บทที่ 2

แนวคิดทฤษฎีและผลงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

งานวิจัยนี้เน้นการจำแนกใบพืชโดยการใช้คุณลักษณะรูปทรงและพื้นผิวของใบพืชด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมโดยผู้วิจัยได้ทำการตรวจสอบแนวคิด เอกสารทฤษฎี และงานวิจัยที่เกี่ยวข้องดังต่อไปนี้

ใบไม้

- ลักษณะโครงสร้างภายในของใบ
- การเรียงตัวของเส้นใบ
- รูปร่างใบ
- ปลายใบ
- โคนใบ
- ขอบใบ

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ขั้นตอนวิธีเพื่อนบ้านใกล้สุด

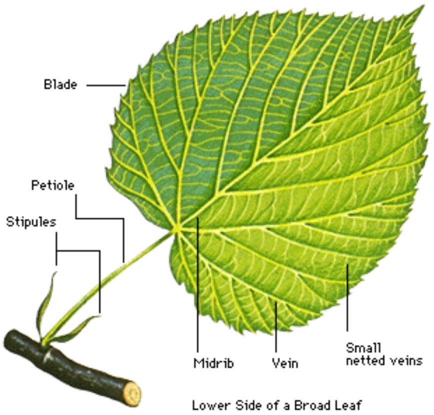
งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

ใบไม้ (Leaves)

เป็นอวัยวะที่เจริญออกไปบริเวณด้านข้างโดยมีตำแหน่งอยู่ที่ข้อปล้องของต้นและกิ่งใบส่วนใหญ่จะมีสีเขียวของคลอโรฟิลล์รูปร่างและขนาดของใบแตกต่างกันไปตามชนิดของพืช หน้าที่หลักของใบคือใช้ในการสังเคราะห์แสง การหายใจและการคายน้ำ

ลักษณะโครงสร้างภายในของใบ

ส่วนประกอบของใบมี 3 ส่วนคือ 1.แผ่นใบ (blade หรือ lamina) 2. ก้านใบ (petiole) และ 3.หูใบ (stipule)



ภาพที่ 2.1 ภาพส่วนประกอบของใบ (มิตราภรณ์ วัชโรทัย , 2015)

แผ่นใบ (blade หรือ lamina) มีขนาดใบและรูปร่างต่างกัน ซึ่งประกอบด้วยเส้นใบ (vein) ให้สังเกตเส้นกลางใบ (midrib) ซึ่งต่อเป็นเนื้อเดียวกับก้านใบ จากเส้นกลางใบแยกออกเป็นเส้นใบ ซึ่งจะแยกแขนงออกไปอีกเป็นเส้นแขนงใบ (vientet)

การเรียงตัวของเส้นใบ (Leaf venation)

เส้นใบของพืช มี 2 ลักษณะ (มิตราภรณ์ วัชโรทัย , 2015)

เส้นใบแบบขนาน (parallel venation) พบในพืชใบเลี้ยงเดี่ยว

1. เส้นใบเรียงตามยาวของใบ หรือจากโคนใบไปยังปลายใบ
2. เส้นใบขนานกันตามขวางของใบ

(ก) เส้นใบแบบขนานการเรียงตามความยาวของใบ **(ข)** เส้นใบแบบขนานการเรียงตามขวางของใบ

ภาพที่ 2.2 ภาพเส้นใบแบบขนาน

เส้นใบแบบร่างแห (Reticulated Venation) การเรียงเส้นใบที่เรียงออกไปทุกทิศทาง โดยออกมาจากเส้นกลางใบตั้งแต่โคนใบไปจนถึงปลายใบ เส้นใบย่อยเรียงประสานกันเป็นร่างแห

1. เส้นใบร่างแหแบบฝ่ามือ (palmately netted venation) เส้นใบออกมาจากจุดเดียวกันที่โคนใบ เช่น ใบมะละกอ, อบเชย,ฟักทอง

2. เส้นใบร่างแหแบบขนนก (pinnately netted venation) เส้นใบแตกจากเส้นกลางใบออกไปทั้งสองข้าง เช่นใบมะม่วง, ขนุน, ชบา

(ก) เส้นใบแบบร่างแหแบบฝ่ามือ (ข) เส้นใบแบบร่างแหแบบขนนก

ภาพที่ 2.3 ภาพเส้นใบแบบร่างแห

รูปร่างใบ (leaf Shape)

รูปร่างของใบไม้มีลักษณะที่แตกต่างกัน ดังภาพที่ 2.4 (ปณิธาน แก้วดวงเทียน และ เอื้อมพร วีสมหมาย, 2004)

รูปเข็ม	รูปแถบ	รูปขอบขนาน

รูปใบหอก	รูปใบหอกกลับ	รูปรี
รูปไข่	รูปไข่กลับ	รูปสามเหลี่ยม
รูปสี่เหลี่ยมข้าวหลามตัด	รูปไต	รูปวงกลม

ภาพที่ 2.4 รูปร่างของใบไม้รูปทรงต่างๆ

ปลายใบ (Leaf apex)

ติ่งแหลม	เว้าตื้น	ติ่งหนามสั้น

เว้าลึกหรือรูปหัวใจกลับ	มน	เว้าปุ๋ม
ตัด	กลมมน	

ภาพที่ 2.5 รูปทรงปลายใบไม้แบบต่างๆ

โคนใบ (Leaf base)

สอบเรียว	รูปติ่งหู	รูปเงี่ยงลูกศร
รูปหัวใจ	สอบ	รูปลิ่ม
รูปเงี่ยงใบหอก	มน	ตัด

ภาพที่ 2.6 รูปทรงโคนใบไม้แบบต่างๆ

ขอบใบ (Leaf margin)

เป็นขนครุย	หยักมน	จักซี่ฟัน
จักฟันเลื่อยซ้อน	เรียบ	จักลึก
หยัก	มีหนาม	หยักหนาม
แป้นแฉก	หยักแบบขนนก	จักฟันเลื่อย
จักฟันเลื่อยถี่	เป็นคลื่น	จักซี่หวี

ภาพที่ 2.7 รูปทรงขอบใบไม้แบบต่างๆ

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithms : GA)

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ถูกนำเสนอโดย John Holland ซึ่งใช้แนวคิดในการคำนวณโดยใช้หลักการทางชีวิทยาของทฤษฎีพัฒนาการว่าสิ่งมีชีวิตทุกชนิดประกอบไปด้วยเซลล์ ซึ่งแต่ละเซลล์จะมีชนิดกลุ่มของโครโมโซม ที่เหมือนกัน โดยแต่ละโครโมโซมจะประกอบไปด้วยยีน ซึ่งจะสะท้อนลักษณะเฉพาะของสิ่งมีชีวิตนั้น เช่น สีตา สีผม เป็นต้น (ดร.อาณัติ ลีมัคเดช, 2547)

เมื่อนำโครโมโซมทั้งหมดมาประกอบกันจะเรียกว่า Genome และเรียกกลุ่มของยีนใน Genome นี้ว่า Genotype หรือรหัสพันธุกรรม ซึ่งจะเปลี่ยนเป็นอวัยวะของสิ่งมีชีวิตต่อไป ตามทฤษฎีของการวิวัฒนาการสิ่งมีชีวิตที่แข็งที่สุดจะมีโอกาสสืบทอดสายพันธุ์ต่อไป การผสมยีนของพ่อและแม่จะทำให้เกิดลูกซึ่งคัดยีนของพ่อและแม่ที่ผสมกัน ทำให้เกิดสายพันธุ์ที่แข็งแรงยิ่งขึ้น บางครั้งการคัดลอกยีนของพ่อและแม่ไม่สมบูรณ์ อาจทำให้เกิดการเผ่าเหล่า ในรุ่นลูก การผ่าเหล่าทำให้สิ่งมีชีวิตมีโอกาสพัฒนาสายพันธุ์ใหม่ที่ยิ่งแข็งแรงขึ้น หากการผ่าเหล่าทำให้เกิดสายพันธุ์ด้อย สายพันธุ์ด้อยจะไม่สามารถสืบพันธุ์ต่อไป

