

การพยากรณ์โอกาสการสำเร็จการศึกษาของนักศึกษา โดยใช้จีเน็ตกอัลกอริทึมแบบหลาย
วัตถุประสงค์ เปรียบเทียบกับวิธีทางระบบโครงข่ายประสาทเทียม : กรณีศึกษา
นักศึกษาภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์และสารสนเทศ

นางสาวบุษรา ลีพิมพ์นางกูร

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์และสารสนเทศ
บัณฑิตวิทยาลัย สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ
ปีการศึกษา 2549
ลิขสิทธิ์ของสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ

ชื่อ : นางสาวบุษรา ลี้มพัฒนางกูร
ชื่อวิทยานิพนธ์ : การพยากรณ์โอกาสการสำเร็จการศึกษาของนักศึกษา โดยใช้จีเนติก
อัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ เปรียบเทียบกับวิธีทางระบบ
โครงข่ายประสาทเทียม : กรณีศึกษานักศึกษาภาควิชาวิทยาการ
คอมพิวเตอร์และสารสนเทศ
สาขาวิชา : วิทยาการคอมพิวเตอร์
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ
ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ : ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.เยาวดี เต็มธนาภักดิ์
ปีการศึกษา : 2549

บทคัดย่อ

งานวิจัยนี้ประยุกต์ใช้วิธีการพยากรณ์โอกาสในการสำเร็จการศึกษาโดยใช้เทคนิคจีเนติกอัลกอริทึมเพื่อเลือกลักษณะ (Feature) ที่เหมาะสมก่อนนำไปใช้ในการพยากรณ์ด้วยโครงข่ายประสาท (GA/ANN) โดยทดสอบทั้งจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียว (Single Objective Genetic Algorithm: SGA) และจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ (Multi Objectives Genetic Algorithm: MGA) เปรียบเทียบกับโครงข่ายประสาทแบบทั่วไป (Artificial Neural Network: ANN) จากการทดสอบพบว่า GA/ANN นั้นสามารถลดจำนวนลักษณะที่ใช้ในโมเดลได้อย่างชัดเจน โดย SGA/ANN สามารถลดจำนวน Feature ลดลง 42% และ MGA/ANN สามารถลดจำนวน Feature ลดลง 45% และเทคนิคที่เสนอนั้นยังให้ประสิทธิภาพการทำนายที่ใกล้เคียงกับการใช้โครงข่ายประสาทเพียงอย่างเดียว เมื่อเปรียบเทียบระหว่างเทคนิค ANN กับ SGA/ANN และเทคนิค ANN กับ MGA/ANN โดยใช้ t-Test Paired Two Sample for Means โดยมีค่า P-Value=0.64 และ 0.98 ตามลำดับ อย่างไรก็ตามถ้าพิจารณาเปรียบเทียบในแง่ของความผันผวนของผลทำนายจะเห็นว่าเทคนิค ANN เพียงอย่างเดียว และเทคนิค MGA/ANN มีความคงตัวมากกว่าเทคนิค SGA/ANN

(วิทยานิพนธ์มีจำนวนทั้งสิ้น 60 หน้า)

คำสำคัญ : เหมือนข้อมูล, โครงข่ายประสาทเทียม, จีเนติกอัลกอริทึม, จีเนติกอัลกอริทึมหลาย
วัตถุประสงค์, การคัดเลือกคุณสมบัติที่เหมาะสม

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์

Name : Miss Busara Limphiphatthanangkul
Thesis Title : A Comparison Study on Multi Objectives Genetic Algorithm and
Artificial Neural Network in Graduate Forecasting
Major Field : Computer Science
King Mongkut's Institute of Technology North Bangkok
Thesis Advisor : Assisstant Professor Dr.Yaowadee Temtanapat
Academic Year : 2006

Abstract

This project applies a prediction model for student graduation using artificial neural network guided by a genetic algorithm (GA/ANN). The genetic algorithm is used for feature selection before applying the ANN prediction. By using two genetic algorithms, single and multiple objective genetic algorithms, to guide ANN, this work compares the prediction performance of these approaches to the ANN only's. The experiment shows that both single and multiple objective genetic algorithms can reduce a significant number of features using in the model while giving the same prediction performance (comparing by t-test paired two sample for means with P-value = 0.64 and 0.98 respectively). The Single Objective Genetic Algorithm with ANN (SGA/ANN) can reduce 42% and the Multiple Objective Genetic Algorithm with ANN (MGA/ANN) can reduce 45%. However, if comparing the variance in prediction, the results of ANN only and MGA/ANN are more consistent than SGA/ANN's.

(Total 60 pages)

Keywords : Data Mining, Artificial Neural Network, Genetic Algorithm, Multi Objectives
Genetic Algorithm, Feature Selection

Advisor

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยความช่วยเหลืออย่างดียิ่งของผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. เยาวดี เต็มธนาภัทร์ อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ที่ได้ให้คำแนะนำ ข้อคิดเห็นและแนวทางแก้ไขปัญหาต่าง ๆ ในการวิจัยมาโดยตลอด รวมทั้งขอขอบพระคุณคณะกรรมการทุกท่าน โดยเฉพาะอย่างยิ่งอาจารย์ ดร. เนตรนภา สีหารี, อาจารย์ ดร. วิทวัส ฝ่องญาติ, อาจารย์ ดร. เบญจพร ลิ้มธรรมาภรณ์ และอาจารย์ ดร. ปรัชญาพร เลี้ยงสุทธิสกันธ์ ที่ได้ให้คำแนะนำต่าง ๆ ซึ่งทำให้วิทยานิพนธ์นี้มีความสมบูรณ์ยิ่งขึ้น และขอขอบพระคุณอาจารย์ผู้สอนในสาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ที่ได้ถ่ายทอดความรู้ให้แก่ผู้วิจัย อันเป็นประโยชน์ต่อการนำมาใช้ในการทำวิทยานิพนธ์นี้

ขอขอบพระคุณงานทะเบียนและสถิตินักศึกษา สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ โดยเฉพาะอย่างยิ่ง คุณสงบ คงคา และคุณสุกานดา สิงห์จันทร์ เจ้าหน้าที่งานทะเบียนและสถิตินักศึกษาที่ได้ให้ความช่วยเหลืออนุเคราะห์ข้อมูลนักศึกษาในการทำวิจัยนี้เป็นอย่างดี

ขอขอบพระคุณผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. วินัย โปธิสุวรรณ ภาควิชาสถิติประยุกต์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือที่ได้ให้คำแนะนำทางด้านการวัดผลในด้านสถิติ และขอขอบคุณเจ้าหน้าที่ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์และสารสนเทศ ที่ได้ให้ความช่วยเหลือประสานงานการติดต่อเป็นอย่างดี

ขอกราบขอบพระคุณ คุณพ่อ คุณแม่ ที่ได้ให้ความรัก ความห่วงใย และส่งเสริมสนับสนุนในด้านการศึกษาแก่ผู้วิจัยเสมอมา

ท้ายสุดนี้ผู้วิจัยใคร่ขอขอบคุณ คุณพอเหมาะ สินพัฒนานนท์ และเพื่อนนักศึกษาสาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ทุกคนที่ได้ให้ความช่วยเหลือ และให้กำลังใจตลอดการศึกษาในสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ

บุษรา ลิ้มพิพัฒนางกูร

สารบัญ

| | หน้า |
|---|------|
| บทคัดย่อภาษาไทย | ข |
| บทคัดย่อภาษาอังกฤษ | ค |
| กิตติกรรมประกาศ | ง |
| สารบัญตาราง | ช |
| สารบัญภาพ | ฅ |
| บทที่ 1 บทนำ | 1 |
| 1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา | 1 |
| 1.2 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย | 1 |
| 1.3 ขอบเขตของงานวิจัย | 2 |
| 1.4 วิธีดำเนินการวิจัย | 2 |
| 1.5 ประโยชน์ของการวิจัย | 2 |
| บทที่ 2 ทฤษฎี และงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง | 4 |
| 2.1 ทฤษฎีเครือข่ายประสาท | 4 |
| 2.2 ทฤษฎีจีเนติกอัลกอริทึม | 15 |
| 2.3 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง | 23 |
| บทที่ 3 การออกแบบงานวิจัย | 25 |
| 3.1 โมเดลสำหรับทำนายโอกาสการสำเร็จการศึกษาของนักศึกษาด้วยเครือข่ายประสาท (ANN) | 25 |
| 3.2 โมเดลการทำนายโอกาสการสำเร็จการศึกษาด้วยจีเนติกอัลกอริทึมร่วมกับเครือข่ายประสาท (GA/ANN) | 27 |
| 3.3 การวัดประสิทธิภาพ | 29 |
| 3.4 เครื่องมือที่ใช้ในการวิจัย | 31 |
| บทที่ 4 วิธีการดำเนินงานวิจัย | 32 |
| 4.1 การเตรียมข้อมูลในการวิจัย | 32 |
| 4.2 การกำหนดจำนวนโหนดในชั้นซ่อนเร้น (Hidden Node) | 40 |
| 4.3 การกำหนดจำนวนรอบในการเรียนรู้ (Epoch) | 41 |
| 4.4 การทดลองจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท | 43 |
| 4.5 การทดลองจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ร่วมกับเครือข่ายประสาท | 43 |

สารบัญ (ต่อ)

| | หน้า |
|---|------|
| บทที่ 5 ผลของการวิจัย | 44 |
| 5.1 ผลการทดลองด้วยเครือข่ายประสาท | 44 |
| 5.2 ผลการทดลองด้วยจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียว ร่วมกับเครือข่ายประสาท | 45 |
| 5.3 ผลการทดลองด้วยจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ ร่วมกับเครือข่ายประสาท | 47 |
| 5.4 การอภิปรายผลการทดลอง ครั้งที่ 1 | 49 |
| 5.5 การอภิปรายผลการทดลอง ครั้งที่ 2 | 52 |
| บทที่ 6 สรุปผลการวิจัย และข้อเสนอแนะ | 56 |
| 6.1 สรุปผลการวิจัย | 56 |
| 6.2 ปัญหาและอุปสรรคในการทำวิจัย | 56 |
| 6.3 ข้อเสนอแนะ และแนวทางการวิจัยในอนาคต | 57 |
| เอกสารอ้างอิง | 58 |
| ประวัติผู้วิจัย | 60 |

สารบัญตาราง

| ตารางที่ | | หน้า |
|----------|--|------|
| 2-1 | การสลับสายพันธุแบบ Single Point | 22 |
| 2-2 | การสลับสายพันธุแบบ Two Point | 22 |
| 2-3 | การสลับสายพันธุแบบ Arithmetic | 22 |
| 3-1 | แสดงการกำหนดค่าในการวัดประสิทธิภาพ | 30 |
| 4-1 | แสดงข้อมูลนักศึกษาที่เป็นตัวแปรในการตัดสินใจ | 34 |
| 4-2 | แสดงการแปลงข้อมูลรหัสวิชาเรียนให้อยู่ในรูปหมวดวิชาและ กลุ่มวิชา | 36 |
| 4-3 | แสดงการเข้ารหัสข้อมูลสำหรับเครือข่าย | 37 |
| 5-1 | แสดงผลการทดลองด้วยเครือข่ายประสาท ครั้งที่ 1 | 44 |
| 5-2 | แสดงผลการทดลองด้วยเครือข่ายประสาท ครั้งที่ 2 | 45 |
| 5-3 | แสดงตัวแปรที่คัดเลือกได้จาก Single Objective Genetic Algorithm | 45 |
| 5-4 | แสดงผลการทดลองด้วย SGA/ANN ครั้งที่ 1 | 46 |
| 5-5 | แสดงผลการทดลองด้วย SGA/ANN ครั้งที่ 2 | 47 |
| 5-6 | แสดงผลการทดลองด้วย MGA/ANN | 47 |
| 5-7 | แสดงตัวแปรที่คัดเลือกได้จาก Multi Objectives Genetic Algorithm | 48 |

สารบัญภาพ

| ภาพที่ | | หน้า |
|--------|---|------|
| 2-1 | เครือข่ายประสาทในสมองมนุษย์ | 4 |
| 2-2 | โมเดลเครือข่ายประสาท | 5 |
| 2-3 | เครือข่ายประสาทแบบชั้นเดียว | 6 |
| 2-4 | เครือข่ายประสาทแบบหลายเดี่ยว | 7 |
| 2-5 | โมเดล Backpropagation Neural Network | 8 |
| 2-6 | ขั้นตอนการแพร่เดินทาง | 10 |
| 2-7 | ซิกมอยด์ฟังก์ชัน | 10 |
| 2-8 | การปรับค่าน้ำหนัก | 13 |
| 2-9 | ขั้นตอนการแพร่ย้อนกลับ | 14 |
| 2-10 | ขั้นตอนการทำงานของเจเน็ติกอัลกอริทึม | 17 |
| 2-11 | การเข้ารหัสแบบ Binary Encoding | 18 |
| 2-12 | การเข้ารหัสแบบ Value Encoding | 18 |
| 2-13 | การเข้ารหัสแบบ Permutation Encoding | 19 |
| 2-14 | การเข้ารหัสแบบ Tree Encoding | 19 |
| 2-15 | Roulette Wheel | 21 |
| 2-16 | การกลายพันธุ์ | 23 |
| 3-1 | โมเดล Backpropagation Neuron Network สำหรับพยากรณ์โอกาส การสำเร็จการศึกษา ในการทดลองครั้งที่ 1 | 25 |
| 3-2 | โมเดล Backpropagation Neuron Network สำหรับพยากรณ์โอกาส การสำเร็จการศึกษา ในการทดลองครั้งที่ 2 | 26 |
| 3-3 | โครงสร้างโมเดล GA/ANN | 28 |
| 4-1 | แสดงรายละเอียดข้อมูลที่ใช้ในการทดลองที่ 1 | 32 |
| 4-2 | แสดงรายละเอียดข้อมูลที่ใช้ในการทดลองที่ 2 | 33 |
| 4-3 | แสดงการแบ่งข้อมูลสำหรับการทดลองที่ 1 | 33 |
| 4-4 | แสดงการแบ่งข้อมูลสำหรับการทดลองที่ 2 | 34 |
| 4-5 | กราฟเปรียบเทียบค่า Precision และค่า Recall ในแต่ละ Hidden Node | 41 |
| 4-6 | กราฟเปรียบเทียบค่า Precision และค่า Recall ในแต่ละ Epoch | 42 |

สารบัญภาพ (ต่อ)

| ภาพที่ | | หน้า |
|--------|--|------|
| 5-1 | กราฟเปรียบเทียบค่าประสิทธิภาพระหว่างโมเดลเครือข่ายประสาท (ANN) และโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) ในการทดลองครั้งที่ 1 | 49 |
| 5-2 | กราฟเปรียบเทียบการค่าประสิทธิภาพทุกค่าของโมเดลเครือข่ายประสาท (ANN) และโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) ในการทดลองครั้งที่ 1 | 50 |
| 5-3 | Box Plot เพื่อเปรียบเทียบความผันผวนของผลทำนายของโมเดลเครือข่ายประสาท และโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวที่ใช้ร่วมกับเครือข่ายประสาท | 51 |
| 5-4 | กราฟเปรียบเทียบค่าประสิทธิภาพ ของโมเดลเครือข่ายประสาท (ANN) โมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) และโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ร่วมกับเครือข่ายประสาท (MGA/ANN) สำหรับการทดลองครั้งที่ 2 โดยใช้ชุดข้อมูลหลังจากเพิ่มเติมข้อมูลในกลุ่มที่ยังไม่ทราบผลเข้ามา | 52 |
| 5-5 | กราฟเปรียบเทียบค่าประสิทธิภาพทุกค่าของแต่ละโมเดลโดยใช้ชุดข้อมูลหลังจากเพิ่มเติมข้อมูลในกลุ่มที่ยังไม่ทราบผลเข้ามา | 53 |
| 5-6 | Box Plot เพื่อเปรียบเทียบความผันผวนของผลทำนายของ 3 โมเดล โดยใช้ชุดข้อมูลหลังจากเพิ่มเติมข้อมูลในกลุ่มที่ยังไม่ทราบผลเข้ามา | 54 |

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

ในปัจจุบันได้มีการนำเทคนิคการพยากรณ์ไปประยุกต์ใช้ในงานทางธุรกิจด้านต่าง ๆ มากมาย เช่น ด้านการวิเคราะห์เครดิตของลูกค้า ด้านการส่งเสริมการขายสินค้าและบริการ เป็นต้น [1], [2], [3] แต่การนำมาประยุกต์ใช้ในด้านการศึกษากลับไม่เป็นที่แพร่หลาย ทั้งที่ในปัจจุบันสถาบันการศึกษามีการจัดเก็บข้อมูลประวัติของนักเรียนจำนวนมาก แต่มีได้นำมาใช้ให้เกิดประโยชน์เท่าที่ควร ดังนั้นในงานวิจัยนี้จึงได้นำเทคนิคการพยากรณ์มาใช้ในการพยากรณ์โอกาสการสำเร็จการศึกษาของนักศึกษาเพื่อนำผลการทำนายที่ได้ไปประยุกต์เพื่อให้เกิดประสิทธิภาพในการให้คำปรึกษากับนักศึกษา การหาวิธีการกระตุ้นหรือส่งเสริมการศึกษาให้นักศึกษาแต่ละกลุ่มให้เหมาะสมขึ้น ช่วยพัฒนาคุณภาพการศึกษาและเพิ่มศักยภาพของนักศึกษาให้สามารถศึกษาจนสำเร็จได้

เทคนิควิธีการที่นักวิจัยนิยมนำมาใช้ในการพยากรณ์ เช่น เทคนิคเครือข่ายประสาท (Artificial Neural Network) [1], [2], [3], [4] เทคนิคจีเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm) [6] เป็นต้น เทคนิคเครือข่ายประสาทเป็นเทคนิคหนึ่งที่มีความสามารถในการเรียนรู้ข้อมูลที่มีความซับซ้อนแต่ละขนาดประสิทธิภาพหากข้อมูลที่ใช้ในการปรับขนาดความสมบูรณ์ เช่น จำนวนข้อมูลไม่เพียงพอ หรือข้อมูลขาดคุณภาพ และการใช้ข้อมูลจำนวนมากในการปรับสอนเครือข่ายประสาทนั้นทำให้ต้องใช้เวลาในการประมวลผลนาน [1] การนำ Genetic Algorithm มาใช้ช่วยคัดเลือกลักษณะ (Features) ที่เหมาะสมจะทำให้ได้ข้อมูลที่มีความสำคัญไปใช้ในการเรียนรู้ของเครือข่ายประสาท และช่วยให้ผลการทำนายมีประสิทธิภาพดีขึ้น [5]

ในงานวิจัยนี้จึงนำวิธีการพยากรณ์โดยใช้เทคนิคเครือข่ายประสาทร่วมกับจีเนติกอัลกอริทึมมาใช้ในการพยากรณ์โอกาสการสำเร็จการศึกษา โดยเปรียบเทียบกับเทคนิคเครือข่ายประสาทเพียงอย่างเดียว

1.2 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย

1.2.1 เพื่อนำเทคนิคจีเนติกอัลกอริทึมทั้งแบบวัตถุประสงค์เดียว และแบบหลายวัตถุประสงค์มาใช้ร่วมกับเทคนิคเครือข่ายประสาท และเปรียบเทียบกับเทคนิคเครือข่ายประสาทเพียงอย่างเดียว โดยนำมาประยุกต์ใช้ในการพยากรณ์โอกาสการสำเร็จการศึกษาของนักศึกษา

1.2.2 เพื่อทดสอบประสิทธิภาพของจีเนติกอัลกอริทึมทั้งแบบวัตถุประสงค์เดียว และแบบหลายวัตถุประสงค์ที่ใช้ร่วมกับเทคนิคเครือข่ายประสาทในการพยากรณ์โอกาสการสำเร็จ การศึกษาของนักศึกษา

1.3 ขอบเขตของงานวิจัย

1.3.1 นำจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ที่ใช้ร่วมกับเทคนิคเครือข่ายประสาท มาเปรียบเทียบกับเทคนิคเครือข่ายประสาทเพียงอย่างเดียว โดยทดสอบกับข้อมูลนักศึกษา ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์และสารสนเทศ

1.3.2 ทดสอบความแม่นยำ และประสิทธิภาพของจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลาย วัตถุประสงค์ที่ใช้ร่วมกับเทคนิคเครือข่ายประสาท โดยเปรียบเทียบกับเทคนิคเครือข่าย ประสาทเพียงอย่างเดียว

1.4 วิธีดำเนินการวิจัย

1.4.1 ศึกษาเทคนิคเครือข่ายประสาทสำหรับการนำมาใช้ในการพยากรณ์โอกาสการ สำเร็จการศึกษาของนักศึกษา

1.4.2 ศึกษาเทคนิคของจีเนติกอัลกอริทึมสำหรับการนำมาใช้คัดเลือกคุณสมบัติ หรือ ปัจจัยที่เหมาะสม (Feature Selection) เพื่อนำมาเป็นเกณฑ์ในการดำเนินงานวิจัย

1.4.3 ศึกษาข้อมูลทะเบียนประวัตินักศึกษา และพิจารณาลักษณะข้อมูลที่จะใช้ในการ ดำเนินงานวิจัย

1.4.4 ศึกษาเครื่องมือที่ใช้ในงานเครือข่ายประสาท และจีเนติกอัลกอริทึม

1.4.5 ทำการรวบรวมข้อมูล รวมถึงการเข้ารหัสข้อมูลเพื่อนำไปใช้ในการดำเนินงานวิจัย

1.4.6 ดำเนินงานวิจัย

1.4.7 ทดสอบผลการวิจัย และปรับปรุงแก้ไขข้อผิดพลาดต่าง ๆ

1.4.8 สรุปผลการดำเนินงานวิจัย

1.5 ประโยชน์ของการวิจัย

1.5.1 สามารถนำจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ที่ใช้ร่วมกับเทคนิคเครือข่าย ประสาทมาใช้ในการแก้ปัญหาด้านการพยากรณ์โอกาสการสำเร็จการศึกษาของนักศึกษาได้

1.5.2 ผลการวิจัยที่ได้จะสามารถบ่งบอกถึงความเหมาะสม ข้อดีและข้อจำกัดของการใช้ จีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ที่ใช้ร่วมกับเทคนิคเครือข่ายประสาท ซึ่งสามารถนำไป ประยุกต์ใช้กับข้อมูลลักษณะอื่นได้

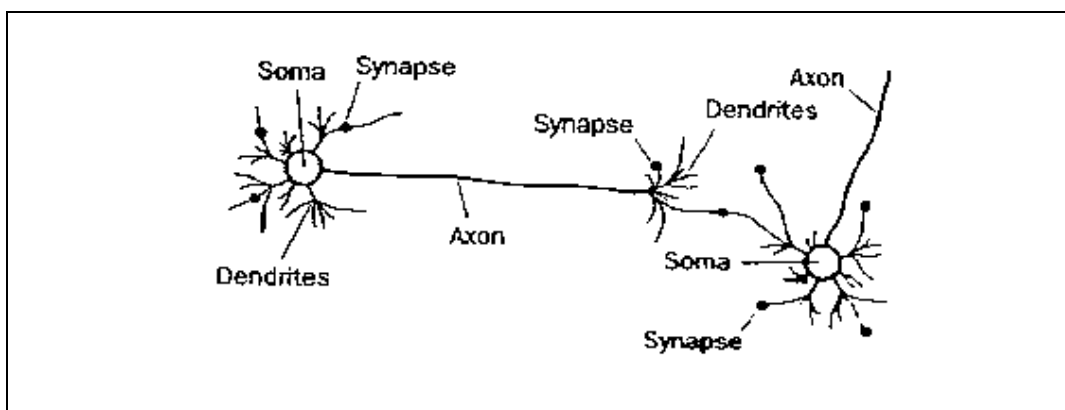
1.5.3 สามารถนำผลที่ได้จากการทำนายไปประยุกต์ใช้ในการให้คำปรึกษากับนักศึกษาให้มีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น รวมถึงการหาวิธีกระตุ้นหรือส่งเสริมการศึกษานักศึกษาในแต่ละกลุ่มให้เหมาะสมขึ้น ช่วยพัฒนาคุณภาพการศึกษาและเพิ่มศักยภาพของนักศึกษาให้สามารถศึกษาจนสำเร็จได้

