

## ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบขนานสำหรับปัญหา การตัดขวางโครงข่ายแบบสโทแคสติก

อุดม จันทรจักรสุข\*

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง เขตลาดกระบัง กรุงเทพฯ 10520

### บทคัดย่อ

ปัญหาการตัดขวางโครงข่ายแบบสโทแคสติกเป็นปัญหาที่เกี่ยวกับการศึกษาโครงข่ายเพื่อหากลยุทธ์ในการตัดขวางเส้นเชื่อมบนโครงข่ายโดยมีเป้าหมายเพื่อลดการไหลหรือการลำเลียงสิ่งของจากต้นทางไปยังปลายทางภายใต้ความไม่แน่นอนและงบประมาณที่จำกัด ซึ่งในงานวิจัยนี้พิจารณาถึงความสำเร็จของการตัดขวางเป็นปัจจัยที่มีความไม่แน่นอน งานวิจัยนี้นำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบขนานมาใช้ในการแก้ปัญหา โดยพัฒนาโปรแกรมคอมพิวเตอร์ที่ทำงานบนระบบคอมพิวเตอร์แบบกริด (Grid Computing) ซึ่งประกอบด้วย โปรแกรมหลักและโปรแกรมงานย่อย โปรแกรมหลักทำหน้าที่หากลยุทธ์ในการตัดขวางโดยอาศัยกระบวนการค้นหาคำตอบตามขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม และโปรแกรมงานย่อยทำหน้าที่ประเมินค่าการไหลสูงสุดของโครงข่ายตามกลยุทธ์ที่กำหนดให้ภายใต้ความไม่แน่นอนของเหตุการณ์ที่เกิดขึ้น โดยใช้วิธีการหาการไหลสูงสุดของฟอร์ด – เพลกอสัน (Ford – Fulkerson) งานวิจัยนี้ได้ทำการทดสอบขั้นตอนวิธีที่นำเสนอโดยใช้ตัวอย่างปัญหาจากงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง และจากผลการทดลองพบว่า วิธีที่นำเสนอในงานวิจัยนี้สามารถค้นหาคำตอบได้รวดเร็วและคำตอบที่ได้มีคุณภาพดี

**คำสำคัญ :** ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม / การประมวลผลแบบขนาน / การตัดขวางโครงข่าย

\* Corresponding Author : [kjudom@yahoo.com](mailto:kjudom@yahoo.com)

ผู้ช่วยศาสตราจารย์ สาขาวิชาวิศวกรรมอุตสาหกรรม คณะวิศวกรรมศาสตร์

## Parallel Genetic Algorithm for the Stochastic Network Interdiction Problem

Udom Janjarassuk\*

King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang, Ladkrabang, Bangkok 10520

### Abstract

The stochastic network interdiction problem involves finding an interdiction strategy on the arcs of a network in order to reduce the maximum amount of flow from a source node to a sink node, subject to uncertainties and limited budget constraints. In this research, the uncertainty in the success of interdiction is considered. A parallel genetic algorithm is proposed to solve this problem. The algorithm is implemented on a computational grid environment, which consists of a master program and a sub-program. The master program aims to find an interdiction strategy based on the genetic algorithm procedures. The strategies are evaluated under a given set of scenarios by the sub-program, which involves finding the maximum flow of the network by using the Ford-Fulkerson algorithm. The proposed method is tested by using test instances from related research. The results show that the proposed method is able to provide good solutions and handle large instances in reasonable time.

**Keywords :** Genetic Algorithm /Parallel Computing /Stochastic / Network Interdiction

---

\* Corresponding Author : [kjudom@yahoo.com](mailto:kjudom@yahoo.com)

Assistant Professor, Department of Industrial Engineering, Faculty of Engineering.

## 1. บทนำ

แบบจำลองโครงข่าย (Network Model) เป็นแบบจำลองที่สามารถนำไปประยุกต์ใช้กับปัญหาต่างๆ ได้อย่างกว้างขวาง อาทิเช่น ปัญหาในระบบสื่อสารและคมนาคม ระบบการขนส่ง และระบบการผลิต เป็นต้น ปัญหาการขัดขวางโครงข่าย เป็นปัญหาที่เกี่ยวข้องกับการหาวิธีในการสกัดหรือขัดขวางเส้นทางบนโครงข่าย เพื่อบรรลุวัตถุประสงค์อย่างใดอย่างหนึ่ง ตัวอย่างของปัญหาการขัดขวางโครงข่าย เช่น การหาจุดตั้งด่านของเจ้าหน้าที่ตำรวจเพื่อสกัดกั้นการลักลอบขนยาเสพติดหรือสิ่งผิดกฎหมาย การป้องกันการแพร่ระบาดของโรคติดต่อ เป็นต้น

ในสภาพปัญหาจริง ข้อมูลที่ใช้ในการสร้างแบบจำลองมักมีค่าไม่แน่นอน วิธีที่ง่ายและใช้กันอย่างกว้างขวางในการจัดการกับความไม่แน่นอนคือการละเลยความไม่แน่นอน โดยการแทนค่าความไม่แน่นอนด้วยค่าเฉลี่ย

ในแบบจำลองสโตแคสติก (Stochastic Model) ความไม่แน่นอนของข้อมูลจะถูกนำมาพิจารณาโดยใช้รูปแบบการแจกแจงของข้อมูล ซึ่งสามารถประเมินได้จากข้อมูลประวัติที่มีอยู่ ข้อเสียประการสำคัญของการแก้ปัญหาโดยใช้แบบจำลองสโตแคสติกคือ แบบจำลองมักมีขนาดใหญ่และทำให้ยากต่อการหาคำตอบ

