

การพัฒนาขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับการเลือกพันธมิตรในเครือข่ายธุรกิจ แบบมีตัวกลางหรือไม่มีตัวกลาง

ศุภชัย มุกตาสนิท^{*1}

มหาวิทยาลัยราชภัฏเชียงใหม่ 202 ถ.โชตนา ต.ช้างเผือก อ.เมือง จ.เชียงใหม่ 50300

Received: 22 December 2024; Revised: 27 April 2025; Accepted: 08 May 2025

บทคัดย่อ

ในงานวิจัยนี้ศึกษาปัญหาการเลือกพันธมิตรทางธุรกิจเครือข่ายธุรกิจ โดยที่บางองค์กรธุรกิจเครือข่ายสามารถลงทุนเป็นพันธมิตรได้โดยตรง ในขณะที่บางองค์กรธุรกิจต้องลงทุนผ่านตัวกลาง และองค์กรธุรกิจที่เหลือสามารถลงทุนโดยตรงหรือผ่านตัวกลาง เพื่อให้ได้ผลประโยชน์รวมสูงสุดภายใต้งบประมาณที่จำกัด ปัญหานี้เป็นปัญหาที่มีความซับซ้อนและยากต่อการหาคำตอบ การดำเนินการวิจัยเริ่มต้นด้วยการพิสูจน์ว่าเป็นปัญหาเอ็นพีฮาร์ด ซึ่งบ่งบอกความซับซ้อนของปัญหาและความเหมาะสมในการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับปัญหานี้ จากนั้นทำการพัฒนาขั้นตอนวิธีสำหรับหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดและประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับปัญหานี้ จากการศึกษาพบว่าขั้นตอนวิธีสำหรับหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดเหมาะสมสำหรับเครือข่ายทางธุรกิจขนาดเล็กไม่เกิน 14 องค์กร และการเปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำงานของขั้นตอนวิธีทั้งสอง พบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้คำตอบที่ตรงตามขั้นตอนวิธีสำหรับหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดบนตัวอย่างทดสอบเดียวกัน และใช้เวลาการประมวลผลที่น้อยกว่า นอกจากนี้ งานวิจัยนี้ได้ทำการทดลองเพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฟังก์ชันค่าที่เหมาะสมที่สุด ผลการทดลองพบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้คำตอบที่ถูกต้องทั้งหมดสำหรับตัวอย่างที่นำมาทดสอบ อย่างไรก็ตามการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฟังก์ชันค่าให้คำตอบที่ผิดพลาดเพียงเล็กน้อย โดยให้ผลที่ผิดพลาดไม่เกิน 15% และค่าสถิติทดสอบ $t = 1.497$, $p = 0.145 > 0.05$ แสดงให้เห็นว่า ทั้ง 2 ขั้นตอนวิธีไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ อย่างไรก็ตามด้านเวลาการประมวลผลขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใช้เวลาการประมวลผลน้อยกว่าการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฟังก์ชันค่าอย่างชัดเจน และเพื่อเป็นการแสดงให้เห็นว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเหมาะสมกับเครือข่ายทางธุรกิจขนาดใหญ่ งานวิจัยนี้จึงได้ทำการทดสอบประสิทธิภาพการประมวลผลบนตัวอย่างเครือข่ายทางธุรกิจที่มีจำนวนโหนด 60 ถึง 100 โหนด ผลการทดสอบแสดงให้เห็นว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้คำตอบที่ถูกต้องทั้งหมด และใช้เวลาการประมวลผลไม่นานเกินไป ดังนั้น ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจึงเหมาะสมสำหรับใช้แก้ปัญหาในกรณีที่เครือข่ายธุรกิจที่มีจำนวนองค์กรธุรกิจจำนวนมากและความซับซ้อนสูง

คำสำคัญ: การหาพันธมิตรทางธุรกิจ, ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม, เมตาฮิวริสติก, เอ็นพีฮาร์ด

* Corresponding author. E-mail: supachai_muk@cmru.ac.th

¹ ภาควิชาคอมพิวเตอร์ธุรกิจ คณะวิทยาการจัดการ มหาวิทยาลัยราชภัฏเชียงใหม่

Development of a genetic algorithm for partner selection in business networks with or without intermediaries

Supachai Mukdasanit^{*1}

Chiangmai Rajabhat University, 202 Changpuek Rd. Muang Chiang Mai, Thailand 50300

Received: 22 December 2024; Revised: 27 April 2025; Accepted: 08 May 2025

Abstract

This research investigates the problem of business partner selection within a business network, where some organizations can invest in partnerships directly, while others must invest through intermediaries. The remaining organizations have the flexibility to invest either directly or via intermediaries to maximize overall benefits under a limited budget. This problem is highly complex and computationally challenging. The study begins by proving that the problem is NP-hard, highlighting its computational complexity and justifying the application of genetic algorithms as a suitable approach. Subsequently, an exact optimization algorithm is developed alongside the implementation of a genetic algorithm. The results indicate that the exact optimization algorithm is effective for small business networks with no more than 14 organizations. A performance comparison between the two methods reveals that the genetic algorithm produces solutions consistent with those obtained from the exact optimization algorithm on the same test instances while requiring significantly less computational time. Furthermore, this research conducts an experimental comparison between the genetic algorithm, particle swarm optimization (PSO), and the exact optimal solutions. The results indicate that the genetic algorithm consistently produces accurate solutions across all tested cases. However, the PSO approach exhibits minor inaccuracies, with errors not exceeding 15%. A statistical t-test ($t = 1.497$, $p = 0.145 > 0.05$) suggests no statistically significant difference between the two methods. Nonetheless, in terms of computational efficiency, the genetic algorithm significantly outperforms the PSO approach. To further demonstrate the suitability of the genetic algorithm for large-scale business networks, this study evaluates its performance on networks with 60 to 100 nodes. The results confirm that the genetic algorithm consistently provides accurate solutions within a reasonable computation time. Consequently, the genetic algorithm is deemed an appropriate approach for solving this problem in large and complex business networks.

Keywords: business partner selection, genetic algorithm, metaheuristic, NP-Hard

* Corresponding author. E-mail: supachai_muk@cmru.ac.th

¹ Department Of Business Computer, Faculty of Management Sciences, Chiang Mai Rajabhat University

1. บทนำ

การสร้างพันธมิตรในเครือข่ายธุรกิจถือเป็นกลยุทธ์สำคัญที่องค์กรใช้เพิ่มศักยภาพและความสามารถในการแข่งขัน โดยเฉพาะในยุคโลกาภิวัตน์ที่สภาพแวดล้อมทางธุรกิจเปลี่ยนแปลงอย่างรวดเร็วและมีการแข่งขันสูง [1] พันมิตรทางธุรกิจช่วยเปิดโอกาสให้องค์กรแบ่งปันทรัพยากร ความรู้ และความสามารถที่เสริมกัน ที่นำไปสู่การพัฒนาสินค้าหรือบริการใหม่ ๆ เพื่อให้สามารถตอบสนองความต้องการของตลาดได้อย่างมีประสิทธิภาพ [2] ซึ่งกลยุทธ์พันธมิตรทางธุรกิจไม่ได้เป็นเพียงเครื่องมือช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการดำเนินงาน แต่ยังเป็นกุญแจสำคัญในการสร้างคุณค่าเพิ่ม (Value Creation) ผ่านความร่วมมือกับพันธมิตร นักวิชาการที่ศึกษาเรื่องนี้ได้ชี้ให้เห็นว่า ความร่วมมือดังกล่าวช่วยให้ธุรกิจสามารถสร้างความได้เปรียบในการแข่งขัน (Competitive Advantage) และเพิ่มโอกาสประสบความสำเร็จในระยะยาว [3-5]

ความสัมพันธ์ในเครือข่ายธุรกิจสามารถแบ่งออกเป็นสองรูปแบบ ได้แก่ พันมิตรแบบมีตัวกลาง (mediated alliances) ซึ่งมีองค์กรที่สาม เช่น สมาคม อุตสาหกรรม องค์กรการค้า หรือหน่วยงานที่ทำหน้าที่เป็นตัวเชื่อมความร่วมมือระหว่างสมาชิกในเครือข่าย ช่วยประสานประโยชน์และสนับสนุนการทำงานร่วมกัน และพันธมิตรแบบไม่มีตัวกลาง (non-mediated alliances) ซึ่งเป็นการติดต่อโดยตรงระหว่างคู่ค้า โดยเน้นการสร้างควมไว้วางใจ การพึ่งพาอาศัย และความสัมพันธ์ระยะยาว [6] การเริ่มต้นกระบวนการสร้างพันธมิตรเกิดจากความต้องการเชื่อมโยงทรัพยากรและความเชี่ยวชาญขององค์กรต่าง ๆ เพื่อสร้างผลประโยชน์ร่วมกัน การเลือกพันธมิตรต้องพิจารณาปัจจัยสำคัญ เช่น ความเหมาะสมทางเป้าหมายธุรกิจ เงินลงทุน และผลประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ อย่างไรก็ตาม การประเมินความเหมาะสมของพันธมิตรในหลายกรณีอาจขาดข้อมูลที่ชัดเจนหรือแม่นยำ ทำให้การตัดสินใจมีความไม่แน่นอน และในบางครั้งการเลือกพันธมิตรผิดพลาดอาจส่งผลกระทบต่อผลลัพธ์ทางธุรกิจ [7]

ดังนั้นจึงมีงานวิจัยเกี่ยวกับการเลือกพันธมิตรที่เหมาะสมที่สุด การเลือกพันธมิตรที่เหมาะสมที่สุดมีลักษณะสำคัญคือ มีฟังก์ชันวัตถุประสงค์ภายใต้ข้อจำกัดบางอย่าง

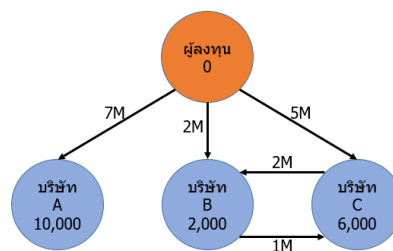
ตัวอย่างของงานวิจัย เช่น ใน [8] ผู้เขียนได้กล่าวถึงการเลือกพันธมิตรเพื่อให้มั่นใจว่างานจะเสร็จสิ้นภายในข้อจำกัดของเวลาที่กำหนดในองค์กรเสมือน (Virtual Enterprises) โดยนำเสนอขั้นตอนวิธีแตกกิ่งและกำหนดขอบเขต (Branch & Bound) และ ใน [9] ผู้เขียนได้นำเสนอการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาค (Particle Swarm Optimization) เพื่อแก้ปัญหาการเลือกพันธมิตรภายใต้ข้อจำกัดของลำดับก่อน-หลัง และกำหนดเวลาในองค์กรเสมือน และการเพิ่มประสิทธิภาพการเลือกพันธมิตรและการจัดตารางการขนส่งแบบร่วมมือในองค์กรเสมือนโดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) [10] และ แบบจำลองการเพิ่มประสิทธิภาพสำหรับการเลือกพันธมิตรในการกระจายสินค้าร่วมกัน โดยคำนึงถึงระดับความเหมาะสมระหว่างอุปสงค์และอุปทาน [11] ปัญหาที่กล่าวมาเป็นปัญหาในกลุ่ม NP-Hard ซึ่งก็คือเป็นกลุ่มปัญหาที่ยังไม่สามารถสร้างขั้นตอนวิธีสำหรับประมวลผลคำตอบได้ในเวลาพหุนาม (Polynomial Time) จนกว่า $P = NP$ ซึ่งการที่จะบอกว่าปัญหาใดอยู่ในกลุ่ม NP-Hard นั้น จำเป็นจะต้องใช้กระบวนการลดรูป (Reduction) จากปัญหาที่อยู่ในกลุ่ม NP-Hard อยู่แล้วเท่านั้น [12] ในด้านการประมวลผลคำตอบของกลุ่มปัญหานี้ที่เป็นที่นิยม ประกอบด้วยการสร้างขั้นตอนวิธีที่ประมวลผลคำตอบทุกกรณีที่เป็นไปได้ เหมาะสำหรับกรณีที่ขนาดของข้อมูลเข้ามีขนาดเล็ก จะส่งผลให้ใช้เวลาประมวลผลไม่มากนัก และรับประกันว่าจะได้คำตอบที่ถูกต้องเสมอ การสร้างขั้นตอนวิธีแบบประมาณ (Approximation Algorithm) ซึ่งขั้นตอนวิธีจะต้องรับประกันได้ว่าจะให้คำตอบที่ผิดพลาดไม่เกินขอบเขตที่สามารถพิสูจน์ได้ และประมวลผลในเวลาพหุนาม [12] และการสร้างขั้นตอนวิธีแบบเมตาฮิวริสติก (Meta Heuristic Algorithm) ดังเช่นงานวิจัยใน [9-10]

