

การวางแผนเส้นทางการเยี่ยมชมจุดท่องเที่ยวภายใต้เงื่อนไขด้านงบประมาณ
โดยประยุกต์ใช้วิธีเชิงพันธุกรรม: กรณีศึกษาเมืองจำลอง จังหวัดชลบุรี

สุวิมล คำแสน¹ อธิวัฒน์ บุญมี^{*2}

สาขาวิชาวิศวกรรมอุตสาหการ คณะวิศวกรรมศาสตร์ กำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยาเขตกำแพงแสน อ.กำแพงแสน จ.นครปฐม 73140

และ อัมภิกา บุญมี³

ภาควิชาวิทยาศาสตร์พื้นฐานและพลศึกษา คณะวิทยาศาสตร์ ศรีราชา มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

วิทยาเขตศรีราชา อ.ศรีราชา จ.ชลบุรี 20110

บทคัดย่อ

บทความนี้ได้พิจารณาการแก้ปัญหาการวางแผนเส้นทางการเยี่ยมชมจุดท่องเที่ยวในเมืองจำลอง จังหวัดชลบุรี เพื่อให้ได้คะแนนรวมในการเดินมากที่สุดภายใต้เงื่อนไขด้านงบประมาณที่กำหนด ในการพัฒนาแนวทางการตัดสินใจ คณะผู้วิจัยประยุกต์ใช้เทคนิคทางเมตาสหวิริยศาสตร์ที่เรียกว่าวิธีเชิงพันธุกรรม เข้ามาพัฒนาเครื่องมือเพื่อช่วยในการวางแผนเพื่อให้ได้เส้นทางที่เหมาะสมที่สุด ในการแก้ปัญหาที่มีการพิจารณาเชื่อมโยงในส่วนของการกำหนดจำนวนนักท่องเที่ยวที่แตกต่างกัน จำนวนจุดเยี่ยมชมสูงสุด รวมไปถึงเงื่อนไขด้านงบประมาณในการเยี่ยมชมที่กำหนด นอกจากนี้ได้นำหลักการการเข้ารหัสแบบฮิวริสติกส์มาใช้ เพื่อป้องกันการติดอยู่ในคำตอบเฉพาะถิ่นและเพื่อปรับปรุงความสามารถในการค้นหาคำตอบที่เหมาะสมในปริภูมิคำตอบ ซึ่งจากผลการทดลองพบว่าวิธีเชิงพันธุกรรมมีผลเฉลยที่ดีกว่าขั้นตอนวิธีการหาเพื่อนบ้านใกล้เคียงที่สุด ที่ค่าเฉลี่ยร้อยละ 2.12 และดีกว่าวิธีการค้นหาตามค่าที่ดีที่สุด ที่ค่าเฉลี่ยร้อยละ 34.78

คำสำคัญ: การวางแผนเส้นทาง, เมตาสหวิริยศาสตร์, วิธีเชิงพันธุกรรม, เมืองจำลอง

* Corresponding author. E-mail: fengawbo@ku.ac.th

¹ นิสิต สาขาวิชาวิศวกรรมอุตสาหการ คณะวิศวกรรมศาสตร์ กำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน

² อาจารย์ สาขาวิชาวิศวกรรมอุตสาหการ คณะวิศวกรรมศาสตร์ กำแพงแสน มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน

³ อาจารย์ ภาควิชาวิทยาศาสตร์พื้นฐานและพลศึกษา คณะวิทยาศาสตร์ ศรีราชา มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตศรีราชา

Planning for Travel Itinerary Routes Under Time Duration Constrains Using Genetic Algorithm: A Case Study of Mini Siam, Chon Buri Province

Suwimon Khamsaen¹ Atiwat Boonmee*²

Department of Industrial Engineering, Faculty of Engineering at Kamphaeng Saen, Kasetsart
University Kamphaeng Saen Campus, Kamphaeng Saen, Nakhon Pathom 73140

and Ampika Boonmee³

Department of Basic Science and Physical Education, Faculty of Science at Si Racha, Kasetsart
University Si Racha Campus, Si Racha, Chon Buri 20110

Abstract

This article considers an Itinerary planning problem in Mini Siam, Chon Buri Province, with the aim of maximizing total score under the time constrain. We apply a well-known metaheuristic, called Genetic Algorithm (GA) to solve the problem, which captures the interrelationships existing among the different number of tourists, the total number of visit points as well as the time constraint of visiting the site. Moreover, the encoding based on heuristic is used to improve the possibility of finding an optimal solution in the search space. Our numerical studies reveal that the solution provided by the genetic algorithm outperforms the nearest neighborhood algorithm by 2.12 percent and the best first search algorithm by 34.78 percent.

Keywords: Travel itinerary planner, Metaheuristic, Genetic Algorithm, Mini Siam

* Corresponding author. Email: fengawbo@ku.ac.th

¹ Student in Department of Industrial Engineering, Faculty of Engineering at Kamphaeng Saen, Kasetsart University Kamphaeng Saen Campus.

² Lecturer in Department of Industrial Engineering, Faculty of Engineering at Kamphaeng Saen, Kasetsart University Kamphaeng Saen Campus.

³ Lecturer in Department of Basic Science and Physical Education, Faculty of Science at Si Racha, Kasetsart University Si Racha Campus.

1. บทนำ

ปัจจุบันเมืองจำลอง จังหวัดชลบุรี เป็นแหล่งท่องเที่ยวที่ได้รับความนิยมเป็นอย่างมาก ซึ่งเป็นสถานที่รวบรวมสถาปัตยกรรม ปูนียสถาน และโบราณสถานขนาดจำลองทั้งของประเทศไทยและต่างประเทศรวมกว่า 90 แห่ง ด้วยจำนวนจุดเที่ยวชมที่มีมากมาย จึงเป็นปัญหานักท่องเที่ยวที่มาในรูปแบบกลุ่มหรือหมู่คณะที่มีเวลาในการเที่ยวชมที่จำกัด ส่งผลให้กลุ่มนักท่องเที่ยวพลาดสถานที่สำคัญ หรือสถานที่ที่เป็นที่นิยม ดังนั้นเพื่อความสะดวกในการตัดสินใจวางแผนเส้นทางการเยี่ยมชมจุดท่องเที่ยวในเมืองจำลอง ให้สามารถเที่ยวชมได้อย่างเหมาะสมภายใต้กรอบเวลารวมที่จำกัด ซึ่งประกอบด้วยเวลาในการเดินทางระหว่างสถานที่แต่ละแห่งและเวลาในการแวะเที่ยวชมในแต่ละสถานที่ซึ่งใช้เวลาที่แตกต่างกัน คณะผู้วิจัยจึงได้ออกแบบเครื่องมือเพื่อช่วยในการตัดสินใจในการวางแผนเส้นทางการเยี่ยมชมเมืองจำลองให้กับนักท่องเที่ยว โดยประยุกต์ใช้เทคนิคทางเมตะฮิวริสติกส์ที่เรียกว่าวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm: GA) ซึ่งจะสามารถอำนวยความสะดวกให้กับนักท่องเที่ยวในเรื่องการวางแผนในการเดินทางชมเมืองจำลองได้อย่างทั่วถึง และคุ้มค่าในเวลาที่จำกัด โดยให้ได้คะแนนในการเที่ยวชมมากที่สุด และนอกจากนี้วิธีการที่นำเสนอยังสามารถประยุกต์ใช้เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการบริหารจัดการธุรกิจอื่นที่มีลักษณะใกล้เคียงกันให้มีศักยภาพในการแข่งขันได้อีกด้วย

ในงานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์คือ สร้างโครงข่ายเส้นทางของเมืองจำลองเพื่อนำไปหาเส้นทางการเยี่ยมชมจุดท่องเที่ยวในเมืองจำลองให้นักท่องเที่ยวที่มีเวลาในการเดินทางเที่ยวชมที่จำกัด โดยให้ได้คะแนนรวมในการเยี่ยมชมจุดท่องเที่ยวมีค่ามากที่สุด และพัฒนาเครื่องมือช่วยในการตัดสินใจโดยประยุกต์ใช้วิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อหาคำตอบที่ใกล้เคียงคำตอบที่เหมาะสมที่สุด (Near Optimal) โดยมีขอบเขตการวิจัยคือ ศึกษาเส้นทาง และระยะทางระหว่างสถานที่ต่างๆ ภายในเมืองจำลอง โดยกำหนดระยะทางระหว่างสถานที่ต่างๆ เป็นระยะทางจริง (Real Distance) และใช้ความเร็วของการเดินทางตามมาตรฐานการเดินทาง โดยพิจารณากรอบเวลาสูงสุดที่นักท่องเที่ยวมีการเยี่ยมชม

สถานที่ต่างๆ ภายในเมืองจำลองที่แตกต่างกัน (ภายในกรอบเวลาสูงสุด พิจารณาเวลา 2 ส่วน คือ 1. เวลาในการเดินทางระหว่างจุด และ 2. เวลาแวะเยี่ยมชมแต่ละจุด) ทำการกำหนดค่าน้ำหนักคะแนนในแต่ละจุดเยี่ยมชม ให้มีคะแนนแตกต่างกันตามชื่อเสียง หรือความนิยมของนักท่องเที่ยว และพิจารณาจำนวนนักท่องเที่ยวที่มาแบบกลุ่มหรือหมู่คณะที่แตกต่างกัน

2. ทฤษฎี และงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

คณะผู้วิจัยได้นำทฤษฎีต่างๆ มาประยุกต์ใช้ เพื่อพัฒนาเครื่องมือในการวางแผนเส้นทางการเยี่ยมชมจุดท่องเที่ยวภายใต้เงื่อนไขด้านกรอบเวลา ซึ่งมีทฤษฎีที่ถูกนำมาใช้ในงานวิจัยนี้ ดังนี้

2.1 ขั้นตอนวิธีของไดคัสตรา (Dijkstra's Algorithm)

ในปี ค.ศ.1959 ถูกคิดค้นขึ้นโดยนักวิทยาการคอมพิวเตอร์ชาวดัตช์ชื่อว่า แอ็ดส์เคอร์ ไดคัสตรา [1] เพื่อแก้ไขปัญหาเส้นทางที่สั้นที่สุดจากจุดหนึ่งใดๆ สำหรับกราฟที่มีความยาวของเส้นเชื่อมไม่เป็นลบ

2.2 มาตรฐานการเดินทาง

พิชิต และคณะ [2] ได้ทำการศึกษาการเดินทางของผู้พิการ และคนปกติ โดยป้ายหมึกทั่วพื้นรองเท้า และให้เดินบนกระดานที่ปูบนพื้น ยาว 6 เมตร ด้วยรองเท้าคู่ที่ใส่เดินประจำ โดยครั้งแรกให้เดินด้วย ความเร็วปกติ ส่วนครั้งที่สองให้เดินเร็ว บันทึกข้อมูลทั้งสองครั้งโดยแพทย์ประจำบ้านเวชศาสตร์ฟื้นฟู คณะผู้วิจัยมุ่งเน้นในประเด็นเรื่องมาตรฐานในการเดินทางของคนปกติ จึงสรุปคุณลักษณะในการเดินทางปกติของคนปกติได้ ดังตารางที่ 1

ตารางที่ 1 คุณลักษณะการเดินทาง

คุณลักษณะการเดินทาง	คนปกติ
ความเร็วการเดินทาง	1.22 (เมตร/วินาที)
ความกว้างการเดินทาง	9.91 (เซนติเมตร)
ความยาวก้าว	132.62 (เซนติเมตร)
จังหวะในการเดิน	119.2 (ก้าว/นาที)

2.3 เมตะฮิวริสติกส์ (Metaheuristics)

เมตะฮิวริสติกส์ [3] เป็นวิธีที่ได้จากการพัฒนาและดัดแปลงวิธีฮิวริสติกส์ให้มีความยืดหยุ่นในการหาผลเฉลยของปัญหาการตัดสินใจใดๆ ที่มีความซับซ้อนและมีตัวแปรตัดสินใจจำนวนมากได้อย่างรวดเร็ว และมีประสิทธิภาพถึงแม้ผลเฉลยที่ได้อาจไม่ใช่ผลเฉลยที่ให้ค่าเหมาะที่สุดหรือไม่สามารถรับประกันผลเฉลยที่ดีในทุกครั้งที่ทำการประมวลผลได้ แต่ผลเฉลยที่ได้เป็นที่ยอมรับ และค้นหาได้ภายในระยะเวลาอันเหมาะสม

วิธีที่เป็นที่นิยมของนักวิจัยเป็นอย่างมากวิธีหนึ่งคือ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm: GA) ในปี ค.ศ.1975 John H. Holland [4] ได้นำ GA มาประยุกต์ใช้ในการแก้ปัญหาโดยจะเริ่มจากความน่าจะเป็นของคำตอบที่เป็นไปได้ด้วยวิธีการสุ่ม โดยเรียกสมาชิกในประชากรปัจจุบันว่าฟิตเนส (Fitness) และขั้นตอนการทำซ้ำจะใช้กระบวนการสุ่มเพื่อฟิตสมาชิกที่มีอยู่ของประชากรปัจจุบันในการเลือกสมาชิกเพื่อเป็นพ่อแม่พันธุ์ และคู่พ่อแม่ที่ได้จากการสุ่มจะให้กำเนิดลูก 2 คน และรักษาเด็กไว้ให้เพียงพอของสมาชิกที่ดีที่สุดของประชากรปัจจุบันในการฟอร์มประชากรขึ้นมาใหม่ที่มีขนาดเดียวกันในการทำซ้ำขั้นตอนต่อไปโดยเรียกสมาชิกใหม่ (ลูก) ของประชากรใหม่นี้ว่า ฟิตเนส (Fitness) การหยุดกระบวนการจะใช้ได้หลากหลายข้อกำหนด คือการกำหนดการทำซ้ำ กำหนดเวลา หรือกำหนดจำนวนซ้ำที่ติดต่อกันโดยไม่มีการปรับปรุงหากพบวิธีการแก้ปัญหาที่ดีที่สุดที่อยู่ไกลๆ โดยคำตอบของปัญหานั้นขึ้นอยู่กับโครงสร้างที่เฉพาะเจาะจงของปัญหา หลังจากนั้นในปี ค.ศ. 1989 David Goldberg ได้ตีพิมพ์หนังสือที่อธิบายรายละเอียดต่างๆ ตลอดจนการนำไปประยุกต์ใช้ ซึ่งเป็นส่วนทำให้เป็นที่รู้จักจนกลายเป็นที่นิยมของนักวิจัยอย่างแพร่หลาย ปัจจุบันงานวิจัยจำนวนมากได้นำ GA มาใช้ในการแก้ปัญหา เช่น การจัดเส้นทางเดินรถในรูปแบบของการลดเวลาในการเดินทาง ลดจำนวนรถที่ใช้ในการขนส่ง เพิ่มประสิทธิภาพในการขนส่ง พบว่าการหาคำตอบที่เหมาะสมด้วยวิธี GA นั้น สามารถแก้ปัญหาได้อย่างมีประสิทธิภาพและตอบโจทย์ความต้องการในการแก้ปัญหาได้เป็นอย่างดี พควีร์ และคณะ [5] ได้ศึกษาเส้นทางที่สั้นที่สุดในการขนส่งวัตถุดิบให้กับลูกค้า และ สร้างรูปแบบการจัดการการขนส่งของกรณีศึกษาที่เป็นบริษัทขาย