บทที่ 2

ทฤษฎี และงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 ทฤษฎีเครือข่ายประสาท (Artificial Neural Network)

โครงข่ายประสาทเทียม (Artificial Neural Network) หรือที่มักจะเรียกสั้น ๆ ว่า เครือข่ายประสาท (Neural Network หรือ ANN) [4] คือโมเดลทางคณิตศาสตร์ สำหรับประมวลผลสารสนเทศด้วยการคำนวณแบบคอนเนชันนิสต์ (Connectionist) เพื่อจำลองการทำงานของเครือข่ายประสาทในสมองมนุษย์ ด้วยวัตถุประสงค์ที่จะสร้างเครื่องมือซึ่งมีความสามารถในการเรียนรู้การจดจำรูปแบบ (Pattern Recognition) และการอุปมาความรู้ (Knowledge Deduction) เช่นเดียวกับความสามารถที่มีในสมองมนุษย์ แนวคิดเริ่มต้นของเทคนิคนี้ได้มาจากการศึกษาข่ายงานไฟฟ้าชีวภาพ (Bioelectric Network) ในสมองซึ่งประกอบด้วย เซลล์ประสาท หรือ "นิวรอน" (Neurons) และจุดประสานประสาท (Synapses) แต่ละเซลล์ประสาทประกอบด้วยปลายในการรับกระแสประสาท เรียกว่า "เดนไดรท์" (Dendrite) ซึ่งเป็น Input และปลายในการส่งกระแสประสาทเรียกว่า "แอกซอน" (Axon) ซึ่งเป็นเหมือน Output ของเซลล์ซึ่งเซลล์เหล่านี้ทำงานด้วยปฏิกิริยาไฟฟ้าเคมี เมื่อมีการกระตุ้นด้วยสิ่งเร้าภายนอกหรือกระตุ้นด้วยเซลล์ด้วยกันกระแสประสาทจะวิ่งผ่านเดนไดรท์เข้าสู่นิวเคลียสซึ่งจะเป็นตัวตัดสินใจว่าต้องกระตุ้นเซลล์อื่น ๆ ต่อหรือไม่ ถ้ากระแสประสาทแรงพอ นิวเคลียสก็จะกระตุ้นเซลล์อื่น ๆ ต่อไป ผ่านทางแอกซอนของมัน ตามโมเดลนี้เครือข่ายประสาทเกิดจากการเชื่อมต่อระหว่างเซลล์ประสาทจนเป็นเครือข่ายที่ทำงานร่วมกัน ดังภาพที่ 2-1

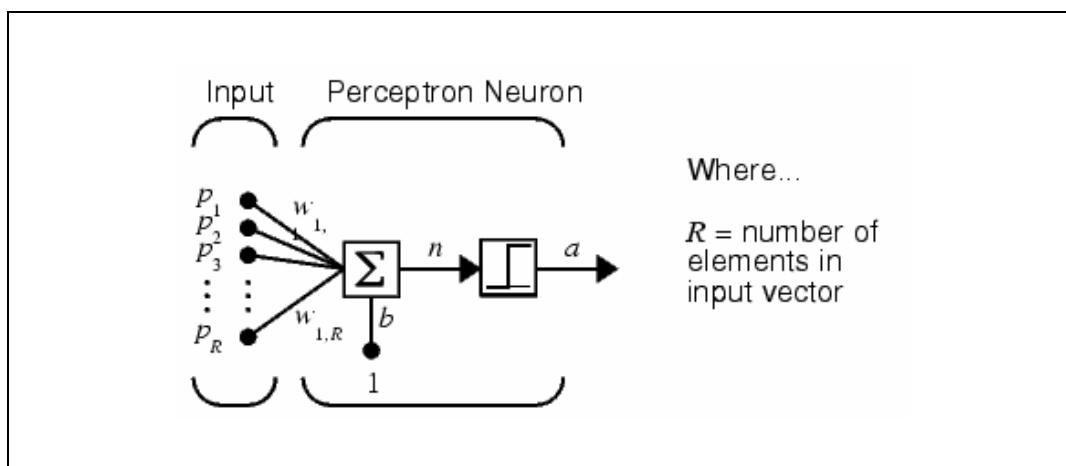


ภาพที่ 2-1 เครือข่ายประสาทในสมองมนุษย์

เทคนิคเครือข่ายประสาท (ANN) เป็นเทคนิคที่นิยมใช้ในสาขาปัญญาประดิษฐ์ (Artificial Intelligent) ซึ่งมีความสามารถในการเรียนรู้ที่คล้ายคลึงกับระบบสมองของมนุษย์ดังกล่าวข้างต้น ขั้นตอนของการนำเครือข่ายประสาทมาใช้ในการพยากรณ์ก็มีลักษณะเช่นเดียวกับวิธีการพยากรณ์อื่น ๆ โดยอาศัยข้อมูลนำเข้าเพื่อสร้างแบบจำลองในการพยากรณ์ข้อมูลในอนาคต และมีความสามารถในการรวมการวิเคราะห์พื้นฐานและเทคนิคเพื่อสร้างแบบจำลอง โดยที่เครือข่ายประสาทจะพยายามลดจำนวนของการทำนายที่ผิดพลาดให้ต่ำที่สุด

เทคนิคที่นิยมใช้ในการแก้ปัญหาด้านปัญญาประดิษฐ์ (Artificial Intelligence) คือ ระบบเครือข่ายประสาท (Mitchell, 1997) ซึ่งมีแนวความคิดในการเรียนรู้ที่คล้ายคลึงกับระบบสมองของมนุษย์ ขั้นตอนของการนำเครือข่ายประสาทมาใช้ในการพยากรณ์มีลักษณะเช่นเดียวกับวิธีการพยากรณ์อื่น ๆ ซึ่งจะต้องอาศัยข้อมูลป้อนเข้าเพื่อสร้างแบบจำลองในการพยากรณ์ข้อมูลในอนาคต และมีความสามารถในการรวมการวิเคราะห์พื้นฐาน และเทคนิคเพื่อสร้างแบบจำลอง โดยที่เครือข่ายประสาทจะพยายามลดจำนวนของการทำนายที่ผิดพลาดให้ต่ำที่สุดซึ่งเป็นเหตุผลหลักที่ทำให้มีการนำเทคนิคนี้มาใช้ในการทำนายผลข้อมูลทางธุรกิจ

2.1.1 การทำงานของเครือข่ายประสาท คือ เมื่อมีข้อมูลนำเข้า (Input) เข้ามายังเครือข่ายประสาท (Network) ก็นำ Input มาคูณกับค่าน้ำหนัก (Weight) ของแต่ละชาผลที่ได้จาก Input ทุก ๆ ชาของ Neuron จะเอามารวมกันแล้วก็เอามาเทียบกับระดับการกระตุ้นต่ำสุดที่ทำให้เกิดการตอบสนอง (Threshold) ที่กำหนดไว้ ถ้าผลรวมมีค่ามากกว่า Threshold แล้ว Neuron ก็จะส่งผลลัพธ์ (Output) ออกไป และ Output นี้ก็จะถูกส่งไปยัง Input ของ Neuron อื่น ๆ ที่เชื่อมกันใน Network ถ้าค่าน้อยกว่า Threshold ก็จะไม่เกิด Output [4], [6] ดังภาพที่ 2-2

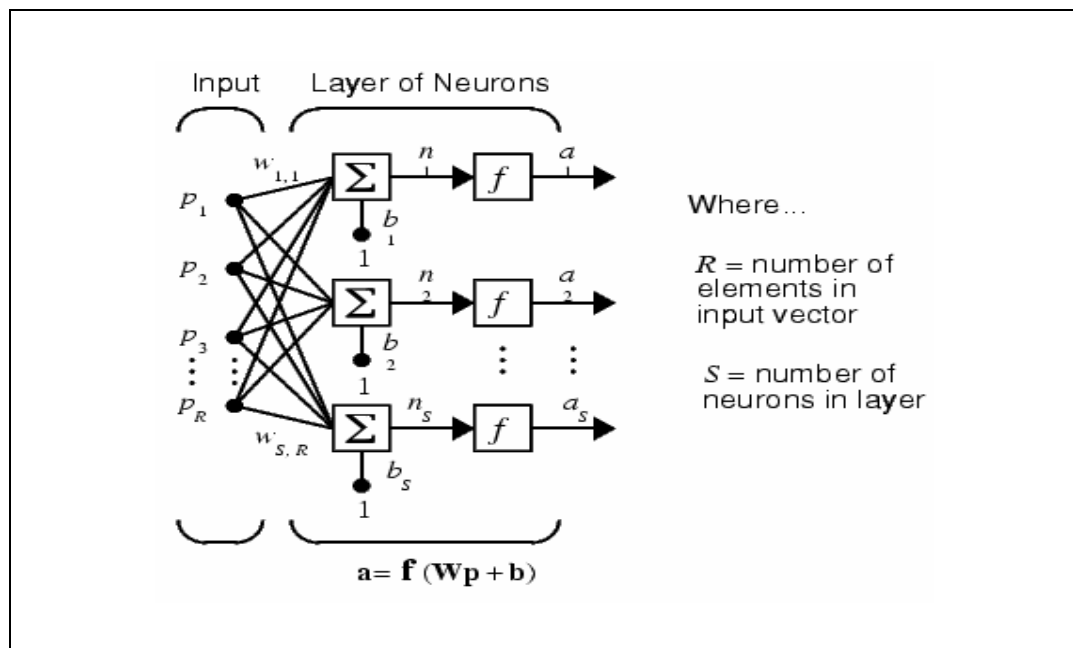


ภาพที่ 2-2 โมเดลเครือข่ายประสาท

2.1.2 ระดับชั้นของเครือข่าย (Network Layer) พื้นฐานของเครือข่ายประสาท (Artificial Neural Network) ประกอบไปด้วย 3 ส่วน หรือ 3 Layer ได้แก่ ชั้นรับข้อมูลเข้าของ Input Unit ที่ถูกเชื่อมต่อกับชั้นซ่อนเร้นของ Hidden Unit และชั้นซ่อนเร้นจะเชื่อมต่อกับชั้นแสดงผลลัพธ์ของ Output Unit

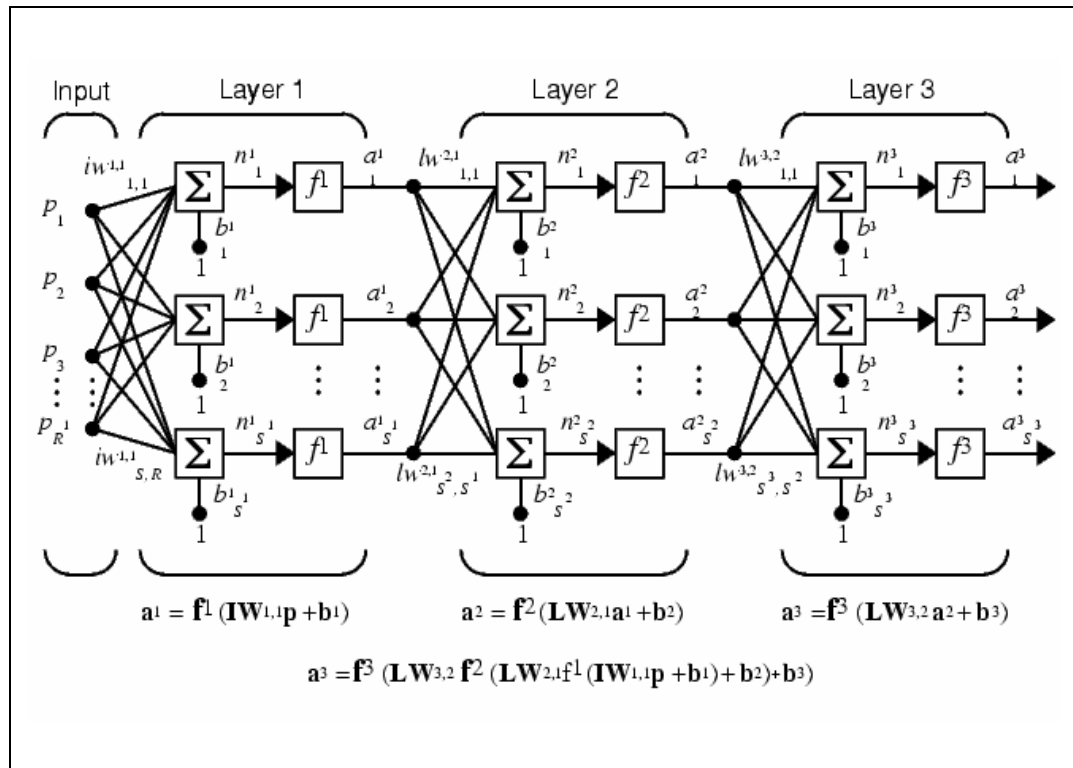
การทำงานของ Input Unit จะทำหน้าที่แทนส่วนของข้อมูลดิบที่จะถูกป้อนเข้าสู่เครือข่าย ส่วนการทำงานของแต่ละ Hidden Unit จะถูกกำหนดโดยการทำงานของ Input Unit และค่าน้ำหนักบนความสัมพันธ์ระหว่าง Input Unit และ Hidden Unit และพฤติกรรมการทำงานของ Output Unit จะขึ้นอยู่กับการทำงานของ Hidden Unit และค่าน้ำหนักระหว่าง Hidden Unit และ Output Unit โดยประเภทของเครือข่ายนี้เป็นที่น่าสนใจเพราะเราสามารถกำหนดการแทนค่าให้แก่ Input Unit ได้อย่างอิสระ ค่าน้ำหนักระหว่าง Input Unit และ Hidden Unit จะถูกกำหนดเมื่อ Hidden Unit กำลังทำงาน จะนั้นเวลาที่แก้ไขหรือปรับปรุงค่าน้ำหนัก Hidden Unit จะสามารถเลือกว่าอะไรคือค่าที่เราแทนเข้ามา

ดังนั้นเมื่อพิจารณาจากเงื่อนไขของระดับชั้น (Layer) แล้วสามารถจำแนกสถาปัตยกรรมตามระดับชั้นของเครือข่าย (Architecture of Layer) ออกเป็น 2 ประเภทคือ เครือข่ายประสาทแบบชั้นเดียว (Single Layer Perceptron) และเครือข่ายประสาทแบบหลายชั้น (Multi Layer Perceptron)



ภาพที่ 2-3 เครือข่ายประสาทแบบชั้นเดียว

ภาพที่ 2-3 [4], [6] แสดงเครือข่ายประสาทแบบหนึ่งชั้นที่มีหลายอินพุต และหลายเอาต์พุตในรูปเวกเตอร์เมทริกซ์ โดย p เป็นอินพุตเวกเตอร์ขนาด $R \times 1$, W เป็น เมทริกซ์น้ำหนัก ขนาด $S \times R$, b เป็นไบแอสเวกเตอร์ขนาด $S \times 1$, n เป็นเวกเตอร์ผลบวกระหว่าง Wp และ b , f เป็นเวกเตอร์ฟังก์ชันถ่ายโอน และ a เป็นเวกเตอร์เอาต์พุต ส่วน R เป็นค่าสเกลาร์แสดงจำนวนอินพุต และ S เป็นค่าสเกลาร์แสดงจำนวนนิวรอน

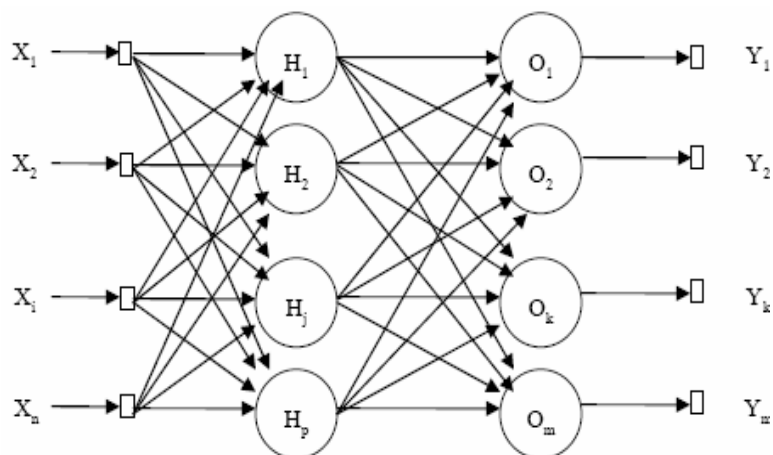


ภาพที่ 2-4 เครือข่ายประสาทแบบหลายชั้น

ภาพที่ 2-4 [4], [6] เครือข่ายประสาทแบบหลายชั้น (Multi Layered Perceptron : MLP) เป็นเครือข่ายประสาทที่นิยมใช้มากที่สุด เป็นโครงข่ายที่สามารถทำงานที่มีความซับซ้อนมาก ๆ ได้ อาจกล่าวได้ว่าสามารถประยุกต์ใช้ได้กับงานเกือบทุกประเภท โดยมีข้อแม้ว่าต้องมีจำนวนชั้นและจำนวนนิวรอนที่เหมาะสม

2.1.3 การทำงานของเครือข่ายประสาทแบบแพร่กระจายย้อนกลับ (Backpropagation Neural Network) เป็นวิธีการฝึกสอนเครือข่ายประสาทหลายชั้นแบบส่งผ่านไปข้างหน้า (Multilayer Feed Forward Neural Network) ที่นิยมใช้กัน [4] ซึ่งประกอบด้วยชั้นรับข้อมูล ชั้น

ซ่อนเร้น และชั้นแสดงผล โดยมีลักษณะการส่งผ่านข้อมูลแบบส่งไปข้างหน้าตามลำดับชั้น [4], [6] ดังภาพที่ 2-5



ภาพที่ 2-5 โมเดล Backpropagation Neural Network

เครือข่ายประสาทแบบแพร่กระจายย้อนกลับ (Backpropagation Neural Network) ประกอบด้วยส่วนประกอบหลักดังนี้

1. หน่วยประมวลผล (Processing Elements)
2. ค่าน้ำหนักและฟังก์ชันการแปลงค่าจากหน่วยความจำไปยังหน่วยประมวลผล (Weight and Transfer Function)
3. ชั้นข้อมูลนำเข้า (Input Layer)
4. ชั้นซ่อนเร้นของหน่วยประมวลผล (Hidden Layer)
5. ความหนาแน่นของจุดที่นิวรอลติดต่อกันและกัน (Connections)
6. การเรียนรู้ซึ่งเกิดจากการปรับค่าน้ำหนักระหว่างหน่วยประมวลผล
7. ชั้นแสดงผลลัพธ์ (Output Layer)

สำหรับอัลกอริทึมการเรียนรู้แบบแพร่กระจายย้อนกลับจะเริ่มสุ่มค่าน้ำหนัก และนำข้อมูลนำเข้าที่ส่งผ่านเข้ามาในชั้นรับข้อมูล และปรับปรุงน้ำหนัก (Input Weight) และเรียนรู้ผ่านฟังก์ชันการเรียนรู้จนได้เป็นผลลัพธ์ออกมา จากนั้นจึงนำค่าผลลัพธ์ที่ได้มาเปรียบเทียบกับผลลัพธ์ที่ต้องการเพื่อหาค่าความคลาดเคลื่อน โดยใช้ค่าเฉลี่ยกำลังสองของความผิดพลาด (MSE) ดังสมการที่ 2-1 และทำการป้อนค่าความคลาดเคลื่อนนั้นกลับเข้าสู่เครือข่ายเพื่อปรับปรุงน้ำหนักในรอบถัดไป โดยทำการเรียนรู้เช่นนี้ไปเรื่อย ๆ จนได้ข้อผิดพลาดที่น้อยที่สุดหรือค่าผิดพลาดนั้นอยู่ในระดับที่ยอมรับได้ตามที่กำหนดไว้

$$MSE = \frac{1}{Q} \sum_{k=1}^Q e(k)^2 = \frac{1}{Q} \sum_{k=1}^Q (t(k) - a(k))^2 \quad (2-1)$$

| | |
|-------------------------|---|
| เมื่อ Target Output (t) | คือ ผลลัพธ์เป้าหมายที่ต้องการ |
| Network Output (a) | คือ ผลลัพธ์ที่ได้จากเครือข่ายประสาท |
| Quantity (Q) | คือ จำนวนข้อมูลทั้งหมด |
| Error (e) | คือ ค่าความคลาดเคลื่อน หรือค่าความผิดพลาดระหว่างผลลัพธ์ที่ได้กับผลลัพธ์เป้าหมายที่ต้องการ |

การเรียนรู้แบบแพร่กระจายย้อนกลับมีโครงสร้างเป็นชั้น ๆ แต่ละชั้นเชื่อมโยงกันอย่างทั่วถึงกับชั้นที่อยู่ข้างบนและชั้นที่อยู่ข้างล่าง (Fully Connected) เมื่อเน็ตเวิร์กได้รับข้อมูลนำเข้า จะคำนวณค่าน้ำหนักของหน่วยประมวลผลนำเข้าไปยังชั้นซ่อนเร้น และจากชั้นซ่อนเร้นไปยังชั้นแสดงผล เมื่อเกิดผลต่างระหว่างผลลัพธ์จริงกับผลลัพธ์เป้าหมาย เน็ตเวิร์กจะปรับค่าความผิดพลาดจากหน่วยแสดงผลและแพร่กระจายย้อนกลับไปยังชั้นซ่อนเร้น จากชั้นซ่อนเร้นไปยังชั้นข้อมูลนำเข้า

2.1.4 ขั้นตอนการเรียนรู้แบบแพร่กระจายย้อนกลับ การเรียนรู้แบบแพร่กระจายย้อนกลับของระบบเครือข่ายประสาทประกอบด้วย 2 ขั้นตอน คือ การแพร่แบบเดินหน้า (Forward Propagation) และการแพร่แบบย้อนกลับ (Backward Propagation)

