

ตัววัดค่าความถูกต้องสำหรับการจัดตารางสอบด้วยวิธีการเชิงพันธุกรรม Measuring Accuracy Score for Examination Room Scheduling Using Genetic Algorithm

สันธนะ อู่อุดมยิ่ง^{1*}

Suntana Oudomying¹

¹ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

¹Department of Computer Science, School of Science, King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang

วันที่ส่งบทความ : 1 กันยายน 2565 วันที่แก้ไขบทความ : 17 ตุลาคม 2565 วันที่ตอบรับบทความ : 20 มิถุนายน 2566

Received: 1 September 2022, Revised: 17 October 2022, Accepted: 20 June 2023

บทคัดย่อ

วิธีการเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) เป็นขั้นตอนวิธีที่เหมาะสมกับปัญหาการจัดตารางการใช้ห้อง ขั้นตอนวิธีนี้คำนวณหาผลลัพธ์จากเงื่อนไขของปัญหา ซึ่งเป็นข้อได้เปรียบเหนือกว่าการใช้แบบจำลองการเรียนรู้ของเครื่องแบบที่ไม่สามารถอธิบายที่มาของผลลัพธ์ได้ วิธีการเชิงพันธุกรรมดำเนินการหาลำดับของยีนที่สอดคล้องกับเงื่อนไขเพื่อคำนวณหาความถูกต้อง (Accuracy) ปัญหาปริมาณเวลาที่ต้องใช้ในการประมวลผลเป็นเรื่องของการเข้ารหัสโครโมโซมให้เหมาะกับการคำนวณเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการประมวลผล บทความนี้กล่าวถึงการออกแบบตัววัด เพื่อหาความถูกต้อง และค่าประสิทธิภาพการใช้เวลาของผู้สอบ สำหรับใช้กับปัญหาการจัดตารางสอบการนำเสนอวิชาปัญหาพิเศษของนักศึกษาชั้นปีสุดท้าย ตารางสอบที่ได้ปราศจากความขัดแย้ง กล่าวคือ 没有时间ขัดแย้งของเวลาที่กรรมการต้องดำเนินการตรวจการนำเสนอของนักศึกษา นอกจากนี้ ตารางสอบที่ได้ยังตอบสนองในด้านระยะเวลาที่ใช้ในการดำเนินการสอบ ค่าประสิทธิภาพการใช้เวลาหมายถึงการหาค่าจำนวนวันที่น้อยที่สุดที่ต้องใช้ เพื่อนำไปคำนวณหาขอบเขตบน และล่างของค่าความถูกต้องของตารางสอบ

คำสำคัญ : ค่าฟิตเนส การเข้ารหัสโครโมโซม การจัดตารางการใช้ห้อง การหาค่าที่ดีที่สุดของหลายเงื่อนไข ความขัดแย้งแบบเงื่อนไขหลัก

Abstract

Genetic Algorithm (GA) is a proper algorithm for solving room scheduling problems. Its output generated is conflict-free from constraints, unlike several machine learning algorithms for which constraints cannot be expressed. GA computes accuracy score of gene

*ที่อยู่ติดต่อ E-mail address: suntana.ou@kmitl.ac.th

sequence which comply to the conflict constraints. Its disadvantage on processing time can be remedied by properly encoding chromosome that fits the computation. In this article, the metrics for measuring the accuracy score and committees' effective time usage for seniors' special project examination room scheduling. The output schedule by the algorithm is conflict-free such that each committee can attend the students' presentation with no time-conflict. In particular, the output schedule satisfies the time required for the examination period. Effective time usage is defined as the total number of days required from each committee is minimized. The upper-bound and lower-bound of the schedule accuracy are calculated using the total number of days defined.

Keywords: Fitness score, Chromosome encoding, Room scheduling, Multiple constraints optimization, Hard-constraint conflict

1. บทนำ

การจัดตารางห้องสอบ / ห้องเรียน เป็นกิจกรรมที่ฝ่ายจัดการต้องทำในทุกภาคการศึกษา การจัดตารางการใช้ห้องคือการจัดทรัพยากรขององค์กร ได้แก่ จำนวนห้อง ขนาดของห้อง เวลาของผู้สอน เวลาของผู้เรียน เงื่อนไขปลีกย่อย เช่น ห้องปฏิบัติการเฉพาะทาง ปัญหาการจัดตารางห้องเรียนจัดเป็นปัญหาประเภทการจัดตารางเวลา (Time scheduling) ซึ่งเป็นปัญหาประเภท NP-complete กล่าวคือในมิติของการประมวลผลนั้น เวลาที่ใช้ในการแก้ปัญหาจะแปรผันกับขนาดของปัญหาอย่างมีนัยยะจนอาจไม่สามารถหาคำตอบในระยะเวลาที่เหมาะสมได้ นอกจากนี้ปัญหาการจัดตารางห้องเรียนอาจไม่สามารถหาทางแก้ปัญหาได้ภายใต้เงื่อนไขของตัวปัญหาเอง ปัญหาการจัดตารางเวลาพบในหลายโดเมนของปัญหา เช่น การจัดตารางทรัพยากรบุคคล การจัดตารางการแข่งขัน การจัดตารางการเดินทาง เป็นต้น

วิธีการเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm: GA) เป็นวิธีการที่เหมาะสมในการค้นหาคำตอบสำหรับปัญหาที่มีจำนวนเงื่อนไขเป็นจำนวนมาก โดยหลักการวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตตามธรรมชาติ กล่าวคือ การดำเนินการทางพันธุกรรม อันประกอบด้วย การสลับสายพันธุ์หรือการครอสโอเวอร์ การกลายพันธุ์ (Mutation) และการแทนที่ จะเกิดขึ้นเรื่อย ๆ เพื่อให้สิ่งมีชีวิตนั้นปรับตัวเข้ากับเงื่อนไขภายนอก และสามารถดำรงพันธุ์อยู่ได้ การนำขั้นตอนวิธีนี้มาแก้ปัญหาคือการแทนสถานะจริงของปัญหาให้อยู่ในรูปแบบของโครโมโซม (Chromosome) ซึ่งสถานะหนึ่งที่สามารถวัดค่าฟิตเนสของโครโมโซม เพื่อเปรียบเทียบว่าโครโมโซมสถานะใด เป็นคำตอบของปัญหาที่ดีกว่ากัน นำไปสู่การหาค้นหาโครโมโซมคำตอบท่ามกลางโครโมโซมที่เป็นไปได้ กล่าวอีกนัยหนึ่งคือ โครโมโซมคือคำตอบที่ถูกทดสอบโดยฟังก์ชันวัดค่าฟิตเนส ตามหลักวิวัฒนาการนั้นโครโมโซมเปลี่ยนแปลงไปตามการดำเนินการทางพันธุกรรม เพื่อให้เกิดโครโมโซมที่เหมาะสมกับเงื่อนไข และให้ค่าฟิตเนสที่สูงขึ้น ทั้งนี้เพื่อให้การวิวัฒนาการของโครโมโซมมีแนวโน้มไปในทางที่ให้ค่าฟิตเนสที่สูงขึ้น วิธีการเชิงพันธุกรรมแทนที่ประชากรโครโมโซมที่ให้ค่าฟิตเนสต่ำ บางส่วน เพื่อเป็นประชากรสำหรับการวิวัฒนาการในรอบถัดไป

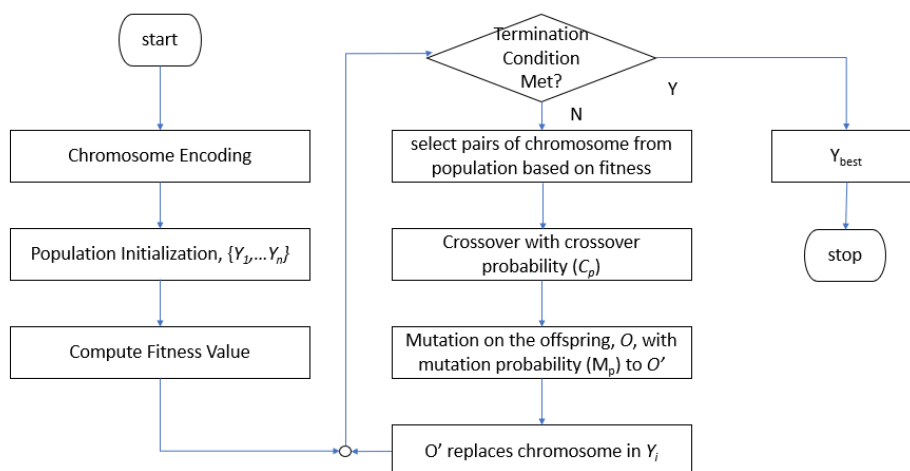
ผู้วิจัยได้นำวิธีการเชิงพันธุกรรมมาประยุกต์กับปัญหาการจัดห้องสอบรายวิชาปัญหาพิเศษของภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ โดยกำหนดเงื่อนไขหลัก ได้แก่ รายชื่อกรรมการสอบของแต่ละรายการต้องไม่ซ้ำในมิติของเวลา เนื่องจากหากซ้ำจะแสดงถึงความขัดแย้งกับการนำผลลัพธ์ไปใช้จริง ทั้งนี้ตารางการใช้ห้องสอบที่ผ่านเงื่อนไขหลักยังคงควรได้รับการพิจารณาต่อว่าใครโมโซมใดเป็นประโยชน์ต่อการนำไปใช้มากที่สุด ดังนั้นจึงเสนอตัววัดเงื่อนไขรองเป็นจำนวนวันรวมของคณาจารย์ผู้สอบให้น้อยที่สุด กล่าวคือวัดที่ประสิทธิภาพการใช้ทรัพยากรเวลาของคณาจารย์ผู้สอบให้เป็นตารางที่มีประสิทธิภาพที่สุด ขั้นตอนวิธีนี้สามารถนำไปประยุกต์ใช้งานจริง เพื่อลดภาระการจัดห้อง และสามารถจัดการการใช้ห้องได้อย่างมีประสิทธิภาพที่สุด

2. วิธีการดำเนินงานวิจัย

ในส่วนนี้ผู้วิจัยนำเสนอภาพรวมของวิธีการเชิงพันธุกรรม และการประยุกต์กับปัญหาการจัดตารางห้องสอบ

2.1 การดำเนินงานทางวิธีการเชิงพันธุกรรม

วิธีการเชิงพันธุกรรมเป็นการค้นหาคำตอบจากพื้นที่ของคำตอบที่เป็นไปได้ (Search space) ของค่าที่ดีที่สุดหรือค่าที่เกือบดีที่สุด กล่าวคือสามารถหยุดการประมวลผลได้หากพอใจกับค่าที่ได้นั้น วิธีการนี้เลียนแบบการวิวัฒนาการของธรรมชาติ กล่าวคือยีน (Gene) ในโครโมโซม จะเปลี่ยนไปผ่านกลไกสองกลไก ได้แก่ การสลับสายพันธุ และการกลายพันธุ์ ของยีนในโครโมโซม เพื่อให้สอดคล้องกับสภาพแวดล้อม ขั้นตอนที่สำคัญของการแก้ปัญหาด้วยวิธีการเชิงพันธุกรรมคือการสังเคราะห์พารามิเตอร์ของปัญหาในรูปแบบของโครโมโซมในธรรมชาติ และปล่อยให้เกิดกระบวนการวิวัฒนาการที่ให้โครโมโซมที่ดีที่สุดซึ่งเป็นผลลัพธ์สำหรับปัญหาที่ต้องการแก้ กล่าวโดยรวมวิธีการเชิงพันธุกรรมใช้สำหรับการเพิ่มประสิทธิภาพ (Optimization) การหาค่าพารามิเตอร์ของปัญหาที่ให้ผลลัพธ์ที่ดีที่สุด