วัสดุก่อสร้าง โดยนี้ได้ทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธี (Algorithms) ในการหาเส้นทางที่สั้นที่สุดของปัญหาการเดินทางของพนักงานขาย (Travelling salesman problem: TSP) ทั้งหมด 4 วิธี คือ วิธีแบบละโมบ (Greedy Algorithms) วิธี Saving Algorithms วิธี Nearest Algorithms และวิธี GA จากการเปรียบเทียบพบว่าขั้นตอนวิธี GA สามารถหาเส้นทางที่สั้นที่สุดได้ นอกจากนี้ปรัชญา [6] ได้ทำการปรับปรุงระบบการขนส่งของบริษัทกรณีศึกษาที่ผลิตผลิตภัณฑ์ประเภท เบเกอร์ ซึ่งปัญหาคือการจัดเส้นทางเดินรถในปัจจุบันไม่มีการใช้ข้อมูลเชิงตัวเลขประกอบ อีกทั้งยังเกิดอุบัติเหตุบ่อยครั้ง และแม้ว่าจะผลิตได้อย่างรวดเร็ว ผลิตภัณฑ์ก็จะถูกนำมาวางกองเพื่อทำการจัดเรียงเพื่อแยกลูกค้าอีกครั้ง ทำให้เสียเวลาต่อการขนส่ง ดังนั้นการคำนวณการจัดเส้นทางเดินรถโดยวิธี GA จะช่วยในการคำนวณหาเส้นทางเดินรถใหม่แบบมีจุดเปลี่ยนถ่ายสินค้าที่มีระยะทางรวมสั้นที่สุดจากจำนวนการสุ่ม ซึ่งทำให้การคำนวณได้ผลลัพธ์ คือระยะทางรวม 3,158 กิโลเมตร ซึ่งสั้นกว่าวิธีปัจจุบันคือ 6,354 กิโลเมตร ลดลง 3,196 กิโลเมตร หรือร้อยละ 50 จากการที่ใช้รถบรรทุกขนาดกลาง และขนาดใหญ่อย่างละ 2 คันในการขนส่งสินค้าสู่จุดเปลี่ยนถ่าย 4 แห่งใน 8 จังหวัด และใช้รถกระบะ 1 คัน และรถบรรทุกขนาดกลาง 3 คัน ในการขนส่งจากจุดเปลี่ยนถ่ายไปสู่ลูกค้า และในปี พ.ศ. 2556 พงศกร [7] ได้นำเสนอ รูปแบบการวิเคราะห์ปัญหาการจัดเส้นทางสำหรับยานพาหนะ (VRP) และวิธีเมตะฮิวริสติกส์ (Metaheuristic) ด้วยวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) เข้ามาประยุกต์ช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในงานก่อสร้าง โดยทำการเขียนโปรแกรมขึ้นโดยใช้ VBA เพื่อเป็นเครื่องมือช่วยหาคำตอบ แล้วทดสอบเปรียบเทียบกับโปรแกรมสำเร็จรูป Evolver และพบว่า รูปแบบปัญหา VRP มีอยู่จริงในงานก่อสร้างและมีความสำคัญ ได้เครื่องมือช่วยในการหาคำตอบที่มีคุณภาพโดยกระบวนการของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่ายแสดงได้ดังรูปที่ 1

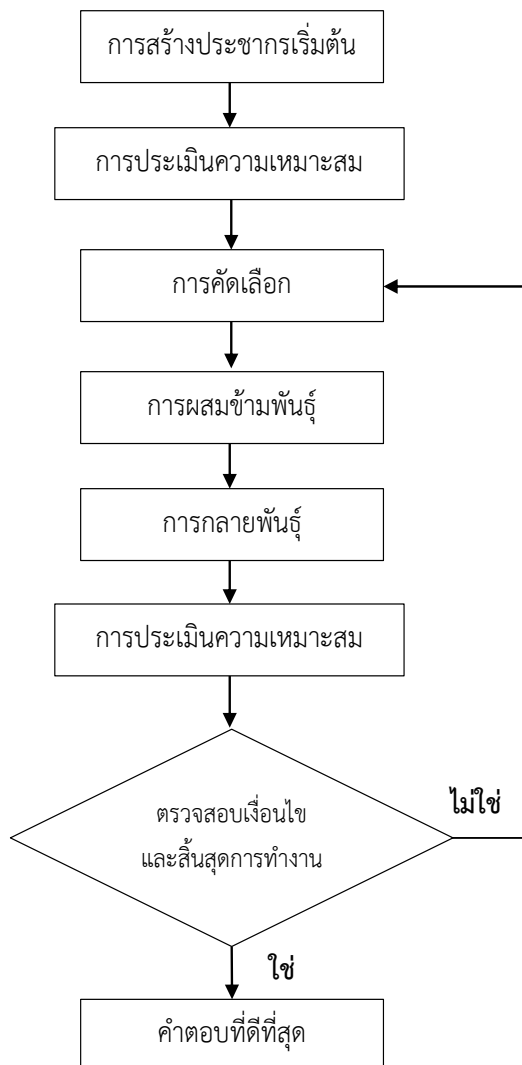
2.4 วิธีเพื่อนบ้านใกล้สุด (Nearest Neighbors: NN)

วิธีเพื่อนบ้านใกล้สุด [8] เป็นวิธีการในการจัดแบ่งคลาส โดยจะตัดสินใจว่าคลาสใดที่จะแทนเงื่อนไขหรือกรณีใหม่ ๆ ได้บ้างเป็นวิธีการหนึ่งสำหรับ แก้ปัญหาประมาณค่า

ฟังก์ชันนอนพาราเมตริกสำหรับ การจำแนกกลุ่มของข้อมูลที่ไม่เป็นรูปร่างที่ดี หรือ ข้อมูลที่กระจัดกระจาย โดยทำการตรวจสอบจำนวนบางจำนวนของกรณีหรือเงื่อนไขที่เหมือนกัน หรือ โกล่เคียงกันมากที่สุด เท่ากับจำนวน k ที่ต้องการ โดยการหาระยะทางที่ใกล้สุด

2.5 วิธีค้นหาตามค่าที่ดีที่สุด (Best First Search: BFS)