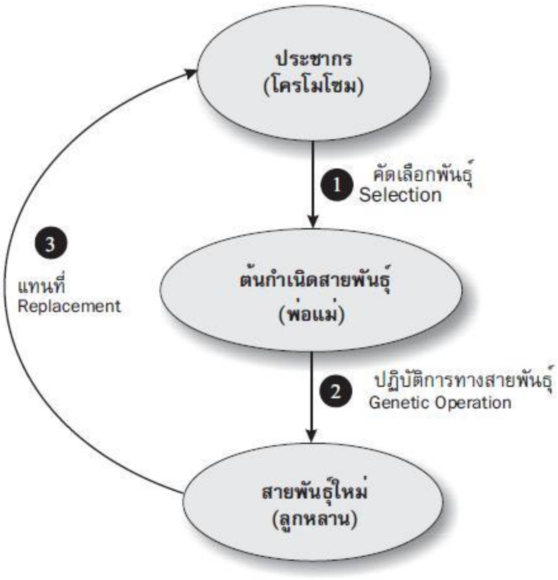
วัฏจักรของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

วัฏจักรของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยธรรมชาติแล้วประกอบไปด้วย 3 กระบวนการที่สำคัญดังแสดงในภาพที่ 2.8 ซึ่งมีกระบวนการดังนี้

1. การคัดแยกสายพันธุ์ (selection) คือขั้นตอนในการคัดเลือกประชากรที่ดีในระบบ ไปเป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์เพื่อให้กำเนิดลูกหลานในรุ่นถัดไป

2. ปฏิบัติการทางสายพันธุ์ (genetic operation) คือกรรมวิธีการเปลี่ยนแปลงโครโมโซมด้วยวิธีการทางสาย พันธุ์ เป็นขั้นตอนการสร้างลูกหลาน ซึ่งได้จากการรวมพันธุ์ของต้นกำเนิดสายพันธุ์เพื่อให้ได้ลูกหลานที่มี ส่วนผสมผสานมาจากพ่อแม่ หรือได้จากการแปรผันยีนของพ่อแม่เพื่อให้ได้ลูกหลานสายพันธุ์ใหม่เกิดขึ้น

3. การแทนที่ (replacement) คือขั้นตอนการนำเอาลูกหลานกำเนิดใหม่ไปแทนที่ประชากรเก่าในรุ่นก่อน เป็น ขบวนการในการคัดเลือกว่าควรจะเอาลูกหลานในกลุ่มใด จำนวนเท่าไร ไปแทนประชากรเก่าในกลุ่มใด



ภาพที่ 2.8 วัฏจักรของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (อาทิตย์ ศรีแก้ว, 2552)

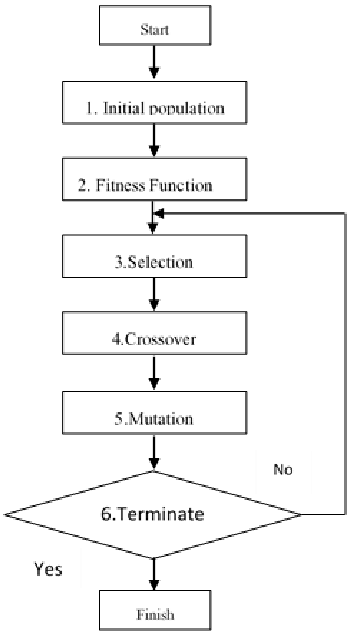
วัฏจักรของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม เหมือนกับการอยู่รอดของสิ่งมีชีวิต สิ่งมีชีวิตที่ปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อมได้ดีกว่าจะสามรถอยู่รอดได้ ในทางกลับกันสิ่งมีชีวิตที่ไม่สามารถปรับตัวได้ก็จะต้องสูญพันธ์ไปซึ่งการปรับตัวของสิ่งมีชีวิตจะทำให้สิ่งมีชีวิตนั้นมีวิวัฒนาการที่ดีขึ้น กล่าวคือกระบวนการภายในของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ทำให้ คำตอบของระบบที่มีอยู่เกิดวิวัฒนาการในตัวเองอันจะนำไปสู่การปรับตัวให้กลายเป็นคำตอบที่ดีกว่าและดีที่สุดได้ ส่วนองค์ประกอบหลักของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมประกอบด้วย

ประชากร (population) ประกอบไปด้วยกลุ่มของโครโมโซม ซึ่งเป็นตัวแทนของคำตอบในระบบที่ต้องการค้นหา

ต้นกำเนิดสายพันธุ์ (parents) กลุ่มประชากรที่ถูกคัดเลือกเพื่อเป็นตัวแทนในการให้กำเนิดสายพันธุ์ใหม่ ในรุ่นถัดไป ประชากรกลุ่มนี้จะเปรียบเสมือนกับเป็น ‘พ่อแม่’ สำหรับใช้ในการสืบทอด สายพันธุ์ให้ลูกหลานต่อไป

สายพันธุ์ใหม่ (offspring) หรือ ‘ลูกหลาน’ เป็นประชากรกลุ่มใหม่ที่ได้รับการถ่ายถอดสายพันธุ์มาจาก พ่อแม่ โดยคาดหวังที่จะได้รับสายพันธุ์ที่ดีที่สุดเพื่อถ่ายทอดต่อๆ กันในประชากรรุ่นถัดไป

ขั้นตอนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม



***ภาพที่* 2.9** แสดงขั้นตอนการทำงานของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

จากภาพที่ 2.9 แสดงขั้นตอนการทำงานทั่วไปของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมซึ่งมีรายละเอียดดังนี้

การสร้างประชากรเริ่มต้น (Initial Population)

เนื่องจากข้อมูลมีอยู่ด้วยกันหลากหลายชนิด ดังนั้นจึงจำเป็นที่จะต้องแปลงข้อมูลต่างๆ ให้อยู่ในรูปแบบที่เหมาะสมสำหรับใช้งานขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้จากการแปลงจะอยู่ในรูปของโครโมโซม ตัวแปรที่ต้องการค้นหาหมายถึงยีนหนึ่งยีนเมื่อนำยีนมาประกอบกันจะได้โครโมโซมซึ่งก็คือผลลัพธ์ของปัญหา การแปลงการแปลงทำได้หลายวิธี เช่นการแปลงเป็นเลขฐานสอง หรือการแปลงเป็นค่าจริง โดยการพิจารณาจากลักษะของปัญหา ตัวอย่างเช่น เลขฐานสองใช้สำหรับปัญหาที่มีรูปแบบคำตอบเพียงสองรูปแบบ การใช้ตัวเลขลำดับใช้สำหรับหาคำตอบของปัญหาที่ต้องการจัดอันดับ เช่น ปัญหาการเกิดทางของพนักงานขาย การแปลงค่าจริงใช้สำหรับการหา Weight ที่เหมาะสมกับการคำนวณ

เมื่อได้ข้อมูลที่ถูกแปลงให้เหมาะสมกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม แล้ว จะต้องทำการสุ่มโครโมโซมเหล่านี้ขึ้นมาเป็นประชาเริ่มต้น โดยจำนวนโครโมโซมหรือประชากรแต่ละรุ่น ขึ้นอยู่กับพารามิเตอร์ที่กำหนดขึ้นเอง ส่วนความยาวของโครโมโซมคือจำนวนตัวแปรของปัญหาโดยจะแทนด้วยจำนวนยีน ซึ่งจะมีผลต่อการหาค่าคำตอบที่ดีที่สุดด้วย

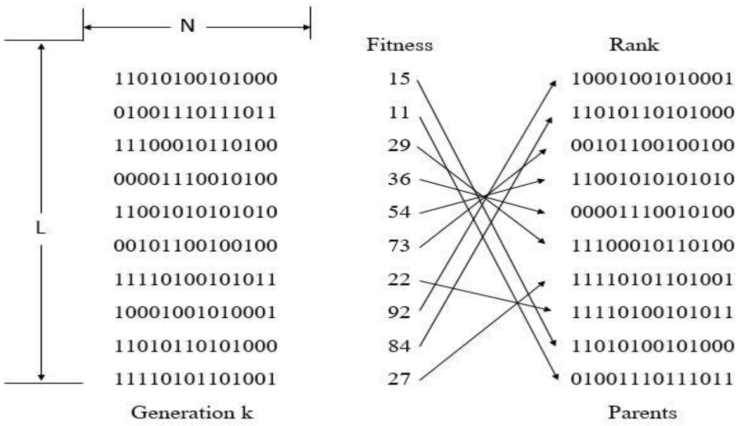
การประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness Function)