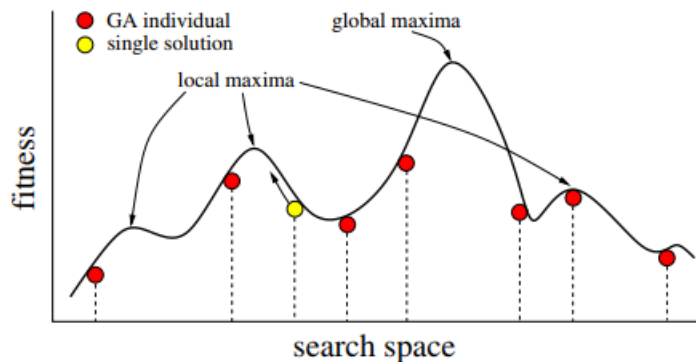


รูปที่ 1. ขั้นตอนการทำงานของงานดำเนินการดำเนินการทางวิธีการเชิงพันธุกรรม

ในการแก้ปัญหาด้วยเทคนิคการดำเนินงานทางพันธุกรรม แสดงในรูปที่ 1 โดยอ้างอิงสัญลักษณ์จาก [1] เริ่มต้นจากการกำหนดพารามิเตอร์ให้เป็นประชากรโครโมโซมตามจำนวนประชากร (Num_{pop}) ที่พอเหมาะ ดังนั้นความยาวของโครโมโซมคือจำนวนพารามิเตอร์ของปัญหา โดยประชากรเริ่มต้นนี้สามารถสังเคราะห์ได้จากการสุ่มค่าของพารามิเตอร์ (ยีน)

จากนั้นการวิวัฒนาการจะดำเนินไปจนกว่าเงื่อนไขการจบการประมวลผลเป็นจริง เช่น ได้ค่าฟิตเนสตามต้องการ หรือค่าความต่างของการพัฒนาการ (Delta Improvement) เปลี่ยนแปลงอย่างไม่มีนัยยะ หรือจำนวนรอบของการวิวัฒนาการ (Iterations) ในกรณีที่ไม่ต้องการให้การวิวัฒนาการใช้เวลาการประมวลผลนานเกินไป โดยในแต่ละรอบจะเลือกโครโมโซม (Y) จำนวน k คู่ มาดำเนินการสุ่มสลับสายพันธุ์ (C_p) และสุ่มกลายพันธุ์ (M_p) โดยโครโมโซมใหม่ (O) ที่ได้จากการสุ่มสลับตำแหน่งยีนจากพ่อและแม่ และเป็น (O') จากการสุ่มจำนวนยีนที่เกิดการกลายพันธุ์ ดังนั้นลำดับของยีนใหม่ใน O' มีความน่าจะเป็นที่จะได้ยีนที่ดีจากพ่อและแม่ และให้ค่าฟิตเนสที่ดีขึ้น แล้วนำโครโมโซมนั้นไปแทนประชากรที่ให้ค่าฟิตเนสที่ต่ำ เพื่อรักษาจำนวนประชากรสำหรับการประมวลผล ทั้งนี้สังเกตว่าการดำเนินการทางพันธุกรรมเองมีพารามิเตอร์ที่เกี่ยวข้องในแต่ละขั้นตอน

ตัวดำเนินการที่อิงกับแบบจำลองทางคณิตศาสตร์และสถิติแต่ละชนิด ต่างมีพารามิเตอร์ เช่น Alpha สำหรับการสลับสายพันธุ์ Beta สำหรับการเลือกโครโมโซมที่จะนำมาทำการสลับสายพันธุ์ Delta และ Epsilon หรือ S.D, Variance และ Mu สำหรับการกลายพันธุ์ หรือแม้แต่ Sigma สำหรับการปรับอัตราการเรียนรู้ สามารถอ้างอิงได้จาก [1] ตัวอย่างสายงานที่ประยุกต์ใช้วิธีการเชิงพันธุกรรมเช่น การจัดตารางงาน [2] การจัดตารางขนส่ง [3] การจัดตารางการแข่งขันกีฬา [4] และการจัดตารางด้านการศึกษา [5]-[7] เป็นต้น



รูปที่ 2. ตัวอย่างการพัฒนาของค่าฟิตเนสผ่านการดำเนินงานด้วยวิธีทางพันธุกรรม [8]

ดังที่กล่าวไปแล้วว่าการดำเนินงานทางวิธีการเชิงพันธุกรรมคือการหาคำตอบที่เป็นที่พอใจ รูปที่ 2 แสดงตัวอย่างของการหาพารามิเตอร์ของคำตอบนั้นใน 2 มิติ [8] กล่าวคือในกรณีที่มีพารามิเตอร์เป็นจำนวนมากและค่าที่ต้องการหาอาจอยู่ในที่หุบ (Valley) ไตของพื้นที่ก็ได้ กระบวนการของวิธีการเชิงพันธุกรรมที่ความแตกต่างของแต่ละโครโมโซมของประชากรเปรียบเสมือนการกระจายการหาคำตอบที่สอดคล้องกับเงื่อนไขกระจายตามพื้นที่ต่างๆ แทนการหาคำตอบจากพื้นที่ของคำตอบที่เป็นไปได้

การวัดค่าฟิตเนสของโครโมโซมแต่ละตัวแทนการสร้างประชากรแทนจำนวนที่เป็นไปได้ทั้งหมด สามารถพบคำตอบที่เป็นที่พึงพอใจที่ใช้เวลาในการประมวลผลที่เหมาะสม

