเล็ตอยู่ตรงที่มีการใช้ตัวชี้มากกว่าหนึ่งตัว นั่นคือสำหรับการคัดเลือก N โครโมโซมจะมีตัวชี้ทั้งหมด N ตัวโดยที่ตัวชี้แต่ละตัวจะมีระยะห่างเท่ากันและมีค่าเท่ากับ $\frac{P_{total}}{N}$ ดังแสดงในรูปที่ 8

SUS จะเริ่มจากการสุ่มสลับที่โครโมโซมบนวงล้อรูเล็ต ถัดมาตัวชี้ ptr ซึ่งเป็นตัวชี้เริ่มต้นจะถูกสุ่มขึ้นมาในช่วง $[0, P_{total}]$ ตัวชี้ที่เหลือจำนวน $N-1$ ตัวถัดจากตัวชี้ ptr จะถูกคำนวณโดยมีระยะห่างระหว่างตัวชี้ที่ติดกันเท่ากับ $\frac{P_{total}}{N}$ โครโมโซมที่จะ

ถูกคัดเลือกได้แก่โครโมโซมจำนวนทั้งสิ้น N โครโมโซมซึ่งถูกตัวชี้ N ตัวชี้อยู่ วิธีนี้ทำให้ลดความเหลื่อมล้ำในแต่ละโครโมโซมสำหรับการคัดเลือกลงเมื่อเทียบกับวิธีดั้งเดิมของวงล้อรูเล็ต โครโมโซมที่มีค่า P สูงจะถูกชี้ด้วยจำนวนตัวชี้ในจำนวนที่มากกว่า โครโมโซมที่มีค่า P ที่ต่ำกว่า

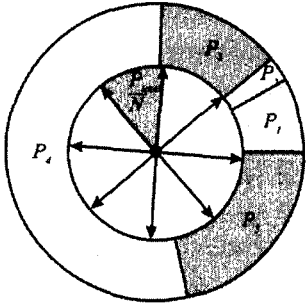


Figure 8. Stochastic universal sampling.

ปฏิบัติการทางสายพันธุ์ (Genetic Operation)

หลังจากขบวนการคัดเลือกได้ดำเนินไปจนเสร็จสมบูรณ์ โครโมโซมลูกหลานจะถูกสร้างจากโครโมโซมที่ถูกคัดเลือกมาเป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์ โดยการนำเอาโครโมโซมที่เป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์นั้นมาทำการเปลี่ยนแปลงให้เกิดโครโมโซมใหม่ขึ้นมาหลายเป็นโครโมโซมลูกหลานซึ่งแสดงในรูปที่ 9 ขั้นตอนนี้เป็นขั้นตอนสำคัญอีกขั้นตอนหนึ่งในวัฏจักรของ GA ซึ่งมีการคาดหวังว่าโครโมโซมลูกหลานที่เกิดขึ้นมานั้นจะได้รับส่วนดีของโครโมโซมต้นกำเนิดสายพันธุ์ โดยผ่านปฏิบัติการทางสายพันธุ์นี้ ถ้าพิจารณาถึงการเปลี่ยนแปลงอันเนื่องมาจากปฏิบัติการทางสายพันธุ์ที่เกิดขึ้นกับประชากรซึ่งเป็นคำตอบของระบบแล้วเราสามารถเปรียบเทียบปฏิบัติการทางสายพันธุ์ได้กับการก้าวเดินไปสู่คำตอบของระบบนั่นเอง

โดยปกติทั่วไปปฏิบัติการทางสายพันธุ์จะมีอยู่ 2 วิธีหลัก ๆ คือ การทำครอสโอเวอร์ (crossover)



Figure 9. Genetic operator.