ปัญหาการขัดขวางโครงข่ายแบบสโตแคสติกสามารถเขียนแทนด้วยกำหนดการสโตแคสติกแบบสองลำดับขั้น (Two-stage Stochastic Program) ซึ่งประกอบด้วยปัญหาขั้นแรก (First Stage Problem) และปัญหาขั้นที่สอง (Second Stage Problem) โดยมีตัวแปรเชิงจำนวนเต็ม (Integer Variable) เป็นองค์ประกอบในปัญหาขั้นแรก เป็นเหตุให้การหาคำตอบต้องใช้เวลา นานนอกจากนี้ เวลาที่ใช้ในการค้นหาคำตอบยังขึ้นอยู่กับจำนวนของเหตุการณ์ความไม่แน่นอน (Scenario) ซึ่งเป็นองค์ประกอบในปัญหาขั้นที่สอง

งานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับปัญหาการขัดขวางโครงข่ายแบบสโตแคสติกมีไม่มากนัก ในการแก้ปัญหาการขัดขวางโครงข่ายแบบสโตแคสติก นักวิจัยมักจะนำเทคนิคในการแก้ปัญหาที่กำหนดการสโตแคสติกมาใช้ เช่น ขั้นตอนวิธีการแยกองค์ประกอบ (Decomposition Algorithms [1]) และวิธีการประมาณค่า (Approximation) เช่น วิธี Sequential Approximation Techniques [2, 3] ในงาน

วิจัยของ Cormican และคณะ [4] ได้ใช้กำหนดการสโตแคสติกแบบสองลำดับขั้นในการจำลองปัญหาการขัดขวางโครงข่ายแบบสโตแคสติกและใช้ข้อสมการของ Jensen (Jensen's Inequality) ในการหาขอบเขตบน (Upper Bound) และขอบเขตล่าง (Lower Bound) ของคำตอบและในงานวิจัยของ Janjarassuk และ Linderoth [5] ได้ใช้กำหนดการเชิงจำนวนเต็มผสม (Mixed-integer Program) ในการจำลองปัญหาการขัดขวางโครงข่ายแบบสโตแคสติก โดยใช้เทคนิคการสุ่มตัวอย่าง (Sampling Technique) และการประมวลผลแบบขนานในการประมาณค่าของคำตอบ ซึ่งผลการศึกษาแสดงให้เห็นถึงข้อจำกัดในการประมวลผลสำหรับปัญหาขนาดกลางและขนาดใหญ่ ทำให้เป็นอุปสรรคในการนำไปใช้งานจริง ดังนั้น ในงานวิจัยนี้จึงได้นำเสนอวิธีการแก้ปัญหาดังกล่าวโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ซึ่งเป็นวิธีแบบฮิวริสติก (Heuristic Method) ที่สามารถแก้ปัญหาได้รวดเร็วกว่า

## 2. ปัญหาการขัดขวางโครงข่าย

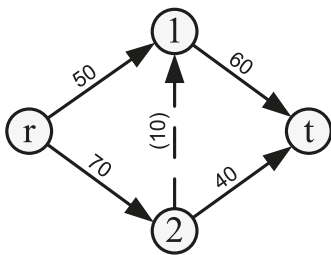
ปัญหาการขัดขวางโครงข่ายสามารถแสดงด้วยกราฟ (Graph)  $G=(N, A)$  ที่ประกอบด้วยเซตของโหนด (Node)  $N$  และเซตของเส้นเชื่อม (Arc)  $A$  โดยมีโหนดต้นทาง (Source Node)  $r$  และมีโหนดปลายทาง (Sink Node)  $t$  การขัดขวางโครงข่ายเป็นการหาเซตของเส้นเชื่อมที่จะขัดขวาง (กลยุทธ์การขัดขวาง) ภายใต้งบประมาณ  $b$  ที่จำกัด ปัญหาการขัดขวางโครงข่ายแบบสโตแคสติกในงานวิจัยนี้พิจารณาถึงความไม่แน่นอนของความสำเร็จในการขัดขวางเป็นตัวแปรสุ่มที่มีการแจกแจงแบบ Bernoulli โดยที่ความน่าจะเป็นในการเกิดของเหตุการณ์ (Scenario) เป็น  $p_s$  กำหนดให้  $x_{ij}$  แทนตัวแปรตัดสินใจเลขฐานสอง (Binary Decision Variable) ในการเลือกขัดขวางเส้นเชื่อมระหว่างโหนด  $i$  และโหนด  $j$  โดยที่  $x_{ij}$  มีค่าเป็น 1 เมื่อเส้นเชื่อม  $(i, j)$  ถูกเลือกและมีค่าเป็น 0 เมื่อไม่ถูกเลือก ปัญหาการขัดขวางโครงข่ายแบบสโตแคสติกสามารถเขียนแทนด้วยแบบจำลองดังนี้

$$z = \min \sum_{s \in S} p_s f_s(x)$$

$$s.t. \sum_{(i,j) \in A} h_{ij} x_{ij} \leq b, \quad (1)$$

$$x_{ij} \in \{0,1\}$$

โดยที่  $f_s(x)$  คือปริมาณสูงสุดของการไหล (Maximum Flow) ของกราฟ G จากโหนด  $r$  ไปยังโหนด  $t$  ในเหตุการณ์  $s$  เมื่อถูกขัดขวางด้วยกลยุทธ์  $x$  และ  $h_{ij}$  คือค่าใช้จ่ายในการขัดขวางเส้นเชื่อม  $(i, j)$



