

การดำเนินการครอสโอเวอร์ที่ช่วยปรับสมดุลภาระงานในขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมสำหรับการแก้ปัญหา
การจัดตารางพนักงานสายการบิน

นางสาวกชพร อ้นสวน

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาคณิตศาสตร์ประยุกต์และวิทยาการคณนา
ภาควิชาคณิตศาสตร์และวิทยาการคอมพิวเตอร์
คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
ปีการศึกษา 2554

ลิขสิทธิ์ของจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
บทคัดย่อและแฟ้มข้อมูลฉบับเต็มของวิทยานิพนธ์ตั้งแต่ปีการศึกษา 2554 ที่ให้บริการในคลังปัญญาจุฬาฯ (CUIR)

เป็นแฟ้มข้อมูลของนิสิตเจ้าของวิทยานิพนธ์ที่ส่งผ่านทางบัณฑิตวิทยาลัย

The abstract and full text of theses from the academic year 2011 in Chulalongkorn University Intellectual Repository(CUIR)
are the thesis authors' files submitted through the Graduate School.

A WORKLOAD-BALANCING CROSSOVER OPERATION IN A GENETIC ALGORITHM FOR
SOLVING AN AIRLINE CREW ROSTERING PROBLEM

Miss Kotchaporn Onsuan

A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements
for the Degree of Master of Science Program in Applied Mathematics
and Computational Science

Department of Mathematics and Computer Science

Faculty of Science

Chulalongkorn University

Academic Year 2011

Copyright of Chulalongkorn University

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การดำเนินการครอสโอเวอร์ที่ช่วยปรับสมดุลภาระงานใน ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมสำหรับการแก้ปัญหาการจัดตาราง พนักงานสายการบิน
โดย	นางสาวกชพร อ้นสวน
สาขาวิชา	คณิตศาสตร์ประยุกต์และวิทยาการคอมพิวเตอร์
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก	อาจารย์ ดร. บุญฤทธิ์ อินทียศ
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ขวลิต จินอนันต์

คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย อนุมัติให้หัวข้อวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นส่วนหนึ่ง
ของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต

..... คณบดีคณะวิทยาศาสตร์
(ศาสตราจารย์ ดร. สุพจน์ หารหนองบัว)

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

..... ประธานกรรมการ
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. กรุง สีนอภิรมย์สรานู)

..... อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก
(อาจารย์ ดร. บุญฤทธิ์ อินทียศ)

..... อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ขวลิต จินอนันต์)

..... กรรมการ
(อาจารย์ ดร. พันทิพา ทิพย์วิวัฒน์พจนาน)

..... กรรมการภายนอกมหาวิทยาลัย
(อาจารย์ ดร. บุญฤทธิ์ เกษมสันติธรรม)

กขพร อ้นสวน : การดำเนินการครอสโอเวอร์ที่ช่วยปรับสมดุลภาระงานในขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมสำหรับการแก้ปัญหาการจัดตารางพนักงานสายการบิน (A WORKLOAD-BALANCING CROSSOVER OPERATION IN A GENETIC ALGORITHM FOR SOLVING AN AIRLINE CREW ROSTERING PROBLEM). อ. ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก : อ. ดร. บุญฤทธิ์ อินทียศ, อ. ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม : ผศ. ดร.ชวลิต จินอนันต์, 68 หน้า.

ปัญหาการจัดตารางพนักงานสายการบินมีความซับซ้อนและยากที่จะหาคำตอบภายในระยะเวลาที่เหมาะสมเนื่องจากข้อจำกัดมีความซับซ้อน และขนาดของปัญหามีขนาดใหญ่มาก งานวิจัยนี้นำเสนอกระบวนการในการหาคำตอบสำหรับปัญหาการจัดตารางพนักงานสายการบินของบริษัทการบินไทย ซึ่งมีวัตถุประสงค์หลักของการจัดการคือ การจัดแบ่งภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนให้มีความเท่าเทียมกัน โดยประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) ในการแก้ปัญหา ซึ่งมีการนำเสนอแนวคิดการเข้ารหัสข้อมูลเป็นโครโมโซมโดยใช้ตัวเลขจำนวนเต็ม และแนวคิดการปรับกระบวนการวิธีการทางพันธุกรรมให้เหมาะสมกับปัญหา งานวิจัยนี้ได้ทำการทดลองใช้วิธีดังกล่าวกับข้อมูลของบริษัทการบินไทย และนำเสนอประสิทธิภาพของการคำนวณด้วยวิธีการดังกล่าว และรวมทั้งวิเคราะห์ผลลัพธ์ที่ได้

ภาควิชา ..คณิตศาสตร์และ..... ลายมือชื่อนิสิต.....
 ..วิทยาการคอมพิวเตอร์.....
 สาขาวิชา ..คณิตศาสตร์ประยุกต์ และ..... ลายมือชื่อ อ.ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก.....
 ..วิทยาการคอมพิวเตอร์..... ลายมือชื่อ อ.ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม.....
 ปีการศึกษา.....2554.....

##5272203523 : MAJOR APPLIED MATHEMATICS AND COMPUTATIONAL SCIENCE

KEYWORDS : HEURISTIC / CREW ROSTERING / GENETIC ALGORITHM

KOTCHAPORN ONSUAN : A WORKLOAD-BALANCING CROSSOVER OPERATION IN
A GENETIC ALGORITHM FOR SOLVING AN AIRLINE CREW ROSTERING PROBLEM.
THESIS ADVISOR : BOONYARIT INTIYOT, Ph.D. THESIS CO-ADVISOR : ASSTSTANT
PROFESSOR CHAWALIT JEENANUNTA, Ph.D., 68 pp.

The airline crew rostering problem is complex and very difficult to find the answer in a suitable time because the requirements are complicated and the size of the crew and flights are very large. This paper proposes the Genetic Algorithm to find a crew rostering solution for the case study of Thai Airways. The objective is to balance the workload and perdiem for each crew member. A non-binary encoding is used in the chromosome. The mutation and crossover are modified to accommodate the objective of the problem. The algorithm is tested with data from Thai Airways and the efficiency of the algorithm and the analysis of the result are discussed.

Department : Mathematics and Student's Signature.....
Computer Science.....
Field of Study : Applied Mathematics and Advisor's Signature.....
Computational Science..... Co- Advisor's Signature.....
Academic Year :2011.....

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์เล่มนี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี ด้วยความช่วยเหลืออย่างดียิ่งของบุคคลหลายฝ่าย ผู้วิจัยขอกราบขอบพระคุณ อาจารย์ ดร. บุญฤทธิ์ อินทียศ และ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ชวลิต จินอนันต์ ที่ได้กรุณาให้ความรู้ คำแนะนำ รวมทั้งได้สละเวลาในการตรวจ และคำปรึกษาต่างๆ ที่เป็นประโยชน์ต่อการทำวิทยานิพนธ์

ขอกราบขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. กรุง สีนอภิรมย์สรอายุ ประธานกรรมการ อาจารย์ ดร.พนทิพา ทิพย์วิวัฒน์พจนา กรรมการ และ อาจารย์ ดร.บุญทริกา เกษมสันติธรรม กรรมการภายนอกมหาวิทยาลัย เป็นอย่างสูงที่ได้กรุณาให้คำแนะนำ แง่คิด และแก้ไขข้อบกพร่องต่างๆในงานวิจัยนี้ ทำให้วิทยานิพนธ์เล่มนี้มีความสมบูรณ์มากขึ้น

นอกจากนี้ผู้วิจัยขอขอบพระคุณโครงการมหาวิทยาลัยวิจัยแห่งชาติของสำนักงานคณะกรรมการการอุดมศึกษาและบริษัทการบินไทยจำกัด (มหาชน) ที่สละเวลาให้ความร่วมมือและข้อมูลที่เป็นประโยชน์สำหรับการทำวิจัย

สุดท้ายนี้ขอกราบขอบพระคุณบิดา มารดา ครอบครัว และเพื่อนๆที่ให้การสนับสนุนช่วยเหลือ และให้กำลังใจในการทำวิทยานิพนธ์เล่มนี้ให้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	ง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	จ
กิตติกรรมประกาศ.....	ฉ
สารบัญ.....	ช
สารบัญตาราง.....	ฉ
สารบัญภาพ.....	ฐ
บทที่ 1 บทนำ.....	1
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	1
1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย.....	2
1.3 ขอบเขตของการวิจัย.....	3
1.4 ลำดับขั้นตอนในการนำเสนอผลการวิจัย.....	3
บทที่ 2 ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	4
2.1 แนวคิดและทฤษฎี.....	4
2.2 ผลงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	5
บทที่ 3 แนวคิดและการออกแบบโปรแกรม.....	10
3.1 ข้อมูลทั่วไปของบริษัทการบินไทย.....	10
3.2 แนวคิดในการแก้ปัญหา.....	11
3.2.1 วิธีการเข้ารหัสข้อมูลโครโมโซม (Chromosome encoding).....	11
3.2.2 การแก้ไขโครโมโซม.....	13
3.2.3 การคัดเลือกโครโมโซม (Selection).....	15
3.2.4 การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม (Crossover).....	16

3.2.4.1 การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด.....	17
3.2.4.2 การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด.....	17
3.2.4.3 การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมเพื่อความเท่าเทียมของภาระงาน.....	18
3.2.5 การกลายพันธุ์ (Mutation).....	20
3.2.5.1 การกลายพันธุ์โดยการสุ่มเลือก.....	20
3.2.5.2 การกลายพันธุ์เพื่อความเท่าเทียมของภาระงาน.....	21
บทที่ 4 ผลการวิเคราะห์ข้อมูล.....	23
4.1 รายละเอียดของชุดข้อมูล.....	23
4.2 การทดลอง.....	23
4.3 ผลการทดลอง.....	24
บทที่ 5 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ.....	59
รายการอ้างอิง.....	60
ภาคผนวก.....	63
ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์.....	68

สารบัญตาราง

ตารางที่		หน้า
3.1	เวลาปฏิบัติหน้าที่การบินและเวลาพัก.....	11
4.1	รายละเอียดของแต่ละชุดข้อมูล.....	23
4.2	ขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมและขั้นตอนการกลายพันธุ์.....	24
4.3	จำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่นที่ดีที่สุดของแต่ละวิธีและแต่ละข้อมูล.....	25
4.4	ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 1 โดยใช้ จำนวนโครโมโซม 200 และจำนวนรุ่น 30.....	26
4.5	ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 2 โดยใช้ จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30.....	27
4.6	ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 3 โดยใช้ จำนวนโครโมโซม 200 และจำนวนรุ่น 30.....	28
4.7	ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 4 โดยใช้ จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30.....	29
4.8	ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 5 โดยใช้ จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30.....	30
4.9	ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และชุดข้อมูลที่ 1 โดยใช้ จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30.....	31
4.10	ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และชุดข้อมูลที่ 2 โดยใช้ จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30.....	32

ตารางที่	หน้า
4.31 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และชุดข้อมูลที่ 3 โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30.....	53
4.32 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และชุดข้อมูลที่ 4 โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30.....	54
4.33 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และชุดข้อมูลที่ 5 โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30.....	55
4.34 ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยและเวลาเฉลี่ยของจำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่นที่ให้คำตอบที่ดีที่สุดของแต่ละแบบของขั้นตอนวิธีและแต่ละชุดข้อมูล.....	57

สารบัญภาพ

ภาพที่	หน้า
2.1 ตัวอย่างbinary chromosome.....	4
2.2 ตัวอย่างการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม.....	5
2.3 ตัวอย่างการกลายพันธุ์ของโครโมโซม.....	5
3.1 ตัวอย่างโครโมโซม.....	12
3.2 ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม.....	12
3.3 ขั้นตอนการแก้ไขโครโมโซม.....	14
3.4 ตัวอย่างขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด.....	17
3.5 ตัวอย่างขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด.....	18
3.6 ตัวอย่างขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมเพื่อความเท่าเทียมของภาระงาน (1)...	19
3.7 ตัวอย่างขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมเพื่อความเท่าเทียมของภาระงาน (2)...	20
3.8 ตัวอย่างขั้นตอนการกลายพันธุ์โดยการสุ่มเลือก.....	21
3.9 ตัวอย่างขั้นตอนการกลายพันธุ์เพื่อความเท่าเทียมของภาระงาน.....	22
4.1 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 1.....	26
4.2 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 2.....	27
4.3 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 3.....	28

ภาพที่	หน้า
4.4 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 4.....	29
4.5 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 5.....	30
4.6 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และชุดข้อมูลที่ 1.....	31
4.7 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และชุดข้อมูลที่ 2.....	32
4.8 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และชุดข้อมูลที่ 3.....	33
4.9 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และชุดข้อมูลที่ 4.....	34
4.10 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และชุดข้อมูลที่ 5.....	35
4.11 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และชุดข้อมูลที่ 1.....	36
4.12 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และชุดข้อมูลที่ 2.....	37
4.13 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และชุดข้อมูลที่ 3.....	38

ภาพที่	หน้า
4.14 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และชุดข้อมูลที่ 4.....	39
4.15 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และชุดข้อมูลที่ 5.....	40
4.16 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และชุดข้อมูลที่ 1.....	41
4.17 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และชุดข้อมูลที่ 2.....	42
4.18 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และชุดข้อมูลที่ 3.....	43
4.19 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และชุดข้อมูลที่ 4.....	44
4.20 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และชุดข้อมูลที่ 5.....	45
4.21 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และชุดข้อมูลที่ 1.....	46
4.22 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และชุดข้อมูลที่ 2.....	47
4.23 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และชุดข้อมูลที่ 3.....	48

ภาพที่	หน้า
4.24 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และชุดข้อมูลที่ 4.....	49
4.25 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และชุดข้อมูลที่ 5.....	50
4.26 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และชุดข้อมูลที่ 1.....	51
4.27 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และชุดข้อมูลที่ 2.....	52
4.28 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และชุดข้อมูลที่ 3.....	53
4.29 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และชุดข้อมูลที่ 4.....	54
4.30 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และชุดข้อมูลที่ 5.....	55
4.31 ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของแต่ละแบบและแต่ละชุดข้อมูล.....	58
4.32 เวลาที่ใช้คำนวณเฉลี่ยของแต่ละแบบและแต่ละชุดข้อมูล.....	58

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

ปัญหาการจัดตารางพนักงานสายการบิน มีความซับซ้อนและยุ่งยาก อีกทั้งยังมีขนาดใหญ่ เนื่องจากพนักงานและเที่ยวบินที่มีจำนวนมาก ปัญหาดังกล่าวจัดเป็นปัญหาประเภทยากที่จะหาคำตอบได้ในระยะเวลาที่เหมาะสม (NP-Hard) โดยทั่วไปบริษัทการบินต้องการจัดตารางพนักงานให้มีค่าใช้จ่ายน้อยที่สุดในการดำเนินการทั้งหมด ค่าใช้จ่ายดังกล่าวรวมถึงค่าใช้จ่ายของพนักงาน ค่าเชื้อเพลิง ค่าดูแลรักษา ค่าจอดเครื่องบินและค่าใช้จ่ายอื่นๆ ในการหาคำตอบของปัญหาการจัดตารางพนักงานสายการบินโดยทั่วไปจะแบ่งปัญหาออกเป็น 2 ขั้นตอน เริ่มจากการจับคู่เที่ยวบินเพื่อให้พนักงานเริ่มทำงานและสิ้นสุดการทำงานบนเครื่องบินที่สนามบินเดียวกัน จากนั้นจึงทำการจัดตารางเวรพนักงานสายการบินคือการจับคู่ระหว่างคู่เที่ยวบินและพนักงาน ขั้นตอนย่อยทั้งสองนี้จะต้องสอดคล้องข้อกำหนดหรือข้อจำกัดต่างๆ ของสายการบิน โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อให้มีค่าใช้จ่ายที่น้อยที่สุด

การจัดตารางเวรของพนักงานสายการบินเป็นปัญหาขนาดใหญ่ ซึ่งปกติแล้วจะแก้ปัญหามาโดยใช้ตัวแบบ 0-1 กำหนดการเชิงจำนวนเต็ม การแก้ปัญหามาเพื่อหาผลเฉลยที่ดีที่สุดจะใช้เวลาในการคำนวณนานจนไม่สามารถนำไปใช้งานจริงได้ ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมเป็นวิธีทางฮิวริสติกวิธีการหนึ่งที่มีมักจะใช้เวลาในการคำนวณน้อยกว่า จึงมีความเป็นไปได้ในการนำไปใช้งานจริงได้มากกว่า แต่คำตอบที่ได้อาจจะไม่ดีที่สุดซึ่งในบางครั้งคำตอบดังกล่าวก็เพียงพอแล้วในทางปฏิบัติ

ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมเป็นวิธีการค้นหาคำตอบที่มีพื้นฐานมาจากกระบวนการคัดเลือกทางธรรมชาติและกระบวนการคัดเลือกทางพันธุศาสตร์ โดยคำตอบจะถูกเข้ารหัสเป็นโครโมโซม จากนั้นขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมคัดเลือกโครโมโซมจากกลุ่มของโครโมโซมทั้งหมดด้วยวิธีการสุ่ม โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมสูงกว่าจะมีโอกาสได้รับเลือกมากกว่าโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมต่ำกว่า

จากนั้นโครโมโซมเหล่านี้จะผ่านกระบวนการต่างๆ ของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมเพื่อให้ได้โครโมโซมรุ่นต่อไปที่มีค่าความเหมาะสมมากขึ้น ซึ่งขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมนี้เมื่อทำซ้ำหลายๆรุ่น ค่าตอบที่ได้จะลู่เข้าคำตอบที่ดีที่สุด ซึ่งงานวิจัยนี้เป็นการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมกับขั้นตอนการจัดตารางเวรพนักงานสายการบินโดยมีจุดประสงค์เพื่อแบ่งสรรค่าภาระงานและค่ารายได้ของพนักงานแต่ละคนให้เท่าเทียมกัน

Moudani et al.[6] ได้ทำการวิจัยปัญหาการจัดตารางพนักงานสายการบินโดยใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมโดยมีจุดประสงค์เพื่อแบ่งสรรค่าภาระงานของพนักงานแต่ละคนให้เท่าเทียมกัน ในงานวิจัยดังกล่าวผู้วิจัยได้ออกแบบโครโมโซมให้มีความยาวเท่ากับจำนวนคู่เที่ยวบินไปกลับ ซึ่งแต่ละตำแหน่งของโครโมโซมแทนด้วยเลขที่พนักงาน ในการมิวเตชันจะแบ่งพนักงานเป็นสองกลุ่มคือกลุ่มที่มีค่าภาระงานสูงและกลุ่มที่มีค่าภาระงานต่ำ แล้วจะสุ่มเลือกพนักงานที่มีภาระงานน้อยมาทำงานแทนพนักงานที่มีภาระงานมาก เพื่อกระจายภาระงานแก่พนักงานแต่ละคนให้เท่าเทียมกัน ซึ่งเราจะนำงานวิจัยดังกล่าวมาดัดแปลงการครอสโอเวอร์และมิวเตชัน เพื่อกระจายภาระงานของพนักงาน โดยคาดหวังว่าจะทำให้ภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนมีค่าใกล้เคียงกับค่าภาระงานเฉลี่ยและรายได้เฉลี่ยตามลำดับ

ปัญหาการจัดตารางเวลาพนักงานสายการบินของบริษัทการบินไทย มีข้อจำกัดในเรื่องของเวลาทำการบินและเวลาปฏิบัติหน้าที่ของพนักงาน เนื่องจากบริษัทการบินไทยมีพนักงานจำนวนมาก จากเงื่อนไขดังกล่าวปัญหานี้จึงจัดเป็นปัญหาขนาดใหญ่และเป็นปัญหา NP-Hard เรานำเสนอวิธีการหาคำตอบโดยใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม ซึ่งเป็นวิธีที่อาศัยความน่าจะเป็นในการสุ่มเลือกตามค่าความเหมาะสมเพื่อช่วยในการหาคำตอบ ภายในเวลาที่เหมาะสม

1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย

เพื่อหากลวิธีของการดำเนินการครอสโอเวอร์ที่ช่วยปรับสมดุลภาระงานในขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมที่ใช้ในการแก้ปัญหาการจัดตารางพนักงานสายการบิน โดยตารางที่ได้ควรจะมีการกระจายปริมาณรายได้และภาระงานแก่พนักงานแต่ละคนให้เท่าเทียมกัน

1.3 ขอบเขตของการวิจัย

งานวิจัยนี้ต้องการนำเสนอขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมเพื่อจัดตารางเวรพนักงานสายการบินที่มีการกระจายรายได้และภาระงานให้เท่าเทียมกัน ซึ่งการกระจายดังกล่าวต้องครอบคลุมทุกเที่ยวบินและสอดคล้องกฎหมายแรงงาน ซึ่งรวมถึงเวลาพักของพนักงานแต่ละคน สำหรับการจัดตารางดังกล่าวจะพิจารณาเฉพาะพนักงานตำแหน่งผู้จัดการบนเครื่องบิน (In-flight Manager) ของบริษัทการบินไทย มาจัดตารางงานเป็นระยะเวลา 1 เดือน

1.4 ลำดับขั้นตอนในการนำเสนอผลการวิจัย

วิทยานิพนธ์เล่มนี้มีการจัดเรียงหัวข้อต่างๆ ดังนี้

บทที่ 2 กล่าวถึงแนวคิดและทฤษฎีของขั้นตอนวิธีที่นำมาใช้แก้ปัญหาในงานวิจัยนี้ และงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับปัญหาการจัดตารางงานพนักงานสายการบินและวิธีการที่นำมาหาคำตอบ