กลุ่มหลักของขั้นตอนวิธีสำหรับแก้ปัญหาการจัดตารางสอบได้แก่ Meta-heuristic algorithms โดยในกลุ่มย่อย Single-solution based meta-heuristics เช่น การจำลองการอบเหนียว (Simulated Annealing) ที่ได้รับการปรับปรุงเพื่อก้าวพ้นจาก Local optima ในกลุ่มของย่อยของ Population-based meta-heuristics ใช้ประชากรที่หลากหลายเพื่อไม่ติดกับดัก Local search ในกลุ่มย่อยนี้มีทั้ง GA และความฉลาดแบบกลุ่ม (Swarm intelligence algorithm) ทั้งนี้ GA มีความได้เปรียบที่สามารถสร้างโมเดลเพื่อหาผลลัพธ์ได้เร็วกว่า Swarm intelligence algorithm เพราะซับซ้อนน้อยกว่ามาก ทั้งนี้ Almeida และคณะ [9] นำเสนอการจัดตารางห้องเรียน ด้วย GA โดยใช้จำนวนความขัดแย้งหลักในแต่ละโครโมโซม โดยไม่ได้กล่าวถึงการนำความขัดแย้งรองมาวัดประสิทธิภาพของผลลัพธ์ Raghavjee และ Pillay [10] นำเสนอการจัดตารางห้องเรียน โดยแบ่งการประมวลผลเป็น 2 ชั้น คือ โครโมโซมที่ปราศจากความขัดแย้งหลักจากชั้นแรก จะถูกประมวลผลกับ GA ชั้นที่สอง เพื่อลดความขัดแย้งรองเช่นการตอบสนองความต้องการของชั้นเรียนที่ควรสอนในเวลาเดียวกัน Sutar และ Bichkar [11] นำเสนอการลดเวลาในการประมวลผลของ GA สำหรับการจัดห้องเรียน ด้วยการพัฒนาขั้นตอนวิธีของ GA เช่น การสลับสายพันธุ์ที่วัดค่าความขัดแย้งระหว่างการทำขั้นตอนนี้เพื่อพยายามให้ผลการสลับยีนสร้างประชากรรุ่นลูกมีค่าความขัดแย้งลดลงและการกำหนดการกลายพันธุ์ ด้วยการพยายามสุ่มเพื่อปรับค่ายีน ณ ตำแหน่งที่เกิดข้อขัดแย้งเพื่อหวังจะลดข้อขัดแย้งหลัก

ขั้นตอนวิธีของ GA ยังมีข้อดีเมื่อเปรียบเทียบกับการเรียนรู้โดยมีผู้สอน เนื่องจากไม่ต้องใช้ Training set แต่หาผลลัพธ์จากข้อมูลชุดนั้น ๆ ได้เลย อีกทั้งการใช้การเรียนรู้โดยมีผู้สอนเพื่อปรับปรุงจากตารางสอบเก่าจะติดเงื่อนไขข้อกรรมการแต่ละกลุ่มที่เปลี่ยนไปทำให้ไม่สามารถใช้ตารางสอบเก่าสำหรับการฝึกได้

ขั้นตอนวิธีอื่นเช่น Budiono และ Wong [12] ใช้เทคนิค Graph Coloring เพื่อจัดข้อขัดแย้งการใช้ห้องเรียน แล้วจึงสลับกิ่งเพื่อปรับปรุงความเหมาะสม Avella และคณะ [13] ใช้เทคนิค Mixed integer programming สร้างแบบจำลองเพื่อหาค่าที่ดีที่สุดในการจัดตารางการใช้ห้องเรียน Habashi และคณะ [14] ต่อยอดจากขั้นตอนวิธี Hyper-Heuristic with Add Delete Lists (HHADL) ที่จัดอยู่ในกลุ่ม Hyper-heuristics ซึ่งเป็นเทคนิคที่ใช้การเลือกเกณฑ์แบบศึกษาสำนึกโดยอัตโนมัติ Sze [15] ใช้วิธีการจัดกลุ่มโดยจัดรายชื่อวิชาที่เปิดสอนเป็นกลุ่ม แล้วนำไปจัดกลุ่มกับห้องเรียนต่าง ๆ ในเวลาเดียวกันซึ่งขนานกันอยู่ โดยวัดค่าจากอัตราการใช้ห้อง

2.2 การจัดตารางสอบ

2.2.1 ความหมายของการจัดตารางสอบ

การจัดตารางสอบคือการนำหัวข้อโครงงานปัญหาพิเศษแต่ละกลุ่ม พร้อมชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา และกรรมการสอบ มาสร้างเรียงเพื่อหาห้องและเวลาที่มีประสิทธิภาพที่สุด พารามิเตอร์อื่นที่เกี่ยวข้องได้แก่ ห้อง (ขนาด) และช่วงเวลา

2.2.2 เงื่อนไขของปัญหาการจัดตารางสอบ

การวัดค่าฟิตเนสของการดำเนินงานทางพันธุกรรมสามารถคำนวณจาก เงื่อนไขหลัก / เงื่อนไขบังคับ ($Constraint_{hard}$) และเงื่อนไขรอง / เงื่อนไขผ่อนปรน ($Constraint_{soft}$) ที่กำหนดขึ้น โดยเงื่อนไขหลัก คือ เงื่อนไขพื้นฐานที่ไม่สามารถละเมิดได้ หากยอมให้มีการละเมิดอาจหมายถึงปัญหานั้นไม่มีคำตอบแบบที่ไม่ต้องละเมิด และยอมรับคำตอบนั้นว่าเป็นคำตอบที่ดีที่สุด ส่วนเงื่อนไขรอง คือ เงื่อนไขที่สามารถละเมิดได้ โดยไม่ส่งผลกระทบต่อประสิทธิภาพของคำตอบ แต่จะช่วยในการเลือกคำตอบจากคำตอบที่มีประสิทธิภาพเท่า ๆ กันจากเงื่อนไขหลัก การผิดเงื่อนไขหลักมากกว่ายอมส่งผลต่อค่าฟิตเนสที่คำนวณได้ที่ต่ำกว่า

ในกรณีที่ในความเป็นจริงไม่มีโครโมโซมที่ไร้ความขัดแย้งหลัก ควรสร้างเป็นขั้นตอนวิธีแยกออกเป็น การประมวลผลก่อน (Preprocessing) เพื่อไม่ให้เสียทรัพยากรในการวิวัฒนาการเพื่อหาโครโมโซมที่นำไปใช้ได้ ทั้งนี้สถานการณ์ที่จำนวนห้องไม่พอย่อมเป็นกรณีที่มีความเป็นไปได้ต่ำมาก เนื่องจากวัตถุประสงค์ของการจัดตารางการใช้ห้องมักเกิดเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพจากสถานการณ์จริงที่มีการใช้ห้องอยู่แล้ว

