

กลยุทธ์วิวัฒนาการ Evolutionary Strategies

นอกเหนือไปจาก GA แล้ว กลยุทธ์วิวัฒนาการ (evolution strategies หรือ ES) เป็นกระบวนการที่จำลองการวิวัฒนาการแบบธรรมชาติอีกวิธีหนึ่ง ES ถูกนำเสนอครั้งแรกในช่วงต้นทศวรรษที่ 60 โดย Ingo Rechenberg และ Hans-Paul Schwefel นักศึกษาจาก Technical University of Berlin ประเทศเยอรมนี ES มีความแตกต่างไปจาก GA ตรงที่ได้รับการออกแบบสำหรับแก้ปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดโดยเฉพาะ นักศึกษาทั้งสองได้พยายามที่จะแก้ปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด ของพารามิเตอร์ของรูปร่างของร่างกายในสภาวะการไหล [Rechenburg, 1973][Schwefel, 1975] งานดังกล่าวกลายเป็นจุดกำเนิด ES ขึ้นมาในที่สุด งานของทั้งสองมีแนวคิดในเรื่องของวิวัฒนาการในวิวัฒนาการหรือ “the evolution of evolution” ด้วยแนวคิดดังกล่าวทำให้ ES มีความแตกต่างไปจากการคำนวณเชิงวิวัฒนาการอื่นๆ ที่ซึ่งมีการวิวัฒนาการในส่วนที่เป็นจีโนไทป์และฟีโนไทป์ ในขณะที่ ES จะเน้นเพียงการวิวัฒนาการในเชิงฟีโนไทป์เท่านั้น สำหรับ ES แล้ว แต่ละโครโมโซมจะถูกแทนด้วยส่วนที่เป็นยีนและพารามิเตอร์ของกลยุทธ์ (ที่มาของชื่อ ES) ที่เป็นแบบจำลองพฤติกรรมของโครโมโซมในสภาวะแวดล้อมของตัวมันเอง ดังนั้นการวิวัฒนาการจะประกอบไปด้วยการวิวัฒนาการทั้งส่วนที่เป็นยีนและส่วนที่เป็นพารามิเตอร์ของกลยุทธ์ โดยวิวัฒนาการของคุณลักษณะของยีนจะถูกควบคุมด้วยพารามิเตอร์ของกลยุทธ์ ข้อแตกต่างที่เด่นชัดอีกอย่างหนึ่งของ ES กับหลักการคำนวณเชิงวิวัฒนาการทั่วไป คือการเปลี่ยนแปลงของโครโมโซมหรือคำตอบของระบบ จะมาจากมิวเทชันเท่านั้น และจะเป็นสิ่งที่ทำให้เกิดวิวัฒนาการของคำตอบได้ กล่าวคือโครโมโซมที่ผ่านการทำมิวเทชัน (กลายพันธุ์) จะได้รับการยอมรับก็ต่อเมื่อผลของการทำมิวเทชันนั้นทำให้ค่าความเหมาะสม (fitness) ของโครโมโซมนั้นๆ ดีขึ้น ES เองยังมีข้อแตกต่างอีกหนึ่งอย่างคือโครโมโซมสายพันธุ์หรือโครโมโซมลูกหลาน (offspring) สามารถเกิดจากโครโมโซมต้นกำเนิดสายพันธุ์มากกว่าสองโครโมโซมได้

ES ถูกพัฒนาเพื่อเป็นทางเลือกใหม่สำหรับปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด ที่ซึ่งปัญหานั้นๆ ไม่มีฟังก์ชันวัตถุประสงค์ในผลเฉลยรูปแบบปิด (closed-form solution) หรือไม่มีวิธีการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดอื่นๆ ให้ใช้ได้ สิ่งที่แตกต่างกันที่ชัดเจนระหว่าง ES กับ GA คือ ES ใช้เพียงการทำมิวเทชันในการสืบค้นหาคำตอบใหม่ในแต่ละรุ่น ในหัวข้อต่อไปจะได้กล่าวถึงโครงสร้างต่างๆ ไปของ ES และ ES รูปแบบเฉพาะอื่นๆ

4.1 อัลกอริทึมกลยุทธ์วิวัฒนาการ Evolutionary Strategies Algorithm

อัลกอริทึมทั่วไปของ ES มีรายละเอียดดังต่อไปนี้ [Engelbrecht, 2002] (รูปแบบตัวแปรอาจมีความแตกต่างกันบ้างเพื่อเป็นรูปแบบเฉพาะของ ES)

▷ อัลกอริทึมกลยุทธ์วิวัฒนาการ

1. กำหนดรุ่นประชากรรุ่นแรก $g = 0$
2. กำหนดค่าเริ่มต้นของประชากรรุ่นที่ g คือ $C_g = \{\vec{C}_{g,n} | n = 1, \dots, \mu\}$ โดยที่ $\vec{C}_{g,n}$ เป็นรูปแบบโครโมโซมตัวที่ n และ μ คือจำนวนโครโมโซมต้นกำเนิดสายพันธุ์ทั้งหมด
3. ทำการประเมินค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม
4. ดำเนินขั้นตอนต่อไปนี้ สำหรับ $l = 1, \dots, \lambda$ โดยที่ λ คือจำนวนของโครโมโซมลูกหลาน
 - (a) สุ่มเลือกค่า $\rho \geq 2$ สำหรับจำนวนโครโมโซมต้นกำเนิดสายพันธุ์
 - (b) ดำเนินขั้นตอนครอสโอเวอร์ทั้งในส่วนที่เป็นจินเนติกและพารามิเตอร์ของกลยุทธ์
 - (c) ดำเนินขั้นตอนมิวเทชันทั้งในส่วนที่เป็นจินเนติกและพารามิเตอร์ของกลยุทธ์
 - (d) ประเมินค่าความเหมาะสมของโครโมโซมลูกหลาน
5. เลือกโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุด μ โครโมโซมจากโครโมโซมลูกหลาน หรือจากโครโมโซมต้นกำเนิดสายพันธุ์และโครโมโซมลูกหลาน เพื่อใช้ในการสร้างประชากรรุ่นใหม่ต่อไป
6. กำหนดให้ $g = g + 1$