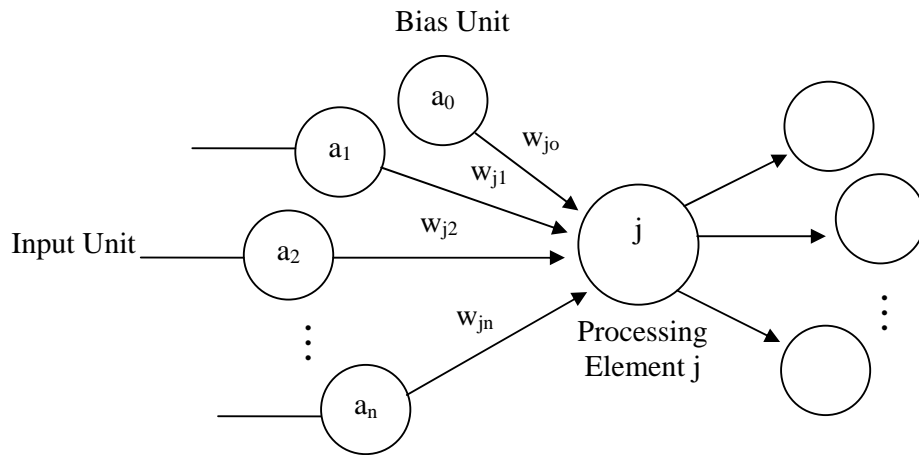
ก) การแพร่แบบเดินหน้า (Forward Propagation) ขั้นตอนนี้เริ่มเมื่อระบบเครือข่ายประสาทได้รับข้อมูลนำเข้า และค่าของหน่วยประมวลผลในชั้นข้อมูลนำเข้าถูกกำหนดขึ้นอื่น ๆ จึงจะเริ่มทำการแพร่เดินหน้า ดังในภาพที่ 2-6 ซึ่งแสดงการคำนวณผลรวมของผลลัพธ์ที่เข้ามายังหน่วย j ด้วยสมการ

$$S_j = \sum a_i w_{ji} \quad (2-2)$$

โดยที่

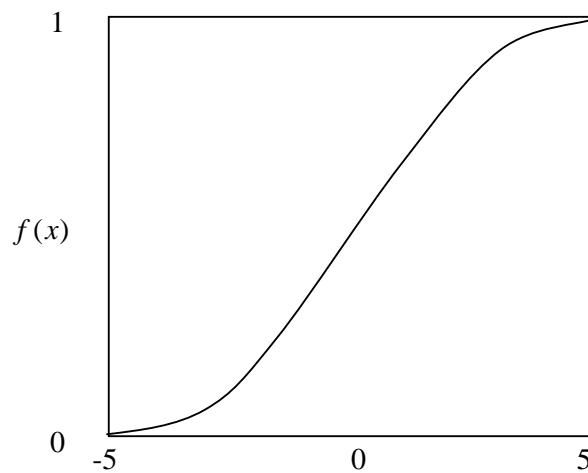
a_i คือ ข้อมูลจากหน่วยที่ i

w_{ji} คือ ค่าน้ำหนักจากหน่วยที่ i ไปยังหน่วยที่ j



ภาพที่ 2-6 ขั้นตอนการแพร่เดินทาง

จากนั้นจะทำการแปลงค่าข้อมูลโดยคำนวณหาค่า $f(S_j)$ โดยซิกมอยด์ฟังก์ชัน



ภาพที่ 2-7 ซิกมอยด์ฟังก์ชัน

จากภาพที่ 2-7 ปลายทั้งสองข้างของเส้นกราฟมีความชันน้อย แต่เส้นกราฟจะมีความชันมากในช่วงกลาง นั่นคือเมื่อ x น้อยกว่า -5 ค่าของ $f(x)$ จะเข้าใกล้ 0 และเมื่อ x มากกว่า 5 ค่าของ $f(x)$ จะเข้าใกล้ 1 อีกนัยหนึ่งคือ ค่าของ $f(x)$ จะเข้าใกล้ 1 เมื่อ x มีค่ามาก และ $f(x)$ จะเข้าใกล้ 0 เมื่อ x มีค่าน้อย สมการของซิกมอยด์ คือ

$$f(x) = \frac{1}{(1 + e^{-x})} \quad (2-3)$$

เมื่อ x เป็นค่าผลรวมของหน่วยที่ j ดังนั้น

$$f(S_j) = \frac{1}{(1 + e^{-x})} \quad (2-4)$$

เมื่อได้รับค่า $f(S_j)$ แล้วค่า $f(S_j)$ จะกลายเป็นผลลัพธ์ของหน่วยที่ j ซึ่งก็คือค่า a_j ในภาพที่ 2-6 โดยจะส่งค่าออกไปยังหน่วยอื่น ๆ ด้วยค่า a_j ที่เท่ากัน และสำหรับชั้นข้อมูลนำเข้าจะเป็นชั้นพิเศษ โดยที่หน่วยประมวลผลในชั้นนี้จะไม่ทำการคำนวณผลรวมจากข้อมูลนำเข้าและจะไม่ทำการแปลงข้อมูล เนื่องจากแต่ละหน่วยประมวลผลจะใช้ค่าของข้อมูลนำเข้าเป็นค่าของตัวเอง

จากภาพที่ 2-6 หน่วยเอนเอียง (Bias Unit) เป็นหน่วยที่มีค่าเป็น 1 และเชื่อมโยงกับหน่วยอื่น ๆ ทุกหน่วย และค่าน้ำหนักของหน่วยนี้จะถูกปรับในระหว่างการเรียนรู้เช่นกัน หน่วยนี้จะให้ค่าคงที่กับหน่วยอื่น ๆ ซึ่งบางครั้งทำให้เวลาของการเรียนรู้ (Convergence Time) (สมการที่ 2-5) ของเครือข่ายประสาทเร็วขึ้น หน่วยเอนเอียงมีผลต่อระดับการกระตุ้น (Threshold) ของหน่วยอื่นนั่นคือเมื่อค่าน้ำหนักคงที่

$$C = w_{j0} \quad (2-5)$$

$$S_j = \sum a_i w_{ji} \quad (2-6)$$

ดังนั้นผลรวมของหน่วยที่ $j = S + C$ ซึ่งจะทำให้กราฟของสมการซิกมอยด์ขยับไปทางซ้าย C หน่วย ด้วยวิธีนี้จะทำให้ระดับการกระตุ้นของหน่วยเป้าหมายเปลี่ยนไป และเพื่อความซับซ้อนในการคำนวณลดน้อยลง และต้องการให้ระดับการกระตุ้นเป็นแบบอ่อน (Soft Threshold) มากกว่ากระตุ้นแบบแข็ง (Hard Threshold) หมายถึง ซิกมอยด์ฟังก์ชันให้ค่าที่ต่อเนื่องกัน ดังนั้นจึงต้องใช้ซิกมอยด์ ซึ่งทำให้ค่าที่ต้องใช้คำนวณในกระบวนการขั้นตอนทั้งหมดมีค่าน้อย

ข) การแพร่แบบย้อนกลับ (Backward Propagation) ขั้นตอนการแพร่ย้อนกลับ ดังภาพที่ 2-9 วิธีนี้ค่าความผิดพลาด δ จะถูกคำนวณสำหรับทุกหน่วยและค่าน้ำหนักที่เปลี่ยนแปลงไปทุกการเชื่อมโยง การคำนวณนี้เริ่มที่ชั้นแสดงผลลัพธ์และแพร่ย้อนกลับไปยังชั้นข้อมูลนำเข้า

ขั้นปรับปรุงความผิดพลาดเกิดหลังจากที่ดำเนินการแพร่เดินหน้าแล้ว หน่วยประมวลผลแต่ละหน่วยในชั้นแสดงผลลัพธ์จะให้ค่าผลลัพธ์ เพื่อที่จะเปรียบเทียบกับผลลัพธ์เป้าหมายในชุดการเรียนรู้ดังภาพที่ 2-9 (a) ความแตกต่างที่เกิดขึ้นคือค่าความผิดพลาดสำหรับแต่ละหน่วยในชั้นแสดงผลลัพธ์ดังภาพที่ 2-9 (b) ค่าน้ำหนักของการเชื่อมโยงไปยังชั้นแสดงผลลัพธ์จะถูกปรับ จากนั้นค่าความผิดพลาดของหน่วยในชั้นแอบแฝงที่ต่ำกว่าชั้นแสดงผลลัพธ์ดังภาพที่ 2-9 (c) จะถูกคำนวณ แล้วค่าน้ำหนักของการเชื่อมโยงไปยังชั้นแอบแฝงจะถูกปรับกระบวนการนี้จะดำเนินไปจนกว่าชั้นสุดท้ายจะถูกปรับค่าน้ำหนัก

ค่า δ คือ ค่าความผิดพลาดท้องถิ่น (Local Error) สามารถหาได้จากการคำนวณง่าย ๆ สำหรับชั้นแสดงผลลัพธ์ และซับซ้อนขึ้นสำหรับชั้นแอบแฝง ถ้าหน่วย j เป็นหน่วยที่อยู่ในชั้นแสดงผลลัพธ์แล้ว การคำนวณค่าความผิดพลาดได้จากสมการ

$$\delta_i = (t_j - a_j) f'(S_j) \quad (2-7)$$

เมื่อ

| | |
|---------|--|
| t_i | คือ ค่าเป้าหมายของหน่วยที่ i |
| a_i | คือ ค่าผลลัพธ์ของหน่วยที่ i |
| $f'(x)$ | คือ อนุพันธ์ของซิกมอยด์ฟังก์ชัน |
| S_j | คือ ผลรวมของข้อมูลนำเข้ามาหน่วยที่ i |

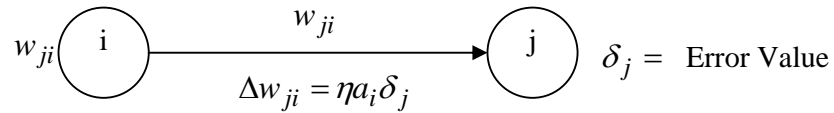
ถ้าหน่วย j เป็นหน่วยที่อยู่ในชั้นแอบแฝงแล้วค่าความผิดพลาดจะได้จาก

$$\delta_i = (\sum \delta_k w_{kj}) f'(S_j) \quad (2-8)$$

การปรับค่าน้ำหนักจะปรับโดยใช้ค่าของ δ ทุกหน่วยที่รับผลลัพธ์จากหน่วยที่ j ค่าน้ำหนักแต่ละค่าจะถูกปรับโดยนำค่า δ ของหน่วยที่รับจากข้อมูลนำเข้าจากการเชื่อมโยงนั้น ค่าน้ำหนักจะถูกปรับโดยสมการ

$$w_{ji}^{new} = w_{ji}^{old} + \Delta w_{ji} \quad (2-9)$$

$$\Delta w_{ji} = \eta \delta_i a_j \quad (2-10)$$



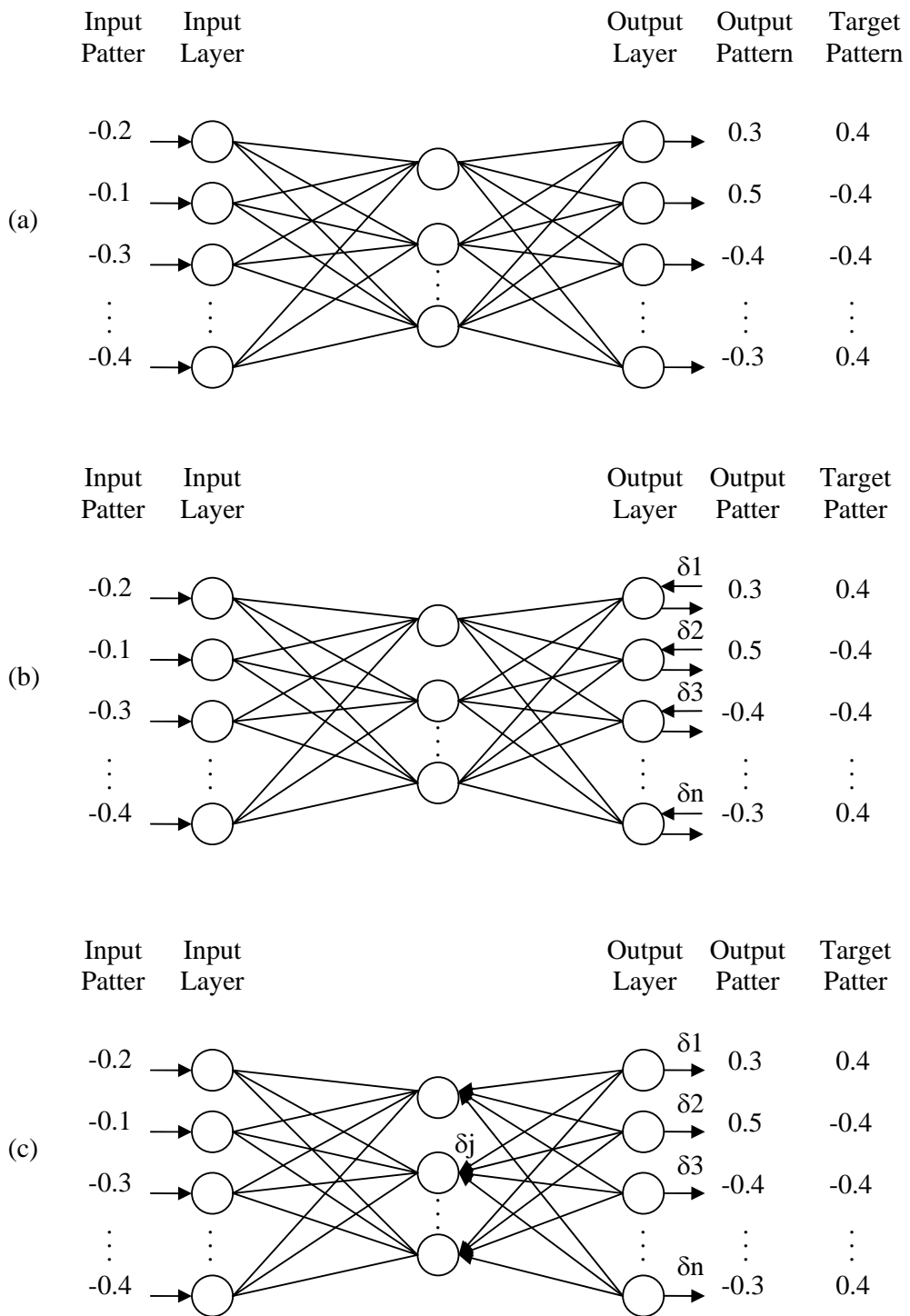
ภาพที่ 2-8 การปรับค่าน้ำหนัก

ภาพที่ 2-8 แสดงถึงการปรับค่าน้ำหนัก w_{ji} ซึ่งค่านี้ขึ้นกับตัวแปร 3 ตัว คือ η , δ_j และ a_i โดยตัวแปร η คือค่าสัมประสิทธิ์การเรียนรู้ซึ่งจะถูกกำหนดโดยผู้ใช้ ถ้าค่า η มากจะทำให้เน็ตเวิร์กไม่คงที่และการเรียนรู้ไม่เป็นที่น่าพอใจ ถ้าเล็กเกินไปจะทำให้การเรียนรู้ช้า

นอกจากค่า η แล้ว ยังมีค่าโมเมนตัม α ซึ่งคิดค้นโดย Rumelhart และคณะ (1986) เพื่อช่วยให้การเรียนรู้เร็วขึ้น ดังนั้นค่าน้ำหนักจะถูกปรับโดยสมการ 2-11

$$\Delta w_{ji}(k+1) = \eta \delta_j a_i + \alpha [\Delta w_{ji}(k)] \quad (2-11)$$

2.1.5 ขั้นตอนการเรียนรู้แบบแพร่กระจายย้อนกลับ การเรียนรู้แบบแพร่กระจายย้อนกลับของระบบเครือข่ายประสาทประกอบด้วย 2 ขั้นตอน คือ การแพร่แบบเดินหน้า (Forward Propagation) และการแพร่แบบย้อนกลับ (Backward Propagation)



ภาพที่ 2-9 ขั้นตอนการแพร่ย้อนกลับ

2.2 ทฤษฎีจีเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm)

จีเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm : GA) ถูกคิดค้นโดยจอห์น ฮอลแลนด์ (John Holland) ในปี 1975 [7] เป็นหนึ่งในวิธีปัญญาประดิษฐ์ที่จำลองกระบวนการทำงานทางชีววิทยา หรือวิวัฒนาการทางธรรมชาติในการให้กำเนิดประชากรรุ่นใหม่ โดยอาศัยพื้นฐานการวิวัฒนาการทางพันธุกรรมในการถ่ายทอดลักษณะต่าง ๆ ไปยังรุ่นลูกหลาน ซึ่งสามารถนำมาพัฒนา และประยุกต์ใช้ในการแก้ปัญหาเพื่อหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุด โดยมีพื้นฐานแนวคิดมาจากทฤษฎีวิวัฒนาการของชาร์ล ดาร์วิน (Charles Darwin) หรือแนวคิดในการอยู่รอดของผู้ที่แข็งแกร่งที่สุด (Survival of The Fittest)

ในกระบวนการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมไปยังรุ่นลูกหลานนั้นจะอาศัยโครโมโซมเป็นตัวแทนในการถ่ายทอด แต่ละโครโมโซมประกอบด้วยกลุ่มของรหัสที่เรียกว่า ยีน (Genes) โดยยีนหนึ่ง ๆ จะมีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมที่แน่นอน โดยที่ตำแหน่งของแต่ละยีนนั้นจะเรียกว่า โลคัส (Locus) และโดยทั่วไปแล้วยีนแต่ละตัวจะมีลักษณะหรือสถานะที่เป็นไปได้หลายค่า แต่ละค่าที่เป็นไปได้นี้เรียกว่า แอลลีล (Allele) และลักษณะของยีนที่ปรากฏอยู่ในแต่ละโครโมโซมเรียกว่า จีโนไทป์ (Genotype) ส่วนลักษณะภายนอกที่ปรากฏออกมาให้เห็นเรียกว่า ฟีนไทป์ (Phenotype)

การทำงานของจีเนติกอัลกอริทึมนี้เป็นไปในลักษณะของการหาคำตอบแบบคู่ขนาน (Parallel Search) โดยคำตอบที่ได้จากการหาคำตอบในแต่ละรุ่น (Generation) จะผ่านการเปลี่ยนแปลง (Transformation) เพื่อจะนำไปสู่การค้นหาคำตอบที่ดีขึ้นในรุ่นถัดไป การเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นกับคำตอบ (Solution) หรือสมาชิก (Individual) ในกลุ่มประชากร (Population) นั้นเพื่อการสำรวจพื้นที่ในการค้นหา (Search Space) และส่งเสริมให้มีการถ่ายทอดคุณลักษณะที่ดีของคำตอบที่ค้นพบไปยังรุ่นถัดไป สมาชิกของประชากรที่มีคุณลักษณะที่ดี หรือคำตอบที่มีคุณลักษณะที่เหมาะสมจะมีอยู่หลายคำตอบด้วยกัน ซึ่งจะนำไปสู่คำตอบที่มีค่าเหมาะสมที่สุด (Optimum Solution) นั่นคือสมาชิกของประชากรที่มีลักษณะที่ดีที่สุด (Fittest Individual)

2.2.1 จีเนติกอัลกอริทึมเพื่อเลือกลักษณะ (Feature) ที่เหมาะสม [8], [9] จีเนติกอัลกอริทึมค้นหาคำตอบจากกลุ่มของคำตอบในพื้นที่การค้นหาของตัวแปรที่มีส่วนในการตัดสินใจ (Decision Variable) ของปัญหาที่เหมาะสมที่สุด ซึ่งตัวแปรตัดสินใจจะถูกเข้ารหัสเป็นสายรหัส โดยการแปลงค่าตัวแปรตัดสินใจหรือพารามิเตอร์ (Parameter) ของปัญหาให้อยู่ในรูปแบบโครงสร้างของโครโมโซม (Chromosome)

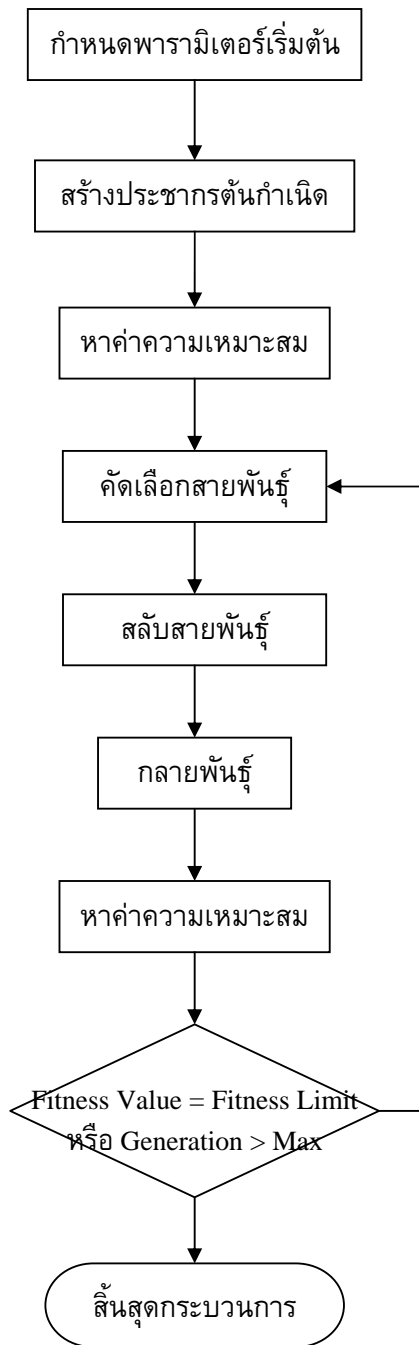
องค์ประกอบที่สำคัญของจีเนติกอัลกอริทึม คือ

1. การเข้ารหัสโครโมโซม คือ การนำเสนอทางเลือกที่สามารถเป็นได้ของแต่ละปัญหา
2. การสร้างประชากรต้นกำเนิดของทางเลือกที่เป็นไปได้ เพื่อนำไปดำเนินการตาม

กระบวนการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม

3. การประเมินค่าความเหมาะสม เพื่อประเมินหาคำตอบที่เหมาะสมในแต่ละทางเลือก
4. ตัวดำเนินการของจีเนติกอัลกอริทึม ซึ่งใช้ในการปรับเปลี่ยนองค์ประกอบของข้อมูลตลอดกระบวนการได้แก่ การคัดเลือกสายพันธุ์ (Selection) สลับสายพันธุ์ (Crossover) และกลายพันธุ์ (Mutation)
5. ค่าพารามิเตอร์ที่ใช้ในจีเนติกอัลกอริทึม เช่น ขนาดของประชากร (Population Size) ความน่าจะเป็น (Probability) ของการใช้ตัวดำเนินการจีเนติกอัลกอริทึม และจำนวนรุ่น (Generation) เป็นต้น

ขั้นตอนการทำงานของจีเนติกอัลกอริทึม (ภาพที่ 2-10) เริ่มจากการกำหนดค่าพารามิเตอร์เริ่มต้น เช่น กำหนดฟังก์ชันจุดประสงค์ ฟังก์ชันความเหมาะสมรวมทั้งกำหนดรูปแบบโครโมโซม จากนั้นจึงเริ่มเข้าสู่กระบวนการทำงาน โดยสร้างประชากรต้นกำเนิดตามรูปแบบโครโมโซมที่กำหนดไว้ เมื่อได้ค่าสมาชิกของโครโมโซมครบทุกตัวแล้ว ขั้นตอนต่อไปคือการถอดรหัสสมาชิกของโครโมโซมซึ่งจะได้เป็นค่าของตัวแปรตัดสินใจ (Decision Value) จากนั้นจึงทำการหาค่าจุดประสงค์ (Objective Value) ของสมาชิกของโครโมโซม โดยการแทนค่าตัวแปรตัดสินใจของสมาชิกโครโมโซมในฟังก์ชันจุดประสงค์ เพื่อหาค่าความเหมาะสมจากฟังก์ชันจุดประสงค์ (Fitness Function) จากนั้นจึงเริ่มเข้าสู่กระบวนการของตัวดำเนินการทั้งสาม คือ การคัดเลือกสายพันธุ์ (Selection) การสลับสายพันธุ์ (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation) โดยการคัดเลือกสายพันธุ์จะนำเอาเฉพาะโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่เป็นที่น่าพอใจชุดหนึ่งเก็บไว้ โครโมโซมที่ถูกคัดเลือกไว้จะนำมาสลับสายพันธุ์และกลายพันธุ์จนได้เป็นโครโมโซมชุดใหม่ แล้วนำโครโมโซมชุดใหม่นี้มาหาค่าความเหมาะสมอีกครั้ง และดำเนินการตามขั้นตอนเดิมต่อไปจนกระทั่งถึงรุ่นสุดท้าย (Max Generation) ตามที่กำหนดไว้ หรือได้โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมเป็นที่น่าสนใจ ซึ่งก็คือได้คำตอบของปัญหาที่ต้องการนั่นเอง