ในส่วนของการประเมินความเหมาะสมนี้จะเป็นที่วิเคราะห์ได้ยากที่สุดเนื่องจากไม่มีวิธีการที่ตายตัวในการกำหนด ซึ่งการประเมินความเหมาะสมนี้จะต้องวิเคราะห์ที่ลักษณะของปัญหาและรูปแบบของคำตอบที่ต้องการ

เหตุที่ค่าความเหมาะสมมีความสำคัญเนื่องจากค่าความเหมาะสม จะให้ค่า fitness value กับแต่ละโครโมโซม เพื่อใช้ในการตัดสินใจในการเลือก โครโมโซมพ่อแม่ หรือโครโมโซมที่จะกลายเป็นรุ่นต่อไป โดยถ้าหากโครโมโซมใดมีค่า Fitness value ต่ำก็จะถูกทิ้งไปเปิดโอกาสให้โครโมโซมที่มีค่า Fitness value สูงได้สืบทอดเป็นรุ่นต่อไป

การคัดเลือกโครโมโซม (Selection)

หลักการทั่วไปของการคัดเลือก ก็คือโครโมโซมที่เหมาะสมที่สุดหรือโครโมโซมที่มีค่า Fitness value สูงจะมีโอกาสที่จะถูกเลือกมากกว่าโครโมโซมที่ด้อยกว่าโดยวิธีการคัดเลือกจะมีอยู่ด้วยกันหลายวิธีเช่น Roulette-wheel selection, Local selection Stochastic universal sampling เป็นต้น

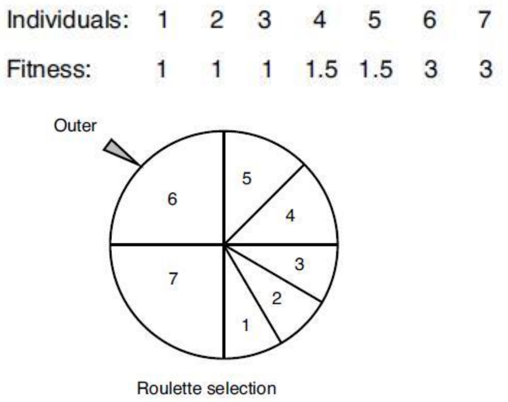


ภาพที่ 2.10 ตัวอย่างการ Selection แบบจัดอันดับ

Roulette-wheel selection

Roulette-wheel selection จะช่วยให้โครโมโซมที่เหมาะสมที่สุดมีโอกาสถูกเลือกมากที่สุด โดยที่วิธีนี้เปรียบกับการกำหนดช่องให้กับทุกโครโมโซม โดยที่ขนาดของช่องจะขึ้นอยู่กับค่าความเหมาะสม โครโมโซมใดมีค่าความเหมาะสมมาก โครโมโซมนั้นจะมีขนาดของช่องที่กว้างกว่าโครโมโซมที่ด้อยกว่า

เมื่อกำหนดช่องให้กับทุกโครโมโซมแล้ว จะทำการสุ่มเพื่อที่จะหาโครโมโซม Parent โดยจะพบว่าโครโมโซมที่มีขนาดช่องที่กว้างกว่า ย่อยมีโอกาสถูกเลือกได้มากกว่านั้นเองดังแสดงดังภาพที่ 2.11

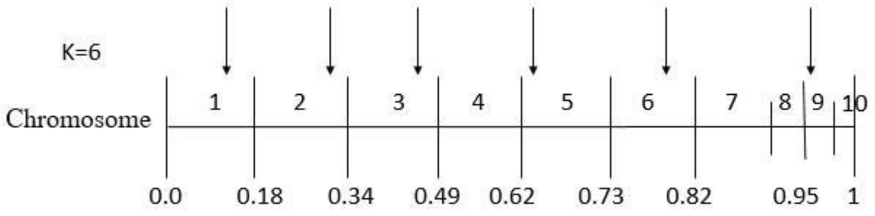


ภาพที่ 2.11 Roulette-wheel selection (El-Ghazali Talbi, 2009)

โดยการหมุน 1 รอบจะได้ โครโมโซม 1 ตัว จำนวนครั้งของการหมุนวงล้อจึงเท่ากับจำนวนประชากรที่ต้องการ ดังภาพที่ 2.11 มีโครโมโซมทั้งหมด 7 ตัว แต่ละ โครโมโซมมีค่า fitness แตกต่างกันจึงมีพื้นที่ไม่เท่ากันตามความน่าจะเป็นของการถูกเลือก เมื่อทำการหมุนและชี้ที่โครโมโซมตัว ที่ 6 และ 7 จึงได้รับการคัดเลือกมากกว่า

Stochastic universal sampling

Stochastic universal sampling นี้จะใช้วิธี Roulette-wheel selection มาประยุกต์ใช้งานโดยแตกต่างกันตรงที่ การเลือกโครโมโซม parent ซึ่งวิธี Roulette-wheel selection จะทำการสุ่มตัวเลขเพื่อเลือกโครโมโซม Parents ถ้าหากต้องหารโครโมโซม Parents จำนวน k ตัว ก็จะทำการสุ่มทั้งหมด k ครั้ง แต่สำหรับวิธีการ Stochastic universal sampling นั้นจะไม่ใช้การสุ่มในการเลือกโครโมโซม Parents ทุกตัวแต่จะสุ่มเฉพาะค่าแรกเท่านั้นส่วนค่าถัดไปใช้วิธีการคำนวณจากสูตร 1/k โดยที่ k คือจำนวนพ่อแม่ ที่ต้องการหาซึ่งสามารถแสดงวิธีการได้ดังภาพที่ 2.12



ภาพที่ 2.12 การเลือกโดยใช้วิธี Stochastic universal sampling

ภาพที่ 2.12 กำหนดให้จำนวนโครโมโซมพ่อแม่ เท่ากับ 6 ดังนั้นจึงนำ 1/6 ซึ่งจะได้ผลลัพธ์เท่ากับ 0.167 และนำค่านี้ไปเป็นค่าช่วงห่างระหว่างจุดที่เลือก ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้จากภาพที่ 2.12 คือเลือกโครโมโซมที่ 1,2,3,5,6,9 มาเป็นโครโมโซมพ่อแม่

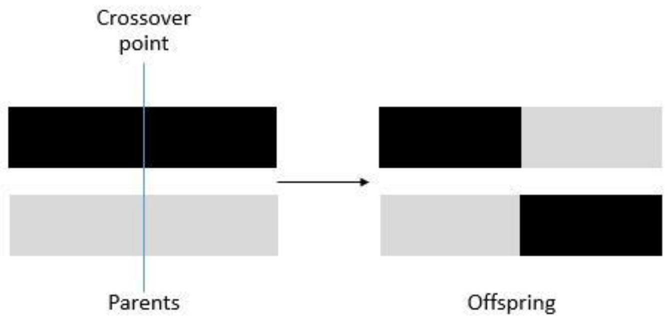
การครอสโอเวอร์ (Crossover)

เป็นวิธีการสร้างโครโมโซมลูกนั้นจะเกิดจากโครโมโซมพ่อแม่ โดยจะเลือกยีนในโครโมโซมพ่อแม่ มาสร้างเป็นโครโมโซมลูก ซึ่งใช้วิธีการ Crossover ซึ่งการ Crossover นี้จะทำให้เกิดโครโมโซมลูก ขึ้นมาสองโครโมโซม โดยที่สามารถแบ่งวิธีการ Crossover ได้ดังต่อไปนี้

Single-point crossover

วิธีการ Single-point crossover นี้ จะเลือกจุดเพียงจุดเดียวในการ Crossover ซึ่งจะเลือกตำแหน่งโดยวิธีการสุ่ม

ตัวอย่าง Single-point crossover แสดงเป็นเลขฐานสองซึ่งมีจำนวนยีนในแต่ละโครโมโซมให้เท่ากับ 10