การวิจัยนี้ศึกษาปัญหาการเลือกพันธมิตรในเครือข่ายธุรกิจที่มีองค์กรธุรกิจจำนวนมาก โดยบางองค์กรสามารถลงทุนเป็นพันธมิตรได้โดยตรง บางองค์กรสามารถลงทุนได้โดยตรงหรือผ่านตัวกลาง และ บางองค์กรต้องลงทุนผ่านตัวกลางเท่านั้น จากการศึกษาพบว่า ปัญหานี้เป็นปัญหา NP-Hard งานวิจัยนี้จึงได้นำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อใช้ในกรณีที่จำนวนองค์กรมีจำนวนมาก นอกจากนี้ยังได้นำเสนอขั้นตอนวิธีสำหรับประมวลผลคำตอบที่เหมาะสมที่สุด (Exact Solution Algorithm) ซึ่งรับประกันว่าจะให้

คำตอบที่ถูกต้องเสมอ สำหรับข้อมูลเข้าที่เป็นไปได้ทั้งหมด โดย เครือข่ายธุรกิจในงานวิจัยนี้หมายถึง กลุ่มขององค์กรที่ผู้ลงทุนกำลังพิจารณาลงทุนเพื่อสร้างพันธมิตร โดยมี ความสัมพันธ์ และทิศทางความสามารถในการเป็นพันธมิตรของผู้ลงทุนจากองค์กรหนึ่งไปยังองค์กรอื่น ๆ ในเครือข่าย

ตัวอย่างของปัญหานี้ เช่น สมมติว่ามีผู้ลงทุนรายหนึ่ง ต้องการพิจารณาเป็นพันธมิตรกับ 3 บริษัท คือ A B และ C เพื่อให้เป็นศูนย์ซ่อมบำรุงสินค้าประเภทหนึ่งที่ต้องการการซ่อมบำรุงอย่างต่อเนื่อง เนื่องจากเป็นสินค้าที่มีความซับซ้อน และ อุปกรณ์ภายในมีโอกาสชำรุดสูง โดยจากการสำรวจของผู้ลงทุนพบว่าบริษัท A B และ C สามารถให้บริการแก่ลูกค้าของผู้ลงทุนได้ 10,000 2,000 และ 6,000 ราย ตามลำดับ และต้นทุนที่ต้องใช้เพื่อเป็นพันธมิตรกับบริษัท A B และ C โดยตรงใช้ต้นทุนคือ 7 2 และ 5 ล้านบาท ตามลำดับ และบริษัท B และ C เป็นบริษัทในเครือเดียวกัน ดังนั้นจึงสามารถเป็นพันธมิตรกับบริษัท B ผ่านบริษัท C ได้ด้วยต้นทุน 1 ล้านบาท และ เป็นพันธมิตรกับบริษัท C ผ่านบริษัท B ได้ด้วยต้นทุน 2 ล้านบาท

จากที่กล่าวมาข้างต้น สามารถใช้กราฟที่มีทิศทาง (Directed Graph) ในการแทนเครือข่ายธุรกิจและความสัมพันธ์ของแต่ละองค์กรธุรกิจ โดยกำหนดให้โหนดราก (Root Node) เป็นผู้ลงทุน และโหนดอื่น ๆ เป็นองค์กรธุรกิจที่พิจารณาเป็นพันธมิตร และเส้นเชื่อมแบบมีทิศทาง (Directed Edge) แทนทิศทางที่สามารถลงทุนได้ และความสัมพันธ์ระหว่างองค์กรที่ผู้ลงทุนสามารถเป็นพันธมิตรกับองค์กรหนึ่งผ่านองค์กรหนึ่งได้ ผลประโยชน์ที่ผู้ลงทุนได้รับจากแต่ละองค์กรจะถูกกำหนดเป็นค่าน้ำหนักของโหนดที่ใช้แทนแต่ละองค์กร และต้นทุนของการลงทุนผ่านองค์กรหนึ่งไปยังองค์กรอื่นจะถูกกำหนดเป็นค่าน้ำหนักของเส้นเชื่อม นอกจากนี้ ยังมีข้อกำหนดเพิ่มเติมว่าโหนดที่ใช้เป็นตัวแทนผู้ลงทุนต้องมีเส้นเชื่อมที่มีทิศทางออกไปยังโหนดอื่นอย่างน้อย 1 โหนด และต้องไม่มีเส้นเชื่อมจากโหนดอื่นที่มีทิศทางเข้าหาโหนดผู้ลงทุน และให้ผลตอบแทนแก่ผู้ลงทุนเองเป็น 0 ดังรูปที่ 1



รูปที่ 1 ตัวอย่างเครือข่ายธุรกิจและความสัมพันธ์ขององค์กร

จากรูปที่ 1 สมมติว่าผู้ลงทุนมีงบประมาณสำหรับลงทุนเพื่อสร้างพันธมิตรคือ 3 ล้านบาท และผลประโยชน์ที่ต้องการคือการมีศูนย์ซ่อมบำรุงสินค้าให้ครอบคลุมลูกค้าให้มากที่สุดตามงบประมาณที่มีอยู่ ดังนั้นผู้ลงทุนจะต้องลงทุนเป็นพันธมิตรกับบริษัท B โดยตรง และเป็นพันธมิตรกับบริษัท C ผ่านบริษัท B ซึ่งจะมีต้นทุนเท่ากับงบประมาณพอดี และสามารถให้บริการลูกค้าได้ทั้งสิ้น 8,000 ราย เป็นต้น

2. ทฤษฎีและวรรณกรรมที่เกี่ยวข้อง

การแก้ปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด ในระบบที่ซับซ้อนเช่นปัญหากลุ่ม NP-Hard นั้น บางปัญหาจำเป็นต้องใช้ขั้นตอนวิธีเชิงวิวัฒนาการ (Evolutionary Algorithms) หรือเมตาฮิวริสติก (Metaheuristic Algorithms) ดังเช่นงานที่นำเสนอใน [9-10] เพื่อค้นหาคำตอบที่ดีเพียงพอภายในเวลาจำกัด โดยขั้นตอนวิธีที่ได้รับความนิยม ได้แก่ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm : GA) การหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาค (Particle Swarm Optimization : PSO) การลดอุณหภูมิจำลอง (Simulated Annealing : SA) และการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดด้วยยอนานิคมมด (Ant Colony Optimization : ACO) ซึ่งแต่ละขั้นตอนวิธีมีข้อดี ข้อเสีย และแนวทางการใช้งานที่แตกต่างกัน ดังตารางที่ 1

ตารางที่ 1 เปรียบเทียบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาค

เกณฑ์ เปรียบเทียบ	Genetic Algorithm (GA)	Particle Swarm Optimization (PSO)	Simulated Annealing (SA)	Ant Colony Optimization (ACO)
หลักการทำงาน	คัดเลือกประชากร, ผสมพันธุ์ และกลายพันธุ์ เพื่อปรับปรุงพันธุ์ ให้ดีขึ้นในรุ่นถัดไป	จำลองพฤติกรรมของฝูงนกหรือฝูงปลาเพื่อหาแนวทางที่ดีที่สุด	จำลองกระบวนการหลอมเย็นของโลหะ โดยมีการยอมรับคำตอบที่แย่ในบางครั้ง เพื่อหลีกเลี่ยงการติดที่ค่าที่เหมาะสมเฉพาะที่ (Local Optimum)	จำลองพฤติกรรมการหาเส้นทางของมด โดยใช้ฟีโรโมนในการชี้นำ
จุดเด่น	เหมาะกับปัญหาที่ซับซ้อน และมีพื้นที่ค้นหาขนาดใหญ่	ค้นหาคำตอบได้รวดเร็วและมีประสิทธิภาพในการแก้ปัญหาต่อเนื่อง (Continuous Problem)	หลีกเลี่ยงการติดที่ค่าที่เหมาะสมเฉพาะที่ได้ดี โดยการยอมรับคำตอบที่แย่เป็นบางครั้ง	เหมาะกับปัญหาเกี่ยวกับการหาเส้นทาง เช่น ปัญหาการเดินทางของพนักงานขาย (Traveling Salesman Problem : TSP)
ข้อเสีย	คำนวณช้า ถ้าต้องการคำตอบที่แม่นยำ เนื่องจากการเพิ่มจำนวนประชากร และรุ่น	อาจติดค่าที่เหมาะสมเฉพาะที่ได้ง่าย ถ้าการตั้งค่าพารามิเตอร์ไม่เหมาะสม	คำนวณช้า และอาจไม่แม่นยำ ถ้าตั้งค่าการลดอุณหภูมิไม่เหมาะสม	คำนวณช้า หากมีจำนวนประชากรมดเป็นมาก และต้องปรับค่าฟีโรโมนอย่างเหมาะสม
ความสามารถในการหลีกเลี่ยงติดที่ค่าที่เหมาะสมเฉพาะที่	ปานกลาง - ดี (ขึ้นกับพารามิเตอร์)	ปานกลาง (ขึ้นกับการกระจายตัวของฝูง)	ดี (สามารถหลีกเลี่ยงได้จากการยอมรับคำตอบที่แย่เป็นบางครั้ง)	ดี (ใช้ฟีโรโมนในการนำทางและหลีกเลี่ยงทางตัน)
ความเร็วในการประมวลผล	ปานกลาง - ช้า (ขึ้นอยู่กับประชากร และรุ่น)	เร็วกว่า GA และ SA ในหลายกรณี แต่อาจมีบางกรณีที่ช้ากว่าขึ้นอยู่กับปัญหา	ช้า (ขึ้นอยู่กับจำนวนรอบและการกำหนดค่าการลดอุณหภูมิ)	ปานกลาง (ขึ้นอยู่กับจำนวนประชากรมด และการกำหนดการปรับค่าฟีโรโมน)
ความเหมาะสมกับปัญหาขนาดใหญ่	ดี (จัดการข้อจำกัดหลายรูปแบบได้ดี)	ดีมาก (ค้นหาคำตอบได้รวดเร็วในปัญหาต่อเนื่อง)	ปานกลาง (เหมาะกับปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด วัตถุประสงค์เดียว)	ดีมาก (โดยเฉพาะปัญหาเกี่ยวกับการค้นหาเส้นทาง)
การตั้งค่าพารามิเตอร์	ต้องกำหนดขนาดประชากร, อัตราการผสมพันธุ์ และกลายพันธุ์	ต้องกำหนดขนาดฝูง ความเร็ว และค่าการกระจายตัว	ต้องตั้งค่าอุณหภูมิเริ่มต้น, อัตราการลดอุณหภูมิ และเงื่อนไขการหยุด	ต้องตั้งค่าจำนวนประชากรมด, ค่าฟีโรโมนเริ่มต้น, อัตราการระเหยของฟีโรโมน

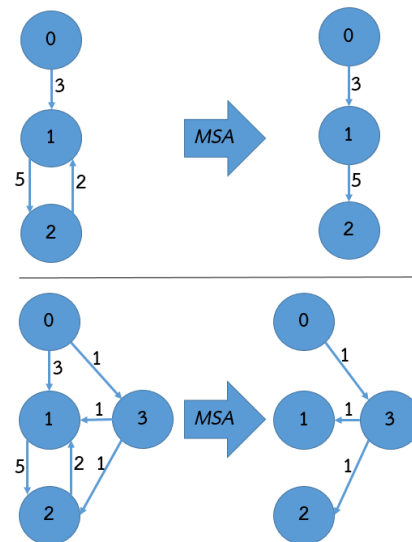
จากตารางเมื่อเปรียบเทียบ GA กับ PSO SA และ ACO พบว่า GA มีจุดเด่นในด้านความยืดหยุ่น และประสิทธิภาพโดยรวมสูง มีข้อได้เปรียบมากกว่า PSO ในหลายด้าน โดยเฉพาะอย่างยิ่งในการแก้ปัญหาที่ซับซ้อนและ

มีพื้นที่ค้นหาขนาดใหญ่ [13] ความสามารถของ GA เกิดจากใช้กระบวนการคัดเลือก ผสมพันธุ์ และกลายพันธุ์ [14] ทำให้สามารถสำรวจพื้นที่ค้นหาได้อย่างหลากหลายและลดโอกาสติดกับค่าที่เหมาะสมเฉพาะที่ได้ดีกว่า PSO เนื่องจาก

PSO อาจติดอยู่ในค่าที่เหมาะสมเฉพาะที่ได้หากกำหนดค่าพารามิเตอร์ที่เกี่ยวข้องไม่เหมาะสม [15] และแม้ว่า PSO จะให้ผลลัพธ์ได้รวดเร็ว แต่ประสิทธิภาพอาจลดลงเมื่อประยุกต์ใช้กับปัญหาที่ซับซ้อนและมีขอบเขตการค้นหามากกว่า [16] ในขณะที่ SA สามารถหลีกเลี่ยงโอกาสติดกับค่าที่เหมาะสมเฉพาะที่ได้ด้วยการยอมรับคำตอบในบางครั้ง แต่มีข้อจำกัดทางด้านความเร็วการประมวลผล [17] และ ACO เหมาะกับปัญหาเกี่ยวกับการเลือกเส้นทางโดยเฉพาะ [18]