บทที่ 3 กล่าวถึงข้อมูลทั่วไปของบริษัทสายการบินรวมถึงแนวคิดในการหาคำตอบของปัญหาโดยขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมที่นำมาประยุกต์ใช้

บทที่ 4 แสดงผลการทดสอบและประสิทธิภาพของคำตอบ

บทสุดท้าย กล่าวถึงข้อสรุปปัญหาและข้อเสนอแนะของงานวิจัยนี้

บทที่ 2

ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

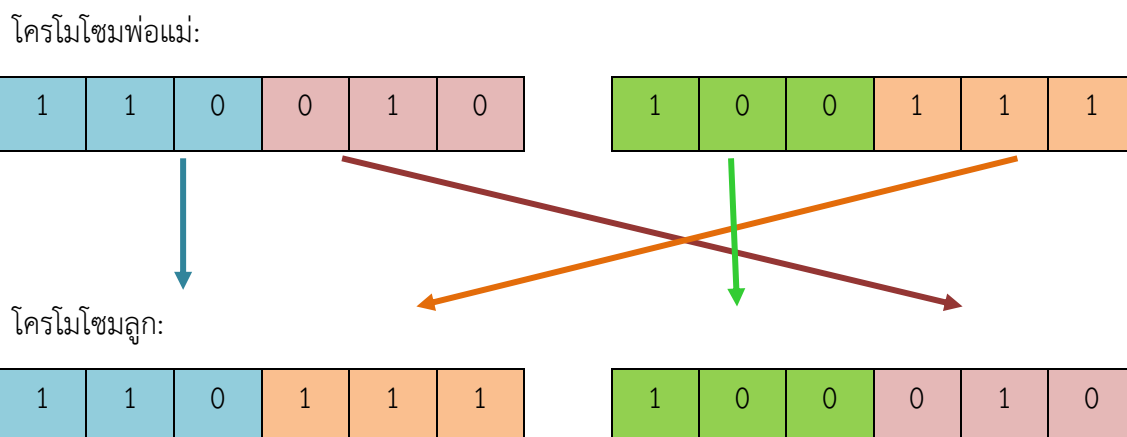
2.1 แนวคิดและทฤษฎี

ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) เป็นขั้นตอนวิธีการที่ใช้เทคนิคความน่าจะเป็นสำหรับการหาผลเฉลย ซึ่งพัฒนาขึ้นโดยโฮลแลนด์ (Holland) และคณะ เมื่อปี ค.ศ. 1975 โดยใช้หลักการจากชีววิทยาและการคัดเลือกตามธรรมชาติ นั่นคือสิ่งมีชีวิตที่มีความสมบูรณ์แข็งแรงกว่าจะมีโอกาสอยู่รอดได้มากกว่า ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมเริ่มต้นด้วยสุ่มสร้างประชากร (โครโมโซม) ซึ่งสอดคล้องกับข้อจำกัดของปัญหา จากนั้นจะผ่านกระบวนการหลัก 3 กระบวนการ กระบวนการแรกคือ การคัดเลือกโครโมโซม (Selection) โดยโครโมโซมมีหลากหลายรูปแบบ เช่น binary chromosome ในแต่ละบิตของโครโมโซมจะแทนด้วยเลข 0-1 เท่านั้น ตัวอย่างเช่นในภาพที่ 2.1 ซึ่งกระบวนการนี้จะทำการเลือกโครโมโซม 2 โครโมโซมเป็นโครโมโซมพ่อและโครโมโซมแม่โดยโครโมโซมใดที่มีความสมบูรณ์แข็งแรงมากกว่าจะมีโอกาสได้รับการคัดเลือกมากกว่า

1	1	0	...	0	1	0
---	---	---	-----	---	---	---

ภาพที่ 2.1 ตัวอย่าง binary chromosome

กระบวนการที่สองคือ การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม (Crossover) กระบวนการนี้เปรียบเสมือนการสร้างลูกขึ้นมาใหม่จากโครโมโซมพ่อและแม่โดยการนำโครโมโซมบางส่วนจากพ่อและบางส่วนจากแม่มาสร้างเป็นโครโมโซมใหม่ ตัวอย่างเช่นในภาพที่ 2.2



ภาพที่ 2.2 ตัวอย่างการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม

กระบวนการสุดท้ายคือ การกลายพันธุ์ (Mutation) กระบวนการนี้จะสุ่มค่ายีนใหม่มาเปลี่ยนค่ายีนเดิมเพียงยีนเดียว ตัวอย่างเช่นในภาพที่ 2.3



ภาพที่ 2.3 ตัวอย่างการกลายพันธุ์ของโครโมโซม

2.2 ผลงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

โดยทั่วไปปัญหาการจัดการตารางเวรพนักงานสายการบินมักจะนำมาสร้างเป็นปัญหาในรูปแบบ 0-1 กำหนดการเชิงจำนวนเต็ม

$$\begin{array}{ll}
 \text{Min} & cx \quad ; \text{ โดย } c \text{ แทนค่าใช้จ่าย} \\
 \text{s. t.} & Ax = b \quad ; \text{ เงื่อนไขขึ้นกับแต่ละบริษัท เช่น ชั่วโมงการทำงาน} \\
 & x \in \{0,1\} \quad \text{ทำงานของพนักงาน, จำนวนพนักงาน,} \\
 & \quad \quad \quad \text{ชั่วโมงในการพัก, จำนวนคู่เที่ยวบิน, ค่า} \\
 & \quad \quad \quad \text{เชื้อเพลิง, ค่าจอดเครื่องบิน เป็นต้น}
 \end{array}$$

ปัญหาดังกล่าวมักจะมีจำนวนคู่เที่ยวบิน จำนวนพนักงาน และเงื่อนไขอื่น ๆ อีกจำนวนมาก ทำให้ปัญหาดังกล่าวมีขนาดใหญ่และมีความซับซ้อนเป็นผลให้เกิดความยุ่งยากในการหาคำตอบของปัญหา นอกจากนี้ปัญหานี้ยังจัดเป็นปัญหาประเภท NP-Hand

ขั้นตอนการจัดตารางเวรพนักงานสายการบินคือการจับคู่ระหว่างคู่เที่ยวบินกับพนักงาน ซึ่งจะต้องครอบคลุมคู่เที่ยวบินและพนักงานทั้งหมด จากการทบทวนงานวิจัยพบว่ามีคำแนะนำการแก้ปัญหาต่าง ๆ มากมาย เช่น การสร้างตัวแบบในรูปแบบของ Set Covering Problem, Set Partitioning Problem [10,13], การใช้เทคนิคต่างๆ ในการแก้ปัญหา กำหนดการเชิงจำนวนเต็ม อย่างเช่น Branch and Bound, Branch and Cut, Lagrangian Lower Bound [7], Partially Integrated Approach [8], Column Generation [11,14], 0-1 Multicommodity Flow [15,17,18,20], การแก้ปัญหาโดยวิธีฮิวริสติก เช่น Scatter Search Heuristic [9], Tabu Search [12], simulated annealing [12,16], Greedy Heuristic [6], Particle Swarm Optimization [19] ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic algorithm) และขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบผสม (Hybrid genetic algorithm)

ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมเป็นวิธีทางฮิวริสติกที่ใช้กันแพร่หลายในงานวิจัยด้านการจัดตาราง D. Levine [1] ใช้ ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบผสม (Hybrid genetic algorithm) ระหว่าง row-oriented heuristic กับ steady-state genetic algorithm (SSGA) ในการแก้ปัญหาการจัดตารางพนักงาน แล้วนำเสนอผลการคำนวณเปรียบเทียบผลระหว่าง SSGAROW hybrid กับ branch and bound และ branch and cut จากผลการวิจัยพบว่า branch and cut สามารถหาคำตอบที่ดีที่สุดได้ในทุกปัญหาทั้งปัญหาขนาดเล็กและขนาดใหญ่ ในขณะที่ SSGAROW hybrid และ branch and bound ไม่สามารถทำได้ นอกจากนี้ SSGAROW hybrid สามารถหาคำตอบที่ดีของปัญหาขนาดใหญ่ได้ แต่ branch and bound ไม่สามารถหาคำตอบได้ในปัญหาขนาดใหญ่

Kotecha et al. [2] นำเสนอขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมโดยใช้การครอสโอเวอร์แบบ Uniform โดยมีค่าใช้จ่ายเป็นเงื่อนไข (Cost-base Uniform Crossover: CUC) ซึ่งเลือกตำแหน่งที่มีค่าใช้จ่ายต่ำในการครอสโอเวอร์ระหว่าง 2 โครโมโซมพ่อแม่ สำหรับปัญหาการจัดตารางพนักงานสายการบิน ปัญหาดังกล่าวได้ทำเป็นรูปแบบของ Set Partitioning ซึ่งมีเงื่อนไขคือ ต้องมีพนักงานสำหรับทุกๆ เที่ยวบิน โดยให้มีค่าใช้จ่ายต่ำที่สุด และมีการทดสอบวิธีดังกล่าวกับข้อมูลที่มีขนาดเล็กไปจนถึงขนาดใหญ่ และเปรียบเทียบผลการคำนวณกับ IP optimal solution และ Levine's GA ซึ่ง Levine's GA เป็นขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมชนิดหนึ่งในการหาคำตอบ วิธี Levine's GA สามารถหาคำตอบที่มีค่าเท่ากับคำตอบที่ดีที่สุดได้ในบางปัญหา ผลจากการเปรียบเทียบพบว่า ในปัญหาขนาดเล็กทั้งวิธี Levine's GA และ CUC สามารถหาคำตอบได้คำตอบเดียวกับวิธี IP optimal solution แต่ในปัญหาขนาดใหญ่วิธี CUC ให้คำตอบที่มีค่าใกล้เคียงกับคำตอบที่ดีที่สุดมากกว่าวิธี Levine's GA

Souai and Teghem [3] นำเสนอขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบผสม (Hybrid genetic algorithm) ในการแก้ปัญหาการจัดตารางพนักงานสายการบิน โดยแบ่งออกเป็น 2 ประเภทใหญ่ๆ คือ ประเภทที่ใช้ร่วมกับกำหนดการเชิงเส้น และ ประเภทที่ใช้ร่วมกับวิธีฮิวริสติก ทั้ง 2 ประเภทใช้การครอสโอเวอร์ 2 แบบ คือ แบบ simplified และแบบ probabilistic ทั้ง 4 แบบนี้ใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบผสม 3 วิธี คือ "Random Feasibility Repair Heuristic"(RFRH), "Improved Feasibility Repair Heuristic"(IFRH) และ RFRH&IFRH ใช้ในการหาคำตอบของข้อมูล 3 ชุด มีจำนวนคู่เที่ยวบินดังนี้ คือ 65 คู่เที่ยวบิน, 155 คู่เที่ยวบิน และ 558 คู่เที่ยวบิน แล้วนำคำตอบมาเปรียบเทียบกัน ซึ่งคำตอบของปัญหาจะต้องสอดคล้องกับกฎและข้อจำกัดของบริษัทการบิน ผลจากการเปรียบเทียบพบว่า วิธี RFRH โดยใช้การครอสโอเวอร์ทั้ง 2 แบบ ไม่สามารถหาผลเฉลยที่เป็นไปได้สำหรับข้อมูลชุดที่ 3 ในขณะที่อีก 2 วิธีสามารถทำได้ เมื่อใช้การครอสโอเวอร์แบบเดียวกันประเภทที่ใช้ร่วมกับกำหนดการเชิงเส้นมีประสิทธิภาพดีกว่าประเภทที่ใช้ร่วมกับวิธีฮิวริสติก เมื่อใช้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบผสมแบบเดียวกันการครอสโอเวอร์แบบ probabilistic ให้คำตอบดีกว่าการครอส

โอเวอร์แบบ simplified นอกจากนี้ผลการทดลองทั้ง 3 ชุดแสดงให้เห็นว่าขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบผสมวิธี IFRH มีประสิทธิภาพดีกว่า RFRH

Ozdemir and Mohan [4] นำเสนอขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม โดยโครโมโซมแสดงเที่ยวบินที่พนักงานแต่ละคนต้องปฏิบัติงาน ซึ่งโครโมโซมเกิดจากการสร้างกราฟเครือข่ายสำหรับตารางบิน โดยจุดยอดแทนสนามบินหรือเมือง และเส้นเชื่อมแทนเที่ยวบินจากเมืองหนึ่งไปอีกเมืองหนึ่ง โดยที่ครอบคลุมทุกชั่วโมงการบิน และจัดแบ่งภาระงานของพนักงานแต่ละคนให้เท่าเทียมกัน ซึ่งสามารถใช้หาคำตอบที่เป็นไปได้ที่มีประสิทธิภาพได้

ZHANG Yinghui, RAO Yunbo and ZHOU Mingtian [5] นำเสนอปัญหาการจัดตารางในรูปแบบปัญหาการหาค่าเหมาะสมที่สุดที่มีหลายวัตถุประสงค์ และแก้ไขปัญหาดังกล่าวด้วยขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบผสม (Hybrid genetic algorithm) ซึ่งประกอบด้วย simulated annealing และ genetic algorithm (GASA) เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพโดยรวมในการแก้ปัญหา ซึ่งสามารถหาคำตอบที่เป็นไปได้ที่มีประสิทธิภาพได้

Walid El Moudani, Carlos Alberto Nunes Cosenza, Marc de Coligny and Félix Mora-Camino [6] นำเสนอ greedy heuristic และขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม ในการแก้ปัญหาการจัดตารางงานเวรพนักงานสายการบินที่สอดคล้องกับกฎหมายทางการบินและครอบคลุมพนักงาน โดยใช้ในการเข้ารหัสโครโมโซมเป็นแบบ non-binary ซึ่งมีความยาวเท่ากับจำนวนเที่ยวบิน โดยแต่ละยีนของโครโมโซมแทนด้วยเลขที่พนักงาน และประยุกต์การกลายพันธุ์โดยแบ่งพนักงานออกเป็น 2 กลุ่มคือ พนักงานที่มีค่าภาระงานต่ำและพนักงานที่มีค่าภาระงานสูง แล้วสุ่มเลือกตำแหน่งที่มีพนักงานที่มีค่าภาระงานต่ำทำงานแล้วเปลี่ยนเป็นพนักงานคนอื่นมาแทนในตำแหน่งนั้น เพื่อให้สอดคล้องกับวัตถุประสงค์หลักคือ ทำให้ภาระงานของพนักงานแต่ละคนมีความเท่าเทียมกัน งานวิจัยชิ้นนี้ทำการ

เปรียบเทียบประสิทธิภาพระหว่าง 2 วิธีการข้างต้น ซึ่งข้อสรุปที่ได้คือขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมให้คำตอบที่มีความเท่าเทียมของภาระงานมากกว่า greedy heuristic

P. Lucic and D. Teodorovic [12] นำเสนอการแก้ปัญหาการจัดตารางเวรพนักงานสายการบินโดยใช้วิธี Tabu Search, Simulated Annealing และ Genetic Algorithm โดยวัตถุประสงค์เพื่อแบ่งสรรภาระงานและรายได้ของพนักงานให้เท่าเทียมกัน ภาระงานที่ใช้ नियามในแง่ของชั่วโมงบินและจำนวนวันที่ต้องทำงานช่วงสุดสัปดาห์ จากการแสดงตัวอย่างเชิงตัวเลขโดยใช้ข้อมูลที่มีขนาดเล็กและขนาดกลางโดยที่คำนึงถึงพนักงานที่เป็นนักบินอย่างเดียวพบว่า วิธีทั้งสามที่นำเสนอใช้เวลาในการหาคำตอบ (CPU Time) ประมาณ 4-20 นาที บนเครื่องคอมพิวเตอร์พีซี Pentium-4 2.4 GHz และเปรียบเทียบประสิทธิภาพระหว่าง 3 วิธีข้างต้นพบว่า วิธี Tabu Search สามารถหาคำตอบที่เป็นไปได้ได้มีประสิทธิภาพกว่าอีก 2 วิธี

บทที่ 3

แนวคิดและการออกแบบโปรแกรม

ปัญหาการจัดตารางงานพนักงานสายการบินนั้นเป็นปัญหาที่มีขนาดใหญ่ เนื่องจากมีเที่ยวบินและพนักงานสายการบินจำนวนมาก วัตถุประสงค์ของปัญหาคือการจัดแบ่งภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนให้เท่าเทียมกัน

3.1 ข้อมูลทั่วไปของบริษัทการบินไทย

บริษัทการบินไทยมีเที่ยวบินทั้งในประเทศและต่างประเทศมากมาย ซึ่งเที่ยวบินในประเทศแบ่งตามพื้นที่แต่ละภาคของประเทศ และเที่ยวบินต่างประเทศแบ่งเป็น 5 โซน และยังมีพนักงานหลายประเภทตัวอย่างเช่น นักบิน, Inflight Manager (IM), แอร์โฮสเตส และ สจ๊วต เป็นต้น สำหรับขอบเขตของงานวิจัยนี้จะดูเฉพาะปัญหาของสายการบินต่างประเทศและดูเฉพาะพนักงาน IM เท่านั้น

การบินไทยใช้ข้อจำกัดเวลาทำการบินและเวลาปฏิบัติหน้าที่ที่ออกโดยกรมการบินพลเรือนในการจัดตารางงานของพนักงาน โดยข้อจำกัดดังกล่าวจะครอบคลุมชั่วโมงบิน, เวลาปฏิบัติหน้าที่การบิน และเวลาพัก โดยเวลาปฏิบัติหน้าที่การบินเริ่มนับตั้งแต่เวลา 1 ชั่วโมงก่อนเครื่องบินออกและหยุดนับจนถึงเวลา 30 นาทีภายหลังจากเครื่องบินร่อนลงครั้งสุดท้ายในคู่เที่ยวบินเดียวกัน ข้อจำกัดที่นำมาใช้ในปัญหาสำหรับงานวิจัยนี้แสดงไว้ด้านล่างและตารางที่ 3.1 ดังนี้

- ภายในทุกๆ 7 วัน ต่อเนื่องกัน พนักงานจะมีชั่วโมงบินได้ไม่เกิน 34 ชั่วโมง
- ภายในทุกๆ 28 วัน ต่อเนื่องกัน พนักงานจะมีชั่วโมงบินได้ไม่เกิน 110 ชั่วโมง
- ภายในทุกๆ 365 วัน ต่อเนื่องกัน พนักงานจะมีชั่วโมงบินได้ไม่เกิน 1,000 ชั่วโมง

ตารางที่ 3.1 เวลาปฏิบัติหน้าที่การบินและเวลาพัก

เวลาปฏิบัติหน้าที่การบิน	เวลาพัก
< 8 ชั่วโมง	≥ 8 ชั่วโมง
8 - 10 ชั่วโมง	≥ 10 ชั่วโมง
10 - 12 ชั่วโมง	≥ 12 ชั่วโมง
12 - 14 ชั่วโมง	≥ 14 ชั่วโมง
14 - 16 ชั่วโมง	≥ 16 ชั่วโมง
16 - 20 ชั่วโมง	≥ 24 ชั่วโมง

3.2 แนวคิดในการแก้ปัญหา

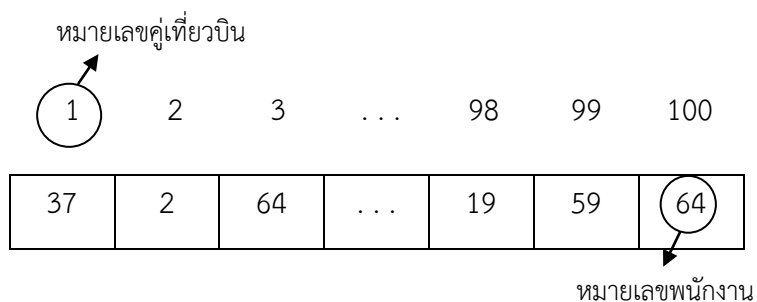
ปัญหาที่อธิบายในข้างต้นมีขนาดใหญ่และซับซ้อน การหาคำตอบที่ดีที่สุดโดยวิธีกำหนดการเชิงคณิตศาสตร์จะใช้เวลาอย่างมากซึ่งไม่สามารถใช้ในทางปฏิบัติได้ ดังนั้นเรานำวิธีทางฮิวริสติกมาใช้ในการหาคำตอบ ซึ่งวิธีทางฮิวริสติกสามารถหาคำตอบที่เป็นไปได้ได้และอาจใกล้เคียงคำตอบที่ดีที่สุด นอกจากนี้วิธีทางฮิวริสติกใช้เวลาน้อยกว่าวิธีกำหนดการเชิงคณิตศาสตร์ในการหาคำตอบของปัญหาขนาดใหญ่จึงมีความเป็นไปได้ที่จะนำมาใช้ในทางปฏิบัติสำหรับสถานการณ์จริง

วิธีทางฮิวริสติกที่เรานำมาใช้ในการแก้ปัญหานั้นคือขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) โดยเราประยุกต์กระบวนการต่างๆในขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมให้สอดคล้องกับวัตถุประสงค์และข้อจำกัดของปัญหา ซึ่งมีรายละเอียดดังต่อไปนี้

3.2.1 วิธีการเข้ารหัสข้อมูลโครโมโซม (Chromosome encoding)