รูปที่ 1 ตัวอย่างโครงข่ายแบบสโตนแคลสดิก

รูปที่ 1 แสดงตัวอย่างของปัญหาการขัดขวางโครงข่ายแบบสโตนแคลสดิกซึ่งประกอบด้วยโหนดต้นทาง  $r$  และโหนดปลายทาง  $t$  โดยที่ตัวเลขบนเส้นเชื่อมคือปริมาณสูงสุดที่สามารถไหลผ่านเส้นเชื่อมนั้นๆ และมีเส้นเชื่อมที่สามารถขัดขวางได้คือเส้นเชื่อมจากโหนด 2 ไปยังโหนด 1 โดยกำหนดให้ค่าความน่าจะเป็นของความสำเร็จในการขัดขวางเท่ากับ 0.6 เนื่องจากมีเพียงเส้นเชื่อมเดียวที่สามารถขัดขวางได้ ทำให้จำนวนเหตุการณ์ที่เป็นไปได้มีเพียง  $2^1=2$  เหตุการณ์ คือ เหตุการณ์ที่ขัดขวางสำเร็จและขัดขวางไม่สำเร็จ ในกรณีที่ขัดขวางสำเร็จ เส้นเชื่อมจากโหนด 2 ไปยังโหนด 1 จะถูกตัดออก ทำให้ปริมาณการไหลบนเส้นทาง  $(r, 1, t)$  และ  $(r, 2, t)$  เป็น 50 หน่วย และ 40 หน่วยตามลำดับ ดังนั้น ปริมาณการไหลรวมสูงสุดจากโหนด  $r$  ไปยังโหนด  $t$  เป็น 90 หน่วย ในกรณีที่ขัดขวางไม่สำเร็จ จะทำให้มีการไหลเพิ่มเติมจากโหนด 2 ไปยังโหนด 1 อีก 10 หน่วย ทำให้ปริมาณการไหลสูงสุดจากโหนด  $r$  ไปยังโหนด  $t$  เป็น 100 หน่วยดังนั้น

ค่าคาดหวัง (Expected Value) ของการไหลจากการขัดขวางเส้นเชื่อม  $(2, 1)$  คือ  $0.6 (90) + 0.4 (100) = 94$  หน่วย ในการหาค่าสูงสุดของการไหลในแต่ละเหตุการณ์ งานวิจัยนี้เลือกใช้วิธีของฟอร์ด-เฟอลเกอตัน [6]

### 3. ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) เป็นวิธีการค้นหาคำตอบที่เลียนแบบการคัดเลือกโดยธรรมชาติของสิ่งมีชีวิตประชากรที่มีความแข็งแรงมากกว่าจะมีโอกาสถูกคัดเลือกในการถ่ายทอดยีนไปสู่รุ่นถัดไป โดยคำตอบของปัญหาจะถูกเข้ารหัสในรูปแบบของโครโมโซม (Chromosome) ซึ่งมีรูปแบบที่แตกต่างกันตามลักษณะเฉพาะของปัญหานั้นๆ การค้นหาคำตอบอาศัยกระบวนการพื้นฐานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ซึ่งประกอบด้วย การคัดเลือกโครโมโซม การแลกเปลี่ยนสายพันธุ์ (Crossover) การกลายพันธุ์ (Mutation) ซึ่งรูปแบบของกระบวนการเชิงพันธุกรรมอาจมีความแตกต่างกันแล้วแต่ปัญหา รายละเอียดเกี่ยวกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถศึกษาเพิ่มเติมได้จาก [7, 8] สำหรับกระบวนการเชิงพันธุกรรมที่ใช้ในงานวิจัยนี้สามารถอธิบายได้ดังนี้

18	19	38	40	47	49
1	2	3	4	5	6

รูปที่ 2 ตัวอย่างรูปแบบของโครโมโซม

#### 3.1 การเข้ารหัสโครโมโซม

กลยุทธ์การขัดขวางจะถูกเข้ารหัสในรูปแบบของโครโมโซม ซึ่งจำนวนเส้นเชื่อมที่ถูกขัดขวางถูกจำกัดโดยงบประมาณที่มีอยู่ ดังนั้น ในงานวิจัยนี้จึงได้กำหนดขนาด (ความยาว) ของโครโมโซมตามจำนวนเส้นเชื่อมที่ถูกขัดขวาง โดยให้ยีนของโครโมโซมแทนหมายเลขของเส้นเชื่อมที่ถูกขัดขวางและเรียงลำดับตามหมายเลขของเส้นเชื่อมจากค่าน้อยไปค่ามาก รูปที่ 2 แสดงตัวอย่างของโครโมโซมที่มีการขัดขวางเส้นเชื่อมทั้งหมด 6 เส้น ซึ่งประกอบด้วยเส้นเชื่อมหมายเลข 18 19 38 40 47 และ 49 ตามลำดับ