วิธีค้นหาตามค่าที่ดีที่สุด [9] เป็นการค้นหาแบบที่ดีที่สุดก่อน เป็นเทคนิคที่ง่ายที่สุดโดยการหาเส้นทางต้องผ่านทุกโหนดในกราฟซึ่งจะนำมาแก้ปัญหา Minimum Spanning Tree และการแก้ปัญหา Shortest Path ซึ่งคำตอบที่ได้จากขั้นตอนวิธีค้นหาตามค่าที่ดีที่สุด อาจจะไม่ใช่คำตอบที่ดีที่สุด โดยหลักการของวิธีนี้คือการเลือกโหนดที่ดีที่สุดตลอดเวลา



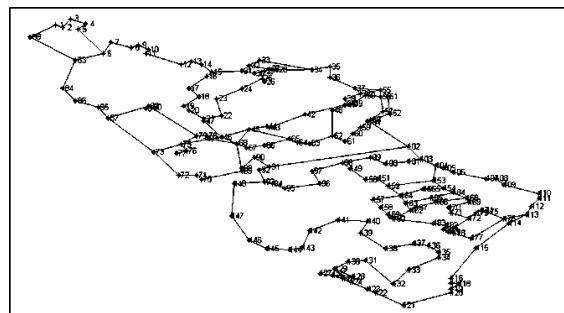
รูปที่ 1 ขั้นตอนการหาคำตอบด้วยวิธีเชิงพันธุกรรม

3. วิธีดำเนินการวิจัย

เพื่อให้เห็นถึงการทำงานและประสิทธิภาพของเครื่องมือที่ทำการพัฒนาคณะผู้วิจัยจึงได้ออกแบบวิธีดำเนินการวิจัยไว้ ดังนี้

3.1 สร้างโครงข่ายของเส้นทางและคำนวณหาเส้นทางที่สั้นที่สุด

ในการวางแผนเส้นทาง การเชื่อมต่อจุดท่องเที่ยว คณะผู้วิจัยได้ทำการประยุกต์ใช้วิธีโคสโตรรา ในการสร้างโครงข่ายของเส้นทางและคำนวณหาเส้นทางที่สั้นที่สุดระหว่างจุดเชื่อมต่อในเมืองจำลอง โดยใช้หลักการหาเส้นทางที่สั้นที่สุด (Shortest Path) โดยในการเก็บข้อมูลเพื่อสร้างโครงข่ายนั้น คณะผู้วิจัยได้ใช้เครื่องหาพิกัดสัญญาณดาวเทียม GPS เพื่อเก็บข้อมูลพิกัดในรูปแบบคู่อันดับ (x,y) ของแต่ละโหนด (จุดเชื่อมต่อ) และพิกัดของจุดทางแยกของเส้นทางที่สามารถเดินทางผ่านได้ทั้งหมด และนำข้อมูลพิกัดที่ได้มาสร้างเป็นโครงข่ายเส้นทางเพื่อให้ได้ระยะทางที่สั้นที่สุดที่สามารถเดินทางได้จริงระหว่างโหนด โดยประยุกต์ใช้ภาษา MATLAB และนำโครงข่ายเส้นทางที่ได้ไปหาระยะทางจริงที่สั้นที่สุดระหว่างจุด และนำข้อมูลระยะทางที่ได้ไปคำนวณออกมาเป็นระยะเวลาเดินทางระหว่างจุด โดยใช้มาตรฐานการเดินทาง โครงข่ายเส้นทางที่ได้นั้น แสดงดังรูปที่ 2



รูปที่ 2 โครงข่ายและเส้นทางที่สั้นที่สุดของจุดเชื่อมต่อในเมืองจำลอง

3.2 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ขั้นตอนที่ 1 การสร้างประชากรเริ่มต้น (Initial Population) เริ่มจากการเข้ารหัส (Encoding) สำหรับชุดประชากรเริ่มต้นประกอบด้วย 2 รูปแบบ คือ 1) เข้ารหัสโดย

ใช้ขั้นตอนวิธีการเพื่อนบ้านใกล้ที่สุด (Nearest Neighbor) จำนวนร้อยละ 10 ของจำนวนประชากรทั้งหมด กรณีที่ร้อยละ 10 ของประชากรมีค่าน้อยกว่า 1 จะทำการปิดขึ้นเป็น 1 หรือให้มีประชากรที่เข้ารหัสโดยวิธีการเพื่อนบ้านใกล้ที่สุดอย่างน้อย 1 ประชากร จากประชากรทั้งหมด 2) เข้ารหัสโดยใช้การสุ่มค่าคำตอบที่อยู่ในขอบเขตของปริภูมิคำตอบ (Solution Space) ด้วยการแจกแจงแบบสม่ำเสมอระหว่าง $[0,1]$ จำนวนร้อยละ 90 ของจำนวนประชากรทั้งหมด โดยจำนวนยีนเท่ากับจำนวนจุดเยี่ยมชม ตัวอย่างการเข้ารหัสความยาวโครโมโซมเท่ากับ 10 จำนวน 4 โครโมโซม โดยโครโมโซม V_1 เข้ารหัสด้วยวิธีการเพื่อนบ้านใกล้ที่สุด แสดงดังรูปที่ 3

V_1	0.0010	0.0020	0.0030	0.0040	0.0050	0.0060	0.0070	0.0080	0.9999	0.9999
V_2	0.7628	0.7234	0.8436	0.9317	0.2838	0.9433	0.4918	0.7861	0.0253	0.5493
V_3	0.5242	0.7990	0.5215	0.2382	0.1448	0.7767	0.0840	0.6958	0.6678	0.5577
V_4	0.6994	0.3051	0.0176	0.3836	0.1625	0.7742	0.3639	0.7706	0.2958	0.7503

รูปที่ 3 การเข้ารหัสของประชากร

ขั้นตอนที่ 2 การประเมินความเหมาะสม (Fitness Evaluation) จากโครโมโซมที่สร้างขึ้นในขั้นตอนที่แล้วนั้น ในขั้นตอนนี้จะเป็นการถอดรหัส (Decoding) เพื่อนำมาประเมินค่าวัตถุประสงค์ (Objective) หรือ คะแนนรวมสูงสุดตามที่โจทย์ต้องการภายใต้กรอบเวลาในการเดินทางที่จำกัด โดยใช้หลักการเรียงลำดับจากความสำคัญน้อยไปหามาก (Ranked Order Value: ROV) แสดงดังรูปที่ 4 เมื่อนำโครโมโซมที่ได้จากการเรียงลำดับมาถอดรหัสได้ดังรูปที่ 5 เช่น โครโมโซมที่ 1 (V_1) เมื่อเรียงลำดับจากน้อยไปหามากตำแหน่งยีนคือ 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 จึงหมายถึง ลำดับในการแวะจุดเยี่ยมชมคือ จุดที่ 1→2→3→4→5→6→7→8→9→10 นั่นเอง หรือ โครโมโซมที่ 4 (V_4) เมื่อเรียงค่าสุ่มจากน้อยไปหามากลำดับตำแหน่งยีนคือ 3, 5, 9, 2, 7, 4, 1, 10, 8, 6 จึงหมายถึงลำดับในการแวะจุดเยี่ยมชมคือ จุดที่ 3→5→9→2→7→4→1→10→8→6 ตามลำดับ