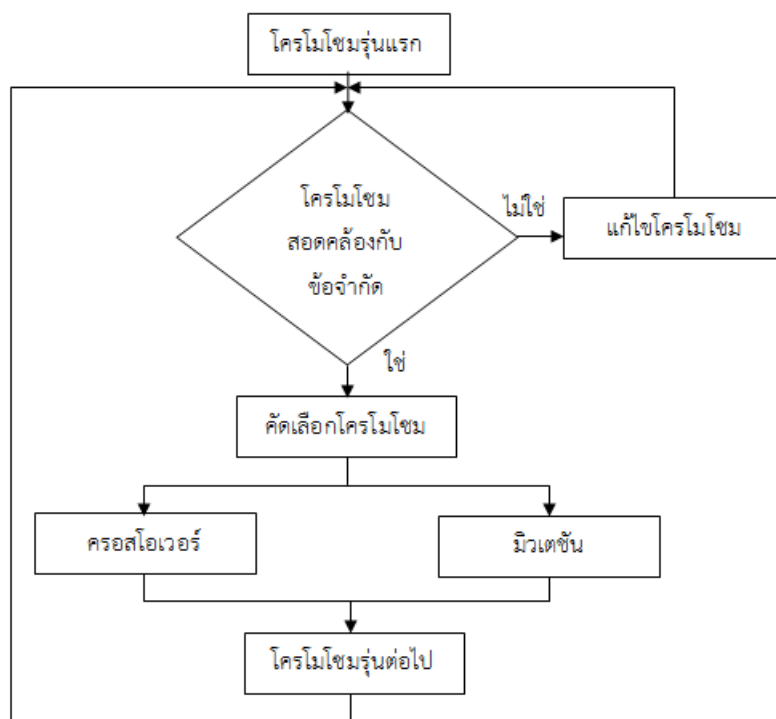
การเข้ารหัสข้อมูลโครโมโซมของงานวิจัยนี้เป็นรูปแบบ non-binary encoding ซึ่งมีลักษณะเป็นแถวลำดับ (array) ที่มีความยาวเท่ากับจำนวนของคู่เที่ยวบิน โดยแต่ละช่องของโครโมโซมจะแทนคู่เที่ยวบิน ในแต่ละช่องจะใส่หมายเลขของพนักงานไว้เพื่อบ่งบอกการมอบหมายงานว่า พนักงานแต่ละคนทำงานบนคู่เที่ยวบินใดบ้าง ยกตัวอย่างเช่นโครโมโซมที่แสดงในภาพที่ 3.1 ที่มีจำนวนพนักงาน

64 คนและมีจำนวนคู่เที่ยวบิน 100 คู่ พนักงานหมายเลข 64 ต้องทำงานคู่เที่ยวบินที่ 3 และ 100 เป็นต้น



ภาพที่ 3.1 ตัวอย่างโครโมโซม

ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม (GA) ในการวิจัยครั้งนี้มีขั้นตอนทั้งหมดดังภาพที่ 3.2



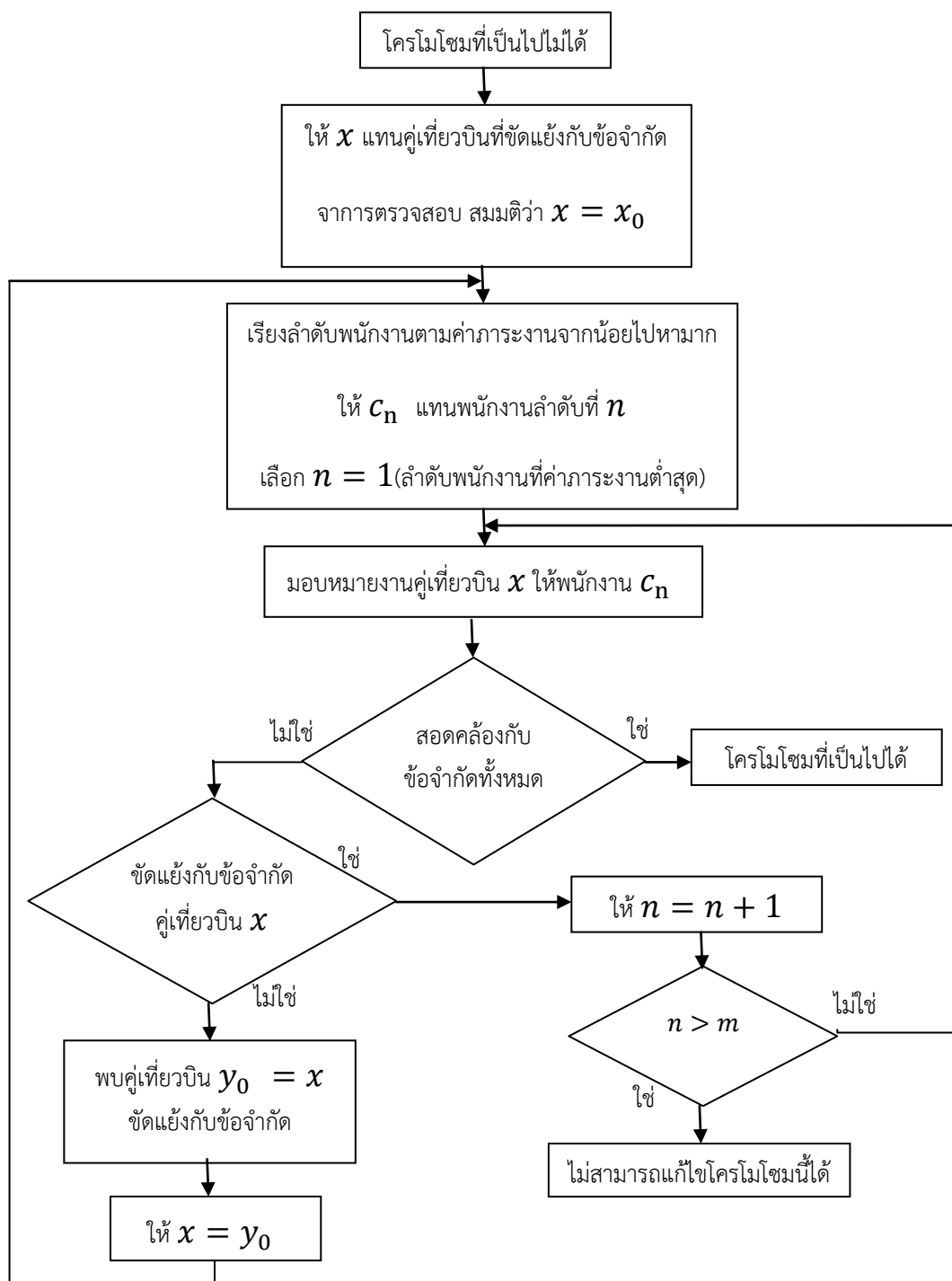
ภาพที่ 3.2 ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม

โดยพารามิเตอร์สำคัญที่ต้องกำหนดให้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม จะประกอบด้วยจำนวนประชากรในแต่ละรุ่นและจำนวนรุ่นที่ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมจะต้องทำซ้ำจนกระทั่งหยุด ขั้นตอนย่อยของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมอธิบายในรายละเอียดดังนี้

3.2.2 การแก้ไขโครโมโซม

โครโมโซมในรุ่นแรกของงานวิจัยนี้เกิดจากการสุ่มโดยสุ่มหมายเลขของพนักงานแต่ละคนมาใส่ในแต่ละคู่ที่ยิวบิน จากนั้นเพื่อให้โครโมโซมทุกโครโมโซมสอดคล้องกับข้อกำหนดของปัญหาจึงมีขั้นตอนการตรวจสอบความเป็นไปได้ของโครโมโซม (feasibility testing) ถ้าโครโมโซมใดไม่สอดคล้องกับข้อกำหนดจะดำเนินการแก้ไขเพื่อให้สอดคล้องกับข้อกำหนด

การแก้ไขโครโมโซมที่เป็นไปไม่ได้ มีขั้นตอนดังต่อไปนี้ ขั้นตอนแรกเราต้องตรวจสอบว่าคู่ที่ยิวบินใดที่ขัดแย้งกับข้อกำหนด ให้คู่ที่ยิวบิน X เป็นคู่ที่ยิวบินที่ขัดแย้งกับข้อกำหนด ซึ่งแบ่งออกเป็น 2 กรณี กรณีแรกคือคู่ที่ยิวบิน 2 คู่ที่พนักงานคนเดียวกันปฏิบัติหน้าที่ช่วงเวลาซ้อนทับกัน กรณีที่ 2 คือชั่วโมงบินที่พนักงานคนเดียวกันปฏิบัติหน้าที่มากกว่าที่กฎหมายแรงงานกำหนด ขั้นตอนที่ 2 เราจะเรียงลำดับพนักงานตามค่าภาระงานจากน้อยไปมาก ขั้นตอนที่ 3 เราจะนำพนักงานคนที่มีค่าภาระงานต่ำสุดมาแทนในคู่ที่ยิวบิน X ขั้นตอนที่ 4 เรานำโครโมโซมที่ถูกแก้ไขแล้วไปตรวจสอบว่าสอดคล้องกับข้อกำหนดหรือไม่ ถ้าสอดคล้องกับข้อกำหนดแล้วเราจะเก็บโครโมโซมนี้ไว้แล้วตรวจสอบโครโมโซมถัดไป แต่ถ้ายังไม่สอดคล้องกับข้อกำหนด จะตรวจสอบว่าคู่ที่ยิวบินที่ไม่สอดคล้องกับข้อกำหนดใช่คู่ที่ยิวบินเดิมหรือไม่ ถ้าคู่ที่ยิวบินที่ไม่สอดคล้องกับข้อกำหนดเป็นคู่ที่ยิวบินเดิมเราจะนำพนักงานคนที่มีค่าภาระงานต่ำลำดับต่อไปมาแทนในตำแหน่งคู่ที่ยิวบิน X แต่ถ้าคู่ที่ยิวบินที่ไม่สอดคล้องกับข้อกำหนดไม่ใช่คู่ที่ยิวบินเดิมเราจะทำขั้นตอนดังกล่าวตั้งแต่ขั้นตอนแรกซ้ำ จนกว่าโครโมโซมจะสอดคล้องกับข้อกำหนด แต่ถ้านำพนักงานมาจนครบทุกคนแล้วโครโมโซมยังไม่สอดคล้องกับข้อกำหนด แสดงว่าโครโมโซมนี้ไม่สามารถแก้ไขได้ ขั้นตอนการแก้ไขโครโมโซมทั้งหมดสามารถสรุปได้เป็นแผนภาพต่อไปนี้



ภาพที่ 3.3 ขั้นตอนการแก้ไขโครโมโซม

สำหรับขั้นตอนการแก้ไขโครโมโซม ในกรณีที่ไม่สามารถแก้ไขโครโมโซมได้โครโมโซมดังกล่าว จะถูกตัดทิ้งไป และโครโมโซมใหม่จะถูกสร้างขึ้นใหม่ในวิธีเดียวกับการสร้างประชากรรุ่นแรก (โครโมโซมใหม่อาจจะสอดคล้องหรือไม่สอดคล้องกับข้อจำกัด)

3.2.3 การคัดเลือกโครโมโซม (Selection)

การคัดเลือกโครโมโซม (Selection) คือกระบวนการเลือกโครโมโซม โดยพิจารณาจากค่า ฟังก์ชันค่าความเหมาะสม (Fitness function) ซึ่งโครโมโซมที่มีค่าฟังก์ชันค่าความเหมาะสมมากจะมี โอกาสถูกเลือกมากกว่าโครโมโซมที่มีค่าฟังก์ชันค่าความเหมาะสมน้อย เนื่องจากวัตถุประสงค์ของ ปัญหาคือจัดแบ่งภาระงานและรายได้ของพนักงานให้เท่าเทียมกัน ดังนั้นฟังก์ชันค่าความเหมาะสม จึง นิยามให้เป็นส่วนกลับของผลรวมของค่าเบี่ยงเบนสัมบูรณ์โดยรวมของค่าภาระงานและค่ารายได้ของ พนักงานแต่ละคนดังนี้

- P แทน เซตของคู่เที่ยวบินทั้งหมด $\{1, 2, 3, \dots, n\}$
- C แทน เซตของพนักงานทั้งหมด $\{1, 2, 3, \dots, m\}$
- \tilde{x} แทน โครโมโซมหรือเวกเตอร์ของผลเฉลย $\{x_i^c ; i \in P, c \in C\}$

$$\text{โดยที่ } x_i^c = \begin{cases} 1 & ; \text{พนักงานคนที่ } c \text{ ทำงานคู่เที่ยวบินที่ } i \\ 0 & ; \text{อื่นๆ} \end{cases}$$

หมายเหตุ โครโมโซม \tilde{x} ในที่นี้แสดงในรูปแบบ binary encoding เพื่อความสะดวกในการอธิบาย ฟังก์ชันค่าความเหมาะสม แต่ในความเป็นจริงเราใช้ non-binary encoding ตามที่อธิบายไปแล้วใน หัวข้อ 3.2.1

- $w_c(\tilde{x})$ แทน ค่าภาระงานของพนักงานคนที่ c

$$\text{นั่นคือ } w_c(\tilde{x}) = \sum_{i \in P} x_i^c w_i$$

โดยที่ w_i แทน ค่าภาระงานที่พนักงานหนึ่งคนจะได้รับจากคู่เที่ยวบินที่ i

- \bar{w} แทน ค่าภาระงานเฉลี่ยต่อคน

$$\text{นั่นคือ } \bar{w} = \frac{\sum_{i \in P} w_i}{m}$$

- $p_c(\tilde{x})$ แทน ค่ารายได้ของพนักงานคนที่ c
 นั่นคือ $p_c(\tilde{x}) = \sum_{i \in P} x_i^c p_i$
 โดยที่ p_i แทน ค่ารายได้ที่พนักงานหนึ่งคนจะได้รับจากคู่เที่ยวบินที่ i
- \bar{p} แทน ค่ารายได้เฉลี่ยต่อคน
 นั่นคือ $\bar{p} = \frac{\sum_{i \in P} p_i}{m}$
- $D_w(\tilde{x})$ แทน ค่าเบี่ยงเบนสัมบูรณ์โดยรวมของภาระงานของโครโมโซม \tilde{x}
 นั่นคือ $D_w(\tilde{x}) = \sum_{c \in C} |w_c(\tilde{x}) - \bar{w}|$
- $D_p(\tilde{x})$ แทน ค่าเบี่ยงเบนสัมบูรณ์โดยรวมของรายได้ของโครโมโซม \tilde{x}
 นั่นคือ $D_p(\tilde{x}) = \sum_{c \in C} |p_c(\tilde{x}) - \bar{p}|$

ดังนั้นฟังก์ชันค่าความเหมาะสมที่ใช้มีนิยามดังนี้

$$f(\tilde{x}) = \frac{1}{D_w(\tilde{x}) + D_p(\tilde{x})}$$

หลังจากการคัดเลือกโครโมโซมแล้ว ขั้นตอนต่อไปจะเลือกทำ การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม (Crossover) หรือ การกลายพันธุ์ (Mutation) เพียงอย่างใดอย่างหนึ่งเท่านั้น โดยการเลือกจะทำกระบวนการใดขึ้นอยู่กับค่าพารามิเตอร์ความน่าจะเป็นที่กำหนดไว้ของแต่ละกระบวนการ

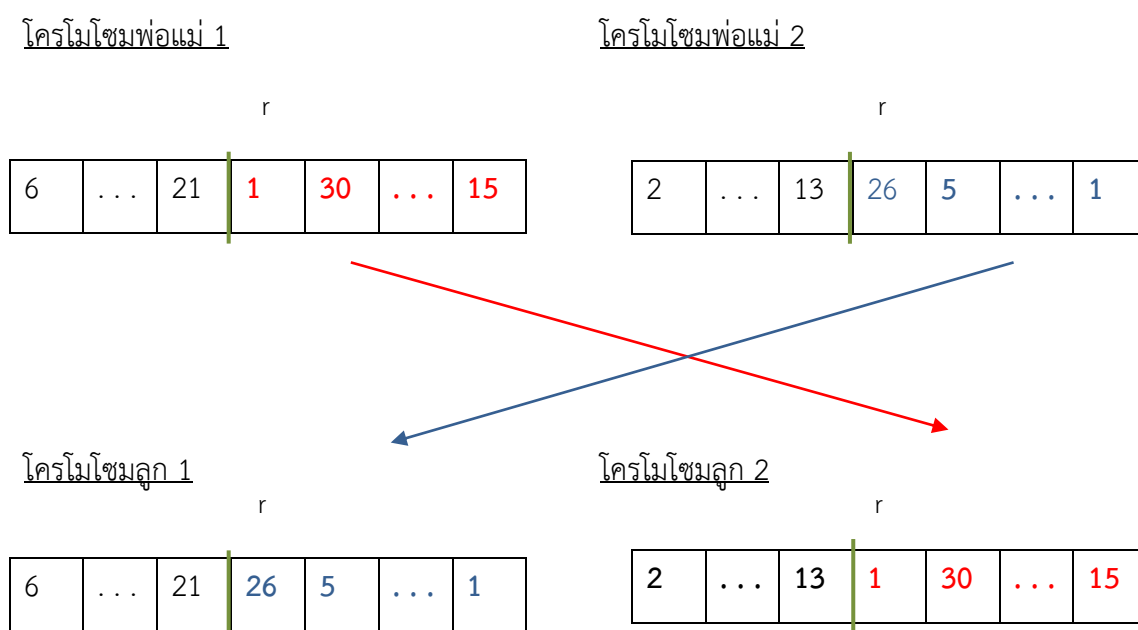
3.2.4 การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม (Crossover)

การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม (Crossover) คือกระบวนการการคำนวณหาตำแหน่งยีนบนโครโมโซม และทำการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมตั้งแต่ตำแหน่งนั้นเป็นต้นไป มีวัตถุประสงค์เพื่อให้ได้โครโมโซมใหม่ที่แตกต่างจากเดิมแต่ยังมีบางส่วนที่คล้ายพ่อแม่ซึ่งมักจะเป็นโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมสูง

สำหรับงานวิจัยนี้ได้ทดสอบการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 3 แบบ ดังรายละเอียดต่อไปนี้

3.2.4.1 การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด (One-point Crossover)

การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด คือ การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมโดยอาศัยการสุ่มเลือกมาช่วยในการหาตำแหน่งในการสับเปลี่ยน ตัวอย่างเช่นในภาพที่ 3.4 ตำแหน่ง r เกิดจากการสุ่มเลือกเลขจำนวนเต็มตั้งแต่ 1 ถึง เลขที่คู่ที่ยาวบินสุดท้าย หลังจากได้ตำแหน่งในการสับเปลี่ยนยีน จะทำการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมพ่อแม่ 1 และ โครโมโซมพ่อแม่ 2 ตั้งแต่ตำแหน่ง r เป็นต้นไป

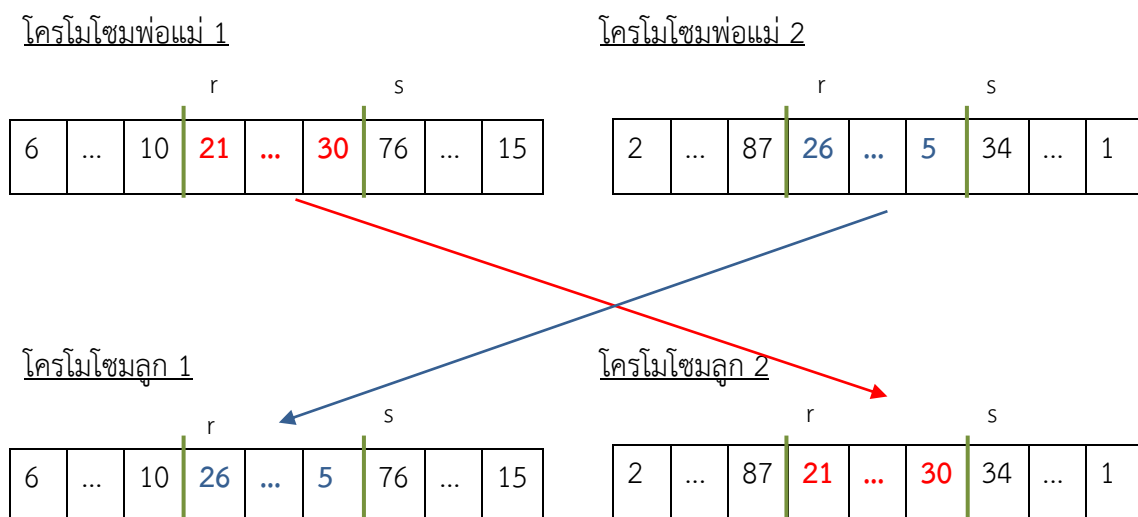


ภาพที่ 3.4 ตัวอย่างขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 1 จุด

3.2.4.2 การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด (Two-point Crossover)

การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม 2 จุด คือ การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมโดยการสุ่มเลือกตำแหน่งยีนทั้งหมด 2 ตำแหน่งมาใช้ในการสับเปลี่ยน ตัวอย่างเช่นในภาพที่ 3.5 ตำแหน่ง r , s เกิดจากการสุ่มเลือกเลขจำนวนเต็มตั้งแต่ 1 ถึง เลขที่คู่ที่ยาวบินสุดท้าย โดยที่ $r < s$ หลังจากได้

ตำแหน่งในการสับเปลี่ยนอื่น จะทำการสับเปลี่ยนระหว่างโครโมโซมพ่อแม่ 1 และ โครโมโซมพ่อแม่ 2 ตั้งแต่ตำแหน่ง r จนถึง s