ภาพที่ 2.13 Single-point crossover

เลือกจุด Crossover โดยวิธีการสุ่ม ซึ่งได้ผลลัพธ์เป็นตำแหน่งที่ 5

Parent 1 1 0 0 1 0 0 0 0 1 1

Parent 2 1 1 1 0 1 1 0 10 0

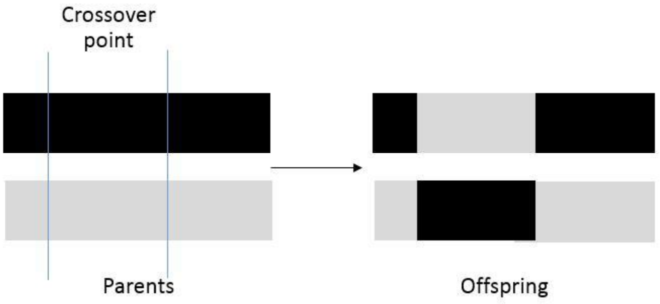
จากนั้นทำการ Crossover ดังรูปที่ 2.13 ก็จะได้โครโมโซม Offspring ซึ่งสืบทอดยีนมาจากโครโมโซม Parents

Offspring 1 0 0 1 0 1 0 1 0 0

Offspring 1 1 1 0 1 0 0 0 1 1

Multi-point crossover

วิธีการ Multi-point crossover นี้จะคล้ายกับการ Crossover แบบ Single-point Crossover โดยเพิ่มจำนวนจุดใน Crossover ซึ่งจำนวนจะในการ Crossover จะต้องเป็นพารามิเตอร์ที่กำหนดมาแล้ว ส่วนตำแหน่งในการ Crossover นั้นจะเกิดขึ้นมาจากการสุ่ม



ภาพที่ 2.14 Multi-point crossover

ตัวอย่าง Multi-point crossover แสดงเป็นเลขฐานสองและขนาดของยีนในโครโมโซม Parents มีขนาดเท่ากับ 12

Parents 1 0 0 1 0 0 0 0 1 1 0 1

Parents 1 1 1 0 1 1 0 1 0 0 1 1

ต้องการจุดในการ Crossover เท่ากับ 3 ดังนั้นจึงทำการสุ่มตำแหน่งมาทั้งหมด 3 ตำแหน่ง คือ จุดที่ 2,6 และจุดที่ 9

Parents 1 10 0100 001 101

Parents 2 11 1011 010 011

ทำการ Crossover โดยอ้างอิงจากภาพที่ 2.14 จะได้โครโมโซม Offspring ซึ่งสืบทอดยีนมาจากโครโมโซม Parents

Offspring 1 1 0 1 0 1 1 0 0 1 0 1 1

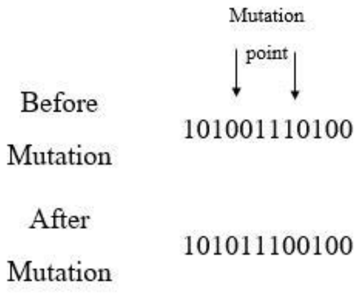
Offspring 2 1 1 0 1 0 0 0 1 0 1 0 1

การกลายพันธ์ (Mutation)

เนื่องจากโครโมโซม Offspring ที่เกิดจากโครโมโซม Parents นั้น อาจมีความคล้ายคลึงกับโครโมโซม Parents มากเกินไป อาจทำให้ได้ผลลัพธ์ที่ไม่ดีพอเนื่องจากไม่เกิดการพัฒนาในรุ่นถัดไป ดังนั้นจึงมีกระบวนการการผาเหล่า เพื่อให้โครโมโซม Offspring แตกต่างออกไปจากเดิมแต่จะยังคงรักษาเค้าโครงของโครโมโซม Parent เอาไว้ การ Mutation นั้นมีทั้งข้อดีและข้อเสีย ข้อดีคือโครโมโซม Offspring ที่ผ่าเหล่าอาจจะให้ค่า Fitness value ดีกว่าโครโมโซม Parents แต่ข้อเสียก็คือในบางครั้งโครโมโซม Offspring ที่ผ่าเหล่านั้นอาจเป็นโครโมโซมที่ไม่เหมะสมจำเป็นต้องกำจัดทิ้ง ดังนั้นอัตราการ Mutation จึงจำเป็นต้องมีค่าต่ำเพิ่มไม่ให้โครโมโซม Parents มากเกินไป

Binary mutation

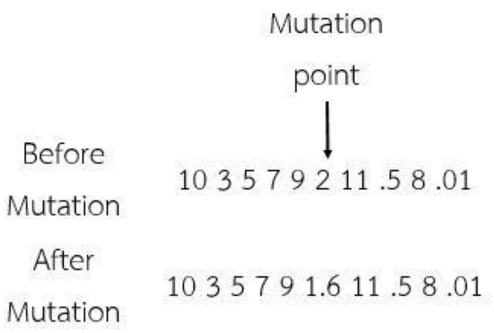
Binary mutation จะใช้กับโครโมโซมที่มียีนเป็นข้อมูลแบบเลขฐานสอง การ Mutation นั้นจึงมีอยู่แค่ 2 ค่าเท่านั้นคือ “0” และ “1” ส่วนตำแหน่งและจำนวนของการ Mutation นั้นหาได้จากวิธีการสุ่ม ภาพที่ 2.15 แสดงตัวอย่าง Binary mutation โดยจำนวนในการ Mutation เท่ากับ 2 ตรงตำแหน่งนี้ 5 และ 8



ภาพที่ 2.15 แสดงตัวอย่าง Binary mutation

Real value mutation

Real value mutation จะใช้กับโครโมโซมที่ยีนเป็นค่าจริง ซึ่งยีนประเภทนี้อาจใช้ในการหาพารามิเตอร์คำตอบของปัญหา ดังนั้นการ Mutation จึงระบุเจาะจงค่าและวิธีการที่แน่นอนไม่ได้ จะต้องวิเคราะห์ชนิดของปัญหาด้วย โดยส่วนใหญ่ตำแหน่งและจำนวนของการ Mutation จะขึ้นอยู่กับการสุ่ม ตัวอย่างในภาพที่ 2.16 เป็นการ Mutation โดยวิธี Real value mutation



ภาพที่ 2.16 แสดงตัวอย่าง Real value mutation

การหยุดการเรียนรู้ (Terminate)

หลังจากกระบวนการ Mutation โครโมโซมลูก (offspring) จะถูกนำไปหาค่า Fitness value หากค่า Fitness value ที่ได้มีความเหมาะสมใกล้เคียงกับคำตอบหรือสิ้นสุดจำนวนรอบในการเรียนรู้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม จะจบการทำงานและโครโมโซมที่ให้ค่า Fitness value ที่ดีที่สุดในประประชากรรุ่นสุดท้าย จะเป็นผลลัพธ์ของปัญหาที่เหมาะสมที่สุดในการรู้ครั้งนี้

ขั้นตอนการทำงานทั่วไปของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถเขียนเป็นฟังก์ชั่นการทำงานได้ดังนี้ (Dr. R.K Bhattacharjya, 2012)

```
function GeneticAlgo ()
{
    Initialize population;
    Calculate fitness function;
    While(fitness value != termination criteria)
    {
        Selection;
        Crossover;
        Mutation;
        Calculate fitness function;
    }
}
```

ข้อดีข้อเสียขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ข้อดีของขั้นตอนวีเชิงพันธุกรรม

1. ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม มีจุดเด่นในด้านความทนทานต่อความผิดพลาดในการค้นหาคำตอบจากแหล่งข้อมูลที่มีความซับซ้อน และยากที่จะสร้างแบบจำลองด้วยสมการคณิตศาสตร์เนื่องจากเป็นกระบวนการค้นหาที่ไม่มีความเฉพาะเจาะจงกับแบบจำลองหรือลักษณะเฉพาะของข้อมูลแบบใดแบบหนึ่ง

2. การค้นหาคำตอบด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะทำการค้นหาคำตอบจากชุดข้อมูลจำนวนมากแทนการพิจารณาข้อมูลทีละคำตอบในวิธีการค้นหาแบบอื่นๆ

ข้อเสียของขั้นตอนวีเชิงพันธุกรรม

1. เป็นวิธีที่ใช้ในการคำนวณค่อนข้างมากและใช้เวลานาน

2. การปรับค่าพารามิเตอร์ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมขึ้นอยู่กับปัญหาที่จะนำไปใช้ ผู้ใช้จะต้องมีความเข้าใจในปัญหา และเข้าใจกระบวนการทำงานขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อทำให้สามารถปรับสภาวะแวดล้อมของปัญหาให้เหมาะสม

ขั้นตอนวิธีเพื่อนบ้านใกล้สุด (k-Nearest Neighbor)