เนื่องจากปัญหาที่ได้นำเสนอในงานวิจัยนี้เป็นปัญหาที่เกี่ยวข้องกับกราฟ และขนาดของปัญหาที่นำมาทดสอบมีขนาดใหญ่ โดยการทดสอบใช้จำนวนโหนดสูงสุดที่ 100 โหนด และจำนวนเส้นเชื่อมมีจำนวนมากใกล้เคียงกับกราฟมีทิศทางแบบสมบูรณ์ (Completed Directed Graph) ดังนั้น SA จึงไม่ถูกเลือกใช้ในการประมวลผลคำตอบของปัญหา เนื่องจากอาจมีข้อจำกัดทางด้านเวลาการประมวลผล และปัญหาที่ได้นำเสนอไม่ได้เกี่ยวข้องกับการเลือกเส้นทางในกราฟ ดังนั้น ACO จึงไม่ถูกเลือกด้วยเช่นกัน อย่างไรก็ตาม GA และ PSO มีความเป็นไปได้ที่จะสามารถประยุกต์ใช้กับปัญหาที่ได้นำเสนอในงานวิจัยนี้ แต่จากการทดลองในงานวิจัยนี้แสดงให้เห็นว่า GA ใช้เวลาการประมวลผลต่ำกว่า PSO ในขณะที่ทั้งสองแบบจำลองให้ผลลัพธ์การประมวลผลไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ (หัวข้อ 7.4) อย่างไรก็ตาม GA ให้ค่าที่เหมาะสมที่สุดทั้งหมดในขณะที่ PSO ให้คำตอบที่ผิดพลาดเล็กน้อยบนตัวอย่างทดสอบ ดังนั้น GA จึงมีความเหมาะสมเพียงพอกับการนำมาประยุกต์ใช้เพื่อแก้ปัญหาที่ได้นำเสนอ เนื่องจากปัญหาที่ได้นำเสนอมีความซับซ้อนสูง และขนาดของปัญหามีขนาดใหญ่ อีกทั้งใช้เวลาการประมวลผลคำตอบของปัญหาน้อยกว่า PSO

อาร์โบเรสเซนซ์แบบกิ่งกระจายต่ำสุด (Minimum Spanning Arborescence : MSA) [19] คือกราฟแบบต้นไม้ทอดข้ามที่มีค่าน้ำหนักต่ำสุดของกราฟแบบมีทิศทาง คุณสมบัติคือจะเชื่อมโหนดทุกโหนดของกราฟแบบมีทิศทางเป็นลักษณะเหมือนกราฟแบบต้นไม้ โดยต้นทุนรวมของเส้นเชื่อมจะมีค่าต่ำที่สุด กราฟนี้จะมีจุดเริ่มต้นที่รากและกระจายไปจนครบทุกโหนด ดังตัวอย่างในรูปที่ 2 โดยกำหนดให้โหนด 0 คือรากของกราฟตั้งต้น



รูปที่ 2 ผลลัพธ์ของอาร์โบเรสเซนซ์แบบกิ่งกระจายต่ำสุด (MSA)

3. การนิยามปัญหา

ปัญหาการตัดสินใจ (Decision Problem) และปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด (Optimization Problem) ของปัญหาการเลือกพันธมิตรในเครือข่ายธุรกิจแบบมีตัวกลางหรือไม่มีตัวกลาง สามารถนิยามได้ดังนี้ กำหนดให้ $G = (V, E)$ ซึ่งมีโหนดรากคือ r เป็นกราฟแบบมีทิศทางแบบถ่วงน้ำหนักทั้งโหนดและเส้นเชื่อม แทนเครือข่ายธุรกิจที่กำลังพิจารณาลงทุนเพื่อสร้างพันธมิตรและความสัมพันธ์ที่สามารถลงทุนผ่านองค์กรหนึ่งไปยังองค์กรอื่น ๆ ได้ โดยแต่ละโหนดของกราฟ $v \in V$ แทนองค์กรที่ต้องการพิจารณาลงทุน แต่ละองค์กรจะให้ผลตอบแทนแก่ผู้ลงทุนคือ $p(v)$ เส้นเชื่อมแบบมีทิศทาง $e = (u, v) \in E$ แทนเส้นทางการลงทุนของผู้ลงทุนเพื่อเป็นพันธมิตรกับองค์กร v ผ่านองค์กร u โดยมีต้นทุนคือ $c(e = (u, v))$ และกำหนดให้โหนดราก $r \in V$ ของ G แทนผู้ลงทุนโดยมีผลประโยชน์ที่มอบให้ผู้ลงทุนจะต้องเป็น 0 เท่านั้น และมีข้อกำหนดเพิ่มเติมสำหรับ r คือจะต้องมีเส้นเชื่อมที่มีทิศทางออกจาก r เท่านั้น และมีอย่างน้อย 1 เส้น กำหนดให้นโยบายการลงทุนเป็นต้นไม้ย่อย (Subtree) t ซึ่งมีโหนดรากคือ r ของกราฟ G และ r ต้องมีเส้นทาง (Path) ไปยังทุกโหนดที่เหลือของ t เท่านั้น สาเหตุที่ต้องกำหนดนโยบายการลงทุนให้เป็นต้นไม้ย่อยของกราฟ G เนื่องจากการเข้าถึงแต่ละโหนด

ผ่านเส้นเชื่อมเส้นเดียวจะทำให้ต้นทุนการเข้าถึงต่ำสุด และกำหนดให้ต้นทุนรวมของการลงทุนคือผลรวมของค่าน้ำหนักเส้นเชื่อมทั้งหมดของต้นไม้ย่อย t คือ

$$cost(t) = \sum_{e \in E(t)} c(e) \quad (1)$$

และ มูลค่าผลประโยชน์รวม คือผลรวมค่าน้ำหนักของโหนดทั้งหมดของต้นไม้ย่อย t คือ

$$benefit(t) = \sum_{v \in V(t)} p(v) \quad (2)$$

จากการกำหนดที่ผ่านมา สามารถนิยามปัญหาการตัดสินใจ และ ปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดได้ดังนี้

3.1 ปัญหาการตัดสินใจ

ตัวอย่างปัญหา (Instance) : $G = (V, E)$ ฟังก์ชันผลตอบแทน p ฟังก์ชันต้นทุน c เงินลงทุน B และ มูลค่าผลตอบแทนขั้นต่ำที่ต้องการ K

คำถาม (Question) : มี t ที่ $cost(t) \leq B$ และ $benefit(t) \geq K$ หรือไม่

3.2 ปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด

ตัวอย่างปัญหา : $G = (V, E)$ ฟังก์ชันผลตอบแทน p ฟังก์ชันต้นทุน c เงินลงทุน B

คำถาม : ต้องการหา t ที่ $cost(t) \leq B$ และ $benefit(t)$ ให้ค่าสูงสุด

4. การวิเคราะห์ความซับซ้อนของปัญหา

การวิเคราะห์ความซับซ้อนของปัญหาใช้การลดรูป (Reduction) เพื่อพิสูจน์ความซับซ้อนของปัญหาการเลือกพันธมิตรในเครือข่ายธุรกิจแบบมีตัวกลางหรือไม่มีตัวกลาง โดยทำการลดรูปจากปัญหาถุงย่าม [12] ซึ่งมีนิยามดังนี้

4.1 ปัญหาถุงย่าม (Knapsack Problem)

ตัวอย่างปัญหา : เซต U แต่ละสมาชิก $u \in U$ มีน้ำหนัก $w(u) \in \mathbb{Z}^+$ และมีมูลค่า $v(u) \in \mathbb{Z}^+$ มีน้ำหนักที่ถุงย่ามบรรจุได้ $C \in \mathbb{Z}^+$ และ มูลค่ารวมที่ต้องการ $M \in \mathbb{Z}^+$

คำถาม : มีเซตย่อย $U' \subseteq U$ โดยที่

$$\sum_{u \in U'} w(u) \leq C \text{ และ } \sum_{u \in U'} v(u) \geq M \text{ หรือไม่}$$

4.2 การลดรูป (Reduction)

การลดรูปในหัวข้อนี้เป็นการสร้างจากการเปลี่ยนปัญหาถุงย่ามไปเป็นปัญหาการตัดสินใจสำหรับปัญหาการเลือกพันธมิตร ดังนี้

4.2.1 การสร้างตัวอย่างปัญหาของปัญหาการตัดสินใจจากปัญหาถุงย่ามในเวลาพหุนาม มีดังนี้

เริ่มต้นด้วยการสร้างกราฟ $G = (V, E)$ โดยกำหนดค่าน้ำหนักของโหนดและเส้นเชื่อมตามลำดับ ดังนี้

1) กำหนดให้ $V = \{r\} \cup U$ และกำหนดให้ทุกโหนด $u \in V$ (โดย u เป็นสมาชิกของ V) ยกเว้น r มีค่าน้ำหนักคือ $p(u) = v(u)$ และ $p(r) = 0$

2) กำหนดให้ $E_1 = \{(r, u) | u \in V - \{r\}\}$ และแต่ละเส้นเชื่อม (r, u) มีจุดปลายคือ u ที่ตรงกับ u ที่เป็นสมาชิกของเซต U และ กำหนดค่าน้ำหนัก c ของเส้นเชื่อม คือ $c((r, u)) = w(u)$ กำหนดเส้นเชื่อม $E_2 = \{(u_i, u_{i+1}) | u_i, u_{i+1} \in V - \{r\}\}$ และ กำหนดให้ค่าน้ำหนักของเส้นเชื่อมดังกล่าวเป็น $c((u_i, u_{i+1})) = C + 1$ สำหรับ $1 \leq i \leq |U| - 1$ และกำหนดให้ $E = E_1 \cup E_2$

3) กำหนดให้ $B = C$ และ $K = M$

การสร้างตัวอย่างของปัญหาการตัดสินใจนี้ ใช้เวลาในการประมวลผลเท่ากับ $O(n)$ โดยที่ n คือ จำนวนของสมาชิกของเซต U ในปัญหาถุงย่าม ดังนั้นการลดรูปจากปัญหาถุงย่ามไปเป็นปัญหาการตัดสินใจนี้สามารถทำได้ในเวลาพหุนาม

4.2.2 การแสดงให้เห็นว่ามีเซตย่อย $U' \subseteq U$ โดยที่ $\sum_{u \in U'} w(u) \leq C$ และ $\sum_{u \in U'} v(u) \geq M$ ก็ต่อเมื่อ (if and Only if) มีต้นไม้ย่อย t ที่ $cost(t) \leq B$ และ $benefit(t) \geq K$

($\Rightarrow \Rightarrow$) สมมติให้มีเซตย่อย $U' \subseteq U$ โดยที่

$\sum_{u \in U'} w(u) \leq C$ และ $\sum_{u \in U'} v(u) \geq M$ ดังนั้นสามารถสร้างต้นไม้ย่อย t โดยให้ $V(t) = \{r\} \cup \{U'\}$

และ $E(t) = \{(r, u) \mid u \in U'\}$ ซึ่งจากการลดรูปที่ผ่านมาจะทำให้ต้นไม้ย่อย t ที่มี $cost(t) \leq B$ และ $benefit(t) \geq K$

($\Leftarrow$) สมมติให้ต้นไม้ย่อย t มี $cost(t) \leq B$ และ $benefit(t) \geq K$

จากการสร้างกราฟ G จะพบว่า t จะต้องมีส่วนเชื่อมจาก r ไปยังบางสมาชิกในเซต U เท่านั้น เนื่องจาก $c((u_i, u_{i+1})) = C + 1$ สำหรับ $1 \leq i \leq |U| - 1$ และงบประมาณการลงทุน B มีค่า $B = C$ ซึ่งไม่เพียงพอทำให้เกิดเส้นเชื่อม (u_i, u_{i+1}) ใน t และ $c((r, u)) = w(u)$ และเมื่อ $p(u) = v(u)$ และ $cost(t) \leq B = C$ และ $benefit(t) \geq K = M$ แสดงว่าสามารถกำหนดให้ $U' = V(t) - \{r\}$ ซึ่งจะทำให้ $U' \subseteq U$ โดยที่

$$\sum_{u \in U'} w(u) \leq C \text{ และ } \sum_{u \in U'} v(u) \geq M$$

จากข้อ 4.2.1 และ 4.2.2 สามารถสรุปได้ว่า ปัญหาการตัดสินใจ (หัวข้อ 3.1) เป็นปัญหา NP-Hard ส่งผลให้ปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด (หัวข้อ 3.2) เป็นปัญหา NP-Hard ตามไปด้วย [12]