จากอัลกอริทึมข้างต้น จะเห็นได้ว่า ES มีโครงสร้างที่ค่อนข้างง่ายเมื่อเปรียบเทียบกับ GA รายละเอียดขององค์ประกอบต่างๆ ในตัวอัลกอริทึมจะได้กล่าวถึงในหัวข้อถัดไป

4.2 รูปแบบโครโมโซม Chromosome Representation

สำหรับ ES แล้ว รูปแบบของโครโมโซมแต่ละตัวประกอบไปด้วยสองส่วน คือส่วนที่เป็นจีโนไทป์และฟีโนไทป์ ดังต่อไปนี้ (ตัวห้อยที่ใช้แทนรุ่นของประชากรถูกละไว้เพื่อความสะดวก)

$$C_n = (\vec{G}_n, S_n) \quad (4.1)$$

โดยที่ \vec{G}_n แทนส่วนที่เป็นเวกเตอร์ข้อมูลของยีน (จีโนไทป์) และ S_n แทนส่วนที่เป็นพารามิเตอร์ของกลยุทธ์ (คุณลักษณะเชิงพฤติกรรมของแต่ละโครโมโซมหรือฟีโนไทป์) หลักๆ แล้วส่วนที่เป็นพารามิเตอร์ของกลยุทธ์จะมีข้อมูลของการทำมิวเทชัน ซึ่งเป็นส่วนที่ทำให้เกิดการปรับตัวเองของอัตราการทำมิวเทชัน ตัวอย่างของพารามิเตอร์ของกลยุทธ์ที่ใช้ใน ES เช่นค่าเบี่ยงมาตรฐานของอัตราการทำมิวเทชัน โดยสำหรับแต่ละโครโมโซมจะแทนได้ด้วย

$$C_n = (\vec{G}_n, \sigma_n) \quad (4.2)$$

ที่ซึ่ง G_n แทนตัวแปรยีนขนาด L ตัวแปร และ σ_n เป็นค่าสเกลาร์

4.3 การทำครอสโอเวอร์ Crossover Operator

ใน ES ทั้งตัวแปรยีนและพารามิเตอร์ของกลยุทธ์จะถูกทำครอสโอเวอร์ ซึ่งการทำครอสโอเวอร์ดังกล่าวจะมีความแตกต่างไปจากการคำนวณเชิงวิวัฒนาการแบบอื่นๆ วิธีการทำครอสโอเวอร์ของ ES มีอยู่สองวิธีดังนี้

- **ครอสโอเวอร์แบบเฉพาะที่ (local crossover)** โครโมโซมลูกหลานจะถูกสร้างมาจากยีนที่ถูกสุ่มเลือกมาจากโครโมโซมต้นกำเนิดสายพันธุ์ 2 โครโมโซม
- **ครอสโอเวอร์แบบวงกว้าง (global crossover)** โครโมโซมต้นกำเนิดสายพันธุ์ทั้งหมดในกลุ่มประชากรจะมีส่วนในการสร้างโครโมโซมลูกหลาน กล่าวคือโครโมโซมต้นกำเนิดสายพันธุ์จะถูกสุ่มและยีนของโครโมโซมที่ได้จะถูกสุ่มขึ้นมาใช้สร้างโครโมโซมลูกหลาน

การทำครอสโอเวอร์ทั้งสองวิธีข้างต้นจะมีขั้นตอนการรวมตัวของยีนและพารามิเตอร์ของกลยุทธ์ ด้วยวิธีใดวิธีหนึ่งต่อไปนี้

- **การรวมตัวแบบดิสครีต (discrete recombination)** ที่ซึ่งคู่อินแท่ง จากโครโมโซมต้นกำเนิดสายพันธุ์จะถูกใช้ในการสร้างโครโมโซมลูกหลาน
- **การรวมตัวแบบระหว่างกลาง (intermediate recombination)** ที่ซึ่งคู่อินของโครโมโซมลูกหลานจะเป็นจุดกึ่งกลางของคู่อินจากต้นกำเนิดสายพันธุ์

รายละเอียดของการทำครอสโอเวอร์ใน ES ข้างต้นมีความแตกต่างไปจากในกรณีของ GA อยู่บ้าง อันเนื่องจากรูปแบบโครโมโซมของ ES ที่ซึ่งมีทั้งส่วนที่เป็นจีโนไทป์และฟีโนไทป์นั่นเอง

4.4 การทำมิวเทชัน Mutation Operator

การทำมิวเทชันใน ES เป็นส่วนสำคัญที่แตกต่างไปจากในกรณีของ GA สัญญาณรบกวนแบบเกาส์เซียน (Gaussian noise) ที่มีค่าเฉลี่ยศูนย์ถูกใช้ในการหาขนาดการทำมิวเทชันของ ES การทำมิวเทชันจะทำทั้งในส่วนที่เป็นยีน (ใน \vec{G}_n) และส่วนที่เป็นพารามิเตอร์ของกลยุทธ์ (ใน S_n) รายละเอียดการทำมิวเทชันจะขึ้นอยู่กับชนิดของพารามิเตอร์กลยุทธ์ที่ใช้ ตัวอย่างการทำมิวเทชันของโครโมโซมในรูป $C_n = (\vec{G}_n, \sigma_n)$ สามารถแบ่งได้ออกเป็น 2 ส่วน ดังรายละเอียดต่อไปนี้