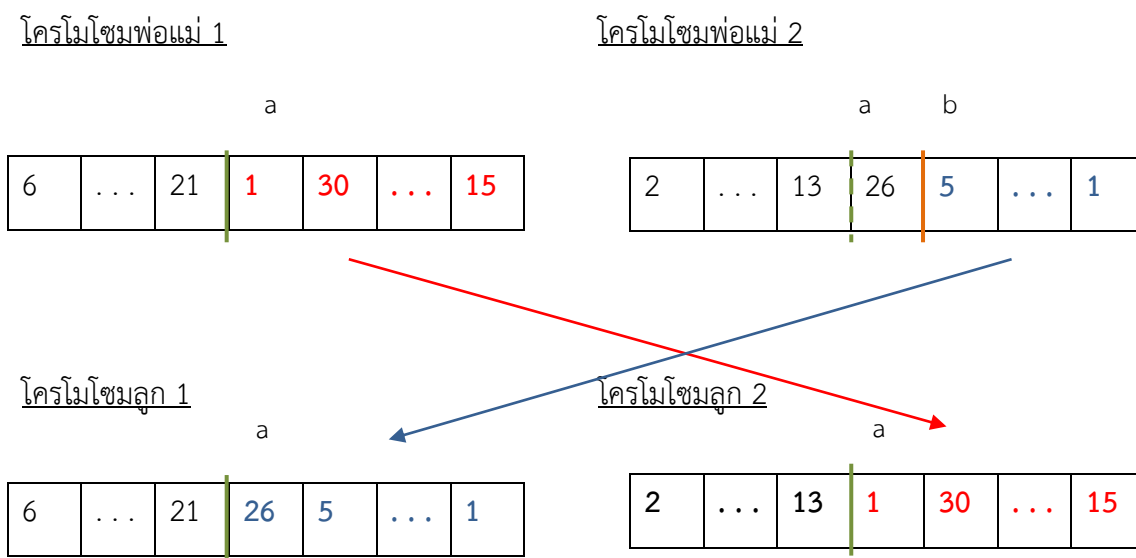


ภาพที่ 3.5 ตัวอย่างขั้นตอนการสับเปลี่ยนระหว่างโครโมโซม 2 จุด

3.2.4.3 การสับเปลี่ยนระหว่างโครโมโซมเพื่อความเท่าเทียมของภาระงาน (Workload Balancing Crossover)

การสับเปลี่ยนระหว่างโครโมโซมแบบนี้มีการคำนวณค่าภาระงานเพื่อมาใช้ในการพิจารณาตำแหน่งที่จะใช้ในการสับเปลี่ยน โดยมีวัตถุประสงค์ให้พนักงานแต่ละคนมีค่าภาระงานเท่าเทียมกัน แนวความคิดของการสับเปลี่ยนคือ เลือกพนักงานที่มีค่าภาระงานสูงมาโครโมโซมละ 1 คนและทำการสับเปลี่ยนแล้วทำให้แต่ละคนมีค่าเฉลี่ยวินที่ลดลงไปอย่างน้อย 1 ค่าเฉลี่ยวิน การสับเปลี่ยนแบบนี้เริ่มจากการคำนวณหาพนักงานที่มีค่าภาระงานสูงสุด 10 คนแรกของแต่ละโครโมโซมมาเก็บไว้ จากนั้นจะสุ่มเลือกพนักงานที่เก็บไว้ของทั้งสองโครโมโซม โครโมโซมละ 1 คน แล้วหาตำแหน่งสุดท้ายที่พนักงานทำงานของทั้งสองโครโมโซม จากนั้นเลือกตำแหน่งที่น้อยกว่าในการสับเปลี่ยนเพื่อให้ครอบคลุมทั้งสองตำแหน่ง ตัวอย่างเช่นในภาพที่ 3.6 พนักงานคนที่ 1 ถูกสุ่มเลือกจากโครโมโซมพ่อแม่ 1 โดยทำงานค่าเฉลี่ยวินสุดท้ายที่ตำแหน่ง a และพนักงานคนที่ 5 ถูกสุ่มเลือกจากโครโมโซมพ่อแม่

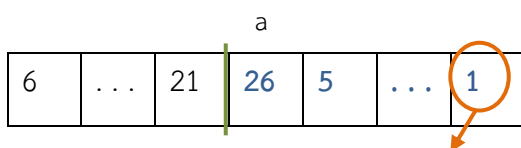
2 โดยทำงานคู่ที่เยวบินสุดท้ายที่ตำแหน่ง b สมมุติว่า $b > a$ เราเลือกตำแหน่งที่น้อยกว่า (a) ในการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม



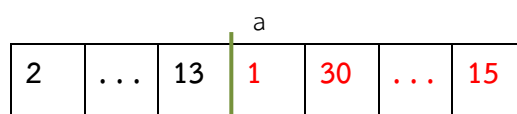
ภาพที่ 3.6 ตัวอย่างขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมเพื่อความเท่าเทียมของภาระงาน (1)

หลังจากสับเปลี่ยนแล้วถ้าทั้งพนักงานคนที่ 1 ของโครโมโซมพ่อแม่ 1 และพนักงานคนที่ 5 ของโครโมโซมพ่อแม่ 2 ไม่มีคู่ที่เยวบินที่ต้องทำหลังตำแหน่ง a ถือว่าการสับเปลี่ยนยีนเสร็จสิ้น พนักงานทั้งสองจะมีค่าภาระงานลดลงเนื่องจากมีจำนวนคู่ที่เยวบินที่ต้องทำลดลง ถ้าเกิดกรณีที่หลังการสับเปลี่ยนยังมีคู่ที่เยวบินของพนักงานที่เลือกมาคนใดคนหนึ่งหลงเหลือหลังตำแหน่ง a เราจะทำการสับเปลี่ยนที่ตำแหน่งดังกล่าวอีกครั้งในลักษณะเดียวกัน ตัวอย่างในภาพที่ 3.6 หลังจากสับเปลี่ยนแล้วปรากฏว่าพนักงานคนที่ 1 ของโครโมโซมลูก 1 ยังทำงานในคู่ที่เยวบินหลังตำแหน่ง a อยู่ ดังนั้นเราจะสับเปลี่ยนยีนที่ตำแหน่งคู่ที่เยวบินดังกล่าว ดังแสดงในภาพที่ 3.7

โครโมโซมลูก 1



โครโมโซมลูก 2



พนักงานคนที่ 1 ยังมีคู่ที่ยาวบินเหลือหลังตำแหน่งที่ a ต้องทำการสับเปลี่ยนอีกครั้ง

โครโมโซมลูก 1



โครโมโซมลูก 2



โครโมโซมลูก 1



โครโมโซมลูก 2



ภาพที่ 3.7 ตัวอย่างขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนโครโมโซมเพื่อความเท่าเทียมของภาระงาน (2)

3.2.5 การกลายพันธุ์ (Mutation)

การกลายพันธุ์ (Mutation) คือกระบวนการคำนวณหาตำแหน่งของโครโมโซมและเปลี่ยนค่า ยีนเฉพาะตำแหน่งนั้น มีวัตถุประสงค์เกี่ยวกับการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม

สำหรับงานวิจัยนี้ได้ทดสอบการกลายพันธุ์ 2 แบบ ดังรายละเอียดต่อไปนี้

3.2.5.1 การกลายพันธุ์โดยการสุ่มเลือก (Ordinary Mutation)

การกลายพันธุ์ชนิดนี้จะอาศัยการสุ่มเลือกในการเลือกตำแหน่งและเลือกพนักงานที่จะเปลี่ยน ตัวอย่างเช่นในภาพที่ 3.8

โครโมโซมพ่อแม่

ตำแหน่ง a ได้จากการสุ่มเลือก
จากจำนวนคู่ที่ยิวบีนทั้งหมด

a

6	...	21	1	30	...	15
---	-----	----	---	----	-----	----

โครโมโซมลูก

a

6	...	21	1	41	...	15
---	-----	----	---	----	-----	----

พนักงานเลขที่ 41 ได้จากการสุ่มเลือก
จากจำนวนพนักงานทั้งหมด

ภาพที่ 3.8 ตัวอย่างขั้นตอนการกลายพันธุ์โดยการสุ่มเลือก

จากตัวอย่างในภาพที่ 3.8 เราจะสุ่มเลือกตำแหน่ง a จากจำนวนคู่ที่ยิวบีนทั้งหมด และสุ่มเลือกพนักงาน 1 คนจากพนักงานทั้งหมดขึ้นมาแทนในตำแหน่ง a โดยที่พนักงานคนที่ถูกสุ่มเลือกขึ้นมาจะต้องไม่ใช่คนเดิมที่ทำงานในคู่ที่ยิวบีนที่ a

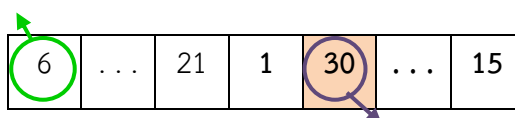
3.2.5.2 การกลายพันธุ์เพื่อความเท่าเทียมของภาระงาน (Workload Balancing Mutation)

การกลายพันธุ์เพื่อความเท่าเทียมของภาระงานประยุกต์มาจากการกลายพันธุ์โดยการสุ่มเลือกโดยเพิ่มการนำค่าภาระงานมาใช้ในการพิจารณาตำแหน่งการกลายพันธุ์ ขั้นตอนนี้เริ่มจากการคำนวณหาพนักงานที่มีค่าภาระงานสูงสุด 10 คนแรกของโครโมโซมมาเก็บไว้ จากนั้นเลือกพนักงานที่มีค่าภาระงานต่ำสุดในโครโมโซมนั้น 1 คน แล้วสุ่มเลือกพนักงานที่มีค่าภาระงานสูงที่เก็บเอาไว้มา 1 คน หาตำแหน่งสุดท้ายที่พนักงานคนนั้นทำงานแล้วนำพนักงานที่มีค่าภาระงานต่ำสุดในโครโมโซมนั้นมาแทนในตำแหน่งนั้น เพื่อให้พนักงานคนที่มีค่าภาระงานสูงมีค่าภาระงานน้อยลง และพนักงานคนที่

มีค่าภาระงานต่ำสุดมีค่าภาระงานเพิ่มขึ้น ดังนั้นค่าภาระงานของพนักงานทั้งคู่จะมีค่าเข้าใกล้ค่าภาระงานเฉลี่ยมากขึ้น ตัวอย่างเช่นในภาพที่ 3.9

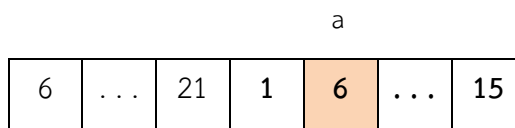
โครโมโซมพ่อแม่

พนักงานคนที่ 6 เป็นพนักงาน
ที่ค่าภาระงานต่ำสุด



พนักงานคนที่ 30 ได้จากการสุ่มเลือกจากพนักงานที่มีค่าภาระงานสูงสุด 10 คนแรก ทำงานคู่ที่เยวบินสุดท้ายที่ตำแหน่ง a

โครโมโซมลูก



ภาพที่ 3.9 ตัวอย่างขั้นตอนการกลายพันธุ์เพื่อความเท่าเทียมของภาระงาน

บทที่ 4

ผลการวิเคราะห์ข้อมูล

ในงานวิจัยนี้เราทดสอบใช้วิธีการขั้นตอนทางพันธุกรรม (GA) กับข้อมูลขนาดกลางและขนาดใหญ่ของคู่เที่ยวบินต่างประเทศของบริษัทการบินไทยและดูเฉพาะพนักงานประเภท Inflight Manager เท่านั้น วัตถุประสงค์หลักของปัญหาคือ การจัดแบ่งภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนให้มีความเท่าเทียม โดยมีชุดข้อมูล 5 ชุด ดังรายละเอียดต่อไปนี้

4.1 รายละเอียดของชุดข้อมูล

เราใช้ชุดข้อมูลของบริษัทการบินไทยจำนวน 5 ชุดในการทดสอบกับวิธีการขั้นตอนทางพันธุกรรม โดยแบ่งเป็นชุดข้อมูลขนาดกลางจำนวน 3 ชุด และชุดข้อมูลขนาดใหญ่จำนวน 2 ชุด แสดงในตารางที่ 4.1

ตารางที่ 4.1 รายละเอียดของแต่ละชุดข้อมูล

	ชุดข้อมูลที่ 1	ชุดข้อมูลที่ 2	ชุดข้อมูลที่ 3	ชุดข้อมูลที่ 4	ชุดข้อมูลที่ 5
จำนวนคู่เที่ยวบินต่อวัน	7	14	26	26	26
จำนวนวัน	14	14	14	23	30
จำนวนคู่เที่ยวบินทั้งหมด	98	196	364	598	780
จำนวนพนักงาน	62	123	227	227	227

4.2 การทดลอง

ในการวิจัยนี้มีการทดลองเปรียบเทียบขั้นตอนการสืบเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม (Crossover) ทั้งหมด 3 แบบ และขั้นตอนการกลายพันธุ์ (Mutation) ทั้งหมด 2 แบบ ดังที่กล่าวไป

แล้วในบทที่ 3 ซึ่งเมื่อผนวกขั้นตอนทั้งสองขั้นตอนในแต่ละแบบจะได้ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมในการทดลองทั้งหมด 6 แบบ นอกจากนี้ยังทดลองใช้ค่าพารามิเตอร์คือจำนวนโครโมโซม และจำนวนรุ่นอย่างละ 3 ค่าในแต่ละแบบ ซึ่งทำให้มีชุดค่าพารามิเตอร์ทั้งหมด 9 ชุด โดยทำการทดลองซ้ำ 10 ครั้งสำหรับแต่ละชุด การทำซ้ำแต่ละครั้งจะใช้ตัวเลขเริ่มต้น (seed number) สำหรับขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมที่ต่างกัน จากนั้นจะทำการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) เพื่อวิเคราะห์ดูว่าจำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่นใดให้คำตอบที่ดีที่สุด

ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมมีขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมและขั้นตอนการกลายพันธุ์ รวม 6 แบบ แสดงในตารางที่ 4.2

ตารางที่ 4.2 ขั้นตอนการสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซมและขั้นตอนการกลายพันธุ์

		การกลายพันธุ์	
		ความเท่าเทียมของค่าภาระงาน (Workload balancing)	สุ่มเลือก (Ordinary)
การสับเปลี่ยนยีนระหว่างโครโมโซม	ความเท่าเทียมของค่าภาระงาน (Workload balancing)	ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 (WW)	ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 (WO)
	สุ่มเลือก 1 จุด (One-point)	ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 (OW)	ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 (OO)
	สุ่มเลือก 2 จุด (Two-point)	ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 (TW)	ขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 (TO)

4.3 ผลการทดลอง

จากการวิเคราะห์ความแปรปรวน (ANOVA) โดยมีค่าความเชื่อมั่น 95% สรุปได้ว่าเมื่อเปรียบเทียบผลการทดลองทั้ง 9 ชุดพารามิเตอร์ของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมทั้ง 6 แบบกับข้อมูลทั้ง 5 ชุดจะได้รูปแบบที่ให้คำตอบที่ดีที่สุด แสดงในตารางที่ 4.3

ตารางที่ 4.3 จำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่นที่ดีที่สุดของแต่ละวิธีและแต่ละข้อมูล

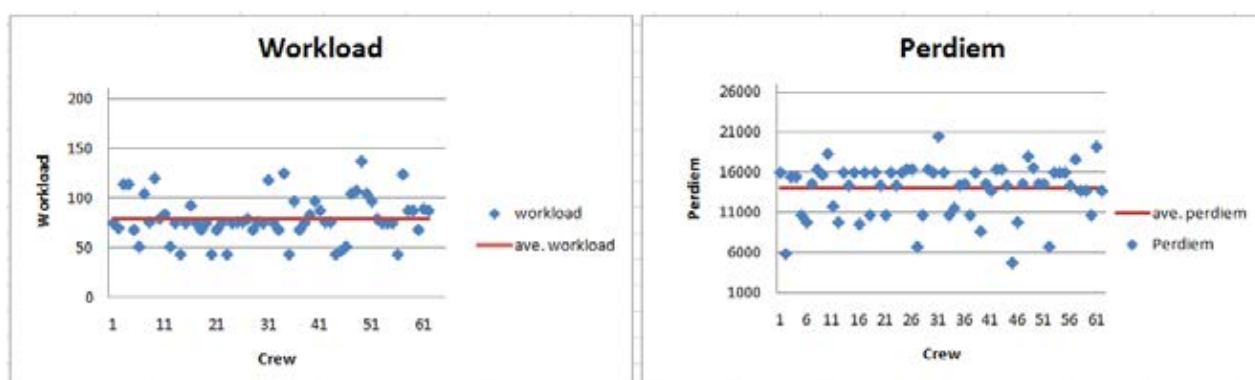
		ขั้นตอนวิธี ทาง พันธุกรรม แบบที่ 1	ขั้นตอนวิธี ทาง พันธุกรรม แบบที่ 2	ขั้นตอนวิธี ทาง พันธุกรรม แบบที่ 3	ขั้นตอนวิธี ทาง พันธุกรรม แบบที่ 4	ขั้นตอนวิธี ทาง พันธุกรรม แบบที่ 5	ขั้นตอนวิธี ทาง พันธุกรรม แบบที่ 6
ข้อมูล ชุดที่ 1	จำนวน โครโมโซมที่ ดีที่สุด	200	300	300	200	300	300
	จำนวนรุ่นที่ ดีที่สุด	30	30	30	30	30	30
ข้อมูล ชุดที่ 2	จำนวน โครโมโซมที่ ดีที่สุด	300	300	300	300	300	300
	จำนวนรุ่นที่ ดีที่สุด	30	30	30	30	30	30
ข้อมูล ชุดที่ 3	จำนวน โครโมโซมที่ ดีที่สุด	200	300	300	300	300	300
	จำนวนรุ่นที่ ดีที่สุด	30	30	30	30	30	30
ข้อมูล ชุดที่ 4	จำนวน โครโมโซมที่ ดีที่สุด	300	300	300	300	300	300
	จำนวนรุ่นที่ ดีที่สุด	30	30	30	30	30	30
ข้อมูล ชุดที่ 5	จำนวน โครโมโซมที่ ดีที่สุด	300	300	200	300	300	300
	จำนวนรุ่นที่ ดีที่สุด	30	30	30	30	30	30

ตารางที่ 4.4 - 4.33 แสดงฟังก์ชันค่าความเหมาะสมและเวลาการทดลองซ้ำทั้ง 10 ครั้งของรูปแบบจำนวนรุ่นและจำนวนโครโมโซมที่ดีที่สุดของแต่ละแบบของขั้นตอนวิธีการทางพันธุกรรมและแต่ละชุดข้อมูล เมื่อนำคำตอบที่ดีที่สุดมาวาดกราฟแสดงค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคน จะได้การแบ่งค่าภาระงานและการแบ่งรายได้ของแต่ละแบบของขั้นตอนวิธีการทางพันธุกรรมและแต่ละชุดข้อมูลแสดงในภาพที่ 4.1 - 4.30

ตารางที่ 4.4 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 1 โดย

ใช้จำนวนโครโมโซม 200 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาทื)
1	4.91×10^{-06}	0:53:33
2	5.24×10^{-06}	0:53:55
3	5.23×10^{-06}	0:53:31
4	4.76×10^{-06}	0:52:42
5	5.15×10^{-06}	0:55:06
6	5.65×10^{-06}	0:53:47
7	5.52×10^{-06}	0:54:20
8	6.08×10^{-06}	0:53:32
9	5.80×10^{-06}	0:53:11
10	6.11×10^{-06}	0:53:34
Average	5.45×10^{-06}	0:53:43
S.D.	4.6693×10^{-07}	5.01517×10^{-06}

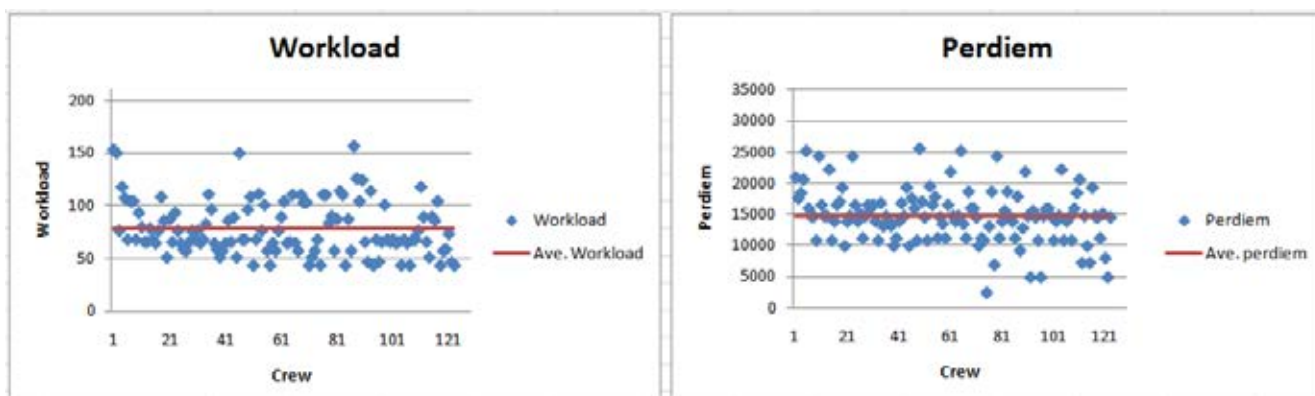


ภาพที่ 4.1 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และ

ชุดข้อมูลที่ 1

ตารางที่ 4.5 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 2 โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