และการทำมิวเทชัน (mutation) ดังรายละเอียดต่อไปนี้

1) ครอสโอเวอร์

เป็นวิธีการรวมตัวใหม่ของโครโมโซม (recombination operator) โดยทำการรวมส่วนย่อยระหว่างโครโมโซมต้นกำเนิดสายพันธุ์ตั้งแต่สองโครโมโซมขึ้นไปเพื่อให้กลายเป็นโครโมโซมลูกหลาน โครโมโซมลูกหลานที่ได้จากการครอสโอเวอร์นี้จะมีพันธุกรรมจากต้นกำเนิดสายพันธุ์อยู่ในตัว โดยปกติทั่วไปแล้วจะมีการกำหนดอัตราการทำครอสโอเวอร์เอาไว้ซึ่งส่วนใหญ่จะใช้ความน่าจะเป็น (P_c) เป็นตัวกำหนดอัตราดังกล่าว วิธีการทำครอสโอเวอร์มีได้หลายแบบดังรายละเอียดในตัวอย่างต่อไปนี้

การทำครอสโอเวอร์แบบจุดเดียว (Single-Point Crossover)

การทำครอสโอเวอร์แบบจุดเดี่ยวนี้นั้นโครโมโซมลูกหลานจะมีสายพันธุ์ของต้นกำเนิดอยู่อย่างละหนึ่งส่วนจุดตัดในการทำครอสโอเวอร์นั้นโดยปกติจะได้อาจจากการสุ่มเลือก ตัวอย่างของการทำครอสโอเวอร์แบบจุดเดียวแสดงอยู่ในรูปที่ 10

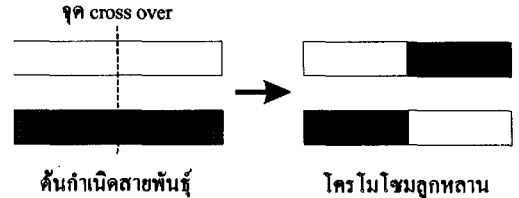


Figure 10. Example of single-point crossover.

การทำครอสโอเวอร์แบบหลายจุด (Multiple-Point Crossover)

ตัวอย่างการทำครอสโอเวอร์แบบหลายจุดดังแสดงในรูปที่ 11 มีการใช้จุดตัดทั้งหมด 3 จุด ดังนั้นโครโมโซมลูกหลานจะมีสายพันธุ์ของต้นกำเนิดอยู่มากกว่าหนึ่งส่วน หลักการเลือกจุดของครอสโอเวอร์นั้นมีอยู่หลายแบบ แต่ละแบบจะให้ผลต่อการเปลี่ยนแปลงของสายพันธุ์ในโครโมโซมลูกหลานที่แตกต่างกันออกไปด้วย วิธีที่ง่ายและเป็นที่ยอมรับทั่วไปคือการสุ่มเลือกจุดครอสโอเวอร์ การทำครอสโอเวอร์แบบหลายจุดจะให้ผลของลูกหลานที่มีความหลากหลายกว่าการทำครอสโอเวอร์แบบจุดเดียว อันจะมีผลให้การเข้าสู่คำตอบของระบบสามารถรอบ

กลุ่มพื้นที่ของคำตอบได้มากยิ่งขึ้น อย่างไรก็ตามการทำครอสโอเวอร์แบบหลายจุด ซึ่งทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงของโครโมโซมลูกหลานได้มากกว่าการทำครอสโอเวอร์แบบจุดเดียวนั้น อาจจะทำให้โอกาสเบี่ยงเบนของคำตอบที่มีอยู่ในโครโมโซมลูกหลานมีอัตราที่สูงกว่าเช่นกัน

การทำครอสโอเวอร์ที่นิยมอีกชนิดหนึ่งคือครอสโอเวอร์แบบสม่ำเสมอ (Uniform Crossover) ซึ่งมีข้อดีในการลดปัญหาความไม่สมดุลย์ในการแบ่งจุดครอสโอเวอร์แบบจุดเดียวของโครโมโซมที่มีขนาดต่าง ๆ กัน

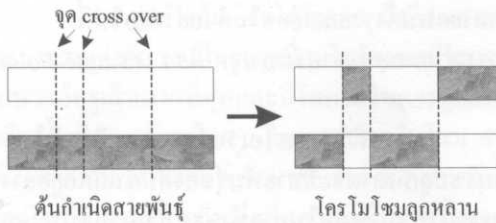


Figure 11. Example of multiple-point crossover.