### 3.2 การประเมินค่าความแข็งแรง

กลยุทธ์การตัดขวางที่อยู่ในรูปแบบของโครโมโซมจะถูกนำไปประเมินค่าความแข็งแรงตามสมการที่

$$F(x) = \frac{1}{z+1} \quad (2)$$

โดยที่  $x$  คือโครโมโซมที่ได้รับการประเมินและ  $z$  คือค่าฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective Function Value) ที่ได้จากสมการที่ (1) จากสมการที่ (2) โครโมโซมที่ให้ค่าการไหลน้อยกว่าจะมีความแข็งแรงมากกว่า โดยเลข 1 ที่เพิ่มเข้าไปในส่วนของสมการที่ (2) ทำหน้าที่ป้องกันการหารด้วย 0 เนื่องจากจำนวนเหตุการณ์ที่เป็นไปได้ขึ้นอยู่กับจำนวนเส้นเชื่อมที่สามารถตัดขวางได้ ซึ่งมีจำนวนเท่ากับ  $2^n$  โดยที่  $n$  คือจำนวนเส้นเชื่อมที่สามารถตัดขวางได้ทั้งหมด การประเมินค่าความแข็งแรงโดยใช้เหตุการณ์ทั้งหมดจึงเป็นสิ่งที่ทำได้ยาก ดังนั้น ในงานวิจัยนี้จึงใช้การสุ่มตัวอย่างเหตุการณ์แทน ซึ่งเป็นการประเมินค่าของฟังก์ชันวัตถุประสงค์โดยการประมาณค่า (Estimation) โดยความถูกต้องของค่าที่ประมาณได้ขึ้นอยู่กับขนาดตัวอย่าง (Sample Size)

### 3.3 การคัดเลือกโครโมโซม

การคัดเลือกโครโมโซมเป็นขั้นตอนในการคัดเลือกประชากรที่มีความแข็งแรงมากกว่ามาเป็นต้นแบบในการสร้างโครโมโซมรุ่นถัดไปในงานวิจัยนี้ใช้วิธีการคัดเลือกแบบแข่งขัน (Tournament Selection) โดยทำการสุ่มประชากรมา 2 กลุ่ม เพื่อคัดเลือกโครโมโซมที่มีความแข็งแรงที่สุดของแต่ละกลุ่มมาเป็นโครโมโซมพ่อและแม่โดยทั่วไป การคัดเลือกในแต่ละครั้งมักจะใช้ประชากรในแต่ละกลุ่มไม่มากซึ่งค่าที่นิยมใช้ในงานวิจัยส่วนใหญ่คือ 2 [8]

### 3.4 การแลกเปลี่ยนสายพันธุ

เนื่องจากรูปแบบของโครโมโซมสำหรับปัญหาการตัดขวางโครงข่ายแบบสโตนแคสติงไม่เหมือนกันปัญหาทั่วไปกล่าวคือ ยีนไม่ได้เป็นเพียงการสลับตำแหน่งเท่านั้นหมายเลขของยีนยังแตกต่างกันในแต่ละโครโมโซม ดังนั้นจึงต้องใช้วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุที่พัฒนาขึ้นมาเฉพาะสำหรับปัญหานี้ ซึ่งในงานวิจัยนี้ใช้วิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุที่ดัดแปลงมาจากวิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุแบบ

เอกรูปโดยใช้ลำดับเป็นพื้นฐาน (Uniform Ordered Crossover) โดยทำการสุ่มโครโมโซมแม่แบบ (Template) ของตำแหน่งที่ใช้ในการแลกเปลี่ยนสายพันธุขึ้นมา 1 ชุดซึ่งประกอบด้วยค่า 0 หรือ 1 โดยค่าในโครโมโซมแม่แบบจะเป็นตัวกำหนดว่ายีนของโครโมโซมพ่อแม่ในตำแหน่งนั้นจะได้รับการคัดเลือกหรือไม่ (ดังตัวอย่างในรูปที่ 3 (a)) จากนั้น ทำการคัดลอกยีนของโครโมโซม Parent1 ที่ตรงกับตำแหน่งที่มีค่าเป็น 1 ในโครโมโซมแม่แบบไปยังโครโมโซมลูก Offspring 1 และทำการคัดลอกยีนของโครโมโซม Parent 2 ที่ตรงกับตำแหน่งที่มีค่าเป็น 0 ในโครโมโซมแม่แบบไปยังโครโมโซมลูก Offspring 2 (ดังตัวอย่างในรูปที่ 3 (b)) หลังจากนั้นจะทำการนำเอายีนใน Parent 2 ที่ซ้ำกับยีนในโครโมโซมลูก Offspring 1 และยีนใน Parent 1 ที่ซ้ำกับยีน

Parent1	19	31	36	38	40	47
Parent2	18	19	38	40	47	49

Template	0	1	1	0	1	0
----------	---	---	---	---	---	---

(a) ตัวอย่างโครโมโซมพ่อแม่และโครโมโซมแม่แบบ

Offspring1		31	36		40	
Offspring2	18			40		49

(b) โครโมโซมลูกที่ได้รับยีนตามโครโมโซมแม่แบบ

Parent2	18	19	38		47	49
Parent1	19	31	36	38		47

(c) โครโมโซมพ่อแม่นำเอายีนที่ซ้ำกับโครโมโซมลูกออก

Offspring1	38	31	36	47	40	19
Offspring2	18	38	36	40	31	49

(d) โครโมโซมลูกที่ได้รับยีนที่ขาดไปจากโครโมโซมพ่อแม่

Offspring1	19	31	36	38	40	47
Offspring2	18	31	36	38	40	49

(e) โครโมโซมลูกที่ได้รับการเรียงลำดับยีนใหม่

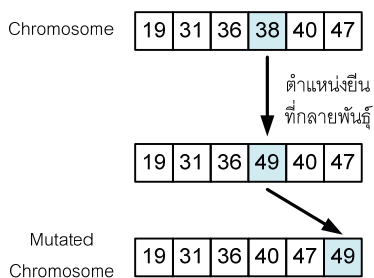
รูปที่ 3 ตัวอย่างวิธีการแลกเปลี่ยนสายพันธุ