V_1	0.0010	0.0020	0.0030	0.0040	0.0050	0.0060	0.0070	0.0080	0.9999	0.9999
V_2	0.0253	0.2838	0.4918	0.5493	0.7234	0.7628	0.7861	0.8436	0.9317	0.9433
V_3	0.0840	0.1448	0.2382	0.5215	0.5242	0.5577	0.6678	0.6958	0.7767	0.7990
V_4	0.0176	0.1625	0.2958	0.3051	0.3639	0.3836	0.6994	0.7503	0.7706	0.7742

รูปที่ 4 การเรียงลำดับจากน้อยไปหามาก

V_1	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
V_2	9	5	7	10	2	1	8	3	4	6
V_3	7	5	4	3	1	10	9	8	6	2
V_4	3	5	9	2	7	4	1	10	8	6

รูปที่ 5 การถอดรหัส (Decoding)

ในแต่ละโครโมโซมจะมีตัวเลข ซึ่งตัวเลขที่แสดงในยีนแต่ละยีนจะบ่งบอกถึงจุดเยี่ยมชม และตำแหน่งของยีนจะแสดงถึงลำดับการเดินทางในแต่ละจุดเยี่ยมชม สามารถคำนวณหาค่าวัตถุประสงค์ ซึ่งคือคะแนนในการเที่ยวชมรวมสูงสุด (Maximize Weight) ได้จากสมการที่ (1)

$$Weight = \sum W_i \quad (1)$$

เมื่อ $Weight$ คือ คะแนนรวมที่ได้ในแต่ละจุด
 W_i คือ คะแนนของจุด เมื่อ i แทนจุดที่นักท่องเที่ยวเยี่ยมชม

และสามารถคำนวณเวลาในการเดินทางทั้งหมดได้จากสมการที่ (2)

$$T = T_{in} + \sum t_{ij} + \sum T_i + T_{out} \quad (2)$$

เมื่อ T คือ เวลาทั้งหมดที่ใช้ในการเดินทางแวะชมจุดท่องเที่ยว (Total Time)
 T_{in} คือ เวลาจากทางเข้าไปยังจุดแรก
 T_{out} คือ เวลาจากจุดสุดท้ายไปยังทางออก
 T_i คือ เวลาในการแวะชมจุดท่องเที่ยว (Visit Time)

t_{ij} คือ เวลาที่ใช้ในการเดินทางจากจุด i ไป j

ขั้นตอนที่ 3 การผสมข้ามพันธุ์ (Crossover) ในขั้นตอนนี้เลือกกำหนดวิธีผสมข้ามพันธุ์แบบ 2 จุด (2-Point Crossover) โดยมีค่าความน่าจะเป็นในการเกิดการข้ามพันธุ์ P_c เท่ากับ 0.8

ขั้นตอนที่ 4 การกลายพันธุ์ (Mutation) ในขั้นตอนนี้เลือกกำหนดวิธีกลายพันธุ์แบบสลับ (Swap Mutation) โดยมีความน่าจะเป็นในการเกิดการกลายพันธุ์ P_m เท่ากับ 0.2 และมีอัตราส่วนในการสลับ 1 คู่ ต่อ 10 ยีน ในกรณีที่อัตราส่วนเป็นทศนิยมให้ทำการปัดเศษขึ้น

ขั้นตอนที่ 5 การประเมินความเหมาะสม จากการพัฒนาคำตอบในรอบการคำนวณที่ 1 จะทำให้ได้โครโมโซมที่สร้างขึ้นใหม่

ขั้นตอนที่ 6 การคัดเลือกประชากรเพื่อใช้ในรุ่นถัดไป ในขั้นตอนนี้เลือกใช้วิธีวงล้อรูเล็ตต์ในการคัดเลือกประชากร โดยมีขั้นตอนในการคัดเลือกดังนี้

ขั้นตอนที่ 1 คำนวณวัตถุประสงค์รวมของประชากรทั้งหมดด้วยสมการที่ (3)

$$F = \sum_{k=1}^{popsize} eval(v_k) \quad (3)$$

โดยที่ $eval(v_k) = \frac{1}{F(x)}; k=1,2,..., popsize$

ขั้นตอนที่ 2 คำนวณความน่าจะเป็นในการถูกเลือก (p_k) ของแต่ละโครโมโซม (v_k) ด้วยสมการที่ (4)

$$p_k = \frac{eval(v_k)}{F}; k=1,2,..., popsize \quad (4)$$

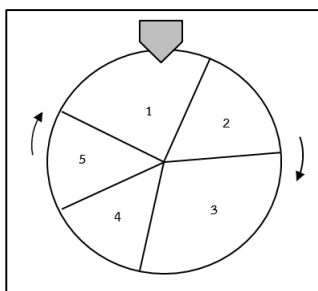
ขั้นตอนที่ 3 คำนวณความน่าจะเป็นที่จะถูกคัดเลือกสะสมของแต่ละโครโมโซม q_k ด้วยสมการที่ (5)

$$q_k = \sum_{j=1}^k p_j; k=1,2,..., popsize \quad (5)$$

ขั้นตอนที่ 4 สร้างค่าสุ่ม (r) โดยสุ่มจากช่วง 0 ถึง 1 ตามจำนวนประชากรที่กำหนด

ขั้นตอนที่ 5 ทำการเลือกโครโมโซมโดยเปรียบเทียบกับค่าสุ่ม r ตามกรณีดังนี้

ถ้า ค่า $r \leq q_1$ ทำการเลือกโครโมโซมที่ 1 (v_1) กรณีอื่นเลือกโครโมโซมที่ตัวที่ k โดยที่ $2 \leq k < popsize$ และ $q_{k+1} \leq r \leq q_k$



รูปที่ 6 การคัดเลือกด้วยวิธีวงล้อรูเล็ตต์

3.3 วิธีเพื่อนบ้านใกล้สุด (Nearest Neighbors: NN)

ขั้นตอนการเดิน คือ เดินจากทางเข้าไปยังจุดที่ใกล้ที่สุด จากนั้นเดินไปจุดที่ใกล้ที่สุดต่อไป และกลับมายังจุดเริ่มต้น ภายใต้กรอบเวลาที่กำหนด (ศึกษาเพิ่มเติมในบทความ [8])

3.4 วิธีค้นหาตามค่าที่ดีที่สุด (Best First Search: BFS)

ขั้นตอนการเดิน คือ เดินจากทางเข้าไปยังจุดที่มีคะแนนสูงสุด (หากมีจุดที่คะแนนสูงสุดหลายจุด เลือกเดินไปจุดที่มีคะแนนสูงสุดที่ใกล้ที่สุดก่อน) และเดินต่อไปยังจุดที่คะแนนลดลงตามลำดับ และกลับมายังจุดเริ่มต้น ภายใต้กรอบเวลาที่กำหนด (ศึกษาเพิ่มเติมในบทความ [9])

3.5 การออกแบบการทดลอง

การออกแบบการทดลองเป็นแบบการทดลองเชิงแฟกทอเรียล (Factorial Design) โดยพิจารณาปัจจัยที่มีผลต่อการวางแผนเส้นทางการเดินเยี่ยมชมเมืองจำลอง 3 ปัจจัยได้แก่

3.5.1 จำนวนนักท่องเที่ยว

แบ่งการพิจารณาออกเป็น 3 ระดับ คือ ระดับต่ำ (Low Level) คือจำนวนนักท่องเที่ยว 1-2 คน ระดับกลาง (Middle Level) คือจำนวนนักท่องเที่ยว 3-4 คน และระดับสูง (High Level) คือจำนวนนักท่องเที่ยว 5 คน ขึ้นไป