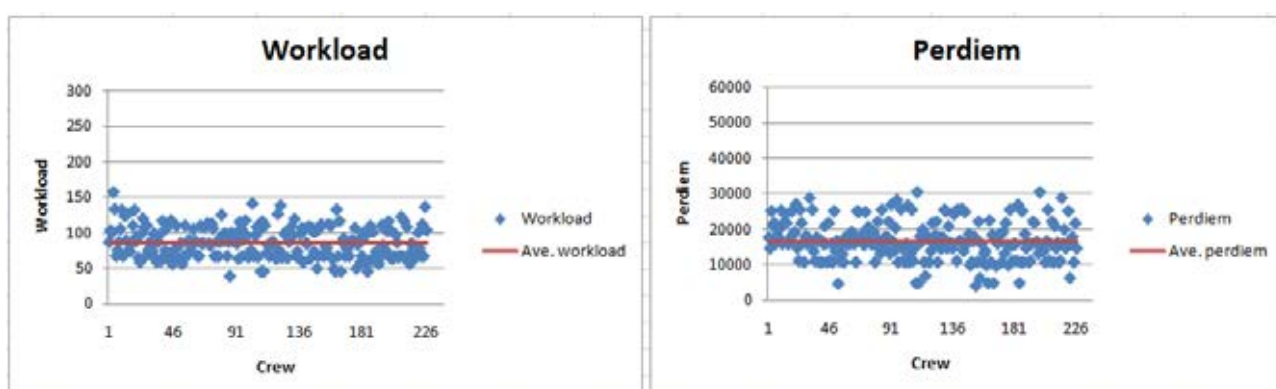
การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	2.36×10^{-06}	0:10:32
2	2.58×10^{-06}	0:10:25
3	2.26×10^{-06}	0:10:32
4	2.14×10^{-06}	0:10:30
5	2.16×10^{-06}	0:10:30
6	2.12×10^{-06}	0:10:31
7	2.24×10^{-06}	0:10:36
8	2.19×10^{-06}	0:10:33
9	2.18×10^{-06}	0:10:30
10	2.13×10^{-06}	0:10:34
Average	2.24×10^{-06}	0:10:31
S.D.	1.41738×10^{-07}	3.51×10^{-05}



ภาพที่ 4.2 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 2

ตารางที่ 4.6 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 3 โดยใช้จำนวนโครโมโซม 200 และจำนวนรุ่น 30

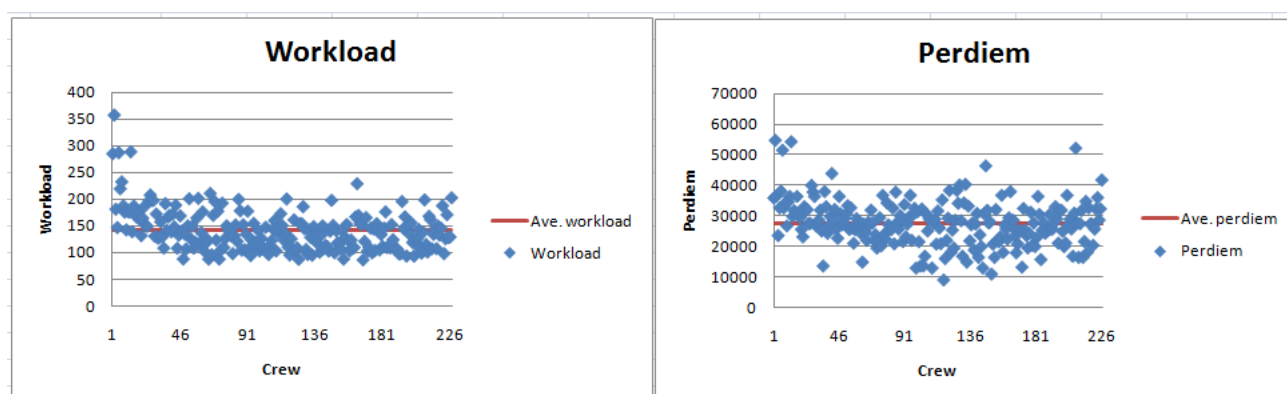
การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาทื)
1	1.06×10^{-06}	0:09:21
2	9.53×10^{-07}	0:09:29
3	1.00×10^{-06}	0:09:30
4	9.68×10^{-07}	0:10:07
5	1.00×10^{-06}	0:09:15
6	1.04×10^{-06}	0:09:41
7	1.01×10^{-06}	0:09:38
8	1.06×10^{-06}	0:09:27
9	1.03×10^{-06}	0:09:59
10	9.44×10^{-07}	0:09:19
Average	1.01×10^{-06}	0:09:34
S.D.	4.25302×10^{-08}	0.000196



ภาพที่ 4.3 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 3

ตารางที่ 4.7 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 4 โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

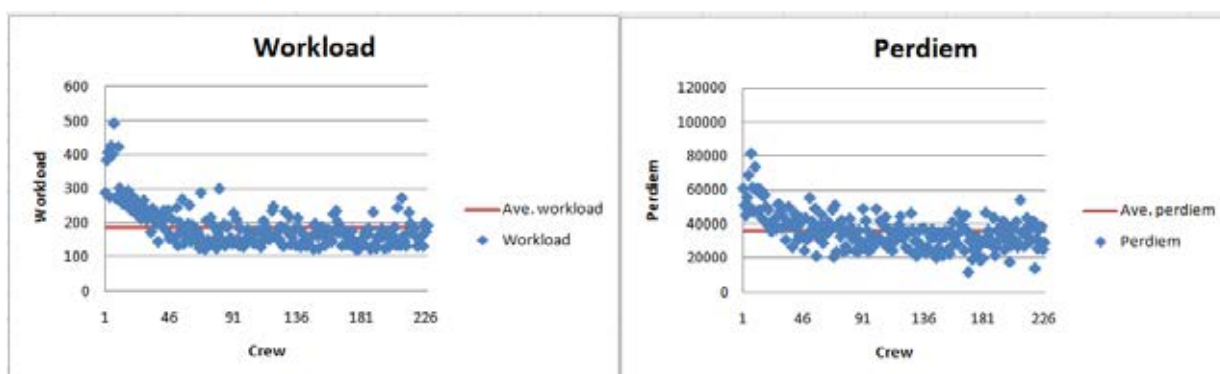
การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	7.75×10^{-07}	0:31:12
2	7.71×10^{-07}	0:30:47
3	7.65×10^{-07}	0:30:31
4	7.16×10^{-07}	0:32:37
5	7.72×10^{-07}	0:30:25
6	7.19×10^{-07}	0:30:19
7	7.91×10^{-07}	0:30:52
8	7.10×10^{-07}	0:32:11
9	7.65×10^{-07}	0:29:52
10	7.22×10^{-07}	0:30:18
Average	7.51×10^{-07}	0:30:54
S.D.	3.00997×10^{-08}	0.000605



ภาพที่ 4.4 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 4

ตารางที่ 4.8 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 5 โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

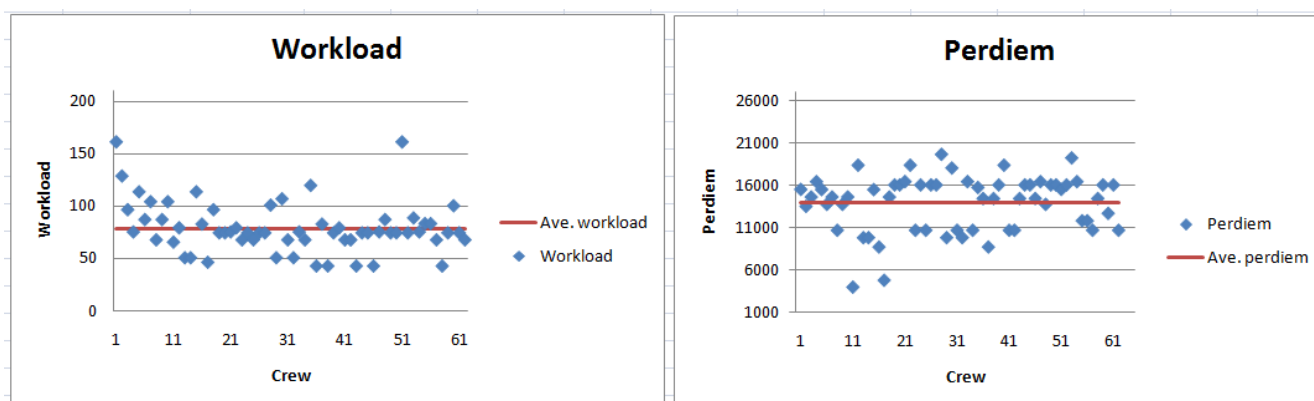
การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	5.61×10^{-07}	0:59:00
2	5.56×10^{-07}	0:59:05
3	5.66×10^{-07}	0:58:36
4	5.55×10^{-07}	0:57:59
5	5.75×10^{-07}	1:00:17
6	5.31×10^{-07}	0:59:00
7	5.00×10^{-07}	0:59:32
8	5.69×10^{-07}	0:58:39
9	5.58×10^{-07}	0:58:24
10	5.30×10^{-07}	0:58:59
Average	5.5×10^{-07}	0:58:56
S.D.	2.29524×10^{-08}	0.000439338



ภาพที่ 4.5 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 1 และชุดข้อมูลที่ 5

ตารางที่ 4.9 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และชุดข้อมูลที่ 1 โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	5.74×10^{-06}	0:08:19
2	5.33×10^{-06}	0:08:19
3	6.04×10^{-06}	0:08:19
4	6.09×10^{-06}	0:08:19
5	5.67×10^{-06}	0:08:20
6	5.42×10^{-06}	0:08:19
7	5.64×10^{-06}	0:08:19
8	5.23×10^{-06}	0:08:19
9	5.60×10^{-06}	0:08:19
10	5.92×10^{-06}	0:08:19
Average	5.67×10^{-06}	0:08:19
S.D.	2.9111×10^{-07}	3.06468×10^{-06}

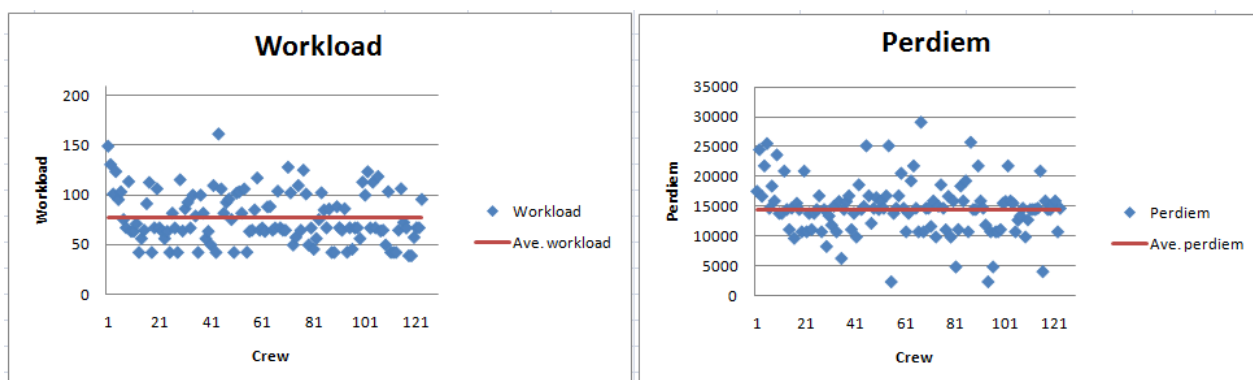


ภาพที่ 4.6 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และชุดข้อมูลที่ 1

ตารางที่ 4.10 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และชุดข้อมูลที่ 2

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	2.34×10^{-06}	0:10:11
2	2.55×10^{-06}	0:10:10
3	2.25×10^{-06}	0:10:10
4	2.29×10^{-06}	0:10:09
5	2.30×10^{-06}	0:10:09
6	2.19×10^{-06}	0:10:10
7	2.58×10^{-06}	0:10:11
8	2.34×10^{-06}	0:10:11
9	2.43×10^{-06}	0:10:09
10	2.36×10^{-06}	0:10:10
Average	2.36×10^{-06}	0:10:10
S.D.	1.2469×10^{-07}	9.56287×10^{-06}



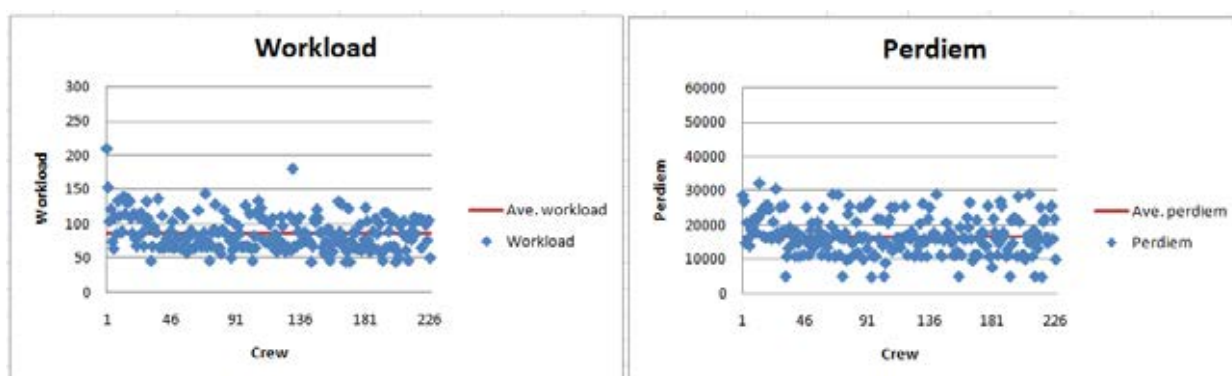
ภาพที่ 4.7 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และ

ชุดข้อมูลที่ 2

ตารางที่ 4.11 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และชุดข้อมูลที่ 3

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	9.80×10^{-07}	0:14:50
2	9.86×10^{-07}	0:14:04
3	9.83×10^{-07}	0:14:17
4	9.74×10^{-07}	0:14:04
5	9.44×10^{-07}	0:14:57
6	1.01×10^{-06}	0:14:11
7	9.59×10^{-07}	0:14:12
8	9.73×10^{-07}	0:14:20
9	9.79×10^{-07}	0:15:08
10	9.63×10^{-07}	0:14:18
Average	9.76×10^{-07}	0:14:26
S.D.	1.87899×10^{-08}	0.000268



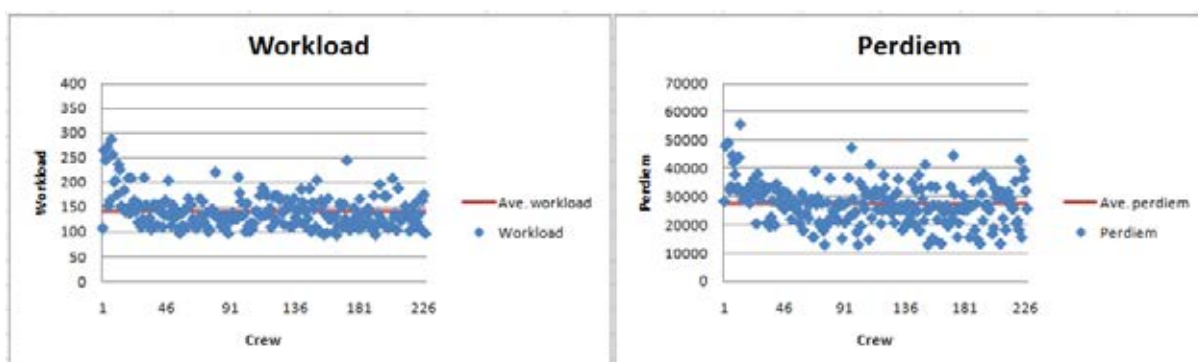
ภาพที่ 4.8 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และ

ชุดข้อมูลที่ 3

ตารางที่ 4.12 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และชุดข้อมูลที่ 4

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	7.01×10^{-07}	0:30:34
2	7.82×10^{-07}	0:31:20
3	7.37×10^{-07}	0:31:12
4	7.43×10^{-07}	0:31:45
5	7.75×10^{-07}	0:30:42
6	6.95×10^{-07}	0:31:07
7	7.22×10^{-07}	0:31:24
8	6.91×10^{-07}	0:30:16
9	7.54×10^{-07}	0:30:34
10	7.39×10^{-07}	0:30:43
Average	7.34×10^{-07}	0:30:58
S.D.	3.18158×10^{-08}	0.000324



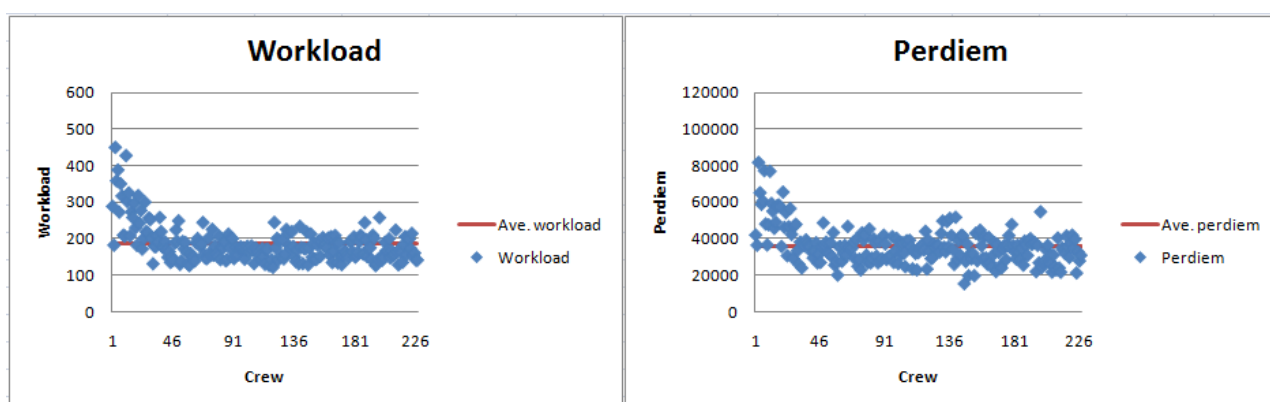
ภาพที่ 4.9 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และ

ชุดข้อมูลที่ 4

ตารางที่ 4.13 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และชุดข้อมูลที่ 5

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	5.55×10^{-07}	1:01:01
2	5.53×10^{-07}	1:02:29
3	5.45×10^{-07}	1:02:45
4	5.50×10^{-07}	1:01:25
5	5.56×10^{-07}	1:02:21
6	5.49×10^{-07}	1:03:01
7	6.10×10^{-07}	1:01:36
8	5.41×10^{-07}	1:02:38
9	5.43×10^{-07}	1:02:14
10	5.49×10^{-07}	1:02:32
Average	5.55×10^{-07}	1:02:20
S.D.	2.00238×10^{-08}	0.000446



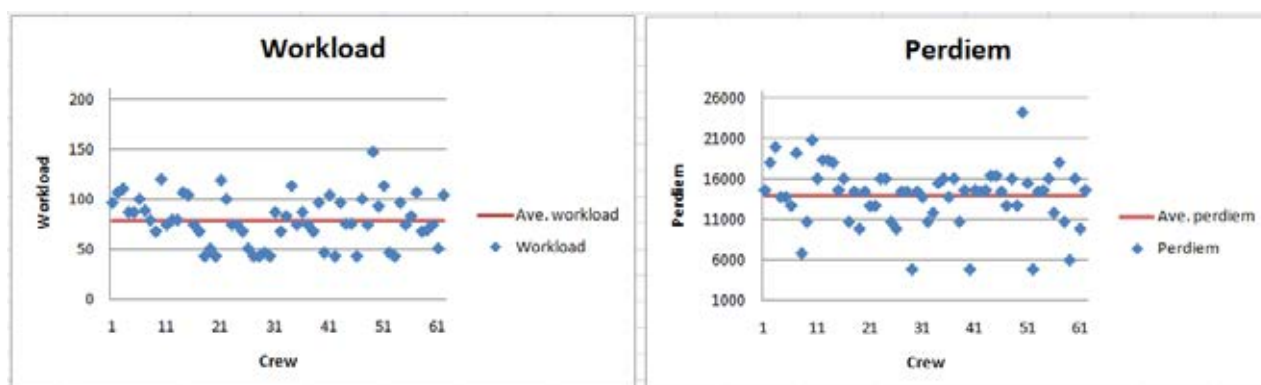
ภาพที่ 4.10 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 และ

ชุดข้อมูลที่ 5

ตารางที่ 4.14 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และชุดข้อมูลที่ 1

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	5.12×10^{-06}	0:08:20
2	4.71×10^{-06}	0:08:21
3	4.81×10^{-06}	0:08:20
4	4.79×10^{-06}	0:08:20
5	5.80×10^{-06}	0:08:20
6	5.71×10^{-06}	0:08:21
7	7.07×10^{-06}	0:08:20
8	4.92×10^{-06}	0:08:20
9	5.32×10^{-06}	0:08:20
10	5.67×10^{-06}	0:08:20
Average	5.39×10^{-06}	0:08:20
S.D.	7.17608×10^{-07}	3.58822×10^{-06}