2) มิวเทชัน

เป็นวิธีการแปรผันยีนหรือส่วนย่อยของโครโมโซม ซึ่งสามารถเปรียบเทียบกับกับการกลายพันธุ์ของสิ่งมีชีวิตในทางชีววิทยานั้นเอง มิวเทชันคือการเปลี่ยนแปลงยีนในโครโมโซมซึ่งในทางปฏิบัติแล้วยีนก็คือบิตในระบบตัวเลขของคอมพิวเตอร์ดังแสดงในรูปที่ 12

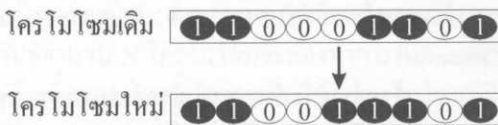


Figure 12. Bit mutation on the 4th bit of the cheomosome.

การทำมิวเทชันเปรียบเสมือนกับการก้าวเดินไปสู่คำตอบของระบบเช่นเดียวกับการทำครอสโอเวอร์ นอกเหนือไปจากนั้นแล้วมิวเทชันยังสามารถมองเป็นการทำให้เกิดความหลากหลายขึ้นในกลุ่มประชากร มีผลให้คำตอบที่เกิดขึ้นในขบวนการของ GA ครอบคลุมพื้นที่การค้นหาคำตอบทั่วถึงยิ่งขึ้น อย่างไรก็ตามอัตราในการทำมิวเทชันเป็นปัจจัยที่

สำคัญอีกอย่างหนึ่งที่ต้องคำนึงถึงเพราะจะมีผลต่อพฤติกรรมการทำงานของ GA มีผลการค้นคว้ารายงานว่าอัตราการทำมิวเทชันจะขึ้นอยู่กับขนาดของประชากรเพื่อให้การสำรวจพื้นที่ในการค้นหาคำตอบเป็นไปอย่างทั่วถึง [39] ดังนั้นการกำหนดอัตราการทำมิวเทชันต้องมีความเหมาะสมที่สุดต่อระบบด้วยเพื่อก่อให้เกิดผลในการค้นหาคำตอบที่มีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น ซึ่งโดยปกติแล้วการทำมิวเทชันจะมีอัตราการใช้งานที่ค่อนข้างต่ำ

การแทนที่ (Replacement)

การแทนที่เป็นขั้นตอนหลังจากที่ GA ได้โครโมโซมลูกหลานเรียบร้อยแล้วและจะมีการนำโครโมโซมใหม่ไปแทนที่ประชากรรุ่นเก่า จุดประสงค์ในการแทนที่นั้นค่อนข้างชัดเจน กล่าวคือการนำโครโมโซมลูกหลานมาแทนที่ประชากรรุ่นก่อนจะทำให้ประชากรรุ่นใหม่ประกอบไปด้วยโครโมโซมใหม่ ๆ ซึ่งเป็นโครโมโซมที่ดีกว่าอันเนื่องมาจากการได้สืบสายพันธุ์ที่ดีจากต้นกำเนิดสายพันธุ์ที่ผ่านการคัดเลือกแล้ว กลยุทธ์ในการคัดเลือกกว่าโครโมโซมไหนจะถูกแทนที่นั้นสามารถแบ่งได้เป็น 2 วิธี คือ

1) การแทนที่ประชากรทั้งรุ่น (generational GA)

เป็นการนำประชากรลูกหลานไปแทนที่ประชากรเก่าทั้งหมด ดังนั้นถ้าในระบบหนึ่งมีประชากรขนาด N จำนวนของโครโมโซมลูกหลานที่จะมาแทนที่ที่จะต้องมีความ N เช่นกัน วิธีนี้เป็นวิธีที่ง่ายเนื่องจากไม่จำเป็นจะต้องมีขั้นตอนของการคัดเลือกกว่าประชากรส่วนไหนจะถูกแทนที่ แต่การที่ไม่มีขั้นตอนดังกล่าวกลายเป็นข้อเสีย นั่นคือ โครโมโซมที่ดี ๆ ในรุ่นก่อนจะถูกแทนที่ไปด้วย วิธีที่ง่าย ๆ ก่อนที่จะทำการแทนที่ที่คัดเลือกเก็บโครโมโซมที่ดีที่สุด 2-3 ตัวแรกเอาไว้โดยอาจจะใช้วิธีการคัดเลือกดังที่อธิบายมาแล้วก่อนหน้า วิธีดังกล่าวอาจเรียกได้ว่าเป็นกลยุทธ์คัดเลือกหัวกระทิ (elitist strategy) อย่างไรก็ตามประชากรที่เหลืออยู่อาจจะถูกรอบงำด้วยโครโมโซมหัวกระทิที่ได้โดยง่าย กล่าวคือถ้าไม่มีโครโมโซมใหม่ที่ดีกว่าเกิดขึ้น โครโมโซมที่ดีที่สุดจากรุ่นก่อนก็จะถูกเก็บไว้อยู่ตลอดไปและไม่ก่อให้เกิดการ