3.5.2 กรอบเวลาในการเที่ยวชม

แบ่งการพิจารณาออกเป็น 2 ระดับ คือ ระดับต่ำ (Low Level) คือ กรอบเวลาสูงสุด 1 ชั่วโมง และระดับสูง (High Level) คือ กรอบเวลาสูงสุด 2 ชั่วโมง

3.5.3 จำนวนจุดท่องเที่ยว

แบ่งการพิจารณาออกเป็น 3 ระดับ คือ ระดับต่ำ (Low Level) คือ จำนวนจุดท่องเที่ยว 30 จุด ระดับกลาง (Middle Level) คือ จำนวนจุดท่องเที่ยว 60 จุด และระดับสูง (High Level) คือ จำนวนจุดท่องเที่ยว 96 จุด

เมื่อพิจารณาปัจจัยทั้งหมดแล้ว พบว่ามีการทดสอบทั้งสิ้น 18 กรณีซึ่ง แต่ละตัวอย่างจะทำการประมวลผลจำนวน 10 ซ้ำ (Replications) โดยกำหนด

ค่าพารามิเตอร์ในวิธีเชิงพันธุกรรมดังนี้ ค่า P_c เท่ากับ 0.8 และ P_m เท่ากับ 0.2 จำนวนประชากรในแต่ละตัวอย่างเท่ากับ 500 ประชากร จำนวนรอบในการหาคำตอบในปัญหาขนาดเล็กและกลางเท่ากับ 300 รอบ และปัญหาขนาดใหญ่เท่ากับ 200 รอบ ในแต่ละปัญหา จะทำการทดลองด้วยจำนวนซ้ำเท่ากับ 10 ซ้ำ ในการกำหนดค่าพารามิเตอร์ต่างๆ ผู้วิจัยได้ทำการทบทวนงานวิจัยที่ผ่านมาพบว่า ค่า P_c เท่ากับ 0.8 และ P_m เท่ากับ 0.2 ซึ่งเป็นค่าที่นิยมใช้ในงานวิจัยที่ผ่านมา และทำให้ค่าคำตอบที่ได้มีประสิทธิภาพ การกำหนดจำนวนประชากร จำนวนรอบ และจำนวนซ้ำ คณะผู้วิจัยได้กำหนดให้เข้ากับสถานการณ์จริงในการรอกการประมวลผลของโปรแกรม เพื่อไม่ให้เวลารอคอยของนักท่องเที่ยวนานเกินไป โดยควบคุมให้เวลาในการคำนวณแต่ละซ้ำอยู่ที่ 30 วินาที

3.6 การวัดประสิทธิภาพ

การวัดประสิทธิภาพของวิธีการที่นำเสนอในบทความนี้เป็นการแก้ปัญหาการวางแผนเส้นทางการเยี่ยมชมเมืองจำลอง โดยใช้ค่าร้อยละของการปรับปรุงคำตอบ (Relative Improvement: RI) ระหว่างคำตอบที่ได้จากวิธีเชิงพันธุกรรมเปรียบเทียบกับคำตอบที่ได้จากวิธีทางฮิวริสติกส์ ซึ่งสามารถคำนวณได้จากสมการที่ (6)

$$RI = \frac{Sol_{GA} - Sol_{Heuristic}}{Sol_{Heuristic}} \times 100 \quad (6)$$

เมื่อ RI คือ ร้อยละของการปรับปรุงคำตอบระหว่างคำตอบที่ได้จากวิธีทางฮิวริสติกส์เปรียบเทียบกับคำตอบที่ได้จากวิธี GA

Sol_{GA} คือ ค่าคำตอบจากวิธีเชิงพันธุกรรม

$Sol_{Heuristic}$ คือ ค่าคำตอบที่ได้จากวิธีทางฮิวริสติกส์

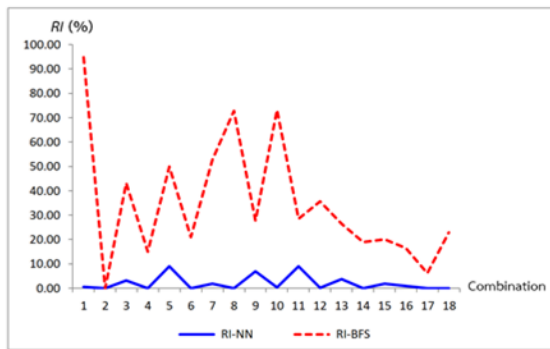
4. ผลการวิจัย

การวางแผนเส้นทางการเยี่ยมชมเมืองจำลองจะทำการทดสอบประสิทธิภาพของวิธี GA เปรียบเทียบกับวิธีฮิวริสติกส์ 2 วิธี ได้แก่ วิธีการหาเพื่อนบ้านใกล้ที่สุด (Nearest Neighbor: NN) และวิธีการค้นหาตามค่าที่ดีที่สุด (Best First Search: BFS) จากการออกแบบการทดลอง 18 ตัวอย่างจะทำการเปรียบเทียบวิธีฮิวริสติกส์กับวิธี GA ซึ่งประกอบไปด้วย ค่าเฉลี่ย (Average) ของคะแนน

คะแนนรวมที่ต่ำที่สุดที่ได้จากการคำนวณ (Min.) คะแนนรวมที่สูงที่สุดที่ได้จากการคำนวณ (Max.) ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (Standard Deviation: SD) คำตอบจากวิธีฮิวริสติกส์ทั้ง 2 วิธี ค่าร้อยละการปรับปรุงคำตอบที่ได้จากการเปรียบเทียบวิธีฮิวริสติกส์ และวิธี GA และเวลาที่ใช้ในการประมวลผล (Time) จากผลการทดลองที่ได้ดังตารางที่ 2 พบว่า ในการแก้ปัญหาที่มีค่าร้อยละการปรับปรุงคำตอบระหว่างวิธีเชิงพันธุกรรมเปรียบเทียบกับวิธีการหาเพื่อนบ้านใกล้ที่สุดอยู่ระหว่างร้อยละ 0 ถึง 9.09 ที่ค่าเฉลี่ยเท่ากับร้อยละ 2.12 และค่าร้อยละการปรับปรุงคำตอบระหว่างวิธีเชิงพันธุกรรมเปรียบเทียบกับ วิธีการค้นหาตามค่าที่ดีที่สุดอยู่ระหว่างร้อยละ 0.00 ถึง 94.84 ที่ค่าเฉลี่ยเท่ากับร้อยละ 34.78 สามารถเปรียบเทียบเป็นกราฟได้แสดงดังรูปที่ 7 นอกจากนี้ วิธีเชิงพันธุกรรมยังมีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานระหว่าง 0 ถึง 0.70 ที่ค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.23 แสดงให้เห็นว่าวิธี GA มีประสิทธิภาพในการแก้ปัญหา

ตารางที่ 2 ผลการทดลอง 18 ตัวอย่าง ระหว่างวิธีเชิงพันธุกรรมและวิธีฮิวริสติกส์ทั้ง 2 วิธี