ในโครโมโซมลูก Offspring 2 ออก (ดังตัวอย่างในรูปที่ 3 (c)) เสร็จแล้วจึงทำการสุ่มคัดลอกยีนที่เหลือใน Parent 2 ไปยังโครโมโซมลูก Offspring 1 และยีนที่เหลือใน Parent 1 ไปยังโครโมโซมลูก Offspring 2 ซึ่งจะทำให้โครโมโซมลูกที่ได้มียีนครบทุกตำแหน่ง (ดังตัวอย่างในรูปที่ 3 (d)) จากนั้นจึงทำการเรียงลำดับของยีนในโครโมโซมลูกใหม่ตามหมายเลขของยีนจากน้อยไปมาก ซึ่งจะได้โครโมโซมลูกที่สมบูรณ์ดังตัวอย่างในรูปที่ 3 (e)

### 3.5 การกลายพันธุ์

การกลายพันธุ์เป็นการเปลี่ยนยีนบางส่วนของโครโมโซม ทำให้โครโมโซมเดิมกลายเป็นโครโมโซมใหม่ ซึ่งเป็นการเพิ่มความหลากหลายให้กับประชากร และช่วยป้องกันการลู่เข้าก่อนกำหนด (Premature Convergence) โดยโครโมโซมที่กลายพันธุ์อาจมีค่าความแข็งแรงมากกว่าหรือน้อยกว่าเดิม ซึ่งจะถูกคัดเลือกตามกระบวนการที่ได้กล่าวไว้ก่อนหน้านี้โดยทั่วไปแล้ว จำนวนประชากรที่กลายพันธุ์จะมีสัดส่วนไม่มาก ซึ่งถูกกำหนดโดยค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ (Probability of Mutation)  $p_m$

งานวิจัยนี้ใช้วิธีการกลายพันธุ์โดยการเปลี่ยนค่า (Change Value Mutation) ซึ่งจะทำให้ค่าใหม่ในตำแหน่งที่เกิดการกลายพันธุ์ โดยใช้วิธีการสุ่มตำแหน่งตามค่าความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์  $p_m$  ซึ่งยีนที่กลายพันธุ์จะถูกแทนที่ด้วยยีนของหมายเลขเส้นเชื่อมที่สามารถขัดขวางได้ และมีค่าไม่ซ้ำกับยีนที่มีอยู่ในโครโมโซมเดิม



รูปที่ 4 ตัวอย่างการกลายพันธุ์

รูปที่ 4 แสดงตัวอย่างการกลายพันธุ์ของโครโมโซมที่ประกอบด้วยยีนหมายเลข 19 31 36 38 40 และ 47 ตามลำดับโดยตำแหน่งของยีนที่กลายพันธุ์คือตำแหน่งที่ 4

(ยีนหมายเลข 38) ซึ่งถูกสุ่มและแทนที่ด้วยยีนหมายเลข 49 ที่มีค่าไม่ซ้ำกับยีนที่อยู่ในโครโมโซมเดิม แล้วจึงทำการเรียงลำดับของยีนใหม่เพื่อให้หมายเลขของยีนเรียงจากน้อยไปมาก

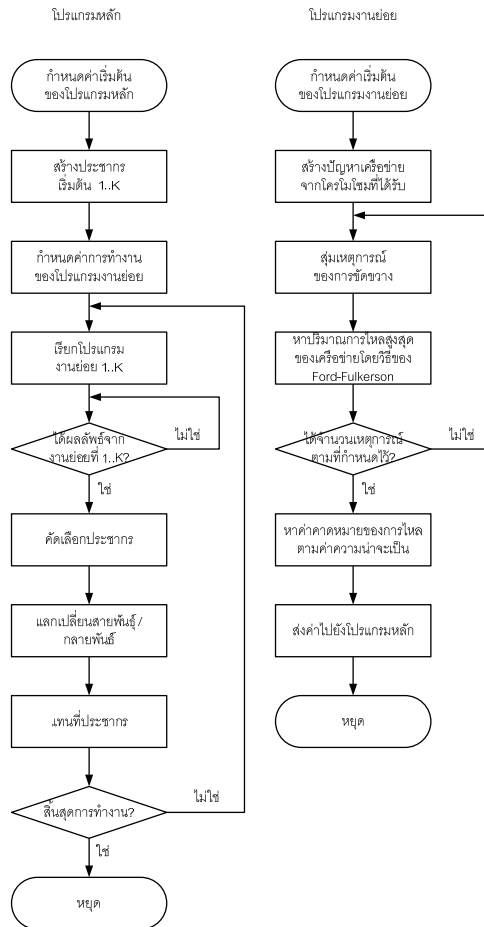
### 3.6 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบขนาน

เนื่องจากในขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะต้องทำการประเมินค่าการไหลของโครงข่ายซ้ำๆ กันหลายครั้ง และต้องใช้เวลาในการประมวลผลแต่ละครั้งค่อนข้างนาน และเนื่องจากการประเมินค่าการไหลเป็นกระบวนการที่สามารถประเมินค่าแยกได้อย่างอิสระ ดังนั้น งานวิจัยนี้จึงได้นำการประมวลผลแบบขนานมาใช้แก้ปัญหาการขัดขวางโครงข่ายแบบสโตนแคสติกเพื่อลดเวลาที่ใช้ในการค้นหาคำตอบโดยทำการพัฒนาโปรแกรมสำหรับแก้ปัญหาชั้นเองบนระบบคอมพิวเตอร์แบบกริด (Computational Grid) ที่เชื่อมต่อกันด้วยระบบเครือข่ายความเร็วสูง