เปลี่ยนแปลงใด ๆ ขึ้น ทำให้ GA ไม่สามารถสร้างวิวัฒนาการโครโมโซมใหม่ ๆ ขึ้นมาได้ ถึงแม้ว่าผลของโครโมโซมหัวกระทิงจะมีโอกาสเกิดขึ้นได้ แต่วิธีนี้ก็ได้รับการพิสูจน์แล้วว่าทำให้ระบบโดยรวมดีขึ้น

2) การแทนที่ประชากรแบบคงตัว (steady-state GA)

เป็นการนำเอาประชากรลูกหลานไปแทนที่ประชากรเดิมเพียงบางส่วนเท่านั้น ดังนั้นจะต้องมีการคัดเลือกประชากรที่จะถูกแทนที่ซึ่งโดยปกติจะพิจารณาจากค่าความเหมาะสมของโครโมโซมนั้นเอง โครโมโซมเก่าจะถูกแทนที่ด้วยโครโมโซมใหม่เพียง 1 หรือ 2 ตัวเท่านั้น กลวิธีในการแทนที่มีอยู่หลายวิธี [40-41] เช่น การแทนที่ประชากรที่ด้อยที่สุดหรือการแทนที่ประชากรโดยการสุ่มเลือก เป็นต้น

ข้อดีของ GA

เมื่อพิจารณาถึงความสามารถและโครงสร้างของ GA แล้ว สามารถสรุปข้อดีต่างๆ ของ GA ได้ดังนี้

1. มีโครงสร้างที่เหมาะสมสำหรับการประมวลผลแบบขนาน - โดยโครงสร้างของ GA แล้วสามารถถูกออกแบบให้ทำงานในลักษณะของการประมวลผลแบบขนาน ได้จึงสามารถทำให้ความเร็วในการคำนวณเพิ่มขึ้น GA สามารถแบ่งการคำนวณเป็นหน่วยย่อย โดยที่แต่ละหน่วยเป็น GA ที่ทำงานได้สมบูรณ์ในตัวเองและแยกกันทำการค้นหาคำตอบของระบบพร้อม ๆ กันได้ นอกจากนี้แล้ว GA ยังสามารถแบ่งตัวเองเป็นหน่วยย่อยที่แต่ละหน่วยแยกทำหน้าที่ตามขั้นตอนของ GA ต่าง ๆ ได้ เช่น แยกเป็นหน่วยคำนวณค่าความเหมาะสม หน่วยทำการคัดเลือก หน่วยทำปฏิบัติการทางสายพันธุ์ เป็นต้น
2. มีเสถียรภาพและความน่าเชื่อถือ - เป็นที่ยืนยันแล้วว่า มีเทคนิคหลาย ๆ อย่างที่สามารถใช้ทำให้ GA มีการลู่ออกหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ถึงแม้ว่าสภาวะแวดล้อมของระบบจะมีการเปลี่ยนแปลงไป
3. สามารถให้คำตอบที่เหมาะสมที่สุดในวงกว้าง (global optimum) - ปัญหาหลาย ๆ อย่างจะมีคำตอบอยู่หลายชุดซึ่งเป็นคำตอบวงแคบเฉพาะถิ่นที่เหมาะสม

ที่สุด (local optimum) GA ได้รับการพิสูจน์ให้เห็นว่าสามารถเอาชนะปัญหาของระบบดังกล่าวได้อย่างมีประสิทธิภาพ