ภาพที่ 2-10 ขั้นตอนการทำงานของจีเนติกอัลกอริทึม

2.2.2 การเข้ารหัสโครโมโซม (Chromosome Encoding) การเข้ารหัสโครโมโซมนั้นจะขึ้นอยู่กับปัญหา ซึ่งรูปแบบของปัญหาที่ต่างกันทำให้รูปแบบของโครโมโซมนั้นแตกต่างกัน

ก) การเข้ารหัสแบบไบนารี (Binary Encoding) หรือเลขฐานสอง ซึ่งแต่ละตำแหน่งของยีนในโครโมโซมจะแทนด้วยค่า 1 หรือ 0 เท่านั้น ดังตัวอย่างในภาพที่ 2-11 โดย 1 แทนการเลือก และ 0 แทนไม่เลือก ซึ่งปัญหาที่ใช้รูปแบบโครโมโซมแบบนี้ในการแก้ไขปัญหา เช่น ปัญหาของ Knapsack

โครโมโซม A :

| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 0 | 1 | 0 | 1 | 0 |
|---|---|---|---|---|

โครโมโซม B :

| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 1 | 1 | 1 | 0 | 0 |
|---|---|---|---|---|

ภาพที่ 2-11 การเข้ารหัสแบบ Binary Encoding

ข) การเข้ารหัสแบบค่าต่าง ๆ (Value Encoding) แต่ละตำแหน่งของยีนในโครโมโซมจะแทนด้วยค่าต่าง ๆ โดยมีรูปแบบ เช่น ตัวอักษร จำนวนจริง และค่าสิ่งต่าง ๆ เป็นต้น ซึ่งรูปแบบของโครโมโซมนี้เหมาะสมกับปัญหาที่ค่อนข้างซับซ้อน ดังตัวอย่างในภาพที่ 2-12

โครโมโซม A :

| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| b | m | e | o | e |
|---|---|---|---|---|

โครโมโซม B :

| | | | | |
|------|------|------|------|------|
| 1.29 | 0.28 | 3.25 | 1.97 | 2.46 |
|------|------|------|------|------|

โครโมโซม C :

| | | | | |
|------|------|------|-------|------|
| back | left | left | right | back |
|------|------|------|-------|------|

ภาพที่ 2-12 การเข้ารหัสแบบ Value Encoding

ค) การเข้ารหัสแบบเพอมิวเตชัน (Permutation Encoding) ทุกตำแหน่งของยีนในโครโมโซมจะเป็นค่าของจำนวนนับของตำแหน่งในแต่ละลำดับ ซึ่งเหมาะที่จะใช้ในการลำดับตำแหน่งของปัญหา เช่น ปัญหาของ Traveling Salesman Problem (ภาพที่ 2-13)

โครโมโซม A :

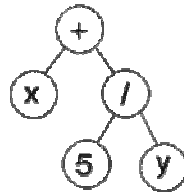
| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
|---|---|---|---|---|

โครโมโซม B :

| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 9 | 8 | 7 | 6 | 5 |
|---|---|---|---|---|

ภาพที่ 2-13 การเข้ารหัสแบบ Permutation Encoding

ง) การเข้ารหัสแบบทรี (Tree Encoding) เหมาะกับปัญหาที่เกี่ยวข้องกับการพัฒนาโปรแกรมโดยที่ทุกตำแหน่งของยีนในโครโมโซมจะเป็นกิ่ง (Node) ของต้นไม้ (ภาพที่ 2-14)



ภาพที่ 2-14 การเข้ารหัสแบบ Tree Encoding

2.2.3 การสร้างประชากรต้นกำเนิด (Initial Population) เป็นการสร้างประชากรรุ่นแรกตามรูปแบบโครโมโซมตามที่ได้กำหนดไว้โดยการสุ่ม (Random) เลือกตัวแทนประชากรขึ้นมาจำนวนหนึ่งจากประชากรทั้งหมด โดยจำนวนที่สุ่มขึ้นมาจะต้องมีจำนวนตามขนาดประชากร (Population Size) ที่กำหนดไว้

2.2.4 ฟังก์ชันจุดประสงค์ (Objective Function) เป็นการกำหนดฟังก์ชันที่เกี่ยวกับเงื่อนไขต่าง ๆ ที่ต้องการขึ้นมาเพื่อใช้ในการหาค่าความเหมาะสม

ก) ฟังก์ชันแบบจุดประสงค์เดียว (Single Objective Function) เป็นการกำหนดฟังก์ชันขึ้นมาหนึ่งฟังก์ชันที่ต้องการเพียงคำตอบเดียว ซึ่งเหมาะสำหรับปัญหาที่มีความซับซ้อนน้อย และไม่มีความขัดแย้งกันเอง

ข) ฟังก์ชันแบบหลายจุดประสงค์ (Multi Objectives Function) เป็นการกำหนดหลาย ๆ ฟังก์ชัน ที่ต้องการคำตอบหลาย ๆ คำตอบ แต่ละคำตอบจะเป็นคำตอบที่เป็นคู่แข่งกัน ซึ่งเหมาะกับปัญหาที่มีความซับซ้อนมาก และอาจมีความขัดแย้งกันเอง

2.2.5 การวัดค่าความเหมาะสม (Fitness Function) หรือฟังก์ชันวัดความเหมาะสม คือ ฟังก์ชันที่ใช้ในการประเมินว่าแต่ละเส้นทางคำตอบนั้น มีความเหมาะสมในการแก้ปัญหาเพียงใด

ก) การวัดค่าความเหมาะสมแบบจุดประสงค์เดียว (Single Objective Fitness Function) การวัดค่าความเหมาะสมที่แสดงเพียงค่าตอบเดียวตามวัตถุประสงค์ที่ได้กำหนดไว้

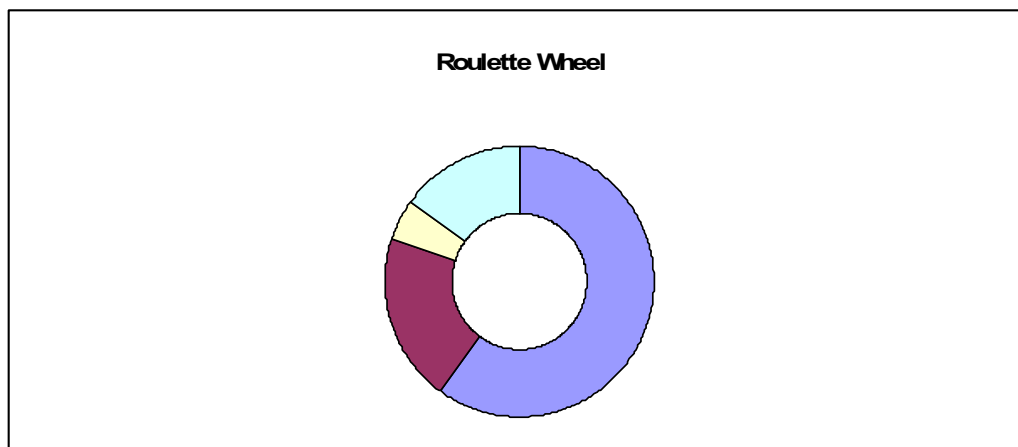
ข) การวัดค่าความเหมาะสมแบบหลายจุดประสงค์ (Multi Objectives Fitness Function) ฟังก์ชันที่วัดค่าความเหมาะสมตามวัตถุประสงค์ (Objectives) ต่างๆ ที่ได้กำหนดไว้

2.2.6 ตัวดำเนินการของจีเนติกอัลกอริทึม (Genetic Operator) จีเนติกอัลกอริทึมใช้กระบวนการหลัก 3 กระบวนการในการหาคำตอบ (ใกล้เคียง) ที่ดีที่สุดของปัญหา คือ การคัดเลือกสายพันธุ์ (Selection), การสลับสายพันธุ์ หรือเปลี่ยนค่าโครโมโซม (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation)

2.2.6.1 การคัดเลือกสายพันธุ์ (Selection) หลังจากได้ค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซมแล้ว ขั้นตอนต่อมาคือการผสมพันธุ์หรือคัดเลือกสายพันธุ์ ซึ่งจะเป็นไปตามหลักการอยู่รอดของสิ่งมีชีวิตที่เหมาะสมที่สุด โดยโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมเป็นที่น่าพอใจจะได้รับการคัดเลือกไว้ ส่วนโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมต่ำกว่าจะมีโอกาสถูกเลือกน้อยกว่าหรือไม่ได้รับการคัดเลือกเลย วิธีการคัดเลือกโครโมโซมที่ดี เช่น การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel), การคัดเลือกสุ่มตัวอย่างแบบเฟ้นสุ่มสากล (Stochastic Universal Sampling Selection), การคัดเลือกแบบจัดอันดับ (Ranking), การคัดเลือกแบบการแข่งขัน (Tournament Selection) และการคัดเลือกแบบ Elitist เป็นต้น

ก) การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel) คือ โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีกว่ามีโอกาสถูกเลือกมากกว่า (ภาพที่ 2-15) แสดงถึงวงล้อเสี่ยงโชคที่โครโมโซมทั้งหมดอาศัยอยู่ ขนาดพื้นที่ของวงล้อเสี่ยงโชคหรือความกว้างของช่องแต่ละช่องของวงล้อรูเล็ตจากค่าความแข็งแรงของสมาชิกแต่ละตัว จากนั้นกำหนดตัวชี้ตำแหน่งตายตัว (Fixed Point) และทำการหมุนวงล้อรูเล็ต เมื่อบอลลอยหยุดหมุนจะเลือกสมาชิกของกลุ่มประชากรที่มีตัวชี้ตำแหน่งซึ่งอยู่ ทำเช่นนี้ซ้ำจนได้สมาชิกของกลุ่มประชากรครบตามจำนวนในหนึ่งรุ่น ซึ่งวิธีนี้จะมีผลลำเอียง (Bias) ในการเลือกค่อนข้างมากเนื่องจากถ้าโครโมโซม (สมาชิกของกลุ่มประชากรตัวใด) ที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีกว่าจะมีโอกาสถูกเลือกซ้ำหลายครั้ง

ข) การเลือกสุ่มตัวอย่างแบบเฟ้นสุ่มสากล (Stochastic Universal Sampling Selection) จะมีหลักการคัดเลือกเหมือนกับการคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต ต่างกันที่หลังจากกำหนดจุดชี้ตำแหน่งโดยการสุ่มในครั้งแรกแล้ว ทำการเลือกสมาชิกของกลุ่มประชากรที่มีตัวชี้ตำแหน่งซึ่งอยู่เป็นตัวแรก ต่อจากนั้นทำการเลื่อนตัวชี้ตำแหน่งจากจุดเดิมทีละขั้น โดยทีละขั้นนั้นจะเท่ากับ 360 องศา ต่อจำนวนสมาชิกของกลุ่มประชากร แล้วทำการเลือกสมาชิกของกลุ่มประชากรที่มีตัวชี้ตำแหน่งซึ่งอยู่จนครบตามจำนวนสมาชิกของกลุ่มประชากรในหนึ่งรุ่น ดังนั้นการคัดเลือกพันธุ์แบบการสุ่มเลือกตัวอย่างแบบเฟ้นสุ่มสากลนี้สามารถลดความลำเอียงในการคัดเลือกได้ เนื่องจากโอกาสที่สมาชิกของกลุ่มประชากรตัวใดจะถูกเลือกซ้ำหลาย ๆ ครั้ง จะเกิดขึ้นต่อเมื่อสมาชิกของกลุ่มประชากรตัวนั้น ๆ มีค่าความแข็งแรงสูงมาก ๆ



ภาพที่ 2-15 Roulette Wheel

ค) การคัดเลือกแบบจัดอันดับ (Ranking) คือ เลือกประชากรที่มีค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดโดยที่ไม่สนใจประชากรตัวอื่นเลย

ง) การคัดเลือกแบบการแข่งขัน (Tournament Selection) ซึ่งเป็นวิธีที่ใช้ในการคัดเลือกโครโมโซมพ่อแม่พันธุ์ที่ดีที่สุดที่ใช้ในงานวิจัยนี้ คือ เป็นวิธีการที่เหมือนกับการแข่งขันโดยทั่วไปโดยจะแบ่งกลุ่มประชากรออกเป็น 2 กลุ่มแบบสุ่ม แล้วทำการแข่งขันกันโดยคัดเลือกโครโมโซมที่มีความเหมาะสมสูงที่สุดในกลุ่มโครโมโซมที่สุ่มขึ้นมา ซึ่งวิธีนี้ทำให้ช่วยลดปัญหาในเรื่องของความลำเอียง (Bias) ออกไป

จ) การคัดเลือกแบบ Elitist เป็นแนวคิดที่ป้องกันการหาของเส้นทางที่ดีที่สุด หมายความว่ามีการคัดลอกโครโมโซมที่ดีที่สุดไว้ก่อน ส่วนประชากรส่วนที่เหลือจะต้องคัดเลือกจะใช้วิธีการเลือกแบบอื่นๆ

2.2.6.2 การสลับสายพันธุ์ (Crossover) เป็นการเปลี่ยนถ่ายยีนจากโครโมโซมพ่อแม่ไปสู่ลูก ซึ่งอัลกอริทึมพยายามสร้างทางเลือกที่ดีขึ้นโดยการรวมลักษณะที่ดีของแต่ละโครโมโซมเข้าด้วยกัน โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมสูงกว่ามักจะถูกเลือกมาสลับสายพันธุ์บ่อยครั้งกว่าส่งผลให้มีโอกาสในการรอดไปยังรุ่นต่อ ๆ ไปมากขึ้น

วิธีการในการสลับสายพันธุ์ คือ ทำการสุ่มตำแหน่งที่ต้องการสลับสายพันธุ์ขึ้นมา จากนั้นคัดลอกโครโมโซมที่อยู่หน้าตำแหน่งที่สุ่มได้จากโครโมโซมของพ่อ และคัดลอกโครโมโซมที่อยู่หลังตำแหน่งที่สุ่มได้จากโครโมโซมของแม่ แล้วนำโครโมโซมที่ได้ทั้งสองมารวมกันเป็นโครโมโซมลูกตัวที่ 1 ส่วนลูกตัวที่ 2 ก็ให้ทำในลักษณะเดียวกันแต่สลับตำแหน่งระหว่างพ่อและ

แม่ ซึ่งเทคนิคที่ใช้ในการสลับสายพันธุมีหลายวิธี เช่น แบบ Single Point, Two Point หรือ Arithmetic เป็นต้น

การสลับสายพันธุแบบ Single Point คือ การสุมตำแหน่งของการสลับสายพันธุเพียง 1 ตำแหน่ง ดังตารางที่ 2-1

ตารางที่ 2-1 การสลับสายพันธุแบบ Single Point

| พ่อ | แม่ | ลูก (1) | ลูก (2) |
|------------|------------|------------|------------|
| 11 00 1100 | 10 10 1010 | 11 10 1010 | 10 00 1100 |

การสลับสายพันธุแบบ Two Point คือ การสุมตำแหน่งของการสลับสายพันธุ 2 ตำแหน่ง (ตารางที่ 2-2)

ตารางที่ 2-2 การสลับสายพันธุแบบ Two Points

| พ่อ | แม่ | ลูก (1) | ลูก (2) |
|-------------|-------------|-------------|-------------|
| 11 00 11 00 | 10 10 10 10 | 11 10 10 00 | 10 00 11 10 |

การสลับสายพันธุแบบ Arithmetic คือ การสุมตำแหน่งของการสลับสายพันธุโดยใช้ตัวดำเนินการ (Operator) เช่น AND หรือ OR (ตารางที่ 2-3)

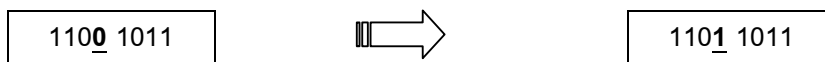
ตารางที่ 2-3 การสลับสายพันธุแบบ Arithmetic

| พ่อ | แม่ | ลูก (1) AND | ลูก (2) OR |
|-----------|-----------|----------------|---------------|
| 1100 1100 | 1010 1010 | 1000 1000 | 1110 1110 |

2.2.6.3 การกลายพันธุ (Mutation) เป็นการนำโครโมโซมมาสุมแก้ไขหรือดัดแปลงบางส่วนของโครโมโซมให้เป็นบิตตรงข้ามทำให้สายพันธุใหม่เปลี่ยนไปจากเดิม ซึ่งมีโอกาสที่จะเป็นโครโมโซมที่ดีหรือเลวกว่าเดิมก็ได้ หากโครโมโซมที่ได้ใหม่นั้นเป็นโครโมโซมที่เลวลง โครโมโซมที่ได้นี้จะถูกคัดออกไปในขั้นตอนการถูกคัดเลือกเอง วัตถุประสงค์ของการกลายพันธุ คือ เพื่อประกันการสูญหายของข้อมูล และสร้างความหลากหลายของข้อมูล

ขั้นตอนในการกลายพันธุโดยทั่วไป คือ ทำการสุมตำแหน่งที่ต้องการการกลายพันธุขึ้นมา ภายใต้ความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ (Probability of Mutation) และเทคนิคในการกลายพันธุส่วนมากจะขึ้นกับการเข้ารหัสโครโมโซม ซึ่งในงานวิจัยนี้ทำการเข้ารหัสโครโมโซมแบบไบนารี

ดังนั้นเทคนิคการกลายพันธุ์ในกรณีนี้ คือ การกลับบิตเป็นตรงกันข้ามจาก 1 เป็น 0 หรือจาก 0 เป็น 1 (ภาพที่ 2-16)



ตำแหน่งในการกลายพันธุ์ คือ ตำแหน่งที่ 4

ภาพที่ 2-16 การกลายพันธุ์

กระบวนการทำงานของ GA เป็นวัฏจักรหมุนเวียนอยู่เช่นนี้จนกระทั่งถึงจุดหนึ่งตามเงื่อนไขโดยอาจสิ้นสุดเมื่อถึงรุ่นตามที่กำหนดหรือพบคำตอบที่ดีที่สุดตามที่กำหนดไว้ จากแนวคิดนี้จะเห็นว่า GA เป็นเทคนิคที่เหมาะสมในการหาคำตอบที่ดีที่สุด ดังนั้นจึงนำ GA มาใช้ในการคัดเลือกหาลักษณะที่เหมาะสมในการทำนายโอกาสการสำเร็จการศึกษาเพื่อช่วยให้ผลการทำนายเป็นไปอย่างมีคุณภาพตรงตามเงื่อนไข ประหยัดเวลา และค่าใช้จ่าย

2.3 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

คมสัน [2] เสนอการพยากรณ์ราคาน้ำมันดิบด้วยแบบจำลองเครือข่ายประสาทแบบแพร่ย้อนกลับ กับราคาน้ำมันดิบ Brent รายวันและทดสอบการพยากรณ์ไปข้างหน้า 34 วันทำการทดสอบโดยใช้แบบจำลองจำนวน 5 แบบคือแบบจำลองที่มีจำนวนเครือข่ายประสาทในชั้นซ่อนเร้นจำนวน 100 ตัว 157 ตัว 200 ตัว 231 ตัว และ 500 ตัว และวัดความแม่นยำของการพยากรณ์ด้วย Mean Absolute Percentage Error (MAPE) ซึ่งผลการทดลองที่ได้แสดงให้เห็นว่าการใช้จำนวนเครือข่ายประสาทในชั้นซ่อนเร้นจำนวน 200 นิวรอล ให้ผลพยากรณ์ราคาน้ำมันดิบได้ดีที่สุด มีความคลาดเคลื่อนโดยเฉลี่ย $\pm 1.89\%$ จากราคาจริง

Y. Kim and W.N. Street [5] งานวิจัยนี้นำเสนอการประยุกต์ใช้โมเดลการทำนายผลในการเลือกลูกค้าที่อยู่ในกลุ่มเป้าหมายที่เหมาะสมที่สุดโดยนำวิธี GA มาใช้คัดเลือกหาลักษณะที่เหมาะสม จากนั้นจึงนำลักษณะที่เลือกได้ มาฝึกสอนกับข้อมูลชุดฝึกสอนโดยใช้วิธีทางระบบเครือข่ายประสาทเพื่อทำนายผลของการคัดเลือกลูกค้ากลุ่มเป้าหมายที่ดีที่สุด ซึ่งผลที่ได้สามารถสร้างโมเดลการทำนายผลสำหรับช่วยในการตัดสินใจในทางธุรกิจได้ และยังเพิ่มอัตราการตอบรับของลูกค้า และเลือกกลุ่มเป้าหมายที่ทำให้ได้รับผลกำไรสูงสุดจากการชักชวนให้ซื้อกรมธรรม์ทางไปรษณีย์

J. Yang, V. Honavar [9] นำเสนอวิธีการแก้ปัญหาเรื่องการเลือกลักษณะที่เหมาะสมในฐานข้อมูลขนาดใหญ่ ซึ่งมักมีตัวแปรที่มีลักษณะซ้ำซ้อนและมีความขัดแย้งกัน ดังนั้นเพื่อลด

ปริมาณข้อมูลที่ไม่จำเป็น ช่วยลดต้นทุนและเวลาในการประมวลผลจึงนำวิธี GA มาใช้เพื่อเลือกยีนที่เหมาะสมที่สุดในกลุ่มประชากรและหาค่าความเหมาะสมโดยใช้เครือข่ายประสาทสำหรับ Pattern Classification ซึ่งผลที่ได้กรณีที่ใช้ชุดข้อมูลแบบ 3 Bit Parity Dataset คือมีความถูกต้องแม่นยำเพิ่มขึ้นและใช้จำนวนลักษณะ (Feature) น้อยลง

ณัฐวุฒิ และขจรศักดิ์ [10] ได้นำเสนอการหาตารางเส้นทางแบบพลวัตในเครือข่ายเอทีเอ็ม โดยใช้จีเนติกอัลกอริทึม โดยได้ทำการสร้างโครโมโซมเริ่มต้นที่ตีผสมเข้าไป 10% ของโครโมโซมทั้งหมด จากนั้นจึงทำการประเมินค่าและทดสอบ จนกระทั่งได้ค่าโครโมโซมที่ให้ค่าเป้าหมายที่ต้องการ แล้วทำการเลือกโครโมโซมจากรุ่นสุดท้ายมาแปลงเป็นตารางเส้นทาง ซึ่งผลที่ได้คือ ทำให้ได้ตารางเส้นทางที่เหมาะสมในเวลาที่สั้นลง

กชกร [11] ได้นำเสนอการออกแบบระบบเครือข่ายคอมพิวเตอร์แบบไร้สาย โดยใช้วิธีเชิงพันธุกรรม โดยนำขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมแบบหลายจุดประสงค์ (Multi Objective Genetic Algorithm : MOGA) มาช่วยออกแบบเครือข่ายคอมพิวเตอร์แบบไร้สาย เพื่อใช้ในการหาค่าแห่งตัวกระจายคลื่นหรือแอ็คเซสพอยต์ (Access Point : AP) ให้สามารถบริการครอบคลุมทุกจุดในพื้นที่และใช้จำนวนอุปกรณ์แอ็คเซสพอยต์ให้น้อยที่สุด ซึ่งผลที่ได้ คือ สามารถลดพื้นที่บริเวณที่ไม่สามารถให้บริการได้ และค่าเฉลี่ยของระดับสัญญาณ (Signal to Noise Ratio : SNR) ดีขึ้นประมาณ 10%