ความรู้พื้นฐานวิธีเพื่อนบ้านใกล้สุด

วิธีเพื่อนบ้านใกล้สุด (Jaiwei M.K. et al., 2012)ได้ถูกนิยามครั้งแรกในปี 1950 วิธีการของมันคือ การใช้การฝึกฝนข้อมูลด้วยข้อมูลขนาดใหญ่ และไม่ค่อยเป็นที่นิยมในขณะนั้นจนกระทั่งในปี 1960 เมื่อความสามารถในการคำนวณเพิ่มขึ้นมากเพียงพอในการทำงาน มันจึงถูกใช้งานอย่างแพร่หลายในด้านการรู้จำรูปแบบนับตั้งแต่นั้นเป็นต้นมา ขั้นตอนวิธีเพื่อนบ้านใกล้สุดมีตัวจำแนกโดยใช้พื้นฐานการเรียนรู้ด้วยการเปรียบเทียบข้อมูล นั่นคือด้วย การเปรียบเทียบโดยแถวนำเอาข้อมูลทดสอบไปฝึกฝนข้อมูลแถวอื่นๆ ที่มีความคล้ายคลึงกัน ข้อมูลแถวที่ฝึกฝน แถวที่จะทำการฝึกฝนจะถูกอธิบายด้วยค่า n แต่ละแถวจะแสดงระยะห่างด้วย n มิติ ในกรณีนี้ แถวข้อมูลทั้งหมดที่จะทำการฝึกฝนจะถูกจัดเก็บในรูปแบบระยะห่าง n มิติ เมื่อให้แถวข้อมูลที่ไม่ทราบค่า คือ ตัวจำแนกขั้นตอนวิธีเพื่อนบ้านใกล้สุด ค้นหารูปแบบระยะห่าง สำหรับ แถวข้อมูล k ที่จะทำการฝึกฝนที่มีความใกล้เคียงข้อมูลที่ไม่ทราบค่า ค่า k ที่ถูกฝึกฝนนี้ คือค่า k – Nearest Neighbors ของแถวข้อมูลที่ไม่ทราบค่านั้นเอง ข้อมูลที่ใกล้ที่สุดถูกอธิบายด้วยค่าระยะห่าง เช่น Euclidean Distance ค่า Euclidean Distance ระหว่างจุดสองจุด หรือ ระหว่างแถวข้อมูล กล่าวได้ว่า X1 = (x11, x12, ... ,x1n) และ x2 = (x21, x22, ... ,x2n) นั้นคือ

$$d(x_i, x_j) = \sqrt{\sum_{k=1}^{n} (x_{i,k} - x_{i,k})^2} \tag{2.1}$$

กล่าวได้อีกว่าอย่างหนึ่งว่า เป็นการนำตัวเลขแต่ละค่า มาทำการลบค่าในข้อมูลแถว X1 ด้วยค่า ข้อมูลแถว X2 แล้วจึงนำค่าที่ได้มายกกำลัง 2 และนำไปเก็บไว้ แล้วจึงนำผลลัพธ์ของระยะทางทั้งหมดที่ได้มาถอดด้วยรากที่ 2 โดยปกติแล้วจะทำการปรับค่าแต่ละค่าที่ต้องใช้ก่อนการใช้สมการ (2.1) ซึ่งมันจะช่วยป้องกันไม่ให้ค่าเริ่มต้นมีช่วงที่กว้างเกินไปจากการมีนัยสำคัญที่มากกว่า attribute ที่มีค่าเริ่มต้นอยู่ในช่วงแคบกว่า Min ~ max normalization จากตัวอย่างสามารถช่วยให้การแปลงค่า v จาก attribute A ที่เป็นค่าตัวเลข ไปเป็น v' ในรูปแบบช่วงของตัวเลข [0,1] ด้วยการคำนวณจากสมการ (2.2)

$$V' = \frac{v - min_A}{max_A - min_A} \tag{2.2}$$

เมื่อ min_A และ max_A คือค่าต่ำสุดและค่าสูงสุดของ attribute A สำหรับการจำแนกประเภทด้วย ขั้นตอนวิธีเพื่อนบ้านใกล้สุด แถวที่ไม่ทราบค่าจะถูกกำหนดให้เจอกันมากที่สุดในหมู่ของขั้นตอนวิธีเพื่อนบ้านใกล้สุด เมื่อ k = 1 แถวที่ไม่ทราบว่าจะถูกกำหนดให้ไปฝึกกับกลุ่มของแถวที่มีค่าใกล้เคียงมากที่สุด การจำแนกประเภทด้วย Nearest – Neighbor ตัวจำแนกสามารถใช้ในการพยากรณ์ค่าตัวเลขได้นั้นคือ การทำนายค่าจริงสำหรับแถวที่ไม่รู้จัก ในกรณีนี้ ตัวจำแนกจะส่งค่าจริงของค่าเฉลี่ยของป้ายกำกับที่เกี่ยวข้องกลับมาให้กับแถวที่ไม่ทราบค่า

ตัวจำแนกของ Nearest – Neighbor จะช้ามากหากทำการจำแนกแถวทดสอบ ถ้า D คือข้อมูลในฐานข้อมูลที่จะทดสอบ ค่าสมบูรณ์ของแถว D และ k = 1 แล้ว การเปรียบเทียบระหว่าง O(lDl) เป็นจำนวนการจำแนกที่ได้จากแถวข้อมูลทดสอบ ด้วยการเรียงลำดับและการจัดเรียง แถวข้อมูลจะเก็บไปยัง search tree จำนวนในการเปรียบเทียบสามารถลดได้โดยใช้ O (log (lDl)) การทำงานแบบคู่ขนานสามารถลดเวลาของการประมวลผลได้ นั้นคือ O (1) ซึ่งจะเป็นอิสระจาก lDl

เทคนิคอื่นในการเพิ่มความเร็ว และ ลดเวลา ในการจำแนก จะประกอบไปด้วยการคำนวณระยะทางแบบบางส่วน และ การแก้ไขการจัดเก็บข้อมูลแถว ในวิธีการคำนวณระยะแบบบางส่วนจะทำการคำนวณระยะฐานบนกลุ่มย่อยของ attribute n ถ้าระยะทางเกินเกณฑ์ จากนั้นจะมีการเก็บค่าการคำนวณแถวและหยุดการทำงาน และกระบวนการทำงานจะเลื่อนไปยังแถวข้อมูลที่เก็บถัดไป

วิธีการแก้ไข จะทำการ ลบแถวที่ฝึกเรียบร้อยแล้วและไม่มีประโยชน์ออก วิธีการนี้ยังเรียกว่าการตัดแต่งกิ่ง เพราะช่วยลดจำนวนแถวทั้งหมดที่จัดเก็บลงได้

งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

งานวิจัยเกี่ยวกับเทคนิคที่ใช้ในการจำแนกใบพืช

Prof Meeta K et al ได้สำรวจเทคนิคสำหรับการจำแนกใบพืชซึ่งมีหลายเทคนิค เช่น k-Nearest Neighbor Classification (k-NN) , Probabilistic Neural Network (PNN) , Genetic Algorithm (GA), Support Vector Machine (SVM), และ Principal Component Analysis (PCA) ซึ่งแต่ละเทคนิคก็มีข้อดีและข้อเสียที่แตกต่างกันไปขึ้นอยู่กับปัญหาและวิธีการหาผลลัพธ์

งานวิจัยเกี่ยวกับการจำแนกใบพืช โดยใช้เทคนิคต่างๆ

งานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการจำแนกใบพืชนั้นมีอยู่มากมายหลายวิธีมีการสกัดคุณลักษณะต่างๆมาใช้ในการจำแนกและมีเทคนิคในการจำแนกหลายวิธีซึ่งสามารถสรุปได้ดังตารางที่ 2.1