5. ขั้นตอนวิธี

หัวข้อนี้จะนำเสนอขั้นตอนวิธีสำหรับประมวลผลคำตอบของปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด เพื่อใช้ในกรณีที่ขนาดของข้อมูลเข้าของปัญหาไม่มากเกินไป และขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับกรณีที่ขนาดข้อมูลเข้าใหญ่เกินกว่าที่จะประมวลผลเพื่อหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดในเวลาอันสั้นได้

5.1 ขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุด

ขั้นตอนวิธีสำหรับประมวลผลคำตอบของปัญหาการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดโดยใช้หลักการของขั้นตอนวิธีแบบลองทุกกรณีที่เป็นไปได้ (Brute Force Algorithm) เพื่อรับประกันว่าขั้นตอนวิธีที่ได้นำเสนอจะทำงานถูกต้องสำหรับข้อมูลเข้าทุก ๆ แบบที่เป็นไปได้ ขั้นตอนวิธีจะประมวลผลโดยพิจารณากราฟย่อยที่ได้จาก สมาชิกที่เป็นไปได้ทั้งหมดของทุก combinations ขนาด 1 จนถึงขนาดของ V ของเซตของโหนด V ของกราฟ $G = (V, E)$ ซึ่งมีรากคือ r แต่ละกราฟย่อยที่ได้จะถูกประมวลผลเพื่อหา อาร์โบเรส

เซนซ์แบบกิ่งกระจายต่ำสุด (Minimum Spanning Arborescence : MSA) [19] ถ้าสามารถประมวลผล MSA ได้ (เซตของโหนดของกราฟย่อยจะต้องเท่ากับเซตของโหนดของ MSA ของกราฟย่อยนี้) ซึ่งจะได้ผลลัพธ์คือ กราฟแบบต้นไม้แบบมีทิศทางโดยมีเส้นทางจากรากของมันไปยังทุก ๆ โหนดของกราฟย่อยที่นำมาประมวลผล MSA ถ้าต้นไม้ไม่มีรากคือโหนด r ต้นไม้นี้จะถูกนำมาคำนวณหาผลตอบแทนและต้นทุนรวม ต้นไม้ที่เป็นคำตอบของปัญหาจะต้องมีต้นทุนรวมไม่เกินงบประมาณที่กำหนด และ ให้ผลตอบแทนสูงสุดดังขั้นตอนวิธีที่ 1 (Algorithm 1)

Algorithm 1: OptPartnerSelection

Input: $G = (V, E)$ rooted at r, p, c, B

Output: t^*

Algorithm

1. Let t^* be a tree containing only the root r .
2. $maxBenefit = 0$
3. For each set S of combinations of size 1 to $|V|$ of V .
4. For each s in S :
5. $H_s = \text{createSubGraphOfG}(s)$
6. If $MSA(H_s)$:
7. $t_s = MSA(H_s)$
8. If $\text{root}(t_s) = \text{root}(G)$ and $cost(t_s) \leq B$ and $benefit(t_s) > maxBenefit$:
9. $t^* = t_s$
10. $maxBenefit = benefit(t_s)$
11. End For
12. End For
13. Return t^*

End

การพิสูจน์ความถูกต้องของขั้นตอนวิธี OptPartnerSelection สามารถใช้หลักการพิสูจน์แบบค่าคงที่ของลูป (Loop Invariant) กำหนดให้ เซต S เป็นเซตของ combination ที่ k การทำซ้ำบรรทัดที่ 4 ถึง 11 ค่า $maxBenefit$ ให้ค่าสูงสุด กรณีฐาน (Base Case) ค่า $maxBenefit$ เป็นค่าสูงสุดของเซต S ขนาด $k-1$ (ก่อนเริ่มต้นสมาชิกลำดับที่ 1 ของ S ขนาด k) ขั้นตอนการอนุมาน (Inductive Step) กำหนดให้ $maxBenefit$ เป็นค่าสูงสุด เมื่อการทำซ้ำทำงานถึงรอบที่ $m-1$ (สมาชิกของ

เซต S ลำดับที่ $m-1$) ค่า $\maxBenefit$ เป็นค่าสูงสุดในรอบที่ m (สมาชิกของเซต S ลำดับที่ m) จะให้ค่า $\maxBenefit$ เป็นค่าสูงสุดอยู่ โดยแบ่งออกเป็น 2 กรณีคือ ถ้ากราฟย่อยของสมาชิกลำดับที่ m สามารถประมวลผล MSA ได้ (บรรทัดที่ 6) ซึ่งจะได้ ต้นไม้ของกราฟย่อยนี้ (บรรทัดที่ 7) และ ถ้ารากของต้นไม้คือรากเดียวกับของกราฟตั้งต้น G และบรรจุโหนดทั้งหมดของกราฟย่อยของสมาชิกลำดับที่ m และต้นทุนรวมของต้นไม้ไม่น้อยกว่าหรือเท่ากับ เงินลงทุน และผลประโยชน์รวมมากกว่า $\maxBenefit$ ของลำดับที่ $m-1$ ค่า $\maxBenefit$ จะถูกเปลี่ยนเป็น ผลประโยชน์รวมของต้นไม้ t ที่ได้จาก MSA และทำการจัดเก็บต้นไม้ไว้ (บรรทัดที่ 9 และ 10) กรณีอื่น ๆ ค่า $\maxBenefit$ จะไม่ถูกเปลี่ยนแปลง ดังนั้นเมื่อการทำซ้ำดำเนินการไปจนถึงรอบสุดท้าย (สมาชิกตัวสุดท้ายของเซต S ขนาด k) $\maxBenefit$ จะให้ค่าสูงสุด และได้ t^* ซึ่งเป็นต้นไม้ที่ให้ค่า $\maxBenefit$

ดังนั้นก่อนเข้าการทำซ้ำบรรทัดที่ 3 ค่า $\maxBenefit$ มีค่าเป็น 0 และ สมมติให้ การประมวลผล เซต S ขนาดที่ $k-1$ ให้ค่า $\maxBenefit$ สูงสุด และจากการพิสูจน์ที่ผ่านมาจะทำให้ การประมวลผล เซต S ขนาดที่ k ให้ค่า $\maxBenefit$ สูงสุดเช่นกัน จึงทำให้เมื่อการทำซ้ำสิ้นสุดลงจะทำให้ $\maxBenefit$ มีค่าสูงสุด และได้ t^* ซึ่งเป็นต้นไม้ที่ให้ค่า $\maxBenefit$

เวลาการประมวลผลของขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่ดีที่สุดคือ $O(2^n n^3)$ โดยที่ขนาดของเซต S คือ $2^n - 1$ และเวลาการประมวลผลของฟังก์ชัน MSA คือ $O(|E| |V|) = O(n^3)$ โดยที่ $n = |V|$ [19]

5.2 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

5.2.1 การกำหนดฟังก์ชันวัตถุประสงค์

กำหนดให้กราฟมีทิศทาง $G = (V, E)$ ที่มีรากคือ r และฟังก์ชันที่กำหนดค่าน้ำหนักของโหนด และเส้นเชื่อมคือ p และ c ตามลำดับ และมีงบประมาณ B เป็นข้อมูลนำเข้าของปัญหาการสร้างพันธมิตรที่เหมาะสมที่สุด โดยกำหนดให้ S เป็นเซตย่อยของ V และ H_s คือกราฟย่อยของ G ที่ประกอบด้วยโหนดที่เป็นสมาชิกของ S

นอกจากนี้ กำหนดให้ t_s คือ ต้นไม้ย่อยของ H_s ที่ได้จากการประมวลผล $MSA(H_s)$ และ การกำหนดค่าอื่น ๆ ดังนี้

- $\text{benefit}(S)$ และ $\text{benefit}(V)$ คือ ผลรวมของค่าน้ำหนักโหนดสมาชิกใน S และ V ตามลำดับและ

- $\text{cost}(t_s)$ คือ ผลรวมของค่าน้ำหนักเส้นเชื่อมของ t_s

การกำหนดค่าการลงโทษ เนื่องจาก การนิยามในหัวข้อที่ 3 t_s ที่สามารถเป็นตัวแทนนโยบายการลงทุนได้ จะต้องมีความสมบัติ ประกอบด้วย t_s จะต้องมีการเป็นรากเดียวกับกราฟตั้งต้น G และต้นทุนของ t_s ต้องไม่เกินงบประมาณการลงทุน B ดังนั้นเพื่อเพิ่มโอกาสให้ได้ประชากรที่เป็นไปตามตามเงื่อนไขนี้ ผู้วิจัยจึงได้กำหนดค่าการลงโทษ เพื่อให้ประชากรที่ไม่ตรงกับเงื่อนไขมีโอกาสถูกเลือกน้อยลงในรอบ (Generation) ถัดไป การกำหนดค่าการลงโทษมีดังนี้กำหนดให้ $\text{penalty}(S)$ คือ ค่าลงโทษของ S โดยการกำหนดค่า $\text{penalty}(S)$ มีดังนี้

1) กรณี $MSA(H_s)$ สามารถประมวลผลได้ ซึ่งจะ ทำให้ $t_s = MSA(H_s)$

a. ถ้ารากของ t_s คือ r และ $\text{cost}(t_s)$ ไม่เกิน B กำหนดให้ $\text{penalty}(S) = 0$

b. ถ้ารากของ t_s คือ r และ $\text{cost}(t_s)$ ไม่เกิน $1.2B$ กำหนดให้ $\text{penalty}(S) = 1.2\text{benefit}(V)$

c. ถ้ารากของ t_s คือ r และ $\text{cost}(t_s)$ ไม่เกิน $1.4B$ กำหนดให้ $\text{penalty}(S) = 1.4\text{benefit}(V)$

d. ถ้ารากของ t_s คือ r และ $\text{cost}(t_s)$ ไม่เกิน $1.6B$ กำหนดให้ $\text{penalty}(S) = 1.6\text{benefit}(V)$

e. ถ้ารากของ t_s คือ r และ $\text{cost}(t_s)$ ไม่เกิน $1.8B$ กำหนดให้ $\text{penalty}(S) = 1.8\text{benefit}(V)$

f. ถ้ารากของ t_s คือ r และ $\text{cost}(t_s)$ ไม่เกิน $2B$ กำหนดให้ $\text{penalty}(S) = 2\text{benefit}(V)$

g. ถ้า $\text{cost}(t_s)$ ไม่เกิน B หรือ รากของ t_s คือ r กำหนดให้ $\text{penalty}(S) = 3\text{benefit}(V)$

h. กรณีอื่น ๆ นอกเหนือจากข้างต้นจะกำหนดให้ $\text{penalty}(S) = 4\text{benefit}(V)$

2) กรณี $MSA(H_s)$ ไม่สามารถประมวลผลได้ จะกำหนดให้ $\text{penalty}(S) = 5\text{benefit}(V)$

หมายเหตุ : การตรวจสอบเงื่อนไขเพื่อกำหนดค่าการลงโทษ $penalty(S)$ จะต้องดำเนินการจากบนลงล่างตามลำดับเท่านั้น โดยค่าลงโทษดังกล่าวได้จากการทดลองและปรับปรุงเพื่อให้ค่าความเหมาะสม (Fitness) อยู่เข้าสู่ค่าต่ำสุดอย่างรวดเร็ว

จากข้อกำหนดข้างต้น สามารถนำไปใช้ในการกำหนดฟังก์ชันวัตถุประสงค์ของปัญหาการสร้างพันธมิตรที่เหมาะสมที่สุดได้ดังต่อไปนี้

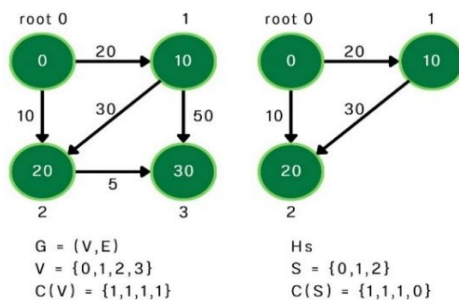
$$\min -(benefit(S) - penalty(S)) \quad (3)$$

หมายเหตุ : ฟังก์ชันวัตถุประสงค์เดิมคือการหาค่าสูงสุด ซึ่งก็คือ $\max benefit(S) - penalty(S)$ แต่เพื่อความสะดวกในการสร้างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับทดสอบประสิทธิภาพในหัวข้อถัดไป จึงทำการเปลี่ยนฟังก์ชันวัตถุประสงค์เป็นการหาค่าต่ำสุดแทน

5.3 การเข้ารหัส (Encoding)