เพื่อเป็นแนวทางในการแก้ไขปัญหาด้านการศึกษาและพัฒนาคุณภาพการศึกษาคณะวิศวกรรมศาสตร์ กฤษณะ, ชิตชนก และธนาวิทย์ [12] ได้ประยุกต์ใช้เทคนิคการจำแนกประเภทข้อมูล (Classification) ช่วยในการชี้แนะแนวทางการเลือกสาขาวิชาที่เหมาะสมกับนักศึกษา และใช้เทคนิคการสืบค้นกฎความสัมพันธ์ในการทำนายแนวโน้มเกรด ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้มีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องค่อนข้างสูง แต่ในบางสาขาวิชาที่มีจำนวนข้อมูลน้อยโมเดลอาจขาดความแม่นยำเท่าที่ควร

จากงานวิจัยข้างต้นจะเห็นได้ว่าการนำวิธีการพยากรณ์มาใช้ในการทำนายผลในทางธุรกิจเป็นส่วนมาก แต่ยังไม่มียานวิจัยใดที่นำวิธีการของเหมืองข้อมูลมาใช้ในการพยากรณ์ทางด้านการศึกษาในแง่ของการพยากรณ์โอกาสการสำเร็จการศึกษาของนักศึกษา

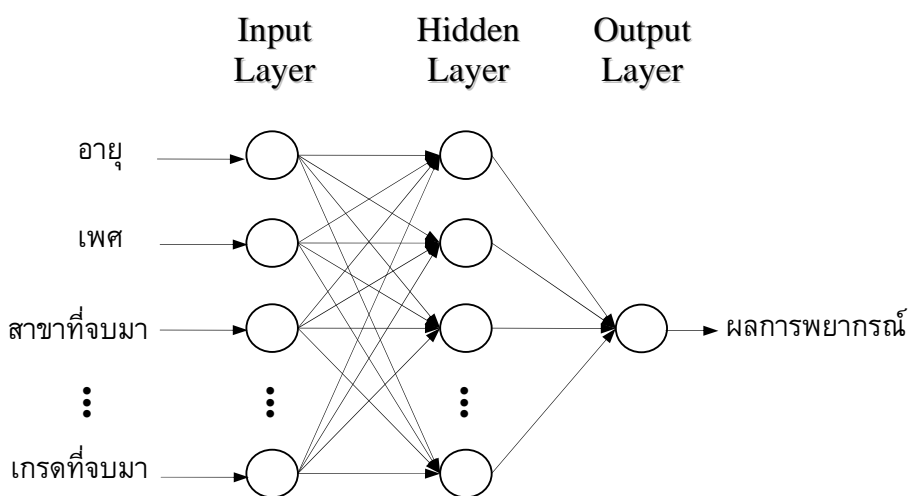
บทที่ 3

การออกแบบงานวิจัย

ในบทนี้ได้อธิบายถึงการออกแบบโมเดลที่ใช้ในการพยากรณ์โอกาสการสำเร็จการศึกษา โดยใช้เทคนิคเครือข่ายประสาท และเทคนิคจีเนติกอัลกอริทึมที่ร่วมกับเครือข่ายประสาท และวิธีการวัดประสิทธิภาพที่ใช้ในงานวิจัยนี้

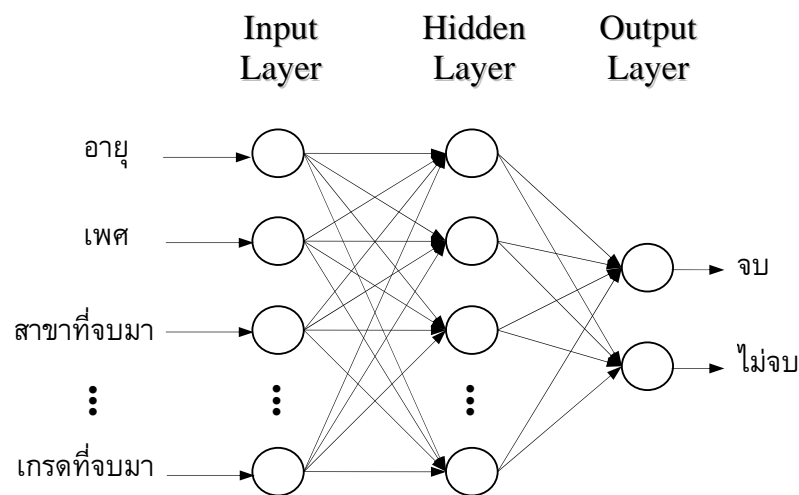
3.1 โมเดลสำหรับทำนายโอกาสการสำเร็จการศึกษาของนักศึกษาด้วยเครือข่ายประสาท (ANN)

ในงานวิจัยนี้ใช้เครือข่ายประสาทแบบแพร่กระจายย้อนกลับซึ่งประกอบด้วย ชั้นรับข้อมูล (Input Layer) ชั้นซ่อนเร้น (Hidden Layer) และชั้นแสดงผล (Output Layer) โดยได้แบ่งการทดลองออกเป็น 2 ครั้ง ซึ่งในการทดลองครั้งที่ 1 นั้นจะมีจำนวนข้อมูล 920 รายการ และกำหนดจำนวนโหนดในชั้นรับข้อมูล (Input Node) ให้มีจำนวนเท่ากับจำนวนตัวแปรทั้งหมดของชุดข้อมูลที่ได้รับเข้ามา ซึ่งก็คือ 38 โหนดนั่นเอง กำหนดจำนวนโหนดในชั้นซ่อนเร้น (Hidden Node) เท่ากับ 30 โหนด และกำหนดจำนวนโหนดในชั้นแสดงผล (Output Node) เท่ากับ 1 โหนดโดยแทนค่าของผลทำนายที่ได้เป็นเรียนจบ และเรียนไม่จบ และกำหนดจำนวนรอบในการเรียนรู้ (Epoch) 200 ค่าผิดพลาดที่ยอมรับได้ 0.001 ดังภาพที่ 3-1



ภาพที่ 3-1 โมเดล Backpropagation Neuron Network สำหรับพยากรณ์โอกาสการสำเร็จการศึกษา ในการทดลองครั้งที่ 1

และในการทดลองครั้งที่ 2 โดยนำข้อมูลในกลุ่ม 3 ที่ทราบผลการเรียนแล้วมาเพิ่มเติมเป็น 940 รายการ โดยกำหนดจำนวนโหนดในชั้นรับข้อมูล (Input Node) ให้มีจำนวนเท่ากับจำนวนตัวแปรทั้งหมดของชุดข้อมูลที่ได้รับเข้ามา ซึ่งก็คือ 38 โหนด ได้กำหนดจำนวนโหนดในชั้นซ่อนเร้น (Hidden Node) เป็น 30 โหนด และในส่วนของชั้นแสดงผลได้กำหนดจำนวนโหนดในชั้นแสดงผล (Output Node) เท่ากับ 2 โหนด โดยแทนแต่ละโหนดด้วยผลการทำนาย คือ เรียบจบ และเรียบไม่จบตามลำดับ และกำหนดจำนวนรอบในการเรียนรู้ (Epoch) 300 ค่าผิดพลาดที่ยอมรับได้ 0.001 (ภาพที่ 3-2)



ภาพที่ 3-2 โมเดล Backpropagation Neuron Network สำหรับพยากรณ์โอกาสการสำเร็จการศึกษา ในการทดลองครั้งที่ 2

การกำหนดจำนวนโหนดในชั้นซ่อนเร้นนั้น ได้พิจารณาจากการทดลองหลาย ๆ ครั้ง โดยกำหนดจำนวนโหนดในชั้นซ่อนเร้นที่แตกต่างกัน มีค่าเท่ากับ 10, 20, 30 และ 40 ตามลำดับ ซึ่งผลปรากฏว่า จำนวนโหนดในชั้นซ่อนเร้นที่ 30 โหนดนั้น คือ ค่าที่เหมาะสมที่สุดที่จะนำมาใช้ในโมเดลเครือข่ายประสาทในงานวิจัยนี้

การกำหนดจำนวนรอบในการเรียนรู้ นั้น ได้พิจารณาจากการทดลองหลาย ๆ ครั้งเช่นกัน โดยกำหนดจำนวนรอบในการเรียนรู้ที่แตกต่างกัน โดยมีค่าเท่ากับ 100, 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900 และ 1000 ตามลำดับ ซึ่งผลปรากฏว่า จำนวนรอบในการเรียนรู้ที่ 300 รอบนั้น คือ ค่าที่เหมาะสมที่สุดที่จะนำมาใช้ในโมเดลเครือข่ายประสาทในงานวิจัยนี้

3.2 โมเดลการทำนายโอกาสการสำเร็จการศึกษาด้วยจีเนติกอัลกอริทึมร่วมกับเครือข่ายประสาท (GA/ANN)

โมเดลทำนายผลในการเลือกลูกค้ำกลุ่มเป้าหมายใน [9] นั้นสามารถช่วยเพิ่มอัตราการตอบรับของลูกค้ำ และยังสามารถเลือกกลุ่มลูกค้ำเป้าหมายที่ทำให้ได้รับผลกำไรสูงสุด ดังนั้นในงานวิจัยนี้จึงได้นำโมเดลคล้ายกันนี้มาประยุกต์ใช้ในการทำนายโอกาสการสำเร็จการศึกษาของนักศึกษา

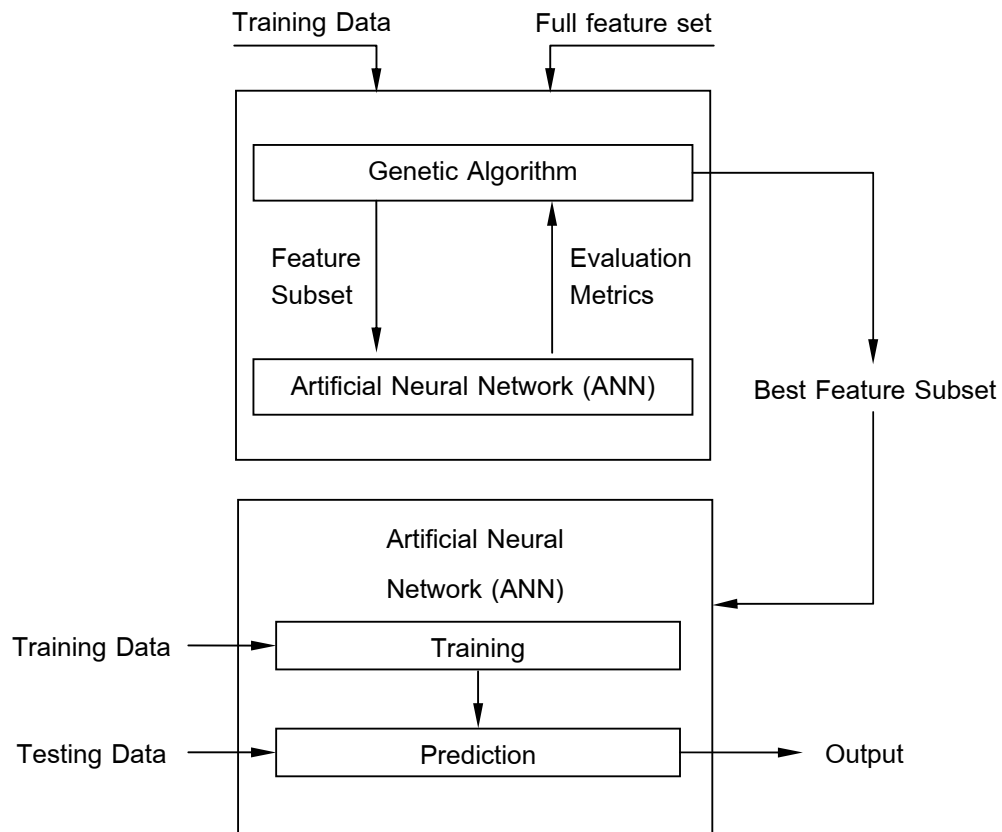
โครงสร้างของ GA/ANN โมเดลที่ใช้ในการทำนายโอกาสการสำเร็จการศึกษาของนักศึกษา ดังภาพที่ 3-3 ในการทำงานจะแบ่งข้อมูลออกเป็น 2 ชุด คือข้อมูลที่ใช้ในการฝึกสอน (Training Data) และข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบ (Testing Data) จากนั้นค้นหาหรือเลือกลักษณะ (Feature) ที่เหมาะสมจากกลุ่มประชากรในชุดข้อมูลฝึกสอน เพื่อให้ได้กลุ่มคำตอบ (Feature Subset) ที่เหมาะสมที่สุดโดยใช้จีเนติกอัลกอริทึม เมื่อคัดเลือกลักษณะที่ต้องการได้แล้วจึงนำไปดำเนินการต่อด้วยเทคนิคเครือข่ายประสาท (ดังในหัวข้อ 3.1) โดยใช้เฉพาะตัวแปรที่คัดเลือกได้เท่านั้น จนได้เป็นผลทำนายหรือคำตอบของปัญหา

ในการเลือกลักษณะ (Feature) ด้วยจีเนติกอัลกอริทึมนั้นจะใช้ตัวแปรทั้งหมดของชุดข้อมูลฝึกสอน คือ 38 ตัวแปร ซึ่งจีเนติกอัลกอริทึมจะทำการหา Feature ที่เหมาะสมโดยพิจารณาจากฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function)

ค่าพารามิเตอร์ต่างๆ ของจีเนติกอัลกอริทึมที่ใช้ในงานวิจัยนี้ คือ

- รูปแบบโครโมโซม (Chromosome Encoding) คือ เข้ารหัสแบบไบนารี (Binary Encoding)
- ขนาดของประชากร (Population Size) เท่ากับ 5
- จำนวนรุ่นสูงสุด (Max Generation) เท่ากับ 50

สำหรับในขั้นตอนการผสมพันธุ์ หรือคัดเลือกสายพันธุ์ เพื่อคัดเลือกโครโมโซมที่มีความเหมาะสมไว้ใช้ในการคัดเลือกโครโมโซมพ่อแม่พันธุ์ที่ดี ได้เลือกใช้วิธีการคัดเลือกแบบการแข่งขัน (Tournament Selection) ในการสลับสายพันธุ์ (Crossover) ซึ่งเป็นการเปลี่ยนถ่ายยีนจากโครโมโซมพ่อแม่ไปสู่ลูก ในที่นี้ใช้แบบ Single Point ที่ความน่าจะเป็น 0.8 และสมมติให้การกลายพันธุ์เป็นแบบ Uniform โดยทำการทดลองกับจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียว และจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์



ภาพที่ 3-3 โครงสร้างโมเดล GA/ANN

3.2.1 จีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียว (Single Objective Genetic Algorithm) ใช้การกำหนดฟังก์ชันหนึ่งฟังก์ชันที่ต้องการเพียงคำตอบเดียว โดยพิจารณาค่าความเหมาะสม (Fitness Function) จากค่าความถูกต้องของเครือข่ายประสาท (สมการที่ 3-1) ซึ่งก็คือการวัดค่าความผิดพลาดในการเรียนรู้ของเครือข่ายประสาท โดยค่าความผิดพลาดที่น้อยที่สุดหมายถึงมีความถูกต้องที่มากที่สุด และในการวัดค่าความผิดพลาดของเครือข่ายประสาทนี้ ใช้ค่าเฉลี่ยกำลังสองของความผิดพลาด (MSE)

$$F_{accuracy} = MSE \text{ of ANN} \quad (3-1)$$

3.2.2 จีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ (Multi Objectives Genetic Algorithm) [13], [14], [15] เป็นการกำหนดฟังก์ชันหลาย ๆ ฟังก์ชันที่ต้องการคำตอบหลาย ๆ คำตอบร่วมกัน โดยแต่ละคำตอบอาจมีความขัดแย้งกันเอง ซึ่งในงานวิจัยนี้จะพิจารณาจากค่าความ

ถูกต้อง (Accuracy) ในการเรียนรู้ของเครือข่ายประสาท และจำนวนตัวแปรที่ใช้ในการพยากรณ์ ซึ่งก็คือต้นทุน (Cost) ที่ส่งผลถึงประสิทธิภาพในการประมวลผลของเครือข่ายประสาท โดยค่าความเหมาะสมของปัจจัยทั้งสองนั้นมักมีความขัดแย้งกันในแง่ของผลทำนายที่ต้องการให้มีความถูกต้องมากที่สุด ในขณะที่มีต้นทุนในการประมวลผลน้อยที่สุด

สำหรับจำนวนตัวแปรที่ใช้ในการพยากรณ์นั้น จะต้องทำการแปลงข้อมูล (Normalization) ให้มีค่าอยู่ในช่วง 0 ถึง 1 โดยใช้ Min and Max Normalization Function [16] ดังสมการที่ 3-2

$$pn = \left| 2 * \frac{(p - \min p)}{(\max p - \min p)} - 1 \right| \quad (3-2)$$

เมื่อ p = ชุดข้อมูลของจำนวน Feature ที่ใช้ในการพยากรณ์
 $\min p$ = ค่าต่ำสุดของชุดข้อมูลที่นำมา Normalize
 $\max p$ = ค่าสูงสุดของชุดข้อมูลที่นำมา Normalize

[17] ใต้นิยามความสัมพันธ์ของเงื่อนไขระหว่างค่าความถูกต้อง (Accuracy) และต้นทุน (Cost) ดังสมการที่ 3-3 ซึ่งเป็นวิธีการที่ไม่มีความยุ่งยากซับซ้อน

$$Fitness(x) = \frac{cost(x)}{accuracy(x) + 1} + cost_{\min} \quad (3-3)$$

เมื่อ $accuracy(x)$ = ค่าความผิดพลาดของเครือข่ายประสาทในช่วงการเรียนรู้
 $cost(x)$ = ค่า Normalization ของจำนวน Feature ที่ใช้ในการพยากรณ์
 $cost_{\min}$ = ค่า Normalization ของจำนวน Feature ต่ำสุดในกลุ่มประชากร

3.3 การวัดประสิทธิภาพ

การวัดประสิทธิภาพแบบอ้างอิงระบบ YES/NO (ตารางที่ 3-1) โดยผลลัพธ์ที่ได้จะมีค่าเป็น 0 หรือ 1 ซึ่งลักษณะของรูปแบบผลลัพธ์ที่ดี คือ ค่า a และ d มีค่าเป็น 1 และค่า b และ c มีค่าเป็น 0 โดยรายละเอียดของค่า a b c และ d คือ

- a มีค่าเป็น YES และผลเป็น YES
- b มีค่าเป็น NO แต่ผลเป็น YES
- c มีค่าเป็น YES แต่ผลเป็น NO
- d มีค่าเป็น NO และผลเป็น NO

ตารางที่ 3-1 แสดงการกำหนดค่าในการวัดประสิทธิภาพ

| Assigned | Correct | |
|----------|---------|----|
| | YES | NO |
| YES | a | b |
| NO | c | d |

จากตารางที่ 3-1 สามารถนิยามค่าสำหรับใช้ในการวัดประสิทธิภาพออกเป็น 3 ค่า คือ ค่าความแม่นยำ (Precision) ค่าความระลึก (Recall) และค่าถ่วงดุล (Tradeoff) ระหว่างค่าความแม่นยำและค่าความระลึก

3.3.1 ค่าความแม่นยำ (Precision) คือ จำนวนคลาสที่พบและถูกต้อง โดยพิจารณาจากจำนวนคลาสทั้งหมดที่พบ (สมการที่ 3-4)

$$Precision = p = \frac{a}{a+b} \quad (3-4)$$

เมื่อ $a+b$ มีค่าเท่ากับ 0 ให้ตัวหาร ($a+b$) มีค่าเป็น 1

3.3.2 ค่าความระลึก (Recall) คือ จำนวนคลาสที่พบ โดยพิจารณาจากจำนวนคลาสทั้งหมด (สมการที่ 3-5)

$$Recall = r = \frac{a}{a+c} \quad (3-5)$$

เมื่อ $a+c$ มีค่าเท่ากับ 0 ให้ตัวหาร ($a+c$) มีค่าเป็น 1

3.3.3 ค่าถ่วงดุล (Tradeoff) ระหว่างค่าความแม่นยำและค่าความระลึก เรียกว่า “F-Measure” โดยจะพิจารณาจากค่าความแม่นยำและค่าความระลึก และนำมาหาค่าเฉลี่ยระหว่างค่าทั้งสอง (สมการที่ 3-6)

$$F(r, p) = \frac{2pr}{p+r} \quad (3-6)$$

จากวิธีการวัดประสิทธิภาพดังที่กล่าวมานั้น สามารถนำมาประยุกต์ใช้ในงานวิจัยนี้ โดยได้นิยามค่าต่างๆ ดังนี้ คือ ค่าความแม่นยำ (Precision) พิจารณาจากค่าความถูกต้องของการทำนาย (สมการที่ 3-7)

$$\text{Precision} = \frac{\text{จำนวนนศ. ที่มีผลทำนายถูกต้อง}}{\text{จำนวนนศ. ทั้งหมดในกลุ่มคำตอบนั้น}} \quad (3-7)$$

ค่าความระลึก (Recall) ซึ่งพิจารณาจากค่าความถูกต้องเมื่อเทียบกับผลที่คาดหวัง (สมการที่ 3-8)

$$\text{Recall} = \frac{\text{จำนวนนศ. ที่มีผลทำนายถูกต้อง}}{\text{จำนวนนศ. ทั้งหมดในกลุ่มเป้าหมายนั้น}} \quad (3-8)$$

สำหรับการวัดค่าความผิดพลาดนั้นจะพิจารณาทั้งค่า Fault Positive และค่า Fault Negative เพื่อดูอัตราความผิดพลาดที่เป็นบวกและลบ

3.3.4 Fault Positive คือ จำนวนที่ไม่จบแต่ผลทำนายเป็นจบ ดังสมการที่ 3-9

$$\text{Fault Positive} = \frac{\text{จำนวนที่ไม่จบแต่ผลทำนายเป็นจบ}}{\text{จำนวนนศ. ทั้งหมดในกลุ่มคำตอบนั้น}} \quad (3-9)$$

3.3.5 Fault Negative คือ จำนวนที่จบแต่ผลทำนายเป็นไม่จบ ดังสมการที่ 3-10

$$\text{Fault Negative} = \frac{\text{จำนวนที่จบแต่ผลทำนายเป็นไม่จบ}}{\text{จำนวนนศ. ทั้งหมดในกลุ่มคำตอบนั้น}} \quad (3-10)$$

3.4 เครื่องมือที่ใช้ในการวิจัย

3.4.1 Hardware

- CPU Intel® Pentium® M processor 1.60GHz.
- หน่วยความจำ 512 MB

3.4.2 Software

- MATLAB® version 7.0.4 (R14) Service Pack 2

3.4.3 ระบบปฏิบัติการ (Operating System)

- Microsoft Windows XP Professional Service Pack 2

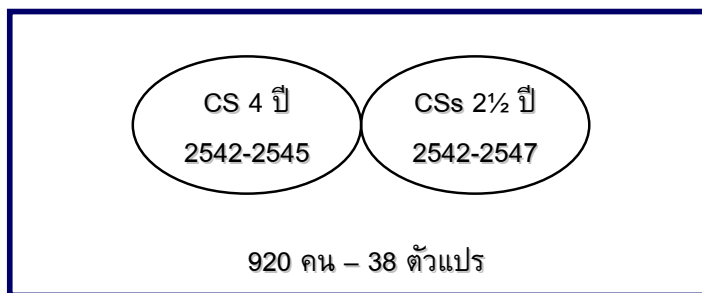
บทที่ 4

วิธีการดำเนินงานวิจัย

4.1 การเตรียมข้อมูลในการวิจัย

ข้อมูลที่ใช้ในงานวิจัยนี้เป็นข้อมูลของนักศึกษาระดับปริญญาตรี ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์และสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ประยุกต์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ โดยเป็นข้อมูลของนักศึกษา 2 หลักสูตร คือ