ตารางที่ 2.1 แสดงงานวิจัยที่เกี่ยวกับการจำแนกใบพืช โดยใช้เทคนิคต่างๆ

เรื่อง	**An automatic Leaf recognition system for plant identication using machine vision technology.**
ค.ศ. 2013	ได้นำเสนอระบบการรู้จำพืชโดยใช้คุณลักษณะรูปทรงและสีของใบพืช โดยเทคนิคที่ใช้ในการจำแนกด้วยวิธีโครงข่ายประสาทเทียม (Artificial Neural Network : ANN) สำหรับข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบประกอบด้วย สายพันธุ์พืช 33 สายพันธุ์ รวมทั้งหมด 1907 ใบ ใช้เทคนิคในการแบ่งข้อมูลออกเป็น 1742 สำหรับสร้างโมเดล และ 165 สำหรับทดสอบโมเดล ผลการทดสอบได้ค่าเฉลี่ยความถูกต้อง (accuracy) =93.3%
คณะผู้วิจัย v.Satti,A.Satya,S.Shama	
คุณลักษณะของใบพืช Shape and Color	
เทคนิคที่ใช้ Artificial Neural Network (ANN)	
เรื่อง	**Plant leaf Recognition using texture and shape features with neural classifiers.**
ค.ศ. 2015	ได้นำเสนอการรู้จำใบพืชโดยใช้คุณลักษณะรูปทรงและพื้นผิว โดยใช้เทคนิค MLP (Propagation Multi-layered Perceptron)ในการจำแนกชนิดใบพืช สำหรับข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบประกอบด้วยสายพันธุ์พืช 31 สายพันธุ์ รวมทั้งหมด 930 ใบ ใช้เทคนิคในการแบ่งข้อมูลออกเป็น 620 สำหรับสร้างโมเดล และ 310 สำหรับทดสอบโมเดล ผลการทดสอบได้ค่าเฉลี่ยความถูกต้อง (accuracy) =87.1%
คณะผู้วิจัย J.Chaki, R.Parekh, S.Bhattacharya	
คุณลักษณะของใบพืช Shape and Texture	
เทคนิคที่ใช้ Propagation Multi-layered Perceptron	

เรื่อง	**Automatic classification of legumes using leaf vein image features.**
ค.ศ. 2014 **คณะผู้วิจัย** M.G.Larese,R.Namias,R.M.Craviotto, M.R.Arango,C.Gallo,P.M..Granitto **คุณลักษณะของใบพืช** Shape and Colour **เทคนิคที่ใช้** Penalized discriminant analysis	ได้นำเสนอการใช้ภาพลายใบของพืชตระกูลถั่ว ร่วมกับคุณลักษณะรูปทรงและสีสำหรับใช้ในการจำแนกชนิดพืชตระกูลถั่ว โดยใช้เทคนิค PDA (Penalized discriminant analysis) สำหรับข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบประกอบด้วย พืชตระกูลถั่ว 3 สายพันธุ์ ข้อมูลมี 2 ชุด ชุดที่ 1 จำนวน 150 ชุดที่ 2 จำนวน 866 ใช้วิธีการทดสอบด้วย 10 fold-cross validation ผลการทดสอบได้ค่าเฉลี่ยความถูกต้องสำหรับข้อมูลชุดที่ 1 = 88.4% และข้อมูลชุดที่ 2 = 84.1%
เรื่อง	**One-shot classification of 2-D leaf shape using distributed hierarchical graph neuron scheme with k-NN classifier.**
ค.ศ. 2013 **คณะผู้วิจัย** A.H.M.Amin,A.I.Khan **คุณลักษณะของใบพืช** Shape **เทคนิคที่ใช้** k-nearest neighbor	การจำแนกใบพืชโดยใช้เทคนิคเพื่อนบ้านใกล้สุด (k-nearest neighbor :k-NN) และใช้คุณลักษณะรูปทรงของใบ นำเสนอวิธีการปรับขนาดภาพสำหรับการแบ่งประเภทของใบพืชโดยใช้คุณลักษณะรูปร่าง 2 มิติ
เรื่อง	**Recognition of Leaves based on morphological feature derived from two haft-regions.**
ค.ศ. 2012 **คณะผู้วิจัย** C.Uluturk.,A.Ugur. **คุณลักษณะของใบพืช** Shape **เทคนิคที่ใช้** Probabilistic Neural Network	ได้นำเสนอระบบการรู้จำพืชโดยใช้คุณลักษณะรูปทรงของใบพืช โดยเทคนิคที่ใช้ในการจำแนกด้วยวิธี PNN (Probabilistic Neural Network) สำหรับข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบประกอบด้วย สายพันธุ์พืช 32 สายพันธุ์ รวมทั้งหมด 1280 ใบ ใช้เทคนิคในการแบ่งข้อมูลออกเป็น 1120 สำหรับสร้างโมเดล และ 160 สำหรับทดสอบโมเดล ผลการทดสอบได้ค่าเฉลี่ยความถูกต้อง (accuracy) =92.5%
เรื่อง	**Modified locally linear discriminant embedding for plant leaf recognition.**
ค.ศ. 2011 **คณะผู้วิจัย** S. Zhang and Y.-K. Lei.	ได้นำเสนอระบบการรู้จำพืชโดยใช้คุณลักษณะรูปทรงของใบพืช โดยเทคนิค MLLDE (Modified linear Discriminant Embedding Algorithm) สำหรับข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบประกอบด้วย สายพันธุ์

คุณลักษณะของใบพืช Shape	พืช 50 สายพันธุ์ รวมทั้งหมด 750 ใบ ใช้เทคนิคในการแบ่งข้อมูลออกเป็น 500 สำหรับสร้างโมเดล และ 250 สำหรับทดสอบโมเดล ผลการทดสอบได้ค่าเฉลี่ยความถูกต้อง (accuracy) =93.5%
เทคนิคที่ใช้ Modified linear Discriminant Embedding Algorithm.	
เรื่อง	**Leaf shape identification based on biometrics.**
ค.ศ. 2010	ได้นำเสนอระบบการรู้จำพืชโดยใช้คุณลักษณะรูปทรงของใบพืช โดยเทคนิคที่ใช้ในการจำแนกด้วยวิธี PNN (Probabilistic Neural Network) สำหรับข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบประกอบด้วย สายพันธุ์พืช 30 สายพันธุ์ รวมทั้งหมด 1330 ใบ ใช้เทคนิคในการแบ่งข้อมูลออกเป็น 1200 สำหรับสร้างโมเดล และ 130 สำหรับทดสอบโมเดล ผลการทดสอบได้ค่าเฉลี่ยความถูกต้อง (accuracy) =91.4%
คณะผู้วิจัย J.Hansain,M.A.A.Amin.	
คุณลักษณะของใบพืช Shape	
เทคนิคที่ใช้ Probabilistic Neural Network	

งานวิจัยเกี่ยวกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

งานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการจำแนกชนิดพืชและการนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมประยุกต์ใช้ในด้านต่างๆซึ่งสามารถสรุปได้ดังตารางที่ 2.2

ตารางที่ 2.2 แสดงงานวิจัยที่เกี่ยวกับขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

เรื่อง	**Identication of Plant Leaves Disease Detection and Optimal Solution using Genetic Algorithm.**
ค.ศ. 2015	ได้นำเสนอวิธีการตรวจสอบโรคที่เกิดกับใบพืชเพื่อเพิ่มผลผลิตให้กับเกษตรกรโดยได้ประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยใช้คุณลักษณะสีของใบ รูปทรงและพื้นผิว ตรวจสอบใบพืชที่เป็นโรคใบหรือติดเชื้อ โดยการหาค่าบริเวณใบพืชที่เป็นโรคและบริเวณที่ไม่เป็นโรค
คณะผู้วิจัย K.Padmavathi and K.Thangadurai.	
คุณลักษณะของใบพืช Shape Colour and Texture	
เทคนิคที่ใช้ Genetic Algorithm	
เรื่อง	**A Genetic Algorithm–Support Vector Machine method with Parameter Optimization for Selecting the Tag SNPs.**
ค.ศ. 2013	ได้นำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและ SVM (Support Vector Machine) มาประยุกต์ใช้สำหรับการแก้ปัญหาทางการแพทย์ในด้าน Single-Nucleotide Polymorphism (SNPs) โดยนำขั้นตอนวิธีเชิง
คณะผู้วิจัย ILhan I. and Tezel G.	