2.2.3 พารามิเตอร์สำหรับปัญหาการจัดห้องสอบรายวิชาปัญหาพิเศษ

ประกอบด้วยพารามิเตอร์ที่เป็นปัจจัยคงที่และปัจจัยที่กำหนดขึ้น ปัจจัยคงที่ได้แก่ข้อมูลคณาจารย์ โดยอาจารย์ไม่สามารถสอบ 2 ห้องได้ในวัน-เวลาเดียวกัน ส่วนปัจจัยที่กำหนดขึ้นได้แก่ วัน (จำนวนวัน) ห้องสอบ (จำนวนห้อง) และเวลาที่ใช้ห้อง (จำนวนช่วงเวลา)

รหัส	ชื่อปัญหาพิเศษ	อาจารย์ที่ ปรึกษา	ประธาน กรรมการ	กรรมการ	วัน	เวลา	ห้อง
1	Ta	I1	I2	I3	Dx _{ijk}	Tx _{ijk}	Rx _{ijk}
2	Tb	I2	I5	I1	Dx _{ijk}	Tx _{ijk}	Rx _{ijk}
3	Tc	I3	I6	I4	Dx _{ijk}	Tx _{ijk}	Rx _{ijk}
...							
n	Tn	I2	I7	I6	Dx _{ijk}	Tx _{ijk}	Rx _{ijk}

รูปที่ 3. ตัวอย่างของข้อมูลที่นำไปสร้างเป็นโครโมโซม

รูปที่ 3 แสดงข้อมูลที่ต้องจัดห้องและเวลาสำหรับการสอบวิชาปัญหาพิเศษ โดยเงื่อนไขหลักของขั้นตอนวิธีการดำเนินงานทางวิธีการเชิงพันธุกรรมของปัญหานี้คือ อาจารย์ j ไม่สามารถทำการสอบพร้อมกัน (วัน เวลา) ขั้นตอนวิธีจะจัด อาจารย์ที่ปรึกษา-ประธานกรรมการ-กรรมการ คู่กับ วัน-เวลา-ห้อง ที่ให้ค่าของเงื่อนไขรองที่น้อยที่สุด

ตารางที่ 1. สรุปพารามิเตอร์พื้นฐานสำหรับการดำเนินงานทางวิธีการเชิงพันธุกรรม

ชื่อพารามิเตอร์	ความหมาย
n	จำนวนประชากร
C_p	ความน่าจะเป็นในการสลับสายพันธุ
M_p	ความน่าจะเป็นของยีนที่เกิดการกลายพันธุ

ตารางที่ 2. สรุปพารามิเตอร์เพื่อวัดค่าฟิตเนสสำหรับปัญหาการจัดห้องสอบวิชาปัญหาพิเศษ

ชื่อพารามิเตอร์	ความหมาย
$Days_{required}$	จำนวนวันที่ใช้ในการจัดตารางห้องสอบ
Day_p	จำนวนวันที่ใช้นับโดยจำนวนโครงการ
Day_{in}	จำนวนวันที่ใช้นับโดยจำนวนวันสอบของกรรมการ
$N_{projects}$	จำนวนโครงการที่ใช้ห้องสอบ
N_{rooms}	จำนวนห้องสำหรับใช้สอบ
$N_{timeslot}$	จำนวนช่วงเวลาที่สามารถใช้ห้อง
$N_{projectsByInstructor_{in}}$	จำนวนโครงการของที่กรรมการแต่ละคน
$N_{instructors}$	จำนวนกรรมการ
$D_{bestfit}$	ผลรวมของจำนวนวันที่น้อยที่สุดที่กรรมการใช้เพื่อสอบ
D_{worst}	ผลคูณของจำนวนอาจารย์กับจำนวนวันที่ใช้ในการจัดห้องสอบ
$Fitness_y$	ค่าฟิตเนสของโครโมโซม - การไม่เกิดข้อขัดแย้งกับเงื่อนไข
$Fitness_{bestfit}$	ค่าฟิตเนสที่ดีที่สุด เทียบจาก $D_{bestfit}$
$Accuracy_y$	ค่าฟิตเนส เทียบกับ $D_{bestfit}$ จุดมคคือ 1

ตารางที่ 1 และตารางที่ 2 สรุปพารามิเตอร์ที่นำมาใช้ และที่สร้างเพื่อหาตารางการใช้ห้องสอบ ตัววัดที่นำเสนอนี้สามารถนำไปปรับใช้กับการจัดตารางการใช้สถานที่ให้เป็นที่แพร่หลายได้ เมื่อใช้สมมติฐานทรัพยากรจำนวนห้องมีเพียงพอ $Constraint_{hard}$ มีค่าเป็นศูนย์ได้สำหรับปัญหานี้ ประสิทธิภาพของตัววัดจึงควรสะท้อนผลลัพธ์ตามค่าของ $Constraint_{soft}$ ได้แก่ผลรวมจำนวนวันที่คุณาจารย์ต้องใช้ สำหรับการสอบให้น้อยที่สุด โดยถือว่าการจัดใช้เวลาที่มีประสิทธิภาพที่สุด

3. การออกแบบตัววัดประสิทธิภาพการจัดตารางสอบสำหรับขั้นตอนวิธีการดำเนินการทางพันธุกรรม และผลการนำไปประยุกต์ใช้

พารามิเตอร์ที่สร้างขึ้นเพื่อคำนวณประสิทธิภาพของตารางสอบมีดังต่อไปนี้

3.1 ตัววัดที่กำหนดขึ้น

กำหนด

$$Days_{required} = \max(Day_p, Day_{in}) \quad (1)$$

$$\text{โดย } Day_p = \frac{N_{projects}}{N_{rooms} * N_{timeslot}} \quad (2)$$

$$\text{และ } Day_{in} = \frac{\max(N_{projectsByInstructor_{in}})}{N_{timeslot}} \quad (3)$$