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบขนานถูกแบ่งออกเป็น 2 โปรแกรมคือ โปรแกรมหลักและโปรแกรมงานย่อย โดยมีผังการทำงานดังแสดงในรูปที่ 5

ในส่วนของโปรแกรมหลักจะเริ่มจากการกำหนดค่าเริ่มต้นของโปรแกรม (จากผู้ใช้งาน) แล้วทำการสร้างประชากรเริ่มต้น จากนั้น โปรแกรมหลักจะทำการสร้างงานย่อยขึ้นมาตามจำนวนประชากร (K) แล้วส่งงานย่อยแต่ละงานไปให้กับคอมพิวเตอร์ลูกข่ายผ่านระบบเครือข่าย เมื่อคอมพิวเตอร์ลูกข่ายทำการประมวลผลเสร็จ ผลที่ได้จะถูกส่งกลับมาที่โปรแกรมหลักเพื่อทำการคัดเลือกประชากรที่ดีไว้ แล้วนำไปแลกเปลี่ยนสายพันธุ์และกลายพันธุ์เพื่อให้ได้ประชากรรุ่นใหม่มา จากนั้น โปรแกรมหลักจะทำการตรวจสอบเกณฑ์การสิ้นสุดการทำงาน ถ้ายังไม่ถึงเกณฑ์สิ้นสุดการทำงาน ก็จะมีการสร้างงานย่อยชุดใหม่จากประชากรที่ได้ แล้วส่งให้คอมพิวเตอร์ลูกข่ายประมวลผลต่อไป ในส่วนของโปรแกรมงานย่อยจะเริ่มจากการสร้างปัญหาโครงข่าย แล้วทำการสุ่มเหตุการณ์ของการขัดขวางตามกลยุทธ์ที่ส่งมาจากโปรแกรมหลัก และคำนวณปริมาณการไหลสูงสุดของโครงข่ายด้วยวิธีของฟอร์ด – โพลเกอส์ตามเหตุการณ์ที่สุ่มได้จนครบจำนวนของเหตุการณ์ที่กำหนดไว้ จากนั้นนำค่าที่ได้ไปหาค่าคาดหมายของปริมาณการไหลสูงสุดตามค่าความน่าจะเป็นของแต่ละเหตุการณ์

แล้วส่งค่าที่ได้กลับไปให้กับโปรแกรมหลัก



รูปที่ 5 ฟังก์ชันการทำงานของโปรแกรมหลักและโปรแกรมงานย่อย

4. การทดลอง

งานวิจัยนี้ได้ทดสอบขั้นตอนวิธีที่นำเสนอโดยใช้ตัวอย่างปัญหาจากงานวิจัยของ Janjarassuk และ Linderoth [5]

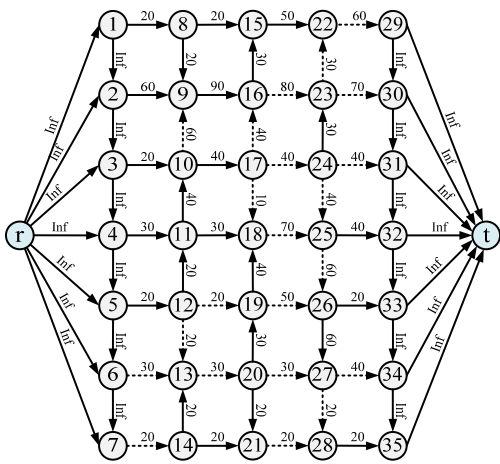
ซึ่งประกอบด้วยตัวอย่างปัญหาทั้งหมด 4 ตัวอย่างปัญหา โดยมีรายละเอียดดังแสดงในตารางที่ 1

ตารางที่ 1 รายละเอียดของตัวอย่างปัญหาที่ใช้ทดสอบ

Instance	Budget	Number of Nodes	Number of Arcs	Number of Interdictable Arcs	Number of Scenarios
SNIP7x5	6	37	72	22	$4.2 \times 10^6$
SNIP4x9	6	38	67	24	$1.7 \times 10^7$
SNIP10x10	10,15,20	102	200	65	$3.7 \times 10^{19}$
SNIP20x20	20	402	800	253	$1.4 \times 10^{76}$

จากตารางที่ 1 คอลัมน์แรกเป็นชื่อของตัวอย่างปัญหา คอลัมน์ที่สองเป็นงบประมาณที่ใช้ในการตัดขวาง ซึ่งในตัวอย่างปัญหา SNIP 10x10 ได้ทดลองใช้งบประมาณที่แตกต่างกัน 3 ค่าคือ 10, 15, และ 20 ส่วนคอลัมน์ที่เหลือเป็นจำนวนโหนดจำนวนเส้นเชื่อม จำนวนเส้นเชื่อมที่สามารถตัดขวางได้ และจำนวนเหตุการณ์ที่เป็นไปได้ทั้งหมดตามลำดับ

รูปแบบของปัญหามีลักษณะเป็นโครงข่ายแบบตารางที่เชื่อมต่อกับโหนดต้นทางจากด้านซ้ายและโหนดปลายทางทางด้านขวา (ดังแสดงตัวอย่างในรูปที่ 6) โดยที่ชื่อ