1. **การทำมิวเทชันในส่วนค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานหรือ $\sigma_{g,n}$ สำหรับประชากรรุ่นที่ g และแต่ละโครโมโซม C_n** ระเบียบวิธีในการทำมิวเทชันของค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานมีความแตกต่างกันไป Rechenburg เป็นคนแรกได้นำเสนอวิธีการทำมิวเทชันเชิงศึกษาสำนึก (heuristic mutation) ที่เรียกว่ากฎความสำเร็จ 1/5 (1/5 success rule) [Rechenburg, 1973] กฎนี้ได้กล่าวไว้ว่าอัตราส่วนความสำเร็จในการทำมิวเทชันควรจะมีความ 1/5 ดังนั้นถ้าอัตราส่วนความสำเร็จในการทำมิวเทชันมีค่ามากกว่า 1/5 ค่าความเบี่ยงเบนจะต้องเพิ่มขึ้น มิฉะนั้นแล้วจะต้องมีค่าลดลง กล่าวคือ

$$\sigma_{g+t,n} = \begin{cases} c_d \sigma_{g,n} & \text{ถ้า } s_g < \frac{1}{5} \\ c_i \sigma_{g,n} & \text{ถ้า } s_g > \frac{1}{5} \\ \sigma_{g,n} & \text{ถ้า } s_g = \frac{1}{5} \end{cases} \quad (4.3)$$

โดยที่ s_g คือค่าความถี่ของความสำเร็จในการทำมิวเทชันในช่วงการวนรอบ t ส่วน c_d และ c_i เป็นค่าคงที่ การทำมิวเทชันที่สำเร็จเป็นผลที่เกิดขึ้นในโครโมโซมลูกหลานที่มีค่าความเหมาะสมดีกว่าต้นกำเนิดสายพันธุ์ Schwefel ได้นำเสนอกลยุทธ์การทำมิวเทชันของค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานดังนี้ [Schwefel, 1974]

$$\sigma_{g+1,n} = \sigma_{g,n} e^{\tau \xi_\tau} \quad (4.4)$$

โดยที่ $\tau = \sqrt{L}$ และ $\xi_\tau \sim N(0, 1)$ เป็นค่าสุ่มตัวเลขที่มีค่าแจกแจงปกติในช่วงระหว่าง 0 ถึง 1 อีกกลยุทธ์หนึ่งในการทำมิวเทชันของค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน ที่นำเสนอโดย Fogel [Fogel, 1992] คือ

$$\sigma_{g+1,n} = \sigma_{g,n} (1 + \tau \xi_\tau) \quad (4.5)$$

2. การทำมิวเทชันในส่วนที่เป็นยีนหรือ $\vec{G}_{g,n}$ ของแต่ละโครโมโซม ตามความสัมพันธ์ต่อไปนี้

$$\vec{G}_{g+1,n} = \vec{G}_{g,n} + \vec{\sigma}_{g+1,n} \vec{\xi} \quad (4.6)$$

โดยที่ $\vec{\xi}$ มีขนาดเท่ากับ L และมียีนประกอบย่อย $\xi_i \sim N(0, 1)$ เป็นค่าสุ่มตัวเลขที่มีค่าแจกแจงปกติในช่วงระหว่าง 0 ถึง 1 ($i = 1, \dots, L$)

โครโมโซมที่ผ่านการทำมิวเทชันตามกระบวนการข้างต้น จะถูกยอมรับถ้าค่าความเหมาะสมที่ได้รับการประเมินใหม่มีค่าดีกว่าของโครโมโซมเดิม กล่าวคือ

$$G_{g+1,n} = \begin{cases} G_{g,n} + \sigma_{g+1,n} \xi & \text{ถ้า } \mathcal{F}(G_{g,n} + \sigma_{g+1,n} \xi) \geq \mathcal{F}(G_{g,n}) \\ G_{g,n} & \text{อื่นๆ} \end{cases} \quad (4.7)$$

โดยที่ \mathcal{F} คือฟังก์ชันวัตถุประสงค์ของระบบและ $\xi \sim N(0, 1)$ เป็นค่าสุ่มตัวเลขที่มีค่าแจกแจงปกติในช่วงระหว่าง 0 ถึง 1 (กรณีนี้เครื่องหมาย \geq แสดงถึงว่าวัตถุประสงค์ที่มากกว่าจะให้คำตอบที่ดีกว่า) การทำมิวเทชันของ ES มีความแตกต่างไปจากของ GA อย่างเห็นได้ชัด โดยเฉพาะปฏิบัติการที่ทำกับค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน ซึ่งถือเป็นส่วนที่เป็นฟีโนไทป์ของโครโมโซม

4.5 การคัดเลือกสายพันธุ์ Selection Operator

สำหรับแต่ละรุ่นประชากร โครโมโซมลูกหลานจำนวน λ จะถูกสร้างขึ้นจากต้นกำเนิดสายพันธุ์จำนวน μ โครโมโซมโครโมโซมลูกหลานนี้จะผ่านการทำมิวเทชัน หลังจากปฏิบัติการทั้งครอสโอเวอร์และมิวเทชัน ES จะทำการคัดเลือกโครโมโซมสำหรับรุ่นถัดไป ได้มีการนำเสนอกลยุทธ์ในการคัดเลือกสายพันธุ์สำหรับ ES อยู่ 2 วิธีดังนี้