4. มีความยืดหยุ่นในการออกแบบชนิดของโครโมโซม- ยีนของโครโมโซมสามารถถูกออกแบบให้เป็นตัวเลขชนิดใด ๆ ก็ได้ตามความเหมาะสมกับระบบ ไม่ว่าจะเป็นแบบฐานสองหรือเลขจำนวนจริง จึงทำให้ GA สามารถใช้งานกับระบบต่าง ๆ ได้หลากหลาย
5. เหมาะสำหรับระบบที่มีเงื่อนไขข้อจำกัดต่าง ๆ - ในหลาย ๆ ระบบจะมีการระบุเงื่อนไขของพารามิเตอร์ต่าง ๆ เพื่อจำกัดให้ระบบมีเสถียรภาพและเป็นการจำกัดพื้นที่สำหรับการค้นหาคำตอบด้วย GA มีโครงสร้างที่สามารถออกแบบให้มีการจำกัดขอบเขตของโครโมโซมได้อย่างสะดวก จึงเหมาะกับการแก้ไขปัญหาค่าที่ต้องมีเงื่อนไขแบบต่าง ๆ ได้เป็นอย่างดี
6. เหมาะสำหรับระบบที่มีฟังก์ชันวัตถุประสงค์แบบพหุคูณ - GA สามารถใช้กับระบบที่มีฟังก์ชันวัตถุประสงค์มากกว่าหนึ่ง ยกตัวอย่างเช่น การออกแบบตัวกรองชนิด IIR ที่ต้องมีการกำหนดฟังก์ชันวัตถุประสงค์สำหรับทั้งค่าความผิดพลาดของขนาด (magnitude error) และค่าความผิดพลาดของเวลาประวิง (delay error) ลักษณะดังกล่าวทำให้ GA มีความเหมาะสมในการแก้ปัญหาค่าจริงได้หลากหลายซึ่งส่วนใหญ่จะมีเป้าหมายในการแก้ปัญหามากกว่าหนึ่งอย่าง
7. ใช้แก้ปัญหของระบบได้โดยที่ไม่จำเป็นต้องรู้หรือคำนวณหาผลเฉลยรูปแบบปิด (closed form solution) ของระบบ โดยปกติแล้วการคำนวณหาผลเฉลยดังกล่าวจะมีความยุ่งยากและต้องใช้เวลานาน การนำเอา GA มาประยุกต์ใช้งานจึงช่วยลดความยุ่งยากในส่วนนี้ได้เป็นอย่างดี

แหล่งข้อมูลเพิ่มเติม

ได้มีการประยุกต์ใช้งาน GA ไว้อย่างกว้างขวางและมีผู้นำเสนอผลงานไว้บนอินเทอร์เน็ตมากมาย ผู้อ่านสามารถหาข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับ GA ได้ที่

<http://www.aic.nrl.navy.mil/galist>

เว็บไซต์ข้างต้นเป็นศูนย์กลางที่รวบรวมเว็บไซต์ต่างๆ ที่เกี่ยวกับ GA จากทั่วโลกเอาไว้ จึงเหมาะจะเป็นที่เริ่มต้นหรือเป็นแหล่งในการค้นหาข้อมูลเพิ่มเติมได้เป็นอย่างดี

ซอฟต์แวร์ในการช่วยคำนวณ GA

เนื่องมาจากการใช้ GA ทำให้ไม่จำเป็นจะต้องมีผลเฉลยรูปแบบปิดของระบบ ดังนั้นงานที่นำเอา GA มาใช้ส่วนใหญ่จึงเป็นการจำลองสถานการณ์ตัวอย่างของซอฟต์แวร์ที่ช่วยในการคำนวณ GA ได้แก่ GENESIS [43], GENESys [44], BUGS [45] และ TOLKIEN [46] เป็นต้น สำหรับผู้อ่านที่คุ้นเคยกับการใช้โปรแกรม MATLAB [42] ซึ่งเป็นซอฟต์แวร์ที่ใช้ง่าย มีประสิทธิภาพและเป็นที่ยอมรับแพร่หลาย ได้มีผู้พัฒนา GA Toolbox [47] ขึ้นมาเพื่อใช้กับโปรแกรม MATLAB โดยผู้อ่านสามารถค้นหารายละเอียดเพิ่มเติมได้ที่