รูปที่ 6 ตัวอย่างปัญหา SNIP 7x5

ของตัวอย่างปัญหาจะระบุจำนวนแถวและคอลัมน์ของโครงข่าย เช่น ตัวอย่างปัญหา SNIP 7x5 ประกอบด้วยโหนด 7 แถวและ 5 คอลัมน์ จากรูปที่ 6 เส้นเชื่อมที่เป็นเส้นประคือเส้นเชื่อมที่สามารถตัดขวางได้ ซึ่งในตัวอย่างปัญหานี้มีทั้งหมด 22 เส้น โดยมีค่าความน่าจะเป็นของความสำเร็จในการตัดขวางเท่ากับ 0.75 เส้นเชื่อมที่อยู่ในแนวอนจะมีทิศทางจากซ้ายไปขวาเท่านั้น ส่วนเส้นเชื่อมที่อยู่ในแนวตั้งมีทั้ง 2 ทิศทาง ตัวเลขที่กำกับบนเส้นเชื่อมคือปริมาณสูงสุดที่สามารถไหลผ่านเส้นเชื่อมนั้นๆ ส่วนเส้นเชื่อมที่มีตัวอักษร Inf กำกับหมายถึงเส้นเชื่อมนั้นมีปริมาณการไหลไม่จำกัด

ระบบคอมพิวเตอร์ที่ใช้ในการทดลองเป็นระบบคอมพิวเตอร์แบบกริดขนาดเล็กที่สร้างขึ้น ซึ่งประกอบด้วยเครื่องคอมพิวเตอร์ในตระกูล AMD FX จำนวน 5 เครื่อง เชื่อมต่อกันด้วยระบบโครงข่ายความเร็วสูง

ในการทดลอง แต่ละตัวอย่างปัญหาจะทำการทดลองซ้ำ 10 ครั้ง โดยบันทึกผลการทดลองและเวลาที่ใช้ในการทดลอง รวมทั้งสมรรถนะในการประมวลผลแบบขนาน (Parallel Performance) ซึ่งเป็นตัวชี้วัดถึงสัดส่วนของการใช้ประโยชน์จากเครื่องคอมพิวเตอร์ทั้งหมด การทดลองใช้วิธีการสุ่มตัวอย่างโดยใช้จำนวนเหตุการณ์เท่ากับ 50, 100, 200, 500, 1000, และ 2000 ตามลำดับ (ยกเว้นตัวอย่างปัญหา SNIP 20x20) ค่าพารามิเตอร์ที่ใช้ในการทดลอง ถูกกำหนดไว้ล่วงหน้า โดยใช้ขนาดของประชากรเท่ากับ 100 จำนวนรุ่นของประชากรเท่ากับ 1000 ค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนสายพันธุ์เท่ากับ 0.6 และความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์เท่ากับ 0.05

### 5. ผลการทดลอง

ตารางที่ 2 แสดงผลที่ได้จากการทดลองและการเปรียบเทียบผลที่ได้จากงานวิจัยของ Janjarassuk และ Linderoth [5] (ค่าในคอลัมน์ที่ 8 และ 9) จากตารางที่ 2 จะให้เห็นได้ว่า ค่าคาดหวังของการไหลเฉลี่ยที่ได้ส่วนใหญ่อยู่ภายใต้ช่วงความเชื่อมั่น 95% ที่ได้จาก [5] (ระหว่างค่าในคอลัมน์ที่ 6 และ 8) แต่ใช้เวลาในการประมวลผลน้อยกว่าอย่างเห็นได้ชัด (ระหว่างค่าในคอลัมน์ที่ 4 และ 9) ทั้งนี้ การนำเสนอในเรื่องของเวลาเป็นเพียงส่วนประกอบเท่านั้นการเปรียบเทียบเวลาไม่สามารถทำได้โดยตรงเนื่องจากการประมวลผลบนระบบคอมพิวเตอร์แบบกริดมีปัจจัยอื่นๆ ที่มีผลต่อเวลาทั้งทางตรงและทางอ้อม เช่น จำนวนเครื่องคอมพิวเตอร์ในระบบ ความเร็วของเครื่องคอมพิวเตอร์ ความเร็วในการส่งผ่านข้อมูลบนเครือข่าย จำนวนเครื่องคอมพิวเตอร์ที่ว่างในขณะที่ทำการทดลอง ฯลฯ

จากผลการทดลองในตารางที่ 2 จะเห็นได้ว่า เมื่อจำนวนเหตุการณ์ที่สุ่มเพิ่มขึ้น (คอลัมน์ที่ 3) ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของการไหล (คอลัมน์ที่ 7) มีแนวโน้มลดลง ซึ่งสอดคล้องกับข้อเท็จจริงที่ว่า ความคลาดเคลื่อนจากการสุ่มจะมีค่าลดลงเมื่อขนาดตัวอย่าง (Sample Size) เพิ่มขึ้น ในขณะเดียวกัน เวลาที่ใช้ในการประมวลผลก็มีแนวโน้มเพิ่มขึ้นตามขนาดของตัวอย่างและสมรรถนะในการประมวลผลแบบขนานก็มีแนวโน้มเพิ่มขึ้นตามขนาดของตัวอย่างด้วย ซึ่งแสดงให้เห็นว่ามีการใช้ประโยชน์จากเครื่องคอมพิวเตอร์เพิ่มขึ้นเมื่อตัวอย่างปัญหามีขนาดใหญ่ขึ้นหรือมองในอีกแง่



หนึ่งคือ เมื่อปัญหาที่มีขนาดใหญ่ขึ้น (ทั้งขนาดของโครงข่าย และขนาดของตัวอย่าง) เวลาที่ต้องใช้ในการประมวลผลก็