- $(\mu + \lambda)$ -ES ในกรณีนี้ ES จะทำการสร้างลูกหลาน λ โครโมโซมจากต้นกำเนิดสายพันธุ์ μ โครโมโซม ที่ซึ่ง $1 \leq \mu \leq \lambda < \infty$ ประชากรรุ่นใหม่จะประกอบไปด้วยโครโมโซมที่ดีที่สุดจำนวน μ โครโมโซมโดยการคัดเลือกจากต้นกำเนิดสายพันธุ์และลูกหลานทั้งสิ้น $\mu + \lambda$ โครโมโซม สำหรับ $(\mu + \lambda)$ -ES แล้วจะมีการใช้กลยุทธ์หัวกระติ (elitism) เพื่อรักษาต้นกำเนิดสายพันธุ์ที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดให้อยู่รอดในรุ่นถัดไป
- (μ, λ) -ES ในกรณีนี้ ประชากรรุ่นใหม่จะประกอบไปด้วยโครโมโซมที่ดีที่สุด μ โครโมโซม ที่ถูกคัดเลือกมาจากลูกหลานจำนวน λ โครโมโซม ใน (μ, λ) -ES มีเงื่อนไขคือ $1 \leq \mu < \lambda < \infty$

โดยใช้นิยามการคัดเลือกสายพันธุ์ข้างต้น จะได้ว่า ES รุ่นแรกคือ $(1+1)$ -ES ซึ่งนำเสนอโดย Rechenberg [Rechenberg, 1973] ES ดังกล่าวนั้นมีเพียงหนึ่งต้นกำเนิดสายพันธุ์และหนึ่งโครโมโซมลูกหลานเท่านั้น กฎความสำเร็จ 1/5 ถูกใช้ในการปรับค่าความเบี่ยงเบนของการทำมิวเทชัน รายละเอียดของ $(1+1)$ -ES จะได้กล่าวถึงในหัวข้อถัดไป

ES รุ่นแรกที่มีโครโมโซมมากกว่าหนึ่งคือ $(\mu + 1)$ -ES โดย Schwefel ใน ES รุ่นดังกล่าวมีโครโมโซมลูกหลานเพียง 1 โครโมโซม ที่ซึ่งถูกสร้างมาจากคู่ต้นกำเนิดสายพันธุ์ที่สุ่มเลือกมาจาก μ โครโมโซมและทำครอสโอเวอร์แบบจุดเดียว (single-point crossover) การเบี่ยงเบนของมิวเทชันใช้วิธีเดียวกับใน $(1+1)$ -ES ต่อมา มีการนำเสนอ $(\mu + \lambda)$ -ES ที่ซึ่งต้นกำเนิดสายพันธุ์มีโอกาสที่จะคงอยู่ในรุ่นต่อไปได้มากขึ้น

4.6 กลยุทธ์วิวัฒนาการแบบ 1+1 (1+1)-ES

พิจารณา ES ในรูปแบบที่ง่ายที่สุด ซึ่งมีองค์ประกอบหลักๆ ในรอบการค้นหาแต่ละรุ่น (generation) เพียงหนึ่งต้นกำเนิดสายพันธุ์ (parents) และหนึ่งสายพันธุ์ใหม่ (offspring) เท่านั้น ปฏิบัติการทางสายพันธุ์จะมีเพียงการทำมิวเทชัน ที่มีการแจกแจงแบบปกติ (normal distribution) โครงสร้างของ ES ดังกล่าวเรียกว่า $(1+1)$ -ES [Rechenburg, 1973] รายละเอียดแต่ละขั้นตอนของอัลกอริทึมของ $(1+1)$ -ES มีดังต่อไปนี้

▷ อัลกอริทึม (1+1)-ES

1. กำหนดจำนวนรุ่นสูงสุดที่จะทำการสืบค้นคำตอบเป็น M
2. เลือกพารามิเตอร์จำนวน L ตัวจากปัญหาที่ต้องการแก้ กำหนดพารามิเตอร์ต่างๆ ดังนี้

$$s_1, s_2, \dots, s_L \quad (4.8)$$

3. กำหนดช่วงการใช้งานของพารามิเตอร์แต่ละตัวในสมการ (4.8) ดังนี้

$$\{s_{1_{min}}, s_{1_{max}}\}, \{s_{2_{min}}, s_{2_{max}}\}, \dots, \{s_{L_{min}}, s_{L_{max}}\}, \quad (4.9)$$

4. กำหนดค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของแต่ละพารามิเตอร์ดังนี้

$$\sigma_1, \sigma_2, \dots, \sigma_L \quad (4.10)$$

5. กำหนดฟังก์ชันวัตถุประสงค์สำหรับปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด
6. สุ่มเลือกค่าเริ่มต้นของแต่ละพารามิเตอร์จากช่วงที่กำหนดไว้ใน (4.9) ของแต่ละพารามิเตอร์ พารามิเตอร์เริ่มต้นเหล่านี้จะเป็นประชากรเริ่มต้นสำหรับพารามิเตอร์ต้นกำเนิดสายพันธุ์ กำหนดให้ประชากรเริ่มต้นมีค่าดังนี้ (ด้วย 0 หมายถึงเป็นโครโมโซมประชากรรุ่นแรก)

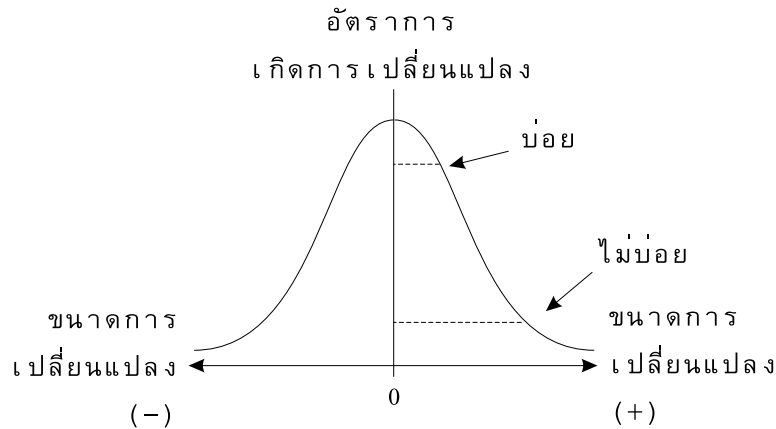
$$s_1^0, s_2^0, \dots, s_L^0 \quad (4.11)$$