กล่าวคือจำนวนวันที่ต้องใช้ในการทำการสอบได้จากสมการ (1) $Days_{required}$ คือค่าที่มากระหว่าง Day_p และ Day_{in} ซึ่ง Day_p คำนวณได้จากสมการ (2) คือการนำจำนวนโครงการงาน ($N_{projects}$) หารด้วย ผลคูณของจำนวนห้อง (N_{rooms}) และจำนวนช่วงเวลาที่ใช้ห้องได้ในแต่ละวัน ($N_{timeslot}$) และ Day_{in} คำนวณได้จากสมการที่ (3) คือจำนวนโครงการงานของอาจารย์ที่ต้องสอบที่มากที่สุด ($N_{projectsByInstructor_{in}}$) หารด้วย จำนวนช่วงเวลาที่ใช้ห้องในแต่ละวัน โดยการหารนี้เป็นหารแบบปัดเศษขึ้น เพราะเป็นส่วนหนึ่งของหนึ่งวัน

กำหนด

$$D_{bestfit} = \sum_{in=1}^n \frac{N_{projectsByInstructor_{in}}}{N_{timeslot}} \quad (4)$$

กล่าวคือ $D_{bestfit}$ คือ จำนวนวันรวมที่น้อยที่สุดของกรรมการต้องใช้ในการสอบสามารถหาได้จากสมการ (4)

และกำหนด

$$D_{worst} = N_{instructors} * Days_{required} \quad (5)$$

กล่าวคือ D_{worst} คือจำนวนวันที่แย่มากที่สุดที่ใช้ในการสอบสามารถคำนวณโดยใช้สมการ (5) โดย D_{worst} คือ ผลคูณของจำนวนอาจารย์ ($N_{instructors}$) กับ จำนวนวันที่ใช้ในการทำการสอบ ($Days_{required}$)

3.2 พารามิเตอร์สำหรับเงื่อนไขบังคับและเงื่อนไขผ่อนปรน

- กำหนด D_x คือ รหัสของวันสำหรับสอบโครงการงาน x
 T_x คือ รหัสของช่วงเวลาสำหรับสอบโครงการงาน x
 R_x คือ รหัสของห้องสำหรับสอบโครงการงาน x
 I_y คือ ข้อมูลโครงการงาน (อาจารย์ที่สอบ)

เงื่อนไขของ $Constraint_{hard}$ คือ ไม่มีโครงการงานใดสอบห้องเดียวกันและเวลาเดียวกัน หากเกิดกรณีนั้นขึ้น ให้นับ $Constraint_{hard}$ เพิ่มขึ้นไปหนึ่งค่า และอีกเงื่อนไขคืออาจารย์ที่ทำการสอบจะต้องไม่สอบในวันและเวลาที่ซ้ำกัน หากเกิดกรณีนั้นขึ้น ให้นับ $Constraint_{hard}$ เพิ่มขึ้นไปหนึ่งค่า

ในส่วนของ $Constraint_{soft}$ นั้น คือ ผลรวมของจำนวนวันที่อาจารย์ใช้ในการสอบ โดยถือเป็นการจัดสรรเวลาที่ดีที่สุด

3.3 ฟังก์ชันค่าความถูกต้องสำหรับการจัดห้องสอบรายวิชาปัญหาพิเศษ

ใช้ $Constraint_{hard}$ $Constraint_{soft}$ และ D_{worst} ในการคำนวณค่าฟิตเนสดังสมการ (6)

$$Fitness_Y = \frac{1}{(Constraint_{hard} * D_{worst}) + Constraint_{soft}} \quad (6)$$

การนำ D_{worst} มาคูณกับ $Constraint_{hard}$ เพื่อถ่วงให้ $Constraint_{hard}$ มีน้ำหนักมากกว่า $Constraint_{soft}$ โดยค่าฟิตเนสยอมเป็นส่วนกลับของผลการคำนวณ $Constraint_{hard}$ และ $Constraint_{soft}$ โดยค่าฟิตเนสที่ดีที่สุด ($Fitness_{bestfit}$) เพื่อเป็นขอบเขตการเปรียบเทียบสามารถคำนวณได้จากสมการ (7)

$$Fitness_{bestfit} = \frac{1}{(Constraint_{hard} * D_{worst}) + D_{bestfit}} \quad (7)$$

กล่าวคือฟิตเนสที่ดีที่สุดคือ $Constraint_{hard}$ มีค่าเป็นศูนย์ และ $D_{bestfit}$ ต่ำ
ข้อสังเกตประการแรกจากค่าฟิตเนสทั้งสองที่กำหนดขึ้นคือ ค่าฟิตเนสที่กำหนดขึ้นนั้นไม่อยู่ในช่วง 0 - 1 จากการคำนวณ และสามารถนำ $D_{bestfit}$ ซึ่งใช้เป็นขอบเขตเพื่อใช้เทียบประสิทธิภาพของผลลัพธ์ได้ในการคำนวณทันที ดังนั้นควรใช้ $Constraint_{soft}$ มาประกอบการประมวลผลค่าประสิทธิภาพของผลลัพธ์ โดยใช้ความสัมพันธ์จากคำจำกัดความหมายของทั้งสองค่า กล่าวได้ว่าผลลัพธ์ที่ดีที่สุดเกิดจาก ค่า $Constraint_{soft}$ จะเข้าใกล้ หรือเท่ากับ $D_{bestfit}$ กล่าวคือ จำนวนวันรวมที่คณาจารย์ใช้ในการทำการสอบเท่ากับจำนวนวันรวมที่คณาจารย์แต่ละท่านต้องใช้เมื่อหารจำนวนโครงการด้วยจำนวนช่วงเวลาสอบในแต่ละวัน จึงกำหนด $Accuracy_Y$ เพื่อให้อ่านผลลัพธ์ได้สะดวกขึ้น โดยสามารถคำนวณได้จากสมการ (8)

$$Accuracy_Y = \frac{D_{bestfit}}{Constraint_{hard} + Constraint_{soft}} \quad (8)$$

ดังนั้น $Accuracy_Y$ ที่ดีจะมีค่าเข้าใกล้ 1

3.4 ผลการนำไปประยุกต์ใช้

การทดลองการจัดตารางห้องสอบโครงการปัญหาพิเศษ สำหรับ 40 โครงการ คณาจารย์ 15 ท่าน ด้วยการเขียนโปรแกรมด้วยภาษาจาวา ในการเข้ารหัสพันธุกรรมและประมวลผล เป็นดังต่อไปนี้