เพิ่มขึ้นตาม ทำให้เครื่องคอมพิวเตอร์มีเวลาว่างงานน้อยลง

**ตารางที่ 2** ผลการทดสอบกับตัวอย่างปัญหา

ตัวอย่าง ปัญหา	งบ ประมาณ	จำนวน เหตุการณ์	เวลาเฉลี่ย (วินาที)	สมรรถนะ เฉลี่ย	ค่าคาดหวัง ของการไหลเฉลี่ย	ค่าเบี่ยงเบน มาตรฐาน	ช่วงความเชื่อ มั่น 95% จาก [5]	เวลาเฉลี่ย จาก [5]
SNIP4x9	6	50	91.3	0.02	9.160	1.439	9.96±1.02	328.22
	6	100	88.0	0.03	10.300	1.896	9.47±0.81	273.13
	6	200	66.1	0.07	10.075	1.295	10.92±0.55	129.03
	6	500	78.0	0.12	10.604	0.657	10.45±0.38	580.33
	6	1000	71.3	0.15	10.644	0.369	10.70±0.24	567.63
	6	2000	67.1	0.22	10.986	0.351	10.55±0.18	787.59
SNIP7x5	6	50	85.9	0.05	75.960	7.194	76.42±4.24	227.39
	6	100	82.6	0.08	76.060	2.353	77.31±3.14	136.83
	6	200	71.4	0.13	78.145	4.040	78.51±3.12	118.96
	6	500	87.9	0.18	79.488	1.691	78.62±1.37	118.92
	6	1000	79.6	0.27	79.614	1.065	80.10±0.70	149.78
	6	2000	95.6	0.51	79.855	0.825	79.50±1.09	218.65
SNIP10x10	10	50	88.8	0.15	87.820	4.064	88.28±1.86	133.44
	10	100	87.4	0.20	86.860	2.770	88.09±2.92	140.34
	10	200	93.2	0.36	88.230	1.950	87.08±1.83	141.34
	10	500	102.8	0.66	88.080	1.050	88.39±0.85	210.54
	10	1000	150.2	0.84	87.837	0.790	87.90±0.40	362.42
	10	2000	218.3	0.93	88.280	0.581	88.03±0.41	960.40
SNIP10x10	15	50	69.2	0.13	78.620	4.033	74.46±2.39	120.63
	15	100	87.4	0.19	78.220	1.966	75.98±1.66	192.32
	15	200	87.4	0.29	79.405	2.694	76.88±1.03	219.90
	15	500	106.6	0.62	79.242	1.563	77.09±0.90	658.39
	15	1000	138.1	0.81	79.844	1.627	77.66±0.30	3023.90
	15	2000	213.5	0.91	79.996	1.991	77.75±0.42	23587.25
SNIP10x10	20	50	79.2	0.15	71.880	3.812	71.34±1.74	84.50
	20	100	89.7	0.20	70.760	2.021	70.51±2.67	102.87
	20	200	90.6	0.27	72.310	3.620	70.04±1.12	129.07
	20	500	110.2	0.53	72.558	1.519	69.98±0.75	222.20
	20	1000	127.9	0.79	71.816	2.198	69.75±0.45	445.44
	20	2000	188.5	0.86	73.057	1.814	70.26±0.26	2044.28
SNIP20x20	20	50	163.8	0.89	190.480	12.678	173.82±3.88	1098.74
	20	100	328.9	0.96	188.880	6.815	180.36±4.09	2640.75
	20	200	544.5	0.98	190.945	5.419	179.39±2.50	3415.14

## 6. สรุป

ในงานวิจัยนี้ ผู้วิจัยได้นำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบขนานมาใช้ในการแก้ปัญหาการขัดขวางโครงข่ายแบบสโตนแคสติค จากการทดสอบกับตัวอย่างปัญหาและเปรียบเทียบผลการทดลองจากงานวิจัยที่เกี่ยวข้องพบว่า วิธีที่นำเสนอนี้สามารถให้คำตอบที่มีประสิทธิภาพและใช้เวลาในการประมวลผลน้อย

## 7. กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยนี้ได้รับทุนสนับสนุนจากเงินรายได้ประจำปีงบประมาณ 2556 คณะวิศวกรรมศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

## 8. เอกสารอ้างอิง

1. Van Slyke, R.M. and Wets, R., 1969, "L-shaped Linear Programs with Applications to Optimal Control and Stochastic Programming," *SIAM Journal on Applied Mathematics*, 17 (4).
2. Kall, P., Ruszczynski, A. and Frauendorfer, K., 1988, "Approximation Techniques in Stochastic

Programming," *Numerical Techniques for Stochastic Optimization*, 10, pp. 33-64.

3. Frauendorfer, K., 1992, *Stochastic Two-stage Programming*, Springer, Berlin.
4. Cormican, K., Morton, D.P. and Wood, R.K., 1998, "Stochastic Network Interdiction," *Operations Research*, 46, pp. 184-197.
5. Janjarassuk, U. and Linderoth, J., 2008, "Reformulation and Sampling to Solve a Stochastic Network Interdiction Problem," *Networks*, 52 (3), pp. 120-132.
6. Bertsimas, D. and Tsitsiklis, J.N., 1997, *Introduction to Linear Optimization*, Belmont, Athena Scientific.
7. Haupt, R.L. and Haupt, S.E., 2004, *Practical Genetic Algorithms*, John Wiley & Sons.
8. Burke, E.K. and Kendall, G., 2005, *Search Methodologies : Introductory Tutorials in Optimization and Decision Support Techniques*, Springer.