7. คำนวณหาคำตอบของประชากรที่มีอยู่

$$y^0 = f(s_1^0, s_2^0, \dots, s_L^0) \quad (4.12)$$

8. สร้างพารามิเตอร์สายพันธุ์ใหม่ โดยทำการบวกพารามิเตอร์ต้นกำเนิดสายพันธุ์ด้วยตัวแปรสุ่ม r ที่ซึ่งมีการแจกแจงแบบปกติ ค่าเฉลี่ยเป็นศูนย์ (zero mean) และค่าเบี่ยงเบน σ ที่กำหนดไว้สำหรับแต่ละพารามิเตอร์ต้นกำเนิดสายพันธุ์ ดังความสัมพันธ์ต่อไปนี้

$$\begin{aligned} s_1^1 &= s_1^0 + r(0, \sigma_1) \\ s_2^1 &= s_2^0 + r(0, \sigma_2) \\ &\vdots \\ s_L^1 &= s_L^0 + r(0, \sigma_L) \end{aligned} \quad (4.13)$$



รูปที่ 4.1: การทำมิวเทชันแบบแจกแจงปกติและค่าเฉลี่ยเป็นศูนย์

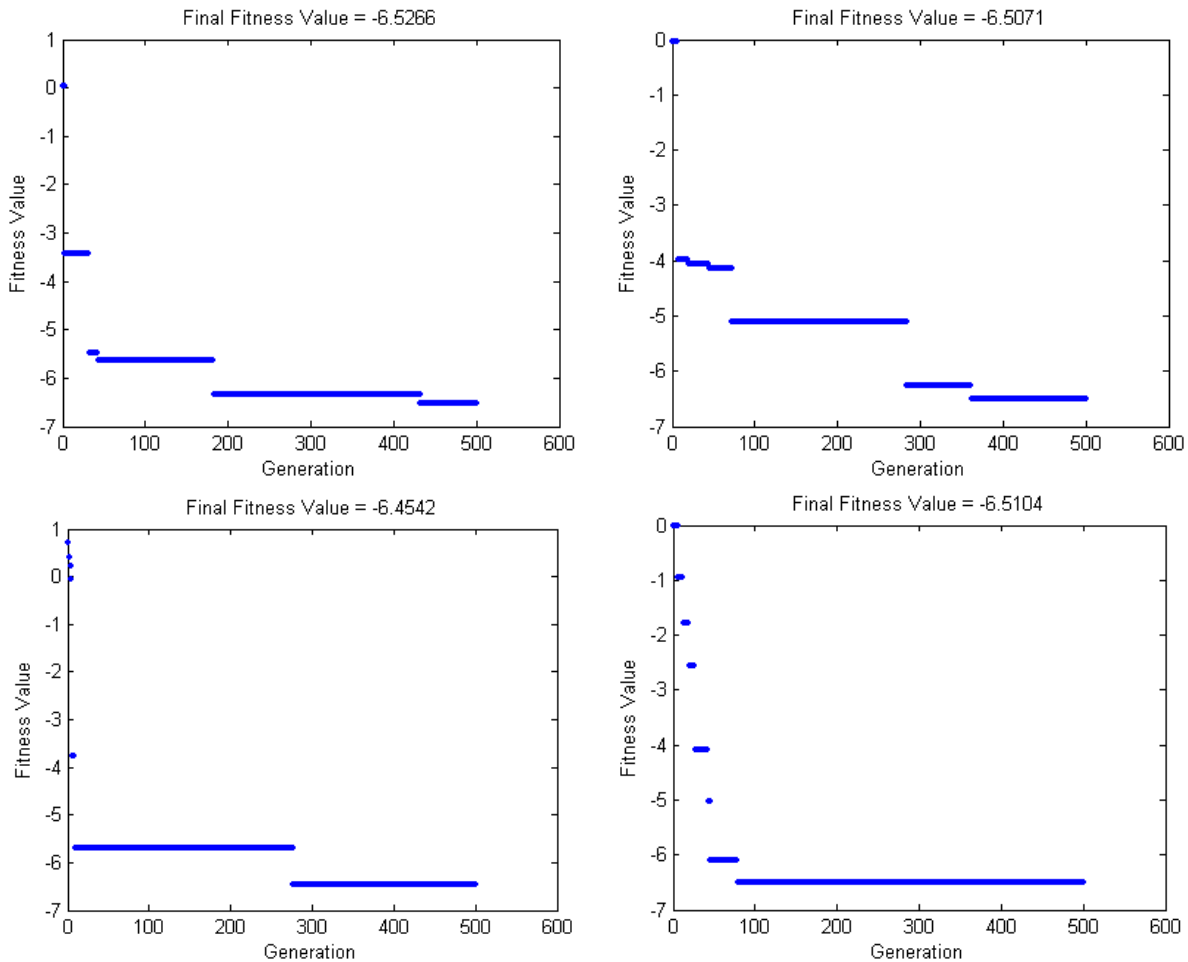
ขั้นตอนข้างต้นก็คือการทำมิวเทชัน (หรือการแปรผันพารามิเตอร์) นั่นเอง มิวเทชันที่มีการแจกแจงแบบปกติและค่าเฉลี่ยเป็นศูนย์นี้ ถือว่าเป็นการวิวัฒนาการแบบธรรมชาติ ที่ซึ่งการเปลี่ยนแปลงขนาดเล็กๆ จะเกิดขึ้นบ่อยกว่าการเปลี่ยนแปลงขนาดใหญ่ ดังแสดงในรูปที่ 4.1