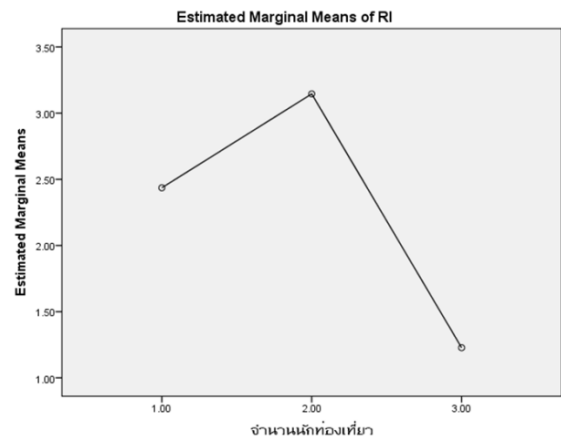
คอม บิเนชั่น	วิธี NN (คะแนน)	วิธี BFS (คะแนน)	วิธีเชิงพันธุกรรม (GA)						
			Average (คะแนน)	Min (คะแนน)	Max (คะแนน)	SD (คะแนน)	RI-NN (%)	RI-BFS (%)	Time (วินาที)
1	60.00	31.00	60.40	60.00	61.00	0.52	0.67	94.84	24.13
2	69.00	69.00	69.00	69.00	69.00	0.00	0.00	0.00	25.29
3	43.00	31.00	44.40	44.00	46.00	0.70	3.26	43.23	24.95
4	69.00	60.00	69.00	69.00	69.00	0.00	0.00	15.00	25.90
5	33.00	24.00	36.00	36.00	36.00	0.00	9.09	50.00	24.46
6	69.00	57.00	69.00	69.00	69.00	0.00	0.00	21.05	25.01
7	60.00	40.00	61.10	60.00	62.00	0.32	1.83	52.75	27.12
8	133.00	77.00	133.00	133.00	133.00	0.00	0.00	72.73	28.32
9	43.00	36.00	46.00	46.00	46.00	0.00	6.98	27.78	27.45
10	107.00	62.00	107.40	107.00	108.00	0.52	0.37	73.23	28.15
11	33.00	28.00	36.00	36.00	36.00	0.00	9.09	28.57	27.29
12	84.00	62.00	84.10	84.00	85.00	0.32	0.12	35.65	28.53
13	89.00	73.00	92.90	94.00	92.00	0.57	3.71	26.44	30.71
14	182.00	153.00	182.00	182.00	182.00	0.00	0.00	18.95	31.87
15	66.00	56.00	67.30	67.00	68.00	0.48	1.97	20.18	30.08
16	128.00	111.00	129.30	129.00	131.00	0.67	1.02	16.49	32.91
17	51.00	48.00	51.00	51.00	51.00	0.00	0.00	6.25	30.46
18	102.00	83.00	102.00	102.00	102.00	0.00	0.00	22.89	33.46



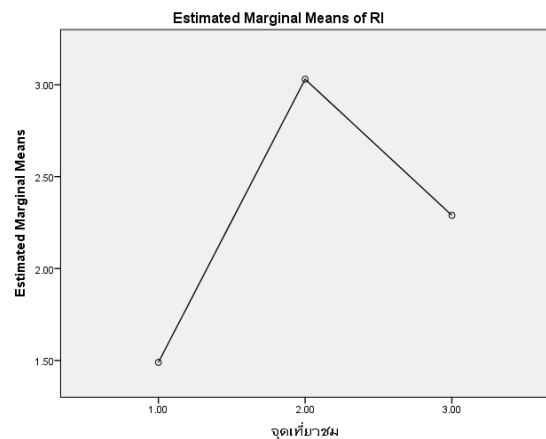
รูปที่ 7 กราฟร้อยละการปรับปรุงคำตอบของ GA เมื่อเทียบกับวิธีฮิวริสติกส์ ทั้ง 2 วิธี

4.1 การวิเคราะห์หาปัจจัยที่ส่งผลกระทบต่อร้อยละการปรับปรุงคำตอบ

ในการวิเคราะห์หาปัจจัยที่ส่งผลกระทบต่อร้อยละการปรับปรุงคำตอบของวิธีเชิงพันธุกรรม เมื่อเปรียบเทียบกับคำตอบที่ได้จากวิธีทางฮิวริสติกส์ โดยนำข้อมูลที่ได้ไปวิเคราะห์ความแปรปรวน (Analysis of Variance: ANOVA) ซึ่งผลตอบสนองที่สนใจคือ ร้อยละการปรับปรุงคำตอบของวิธีเชิงพันธุกรรม ภายใต้ปัจจัย 3 ปัจจัย ได้แก่ 1) จำนวนนักท่องเที่ยว 2) ระยะเวลา 3) จำนวนจุดเยี่ยมชม พบว่า เมื่อพิจารณาปัจจัยเดียว ปัจจัยด้านจำนวนนักท่องเที่ยว และปัจจัยด้านจุดเยี่ยมชมมีผลกระทบต่อร้อยละการปรับปรุงคำตอบของวิธีเชิงพันธุกรรม ยกเว้นปัจจัยด้านระยะเวลา ที่ไม่มีผลกระทบต่อร้อยละการปรับปรุงคำตอบ และเมื่อพิจารณาปัจจัยร่วม พบว่าปัจจัยร่วมทั้งหมดที่พิจารณา มีผลกระทบต่อร้อยละการปรับปรุงคำตอบอย่างมีนัยสำคัญที่ระดับความเชื่อมั่น 95% เมื่อทดสอบการเปรียบเทียบพหุคูณด้วยวิธีของ Duncan (Duncan's test) เพื่อทำการวิเคราะห์ว่าปัจจัยที่พิจารณาแต่ละปัจจัยที่มีระดับแตกต่างกันจะส่งผลกระทบอย่างไรต่อร้อยละการปรับปรุงคำตอบของวิธีเชิงพันธุกรรม ที่ระดับความเชื่อมั่น 95% พบว่าปัจจัยด้านจำนวนนักท่องเที่ยว และปัจจัยด้านจุดเยี่ยมชมในระดับปัจจัยที่เพิ่มขึ้น ส่งผลให้ระดับร้อยละการปรับปรุงคำตอบของวิธีเชิงพันธุกรรมเพิ่มขึ้นในช่วงแรก และลดลงในช่วงต่อมา โดยผลการทดสอบทางสถิติที่ได้ แสดงดังรูปที่ 8 และรูปที่ 9



รูปที่ 8 ผลการวิเคราะห์ร้อยละการปรับปรุงคำตอบของปัจจัยที่ 1 ที่ระดับแตกต่างกัน



รูปที่ 9 ผลการวิเคราะห์ร้อยละการปรับปรุงคำตอบของปัจจัยที่ 3 ที่ระดับแตกต่างกัน

5. สรุปผลการวิจัย

การศึกษาเส้นทางการเดินทางเที่ยวชมเมืองจำลองจังหวัดชลบุรี ซึ่งมีขนาดพื้นที่ 29 ไร่ พบว่าเมื่อนักท่องเที่ยวที่เดินทางมาเที่ยวชมในรูปแบบกลุ่มหรือคณะ (Group Tour) จะประสบปัญหาในการเดินทางเที่ยวชมที่ไม่ทั่วถึงและพลาดสถานที่สำคัญ เนื่องจากขาดแนวทางในการตัดสินใจเลือกเส้นทางการเดินทาง รวมทั้งมีเวลาในการเที่ยวชมที่จำกัดเพื่อตอบสนองความต้องการของนักท่องเที่ยวทำให้ต้องมีตัวช่วยในการตัดสินใจ ที่ทำให้นักท่องเที่ยวสามารถเลือกเส้นทางการเดินทางเที่ยวชมได้เหมาะสมกับจำนวนนักท่องเที่ยวและเวลาที่มีอยู่อย่าง