ขั้นตอนแรก : สุ่มสร้างประชากรโครโมโซม จำนวน Num_{pop} ในที่นี้คือ 10 โครโมโซม ขนาด 40 ยีน

ขั้นตอนที่สอง : ทำการคัดเลือกแบบ Elitist ขึ้นมาตามอัตราการสร้างโครโมโซมซ้ำ P_d (ร้อยละของการสร้างโครโมโซมซ้ำ) ซึ่งตั้งไว้ที่ 0.1 โครโมโซมที่สร้างซ้ำจะอยู่รอดไปจนถึงขั้นกลายพันธุ์ลดอัตราการปัญหาการที่ประชากรในรอบถัดไปได้ค่า $Accuracy_Y$ ลดลง ด้วยการนำกลับมาใส่ในประชากรก่อนนำไปประมวลผลในรอบถัดไป โดยประชากรที่เหลือถูกคัดเลือกด้วยวิธีการ Tournament selection การลดขนาดประชากรในขั้นตอนนี้ทำให้ไม่ต้องเรียงลำดับ $Accuracy_Y$ ทุกรอบ เพียงเก็บโครโมโซมที่มีค่าสูงที่สุดก็พอ

ขั้นตอนที่สาม : นำประชากรรุ่นนี้คัดเลือกด้วยวิธีการ Tournament selection จากนั้นสร้างโครโมโซมใหม่เพื่อทดแทนจำนวนประชากร ตามพารามิเตอร์ความน่าจะเป็นในการสลับสายพันธุ์ C_p ซึ่งมี

ค่าระหว่าง 0.00-1.00 โดยในที่นี้กำหนดไว้ที่ 0.9 เพื่อเน้นให้เกิดการวิวัฒนาการ โดยกระบวนการสลับสายพันธุ์คือการสุ่มโครโมโซม 2 โครโมโซม แล้วสุ่มค่าความน่าจะเป็นในการสลับสายพันธุ์ หากน้อยกว่าให้ สุ่มจุดตัดที่จะสลับสายพันธุ์ และสลับโครโมโซมตำแหน่งที่สุ่มขึ้นไปไว้ในประชากรรุ่นถัดไป หากไม่น้อยกว่าโครโมโซมทั้งสองจะต่อไปอยู่ในประชากรรุ่นถัดไป การสลับสายพันธุ์นี้จะทำงานได้จำนวนประชากรเท่ากับ Num_{pop} – จำนวน Elite

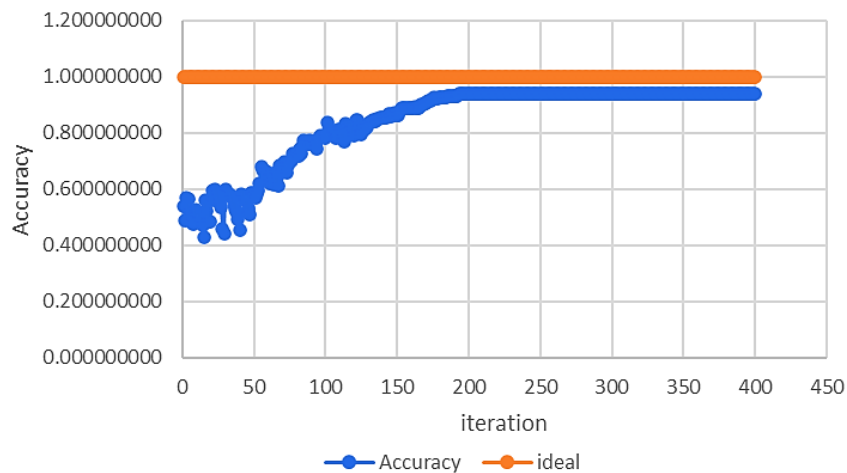
ขั้นตอนที่สี่ : กำหนดความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ M_p เป็น 0.1 ด้วยวิธีการกลายพันธุ์แบบเรียงสับเปลี่ยน เพื่อคงข้อมูลที่คำนวณ $Accuracy_Y$ ได้ กล่าวคือ สุ่มความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ให้โครโมโซมแต่ละตัว หากน้อยกว่า M_p ให้สุ่มตำแหน่งการสลับการกลายพันธุ์ 2 ตำแหน่ง เพื่อสลับค่ายืนต่อกันภายในโครโมโซม

ขั้นตอนที่ห้า : นำโครโมโซมที่ทำซ้ำไว้ในขั้นตอนที่ 2 เข้ามารวมเพื่อเป็นประชากรในรอบถัดไป

ขั้นตอนที่หก : ทำซ้ำขั้นตอนที่สอง ถึง หก จนกว่าจะถึงเกณฑ์การจบการเรียนรู้

การออกแบบวิธีการทดสอบตัววัดที่ออกแบบขึ้นเป็นไปตามขั้นตอนวิธีการดำเนินงานทางพันธุกรรมอย่างเป็นมาตรฐานโดยไม่ใช้พารามิเตอร์พื้นฐานของขั้นตอนวิธีย่อยในแต่ละขั้นตอน

ผลการวิวัฒนาการนี้ค่าความขัดแย้งหลักเป็น 0 ที่ประชากรรุ่นที่ 194 โดยใช้จำนวนวันรวมที่คณาจารย์เดินทางมาสอบเป็น 40 วัน และค่าความถูกต้อง (Accuracy) ในระดับ 0.9384 ดังแสดงในรูปที่ 4



รูปที่ 4. ผลวิวัฒนาการค่า Accuracy สำหรับการจัดห้องสอบ

ผลการทดลองอธิบายได้ดังต่อไปนี้ $D_{bestfit}$ มีค่า 40 ส่วน $Constraint_{soft}$ จากขั้นตอนวิธีที่น้อยที่สุดมีค่า 43 ดังนั้น Accuracy จึงอยู่ที่ค่า 0.93