9. คำนวณหาคำตอบของระบบจากพารามิเตอร์สายพันธุ์ใหม่ดังนี้

$$y^1 = f(s_1^1, s_2^1, \dots, s_L^1) \quad (4.14)$$

10. เปรียบเทียบคำตอบ y^1 จากพารามิเตอร์สายพันธุ์ใหม่กับคำตอบ y^0 จากพารามิเตอร์ต้นกำเนิดสายพันธุ์ ถ้าคำตอบ y^1 ดีกว่า ให้ทำการแทนที่ประชากรที่มีอยู่ด้วยประชากรสายพันธุ์ใหม่ ถ้าคำตอบ y^1 ไม่ดีกว่า ให้คงประชากรเดิมเอาไว้
11. เริ่มขั้นตอนที่ 7 ใหม่และทำซ้ำขั้นตอนทั้งหมด จนกระทั่งได้คำตอบที่ต้องการหรือจนกระทั่งถึง M (จำนวนรุ่นที่กำหนดไว้)

พิจารณาตัวอย่างการทดลองใช้ (1+1)-ES ในการค้นหาค่าต่ำที่สุดของฟังก์ชัน peaks เทียบกับตัวอย่างการทำงานของ GA รูปที่ 4.2 แสดงผลการทดลอง 4 ครั้ง จำนวนรุ่นสูงสุดในการทดลองนี้มีค่าเท่ากับ 500 รุ่น ค่าต่ำสุดของฟังก์ชัน peaks มีค่าอยู่ที่ประมาณ -6.5 จะเห็นว่าการเข้าสู่คำตอบมีความแตกต่างกัน รวมไปถึงผลลัพธ์สุดท้ายที่แตกต่างกันอันเนื่องมาจากการสุ่มของกระบวนการ ทำให้ผลลัพธ์ของแต่ละครั้งไม่เหมือนกัน รูปที่ 4.3 แสดงให้เห็นผลการหาคำตอบของ (1+1)-ES พร้อมทั้งแสดงการเปลี่ยนแปลงค่าเบี่ยงเบนของการทำมิวเทชันตามกฎความสำเร็จ 1/5 โดยมีการกำหนดจำนวนรุ่นสูงสุดในการค้นหาคำตอบเท่ากับ 200 และค่าคงที่ c_d และ c_i เท่ากับ 0.1 และ 1.9 ตามลำดับ ค่าคงที่ทั้งสองกำหนดให้มีค่าอัตราส่วนการเปลี่ยนแปลงของค่าความเบี่ยงเบนที่สูง เพื่อให้สามารถสังเกตได้จากผลการทดลอง ซึ่งจะเห็นได้ว่าเมื่อเกิดการมิวเทชันขึ้น ค่าเบี่ยงเบนจะเพิ่มมากขึ้น (สังเกตขนาดของค่าเบี่ยงเบนที่พุ่งสูงหรือต่ำขึ้น) ด้วยอัตราส่วน 90% ของค่าเดิม ในขณะที่ถ้าไม่มีการทำมิวเทชันในช่วงเวลาที่กำหนด ค่าความเบี่ยงเบนของมิวเทชันจะมีค่าลดลงเหลือเพียง 10% ของค่าเดิม ในที่นี้ ช่วงที่กำหนดสำหรับพิจารณากฎความสำเร็จ 1/5 มีค่าเท่ากับ 5 รุ่น



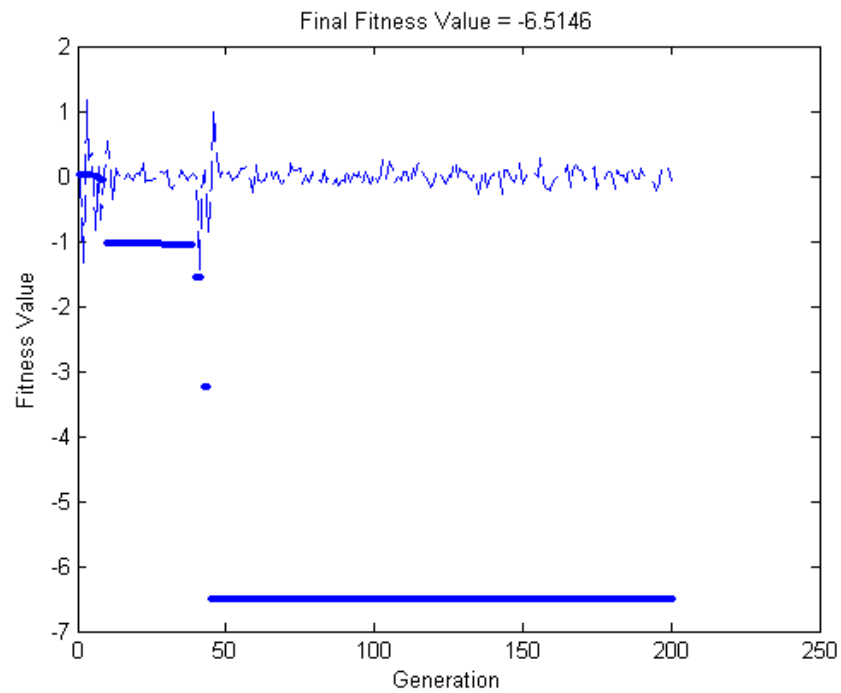
รูปที่ 4.2: ผลการทดลอง (1+1)-ES ในการหาค่าต่ำสุดของฟังก์ชัน peaks โดยทำการทดลองทั้งหมด 4 ครั้ง