จากการกำหนดฟังก์ชันวัตถุประสงค์ที่ผ่านมา จะเห็นได้ว่าฟังก์ชันวัตถุประสงค์มีความสัมพันธ์กับเซต S ซึ่งเป็นเซตย่อยของเซต V ดังนั้น เซต S สามารถเขียนในรูปแบบโครโมโซมได้ดังนี้

กำหนดให้เซตลำดับของโหนดของกราฟ G คือ $V = (0, 1, 2, \dots, n)$ และกำหนดโครโมโซมของ $C(S) = (a_0, a_1, \dots, a_n)$ ซึ่ง $C(S)$ จะแสดงการปรากฏของสมาชิกของ V ตามลำดับ ถ้าสมาชิกของ S คือ i ให้กำหนดค่า $a_i = 1$ และที่เหลือทั้งหมดให้กำหนดเป็น 0 เช่นกำหนดให้ $V = (0, 1, 2, 3)$ และ $S = (0, 1, 2)$ สามารถแทนด้วยโครโมโซมของ $C(S) = (1, 1, 1, 0)$ และ H_s ดังรูปที่ 2



รูปที่ 3 ตัวอย่างโครโมโซม $C(S)$ ของ S และ H_s

หมายเหตุ : การกำหนดโครโมโซมในลักษณะนี้จะได้กราฟย่อย ซึ่งจะถูกนำไปประมวลผลหาต้นไม้ต้นทุนต่ำสุดของกราฟแบบมีทิศทาง T_s ด้วย MSA ต่อไป

5.4 การดำเนินการทางพันธุกรรม (Genetic Operations)

5.4.1 การคัดเลือก (Selection)

กระบวนการคัดเลือกใช้วิธีวงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel Selection) ซึ่งเป็นการสุ่มเลือกโครโมโซม เพื่อนำมาเป็นพ่อแม่ โดยพิจารณาตามสัดส่วนของค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม กล่าวคือโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมสูงกว่าจะมีโอกาสถูกเลือกมากกว่าโครโมโซมอื่น ๆ

5.4.2 การผสมพันธุ์ (Crossover)

กระบวนการผสมพันธุ์ใช้วิธี การผสมพันธุ์แบบสุ่มตำแหน่งสองตำแหน่ง (Two-Point Crossover) โดยตำแหน่งที่ 1 ต้องมีค่าน้อยกว่าตำแหน่งที่ 2

5.4.3 การกลายพันธุ์ (Mutation)

กระบวนการกลายพันธุ์ใช้วิธีการสุ่มเปลี่ยนแปลงค่าของยีนบางตำแหน่ง (Random Mutation) ในโครโมโซม ซึ่งมีวัตถุประสงค์เพื่อเพิ่มความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร และช่วยลดความเสี่ยงที่ขั้นตอนวิธีจะติดอยู่ในคำตอบที่ไม่เหมาะสม (Local Optimum) โดยกำหนดความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์เท่ากับ 0.05

5.4.4 สัดส่วนของประชากรที่ดีที่สุด (Elite)

กำหนดสัดส่วนของประชากรที่มีค่าความเหมาะสมดีที่สุดไว้ 0.05 โดยโครโมโซมเหล่านี้จะถูกส่งต่อไปยังรุ่นถัดไปโดยไม่ต้องผ่านกระบวนการผสมพันธุ์หรือกลายพันธุ์

หมายเหตุ : การกำหนดค่าไฮเปอร์พารามิเตอร์ที่ผ่านมาได้จากผลการทดลองในหัวข้อที่ 7.2 ซึ่งสามารถใช้ได้ดีกับกลุ่มข้อมูลทดสอบ โดยเป็นกราฟที่มีขนาดระหว่าง 18 ถึง 100 โหนด จากผลการทดลองในหัวข้อ 7.3 ถึง 7.5

5.4.5 การกำหนดประชากรตั้งต้น (Initial Population)

เพื่อให้มีโอกาสได้ประชากรที่ถูกเลือกเป็นจำนวนมาก ผู้วิจัยจึงกำหนดประชากรแรกให้มีโครโมโซมเป็นกราฟที่ประกอบด้วยรากของกราฟตั้งต้น G เพียงโหนดเดียว และกราฟที่มีรากของกราฟตั้งต้น G ร่วมกับ สมาชิกของ combinations ขนาด 1 ถึง $|V(G) - \{r\}|$ โดยจะเลือก

ตามลำดับของสมาชิกของ combinations ซึ่งจะเลือกไม่เกินจำนวนประชากรที่กำหนด การเลือกประชากรตั้งต้นลักษณะนี้จะมีโอกาสเกิดต้นไม้ที่มีต้นทุนต่ำสุดของกราฟย่อยที่ผ่านเงื่อนไข (ค่าลงโทษเป็น 0) เป็นจำนวนมาก ซึ่งจะส่งผลให้การประมวลผลขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเข้าสู่คำตอบที่เหมาะสมที่สุดได้อย่างรวดเร็ว

6. การออกแบบการทดลอง

6.1 ข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบการทำงานของขั้นตอนวิธี

ข้อมูลสำหรับการทดสอบได้มาจากการสร้างสถานการณ์จำลอง (Simulation) โดยการสร้างกราฟแทนเครือข่ายธุรกิจ โดยกำหนดให้ โหนดรากแทนผู้ลงทุน ส่วนโหนดอื่น ๆ แทนองค์กรธุรกิจที่เป็นตัวเลือกในการลงทุนเพื่อสร้างพันธมิตร และเส้นเชื่อมแทนความสามารถในการลงทุนจากผู้ลงทุนไปยังองค์กรธุรกิจอื่น ๆ ภายในกราฟ โดยที่ค่าน้ำหนักของโหนดแทนผลประโยชน์ที่แต่ละองค์กรธุรกิจจะมอบให้แก่ผู้ลงทุน และค่าน้ำหนักของเส้นเชื่อม แทนต้นทุนที่ผู้ลงทุนจะต้องจ่ายเพื่อลงทุนจากองค์กรธุรกิจหนึ่งไปยังอีกองค์กรหนึ่ง

6.2 การทดสอบเวลาการประมวลผล

การทดสอบเวลาประมวลผลของขั้นตอนวิธีเพื่อหาค่าที่เหมาะสมที่สุด ใช้การสร้างสถานการณ์จำลอง โดยสร้างกราฟที่มีทิศทางแบบสมบูรณ์ (Completed Directed Graph) จากนั้นทำการเพิ่มโหนดราก และ เส้นเชื่อมทิศทางออกจากโหนดรากไปยังโหนดอื่น ๆ ที่เหลือ ขนาดของกราฟมีตั้งแต่ 3-20 โหนด เพื่อทดสอบเวลาการประมวลผลสำหรับกราฟแต่ละขนาดจะทำการสุ่มค่าน้ำหนักของโหนดและเส้นเชื่อม รวมถึงงบประมาณการลงทุน จำนวน 5 รอบ หลังจากนั้นนำมาประมวลผลเพื่อหาเวลาเฉลี่ย และวิเคราะห์ช่วงของจำนวนโหนดที่เหมาะสมสำหรับใช้กับขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุดในการประมวลผลคำตอบ

6.3 การเปรียบเทียบการกำหนดค่าไฮเปอร์พารามิเตอร์

การเปรียบเทียบการกำหนดค่าไฮเปอร์พารามิเตอร์ (Hyper Parameter) ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม จะทำการสุ่มกราฟแบบมีทิศทางขนาด 18 โหนด จากนั้นสุ่มค่าน้ำหนักของโหนด ค่าน้ำหนักเส้นเชื่อม และ สุ่มงบประมาณ

ที่สามารถใช้ในการลงทุน จากนั้นทำการหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดจากขั้นตอนวิธีที่ได้นำเสนอในหัวข้อ 5.1 ต่อจากนั้นทำการเพิ่มโหนด และ เส้นเชื่อมให้ครบ 50 โหนด และ สุ่มค่าน้ำหนักของเส้นเชื่อมให้มีค่ามากกว่างบประมาณที่ได้กำหนดไปก่อนหน้านี้ เพื่อให้คำตอบที่ดีที่สุดยังคงเป็นของกราฟขนาด 18 โหนดดังเดิม การกำหนดช่วงของค่าพารามิเตอร์ในการทดสอบมีดังนี้ ความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ (Mutation Probability) และ อัตราส่วนของตัวแบบยอดเยี่ยม (Elite Ratio) โดยทั้งสองค่าจะกำหนดอยู่ในช่วง 0.05 ถึง 0.2 และ ประเภทของการผสมพันธุ์ (Crossover Type) ประกอบด้วย shuffle one-point two-point และ uniform จำนวนรอบหรือจำนวนรุ่น และ จำนวนประชากร กำหนดเป็น 1500 และ สัดส่วนของประชากรที่ถูกเลือกให้เป็นพ่อแม่ (Parents Portion) กำหนดให้มีค่าเป็น 0.5 เพื่อทดสอบการเข้าสู่คำตอบที่เหมาะสมที่สุด และ เวลาการประมวลผล

6.4 การเปรียบเทียบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุด

เพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพระหว่างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม และขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุด การทดสอบจะทำการสุ่มสร้างกราฟที่มีทิศทาง มูลค่าผลตอบแทน ต้นทุนการลงทุนผ่านแต่ละองค์กร และงบประมาณการลงทุน ซึ่งประกอบด้วย 1) กราฟ 18 โหนด จำนวน 10 ตัวอย่าง 2) กราฟ 19 โหนด จำนวน 10 ตัวอย่าง และ 3) กราฟ 20 โหนด จำนวน 10 ตัวอย่าง รวมทั้งหมด 30 ตัวอย่าง

6.5 การเปรียบเทียบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาค

การเปรียบเทียบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาค โดยจะทำการสร้างกราฟตัวอย่าง 30 โหนด จำนวน 30 ตัวอย่าง ซึ่งถูกสร้างจากกราฟในหัวข้อ 6.4 แต่ละตัวอย่างจะถูกเพิ่มจำนวนโหนดให้ครบ 30 โหนด และ โหนดที่เพิ่มเข้าไปจะถูกเชื่อมด้วยเส้นเชื่อมที่มีค่าน้ำหนักมากกว่างบประมาณการลงทุน และกำหนดให้งบประมาณการลงทุนของแต่ละกราฟเท่าเดิมจากที่กำหนดในหัวข้อ 6.4 การทำเช่นนี้จะทำให้แต่

ละกราฟมีค่าที่เหมาะสมที่สุดเท่าเดิม เพื่อใช้เปรียบเทียบผลลัพธ์ และเวลาประมวลผลของขั้นตอนวิธีทั้งสอง ภายใต้ข้อจำกัดคือ จำนวนอนุภาคและจำนวนประชากรเท่ากัน จำนวนรอบการประมวลผลและจำนวนรุ่นเท่ากัน และกลุ่มของอนุภาคตั้งต้นและประชากรตั้งต้นเหมือนกัน

6.6 การทดสอบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับกราฟที่มีโหนดจำนวนมาก

ในการทดลองนี้ ทำการทดสอบกราฟที่มีจำนวนโหนด 60 80 และ 100 โหนด อย่างละ 10 ตัวอย่าง การสร้างคำตอบที่เหมาะสมที่สุดในแต่ละกราฟตัวอย่าง เริ่มต้นจากกลุ่มสร้างกราฟแบบมีทิศทางแบบสมบูรณ์ที่มีจำนวนโหนดระหว่าง $m/8-1$ ถึง $m/4-1$ โดยที่ $m \in \{60, 80, 100\}$ คือจำนวนโหนดของกราฟ และ สร้างโหนดราก จากนั้นสุ่มเส้นเชื่อมจำนวนหนึ่งออกจากโหนดรากไปยังโหนดของกราฟที่ได้สร้างไว้ก่อนหน้านี้ ต่อจากนั้นทำการประมวลผลหาต้นไม้แบบมีทิศทางต้นทุนต่ำสุดด้วย MSA และ กำหนดให้งบประมาณการลงทุนเท่ากับผลรวมของค่าน้ำหนักของเส้นเชื่อมของต้นไม้ และ ค่าที่เหมาะสมที่สุดคือผลรวมของค่าน้ำหนักของโหนดของต้นไม้ เช่นกัน จากนั้นเพิ่มโหนดให้ครบตามจำนวน m และทุกโหนดที่เพิ่มเข้ามาใหม่จะต้องมีเส้นเชื่อมที่ถูกกำหนดค่าน้ำหนักโดยการสุ่ม และต้องมีค่าสูงกว่าต้นทุนสูงกว่งบประมาณที่กำหนดก่อนหน้านี้ สุดท้ายทำการสุ่มค่าน้ำหนักของโหนดทั้งหมดที่เพิ่มเข้ามา ในการทดลองนี้ จะทำการทดสอบ ผลลัพธ์ และ เวลาการประมวลผลของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพียงอย่างเดียวเท่านั้น เพื่อแสดงให้เห็นว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถประยุกต์ใช้ ในกรณีที่ปัญหาขนาดใหญ่ได้ โดยการทดสอบประกอบด้วยการใช้หน่วยประมวลแแกนเดี่ยว (Single Core) และ ใช้หน่วยประมวลผลหลายแกน (Multi Cores)