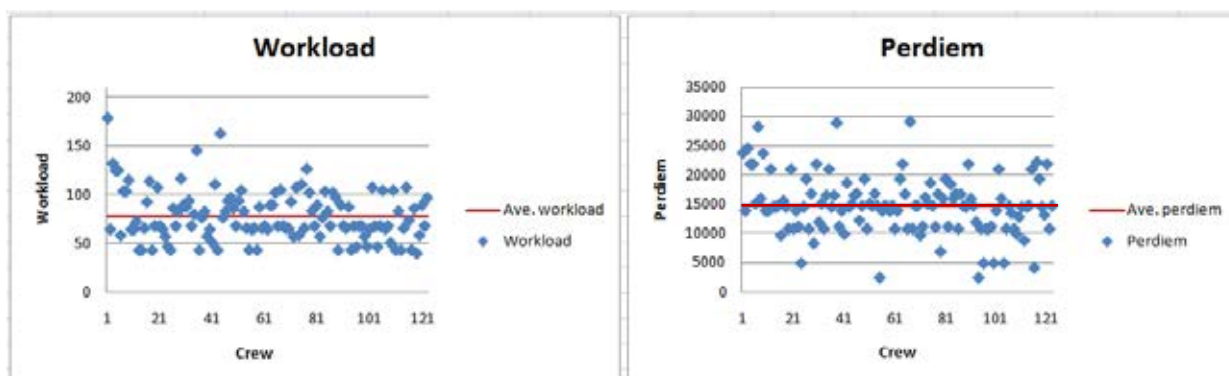
ภาพที่ 4.11 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และ

ชุดข้อมูลที่ 1

ตารางที่ 4.15 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และชุดข้อมูลที่ 2

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาทีก)
1	2.14×10^{-06}	0:10:37
2	2.27×10^{-06}	0:10:35
3	2.20×10^{-06}	0:10:38
4	2.13×10^{-06}	0:10:38
5	2.05×10^{-06}	0:10:36
6	1.90×10^{-06}	0:10:34
7	2.29×10^{-06}	0:10:35
8	2.01×10^{-06}	0:10:34
9	2.21×10^{-06}	0:10:33
10	2.26×10^{-06}	0:10:38
Average	2.15×10^{-06}	0:10:36
S.D.	1.27216×10^{-07}	2.23×10^{-05}



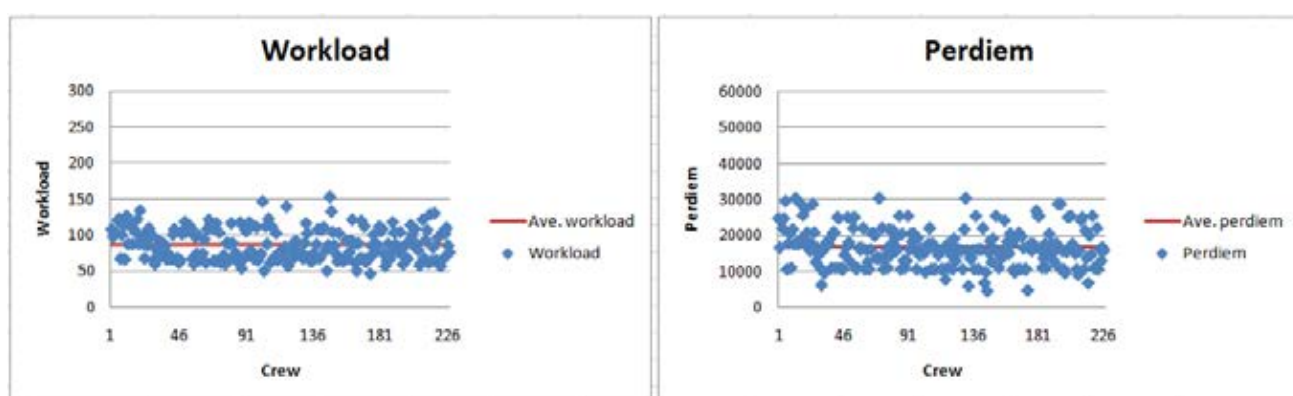
ภาพที่ 4.12 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และ

ชุดข้อมูลที่ 2

ตารางที่ 4.16 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และชุดข้อมูลที่ 3

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	9.95×10^{-07}	0:16:16
2	9.72×10^{-07}	0:15:55
3	9.97×10^{-07}	0:17:30
4	1.02×10^{-06}	0:15:45
5	1.02×10^{-06}	0:16:26
6	1.03×10^{-06}	0:15:43
7	1.04×10^{-06}	0:16:34
8	9.71×10^{-07}	0:17:33
9	1.05×10^{-06}	0:15:01
10	8.75×10^{-07}	0:18:10
Average	9.97×10^{-07}	0:16:29
S.D.	5.05827×10^{-08}	0.000684



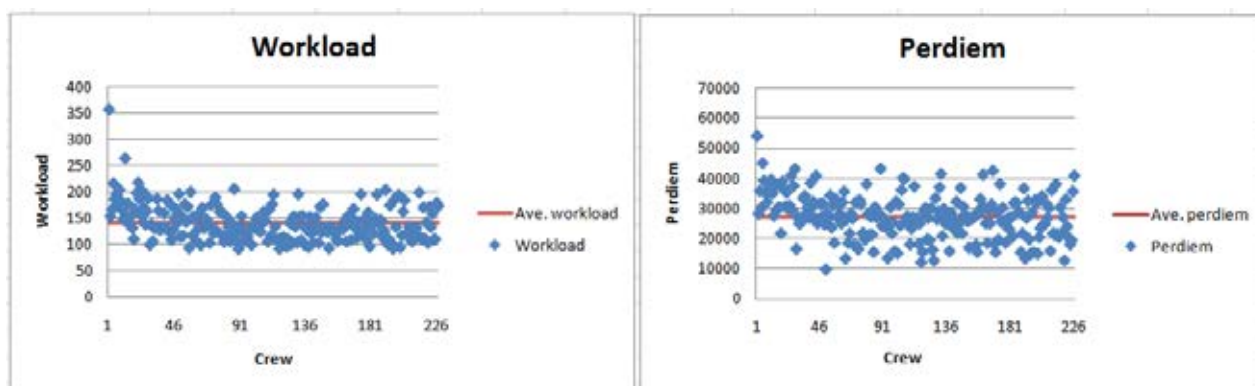
ภาพที่ 4.13 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และ

ชุดข้อมูลที่ 3

ตารางที่ 4.17 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และชุดข้อมูลที่ 4

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	6.91×10^{-07}	0:53:08
2	7.34×10^{-07}	0:42:53
3	7.00×10^{-07}	0:47:50
4	6.84×10^{-07}	1:03:38
5	7.45×10^{-07}	0:58:03
6	7.11×10^{-07}	1:08:25
7	7.29×10^{-07}	0:48:39
8	7.09×10^{-07}	0:47:13
9	7.67×10^{-07}	0:46:12
10	7.25×10^{-07}	0:52:43
Average	7.19×10^{-07}	0:52:52
S.D.	2.56378×10^{-08}	0.005687



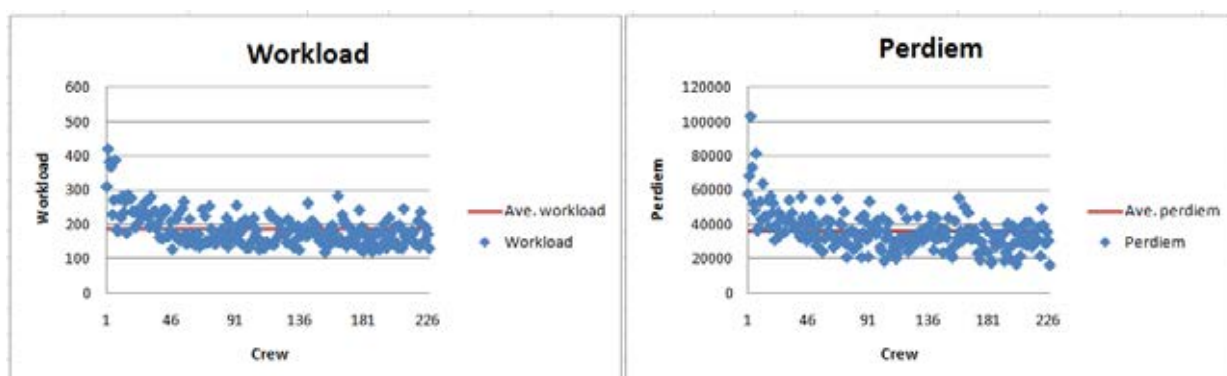
ภาพที่ 4.14 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และ

ชุดข้อมูลที่ 4

ตารางที่ 4.18 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และชุดข้อมูลที่ 5

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 200 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	4.83×10^{-07}	1:23:16
2	5.31×10^{-07}	1:37:12
3	4.83×10^{-07}	1:33:22
4	5.05×10^{-07}	1:11:14
5	5.10×10^{-07}	1:48:37
6	4.99×10^{-07}	1:27:53
7	5.33×10^{-07}	1:38:21
8	5.25×10^{-07}	1:26:41
9	5.79×10^{-07}	1:19:06
10	5.22×10^{-07}	1:24:53
Average	5.17×10^{-07}	1:29:03
S.D.	2.84401×10^{-08}	0.007423488



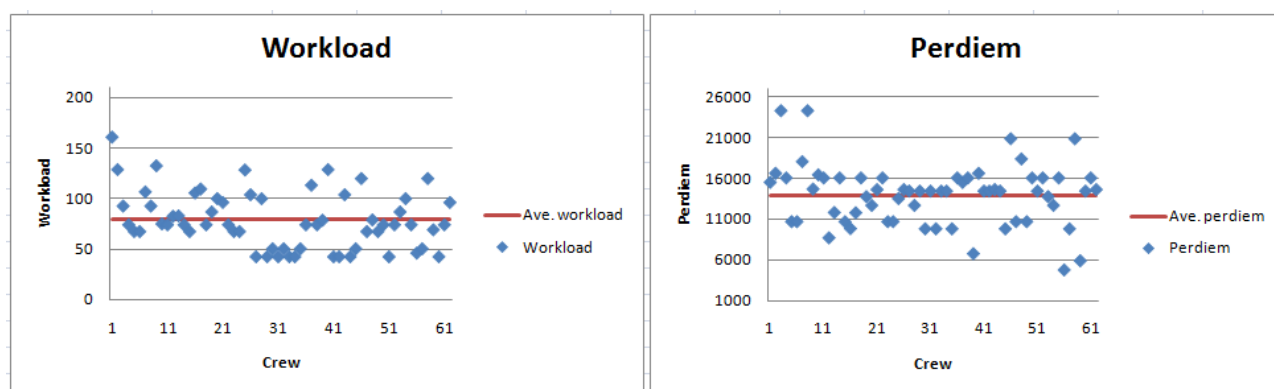
ภาพที่ 4.15 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 3 และ

ชุดข้อมูลที่ 5

ตารางที่ 4.19 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และชุดข้อมูลที่ 1

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 200 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	5.25×10^{-06}	0:05:33
2	5.79×10^{-06}	0:05:33
3	5.36×10^{-06}	0:05:33
4	4.94×10^{-06}	0:05:33
5	4.78×10^{-06}	0:05:33
6	4.87×10^{-06}	0:05:33
7	4.81×10^{-06}	0:05:33
8	4.97×10^{-06}	0:05:33
9	5.70×10^{-06}	0:05:33
10	5.44×10^{-06}	0:05:33
Average	5.19×10^{-06}	0:05:33
S.D.	3.69838×10^{-07}	1.26279×10^{-06}



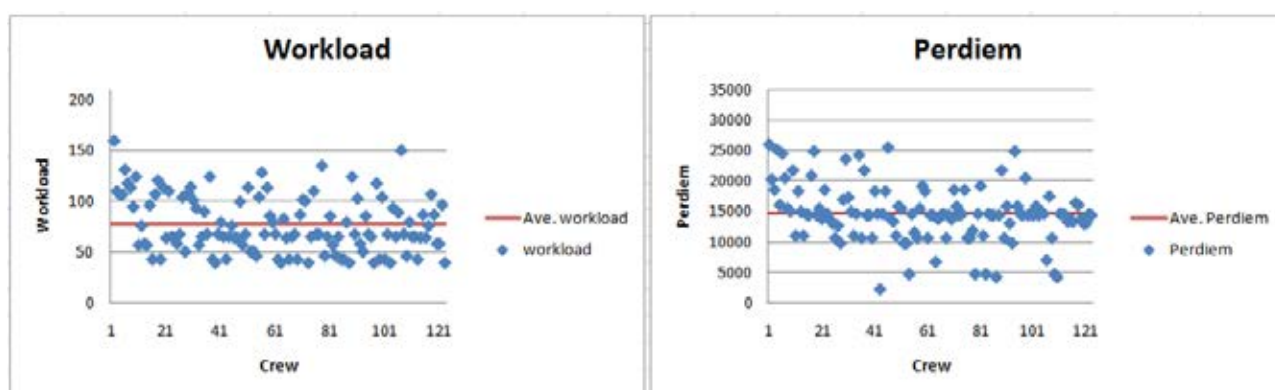
ภาพที่ 4.16 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และ

ชุดข้อมูลที่ 1

ตารางที่ 4.20 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และชุดข้อมูลที่ 2

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	2.19×10^{-06}	0:09:51
2	2.07×10^{-06}	0:09:52
3	2.43×10^{-06}	0:09:53
4	2.08×10^{-06}	0:09:51
5	2.28×10^{-06}	0:09:52
6	2.13×10^{-06}	0:09:51
7	2.42×10^{-06}	0:09:54
8	2.60×10^{-06}	0:09:53
9	2.09×10^{-06}	0:09:49
10	2.31×10^{-06}	0:09:50
Average	2.26×10^{-06}	0:09:52
S.D.	1.79265×10^{-07}	1.7×10^{-05}



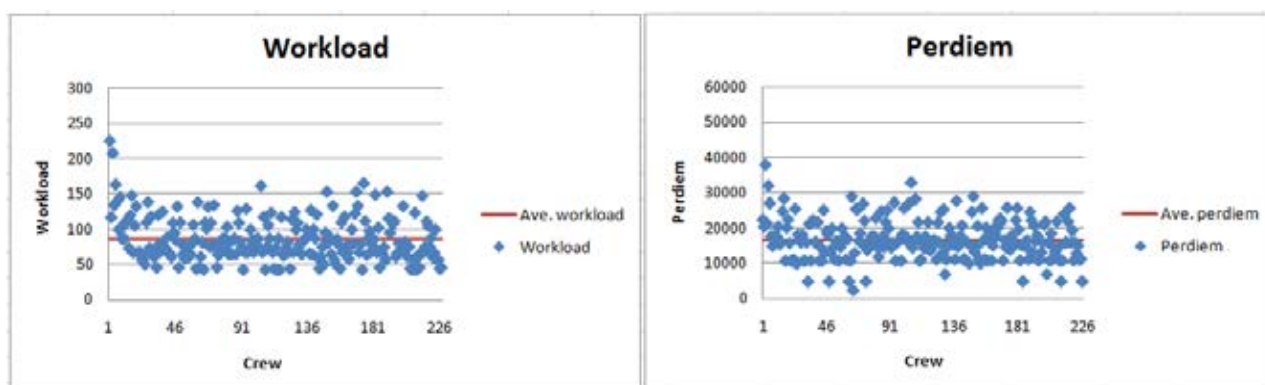
ภาพที่ 4.17 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และ

ชุดข้อมูลที่ 2

ตารางที่ 4.21 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และชุดข้อมูลที่ 3

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	9.57×10^{-07}	0:16:53
2	1.01×10^{-06}	0:13:51
3	9.94×10^{-07}	0:15:43
4	9.44×10^{-07}	0:16:08
5	9.80×10^{-07}	0:17:08
6	9.62×10^{-07}	0:15:25
7	9.42×10^{-07}	0:16:20
8	9.51×10^{-07}	0:15:42
9	9.52×10^{-07}	0:15:47
10	9.29×10^{-07}	0:15:24
Average	9.62×10^{-07}	0:15:50
S.D.	2.50693×10^{-08}	0.000632



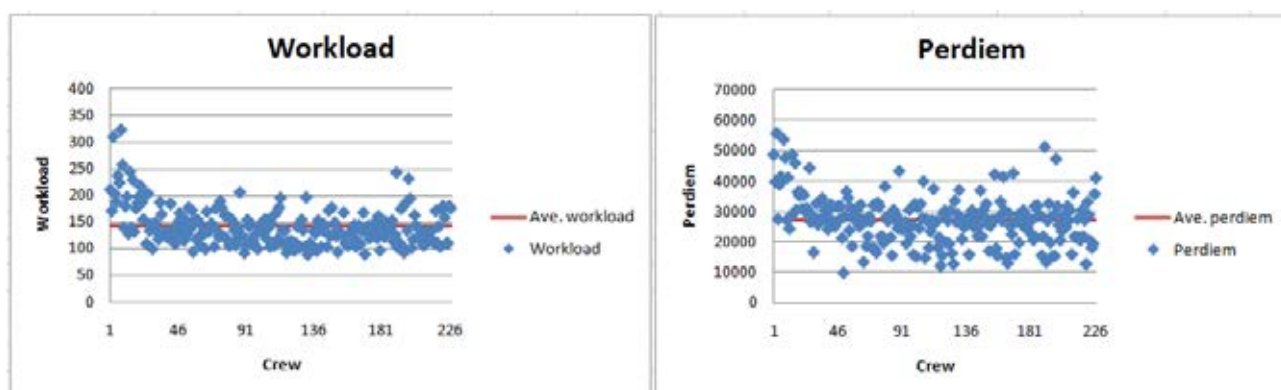
ภาพที่ 4.18 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และ

ชุดข้อมูลที่ 3

ตารางที่ 4.22 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และชุดข้อมูลที่ 4

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	6.77×10^{-07}	0:44:39
2	7.16×10^{-07}	0:46:02
3	6.93×10^{-07}	0:46:09
4	6.63×10^{-07}	0:52:08
5	7.13×10^{-07}	0:47:13
6	6.99×10^{-07}	0:51:11
7	6.88×10^{-07}	0:45:25
8	6.85×10^{-07}	0:46:02
9	7.59×10^{-07}	0:43:50
10	6.84×10^{-07}	0:50:13
Average	6.98×10^{-07}	0:47:17
S.D.	2.6766×10^{-08}	0.001991



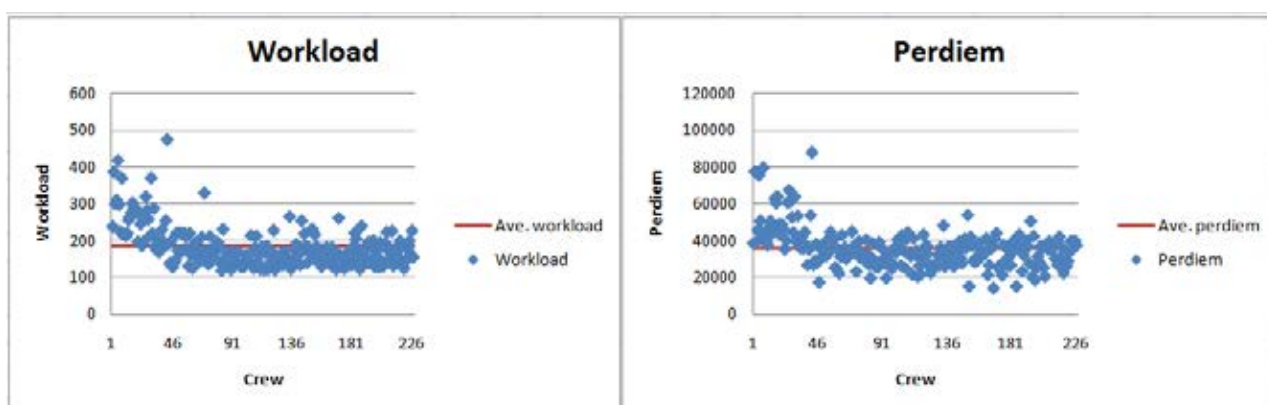
ภาพที่ 4.19 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และ

ชุดข้อมูลที่ 4

ตารางที่ 4.23 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และชุดข้อมูลที่ 5

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	5.16×10^{-07}	1:36:28
2	5.34×10^{-07}	2:10:05
3	5.18×10^{-07}	1:54:05
4	5.51×10^{-07}	2:20:27
5	5.35×10^{-07}	1:56:06
6	5.16×10^{-07}	1:58:30
7	5.51×10^{-07}	2:09:47
8	5.70×10^{-07}	1:55:24
9	5.47×10^{-07}	1:54:47
10	5.42×10^{-07}	2:00:44
Average	5.38×10^{-07}	1:59:38
S.D.	1.7705×10^{-08}	0.008247



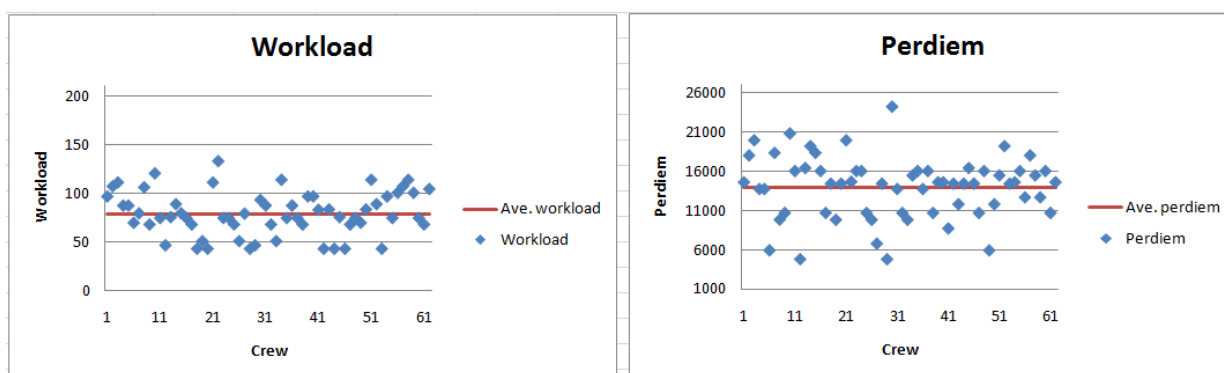
ภาพที่ 4.20 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 4 และ