<http://www.shef.ac.uk/uni/projects/gaipp/gatbx.html>

บทสรุป

ถึงแม้ว่า GA จะเป็นวิธีที่มีประสิทธิภาพในการค้นหาคำตอบเพื่อให้ได้คำตอบที่ดีที่สุด ในวงกว้าง ตัว GA เองก็ยังมีจุดอ่อนอยู่เช่นกัน โดยเฉพาะเมื่อนำ GA ไปใช้กับระบบที่มีการเชื่อมโยงกับสภาพแวดล้อมที่เป็นโลกจริง เนื่องมาจากคุณลักษณะของ GA ที่มีอยู่หลายขั้นตอนที่การคำนวณเป็นแบบสุ่ม ในบางครั้งจึงไม่ใช่เรื่องง่ายที่จะคาดหวังให้ผลลัพธ์จาก GA นั้นทำงานได้แล้วเสร็จโดยการกำหนดเวลาไว้อย่างแน่นอน ดังนั้น GA อาจจะไม่เหมาะกับระบบที่เป็นแบบเวลาจริง (real-time system) หรือระบบที่มีระยะเวลาในช่วงของการประมวลผลที่ค่อนข้างจำกัด อย่างไรก็ตาม GA ยังถือว่าเป็นเครื่องมือที่มีความชาญฉลาดในแง่ของปัญญาประดิษฐ์และเหมาะสมสำหรับระบบที่มีข้อจำกัดแบบต่าง ๆ หรือระบบที่มีฟังก์ชันวัตถุประสงค์มากกว่าหนึ่ง รวมไปถึงคุณลักษณะสำคัญ

ของ GA ที่สามารถเอาชนะปัญหาของการถูกล็อก โดยคำตอบวงแคบเฉพาะถิ่นที่เหมาะสมที่สุด ปัจจุบันจึงมีการนำเอา GA ไปประยุกต์ใช้ในงานต่าง ๆ มากมาย และยังนำไปใช้ร่วมกับวิธีการค้นหาคำตอบที่เป็นแบบปัญญาประดิษฐ์อื่น ๆ เช่น ระบบเครือข่ายประสาทเทียม (neural network) เพื่อใช้ GA ในการค้นหาโครงสร้างของเครือข่ายที่เหมาะสมที่สุดหรือมีการนำ GA ไปใช้ในการปรับฟังก์ชันสมาชิกภาพของตัวแปรฟัซซี การนำ GA ไปประยุกต์ใช้จึงเป็นหัวข้อที่น่าสนใจเป็นอย่างยิ่ง

กิตติกรรมประกาศ

ผู้เขียนขอขอบพระคุณ รศ.ดร.สราวุฒิ สุจิตจร สำหรับความกรุณาและสนับสนุนทุก ๆ อย่าง ทำให้สามารถสร้างสรรค์บทความนี้ได้สำเร็จสมบูรณ์ตามเป้าหมายที่ตั้งใจไว้ทุกประการ ขอขอบพระคุณ อ.สมศักดิ์ วาณิชนันต์ชัย สำหรับคำแนะนำที่เป็นประโยชน์อย่างมาก และสุดท้าย คุณณกมล เจียรปีติวงศ์ สำหรับเวลาอันมีค่าในการช่วยเหลือตรวจทานบทความและเป็นที่กำลังใจให้กับผู้เขียนตลอดมา

เอกสารอ้างอิง

- [1] Holland, H. (1975). *Adaptation in Natural and Artificial Systems*. Ann Arbor: the University of Michigan Press, Michigan.
- [2] Goldberg, D.E. (1989). *Genetic Algorithm in Search, Optimization, and Machine Learning*. Addison-Wesley Publishing.
- [3] Man, K.F., Tang, K.S., Kwong, S. and Halang, W.A. (1997). *Genetic Algorithms for Control and Signal Processing*. Springer-Verlag, London.
- [4] Castillo, O., Montiel, O., Sepulveda, R. and Melin, P. (2001). Application of a Breeder Genetic Algorithm for System Identification in an Adaptive Finite Impulse Response Filter. *Proceedings of The 3rd NASA/DoD Workshop on Evolvable Hardware*. p.146-153.
- [5] Minami, M., Suzuki, H., Agbanhan, J. and