6.7 เครื่องมือและวิธีการที่ใช้ในการทดลอง

เครื่องมือและวิธีการที่ใช้ในการทดลองมีรายละเอียดดังต่อไปนี้

6.7.1 คอมพิวเตอร์ส่วนบุคคลที่ใช้ในการทดสอบคุณสมบัติคือ Intel CPU Intel(R) Core(TM) i7-13620H @ 2.40GHz, RAM 24 GB และ HDD 512 GB สำหรับบันทึกและประมวลผล

6.7.2 ซอฟต์แวร์และแพ็คเกจที่ใช้ ได้แก่ 1) โปรแกรม PyCharm Community Edition 2024.3 2) แพคเกจ NetworkX [20] สำหรับการสร้างกราฟตัวแทนของเครือข่ายธุรกิจ และ ใช้ในการประมวลผลฟังก์ชัน MSA และ 3) แพคเกจ geneticalgorithm2 [21] ใช้สำหรับสร้างและประมวลผลด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม 4) แพคเกจ Pyswarms [22] ใช้สำหรับสร้างและประมวลผลด้วยขั้นตอนวิธีการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาค

6.7.3 ขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุด จากหัวข้อ 5.1

6.7.4 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม จากหัวข้อ 5.2

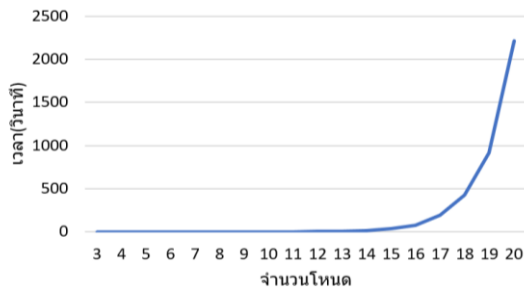
6.7.5 วิธีการทดสอบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีทั้งหมดใช้วิธีสร้างชุดคำสั่งภาษา Python และนำไปประมวลผลบนข้อมูลทดสอบที่ได้จากการจำลองสถานการณ์

7. ผลการทดลอง

7.1 ผลการทดลองขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุด

จากการทดสอบการประมวลผลของขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุดบนกราฟขนาด 3 ถึง 20 โหนด ซึ่งกราฟแต่ละขนาดมีการสุ่มค่าพารามิเตอร์และทำการทดสอบซ้ำ 5 รอบเพื่อคำนวณค่าเวลาเฉลี่ย พบว่าขั้นตอนวิธีใช้เวลาการประมวลผลเพิ่มขึ้นในช่วง 2.07 ถึง 2.66 โดยค่าเฉลี่ยอยู่ที่ 2.34 เท่าต่อการเพิ่มจำนวนโหนด 1 โหนด ซึ่งสอดคล้องกับเวลาการประมวลผลในรูปแบบสัญกรณ์เชิงเส้นกำกับของขั้นตอนวิธีในหัวข้อ 5.1 ซึ่งก็คือ $O(2^n n^3)$

จากกราฟเวลาประมวลผล (รูปที่ 4) แสดงให้เห็นว่าจำนวนโหนดที่เหมาะสมสำหรับการใช้งานขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุดคือไม่เกิน 14 โหนด เนื่องจากเมื่อจำนวนโหนดเกิน 14 โหนด กราฟเวลาประมวลผลจะเริ่มมีความชันเพิ่มขึ้นอย่างเห็นได้ชัด โดยเฉพาะอย่างยิ่งหลังจาก 17 โหนดเป็นต้นไป จะเห็นได้ว่าใช้เวลาในการประมวลผลเพิ่มขึ้นอย่างชัดเจน เมื่อจำนวนโหนดเพิ่มขึ้น 1 โหนด



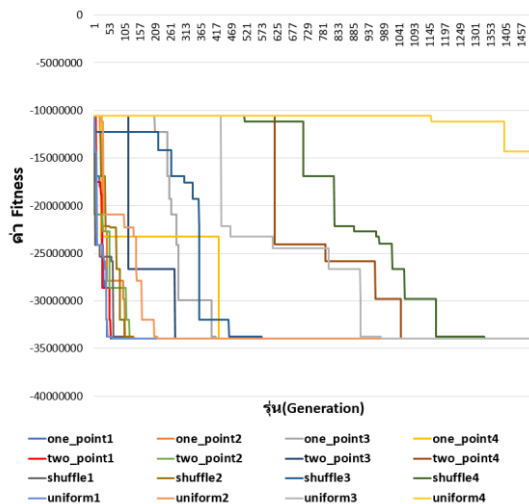
รูปที่ 4 เวลาการประมวลผลของขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุดตามจำนวนโหนด

7.2 ผลการการเปรียบเทียบการกำหนดค่าไฮเปอร์พารามิเตอร์

กำหนดให้ Crossover Type = ct Mutation Probability = mp Elite Ratio = er จากการทดลองพบว่า 5 อันดับแรกของการเข้าสู่ค่าที่เหมาะสมที่สุด มีดังนี้อันดับที่หนึ่ง ct = Two-Point mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 616 วินาที รองลงมาคือ cp = shuffle mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 631 วินาที ct = One-Point mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 658 วินาที และ สุดท้าย ct = One-Point mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 982 วินาที

กำหนดให้ Crossover Type = ct Mutation Probability = mp Elite Ratio = er จากการทดลองพบว่า 5 อันดับแรกของการเข้าสู่ค่าที่เหมาะสมที่สุด มีดังนี้อันดับที่หนึ่ง ct = Two-Point mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 616 วินาที รองลงมาคือ cp = shuffle mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 631 วินาที ct = One-Point mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 658 วินาที และ สุดท้าย ct = One-Point mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 982 วินาที

กำหนดให้ Crossover Type = ct Mutation Probability = mp Elite Ratio = er จากการทดลองพบว่า 5 อันดับแรกของการเข้าสู่ค่าที่เหมาะสมที่สุด มีดังนี้อันดับที่หนึ่ง ct = Two-Point mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 616 วินาที รองลงมาคือ cp = shuffle mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 631 วินาที ct = One-Point mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 658 วินาที และ สุดท้าย ct = One-Point mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 982 วินาที



รูปที่ 5 ผลการเปรียบเทียบการปรับค่าไฮเปอร์พารามิเตอร์

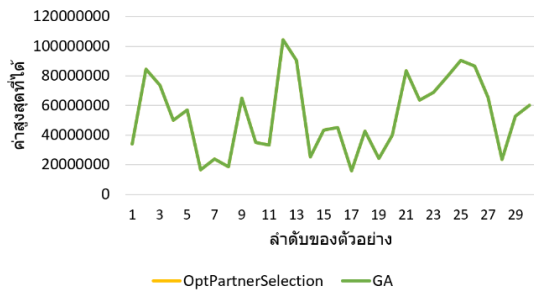
หมายเหตุ : จากรูปที่ 5 หมายเลข 1 หมายถึง mp และ er คือ 0.05 หมายเลข 2 หมายถึง mp และ er คือ 0.1 หมายเลข 3 หมายถึง mp และ er คือ 0.15 และ หมายเลข 4 หมายถึง mp และ er คือ 0.2

ด้านเวลาการประมวลผลพบว่า 5 อันดับแรกของการประมวลผลครบ 1500 รุ่นมีดังนี้ อันดับที่หนึ่ง ct = Two-Point mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 616 วินาที รองลงมาคือ cp = shuffle mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 631 วินาที ct = One-Point mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 658 วินาที และ สุดท้าย ct = One-Point mp = 0.05 er = 0.05 ใช้เวลา 982 วินาที

ดังนั้น ในการทดลองในหัวข้อ 7.3 ถึง 7.5 จะกำหนดค่า ct = Two-Point mp = 0.05 er = 0.05 เนื่องจากมีประสิทธิภาพดีที่สุดทั้งการเข้าสู่ค่าที่เหมาะสมที่สุด และ เวลาการประมวลผล

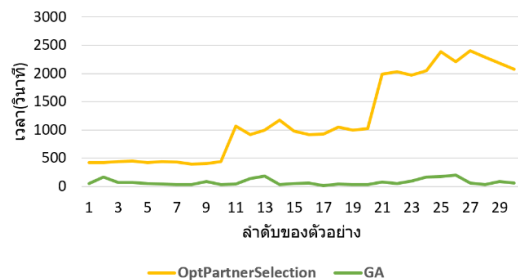
7.3 ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพการประมวลผลระหว่างประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุด

หัวข้อนี้นำเสนอผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุด โดยวิเคราะห์ทั้งด้าน การให้ผลลัพธ์ซึ่งก็คือค่าสูงสุดของแต่ละกราฟจากขั้นตอนวิธีทั้ง 2 และ ด้านเวลาการประมวลผล จากการทดลองผู้วิจัยได้กำหนดค่า ct = Two-Point mp = 0.05 er = 0.05 ซึ่งได้จากการทดลองที่ 7.2 และ ปรับจำนวนประชากร และ จำนวนรุ่นให้เหมาะสมเพื่อให้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมไม่ใช้เวลาการประมวลผลมากเกินไป โดยกำหนดค่าจำนวนประชากรคือ 400 และ จำนวนรุ่นคือ 250 ผลการทดลองการประมวลผลกราฟ 18 19 และ 20 โหนด จำนวนทั้งหมด 30 กราฟ ตัวอย่าง พบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้ค่าที่ตรงกับขั้นตอนวิธีที่ให้ค่าเหมาะสมที่สุด (ขั้นตอนวิธี OptPartnerSelection ที่เสนอในหัวข้อ 5.1) ทุกตัวอย่าง ดังนั้น จากตัวอย่างที่กำหนด ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้ผลลัพธ์ที่ถูกต้องทั้งหมด ดังรูปที่ 6



รูปที่ 6 กราฟการเปรียบเทียบผลลัพธ์ระหว่างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุด

ด้านเวลาการประมวลผล ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใช้เวลาการประมวลผลน้อยกว่าขั้นตอนวิธีที่ให้ค่าเหมาะสมที่สุดสำหรับตัวอย่างที่นำมาทดสอบทุกตัวอย่าง ดังรูปที่ 7



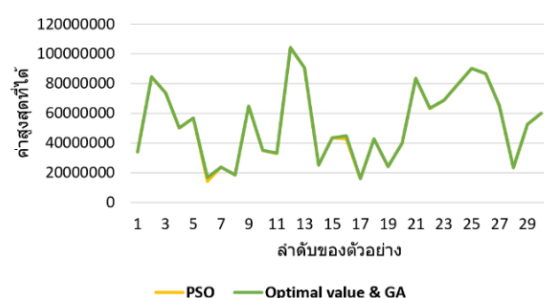
รูปที่ 7 กราฟการเปรียบเทียบเวลาการประมวลผลระหว่างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุด

ดังนั้น จากตัวอย่างที่นำมาทดสอบการประมวลผลเพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพการประมวลผลระหว่างประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุด พบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่มีการกำหนดค่า $ct = \text{Two-Point}$ $mp = 0.05$ $er = 0.05$ กำหนดค่าจำนวนประชากรคือ 400 และ จำนวนรุ่นคือ 250 มีประสิทธิภาพที่ดีทั้งทางด้านความถูกต้องของผลลัพธ์ และ เวลาการประมวลผล

7.4 ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาค

ในหัวข้อนี้นำเสนอผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาคซึ่งประกอบด้วยการเปรียบเทียบด้านความถูกต้องของผลลัพธ์ และ เวลาการประมวลผล บนกราฟ 30 โหนด โดยวิธีการสร้างกราฟทั้งหมดได้อธิบายไว้ในหัวข้อ 6.5 การกำหนดค่าไฮเปอร์พารามิเตอร์ของ ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมคือ $ct = \text{Two-Point}$ $mp = 0.05$ $er = 0.05$ กำหนดค่าจำนวนประชากรคือ 500 จำนวนรุ่นคือ 500 และการกำหนดค่าของการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาคประกอบด้วย จำนวนฝูงอนุภาค 500 จำนวนรอบการทำซ้ำ 500 รอบ ค่าสัมประสิทธิ์ของการเรียนรู้ส่วนบุคคล (Cognitive Parameter) $c1 = 2.5$ ค่าสัมประสิทธิ์ของการเรียนรู้แบบสังคม (Social Parameter) $c2 = 2.5$ ค่าน้ำหนักความเฉื่อย (Inertia Weight) $w = 0.9$ จำนวนเพื่อนบ้าน (Number of Neighbors) $k = 5$ ค่ากำหนดระยะห่างของอนุภาคใน Local-best PSO (LBest PSO) $p = 2$ ซึ่งหมายถึงการคำนวณด้วยระยะทางยุคลิด (Euclidean Distance)