- หลักสูตร 4 ปี ระหว่างปี พ.ศ. 2542 - 2545
- หลักสูตร 2-3 ปีต่อเนื่อง ระหว่างปี พ.ศ. 2542 - 2547

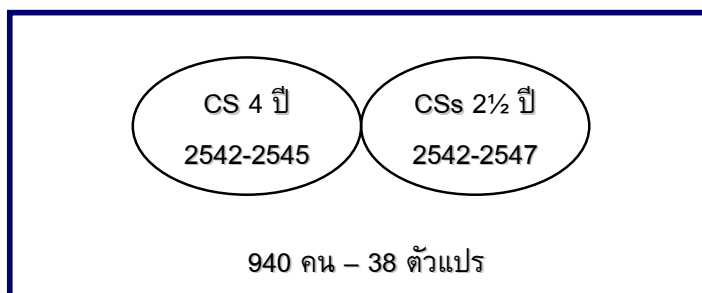


ภาพที่ 4-1 แสดงรายละเอียดข้อมูลที่ใช้ในการทดลองที่ 1

ลักษณะข้อมูลที่ใช้ประกอบด้วยข้อมูลประวัติส่วนตัวของนักศึกษา และข้อมูลผลการเรียนของนักศึกษาที่ลงทะเบียนเรียนในปีที่ 1 ภาคการศึกษาที่ 1 (ตารางที่ 4-1) และนำข้อมูลปีสุดท้ายของแต่ละหลักสูตรเป็นชุดข้อมูลทดสอบ

ข้อมูลนักศึกษานั้นสามารถแบ่งออกเป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 เรียนจบ กลุ่มที่ 2 เรียนไม่จบ และกลุ่มที่ 3 คือ กลุ่มอื่น ๆ เช่น วิทยาทัศน์ หรือรักษาสภาพ Project เป็นต้น โดยในการทดลองแรกนั้นได้ทำการทดลองกับโมเดลเครือข่ายประสาท (ANN) และโมเดลจินตคณิตที่แบบวัตถุประสงค์เดียวกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) โดยใช้ข้อมูลของกลุ่มที่เรียนจบและกลุ่มที่เรียนไม่จบเท่านั้น โดยมีจำนวนข้อมูลเท่ากับ 920 รายการ (ภาพที่ 4-1) เนื่องจากจำนวนนักศึกษาในกลุ่มอื่น ๆ นั้นส่วนมากจะเป็นข้อมูลในปีสุดท้ายซึ่งเป็นข้อมูลชุดทดสอบ ดังนั้นจำนวนข้อมูลในชุดทดสอบจึงมีน้อยกว่าชุดข้อมูลในการเรียนรู้ทำให้ข้อมูลไม่เพียงพอต่อการเรียนรู้ของเน็ตเวิร์ก

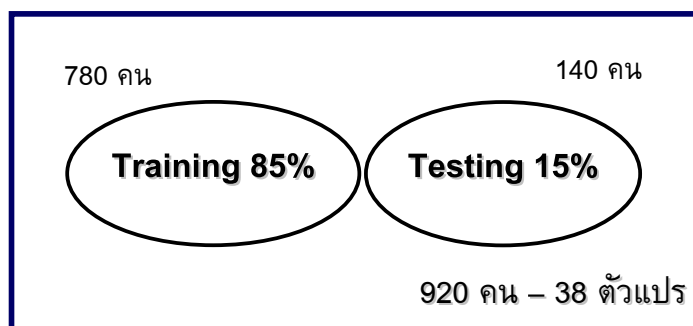
และภายหลังได้นำข้อมูลในกลุ่ม 3 ที่ทราบผลการเรียนแล้วมาเพิ่มเติมเป็น 940 รายการ (ภาพที่ 4-2) และได้ทำการทดลองกับโมเดลเครือข่ายประสาท (ANN) โมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวิวัฒนาการเดี่ยวร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) และโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวิวัฒนาการร่วมกับเครือข่ายประสาท (MGA/ANN)



ภาพที่ 4-2 แสดงรายละเอียดข้อมูลที่ใช้ในการทดลองที่ 2

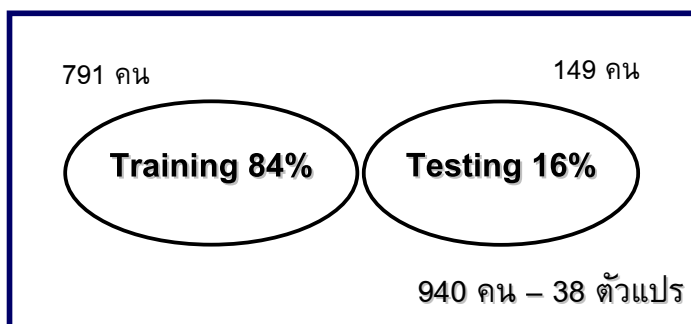
โดยข้อมูลการลงทะเบียนเรียนในปีที่ 1 ภาคการศึกษาที่ 1 นั้นจะประกอบไปด้วยรายวิชาเรียนต่าง ๆ ซึ่งได้ทำการแปลงให้อยู่ในรูปของหมวดวิชาและกลุ่มวิชา ดังตารางที่ 4-2 และข้อมูลสำหรับการทดลองด้วยเครือข่ายประสาท จะต้องทำการแปลงข้อมูลดิบเป็นรหัสเลขจำนวนเต็ม (Integer Encoding) ดังตารางที่ 4-3

ข้อมูลที่ใช้ในโมเดลเครือข่ายประสาทจะถูกแบ่งออกเป็น 2 ชุด คือ ชุดข้อมูลที่ใช้ในการฝึกสอน (Training Data) และชุดข้อมูลที่ใช้การทดสอบ (Testing Data) ซึ่งชุดข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบนั้น คือ นักศึกษาปีสุดท้ายของชุดข้อมูล หรือนักศึกษารหัส 45 ในหลักสูตร 4 ปี และนักศึกษารหัส 47 ในหลักสูตร 2-3 ปี ซึ่งในการทดลองครั้งที่ 1 นั้นได้แบ่งข้อมูลออกเป็น Training Data 85% และ Testing Data 15% (ภาพที่ 4-3)



ภาพที่ 4-3 แสดงการแบ่งข้อมูลสำหรับการทดลองที่ 1

และในการทดลองครั้งที่ 2 นั้นได้แบ่งข้อมูลออกเป็น Training Data 84% และ Testing Data 16% (ภาพที่ 4-4)



ภาพที่ 4-4 แสดงการแบ่งข้อมูลสำหรับการทดลองที่ 2

ตารางที่ 4-1 แสดงข้อมูลนักศึกษาที่เป็นตัวแปรในการตัดสินใจ

| ลำดับ | ตัวแปรที่ใช้ในการตัดสินใจ |
|-------|---------------------------|
| 1 | เพศ |
| 2 | อายุ |
| 3 | เดือนเกิด |
| 4 | ปีเกิด |
| 5 | ศาสนา |
| 6 | เชื้อชาติ |
| 7 | สัญชาติ |
| 8 | จังหวัด (ที่อยู่ นศ.) |
| 9 | ภาค (ที่อยู่ นศ.) |
| 10 | รอบของ นศ. |
| 11 | ชั้นเรียน |
| 12 | ประเภท นศ. |
| 13 | อาชีพบิดา |
| 14 | อาชีพมารดา |
| 15 | อาชีพผู้ปกครอง |
| 16 | รายได้บิดา |
| 17 | รายได้มารดา |
| 18 | รายได้ผู้ปกครอง |

ตารางที่ 4-1 (ต่อ)

| ลำดับ | ตัวแปรที่ใช้ในการตัดสินใจ |
|-------|--|
| 19 | ระดับการศึกษาบิดา |
| 20 | ระดับการศึกษามารดา |
| 21 | ระดับการศึกษาผู้ปกครอง |
| 22 | ความสัมพันธ์กับผู้ปกครอง |
| 23 | ความสัมพันธ์บิดามารดา |
| 24 | จังหวัดของสถานศึกษาเดิม |
| 25 | ภาคของสถานศึกษาเดิม |
| 26 | ระดับการศึกษาเดิม |
| 27 | กลุ่มสาขาที่จบมา |
| 28 | สาขาที่สำเร็จมา |
| 29 | เกรดเฉลี่ยที่จบมา |
| 30 | หมวดวิชาเฉพาะ – กลุ่มวิชาแกน (วิชาที่1) |
| 31 | หมวดวิชาเฉพาะ – กลุ่มวิชาแกน (วิชาที่2) |
| 32 | หมวดวิชาเฉพาะ – กลุ่มวิชาแกน (วิชาที่3) |
| 33 | หมวดวิชาเฉพาะ – กลุ่มวิชาชีพ |
| 34 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป – กลุ่มวิชาชีพ |
| 35 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป – กลุ่มวิชาภาษา |
| 36 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป – กลุ่มวิชาวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์ (วิชาที่1) |
| 37 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป – กลุ่มวิชาวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์ (วิชาที่2) |
| 38 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป – กลุ่มวิชาวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์ (วิชาที่3) |

ตารางที่ 4-2 แสดงการแปลงข้อมูลรหัสวิชาเรียนให้อยู่ในรูปหมวดวิชาและกลุ่มวิชา

| รหัสวิชา | หมวดวิชา | กลุ่มวิชา |
|----------|---------------------|-----------------------------------|
| 461101 | หมวดวิชาเฉพาะ | กลุ่มวิชาแกน |
| 461181 | หมวดวิชาเฉพาะ | กลุ่มวิชาแกน |
| 422230 | หมวดวิชาเฉพาะ | กลุ่มวิชาแกน |
| 422350 | หมวดวิชาเฉพาะ | กลุ่มวิชาแกน |
| 462121 | หมวดวิชาเฉพาะ | กลุ่มวิชาแกน |
| 462122 | หมวดวิชาเฉพาะ | กลุ่มวิชาแกน |
| 462181 | หมวดวิชาเฉพาะ | กลุ่มวิชาแกน |
| 422355 | หมวดวิชาเฉพาะ | กลุ่มวิชาชีพ |
| 462212 | หมวดวิชาเฉพาะ | กลุ่มวิชาชีพ |
| 462242 | หมวดวิชาเฉพาะ | กลุ่มวิชาชีพ |
| 461461 | หมวดวิชาเฉพาะ | กลุ่มวิชาชีพ |
| 431105 | หมวดวิชาเฉพาะ | กลุ่มวิชาชีพ |
| 461222 | หมวดวิชาเฉพาะ | กลุ่มวิชาชีพ |
| 461242 | หมวดวิชาเฉพาะ | กลุ่มวิชาชีพ |
| 263510 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป | กลุ่มวิชาชีพ |
| 265301 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป | กลุ่มวิชาชีพ |
| 260111 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป | กลุ่มวิชาภาษา |
| 260301 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป | กลุ่มวิชาภาษา |
| 262321 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป | กลุ่มวิชาภาษา |
| 263133 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป | กลุ่มวิชาภาษา |
| 810361 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป | กลุ่มวิชาภาษา |
| 421101 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป | กลุ่มวิชาวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์ |
| 431101 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป | กลุ่มวิชาวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์ |
| 431102 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป | กลุ่มวิชาวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์ |
| 421103 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป | กลุ่มวิชาวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์ |
| 462291 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป | กลุ่มวิชาวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์ |

ตารางที่ 4-3 แสดงการเข้ารหัสข้อมูลสำหรับเครือข่าย

| ตัวแปร | การเข้ารหัสค่าของตัวแปร | |
|-----------------------------|---------------------------------|------|
| เพศ | ชาย | = 1 |
| | หญิง | = 2 |
| ศาสนา | พุทธ | = 1 |
| | อิสลาม | = 2 |
| | คริสต์ | = 3 |
| | อื่น ๆ | = 4 |
| อาชีพ บิดา/มารดา | ไม่มีเพราะถึงแก่กรรม | = 1 |
| | ไม่มีเพราะไม่ได้ทำงาน | = 2 |
| | ทหาร - ตำรวจ | = 3 |
| | ครู - อาจารย์ | = 4 |
| | พนักงานหรือลูกจ้างเอกชน | = 5 |
| | พนักงานรัฐวิสาหกิจ | = 6 |
| | ข้าราชการ | = 7 |
| | ลูกจ้างประจำ หน่วยงานราชการ | = 8 |
| | ลูกจ้างชั่วคราว หน่วยงานราชการ | = 9 |
| | เกษตรกรกรรม | = 10 |
| | ค้าขายหรือประกอบธุรกิจส่วนตัว | = 11 |
| | ไม่ทราบเพราะบิดามารดาแยกกันอยู่ | = 12 |
| | อื่นๆ (เช่น ข้าราชการบำนาญ) | = 13 |
| ระดับการศึกษา บิดา/มารดา | ไม่มีวุฒิมัธยมศึกษา | = 1 |
| | ประถมศึกษา | = 2 |
| | ม.3 | = 3 |
| | ปวช | = 4 |
| | ปวส | = 5 |
| | ปริญญาตรี | = 6 |
| | ประกาศนียบัตรบัณฑิต | = 7 |
| | ปริญญาโท | = 8 |
| | ปริญญาเอก | = 9 |

ตารางที่ 4-3 (ต่อ)

| ตัวแปร | การเข้ารหัสค่าของตัวแปร | |
|---------------------------|---|------|
| รายได้ บิดา/มารดา | ไม่มีเพราะถึงแก่กรรม | = 1 |
| | ไม่มีเพราะไม่ได้ทำงาน | = 2 |
| | ไม่เกิน 2,000 บาท | = 3 |
| | 2,001 - 4,000 บาท | = 4 |
| | 4,001 - 6,000 บาท | = 5 |
| | 6,001 - 8,000 บาท | = 6 |
| | 8,001 - 10,000 บาท | = 7 |
| | 10,001 - 12,000 บาท | = 8 |
| | 12,001 - 14,000 บาท | = 9 |
| | 14,001 - 16,000 บาท | = 10 |
| | 16,001 - 18,000 บาท | = 11 |
| | 18,001 - 20,000 บาท | = 12 |
| | 20,001 - 30,000 บาท | = 13 |
| | 30,001 - 40,000 บาท | = 14 |
| | 40,001 - 50,000 บาท | = 15 |
| | 50,001 - 60,000 บาท | = 16 |
| | 60,001 - 70,000 บาท | = 17 |
| | 70,001 - 80,000 บาท | = 18 |
| | สูงกว่า 80,001 บาท | = 19 |
| | ไม่ทราบ | = 20 |
| ความสัมพันธ์บิดา มารดา | อยู่ด้วยกัน | = 1 |
| | บิดาถึงแก่กรรม | = 2 |
| | มารดาถึงแก่กรรม | = 3 |
| | บิดามารดาถึงแก่กรรม | = 4 |
| | แยกกันอยู่เพราะความจำเป็นเกี่ยวกับอาชีพ | = 5 |
| | แยกกันอยู่เพราะเหตุผลอื่น ๆ | = 6 |
| | หย่าขาดจากกัน | = 7 |
| เชื้อชาติ, สัญชาติ | ไทย | = 1 |
| | จีน | = 2 |
| | อื่น ๆ | = 3 |

ตารางที่ 4-3 (ต่อ)

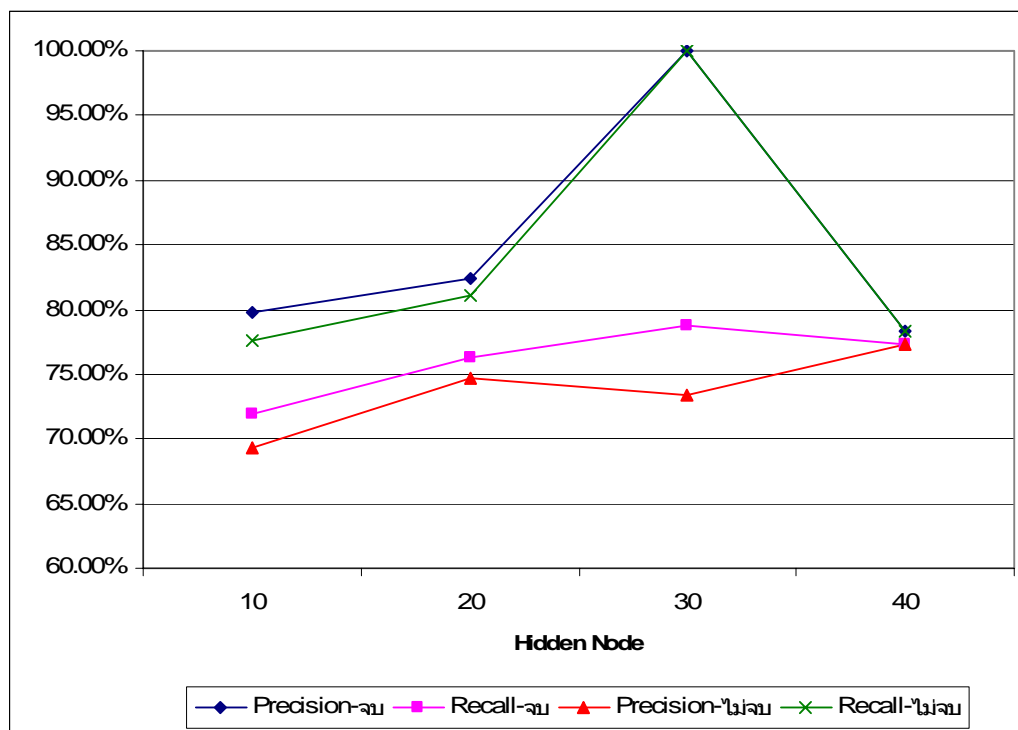
| ตัวแปร | การเข้ารหัสค่าของตัวแปร | |
|---------------------|---------------------------------------|------|
| กลุ่มสาขาที่จบมา | ม. 6 | = 1 |
| | สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ | = 2 |
| | ราชมนคล | = 3 |
| | เทคนิคมีนบุรี | = 4 |
| | อื่น ๆ | = 5 |
| | มหาวิทยาลัย | = 6 |
| เกรดเฉลี่ยที่จบมา | 0.00 - 1.00 | = 1 |
| | 1.01 - 1.25 | = 2 |
| | 1.26 - 1.50 | = 3 |
| | 1.51 - 1.75 | = 4 |
| | 1.76 - 2.00 | = 5 |
| | 2.01 - 2.25 | = 6 |
| | 2.26 - 2.50 | = 7 |
| | 2.51 - 2.75 | = 8 |
| | 2.76 - 3.00 | = 9 |
| | 3.01 - 3.25 | = 10 |
| | 3.26 - 3.50 | = 11 |
| | 3.51 - 3.75 | = 12 |
| | 3.76 - 4.00 | = 13 |
| ภาคของสถานศึกษาเดิม | ภาคเหนือ | = 1 |
| | ภาคใต้ | = 2 |
| | ภาคกลาง | = 3 |
| | ภาคตะวันออก | = 4 |
| | ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ | = 5 |
| รหัสประเภท นศ. | ปกติรอบเช้า | = 1 |
| | โครงการสมทบ | = 2 |
| | นักศึกษาพิเศษ | = 3 |

ตารางที่ 4-3 (ต่อ)

| ตัวแปร | การเข้ารหัสค่าของตัวแปร | |
|---------------------|---------------------------------------|------|
| รหัสสาขาที่สำเร็จมา | ม. 6 | = 1 |
| | บริหารธุรกิจ | = 2 |
| | คอมพิวเตอร์ธุรกิจ | = 3 |
| | เทคนิคคอมพิวเตอร์/วิทยาการคอมพิวเตอร์ | = 4 |
| | อิเล็กทรอนิกส์คอมพิวเตอร์ | = 5 |
| | ช่างอิเล็กทรอนิกส์ | = 6 |
| | โทรคมนาคม | = 7 |
| | ช่างไฟฟ้า | = 8 |
| | ช่างยนต์ | = 9 |
| | ช่างกล | = 10 |
| | ช่างก่อสร้างและงานไม้ | = 11 |
| | ช่างเขียนแบบ | = 12 |
| | ช่างโยธา | = 13 |
| | อื่นๆ | = 14 |

4.2 การกำหนดจำนวนโหนดในชั้นซ่อนเร้น (Hidden Node)

จำนวนโหนดในชั้นซ่อนเร้นเป็นพารามิเตอร์ (Parameter) ที่สำคัญอย่างหนึ่งที่ใช้ในโมเดลเครือข่ายประสาท ดังนั้นในการวิจัยนี้จึงได้พิจารณาเลือกใช้จำนวนโหนดในชั้นซ่อนเร้นจากการทดลองหลาย ๆ ครั้ง จากจำนวนโหนดในชั้นซ่อนเร้นที่แตกต่างกัน โดยมีค่าเท่ากับ 10, 20, 30 และ 40 ตามลำดับ และในแต่ละครั้งของการทดลอง ได้กำหนดจำนวนโหนดในชั้นรับข้อมูลที่เท่ากัน คือ 38 โหนด กำหนดจำนวนโหนดในชั้นแสดงผล 2 โหนด และกำหนดจำนวนรอบในการเรียนรู้ (Epoch) 200 รอบ จากนั้นจึงทำการเปรียบเทียบค่าความแม่นยำ (Precision) และค่าความระลึก (Recall) ดังภาพที่ 4-5 ซึ่งผลปรากฏว่า จำนวนโหนดในชั้นซ่อนเร้นที่ 30 โหนดนั้น คือ ค่าที่เหมาะสมที่สุดที่จะนำมาใช้ในโมเดลเครือข่ายประสาทในงานวิจัยนี้ เนื่องจากมีค่า Precision ของผลการเรียนจบ และค่า Recall ของผลการเรียนไม่จบสูงถึง 100% และมีค่า Recall ของผลการเรียนจบสูงสุดถึง 78.72% เมื่อเทียบกับ Hidden node อื่นๆ



ภาพที่ 4-5 กราฟเปรียบเทียบค่า Precision และค่า Recall ในแต่ละ Hidden Node

จากภาพที่ 4-5 แสดงให้เห็นถึงค่า Precision และค่า Recall ของผลการเรียนจบและเรียนไม่จบในแต่ละ Hidden Node โดยมีรายละเอียด คือ Hidden Node ที่ 10 โหนด มีค่า Precision และค่า Recall ของผลการเรียนจบเท่ากับ 79.73% และ 71.95% ค่า Precision และค่า Recall ของผลการเรียนไม่จบเท่ากับ 69.33% และ 77.61% ที่ Hidden Node 20 โหนด มีค่า Precision และค่า Recall ของผลการเรียนจบเท่ากับ 82.43% และ 76.25% ค่า Precision และค่า Recall ของผลการเรียนไม่จบเท่ากับ 74.67% และ 81.16% ที่ Hidden Node 30 โหนด มีค่า Precision และค่า Recall ของผลการเรียนจบเท่ากับ 100% และ 78.72% ค่า Precision และค่า Recall ของผลการเรียนไม่จบเท่ากับ 73.33% และ 100% และที่ Hidden Node 40 โหนด มีค่า Precision และค่า Recall ของผลการเรียนจบเท่ากับ 78.38% และ 77.33% ค่า Precision และค่า Recall ของผลการเรียนไม่จบเท่ากับ 77.33% และ 78.38% ตามลำดับ