จำกัด จากปัญหาข้างต้นคณะผู้วิจัยจึงได้คิดหาตัวช่วยในการตัดสินใจเดินเที่ยวชมสำหรับนักท่องเที่ยวที่มีเวลาในการเที่ยวชมอย่างจำกัด และมีจำนวนนักท่องเที่ยวในแต่ละกลุ่มที่ไม่เท่ากัน คือการวางแผนเส้นทางการเดินเยี่ยมชมในเมืองจำลอง โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อให้ได้คะแนนในการเดินเยี่ยมชมจุดท่องเที่ยวรวมมีค่ามากที่สุดภายใต้กรอบเวลา รวมไปถึงการพิจารณาจำนวนนักท่องเที่ยวในแต่ละกลุ่มเพื่อนำไปเป็นปัจจัยในการคำนวณเวลาแวะชมในแต่ละจุด ดังนั้นจึงมีการพัฒนาเครื่องมือเพื่อช่วยในการตัดสินใจเลือกเส้นทางการเดินเยี่ยมชม โดยได้ทำการประยุกต์ใช้วิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อช่วยในการวางแผนเส้นทางการเยี่ยมชมจุดท่องเที่ยว และทำการวัดประสิทธิภาพ โดยใช้ค่าร้อยละการปรับปรุงค่าตอบระหว่าง วิธีเชิงพันธุกรรมกับวิธีทางฮิวริสติกส์ ซึ่งวิธีทางฮิวริสติกส์ที่นำมาเปรียบเทียบมี 2 วิธี คือ 1) วิธีการหาเพื่อนบ้านใกล้ที่สุด 2) วิธีการค้นหาตามค่าที่ดีที่สุด จากผลการทดลองทั้งหมด 18 ตัวอย่าง พบว่าวิธีเชิงพันธุกรรมมีประสิทธิภาพสูงสำหรับปัญหาที่มีขนาดเล็ก และขนาดกลาง ส่วนปัญหามีขนาดใหญ่ ประสิทธิภาพอาจจะลดลงเนื่องจากปัญหามีความซับซ้อนมากยิ่งขึ้น

กระบวนการค้นหาคำตอบของวิธีเชิงพันธุกรรมนั้นเมื่อผ่านไประยะเวลาหนึ่งคำตอบที่เหมาะสมมากกว่าอาจจะอยู่ในตำแหน่งของพื้นที่รอบๆ (Local) แต่เนื่องจากวิธีเชิงพันธุกรรม นั้นเป็นอัลกอริทึมที่มีกระบวนการค้นหาแบบสุ่ม (Random Search) ทำให้ตำแหน่งคำตอบของพื้นที่รอบๆ นั้นอาจจะถูกสุ่มเข้าไป ซึ่งก็จะส่งผลให้ไม่สามารถค้นพบคำตอบที่มีความเหมาะสมได้ รวมไปถึงกรณีที่มีการกำหนดจำนวนรุ่นของโครโมโซมมาๆ นั้นจะใช้เวลาในการประมวลผลค่อนข้างนาน จึงควรมีการปรับปรุงกระบวนการหาคำตอบเพื่อให้มีประสิทธิภาพในการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุด ภายในเวลาในการประมวลผลที่ต่ำ ซึ่งจะสามารถนำไปประยุกต์เพื่อใช้งานจริงได้ นอกจากนี้การค้นหาคำตอบด้วยวิธีเชิงพันธุกรรม เป็นการค้นหาคำตอบโดยการสุ่มคำตอบแบบไม่เจาะจง บางครั้งอาจทำให้ไม่ได้คำตอบที่เหมาะสม ดังนั้นเพื่อให้ได้คำตอบที่ดีขึ้น ใกล้เคียงความเป็นจริง และสามารถนำมาใช้งานได้จริง ซึ่งอาจนำวิธีทางฮิวริสติกส์เข้ามาประยุกต์เพื่อให้

กระบวนการค้นหาคำตอบในตำแหน่งพื้นที่รอบ ๆ ให้มีประสิทธิภาพมากขึ้น ควรมีการพิจารณาเงื่อนไขหรือข้อจำกัดเพิ่มเติมในด้านต่างๆ ให้มีความครอบคลุมในการวางแผนเส้นทางการเดิน เช่น จำนวนคนต่อพื้นที่การเดินทาง เป็นต้น และในอนาคตอาจพัฒนาเครื่องมือนี้ให้เป็นแอปพลิเคชันเพื่อความสะดวก และนักท่องเที่ยวสามารถนำไปใช้งานได้จริง

6. กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณ เมืองจำลอง จังหวัดชลบุรี ที่เอื้อเฟื้อสถานที่ในการเก็บข้อมูลเพื่อใช้ในงานวิจัยนี้

7. เอกสารอ้างอิง

- [1] D.W. Edsger, "A note on two problems in connexion with graphs." *Numerische Mathematik*, Vol 1, pp. 269–271, 1959.
- [2] พิชิต แร่ถ่าย, เอกสิทธิ์ ภูศิริภิญโญ และ ภัทรา วัฒนพันธุ์, "เปรียบเทียบการเดินบนพื้นราบระหว่างคนปกติและผู้พิการที่ใส่ขาเทียมชนิดข้อเข่า" *เวชศาสตร์ฟื้นฟู*, ปีที่ 23 (ฉบับที่ 1), หน้า 24-28, 2556.
- [3] กาญจนา เศรษฐนันท์. *เมตาดิวริสติกส์และการประยุกต์ใช้ในอุตสาหกรรม*. พิมพ์ครั้งที่ 1. ขอนแก่น: หจก.โรงพิมพ์คณานาวินาวิทยา, 2558.
- [4] H.H. John, *Adaptation in Natural and Artificial Systems*, Ann Arbor: University of Michigan, 1975
- [5] พศวีร์ ตรีวิเศษ, ชวิศร ปุคะภาค, ภาควิชา สอนเสาวภาคย์ และ ศิวตล กัญญาคำ. "รูปแบบการจัดการการขนส่งโดยการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม: กรณีศึกษาบริษัทขายวัสดุก่อสร้าง," *วารสารมหาวิทยาลัยราชภัฏมหาสารคาม*. ปีที่ 5 (ฉบับที่ 2), หน้า 131-138, 2554.
- [6] ปรัชญา เมาชีวะกุล. *การปรับปรุงระบบการขนส่งของธุรกิจเบเกอร์รี่โดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม*. วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, 2555.

- [7] พงศกร เขมณะศิริ. การปรับปรุงประสิทธิภาพในงาน
ก่อสร้างเพื่อประยุกต์การวิเคราะห์ปัญหาการจัด
เส้นทางสำหรับยานพาหนะโดยวิธีเมต้าฮิวริสติก.
วิทยานิพนธ์ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, 2556.
- [8] L.T. Daniel, *Discovering Knowledge in Data*.
New York: John Wiley & Sons, 2005.
- [9] ณัฐพงษ์ วาริประเสริฐ และสุธี พงศาสกุลชัย,
โครงสร้างข้อมูลและอัลกอริทึม (*Data Structures
and Algorithms*), กรุงเทพมหานคร: เคทีพี, 2552.