ด้านความถูกต้องของผลลัพธ์พบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (GA) ให้ผลลัพธ์ที่ถูกต้องทั้งหมด และ การหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาค (PSO) ให้ผลลัพธ์ที่ต่ำกว่าค่าที่ถูกต้องเล็กน้อยจำนวน 4 ตัวอย่าง ดังรูปที่ 8



รูปที่ 8 กราฟการเปรียบเทียบผลลัพธ์ระหว่างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาค

ขั้นตอนวิธีการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาคที่ให้ผลลัพธ์ที่ผิดพลาดแสดงในตารางที่ 2

ตารางที่ 2 ผลลัพธ์ที่ผิดพลาดของตัวอย่างทดสอบจากการหาค่าที่เหมาะสมที่สุดโดยใช้ฝูงอนุภาค

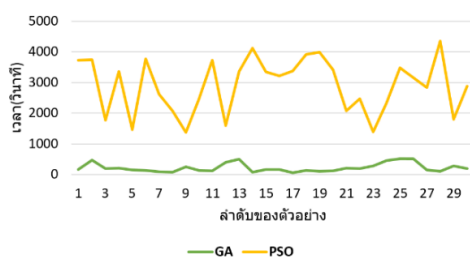
ลำดับ	PSO	Optimal value & GA	% ความผิดพลาด
6	14113272	16663140	15.30
11	33088415	33309335	0.66
16	42665629	45044265	5.28
22	63303670	63460962	0.25

ผลการวิเคราะห์ Paired Sample t-test ของค่าตอบที่เหมาะสมที่สุด (Optimal Value : OV) กับ การหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาค (PSO) พบว่า ค่าสถิติทดสอบ $t = 1.497$, $p=0.145 > 0.05$ แสดงว่า ผลลัพธ์ที่ได้จากการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาคและค่าที่เหมาะสมที่สุดมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ และการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาคกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม พบว่า ค่าสถิติทดสอบ $t = 1.497$, $p=0.145 > 0.05$ แสดงว่า ทั้ง 2 ขั้นตอนวิธีไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ ส่วนผลการวิเคราะห์ Paired sample t-test ของค่าตอบที่เหมาะสมที่สุดกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมพบว่า ไม่สามารถประมวลผลได้เนื่องจากข้อมูลทั้งสองชุดมีค่าที่ตรงกันทุกจุด ดังตารางที่ 3

ตารางที่ 3 เปรียบเทียบค่าความแตกต่างระหว่างค่าที่เหมาะสมที่สุดกับการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาค และขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

	Paired Differences					t	df	Sig.
	Mean	Std. Deviation	Std. Error Mean	95% Confidence Interval of the Difference				
				Lower	Upper			
OV - PSO	4644586.13	16996805.73	3103177.97	-1702125.43	10991297.70	1.497	29	0.145
OV - GA	-	-	-			-	-	-
GA - PSO	4644586.13	16996805.73	3103177.98	-1702125.43	10991297.70	1.497	29	0.145

ในด้านการเปรียบเทียบเวลาการประมวลผลพบว่า ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใช้เวลาการประมวลผลน้อยกว่าการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาคทุกตัวอย่างดังรูปที่ 9



รูปที่ 9 กราฟเปรียบเทียบเวลาการประมวลผลระหว่างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาค

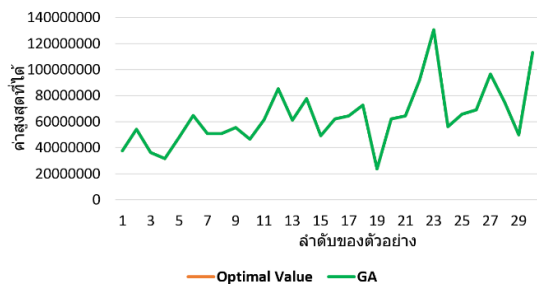
ดังนั้น จากตัวอย่างที่นำมาทดสอบการประมวลผลเปรียบเทียบประสิทธิภาพการประมวลผลระหว่างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาคพบว่าวิธีเชิงพันธุกรรม มีประสิทธิภาพที่ดีกว่าการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาค ทั้งทางด้านความถูกต้องของผลลัพธ์และเวลาการประมวลผล อย่างไรก็ตามจากการวิเคราะห์ค่า Paired sample t-test พบว่าด้านความถูกต้องของขั้นตอนวิธีทั้งสองไม่ได้แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ

7.5 ผลการทดสอบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับกราฟที่มีโหนดเป็นจำนวนมาก

ในหัวข้อนี้นำเสนอผลการทดสอบการประมวลผลของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมบนกราฟตัวอย่างขนาด 60 80 และ 100 โหนดแต่ละขนาดมีตัวอย่างกราฟ 10 ตัวอย่าง รวม

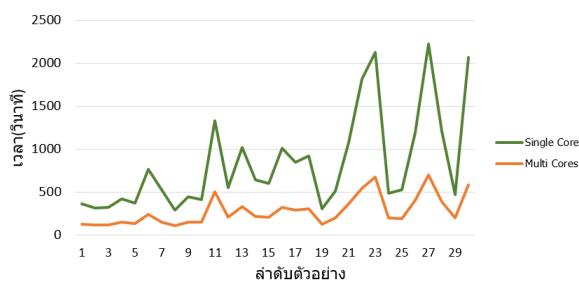
ทั้งสิ้น 30 ตัวอย่าง โดยรายละเอียดการสร้างกราฟงบประมาณและ ค่าที่เหมาะสมที่สุดได้อธิบายไว้ในหัวข้อ 6.6

จากการทดสอบประสิทธิภาพด้านความถูกต้องพบว่า ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่กำหนดค่ากำหนดค่า $ct = \text{Two-Point}$ $mp = 0.05$ $er = 0.05$ กำหนดค่าจำนวนประชากรคือ 500 และ จำนวนรุ่นคือ 700 ให้ผลลัพธ์ที่ถูกต้องตรงตามค่าที่เหมาะสมที่สุดที่ได้กำหนดไว้ล่วงหน้าทุกตัวอย่างทดสอบ ดังรูปที่ 10



รูปที่ 10 กราฟการเปรียบเทียบผลลัพธ์ระหว่างขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและค่าที่เหมาะสมที่สุดที่ถูกกำหนดไว้

ด้านเวลาการประมวลผลลำดับที่ 1 ถึง 10 คือกราฟขนาด 60 โหนด ลำดับที่ 11 ถึง 20 คือ กราฟขนาด 80 โหนด และ ลำดับที่ 21 ถึง 30 คือ กราฟขนาด 100 โหนด การทดสอบเวลาการประมวลผลประกอบด้วยการใช้หน่วยประมวลผลแกนเดียว และ ใช้หน่วยประมวลผลหลายแกน โดยใช้แกนประมวลผลจำนวน 4 แกนในการทดสอบ ซึ่งให้ผลการทดสอบด้านความถูกต้องของการประมวลผลทั้ง 2 แบบเท่ากัน ดังรูปที่ 10 ผลลัพธ์ด้านเวลาการประมวลผลดังรูปที่ 11



รูปที่ 11 กราฟเวลาการประมวลผลของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

จากรูปที่ 11 เวลาเฉลี่ยของการประมวลผลด้วยหน่วยประมวลผลแกนเดียวของกราฟ 60 80 และ 100 โหนด คือ 425.5 วินาที 775.3 วินาที และ 1322.0 วินาที ตามลำดับ และ เวลาเฉลี่ยของการประมวลผลด้วยหน่วยประมวลผลหลายแกนของกราฟ 60 80 และ 100 โหนด คือ 145.9 วินาที 272.9 วินาที และ 426.6 วินาทีตามลำดับ หรือใช้เวลาประมวลผลลดลง 65.7 64.8 และ 67.7 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ ดังนั้น ในกรณีที่ต้องการประมวลผลกราฟขนาดใหญ่ อาจพิจารณาใช้หน่วยประมวลผลหลายแกน ซึ่งเวลาการประมวลผลจะลดลงตามจำนวนแกนประมวลผลที่เพิ่มขึ้น

8. สรุป

งานวิจัยนี้ศึกษาปัญหาการเลือกพันธมิตรในเครือข่ายธุรกิจที่มีองค์กรธุรกิจจำนวนมาก โดยบางองค์กรสามารถลงทุนเป็นพันธมิตรได้โดยตรง บางองค์กรสามารถลงทุนได้โดยตรงหรือผ่านตัวกลาง และบางองค์กรต้องลงทุนผ่านตัวกลางเท่านั้น เพื่อให้ได้ผลประโยชน์รวมสูงสุดภายใต้ต้นทุนที่จำกัด ซึ่งเครือข่ายทางธุรกิจนี้สามารถใช้กราฟแบบมีทิศทางแทนเครือข่ายธุรกิจและความสัมพันธ์ของแต่ละองค์กรในเครือข่าย โดยรากของกราฟแทนผู้ลงทุน และโหนดอื่นแทนองค์กรธุรกิจที่กำลังพิจารณาเป็นพันธมิตร ค่าน้ำหนักของโหนดคือผลตอบแทนของแต่ละองค์กรที่สามารถให้กับผู้ลงทุนเมื่อเป็นพันธมิตรกัน และเส้นเชื่อมแสดงถึงเส้นทางการลงทุนผ่านองค์กรธุรกิจหนึ่งไปยังองค์กรธุรกิจอื่นในเครือข่าย โดยค่าน้ำหนักของเส้นเชื่อมคือต้นทุนของผู้ลงทุนที่ต้องจ่ายในการเป็นพันธมิตรกับองค์กรหนึ่งผ่านองค์กรหนึ่ง ผลลัพธ์ที่ได้คือนโยบายการลงทุนที่ให้ผลตอบแทนรวมมากที่สุดภายใต้ต้นทุนที่จำกัด โดยนโยบายการลงทุนนี้จะอยู่ในรูปแบบของต้นไม้ย่อยแบบมีทิศทางของกราฟที่ให้มีา ซึ่งจะแสดงลำดับการลงทุน โดยเริ่มต้นจากโหนดรากของกราฟที่เป็นตัวแทนผู้ลงทุน และต้องมีเส้นทางไปยังทุก ๆ โหนดที่เป็นตัวแทนขององค์กรที่ถูกเลือกเป็นพันธมิตร

จากการศึกษาความซับซ้อนของปัญหาที่ได้นำเสนอพบว่า เป็นปัญหา NP-Hard ซึ่งความหมายของปัญหากลุ่มนี้ก็คือ เป็นปัญหาที่ยังไม่สามารถหาวิธีการประมวลผลคำตอบของปัญหาได้เวลาพหุนามจนกว่า $P = NP$ [12] ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงได้นำเสนอขั้นตอนวิธีทางพันธุกรรมซึ่งเป็นขั้นตอนวิธีในกลุ่มเมตาฮีริสติกที่ไม่สามารถรับประกัน

คำตอบที่ดีที่สุด แต่สามารถให้คำตอบที่ดีเพียงพอสำหรับเครือข่ายธุรกิจที่มีขนาดใหญ่และซับซ้อน และขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุดเพื่อใช้สำหรับเครือข่ายขนาดเล็กซึ่งรับประกันได้ว่าจะได้คำตอบที่ถูกต้องทุกกรณี และในงานวิจัยนี้นำเสนอผลการทดสอบขั้นตอนวิธีที่เกี่ยวข้องกับงานวิจัย ประกอบด้วย การทดสอบประสิทธิภาพขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุด พบว่าขั้นตอนวิธีนี้เหมาะสมกับกราฟที่มีจำนวนโหนดไม่เกิน 14 โหนด หรือ เครือข่ายธุรกิจที่กำลังพิจารณาที่มีจำนวนองค์กรธุรกิจไม่เกิน 14 องค์กร และหากมีจำนวนโหนดเพิ่มขึ้น 1 โหนด เวลาการประมวลผลจะเพิ่มขึ้น 2.07 ถึง 2.66 โดยค่าเฉลี่ยอยู่ที่ 2.34 เท่า ซึ่งการเพิ่มขึ้นของเวลาการประมวลผลจะสอดคล้องกับเวลาการประมวลผลของขั้นตอนวิธีคือ $O(2^n n^3)$