เทคนิคที่ใช้ Support Vector Machine	พันธุกรรมสำหรับการเลือกแท็กและใช้ SVM สำหรับทำนายค่า
เรื่อง	**Genetic Algorithms in Feature and Instance Selection.**
ค.ศ. 2013 **คณะผู้วิจัย** Tsai C. F., Eberle W. & Chu C. Y **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm, Support Vector Machine , k-Nearest Neighbor	ได้ประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการปรับปรุงประสิทธิภาพในการทำเหมืองข้อมูลและลบคุณลักษณะที่ไม่เกี่ยวข้องหรือซ้ำซ้อนบางส่วนจากชุดข้อมูล สำหรับก่อนการประมวลผลเบื้องต้นในการทำเหมืองข้อมูลโดยใช้ SVM, k-NN ในการทดสอบความถูกต้องในการจำแนก
เรื่อง	**An Effective Genetic Algorithms for Fleet Size and Mix Vehicle Routing Problems.**
ค.ศ. 2009 **คณะผู้วิจัย** Shuguang, L., Weilai, H. and Huiming, M. **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm	ได้นำเสนอการศึกษาการการแก้ ปัญหา โดยใช้ วิธีการเชิงพันธุกรรมในการแก้ปัญหาการจัดเส้นทางเดินรถที่มีขนาดรถหลายขนาด ทำการศึกษาที่ประสิทธิภาพของวิธีแก้ ปัญหาที่ต่างวิธีที่เคยถูกนำเสนอมาทำการเปรียบเทียบกัน เพื่อให้ได้ วิธีการที่ดีที่สุดในการนำไปใช้ในการแก้ปัญหา
เรื่อง	**Distribution network reconfiguration using an efficient evolutionary algorithm.**
ค.ศ. 2007 **คณะผู้วิจัย** Carreno, E. M., Moreira, N. and Romero, R. **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm	ได้นำเสนอการจัดสายป้อนใหม่เพื่อ ลดกำลังไฟฟ้าสูญเสีย โดยการประยุกต์ใช้ตัวดำเนินการของวิธีการเชิงพันธุกรรม และได้ทำการทดสอบกับระบบจำหน่ายไฟฟ้าแบบเรเดียล ขนาด 14 และ 136 บัส งานวิจัยนี้ได้นำเสนอการสร้าง ประชากรเริ่มต้นจากแนวความคิดโครงสร้างต้นไม้ (Generate Trees) เมื่อสิ้นสุดการสร้างจะได้ ประชากรแทนโครงสร้างของระบบจำหน่ายไฟฟ้าที่นำเสนอ ซึ่งการสร้างประชากรเริ่มต้นด้วย วิธีการนี้ จะทำให้โครงสร้างของระบบจำหน่ายไฟฟ้าเป็นแบบเรเดียลเสมอ นับว่าเป็นการปรับปรุง คุณภาพของการสร้างประชากรเริ่มต้น แทนการสุ่มแบบเดิมๆ แล้วจึงนำประชากรที่ได้มาผ่านตัว ดำเนินการต่างๆ ของวิธีการเชิงพันธุกรรม จากวิธีการนี้ทำให้ระบบจำหน่ายไฟฟ้ามีค่ากำลังไฟฟ้า สูญเสียลดลง เป็นไปตามเงื่อนไขของระบบจำหน่ายไฟฟ้า เป็นต้น

เรื่อง	Channel Assignment in Cellular Radio using Genetic Algorithm.
ค.ศ. 2002 **คณะผู้วิจัย** J-S.Kim, S.Park, P.Dowd and N. Nasrabadi **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm	ได้นำเสนองานวิจัยเรื่องการกำหนด ช่องสัญญาณในระบบโทรศัพท์เคลื่อนที่เซลลูลาร์ โดยใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ได้ทำการทดลองโมเดลของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมกับปัญหาที่มีจำนวน 21 เซลไซต์ต้องการจำนวน ช่องสัญญาณ 481 ช่องสัญญาณ ผลลัพธ์ของงานวิจัยแสดงให้เห็นว่าการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม มาใช้แก้ปัญหาการกำหนดช่องสัญญาณในระบบโทรศัพท์เคลื่อนที่เซลลูลาร์จะสามารถหาผลลัพธ์ของคำตอบได้เร็วกว่าข่ายงานประสาทเทียม หรือการอบเหนียวจำลอง
เรื่อง	**Optimization of Satellite Combination in Kinematic Positioning Mode with the Aid of Genetic Algorithm.**
ค.ศ. 2012 **คณะผู้วิจัย** Srinuandee,P.,et al **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm	ได้ศึกษาผลของการคัดเลือกข้อมูล โดยทำการตัดข้อมูลดาวเทียม GPS บางดวงออกไปก่อนนำเข้าสู่การประมวล โดยประยุกต์ใช้วิธีการเชิงพันธุกรรมในการคัดเลือกดาวเทียม GPS ดวงที่มีความเหมาะสมสำหรับการหาตำแหน่งแบบสัมพันธ์ด้วยวิธีจลน์ผลการศึกษาพบว่าการประยุกต์ใช้วิธรการเชิงพันธุกรรมส่งผลสำเร็จในการคัดเลือกดาวเทียมที่มีความเหมาะสมที่สุด ทำให้สามารถช่วยปรับปรุงอัตราการประมาณค่าเลขปริศนาให้เป็นเลขจำนวนเต็มตามทฤษฎีได้ดีขึ้นกว่าเดิมถึง 5 คาบเวลา จากทั้งหมด 24 คาบเวลา
เรื่อง	**Neural Network Optimization by Genetic Algorithms for the Audio Classification to Speech and Music**.
ค.ศ. 2013 **คณะผู้วิจัย** Saeed Balochian, Emad Abbasi Seidabad and Saman Zahiri Rad. **เทคนิคที่ใช้** Multi-Layer Perceptron, Genetic Algorithm	ได้นำเสนอการเพิ่มประสิทธิภาพนิวรอนเน็ตเวิร์ค (Neural Network) โดยใช้ขั้นตอนวีเชิงพันธุกรรมสำหรับการจำแนกเสียงพูดและเสียงดนตรี โดยใช้เทคนิค MLP (Multi-Layer Perceptron) และใช้คุณลักษณะ เวฟจากการสกัด 1วินาทีของสัญญานเวฟเป็นข้อมูลในการจำแนกจากผลการทดลองวัดความถูกต้อง 96.49%
เรื่อง	**Image retrieval based on multi-feature similarity score fusion using Genetic Algorithm**.
ค.ศ. 2010 **คณะผู้วิจัย** Chen Mianshu.	ได้นำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการค้นหาภาพโดยมีการเปรียบเทียบประสิทธิภาพในการค้นหาระหว่างการค้นหาด้วยคุณลักษณะของภาพเพียงอย่างเดียวและการค้นหาด้วยคุณลักษณะของ

เทคนิคที่ใช้ Genetic Algorithm	ภาพร่วมกับการกำหนดค่าน้ำหนักและมีการกำหนดฟังก์ชั่นสำหรับประเมินค่าความเหมาะสมมาจากจำนวนรูปภาพที่ระบบค้นคืนได้และตรงกับหมวดหมู่ ซึ่งวิธีการที่นำเสนอให้ประสิทธิภาพของการค้นหาได้ดีที่สุด
เรื่อง	**A Feature Selection Method Base on GA for CBIR Mammography CAD**.
ค.ศ. 2012 **คณะผู้วิจัย** Yi C., Yihua L. and Haozheng R. **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm	ได้นำเสนอการประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อเลือกคุณลักษณะที่เหมาะสมของข้อมูล (Feature Selection) เพื่อพัฒนาและประเมินผลการศึกษาวิธีการเลือกคุณลักษณะสำหรับการดึงภาพ (CBIR) ระบบ CAD ผลการทดลองแสดงให้เห็นถึงผลกระทบของวิธีการที่นำเสนอ
เรื่อง	**Support Vector Machine with Genetic Algorithm for Machinery Fault Diagnosis of High Voltage Circuit Breaker**.
ค.ศ. 2011 **คณะผู้วิจัย** Huang J., Hu X. and Yang F. **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm, Support Vector Machine, Artificial Neural Network	ได้นำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับ Support Vector Machine (SVM) สำหรับการวินิจฉัยความผิดของแรงดันสูงเบรกเกอร์ (Circuit Breaker :CB) เปรียบเทียบกับเครือข่ายประสาทเทียม ผลการทดลองแสดงให้เห็นว่าขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับ SVM มีความถูกต้องจำแนกประเภทกว่าวิธีเครือข่ายประสาทเทียม
เรื่อง	**Multi- Objective Sequencing Problem on Mixed-Model Two-sided Assembly Lines under Learning Effect.**
ค.ศ. 2013 **คณะผู้วิจัย** W. Naruemitwong and P. Chutima **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm	ได้นำเสนอการจัดลำดับการผลิตที่มีหลายวัตถุประสงค์บนสายการประกอบผลิตภัณฑ์ผสมแบบสองด้านภายใต้ผลกระทบจากการเรียนรู้ กล่าวถึง การตั้งค่าพารามิเตอร์ของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ในการจัดลำดับการผลิตไว้โดยการทำ Weighted Mapping Crossover และ Reciprocal Exchange Mutation โดยทดลอง ค่าความน่าจะเป็นในการครอสโอเวอร์ (Pc) และการมิวเทชัน (Pm) อยู่ในช่วง 0.7-0.9 และ 0.1-0.3 ตามลำดับ ว่าเป็น ค่าที่พารามิเตอร์ที่เหมาะสมที่สุดของลักษณะปัญหา
เรื่อง	**การศึกษาเปรียบเทียบการวางผังโรงงานด้วยวิธีการทางพันธุกรรมและวิธี Differential Evolution.**
พ.ศ. 2553	ได้ศึกเปรียบเทียบการวางผังโรงงานด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