4.7 สรุป

ES เป็นขบวนการที่สะท้อนความเป็นธรรมชาติของโครโมโซม ในความเป็นจริงแล้ว ยีน (gene) หนึ่งๆ อาจจะมีผลต่อคุณลักษณะหลายๆ อย่างของสิ่งมีชีวิตพร้อมๆ กันได้ ในทางตรงกันข้าม คุณลักษณะหนึ่งๆ ของสิ่งมีชีวิต อาจจะสามารถกำหนดได้จากการทำงานของหลายๆ ยีนก็ได้ โดยธรรมชาติแล้วจะเลือกปฏิบัติกับหลายๆ ยีน มากกว่าจะแยกเป็นยีนเดี่ยวๆ

ES สามารถใช้แก้ปัญหาได้หลากหลาย ทั้งแบบมีเงื่อนไขบังคับ (constrained) และแบบไม่มีเงื่อนไขบังคับ (unconstrained) และแบบไม่เป็นเชิงเส้น ES ให้ผลของคำตอบที่ดีกว่าวิธีดั้งเดิมหลายๆ วิธี ที่ซึ่งมีความยุ่งยากในการใช้งาน มีผลการทดลองที่ได้แสดงให้เห็นว่า (1+1)-ES เป็น ES รุ่นที่ง่ายที่สุดและมีประสิทธิภาพสูงสุดอีกด้วย

ข้อแตกต่างหลักๆ ระหว่าง GA กับ ES คือ GA ใช้ทั้งครอสโอเวอร์และมิวเทชัน ในขณะที่ ES ใช้เพียงมิวเทชัน นอกไปจากนั้นแล้ว ES ไม่จำเป็นต้องทำการเข้ารหัสโครโมโซมแต่อย่างใด ES จึงถือว่าเป็นวิธีการเชิงตัวเลข ถึงแม้ว่า GA จะสามารถใช้งานได้ครอบคลุมหลากหลายกว่า แต่การพัฒนาโปรแกรมเพื่อใช้งาน GA จะมีความยุ่งยากมากกว่า อย่างไรก็ดี ปัญหาต่างๆ ให้ผลต่อประสิทธิภาพของอัลกอริทึมที่แตกต่างกันไป จึงไม่อาจจะทำการเปรียบเทียบการใช้งานระหว่าง GA กับ ES ได้อย่างชัดเจน

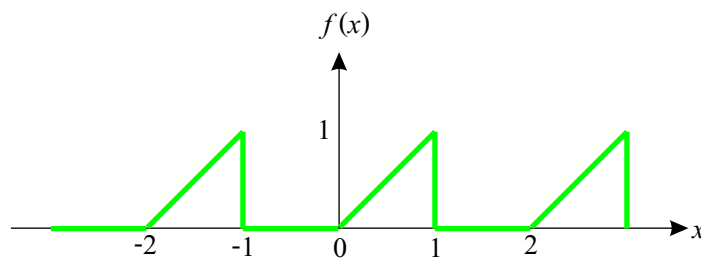


รูปที่ 4.3: ผลการทดลอง (1+1)-ES พร้อมการเปลี่ยนแปลงค่าเบี่ยงเบนของมิวเทชันตามกฎความสำเร็จ 1/5
(เส้นกราฟทางด้านบนแสดงค่าเบี่ยงเบนของมิวเทชัน)

[Handwritten signature]

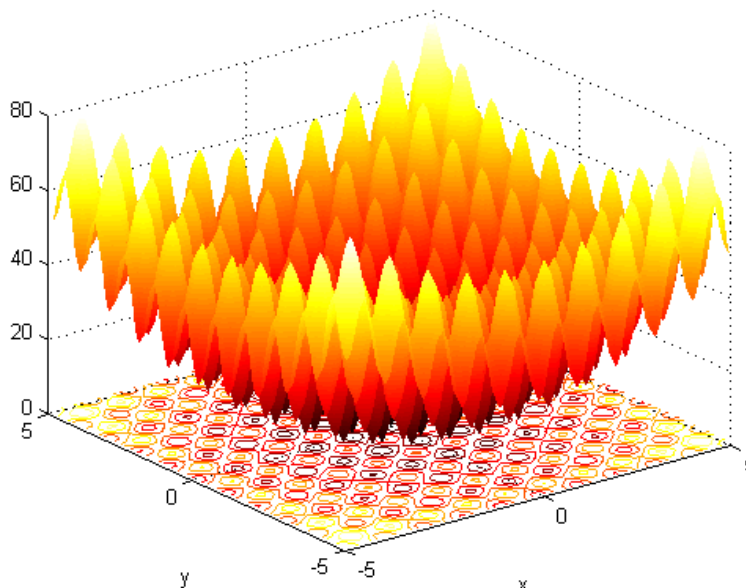
โจทย์คำถาม

- 4.1. ทำการปรับ (1+1)-ES ให้เป็น $(\mu+1)$ -ES เพื่อใช้หาค่าต่ำสุดของฟังก์ชัน peaks พร้อมทั้งทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพที่ได้ในทอมของการลู่เข้าสู่คำตอบ
- 4.2. จงออกแบบการทดลองเพื่อเปรียบเทียบขนาดของการเบี่ยงเบนของการทำมิวเทชันของ ES ที่มีผลต่อการลู่เข้าสู่ของคำตอบ ขนาดของการเบี่ยงเบนดังกล่าวสัมพันธ์กับขนาดของยีน (หรือตัวแปรของปัญหา) หรือไม่? อย่างไร?
- 4.3. จงออกแบบใช้ ES สำหรับค้นหาสมประสิทธิ์อนุกรมฟูรีเยร์ของฟังก์ชัน $f(x)$ ในรูปที่ 4.4 อธิบายรายละเอียดการออกแบบ แสดงและวิเคราะห์ผลที่ได้