การทดลองที่เกี่ยวข้องกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ประกอบด้วย การเปรียบเทียบการกำหนดค่าไฮเปอร์พารามิเตอร์ ผลการทดลองพบว่า การกำหนดค่า ประเภทการผสมพันธุ์ $ct = \text{Two-Point}$ และการกำหนดความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ $mp = 0.05$ และการกำหนดค่าอัตราส่วนของตัวบอยอดเยี่ยม $er = 0.05$ เหมาะสมที่สุดสำหรับปัญหาที่ได้นำเสนอในงานวิจัย โดยกำหนดสัดส่วนของประชากรที่ถูกเลือกให้เป็นพ่อแม่ (Parents Portion) ให้มีค่าเป็น 0.5 ส่วน จำนวนประชากร และจำนวนรุ่น จากผลการทดลอง 7.3 ถึง 7.5 จะต้องมีการปรับเพิ่มตามจำนวนโหนดของกราฟที่เพิ่มขึ้น เพื่อรักษาระดับความถูกต้องของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมไว้

ในการทดลองเปรียบเทียบประสิทธิภาพการประมวลผลระหว่างประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุดพบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้ผลลัพธ์ที่ตรงกับขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมทั้ง 30 ตัวอย่าง แต่ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใช้เวลาในการประมวลผลที่น้อยกว่าขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมทุกตัวอย่างการทดลอง

ด้านเปรียบเทียบประสิทธิภาพของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาค ผลการทดลองแสดงให้เห็นว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้ผลลัพธ์ที่ถูกต้องทั้งหมด ส่วนการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาคให้ผลลัพธ์ที่ต่ำกว่าค่าจริงเล็กน้อยจำนวน 4 ตัวอย่าง อย่างไรก็ตาม

ตามเมื่อทดสอบด้วย Paired Sample t-test ผลปรากฏว่าขั้นตอนวิธีทั้งสองให้ผลลัพธ์ที่ไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ และด้านเวลาการประมวลผล ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมใช้เวลาการประมวลผลที่น้อยกว่าการหาค่าที่เหมาะสมโดยใช้ฝูงอนุภาคทุกตัวอย่างทดสอบ

การทดสอบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับกราฟที่มีโหนดเป็นจำนวนมาก ในการทดสอบนี้ใช้กราฟขนาด 60 80 และ 100 โหนดในการทดสอบ รวมทั้งหมด 30 ตัวอย่าง การทดสอบกระทำโดยการสร้างคำตอบ และ งบประมาณไว้ล่วงหน้า จากนั้นทำการสร้างกราฟเพื่อใช้ในการทดสอบสาเหตุที่เป็นเช่นนี้เนื่องจากไม่สามารถรอการประมวลผลคำตอบจากขั้นตอนวิธีสำหรับหาค่าที่เหมาะสมที่สุดได้ เนื่องจากขั้นตอนวิธีจะใช้เวลาการประมวลผลที่ยาวนานมาก ผลจากการทดสอบพบว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้คำตอบที่ตรงกับคำตอบที่ถูกสร้างไว้ล่วงหน้าทั้งหมด และใช้เวลาการประมวลผลเฉลี่ยของของกราฟขนาด 60 80 และ 100 โหนดไม่ได้ยาวนานมากนักด้วยหน่วยประมวลผลแกนเดียว และหากต้องการเพิ่มประสิทธิภาพด้านเวลาการประมวลผลในกรณีที่กราฟมีขนาดใหญ่ อาจพิจารณาใช้หน่วยประมวลผลหลายแกน โดยประสิทธิภาพด้านเวลาการประมวลผลจะเพิ่มขึ้นตามจำนวนแกนประมวลผลเพิ่มขึ้น

จากผลการทดลองที่เกี่ยวข้องกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมทั้งหมดพบว่าตัวอย่างกราฟที่นำมาทดสอบทั้งหมด 90 ตัวอย่างจากการทดลองที่ 7.3 ถึง 7.5 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้ผลลัพธ์ที่ถูกต้องทั้งหมด และใช้เวลาการประมวลผลไม่มากเกินไป จึงแสดงให้เห็นว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมีความเหมาะสมเพียงพอที่จะใช้สำหรับประมวลผลคำตอบของปัญหาที่ได้นำเสนอในงานวิจัยนี้ อย่างไรก็ตามวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นขั้นตอนวิธีแบบเมตาฮิวริสติก ซึ่งหมายความว่าอาจจะมีบางกรณีที่ให้คำตอบผิดพลาด และมีความเกี่ยวข้องกับการปรับแต่งค่าของไฮเปอร์พารามิเตอร์ที่เกี่ยวข้อง เพื่อรักษาระดับความถูกต้องของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

9. อภิปรายผล

ปัญหาการเลือกพันธมิตรทางธุรกิจเครือข่ายธุรกิจแบบมีตัวกลางหรือไม่มีตัวกลางเป็นปัญหาที่มีความซับซ้อนสูงในงานวิจัยนี้ได้นำเสนอขั้นตอนวิธีสำหรับประมวลผลคำตอบที่

เหมาะสมที่สุดในกรณีที่มีจำนวนองค์กรธุรกิจที่กำลังพิจารณามีจำนวนไม่มากนัก คือไม่เกิน 14 องค์กร เพื่อรับประกันว่าจะได้คำตอบที่เหมาะสมที่สุดเสมอ และ มีการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ดีเพียงพอสำหรับกรณีที่ต้องพิจารณาธุรกิจที่กำลังพิจารณามีจำนวนมาก หรือมีเครือข่ายขนาดใหญ่ และมีโครงสร้างความสัมพันธ์ที่ซับซ้อน งานวิจัยนี้มีความสำคัญทั้งในเชิงปฏิบัติ โดยในมุมมองของผู้ประกอบการใช้ขั้นตอนวิธีที่ได้นำเสนอในงานวิจัยนี้จะช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการเลือกพันธมิตรทางธุรกิจ ลดความเสี่ยงจากการเลือกคู่ค้าที่ไม่เหมาะสม และช่วยลดต้นทุนการตัดสินใจเชิงกลยุทธ์ โดยเฉพาะในธุรกิจที่มีเครือข่ายซับซ้อน

การใช้ขั้นตอนวิธีทั้งสองจะช่วยลดต้นทุนด้านการใช้ทรัพยากรและเวลาในการคัดเลือกพันธมิตรทางธุรกิจ โดยขั้นตอนวิธีที่ได้นำเสนอเหมาะสมกับการใช้งานในเชิงธุรกิจ เช่น การพิจารณาเลือกพันธมิตรในการให้บริการการจัดจำหน่าย และการซ่อมบำรุงสินค้าที่มีความซับซ้อนสูง เช่น อุปกรณ์ทางคอมพิวเตอร์ หรือสมาร์ตโฟน การเลือกตัวแทนจัดจำหน่ายรถยนต์ และศูนย์บริการ เพื่อให้ครอบคลุมผู้ใช้บริการสินค้านั้น ๆ ให้มากที่สุด และการพิจารณาพันธมิตรด้านโลจิสติก เช่น การเลือกพันธมิตรเพื่อจัดส่งพัสดุให้ครอบคลุมพื้นที่การให้บริการมากที่สุด และการพิจารณาพันธมิตรเพื่อเพิ่มผลผลิต ทั้งทางด้านอุตสาหกรรม และการเกษตร ภายใต้ต้นทุนที่จำกัด

10. แนวทางการศึกษาในอนาคต

- 1) พัฒนาเมตาฮิวริสติกแบบผสมผสาน (Hybrid Metaheuristics) เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการหาคำตอบที่ดีที่สุด
- 2) ขยายการใช้งานขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในอุตสาหกรรมอื่น ๆ เช่น การจัดการซัพพลายเชน และการขนส่ง และการวางแผนการเดินทาง เป็นต้น
- 3) ใช้กระบวนการทางสถิติ หรือการเรียนรู้ของเครื่อง (Machine Learning) เพื่อปรับปรุงค่าไฮเปอร์พารามิเตอร์ และวิธีการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

11. กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยนี้ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยจากคณะวิทยาการจัดการ มหาวิทยาลัยราชภัฏเชียงใหม่ จากเงินกองทุนคณะวิทยาการจัดการ ปีงบประมาณ พ.ศ. 2566

12. เอกสารอ้างอิง

- [1] R. Culpan, *Global business alliances: theory and practice*. New York, NY, USA: Bloomsbury Publishing USA., 2002.
- [2] M. Masrurul, "An overview of strategic alliance: competitive advantages in alliance constellations," *Advances in Management.*, vol. 5, p. 12, 2012.
- [3] A. Rai, S. Borah, and A. Ramaprasad, "Critical success factors for strategic alliances in the information technology industry: an empirical study," *Decision Sciences.*, vol. 27, no. 1, pp. 141–155, 1996.
- [4] B. N. Anand and T. Khanna, "Do firms learn to create value? the case of alliances," *Strategic Management Journal.*, vol. 21, no. 3, pp. 295–315, 2000.
- [5] P. Anslinger and J. Jenk, "Creating successful alliances," *Journal of Business Strategy.*, vol. 25, no. 2, pp. 18–22, 2004.
- [6] J. H. Dyer and H. Singh, "The relational view: cooperative strategy and sources of interorganizational competitive advantage," *Academy of Management Review.*, vol. 23, no. 4, pp. 660–679, 1998.
- [7] S. Roshandel, M. H. Karimi Govaresaki, and M. Abbasi, "Developing the maturity model of strategic alliances using the weighted fuzzy inference system," [Online]. Available: <https://doi.org/10.22105/riej.2024.454302.1439>. [Accessed 26 November 2024].
- [8] Z.-B. Zeng, Y. Li, and W. Zhu, "Partner selection with a due date constraint in virtual enterprises,"

- Applied Mathematics and Computation.*, vol. 175, no. 2, pp. 1353–1365, 2006, doi: <https://doi.org/10.1016/j.amc.2005.08.022>.
- [9] Q. Zhao, X. Zhang, and R. Xiao, "Particle swarm optimization algorithm for partner selection in virtual enterprise," *Progress in Natural Science.*, vol. 18, no. 11, pp. 1445–1452, 2008, doi: <https://doi.org/10.1016/j.pnsc.2008.03.030>.
- [10] S. D. Dao, K. Abhary, and R. Marian, "Optimisation of partner selection and collaborative transportation scheduling in Virtual Enterprises using GA," *Expert Systems with Applications.*, vol. 41, no. 15, pp. 6701–6717, 2014, doi: <https://doi.org/10.1016/j.eswa.2014.04.030>.
- [11] Y. Cheng, Y. Li, and Y. Li, "An optimization model of partner selection of joint distribution alliance considering the supply and demand matching degree," *IEEE Access.*, vol. 7, pp. 162454–162464, 2019, doi: <https://doi.org/10.1109/access.2019.295220>.
- [12] M. R. Garey and D. S. Johnson, *Computers and Intractability*. W.H. Freeman, 1979.
- [13] H. Zhou, M. Song, and W. Pedrycz, "A comparative study of improved GA and PSO in solving multiple traveling salesmen problem," *Applied Soft Computing.*, vol. 64, pp. 564–580, 2018.
- [14] S. G. Andrab, A. Hekmat, and Z. B. Yusop, "A review: evolutionary computations (GA and PSO) in geotechnical engineering," *Computational Water, Energy, and Environmental Engineering.*, vol. 6, no. 2, pp. 154–179, 2017.
- [15] X. Yan, C. Zhang, W. Luo, W. Li, W. Chen, and H. Liu, "Solve traveling salesman problem using particle swarm optimization algorithm," *International Journal of Computer Science.*, vol. 9, no. 6, pp. 264–271, 2012.
- [16] A. G. Gad, "Particle swarm optimization algorithm and its applications: a systematic review," *Archives of Computational Methods in Engineering.*, vol. 29, no. 5, pp. 2531–2561, 2022.
- [17] D. Henderson, S. H. Jacobson, and A. W. Johnson, "The theory and practice of simulated annealing," in *Handbook of Metaheuristics*, Boston, MA: Springer, 2003, pp. 287–319.
- [18] M. Dorigo and L. M. Gambardella, "Ant colony system: a cooperative learning approach to the traveling salesman problem," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation.*, vol. 1, no. 1, pp. 53–66, 1997.
- [19] J. Edmonds, "Optimum branchings," *Journal of Research of the National Bureau of Standards Section B Mathematics and Mathematical Physics.*, vol. 71B, no. 4, pp. 233–233, 1967, doi: <https://doi.org/10.6028/jres.071b.032>.
- [20] A. Hagberg, P. J. Swart, and D. A. Schult, "Exploring Network Structure, Dynamics, and Function Using NetworkX", in *SCIPY 08*, Los Alamos, NM, USA, 2008.
- [21] Pasa Opasen, "geneticalgorithm2: Advanced genetic algorithm in python," *gitHub repository*, [Online]. Available: <https://github.com/PasaOpasen/geneticalgorithm2>. [Accessed: 19 October 2024].
- [22] L. J. Miranda, "PySwarms: a research toolkit for particle swarm optimization in Python," *Journal of Open Source Software.*, vol. 3, no. 21, p. 433, 2018, doi: 10.21105/joss.00433.