คณะผู้วิจัย กวิน หอมจันทึก. **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm	และวิธี Differential Evolution โดยประยุกต์ใช้กับการวางผังโรงงานที่มีเงื่อนไขเกี่ยวกับจุดรับส่งของแต่ละแผนกร่วมกับวีการจัดเรียงแผนกต่างๆ ลงในผังโรงงาน ทำการทดลองโดยการกำหนดจำนวนประชากร 30 , 100 และ 150 ค่า Cross over ratio 4 ระดับ 0.3 , 0.5 , 0.7 และ 0.9 ผลการศึกษาพบว่าวิธี DE-7 จะให้ผลดีกว่าและใช้เวลาในการคำนวณหาผลลัพธ์ที่น้อยกว่า โดยใช้เวลาเฉลี่ย 34 – 78 % ของเวลาที่ใช้จากวิธีการทางพันธุกรรม
เรื่อง	**การประยุกต์ใช้วิธีขั้นตอนเชิงพันธุกรรมแบบผสมเพื่อแก้ไขปัญหาการจัดตารางการผลิตชนิดสายการประกอบแบบไหลเลื่อน.**
พ.ศ. 2555 **คณะผู้วิจัย** สืบพงศ์ แสงอุดร และ ธีรเดช วุฒิพรพันธ์. **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm	ได้นำขั้นตอนพันธุกรรมแบบผสม ซึ่งเป็นการประยุกต์ใช้วิธีการขั้นตอนพันธุกรรมร่วมกับวิธีการเนเบอร์ฮูทเสิร์ชเพื่อหาค่าใช้จ่ายที่ต่ำที่สุดของผลรวมระหว่างค่าใช้จ่าย โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อนำเสนอวิธีการจัดตารางการผลิตแบบผสมเพื่อแก้ปัญหาการจัดตารางการผลิตของอุสาหกรรมผลิตชิ้นส่วนรถยนต์
เรื่อง	**การประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการกำหนดกำลังทางเรือ กรณีศึกษา:ภารกิจการช่วยเหลือด้านมนุษยธรรมและการบรรเทาภัยพิบัติ**
พ.ศ. 2557 **คณะผู้วิจัย** ธนภณ บุญแสนพล **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm	ได้ประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมในการกำหนดกำลังทางเรือเพื่อประกอบกำลังทางเรือที่เหมาะสมให้สามารถสนับสนุนภารกิจ เพื่อลดขั้นตอนที่ซับซ้อนในการค้นหากองกำลังทางเรือที่เหมาะสมด้วยตัวบุคคล และยังสามารถนำมาประกอบการพิจารณาการตัดสินใจในการเลือกกองกำลังทางเรือ
เรื่อง	**A New Local Search based Hybrid Genetic Algorithm for Feature Selection.**
ค.ศ. 2011 **คณะผู้วิจัย** Kabir M. M., Shahjahan M. and Murase K **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm	ได้ประยุกต์ใช้วิธีขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อเลือกคุณลักษณะที่เหมาะสมของข้อมูล (Feature Selection)
เรื่อง	**Integrating Support Vector Machine and Genetic Algorithm to Implement Dynamic Wafer Quality Prediction System.**
ค.ศ. 2010	ได้ประยุกต์ใช้วิธีขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อเลือกคุณลักษณะที่

คณะผู้วิจัย Chou P. H., Wu M. J. and Chen K. K. **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm	เหมาะสมของข้อมูล (Feature Selection)
เรื่อง	**Optimizing Decision Tree in Malware Classification System by using Genetic Algorithm.**
ค.ศ. 2011 **คณะผู้วิจัย** Mohd Najwadi Yusoft and Amun jantan. **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm, Decision Tree	ได้นำเสนอการเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกประเภทมัลแวร์ โดยการใช้ขั้นตอนเชิงพันธุกรรม เพื่อช่วยเพิ่มประสิทธิภาพเทคนิคต้นไม้ตัดสินใจ (Decision Tree) ในการจำแนกมัลแวร์ ใช้เทคนิคในการแบ่งข้อมูลออกเป็น 80% สำหรับสร้างโมเดล และ 20% สำหรับทดสอบโมเดล ผลการทดสอบแสดงให้เห็นถึงการเพิ่มขึ้นของความถูกต้องจาก 4.5% เป็น 6.5%
เรื่อง	**A Genetic Algorithm for the vehicle routing problem.**
ค.ศ. 2003 **คณะผู้วิจัย** Baker, Ayechew. **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm	ได้ศึกษาถึงการนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมาประยุกต์ใช้สำหรับแก้ไขปัญหาการจัดเส้นทางยานพาหนะเพื่อให้ลูกค้าทราบความต้องการที่แน่นอน โดยการขนส่งอาจมีข้อจำกัดเรื่องระยะทางการขนส่ง น้ำหนักในการบรรทุกที่เกิน การเวลาที่สูญเสีย จากการนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมมาใช้พบว่าสามารถแก้ปัญหาในเรื่องของเวลาได้อย่างมีคุณภาพ
เรื่อง	**An Intelligent System of Customer Targeting : A Data Mining Approach.**
ค.ศ. 2004 **คณะผู้วิจัย** Kim and Street **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm	ได้ประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม ทำนายผลในการเลือกลูกค้าที่อยู่ในกลุ่มเป้าหมายที่เหมาะสมที่สุด มาใช้คัดเลือกหาลักษณะที่เหมาะสมจากนั้นจึงนำลักษณะที่เลือกได้ มาทดสอบกับโมเดลโดยใช้เครือข่ายประสาทเทียมเพื่อทำนายผลสำหรับใช้ในการตัดสินใจในทางธุรกิจสำหรับเลือกกลุ่มเป้าหมายที่ทำให้ได้ผลกำไรจากการแนะนำให้ซื้อกรมธรรม์ทางไปรษณีย์
เรื่อง	**Image Recognition of Maize Leaf Disease Based on GA-SVM.**
ค.ศ. 2015 **คณะผู้วิจัย**	ได้ประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมร่วมกับ ซัพพอร์ตเวกเตอร์เมชชีน ในการจดจำภาพโรคใบพืชกับต้นข้าวโพด โดยใช้ขั้นตอนวิธี

Z. Zhang el al . **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm, Support Vector Machine	เชิงพันธุกรรมในการหาคุณลักษณะที่เหมาะสม และใช้ซัพพอร์ตเวกเตอร์เมชชีนในการจำแนกโรคใบพืชกับต้นข้าวโพด จากนั้นทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพ
เรื่อง	**An Optimal Feature Subset Selection Using GA for Leaf Classification.**
ค.ศ. 2014 **คณะผู้วิจัย** Valliammal Narayan and Geethalakshmi Subbarayan **เทคนิคที่ใช้** Genetic Algorithm, Support Vector Machine, k-Nearest Neighbor	ได้ประยุกต์ใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม สำหรับหาคุณลักษณะที่เหมาะสมจากคุณลักษณะใบพืช เพื่อใช้ในการจำแนกใบพืชโดยใช้ซัพพอร์ตเวกเตอร์เมชชีน และวิธีเพื่อนบ้านใกล้สุด จากนั้นทำการเปรียบเทียบประสิทธิภาพในการจำแนกใบพืช