ชุดข้อมูลที่ 5

ตารางที่ 4.24 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และชุดข้อมูลที่ 1

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	5.68×10^{-06}	0:08:21
2	5.51×10^{-06}	0:08:21
3	5.57×10^{-06}	0:08:20
4	5.03×10^{-06}	0:08:20
5	5.33×10^{-06}	0:08:21
6	5.95×10^{-06}	0:08:21
7	5.22×10^{-06}	0:08:21
8	5.61×10^{-06}	0:08:21
9	5.43×10^{-06}	0:08:20
10	5.91×10^{-06}	0:08:21
Average	5.53×10^{-06}	0:08:20
S.D.	2.89346×10^{-07}	2.95×10^{-06}



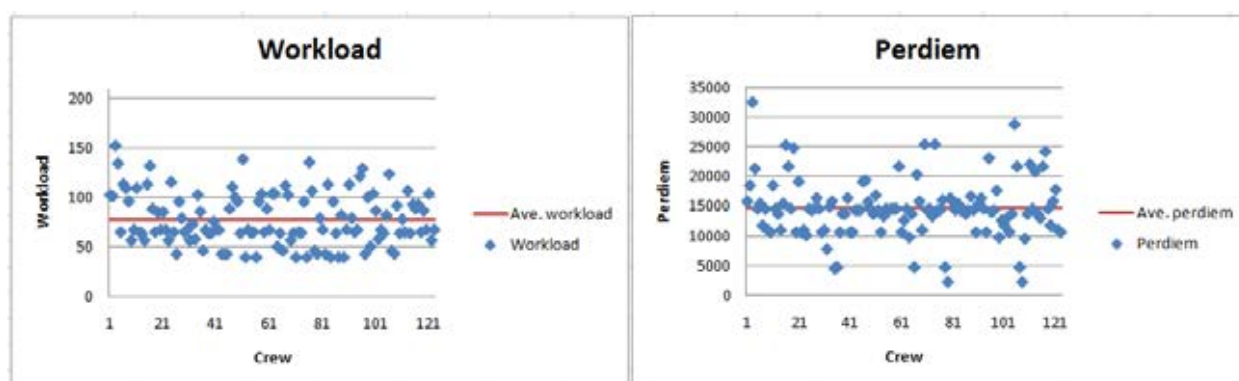
ภาพที่ 4.21 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และ

ชุดข้อมูลที่ 1

ตารางที่ 4.25 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และชุดข้อมูลที่ 2

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	2.29×10^{-06}	0:10:39
2	2.32×10^{-06}	0:10:37
3	2.47×10^{-06}	0:10:38
4	2.23×10^{-06}	0:10:36
5	2.15×10^{-06}	0:10:38
6	2.10×10^{-06}	0:10:36
7	2.44×10^{-06}	0:10:39
8	2.17×10^{-06}	0:10:41
9	2.25×10^{-06}	0:10:35
10	2.46×10^{-06}	0:10:37
Average	2.29×10^{-06}	0:10:38
S.D.	1.34887×10^{-07}	2.03×10^{-05}

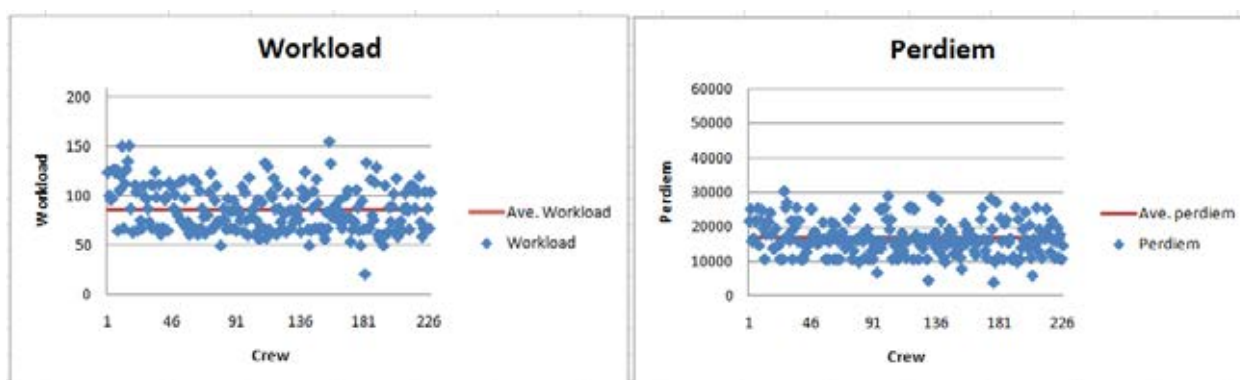


ภาพที่ 4.22 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และชุดข้อมูลที่ 2

ตารางที่ 4.26 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และชุดข้อมูลที่ 3

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	1.00×10^{-06}	0:16:10
2	9.94×10^{-07}	0:15:12
3	1.05×10^{-06}	0:15:11
4	1.03×10^{-06}	0:15:09
5	9.84×10^{-07}	0:14:48
6	1.09×10^{-06}	0:15:49
7	1.05×10^{-06}	0:15:39
8	1.12×10^{-06}	0:14:49
9	1.09×10^{-06}	0:15:49
10	1.03×10^{-06}	0:16:19
Average	1.05×10^{-06}	0:15:29
S.D.	4.46885×10^{-08}	0.000372



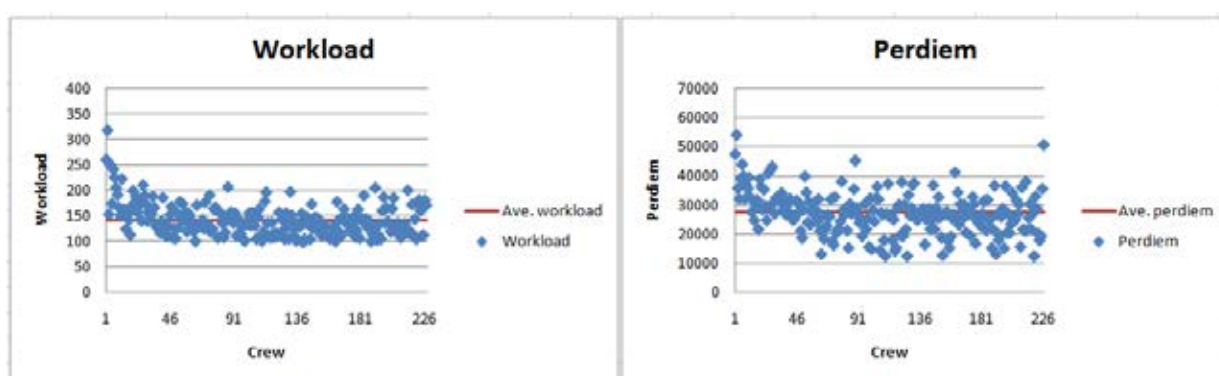
ภาพที่ 4.23 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และ

ชุดข้อมูลที่ 3

ตารางที่ 4.27 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และชุดข้อมูลที่ 4

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	7.54×10^{-07}	0:51:58
2	7.80×10^{-07}	0:48:46
3	7.71×10^{-07}	0:40:51
4	7.63×10^{-07}	0:44:23
5	7.75×10^{-07}	0:35:16
6	6.93×10^{-07}	0:43:12
7	7.44×10^{-07}	0:42:46
8	7.15×10^{-07}	0:44:55
9	8.01×10^{-07}	0:38:58
10	7.62×10^{-07}	0:41:08
Average	7.56×10^{-07}	0:43:13
S.D.	3.16387×10^{-08}	0.003296



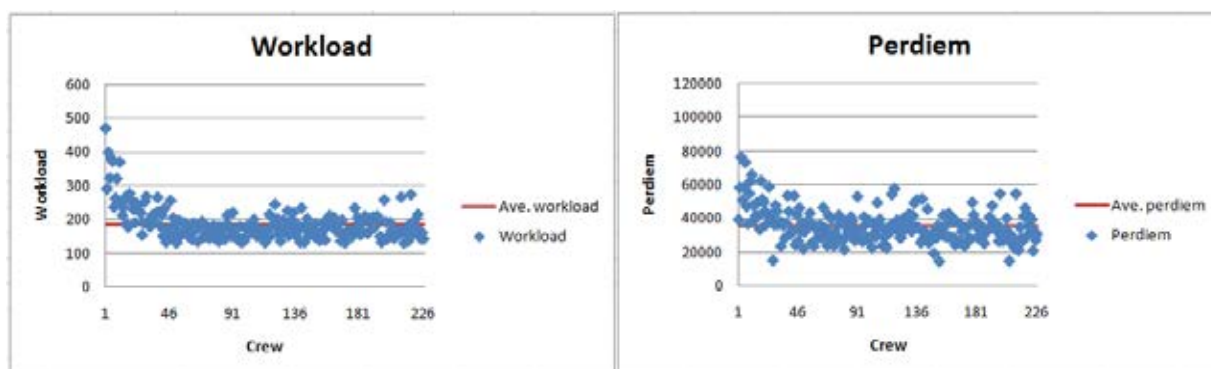
ภาพที่ 4.24 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และ

ชุดข้อมูลที่ 4

ตารางที่ 4.28 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และชุดข้อมูลที่ 5

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	5.32×10^{-07}	1:33:15
2	5.72×10^{-07}	1:46:53
3	5.49×10^{-07}	2:07:36
4	5.80×10^{-07}	1:56:20
5	5.61×10^{-07}	1:56:03
6	5.58×10^{-07}	2:04:17
7	5.95×10^{-07}	1:42:47
8	5.66×10^{-07}	1:50:43
9	5.87×10^{-07}	1:43:04
10	5.34×10^{-07}	1:59:27
Average	5.63×10^{-07}	1:52:02
S.D.	2.11209×10^{-08}	0.007425812



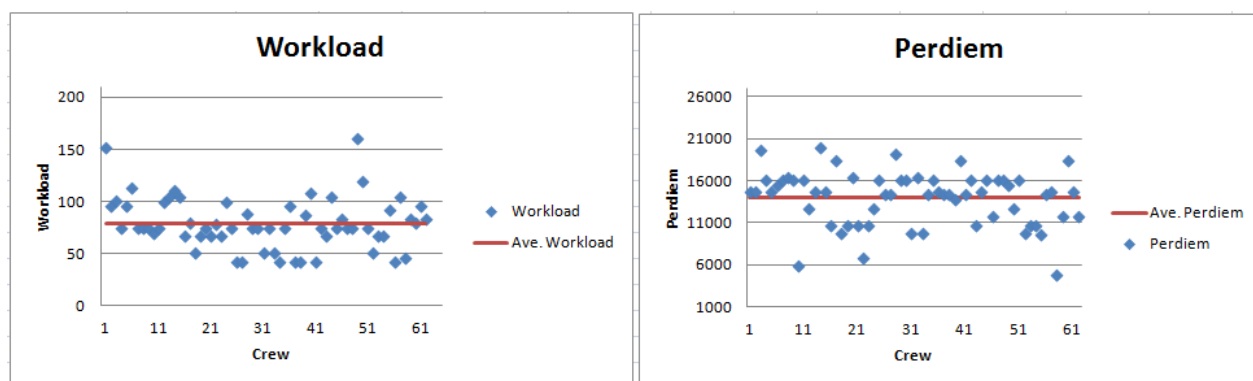
ภาพที่ 4.25 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 5 และ

ชุดข้อมูลที่ 5

ตารางที่ 4.29 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และชุดข้อมูลที่ 1

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	5.11×10^{-06}	0:08:19
2	5.61×10^{-06}	0:08:20
3	6.35×10^{-06}	0:08:19
4	5.38×10^{-06}	0:08:19
5	5.14×10^{-06}	0:08:19
6	5.48×10^{-06}	0:08:20
7	4.91×10^{-06}	0:08:20
8	5.48×10^{-06}	0:08:19
9	5.79×10^{-06}	0:08:19
10	5.81×10^{-06}	0:08:19
Average	5.51×10^{-06}	0:08:19
S.D.	4.18707×10^{-07}	2.09502×10^{-06}



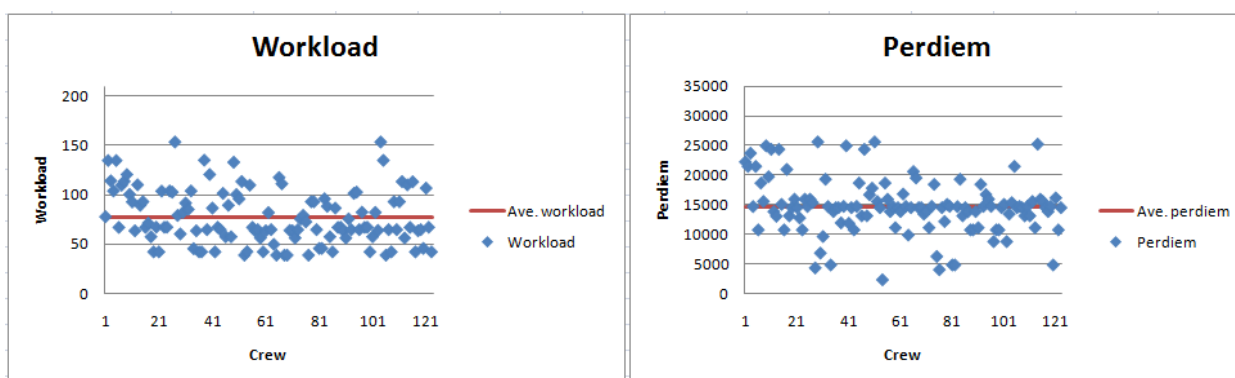
ภาพที่ 4.26 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และ

ชุดข้อมูลที่ 1

ตารางที่ 4.30 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และชุดข้อมูลที่ 2

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	2.57×10^{-06}	0:09:55
2	2.32×10^{-06}	0:09:53
3	2.35×10^{-06}	0:09:51
4	2.45×10^{-06}	0:09:54
5	2.35×10^{-06}	0:09:47
6	2.41×10^{-06}	0:09:50
7	2.42×10^{-06}	0:09:54
8	2.43×10^{-06}	0:09:56
9	2.49×10^{-06}	0:09:50
10	2.27×10^{-06}	0:09:50
Average	2.41×10^{-06}	0:09:52
S.D.	8.69966×10^{-08}	3.37×10^{-05}



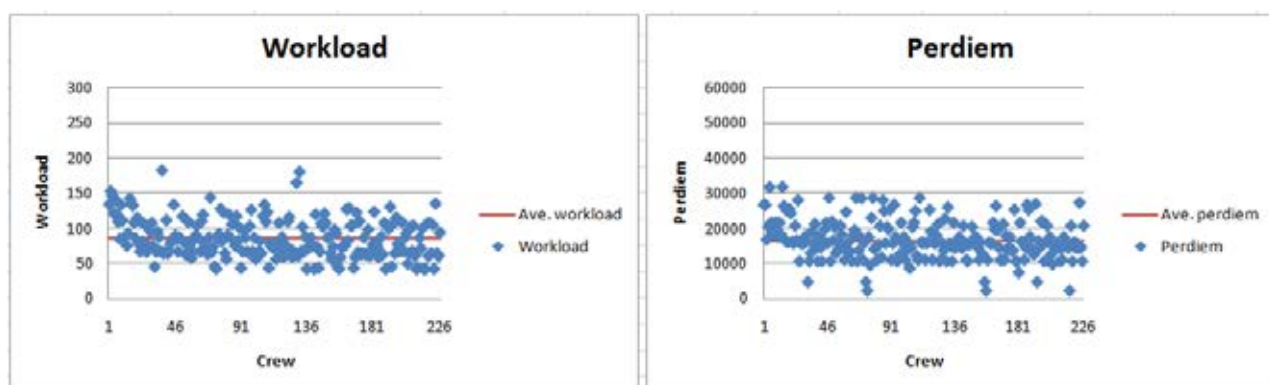
ภาพที่ 4.27 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และ

ชุดข้อมูลที่ 2

ตารางที่ 4.31 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และชุดข้อมูลที่ 3

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาทีก)
1	9.68×10^{-07}	0:15:39
2	9.62×10^{-07}	0:14:42
3	1.02×10^{-06}	0:14:43
4	9.67×10^{-07}	0:14:48
5	9.91×10^{-07}	0:15:55
6	1.03×10^{-06}	0:15:43
7	9.61×10^{-07}	0:15:30
8	9.57×10^{-07}	0:15:37
9	1.03×10^{-06}	0:15:16
10	1.00×10^{-06}	0:15:21
Average	9.89×10^{-07}	0:15:19
S.D.	2.98868×10^{-08}	0.000307



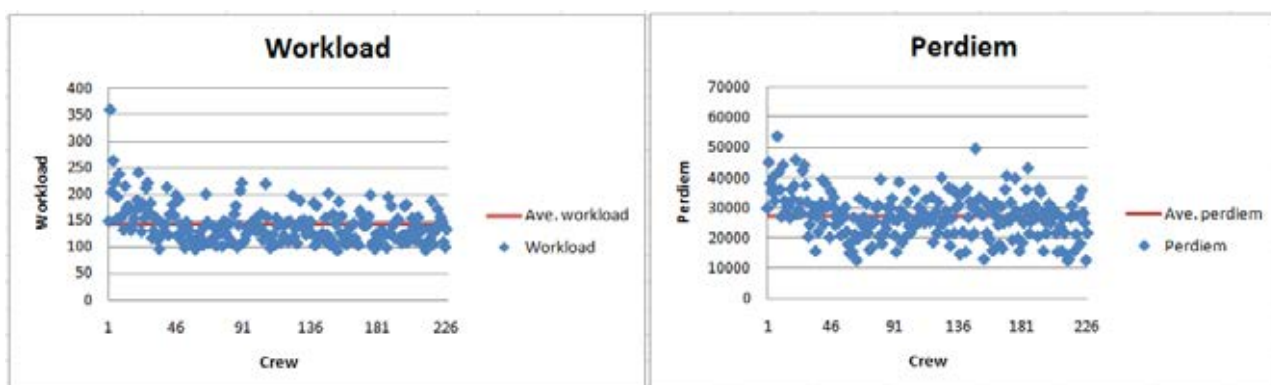
ภาพที่ 4.28 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และ

ชุดข้อมูลที่ 3

ตารางที่ 4.32 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และชุดข้อมูลที่ 4

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	7.74×10^{-07}	0:45:42
2	7.63×10^{-07}	0:44:49
3	6.99×10^{-07}	0:43:15
4	7.50×10^{-07}	0:48:12
5	7.66×10^{-07}	0:39:59
6	7.27×10^{-07}	0:39:26
7	7.18×10^{-07}	0:44:03
8	7.23×10^{-07}	0:52:06
9	7.78×10^{-07}	0:41:46
10	7.65×10^{-07}	0:47:28
Average	7.46×10^{-07}	0:44:41
S.D.	2.73021×10^{-08}	0.002707



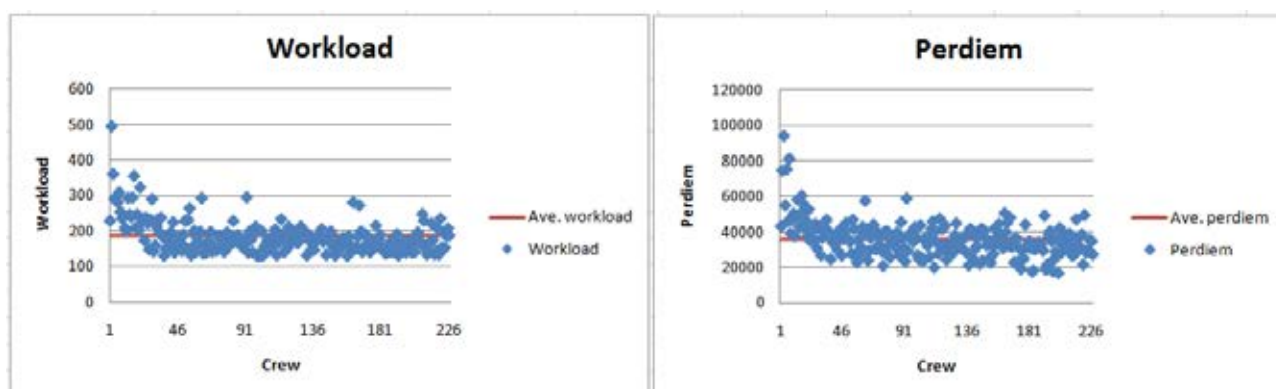
ภาพที่ 4.29 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และ

ชุดข้อมูลที่ 4

ตารางที่ 4.33 ค่าความเหมาะสมและเวลาของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และชุดข้อมูลที่ 5

โดยใช้จำนวนโครโมโซม 300 และจำนวนรุ่น 30

การทดลองซ้ำครั้งที่	Fitness Function	เวลา (นาที)
1	5.68×10^{-07}	1:43:56
2	5.87×10^{-07}	1:47:31
3	5.41×10^{-07}	2:00:18
4	5.68×10^{-07}	1:49:28
5	5.69×10^{-07}	1:45:15
6	5.67×10^{-07}	1:42:39
7	5.66×10^{-07}	1:49:14
8	5.23×10^{-07}	1:46:32
9	6.04×10^{-07}	1:42:19
10	5.44×10^{-07}	1:42:20
Average	5.64×10^{-07}	1:46:57
S.D.	2.29801×10^{-08}	0.00376