- Asakura, T. (2001). Visual Servoing to Fish and Catching Using Global/Local GA Search. *Proceedings of 2001 IEEE/ASME International Conference on Advanced Intelligent Mechatronics*. 1:183-188.
- [6] Lo Bosco, G. (2001). A Genetic Algorithm for Image Segmentation. *Proceedings of 11th International Conference on Image Analysis and Processing*. p.262-266.
- [7] Hussein, F. Kharma, N. and Ward, R. (2001). Genetic Algorithms for Feature Selection and Weighting: A Review and Study. *Proceedings of 6th International Conference on Document Analysis and Recognition*. p.1240-1244.
- [8] Mitsukura, Y., Fukumi N. and Akamatsu, N. (2001). A Detection Method of Face Regions in Color Images by using Evolutionary Computation. *Proceedings of 2001 International Joint Conference on Neural Networks*. 3:2253-2257.
- [9] Bedwani, W.A. and Ismail, O.M. (2001). Genetic Optimization of Variable Structure PID Control Systems. *ACS/IEEE International Conference on Computer Systems and Applications*. p.27-30.
- [10] Visioli, A. (2001). Optimal Tuning of PID Controllers for Integral and Unstable Processes. *IEE Proceedings of Control Theory and Applications*. 148(2):180-184.
- [11] Melin, P. and Castillo, O. (2001). Intelligent Control of Nonlinear Dynamical Systems with a Neuro-Fuzzy-Genetic Approach. *Proceedings of International Joint Conference on Neural Networks*. 1:515-520.
- [12] Bajwa, A., Williams, T. and Stuchly, M.A. (2001). Design of Broadband Radar Absorbers with Genetic Algorithm. *IEEE International Symposium of Antennas and Propagation Society*. 4:672-675.
- [13] Weile, D.S. and Michielssen, E. (2001). The Control of Adaptive Antenna Arrays with Genetic Algorithms Using Dominance and Diploidy. *IEEE Transactions on Antennas and Propagation*. 49(10):1424-1433.
- [14] Arabas, J. and Kozdrowski, S. (2001). Applying an Evolutionary Algorithm to Telecommunication Network Design. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*. 5(4):309-322.
- [15] Grimbleby, J.B. (2000). Automatic Analogue Circuit Synthesis using Genetic Algorithms. *IEE Proceedings on Circuits, Devices and Systems*. 147(6):319-323.
- [16] Manganaro, G. (2000). Genetic Algorithms for VLSI Design, Layout, and Test Automation [Reviews]. *IEEE Circuits and Devices Magazine*. 16(2):34-34.
- [17] Goh, C. and Li, Y. (2001). GA Automated Design and Synthesis of Analog Circuits with Practical Constraints. *Proceedings of the 2001 Congress on Evolutionary Computation*. 1:170-177.
- [18] Wong, Y.K., Chung, T.S. and Lai, W.M. (2000). Application of Genetic Algorithm in Reactive Power/Voltage Control-Problem. *International Conference on Advances in Power System Control, Operation and Management*. 2:486-490.
- [19] Poirier, E., Ghribi, M. and Kaddouri, A. (2001). Loss Minimization Control of Induction Motor Drives Based on Genetic Algorithms. *IEEE International Electric Machines and Drives Conference*. p.475-478.
- [20] Yong-Hua, S. and Irving, M.R. (2001). Optimisation Techniques for Electrical Power Systems II. Heuristic Optimisation Methods. *Power Engineering Journal*. 15(3):151-160.
- [21] Kezunovic, M. and Liao, Y. (2001). Fault Location Estimation Based on Matching the Simulated and Recorded Waveforms Using Genetic Algorithms. *7th International Conference on Developments in Power System Protection, (IEE)*. p.399-402.
- [22] Nick, Z.Z. and Themis, P. (2001). Web Search Using a Genetic Algorithm.