4. สรุปผลการวิจัย และข้อเสนอแนะ

จากการแสดงวิธีคำนวณตัววัดเพื่อใช้กับการดำเนินงานทางวิธีการเชิงพันธุกรรมวิธีเพื่อจัดตารางการใช้ห้องสอบ และการแสดงการทดลองและผลการทดลองในหัวข้อที่ผ่านมา การอภิปรายผลการดำเนินงานของตัววัดที่นำเสนอ และข้อเสนอแนะในภาพรวมของการแก้ปัญหาด้วยการดำเนินงานทางวิธีการเชิงพันธุกรรม

4.1 การสรุปผลการวิจัย

การสร้างแบบจำลองโดยใช้ตัววัดตรง เพื่อเทียบประสิทธิภาพของตารางในกรณีที่มีการจัดตารางนั้นมีคำตอบที่ปราศจากความขัดแย้งหลัก สามารถสร้างตารางสอบที่เป็นผลลัพธ์ตอบสนองวัตถุประสงค์ในการจัดตารางได้มากกว่าการค้นหาเพียงว่ามีตารางที่ไร้ความขัดแย้งหลักหรือไม่ การใช้การดำเนินงานทางวิธีการเชิงพันธุกรรมเป็นวิธีที่สร้างแบบจำลองการวัดประสิทธิภาพได้เร็ว และใช้เวลาน้อยสำหรับพัฒนาแบบจำลองการจัดตาราง มีความซับซ้อนของโปรแกรมน้อย โดยผลลัพธ์ที่ได้นั้นเป็นประโยชน์อย่างยิ่ง

4.2 ข้อเสนอแนะ

การดำเนินงานทางวิธีการเชิงพันธุกรรมสามารถนำไปประยุกต์ปัญหาการจัดตารางในกลุ่ม Time scheduling โดยเฉพาะอย่างยิ่งสำหรับการจัดตารางการใช้ห้องเรียนในแต่ละภาคการศึกษาของสถาบันการศึกษา ในส่วนของงานวิจัยด้านกระบวนการดำเนินงานทางวิธีการเชิงพันธุกรรมนั้น การผสมผสานเข้ากับกระบวนการการเรียนรู้ของเครื่อง เพื่อให้การใช้ตัวดำเนินการของวิธีการเชิงพันธุกรรมเป็นไปได้อย่างอัตโนมัติมากขึ้น เพื่อแนวทางที่น่าสนใจ อีกแนวทางที่น่าสนใจได้แก่การหาขั้นตอนวิธีเชิงการเรียนรู้ของเครื่องสำหรับปรับตารางแก้ไขสอดคล้องกับข้อมูลใหม่ ซึ่งหากสำเร็จจะลดเวลาในการประมวลผลหาตารางเรียน

เอกสารอ้างอิง (References)

- [1] Katoch, S., Chauhan, S.S. and Kumar, V. 2021. A review on genetic algorithm: past, present, and future. *Multimedia Tools and Applications*, 80(5), 8091-8126.
- [2] Chen, R., Yang, B., Li, S. and Wang, S. 2020. A self-learning genetic algorithm based on reinforcement learning for flexible job-shop scheduling problem. *Computers & Industrial Engineering*, 149, 106778.
- [3] Borumand, A. and Beheshtinia, M.A. 2018. A developed genetic algorithm for solving the multi-objective supply chain scheduling problem. *Kybernetes*.
- [4] Khelifa, M., Boughaci, D. and Aimeur, E. 2020. A new approach based on graph matching and evolutionary approach for sport scheduling problem. *Intelligent Decision Technologies*, 14(4), 565-580.

- [5] Chen, M.C., Goh, S.L., Sabar, N.R. and Kendall, G. 2021. A survey of university course timetabling problem: perspectives, trends and opportunities. *IEEE Access*, 9, 106515-106529.
- [6] Jha, S.K. 2014. Exam timetabling problem using genetic algorithm. *International Journal of Research in Engineering and Technology*, 3(5), 649-654.
- [7] Tan, J.S., Goh, S.L., Kendall, G. and Sabar, N.R. 2021. A survey of the state-of-the-art of optimisation methodologies in school timetabling problems. *Expert Systems with Applications*, 165, 113943.
- [8] Gomez, F.J. 2003. *Robust non-linear control through neuroevolution*. The University of Texas at Austin.
- [9] Almeida, M.W.S., Medeiros, J.P.S. and Oliveira, P.R. 2015. Solving the academic timetable problem thinking on student needs. In *2015 IEEE 14th International Conference on Machine Learning and Applications (ICMLA)* (pp. 673-676).
- [10] Raghavjee, R. and Pillay, N. 2013. A study of genetic algorithms to solve the school timetabling problem. In *Mexican International Conference on Artificial Intelligence* (pp. 64-80). Springer, Berlin, Heidelberg.
- [11] Sutar, S.R. and Bichkar, R.S. 2016. Genetic algorithms based timetabling using knowledge augmented operators. *International Journal of Computer Science and Information Security*, 14(11), 570.
- [12] Budiono, T.A. and Wong, K.W. 2012. A pure graph coloring constructive heuristic in timetabling. In *2012 IEEE International Conference on Computer & Information Science (ICCIS)*, 1, 307-312.
- [13] Avella, P., Boccia, M., Viglione, S. and Vasilyev, I. 2019. A local branching MIP heuristic for a real-world curriculum-based course timetabling problem. In *International Conference on Mathematical Optimization Theory and Operations Research* (pp. 438-451). Springer, Cham.
- [14] Habashi, S.S., Salama, C., Yousef, A.H. and Fahmy, H.M. 2018. Adaptive diversifying hyper-heuristic based approach for timetabling problems. In *2018 IEEE 9th Annual Information Technology, Electronics and Mobile Communication Conference (IEMCON)*, 259-266.
- [15] Sze, S.N., Bong, C.L., Chiew, K.L., Tiong, W.K. and Bolhassan, 2017. Case study: University lecture timetabling without pre-registration data. In *2017 International Conference on Applied System Innovation (ICASI)* (pp. 732-735).