ภาพที่ 4.30 ค่าภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 6 และ

ชุดข้อมูลที่ 5

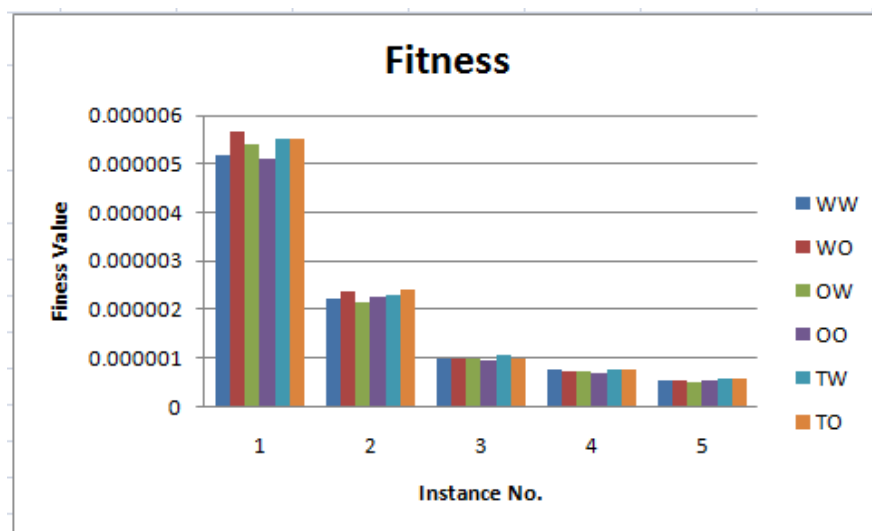
จากกราฟจะเห็นว่าในข้อมูลชุดที่ 1, ข้อมูลชุดที่ 2 และข้อมูลชุดที่ 3 ของทุกแบบของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม กราฟการแบ่งภาระงานและกราฟการแบ่งรายได้ มีการกระจายตัวสม่ำเสมอและความเบี่ยงเบนแคบกว่าของข้อมูลชุดที่ 4 และข้อมูลชุดที่ 5 เนื่องจากข้อมูลชุดที่ 4 และข้อมูลชุดที่ 5 ในช่วงแรกของทั้งสองกราฟมีค่าห่างจากค่าเฉลี่ยมากกว่าข้อมูลชุดที่ 1, ข้อมูลชุดที่ 2 และข้อมูลชุดที่ 3 จากนั้นเรานำค่าความเหมาะสมเฉลี่ยและเวลาเฉลี่ยของแต่ละขั้นตอนวิธีและแต่ละชุดข้อมูลมาเปรียบเทียบกัน ตามตารางที่ 4.34

ตาราง 4.34 ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยและเวลาเฉลี่ยของจำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่นที่ให้คำตอบที่ดีที่สุดของแต่ละแบบของขั้นตอนวิธีและแต่ละชุดข้อมูล

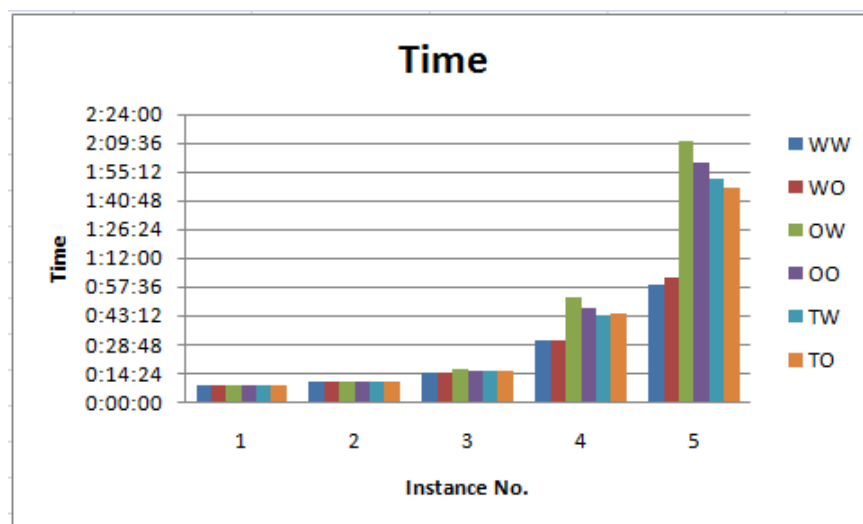
		ขั้นตอนวิธี ทาง พันธุกรรม แบบที่ 1 (WW)	ขั้นตอนวิธี ทาง พันธุกรรม แบบที่ 2 (WO)	ขั้นตอนวิธี ทาง พันธุกรรม แบบที่ 3 (OW)	ขั้นตอนวิธี ทาง พันธุกรรม แบบที่ 4 (OO)	ขั้นตอนวิธี ทาง พันธุกรรม แบบที่ 5 (TW)	ขั้นตอนวิธี ทาง พันธุกรรม แบบที่ 6 (TO)
ข้อมูล ชุดที่ 1	ค่าความ เหมาะสม เฉลี่ย	5.45×10^{-06}	5.67×10^{-06}	5.39×10^{-06}	5.19×10^{-06}	5.53×10^{-06}	5.51×10^{-06}
	เวลา (นาที)	0:05:35	0:08:20	0:08:21	0:05:33	0:08:21	0:08:20
ข้อมูล ชุดที่ 2	ค่าความ เหมาะสม เฉลี่ย	2.24×10^{-06}	2.36×10^{-06}	2.15×10^{-06}	2.26×10^{-06}	2.29×10^{-06}	2.41×10^{-06}
	เวลา (นาที)	0:10:32	0:10:10	0:10:36	0:09:52	0:10:38	0:09:53
ข้อมูล ชุดที่ 3	ค่าความ เหมาะสม เฉลี่ย	1.01×10^{-06}	9.76×10^{-07}	9.97×10^{-07}	9.62×10^{-07}	1.05×10^{-06}	9.89×10^{-07}
	เวลา (นาที)	0:09:35	0:14:27	0:16:30	0:15:51	0:15:30	0:15:20
ข้อมูล ชุดที่ 4	ค่าความ เหมาะสม เฉลี่ย	7.51×10^{-07}	7.34×10^{-07}	7.19×10^{-07}	6.98×10^{-07}	7.56×10^{-07}	7.46×10^{-07}
	เวลา (นาที)	0:30:55	0:30:58	0:52:53	0:47:18	0:43:14	0:44:41
ข้อมูล ชุดที่ 5	ค่าความ เหมาะสม เฉลี่ย	5.5×10^{-07}	5.55×10^{-07}	5.17×10^{-07}	5.38×10^{-07}	5.63×10^{-07}	5.64×10^{-07}
	เวลา (นาที)	0:58:57	1:02:20	1:29:04	1:59:38	1:52:02	1:46:57

ตารางที่ 4.34 แสดงค่าความเหมาะสมเฉลี่ยและเวลาเฉลี่ยของจำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่นที่ดีที่สุดในแต่ละขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมและแต่ละชุดข้อมูล เมื่อนำข้อมูลดังกล่าวมาวาดกราฟจะได้ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของแต่ละแบบและแต่ละชุดข้อมูลแสดงในภาพที่ 4.31 และเวลาที่ใช้ในการคำนวณเฉลี่ยของแต่ละแบบและแต่ละชุดข้อมูลแสดงในภาพที่ 4.32 จะเห็นว่าทุกแบบของขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมสามารถหาค่าความเหมาะสมของแต่ละชุดข้อมูลได้ใกล้เคียงกัน แต่ว่าขั้นตอนวิธีทาง

พันธุกรรมแบบที่ 1 (WW) และขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบที่ 2 (WO) ใช้เวลาในการหาคำตอบน้อยกว่าขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมแบบอื่นๆ โดยจะเห็นได้ชัดเจนในข้อมูลชุดที่ 4 และข้อมูลชุดที่ 5 ซึ่งเป็นข้อมูลชุดใหญ่



ภาพที่ 4.31 ค่าความเหมาะสมเฉลี่ยของแต่ละแบบและแต่ละชุดข้อมูล



ภาพที่ 4.32 เวลาที่ใช้คำนวณเฉลี่ยของแต่ละแบบและแต่ละชุดข้อมูล

บทที่ 5

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

งานวิจัยนี้นำเสนอขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรม ในการแก้ปัญหาการจัดตารางเวรพนักงานสายการบิน วัตถุประสงค์หลักของปัญหาคือ การจัดแบ่งภาระงานและรายได้ของพนักงานแต่ละคนให้มีความเท่าเทียม และทดสอบกับชุดข้อมูลขนาดเล็ก, ขนาดกลาง และขนาดใหญ่ จำนวน 5 ชุดของบริษัทการบินไทย โดยชุดที่ใหญ่ที่สุดมี 780 คู่เที่ยวบิน และพนักงาน 227 คน จากการทดลองเปลี่ยนค่าพารามิเตอร์ซึ่งประกอบด้วยจำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่น และจากการวิเคราะห์ความแปรปรวนพบว่า จำนวนรุ่นมากให้คำตอบที่ดีกว่าด้วยแต่จำนวนโครโมโซมมากไม่จำเป็นต้องให้คำตอบที่ดีกว่าเสมอไป โดยทั่วไปถ้าจำนวนโครโมโซมและจำนวนรุ่นมากขึ้นเวลาในการคำนวณก็จะมากขึ้นด้วย ซึ่งจากผลการทดลองจำนวนโครโมโซมที่เหมาะสมคือ 300 และจำนวนรุ่นที่เหมาะสมคือ 30 อย่างไรก็ตาม เวลาที่ใช้ในการคำนวณจากการทดลอง (6 นาที – 2 ชั่วโมง) ยังอยู่ในวิสัยที่จะนำไปใช้งานจริงได้

นอกจากนี้วิธีทางพันธุกรรมแบบที่มีการสับเปลี่ยนยีนเพื่อความเท่าเทียมของภาระงาน (Workload balancing crossover) มีแนวโน้มที่จะใช้เวลาในการคำนวณน้อยกว่าวิธีทางพันธุกรรมที่มีการสับเปลี่ยนยีนแบบธรรมดา โดยค่าความเหมาะสมที่ได้ไม่ต่างกันมากแต่ความแตกต่างในเรื่องเวลานี้จะเห็นได้ชัดในชุดข้อมูลขนาดใหญ่ ซึ่งผลจากการทดลองกับข้อมูลที่ใหญ่ที่สุดวิธีทางพันธุกรรมที่มีการสับเปลี่ยนยีนเพื่อความเท่าเทียมกันของภาระงานใช้เวลาน้อยกว่าแบบอื่นๆ ประมาณ 50%

รายการอ้างอิง

- [1] D. Levine, "Application of a Hybrid Genetic Algorithm to Airline Crew Scheduling," Computers and Operations Research (1996), 547-558.
- [2] K. Kotecha, G. Sanghani, N. Gambhava, "Genetic Algorithm for Airline Crew Scheduling Problem Using Cost-Based Uniform Crossover," Applied Computing (2004), 84-91.
- [3] N. Souai, J. Teghem, "Genetic algorithm based approach for the integrated airline crew-pairing and rostering problem," European Journal of Operational Research (2009), 674-683.
- [4] H.T. Ozdemir, Chilukuri K.Mohan, "Flight graph based genetic algorithm for crew scheduling in airlines," Information Sciences (2001), 165-173.
- [5] ZHANG Yinghui, RAO Yunbo, ZHOU Mingtian, "GASA Hybrid Algorithm Applied in Airline Crew Rostering System," Tsinghua Science and Technology (2007), 255-259.
- [6] W. EL Moudani, Marc de Coligny and Felix Mora-Camino, "A Bi-Criterion Approach for the Airline Crew Rostering Problem," Computer Science (2001), 486-500.
- [7] Alberto Caprara, Paolo Toth, Daniele Vigo, Matteo Fischetti, "Modeling and Solving the Crew Rostering Problem," Operations Research (1998), 820-830.
- [8] Yufeng Guo, Taieb Mellouli, Leena Suhl, Markus P. Thiel, "A partially integrated airline crew scheduling approach with time-dependent crew capacities and multiple home bases," European Journal of Operational Research (2006), 1169-1181.

- [9] B. Maebhout and Vanhoucke, "A Hybrid Scatter Search Heuristic for Personalized Crew Rostering in the Airline Industry," European Journal of Operational Research (2010), 155-167.
- [10] D. M. Ryan, "The Solution of Massive Generalized Set Partitioning Problems in Aircrew Rostering," The Journal of the Operational Research Society (1992), 459-467.
- [11] Michel Gamache, François Soumis, Gérald Marquis, Jacques Desrosiers, "A Column Generation Approach for Large-Scale Aircrew Rostering Problems," Operations Research (1999), 247-263.
- [12] P. Lucic and D. Teodorovic, "Metaheuristics approach to the aircrew rostering problem," Annals of Operations Research (2007), 311-338.
- [13] Paul R. Day and David M. Ryan, "Flight Attendant Rostering for Short-Haul Airline Operations," Operations Research (1997), 649-661.
- [14] M. Stojkovic, F. Soumis, J. Desrosiers, "The Operational Airline Crew Scheduling Problem," Transportation Science (1998), 232-245.
- [15] Paola Capanera and Giorgio Gallo, "A Multicommodity Flow Approach to the Crew Rostering Problem," Operations Research (2004), 583-596.
- [16] Michael J. Brusco and Larry W. Jacobs, "A Simulated Annealing Approach to the Solution of Flexible Labour Scheduling Problems," The Journal of the Operational Research Society (1993), 1191-1200.
- [17] Tanet Kato, Chawalit Jeenanunta, "Crew Rostering Problem: Case of Thai Domestic Low Cost Airline," The 10th International Conference on Industrial Management, Beijing (Sep 16-18 2010), 480-485.

- [18]Chawalit Jeenanunta, Boonyarit Intiyot, Wariya Puttapatimok, “A Multi-commodity Flow Approach to the Crew Rostering Problem,” The 2nd International Conference on Logistics and Transport, Queenstown, New Zealand (Dec.16-18 2010), 735-742.
- [19]V. Limlawan, B. Kasemsontitum, C. Jeenanunta, “Airline Crew Rostering Problem Using Particle Swarm Optimization,” The 2011 IEEE International Conference on Quality and Reliability, Bangkok, Thailand (Sep 14-17 2011), 501-505.
- [20] Chawalit Jeenanunta, Boontariga Kasemsontitum, Tawinan Noichawee, “A Multi-commodity Flow Approach for the Aircraft Routing and Maintenance Problem,” The 2011 IEEE International Conference on Quality and Reliability, Bangkok, Thailand (Sep 14-17 2011), 150-155.

ภาคผนวก

ภาคผนวก

ในส่วนนี้เราจะกล่าวถึงความหมายและการคำนวณค่าของการวิเคราะห์ความแปรปรวน 2 ทาง การวิเคราะห์ความแปรปรวน 2 ทาง (Two-way Anova) คือ การวิเคราะห์ความแปรปรวนที่มีตัวแปรต้น (ตัวแปรอิสระ, ปัจจัย) 2 ตัว ได้แก่ตัวแปรต้น A และตัวแปรต้น B ว่าส่งผลหรือมีอิทธิพลต่อตัวแปรตาม (ผลการทดลอง) อย่างไร โดยความแปรปรวนที่เกิดขึ้นแบ่งออกเป็น 4 ส่วน ได้แก่

1. ความคลาดเคลื่อน
2. ความแปรปรวนอันเนื่องมาจากตัวแปรต้น A
3. ความแปรปรวนอันเนื่องมาจากตัวแปรต้น B
4. ความแปรปรวนอันเนื่องมาจากตัวแปรต้น A และตัวแปรต้น B

โดยข้อมูลที่จะนำมาวิเคราะห์จะรวบรวมดังตาราง ก-1

ตาราง ก-1 ตัวอย่างการรวบรวมข้อมูลเพื่อนำไปวิเคราะห์ความแปรปรวน 2 ทาง

ตัวแปรต้น A	ตัวแปรต้น B		T	\bar{x}
	1	2		
1	x_{111}	x_{121}	$T_{1..}$	$\bar{x}_{1..}$
	x_{112}	x_{122}		
	x_{113}	x_{123}		
2	x_{211}	x_{221}	$T_{2..}$	$\bar{x}_{2..}$
	x_{212}	x_{222}		
	x_{213}	x_{223}		
T	$T_{.1.}$	$T_{.2.}$	$T_{...}$	
\bar{x}	$\bar{x}_{.1.}$	$\bar{x}_{.2.}$		$\bar{x}_{...}$

จากตาราง ก-1 ตัวแปรต้นทั้ง 2 ตัวมี 2 ระดับ และในแต่ละระดับมี 3 ข้อมูล ซึ่ง T แสดงผลรวม โดย $T_{1..}$ แสดงผลรวมของตัวแปรต้น A ระดับที่ 1, $T_{2..}$ แสดงผลรวมของตัวแปรต้น A ระดับที่ 2, $T_{.1.}$ แสดงผลรวมของตัวแปรต้น B ระดับที่ 1, $T_{.2.}$ แสดงผลรวมของตัวแปรต้น B ระดับที่ 2 และ $T_{...}$ แสดงผลรวมของทุกระดับและทุกข้อมูล และ \bar{x} แสดงค่าเฉลี่ย โดย $\bar{x}_{1..}$ แสดงค่าเฉลี่ยของตัวแปรต้น A ระดับที่ 1, $\bar{x}_{2..}$ แสดงค่าเฉลี่ยของตัวแปรต้น A ระดับที่ 2, $\bar{x}_{.1.}$ แสดงค่าเฉลี่ยของตัวแปรต้น B ระดับที่ 1, $\bar{x}_{.2.}$ แสดงค่าเฉลี่ยของตัวแปรต้น B ระดับที่ 2 และ $\bar{x}_{...}$ แสดงค่าเฉลี่ยของทุกระดับและทุกข้อมูล จากนั้นเราจะนำค่าที่รวบรวมตามตาราง ก-1 ไปคำนวณใส่ในตารางผลการวิเคราะห์ความแปรปรวนแสดงในตาราง ก-2

ตาราง ก-2 ตารางผลวิเคราะห์ความแปรปรวน

แหล่งความแปรปรวน	SS	df	MS	F
ตัวแปรต้น A	SS_A	$r - 1$	$MS_A = \frac{SS_A}{(r - 1)}$	$\frac{MS_A}{MS_e}$
ตัวแปรต้น B	SS_B	$c - 1$	$MS_B = \frac{SS_B}{(c - 1)}$	$\frac{MS_B}{MS_e}$
ผลของปฏิสัมพันธ์ (AxB)	SS_{AB}	$(r - 1)(c - 1)$	$MS_{AB} = \frac{SS_{AB}}{(r - 1)(c - 1)}$	$\frac{MS_{AB}}{MS_e}$
ส่วนที่เหลือ	SS_e	$rc(n - 1)$	$MS_e = \frac{SS_e}{rc(n - 1)}$	
รวม	SS_t	$rcn - 1$		

โดย r แทน จำนวนระดับของตัวแปรต้น A

c แทน จำนวนระดับของตัวแปรต้น B

n แทน จำนวนข้อมูลในระดับ

$$SS_A = \frac{\sum_{i=1}^r T_{i..}^2}{cn} - \frac{T_{...}^2}{rcn}$$

$$SS_B = \frac{\sum_{j=1}^c T_{.j.}^2}{rn} - \frac{T_{...}^2}{rcn}$$

$$SS_{AB} = \frac{\sum_{i=1}^r \sum_{j=1}^c T_{ij.}^2}{n} - \frac{\sum_{i=1}^r T_{i..}^2}{cn} - \frac{\sum_{j=1}^c T_{.j.}^2}{rn} + \frac{T_{...}^2}{rcn}$$

$$SS_t = \sum_{i=1}^r \sum_{j=1}^c \sum_{k=1}^n x_{ijk}^2 - \frac{T_{...}^2}{rcn}$$

$$SS_e = SS_t - SS_A - SS_B - SS_{AB}$$

เราจะนำค่า F ที่คำนวณจากตาราง ก-2 ไปเปรียบเทียบกับค่า F จากตาราง ถ้าค่า $F_{\text{คำนวณ}} < F_{\text{ตาราง}}$ แสดงว่า ในแต่ละระดับของตัวแปรต้นดังกล่าวทำให้ตัวแปรตามแตกต่างกันอย่างไม่มีนัยสำคัญ แต่ ถ้า ค่า $F_{\text{คำนวณ}} \geq F_{\text{ตาราง}}$ แสดงว่า ในแต่ละระดับของตัวแปรต้นดังกล่าวทำให้ตัวแปรตามแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์

ชื่อ	กชพร อ้นสวน
วัน เดือน ปีที่เกิด	26 มีนาคม พ.ศ.2530
สถานที่เกิด	กรุงเทพฯ ประเทศไทย
ประวัติการศึกษา	ปริญญาตรี วิทยาศาสตร์บัณฑิต มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีพระจอมเกล้า พระนครเหนือ พ.ศ. 2551

ผลงานตีพิมพ์

- กชพร อ้นสวน, บุญฤทธิ์ อินทียศ, ขวลิต จินอนันต์, “การดำเนินการเครือข่ายอินเทอร์เน็ตที่ช่วยปรับสมดุลภาระงานในขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมสำหรับการแก้ปัญหาการจัดตารางพนักงานสายการบิน,” IE NetWork Conference 2011 (2011), 35-41.
- กชพร อ้นสวน, บุญฤทธิ์ อินทียศ, ขวลิต จินอนันต์, “การดำเนินการเครือข่ายอินเทอร์เน็ตที่ช่วยปรับสมดุลภาระงานในขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมสำหรับการแก้ปัญหาการจัดตารางพนักงานสายการบิน,” วารสารวิศวกรรมศาสตร์ ราชชมงคลธัญบุรี ปีที่ 10 ฉบับที่ 1 (มกราคม-มิถุนายน 2555).