- IEEE Internet Computing. 5(2):18-26.
- [23] Min-Huang, H., Ming-Chun, C., Yue-Shan, C. and Shyan-Ming, Y. (2001). A GA-Based Dynamic Personalized Filtering for Internet Search Service on Multi-Search Engine. Canadian Conference on Electrical and Computer Engineering. 1:271-276.
- [24] Sun Kim, K. and Byoung-Tak, Z. (2001). Evolutionary Learning of Web-Document Structure for Information Retrieval. Proceedings of the 2001 Congress on Evolutionary Computation. 2:1253-1260.
- [25] Meesad, P. and Yen, G.G. (2001). A Hybrid Intelligent System for Medical Diagnosis. Proceedings of International Joint Conference on Neural Network. 4:2558-2563.
- [26] Moller, R. and Zeipelt, R. (2001). Automatic Segmentation of 3D-MRI Data Using a Genetic Algorithm. Proceedings of International Workshop on Medical Imaging and Augmented Reality. p.278-281.
- [27] Chi Kin, C., Hung Tat, T., Tong, L. and Tze Kin, L. (2001). Medical Image Registration and Model Construction Using Genetic Algorithms. Proceedings of International Workshop on Medical Imaging and Augmented Reality. p.174-179.
- [28] Lam, S.S. (2001). A Genetic Fuzzy Expert System for Stock Market Timing. Proceedings of the 2001 Congress on Evolutionary Computation. 1:410-417.
- [29] Srinivasan, D., Rucy Long, C. and Young Peng, P. (2001). Hybrid Fuzzy Logic-Genetic Algorithm Technique for Automated Detection of Traffic Incidents on Freeways. Proceedings of 2001 IEEE Intelligent Transportation Systems. p.352-357.
- [30] Cordon, O., Herrera, F. and Villar, P. (2001). Generating the Knowledge Base of a Fuzzy Rule-Based System by the Genetic Learning of the Database. IEEE Transactions on Fuzzy Systems. 9(4): 667-674.
- [31] Jones, E., Runkle, P., Dasgupta, N., Couchman, L. and Carin, L. (2001). Genetic Algorithm Wavelet Design for Signal Classification. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence. 23(8):890-895.
- [32] Yamazaki, Y., Aiyoshin, V., Krasilnikova, J. and Krasilnikov, I. (1998). Adaptive-Intelligent Control by Neural-Network and Genetic-Algorithm Systems and Its Application. Proceedings of 2nd International Conference on Knowledge-Based Intelligent Electronic Systems. 3:230-239.
- [33] Wright, A. H. (1991). Genetic Algorithms for Real Parameter Optimization. Foundations of Genetic Algorithms. J.E. Rawlins (Ed.), Morgan Kaufmann. p.205-218.
- [34] Janikow, C.Z. and Michalewicz, Z. (1991). An Experimental Comparison of Binary and Floating Point Representations in Genetic Algorithms. Proceedings of 4th International Conference on Genetic Algorithms. p.31-36.
- [35] Baker, J.E. (1985). Adaptive Selection Methods for Genetic Algorithms. Proceedings of an International Conference on Genetic Algorithms. Lawrence Erlbaum Associates (Hillsdale).
- [36] Prügel-Bennett, A. (2000). Finite Population Effects for Ranking and Tournament Selection. Complex Systems. 12(2): 183-205.
- [37] Prügel-Bennett, A. and Shapiro, J.L. (1994). An Analysis of Genetic Algorithms using Statistical Mechanics. Physical Review Letters. 72(9):1305-1309.
- [38] Prügel-Bennett, A. and Shapiro, J.L. (1997). The Dynamics of a Genetic Algorithm for Simple Random Ising Systems. Physica D. 104:75-114.
- [39] Prügel-Bennett, A. (2001). The Mixing Rate of Different Crossover Operators. Foundations of Genetic Algorithms 6 (Published spring 2001).
- [40] Rogers, A. and Prügel-Bennett, A. (1999).

- Modelling the Dynamics of Steady-State Genetic Algorithms. In Banzhaf, W. and Reeves, C. eds. "Foundations of Genetic Algorithms 5" p.57-68. Morgan Kaufmann, San Francisco.
- [41] Rogers, A. and Prügel-Bennett, A. (2000). Evolving Populations with Overlapping Generations. *Theoretical Population Biology*. 57(2):121-129.
- [42] MATHWORKS (1991). MATLAB User's Guide The Mathworks, Inc.
- [43] Grefenstette, J.J. (1990), A User's Guide to GENESIS v5.0. Naval Research Laboratory, Washington, D.C.
- [44] Thomas, B. (1992). Users Guide for GENEsYs. System Analysis Research Group, Department of Computer Science, University of Dortmund.
- [45] Smith, J.A. (1991). Designing Biomorphs with an Interactive Genetic Algorithm. Proceedings of 4th International Conference on Genetic Algorithms.
- [46] Tang, Y.C. (1994). TOLKIEN Reference Manual. Department of Computer Science, Chinese University of Hong Kong.
- [47] Chipperfield, A.J., Fleming, P.J. and Pohlheim, H. (1994). A Genetic Algorithm Toolbox for MATLAB. Proceedings of International Conference on System Engineering, Coventry, UK.