รูปที่ 4.4: ฟังก์ชันฟันเลื่อย

- 4.4. พิจารณาฟังก์ชันของ Rastrigin $f(x, y) = 20 + x^2 + y^2 - 10(\cos 2\pi x + \cos 2\pi y)$ ในรูปที่ 4.5 ที่ซึ่งประกอบไปด้วยจุดต่ำสุดทั้งแบบวงแคบเฉพาะถิ่น (local minima) และแบบวงกว้าง (global minima) จงออกแบบใช้ ES ในการหาค่าต่ำสุดแบบวงกว้างของฟังก์ชันดังกล่าว โดยทำการปรับพารามิเตอร์ต่างๆ ของ ES เพื่อเปรียบเทียบผลลัพธ์ที่ได้

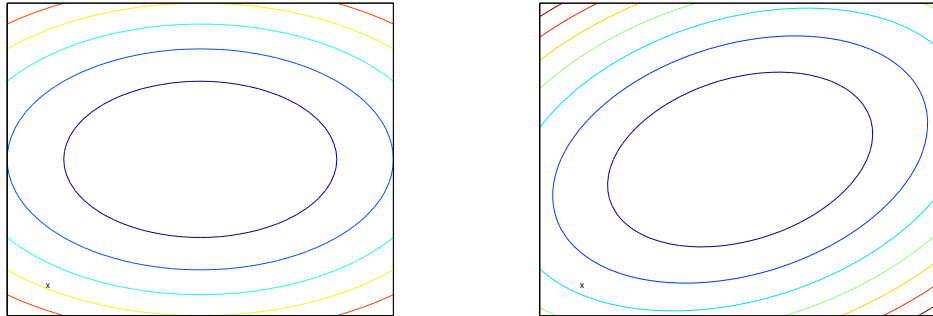


รูปที่ 4.5: ฟังก์ชัน Rastrigin

- 4.5. จงออกแบบการค้นหาคำตอบ โดยเปรียบเทียบกันระหว่าง GA และ ES สำหรับปัญหาต่อไปนี้

- พิจารณาฟังก์ชันวัตถุประสงค์ $f(x, y) = ax^2 + y^2$ โดยที่ $a > 1$ เป็นค่าไอเกน (ถ้า $a = 1$ จะได้พื้นผิวเป็นรูปวงกลม) รูปที่ 4.6-(ก) แสดงค่าพื้นผิวของฟังก์ชันดังกล่าว ซึ่งมีลักษณะเป็นรูประฆังหงาย (แต่รูปแสดงพื้นผิวด้านมุมมอง 2 มิติ) ส่วนรูปที่ 4.6-(ข) แสดงการหมุนของฟังก์ชันด้วยมุม θ ตามความสัมพันธ์ต่อไปนี้

$$\begin{bmatrix} x_r \\ y_r \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos \theta & -\sin \theta \\ \sin \theta & \cos \theta \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x \\ y \end{bmatrix}$$



รูปที่ 4.6: พื้นผิวฟังก์ชันวัตถุประสงค์ $f(x, y) = ax^2 + y^2$ (ก) $\theta = 0$ (ข) $\theta = 30^\circ$

- เริ่มต้นออกแบบ GA โดยใช้จำนวนโครโมโซมเพียง 1 ตัว แล้วให้ GA ค้นหาค่าต่ำสุดของฟังก์ชัน $f(x, y)$ โดยทำการปรับโครโมโซมด้วยการทำมิวเทชันเท่านั้น (เพราะมีโครโมโซมเพียง 1 ตัว) กำหนดจุดเริ่มต้นในการค้นหาคือตำแหน่ง x สังเกตการลู่เข้าสู่คำตอบ ในแง่ของทิศทางการลู่เข้าและจำนวนรุ่นที่ใช้จนกระทั่งเจอคำตอบ
- ค้นหาคำตอบด้วย GA อีก โดยทำการปรับมุม θ ของพื้นผิวฟังก์ชัน f ด้วยค่าต่างๆ สังเกตการลู่เข้าของคำตอบเทียบกับในกรณีที่ไม่มี การหมุนพื้นผิว กรณีนี้เทียบได้กับการเปลี่ยนจุดเริ่มต้นของการค้นหาคำตอบนั่นเอง
- เพิ่มจำนวนโครโมโซมเป็น 2 ตัว แล้วทำการทดสอบเหมือนเดิม ในกรณีนี้การปรับโครโมโซมให้มีการทำครอสโอเวอร์ด้วย สังเกตผลลัพธ์ที่ได้จากโครโมโซมทั้งหมด (ทั้งโครโมโซมต้นกำเนิดสายพันธุ์และโครโมโซมลูกหลาน) พร้อมทั้งวิเคราะห์และอภิปราย
- ทำตามขั้นตอนข้างต้นทั้งหมดอีกครั้งด้วย ES เปรียบเทียบผลที่ได้ พร้อมทั้งวิเคราะห์และอภิปรายผลที่ได้จาก ES แบบต่างๆ

Andries P. Engelbrecht. *Computational Intelligence: An Introduction*. Wiley, 2002. ISBN 0-470-84870-7.

D. Fogel. *Evolving Artificial Intelligence*. PhD thesis, University of California, San Diego, 1992.

Ingo Rechenburg. *Evolutionsstrategie: Optimierung technischer Systeme nach Prinzipien der Biologischen Evolution*. Frammann-Holzboog Verlag, Stuttgart, 1973.

Hans-Paul Schwefel. Adaptive mechanisms in der biologischen evolution und ihr einfluß auf die evolutionsgeschwindigkeit. Technical report, Technical University of Berlin, 1974.

Hans-Paul Schwefel. *Evolutionsstrategie und numerische Optimierung*. PhD thesis, Technical University of Berlin, 1975.



A handwritten signature in grey ink, consisting of stylized, overlapping horizontal and vertical strokes. To the right of the signature is a circular symbol with a dot in the center, resembling an '@' symbol or a specific calligraphic mark.