4.3 การกำหนดจำนวนรอบในการเรียนรู้ (Epoch)

จำนวนรอบในการเรียนรู้ก็เป็นพารามิเตอร์ (Parameter) ที่สำคัญอย่างหนึ่งที่ใช้ในโมเดลเครือข่ายประสาทเช่นกัน ดังนั้นในการวิจัยนี้จึงได้พิจารณาเลือกใช้จำนวนรอบในการเรียนรู้จากการทดลองหลาย ๆ ครั้ง โดยทำการทดลองกับค่าที่แตกต่างกัน คือ 100, 200, 300, 400, 500,

600, 700, 800, 900 และ 1000 ตามลำดับ และในแต่ละครั้งของการทดลอง ได้กำหนดจำนวน โหนดในชั้นต่างๆ ที่เท่ากัน คือ ชั้นรับข้อมูล 38 โหนด ชั้นซ่อนเร้น 30 โหนด และชั้นแสดงผล 2 โหนด จากนั้นจึงทำการเปรียบเทียบค่าความแม่นยำ (Precision) และค่าความระลึก (Recall) ของผลการเรียนจบและเรียนไม่จบ

จากภาพที่ 4-6 สรุปได้ว่า รอบการเรียนรู้ที่ 300 รอบนั้นเป็นค่าที่เหมาะสมที่สุด โดยมีค่า Precision และค่า Recall ของผลการเรียนจบเท่ากับ 79.73% และ 84.92% ค่า Precision และค่า Recall ของผลการเรียนไม่จบเท่ากับ 85.33% และ 81.01% ตามลำดับ ซึ่งในรอบการเรียนรู้ อื่น ๆ นั้น ผลของการวัดประสิทธิภาพบางค่ามีค่าต่ำ เช่น ในรอบการเรียนรู้ที่ 200 ถ้าพิจารณาที่ค่าความแม่นยำ (Precision) จะเห็นว่าถึงแม้ค่า Precision ของผลการเรียนไม่จบมีค่า 95.35% แต่ค่า Precision ของผลการเรียนจบนั้นมีค่าเพียง 67.92% เท่านั้น และถ้าพิจารณาค่าความระลึก (Recall) จะเห็นว่าค่า Recall ของผลการเรียนจบมีค่า 97.30% แต่ค่า Recall ของผลการเรียนไม่จบมีค่าต่ำถึง 54.67%



ภาพที่ 4-6 กราฟเปรียบเทียบค่า Precision และค่า Recall ในแต่ละ Epoch

4.4 การทดลองจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท

การทดลองด้วยจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียว ได้กำหนดรูปแบบโครโมโซมเป็นแบบรหัสไบนารี (Binary Encoding) ที่ประกอบด้วยยีน n ตัว โดยที่ n คือ จำนวนตัวแปรทั้งหมดที่ใช้ในการพยากรณ์ (38 ตัวแปร) และตัวแปรแต่ละตัวจะประกอบด้วย ค่า 0 หรือ 1 โดย 0 แทนตัวแปรในตำแหน่งนั้นไม่ถูกเลือก และ 1 แทนตัวแปรในตำแหน่งนั้นถูกเลือก

ฟังก์ชันความเหมาะสมที่ใช้ คือ ค่าความถูกต้อง (Accuracy) ในการเรียนรู้ของเครือข่ายประสาทโดยพิจารณาจากค่าเฉลี่ยกำลังสองของความผิดพลาดของเครือข่ายประสาทนั่นเอง และหลังจากได้ Features ที่เหมาะสมแล้ว จึงทำการพยากรณ์ด้วยเครือข่ายประสาท โดยใช้ Features ที่คัดเลือกได้จากจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียว

สำหรับในขั้นตอนการคัดเลือกสายพันธุ์ เพื่อให้ได้โครโมโซมพ่อแม่พันธุ์ที่ดีที่สุดได้เลือกใช้วิธีการคัดเลือกแบบการแข่งขัน (Tournament Selection) ในการสลับสายพันธุ์ (Crossover) ซึ่งเป็นการเปลี่ยนถ่ายยีนจากโครโมโซมพ่อแม่ไปสู่ลูก ในที่นี้ใช้แบบ Single Point ที่ความน่าจะเป็น 0.8 และสมมติให้การกลายพันธุ์เป็นแบบ Uniform

4.5 การทดลองจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ร่วมกับเครือข่ายประสาท

สำหรับรูปแบบโครโมโซมของจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์นั้น ได้กำหนดเป็นแบบรหัสไบนารี (Binary Encoding) เช่นเดียวกับจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียว แต่ใช้ฟังก์ชันความเหมาะสมที่ต่างกัน คือ พิจารณาจากค่าความถูกต้อง (Accuracy) ในการเรียนรู้ของเครือข่ายประสาท และจำนวนตัวแปร (Cost) ที่ใช้ในการพยากรณ์ หลังจากได้ Features ที่เหมาะสมแล้ว จึงทำการพยากรณ์ด้วยเครือข่ายประสาท โดยใช้ Features ที่คัดเลือกได้จากจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์

สำหรับในขั้นตอนการคัดเลือกสายพันธุ์ เพื่อให้ได้โครโมโซมพ่อแม่พันธุ์ที่ดีที่สุดได้เลือกใช้วิธีการคัดเลือกแบบการแข่งขัน (Tournament Selection) ในการสลับสายพันธุ์ (Crossover) ซึ่งเป็นการเปลี่ยนถ่ายยีนจากโครโมโซมพ่อแม่ไปสู่ลูก ในที่นี้ใช้แบบ Single Point ที่ความน่าจะเป็น 0.8 และสมมติให้การกลายพันธุ์เป็นแบบ Uniform

บทที่ 5

ผลของการวิจัย

งานวิจัยนี้นำเทคนิคจีเนติกอัลกอริทึมทั้งแบบวัตถุประสงค์เดียว และแบบหลายวัตถุประสงค์ที่ใช้ร่วมกับเทคนิคเครือข่ายประสาท และเปรียบเทียบกับเทคนิคเครือข่ายประสาทเพียงอย่างเดียว โดยนำมาประยุกต์ใช้ในการพยากรณ์โอกาสการสำเร็จการศึกษาของนักศึกษา และทดสอบประสิทธิภาพของโมเดลดังกล่าว โดยสามารถสรุปผลของการวิจัยได้ดังนี้

5.1 ผลการทดลองด้วยเครือข่ายประสาท

ผลการทดลองด้วยเครือข่ายประสาท (Artificial Neural Network) โดยใช้ตัวแปรทั้งหมด 38 ตัว แสดงให้เห็นว่าสามารถพยากรณ์โอกาสการสำเร็จการศึกษาของนักศึกษาได้โดยแบ่งการทดลองออกเป็น 2 ครั้ง แยกตามจำนวนข้อมูล คือ

- ครั้งที่ 1 มีจำนวนข้อมูล 920 รายการ
- ครั้งที่ 2 มีจำนวนข้อมูล 940 รายการ โดยเป็นข้อมูลในกลุ่มที่ยังไม่ทราบผลซึ่งได้ทำการรวบรวมเพิ่มเติมเข้ามาในภายหลัง

5.1.1 ผลการทดลองด้วยเครือข่ายประสาท (ANN) โดยใช้ข้อมูล 920 รายการ ให้ค่าความแม่นยำและค่าความระลึกรในการทำนายของกลุ่มที่เรียนจบ คือ 76.71% และ 83.58% ค่าความแม่นยำและค่าความระลึกรของกลุ่มที่เรียนไม่จบคือ 83.58% และ 76.71% และค่า F-Measure ของนักศึกษาทั้ง 2 กลุ่ม คือ 80.00% ดังตารางที่ 5-1 และมีค่า False Positive 23.29% และ False Negative 16.42%

ตารางที่ 5-1 แสดงผลการทดลองด้วยเครือข่ายประสาท ครั้งที่ 1

| ผลการทำนาย | คำตอบเป้าหมาย | | Precision | Recall | F-Measure |
|------------|---------------|-------|-----------|--------|-----------|
| | จบ | ไม่จบ | | | |
| จบ | 56 | 17 | 76.71% | 83.58% | 80.00% |
| ไม่จบ | 11 | 56 | 83.58% | 76.71% | 80.00% |
| รวมทั้งหมด | 67 | 73 | | | |

5.1.2 ผลการทดลองด้วยเครือข่ายประสาท (ANN) หลังจากเพิ่มข้อมูลในกลุ่มที่ยังไม่ทราบผลเข้ามาโดยมีจำนวนข้อมูลรวมทั้งสิ้น 940 รายการ ให้ค่าความแม่นยำและค่าความระลึกร

ในการทำนายของกลุ่มที่เรียนจบ คือ 79.73% และ 84.92% ค่าความแม่นยำและค่าความระลึกของกลุ่มที่เรียนไม่จบคือ 85.33% และ 81.01% และค่า F-Measure ของกลุ่มนักศึกษาที่เรียนจบและเรียนไม่จบ คือ 81.94% และ 83.12% ตามลำดับ ดังตารางที่ 5-2 และมีค่า False Positive 20.27% และ False Negative 14.67%

ตารางที่ 5-2 แสดงผลการทดลองด้วยเครือข่ายประสาท ครั้งที่ 2

| ผลการทำนาย | คำตอบเป้าหมาย | | Precision | Recall | F-Measure |
|------------|---------------|-------|-----------|--------|-----------|
| | จบ | ไม่จบ | | | |
| จบ | 59 | 15 | 79.73% | 84.29% | 81.94% |
| ไม่จบ | 11 | 64 | 85.33% | 81.01% | 83.12% |
| รวมทั้งหมด | 70 | 79 | | | |

5.2 ผลการทดลองด้วยจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท

ผลการทดลองด้วยจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท (Single Objective Genetic Algorithm/ANN : SGA/ANN) โดยจีเนติกอัลกอริทึมสามารถคัดเลือกตัวแปรที่เหมาะสมได้จำนวน 22 ตัวแปร ดังตารางที่ 5-3 และได้ทำการทดลอง 2 ครั้ง โดยแยกตามจำนวนข้อมูล คือ

- ครั้งที่ 1 มีจำนวนข้อมูล 920 รายการ
- ครั้งที่ 2 มีจำนวนข้อมูล 940 รายการ โดยเป็นข้อมูลในกลุ่มที่ยังไม่ทราบผลที่ได้ทำการรวบรวมเพิ่มเติมเข้ามาในภายหลัง

ตารางที่ 5-3 แสดงตัวแปรที่คัดเลือกได้จาก Single Objective Genetic Algorithm

| ลำดับ | ตัวแปรที่ใช้ในการตัดสินใจ |
|-------|---------------------------|
| 1 | เพศ |
| 2 | ระดับการศึกษา_บิดา |
| 3 | ระดับการศึกษา_มารดา |
| 4 | อาชีพ_บิดา |
| 5 | อาชีพ_มารดา |
| 6 | รายได้_บิดา |
| 7 | รายได้_มารดา |
| 8 | จังหวัดของสถานศึกษาเดิม |

ตารางที่ 5-3 (ต่อ)

| ลำดับ | ตัวแปรที่ใช้ในการตัดสินใจ |
|-------|---|
| 9 | ภาคของสถานศึกษาเดิม |
| 10 | ระดับการศึกษาเดิม |
| 11 | กลุ่มสาขาที่จบมา |
| 12 | สาขาที่สำเร็จมา |
| 13 | เกรดเฉลี่ยที่จบมา |
| 14 | หมวดวิชาเฉพาะ – กลุ่มวิชาแกน (วิชาที่ 1) |
| 15 | หมวดวิชาเฉพาะ – กลุ่มวิชาแกน (วิชาที่ 2) |
| 16 | หมวดวิชาเฉพาะ – กลุ่มวิชาแกน (วิชาที่ 3) |
| 17 | หมวดวิชาเฉพาะ – กลุ่มวิชาชีพ |
| 18 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป – กลุ่มวิชาชีพ |
| 19 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป – กลุ่มวิชาภาษา |
| 20 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป - กลุ่มวิชาวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์ (วิชาที่ 1) |
| 21 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป - กลุ่มวิชาวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์ (วิชาที่ 2) |
| 22 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป - กลุ่มวิชาวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์ (วิชาที่ 3) |

5.2.1 ผลการทดลองครั้งที่ 1 โดยใช้เงื่อนไขอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) และใช้ข้อมูล 920 รายการ โดยมีค่าความแม่นยำ ค่าความระลึกในการทำนายผลของกลุ่มนักศึกษาที่เรียนจบคือ 75.00% และ 85.07% ค่าความแม่นยำและค่าความระลึกของกลุ่มนักศึกษาที่เรียนไม่จบคือ 84.38% และ 73.97% และค่า F-Measure ของกลุ่มนักศึกษาที่เรียนจบและเรียนไม่จบคือ 79.72% และ 78.83% ตามลำดับ (ดังตารางที่ 5-4) สำหรับค่า False Positive เป็น 25% และค่า False Negative เป็น 15.63%

ตารางที่ 5-4 แสดงผลการทดลองด้วย SGA/ANN ครั้งที่ 1

| ผลการทำนาย | คำตอบเป้าหมาย | | Precision | Recall | F-Measure |
|------------|---------------|-------|-----------|--------|-----------|
| | จบ | ไม่จบ | | | |
| จบ | 57 | 19 | 75.00% | 85.07% | 79.72% |
| ไม่จบ | 10 | 54 | 84.38% | 73.97% | 78.83% |
| รวมทั้งหมด | 67 | 73 | | | |

5.2.2 ผลการทดลองครั้งที่ 2 หลังจากเพิ่มข้อมูลในกลุ่มที่ยังไม่ทราบผลเข้ามา และทำการทดสอบกับโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) โดยมีค่าความแม่นยำและค่าความระลึกลงในการทำนายผลของกลุ่มนักศึกษาที่เรียนจบคือ 93.24% และ 67.65% ค่าความแม่นยำและค่าความระลึกลงของกลุ่มนักศึกษาที่เรียนไม่จบคือ 56.00% และ 89.36% และค่า F-Measure ของกลุ่มนักศึกษาที่เรียนจบและเรียนไม่จบคือ 78.41% และ 68.85% ตามลำดับ (ตั้งตารางที่ 5-5) สำหรับค่า False Positive เป็น 6.76% และค่า False Negative เป็น 44.00%

ตารางที่ 5-5 แสดงผลการทดลองด้วย SGA/ANN ครั้งที่ 2

| ผลการทำนาย | คำตอบเป้าหมาย | | Precision | Recall | F-Measure |
|------------|---------------|-------|-----------|--------|-----------|
| | จบ | ไม่จบ | | | |
| จบ | 69 | 5 | 93.24% | 67.65% | 78.41% |
| ไม่จบ | 33 | 42 | 56.00% | 89.36% | 68.85% |
| รวมทั้งหมด | 102 | 47 | | | |

5.3 ผลการทดลองด้วยจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ร่วมกับเครือข่ายประสาท

ผลการทดลองด้วยจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ร่วมกับเครือข่ายประสาท (Multi Objectives Genetic Algorithm/ANN : MGA/ANN) โดยจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์สามารถคัดเลือกตัวแปรที่เหมาะสมได้จำนวน 21 ตัวแปร ตั้งตารางที่ 5-7

ผลการทำนายด้วยตัวแปรที่ได้มีค่าความแม่นยำและค่าความระลึกลงในการทำนายผลกลุ่มนักศึกษาที่เรียนจบ คือ 87.84% และ 79.27% ค่าความแม่นยำและค่าความระลึกลงของกลุ่มนักศึกษาที่เรียนไม่จบ คือ 77.33% และ 86.57% และค่า F-Measure ของกลุ่มนักศึกษาที่เรียนจบและเรียนไม่จบ คือ 83.33% และ 81.69% ตามลำดับ (ตั้งตารางที่ 5-6) สำหรับค่า False Positive เป็น 12.16% และค่า False Negative เป็น 22.67%

ตารางที่ 5-6 แสดงผลการทดลองด้วย MGA/ANN

| ผลการทำนาย | คำตอบเป้าหมาย | | Precision | Recall | F-Measure |
|------------|---------------|-------|-----------|--------|-----------|
| | จบ | ไม่จบ | | | |
| จบ | 65 | 9 | 87.84% | 79.27% | 83.33% |
| ไม่จบ | 17 | 58 | 77.33% | 86.57% | 81.69% |
| รวมทั้งหมด | 82 | 67 | | | |

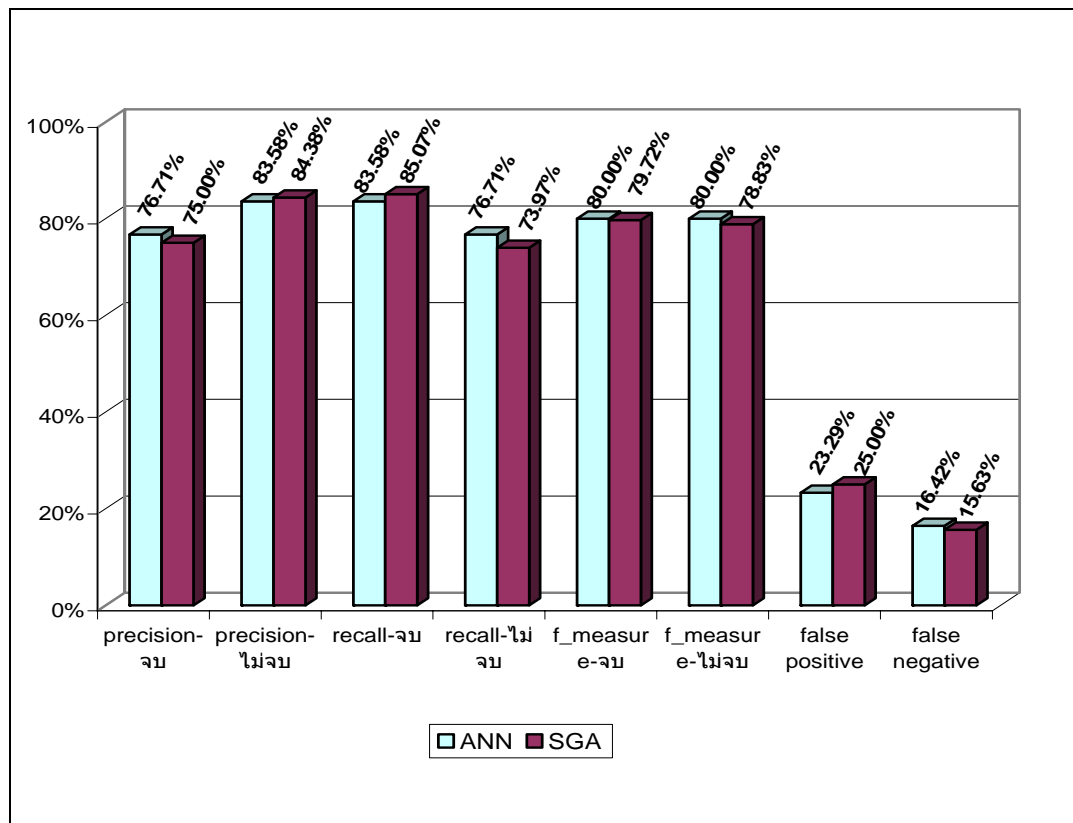
ตารางที่ 5-7 แสดงตัวแปรที่คัดเลือกได้จาก Multi Objectives Genetic Algorithm

| ลำดับ | ตัวแปรที่ใช้ในการตัดสินใจ |
|-------|---|
| 1 | อายุ |
| 2 | จังหวัด (ที่อยู่ นศ.) |
| 3 | ระดับการศึกษา_มารดา |
| 4 | อาชีพ_บิดา |
| 5 | อาชีพ_มารดา |
| 6 | รายได้_บิดา |
| 7 | อาชีพ_ผู้ปกครอง |
| 8 | ความสัมพันธ์ |
| 9 | ความสัมพันธ์บิดามารดา |
| 10 | จังหวัดของสถานศึกษาเดิม |
| 11 | ระดับการศึกษาเดิม |
| 12 | เกรดเฉลี่ยที่จบมา |
| 13 | กลุ่มสาขาที่จบมา |
| 14 | หมวดวิชาเฉพาะ – กลุ่มวิชาแกน (วิชาที่ 1) |
| 15 | หมวดวิชาเฉพาะ – กลุ่มวิชาแกน (วิชาที่ 2) |
| 16 | หมวดวิชาเฉพาะ – กลุ่มวิชาแกน (วิชาที่ 3) |
| 17 | หมวดวิชาเฉพาะ – กลุ่มวิชาชีพ |
| 18 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป – กลุ่มวิชาชีพ |
| 19 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป – กลุ่มวิชาภาษา |
| 20 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป - กลุ่มวิชาวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์ (วิชาที่ 1) |
| 21 | หมวดวิชาศึกษาทั่วไป - กลุ่มวิชาวิทยาศาสตร์และคณิตศาสตร์ (วิชาที่ 3) |

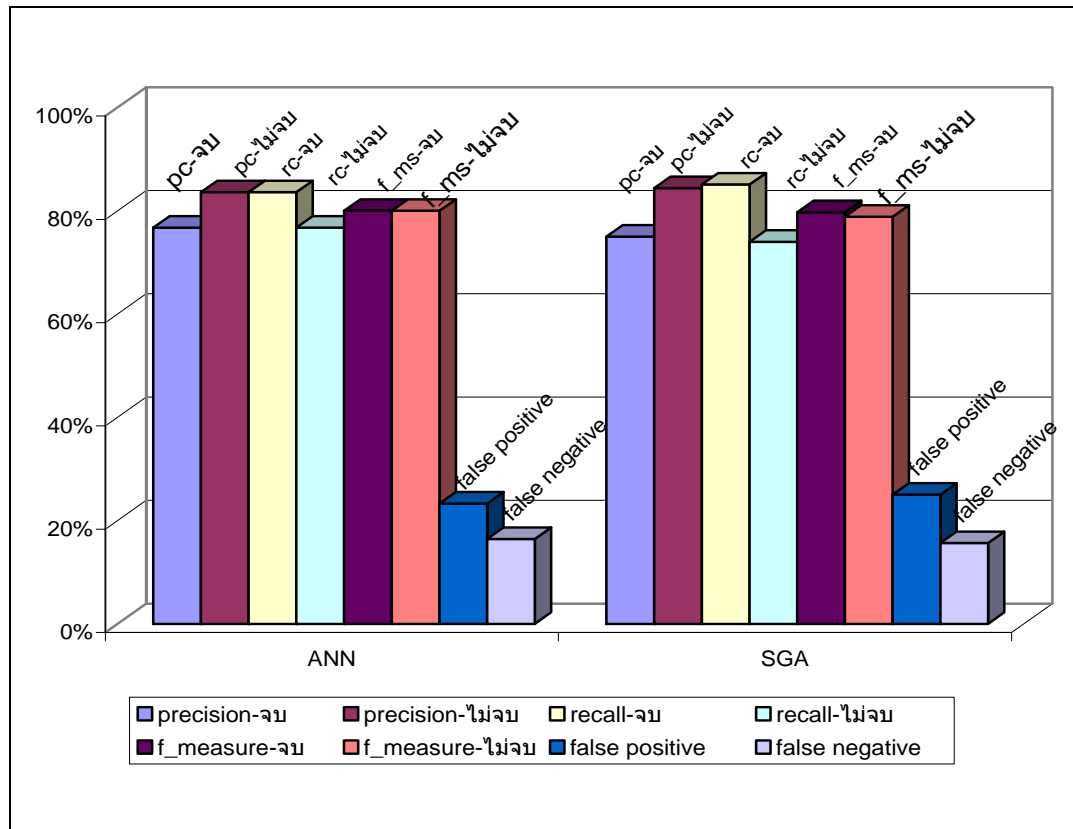
5.4 การอภิปรายผลการทดลอง ครั้งที่ 1

การวิเคราะห์ผลการทดลองครั้งที่ 1 โดยพิจารณาเปรียบเทียบผลการทดลองระหว่างโมเดลเครือข่ายประสาท (ANN) และโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) โดยใช้ข้อมูล 920 รายการ

ภาพที่ 5-1 แสดงให้เห็นถึงการเปรียบเทียบค่าประสิทธิภาพระหว่างโมเดลทั้งสอง ซึ่งจะเห็นว่าทั้ง 2 โมเดลมีประสิทธิภาพที่ใกล้เคียงกัน เมื่อพิจารณาจากค่าประสิทธิภาพต่างๆ คือ Precision, Recall, F-Measure, False Positive และ False Negative แต่โมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวที่ใช้ร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) สามารถลดจำนวนลักษณะ (Feature) ที่ใช้ในโมเดลได้อย่างชัดเจน คือ ลดลง 42% (16 ตัวแปร)



ภาพที่ 5-1 กราฟเปรียบเทียบค่าประสิทธิภาพระหว่างโมเดลเครือข่ายประสาท (ANN) และโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) ในการทดลองครั้งที่ 1



ภาพที่ 5-2 กราฟเปรียบเทียบการค่าประสิทธิภาพทุกค่าของโมเดลเครือข่ายประสาท (ANN) และโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) ในการทดลองครั้งที่ 1

ภาพที่ 5-2 แสดงให้เห็นถึงการเปรียบเทียบค่าประสิทธิภาพของผลทำนายในทุก ๆ ค่าระหว่างโมเดลเครือข่ายประสาท (ANN) และโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) โดยพิจารณาจากค่าความแม่นยำ (Precision), ค่าความระลึก (Recall), ค่า F-Measure, False Positive และ False Negative ซึ่งจะเห็นว่าค่าประสิทธิภาพแต่ละตัวของโมเดล ANN นั้นจะมีค่าที่ใกล้เคียงกันมากกว่าโมเดล SGA/ANN ทำให้เห็นว่าโมเดล ANN มีความน่าเชื่อถือ (Reliability) หรือมีความถูกต้องตรงกัน (Consistency) มากกว่า และเพื่อให้เกิดความชัดเจนมากยิ่งขึ้น จึงได้ทำการเปรียบเทียบโดยใช้ Box Plot (ภาพที่ 5-3)

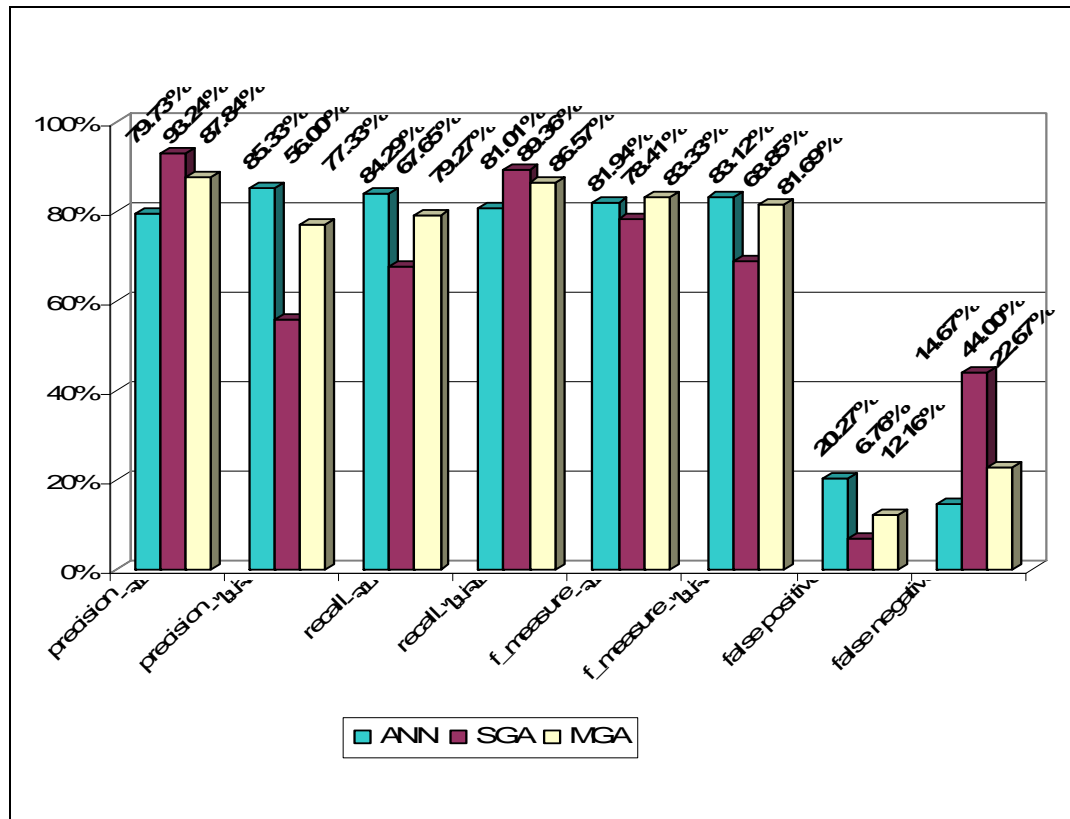


ภาพที่ 5-3 Box Plot เพื่อเปรียบเทียบความผันผวนของผลทำนายของโมเดลเครือข่ายประสาท และโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวที่ใช้ร่วมกับเครือข่ายประสาท

และเมื่อพิจารณาจาก Box Plot (ภาพที่ 5-3) แสดงให้เห็นถึงการกระจาย (Variance) ของค่าประสิทธิภาพของผลทำนายโดยพิจารณาจากค่าความแม่นยำ (Precision), ค่าความระลึก (Recall) และค่า F-Measure ของโมเดลเครือข่ายประสาท (ANN) และโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวที่ใช้ร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) โดยจะเห็นว่าโมเดลเครือข่ายประสาทนั้นมีค่าของผลทำนายที่คงตัวกว่าโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวที่ใช้ร่วมกับเครือข่ายประสาท เนื่องจากโมเดลเครือข่ายประสาทนั้นมีการกระจายของค่าประสิทธิภาพของผลทำนายน้อยกว่าโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวที่ใช้ร่วมกับเครือข่ายประสาท โดยโมเดลเครือข่ายประสาทมีค่าสูงสุดและค่าต่ำสุดอยู่ในช่วง 0.84 - 0.77 และค่า Median 0.8 ส่วนโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวที่ใช้ร่วมกับเครือข่ายประสาทมีค่าสูงสุดและค่าต่ำสุดอยู่ในช่วง 0.85 - 0.74 และมีค่า Median 0.79

5.5 การอภิปรายผลการทดลอง ครั้งที่ 2

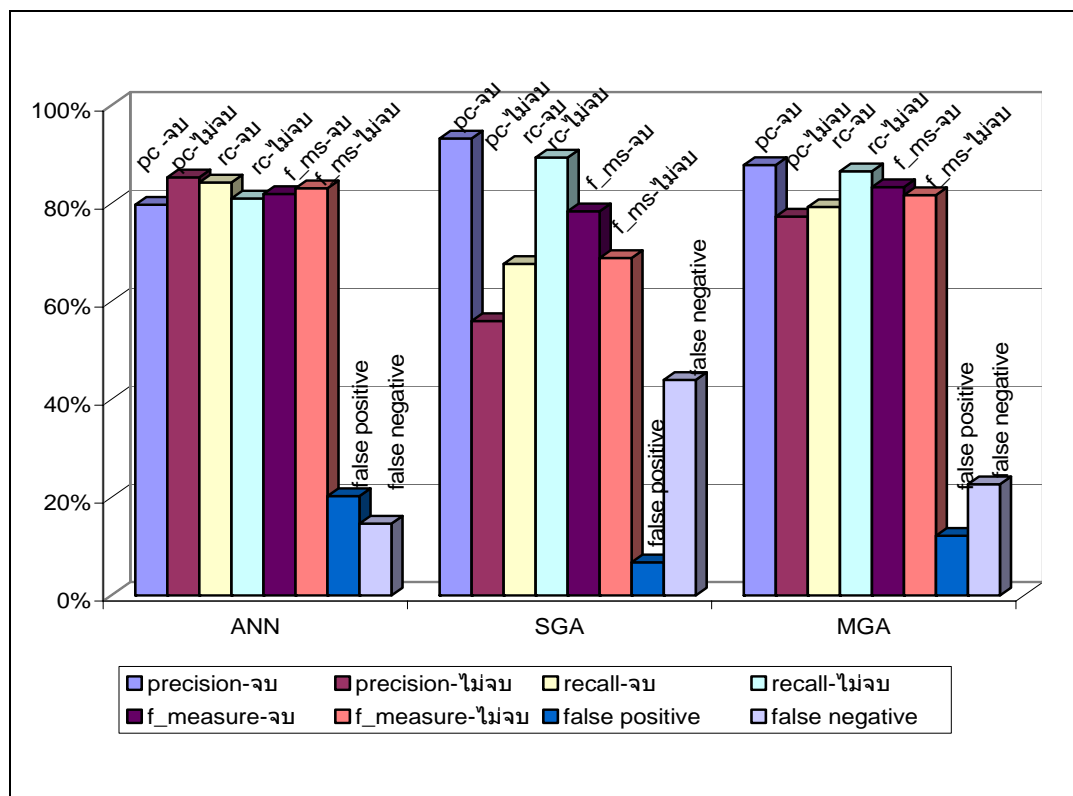
การวิเคราะห์ผลการทดลองที่ 2 โดยพิจารณาเปรียบเทียบผลการทดลองระหว่างโมเดลเครือข่ายประสาท (ANN) โมเดลเจเน็ติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) และโมเดลเจเน็ติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ร่วมกับเครือข่ายประสาท (MGA/ANN) โดยใช้ข้อมูล 940 รายการ ซึ่งได้เพิ่มข้อมูลในกลุ่มที่ยังไม่ทราบผลเข้ามา



ภาพที่ 5-4 กราฟเปรียบเทียบค่าประสิทธิภาพ ของโมเดลเครือข่ายประสาท (ANN) โมเดลเจเน็ติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) และโมเดลเจเน็ติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ร่วมกับเครือข่ายประสาท (MGA/ANN) สำหรับการทดลองครั้งที่ 2 โดยใช้ชุดข้อมูลหลังจากเพิ่มเติมข้อมูลในกลุ่มที่ยังไม่ทราบผลเข้ามา

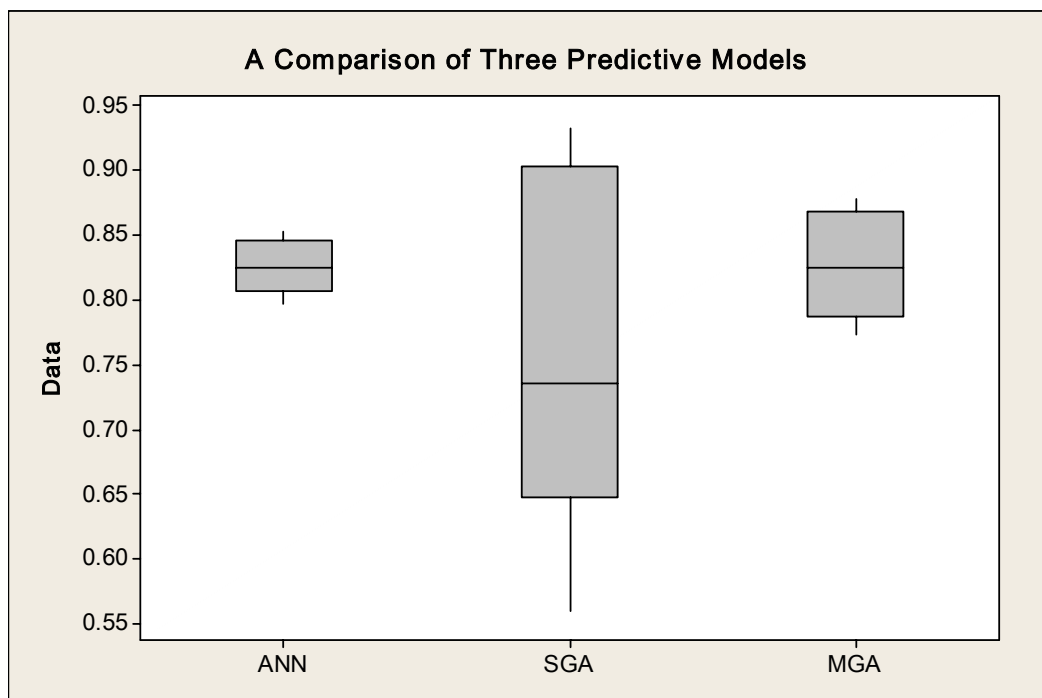
ภาพที่ 5-4 แสดงให้เห็นถึงการเปรียบเทียบค่าประสิทธิภาพของโมเดลทั้ง 3 คือ โมเดลเครือข่ายประสาท (ANN) โมเดลเจเน็ติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) และโมเดลเจเน็ติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ร่วมกับเครือข่าย

ประสาท (MGA/ANN) โดยพิจารณาจากค่าประสิทธิภาพต่างๆ คือ Precision, Recall, F-Measure, False Positive และ False Negative โดยจะเห็นว่าโมเดล SGA/ANN นั้นมีค่าที่แตกต่างจากโมเดลอื่น แต่เมื่อทำการเปรียบเทียบระหว่าง ANN กับ SGA/ANN และ ANN กับ MGA/ANN โดยใช้ t-Test Paired Two Sample for Means จะได้ค่า P-Value เท่ากับ 0.64 และ 0.98 ตามลำดับ ซึ่งหมายความว่าทั้ง 3 โมเดลมีค่าประสิทธิภาพที่ใกล้เคียงกัน แต่อย่างไรก็ตามโมเดลเจเน็ติกอัลกอริทึมที่ใช้ร่วมกับเครือข่ายประสาทนั้นก็สามารถลดจำนวนลักษณะ (Feature) ที่ใช้ในโมเดลได้อย่างชัดเจนโดย SGA/ANN สามารถลดจำนวน Feature ได้ถึง 42% (16 ตัวแปร) และ MGA/ANN สามารถลดจำนวน Feature ได้ถึง 45% (17 ตัวแปร) ซึ่งช่วยทำให้การเก็บข้อมูลลดลงและการทำงานมีประสิทธิภาพดีขึ้น ซึ่ง Feature ที่ลดลงไปนั้นแสดงให้เห็นว่าเป็น Feature ที่ไม่มีผลต่อการพยากรณ์มากนัก ดังนั้นถึงแม้จะไม่นำ Feature เหล่านั้นมาใช้ในการพยากรณ์ก็ไม่ทำให้ผลของการทำนายแตกต่างไปจากเดิมเท่าไรนัก



ภาพที่ 5-5 กราฟเปรียบเทียบค่าประสิทธิภาพทุกค่าของแต่ละโมเดลโดยใช้ชุดข้อมูลหลังจากเพิ่มเติมข้อมูลในกลุ่มที่ยังไม่ทราบผลเข้ามา

ภาพที่ 5-5 แสดงให้เห็นถึงการเปรียบเทียบค่าประสิทธิภาพของผลทำนายในทุก ๆ ค่าระหว่างโมเดลเครือข่ายประสาท (ANN), โมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงต์เดียวร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) และโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ร่วมกับเครือข่ายประสาท (MGA/ANN) โดยพิจารณาจากค่าความแม่นยำ (Precision), ค่าความระลึก (Recall), ค่า F-Measure, False Positive และ False Negative ซึ่งจะเห็นว่าค่าประสิทธิภาพแต่ละตัวของโมเดล ANN และโมเดล MGA/ANN มีค่าที่ใกล้เคียงกันมากกว่าโมเดล SGA/ANN ทำให้เห็นว่าโมเดล ANN และโมเดล MGA/ANN มีความน่าเชื่อถือ (Reliability) หรือมีความถูกต้องตรงกัน (Consistency) ที่ใกล้เคียงกัน แต่ถ้าพิจารณาเปรียบเทียบกับโมเดล SGA/ANN จะเห็นว่าโมเดลนี้มีความน่าเชื่อถือ (Reliability) หรือมีความถูกต้องตรงกัน (Consistency) น้อยกว่าโมเดลทั้งสอง และเพื่อให้เกิดความชัดเจนมากยิ่งขึ้น จึงได้ทำการเปรียบเทียบโดยใช้ Box Plot (ภาพที่ 5-6)



ภาพที่ 5-6 Box Plot เพื่อเปรียบเทียบความผันผวนของผลทำนายของ 3 โมเดล โดยใช้ชุดข้อมูลหลังจากเพิ่มเติมข้อมูลในกลุ่มที่ยังไม่ทราบผลเข้ามา

และเมื่อพิจารณาจาก Box Plot (ภาพที่ 5-6) จะแสดงให้เห็นถึงการกระจาย (Variance) หรือความผันผวนของค่าประสิทธิภาพของผลทำนาย โดยพิจารณาจากค่าความแม่นยำ (Precision), ค่าความระลึก (Recall) และค่า F-Measure ของโมเดลเครือข่ายประสาท (ANN)

โมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบวัตถุประสงค์เดียวที่ใช้ร่วมกับเครือข่ายประสาท (SGA/ANN) และโมเดลจีเนติกอัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ที่ใช้ร่วมกับเครือข่ายประสาท (MGA/ANN) โดยจะเห็นว่าโมเดลเครือข่ายประสาทนั้นมีค่าของผลทำนายที่คงตัวสูงที่สุด และโมเดล MGA/ANN จะมีความคงตัวรองลงมา เนื่องจากทั้งสองโมเดลนั้นมีการกระจายของค่าประสิทธิภาพของผลทำนายน้อยกว่าโมเดล SGA/ANN โดยโมเดล ANN มีค่าสูงสุดและค่าต่ำสุดอยู่ในช่วง 0.85 - 0.80 และมีค่า Median เท่ากับ 0.83 ส่วนโมเดล SGA/ANN มีค่าสูงสุดและค่าต่ำสุดอยู่ในช่วง 0.90 - 0.65 และมีค่า Median 0.74 และสุดท้ายคือ โมเดล MGA/ANN มีค่าสูงสุดและค่าต่ำสุดอยู่ในช่วง 0.87 - 0.79 และมีค่า Median 0.83

เอกสารอ้างอิง

1. M. Lam. "Neural Network Techniques for Financial Performance Prediction : Integrating Fundamental and Technical Analysis." Decision Support Systems. 37 (2004) : 567-581.
2. คมสัน สุริยะ. "การพยากรณ์ราคาน้ำมันดิบด้วยแบบจำลองเครือข่ายประสาท." ศูนย์การวิเคราะห์เชิงปริมาณ คณะเศรษฐศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, 2548.
3. ปกรณ์ อินทเทพ. "โครงข่ายประสาทเทียมสำหรับพยากรณ์ฝนตกในเขตกรุงเทพ." การประชุมวิชาการมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. 40 (กุมภาพันธ์ 2545).
4. S. Kumar. Neural Networks A Classroom Approach. Singapore : McGraw Hill, 2005.
5. Y. Kim and W. N. Street. "An Intelligent System for Customer Targeting : A Data Mining Approach." Decision Support Systems. 37(May 2004) : 215-228.
6. H. Demuth and M. Beale. 2003. Neural Network Toolbox User's Guide Version 4. Available online at <http://www.mathworks.com>.
7. D.E. Goldberg. Genetic Algorithms in Search Optimization and Machine Learning. Addison-Wesley, New York : MA, 1989.
8. J. Yang and V. Honavar. "Feature Subset Selection Using A Genetic Algorithm." In Proceedings of the Genetic Programming Conference. Stanford University, CA, (May 1997) : 380-385.
9. J. Yang and V. Honavar. "Feature Subset Selection Using A Genetic Algorithm." IEEE Intelligent Systems & Their Applications 13 (2) Elsevier. Amsterdam, The Netherlands, (1998) : 44-49.
10. ณัฐวุฒิ บุญย์ประมุข และขจรศักดิ์ คันทพนิต. "การหาระบบเส้นทางแบบพลวัตในเครือข่ายเอทีเอ็มโดยใช้จูนิตกัลกอริทึม." การประชุมวิชาการทางวิศวกรรมไฟฟ้า. 23 (พฤศจิกายน 2543) : 429-432.
11. K. Maksuriwong, V. Varavithya, and N. Chaiyaratana. "Wireless LAN Access Point Placement Using Multiobjective Genetic Algorithm." IEEE International Conference on Systems Man & Cybernetics. (October 2003).

12. กฤษณะ ไวยมัย, ชิดชนก ส่งศิริ และธนาวินท์ รักรธรรมานนท์. "การใช้เทคนิคดัด้าไมน์
นึ่งเพื่อพัฒนาคุณภาพการศึกษาคณะวิศวกรรมศาสตร์." วารสารวิชาการเนคเทค
(NECTEC Technical Journal). ฉบับที่ 3 (กรกฎาคม - ตุลาคม 2544).
13. C. M. Fonseca and P. J. Fleming. "Genetic Algorithms for Multiobjective
Optimization : Formulation, Discussion and Generalization." Proceedings of the
Fifth International` Conference on Genetic Algorithms. San Mateo, California :
Morgan Kaufmann, (July 1993) : 416-423.
14. C. M. Fonseca and P. J. Fleming. "An Overview of Evolutionary Algorithms in
Multiobjective Optimization." Technical Report, Department of Automatic Control
and Systems Engineering, University of Sheffield, Sheffield, U.K., 1994.
15. C. M. Fonseca and P. J. Fleming. "An Overview of Evolutionary Algorithms in
Multiobjective Optimization." Evolutionary Computation, Spring, (1995) : 1-16.
16. H. Demuth and M. Beale. 2003. Genetic Algorithm and Direct Search Toolbox
User's Guide Version 2. Available online at <http://www.mathworks.com>.
17. R. Keeney and H. Raiffa. "Decisions with Multiple Objectives : Preferences and
Value Tradeoffs." Wiley, New York, 1976.

ประวัติผู้วิจัย

ชื่อ : นางสาวบุษรา ลี้มพิพัฒนางกูร
 ชื่อวิทยานิพนธ์ : การพยากรณ์โอกาสการสำเร็จการศึกษาของนักศึกษา โดยใช้จิ้นติก
 อัลกอริทึมแบบหลายวัตถุประสงค์ เปรียบเทียบกับวิธีทางระบบโครงข่าย
 ประสาทเทียม : กรณีศึกษานักศึกษาภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์และ
 สารสนเทศ
 สาขาวิชา : วิทยาการคอมพิวเตอร์

ประวัติ

เกิดวันที่ 22 ธันวาคม พ.ศ. 2521 ที่อยู่ปัจจุบัน เลขที่ 79/128 แขวงบางมด เขตจอมทอง
 กรุงเทพฯ 10150

สำเร็จการศึกษาระดับปริญญาตรี สาขาวิทยาการคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาศาสตร์
 ประยุกต์ จากสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ ในปี พ.ศ. 2543

ผลงานวิชาการที่เผยแพร่ เรื่อง “การพยากรณ์โอกาสการสำเร็จการศึกษา โดยใช้เทคนิค
 เครือข่ายประสาทร่วมกับจิ้นติกอัลกอริทึม เปรียบเทียบกับเทคนิคเครือข่ายประสาทอย่างเดียว”
 The 4th National Joint Conference on Computer Science and Software Engineering
 (JCSSE2007) May 2-4, 2007